

## ĐÁNH GIÁ MỐI QUAN HỆ DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG HỒNG (*Diospyros kaki* Linn) Ở VIỆT NAM DỰA TRÊN VÙNG GEN LỤC LẠP *trnH-psbA*

Nguyễn Thị Tuyết<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Phương Trang<sup>2</sup>, Lê Tuấn Phong<sup>3</sup>,  
Vũ Văn Tùng<sup>3</sup>, Nguyễn Thị Xuyên<sup>3</sup>, Lê Tuấn Nghĩa<sup>3</sup>

### TÓM TẮT

Mối quan hệ di truyền giữa 9 mẫu nguồn gen hồng (*Diospyros kaki* L.) trồng ở bảy tỉnh của Việt Nam được đánh giá dựa trên phân tích DNA lục lạp. Việc phân tích trình tự nucleotide vùng gen *trnH-psbA* cho thấy rằng 9 mẫu nguồn gen hồng đã chia thành 5 nhóm; trong đó nhóm 2 gồm ba mẫu nguồn gen hồng Yên Thôn: H10, T9 và HY là các mẫu có đặc điểm di truyền giống hệt nhau với khoảng cách di truyền giữa các mẫu đều bằng 0. Kết quả nghiên cứu cho thấy có thể sử dụng vùng gen *trnH-psbA* như là chỉ thị DNA để nhận dạng hay đánh giá mối quan hệ di truyền giữa các giống hồng nói chung và giống hồng Thạch Thất nói riêng.

**Từ khóa:** *Diospyros kaki*, Hồng Thạch Thất, *trnH-psbA*

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây hồng (*Diospyros Kaki* Linn) là một loại cây ăn quả lâu năm có nguồn gốc Á nhiệt đới đã được trồng lâu đời ở Việt Nam và nhiều nước trên thế giới. Nhiều nước Châu Á đánh giá hồng có giá trị dinh dưỡng và phẩm vị ngon hơn nhiều loại quả khác.

Ở nước ta, hồng được trồng nhiều ở phía Bắc từ Hà Tĩnh trở ra, ở phía Nam hồng được trồng ở vùng Đà Lạt - Lâm Đồng nơi có độ cao từ 1.000 - 1.500m so với mặt nước biển. Theo Vũ Công Hậu (1999) và Trần Thế Tục (1999), hiện nay nước ta trồng rất nhiều giống hồng nổi tiếng như hồng Nhân Hậu (Hà Nam), hồng Hạc Trì (Phú Thọ), hồng không hạt Bảo Lâm (Lạng Sơn), hồng vuông Thạch Hà (Hà Tĩnh)... Trong đó, giống hồng Yên Thôn có nguồn gốc tại xã Thạch Xá, huyện Thạch Thất, thành phố Hà Nội cũng là một trong những giống hồng quý được coi là giống cây ăn quả đặc sản không những của Hà Nội mà còn nổi tiếng trong cả nước. Tuy nhiên, do quá trình đô thị hóa, đất nông nghiệp ngày càng thu hẹp, những biến động của tình hình kinh tế, xã hội và sự chuyển đổi của các phương thức canh tác trong nông nghiệp, giống hồng Yên Thôn vốn được lưu giữ và chọn lọc lâu đời đã không được chú ý gìn giữ và phát triển, gây ra sự suy giảm nhất định về số lượng và chất lượng. Do đó, việc khôi phục, bảo tồn và phát triển giống hồng Yên Thôn có ý nghĩa to lớn để phát triển lợi thế về cây đặc sản của địa phương, tăng hiệu quả kinh tế, tăng thu nhập chính đáng từ nguồn tài nguyên nông nghiệp, góp phần đảm bảo an sinh xã hội của huyện là một hướng đi đúng đắn và rất cấp thiết, đặc biệt trong bối cảnh đô thị hóa và tình trạng xói mòn nguồn gen đã và đang xảy ra ngày một mạnh mẽ. Để làm được điều đó, một trong những

hoạt động cần thiết là phải đánh giá được mối quan hệ di truyền của nguồn gen hồng Yên Thôn với một số nguồn gen hồng khác, tạo nền tảng cho việc xác định nguồn gen hồng Yên Thôn cho việc bảo tồn, chọn tạo giống và quyền sở hữu trí tuệ của các nhà chọn tạo sau này (Lombard *et al.*, 2000).

Hiện nay phương pháp giải trình tự ADN là một trong những công cụ phục vụ định danh loài chính xác, nhanh chóng, tự động hóa bằng cách sử dụng một vùng ADN chuẩn hay còn gọi là chỉ thị ADN hay mã vạch ADN (Guo and Luo, 2011; Merve *et al.*, 2007). Do vậy, trong nghiên cứu này chúng tôi xác định mối quan hệ di truyền nguồn gen hồng Yên Thôn bằng phương pháp giải trình tự gen *trnH-psbA* là 1 gen đã được đánh giá là hữu hiệu trong việc phát hiện các sai khác ở cấp độ loài và dưới loài (Kress and Erickson, 2007).

### II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

#### 2.1. Vật liệu và địa điểm nghiên cứu

Chín mẫu nguồn gen Hồng (*Diospyros kaki* L.) được thu thập tại Hà Nội và các tỉnh như Bắc Giang, Hà Nam, Hòa Bình, Nghệ An và Lâm Đồng (Bảng 1). Mẫu được đánh kí hiệu và giữ trong silicagel tại nơi thu, sau đó được chuyển về phòng thí nghiệm Bộ môn Đa dạng sinh học nông nghiệp, Trung tâm Tài nguyên thực vật và bảo quản ở tủ lạnh sâu -76°C trước khi phân tích ADN.

Cặp mồi *trnH-psbA* (F: GTT ATG CAT GAA CGT AAT GCT C và R: CGC GCA TGG TGG ATT CAC AAT CC, Kress W.J. and Erickson D.L., 2007) được dùng để khuếch đại vùng gen *trnH-psbA* có kích thước khoảng 400bp.

<sup>1</sup> Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam (VAAS)

<sup>2</sup> Viện Sinh thái và Tài nguyên sinh vật; <sup>3</sup> Trung tâm Tài nguyên thực vật, VAAS

**Bảng 1.** Danh sách 9 mẫu nguồn gen hồng và địa điểm thu thập ở Việt Nam

TT	Tên khoa học	Tên Việt Nam	Kí hiệu mẫu	Địa điểm thu mẫu
1	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Đoàn Kết	DK1	Tân Quang, Bắc Giang
2	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Đoàn Kết	DK2	Tân Quang, Bắc Giang
3	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Nhân hậu	H8	Lý nhân, Hà Nam
4	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Thạch Thất	H10	Đà Bắc, Hòa Bình
5	<i>Diospyros kaki</i> T.	Hồng Cậy vuông	HC	Nam Đàn, Nghệ An
6	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Trưng Lốc	HT	Đà Lạt, Lâm Đồng
7	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Yên Thôn	HY	Ba Trại, Ba Vì
8	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Yên Thôn	T9	Thôn 9, Thạch Xá
9	<i>Diospyros kaki</i> L.	Hồng Hạc Trì	HTR	Việt Trì, Phú Thọ

## 2.2. Phương pháp nghiên cứu

### 2.2.1. Tách chiết ADN tổng số và nhân bản gen

ADN tổng số được tách từ lá cây bằng bộ kit tách Dneasy Plant Mini Kit của hãng Qiagen (Đức). Sản phẩm ADN được xác định bằng quang phổ kế và hòa loãng đến 10ng/μl.

Nhân bản gen được tiến hành trên máy Gene Amp Systems 9700. Thể tích mỗi phản ứng PCR là 25 μl, trong đó chứa các thành phần gồm 12 μl H<sub>2</sub>O deion; 2,5μl dung dịch đệm 10X; 2,5μl MgCl<sub>2</sub> 25mM; 2,5μl dNTPs 2,5mM; 1,25μl mỗi xuôi (10pmol); 1,25μl mỗi ngược (10pmol); 0,5μl *Taq* polymerase (5U/μl); 2μl ADN khuôn. Quá trình nhân bản được tiến hành theo chu trình nhiệt sau: (1) Biến tính ban đầu: 95°C trong 3 phút; (2) Biến tính: 94°C trong 30 giây; (3) Bắt cặp: 56°C trong 1 phút; (4) Kéo dài: 72°C trong 1 phút; (5) Lặp lại (2) đến (4) 35 chu kỳ; (6) Phản ứng kết thúc hoàn toàn: 72°C trong 10 phút; (7) Giữ sản phẩm ở 4°C.

### 2.2.2. Giải mã gen

Trình tự nucleotide vùng gen *trnH-psbA* được xác định với kit BigDye terminator v3.1 và máy đọc trình tự ABI 3100 Avant genetic analyzer (Applied Biosystems). Trước khi đọc trình tự, sản phẩm PCR được tinh sạch bằng Sephadex G50 (Hãng Sigma).

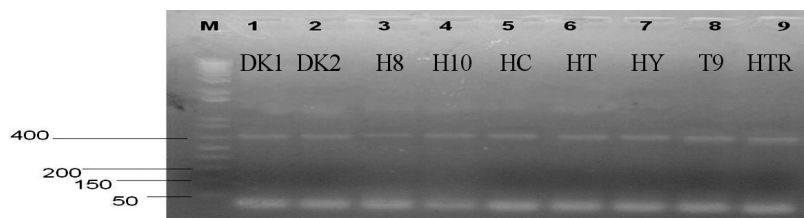
### 2.2.3. Phân tích số liệu

So sánh, phân tích sự khác nhau về vị trí các nucleotide giữa các cặp loài bằng phần mềm ClustalW và MEGA5. Mức độ khác nhau về di truyền được tính toán theo mô hình Kimura hai thông số (K2P).

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. Kết quả khuếch đại vùng gen nghiên cứu bằng kỹ thuật PCR

Đoạn gen sau khi được khuếch đại bằng PCR với cặp mồi đặc hiệu thì được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1% (Hình 1).



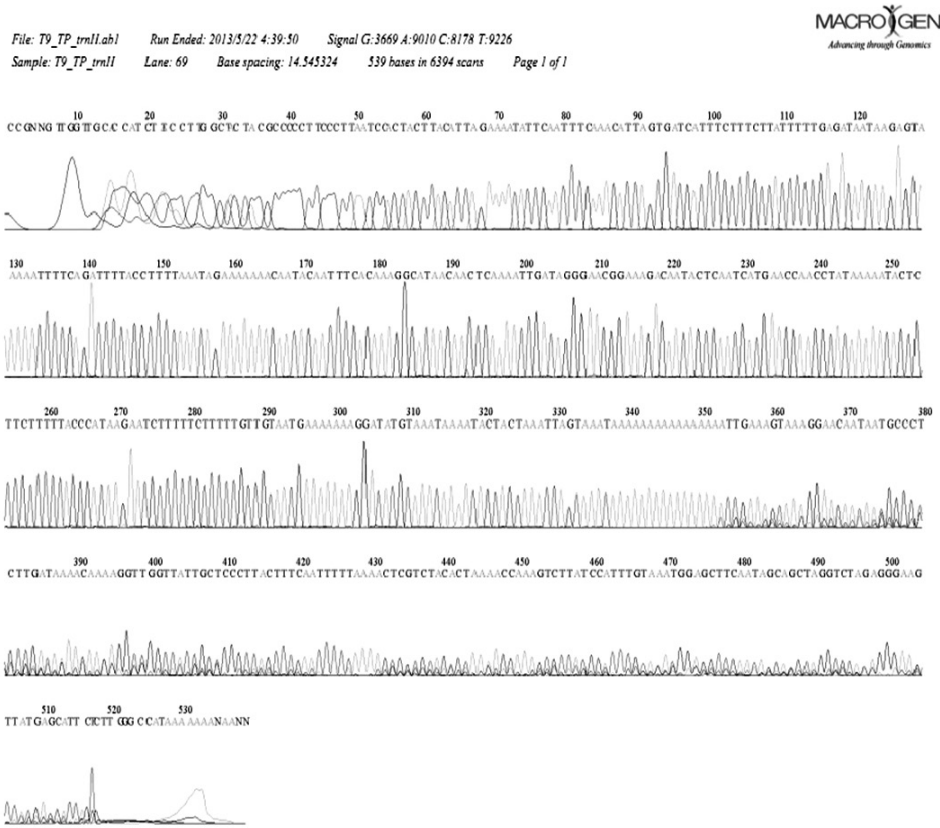
**Hình 1.** Hình ảnh điện di sản phẩm PCR trên gel Aragoose 1%.

Giếng M: marker (1kb plus-invitrogen)

Kết quả điện di cho thấy sản phẩm PCR thu được khá sắc nét và có kích thước khoảng 400 bp đúng như dự kiến, điều đó chứng tỏ các mồi đã hoạt động tốt và sản phẩm PCR có nhiều khả năng là các đoạn gen cần quan tâm. Sản phẩm PCR sau đó được tiến hành đọc trình tự trực tiếp cả 2 chiều trên máy máy đọc trình tự ABI 3100 Avant genetic analyzer (Applied Biosystems).

### 3.2. Kết quả kiểm tra và phân tích trình tự gen *trnH-psbA*

Kết quả giải trình tự gen của cả 9 mẫu Hồng đều cho hình ảnh các đỉnh rõ ràng (Hình 2), kết quả trình tự tiếp tục được kiểm tra và so sánh bằng chức năng Blast của NCBI. Kết quả kiểm tra chứng tỏ sản phẩm PCR của chúng tôi chính là đoạn DNA tương ứng với gen *trnH-psbA* trên genbank.



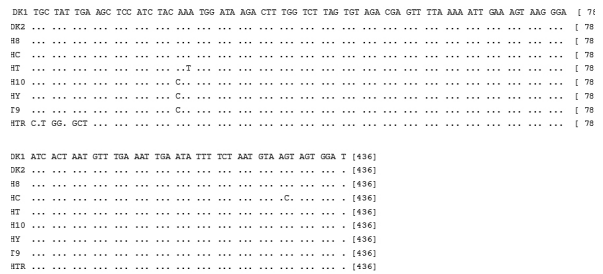
Hình 2. Sơ đồ các đỉnh trong phân tích trình tự đoạn gen *trnH-psbA* (mẫu T9)

Kết quả so sánh trên Clustal W cho thấy chiều dài 436bp xuất hiện 10 điểm sai khác (Bảng 2) trong trình tự vùng gen *trnH-psbA* nghiên cứu. Tần số biến đổi cao xuất hiện ở vị trí codon thứ nhất cho 4 cặp base, T - T, C - C, A - A và G - G là 59, 12, 50 và 23. Tần số này là 64, 17, 37 và 27 tương ứng ở vị trí codon thứ hai và 59, 20, 50 và 16 tương ứng ở vị trí codon thứ ba.

Bảng 2. Các vị trí biến đổi trên vùng gen *trnH-psbA* của 9 mẫu Hồng nghiên cứu

Mẫu	Vị trí							
	1	3	4	5	7	8	9	22
DK1	T	C	T	A	T	G	A	T
DK2	T	C	T	A	T	G	A	T
H8	T	C	T	A	T	G	A	T
H10	T	C	T	A	T	G	A	C
HC	T	C	T	A	T	G	A	T
HT	T	C	T	A	T	G	A	T
HY	T	C	T	A	T	G	A	C
T9	T	C	T	A	T	G	A	C
HTR	C	T	G	G	G	C	T	T

Kết quả so sánh vùng gen *trnH-psbA* của 9 mẫu nghiên cứu được thể hiện ở Hình 3.



Hình 3. So sánh trình tự vùng gen *trnH-psbA* của 9 mẫu Hồng

Trên cơ sở dẫn liệu trình tự của 9 mẫu Hồng (*Diospyros kaki* L.), thành phần GC dao động khoảng 27,1% cho mẫu HTR đến 26,3% cho 4 mẫu (DK1, DK2, H8 và HT) và 26,6% cho 3 mẫu H10, HY và T9, trung bình 26,6%. Thành phần các base cho mỗi mẫu Hồng nghiên cứu được trình bày ở Bảng 3. Thành phần A dao động từ 31,2% (HTR) đến 31,7% (DK1, DK2, H8 và HC), trung bình 31,5%. Tương tự, thành phần T dao động trong khoảng từ 41,7% (HTR) đến 42,2% (HT), trung bình 42%; C dao động trong khoảng 11,2% (DK1, DK2, H8, HT) đến 11,5% (HC, H10, HY, T9, HTR), trung bình 11,4%;

và G dao động khoảng 14,9% - 15,1% cho 8 mẫu Hồng và riêng mẫu HTR là 15,6%, trung bình 15,2%.  
Khoảng cách di truyền của 9 mẫu hồng nghiên

cứu được xây dựng theo mô hình Kimura 2 tham số bằng phần mềm Mega5.0. Kết quả tổng hợp khoảng cách di truyền được thể hiện ở bảng 4.

**Bảng 3.** Thành phần base (%) của các mẫu cây nghiên cứu

Mẫu	T(U)	C	A	G	Total
DK1	42.0	11.2	31.7	15.1	436.0
DK2	42.0	11.2	31.7	15.1	436.0
H8	42.0	11.2	31.7	15.1	436.0
HC	42.0	11.5	31.7	14.9	436.0
HT	42.2	11.2	31.4	15.1	436.0
H10	42.0	11.5	31.4	15.1	436.0
HY	42.0	11.5	31.4	15.1	436.0
T9	42.0	11.5	31.4	15.1	436.0
HTR	41.7	11.5	31.2	15.6	436.0
Trung bình	42.0	11.4	31.5	15.2	436.0

**Bảng 4.** Hệ số khác nhau giữa các cặp mẫu Hồng nghiên cứu

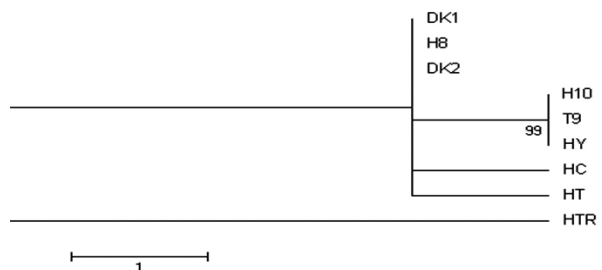
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. DK1									
2. DK2	0.000								
3. H8	0.000	0.000							
4. HC	0.002	0.002	0.002						
5. HT	0.002	0.002	0.002	0.005					
6. H10	0.002	0.002	0.002	0.005	0.005				
7. HY	0.002	0.002	0.002	0.005	0.005	0.000			
8. T9	0.002	0.002	0.002	0.005	0.005	0.000	0.000		
9. HTR	0.017	0.017	0.017	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020	

Kết quả trong bảng 4 cho thấy hệ số khác nhau giữa các cặp Hồng DK1, DK2 và H8 là bằng 0,0. Tương tự ở các cặp Hồng H10, HY và T9, khoảng cách di truyền ở các cặp này cũng bằng 0,0. Khoảng cách di truyền của mẫu Hồng HTR với các mẫu Hồng khác là lớn nhất, giao động từ 0,017 đến 0,02.

Phân tích mối quan hệ di truyền trên cơ sở dữ liệu của 9 mẫu cây nghiên cứu theo phương pháp MP (Maximum parsimony) đã chỉ ra Hình 4.

Kết quả phân tích cây phân loại mối quan hệ di truyền của 9 mẫu cây Hồng theo phương pháp MP đã cho thấy các mẫu Hồng đã chia thành 5 nhóm, trong đó nhóm 1 gồm DK1, H8 và DK2 và nhóm 2 gồm H10, HY và T9 là các mẫu có đặc điểm di truyền giống hệt nhau với khoảng cách di truyền giữa các mẫu đều bằng 0 với giá trị bootstrap là 99. Khoảng cách di truyền giữa 2 nhóm này với nhau là 0,002. Hai mẫu HT và HC cũng cách biệt với các mẫu còn lại với chỉ số khoảng cách di truyền là 0,002.

Riêng mẫu HTR là có cách biệt xa nhất với tất cả các mẫu còn lại, chỉ số khoảng cách di truyền của HTR với các mẫu còn lại trung bình là 0,0188.



**Hình 4.** Cây phân loại mối quan hệ di truyền của 9 mẫu cây Hồng theo phương pháp MP (Maximum parsimony)

Kết quả nghiên cứu này cho thấy gen lục lạp như trnH-psbA là hữu hiệu cho phân loại và phân tích mối quan hệ di truyền ở loài *Diospyros kaki*. Theo Tripathi *et al.* (2013), gen trnH-psbA đã giúp đỡ

trong việc đánh giá đa dạng sinh học ở quy mô lớn, đặc biệt là đối với các loài cây nhiệt đới và á nhiệt đới, và được coi như tỷ lệ tiêu chuẩn thành công chỉ thị ADN được công bố từ trước đến nay. Gere *et al.*, (2013) cũng đã chỉ ra sự thành công của chỉ thị ADN (gen *trnH-psbA*) trong phân loại những loài có quan hệ chặt chẽ trong tiến hóa và có thể là nguồn gốc địa lý của nhóm được kiểm tra thuộc họ *Combretaceae* ở Nam Phi. Theo Kress *et al.* (2005) và Erickson *et al.* (2008), gen *trnH-psbA* là vùng đệm nằm trong hệ gen lục lạp có kích thước khoảng 450bp, mặc dù ngắn nhưng vùng này có độ biến thiên cao nhất trong thực vật hạt kín, lại dễ dàng khuếch đại với xác suất thành công là rất cao (100%) và tỷ lệ sai khác là 83% trong số chín locus thử nghiệm, bao gồm cả ITS, *rbcL* và *matK*. Do vậy vùng đệm *trnH-psbA* được dùng phổ biến trong nghiên cứu mã vạch, định danh loài (Kress & Erickson, 2007).

#### IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

Phân tích trình tự gen *trnH-psbA* của 9 mẫu Hồng thu tại Bắc Giang, Hà Nam, Hòa Bình, Nghệ An, Lâm Đồng và Hà Nội, kết quả phân tích cho thấy đã phát hiện 10 vị trí nucleotit biến đổi đa hình trong 9 mẫu Hồng lần lượt nằm ở vị trí số 1, 2, 4, 5, 7, 8, 9, 22, 24 và 428. Kết quả phân tích đã chia 9 mẫu Hồng thành 4 nhóm (Nhóm 1: HY, T9, H10; Nhóm 2: DK1, DK2, H8; Nhóm 3: HC và Nhóm 4: HT) và mẫu hồng Hạc tri (HTR) thuộc nhóm hồng được dùng làm đối chứng tách riêng với 8 mẫu hồng chín đỏ.

Có thể dùng gen *trnH-psbA* như là chỉ thị DNA để nhận dạng các giống hồng nói chung và giống Yên Thôn nói riêng.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Vũ Công Hậu, 1999. Trồng cây ăn quả ở Việt Nam, NXB Nông nghiệp, TP Hồ Chí Minh: 254-273.  
Trần Thế Tục, 1999. Sổ tay người làm vườn, NXB Nông nghiệp, Hà Nội: 93-99.

- Duke J. A. & Ayensu E.S., 1985. Medicinal plants of China reference publications, Inc, ISBN 0-917256-20-4.  
Erickson D.L., J. Spouge, A. Resch, L.E. Weigt, W.J. Kress, 2008. DNA barcoding in land plants: developing standards to quantify and maximize success. *Taxon*, 57 : 1304–1316.  
Gere, J., K. Yessoufou, B.H. Daru, L.T. Mankga, O. Maurin, M. Van der Bank, 2013. Incorporating *trnH-psbA* to the core DNA barcodes improves significantly species discrimination within southern African Combretaceae. *ZooKeys* 365: 127–147.  
Guo D.L. and Z.R. Luo, 2011. Genetic relationships of the Japanese persimmon *Diospyros kaki* (Ebenaceae) and related species revealed by SSR analysis. *Genetics and Molecular Research*, 10 (2): 1060-1068.  
Kress, W.J., K.J. Wurdack, E.A. Zimmer, L. Weigt, and D.H. Janzen, 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 102: 8369–8374.  
Kress W.J. and Erickson D.L., 2007. A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbcL* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region. *PLoS One* 2: 508.  
Lombard, V., C.P. Baril, P. Dubreuil, F. Blouet, and D. Zhang, 2000. Genetic relationships and fingerprinting of rapeseed cultivars by AFLP: Consequences for varietal registration. *Crop Sciences*, 40: 1417– 1425.  
Merve Yıldız, Safder Bayazit, Suna Cebesoy and Sümer Aras, 2007. Molecular diversity in persimmon (*Diospyros kaki* L.) cultivars growing around Hatay province in Turkey. *African Journal of Biotechnology*, 6 (20): 2393-2399.  
Tripathi, A.M., A. Tyagi, A. Kumar, A. Singh, S. Singh, L.B. Chaudhary and S. Roy, 2013. The Internal Transcribed Spacer (ITS) Region and *trnH-psbA* Are Suitable Candidate Loci for DNA Barcoding of Tropical Tree Species of India. *PLoS ONE*, 8, e57934. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0057934>.

### Analysis of genetic relationship among persimmon varieties (*Diospyros kaki* L.) in Vietnam based on chloroplast *trnH-psbA*

Nguyen Thi Tuyet, Nguyen Thi Phuong Trang, Le Tuan Phong, Vu Van Tung, Nguyen Thi Xuyen, La Tuan Nghia

#### Abstract

Genetic relationship among 9 samples of persimmon (*Diospyros kaki* L.) grown in 07 provinces of Vietnam were analyzed based on chloroplast DNA. The chloroplast *trnH-psbA* gene was sequenced and compared. Maximum parsimony analysis of the *trnH-psbA* data sets revealed that nine *Diospyros* species were separated into five clusters. The second cluster composed of three samples including H10, T9 with 99 bootstrap value support. Result of the study that the use of *trnH-psbA* gene data set could be useful indicator for genotyping characterization of Vietnamese persimmon accessions.

**Key words:** *Diospyros kaki*, persimmon, chloroplast gens *trnH-psbA*

Ngày nhận bài: 12/11/2016

Người phản biện: TS. Nguyễn Văn Đồng

Ngày phản biện: 15/11/2016

Ngày duyệt đăng: 21/11/2016

## ĐÁNH GIÁ KHẢ NĂNG KẾT HỢP CỦA SÁU DÒNG DƯA LƯỚI (*Cucumis melo* L.) ƯU TÚ ĐỜI S<sub>5</sub>

Đoàn Hữu Cường<sup>1</sup>, Nguyễn Phương<sup>2</sup>, Hà Thị Loan<sup>1</sup>,  
Dương Hoa Xô<sup>1</sup>, Phan Diễm Quỳnh<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

Nghiên cứu chọn tạo giống dưa lưới được thực hiện từ tháng 06 năm 2014 đến tháng 06 năm 2016, nhằm cung cấp giống mới cho TP. Hồ Chí Minh và các vùng lân cận. Nguồn nguyên liệu được thu thập từ các giống F<sub>1</sub> nhập nội, các dòng được làm thuần bằng cách thụ phấn cưỡng bức qua các vụ. Các dòng ưu tú đời S<sub>5</sub> được dùng để lai tạo bằng cách sử dụng phương pháp dialen. Đánh giá khả năng kết hợp (KNKH) của 15 tổ hợp lai từ 6 dòng về năng suất và phẩm chất. Các tổ hợp lai DL01, DL04, DL08, DL09 cho năng suất và độ brix cao hơn giống đối chứng (Taka) ở mức tin cậy 99%. Năng suất của 15 tổ hợp lai từ 21,81 - 36,72 tấn/ha; độ brix từ 9,60 - 13,58%. Dòng D05 đạt giá trị KNKH chung cao nhất về chất lượng (Gi = 3,997), dòng D01 đạt giá trị KNKH chung về tính trạng độ brix cao (Gi = 0,671). THL D01/D06 và D04/D05 có KNKH riêng tốt (Sij = 3,652 và 2,940) về tính trạng năng suất; THL D03/D04 và D05/D06 có KNKH riêng tốt về độ brix (Sij = 0,861 và 0,643).

**Từ khóa:** Dưa lưới, tổ hợp lai, khả năng kết hợp, năng suất, độ brix

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Những năm gần đây, việc phát triển nông nghiệp theo hướng ứng dụng công nghệ cao tỏ ra phù hợp với tiến trình đô thị hóa của xã hội. Nhiều mô hình trồng dưa lưới ứng dụng hệ thống nhà lưới điều khiển tự động được đưa vào sản xuất đang triển khai tại một số địa phương có tiềm năng kinh tế. Trên cơ sở đó, định hướng phát triển các sản phẩm sạch, an toàn, chất lượng cao phục vụ người tiêu dùng được đặc biệt quan tâm. Dưa lưới là một trong những loại quả có giá trị dinh dưỡng cao và có thị trường tiêu thụ khá ổn định. Mặc dù giá bán dưa lưới cao (đến người tiêu dùng 30.000- 40.000 đồng/kg, người trồng dưa lợi nhuận từ 250-350 triệu đồng/vụ/ha), nhưng sản xuất dưa lưới so với nhu cầu tiêu thụ của thị trường trong nước vẫn còn rất thấp.

Một trong những nguyên nhân hạn chế sản xuất là do giá hạt giống đắt, khan hiếm, người dân không chủ động được. Hầu hết các giống dưa lưới đưa vào sản xuất đều được nhập khẩu qua các công ty, do đó giá hạt giống cao (từ 2.000 đến 4.000 đồng/hạt). Để tiến tới tự túc được nguồn hạt giống và không phụ thuộc vào nguồn giống nhập nội thì cần phải tạo ra giống mới, do vậy nhóm tác giả đã tiến hành nghiên cứu khả năng kết hợp (KNKH) của một số dòng dưa lưới (*Cucumis melo* L.) ưu tú đời S<sub>5</sub> được rút dòng và chọn lọc từ nguồn gen nhập nội. Mục tiêu là:

- Chọn tạo được một số dòng thuần dưa lưới có dạng quả đa dạng, lưới nhiều, giòn, ngọt và ít bị bệnh phấn trắng, phục vụ công tác lai tạo giống mới.
- Chọn được tổ hợp lai có những tính trạng tương đương hoặc vượt trội so với các giống dưa lưới F<sub>1</sub> đang được sản xuất trên thị trường (năng suất  $\geq$  25

tấn/ha, độ Brix  $\geq$  11,5%), để cung cấp cho các vườn sản xuất dưa lưới với giá hạt giống rẻ hơn hạt giống nhập nội.

### II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

#### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Dòng dưa lưới: Kế thừa các dòng tự phối được chọn đến đời S<sub>5</sub> của Trung tâm Công nghệ Sinh học TP.HCM từ 6 giống dưa lưới F<sub>1</sub> nhập nội (Taka, Gold, Khang Nguyên, Bảo Khuê, AMS, DL34-428). Từ các dòng đời S<sub>5</sub>, chọn ra các dòng dưa lưới ưu tú nhất (năng suất, chất lượng, màu sắc và dạng quả) để thử khả năng kết hợp.

#### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

##### 2.2.1. Đánh giá khả năng kết hợp

Sáu dòng dưa lưới tốt nhất được chọn lọc dựa trên kết quả đánh giá kiểu hình, năng suất và chất lượng để lai luân giao (dialen) một nửa tạo ra 15 tổ hợp lai phục vụ cho thí nghiệm đánh giá khả năng kết hợp.

Khả năng kết hợp chung của dòng (hoặc giống) là hiệu ứng cộng tính của các gen trong dòng (hoặc giống) đó, biểu thị phần đóng góp vào giá trị ưu thế lai trung bình của toàn bộ các tổ hợp mà nó tham gia, được tính bằng hiệu số trung bình toàn bộ các tổ hợp lai có nó so với trung bình chung của quần thể lai nghiên cứu.

Căn cứ vào giá trị trung bình chung và khả năng kết hợp chung của các giống (dựa vào trọng lượng và độ brix) để tính giá trị F<sub>1</sub> theo hiệu ứng cộng là  $X_{F_1} = \text{trung bình chung} + g_{b_0} + g_{m_e}$ . Giá trị chênh lệch

<sup>1</sup> Trung tâm Công nghệ Sinh học TP. Hồ Chí Minh; <sup>2</sup> Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh