

- Doyle, J.J. and Doyle, J.L., 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- Kerdelhué, C., Roux, G., Forichon, J., Chambon, J., Robert, A. and Lieutier, F., 2002. (Curculionidae: Scolytinae) on different pine species and validation of *T. destruens* (woll.). *Molecular Ecology*, (11): 483-494.
- Kyndt, T., Dung, T.N., Goetghebeur, P., Toan, H.T. and Gheysen, G., 2010. Analysis of ITS of the rDNA to infer phylogenetic relationships among Vietnamese Citrus accessions. *Genetic resources and crop evolution*, 57(2): 183-192.
- Rainer, W. S., 1975. On the history and origin of *Citrus*. *Bulletin of the Torrey Botanical Club*, 102(6): 369-375.
- Snkiewicz, M., Gadamski, G. and Gawronski, S.W., 2001. Genetic variation and phylogenetic relationships of triazine resistant and triazine susceptible biotypes of *Solanum nigrum* analysis using RAPD markers. *Weed Res.*, 41: 287-300.
- Xu, S-R., Huang, C-Y., Deng, Y-T., Zhou, L-L., Pan, D-M., and Pan, H-L., 2016. The complete chloroplast genome sequence of *Citrus maxima* (Burm.) Merr. 'Guanximiyou'. *Mitochondrial DNA*, 5(1): 482-483.

Genetic diversity of pomelo varieties in the Mekong Delta based on DNA barcode and ISSR markers

Do Tan Khang, Tram Thi Thanh Tien, Tran Gia Huy,
Nguyen Van Ay, Tran Thanh Men

Abstract

Pomelo varieties in the Mekong Delta were examined by sequencing of three DNA barcode regions, including ITS, *ycf1b*, *psbK-psbI* in combination with genetic diversity analysis by ISSR markers. The results indicated that the pomelo varieties in the study were similar in term of genetic diversity based on analyzing the sequences of ITS, *ycf1b* and *psbK*. The two ISSR K2 and ISSR K22 markers had amplified 19 DNA bands, including 11 polymorphic bands accounting for 57.89% and 8 monomorphic bands for 42.11%, respectively. The marker ISSR K2 could distinguish Da xanh from Nam Roi and Ruby pomelo varieties. Genetic similarity between Duong Trang and Thanh Kieu pomelo varieties was 0.95. Therefore, based on the ISSR markers K2 and K22 the polymorphisms of pomelo varieties were observed. The finding showed the potential of ISSR markers in analyzing genetic diversity of pomelo and could be used in pomelo breeding.

Keywords: Pomelo variety, genetic diversity, DNA barcode, ISSR marker

Ngày nhận bài: 07/5/2021

Ngày phản biện: 18/5/2021

Người phản biện: TS. Trần Ngọc Hùng

Ngày duyệt đăng: 04/6/2021

PHÂN TÍCH DI TRUYỀN MỘT SỐ TÍNH TRẠNG CHẤT LƯỢNG CỦA GIỐNG DƯA CHUỘT ĐỊA PHƯƠNG DƯƠNG THÀNH

Nguyễn Trường Giang¹, Vũ Văn Khuê¹,
Lý Nữ Cẩm Duyên¹, Lê Đức Dũng¹

TÓM TẮT

Ở Việt Nam dưa chuột có lịch sử trồng trọt từ lâu đời. Nhiều giống dưa chuột địa phương được gieo trồng và giữ giống từ bao đời nay mang nhiều đặc điểm quý. Tại Bình Định hiện còn gieo trồng giống dưa chuột thơm. Để sử dụng nguồn gen thơm phục vụ nghiên cứu chọn tạo giống dưa chuột có hương vị của các giống địa phương, khắc phục nhược điểm vị đắng ở quả thì cần phải hiểu rõ bản chất di truyền của các tính trạng trên. Hai dòng bố mẹ mang cặp tính trạng tương phản nhau: Dòng thơm có lá mầm đắng (Dương Thành) và dòng không thơm với lá mầm không đắng (S20), được sử dụng làm vật liệu tạo ra các thế hệ F₁, F₂, BC₁. Kết quả phân tích di truyền dựa trên kiểm định Chi-bình phương (χ^2) cho thấy, mùi thơm ở cả lá và quả của giống dưa chuột địa phương Dương Thành do một gen lặn quy định. Vị đắng lá mầm phân ly theo quy luật trội hoàn toàn do 1 gen quy định. Tính trạng vị đắng lá mầm và mùi thơm ở quả của giống dưa chuột địa phương Dương Thành di truyền độc lập với nhau.

Từ khóa: Di truyền, dưa chuột, mùi thơm, vị đắng lá mầm

¹ Viện Khoa học Kỹ thuật Nông nghiệp Duyên hải Nam Trung bộ

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ở Việt Nam dưa chuột có lịch sử trồng trọt từ lâu đời. Khu vực miền núi phía Bắc Việt Nam là nơi phát sinh cây dưa chuột (Nguyễn Văn Hiến, 2000), hiện vẫn đang tồn tại loài hoang dại (*C. hardwickii*) được coi là tổ tiên của dưa chuột trồng. Nhiều giống dưa chuột địa phương được gieo trồng và giữ giống từ bao đời nay như dưa chuột bản địa của dân tộc H'Mông (dưa chuột H'Mông), dưa Mán của dân tộc Dao, dưa Tày, dưa Nùng... Tại Bình Định hiện còn gieo trồng giống dưa chuột thơm. Giống dưa chuột địa phương này có đặc tính thích nghi cao, khả năng sinh trưởng phát triển và chống chịu sâu bệnh hại tốt, đặc biệt quả có mùi thơm và hương vị đặc trưng. Nhưng do năng suất thấp, khả năng bảo quản kém, quả thường bị đắng khi điều kiện canh tác không thuận lợi nên diện tích trồng giống đặc sản địa phương này cũng dần thu hẹp.

Chỉ tiêu quan trọng nhất của chất lượng quả dưa chuột là không có vị đắng. Chất gây đắng Cucurbitacin được tìm thấy ở hầu hết các cây thuộc họ bầu bí (*Cucurbitaceae*). Độ đắng của dưa chuột phụ thuộc vào đặc điểm di truyền của giống cũng như điều kiện trồng trọt (Yasutaka and Hideyuki, 2003; Bienz and Thornton, 1989). Kết quả nghiên cứu của Andeweg và Bruyn (1959) cho thấy, vị đắng do gen trội *Bi* (Bitter) kiểm soát, khi có mặt gen *bi* lá và quả dưa chuột không có vị đắng kể cả khi điều kiện bất thuận.

Mặc dù dưa chuột là một loại cây trồng quan trọng, nhưng gen quy định mùi thơm trong dưa chuột là khá hiếm gặp. Lá và quả của dưa chuột có thể có hương thơm của dứa dại (*Pandanus amaryllifolius* L.), hoặc hương nếp (*Oryza sativa* L.), hay mùi thơm của đậu nành (*Glycine max* (L.) Merr.) và đôi khi gặp cả giống có mùi hương của cây cao lương (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). Mùi hương trên là do sự kết hợp giữa các hợp chất hóa học dễ bay hơi 2-acetyl-1-pyrroline (2AP). Khi nghiên cứu di truyền của giống dưa chuột thơm PKT của Thái Lan, Pramnoi và cộng tác viên (2013) đã đi đến kết luận rằng tính trạng mùi thơm của giống dưa chuột trên do một gen lặn quy định và đề xuất ký hiệu là *fgr*.

Mùi thơm ở cây trồng là đặc điểm đặc biệt và có giá trị lớn. Vì thế việc tạo ra các giống thơm chất lượng là một mục tiêu chính trong các chương trình chọn tạo giống. Để sử dụng nguồn gen thơm phục vụ nghiên cứu chọn tạo các giống dưa chuột có hương vị của các giống địa phương, khắc phục nhược điểm vị đắng ở quả thì cần phải hiểu rõ bản chất di truyền của các tính trạng trên. Xuất phát từ thực tế trên,

chúng tôi tiến hành nghiên cứu di truyền hương thơm và vị đắng trên giống dưa chuột địa phương để làm cơ sở cho lai tạo giống dưa chuột chất lượng cao.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu phục vụ cho nghiên cứu di truyền tính trạng mùi thơm và vị đắng của giống dưa chuột địa phương bao gồm: Giống dưa chuột thơm địa phương Dương Thành (thu thập tại thôn Dương Thành - Phước Thắng - Tuy Phước - Bình Định) có lá mầm đắng, dòng dưa chuột thuần S20 không có mùi thơm và lá mầm không đắng, tổ hợp lai F_1 (♀ Dương Thành × ♂ S20), quần thể F_2 (Dương Thành × S20)¹, BC_1 ♀ (Dương Thành × S20) × ♂ Dương Thành. Giống dưa chuột thơm địa phương Dương Thành được làm thuần bằng tự thụ bắt buộc trong 3 vụ liên tiếp trước khi lai tạo hạt F_1 .

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Thí nghiệm được bố trí tuân tự không nhắc lại. Khoảng cách trồng: Hàng cách hàng 75 cm, cây cách cây 40 cm.

Ở cây dưa chuột, vị đắng thể hiện rõ nhất ở lá mầm, có phần yếu hơn ở các bộ phận khác. Do đó, việc đánh giá cây không có vị đắng được thực hiện theo phương pháp cảm quan trên các lá mầm.

Phương pháp đánh giá mùi thơm: Lấy 2 g lá (quả) tươi ngoài ruộng (tại thời điểm 30, 50 ngày sau trồng) của từng cây. Cắt nhỏ từng mẫu lá (quả) thành những đoạn dài 5 mm, cho vào ống nghiệm, ngâm với 10 mL dung dịch KOH 1,7%. Đậy kín ống nghiệm bằng giấy nhôm để ở nhiệt độ phòng trong vòng 15 phút. Sau đó đánh giá mùi thơm bằng cảm quan (Pramnoi *et al.*, 2013).

Phương pháp xử lý số liệu: Xử lý thống kê bằng phần mềm Excel 5.0.

Đánh giá tỷ lệ phân ly các tính trạng bằng phương pháp Chi-bình phương (χ^2) của Pearson (1900).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Các cá thể của các dòng bố mẹ, F_1 , F_2 và BC_1 được trồng, đánh giá trong vụ Đông Xuân năm 2017 - 2018 trong điều kiện nhà lưới thuộc Viện KHKT Nông nghiệp Duyên hải Nam Trung bộ.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Phân tích di truyền tính trạng vị đắng lá mầm của giống dưa chuột địa phương Dương Thành

Tỷ lệ phân ly theo tính trạng vị đắng lá mầm của các quần thể F_1 , F_2 và BC_1 được trình bày tại bảng 1.

Khi lai giống dưa chuột có lá mầm đắng với dòng bố có lá mầm không đắng cho kết quả toàn bộ con lai F_1 với lá mầm đắng. Kết quả lai hồi giao giữa F_1 với

giống mang lá mầm đắng thu được quần thể BC_1 có lá mầm đắng. Như vậy vị đắng lá mầm là do gen trội quy định.

Bảng 1. Phân tích phân ly tính trạng vị đắng lá mầm của các quần thể dưa chuột

TT	Bố (mẹ)/Quần thể	Số cây phân tích	Sự phân ly theo vị đắng lá mầm		Tỷ lệ phân ly lý thuyết	χ^2	P
			Đắng	Không đắng	Đắng : Không đắng		
1	Dương Thành	9	9	0	1 : 0	-	-
2	S20	9	0	9	0 : 1	-	-
3	F_1 (Dương Thành \times S20)	9	9	0	1 : 0	-	-
4	F_2 (Dương Thành \times S20)	410	304	106	3 : 1	0,16	0,5 < P < 0,7
5	BC_1 (Dương Thành \times S20) \times Dương Thành	18	18	0	1 : 0	-	-

Quần thể F_2 thu được sau khi tự thụ phấn cây F_1 cho kết quả phân ly như sau: 304 cây có lá mầm đắng: 106 cây có lá mầm không đắng (Tỷ lệ phân ly 2,87 đắng: 1 không đắng) tương đương với tỷ lệ phân ly lý thuyết là 3 đắng : 1 không đắng. Với bậc tự do $df = 1$, trị số χ^2 thực tế tính được là 0,16 với mức xác suất sai lầm là $0,5 < P < 0,7$ nhỏ hơn nhiều so với trị số $\chi^2_{0,05}$ tra bảng là 3,84. Vì vậy giả thuyết đưa ra hoàn toàn được chấp nhận. Điều này có nghĩa, vị đắng lá mầm ở giống dưa chuột địa phương Dương Thành do 1 gen trội quy định.

3.2. Phân tích di truyền tính trạng mùi thơm của giống dưa chuột địa phương Dương Thành

Lá và quả của giống dưa chuột địa phương Dương Thành đều có mùi thơm, trong khi đó lá và quả của dòng dưa chuột S20 không có mùi thơm. Khi lai giống dưa chuột địa phương có mùi thơm với dòng S20 không có mùi thơm ở lá và quả thu được 100% cây F_1 không có mùi thơm ở cả lá và quả, chứng tỏ gen quy định mùi thơm là gen lặn.

Bảng 2. Phân tích phân ly tính trạng mùi thơm ở lá và quả của các quần thể dưa chuột

TT	Quần thể	Số cây phân tích	Sự phân ly theo mức độ thơm ở lá		Sự phân ly theo mức độ thơm ở quả		Tỷ lệ phân ly lý thuyết	χ^2	P
			Thơm	Không thơm	Thơm	Không thơm	Thơm : Không thơm		
1	Dương Thành	9	9	0	9	0	1 : 0	-	-
2	S20	9	0	9	0	9	0 : 1	-	-
3	F_1 (Dương Thành \times S20)	9	0	9	0	9	0 : 1	-	-
4	F_2 (Dương Thành \times S20)	410	92	318	92	318	1 : 3	1,55	0,1 < P < 0,5
5	BC_1 (Dương Thành \times S20) \times Dương Thành	18	7	11	7	11	1 : 1	0,94	0,5 < P < 0,7

Từ kết quả ở bảng 2 cho thấy, cây có mùi thơm ở lá đều cho quả có mùi thơm. Phân tích tỷ lệ phân ly tính trạng mùi thơm của lá và quả dưa chuột cho thấy, quần thể F_2 phân ly với tỷ lệ 92 thơm : 318

không thơm (1 : 3,5). Giá trị χ^2 tính toán được bằng 1,55 tương ứng với xác suất sai số $0,1 < P < 0,5$, nhỏ hơn nhiều giá trị $\chi^2_{0,05}$ tra bảng ($df = 1, \chi^2 = 3,84$). Do vậy giả thuyết đưa ra hoàn toàn phù hợp. Mùi thơm

ở cả lá và quả của giống dưa chuột địa phương Dương Thành do một gen lặn quy định và di truyền theo định luật Mendel trong lai đơn.

Giả định về kiểu di truyền mùi thơm ở quần thể F₂ được xác nhận bằng phép lai hồi giao. Tỷ lệ phân ly 1 : 1 ở phép lai hồi giao (Backcross) của F₁ với giống dưa chuột thơm địa phương một lần nữa khẳng định tính trạng mùi thơm trên cây dưa chuột là tính trạng lặn.

3.3. Phân tích tương tác gen giữa tính trạng vị đắng lá mầm và mùi thơm ở quả của giống dưa chuột thơm địa phương Dương Thành

Khi lai dòng dưa chuột bố có lá mầm không đắng, quả không thơm với dòng mẹ mang cặp tính trạng tương phản là lá mầm đắng, quả thơm thu được toàn bộ con lai mang đặc điểm lá mầm đắng, quả không

thơm. Phân tích tỷ lệ phân ly kiểu hình của 410 cá thể F₂ thu được 4 nhóm kiểu hình có tỷ lệ phân ly thực tế là 233 Quả không thơm, lá mầm đắng; 85 Quả không thơm, lá mầm không đắng : 71 Quả thơm, lá mầm đắng : 21 Quả thơm, lá mầm không đắng (11,1 : 4 : 3,4 : 1) (Bảng 3). Giả thuyết rằng tính trạng mùi thơm và vị đắng lá mầm phân ly độc lập, tỷ lệ 9 : 3 : 3 : 1. Trị số χ^2 tính toán được là 2,31 nhỏ hơn nhiều lần so với trị số χ^2 tra bảng (df = 3, $\chi^2_{0,05} = 7,82$). Do đó giả thuyết được chấp nhận. Như vậy tính trạng vị đắng lá mầm và mùi thơm ở quả của giống dưa chuột địa phương Dương Thành di truyền độc lập với nhau. Trong đó vị đắng lá mầm do một gen trội quy định và mùi thơm do một gen lặn quy định. Kết quả nghiên cứu này hoàn toàn phù hợp với các công bố trước đây của các tác giả Andeweg và Bruyn (1959), Pramnoi và cộng tác viên (2013).

Bảng 3. Phân tích tương tác gen giữa vị đắng lá mầm và mùi thơm của quả dưa chuột

Quần thể F ₂				Tỷ lệ phân ly thực tế	Tỷ lệ phân ly lý thuyết	χ^2	P
Quả không thơm		Quả thơm					
Lá mầm đắng	Lá mầm không đắng	Lá mầm đắng	Lá mầm không đắng				
233	85	71	21	11,1 : 4 : 3,4 : 1	9 : 3 : 3 : 1	2,31	0,5 < P < 0,7

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Mùi thơm ở cả lá và quả của giống dưa chuột địa phương Dương Thành do một gen lặn quy định và di truyền theo định luật Mendel trong lai đơn. Vị đắng lá mầm phân ly theo quy luật trội hoàn toàn do một gen quy định. Tính trạng vị đắng lá mầm và mùi thơm ở quả của giống dưa chuột địa phương Dương Thành di truyền độc lập với nhau, tỷ lệ 9 : 3 : 3 : 1.

4.2. Đề nghị

Sử dụng nguồn gen thơm từ giống dưa chuột địa phương Dương Thành làm vật liệu chọn tạo giống dưa chuột thơm chất lượng cao.

Trong chọn giống dưa chuột theo định hướng chất lượng quả không đắng cần sử dụng các giống dưa chuột có lá mầm không đắng làm nguồn vật liệu lai tạo. Ngoài ra để giảm vị đắng của quả dưa chuột có thể áp dụng các biện pháp kỹ thuật canh tác như: Quản lý nhiệt độ canh tác; Tưới nước đảm bảo độ ẩm đất thích hợp (85 - 95%), tránh tình trạng thiếu nước; Bón phân cân đối giúp cây sinh trưởng phát triển khỏe mạnh.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Nguyễn Văn Hiến**, 2000. *Giáo trình chọn giống cây trồng*. NXB Nông nghiệp. Hà Nội, 367 trang.
- Andeweg JM and De Bruyn**, 1959. Breeding non - bitter cucumbers. *Euphytica*, 8: 13-20.
- Bienz DR and Thornton RE**, 1989. *Bitterness in cucumber*. Cooperative extension Washington State University, Pullman Subject code 270A.
- Pearson K**, 1900. On the criterion that a given system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling. *Philosophical Magazine*, 50: 157-172.
- Pramnoi P, Somta P, Chankaew S, Juwattanasomran R, Srinives P**, 2013. A single recessive gene controls fragrance in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Journal of Genetics*, 92 (1): 147-149.
- Yasutaka Kano and Hideyuki Goto**, 2003. Relationship between the occurrence of bitter fruit in cucumber (*Cucumis sativus* L.) and the contents of total nitrogen, amino acid nitrogen, protein and HMGCoA reductase activity. *Scientia Horticulturae*, 98 (1): 1-8.

Genetic analysis of qualitative traits of local cucumber cultivar Duong Thanh

Nguyen Truong Giang, Vu Van Khue
Ly Nu Cam Duyen, Le Duc Dung

Abstract

In Vietnam, cucumber has a long history of cultivation. Many local cultivars of cucumbers with valuable traits have been cultivated and preserved for generations. In Binh Dinh province, fragrant cucumber cultivars are still cultivated. In order to use fragrant genetic resources for breeding of cucumber varieties, which retains fragrant trait and eliminates the bitterness in the fruits of the local cultivars, it is necessary to understand the inheritance of the above traits. Two parental lines with contrasting traits: Fragrant and bitter cotyledon line (Duong Thanh) and non-fragrant and non-bitter cotyledon line (S20), were used as materials to examine the segregation ratios of the F_1 , F_2 and BC_1 progeny. The results of genetic analysis based on Chi-squared test (χ^2) showed that the fragrance in both leaves and fruits of local cucumber Duong Thanh cultivar is controlled by a recessive gene. The bitterness in cotyledons is a dominant trait controlled by a single gene. The bitterness in cotyledons and the fragrance of the local cucumber Duong Thanh cultivar are inherited independently.

Keywords: Bitterness of cotyledons, cucumber, fragrance, genetics

Ngày nhận bài: 11/3/2020
Ngày phản biện: 22/4/2020

Người phản biện: TS. Tô Thị Thu Hà
Ngày duyệt đăng: 02/5/2020

PHÂN TÍCH DỮ LIỆU CỦA PROTEIN GIÀU METHIONINE THÔNG QUA SÀNG LỌC HỆ PROTEIN CỦA SẴN

Chu Đức Hà¹, Nguyễn Hà My², Nguyễn Chí Thanh³, Phạm Thị Dung³,
Nguyễn Quốc Trung³, Phạm Phương Thu², Lê Thị Ngọc Quỳnh⁴,
Hà Thị Quyến¹, Lê Thị Hiền¹, La Việt Hồng²

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, thông tin về nhóm protein giàu Methionine (Methionine-rich protein, MRP) đã được tìm hiểu một cách đầy đủ trên cây sắn (*Manihot esculenta*) bằng các công cụ tin sinh học. Kết quả đã xác định được tổng số 155 MRP, với tiêu chí kích thước ≥ 95 axit amin và hàm lượng Met $\geq 6\%$. Trong đó, 52 (trên tổng số 155) MRP chưa được chú giải chức năng ở sắn. Phân tích cho thấy các MRP chưa rõ chức năng có đặc tính lý hóa đa dạng. Dự đoán vị trí phân bố nội bào đã chỉ ra rằng các MRP có thể nằm ở lục lạp, ty thể và hệ thống bao gói. Đáng chú ý, các gen mã hóa MRP chưa rõ chức năng có biểu hiện khác nhau trên các cơ quan chính trên cây sắn. Kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những dẫn liệu quan trọng cho việc tìm hiểu cơ chế đáp ứng bất lợi phi sinh học của cây sắn.

Từ khóa: Cây sắn (*Manihot esculenta*), protein giàu Methionine, đặc tính lý hóa, tin sinh học

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Các điều kiện bất thuận, như bất lợi về nguồn nước, bất lợi về nhiệt độ và nhiễm kim loại nặng, được xem là yếu tố gây tác động lớn đến sinh trưởng và phát triển của cây trồng. Cụ thể, bất lợi phi sinh học gây ra rối loạn các quá trình sinh lý, điển hình như kìm hãm khả năng nảy mầm, giảm quang hợp, khiến cây trồng chậm phát triển và gây thiệt hại khoảng 50% năng suất. Nhóm yếu tố bất lợi phi sinh học này được ghi nhận là nguyên nhân chính gây

nguy hại cho sản xuất nông nghiệp bền vững và đe dọa tình hình an ninh lương thực ở Việt Nam.

Ở cấp độ tế bào, tác động của bất lợi phi sinh học làm gia tăng quá mức các dạng ôxi phản ứng (reactive oxygen species, ROS) trong tế bào (Huang *et al.*, 2019). Sự dư thừa của gốc ROS có thể tạo ra những biến đổi trên phân tử của protein, đặc biệt là ôxi hóa gốc Methionine (Met) cấu trúc (Kim *et al.*, 2014). Các protein giàu Met (Methionine-rich protein, MRP) được xem là một trong những phân tử mẫn

¹ Khoa Công nghệ Nông nghiệp, Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội

² Khoa Sinh - Kỹ thuật Nông nghiệp, Đại học Sư phạm Hà Nội 2

³ Khoa Công nghệ Sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam; ⁴ Bộ môn Công nghệ Sinh học, Đại học Thủy lợi