

Phân tích đa dạng di truyền các dòng đột biến phát sinh từ giống lúa Tám Xuân Đài bằng chỉ thị SSR

Nguyễn Minh Anh Tuấn^{1*}, Nguyễn Xuân Viêt², Nguyễn Minh Công²

¹Sở Giáo dục và Đào tạo Tuyên Quang

²Trường Đại học Sư phạm Hà Nội

Ngày nhận bài 28/3/2017; ngày chuyển phản biện 31/3/2017; ngày nhận phản biện 28/4/2017; ngày chấp nhận đăng 5/5/2017

Tóm tắt:

Nghiên cứu sử dụng 31 cặp mồi phân tử (SSR) và quy trình thí nghiệm sinh học phân tử để phân tích, đối chiếu và so sánh sự đa dạng di truyền của 19 dòng đột biến đã mất tính cảm ứng quang chu kỳ, rất đa dạng về các đặc điểm hình thái, nông sinh học, phát sinh từ giống lúa Tám Xuân Đài (giống lúa tẻ thơm đặc sản của miền Bắc, cảm ứng rất chặt với quang chu kỳ), ở thế hệ 12 (M12) với 24 dòng lai tạo ra từ cặp lai giữa 1 trong 19 dòng đột biến nêu trên (dòng lúa Tám Xuân Đài đột biến số 3 - TXĐDB3 với dòng lúa Dực Hải Hậu đột biến số 5 - DHHDB5). Kết quả đã xác định được hệ số tương đồng rất cao của 19 dòng đột biến (dao động 0,86-1,00) và cao hơn rất nhiều so với ở 24 dòng lai (dao động 0,19-1,00); ngược lại, sự đa dạng di truyền của 24 dòng lai lớn hơn đáng kể so với 19 dòng đột biến ở thế hệ M12. Chỉ số đa dạng (PIC) của 19 dòng đột biến thấp hơn đáng kể so với ở 24 dòng lai (với các giá trị trung bình tương ứng lần lượt là 0,04 và 0,22). Tương tự, số alen trung bình/locus ở 19 dòng đột biến thấp hơn đáng kể so với ở 24 dòng lai (với các giá trị trung bình tương ứng lần lượt là 1,10 và 2,06).

Từ khóa: Chỉ thị hình thái, chỉ thị phân tử, đa dạng di truyền, Tám Xuân Đài.

Chỉ số phân loại: 4.6

Mở đầu

Cho đến nay, trên thế giới và ở Việt Nam đã có nhiều công bố kết quả xác định sự đa dạng di truyền về các đặc điểm hình thái, nông sinh học và ở mức độ phân tử (ADN) của các tập đoàn giống lúa địa phương, giống lúa chất lượng hoặc tập đoàn dòng lai được tạo ra từ các tổ hợp lai đơn giữa hai dòng đột biến phát sinh từ hai giống lúa thuần đã tồn tại lâu đời. Tuy nhiên, chưa có công trình nghiên cứu nào công bố về sự đa dạng di truyền ở mức độ phân tử của các dòng đột biến (đã mất tính cảm ứng quang chu kỳ do chiếu xạ bằng tia gamma Co⁶⁰ vào hạt lúa này mầm) phát sinh từ giống lúa tẻ đặc sản có mùi thơm đặc trưng và cảm ứng chặt với quang chu kỳ. Đặc biệt, chưa có công trình nghiên cứu đối chiếu và so sánh sự đa dạng di truyền ở mức phân tử giữa các dòng đột biến với các dòng lai đã công bố [1], khi các nghiên cứu đều sử dụng cùng một tập hợp mồi phân tử SSR, với cùng một quy trình thí nghiệm về di truyền học phân tử. Nghiên cứu của chúng tôi được thực hiện nhằm giải quyết vấn đề nêu trên.

Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

Vật liệu

Giống lúa Tám Xuân Đài - giống lúa tẻ đặc sản có mùi

thơm đặc trưng bậc nhất ở miền Bắc, cảm ứng rất chặt với quang chu kỳ.

19 dòng đột biến mất tính cảm quang, mang các đặc điểm hình thái, nông sinh học khác biệt nhau rõ rệt và khác hẳn giống gốc ở thế hệ 12 (M12) [2]. Các dòng đột biến này là sản phẩm của đề tài nghiên cứu “Xác định tính quy luật của sự phát sinh một số đột biến trên loài lúa trồng châu Á (*O. sativa* L.) khi xử lý đột biến” mã số 4.5.10 (1996-1997) và 6.5.10 (1998-2000) do Bộ Khoa học và Công nghệ quản lý, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội chủ trì thực hiện.

Nghiên cứu sử dụng 31 cặp mồi SSR để phân tích các loci RM, do hãng Operon cung cấp dựa vào các thông tin về trình tự, kích thước, số alen chuẩn trên mỗi locus, vị trí phân bố của các locus ở trên 12 nhiễm sắc thể của bộ gen lúa. Quy trình thí nghiệm về sinh học phân tử mà chúng tôi sử dụng trong nghiên cứu này được thực hiện theo quy trình thí nghiệm đã áp dụng để xác định sự đa dạng di truyền ở cấp độ phân tử của 24 dòng lai được tạo ra từ tổ hợp lai đơn giữa dòng lúa TXĐDB3 là 1 trong 19 dòng đột biến nêu trên với dòng lúa DHHDB5.

*Tác giả liên hệ: Email: nmatuan@tuyenquang.edu.vn

Genetic diversity analysis of Tam Xuan Dai mutants via SSR markers

Minh Anh Tuan Nguyen^{1*}, Xuan Viet Nguyen²,
Minh Cong Nguyen²

¹Department of Education and Training of Tuyen Quang

²Hanoi National University of Education

Received 28 March 2017; accepted 5 May 2017

Abstract:

An analysis on genetic diversity via 31 SSR markers was carried out among 19 rice mutants without photoperiod sensitivity as compared to their wild types. The mutants included their different morphological and agronomical traits from Tam Xuan Dai - an aromatic and specialty rice with a good photoperiod sensitivity in Northern Vietnam. Accordingly, M12 lines were selected, then crossed among 19 selected mutants to create 24 progenies viz. Tam Xuan Dai mutant 3 (TXDDB3) x Du Hai Hau mutant 5 (DHHDB5). Similarity coefficient value of 0.86-1.00 were obtained among 19 mutants as compared to 0.19-1.00 among 24 hybrid progenies. The PIC values of 19 mutants and 24 hybrid progenies were 0.04 and 0.22, respectively. The average allele numbers per locus of 19 mutants and 24 hybrid progenies were 1.10 and 2.06, respectively.

Keywords: Genetic diversity, molecular markers, morphological criteria, Tam Xuan Dai.

Classification number: 4.6

Phương pháp

Tách chiết ADN: Mẫu lá của từng dòng được thu thập riêng rẽ (sau khi cấy 30 ngày) và tách chiết ADN tổng số theo phương pháp CTAB của Obara và Kako (1998) có cải tiến.

+ Chuẩn bị sẵn dung dịch đệm chiết CTAB ở 60°C.

+ Nghiền 0,3 g mẫu lá bằng chày, cối sứ vô trùng trong nitor lỏng đến khi thành dạng bột mịn (mẫu lá, chày, cối được giữ trước ở -80°C).

+ Hoà tan mẫu đã nghiền nhỏ trong 800 µl CTAB buffer và 60 µl SDS 10%. Thành phần dung dịch đệm chiết: Tris-bazơ 100 mM, EDTA 20 mM, NaCl 1,4 M, CTAB 2%, PVP 2%.

+ Ủ mẫu ở 65°C trong bể ổn nhiệt, thời gian 60 phút.

+ Bổ sung hỗn hợp CHCl₃-IsoA (24:1) với tỷ lệ 1:1 về

thể tích so với dịch mẫu. Lắc nhẹ cho tới khi thành dạng nhũ sữa. Ly tâm với tốc độ 12.000 vòng/phút trong 10 phút ở nhiệt độ phòng. Hút dung dịch phía trên chuyển sang ống mới.

+ Tiếp tục chiết lần 2 bằng hỗn hợp CHCl₃-IsoA (24:1), thu được dịch chiết chứa ADN.

+ Tủa ADN bằng ethanol đã làm lạnh. Để ở -20°C trong 1 giờ.

+ Ly tâm thu tủa với tốc độ 14.000 vòng/phút trong 15 phút ở 4°C.

+ Rửa tủa bằng ethanol 70%, ly tâm thu tủa, làm khô và hoà tan trong đệm TE.

+ Kiểm tra độ tinh sạch và nồng độ ADN tổng số bằng cách điện di trên gel agarose 1% cùng với ladder λ ADN 25 µg/µl.

Phản ứng PCR: Các phản ứng PCR được tiến hành trong ống eppendorf 0,2 ml và thực hiện trên máy PCR Eppendorf theo chu trình sau: 94°C (5 phút), 35 chu kỳ [94°C (45 giây); Tm (1 phút), 72°C (1 phút)] và kết thúc ở 72°C (8 phút)].

Phân tích và xử lý số liệu: Để xác định quan hệ di truyền giữa các dòng lúa, các kết quả thu được từ quá trình điện di sản phẩm PCR được xác lập dựa vào sự xuất hiện hay không xuất hiện của các băng ADN nhờ khuếch đại bằng PCR.

Số 0: Các alen không xuất hiện băng ADN.

Số 1: Các alen có xuất hiện băng ADN.

Số 9: Các dòng không xuất hiện băng ADN ở tất cả các alen (mất số liệu).

Các số liệu trên được nhập vào phần mềm Excel lần lượt theo từng môi.

Hệ số PIC (Polymorphic Information Content) được tính theo công thức: $PIC = 1 - \sum P_i^2$ (trong đó, P_i là tần số xuất hiện của alen thứ i).

Sau đó, số liệu được chuyển sang chương trình NTSYSpc 2.1 để phân tích, tìm ra hệ số tương đồng di truyền (Jaccard) và thành lập sơ đồ hình cây quan hệ tương đồng di truyền.

Tỷ lệ dị hợp (H%) của mỗi giống lúa được tính theo công thức: $H\% = X : (31 - Y)$. Trong đó: X là tổng số môi có xuất hiện nhiều hơn 1 băng ADN/locus SSR; Y là tổng số môi SSR có xuất hiện băng ADN; 31 là tổng số môi được sử dụng trong nghiên cứu.

Tính tỷ lệ số môi không xuất hiện băng ADN (M%) bằng công thức: $M\% = Z/31$ (trong đó, Z là tổng số môi không xuất hiện băng ADN).

Các thí nghiệm được thực hiện trong năm 2016 tại Phòng thí nghiệm di truyền phân tử, Bộ môn Di truyền

học, Khoa Sinh học, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội.

Kết quả nghiên cứu và thảo luận

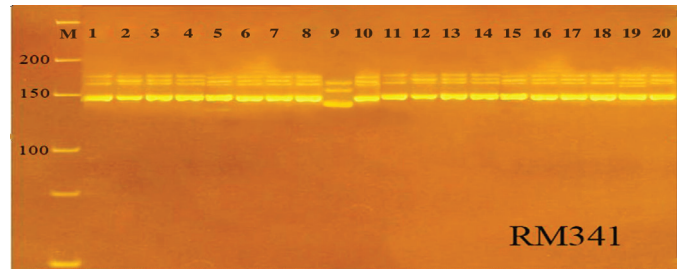
Hệ số PIC, số alen và tổng số băng ADN thể hiện trên từng cặp môi

Kết quả phân tích 19 dòng đột biến và giống gốc (nhóm A) khi sử dụng 31 cặp môi SSR được trình bày ở bảng 1. Kết quả cho thấy, đã thu được tổng số 598 băng ADN thuộc 34 alen khác nhau, số alen/locus trung bình là 1,10. Số liệu trên thấp hơn đáng kể so với kết quả nghiên cứu của Nguyễn Minh Công và cs (2012) [1] đối với 24 dòng lai và bố mẹ của chúng (nhóm B) khi cũng sử dụng chính 31 cặp môi SSR này nhưng đã cho 819 băng ADN thuộc 64 alen khác nhau, trung bình là 2,06 alen/locus; gấp 1,87 lần so với ở nhóm A (2,06/1,10). Cụ thể, trong 31 cặp môi nghiên cứu ở nhóm A chỉ có 3 cặp môi RM341, RM156 và RM296 cho locus đa hình (hình 1); trong đó, mỗi cặp môi này chỉ cho 2 alen và 28 cặp môi còn lại cho các locus đơn hình (mỗi cặp môi chỉ thu được 1 alen). Trong khi đó, kết quả phân tích ở 24 dòng lai và bố mẹ của chúng chỉ có 5 cặp môi (RM318, RM30, RM128, RM229 và RM345) cho locus đơn hình (chỉ thu được 1 alen), 26 cặp môi còn lại cho locus đa hình; đặc biệt có 5 cặp môi (RM13, RM223, RM264, RM23120 và RM333) thu được 3 alen, cặp môi RM341 thu được 4 alen [1].

Bảng 1. Số alen thể hiện và hệ số PIC của 31 cặp môi SSR.

TT	Tên cặp môi	Vị trí trên NST	Số alen thể hiện				PIC	TT	Tên cặp môi	Vị trí trên NST	Số alen thể hiện				PIC
			Nhóm A	Nhóm B	Nhóm A	Nhóm B					Nhóm A	Nhóm B	Nhóm A	Nhóm B	
1	RM104	1	1	2	0,00	0,33	17	Arol 1	8	1	2	0,00	0,11		
2	RM128	1	1	1	0,00	0,00	18	RM28	8	1	2	0,00	0,07		
3	RM166	2	1	2	0,00	0,31	19	RM223	8	1	3	0,00	0,21		
4	RM174	2	1	2	0,00	0,45	20	RM264	8	1	3	0,00	0,21		
5	RM211	2	1	2	0,00	0,43	21	RM284	8	1	2	0,00	0,11		
6	RM318	2	1	1	0,00	0,00	22	RM337	8	1	2	0,00	0,07		
7	RM341	2	2	4	0,40	0,54	23	RM515	8	1	2	0,00	0,07		
8	RM135	3	1	2	0,00	0,41	24	RM23120	8	1	3	0,00	0,38		
9	RM143	3	1	2	0,00	0,07	25	RM245	9	1	2	0,00	0,38		
10	RM156	3	2	2	0,30	0,31	26	RM296	9	2	2	0,40	0,07		
11	RM241	4	1	2	0,00	0,07	27	RM316	9	1	2	0,00	0,43		
12	RM13	5	1	3	0,00	0,41	28	RM333	10	1	3	0,00	0,33		
13	RM30	6	1	1	0,00	0,00	29	RM224	11	1	2	0,00	0,41		
14	RM314	6	1	2	0,00	0,07	30	RM229	11	1	1	0,00	0,00		
15	RM345	6	1	1	0,00	0,00	31	RM322	11	1	2	0,00	0,14		
16	RM346	7	1	2	0,00	0,47		Tổng			34	64	1,10	6,89	
							Trung bình				1,10	2,06	0,04	0,22	

NST: Nhiễm sắc thể; nhóm A: Giống gốc và các dòng đột biến phát sinh từ giống lúa Tám Xuân Đài; nhóm B: 24 dòng lai và bố mẹ của chúng (TXĐDB3 và DHĐB5) (nguồn: Nguyễn Minh Công (2012) [1]).



Hình 1. Ảnh điện di sản phẩm PCR của 19 dòng đột biến và giống gốc với cặp môi RM341 (1: Đối chứng; 2, 3, 4...: Các dòng đột biến tương ứng D₁, D₂, D₃...).

Số alen trung bình trên một locus trong nghiên cứu của chúng tôi trên 19 dòng đột biến và giống gốc ít hơn rất nhiều so với kết quả nghiên cứu của các tác giả khác ở trong và ngoài nước. Nghiên cứu của Trần Thị Lương và cs (2013) [3] khi sử dụng 40 chỉ thị SSR để nghiên cứu 60 giống lúa đặc sản và chất lượng ở Việt Nam đã xác định được 33/40 cặp môi cho locus đa hình (số alen của mỗi cặp môi dao động 2-10 alen/locus), trung bình 5,45 alen/locus. Ngô Thị Hồng Tươi và cs (2014) [4], sử dụng 35 chỉ thị SSR để nghiên cứu đa dạng di truyền của 46 dòng/giống lúa cẩm, kết quả là 6 cặp môi cho locus đơn hình và 29 chỉ thị còn lại cho locus đa hình (2-5 alen/locus) đã thu được tổng số 68 loại alen với tỷ lệ trung bình 2,62 alen/locus. Kết quả nghiên cứu của chúng tôi cũng thấp hơn so với kết quả nghiên cứu của Ashfaq và cs (2012) [5] khi nghiên cứu sự đa dạng di truyền giống lúa Basmati cho trung bình 3,6 alen/locus; Rahman và cs (2012) [6] khi nghiên cứu đa dạng di truyền các giống lúa ưu tú ở Bangladesh với giá trị trung bình là 4,18 alen/locus. Đặc biệt, kết quả này thấp hơn nhiều so với nghiên cứu của Thomson và cs (2007) [7] khi nghiên cứu về đa dạng di truyền các giống lúa bản địa ở Indonesia với số alen trung bình là 13 alen/locus.

Hệ số PIC được dùng như là thước đo tính đa hình của các alen ở mỗi locus SSR. Số liệu ở bảng 1 cho thấy, hệ số PIC thu được ở các dòng đột biến (nhóm A) khá thấp, dao động từ 0,00 (ở các cặp môi cho locus đơn hình) đến 0,40 (ở RM341 và RM 296); hệ số PIC trung bình của 31 cặp môi là 0,04, thấp hơn đáng kể so với hệ số PIC thu được từ các dòng lai (nhóm B) với hệ số PIC trung bình cho mỗi cặp môi là 0,22 (gấp 5,5 lần so với ở các dòng đột biến - nhóm A). Hệ số PIC ở kết quả nghiên cứu của chúng tôi thấp hơn đáng kể so với ở kết quả nghiên cứu của Trần Thị Lương và cs (2013) [3], nghiên cứu đa hình của 60 giống lúa đặc sản và chất lượng ở Việt Nam với 40 chỉ thị SSR cho hệ số PIC trung bình 0,60. Ngô Thị Hồng Tươi và cs (2014) [4], sử dụng 35 cặp môi nghiên cứu 46 dòng/giống cho hệ số PIC trung bình 0,46. Rani và cs (2006) [8], đánh giá đa dạng di truyền các giống lúa thơm của Ấn Độ bằng

việc sử dụng 12 cặp mỗi SSR, hệ số PIC dao động từ 0,00 đến 0,830; Lapitan và cs (2007) [9], khi đánh giá đa dạng di truyền giống lúa chất lượng ở Philippin đã chỉ ra hệ số PIC trung bình của các giống lúa là 0,68 trên mỗi locus.

Sự sai khác trên có thể được giải thích do 2 nguyên nhân chủ yếu sau: *Một là*, đối tượng của các nghiên cứu là khác nhau. Các nghiên cứu ở trong và ngoài nước chủ yếu nghiên cứu sự đa hình của tập đoàn giống lúa, hoặc tập đoàn dòng lai được tạo ra từ tổ hợp lai đơn giữa 2 dòng đột biến như đã nêu ở trên; trong khi đối tượng nghiên cứu của chúng tôi là tập đoàn dòng đột biến phát sinh từ một giống lúa thuần lâu đời, do đó mức độ đa hình thấp hơn. *Hai là*, các nghiên cứu sử dụng số lượng và loại môi khác nhau, do đó kết quả xác định các alen cũng khác nhau.

Khi sử dụng cùng chủng loại và số lượng môi như trong nghiên cứu của tác giả Nguyễn Minh Công và cs (2012) [1] để nghiên cứu tính đa hình của 19 dòng đột biến và giống gốc (bảng 2), chúng tôi nhận thấy, tập đoàn dòng đột biến phát sinh từ cùng một giống lúa thuần lâu đời có mức độ đa hình thấp hơn đáng kể so với tập đoàn dòng lai được tạo ra từ tổ hợp lai giữa 2 dòng đột biến (TXĐDB3 và DHHDB5) phát sinh từ 2 giống lúa tẻ đặc sản Tám Xuân Đài và Dự Hải Hậu.

Tỷ lệ dị hợp tử (H%) và tỷ lệ khuyết số liệu (M%) của các dòng đột biến nghiên cứu

Tỷ lệ khuyết số liệu (M) và tỷ lệ dị hợp tử (H) của các dòng lúa nghiên cứu dựa trên kết quả phân tích có sử dụng 31 cặp mỗi SSR được trình bày ở bảng 2.

Bảng 2. Tỷ lệ dị hợp tử (H%) và tỷ lệ khuyết số liệu (M%) của các dòng đột biến nghiên cứu.

STT	Dòng/giống	M%	H%	STT	Dòng/giống	M%	H%
1	D ₁	0,00	0,00	11	D ₁₁	0,00	0,00
2	D ₂	3,20	0,00	12	D ₁₂	0,00	3,20
3	D ₃	0,00	0,00	13	D ₁₃	3,20	0,00
4	D ₄	0,00	0,00	14	D ₁₄	0,00	0,00
5	D ₅	0,00	0,00	15	D ₁₅	0,00	3,20
6	D ₆	0,00	0,00	16	D ₁₆	0,00	0,00
7	D ₇	0,00	0,00	17	D ₁₇	0,00	0,00
8	D ₈	3,20	0,00	18	D ₁₈	0,00	0,00
9	D ₉	0,00	0,00	19	D ₁₉	0,00	0,00
10	D ₁₀	0,00	0,00	20	Đ/C	0,00	0,00
		Trung bình				0,48	0,32

Đ/C: Đối chứng; D₁, D₂,...: Các dòng đột biến số 1, số 2...

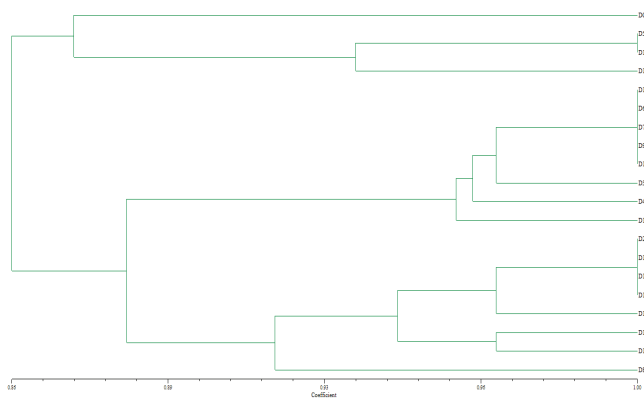
Kết quả bảng 2 cho thấy, các dòng đột biến nghiên cứu có độ thuần di truyền khá cao. Trong số 20 dòng/giống nghiên cứu, 17 dòng có tỷ lệ dị hợp tử bằng 0% (bằng mức dị hợp tử của giống gốc), nghĩa là các dòng này đều đồng hợp ở cả 31 locus liên kết với 31 môi sử dụng trong nghiên cứu (chỉ có 1 alen duy nhất/locus), các dòng D12 và D15 đều có tỷ lệ dị hợp tử là 3,2. Tính chung, tỷ lệ trung bình dị hợp tử trong các dòng/giống nghiên cứu rất thấp (0,32), thấp hơn đáng kể so với kết quả nghiên cứu của Nguyễn Minh Công và cs (2012) [1] trên 24 dòng lai và bố mẹ của chúng (cùng sử dụng 31 cặp mỗi và quy trình thí nghiệm như trên) có tỷ lệ dị hợp tử trung bình 2,13.

Kết quả bảng 2 cũng cho thấy, tỷ lệ khuyết số liệu của các dòng/giống nghiên cứu rất thấp. Có 3 trong tổng số 20 dòng/giống nghiên cứu (D2, D8 và D13) có cùng tỷ lệ khuyết số liệu là 3,2. Tỷ lệ trung bình về khuyết số liệu của tất cả các dòng/giống nghiên cứu là 0,48. Như vậy, các số liệu thu được của tất cả các dòng/giống nghiên cứu có độ tin cậy cao để đánh giá thống kê và xác định mối quan hệ di truyền.

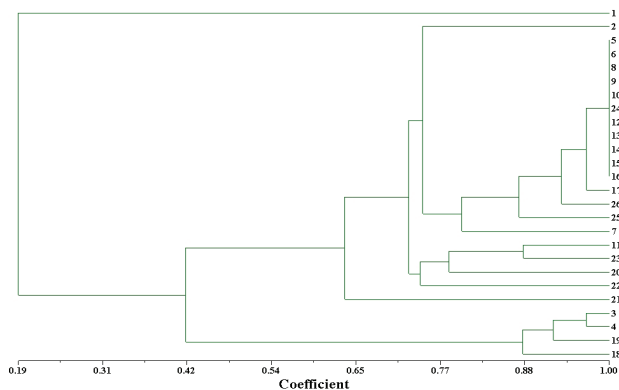
Mối quan hệ di truyền của 19 dòng đột biến và giống gốc

Số liệu thu được từ bộ tiêu bản điện di các sản phẩm PCR với 31 cặp mỗi SSR của 20 dòng/giống lúa nghiên cứu được thống kê và phân tích bằng phần mềm NTSYSpc version 2.1, từ đó thiết lập bảng hệ số tương đồng di truyền và xây dựng sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền ở mức phân tử. Kết quả phân tích cho thấy, 20 dòng/giống nghiên cứu có độ đa dạng thấp, hệ số tương đồng di truyền dựa trên 31 cặp mỗi SSR dao động trong khoảng từ 0,86 đến 1,0.

Kết quả được thể hiện ở hình 2 và kết quả xử lý thống kê cho thấy: 1) Với hệ số tương đồng 0,86 thì 20 dòng/giống nghiên cứu được chia thành 2 nhóm: Nhóm 1: Gồm giống gốc và D5, D15, D19; Nhóm 2: Gồm các dòng còn lại (D1, D2, D3, D4, D6, D7, D8, D9, D10, D11, D12, D13, D14, D16, D17 và D18); 2) Với hệ số tương đồng 0,93 thì 19 dòng đột biến và giống gốc chia thành 4 nhóm, gồm: Nhóm 1: Chỉ có giống gốc Tám Xuân Đài; nhóm 2 gồm 3 dòng: D5, D15 và D19; nhóm 3 gồm 8 dòng: D1, D3, D4, D6, D7, D9, D12 và D13; nhóm 4 gồm 8 dòng: D2, D8, D10, D11, D14, D16, D17 và D18.



Hình 2. Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền giữa 19 dòng đột biến và giống gốc dựa trên 31 cặp mỗi SSR.



Hình 3. Quan hệ di truyền giữa 24 dòng lai và 2 dòng bố mẹ (TXĐĐB3 và DHHĐB5) dựa trên 31 cặp mỗi SSR (nguồn: Nguyễn Minh Công và cs, 2012 [1]).

Kết quả phân tích cho thấy, mức độ đa dạng di truyền của 19 dòng đột biến và giống gốc của nghiên cứu này là thấp hơn đáng kể so với mức độ đa dạng di truyền của 24 dòng lai được tạo từ tổ hợp lai giữa 2 dòng đột biến gây tạo từ 2 giống lúa khác nhau (Tám Xuân Đài và Dự Hải Hậu) được tác giả Nguyễn Minh Công và cộng sự nghiên cứu, công bố năm 2012 [1], khi 2 nghiên cứu này cùng sử dụng 31 cặp mỗi giống nhau. Theo đó, 24 dòng lai và bố mẹ của chúng có hệ số tương đồng dao động từ 0,19 đến 1,0; với mức tương đồng di truyền 0,77 thì 24 dòng lai và dòng cha mẹ của chúng chia thành 7 nhóm (hình 3). Nghiên cứu của nhóm tác giả Trần Thị Lương, Lưu Minh Cúc, Nguyễn Đức Thành (2013) [3] trên 60 giống lúa chất lượng và lúa đặc sản bằng 40 chỉ thị phân tử có hệ số tương đồng dao động từ 0,06 đến 0,77.

Kết luận

Sử dụng quy trình thí nghiệm sinh học phân tử với 31 cặp mỗi SSR để phân tích, đối chiếu và so sánh sự đa dạng di truyền của 19 dòng đột biến và giống gốc với 24 dòng lai và cha mẹ của chúng, đã xác định được:

Hệ số tương đồng di truyền của 19 dòng đột biến rất cao (dao động từ 0,86 đến 1,00), cao hơn rất nhiều so với ở 24 dòng lai (dao động từ 0,19 đến 1,00).

Chỉ số đa dạng của 19 dòng đột biến thấp hơn đáng kể so với ở 24 dòng lai (với các giá trị trung bình tương ứng lần lượt là 0,04 và 0,22).

Tương tự, số alen trung bình/locus ở 19 dòng đột biến thấp hơn đáng kể so với ở 24 dòng lai (với các giá trị trung bình tương ứng lần lượt là 1,10 và 2,06).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Nguyễn Minh Công, Khuất Hữu Trung, Nguyễn Tiến Thăng, Nguyễn Minh Anh Tuấn, Nguyễn Văn Tiếp (2012), "Nghiên cứu quan hệ giữa đa dạng di truyền ở mức phân tử với đặc điểm nông sinh học của 24 dòng lai và bố mẹ của chúng", *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*, **18**(2), tr.10-18.
- [2] Nguyễn Minh Công (2000), *Báo cáo tổng kết đề tài "Xác định tính quy luật của sự phát sinh một số đột biến trên loài lúa trồng châu Á (O. sativa L.) khi xử lý đột biến"*, mã số: 4.5.10 (1996-1997) và 6.5.10 (1998-2000), thuộc Chương trình nghiên cứu cơ bản cấp nhà nước, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội.
- [3] Trần Thị Lương, Lưu Minh Cúc, Nguyễn Đức Thành (2013), "Phân tích quan hệ di truyền một số giống lúa đặc sản, chất lượng trồng phổ biến ở Việt Nam bằng chỉ thị phân tử SSR", *Tạp chí Sinh học*, **35**(3), tr.348-356.
- [4] Ngô Thị Hồng Tươi, Phạm Văn Cường, Nguyễn Văn Hoan (2014), "Phân tích đa dạng di truyền các mẫu giống lúa cẩm bằng chỉ thị SSR", *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, **12**(4), tr.485-494.
- [5] M. Ashfaq, A.S. Khan (2012), "Genetic diversity in basmati rice (*Oryza sativa* L.) germplasm as revealed by microsatellite (SSR) markers", *Genetika*, **48**(1), pp.62-67.
- [6] M.M. Rahman, G.M. Rasaul, A.M. Hossain, M.K. Iftekharuddaula, H. Hasegawa (2012), "Molecular Characterization and Genetic Diversity Analysis of Rice (*Oryza sativa* L.) Using SSR Markers", *J. of Crop Improvement.*, **26**(2), pp.244-257.
- [7] M.J. Thomson, E.M. Septiningsih, F. Suwardjo, T.J. Santoso, T.S. Silitonga, S.R. McCouch (2007), "Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers", *Theor. Appl. Genet.*, **114**(3), pp.559-68.
- [8] N.S. Rani, M.K. Pandey, G.S.V. Prasad, I. Sudharshan (2006), "Historical significance, grain quality features and precision breeding for improvement of export quality basmati varieties in India", *Indian J. Crop Sci.*, **1**(1-2), pp.29-41.
- [9] C.V. Lapitan, S.B. Darshan, A. Toshinori, D.E. Redona (2007), "Assessment of genetic diversity of Philippine rice cultivars carrying good quality traits using SSR markers", *Breed. Sci.*, **57**(4), pp.263-270.