

Study on growth and development ability of new maize varieties in Thanh Hoa province

Kieu Quang Luan, Kieu Xuan Dam, Nguyen Xuan Sinh,
Hoang Thi Thanh Hoa, Nguyen Thanh Tuan

Abstract

The growth and development ability of some new hybrid maize varieties was evaluated during Autumn Winter of 2018 and Spring of 2019 in Thanh Hoa province. The experiments were arranged in completely randomized block design (CRBD) with 4 repetitions. The planting density was 57,000 plants/ha; the fertilizer application per ha was 2,500 kg of organic mineral fertilizer + 450 kg Urea + 700 kg Superphosphate + 200 kg Kaliclorua. The results showed that the growth duration of hybrid maize varieties was 97 - 99 days in Autumn Winter of 2018 and 115 - 119 days in Spring of 2019 in Yen Dinh district, Thanh Hoa province; these hybrid maize varieties belonged to medium growth duration and was suitable to ecological condition and cultivation custom of the local people. The variety TM18-3 had high harvesting yield of 75.41 quintals/ha in Autumn Winter of 2018. The variety TM18-3 had high harvesting yield of 74.05 quintals/ha, and the variety VS201 had high harvesting yield of 74.53 quintals/ha in Spring of 2019; these two varieties had high harvesting yield, stability, adaptability in Thanh Hoa province.

Keywords: hybrid maize variety, yield, stability, growth and development

Ngày nhận bài: 10/4/2020

Ngày phản biện: 17/4/2020

Người phản biện: TS. Phạm Xuân Liêm

Ngày duyệt đăng: 29/4/2020

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA 24 DÒNG NGŨ ĐƠN BỘI KÉP TẠO RA BẰNG PHƯƠNG PHÁP KÍCH TẠO ĐƠN BỘI

Nguyễn Đức Thành¹, Đặng Ngọc Hạ¹,
Nguyễn Văn Trường¹, Nguyễn Thế Hùng²

TÓM TẮT

Trong những năm gần đây, công nghệ kích tạo đơn bội trong chọn tạo giống ngô lai đang được nhiều nước trên thế giới nghiên cứu và ứng dụng rộng rãi. Với sự giúp đỡ của CIMMYT, Viện Nghiên cứu Ngô đã tiếp nhận thành công công nghệ tạo dòng đơn bội kép và tạo ra nhiều dòng đơn bội kép. Đánh giá đa dạng di truyền, phân nhóm ưu thế lai 24 dòng đơn bội kép (DH) bằng chỉ thị phân tử SSR ở vụ Xuân 2017. Qua đánh giá cho thấy đa số các dòng có độ thuần di truyền cao, tỷ lệ đồng hợp tử lớn hơn 90%. Với hệ số tương đồng di truyền 0,30 các dòng ngô chia làm 2 nhóm lớn (21 dòng và 3 dòng), ở hệ số tương đồng di truyền 0,32 nhóm lớn I được chia thành 2 nhóm thứ cấp (15 dòng và 6 dòng).

Từ khóa: Công nghệ kích tạo đơn bội, đa dạng di truyền, dòng ngô đơn bội kép

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chương trình chọn tạo giống ngô lai ứng dụng công nghệ sử dụng cây kích tạo đơn bội tại Việt Nam trong những năm qua đã đạt được nhiều thành công. Thông qua 2 dự án: “Dự án sản xuất giống ngô lai giai đoạn 2011 - 2015”, “Dự án nghiên cứu ứng dụng công nghệ kích tạo đơn bội trong chọn tạo giống ngô lai” và chương trình hợp tác với CIMMYT, Viện Nghiên cứu Ngô đã thực hiện thành công “Công nghệ tạo dòng ngô đơn bội kép bằng phương pháp sử dụng cây kích tạo đơn bội” tại Việt Nam.

Để tạo ra được một tổ hợp lai có ưu thế lai tốt việc đánh giá được khả năng kết hợp của các dòng

thuần thông qua các phương pháp lai đỉnh, lai luân giao là vô cùng quan trọng. Tuy nhiên, việc đánh giá các đặc tính hình thái ngoài ruộng các con lai tốn rất nhiều thời gian và công sức. Do đó, cần ứng dụng chỉ thị phân tử DNA giúp cho việc lai tạo giống có định hướng và nhanh chóng hơn. Chỉ thị phân tử DNA có nhiều ưu điểm như đo lường trực tiếp vật liệu di truyền, số lượng dấu trong quần thể lớn, không chịu ảnh hưởng môi trường, nhanh chóng và chính xác (Nguyễn Thị Lang và *ctv.*, 2005). Chính nhờ những ưu điểm này, các chỉ thị phân tử như Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP), Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD), Amplified

¹ Viện Nghiên cứu Ngô; ² Học viện Nông nghiệp Việt Nam

Fragment Length polymorphism (AFLP), Simple Sequence Repeat (SSR)... đã được ứng dụng nhiều trong chọn giống phân tử. Trong đó, chỉ thị SSR tỏ ra hiệu quả và đã được sử dụng trong nhiều công trình nghiên cứu khoa học trên thế giới và trong nước trong việc xác định giống, kiểu di truyền, sự phát sinh loài, đa dạng di truyền, tính khoảng cách di truyền để tiên đoán ưu thế lai...

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Vật liệu trong thí nghiệm đánh giá dòng gồm 24 dòng ngô đơn bội kép và 2 dòng đối chứng (Bảng 1).

Bảng 1. Tên và nguồn gốc dòng

STT	Tên dòng	Nguồn gốc
1	D1	Giống ngô lai đơn NK67
2	D2	Giống ngô lai đơn NK4300, Syngenta
3	D3	Giống ngô lai kép NK4300 × NK67
4	D4	Giống ngô lai kép NK4300 × NK67
5	D5	Giống ngô lai đơn NK7328
6	D6	Giống ngô lai đơn NK7328
7	D7	Giống ngô lai đơn DK8868
8	D8	Giống ngô lai đơn DK8868
9	D9	Giống ngô lai đơn DK8868
10	D10	Giống ngô lai đơn DK9901
11	D11	Giống ngô lai đơn DK9901
12	D12	Giống ngô lai đơn DK9901
13	D13	Giống ngô lai đơn DK9901
14	D14	Giống ngô lai đơn CP333
15	D15	Giống ngô lai đơn CP333
16	D16	Giống ngô lai đơn CP333
17	D17	Giống ngô lai đơn CP333
18	D18	Giống ngô lai đơn 30Y87
19	D19	Giống ngô lai đơn 30Y87
20	D20	Giống ngô lai đơn VN8960
21	D21	Giống ngô lai đơn 30Y87
22	D22	Giống ngô lai đơn 30Y87
23	D23	Giống ngô lai đơn LCH9
24	D24	Giống ngô lai đơn LCH9
D6 đối chứng 1 (ĐC 1)	Viện Nghiên cứu Ngô	
IL6 đối chứng 2 (ĐC 2)	Viện Nghiên cứu Ngô	

- 22 chỉ thị SSR trong nghiên cứu (John L Portwood *et al.*, 2018) (Bảng 2).

Bảng 2. Danh sách môi sử dụng

STT	Tên môi	Vị trí trên NST	Kiểu lặp	Kích thước (bp)
1	umc1399	3,07	(CTAG)5	111 - 127
2	phi374118	3,02	ACC	217 - 238
3	phi112	7,01	AG	136 - 160
4	phi100175	8,06	AAGC	117 - 141
5	phi452693	6,06	AGCC	125 - 145
6	phi233376	8,03	CCG	142 - 154
7	phi423796	6,01	AGATG	121 - 141
8	phi78	6,05	AAAG	122 - 166
9	phi84	10,04	GAA	150 - 156
10	umc1161	8,06	GCTGGG	134 - 158
11	phi127	2,08	AGAC	112 - 126
12	umc1196	10,07	CACACG	137 - 161
13	phi93	4,08	AGCT	274 - 294
14	umc1109	4,10	AG	104 - 116
15	umc1304	8,02	(TCGA)4	129 - 137
16	umc1279	9,00	(CCT)6	92 - 101
17	umc1136	3,10	GCA	132 - 159
18	phi101049	2,09	AGAT	230 - 274
19	phi448880	9,45	AAG	172 - 188
20	umc1153	5,09	(TCA)4	105 - 114
21	nc133	2,05	GTGTC	110 - 115
22	umc2359	9,07	(AAG)4	118 - 150
23	umc1862	1,11	GA	121 - 150

Nguồn: Bộ môn Công nghệ sinh học, Viện Nghiên cứu Ngô.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Thí nghiệm ứng dụng chỉ thị phân tử SSR phân tích đa dạng di truyền và phân nhóm ưu thế lai 24 dòng ngô đơn bội kép: Tách DNA tổng số theo phương pháp của Saghai-Marooof và cộng tác viên (1984). Điện di sản phẩm PCR: theo quy trình của AMBIONET (2004). Liệt kê tất cả các băng xuất hiện ở tất cả giếng. Trên một giếng, băng có xuất hiện cho điểm 1, không xuất hiện cho điểm 0 và những dòng khuyết số liệu hoặc băng không chắc chắn cho điểm 9. Thông qua các dữ liệu mã hóa, tính toán giá trị PIC (Polymorphism Information Content), các giá trị về tỷ lệ dị hợp tử, tỷ lệ khuyết số liệu, Hệ số tương đồng di truyền (GS) được tính theo hệ số Jacard (Lanza *et al.*, 1997).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Thí nghiệm đánh giá đa dạng di truyền 24 dòng ngô đơn bội kép bằng chỉ thị SSR được thực hiện vào vụ Xuân năm 2017 tại Viện Nghiên cứu Ngô.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

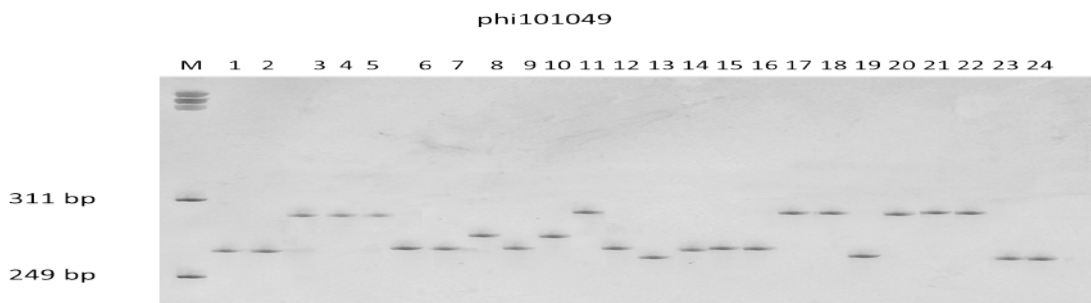
3.1. Kết quả khảo sát 23 môi SSR trên 24 dòng ngô

Qua bảng 3 cho thấy số allen xuất hiện của

các môi dao động từ 2 đến 5 allen, trong đó mỗi phi101049 (Hình 1) và mỗi umc1399 là mỗi có số allen xuất hiện nhiều nhất tới 5 allen, có 5 mỗi có số allen ít nhất là (2 allen) đó là mỗi phi100175, phi78, umc1196, phi448880, umc2359 các mỗi còn lại có số allen dao động từ 3 - 4 allen. Tổng số allen thể hiện trên 23 môi SSR nghiên cứu là 70 allen, trung bình số allen xuất hiện là 3,04 allen/mỗi.

Bảng 3. Số allen, hệ số PIC và tỷ lệ khuyết số liệu của 23 môi SSR dùng ở bộ I

STT	Tên mỗi	Số allele	Tỷ lệ khuyết số liệu (%)	Hệ số PIC	STT	Tên mỗi	Số allele	Tỷ lệ khuyết số liệu (%)	Hệ số PIC
1	umc1399	5	3,33	0,76	13	phi93	3	0,00	0,53
2	phi374118	3	3,33	0,42	14	umc1109	3	6,67	0,46
3	phi112	3	3,33	0,58	15	umc1304	3	0,00	0,43
4	phi100175	2	0,00	0,38	16	umc1279	3	6,67	0,31
5	phi452693	3	3,33	0,36	17	umc1136	3	3,33	0,48
6	phi233376	4	0,00	0,47	18	phi101049	5	0,00	0,68
7	phi423796	3	0,00	0,29	19	phi448880	2	0,00	0,38
8	phi78	2	0,00	0,50	20	umc1153	3	0,00	0,58
9	phi84	3	0,00	0,35	21	nc133	3	0,00	0,43
10	umc1161	4	0,00	0,57	22	umc2359	2	0,00	0,50
11	phi127	3	0,00	0,60	23	umc1862	3	0,00	0,59
12	umc1196	2	0,00	0,28	<i>Trung bình</i>		<i>3,04</i>	<i>1,30</i>	<i>0,47</i>



Hình 1. Kết quả di sản phẩm PCR mỗi phi101049 của 24 dòng ngô trên gel polyacrylamide 4,5%

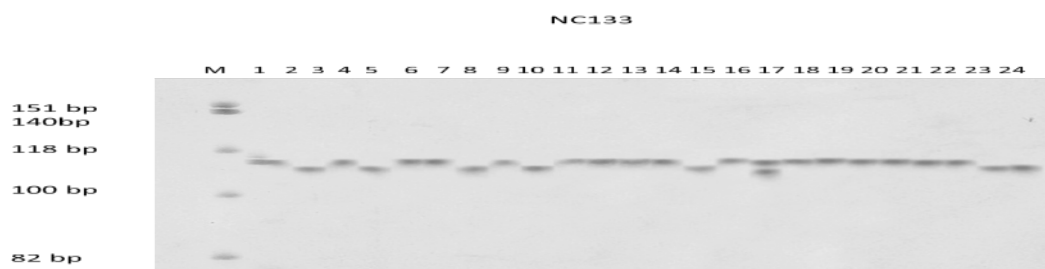
Quan sát hình ảnh trên bản gel điện di sản phẩm PCR mỗi phi101049 cho thấy locus có 5 allen với 24 băng DNA. Tất cả các dòng đều xuất hiện 1 băng duy nhất. Với mỗi phi101049 thì các dòng đều thể hiện đồng hợp tử không xuất hiện băng khuyết số liệu hay dị hợp tử.

- Tỷ lệ khuyết số liệu: Bảng 4 cho thấy tỷ lệ khuyết số liệu của các mỗi thấp chỉ có 2 mỗi umc1109 và umc1279 có tỷ lệ khuyết lớn hơn 5% (6,67%). Tỷ lệ khuyết số liệu trung bình là 1,30% và tất cả khuyết số liệu các mỗi đều có tỷ lệ nhỏ hơn 15% đảm bảo yêu cầu cho các phân tích tiếp theo.

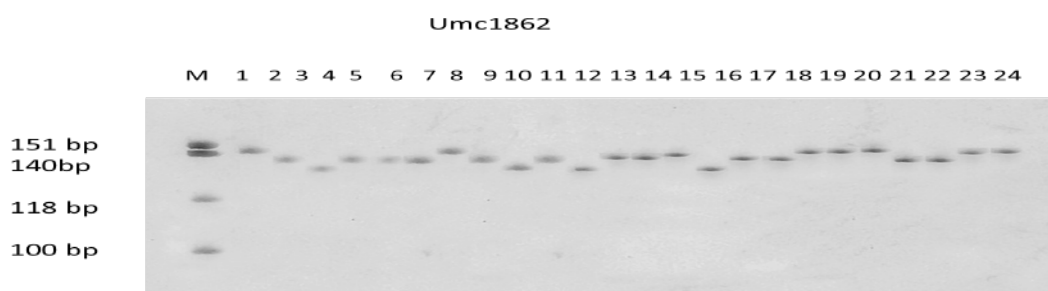
- Hệ số PIC: Kết quả ở bảng 4 cho thấy giá trị PIC biến thiên từ thấp nhất là 0,28 (mỗi umc1196) đến cao nhất là 0,76 (mỗi umc1399) và giá trị trung bình là 0,47. Kết quả này thấp hơn kết quả nghiên cứu của Bantte và Prasanna (2013) có hệ số PIC trung bình là 0,54; nghiên cứu của Pandey và Hossain (2015) hệ số PIC trung bình là 0,50 và hệ số PIC trung bình (0,48) trong kết quả nghiên cứu của Krishna và cộng tác viên (2012). Như vậy, với hệ số PIC như trên cũng chứng tỏ bộ mỗi sử dụng trong thí nghiệm để đánh giá các dòng chưa đa dạng. Trong số các mỗi nghiên cứu đó thì có 2 mỗi có giá trị PIC cao như umc1399 (0,76) và phi101049 (0,68). Như vậy có thể

thấy có các dòng ngô có sự đa dạng rất cao, đó là những dòng có ưu thế trong công tác lai tạo giống. Bên cạnh đó, các môi có giá trị PIC thấp như môi umc1196 và phi423796 (0,28 và 0,29) thể hiện sự phân biệt giữa các dòng.

Kết quả điện di một số môi điển hình được trình bày trong các hình 2 và hình 3 ngô thuần của môi thấp, không nên sử dụng cho những nghiên cứu tiếp theo.



Hình 2. Kết quả di sản phẩm PCR môi nc133 của 24 dòng ngô trên gel polyacrylamide 4,5%



Hình 3. Kết quả di sản phẩm PCR môi umc1862 của 24 dòng ngô trên gel polyacrylamide 4,5%

Quan sát hình ảnh trên bản gel điện di sản phẩm PCR môi nc133 (Hình 3) cho thấy locus có 2 allen với 25 băng DNA. Mẫu D17 có 2 băng xuất hiện thể hiện trạng thái dị hợp tử.

Quan sát hình ảnh trên bản gel điện di sản phẩm PCR môi umc1862 cho thấy locus có 3 allen với

24 băng DNA. Tất cả các dòng đều xuất hiện 1 băng duy nhất. Với môi phi101049 thì các dòng đều thể hiện đồng hợp tử không xuất hiện băng khuyết số liệu hay dị hợp tử.

3.2. Độ thuần di truyền của 24 dòng ngô nghiên cứu

Bảng 4. Tỷ lệ khuyết số liệu (%M) và tỷ lệ dị hợp tử (%H) 24 dòng ngô của bộ I

STT	Tên dòng	Số môi khuyết số liệu	Tỷ lệ khuyết số liệu (%)	Số môi xuất hiện dị hợp tử	Tỷ lệ dị hợp tử (%)	STT	Tên dòng	Số môi khuyết số liệu	Tỷ lệ khuyết số liệu (%)	Số môi xuất hiện dị hợp tử	Tỷ lệ dị hợp tử (%)
1	D1	0	0,00	0	0,00	14	D14	0	0,00	0	0,00
2	D2	0	0,00	0	0,00	15	D15	1	4,35	0	0,00
3	D3	0	0,00	0	0,00	16	D16	1	4,35	2	9,09
4	D4	0	0,00	0	0,00	17	D17	0	0,00	0	0,00
5	D5	1	4,35	0	0,00	18	D18	0	0,00	0	0,00
6	D6	0	0,00	0	0,00	19	D19	0	0,00	0	0,00
7	D7	0	0,00	0	0,00	20	D20	2	8,70	0	0,00
8	D8	0	0,00	0	0,00	21	D21	2	8,70	0	0,00
9	D9	0	0,00	0	0,00	22	D22	0	0,00	0	0,00
10	D10	0	0,00	0	0,00	23	D23	1	4,35	0	0,00
11	D11	0	0,00	0	0,00	24	D24	0	0,00	0	0,00
12	D12	1	4,35	0	0,00	Trung bình		0,38	1,63	0,83	0,38
13	D13	0	0,00	0	0,00						

Kết quả bảng 4 cho thấy các dòng đều có tỷ lệ dị hợp tử thay đổi từ 0 đến 9,09%. Giá trị trung bình của tỉ lệ dị hợp tử là 0,38% thể hiện các dòng ngô có độ thuần rất cao trên các locus khảo sát. Tỷ lệ khuyết số liệu ở các dòng ngô khá thấp, 5 dòng là D5, D12, D15, D16, D1 có một môi không được khuếch đại tương ứng với tỉ lệ khuyết số liệu là 4,35%, hai dòng D20 và D21 có 02 môi không được khuếch đại với tỉ lệ khuyết số liệu của dòng cao nhất là 8,70%. Tỷ lệ khuyết số liệu trung bình của 24 dòng là 1,63% và ở mức rất thấp và thấp hơn 15%, vì vậy số liệu của 24 dòng ngô đảm bảo độ tin cậy khi sử dụng để phân tích.

3.3. Phân nhóm đa dạng di truyền 24 dòng ngô bằng 23 môi SSR

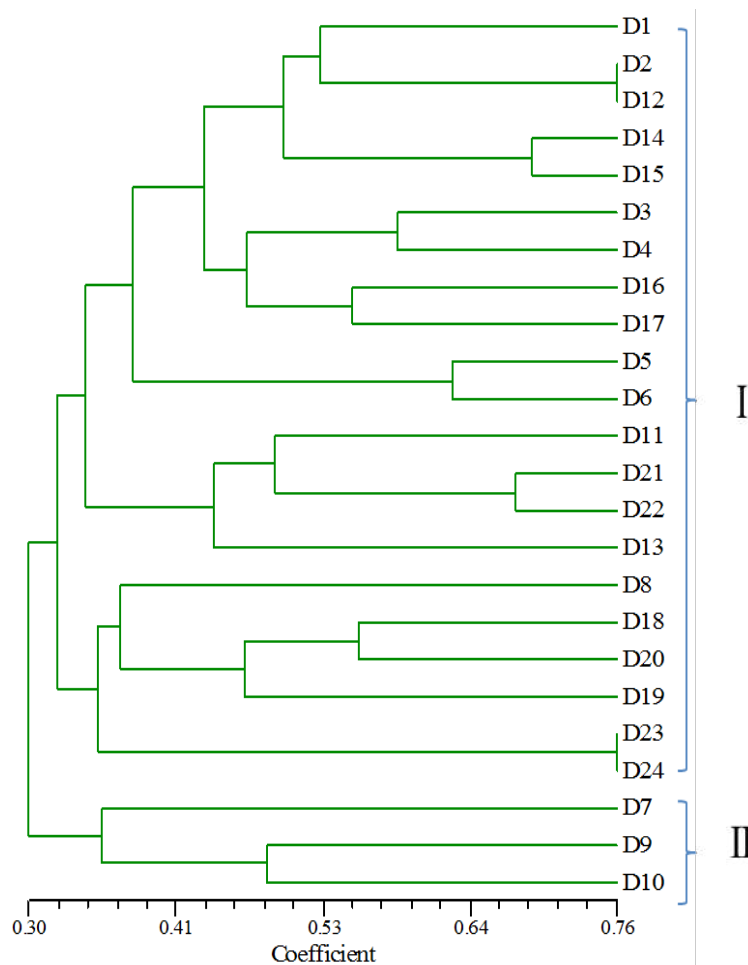
Kết quả bảng 5 cho thấy hệ số tương đồng di truyền của các dòng biến thiên trong khoảng từ 0,08 - 0,76. Nhìn chung, khoảng cách di truyền của các dòng tương đối lớn cho thấy các dòng tương đối khác biệt nhau về vật chất di truyền. Đây là một trong những thuận lợi lớn đối với chọn tạo giống

ngô lai, là cơ sở để có được nhưng tổ hợp lai có khả năng kết hợp cao hay nói cách khác là có biểu hiện ưu thế lai cao.

Kết quả phân nhóm di truyền theo phương pháp UPGMA (Hình 4) cho thấy ở hệ số tương đồng di truyền 0,30 các dòng ngô chia làm 2 nhóm lớn: Nhóm lớn I bao gồm 21 dòng, bao gồm: D1, D2, D12, D14, D15, D3, D4, D16, D17, D5, D6, D11, D21, D22, D13, D8, D18, D20, D19, D23, D24; Nhóm lớn II bao gồm 3 dòng: D7, D9, D10.

Nhóm lớn I ở hệ số tương đồng di truyền 0,32 được chia thành các nhóm nhỏ: Nhóm thứ cấp I.1 bao gồm 15 dòng: D1, D2, D12, D14, D15, D3, D4, D16, D17, D5, D6, D11, D21, D22, D13; Nhóm thứ cấp I.2 bao gồm 6 dòng: D8, D18, D20, D19, D23, D24.

Ở thí nghiệm này, đa số các dòng tham gia đánh giá có khoảng cách di truyền tương đối xa (ngoại trừ cặp dòng D2-D12 và cặp D23-D24) do đó khả năng tạo được con lai có ưu thế lai cao là rất lớn (Bảng 5).



Hình 4. Sơ đồ phân nhóm đa dạng di truyền của 24 dòng ngô của bộ I dựa trên 23 môi SSR theo phương pháp phân nhóm UPGMA

Bảng 5. Ma trận hệ số tương đồng (Jaccard) của 24 dòng ngô đơn bội kép dựa trên 23 chỉ thị SSR

	D1	D2	D3	D4	D5	D6	D7	D8	D9	D10	D11	D12	D13	D14	D15	D16	D17	D18	D19	D20	D21	D22	D23	D24
D1	1.00																							
D2	0.53	1.00																						
D3	0.44	0.59	1.00																					
D4	0.31	0.48	0.59	1.00																				
D5	0.33	0.33	0.47	0.47	1.00																			
D6	0.39	0.39	0.39	0.39	0.63	1.00																		
D7	0.39	0.39	0.28	0.31	0.19	0.31	1.00																	
D8	0.35	0.31	0.24	0.18	0.29	0.35	0.24	1.00																
D9	0.35	0.44	0.31	0.21	0.29	0.44	0.39	0.35	1.00															
D10	0.21	0.31	0.28	0.24	0.29	0.35	0.31	0.35	0.48	1.00														
D11	0.28	0.39	0.53	0.28	0.42	0.44	0.21	0.28	0.44	0.39	1.00													
D12	0.52	0.76	0.52	0.38	0.27	0.42	0.29	0.38	0.29	0.29	0.33	1.00												
D13	0.39	0.39	0.39	0.28	0.29	0.35	0.31	0.39	0.35	0.35	0.44	0.33	1.00											
D14	0.44	0.64	0.44	0.39	0.42	0.48	0.28	0.28	0.48	0.35	0.35	0.47	0.44	1.00										
D15	0.52	0.47	0.52	0.38	0.35	0.42	0.26	0.22	0.42	0.38	0.38	0.45	0.42	0.69	1.00									
D16	0.36	0.55	0.45	0.50	0.34	0.36	0.41	0.29	0.36	0.29	0.29	0.43	0.32	0.45	0.34	1.00								
D17	0.39	0.48	0.48	0.44	0.26	0.28	0.21	0.35	0.24	0.24	0.24	0.57	0.28	0.35	0.29	0.55	1.00							
D18	0.53	0.39	0.44	0.35	0.38	0.31	0.21	0.35	0.39	0.24	0.35	0.38	0.31	0.44	0.42	0.45	0.53	1.00						
D19	0.39	0.21	0.21	0.18	0.19	0.21	0.21	0.39	0.28	0.24	0.18	0.29	0.31	0.24	0.29	0.22	0.31	0.53	1.00					
D20	0.31	0.20	0.27	0.24	0.33	0.31	0.08	0.35	0.24	0.20	0.31	0.25	0.20	0.27	0.25	0.32	0.45	0.56	0.40	1.00				
D21	0.27	0.24	0.35	0.31	0.29	0.27	0.14	0.24	0.20	0.27	0.45	0.25	0.45	0.27	0.27	0.28	0.35	0.31	0.20	0.43	1.00			
D22	0.39	0.31	0.44	0.35	0.47	0.44	0.24	0.31	0.28	0.35	0.53	0.33	0.44	0.31	0.29	0.32	0.31	0.31	0.21	0.27	0.68	1.00		
D23	0.52	0.33	0.29	0.22	0.35	0.38	0.26	0.42	0.42	0.22	0.33	0.24	0.47	0.47	0.40	0.23	0.22	0.42	0.33	0.29	0.33	0.42	1.00	
D24	0.44	0.35	0.31	0.24	0.33	0.31	0.18	0.31	0.35	0.21	0.28	0.26	0.35	0.53	0.47	0.25	0.24	0.44	0.28	0.31	0.24	0.28	0.76	1.00

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Qua nghiên cứu cho thấy 24 dòng ngô đơn bội kép trong nghiên cứu đều có độ thuần di truyền khá cao (có tỷ lệ dị hợp tử nhỏ hơn 10%). Hệ thống mỗi SSR sử dụng trong thí nghiệm tương đối đa hình với giá trị PIC trung bình đạt 0,47.

Phân nhóm ưu thế lai theo phương pháp UPGMA ở bộ I cho thấy: ở hệ số tương đồng di truyền 0,30 các dòng ngô chia làm 2 nhóm lớn (21 dòng và 3 dòng). Ở hệ số tương đồng di truyền 0,32 nhóm lớn I được chia thành 2 nhóm thứ cấp (15 dòng và 6 dòng).

4.2. Đề nghị

Trong thời gian tới tiếp tục đánh giá, đặc điểm nông sinh học, khả năng kết hợp của tập đoàn dòng ngô đơn bội kép phục vụ cho chương trình chọn tạo giống ngô lai của Viện.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Nguyễn Thị Lang, Bùi Chí Bửu, 2005. *Sinh học phân tử: Giới thiệu phương pháp và ứng dụng*. NXB Nông nghiệp thành phố Hồ Chí Minh.

John L Portwood, II, Margaret R Woodhouse, Ethalinda K Cannon, Jack M Gardiner, Lisa C Harper, Mary L Schaeffer, Jesse R Walsh, Taner Z Sen, Kyoung Tak Cho, David A Schott, Bremen L Braun, Miranda Dietze, Brittney Dunfee, Christine G Elisk, Nancy Manchanda, Ed Coe, Marty Sachs, Philip Stinard,

Josh Tolbert, Shane Zimmerman, Carson M Andorf, 2018. MaizeGDB 2018: the maize multi-genome genetics and genomics database. *Nucleic Acids Research*, Volume 47, Issue D1, Pages D1146-D1154.

AMBIONET - Asian Maize Biotechnology Network, 2004. *Laboratory handbook: Protocol for maize genotyping using SSR markers and data analysis*. AMBIONET Service Laboratory, CIMMYT.

Bantte K., Prasanna B.M., 2013. Simple sequence repeat polymorphism in Quality Protein Maize (QPM) lines. *Euphytica*, 129: 337-344.

Lanza L, L, B, C, I, J, Souza, L, M, Ottoboni, M, L, C, Vieira, A, P, Souza, 1997, Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single cross performance using RADP maker. *Theor, Appl, Genet* 94: 1023-1030.

Krishna M.S.R., S. Sokka Reddy and V. Chinna Babu Naik, 2012. Assessment of genetic diversity in quality protein maize (QPM) lines using simple sequence repeat (SSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 11 (98): 16427-16433.

Pandey N., Hossain F., 2015. Microsatellite marker-based genetic diversity among quality protein maize (QPM) inbreds differing for kernel iron and zinc. *Molecular Plant Breeding*, Vol.6, No.3: 1-10.

Saghai-Maroo M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A., Allard R.W., 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 81: 8014-8018.

Genetic diversity evaluation of 24 double haploid maize lines created by haploid inducer technology

Nguyen Duc Thanh, Dang Ngoc Ha, Nguyen Van Truong, Nguyen The Hung

Abstract

In recent years, application of haploids and double haploid lines has achieved many successes in maize breeding of Viet Nam. With the helping of CIMMYT, the National Maize Research Institute of Vietnam (MRI) has applied successfully the haploid inducer technology. Twenty four DH lines were evaluated for genetic diversity by 23 SSR markers in the spring season 2017. The evaluation result showed that the genetic purification was high and the homozygous ratio reached more than 90 percent. 24 DH maize lines in this study were divided into two major groups (twenty one and three lines) at 0.30 genetic similarity coefficient. The major group one was divided into two secondary groups (fifteen and six lines) at 0.32 genetic similarity coefficient.

Keywords: Double haploid lines, double haploid technology, genetic diversity

Ngày nhận bài: 10/4/2020
Ngày phản biện: 26/4/2020

Người phản biện: TS. Mai Đức Chung
Ngày duyệt đăng: 29/4/2020