

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG MÍA BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR

Thân Thị Thu Hạnh¹, Nguyễn Đức Quang¹, Lê Quang Tuyền¹,
Nguyễn Văn Dự¹, Nguyễn Chuyên Thuận¹

TÓM TẮT

Thí nghiệm nhằm phân tích đa dạng di truyền của 24 giống mía được sử dụng làm giống bố mẹ dựa vào mức độ đa hình của chỉ thị phân tử SSR. Thí nghiệm sử dụng 38 chỉ thị phân tử SSR, trong đó 29 chỉ thị đa hình với tổng số 143 alen được phát hiện, số alen trung bình là 3,76 alen trên một locus. Hàm lượng thông tin đa hình (PIC) dao động từ 0,3 đến 0,88 với giá trị trung bình là 0,47. Các số liệu thu được trong nghiên cứu này cung cấp những thông tin quan trọng cho việc nghiên cứu chọn tạo các giống mía năng suất cao và chất lượng tốt bằng chỉ thị phân tử.

Từ khóa: Chỉ thị phân tử SSR, đa dạng di truyền, giống mía

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trên thế giới hiện nay, cây mía được xem là một trong những cây nguyên liệu chủ lực cho sản xuất đường và nhiên liệu sinh học. Năng suất mía nước ta trong những năm qua tăng chậm và vẫn còn ở mức thấp so với thế giới và khu vực. Tính đến năm 2014, năng suất mía bình quân cả nước mới đạt xấp xỉ 65,0 tấn/ha, thấp hơn so với bình quân thế giới là 70,0 tấn/ha, Thái Lan là 76,6 tấn/ha, Philippines là 75,1 tấn/ha, Trung Quốc là 72,2 tấn/ha (FAOSTAT, 2014).

Các giống mía đang phổ biến trong sản xuất hiện nay phần lớn là giống nhập nội. Do đó, chúng dễ nhiễm bệnh và thoái hoá nhanh, khả năng thích nghi các vùng sinh thái kém. Việc ứng dụng công nghệ sinh học trong chọn tạo giống mía còn ít do sự phức tạp về mặt di truyền của mía: Kích thước hệ gen lớn, nhiều alen trên một locus, một tính trạng do nhiều alen quy định. Tuy nhiên, đã có một vài kết quả nghiên cứu rất đáng chú ý trong nghiên cứu ở mức độ phân tử như việc xây dựng bản đồ liên kết di truyền của loài mía quý *Saccharum officinarum*, đã được công bố. Việc áp dụng kỹ thuật sinh học phân

tử hiện đại như các chỉ thị phân tử RFLP, RAPD, SSR trong chọn giống, cho phép chúng ta chọn lọc đồng thời hai hay nhiều đặc tính trong cùng một thời điểm trên cùng một cá thể thay vì đánh giá kiểu hình của một quần thể mía bằng cách tìm những cá thể riêng biệt có chỉ thị phân tử liên kết với gene mong muốn (Nguyễn Văn Trữ và ctv., 2012).

Trong nghiên cứu này, chỉ thị SSR được sử dụng để nghiên cứu đa dạng nguồn gen của 24 giống mía được sử dụng làm giống bố mẹ. Qua phân tích SSR sẽ phân nhóm được nguồn vật liệu, từ đó làm dẫn liệu cho quá trình lai tạo giống mía ở những năm tiếp theo.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Các giống mía sử dụng trong thí nghiệm được thu thập từ tập đoàn trồng tại Viện Nghiên cứu Mía đường.

- 38 cặp mỗi (primer) tương ứng cho 38 đoạn ADN marker SSR đã được phát hiện tồn tại trên cây mía do Hãng Macrogen Hàn Quốc cung cấp.

Bảng 1. Danh sách 24 giống mía nghiên cứu

Ký hiệu	Tên giống	Ký hiệu	Tên giống	Ký hiệu	Tên giống	Ký hiệu	Tên giống
2	K84-200	14	K88-200	24	ROC18	40	Co475
3	ROC26	15	ROC27	26	833R	43	H39-3633
4	VN99-314	16	ROC23	27	Suphanburi7	53	Uthong 5
8	ROC25	18	Viên Lâm 2	28	My5514	56	K93-207
10	Co775	19	KU00-1-61	29	ROC10	61	KPS01-25
13	K93-219	21	Uthong 2	34	RB72-454	63	DLM5

¹ Viện Nghiên cứu Mía đường

Bảng 2. Danh mục chỉ thị phân tử SSR

EST-SSR ^a	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')	Tm (°C)
168	CAGCAGCAGCAGTCTTCGTT	GAAGTGCACACCGAAAGA	56,4
171	GCTTCTTTCTTTTCGTACACCC	TCACCTGACCACACCTCTTTTT	56,4
174	GGAGATGCTGCGGAGGTGGTT	GCCGCTTCTCATCATATCTTCTC	61,0
180	GGTCCCTGAAGATGAGAGTGAG	CCCATGCATGTAGGTAGGAAT	61,0
181	GGCGGCTGCTTCTGGGTTTGT	GGAAGCCGAGGAGCACGAGGAT	61,0
184	GCGTCCACCGGCACCACCTT	CATCCCATCCCGGCACAAGAAGA	62,7
186	CCTTTGCTTTTTCCTTTTC	GGATTACCGTTAGTTCACCCTGTC	58,9
187	CGCTCTTCTTTTGTACAGTTCATC	GCTGCTACTCCGACCTTACC	54,2
188	CACCGAAGAAACGCCAAAGA	TTCTTCTCACCATCAGCTCAACAG	58,9
189	GTAAGGAAGAAGCAACAAACAACAG	GATTCGATGCAACTCTCCTGTAAA	56,4
190	TTCTTCTGTCACCATTCAATTTG	CCCCTCGATGCTGATTGTTAC	56,4
191	GCGCCATCAGGGAAGCCAAAAC	GCGCGTGCGAGCAGATGAAC	62,7
192	TGGTTGTCCTTCTCCCTTGTGTT	CCCCACTGTCATCCACTCCTTC	58,9
193	TTTTGAAGAGAATGTGGACGAG	AGCCAATTACAAACAAAAGGTG	61,0
194	ATTAACCATCTCGTGTCCATTCC	TCATCATCTTCGGTGTCTCTTCA	61,0
195	TTCTCGCCGACGCTCACTCC	CTGCCGCCCTGTTTCGTG	61,0
201	CGCGCCATGATCCTCCTGT	ATTTCCCTCCCTTGTCCCCTTCC	62,7
204	TGCTTCTCGTTGTTATCTTCACC	TGCCAAGTTTACAGAGGAGGAA	61,0
207	CGCTTGCCTACCTCGTCTTCTCT	CAGGCGAGCGGGATTGGTA	62,7
208	TGCAGTTGATTAATTTAGGGTGGTG	CTCAGAAAACAAAATCAAGGTCGTC	61,0
210	GGAGGCCGAGGACAAGGTAGAG	GCAGCGCACGAGCAGGTC	62,7
213	AGCCGTCAGGGGTCAGG	ATTCGATGGAGCCTGAGTGAG	64,7
219	CTCCATGGCCATCGCTGCTCTG	TTCTTTGGTGGTTGGTGGCTGTGG	62,7
221	GTGATGGCGCCCTTCTGCT	CCGATCCATGGGGGTTTAC	61,0
222	TGGGCCGTTGCGTGGGTTGT	GGCGGGCGCAAGAGACTGGA	61,0
225	GCCTAATGCCATGCCCCAGAG	AGAACCGAACCTGAACTCCGATGTG	56,4
226	GCGGAGCAGGCGGAGTG	GCGGTGCCGTGGGGATTA	51,3
227	GGGGGAGGACGACGACGAGGAC	CACCCTCGCCATCATCCTCCATTT	63,9
228	CTCCTACGTCTGGCTCCTCCTGTC	GCGTGGTGTCTTGCCTGTGG	64,7
231	CTCGTCTTCTCATCGCTGTCTTC	GCGATGAACTGGATGATGACTCTG	61,0
232	GGCAAGTGGCAAGGGGAGAT	GATTAATTACCCCAACCGCCAGTC	61,0
234	CAACTTCGTACCTACACCAACACC	GAACGAGAACCACGCTGAATAACT	56,4
236	TCTTTTGGTCCTCATCCTGGTTTGT	TCTGGGCCTCTATATTCTGCTGTGG	63,9
240	GAGAAGCAGAGCAGCGGGTGGTG	TGATCACCACGCAGCAGAGGAACC	61,0
241	GGCGTGTTCGAATTTCCACTG	GCAGCAGCGCAGCCAGAGA	58,9
243	ATATGGAGCTCCGTCTTCTTGTTA	CCGTAGCTGGGGGTTGAGA	62,7
246	CACCAGAAACCGATAACAACAAGAC	AGCTCATCAATTCGTCCTATCACAC	61,0
248	CACACGCATGCCACCAACTC	AAGAGGGGAAAAAGGTTGAGTGTG	61,0

Ghi chú: EST-SSR^a: có ký hiệu SCB ở đầu, ví dụ: SCB 168

- Địa điểm nghiên cứu: Phòng thí nghiệm Sinh học phân tử, Bộ môn Công nghệ sinh học, Viện Nghiên cứu Mía đường.

- Thời gian nghiên cứu: Từ tháng 1 năm 2015 đến tháng 5 năm 2016.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Tách ADN tổng số theo phương pháp của Saghai Maroof và cs., 1984 (có cải tiến bởi Bộ môn Công nghệ sinh học, Viện Nghiên cứu Mía đường).

Cắt nhỏ mẫu lá, cho vào eppendorff. Thêm 1 ml SDS 1.5% và 100 µl NaAC, ủ ở 65°C trong 30 phút (lắc đảo 10 phút/1 lần). Lấy eppendorff ra, cho ngay vào tủ âm sâu 5 phút, ly tâm 12.000 rpm/10 phút, thu dịch nổi sang eppendorff mới. Thêm 600ul hỗn hợp (25:24:1) vortex 1.400 vòng/ phút /10 phút cho tới khi hỗn hợp chuyển sang màu trắng sữa. Ly tâm

lạnh 12.000 vòng/phút/10 phút, thu dịch trong sang eppendorff mới, thêm tiếp dung dịch 25:24:1 theo tỷ lệ 1:1, ly tâm lạnh 12.000 vòng/phút. Thu dịch nổi sang eppendorff mới. Bổ sung isopropanol lạnh theo tỷ lệ 1:2 về thể tích, trộn đều mẫu, ủ 2-3 h, ly tâm 12.000 vòng/phút /10 phút/4°C. Thu kết tủa, ủ tủa trong 250-300µl TE 1X để ổn định ADN có bổ sung 20 µl NaAC 3M để rửa tủa. Ủ ở nhiệt độ phòng trong 60 phút, thêm cồn tuyệt đối lạnh theo tỷ lệ 2:1 về thể tích khoảng 640 µl, ly tâm 12.000 vòng/phút/10 phút/4°C thu tủa. Đổ bỏ ethanol tuyệt đối, tiếp tục thêm ethanol 70% vào, rửa 2 lần. Để khô ADN và bảo quản mẫu trong 100 µl TE 1X trong tủ âm.

Ghi chú: Phenol: Chloroform: isoamyl alcohol theo tỷ lệ: (25: 24: 1): viết tắt là hỗn hợp (25:24:1).

2.2.2. Phương pháp PCR với các môi SSR

Bảng 3. Thành phần phản ứng PCR và chu kỳ luân nhiệt

STT	Thành phần phản ứng PCR		Chu kỳ luân nhiệt	
	Thành phần	Thể tích (µl)	Nhiệt độ (°C)	Thời gian (phút)
1	Buffer	3	95	2
2	ADN	1	95	0,5
3	Reverse Primer	0,5	Tm	1,5
4	Forward primer	0,5	72	0,75
5	Taq polymerase	0,15	72	10
6	Nước cất tiệt trùng	9,85		
	Tổng cộng	15	Số chu kỳ	40

Ghi chú: Tm: Nhiệt độ gắn môi (tùy theo cặp môi SSR)

2.2.3. Phân tích, xử lý số liệu bằng phần mềm NTSYSpc 2.1

2.2.4. Chỉ số PIC (Polymorphic Information Content)

Hàm lượng thông tin đa hình PIC (Polymorphic Information Content) được tính toán theo phương pháp của Weir (1996).

Giá trị PIC chỉ ra khả năng phân biệt giữa các kiểu gen đối với mỗi primer kết hợp được tính toán kỳ vọng cho dị hợp (heterozygosity):

$$PIC(i) = 1 - \sum P_{ij}^2$$

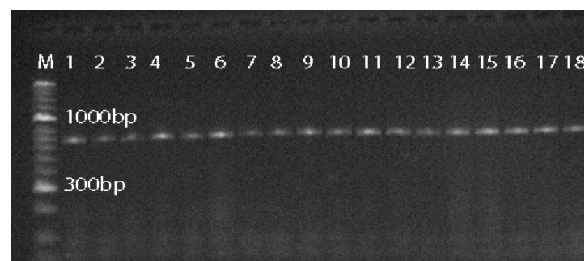
Với P_{ij} tần xuất của alen thứ j với locus SSR thứ i. Phạm vi giá trị PIC từ 0 (không đa hình) tới 1 (đa hình hoàn toàn).

Xác định hệ số tương đồng di truyền Jaccard, xây dựng sơ đồ hình cây để so sánh hệ số tương đồng của các mẫu giống dựa theo phương pháp UPGMA trong NTSYS 2.1.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Độ tinh sạch của các ADN tổng số sau ly trích

Lấy ADN tổng số sau ly trích, ủ với enzyme RNase trong 30 phút/37°C, pha loãng 10 lần, điện di bằng điện di nằm ngang Bio Rad trên agarose 1,5%, 110V, 60 phút. Kết quả cho thấy, trên băng hình điện di không có band phụ, nồng độ ADN khá đậm đặc sau pha loãng 10 lần. Kích thước ADN tổng số có sự sai biệt không quá lớn giữa các mẫu. Nồng độ ADN này khá lý tưởng để tiến hành thực hiện SSR.



Hình 1. Điện di kiểm tra độ tinh sạch của ADN tổng số sau ly trích

3.2. Sự đa hình các chỉ thị SSR của 24 giống lúa nghiên cứu

Kết quả thu được dựa trên sự phân tích 24 giống lúa sử dụng chỉ thị SSR cho đa hình được trình bày

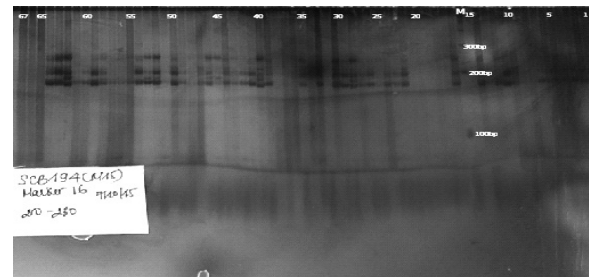
ở Bảng 4. Trong 38 chỉ thị sử dụng trong thí nghiệm, có 9 chỉ thị SCB 181, SCB 187, SCB 226, SCB 227, SCB 231, SCB 232, SCB 236, SCB 240 và SCB 243 không xuất hiện băng ADN, có 29 chỉ thị thể hiện trạng thái đa hình.

Bảng 4. Số alen và giá trị PIC của 38 cặp mỗi

STT	SSR	Số alen	PIC	STT	SSR	Số alen	PIC
1	SCB 168	4	0,36	20	SCB 208	6	0,85
2	SCB 171	6	0,79	21	SCB 210	4	0,37
3	SCB 174	7	0,78	22	SCB 213	6	0,74
4	SCB 180	2	0,31	23	SCB 219	5	0,78
5	SCB 181	0	-	24	SCB 221	4	0,77
6	SCB 184	5	0,67	25	SCB 222	4	0,70
7	SCB 186	4	0,53	26	SCB 225	2	0,71
8	SCB 187	0	-	27	SCB 226	0	-
9	SCB 188	8	0,85	28	SCB 227	0	-
10	SCB 189	4	0,82	29	SCB 228	3	0,42
11	SCB 190	5	0,84	30	SCB 231	0	-
12	SCB 191	7	0,79	31	SCB 232	0	-
13	SCB 192	2	0,36	32	SCB 234	8	0,30
14	SCB 193	3	0,37	33	SCB 236	0	-
15	SCB 194	5	0,70	34	SCB 240	0	-
16	SCB 195	2	0,37	35	SCB 241	9	0,38
17	SCB 201	3	0,55	36	SCB 243	0	-
18	SCB 204	2	0,37	37	SCB 246	3	0,87
19	SCB 207	12	0,88	38	SCB 248	8	0,70

Số liệu bảng 4 cho thấy, số lượng alen khác nhau giữa các locus. Trong tổng số 38 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu, có 29 (76,31%) chỉ thị cho đa hình với tổng cộng 143 alen. Số lượng alen dao động từ 2 đến 12 alen, cặp mỗi SCB 207 cho 12 alen, có 5 cặp mỗi cho 2 alen (SCB 180, SCB192, SCB 195, SCB 204, SCB 225), 4 cặp mỗi cho 3 alen (SCB 193, SCB201, SCB 228, SCB 246), 6 cặp mỗi cho 4 alen (SCB 168, SCB186, SCB189, SCB 210, SCB 221, SCB 222), 4 cặp mỗi cho 5 alen (SCB 184, SCB 190, SCB 194, SCB 219), 3 cặp mỗi cho 6 alen (SCB 171, SCB 208, SCB 213), 2 cặp mỗi cho 7 alen (SCB 191, SCB174), 3 cặp mỗi cho 8 alen (SCB 188, SCB 234, SCB 248) và 1 cặp mỗi còn lại cho 9 alen (SCB 241). Giá trị trung bình là 3,76 alen/locus.

Hàm lượng thông tin đa hình (PIC) của 29 chỉ thị SSR dao động từ 0,3 đến 0,88, trung bình đạt 0,47. Các chỉ thị có hệ số PIC lớn hơn hoặc bằng 0,5 sẽ cho sự phân biệt cao về tỷ lệ đa hình của chỉ thị đó (Cordeiro *et al.*, 2003; Pinto *et al.*, 2004, 2006; Pan *et*



Hình 2. Ảnh điện di sản phẩm PCR với cặp mỗi SCB 194 các mẫu lúa trên gel polyacrylamide 8%; M: marker 50-2000bp

al., 2006; Oliveira *et al.*, 2009). Tỷ lệ các chỉ thị cho PIC cao hơn 0,5 là 19 chỉ thị, chiếm 50%.

3.3. Quan hệ di truyền giữa các giống lúa nghiên cứu

Quan hệ di truyền giữa các giống lúa nghiên cứu được phân tích bằng phần mềm NTSYS 2.1, từ đó xác định hệ số tương đồng di truyền giữa 24 giống lúa dao động từ 0,43 đến 1,0 và cây di truyền về một số giống lúa (Hình 3). Nếu xét ở mức độ tương

đồng di truyền khoảng 0,6, có thể chia 24 giống mía bố mẹ thành 6 nhóm chính:

Nhóm I: DLM5.

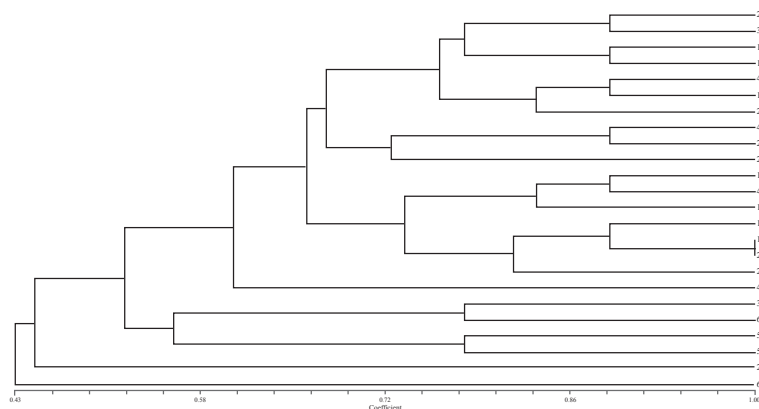
Nhóm II: giống Uthong 2.

Nhóm III: Uthong 5 và K93-207 với mức độ tương đồng khoảng 0,75.

Nhóm IV: RB72-454 và KPS01-25 cùng mức tương đồng là 0,75.

Nhóm V: Co475.

Nhóm VI: Với 17 giống còn lại, chia thành 2 nhóm phụ: nhóm phụ VI.1: có 10 giống: K84-200, ROC26, Co775, K93-219, VN99-314, ROC27, My5514, ROC25, ROC18 và 833R với mức độ tương đồng từ 0,65 đến 0,9. Nhóm phụ VI.2: K88-200, H39-3633, KU00-1-61, ROC23, Viên Lâm 2, Suphanburi7 và ROC10 với mức tương đồng từ khoảng 0,72 đến 0,9.



Hình 3. Phân nhóm di truyền của 24 giống mía bố mẹ dựa trên phân tích ADN với 29 chỉ thị phân tử SSR

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

- Các giống mía trong thí nghiệm có mức độ đa dạng di truyền cao (có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,43-1,0).

- Quy trình thu nhận mẫu, ly trích ADN tổng số ổn định, cho chất lượng ADN tốt, băng hình gọn, không gãy, không tạp nhiễm RNA.

4.2. Đề nghị

Tiếp tục thiết kế các chỉ thị phân tử mới có tính chuyên biệt, đặc hiệu cao hơn nữa cho các tính trạng về năng suất, chịu hạn, chịu úng phèn, kháng sâu bệnh để làm tiền đề cho công tác chọn giống và lai tạo giống năng suất cao, chất lượng tốt, thích hợp với các vùng mía nguyên liệu và góp phần ứng phó với biến đổi khí hậu hiện nay.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Nguyễn Văn Trữ, Nguyễn Đức Thành, Hồ Hữu Nghị, Lê Thị Bích Thủy, 2012. Kết quả đánh giá đa dạng di truyền của một giống mía trong tập đoàn ở Việt Nam và chọn lọc chỉ thị SSR nhận biết hàm lượng đường cao. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ* 50 (2) (2012) 211-218.

Food and Agriculture Organization of The United Nations, Statistics Division (FAOSTAT), 2014. Food and Agriculture Organization of The United Nations, Statistics Division (FAOSTAT), 2014. DownloadData/Filters//Crops[online]: <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>.

Cordeiro GM, Pan YB, Henry RJ, 2003. Sugarcane microsatellites for the assessment of genetic diversity in sugarcane germplasm. *Plant Sci.* 165: 181-189.

Oliveira KM, Pinto LR, Marconi TG, Mollinari M, Ulian EC, Chabregas SM, Falco MC, Burnquist W, Garcia AAF, Souza AP, 2009. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. *Genome*, 52: 191-209.

Pinto LR, Oliveira KM, Marconi T, Garcia AAF, Ulian EC, de Souza AP, 2006. Characterization of novel sugarcane expressed sequence tag microsatellites and their comparison with genomic SSRs. *Plant Breed.* 125: 378-384.

Pinto LR, Oliveira KM, Ulian EC, Garcia AAF, De Souza AP, 2004. Survey in the sugarcane expressed sequence tag database (SUCEST) for simple sequence repeats. *Genome*, 47: 795-804

Pan Y, 2006. Highly Polymorphic Microsatellite DNA Markers for Sugarcane Germplasm Evaluation and Variety Identity Testing. *Sugar Tech.* 8: 246-256.

Analysis of genetic diversity of some sugarcane varieties using SSR markers

Than Thi Thu Hanh, Nguyen Duc Quang, Le Quang Tuyen,
Nguyen Van Du, Nguyen Chuyen Thuan

Abstract

The experiment aimed to analyze the genetic diversity of 24 sugarcane varieties used as parents based on the polymorphism level of SSR markers. Among 38 used SSR markers, 29 were polymorphic with a total of 143 alleles, an average of 3.76 alleles per locus. Polymorphic Information Content (PIC) ranged from 0.30 to 0.88 with an average value of 0.47. The data obtained in this study provide important information for breeding of high yield and good quality sugarcane varieties by molecular markers.

Key words: SSR markers, genetic diversity, sugarcane

Ngày nhận bài: 12/8/2016

Ngày phản biện: 17/8/2016

Người phản biện: TS. Cao Anh Dương

Ngày duyệt đăng: 25/8/2016

ĐẶC ĐIỂM HÌNH THÁI, SINH TRƯỞNG, PHÁT TRIỂN CỦA MỘT SỐ GIỐNG HOA TU-LÍP TẠI THÁI NGUYÊN

Đào Thanh Vân¹, Đào Thanh Thùy Linh¹

TÓM TẮT

Bốn giống hoa Tu-líp nhập khẩu từ Hà Lan: Strong Gold, MaryBelle, LALIBELA, SeaDov đã được trồng thử nghiệm tại Thái Nguyên. Kết quả nghiên cứu cho thấy cả 4 giống đều có khả năng thích ứng và nở hoa, có đặc điểm hình thái hoa như lý lịch của cơ sở cung cấp giống. Các giống khác nhau có tỷ lệ mọc mầm, khả năng sinh trưởng, phát triển khác nhau. Giống Tu-líp LALIBELA có hoa màu đỏ cờ, thích hợp với thị hiếu sử dụng, tỷ lệ mọc mầm đạt 100%, khả năng sinh trưởng tốt với chiều cao là 51,2 cm và đường kính thân 1,14 cm, thời gian sinh trưởng ngắn là 31,3 ngày, tỷ lệ hoa hữu hiệu cao 97,3%, chiều cao cây hoa đạt 51,2 cm và có đường kính hoa lớn đạt 4,4 cm. Giống Tu-líp LALIBELA cho hiệu quả kinh tế đạt 8.995.000 đồng cho 1.000 củ trồng.

Từ khóa: Tu-líp, hình thái, sinh trưởng, phát triển, chất lượng

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hoa Tu-líp hay còn gọi là hoa Uất Kim Cương thuộc chi *Tulipa*, là loại hoa có nguồn gốc ôn đới (Dole John M, 1999) nên thích nghi với khí hậu và thời tiết mùa Đông tại miền Bắc Việt Nam. Giống hoa Tu-líp đã được nhập vào trồng ở nước ta tại 1 số địa điểm trong những năm gần đây: Đà Lạt, Mộc Châu, Hà Nội, Bắc Ninh... (Đào Thanh Vân, Đặng Thị Tố Nga, 2007). Trong vài năm gần đây hoa Tu-líp đã được trồng tại Thái Nguyên vào dịp tết Nguyên Đán nhưng chủng loại hoa chưa đa dạng, cây hoa thấp, nụ hoa nhỏ, tỷ lệ hữu hiệu thấp (Hoàng Mạnh Toàn, 2013). Để lựa chọn được các giống hoa Tu-líp có chất lượng cao, phù hợp với điều kiện sinh thái của địa phương, đáp ứng được thị hiếu ngày càng cao của người tiêu dùng, thì việc nghiên cứu đặc điểm hình thái, tình hình sinh trưởng, phát triển của một số giống hoa Tu-líp tại Thái Nguyên là có cơ sở khoa học và ý nghĩa thực tiễn sâu sắc.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu, địa điểm và thời gian nghiên cứu

- Vật liệu nghiên cứu: 4 giống Tu-líp nhập nội từ Hà Lan: Strong Gold; MaryBelle, LALIBELA, SeaDov.

- Địa điểm nghiên cứu: Nhà có mái che, Khu Công nghệ cao, Trường Đại học Nông lâm Thái Nguyên.

- Thời gian nghiên cứu: Vụ Đông (tháng 12/2015).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp bố trí thí nghiệm

- Thí nghiệm được bố trí theo phương pháp ngẫu nhiên hoàn toàn (CRD), trong nhà có mái che, mỗi giống 50 cây, 3 lần nhắc lại, bố trí trồng trong chậu: kích thước 18 × 20 cm, mỗi chậu trồng 5 củ. Tổng số củ trong thí nghiệm: 600 củ.

- Thí nghiệm gồm 4 công thức: Công thức 1 (Đ/c): Strong Gold; Công thức 2: MaryBelle; Công thức 3: LALIBELA; Công thức 4: SeaDov.

¹ Trường Đại học Nông Lâm - Đại học Thái Nguyên (TUAF)