

PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN CÁC GIỐNG LÚA PHỔ BIẾN Ở ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG BẰNG CHỈ THỊ SSR

Bùi Thanh Liêm¹*, Lương Bảo Duy¹, Trần Gia Huy¹, Trần Ngọc Quý¹

TÓM TẮT

Phân tích đa dạng di truyền là yếu tố quan trọng quyết định đến thành công của các chương trình chọn giống. Trong nghiên cứu này, 20 giống lúa trồng phổ biến ở đồng bằng sông Cửu Long được đánh giá đa dạng di truyền với 50 chỉ thị phân tử SSR. Chỉ số đa dạng di truyền He đạt giá trị trung bình 0,40. Số alen hiệu dụng Ne trên mỗi chỉ thị từ 1,05 đến 2,00 với giá trị trung bình 1,73. Chỉ số Ho (dị hợp tử quan sát được) và chỉ số Shannon (I) đạt giá trị trung bình tương ứng với 0,25 và 0,58. Phân nhóm di truyền UPGMA theo khoảng cách Jaccard nhóm các giống lúa cho thấy, có 4 nhóm chính với nhóm nhiều nhất gồm 11 giống và nhóm ít giống nhất là 1 giống. Các giống lúa khảo sát cho thấy mức độ đa dạng ở mức trung bình. Kết quả nghiên cứu này có thể được sử dụng cho các chương trình cải tiến các giống lúa đang canh tác tại khu vực.

Từ khóa: Cây lúa, các giống lúa phổ biến, đa dạng di truyền, chỉ thị SSR

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Gạo (*Oryza sativa* L.) là lương thực chính của hơn một nửa dân số thế giới và hầu hết người sản xuất và tiêu thụ gạo đều ở châu Á (USDA, 2023). Đồng bằng sông Cửu Long (ĐBSCL) là vùng trồng lúa chính của Việt Nam và thế giới (Statista, 2023), đóng góp đến hơn 90% lượng gạo xuất khẩu của Việt Nam (MARD, 2023). Các giống lúa được trồng phổ biến ở ĐBSCL được canh tác do có năng suất cao, tính thích nghi cao, chất lượng tốt. Những giống lúa này giữ vai trò quan trọng trong ngành hàng lúa gạo và an ninh lương thực quốc gia.

Phân tích đa dạng di truyền đóng vai trò quan trọng trong các chương trình lai tạo lúa bằng cách xác định các giống bố mẹ tiềm năng để lai tạo và cải thiện các giống cây trồng. Phân tích đa dạng di truyền giúp các nhà chọn giống phát hiện ra các nguồn gen đa dạng và độc đáo trong quần thể lúa hiện có. Những nguồn gen này là cơ sở để lai tạo các giống lúa mới với các đặc điểm mong muốn như năng suất cao, khả năng chống chịu với sâu bệnh và môi trường bất lợi. Bằng cách xác định và tận dụng các biến dị di truyền, các nhà chọn giống có thể tạo ra giống lúa mới với khả năng thích nghi tốt hơn trong các điều kiện môi trường khác nhau. Điều này đặc biệt quan trọng đối với các vùng sản xuất lúa gạo lớn như đồng bằng sông Cửu Long, nơi phải đối mặt với thách thức nghiêm trọng từ quá trình biến đổi khí hậu. Các nghiên cứu đã sử dụng nhiều chỉ thị phân tử khác nhau, đặc biệt là

các chỉ thị phân tử SSR (Simple Sequence Repeat) để đánh giá sự đa dạng di truyền ở các giống lúa (Worede *et al.*, 2013; Sonkar *et al.*, 2016; Rashmi *et al.*, 2017). Các chỉ thị phân tử SSR đã chứng minh được hiệu quả trong việc phát hiện các đa hình (Worede *et al.*, 2013; Rashmi *et al.*, 2017). Sử dụng chỉ thị phân tử trong phân tích đa dạng di truyền bổ sung rất nhiều lợi ích và ưu điểm so với phương pháp phân tích chỉ dựa vào kiểu hình. Chỉ thị phân tử giúp phân tích sự khác biệt di truyền trực tiếp ở mức độ DNA, không bị ảnh hưởng bởi yếu tố môi trường hoặc giai đoạn phát triển của cây, điều này giúp cung cấp thông tin chính xác hơn về sự đa dạng di truyền thật sự giữa các giống hoặc dòng lúa. Các tính trạng quan trọng, như khả năng kháng bệnh hoặc khả năng chống chịu với điều kiện môi trường bất lợi, có thể khó quan sát ở kiểu hình hoặc chỉ biểu hiện dưới điều kiện nhất định thì chỉ thị phân tử cho phép xác định sự hiện diện của các gen liên quan đến những tính trạng này ngay cả khi chúng chưa biểu hiện ở kiểu hình.

Phân tích cụm theo phương thức UPGMA với khoảng cách Jaccard đã được sử dụng rộng rãi để phân nhóm các giống lúa dựa trên sự tương đồng về mặt di truyền (Fuentes *et al.*, 2005; Worede *et al.*, 2013; Sonkar *et al.*, 2016). Các phân tích này giúp xác định sự đa dạng di truyền của bố mẹ sử dụng cho các chương trình lai tạo các giống lúa cải tiến với các đặc điểm mong muốn. Để duy trì và cải thiện năng suất, chất lượng của các giống

¹ Viện Công nghệ Sinh học và Thực phẩm, Trường Đại học Cần Thơ

* Tác giả liên hệ, email: btliem@ctu.edu.vn

lúa ở ĐBSCL thì điều quan trọng là phải hiểu được mối quan hệ giữa các đặc điểm nông sinh học và di truyền. Các đặc điểm di truyền học là rất cần thiết để đánh giá mối liên hệ giữa các giống lúa với nhau để có định hướng nghiên cứu cải tiến hiệu quả hơn.

Mặc dù các giống lúa phổ biến ở đồng bằng sông Cửu Long có tầm quan trọng, nhưng nghiên cứu phân tích đa dạng di truyền nhằm khám phá sự đa dạng và mối quan hệ giữa các đặc điểm này vẫn còn hạn chế. Hầu hết các nghiên cứu tập trung vào một số ít đặc điểm hoặc một tập hợp nhỏ các giống lúa (Phạm Thị Phấn và cs., 2010; Vũ Anh Pháp và cs., 2010; Lê Xuân Thái & Trần Nhân Dũng, 2013), do đó hạn chế về bức tranh toàn diện các đặc tính các giống lúa để thúc đẩy các chương trình cải tiến giống hiệu quả hơn. Trong nghiên cứu này, đa dạng di truyền của một số giống lúa phổ biến ở ĐBSCL được tiến hành phân tích bằng chỉ thị phân tử SSR.

Phân tích này cho phép xác định mối liên hệ di truyền thông qua chỉ thị phân tử, cung cấp những hiểu biết sâu sắc hơn về mối quan hệ di truyền giữa các giống lúa này và giúp định hướng các chương trình lai tạo nhằm cải thiện các giống lúa để có khả năng thích nghi tốt hơn với môi trường và đáp ứng thị hiếu của thị trường.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu sử dụng trong nghiên cứu là 20 giống lúa phổ biến ở đồng bằng sông Cửu Long (Bảng 1). Các giống lúa này hiện đang được trồng phổ biến ở các vùng sinh thái khác nhau và các giống này có sự đa dạng về thời gian sinh trưởng (TGST), dạng hạt và hàm lượng amylose. Trong số đó, 3 giống lúa đã đạt giải cao trong các cuộc thi gạo ngon trên thế giới gồm ST25, ST24, Lộc trời 28. Các giống lúa hạt dài phổ biến là Jasmine 85, OM18, Nàng hoa 9, Đài thơm 8, OM5451 và IR5451.

Bảng 1. Danh sách các giống lúa được sử dụng trong nghiên cứu

Giống	TGST (ngày)	Dạng hạt	Hàm lượng amylose (%)	Nguồn gốc
Lộc trời 28	100	Rất dài	Thấp	Lộc trời 1/Basmati
ST24	105	Rất dài	Thấp	DN TN Hồ Quang Trí
ST25	105	Rất dài	Thấp	DN TN Hồ Quang Trí
Đài thơm 8	95	Dài	Thấp	BVN/OM4900
IR50404	90	Dài	Trung bình	Nhập nội
IR64	100	Dài	Trung bình	Nhập nội
Jasmine 85	100	Dài	Thấp	Nhập nội
Nàng hoa 9	100	Dài	Thấp	Jasmin 85 và AS 996
OM18	100	Dài	Thấp	OM8017/OM5166
OM2517	90	Dài	Cao	OM1325/OMCS94
OM380	90	Dài	Trung bình	IR50404/OM5472
OM4900	100	Dài	Thấp	C53/Jasmine
OM5451	95	Dài	Thấp	Jasmine 85/OM2490
OM6976	100	Dài	Trung bình	IR68144/OM997//OM2718///OM2868
OM7347	100	Dài	Thấp	KhaoDawMali/BL//BL
OM9582	100	Dài	Trung bình	OM6976/OM5166
IR4625	105	Trung bình	Nếp	Nhập nội
Siêu hằm trâu	105	Trung bình	Cao	IR48/Hungary
VD20	95	Trung bình	Thấp	Nhập nội
ĐS1	110	Ngắn	Thấp	Nhập nội

Bảng 2. Danh sách các mối sử dụng trong nghiên cứu

Chỉ thị SSR	Nhiễm sắc thể	Mối xuôi	Mối ngược	Nhiệt độ bắt mối (Tm)
RM1	1	gcgaaaacacaatgcaaaaa	gcgttggttgacctgac	55
RM237	1	caaatcccgaactgctgtcc	tgggaagagagcactacagc	55
RM259	1	tggagtttgagaggaggg	cttgttgcattggtccatgt	55
RM283	1	gtctacatgtacccttgttggg	cggcatgagagtctgtgatg	61
RM312	1	gtatgcataattgataagag	aagtcaccgagtttaccttc	55
RM431	1	tcctgcgaactgaagagttg	agagcaaaacctgggtcac	55
RM495	1	aatccaaggtgcagagatgg	caacgatgacgaacacaacc	55
RM5	1	tgcaacttctagctgctcga	gcatccgatcttgatggg	57
RM154	2	acctctccgcctcgctcttc	ctcctcctcctgcgaccgctcc	61
RM452	2	ctgatcgagagcgtaaggg	gggatcaaaccacgtttctg	61
OSR13	3	catttgtcgctcacggagta	agccacagcgcccatcttc	53
RM338	3	cacaggagcaggagaagagc	ggcaaaccgatcactcagtc	55
RM489	3	acttgagacgatcggacacc	tcacccatggatgtgtcag	55
RM514	3	agattgatctccattcccc	cacgagcatattactagtgg	55
RM55	3	ccgtcgccgtagtagagaag	tcccggtattttaaggcg	55
RM124	4	atcgctcggttgcggctgctg	catggatcaccgagctcccc	67
RM307	4	gtactaccgacctaccgtcac	ctgtatgcattgaactgctc	55
RM161	5	tgcatgagagaagcggcgctc	tgtgtcatcagacggcgctccg	61
RM178	5	tcgcgtgaaagataagcggcgc	gatcacgttcctcgcctgc	69
RM334	5	gttcagtggttcagtgccacc	gactttgatctttggtggacg	55
RM413	5	ggcgattcttgatgaagag	tccccaccaatctgtcttc	53
RM507	5	cttaagctccagccgaatg	ctcacctcatcatcgcc	55
RM133	6	ttggattgtttgctggctcgc	ggaacacggggtcggaagcgac	63
RM162	6	gccagcaaaaccagggtaccgg	caaggtcttgtcgggttcggg	61
RM454	6	ctcaagcttagctgctgctg	gtgatcagtgcaccatagcg	55
RM510	6	aaccggattagtttctcgcc	tgaggacgacgagcagattc	57
RM11	7	tctccttcccccgatc	atagcgggcgaggcttag	55
RM118	7	ccaatcggagccaccggagagc	cacatcctcagcgacgccgag	67
RM125	7	atcagcagccatggcagcgacc	aggggatcatgtgccgaaggcc	63
RM455	7	aacaaccaccacctgtctc	agaaggaaaagggtcgatc	57
RM152	8	gaaaccaccacacctaccg	ccgtagaccttctgaagtag	53
RM25	8	ggaaagaatgatctttcatgg	ctaccatcaaaaccaatgttc	53
RM284	8	atctctgatactccatccatcc	cctgtacgttgatccgaagc	55
RM408	8	caacgagctaactccgtcc	actgctacttgggtagctgacc	55
RM433	8	tgcgctgaactaaacacagc	agacaaacctggccattcac	53
RM44	8	acgggcaatccgaacaacc	tcgggaaaacctaccctacc	53
RM447	8	cccttgtgctgtctccttc	acgggcttcttctccttctc	55
RM105	9	gtcgtcgaccatcggagccac	tggctgaggtggggatcgggtc	63
RM215	9	caaatggagcagcaagagc	tgagcacctccttctctgtag	55
RM316	9	ctagttgggcatacagtggc	acgcttatatgttacgtcaac	55
RM171	10	aacgcgaggacacgtacttac	acgagatacgtacgcctttg	55
RM271	10	tcagatctacaattccatcc	tcggtgagacctagagagcc	55
RM474	10	aagatgtacgggtggcattc	tatgagctggtgagcaatgg	55
RM484	10	tctccctctcaccattgtc	tgctgccctctctctcttc	55
RM144	11	tgccttggcgcaaattgatcc	gctagaggagatcagatggtagtgcag	57
RM287	11	ttccctgttaagagagaaatc	gtgtatttgggtgaaagcaac	55
RM536	11	tctctccttctgtttggctc	acacaccaacacgaccacac	55
RM552	11	cgcagttgtggatttcagtg	tgctcaacgtttgactgtcc	55
RM19	12	caaaaacagagcagatgac	ctcaagatggacgccaaaga	55
RM277	12	cggtaaatcatcacctgac	caaggcttgaagggaag	55

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Gieo trồng vật liệu

Hai mươi giống lúa được thu thập và trồng trong nhà lưới. Hạt giống được ngâm qua đêm trong nước rồi ủ thêm 2 ngày nữa ở điều kiện tối và nhiệt độ phòng. Hạt nảy mầm đồng đều được gieo vào chậu nhựa chứa đất trộn phân bón, mỗi chậu (25 cm × 30 cm) trồng 3 cây cho mỗi giống. Lá cây lúa sẽ được thu thập để ly trích DNA phân tích với 50 chỉ thị phân tử SSR (Bảng 2).

2.2.2. Ly trích DNA và thực hiện phản ứng PCR

DNA được ly trích theo phương pháp của Lã Cao Thắng và cộng sự (2020). Cắt nhỏ 20 mg mẫu lá non và cho vào ống 2,0 mL chứa sẵn viên bi thép (đường kính 5 mm) và cho thêm 200 µL NaOH 0,5M. Mẫu được nghiền bằng máy Bioblock Scientific (Germany) với tốc độ 60 Hz trong 1 phút. Khi hoàn tất loại bi thép ra ngoài và thêm 350 µL Tris 1M pH 8,0, trộn đều và ly tâm 13.000 vòng/phút trong 3 phút. Dịch trích nổi chứa DNA có thể sử dụng trực tiếp cho phản ứng PCR hoặc trữ ở -20°C cho đến khi sử dụng. DNA đã tách chiết được kiểm tra độ nguyên vẹn trên gel agarose 1%. Bộ 50 SSR được công bố bởi tổ chức Gramene (https://archive.gramene.org/markers/microsat/50_ssr.html). Phản ứng PCR được thực hiện với thể tích 25 µL với 12,5 µL Master Mix 2X (Phù sa genomics), 0,5 µL mỗi mỗi xuôi và mỗi ngược (Bảng 2), 1 µL DNA và 10,5 µL nước. Chu kỳ nhiệt cho phản ứng PCR: 94°C trong 4 phút; 30 chu kỳ 94°C - 15 giây, 55 - 65°C - 30 giây, 72°C - 1 phút; giai đoạn kéo dài sản phẩm PCR 72°C - 5 phút. Sản phẩm chạy PCR được điện di trên gel agarose 3%, hiệu điện thế 100V trong 45 phút và nhuộm với safedye, sau đó quan sát bằng máy soi gel UV.

2.2.3. Phân tích số liệu

Sản phẩm PCR được phân tích theo hướng dẫn bởi chương trình GenAlEx 6.5 với các thông số đa dạng di truyền được ước tính cho mỗi chỉ thị SSR bao gồm số lượng alen hiệu dụng (Ne), chỉ số thông tin di truyền Shannon (I), dị hợp tử quan sát (Ho), dị hợp tử kỳ vọng (He) (tương đương chỉ số thông tin đa hình PIC).

Công thức tính toán được thực hiện như sau:

$$Ne \text{ (No. of Effective Alleles)} = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

$$I \text{ (Shannon's Information Index)} = -\sum [(p_i) \times \ln(p_i)]$$

$$Ho \text{ (Observed Heterozygosity)} = \text{số cá thể dị hợp tử} / N$$

$$He \text{ (Expected Heterozygosity)} = 1 - \sum p_i^2$$

Trong đó: p_i là tần số của alen thứ i trong quần thể, N là tổng số cá thể trong quần thể.

Giá trị khoảng cách di truyền được sử dụng để phân nhóm các giống lúa bằng phương pháp phân nhóm UPGMA theo khoảng cách Jaccard, phân tích phân nhóm được sử dụng trên phần mềm R với các gói phân tích library (vegan), library (ape), library (phangorn).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

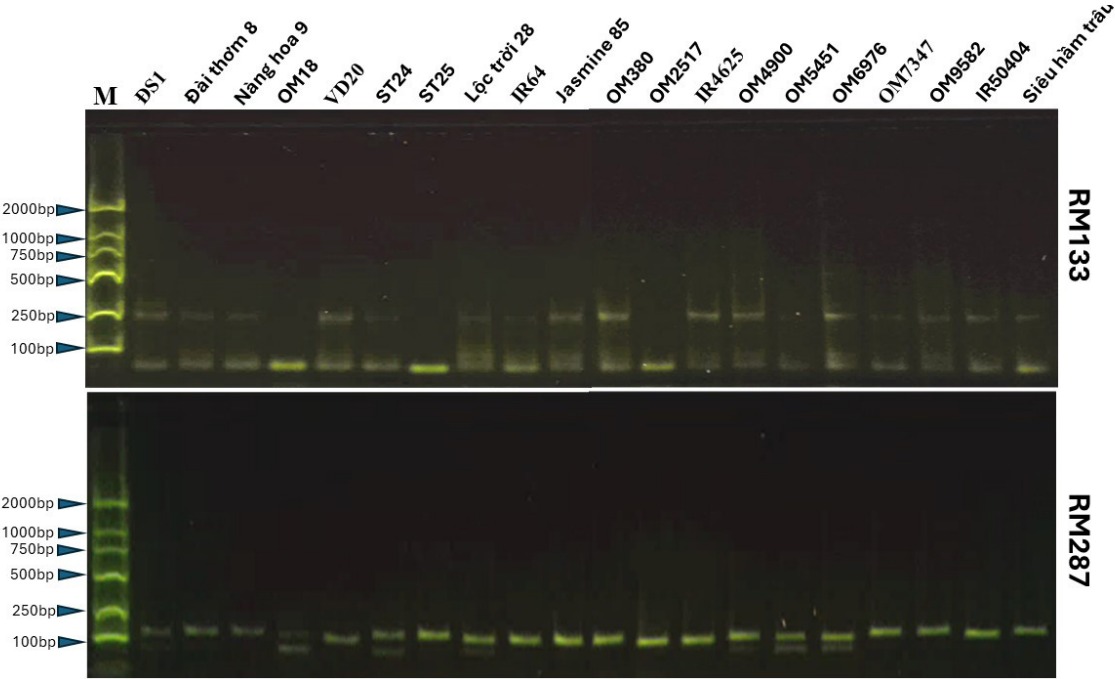
Thời gian thực hiện nghiên cứu từ tháng 01/2024 đến tháng 6/2024 tại Phòng Thí nghiệm Sinh học phân tử thuộc Viện Công nghệ Sinh học và Thực phẩm, Trường Đại học Cần Thơ.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Phân tích các chỉ số đa dạng di truyền

Các chỉ thị SSR được sử dụng rộng rãi cho nghiên cứu đa dạng trên các giống lúa trồng và lúa hoang do tỷ lệ đa hình cao, có thể xác định được ngay cả ở cấp độ cá thể (Nagaraju *et al.*, 2002). Năm mươi chỉ thị SSR đã được lựa chọn để sử dụng cho phân tích đa dạng di truyền trên 20 giống lúa phổ biến ở ĐBSCL. Kết quả điện di sản phẩm PCR với các mỗi chỉ thị được đưa đại diện (Hình 1). Kích thước các sản phẩm PCR dao động trong khoảng 80 - 400 bp và trung bình các chỉ thị SSR cho 2 alen. Số alen hiệu dụng (Ne) là số lượng alen có tần suất hiện diện tương đương trong một quần thể, Ne trên 20 giống lúa khảo sát dao động trong khoảng 1,05 đến 2,00 với giá trị trung bình đạt 1,73 (Hình 2A) thấp hơn kết quả trên nghiên cứu của Worede và cộng sự (2013) với giá trị Ne trung bình đạt 3,35 trên 24 giống lúa. Kết quả này cho thấy, quần thể 20 giống lúa ở ĐBSCL có sự đa dạng di truyền thấp hơn do đa số các giống lúa thuộc nhóm *indica* và chỉ có 1 giống lúa ĐS1 thuộc nhóm *japonica*, trong khi nghiên cứu của Worede và cộng sự (2013) sử dụng 24 giống với 13 giống *indica*, 4 giống *japonica*, 4 giống kiểu hình mới (New Plant Type), 2 giống NERICA và 1 giống *japonica* nhiệt đới. Kết quả từ nghiên cứu này cho thấy, chỉ số Ne cao nhất bao gồm RM25, RM447, RM484, RM125, RM344, RM44, RM510 và nhóm thấp nhất với RM161 và RM454.

Chỉ số di truyền Shannon (I) là thước đo về sự đa dạng di truyền, nó được sử dụng để đánh giá sự phân bố của các alen trong một quần thể. Chỉ số này định lượng sự phong phú và phân bố của các alen trong một quần thể. Tương tự như kết quả trên Ne, chỉ số Shannon (I) cho thấy dao động từ 0,12 đến 0,69 với giá trị trung bình đạt 0,58 (Hình 2B). Kết quả nghiên cứu cho thấy, chỉ số Shannon thấp hơn trong nghiên cứu của Worede và cộng sự với giá trị chỉ số I trung bình đạt 1,30 (Worede *et al.*, 2013). Như vậy, mức độ đa dạng di truyền trong quần thể khảo sát chỉ ở mức trung bình.



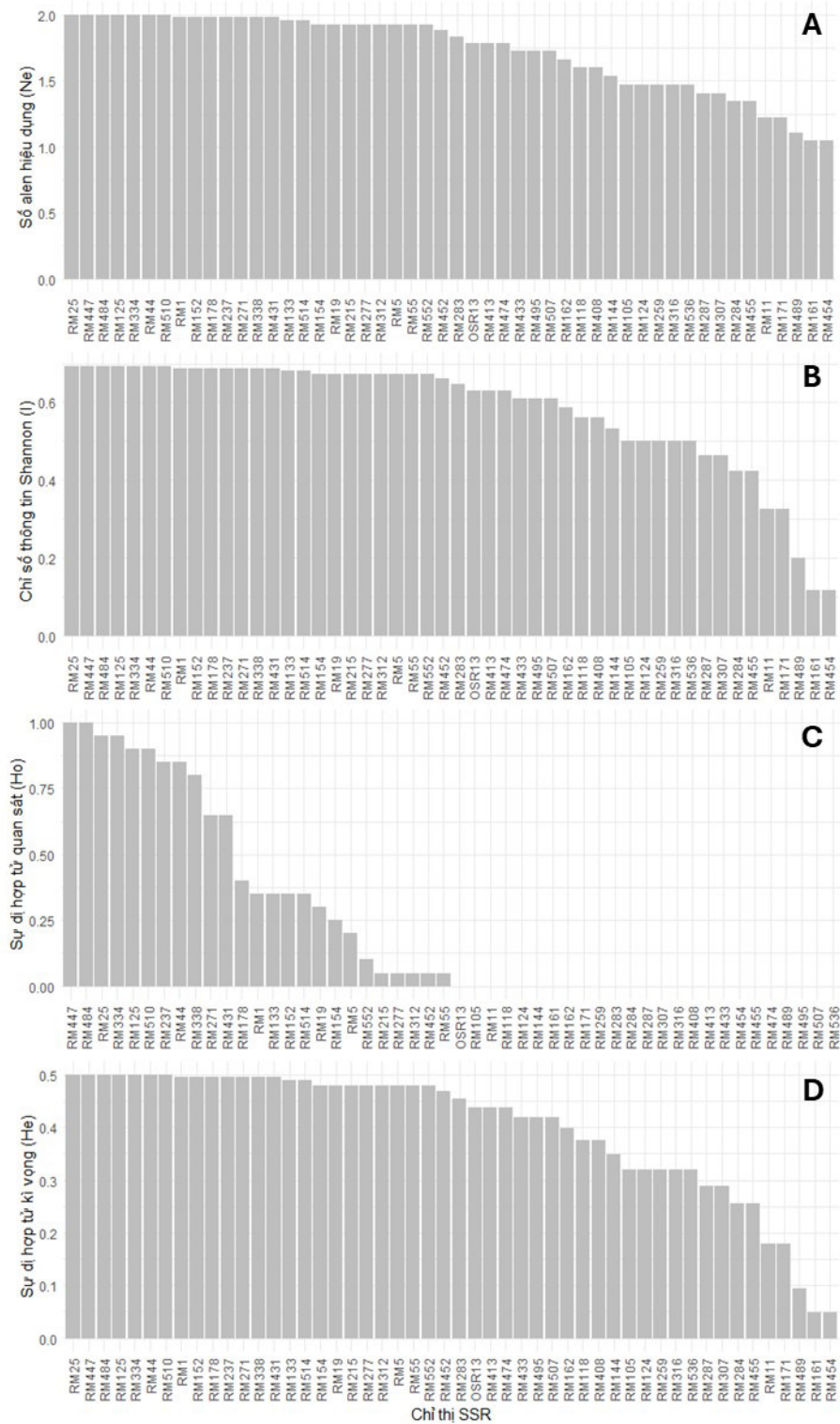
Hình 1. Kết quả điện di sản phẩm PCR trên 20 giống lúa sử dụng chỉ thị SSR RM133 và RM287. M: thang chuẩn

Chỉ số Ho - trạng thái dị hợp tử quan sát trong quần thể (Observed Heterozygosity, được tính toán dựa trên số cá thể trong quần thể có trạng thái dị hợp tử ở một locus xác định) của các chỉ thị SSR đạt giá trị trung bình 0,25. Chỉ thị RM25 và RM484 cho giá trị cao nhất đạt 1,00 trong khi các chỉ thị RM141, RM161, RM334, RM44 và RM454 cho giá trị 0,05 (Hình 2C). Có khoảng 50% số chỉ thị phân tử cho giá trị Ho đạt 0,00 (25/50). Tương tự, chỉ số He – trạng thái dị hợp tử kỳ vọng/chỉ số đa dạng di truyền (Expected Heterozygosity) của các chỉ thị SSR đạt giá trị trung bình 0,40 với khoảng dao động từ 0,05 đến 0,50. Có 6 chỉ thị cho giá trị He cao nhất (0,50) bao gồm RM25, RM447, RM484, RM125, RM334, RM44 và RM510 trong khi các chỉ thị RM161 và RM454 cho giá trị thấp nhất (0,05) (Hình 2D). Giá trị He phản ánh thành phần thông tin về sự đa hình trong quần thể khảo sát, giá trị He trong nghiên cứu này (0,40) thấp hơn các nghiên cứu của Thomson và cộng sự (0,46) (Thomson *et al.*, 2007), nghiên cứu của Alvarez và cộng sự (0,75) (Alvarez *et al.*, 2007), nghiên cứu của Worede và cộng sự (0,66) (Worede *et al.*, 2013). Sự khác biệt về chỉ số He trong nghiên cứu này và các nghiên cứu vừa đề cập có thể do cấu trúc quần thể tương đối khác biệt, các nghiên cứu được đề cập sử dụng quần thể đa dạng với nhiều chủng loại quần thể cũng như dòng lúa bản địa trong khi quần thể sử dụng trong nghiên cứu hiện tại là các quần thể lúa trồng hiện đại thuộc cùng nhóm *indica*. Hơn nữa,

các giống lúa trồng do được chọn lọc theo phương thức canh tác giống nhau dễ dẫn đến sự chọn lọc đồng dạng cao về mặt hình thái và di truyền. Mặc dù 50 chỉ thị phân tử được sử dụng trong nghiên cứu này nhưng các chỉ thị phân tử có sự phân bố không đồng đều trên 12 nhiễm sắc thể (NST) với NST 1 có số chỉ thị nhiều nhất (8 chỉ thị) trong khi NST 2, 4, 12 có số chỉ thị phân tử ít nhất (2 chỉ thị). Tuy có ít chỉ thị phân tử được khảo sát nhất nhưng NST 12 cho thấy chỉ số Ne, I và He tốt nhất (Bảng 3).

Bảng 3. Số alen hiệu dụng, chỉ số di truyền Shannon và sự dị hợp tử

Nhiễm sắc thể	Số chỉ thị	Ne	I	Ho	He
1	8	1,85	0,65	0,21	0,46
2	2	1,90	0,67	0,18	0,47
3	4	1,71	0,55	0,38	0,38
4	2	1,44	0,48	0,18	0,30
5	5	1,71	0,55	0,21	0,38
6	4	1,67	0,52	0,55	0,36
7	4	1,54	0,50	0,24	0,33
8	7	1,81	0,62	0,32	0,43
9	3	1,62	0,56	0,13	0,37
10	4	1,75	0,58	0,31	0,40
11	5	1,65	0,57	0,08	0,38
12	2	1,92	0,67	0,00	0,48
Trung bình	4,17	1,71	0,58	0,23	0,40



Hình 2. Biểu đồ biểu thị các thông số đa dạng di truyền

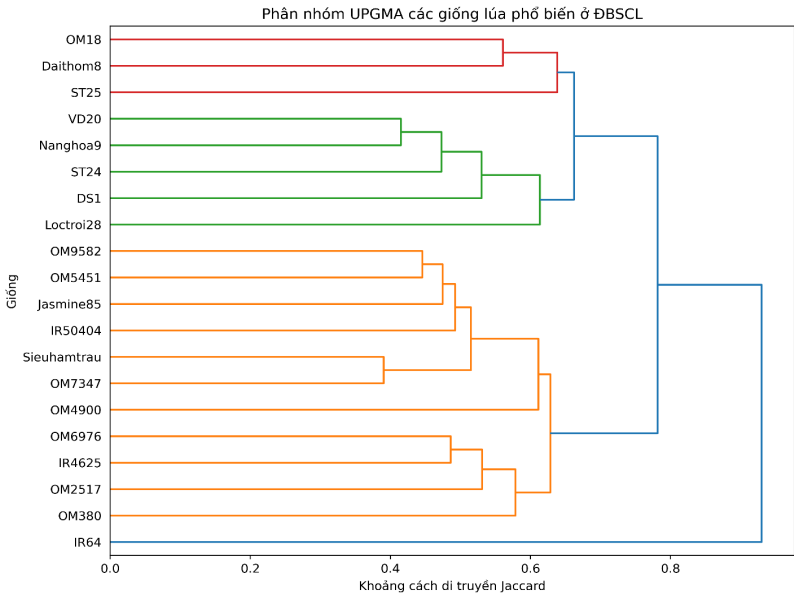
3.2. Phân nhóm di truyền

Các giá trị khoảng cách di truyền được sử dụng để phân nhóm 20 giống và xây dựng sơ đồ phân loại được mô tả trong hình 3. Biểu đồ phân nhóm cho thấy ở mức tương đồng di truyền với hệ số Jaccard

0,66 có 4 nhóm chính trong đó giống IR64 đứng độc lập thành 1 nhóm với hệ số Jaccard 0,78, nhóm thứ 2 gồm 3 giống OM18, Đài thơm 8 và ST25 với hệ số Jaccard 0,64 , nhóm thứ 3 với 5 giống VD20, Nàng hoa 9, ST24, ĐS1 và Lộc trời 28 với hệ số Jaccard

0,61. Nhóm 4 còn lại chiếm đa số với 11 giống với hệ số Jaccard 0,63 và nhóm này có thể phân chia thành 3 nhóm phụ với nhóm phụ 1 chỉ có OM4900, nhóm phụ 2 với IR4625, OM6976, OM380, OM2517 và nhóm phụ còn lại với OM7347, Siêu hăm trâu, IR50404, Jasmine 85, OM5451 và OM9582. Kết quả cho thấy mặc dù các giống ST24, ST25 có kiểu hình khá tương đồng nhưng lại nằm ở 2 nhóm khác nhau trong khi ĐS1 thuộc nhóm lúa *japonica* hạt ngắn lại cùng nhóm với ST4 và Lộc trời 28 là những giống lúa có hạt gạo rất dài, kết quả cho thấy rằng, nếu chỉ sử dụng chỉ thị phân tử SSR để phân tích đa dạng

di truyền của quần thể sẽ không phản ánh đầy đủ sự đa dạng các đặc tính của một quần thể do có sự tương đồng ở vài vị trí SSR nhưng có sự khác biệt của sự hiện diện các gen điều khiển các tính trạng mục tiêu. Như vậy cần phải đánh giá kết hợp thêm các tính trạng hình thái và nông học sẽ giúp các nhà di truyền học đánh giá tổng thể chính xác hơn mối liên hệ di truyền của các giống lúa. Trong các chương trình lai tạo cải tiến giống lúa, các giống có sự khác biệt về mặt di truyền có thể được sử dụng làm bố mẹ trong một chương trình lai tạo để tạo ra giống có đặc tính di truyền và tính phân ly vượt trội.



Hình 3. Phân nhóm di truyền của 20 giống lúa dựa vào 50 SSR

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Kết quả nghiên cứu đã đánh giá được sự đa dạng di truyền trên 20 giống lúa trồng phổ biến ở ĐBSCL thông qua chỉ thị phân tử SSR. Mức độ đa dạng di truyền của quần thể các giống lúa khảo sát đạt ở mức trung bình với chỉ số Shannon (I) đạt 0,58. Chỉ số đa dạng di truyền (He/PIC) của các chỉ thị phân tử cũng đạt mức trung bình với giá trị 0,4. Các giống lúa trồng ở ĐBSCL có thể phân chia thành 4 nhóm chính với hệ số phân nhóm Jaccard 0,66 và các giống lúa OM thuộc Viện lúa ĐBSCL chiếm tỉ lệ lớn cho thấy có quan hệ gần gũi về mặt di truyền. Các kết quả này rất hữu ích trong việc phát triển các chương trình cải tiến giống thông qua khai thác mức độ đa dạng di truyền của quần thể.

4.2. Đề nghị

Cần có nghiên cứu thêm để đánh giá đầy đủ cấu

trúc di truyền quần thể lúa trồng phổ biến ở ĐBSLC cả về chỉ thị phân tử, đặc tính hình thái và nông học để hiểu rõ hơn mối liên hệ di truyền giữa các giống để thiết lập các chương trình cải tiến giống hiệu quả.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Trường Đại học Cần Thơ, Mã số: T2023-177

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Phạm Thị Phấn, Lê Xuân Thái, Lê Thu Thủy và Ông Huỳnh Nguyệt Ánh 2010. Chọn tạo giống lúa chất lượng cao cho đồng bằng sông Cửu Long giai đoạn 2006-2008. *Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ*, 13: 246-254.
 Vũ Anh Pháp, Huỳnh Như Điền, Nguyễn Hoàng Khải, Nguyễn Văn Vững, Lâm Huôn, Nguyễn Thành Tâm, Nguyễn Văn Chánh, 2010. Đánh giá hiện trạng sản xuất lúa ở đồng bằng sông Cửu Long trong bối cảnh dịch rầy nâu, vàng lùn và lùn xoắn lá. *Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ*, 13: 255-264.

- Lê Xuân Thái và Trần Nhân Dũng, 2013. Chọn lọc giống lúa chống chịu mặn ở đồng bằng sông Cửu Long. *Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ*, 28: 79-85.
- Lã Cao Thắng, Hà Minh Luân, Bùi Thanh Liêm, 2020. So sánh tính hiệu quả và kinh tế của ba phương pháp ly trích ADN trên cây lúa. *Tạp chí khoa học và công nghệ nông nghiệp Việt Nam*, 6 (115): 46-49.
- Alvarez A., Fuentes J. L., Puldón V., Gómez P. J., Mora L., Duque M. C., Gallego G. and Tohme J. M., 2007. Genetic diversity analysis of Cuban traditional rice (*Oryza sativa* L.) varieties based on microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*, 30 (4): 1109-1117.
- Fuentes J. L., Cornide M. T., Alvarez A., Suarez E. and Borges E., 2005. Genetic diversity analysis of rice varieties (*Oryza sativa* L.) based on morphological, pedigree and DNA polymorphism data. *Plant Genetic Resources* [online], 3 (3): 353-359. Available from: <https://www.cambridge.org/core/journals/plant-genetic-resources/article/abs/genetic-diversity-analysis-of-rice-varieties-oryza-sativa-l-based-on-morphological-pedigree-and-dna-polymorphism-data/DB19724906E34075C4E96DE7377F6645> [Accessed 16 Sep 2024].
- MARD, 2023. *Rice export* [online]. Available from: <https://mard.gov.vn/Pages/xuc-tien-dau-tu-vao-nong-nghiep-nong-thon-vung-dong-bang-song-cuu-long.aspx>.
- Nagaraju J., Kathirvel M., Ramesh Kumar R., Siddiq E. A. and Hasnain S. E., 2002. Genetic analysis of traditional and evolved Basmati and non-Basmati rice varieties by using fluorescence-based ISSR-PCR and SSR markers. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* [online], 99 (9): 5836-5841. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11959900/> [Accessed 16 Sep 2024].
- Rashmi D., Bisen P., Saha S., Loitongbam B., Singh S., Pallavi and Singh P. K., 2017. Genetic Diversity Analysis in Rice (*Oryza sativa* L.) Accessions using SSR Markers. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*, 10 (4): 457-467.
- Sonkar S., Singh S. K., Vennela P. R. and Singh D. K., 2016. Molecular marker based genetic diversity analysis in rice (*Oryza sativa* L.) using SSR markers. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*, 9 (1): 45.
- Statista, 2023. *Principal-rice-exporting-countries-worldwide-2023 - 2024.pdf*. Statista.
- Thomson M. J., Septiningsih E. M., Suwardjo F., Santoso T. J., Silitonga T. S. and McCouch S. R., 2007. Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers. *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* [online], 114 (3): 559-568. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17136372/> [Accessed 16 Sep 2024].
- USDA, 2023. Rice Outlook: August 2023. *United States Department of Agriculture* [online], (August 2023), 1-23. Available from: <https://www.ers.usda.gov/webdocs/outlooks/107164/rcs-23g.pdf?v=4873.7#:~:text=Global rice production in 2023, Union%2C Suriname%2C and Turkey.>
- Worede F., Sreewongchai T., Phumichai C. and Sripichitt P., 2013. Genetic diversity analysis of rice cultivars from various origins using simple sequence repeat (SSR) markers. *African Journal of Biotechnology* [online], 12 (26): 4074-4081. Available from: <http://www.academicjournals.org/AJB>.

Genetic diversity analysis of popularly grown rice varieties in the Mekong Delta by SSR markers

Bui Thanh Liem, Luong Bao Duy, Tran Gia Huy, Tran Ngoc Quy

Abstract

Genetic diversity analysis is an important factor determining the success of breeding programs. In this study, 20 popular rice varieties grown in the Mekong Delta were evaluated for genetic diversity with 50 SSR markers. The average value of genetic diversity index he was 0.4. The number of effective alleles N_e per marker ranged from 1.05 to 2.00, with an average value of 1.73. The H_o index (observed heterozygosity) and Shannon's index (I) reached an average value of 0.25 and 0.58, respectively. UPGMA clustering based on Jaccard distance grouped the rice varieties into 4 main groups, with the largest group of 11 varieties and the smallest group of 1 variety. The surveyed rice varieties showed a medium level of diversity. The results of this study can be used for improvement programs of rice varieties currently cultivated in the region.

Keywords: Rice, popularly grown rice varieties, genetic diversity, SSR markers

Ngày nhận bài: 17/9/2024

Ngày phản biện: 06/11/2024

Người phản biện: TS. Dương Xuân Tú

Ngày duyệt đăng: 12/11/2024