

- Jain, R.K., A. Joshi, D. Jain, D. Rajpurohit, and P. Jain**, 2017. ISSR Based Molecular Characterization of Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Genotypes. *Bull. Env. Pharmacol. Life Sci.*, 7: 46-54.
- GelAnalyzer 19.1** (www.gelanalyzer.com) by Istvan Lazar Jr., PhD and Istvan Lazar Sr., PhD, CSc.
- Hipparagi, Y., R. Singh, D.R. Choudhury, and V. Gupta**, 2017. Genetic diversity and population structure analysis of Kala Bhat (*Glycine max* (L.) Merrill) genotypes using SSR markers. *Hereditas*, 154: 9.
- Kumawat, G., G. Singh, C. Gireesh, M. Shivakumar, M. Arya, D.K. Agarwal, and S.M. Husain**, 2015. Molecular characterization and genetic diversity analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) germplasm accessions in India. *Physiol. Mol. Biol. Plants*, 21: 101-107.
- Mudibu, J., K.K.C. Nkongolo, M. Mehes-Smith, and A. Kalonji-Mbuyi**, 2011. Genetic analysis of a soybean genetic pool using ISSR marker: effect of gamma radiation on genetic variability. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5: 235-245.
- Rohlf, F.**, 1988. NTSYS-pc - Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. *Applied Biostatistics Inc. New York*. 2.1.

### Study on genetic diversity of soybean varieties/lines by ISSR markers

Huynh Ky, Nguyen Loc Hien, Van Quoc Giang,  
Nguyen Van Manh, Chung Truong Quoc Khang,  
Tran In Do, Nguyen Chau Thanh Tung

#### Abstract

Genetic diversity research is one of the first steps in improving crop varieties. In this study, the ISSR molecular markers were used to evaluate the genetic diversity of 120 soybean varieties/lines maintained at Can Tho University genebank. The PCR products of 10 ISSR markers regenerated 89 bands, including 79 polymorphic ones. The analysis showed that PIC index of ISSR primers was ranged from 0.06 to 0.25 and the similarity coefficient was 0.55 - 0.91. The genetic diversity was relatively high and 120 soybean varieties/lines were divided into 7 main groups and few subgroups. This is very valuable information for selection of different parent pairs to develop superior soybean varieties in the future.

**Keywords:** Soybean, genetic diversity, ISSR marker

Ngày nhận bài: 08/5/2021

Ngày phản biện: 17/5/2021

Người phản biện: TS. Lê Đức Thảo

Ngày duyệt đăng: 04/6/2021

## ĐA DẠNG DI TRUYỀN CÁC GIỐNG BƯỜI Ở ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG DỰA TRÊN TRÌNH TỰ ADN MÃ VẠCH VÀ DẤU PHÂN TỬ ISSR

Đỗ Tấn Khang<sup>1</sup>, Trầm Thị Thanh Tiên<sup>1</sup>, Trần Gia Huy<sup>1</sup>,  
Nguyễn Văn Ấy<sup>2</sup>, Trần Thanh Mến<sup>3</sup>

### TÓM TẮT

Các giống bười ở Đồng bằng sông Cửu Long được khảo sát trình tự ADN mã vạch với 3 vùng trình tự ITS, *ycf1b*, *psbK-psbI* kết hợp với phân tích đa dạng di truyền bằng dấu phân tử ISSR. Kết quả khảo sát các vùng trình tự cho thấy các giống bười trong nghiên cứu tương đối đồng nhất với nhau về mặt di truyền qua phân tích các vùng trình tự ITS, *ycf1b*, *psbK-I*. Kết quả PCR với mỗi ISSR22 và ISSR2 đã khuếch đại được 19 băng ADN trong đó có 11 băng đa hình chiếm 57,89% và 8 băng đơn hình chiếm 42,11%. Dấu phân tử ISSR22 phân biệt được bười da xanh với bười năm roi và bười ruby. Bưởi đường trắng và bưởi thanh kiều có hệ số tương đồng đến 95%. Như vậy dựa trên hai dấu phân tử ISSR22 và ISSR2 đã cho thấy sự đa hình trong trình tự các giống bười nghiên cứu. Điều này cho thấy tiềm năng của dấu phân tử ISSR trong phân tích đa dạng di truyền các giống bười, phục vụ cho công tác chọn giống.

**Từ khóa:** Bưởi, đa dạng di truyền, mã vạch ADN, dấu phân tử ISSR

<sup>1</sup> Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học, Trường Đại học Cần Thơ

<sup>2</sup> Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ; <sup>3</sup> Khoa Khoa học Tự nhiên, Trường Đại học Cần Thơ

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Việt Nam thuộc khu vực Đông Nam Á, là một trong những trung tâm phát sinh của các loài cây có múi (Rainer, 1975). Một số công trình đã công bố cho thấy Việt Nam có nguồn gen cây có múi khá đa dạng với nhiều vùng trồng bưởi truyền thống có nhiều giống bưởi quý như bưởi diễn, bưởi thanh trà, bưởi da xanh, bưởi biên hòa, bưởi năm roi, ... (Nguyễn Thị Tuyết và *ctv.*, 2018; Nguyễn Phương Thủy và *ctv.*, 2016). Trong năm 2017, nước ta xuất khẩu hơn 10.000 tấn bưởi, tăng gấp đôi so với năm 2016 ở hầu hết thị trường lớn như: Mỹ, EU, Canada và các nước Trung Đông (Tạp chí Doanh nhân Việt Nam, 2020). Ngày nay, để xác định và nhận diện các giống loài khác nhau hoặc các loài có đặc điểm hình thái tương tự nhau có rất nhiều phương pháp. Phương pháp được dùng chủ yếu phổ biến dựa trên phân tích hình thái của mẫu vật. Tuy vậy, phương pháp hình thái học thường gặp nhiều trở ngại. Trong bối cảnh hiện tại ở nước ta, các nghiên cứu về sử dụng ADN mã vạch để phân tích các loài khác nhau đang dần được quan tâm và phát triển. Bưởi được trồng khắp các tỉnh đồng bằng sông Cửu Long (ĐBSCL), mỗi vùng đều có những điều kiện sinh thái nhất định ảnh hưởng đến quá trình sống cũng như bảo tồn nguồn gen. Việc nghiên cứu đa dạng di truyền nguồn gen bưởi da xanh ở khu vực ĐBSCL có ý nghĩa trong việc bảo tồn tính đa dạng sinh học và sử dụng có hiệu quả các nguồn gen quý đó phục vụ cho công tác chọn tạo giống. Đề tài được thực hiện nhằm phân tích được đa dạng trình tự ADN

mã vạch (ITS, *ycf1b*, *psbK-psbI*) và đánh giá đa dạng di truyền các giống bưởi ở năm tỉnh trong khu vực ĐBSCL bằng dấu phân tử ISSR.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Mẫu lá bưởi da xanh (*Citrus maxima*) được thu tại 5 tỉnh gồm: Tiền Giang, Sóc Trăng, Hậu Giang, Bến Tre, Vĩnh Long. Bưởi “Ruby”, bưởi thanh kiều (Thới An - Ô Môn - Cần Thơ), bưởi đường trắng, bưởi năm roi.

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

#### 2.2.1. Thu mẫu và tách chiết ADN

Tiến hành trích ADN từ mẫu lá, ADN được chiết tách theo quy trình của Doyle và Doyle (1990). Kiểm tra chất lượng của ADN ly trích được bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1% ở hiệu điện thế 100 V trong 30 phút. Bản gel được quan sát dưới ánh sáng tử ngoại trên hệ thống máy Bio-Rad UV 2.000. Nồng độ ADN được xác định bằng phương pháp đo quang phổ ở bước sóng 260 và 280 nm.

#### 2.2.2. Khuếch đại vùng trình tự ITS, *ycf1b*, *psbK-I*

Mỗi phản ứng PCR 50 µl gồm có 25 µL nước khử ion; 20 µL master mix 2X (Buffer, MgCl<sub>2</sub>, dNTPs, *Taq* polymerase); 1 µL mỗi xuôi và mỗi ngược và 3 µL ADN khuôn. Chu kỳ nhiệt PCR khuếch đại của 3 vùng trình tự ITS, *ycf1b* và *psbK-I* được thể hiện ở bảng 1.

**Bảng 1.** Trình tự và chu kỳ nhiệt của các môi sử dụng trong nghiên cứu

Trình tự	Chu kỳ nhiệt
<i>ycf1b</i> -F: TCTCGACGAAAATCAGATTGTTGTGAAT <i>ycf1b</i> -R: ACATGTCAAGTGATGGAAAA (Dong <i>et al.</i> , 2015)	94°C - 5 phút; 94°C - 30 giây, 55°C - 40 giây, 72°C - 1 phút (35 chu kỳ); 72°C - 10 phút
<i>psbK-I</i> -F: TGCCTTTGTTTGGCAAG <i>psbK-I</i> -R: AGAGTTTGAGAGAGCAT (Reginato <i>et al.</i> , 2010)	94°C - 5 phút; 94°C - 30 giây, 55°C - 40 giây, 72°C - 40 giây (35 chu kỳ); 72°C - 5 phút
ITS1-F: TCCGGGAACCTGCGG ITS4-R: TCCTCCGCTTTGATGC (White <i>et al.</i> , 1990)	95°C - 5 phút; 95°C - 30 giây, 58°C - 30 giây, 72°C - 1 phút (35 chu kỳ); 72°C - 7 phút
ISSR22: TGTGTGTGTGTGTGTGCA ISSR22: GTGGTGGTGGTGC (Samriti <i>et al.</i> , 2017)	94°C - 4 phút; 94°C - 1 phút, 50°C - 45 giây, 72°C - 2 phút (35 chu kỳ); 72°C - 7 phút

### 2.2.3. Phân tích số liệu

Kết quả giải trình tự ADN được kiểm tra trên chromatogram bằng chương trình Bioedit. Từ các trình tự của các giống bưởi da xanh, xác định trình tự chung (Consensus sequence) cho giống bưởi này và so sánh (alignment) với các trình tự của các giống bưởi đã thu khác trong nghiên cứu để xác định các

SNPs tiềm năng. So sánh sự tương đồng giữa các giống bưởi trong nghiên cứu với cơ sở dữ liệu của ngân hàng gene NCBI.

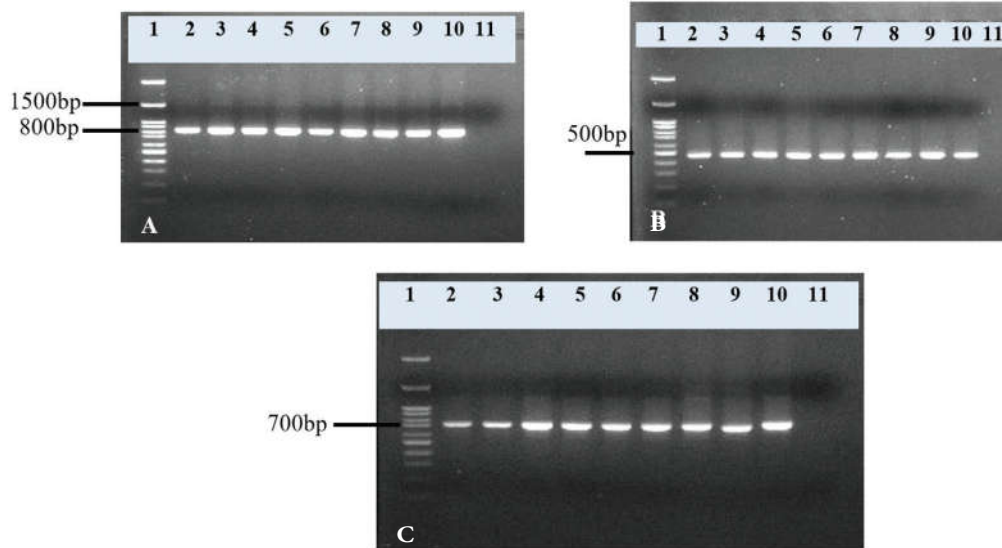
Sản phẩm khuếch đại dấu phân tử ISSR được phân tích bằng phần mềm NTSYSpc2. Biểu đồ hình cây về mối quan hệ phát sinh loài được xây dựng theo phương pháp UPGMA.

### III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### 3.1. Khuếch đại và giải trình tự

Kết quả điện di sản phẩm PCR khuếch đại vùng trình tự ITS, *ycf1b* và *psbK-psbI* được thực hiện trên gel agarose 2%, sau khi kiểm tra kết quả cho thấy với 3 mỗi trên điều cho hiện các băng ADN sáng

rõ rệt. Khi so sánh với thang chuẩn thương mại có kích thước 3 kb cho kết quả khuếch đại được chiều dài các đoạn gen lần lượt là 900 bp, 500 bp, 700 bp tương ứng với 3 mỗi là *ycf1b* (Hình 1A), *psbK-psbI* (Hình 1B) và ITS (Hình 1C). Từ những kết quả đạt được cho thấy sản phẩm PCR trên đã đủ điều kiện để tiến hành bước giải trình tự.



**Hình 1.** Phổ điện di sản phẩm khuếch đại gene *ycf1b* (A), trình tự *psbK-I* (B) và ITS (C) của các giống bưởi trong nghiên cứu

Ghi chú: (1) thang chuẩn 3kb; (2) bưởi da xanh Tiền giang(BDTG) + đối chứng dương; (3) bưởi da xanh Sóc Trăng (ST);(4) bưởi da xanh Hậu Giang (BDHG); (5) bưởi da xanh Vĩnh Long (BVL); (6) bưởi da xanh Bến Tre (BDB); (7) bưởi ruby (BRB1); (8) bưởi thanh kiều (BTK); (9) bưởi đường trắng (BDT); (10) bưởi 5 roi (STR); (11) Đối chứng âm.

Các đoạn ADN mã vạch của 9 giống bưởi trên vùng trình tự *ycf1b* sau khi giải trình tự có chiều dài 800 - 820 bp, kết quả đúng như dự kiến ban đầu là khoảng 800 - 900 bp. Các đoạn ADN mã vạch của 9 giống bưởi trên mỗi *psbK-psbI* sau khi giải trình tự có chiều dài 430 - 440 bp, kết quả cũng đạt đúng như dự kiến ban đầu khi gửi trình tự là khoảng 400 - 500 bp. Các đoạn ADN mã vạch của các giống bưởi trên vùng trình tự ITS sau khi giải trình tự có chiều dài khoảng 600 - 700 bp. Kết quả giải trình tự cho thấy các đoạn trình tự trên vùng trình tự ITS có chiều dài sản phẩm khuếch đại xấp xỉ với nghiên cứu của Kyndt và cộng tác viên (2010) vùng ITS trong nghiên cứu trên có chiều dài là 703, các trình tự thu được tốt, không bị nhiễu, đủ cơ sở để phân tích.

#### 3.2. Phân tích trình tự ADN

Kết quả phân tích vùng trình tự *ycf1b* của các giống bưởi trong nghiên cứu cho thấy không có sự khác biệt quá lớn trong cùng một giống cũng như giữa các giống bưởi khác nhau của các đối tượng được nghiên cứu. Qua đó cho thấy gene *ycf1b* có

tính bảo tồn cao giữa các giống bưởi thu được trong khu vực ĐBSCL. Khi phân tích vùng trình tự ITS cho thấy một số vị trí sai khác ở giống bưởi ruby và đột biến điểm mất 1 nucleotide C ở giống bưởi ruby, bưởi thanh kiều và 1 nucleotide C ở bưởi đường trắng. Có 2 vị trí xuất hiện đột biến mất 1 nucleotide ở vị trí 10 hiện diện ở giống bưởi ruby, bưởi thanh kiều và vị trí thứ 21 ở giống bưởi đường trắng. Bên cạnh đó, nghiên cứu cũng xác định được 3 SNPs của giống ruby so với các giống còn lại.

Các trình tự gen *ycf1b* và *psbK-psbI* của các giống bưởi không có nhiều trên ngân hàng gen do đây là hai trình tự mới, chưa được nghiên cứu nhiều. Chi *Citrus* chỉ có 1 nghiên cứu của Xu và cộng tác viên (2016) tại Trung Quốc. Nghiên cứu này đã giải mã toàn bộ genome trong hệ lục lạp của bưởi da xanh. Vì vậy, trình tự này được sử dụng để làm cơ sở so sánh, đối chiếu với các trình tự trong nghiên cứu này. Riêng vùng ITS là trình tự phổ biến nên được tìm thấy nhiều trên cơ sở dữ liệu.

Theo Dong và cộng tác viên (2015), *ycf1b* được xem như dấu phân tử có khả năng nhận diện cao hơn cả *matK* và *rbcL* đây là 2 vùng trình tự phổ biến được sử dụng rộng rãi để làm dấu phân tử, *ycf1b* được xem là dấu phân tử hiệu quả trong nhận diện phân tử ở các cấp độ phân loại thấp. Tuy nhiên, trong nghiên cứu được thực hiện ở cấp độ cao hơn trên cây có múi *ycf1b* lại không thể hiện sự đa hình trong trình tự. Từ đó cho thấy rằng việc sử dụng *ycf1b* để phân loại ở thực vật nói chung và cây có múi nói riêng không thật sự hiệu quả.

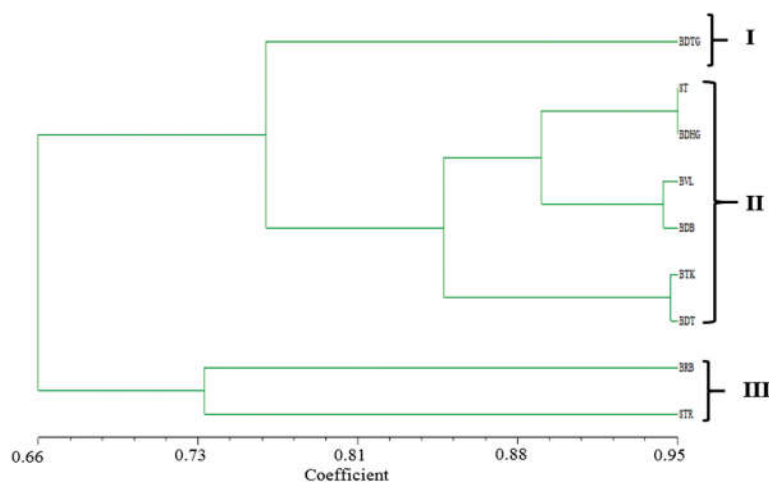
Ở vùng trình tự ITS có xuất hiện nhiều sai khác tuy chưa thể kết luận nó có phải là mã vạch trên cây có múi hay không, nhưng đây cũng cho thấy được sự đa dạng di truyền trên vùng trình tự ITS ở bưởi do vị trí sai khác có thể xuất hiện trong cùng giống hoặc khác giống. Điều này cũng phù hợp với nghiên cứu

của Trần Thanh Mến và cộng tác viên (2008) tiến hành nghiên cứu đa dạng sinh học các giống bưởi ở Việt Nam.

### 3.3. Mối quan hệ di truyền giữa các giống bưởi bằng dấu phân tử ISSR

Kết quả điện di dấu phân tử ISSR2 cho xuất hiện 11 băng trong đó có 8 băng đa hình chiếm tỷ lệ 72,73% so với tổng số. Kết quả điện di dấu phân tử ISSR22 cho xuất hiện 8 băng trong đó có 3 băng đa hình chiếm tỷ lệ 37,5% so với tổng số.

Theo kết quả ở hình 2 với độ tương đồng dao động trong khoảng 0,66 - 0,95 với khoảng dao động là 0,07 được chia thành 3 nhóm chính: nhóm I với Nhóm III có hệ số tương đồng là 0,76, nhóm I, II với nhóm III có hệ số tương đồng thấp nhất là 0,66.

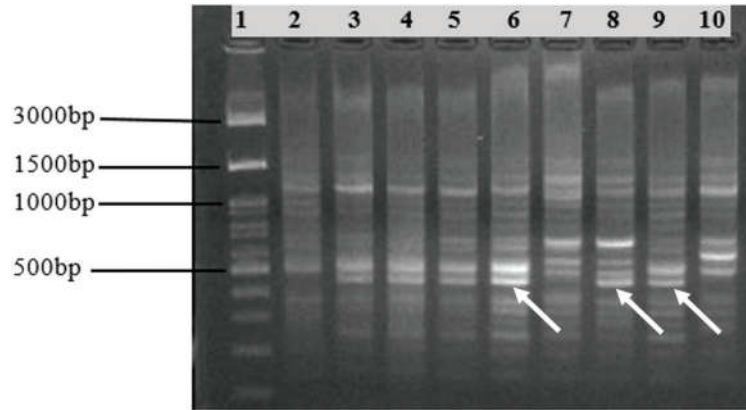


Hình 2. Giản đồ phả hệ thể hiện mối tương quan di truyền của 9 giống bưởi

Nhóm I: Chỉ có duy nhất mẫu bưởi da xanh Tiền Giang (BDTG). Nhóm II: trong nhóm này lại được chia làm 3 nhóm nhỏ là: (II.1) gồm bưởi da xanh Sóc Trăng (ST) và bưởi da xanh Hậu Giang (BDHG) với hệ số tương đồng là 0,89. II.2: Gồm bưởi da xanh Vĩnh Long (BVL) và bưởi da xanh Bến Tre (BDB) với hệ số tương đồng là 0,94. II.3: Gồm bưởi thanh kiểu (BTK) và bưởi đường trắng (BDT) với hệ số tương đồng gần 0,95. Nhóm III: chỉ có 2 giống là bưởi ruby (BRB) và bưởi năm roi (STR) với hệ số tương đồng là 0,74. Tuy nhiên kết quả trên cho thấy trong cùng một giống bưởi da xanh lại ở 2 nhóm khác nhau, là giống tại Tiền Giang (BDTG) có khác biệt lớn với hệ số tương đồng là 0,76 với các giống bưởi da xanh ở các tỉnh còn lại trong nghiên cứu là Sóc Trăng (ST), Hậu Giang (BDHG), Vĩnh Long (BVL), Bến Tre (BDB), trong khi 4 mẫu bưởi da xanh này lại cùng nằm trong nhóm II với bưởi thanh kiểu (BTK) và bưởi đường trắng (BDT) nhưng vẫn

có tách biệt với 4 mẫu bưởi da xanh với hệ số tương đồng là 0,85. Có nhiều yếu tố tạo nên sự khác biệt trong quần thể như khả năng phát tán của loài và sự ảnh hưởng của môi trường sống (Kerdelhué *et al.*, 2002) hoặc do tác động của con người. Quan điểm này cũng phù hợp với nghiên cứu của Snkiewicz và cộng tác viên (2001) khi nghiên cứu về mối liên hệ di truyền của các giống cây trồng trong canh tác nông nghiệp cho thấy con người là yếu tố quan trọng trong việc di chuyển giống cây trồng giữa các vùng địa lý. Tuy nhiên, kết quả này chỉ là tạm thời dựa trên hai dấu phân tử trong nghiên cứu. Để tăng cao kết quả cần phân tích thêm nhiều dấu phân tử hơn nữa.

Dựa vào hình 3 cho thấy, vị trí băng phân biệt bưởi da xanh với bưởi 5 roi và bưởi “Ruby” ở vị trí khoảng 450 bp (mũi tên màu trắng). Các mẫu bưởi da danh đều có băng này trong khi bưởi năm roi và bưởi “Ruby” không có.



**Hình 3.** Kết quả điện di các mẫu bưởi với dấu phân tử ISSR2

*Ghi chú:* giếng 1: thang chuẩn 100 bp (Omega Bio-tek); giếng 2: Đối chứng dương; giếng 3: bưởi da xanh Sóc Trăng; giếng 4: bưởi da xanh Hậu Giang; giếng 5: bưởi da xanh Vĩnh Long; giếng 6: bưởi da xanh Bến Tre; giếng 7: bưởi ruby; giếng 8: bưởi thanh kiều; giếng 9: bưởi đường trắng; giếng 10: bưởi năm roi.

Khuất Hữu Trung và cộng tác viên (2009) đã tiến hành nghiên cứu đa dạng di truyền trên 41 giống bưởi bản địa Việt Nam bằng chỉ thị SSR lại cho kết quả bưởi da xanh nằm cùng nhóm với bưởi năm roi với hệ số tương đồng là 0,5 trong khi nghiên cứu được thực hiện lại cho kết quả bưởi da xanh và bưởi 5 roi thuộc 2 nhóm khác nhau. Trong nghiên cứu này, với dấu phân tử ISSR thì cho độ tương đồng 0,66. Như vậy, có thể thấy các chỉ thị phân tử khác nhau sẽ cho ra độ tương đồng khác nhau.

Trong nghiên cứu này có 2 giống là Bưởi Thanh Kiều (BTK) và bưởi đường trắng (BĐT) có độ tương đồng di truyền đến 95% mặc dù rất khác biệt về hình thái. Do nước ta có nhiều giống bưởi có hình thái trái khá giống nhau nên dễ đưa đến nhầm lẫn tên giữa các giống bưởi ở những vùng khác nhau (Vũ Công Hậu, 2000).

#### IV. KẾT LUẬN

Gen *ycf1b* và trình tự *psbK-psbI* chưa thật sự là một trình tự mã vạch tiềm năng để phân loại các giống bưởi trong nghiên cứu. Không có sự khác biệt trình tự ở trong cùng giống cũng như ở những giống khác nhau. Như vậy các vùng trình tự ADN mã vạch trong nghiên cứu chưa phân biệt được các giống bưởi, do đó cần chọn các trình tự ADN mã vạch khác để tiếp tục khảo sát. Dấu phân tử ISSR có thể phân biệt được các giống bưởi do có sự đa hình, nhưng cần nhiều dấu phân tử hơn nữa để sự phân biệt được rõ ràng hơn giữa các giống. Nghiên cứu trên sẽ góp phần xây dựng nền tảng cho các nghiên cứu tiếp theo trên chi *Citrus* cũng như ở thực vật về ứng dụng ADN mã vạch trong định danh.

#### TÀI LIỆU KHAM KHẢO

- Vũ Công Hậu**, 2000. *Trồng cây ăn quả ở Việt Nam*. Tái bản lần 3. NXB Nông Nghiệp TP. Hồ Chí Minh: 100-116.
- Trần Thanh Mến, Nguyễn Thị Pha, Trần Nhân Dũng, Hà Thanh Toàn, Tina Kyndt, Godelieve Gheysen và Marcelle Holsters**, 2008. Nghiên cứu đa dạng sinh học các giống bưởi (*Citrus maxima* (Burm) Merr.) ở Việt Nam bằng phương pháp PCR-RFLP. *Hội nghị khoa học “cây ăn trái quan trọng ở ĐBSCL”*: 14-20.
- Khuất Hữu Trung, Hà Trọng Huy, Nguyễn Trường Khoa, Ngô Hồng Bình, Nguyễn Thanh Bình, Đặng Trọng Lương và Lê Huy Hàm**, 2009. Nghiên cứu đa dạng di truyền một số giống bưởi bản địa Việt Nam (*Citrus grandis*) bằng chỉ thị microsatellite. *Tạp chí Công nghệ Sinh học*, 7(4): 485-492.
- Nguyễn Phương Thúy, Nguyễn Thị Nga, Lê Thị Cẩm Tú, Đào Thị Bé Bảy và Trần Thị Oanh Yến**, 2016. Đánh giá đặc tính di truyền của các dòng bưởi từ nuôi cấy hạt nhỏ bằng chỉ thị phân tử microsatellites. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 8: 30-35.
- Tạp chí Doanh nhân Việt Nam**, 2020. Tìm cơ hội cho trái bưởi Việt Nam mở rộng ra thị trường lớn, <https://doanhnhavn.vn/mo-rong-thi-truong-cho-trai-buoi-viet-nam-22572.html>, ngày truy cập: 20/5/2021.
- Nguyễn Thị Tuyết, Nguyễn Thị Xuyên, Nguyễn Thị Lan Hoa, Bùi Thị Thu Giang và Trần Danh Sửu**, 2018. Đánh giá đa dạng di truyền một số nguồn gen bưởi (*Citrus* spp.) bằng chỉ thị SSR. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 1(86): 14-18.
- Dong, W.P., Xu, C., Li, C., Sun, J., Zuo, Y., Shi, S., Cheng O., Guo J. and Zhou S.**, 2015. *ycf1*, the most promising plastid DNA barcode of land plants. *Scientific reports*, 5(1): 1-5.

- 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 Giang<sup>1</sup>, Vũ Văn Khuê<sup>1</sup>,  
Lý Nữ Cẩm Duyên<sup>1</sup>, Lê Đức Dũng<sup>1</sup>

### 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 F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, BC<sub>1</sub>. Kết quả phân tích di truyền dựa trên kiểm định Chi-bình phương ( $\chi^2$ ) 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

<sup>1</sup> Viện Khoa học Kỹ thuật Nông nghiệp Duyên hải Nam Trung bộ