

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ NGUỒN GEN BƯỞI (*Citrus spp.*) BẰNG CHỈ THỊ SSR

Nguyễn Thị Tuyết¹, Nguyễn Thị Xuyên², Nguyễn Thị Lan Hoa²,
Bùi Thị Thu Giang², Trần Danh Sử¹

TÓM TẮT

Đa dạng di truyền 06 nguồn gen bưởi được xác định bằng chỉ thị SSR. Tổng số 44 allen được phát hiện tại 20 locus trong 25 chỉ thị SSR được sử dụng, số lượng allen nhiều nhất là 4 với trung bình 2,2 allen trên mỗi cặp mỗi và giá trị PIC trung bình là 0,29. Chỉ thị CgEMS-138 và CgEMS-139 thể hiện thông tin cao nhất với số allele tối đa (4) và giá trị PIC là 0,54 (CgEMS-138) và 0,48 (CgEMS-139). Hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,79 đến 0,99 trong số các nguồn gen được đánh giá. Các hệ số này được sử dụng để phân tích UPGMA. Sơ đồ hình cây cho thấy 06 nguồn gen bưởi được chia thành 2 nhóm: Nhóm 1 bao gồm 4 nguồn gen (Polo, Da xanh, Quế Dương và Đường Hiệp Thuận); Nhóm 2 bao gồm 2 nguồn gen (Bốn mùa và Chua). Kết quả chỉ ra rằng có thể sử dụng mỗi CgEMS-138 và CgEMS-139 như là chỉ thị DNA để nhận dạng các giống bưởi nói chung và giống bưởi Bốn mùa nói riêng.

Từ khóa: Bưởi, *Citrus*, chỉ thị SSR

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây ăn quả có múi (*Citrus*) thuộc họ *Rutaceae* và phân họ *Aurantioideae* (Dugo and Di Giacomo, 2002). Việc phân loại *Citrus* chủ yếu dựa trên các dữ liệu hình thái học và địa lý nên hệ thống phân loại vẫn chưa được thống nhất giữa các tác giả Swingle và Reece (1967), Tanaka (1977) và Hodgson (1961). Theo Tsegaye (2002), nếu thiếu kiến thức về đa dạng di truyền của cây trồng sẽ gặp phức tạp trong công tác bảo tồn, cải tạo và sử dụng nguồn gen. Ngày nay, với sự trợ giúp của công nghệ sinh học nên việc đánh giá đa dạng di truyền trong thực vật đã trở nên đơn giản hơn, kết quả đáng tin cậy. Việc ứng dụng các chỉ thị phân tử thích hợp ngày càng được sử dụng rộng rãi để giải quyết các vấn đề trong phân loại *Citrus* (Kumar *et al.*, 2012) như kỹ thuật marker DNA-PCR, khuếch đại DNA đa hình ngẫu nhiên (RAPD), liên chuỗi đơn giản lặp lại (ISSR) (Shahsavari *et al.*, 2007), SSR (Barkley *et al.*, 2006)...

Việt Nam nằm ở trung tâm phát sinh của rất nhiều giống cây ăn quả có múi (Võ Văn Chi, 1997). Việc phát triển trồng bưởi ở những vùng có điều kiện phát triển cũng như bảo tồn và phát triển mở rộng hơn nữa ở các vùng bưởi truyền thống là định hướng chiến lược của nhiều địa phương, trong đó việc phát hiện giống cây tốt phù hợp để bổ sung vào cơ cấu giống của nước ta là rất cần thiết. Chính vì vậy nghiên cứu sự đa dạng di truyền nguồn gen bưởi nhằm mục đích xác định mối quan hệ nguồn gen bưởi Bốn mùa với các nguồn gen bưởi trong vùng, kết quả này có thể giúp cho quá trình xây dựng chỉ dẫn địa lý về nguồn gen bưởi sau này cho Hà Nội.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Các giống bưởi sử dụng trong nghiên cứu được thể hiện trong bảng 1.

Bảng 1. Các giống bưởi sử dụng trong nghiên cứu

TT	Tên nguồn gen	Ký hiệu	Địa điểm thu mẫu
1	Bưởi Da xanh	B1	Tập đoàn cây ăn quả, Viện NC rau quả
2	Bưởi Polo	B2	Tập đoàn cây ăn quả, Viện NC rau quả
3	Bưởi Quế Dương	B3	Quế Dương, Hoài Đức, Hà Nội
4	Bưởi đường Hiệp Thuận	B4	Hiệp Thuận, Phúc Thọ, Hà Nội
5	Bưởi bốn mùa	B5	Trúc Sơn, Hà Nội
6	Bưởi chua	B6	Quế Dương, Hoài Đức, Hà Nội

¹ Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam (VAAS)

² Trung tâm Tài nguyên thực vật, VAAS

- 25 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu (Bảng 2).

Bảng 2. Danh mục chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu

TT	Tên chỉ thị	Mỗi xuôi (5'-3')	Mỗi ngược (5'-3')
1	CgEMS-84	AAGCCTGCCTCTTCACAGAA	TCTTTTCTTCCTCCCCATT
2	CgEMS-75	TTTTGCTTTCTTGGGTTTCA	GTGCTTCAAAAAGCTCACCC
3	CgEMS-138	GCTCAATTTTATTCCTTTATTCCA	CGGTCTTTCTTGTGATCTCTG
4	CgEMS-45	GGAGCCTCTCTTCACACTCG	CGTTCTCTTCTTCGGCAGTC
5	CgEMS-31	GTTGAGGATCAAGAGGGTGC	AAGGAAGCTTTGCACCTTGA
6	CgEMS-36	AGCACGTTGATGAAGAAGGC	TTCTTATACAGAGCCGCCGT
7	CgEMS-52	CTTCTTGACGAGTGCTGCTG	CAAGTTCATGCTTCAGGCAA
8	CgEMS-1	ACCCAAAATTGTCTCTTGCC	TCCCGATTTGGTGGTAAAAA
9	CgEMS-13	GTGGACAAGATCAAGCAGCA	CTTCTTCTTTCACCGTGGG
10	CgEMS-9	CTTGTGTGTTGCAGCTCGAT	ATTTCATTAACCGACTGCCG
11	CgEMS-61	GCTCAACAGAAACCGAAAGC	GAGTCTAACGGTGGCCAGAA
12	CgEMS-112	TGAAGCATGCCTCTGAGAAA	TAGGCGAACACAACACTACCCC
13	CgEMS-5	TTCGTCATCCTCATCCATCA	TCATCAAATCACCCAAACGA
14	CgEMS-122	GGGGAAGAAGAAAAGGGATG	ACGTCATTCTCCTTCCATCG
15	CgEMS-2	CGACTCAGCTGTTGCATGAT	CCCCTTCTCGATTGTTGAAA
16	CgEMS-139	AGCCTCAGGTTCAGGATTGA	ATTACCCTGCTGCTGCTCTT
17	CgEMS-111	GTGGAGAAGATGGCGATGAT	TAATTCCTGACCACCACCGT
18	CgEMS-51	CTCGCAGCAAGGTATCATCA	CGGTGGTACTGACAATGGTG
19	CgEMS-10	TAGATTTAATGATGCGCCCC	ATTGTACGGTCCACGGTCAT
20	CgEMS-70	ATTAACGATGATCTTGGCCG	TGCAGCAAAGAAAGCAAGAA
21	CgEMS-107	TGATTATTGCGTTTGTGTTGGG	GAAAGAATCCCCGGACAGTT
22	CgEMS-133	TTTGGCTTATGGCTTATGGC	TTTTAACAGGGAAACGACGC
23	CgEMS-92	GAGAAGCCCGTCTGCACTTA	GAGTCTCAGCATTTGCCTC
24	CgEMS-140	CCAAATGGTGCTTTACGGTTA	TTCAAAATAGGCGCAGAACC
25	CgEMS-145	GCTGCTTTTCTAATGGGAAGC	GAACAACCTTAGGCCCCGTTT

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Tách chiết DNA tổng số từ lá bưởi: ADN của các giống bưởi nghiên cứu được tách chiết từ lá non và tinh sạch theo phương pháp CTAB của Doyle & Doyle (1987). DNA tổng số sau khi tách chiết được xác định nồng độ bằng máy Nanodrop Lite (Thermo Scientific, Hoa Kỳ) và được pha loãng đến nồng độ 50 ng/μl phục vụ cho phản ứng PCR.

- Đánh giá đa dạng di truyền các giống bưởi nghiên cứu: Đa dạng di truyền của nguồn gen bưởi Bốn mùa và 5 nguồn gen bưởi khác được đánh giá và lập tiêu bản ADN bằng chỉ thị SSR. Phản ứng PCR với mỗi SSR được thực hiện với thành phần: 1x buffer (Takara), 3 mM MgCl₂ (Takara), 0,25 mM dNTPs, 20 mM mỗi SSR (xuôi và ngược), 0,5 unit Taq (Takara) và 0,25 ng ADN tổng số bưởi; ở điều kiện nhiệt: biến tính ở 95°C trong 5 phút, 35 chu

trình: 94°C trong 30 giây, 55°C trong 40 giây, 72°C trong 1 phút; tổng hợp tiếp ở 72°C trong 7 phút, bảo quản tại 4°C. Sản phẩm PCR được điện di trên gel polyacrylamide 8% với ADN ladder của Fermentas.

- Phân tích số liệu: Hệ số tương đồng di truyền được tính theo công thức của Cavalli-Sforza và Edwards (1967). Mức độ đa dạng của loci được đánh giá bằng giá trị PIC (polymorphic information content) theo công thức của Nei (1973). Sơ đồ hình cây biểu diễn mối quan hệ di truyền giữa các mẫu nguồn gen nghiên cứu được xây dựng dựa trên hệ tương đồng di truyền của Nei (1978) theo phương pháp UPGMA bằng phần mềm Power Marker v3.25.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện năm 2015 tại Trung tâm Tài nguyên thực vật - An Khánh, Hoài Đức, Hà Nội.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Lập tiêu bản ADN của các giống bưởi

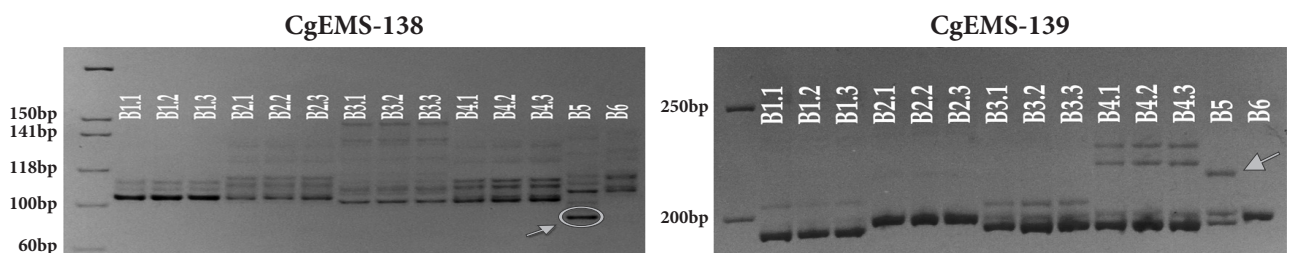
Kết quả tiến hành làm PCR cho thấy sản phẩm PCR thu được là các băng có kích thước nằm trong khoảng từ 95 - 270 bp (Bảng 2). Kết quả này phù hợp với nghiên cứu của Chai và cộng tác viên (2013) về DNA fingerprinting của 24 nguồn gen bưởi dựa trên chỉ thị EST-SSR. Như vậy, 20 tiêu bản ADN fingerprinting của 06 nguồn gen bưởi đối với từng vị trí locus SSR theo từng nhiễm sắc thể đã thu được từ 20 chỉ thị SSR (Hình 1).

Tại mỗi locus SSR, kích thước của allen thu được

trong các mẫu nghiên cứu biến thiên phần lớn đối với các chỉ thị là hơn kém nhau 2 - 4 base, chênh lệch kích thước lớn nhất là từ 15 - 20 base được ghi nhận tại chỉ thị CgEMS-5, CgEMS-13, CgEMS-70, và CgEMS-138 (Hình 1). Mẫu B5 thể hiện một băng vạch khác biệt hoàn toàn với các mẫu nguồn gen còn lại trong nghiên cứu tại chỉ thị CgEMS-138 và CgEMS-139. Kết quả cho thấy có thể sử dụng 02 chỉ thị này để nhận diện nguồn gen Bưởi Bốn mùa so với các nguồn gen khác. Mức độ đa dạng tại từng locus SSR được đánh giá bằng giá trị PIC thể hiện trong Bảng 2.

Bảng 2. Mức độ đa dạng di truyền của 06 nguồn gen bưởi dựa trên 20 chỉ thị SSR

TT	Chỉ thị	Số allen	Tần số allen xuất hiện nhiều nhất trong quần thể	Đa hình kiểu gen	Mức dị hợp	Hệ số PIC
1	CgEMS-84	1	1,00	0	0	0,00
2	CgEMS-75	2	0,89	0,19	0,21	0,17
3	CgEMS-138	4	0,43	0,62	0,07	0,54
4	CgEMS-45	1	1,00	0	0	0,00
5	CgEMS-31	1	1,00	0	0	0,00
6	CgEMS-36	3	0,50	0,62	0	0,55
7	CgEMS-52	1	1,00	0	0	0,00
8	CgEMS-1	3	0,46	0,56	0,07	0,47
9	CgEMS-13	2	0,79	0,34	0	0,28
10	CgEMS-9	2	0,36	0,73	0	0,69
11	CgEMS-61	1	1,00	0	0	0,00
12	CgEMS-112	3	0,64	0,50	0	0,43
13	CgEMS-5	2	0,43	0,63	0,36	0,55
14	CgEMS-2	4	0,43	0,68	0	0,63
15	CgEMS-139	4	0,64	0,53	0	0,48
16	CgEMS-51	1	1,00	0	0	0,00
17	CgEMS-10	1	1,00	0	0	0,00
18	CgEMS-70	3	0,36	0,71	0,21	0,66
19	CgEMS-107	4	0,64	0,50	0,43	0,43
20	CgEMS-133	1	1,00	0	0	0,00
	<i>Trung bình</i>	<i>2,2</i>	<i>0,73</i>	<i>0,33</i>	<i>0,07</i>	<i>0,29</i>



Hình 1. Biến động kích thước các allen tại 02 locus SSR theo từng nhiễm sắc thể

B11-B13: Bưởi Da xanh; B21-B23: Bưởi Polo; B31-B33: Bưởi Quế Dương; B41-B43: Bưởi đường Hiệp Thuận; B5: Bưởi bốn mùa; B6: Bưởi chua.

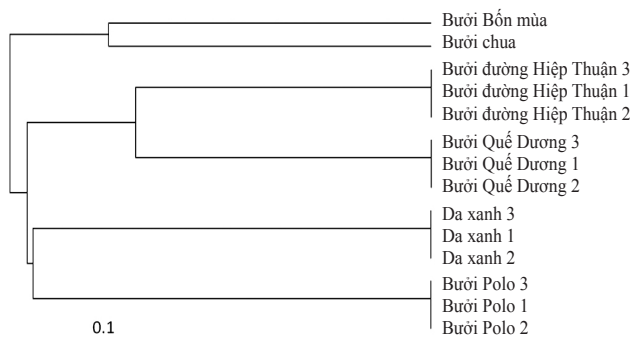
Như vậy phân tích trên 14 mẫu từ 6 nguồn gen bưởi cho thấy hệ số đa hình (PIC) của các chỉ thị từ 0-0,69, cao nhất là chỉ thị CgEMS-9. Đồng thời, quan sát tại 20 chỉ thị EST-SSR cũng cho thấy mức dị hợp của các chỉ thị này từ 0-0,43 đạt giá trị cao nhất tại 0,43 của chỉ thị CgEMS-107.

3.2. Đánh giá đa dạng di truyền các nguồn gen bưởi bằng chỉ thị SSR

Tổng số 20 chỉ thị SSR được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền 06 nguồn gen bưởi cho kết quả ghi trong Bảng 3. Kết quả cho thấy trong 20 chỉ thị SSR có 8 chỉ thị không cho đa hình. Tuy nhiên tất cả các chỉ thị đều cho sản phẩm là các băng rõ nét. Tổng số alen được phát hiện tại 20 locus là 44. Tại mỗi locus số alen đa hình biến động từ 1 đến 4, đạt trung bình 2,2 alen/locut. Số lượng alen nhiều nhất là 4 alen ở locus CgEMS-2, CgEMS-9, CgEMS-107, CgEMS-138 và CgEMS-139. Locus CgEMS-10, CgEMS-31, CgEMS-45, CgEMS-51, CgEMS-52, CgEMS-61, CgEMS-84 và CgEMS-133 chỉ cho 01 alen. 23 nguồn gen *Citrus* và bốn giống lai tự nhiên hoặc đột biến chồi được chọn từ Ngân hàng Germplasm Kotra (IRAN) được đánh giá mức đa hình dựa trên 15 chỉ thị SSR (Jannati *et al.*, 2009).

Quan hệ di truyền giữa 14 mẫu nguồn gen bưởi nghiên cứu được phân tích UPGMA bằng phần mềm Power marker v3.25. Sơ đồ hình cây giữa các giống nghiên cứu (Hình 2) cho thấy hệ số tương đồng di truyền của cả nhóm giống biến động từ 0,79

đến 0,99. Tại mức tương đồng khoảng 0,2, 14 mẫu giống bưởi phân thành 2 nhóm rõ rệt.



Hình 2. Sơ đồ hình cây biểu diễn mối quan hệ di truyền của các giống bưởi trong nghiên cứu

- Nhóm 1: Gồm các mẫu nguồn gen của 4 giống bưởi, trong đó các mẫu lặp lại của từng giống có độ tương đồng cao lên đến 100%, điều này chứng tỏ các nguồn gen này có cùng nguồn gốc và không có sự phân ly. Trong nhóm này chia thành 2 phân nhóm nhỏ, một phân nhóm gồm 2 giống Bưởi đường Hiệp Thuận và Bưởi Quế Dương với khoảng cách di truyền giữa hai giống là 0,13. Phân nhóm còn lại có mức tương đồng cao hơn (khoảng cách di truyền đạt 0,18) của 2 giống Bưởi Da xanh và Bưởi Polo.

- Nhóm 2: Gồm 2 giống Bưởi Bốn mùa và Bưởi chua ở mức tương đồng 0,14.

Hệ số tương đồng di truyền theo cặp giữa các giống bưởi nghiên cứu dao động từ 0,27 đến 0,45 (Bảng 4).

	Bưởi Bốn mùa	Bưởi chua	Bưởi da xanh 1	Bưởi da xanh 2	Bưởi da xanh 3	Bưởi đường Hiệp Thuận 1	Bưởi đường Hiệp Thuận 2	Bưởi đường Hiệp Thuận 3	Bưởi Polo 1	Bưởi Polo 2	Bưởi Polo 3	Bưởi Quế Dương 1	Bưởi Quế Dương 2	Bưởi Quế Dương 3
B5	0.00													
B6	0.29	0.00												
B1.1	0.41	0.45	0.00											
B1.2	0.41	0.45	0.00	0.00										
B1.3	0.41	0.45	0.00	0.00	0.00									
B4.1	0.34	0.36	0.34	0.34	0.34	0.00								
B4.2	0.34	0.36	0.34	0.34	0.34	0.00	0.00							
B4.3	0.34	0.36	0.34	0.34	0.34	0.00	0.00	0.00						
B2.1	0.32	0.41	0.36	0.36	0.36	0.41	0.41	0.41	0.00					
B2.2	0.32	0.41	0.36	0.36	0.36	0.41	0.41	0.41	0.00	0.00				
B2.3	0.32	0.41	0.36	0.36	0.36	0.41	0.41	0.41	0.00	0.00	0.00			
B3.1	0.34	0.45	0.41	0.41	0.41	0.27	0.27	0.27	0.32	0.32	0.32	0.00		
B3.2	0.34	0.45	0.41	0.41	0.41	0.27	0.27	0.27	0.32	0.32	0.32	0.00	0.00	
B3.3	0.34	0.45	0.41	0.41	0.41	0.27	0.27	0.27	0.32	0.32	0.32	0.00	0.00	0.00

Bảng 4. Hệ số tương đồng của 06 nguồn gen bưởi trong nghiên cứu

Theo nghiên cứu của Khuất Hữu Trung và cộng tác viên (2009), trên 29 mẫu bưởi thuộc 11 giống bưởi bản địa Việt Nam bằng chỉ thị SSR cũng cho thấy các nguồn gen bưởi phân ra làm 2 nhóm chính, trong đó giống Bưởi Da xanh nằm cùng nhóm với Bưởi Đường lá cam, Bưởi Năm Roi, Bưởi Thanh Trà và Bưởi Phúc Trạch với mức tương đồng là 0,5. Do vậy, cần phải có đánh giá đa dạng di truyền các giống bưởi với số lượng giống lớn hơn để có cái nhìn tổng quát về đa dạng di truyền nguồn gen bưởi bản địa Việt Nam.

IV. KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

- Khoảng cách di truyền của 06 nguồn gen bưởi biến thiên từ 0,13 đến 0,2 dựa trên 20 locus SSR và được phân làm 2 nhóm chính tại mức tương đồng 0,19 dựa vào phân tích tương quan di truyền theo UPGMA: Nhóm 1: Gồm 2 phân nhóm nhỏ, một phân nhóm gồm 2 giống Bưởi đường Hiệp Thuận và Bưởi Quế Dương với khoảng cách di truyền giữa hai giống là 0,13. Phân nhóm còn lại có mức tương đồng cao hơn là 0,18 của 2 giống Bưởi Da xanh và Bưởi

Polo. Nhóm 2: gồm 2 giống Bưởi Bốn mùa và Bưởi chua ở mức tương đồng 0,14.

- Có thể dùng chỉ thị CgEMS-138 và CgEMS-139 như là chỉ thị DNA để nhận dạng các giống bưởi nói chung và giống bưởi Bốn mùa nói riêng.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Võ Văn Chi, 1997. *Từ điển cây thuốc Việt Nam*. Nhà xuất bản Y học. Hà Nội.
- Khuất Hữu Trung, Hà Trọng Huy, Nguyễn Trường Khoa, Ngô Hồng Bình, Nguyễn Thanh Bình, Đặng Trọng Lương, 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.
- Barkley, N. A., Roose, M. L., Krueger, R. R., & Federici, C. T., 2006. Assessing genetic diversity and population structure in a citrus germplasm collection utilizing simple sequence repeat markers (SSRs). *Theoretical and applied genetics*, 112(8): 1519-1531.
- Cavalli-Sforza L.L and A.W.F. Edwards, 1967. Phylogenetic analysis: Models and estimation procedures. *American Journal of Human Genetics*, 19: 233-257.
- Chai, L., M.K.Biswas, H.Yi, W.Guo, and X.Deng, 2013. Transferability, polymorphism and effectiveness for genetic mapping of the Pummelo (*Citrus grandis* Osbeck) EST-SSR markers. *Scientia Horticulturae*, 155: 85-91.
- Doyle J.J. and J.L. Doyle, 1987. A rapid isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.*, 19: 11-15.
- Dugo, G. and A. Di Giacomo, 2002. *Citrus: The Genus Citrus, Medicinal and Aromatic Plants-Industrial Profiles*. Taylor and Francis group, London.
- Hodgson, R.W., 1961. Taxonomy and nomenclature in citrus. In: Price, W.C. (ed.). *Proceeding of the 2nd Conference of the International Organization of Citrus Virologists*. University of Florida Press, Gainesville, Florida: 1-7.
- Jannati M., Fotouhi R., Pourjan Abad A. and Zivar Salehi. 2009. Genetic diversity analysis of Iranian citrus varieties using micro satellite (SSR) based markers. *Journal of Horticulture and Forestry*, 1(7): 120-125.
- Kumar A., Simons K., Iqbal M.J. et al., 2012. Physical mapping resources for large plant genomes: radiation hybrids for wheat D-genome progenitor *Aegilops tauschii* accession AL8/78. *BMC genomic*, 13: 597.
- Nei M., 1973. Genetic Distance between Populations. *American Naturalist*, 106(949): 283-292.
- Nei M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetic*, 89(3): 583-590.
- Shahsavari A.R., Izadpanah K., Tafazoli E., Tabatabaei B.E.S., 2007. Characterization of *Citrus* germplasm including unknown variants by inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Sci. Hortic.*, 112 (2007): 310-314.
- Swingle, W.T. and P.C. Reece, 1967. The Botany of Citrus and its Wild Relatives. In: W. Reuther, H.J. Webber and L.D. Batchelor (Eds.). *The Citrus Industry*, 1. University of California Press, Berkely: 190-430.
- Tanaka, T., 1977. Fundamental discussion of citrus classification. *Studia Citrologia*, 14: 1-6.
- Tsegaye, A., 2002. *On indigenous production, genetic diversity and crop ecology of enset (Ensete ventricosum (Welw.) Cheesman)*. PhD dissertation. Wageningen University, The Netherlands: 197p.

Genetic diversity analysis of *Citrus* cultivars using simple sequence repeat markers (SSR)

Nguyen Thi Tuyet, Nguyen Thi Xuyen, Nguyen Thi Lan Hoa, Bui Thi Thu Giang, Tran Danh Suu

Abstract

In this study, genetic diversity of 06 grapefruit accessions was assessed by simple sequence repeat (SSR) markers. Of the 25 SSR markers amplified, a total of 44 alleles was detected by 20 polymorphic SSR loci and maximum 4 alleles were amplified. The average of alleles per primer pair was 2.2 and the average polymorphism information content (PIC) value was 0.29. The CgEMS-138 and CgEMS-139 markers were highly informative ones as it revealed PIC value (0.54 and 0.48, respectively) and maximum number of alleles (4). Genetic similarity coefficient ranged from 0.79 to 0.99 among genotypes. These coefficients were used to construct a dendrogram by the unweighted pair group of arithmetic means (UPGMA). The genotypes were grouped into 2 clusters: Cluster 1 included 4 genotypes (Polo, Da xanh, Que Duong and Duong Hiep Thuan); Cluster 2 included 2 genotypes (Bon mua and chua). According to these results, it can be concluded that the markers CgEMS-138 and CgEMS-139 are useful indicator for genotyping Vietnamese grapefruit accessions in general and for grapefruit Bon mua in particular.

Keywords: Grapefruit, Citrus, SSR markers

Ngày nhận bài: 21/11/2017
Ngày phản biện: 28/11/2017

Người phản biện: TS. Trần Thị Thu Hoài
Ngày duyệt đăng: 11/12/2017