

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN TẬP ĐOÀN LÚA MÙA NỔI BẰNG CHỈ THỊ SSR

Nguyễn Thị Thanh Xuân¹, Nguyễn Chí Thành^{1,2},
Phạm Văn Quang¹, Lê Hữu Phước¹, Lê Thanh Phong¹

TÓM TẮT

Lúa mùa nổi là một quần thể lúa phát triển trong điều kiện nước nổi đã tồn tại trong một thời gian dài trong vùng tứ giác Long Xuyên. Tuy nhiên, lúa mùa nổi đang bị suy thoái nguồn gen và mất dần do sự chuyển đổi điều kiện canh tác. Với mục tiêu đánh giá nguồn gen của quần thể lúa mùa nổi hiện nay để phục vụ cho các kế hoạch lai tạo và chọn lọc trong thời gian tới, nghiên cứu được thực hiện nhằm đánh giá đa dạng di truyền của 46 dòng lúa mùa nổi bằng 20 chỉ thị phân tử SSR. Kết quả đánh giá được phân nhóm bằng phương pháp UPGMA cho thấy quần thể lúa mùa nổi có độ đa dạng với mức khác biệt di truyền nhỏ hơn 30%. Qua đó đã phân nhóm di truyền quần thể lúa mùa trong nghiên cứu thành 4 nhóm lớn với khác biệt di truyền tổng thể giữa các nhóm là 27%. Kết quả nghiên cứu có thể ứng dụng cho mục đích bảo tồn và lai tạo.

Từ khóa: Lúa mùa nổi, đa dạng, SSR, An Giang

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Kể từ cuộc cách mạng xanh vào thập niên 1960, hầu hết các chương trình lai tạo lúa đều tập trung vào việc phát triển các giống lúa có năng suất cao hoặc một vài tính trạng chính về phẩm chất. Các giống lúa đặc sản của địa phương mang nhiều gen quý nhưng có năng suất thấp đã không được ưu tiên đưa vào sản xuất. Chính điều này dẫn đến sự thu hẹp về mặt đa dạng di truyền, có nhiều giống lúa chất lượng địa phương đã không còn trong sản xuất, thậm chí bị mất nguồn gen (Khuất Hữu Trung và *ctv.*, 2012). Hướng đến một nền sản xuất nông nghiệp bền vững, vai trò của việc lai tạo các giống lúa mới có mang những đặc tính chống chịu tốt với môi trường trở nên cực kỳ quan trọng. Thế nhưng, phần lớn những tính trạng này đều phân bố trong các dòng/giống lúa mùa địa phương và đang dần bị biến mất do bị loại bỏ hoặc suy thoái bởi quá trình canh tác (Nguyễn Thị Phương Đoài và *ctv.*, 2010). Công việc sưu tầm, đánh giá, bảo tồn và tiến tới xây dựng chiến lược sử dụng nguồn vật liệu lúa địa phương trở thành một yêu cầu trong công tác chọn tạo giống lúa mới. Bên cạnh đó, ứng dụng các kỹ thuật công nghệ sinh học trong nghiên cứu đánh giá dựa trên kiểu gen của các dòng, giống lúa địa phương nhằm cải tiến và thúc đẩy quá trình chọn tạo giống lúa mới phù hợp với yêu cầu sản xuất và tiêu dùng cũng đang được đẩy mạnh trên thế giới vì mang lại nhiều hiệu quả thiết thực (Lin *et al.*, 2012). Vì vậy, đánh giá sự đa dạng di truyền của nguồn vật liệu lúa mùa nổi địa phương tại An Giang phục vụ mục tiêu bảo tồn, sử dụng và phát triển quần thể thích hợp cho sản xuất đã được thực hiện.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Bốn mươi bốn dòng lúa mùa nổi được sưu tầm ở hai huyện Chợ Mới và Tri Tôn của tỉnh An Giang và 2 giống lúa mùa được nhận từ Ngân hàng gen Quốc gia của Trung tâm Tài nguyên thực vật là Nàng Pha và Tây Bông Sen. Ký hiệu các dòng lúa: T_QS01, T_QS02, T_QS04, T_QS05, T_QS06, T_QS08, T_QS09, T_QS14, T_QS19, T_QS21, T_QS22, T_QS23, T_QS24, T_QS26, T_QS28, T_QS29, T_QS31, T_QS33, T_QS36, T_QS41, T_QS45, T_QS46, T_QS49, T_QS51, T_QS64, T_QS70, T_QS76, T_QS84, T_QS92, T_QS102, T_QS103, T_QS104, T_QS109, T_QS110, T_QS120, T_QS126, T_QS130, T_QS132, T_QS143, T_QS148, T_QS149, T_QS154, T_QS156, T_QS158, Tây Bông Sen, Nàng Pha

Bộ chỉ thị phân tử: 23 chỉ thị phân tử SSR : 4005-6, ASA, HvSSR02-14, HvSSR02-80, HvSSR07-44, HvSSR09-07, HvSSR12-11, JGT 07-22-8, JGT 11-16-3, R4M13, RM1, RM163, RM19, RM204, RM206, RM21, RM212, RM253, RM307, RM3252, RM333, RM337 và RM3586 (bảng 1).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp ly trích DNA, PCR, điện di sản phẩm và phân tích kết quả PCR

Các mẫu lúa mùa nổi được chuẩn bị bằng cách ngâm ủ cho mọc mầm và trồng trong đĩa petri 7 ngày, thu mẫu lá để ly trích DNA. Quy trình phương pháp ly trích DNA từ lúa non được thực hiện các bước theo Lin và cộng tác viên (2012).

2.2.2. Phân tích các chỉ số di truyền của các chỉ thị nghiên cứu

Các chỉ số di truyền khác nhau được tính bằng

¹ Trường Đại học An Giang, Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh; ² Tập đoàn Lộc Trời

chương trình R với các gói ứng dụng *poppr*, *ggplot2*, *treemap*, *mmod*, phần mềm Arlequin 3.5, phần mềm GenAlEx 6.5 (Excoffier *et al.*, 2005; Excoffier & Lischer, 2015; Glaubitz, 2004; Grünwald *et al.*, 2015; Peakall & Smouse, 2006, 2012).

2.2.3. Phân tích cấu trúc di truyền quần thể

Phân tích ANOVA, thành phần phối hợp chính yếu (Principal Coordinates Analysis - PCoA), các chỉ số di truyền quần thể và sự phân bố định luật

Hardy-Weinberg được tính bằng chương trình R với gói ứng dụng *poppr*, *ggplot2*, *treemap*, *mmod* (Glaubitz, 2004; Grünwald và *et al.*, 2015).

2.2.4. Phương pháp phân nhóm đa dạng di truyền

Chỉ số khoảng cách di truyền Bruvo và cây phân nhóm di truyền UPGMA, phân nhóm k-means được thực hiện tính bằng chương trình R với các gói ứng dụng *poppr*, *ggplot2*, *treemap*, *mmod* (Everhart *et al.*, 2016; Grünwald *et al.*, 2015).

Bảng 1. Chi tiết 23 chỉ thị sử dụng trong nghiên cứu

STT	Tên Marker	Mũi xuôi 5'-3'	Mũi ngược 3'-5'	Chr	T ^o	Size Alleles
1	4005-6	TTAGCTACAGTTGCCGTGACCCG	CACTGGAGATAAATGCTTCACAGC	8	55	548 - 659
2	ASA	TTGTTTGGAGCTTGCTGATG	AGTGCTTTACAAAGTCCCGC	8	58	400 - 448
3	HvSSR02-14	CTTTGAGATTGATCGAGAGG	ACGGAATGAGCAGTATCTGT	2	56	272 - 362
4	HvSSR02-80	TGATGGATATAGAGCGACCT	AATATGTTTCATCAAACCCG	2	58	Không có sản phẩm
5	HvSSR07-44	ACAGCTGTAGAGGATGAGGA	TCCCTAATTCGAATCACAAC	7	60	279 - 331
6	HvSSR09-07	CATCTCAGCAAACAAGAACA	GTAAAGACTCCAGCTTTCTCC	9	58	263 - 345
7	HvSSR12-11	TTGGTATTGTTATGTGCAGG	AAAGCCAACCATGTTTATTG	12	55	400 - 468
8	JGT 07-22-8	TGGCGATCTAGGAGCGTCTGT	TGTAAACATTTCAAAGGGCACTAA	7	55	167 - 201
9	JGT 11-16-3	GGCGGCGTATTAGCGTTGTA	AGGTTCTAGCCCATGTTAAATCTTCT	11	58	155 - 182
10	R4M13	TACACGGTAGACATCCAACA	ATGATTTAACCGTAGATTGG	4	55	Không có sản phẩm
11	RM1	GCGAAAACACAATGCAAAAA	GCGTTGGTTGGACCTGAC	1	55	100 - 153
12	RM163	ATCCATGTGCGCCTTTATGAGGA	CGCTACCTCCTTCACTTACTAGT	5	55	169 - 202
13	RM19	CAAAAACAGAGCAGATGAC	CTCAAGATGGACGCCAAGA	12	55	225 - 300
14	RM204	GTGACTGACTTGGTCATAGGG	GCTAGCCATGCTCTCGTACC	6	55	169 - 178
15	RM206	CCCATGCGTTTAACTATCT	CGTTCATCGATCCGTATGG	11	55	176 - 229
16	RM21	ACAGTATTCCTAGGCACGG	GCTCCATGAGGGTGGTAGAG	11	55	155 - 204
17	RM212	CCACTTTCAGCTACTACCAG	CACCCATTTGTCTCTCATTATG	1	55	147 - 164
18	RM253	TCCTTCAAGAGTGCAAAACC	GCATTGTCATGTGCAAGCC	6	55	169 - 179
19	RM307	GTACTACCGACCTACCGTTCAC	CTGCTATGCATGAACTGCTC	4	55	Không có sản phẩm
20	RM3252	GGTAACTTTGTTCCCATGCC	GGTCAATCATGCATGCAAGC	1	55	180 - 258
21	RM333	GTACGACTACGAGTGTCACCAA	GTCTTCGCGATCACTCGC	10	55	179 - 400
22	RM337	GTAGGAAAGGAAGGGCAGAG	CGATAGATAGCTAGATGTGGCC	8	55	180 - 180
23	RM3586	GAAGAGAGAGCCAGAGCCAG	ACACGATCGAGCTAGAAGACG	3	55	142 - 200

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu thực hiện từ tháng 1 đến tháng 5 năm 2017, tại Trung tâm Nghiên cứu Định Thành, thuộc tập đoàn Lộc Trời.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Phân tích di truyền các chỉ thị nghiên cứu

Có 3 chỉ thị HvSSR02-80, R4M13 và RM307

không cho kết quả sản phẩm PCR với quần thể trong nghiên cứu nên bị loại bỏ. Với 20 chỉ thị còn lại, kết quả phân tích được trình bày trong bảng 2. Các chỉ số đánh giá độ đa dạng của từng chỉ thị trên quần thể trong kết quả phân tích cho thấy có sự biến động lớn giữa các chỉ thị về mức độ đa dạng từ thấp nhất trên chỉ thị RM253 với chỉ số thông tin Shannon: 0,36 (I), độ đa dạng dị hợp tử: 0,21 (H_e), độ đa dạng dị hợp tử đã điều chỉnh là: 0,21 (uH_e) và chỉ số Simpson:

0,21 (1-D). Trên các chỉ số đánh giá đa dạng đó chỉ thị HvSSR02-14 cho giá trị lớn nhất lần lượt với từng chỉ số đi truyền là 1,50 cho chỉ số Shannon và 0,76 cho từng chỉ số còn lại. Giá trị trung bình lần lượt từng chỉ số theo thứ tự là 0,91; 0,53; 0,54 và 0,53.

Kết quả phân nhóm di truyền quần thể lúa mùa nổi trong nghiên cứu này tiến hành với chỉ số đo khoảng di truyền Bruvo và thực hiện phân nhóm theo phương pháp UPGMA với hệ số bootstrap 1000.

Kết quả phân nhóm di truyền quần thể lúa mùa nổi trong nghiên cứu (hình 1) chia quần thể thành bốn nhóm lớn. Trong đó, nhóm III có số lượng dòng ít nhất (2 dòng lúa Tây Bông Sen và T_QS158) và nhóm IV là nhóm lớn nhất với 30 dòng lúa. Các nhóm có cách biệt di truyền từ 0 đến 0,27. Biểu đồ còn cho thấy nhóm IV có thể chia thành các nhóm nhỏ hơn được ký hiệu IV.1 đến IV.5 có cách biệt di truyền từ 0 đến 0,23. Trong đó, khác biệt di truyền

giữa nhóm I với các nhóm còn lại là lớn nhất đến 27%. Bản thân hai nhóm phụ của nhóm I cũng chỉ có khác biệt di truyền chỉ khoảng 12%. Tiếp theo là nhóm II, nhóm này có giống lúa đối chứng Nàng Pha, với khác biệt di truyền trong nhóm từ 6% đến 24%. Nhóm II cũng có thể chia thành hai nhóm phụ với khác biệt di truyền ở mức 20%. Nhóm III là nhóm có số cá thể ít nhất (2 dòng lúa) có chứa giống lúa đối chứng Tây Bông Sen và dòng T_QS158 có mức khác biệt di truyền 22%. Cuối cùng là nhóm IV có mức cách biệt di truyền giữa các dòng lúa từ 0,08 đến 0,26. Hai nhóm III và IV có khoảng cách di truyền không lớn chỉ khoảng 0,01.

Đánh giá kết quả phân nhóm bằng phương pháp ANOVA và dùng phương pháp PCoA phân tích kết quả phân nhóm cho kết quả là biến động giữa các nhóm chiếm 21,94% trong số các nguồn biến động (Bảng 3).

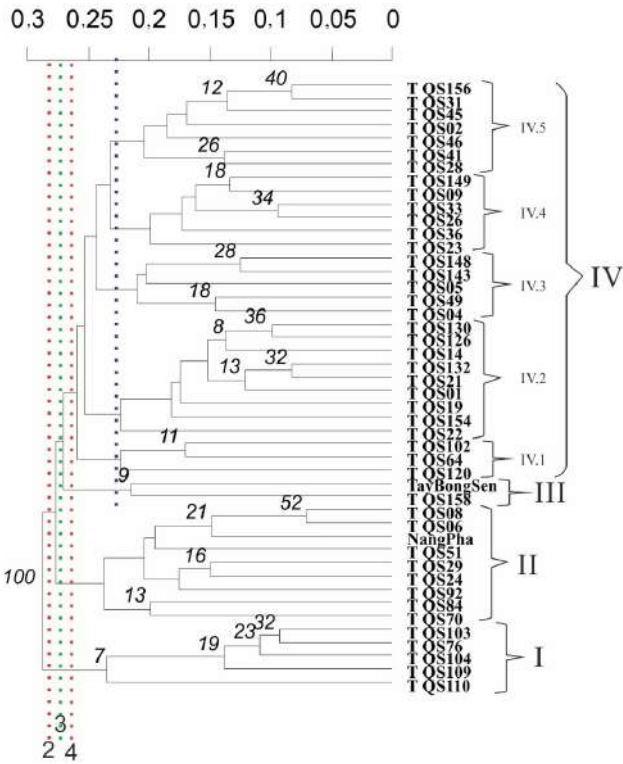
3.2. Phân tích cấu trúc di truyền quần thể

Bảng 2. Tóm tắt kết quả phân tích 20 chỉ thị sử dụng trong nghiên cứu

STT	Locus	N	Na	Ne	Ho	He	uHe	I	F	PIC	1-D	Evenness
1	4005-6	41	3	1,81	0,00	0,45	0,45	0,71	1,00	0,37	0,45	0,78
2	ASA	43	2	2,00	0,00	0,50	0,51	0,69	1,00	0,37	0,50	1,00
3	HVSSR02-14	45	5	4,10	0,07	0,76	0,76	1,50	0,91	0,72	0,76	0,89
4	HvSSR07-44	46	3	2,84	0,00	0,65	0,65	1,07	1,00	0,57	0,65	0,96
5	HvSSR09-07	45	3	2,60	0,00	0,62	0,62	1,01	1,00	0,53	0,62	0,91
6	HvSSR12-11	35	4	2,98	0,00	0,66	0,67	1,21	1,00	0,61	0,66	0,84
7	JGT 07-22-8	45	3	2,09	0,00	0,52	0,53	0,89	1,00	0,47	0,52	0,75
8	JGT 11-16-3	45	3	2,15	0,00	0,54	0,54	0,87	1,00	0,45	0,54	0,84
9	RM1	42	4	3,28	0,02	0,70	0,70	1,27	0,97	0,64	0,70	0,89
10	RM19	44	4	2,70	0,00	0,63	0,64	1,10	1,00	0,56	0,63	0,84
11	RM21	35	3	2,76	0,63	0,64	0,65	1,05	0,01	0,56	0,64	0,94
12	RM163	43	3	2,19	0,16	0,54	0,55	0,91	0,70	0,47	0,54	0,80
13	RM204	46	2	1,94	0,00	0,48	0,49	0,68	1,00	0,37	0,48	0,97
14	RM206	44	3	1,74	0,00	0,42	0,43	0,74	1,00	0,38	0,42	0,67
15	RM212	45	2	1,36	0,00	0,26	0,27	0,43	1,00	0,23	0,26	0,66
16	RM253	43	2	1,26	0,00	0,21	0,21	0,36	1,00	0,18	0,21	0,60
17	RM333	43	4	2,52	0,00	0,60	0,61	1,05	1,00	0,53	0,60	0,82
18	RM337	46	2	1,27	0,24	0,21	0,21	0,37	-0,14	0,19	0,21	0,60
19	RM3252	39	5	3,43	0,05	0,71	0,72	1,35	0,93	0,66	0,71	0,85
20	RM3586	45	4	2,12	0,00	0,53	0,53	0,96	1,00	0,48	0,53	0,69
<i>Trung bình</i>		43	3,2	2,36	0,06	0,53	0,54	0,91	0,87	0,47	0,53	0,82
<i>SE</i>		0,71	0,21	0,16	0,03	0,03	0,03	0,07	0,07	0,03	0,03	0,03
<i>SD</i>		3,26	0,95	0,75	0,15	0,16	0,16	0,31	0,33	0,15	0,16	0,12

Ghi chú: N: Số lượng băng điện di thu được, Na: Số allele trên mỗi locus, Ne: biểu thị số lượng các allele cần thiết để đạt được một mức độ đa dạng gen nhất định, I: Chỉ số thông tin Shannon, Ho: tỷ lệ giao tử dị hợp, He: Độ đa dạng của dị hợp tử, uHe: Độ đa dạng dị hợp tử đã điều chỉnh, Evenness: Độ đồng đều allele hay sự phân bố của allele trong quần thể, F: Chỉ số cố định, 1-D: Chỉ số đa dạng Simpson, PIC: Chỉ số đa hình PIC.

Phân nhóm di truyền theo UPGMA và chỉ số khoảng cách di truyền Bruvo



Hình 1. Biểu đồ phân nhóm di truyền quần thể theo UPGMA

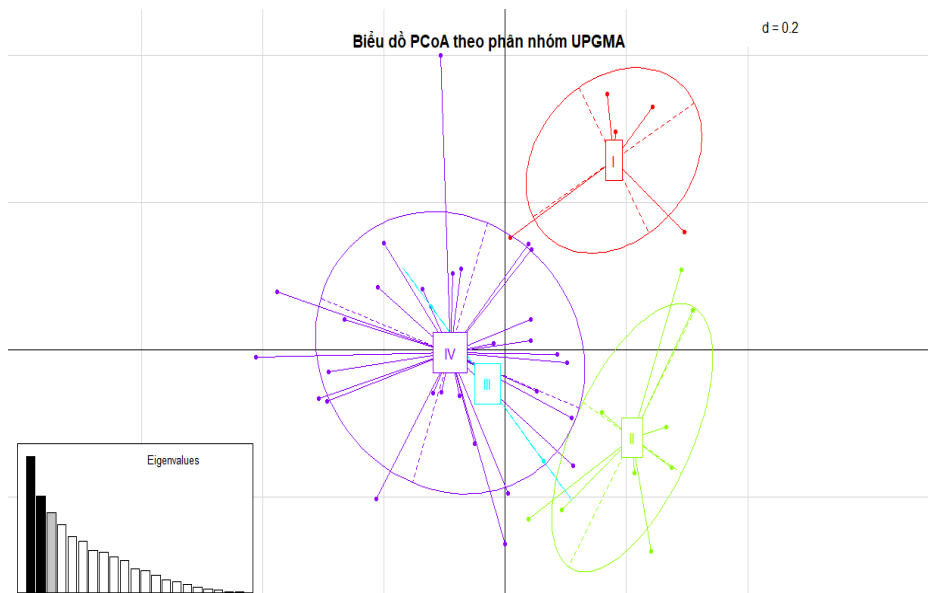
Kết quả phân nhóm theo phương pháp UPGMA được tính bằng biểu đồ PCoA cho thấy nhóm I và nhóm II tạo thành hai nhóm riêng và khác biệt so với hai nhóm còn lại. Sự khác biệt trong biểu đồ PCoA chưa thực sự rõ ràng với nhóm III và nhóm IV rất gần nhau và không có nhiều tách biệt (Hình 2).

Bảng 3. Kết quả biến động thành phần hiệp phương sai trong phân nhóm quần thể thu được bằng phương pháp UPGMA

Biến động	Sigma	%
Biến động giữa các nhóm	0,97	21,94
Biến động giữa các mẫu trong nhóm	3,19	72,52
Biến động giữa các mẫu	0,24	5,54
Biến động tổng	4,40	100,00

Kết quả chia thành 4 nhóm qua ANOVA nhưng kết quả thể hiện trên phân tích PCoA cho thấy nhóm III và nhóm IV rất gần nhau. Điều này xác nhận lại kết quả phân tích phân nhóm bằng biểu đồ UPGMA cho thấy khác biệt di truyền giữa nhóm III và nhóm IV rất nhỏ (khoảng 1%). Như vậy, nhóm III và nhóm IV về mặt đa dạng di truyền hoàn toàn có thể trở thành một nhóm lớn hơn với khác biệt di truyền với các nhóm còn lại là 27%.

Kết quả phân tích di truyền cho phép tuyển chọn các dòng đại diện về mặt di truyền cho mỗi nhóm để phát triển với mục tiêu bảo tồn lớn nhất mức đa dạng di truyền của mỗi nhóm lúa. Hai giống đối chứng thu thập từ Ngân hàng Gen Quốc gia là giống lúa Nàng Pha và Tây Bông Sen cũng cho thấy nền di truyền gần với quần thể lúa thu thập tại An Giang xác định hai giống lúa đã được thu thập tại An Giang từ rất lâu (ứng với thông tin lưu trữ của giống tại ngân hàng gen là năm 2004). Về mặt di truyền, giống lúa Tây Bông Sen có khả năng đóng góp nguồn gen mới cho quần thể nghiên cứu tốt hơn giống Nàng Pha do nằm trong nhóm khác biệt các nhóm còn lại với khác biệt di truyền khoảng 27%.



Hình 2. Biểu đồ phân tích ý nghĩa thống kê của quần thể theo phân nhóm UPGMA

IV. KẾT LUẬN

Kết quả nghiên cứu chỉ ra sự đa dạng di truyền của quần thể nghiên cứu với tỷ lệ khác biệt nhỏ hơn 30% giữa các nhóm di truyền. Bằng phương pháp phân nhóm UPGMA, quần thể lúa mùa nổi trong nghiên cứu được chia thành 4 nhóm di truyền lớn. Nhóm I có khác biệt di truyền với các nhóm còn lại 27%, nhóm II khác biệt về di truyền ở mức từ 7% đến 24% giữa các dòng trong nhóm, nhóm III chỉ khác biệt di truyền với nhóm IV chỉ khoảng 1%.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả chân thành cảm ơn Sở Khoa học và Công nghệ tỉnh An Giang cung cấp kinh phí cho thực hiện nghiên cứu này. Nghiên cứu này thuộc đề tài cấp tỉnh với Mã số 373.2015.11.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Nguyễn Thị Phương Đoài, Khuất Hữu Trung, Nguyễn Thúy Diệp, Hà Minh Loan, Trần Danh Sử, Đặng Trọng Lương, 2010. Nghiên cứu đa dạng di truyền tập đoàn lúa nếp và lúa nương bản địa Việt Nam bằng chỉ thị phân tử SSR (Microsatellite). *Tạp chí Công nghệ sinh học*, 8(3), 337-343.

Khuất Hữu Trung, Nguyễn Thị Ly, Đặng Thị Thanh Hà & Nguyễn Minh Anh Tuấn, 2012. Nghiên cứu đa dạng di truyền tập đoàn lúa chất lượng bản địa của Việt Nam bằng chỉ thị phân tử SSR (microsatellite). *Tạp chí Nông nghiệp & PTNT*, 17, 26-32.

Everhart, Sydney E, Brooks, Jonah C, Krueger-hadfield, Stacy A, Sotka, Erik, Knaus, Brian J, & Grunwald, Niklaus J, 2016. *Package "poppr"*. Địa chỉ: <https://cran.r-project.org/web/packages/poppr/index.html>. Truy cập ngày 20/6/2016.

Excoffier, Laurent, Laval, Guillaume, & Schneider, Stefan, 2005. *Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetic data analysis*. *Evol Bioinform Online*, 1, 47-50. <http://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>

Excoffier, Laurent, & Lischer, Heidi, 2015. *Arlequin Ver 3.5.2 User Manual: An Integrated Software Package for Population Genetic Data Analysis*. Địa chỉ: <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/man/Arlequin35.pdf>. Truy cập ngày 17/04/2016.

Glaubitz, Jeffrey C, 2004. Convert: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Molecular Ecology Notes*, 4(2), 309-310. <http://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00597.x>.

Grünwald, Niklaus J., Kamvar, Zhian N., & Everhart, Sydney E, 2015. *Population Genetic and genomics in R*. Online book: http://grunwaldlab.github.io/Population_Genetics_in_R/; ngày truy cập: 27/06/2016.

Lin, Hung Ying, Wu, Yong Pei, Hour, Ai Ling, Ho, Sheng Wei, Wei, Fu Jin, Hsing, Yue Ie C, & Lin, Yann Rong, 2012. Genetic diversity of rice germplasm used in Taiwan breeding programs. *Botanical Studies*, 53(3), 363-376.

Peakall, R., & P.E., Smouse, 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288-295.

Peakall, R., & P.E., Smouse, 2012. GenALEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update. *Bioinformatic*, 2537-2539.

Evaluation of genetic diversity in floating rice collection by SSR markers

Nguyen Thi Thanh Xuan, Nguyen Chi Thanh, Pham Van Quang, Le Huu Phuoc, Le Thanh Phong

Abstract

Floating rice is an original rice population that has been growing in flooding condition in Long Xuyen Quadrangle for long time. However, the genetic diversity has been degrading and reducing in the area due to the changes of farming condition. The aim of this study was to evaluate the current floating rice population for future breeding and selection plans. The genetic diversity of 46 floating rice lines/varieties were evaluated by 20 SSR markers. The hierarchical method UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) was used for clustering analysis. The results of UPGMA showed that the genetic diversity was lower than 30%. The population was divided into four genetic groups with a difference of about 27% in genetic characteristics which were significantly different among the genetic groups. The studied results could be used for conservation or breeding purposes.

Keywords: Floating rice, diversity, SSR, An Giang province

Ngày nhận bài: 14/3/2020
Ngày phản biện: 18/3/2020

Người phản biện: PGS. TS. Khuất Hữu Trung
Ngày duyệt đăng: 23/3/2020