

variety. The yield and yield components of L27 groundnut variety also were improved when applied eggshell powder. Comparison among the treatments the results showed that the higher values of growth and physiological characteristics were observed in 400 kg/ha of eggshell powder treatment. In addition the highest values of yield and yield components were also observed in 400 kg/ha of eggshell powder treatment. The values of growth, physiology and yield of treatment with 400 kg/ha of eggshell powder were significantly higher than that in the control treatment (500 kg/ha of lime) with theoretical yield and actual yield of 5.25 tons/ha and 3.63 tons/ha, respectively.

Keywords: Eggshell powder, growth, yield, groundnut

Ngày nhận bài: 11/3/2020

Ngày phản biện: 19/3/2020

Người phản biện: PGS. TS. Ninh Thị Phíp

Ngày duyệt đăng: 23/03/2020

NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN NGUỒN GEN MƯỚP THU THẬP Ở CÁC TỈNH MIỀN BẮC VIỆT NAM BẰNG CHỈ THỊ SSR

Lê Thị Thu Trang¹, Lê Tuấn Nghĩa¹, Trần Thị Minh Hằng²,
Hoàng Thị Huệ¹, Dâm Thị Thu Hà¹

TÓM TẮT

102 chỉ thị SSR đã được sử dụng để nghiên cứu đa dạng di truyền của 108 mẫu giống mướp thu thập ở các tỉnh miền Bắc Việt Nam; trong đó có 50 chỉ thị cho các băng ADN đa hình. Kết quả cho thấy tổng số alen phát hiện tại 50 locut là 196 alen khác nhau với trung bình là 3,92 alen/locut, 7 alen đặc trưng ở 5 locut. Hệ số đa hình di truyền (PIC) dao động từ 0,49 (ZJULM70) đến 0,85 (ZJULM13) với giá trị trung bình là 0,69. Hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu giống dao động trong khoảng từ 0,47 đến 0,87. Ở hệ số tương đồng di truyền 0,60 thì 108 mẫu giống mướp chia thành 4 nhóm. Nhóm I gồm 30 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,65 đến 0,87. Nhóm II gồm 38 mẫu giống và chia thành 2 nhóm phụ: nhóm phụ II-a gồm 30 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,67 đến 0,86 và nhóm phụ II-b gồm 8 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,66 đến 0,78. Nhóm III gồm 23 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,62 đến 0,75. Nhóm IV gồm 17 mẫu giống còn lại có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,82. Các kết quả thu được trong nghiên cứu này rất có ý nghĩa trong công tác bảo tồn và chọn tạo giống mướp ở Việt Nam.

Từ khóa: Cây mướp, đa dạng di truyền, chỉ thị SSR

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Mướp (*Luffa aegyptiaca* (L.) Roem.) là một trong 26 loài được trồng làm rau thuộc họ bầu bí (Cucurbitaceae) ở nhiều nước trên thế giới. Ngoài giá trị dinh dưỡng, cây mướp còn được trồng làm thuốc ở Malaysia, Hàn Quốc, Nhật Bản, Đài Loan và Trung Quốc (Demir H. *et al.*, 2008). Mướp có đặc điểm cho quả vào mùa hè, vào thời điểm mà các chủng loại rau khá đơn điệu, có năng suất cao, dễ trồng, ít sâu bệnh. Tuy nhiên, các giống mướp trồng chủ yếu là giống địa phương, do người dân tự để giống với quy mô gia đình nên sản phẩm hàng hóa thương mại chưa cao. Hiện nay, công tác nghiên cứu tạo giống mướp ở nước ta chưa nhiều. Hơn nữa, mướp thuộc nhóm cây giao phấn, đặc điểm hoa là đơn tính cùng gốc nên có tính dị hợp tử cao trong quần thể. Vì vậy, việc đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen thực sự cần thiết để chọn vật liệu khởi đầu trong chọn tạo giống, nhất là giống mướp lai F1.

Với sự phát triển của chỉ thị phân tử (RAPD, SSR, ISSR,...) rất hữu ích trong việc phân loại và đánh giá đa dạng di truyền. Trình tự lặp lại đơn giản (SSR- simple sequence repeat marker) là công cụ hữu ích hiện nay để xác định sự đa dạng di truyền của nguồn gen. Phương pháp này có ưu điểm là đánh giá nhanh, chính xác, cho đa hình và ổn định; vì vậy chỉ thị SSR được sử dụng rộng rãi và rất có hiệu quả trên nhiều đối tượng cây trồng. Trong nghiên cứu này, chỉ thị SSR được sử dụng để nghiên cứu đa dạng di truyền nguồn gen của 108 mẫu giống mướp ở miền Bắc Việt Nam. Qua phân tích SSR sẽ phân nhóm được nguồn vật liệu, từ đó làm dẫn liệu cho quá trình lai tạo giống mướp.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

108 mẫu giống mướp có nguồn gốc thu thập ở miền Bắc Việt Nam, đang lưu giữ tại Trung tâm Tài nguyên thực vật (Bảng 1).

¹ Trung tâm Tài nguyên thực vật; ² Học viện Nông nghiệp Việt Nam

Bảng 1. Danh sách các mẫu giống muớp nghiên cứu

STT	SDK	Tên giống	Nơi thu thập	STT	SDK	Tên giống	Nơi thu thập
1	3684	Muớp	Cao Bằng	55	15393	Má pốp	Lai Châu
2	3835	Muớp	Sơn La	56	15394	Má buốp	Lai Châu
3	3836	Muớp to	Sơn La	57	15395	Má pốp	Lai Châu
4	5328	Muớp	Lai Châu	58	15396	Má pốp	Lai Châu
5	5350	Muớp	Hải Dương	59	15399	Má puốp	Lai Châu
6	6565	Lai thời	Tuyên Quang	60	16610	Má pốp	Sơn La
7	6566	Muớp tròn	Tuyên Quang	61	16613	Tàu dừa già	Sơn La
8	6567	Muớp hương	Bắc Giang	62	16624	Tàu dừa đã	Yên Bái
9	6569	Muớp	Lang Sơn	63	16626	Má buốp	Lai Châu
10	6571	Buốp hom	Bắc Kan	64	16627	Má buốp	Lai Châu
11	6577	Sủi qua vật	Bắc Giang	65	16629	Sơ cua	Yên Bái
12	6720	Muớp trạch	Hà Giang	66	16635	Má buốp	Sơn La
13	6734	Muớp hương	Lang Sơn	67	16644	Ve	Lang Sơn
14	6735	Muớp hương	Bắc Giang	68	16648	Lây dấy	Lang Sơn
15	6777	Muớp mưỡn	Hoà Bình	69	19973	Hoe	Cao Bằng
16	7761	Muớp trâu	Lang Sơn	70	19987	Cả lầy	Hà Giang
17	7762	Muớp nướng quả ngắn	Hoà Bình	71	19988	Má buốp	Điện Biên
18	7763	Muớp quả dài	Lang Sơn	72	19994	Lây giấy	Lào Cai
19	7764	Muớp trâu	Bắc Ninh	73	19995	Mác buốp	Lào Cai
20	7772	Muớp quả to	Bắc Giang	74	20373	Piu tàn	Lào Cai
21	7773	Muớp hương	Bắc Giang	75	20376	Má buốp	Điện Biên
22	7774	Muớp trâu quả dài	Bắc Giang	76	20380	Má puốp	Điện Biên
23	8407	Quả dấy	Quảng Ninh	77	20381	Sơ cua	Điện Biên
24	8410	Lai thời	Sơn La	78	20388	Muớp hương	Bắc Kan
25	8862	Mác ve	Bắc Giang	79	20389	Muớp thường	Bắc Kan
26	8863	Mác ve tè	Bắc Giang	80	20395	Puộc	Phú Thọ
27	9757	Muớp hương quả nhỏ	Bắc Giang	81	20397	Ve	Cao Bằng
28	9759	Muớp trâu quả ngắn	Bắc Giang	82	20399	Que ri hom	Cao Bằng
29	9765	Lai sỏi	Sơn La	83	20401	Que	Cao Bằng
30	9766	Quả dấy	Quảng Ninh	84	20403	Buốc	Tuyên Quang
31	9767	Muớp hương	Quảng Ninh	85	20404	Mác que hom	Tuyên Quang
32	9770	Muớp nướng	Hải Phòng	86	20406	muớp cỏ	Tuyên Quang
33	9772	Puốp	Sơn La	87	20407	Que	Tuyên Quang
34	9774	Buốp thay	Sơn La	88	20408	muớp vàng	Tuyên Quang
35	9777	Muớp hương	Quảng Ninh	89	21861	Tàu rua già	Sơn La
36	12238	Mác buốp tên	Sơn La	90	21870	Má pốp	Lai Châu
37	12240	Mác buốp	Sơn La	91	21878	Tàu dừa đã	Yên Bái
38	12242	Muớp nếp	Bắc Giang	92	21880	Cả rấy	Lai Châu
39	12241	Muớp hương	Hà Tây	93	21883	cả dấy bulát	Lào Cai
40	12245	Muớp trâu	Hà Tây	94	21884	Mác que	Lào Cai
41	12246	Muớp hương	Hà Tây	95	21885	Tồng zua già	Lào Cai
42	12498	Mác puốp tên	Sơn La	96	21886	Má buốp	Sơn La
43	12503	Mác mưỡn	Điện Biên	97	21887	Má buốp	Sơn La
44	13609	Rừm nan liết	Sơn La	98	21890	Má bốp	Lào Cai
45	13615	Plai buốp	Sơn La	99	21891	Đồ dối	Lào Cai
46	13617	Puộc	Sơn La	100	21899	Kế	Lang Sơn
47	15380	Má noi	Sơn La	101	21900	Xúi qua	Quảng Ninh
48	15385	Má bốp	Sơn La	102	21901	La sấy	Quảng Ninh
49	15386	Muớp trâu	Điện Biên	103	21905	Sơ cua	Hà Giang
50	15387	Sơ cua	Điện Biên	104	21906	Mác Buốp	Lào Cai
51	15389	Má pốp	Điện Biên	105	21908	Bốp	Bắc Kan
52	15390	Muớp	Điện Biên	106	21909	Lây giấy	Bắc Kan
53	15391	Mác buốp	Sơn La	107	21910	Buốp hom	Bắc Kan
54	15392	Má puốp	Sơn La	108	21916	Que khấu	Tuyên Quang

Ghi chú: SDK: số dùng ký.

102 mỗi SSR chọn lọc từ cơ sở dữ liệu hệ genome cây mướp với thông tin về trình tự, kích thước, nhiệt độ gắn mỗi đã công bố trên NCBI được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền của 108 mẫu giống mướp nghiên cứu.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Tách chiết ADN: ADN tổng số của mướp được tách chiết và tinh sạch theo phương pháp CTAB của Dje và cộng tác viên (2006).

- Kỹ thuật PCR: Phản ứng PCR với mỗi SSR thực hiện với hỗn hợp phản ứng gồm 2µl PCR buffer 10X có 15 mM MgCl₂; 1,6µl dNTP mix 2,5mM; 1,4µl mỗi (F&R) nồng độ 25ng/µl, 0,1µl Green Taq DNA polymerase (5 đơn vị/µl) và 2,5µl ADN (5ng/µl); 12,4 µl nước cất hai lần khử ion. Điều kiện phản ứng PCR như sau: 95°C trong 5 phút; 35 chu trình: 94°C trong 1 phút, 55°C - 60°C trong 30 giây (tùy thuộc Tm của mỗi), 72°C trong 1 phút; 72°C trong 7 phút.

- Điện di sản phẩm PCR trên gel polyacrylamide 8% và phát hiện dưới tia UV bằng phương pháp nhuộm Ethidium bromide.

- Phương pháp phân tích số liệu:

Số liệu phân tích SSR và sơ đồ hình cây được thiết lập bằng phần mềm NTSYSpc 2.11X theo phương pháp của Rohlf, 2000.

Hệ số PIC (Polymorphism Information Content) của từng chỉ thị SSR ứng mỗi locut được tính toán theo phương pháp của Mohammadi, 2003.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

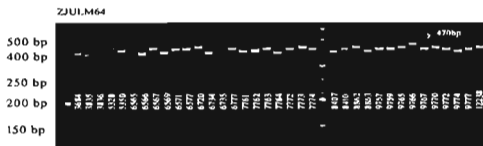
- Thời gian nghiên cứu: Năm 2017 - 2018.

- Địa điểm nghiên cứu: Phòng thí nghiệm công nghệ sinh học, Bộ môn Đa dạng sinh học Nông nghiệp, Trung tâm Tài nguyên thực vật - An Khánh, Hoài Đức, Hà Nội.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Sự đa hình của các chỉ thị SSR với các mẫu giống mướp nghiên cứu

Trong số 102 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu đa dạng di truyền của 108 mẫu giống mướp thì có 50 chỉ thị cho các băng ADN đa hình tại 50 locut với kích thước nằm trong khoảng từ 110 - 590 bp. Tại mỗi locut, kích thước các alen thu được trong tập đoàn mướp biến thiên từ 10bp (ZJULM70) đến 80bp (ZJULM38). Tổng số alen thu được là 196 alen. Số alen đa hình tại mỗi locut biến động từ 2 alen (ZJULM46) đến 7 alen (ZJULM70), trung bình đạt 3,92 alen/locut. Có 9 cặp mỗi cho 5 alen (ZJULM4, ZJULM16, ZJULM30, ZJULM36, ZJULM50, ZJULM56, ZJULM69, ZJULM64, ZJULM80), có 3 cặp mỗi cho 6 alen (ZJULM18, ZJULM38, ZJULM51), riêng 1 cặp mỗi ZJULM60 cho 7 alen. Tần số alen phổ biến dao động dao động từ 22,73% đến 61,11%.



Hình 1. Ảnh điện di sản phẩm PCR của một số mẫu giống mướp bằng chỉ thị ZJULM64

Trong tổng số 50 locut nghiên cứu có 5 chỉ thị xuất hiện alen đặc trưng ZJULM64, ZJULM28, ZJULM51, ZJULM56, ZJULM69 ở 7 mẫu giống mướp Quả dầy (SDK9766) và Xứi qua (SDK 21900) thu thập ở Quảng Ninh, Piu tằm (SDK 20373) thu thập ở Lào Cai, Mả puốp (SDK 15399), Sơ cua (SDK 16629) thu thập ở Lai Châu, Plái buốp (SDK13615) thu thập ở Sơn La, Quê khều (SDK21916) thu thập ở Tuyên Quang. Các alen đặc trưng đã được phát hiện sẽ giúp nhận dạng các mẫu giống trên nhờ xuất hiện các băng ADN có kích thước khác nhau như mẫu giống Mả puốp (SDK15399) được nhận dạng bằng chỉ thị ZJULM51 (260bp), Quả dầy (SDK9766)

được nhận dạng bằng chỉ thị ZJULM64 (470bp), Xứi qua (GBVN021900) có thể sử dụng chỉ thị ZJULM28 (225bp) để nhận dạng (Bảng 2).

Hệ số thông tin đa hình của mỗi (PIC) thu được tại 50 locut SSR nghiên cứu dao động từ 0,49 (ZJULM70) đến 0,85 (ZJULM70). Hệ số PIC trong nghiên cứu trung bình đạt 0,69, cho thấy mức độ đa dạng gen tồn tại trong 108 mẫu giống mướp ở mức khá đa dạng. Kết quả này cao hơn so với nghiên cứu đa dạng di truyền giữa 32 giống mướp (*L. cylindrica* và *L. acutangula*) ở Trung Quốc của An và cộng tác viên (2017) với hệ số PIC dao động từ 0,1730 đến 0,7896, trung bình đạt 0,5281.

Bảng 2. Đa hình các locus SSR ở các mẫu giống bưởi nghiên cứu

STT	Locus SSR	Số allele	Kích thước allele (bp)	Tần số allele		Allele đặc trưng	Mẫu giống xuất hiện allele đặc trưng	PIC
				phổ biến				
1	ZJULM1	3	140 - 160	36,11				0,66
2	ZJULM3	4	190 - 224	36,23				0,70
3	ZJULM4	5	240 - 280	44,64				0,69
4	ZJULM5	3	210 - 239	38,89				0,65
5	ZJULM6	4	220 - 251	33,33				0,74
6	ZJULM7	3	200 - 227	40,48				0,64
7	ZJULM8	3	260 - 285	61,11				0,55
8	ZLULM10	3	225 - 257	44,44				0,65
9	ZJULM11	3	170 - 196	47,71				0,62
10	ZJULM12	3	240 - 280	45,37				0,63
11	ZJULM13	4	280 - 315	22,73				0,85
12	ZJULM14	4	240 - 280	33,33				0,74
13	ZJULM16	5	230 - 279	30,56				0,78
14	ZJULM18	6	280 - 354	24,07				0,82
15	ZJULM19	3	220 - 245	57,41				0,57
16	ZJULM25	3	195 - 237	40,74				0,64
17	ZJULM28	4	225 - 270	52,78		1	SDK 21900 (225bp)	0,67
18	ZJULM30	5	530 - 590	46,53				0,78
19	ZJULM32	4	235 - 260	49,07				0,74
20	ZJULM34	3	250 - 320	30,56				0,63
21	ZJULM36	5	120 - 192	40,74				0,76
22	ZJULM38	6	250 - 330	58,33				0,82
23	ZJULM39	3	275 - 305	34,86				0,66
24	ZJULM41	4	340 - 370	53,70				0,72
25	ZJULM45	4	250 - 300	31,63				0,75
26	ZJULM46	2	350 - 367	28,69				0,50
27	ZJULM48	3	420 - 445	38,89				0,65
28	ZJULM50	5	240 - 310	31,40				0,75
29	ZJULM51	6	225 - 290	43,40		2	SDK 15399 (260bp), SDK 16629 (290bp)	0,65
30	ZJULM53	4	490 - 540	29,63				0,74
31	ZJULM54	4	315 - 353	40,74				0,73
32	ZJULM55	3	360 - 395	47,22				0,66
33	ZJULM56	5	240 - 285	25,93		2	SDK 13615 (285bp), SDK 21900 (250bp)	0,66
34	ZJULM57	3	450 - 485	43,52				0,65
35	ZJULM58	4	250 - 290	37,04				0,73
36	ZJULM59	3	240 - 270	43,52				0,66
37	ZJULM60	7	330 - 410	23,15				0,77
38	ZJULM63	3	355 - 392	38,89				0,66
39	ZJULM64	5	410 - 470	33,05		1	SDK 9766 (470bp)	0,75
40	ZJULM66	4	140 - 175	38,89				0,74
41	ZJULM67	3	190 - 220	37,04				0,58
42	ZJULM68	4	390 - 445	51,59				0,72
43	ZJULM69	5	490 - 553	37,04		1	SDK 21916(490bp)	0,72
44	ZJULM70	2	350 - 360	31,48				0,49
45	ZJULM71	4	320 - 370	26,85				0,60
46	ZJULM73	3	350 - 390	33,33				0,62
47	ZJULM77	4	250 - 300	29,63				0,63
48	ZJULM78	4	410 - 470	39,13				0,67
49	ZJULM79	4	250 - 300	39,81				0,74
50	ZJULM80	5	110 - 180	46,31				0,78
	Trung bình	3,92						0,69
	Tổng số	196				7		

Ghi chú: SDK: số dùng ký; PIC: Hệ số đa hình.

3.2. Quan hệ di truyền giữa các mẫu giống mướp trong tập đoàn

Kết quả phân tích đa dạng di truyền của 108 mẫu giống mướp với 50 locut tương ứng với các môi SSR được thống kê và xử lý số liệu theo NTSYS-UPGMA để lập ma trận tương đồng di truyền của các mẫu giống mướp và sử dụng chương trình NTSYS Tree-Display để vẽ cây phân nhóm di truyền.

Kết quả phân tích cho thấy hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu giống mướp nghiên cứu dao động từ 0,47 đến 0,87 (trung bình 0,67), điều này chứng tỏ tập đoàn các mẫu giống nghiên cứu rất đa dạng (khác biệt di truyền giữa các mẫu giống nghiên cứu khá lớn từ 13 - 53%). Ở mức tương đồng di truyền 0,60 thì 108 mẫu giống mướp được phân thành 4 nhóm (Hình 2).

Nhóm I gồm 30 mẫu giống, với hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu giống dao động trong khoảng 0,65 đến 0,87. Trong nhóm có cặp mẫu giống SDK 21884 và SDK 21906 cùng có nguồn gốc thu thập ở Lào Cai có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,87, điều này chứng tỏ cặp mẫu giống này có quan hệ di truyền rất gần.

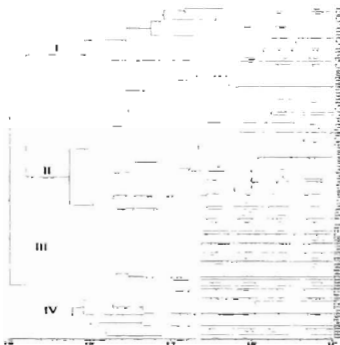
Nhóm II gồm 38 mẫu giống, ở mức tương đồng di truyền 0,63 được phân tách thành 2 phân nhóm II-a (30 mẫu giống) và II-b (8 mẫu giống).

Nhóm phụ II-a gồm 30 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,67 đến 0,86. Trong đó có 16 mẫu giống có nguồn gốc thu thập ở Sơn La, 3 mẫu giống có nguồn gốc thu thập ở Điện Biên, 10 mẫu giống có nguồn gốc thu thập ở Lai Châu và duy nhất 1 mẫu giống (SDK7763) có nguồn gốc ở Lạng Sơn.

Nhóm phụ II-b gồm 8 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,66 đến 0,78. Nhóm này có 4 mẫu giống (SDK15390, SDK19988, SDK20376, SDK20381) có nguồn gốc ở Điện Biên và cặp mẫu giống Má buốp (SDK16627) và Má pốp (SDK21870) có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,78 đều có nguồn gốc thu thập ở Lai Châu.

Nhóm III gồm 23 mẫu giống với hệ số tương đồng di truyền trong nhóm dao động từ 0,62 đến 0,75. Ở nhóm này, có 11 mẫu giống nằm phân tách với các giống còn lại ở mức độ tương đồng di truyền là 0,65. Cặp mẫu giống SDK8407 và SDK9767 có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,75 đều có nguồn gốc ở Quảng Ninh.

Nhóm IV gồm 17 mẫu giống còn lại là những mẫu giống có nguồn gốc thu thập ở Lạng Sơn và Bắc Giang. Nhóm này có hệ số tương đồng di truyền 0,64 đến 0,82.



Hình 2. Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền của 108 mẫu giống mướp dựa trên các chỉ thị SSR

Kết quả phân nhóm dựa vào mức độ tương đồng di truyền ở trên cho thấy các mẫu giống mướp nghiên cứu rất đa dạng, có sự khác biệt rõ ràng và không có sự trùng lặp giống. Đây là cơ sở để phân loại, xác định các nhóm có ưu thế lai, nhận dạng các nguồn gen phục vụ công tác bảo tồn, chọn tạo giống mướp ở miền Bắc Việt Nam.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Với 50 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu đa dạng di truyền 108 mẫu giống mướp thu được 196 alen khác nhau với trung bình là 3,92 alen/locut, 7 alen đặc trưng ở 5 locut. Hệ số đa hình di truyền (PIC) dao động từ 0,49 đến 0,85, trung bình đạt 0,69.

Tập đoàn mẫu giống nghiên cứu rất đa dạng, hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu giống dao động từ 0,47 đến 0,87. Ở mức tương đồng di truyền 0,6 thì 108 mẫu giống được chia thành 4 nhóm: Nhóm I gồm 30 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,65 đến 0,87. Nhóm II gồm 38 mẫu giống và chia thành 2 nhóm phụ: nhóm phụ II-a gồm 30 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,67 đến 0,86 và nhóm phụ II-b gồm 8 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,66 đến 0,78. Nhóm III gồm 23 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,62 đến 0,75. Nhóm IV gồm 17 mẫu giống còn lại có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,82. Kết quả thu được trong nghiên cứu này rất có ý nghĩa trong công tác bảo tồn và chọn, tạo giống mướp ở miền Bắc Việt Nam.

4.2. Để nghị

Sử dụng kết quả phân tích đa dạng di truyền giữa các giống mướp địa phương nghiên cứu làm cơ sở để lựa chọn các tổ hợp lai có hiệu quả trong công tác chọn tạo giống mướp.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

An J., Yin M., Zhang Q., Gong D., Jia X., Guan Y. and Hu J., 2017. Genome Survey Sequencing of *Luffa cylindrica* L. and Microsatellite High Resolution Melting (SSR-HRM) Analysis for Genetic Relationship of *Luffa* Genotypes. *International Journal of Molecular Sciences*, 18, 1942.

Demir H., Top A., Balkose D., Ulku S., 2008. Dye adsorption behavior of *Luffa cylindrica* fibers. *Journal of Hazardous Materials*, 153 (1, 2): 389-394.

Djè Y., Tahi G. C., Zoro Bi. I. A., Malice M., Baudoin J. P. and Bertin P., 2006. Optimization of ISSR markers for African edible-seeded Cucurbitaceae species' genetic diversity analysis. *African Journal of Biotechnology*. Vol. 5, pp. 083-087.

Mohammadi S.A. and Prasanna B.M., 2003. Analysis of genetic diversity in crop plant- Salient statistical tool and considerations. *Crop Sci*, 43(4): 1235-1248.

Rohlf F. J., 2000. *NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system*. Exeter Publishing Ltd. 1, version 2.1, New York, USA.

Genetic diversity evaluation of luffa collected from some provinces of Northern Vietnam using SSR markers

Le Thi Thu Trang, La Tuan Nghia, Tran Thi Minh Hang, Hoang Thi Hue, Dam Thi Thu Ha

Abstract

102 SSR markers were used to study genetic diversity of 108 luffa accessions collected from some provinces of Northern Vietnam. The results revealed that the total number of alleles detected at 50 loci was 196 with an average of 3.92 alleles per locus; 7 unique alleles at 5 loci were revealed. Polymorphic information content (PIC) values varied from 0.49 (ZJULM70) to 0.85(ZJULM13) with an average of 0.69. In addition, genetic similarity coefficients of 108 luffa accession ranged from 0.47 to 0.87. At a genetic similarity coefficient of 0.60; 108 luffa accessions were divided into four groups based on analysis of genetic relationships. Group I comprised 30 luffa accessions with genetic similarity coefficient ranging from 0.65 to 0.87. Group II consisted of 38 luffa accessions divided into 2 sub-groups: Sub-group IIa comprised 30 luffa accessions with genetic similarity coefficient ranging from 0.67 to 0.86 and sub-group IIb comprised 8 luffa accessions with genetic similarity coefficient ranging from 0.66 to 0.78. Group III consisted of 23 luffa accessions with genetic similarity coefficient ranging from 0.62 to 0.75. Group IV consisted of 17 luffa accessions with the highest genetic similarity coefficient of 0.82. Thus, the results are valuable information for luffa conservation and breeding program in Vietnam.

Keywords: *Luffa aegyptiaca*, genetic diversity, SSR marker

Ngày nhận bài: 12/4/2020

Ngày phản biện: 25/4/2020

Người phản biện: PGS.TS Khuất Hữu Trung

Ngày duyệt đăng: 29/4/2020

NGHIÊN CỨU XỬ LÝ Bùn THẢI CỦA NHÀ MÁY SẢN XUẤT BIA LÀM PHÂN BÓN HỮU CƠ

Vũ Thuý Nga¹, Lương Hữu Thành¹, Nguyễn Thị Thu¹,
Đam Thị Huyền¹, Đàm Trọng Anh¹, Nguyễn Ngọc Quỳnh¹,
Hứa Thị Sơn¹, Nguyễn Kiều Băng Tâm², Đỗ Văn Mạnh³

TÓM TẮT

Mục tiêu của nghiên cứu là đánh giá các đặc tính sinh hóa và tiềm năng xử lý bùn thải của nhà máy bia làm phân bón hữu cơ cho cây trồng. Kết quả nghiên cứu cho thấy bùn thải của nhà máy bia Sài Gòn chứa hàm lượng chất hữu cơ khá cao (33,74 - 33,87%), hàm lượng Nitơ tổng số cao (1,378 - 3,85%), kali đạt mức trung bình (0,133 - 0,411%) và lân tổng số ở mức nghèo (0,039 - 0,12%). Sau 30 ngày xử lý bùn bằng chế phẩm vi sinh vật, quá trình ủ làm thay đổi hàm lượng các chất trong bùn và loại bỏ vi sinh vật gây bệnh. Hàm lượng hữu cơ đạt 21,42%, N_t đạt 1,84%,

¹Viện Môi trường Nông nghiệp; ²Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Hà Nội

³Viện Công nghệ Môi trường, Viện Hàn lâm Khoa học Công nghệ Việt Nam