

# ỨNG DỤNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ NĂNG CAO KÍCH THƯỚC HẠT TRONG CHỌN GIỐNG ĐẬU PHỘNG (*Arachis hypogaea* L) TẠI ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

Nguyễn Thị Lang<sup>1</sup>, Lê Minh Khang<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Hồng Loan<sup>1</sup>,  
Nguyễn Văn Hữu Linh<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Khánh Trân<sup>1</sup>, Lê Hoàng Phương<sup>1</sup>

## TÓM TẮT

Nghiên cứu này chủ yếu áp dụng chỉ thị phân tử trong chọn giống đậu phộng theo hướng năng cao kích thước hạt từ quần thể tự thụ của  $F_3$  của tổ hợp lai HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP. Đã xác định có sự đa hình trên hai chỉ thị SNP Aradu-A07-1148327, Aradu-A07-1316694 và 1 chỉ thị SSR (simple sequence repeat) GM 1494 với kích thước hạt đậu phộng trên nhiễm sắc thể A07. Theo bản đồ GGT, xác định được mô hình di truyền của các giống lai trong quần thể so với bộ gen của cha mẹ trong thế hệ  $F_7$  của tổ hợp lai HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP. Thông qua 20 SNP (single-nucleotide polymorphism) phân tử và 2 chỉ thị SSR (simple sequence repeat) trên số nhiễm sắc thể A07, khoảng cách di truyền từ 0-50,8 cM, các dòng được chọn mang một đồng gen vượt trội hơn so với bố mẹ trên nhiễm sắc thể A07. Kết quả có 4 dòng với 100% mang gen có kích thước hạt to giống với giống bố là (HATRI 02ĐP). Bốn dòng được chọn là: dòng 14 (F2-4-10-1-1-14); 20 (F2-18-11-26-19-20); 21 (F2-105-3-1-6-21); 22 (F2-215-75-86-35-22). Tuy nhiên sau khi đánh giá quần thể tự thụ  $F_7$  và so sánh kiểu hình và kiểu gen chỉ có hai dòng 20 (F2-18-11-26-19-20) và 21 (F2-105-3-1-6-21) cho kích thước hạt to được chọn.

Từ khóa: Di truyền chọn giống, GGT, chỉ thị phân tử SNP (single-nucleotide polymorphism) SSR (simple sequence repeat), đậu phộng, kích thước hạt.

## 1. MỞ ĐẦU

Đậu phộng (lạc) (*Arachis hypogaea* L.) là một trong những loài cây trồng cho dầu từ hạt quan trọng của thế giới. Việc nghiên cứu cải tiến giống đậu phộng khá hạn chế so với các giống cây trồng khác vì đậu phộng có hệ di truyền hẹp. *Arachis hypogaea* có mức độ biến thiên di truyền thấp hơn loài đậu phộng hoang dại ( $2n$  và  $4n$ ). Bên cạnh đó, có rất nhiều loài với mức độ đa dạng di truyền cao, có quan hệ gần với loài đậu phộng trồng *Arachis hypogaea* và chúng sẽ trở nên hữu dụng khi được dùng làm nguồn vật liệu bố mẹ trong công tác chọn giống. Một trong những mục tiêu của công tác chọn tạo giống đậu phộng là tạo ra sự thay đổi và chọn (các) kiểu gen mong muốn để tạo ra giống đậu phộng có kích thước hạt to, năng suất cao kháng sâu bệnh và ngắn ngày. Đậu phộng là loại cây trồng tự thụ phấn cao, đòi hỏi sự chú ý đặc biệt trong việc phát hiện các dòng của bố mẹ và lựa chọn kỹ các vật liệu vì các quá trình này đòi hỏi các kỹ năng đặc biệt và có thể tốn thời gian. Nghiên cứu di truyền với sự hỗ trợ của sinh học phân tử đã rút ngắn thời gian trong chọn tạo giống cũng đã đạt được thành công trên cây lúa

(Lang và ctv., 2011). Theo hướng này, công tác nghiên cứu lai tạo giống trên cây đậu phộng cũng đã được đặt ra. Chen và ctv. (2010) đã phát triển phản ứng chuỗi allele cụ thể polymerase liên kết (AS-PCR) và các điểm đánh dấu trình tự đa hình khuếch đại (CAPS), tương ứng cho cả hai alen ahFAD2. Sự phát triển của các chỉ thị phân tử liên quan trong đậu phộng đã giúp cải thiện thông qua lai hồi giao có hỗ trợ đánh dấu (MABC) (Chu và ctv., 2007). Janila và ctv. (2016) đã đưa các alen ahFAD2 từ Sun Oleic95R vào chọn giống ưu tú sử dụng MABC và lựa chọn hỗ trợ chỉ thị phân tử (MAS). Bera và ctv., (2018) phát triển dòng đậu phộng HO thông qua MAS tại Ấn Độ. Bốn mươi chín QTL đã được xác định trong 14 LG cho chỉ số kích thước hạt giống, tỷ lệ nhân, khối lượng hạt, khối lượng vỏ, hạt nhân đơn, hạt nhân kép, diện tích vỏ và QTL tỷ lệ phần trăm hạt nhân được liên kết trên nhóm A07/B07 (Carolina và ctv., 2020). Bản đồ GGT tốt nhất ghi nhận thông qua đánh giá kiểu hình của dòng NILs và chỉ thị phân tử cho phép thu hẹp vùng QTL xuống phân đoạn nhiễm sắc thể 168,37kb, giữa SNPs Aradu\_A07\_1148327 và Aradu\_A07\_1316694 (Mounirou và ctv., 2020). Nghiên cứu này nhằm phát triển tổ hợp lai HATRI 01ĐP/HATRI 2 ĐP trên quần thể tự thụ và kết hợp với chỉ thị phân tử (SNP và SSR) để phục vụ công tác

<sup>1</sup> Viện Nghiên cứu Nông nghiệp công nghệ cao ĐBSCL

chọn tạo giống theo hướng nâng cao kích thước hạt và năng suất đậu phộng phục vụ cho sản xuất tại ĐBSCL.

## **2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP**

### **2.1. Vật liệu nghiên cứu**

Vật liệu sử dụng cho thí nghiệm gồm các giống đậu phộng: HATRI 01ĐP hạt nhỏ và HATRI 02ĐP hạt to, được cung cấp bởi ngân hàng gen của Viện Nghiên cứu Nông nghiệp công nghệ cao ĐBSCL (HATRI) và giống MD 7 làm đối chứng.

### **2.2. Phương pháp nghiên cứu**

#### **2.2.1. Sơ đồ lai tạo**

Các hạt giống lai được trồng tại Viện Nghiên cứu Nông nghiệp công nghệ cao ĐBSCL và kết quả là đã thu được 18 cây F<sub>1</sub>. Trong đó, mười hai cây được xác định là giống lai thực sự mang cả alen của cha lẫn mẹ. Mười hai cây F<sub>1</sub> này được sử dụng trồng và cho tự thụ thể hệ F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub>, F<sub>6</sub>, F<sub>7</sub>, F<sub>8</sub>. Thí nghiệm được tiến hành tại trại giống của Viện Nghiên cứu Nông nghiệp công nghệ cao ĐBSCL. Các hạt nhân trưởng thành được thu hoạch từ các dòng thể hệ F<sub>7</sub> cho tự thụ tiếp F<sub>8</sub> của mùa mưa năm 2020. Năng suất được thu hoạch trong tuần đầu tiên của tháng 10 năm 2020 đã được gieo vào tuần thứ ba của tháng 2 năm 2021. Thí nghiệm được tiến hành trồng tại ruộng của nông dân thuộc huyện Trà Cú, tỉnh Trà Vinh.

**2.2.2. Các chỉ tiêu theo dõi và phương pháp đánh giá:**

- Các chỉ tiêu theo dõi, đánh giá gồm: kích thước của trái (chiều dài và chiều rộng), kích thước của nhân (hạt) được đo bằng thước đo; khối lượng 100 hạt và năng suất (tấn/ha).

- Năng suất trái (tấn/ha) được tính như sau: Sau khi thu hoạch, dữ liệu được thu thập trên mỗi lô diện tích 3 m<sup>2</sup> và cân khối lượng (kg), sau đó quy đổi ra tấn/ha.

#### **2.2.3. Đánh giá đa dạng kiểu gen**

- *Ly trích DNA*: Theo Nguyễn Thị Lang (2002).

- *Phân tích đa hình bằng kỹ thuật SSR*: Mẫu DNA được chọn phân tích PCR – SSR theo phương pháp Nguyễn Thị Lang (2002); phân tích SNP theo Lang và ctv (2015).

Chuỗi mã trình tự DNA của chỉ thị SSR: GM 1494 (Guo và ctv 2012).

F'cttcgaagaaaagtgcacg R'gaagacagaagacgaagagcgta

Chuỗi mã trình tự của SNPs

Aradu\_A07\_148327:

F-TTGCTAATCA(G/A)TTGTTGGTTT(G/A); R-AAAGAAA(G/A)CCTTCCCCGA và

Aradu\_A07\_1316694: F-TACCTGGCCCA(A/G)AAAGAAA (A/G), R-GCAGGTAATC(A/G)CCGTGATT (Mounirou và ctv., 2020).

- *Cắt bởi enzyme*, do chỉ thị Aradu-A07-1148327 và Aradu-A07-1316694 đơn hình phải phân cắt bởi enzyme *HinfI* và *EcoRV* theo thứ tự. Phương pháp phân cắt enzyme theo Lang (2016).

*Chọn lọc quần thể thông qua lập bản đồ GGT.*

Kiểm tra kiểu gen của quần thể con lai trên nhiễm sắc thể A07 dựa trên các chỉ thị phân tử đa hình giữa cây bố và mẹ. Lập bản đồ GGT đánh giá sự đa dạng di truyền của quần thể con lai, qua đó chọn lọc các cá thể mang gen mục tiêu mong muốn.

Phương pháp GGT do Tanksley và ctv đề xuất (1996) và sau đó, Van Berllo (2008), Milne và ctv. (2010) đã xây dựng phần mềm hữu dụng này.

Phương pháp lập bản đồ GGT thông qua các bước như sau:

lập file dữ liệu trên Excel: mã hóa gen của quần thể với A, B là kiểu gen đồng hợp tử của cây bố mẹ; H là kiểu gen dị hợp tử; U là kiểu gen chưa được xác định; (2) nhập dữ liệu vào cửa sổ GGT: chuyển đổi dữ liệu Excel sang dữ liệu GGT; (3) xử lý số liệu trong GGT; (4) đăng xuất kết quả.

### **2.3. Phân tích thống kê**

Tất cả các số liệu được xử lý bằng phần mềm thống kê Cropstat 7.2 (IRRI, 2007). Phân tích phương sai (ANOVA) để phát hiện sự khác biệt giữa các nghiệm thức. So sánh các giá trị trung bình bằng phương pháp kiểm định Duncan.

## **3. KẾT QUẢ THẢO LUẬN**

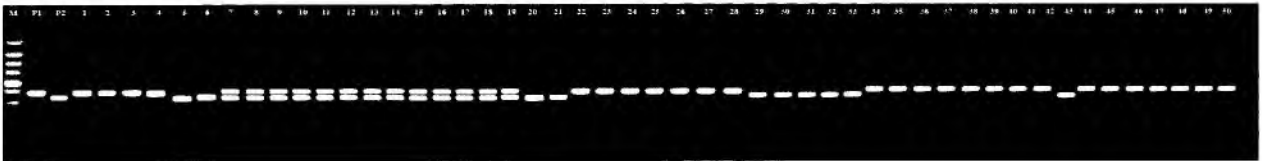
### **3.1. Phát triển quần thể lai đậu phộng**

**3.1.1. Đa dạng nguồn gen trên các giống đậu phộng bố mẹ**

Việc chọn giống đậu phộng ứng dụng MAS đã đem lại những thành công nhất định trong thời gian gần đây như: rút ngắn thời gian chọn tạo, chọn được các giống kháng với điều kiện bất lợi, giống kháng bệnh, giống phẩm chất. Do đó, các giống lúa bố mẹ (HATRI 01ĐP và HATRI 02ĐP) được phân tích kiểu gen xem xét có mang gen mang kích thước hạt to, đồng thời, đánh dấu phân tử các gen liên quan đến các thành phần năng suất và năng suất. Ba mươi lăm chỉ thị phân tử được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền giữa các giống lúa bố mẹ, nhưng chỉ có 22 cho đa hình với bố mẹ: bao gồm 2 chỉ thị phân tử Aradu-A07-1148327 và Aradu-A07-1316694 được đánh dấu gen quy định gen kích thước của hạt đậu phộng (và

Gene liên kết chặt trên nhiễm sắc thể A07 được đánh dấu bởi marker phân tử Aradu-A07-1148327. Gene này có liên kết với nhóm kích thước hạt (Mounirou và ctv (2020). Dùng chỉ thị phân tử Aradu-A07-1148327 trên quần thể  $F_3$  để đánh giá và chọn lọc năng suất cao của đậu phộng. Các dấu hiệu liên kết với locus năng suất trong quần thể HATRI 01ĐP x HATRI 02ĐP đã được phát hiện ở cha mẹ HATRI 01ĐP x HATRI 02ĐP cho đa hình với chỉ thị Aradu-A07-1148327. Marker Aradu-A07-1148327 được sử dụng làm marker đánh dấu có kích thước là 200-210bp và được dùng làm khuôn DNA để thiết lập các

cặp primer đặc hiệu. Trong quần thể ghi nhận với 50 cây (Hình 3), trong đó có 13 dòng có dạng dị hợp. Các dòng mang gen dị hợp tử (7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19) (chiếm 26%), xuất hiện với hai băng có kích thước 200bp - 210bp tương ứng với bố mẹ cho thấy sự biến động của kích thước hạt trên giống đậu phộng. Ở vị trí band dòng số 5, 6, 20, 21, 29, 30, 31, 32, 33 và 43 chỉ xuất hiện một band tương ứng với vị trí P2 ( HATRI 02ĐP) mang gen hạt to. Trái lại, ở vị trí band còn lại xuất hiện 1 băng tương ứng với vị trí P1(HATRI 01ĐP) mang gen hạt nhỏ.

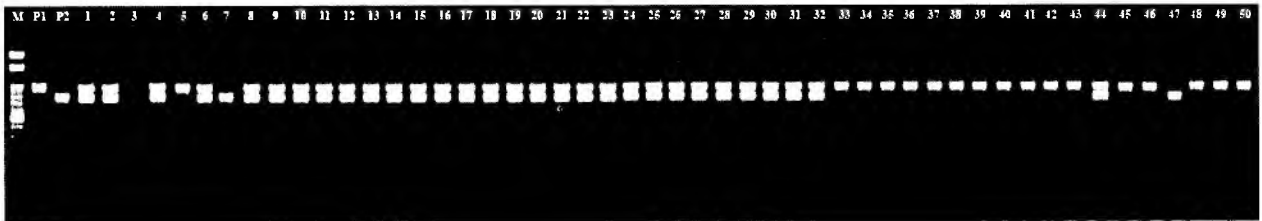


Hình 3. Sản phẩm PCR của quần thể  $F_3$ , chỉ thị phân tử Aradu-A07-1148327 trên 50 dòng liên kết với gene kích thước hạt trên nhiễm sắc thể A07, vị trí hai băng 210bp (HATRI 01ĐP) và 200bp (HATRI 02ĐP), trên gel agarose 3%. Cắt bởi enzyme *HinfI*

Ghi chú: P1: HATRI 01ĐP; P2: HATRI 02ĐP; 1-50 là cây lai  $F_3$

Tương tự kết quả sản phẩm PCR trên hình 4 với chỉ thị phân tử Aradu-A07-1316694 ghi nhận từ quần thể HATRI 01ĐP x HATRI 02ĐP có 9 cây đồng hợp tử cùng với alen của HATRI 02ĐP. Kết quả sản phẩm PCR cho thấy có 2 cá thể ở vị trí 7 và 47 có cùng kích thước với HATRI 02ĐP tương ứng với kích thước 250bp. Có 17 cá thể ở vị trí số 5, 33, 34, 35, 36, 37, 38,

39, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 48, 49, 50 có cùng kích thước với HATRI 01ĐP với 300 bp. Các cá thể còn lại mang kiểu gen dị hợp tử có cùng kích thước với bố và mẹ. Như vậy qua hai chỉ thị phân tử (Aradu-A07-1148327 và Aradu-A07-1316694) trên quần thể cho thấy thế hệ  $F_3$  vẫn còn phân ly khá cao từ 26-60% cho hai chỉ thị phân tử trên theo thứ tự .



Hình 4. Sản phẩm PCR của chỉ thị phân tử Aradu-A07-1316694 trên 50 dòng liên kết với gene trên nhiễm sắc thể A07, vị trí hai băng 300bp (HATRI 01ĐP) và 250bp (HATRI 02ĐP), trên gel agarose 3%. Cắt bởi enzyme *EcoR V*

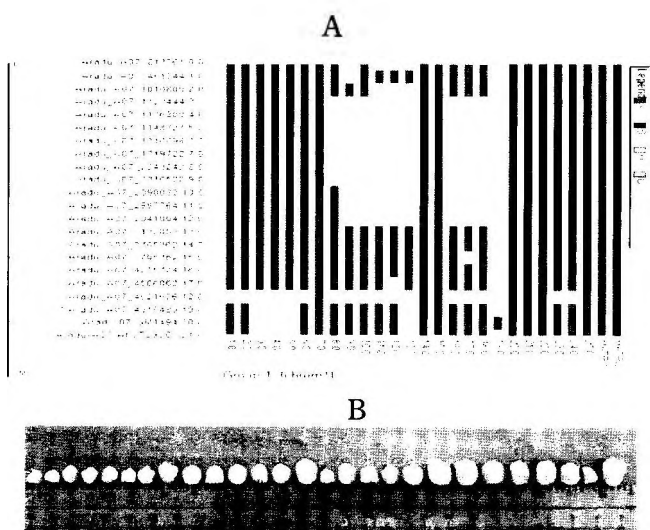
Ghi chú: M: là marker chuẩn; P1: HATRI 01ĐP; P2: HATRI 02ĐP; 1-50 là cây lai  $F_3$

### 3.2. Chọn lọc các quần thể hồi giao thông qua lập bản đồ GGT

#### 3.2.1. Chọn lọc các cá thể $F_7$ của quần thể lai cận giao

Quần thể  $F_6$  của cặp lai HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP cho tự thụ tiếp tục và chọn lọc thế hệ  $F_7$ . Trong quần thể  $F_7$  chọn lọc 27 dòng để đánh giá kiểu gen thông qua bản đồ nhiễm sắc thể nhóm A07 trên từng cây bản đồ GGT (Graphical genotyping) là phương pháp cho phép thể hiện các alen đồng hợp trội, đồng

hợp lặn, dị hợp của một quần thể. Bản đồ GGT giúp dễ dàng nhận biết được kiểu di truyền của các con lai trong quần thể so với đoạn gen so với bố và mẹ. Bản đồ GGT được xây dựng trên nền tảng HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP ở thế hệ  $F_7$ . Trên bản đồ này, gen quy định tính trạng kích thước hạt được đánh dấu bởi 22 chỉ thị phân tử trên nhiễm sắc thể số A07, khoảng cách di truyền từ 0-50,8 cM. Các cá thể con lai được lựa chọn phải mang gen đồng hợp trội trên vùng di truyền này.



Hình 5. A. Sự đa dạng di truyền thế hệ F<sub>7</sub> trên quần thể lai hồi giao HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP trên nhóm 7 của đậu phộng; B. Các dòng mang kích thước của hạt nhân tương ứng theo thứ tự từ 1-27

Chú thích: màu xanh dương: kiểu gen theo cây bố (HATRI 02ĐP), màu đỏ: kiểu gen theo cây mẹ

Bảng 1. Kích thước hạt, khối lượng 100 hạt và năng suất trên các dòng đậu phộng trồng tại Trà Cú (Trà Vinh)

Dòng đậu phộng	Chiều dài củ lạc (mm)	Chiều rộng củ lạc (mm)	Chiều dài của hạt nhân (mm)	Chiều rộng của hạt nhân (mm)	Khối lượng 100 hạt (gram)	Năng suất hạt (g/bụi)
14 (F2-4-10-1-1-14)	38,8b	21,2a	19,9b	11,1a	60,2b	40,7b
20 (F2-18-11-26-19-20)	41,1a	25,6a	20,2a	12,3a	65,8a	45,8a
21 (F2 -105-3-1-6-21)	39,9b	22,9a	19,9b	11,2a	62,3b	44,5a
22 (F2-215-75-86-35-22)	36,7b	22,2a	15,6b	10,2a	61,2b	40,9b
23 (F2-5-100-8-19-4-23)	34,3b	19,9b	15,6b	10,0a	59,5c	38,4c
24 (F2 - 6-100-4-1-8-10-24)	37,8b	21,1b	15,9b	11,2a	53,5c	37,6c
25 (F2-2-7-15-20-14-1-25)	32,2b	22,1b	17,8b	10,1a	52,4c	33,8c
P1 (HATRI 01ĐP)	21,2c	14,5c	16,5c	9,8b	42,2d	28,0d
P2 (HATRI 02ĐP)	36,5b	22,1b	18,8b	10,0a	60,4b	40,5b
M17 (đối chứng)	31,2b	22,1b	17,8b	10,9b	53,6c	33,7c
Cv%	9,2	1,1	4,9	1,22	1,38	4,62

Các dòng sau khi đánh giá bằng chỉ thị phân tử tiếp tục trồng cho phân ly thế hệ F<sub>8</sub>. Kích thước hạt của các dòng được chọn lựa ở ngoài đồng trên cơ sở phân tích kiểu hình của các thế hệ. Trong các thế hệ tiếp tục cho tự thụ, ở thế hệ F<sub>8</sub> ghi nhận các chỉ tiêu chiều dài, chiều rộng củ và hạt lạc, thu được kết quả đều có ý nghĩa thống kê. Hầu hết các dòng cho thấy sự khác nhau và đều có kích thước củ và hạt cao hơn đối chứng. Trong đó, dòng có chiều dài củ và hạt lớn nhất là dòng số 20 (F2-18-11-26-19-20), kế đến là 21 (F2 -105-3-1-6-21). Dòng có hạt to nhất là dòng số 20 (F2-18-11-26-19-20) với chiều dài hạt 20,2 mm và

(HATRI 01ĐP), màu xám: kiểu gen dị hợp tử, khung màu xanh lá cây: đánh dấu các cá thể được lựa chọn, 1-27: các cá thể của quần thể HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP

Qua bản đồ GGT ở hình 5 cho thấy 4 cá thể có 100% các vùng gen trùng hợp với cá thể bố (HATRI 02 ĐP), mang gen mục tiêu. Các cá thể được chọn là 14 (F2-4-10-1-1-14); 20 (F2-18-11-26-19-20); 21(F2 -105-3-1-6-21); 22 (F2-215-75-86-35-22). Điều này ghi nhận rằng trên 4 dòng thế hệ chọn từ F<sub>2</sub> tới F<sub>7</sub> đã có sự đồng nhất về đoạn gen mang kích thước hạt to và nhỏ trên các dòng này. Riêng hai cá thể 23 (F2-5-100-8-19-4-23) và 24 (F2 - 6-100-4-1-8-10-24) ghi nhận chiếm 95,2% số lượng hạt to nghiêng về giống bố HATRI 02ĐP. Hai cá thể này tiếp tục được chọn ở thế hệ F<sub>8</sub> để tạo dòng thuần.

### 3.2.2. Đánh giá kiểu hình của tổ hợp lai HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP trên quần thể F<sub>8</sub>

chiều rộng hạt là 12,3 mm. Dòng có khối lượng 100 hạt cao nhất là dòng 20 (F2-18-11-26-19-20), kế đến là 21 (F2 -105-3-1-6-21). Hai dòng 24 (F2 - 6-100-4-1-8-10-24) và 25 (F2-2-7-15-20-14-1-25) có khối lượng 100 hạt thấp hơn giống đối chứng (MD 17) và HATRI 02ĐP nhưng vẫn cao hơn giống mẹ là HATRI 01ĐP. Năng suất của hai dòng 24 (F2 - 6-100-4-1-8-10-24) và 25 (F2-2-7-15-20-14-1-25) cao hơn cả giống bố, mẹ và giống đối chứng.

### 4. THẢO LUẬN

Mục tiêu của một chương trình nhân (chọn tạo) giống cây trồng là tạo ra sự thay đổi và chọn (các)

kiểu gen mong muốn để gieo trồng hoặc cho mục đích chọn giống. Đậu phộng là một loại cây trồng tự thụ phấn cao, trong quá trình chọn tạo giống đáp ứng nhu cầu của sản xuất thường đòi hỏi các kỹ năng đặc biệt và có thể tốn thời gian. Trong những năm gần đây, việc phát hiện ra các chỉ thị phân tử đa hình (SNP) kết hợp với các công nghệ giải trình tự gen phát triển đã dẫn đến một sự cải thiện đáng kể trong các quy trình lập bản đồ gen tốt (Varshney và ctv., 2009). Năng suất của đậu phộng được kiểm soát về mặt di truyền bởi các yếu tố đa gen. Lập bản đồ độ phân giải cao của loci định lượng (QTLs) với các điểm đánh dấu được liên kết có thể tạo điều kiện thuận lợi cho việc lựa chọn hỗ trợ đánh dấu trong chọn giống cho các đặc điểm mục tiêu. Trong nghiên cứu hiện tại, với quần thể giống HATRI 01ĐP hạt nhỏ lai với giống HATRI 02 ĐP cho hạt to và dài có cải thiện, giúp cho cây đậu cứng hơn. Sử dụng để xây dựng bản đồ GGT dựa trên chỉ thị phân tử 22 loci và kéo dài chiều dài 50,8 cm. Qua bản đồ GGT ở hình 5 cho thấy 4 cá thể có 100% các vùng gen trùng hợp với cá thể bố (HATRI 02 ĐP), mang gen mục tiêu hạt có kích thước to (15,6-20,2mm). Các cá thể được chọn là 14 (F2-4-10-1-1-14); 20 (F2-18-11-26-19-20); 21 (F2 -105-3-1-6-21); 22 (F2-215-75-86-35-22). Điều này ghi nhận rằng trên 4 dòng thể hệ chọn từ F<sub>2</sub> tới F<sub>8</sub> đã có sự đồng nhất về đoạn gen mang kích thước hạt to và nhỏ trên các dòng này. Các chỉ thị phân tử được đánh dấu và tìm ra được các phát triển nhắm vào loci SNP liên quan đến giống hạt to và nhỏ của đậu phộng cho sự phân ly tốt và tỉ lệ dị hợp tử cao là chỉ thị Aradu-A07-1316694.

### 5. KẾT LUẬN

- Đã xác định được sự có mặt gen quy định kích thước của hạt trên cây đậu phộng trong quần thể F<sub>2</sub> và F<sub>3</sub> của tổ hợp lai HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP.

- Có sự đa hình trên 22 chỉ thị định vị kích thước hạt trên nhiễm sắc thể A07. Dựa vào bản đồ GGT giúp dễ dàng nhận biết được kiểu di truyền của các con lai trong quần thể có đoạn gen so với bố và mẹ trong thế hệ F<sub>7</sub> của tổ hợp lai HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP. Thông qua 22 chỉ thị phân tử trên nhiễm sắc thể A07, đã xác định được đoạn di truyền với khoảng cách từ 0-50,8 cm. Đã thu được 4 dòng có chứa 100% vùng gen trùng hợp với cá thể bố (HATRI 02ĐP), mang gen mục tiêu kích thước hạt to.

- Hai cá thể được chọn lọc sau khi đánh giá kiểu gen và kiểu hình có kích thước hạt to và năng suất

cao là: 20 (F2-18-11-26-19-20), kế đến là 21(F2 -105-3-1-6-21).

### LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả cảm ơn Ủy ban Nhân dân tỉnh Trà Vinh và Sở Khoa học và Công nghệ tỉnh Trà Vinh đã cung cấp kinh phí để thực hiện đề tài này

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Bera SK, Kamdar JH, Kasundra SV, Dash P, Maurya AK, Jasani MD, *et al.* (2018). Improving oil quality by altering levels of fatty acids through marker-assisted selection of *ahfad2* alleles in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Euphytica*. 2018; 214:162. <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2241-0>
2. Carolina Chavarro, Ye Chu, Corley Holbrook, Thomas Isleib, David Bertoli, Ran Hovav, Christopher Butts, Marshall Lamb, Profile Ronald Sorensen, Scott A. Jackson and Peggy Ozias-Akins, 2020. Pod and Seed Trait QTL Identification To Assist Breeding for Peanut Market Preferences.G3: GENES, GENOMES, GENETICS July 1, 2020 vol. 10 no. 7 2297-2315; <https://doi.org/10.1534/g3.120.401147>.
3. Clements, J. C., M. Dracup and N. Galwey, 2002. Effect of genotype and environment on proportion of seed hull and pod wall in lupin. *Aust. J. Agric. Res.* 53: 1147.
4. Chen Z, Wang ML, Barkley NA, Pittman RN (2010). A simple allele-specific PCR assay for detecting *FAD2* alleles in both A and B genomes of the cultivated peanut for high-oleate trait selection. *Plant Mol Biol Rep.* 2010; 28:542-548. <https://doi.org/10.1007/s11105-010-0181-5>
5. Chu Y, Ramos L, Holbrook CC, Ozias-Akins P. (2007). Frequency of a loss-of-function mutation in Oleoyl-PC Desaturase (*ahFAD2A*) in the mini-core of the US peanut germplasm collection. *Crop sci.* 2007; 47:2372-2378. 10.2135/cropsci2007.02.0117.
6. IRRI, 2007. CropStat for Windows software and downloads (CropStat.exe).
7. Janila P, Pandey MK, Shasidhar Y, Variatha MT, Sriswathi M, Khera P, *et al.* (2016). Molecular breeding for introgression of fatty acid desaturase mutant alleles (*ahFAD2A* and *ahFAD2B*) enhances oil quality in high and low oil containing peanut genotypes. *Plant Sci.* 2016; 242:203-213. [pmid:26566838](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26566838/).
8. El-Zeadani, H., A. B. Puteh, M. M. A. Mondal, A. Selamat, Z. A. Ahmad *et al.*, 2014. Seed growth rate, seed filling period and yield responses

of soybean (*Glycine max*) to plant densities at specific reproductive growth stages. *Int. J. Agric. Biol* 16: 1560–8530.

9. Mounirou Hachim Alyr, Justine Pallu, Aissatou Sambou, Joel Nguempjop, Maguette Seye, Hodo-Abalo Tossim, Yvette Djiboune, Djibril Sane, Jean-François Rami, Daniel Fonceka, 2020. Fine-Mapping of a Wild Genomic Region Involved in Pod and Seed Size Reduction on Chromosome A07 in Peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Genes*, MDPI, 2020, 11 (12), 10.3390/genes11121402.

10. Milne *et al.*, Milne I, P Shaw, G Stephen, M Bayer, L Cardle, WTB Thomas, AJ Flavell and D Marshall (2010). Flapjack—graphical genotype visualization. *Bioinformatics*, 26: 3133–3134.

11. Nguyễn Thị Lang (2002). *Phương pháp cơ bản trong nghiên cứu công nghệ sinh học*. Nxb. Nông nghiệp, TP. HCM.

12. Nguyễn Thị Lang, Bùi Chí Bửu, Bùi Chí Bảo (2015). *Kỹ thuật di truyền trong công nghệ sinh học*. Nhà xuất bản Giáo dục.

13. Nguyen Thi Lang, Nguyen Van Tao, Bui Chi Buu, 2011. Marker assisted backcrossing (MAB) for rice submergence tolerance in the Mekong delta. *Omon rice* 18: 11-21.2011.

14. Nguyễn Thị Lang (2016). *Sinh học phân tử ứng dụng trong công nghệ sinh học*. Nhà xuất bản Giáo dục, 179 trang.

15. Tanksley, S. Dand Nelson, J. C. (1996). Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theor Appl Genet*, 92: 191-203.

16. Van Berloo (2008). GGT 2.0: Versatile software for visualization and analysis of genetic data *J Hered*, 99 (2): 232-236.

17. Varshney RK, Hoisington DA, Nayak SN, Graner A (2009). Molecular plant breeding: methodology and achievements. In: Somers D, Langridge P, Gustafson PJ (eds) *Methods in molecular biology: plant genomics*. Humana, Totowa, pp 283–304.

**APPLICATION MARKER ASSISTED SELECTION IN BREEDING IMPROVEMENT FOR SEED SIZE ON PEANUT (*Arachis hypogaea* L)**

**Nguyen Thi Lang, Le Minh Khang, Nguyen Thi Hong Loan, Nguyen Van Huu Linh, Nguyen Thi Khanh Tran, Le Hoang Phuong**  
**Summary**

Seed size and quality are important for breeding and production, thus, a more mechanistic understanding of pod development and seed maturation would benefit the improvement of these traits. During pod development, seed filling plays an important role due to the translocation of organic and inorganic compounds and is an important yield component. The rapid development of peanut marker technology, great progress has been made in understanding the increase seed size in peanut, and a series of functional markers has been developed for seed size gene and breeding new peanut varieties in recent years. This paper mainly apply GGT from population  $F_7$  from HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP. There is a polymorphic on the three seeds size positioning test is Aradu-A07-1148327, Aradu-A07-1316694 and GM 1494; on chromosome A07. According to the GGT map, it is easy to identify the genetic pattern of the hybrids in populations compared to the genomic of father and mother in the generation HATRI 01ĐP/HATRI 02ĐP in the  $F_7$  generation. Adopted by 20SNP and two SSR marker on chromosome number A07, the genetic distance from 0-50.8 cM. The selected individuals must carry a superior co-gene on a chromosome that has 4 individuals with 100% of the genes that large seed size with (HATRI 02ĐP), carrying a large size seed target gene. The selected 4 lines as: line F2-4-10-1-1-14; F2-18-11-26-19-20; F2 -105-3-1-6-21; F2-215-75-86-35-22. However after evaluated  $F_8$  and compared phenotype and genotypic only two lines 20 (F2-18-11-26-19-20); and line 21(F2 -105-3-1-6-21) good for selected size seed.

**Keywords:** *Genetic breeding, GGT, seed size, peanut, single-nucleotide polymorphism (SNP) markers, simple sequence repeat (SSR) markers.*

**Người phản biện:** PGS.TS. Đặng Trọng Lương

**Ngày nhận bài:** 9/7/2021

**Ngày thông qua phản biện:** 12/8/2021

**Ngày duyệt đăng:** 19/8/2021