ĐÁNH GIÁ MỨC ĐỘ TƯƠNG ĐỒNG DI TRUYỀN GIỮA CÁC MẪU GIỐNG CỦA HAI GIỐNG BÍ XANH (BÍ NẾP, BÍ THƠM) THU THẬP TẠI HUYỆN MAI SƠN, TỈNH SƠN LA

Phạm Thị Xuân[1,*], Trần Danh Sửu[1], Hà Minh Loan[2]

TÓM TẮT

Nghiên cứu mức độ tương đồng di truyền của 60 mẫu giống bí xanh địa phương (30 mẫu giống bí nếp và 30 mẫu giống bí thơm) thu thập từ hai xã Chiềng Mai và Mường Bon thuộc huyện Mai Sơn, tỉnh Sơn La được tiến hành bằng 40 chỉ thị phân tử SSR. Kết quả cho thấy, tại mức tương đồng di truyền 0,82 thì 60 mẫu giống phân tách thành 2 nhóm chính, tương ứng với 2 giống bí nếp và bí xanh riêng biệt. Nhóm các mẫu giống bí nếp có 26 mẫu giống có độ đồng đều di truyền cao (hệ số tương đồng di truyền 0,97 đến 1). Nhóm các mẫu giống Bí thơm có 25 mẫu giống có độ đồng đều di truyền cao (hệ số tương đồng di truyền từ 0,98 đến 1). Các mẫu giống này được sử dụng để tiến hành phục tráng giống, góp phần bảo tồn và phát triển nguồn gen bí nếp và bí thơm tại Sơn La cũng như một số tỉnh miền núi phía Bắc.

Từ khóa: *Bí xanh (Benincasa cerifera Savi), giống bí nếp, giống bí thơm, mức độ tương đồng di truyền.*

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bí xanh địa phương (*Benincasa cerifera* Savi) là nguồn gen vô cùng quý giá do chất lượng cao, chống chịu tốt với sâu, bệnh và điều kiện thời tiết bất thuận; tuy nhiên, năng suất của các giống này thường thấp hơn so với các giống bí lai. Qua kết quả điều tra, đánh giá đặc điểm nông sinh học phục vụ công tác bảo tồn nguồn gen, bước đầu phát hiện được nguồn gen bí nếp và bí thơm Sơn La có nhiều đặc điểm ưu việt như dễ bảo quản vì có vỏ quả dày, cứng; khi chế biến, thịt quả có vị thơm, dẻo, ăn thanh mát, hương thơm thoang thoảng của lúa non.

Mai Sơn là huyện miền núi của tỉnh Sơn La với diện tích gieo trồng cây trồng hàng năm là 30.965 ha, trong đó diện tích trồng rau và đậu là 1.860 ha, diện tích trồng bí xanh là 105 ha nhưng chủ yếu là các giống mới [1]. Tuy nhiên, diện tích của 2 giống bí xanh địa phương này chỉ chiếm một phần nhỏ so với tổng diện tích trồng bí xanh các loại. Hơn nữa, 2 giống này được người dân địa phương tự phát gieo trồng từ lâu đời nên hiện tại đã bị thoái hóa, phân ly, năng suất giảm sút. Chính vì vậy, việc phục tráng hai giống bí xanh địa phương nói trên nhằm cải nâng cao năng suất, đảm bảo chất lượng sản phẩm phục vụ duy trì và phát triển giống rau địa phương là cần thiết.

Các giống bí xanh địa phương do người dân tự phát gieo trồng, đôi khi trồng cùng với các giống bí cải tiến nên việc loại bỏ các mẫu giống có sự khác biệt di truyền là cần thiết trước khi phục tráng. Để loại bỏ các mẫu giống có khác biệt di truyền thì chỉ thị phân tử SSR là phù hợp. Chỉ thị phân tử SSR cũng đã được nhiều tác giả trong và ngoài nước sử dụng để nghiên cứu đa dạng di truyền cây bí xanh [2, 3]. Trong khuôn khổ của bài báo này, 40 chỉ thị SSR được sử dụng để nghiên cứu mức độ tương đồng di truyền của 30 mẫu giống bí nếp và 30 mẫu giống bí thơm thu thập từ các hộ nông dân tại huyện Mai Sơn, tỉnh Sơn La.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- 60 mẫu giống bí xanh địa phương, bao gồm 30 mẫu giống bí nếp thu thập từ xã Chiềng Mai, huyện Mai Sơn (ký hiệu BN1-BN30) và 30 mẫu giống bí thơm thu thập từ xã Mường Bon, huyện Mai Sơn, tỉnh Sơn La (ký hiệu BT1-BT30).

- 40 cặp mồi SSR phân bố trên 12 nhiễm sắc thể của cây bí xanh đã công bố được sử dụng để đánh giá mức độ tương đồng di truyền của các mẫu giống bí xanh nghiên cứu.

[1] Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam
[2] Trung tâm Tài nguyên thực vật

Bảng 1. Danh sách các mồi SSR sử dụng trong nghiên cứu

TT	Tên mồi	NST	Trình tự mồi xuôi	Trình tự mồi ngược	Nhiệt độ gắn mồi (°C)	Sản phẩm PCR (bp)
1	BhSSR00095	1	GCCACTAAATTAGCTGCCGC	AGGGGGCAATATAGAACACCT	59	235
2	BhSSR00138	1	TCACCCCGCAAAGATAACCA	AGAAGGAAGGAACGAGAGGA	57	293
3	BhSSR00217	1	TGCTGCTAAACCATCGTCCA	ACCACATTGAATACCATAACGCT	58	287
4	BhSSR04401	2	TGACATATGGAGCTGGATTCAA	GTGCGTGCACGATTCTCCTA	60	248
5	BhSSR04718	2	GGACGCTACTTCATGCATGC	AGGCGTCTTACACTTTCACG	58	265
6	BhSSR06928	2	AGGATGATGGTTTTGTGTTTTCCA	GTACCTTACATGACCCCGCC	60	175
7	BhSSR07132	3	CCCTACCGGTCAACAACGAT	CGCTCTCCGCTCGTCAATTA	60	278
8	BhSSR09292	3	TCGCTCAGACCTGTTTAGCC	AGGGATGTATTGGAGCGTCA	58	284
9	BhSSR10316	4	GGCTCTCCCTCTCCCTACAA	CTTTAGGGGGTAGCCTCAACC	60	298
10	BhSSR12076	4	TGAGATTGCAGCTTGGAGGA	AGACTCAAAACCGACGGTCC	60	128
11	BhSSR13362	4	GGGTTGGCAATAGGTCGGAA	GATTTGACCAGGGATGGGGG	60	279
12	BhSSR13415	4	GCAAAGGTTTCGGCAACACT	GGGCTCAGGTTCAGAATACCA	59	264
13	BhSSR13416	5	TATTGCCACGTCATCCACCC	AGGGGGAGATTGTTTGGCTT	59	259
14	BhSSR16082	5	TGTGCCTGCTTTTCAGTATCA	TTTGGTAGGTGATTCAAGGTGA	57	290
15	BhSSR16083	6	AAAGCGGGGTGTTATGGGTT	TTGCTCGGATCCTCAAAGCA	60	263
16	BhSSR18491	6	GTGGAGTCGTGGACTGTCAG	CCCGATAACCCGACAATCCA	59	234
17	BhSSR18506	6	CAACCCGGACTATCCAACCC	AAAATTTTCGGGTTGGGCCG	60	203
18	BhSSR18507	7	AGAGTAACCTCGCACACACG	AGACCATCTGGACCGACTGA	60	238
19	BhSSR18749	7	AACCCCATTTTCCTTCCCCC	AAGAAGGAGGGTGCACGAAG	60	284
20	BhSSR20320	7	ATCGTACGCAGAAGGGATGC	CCACCAAAAAGCTACCTCCCT	60	219
21	BhSSR20673	8	ACCAGTGCAACACTACCTCG	CAGCACCGCAAAGGCTTATC	60	263
22	BhSSR21735	8	GGCCTTACGGTTCTTGCTCT	AGCTCAAGGGATTGTCCTTCTG	60	237
23	BhSSR21876	8	TCACCCAACTCTCCAATTCACA	CTCGTTGTCGGCACTACCTT	60	285
24	BhSSR23316	8	ACTTGGAAAATCTCCCTCTCTTGT	TCCCTCACCACTTCTCTTGT	58	272
25	BhSSR23318	8	TATGGACAGCGAGTAGGGCT	AGTGTCCTTTTTATCGTACTGTACT	58	217
26	BhSSR23319	9	GGGGGATGCCTTATGACCAA	TCTCTCTTGTGGGCTTTTGGT	59	201
27	BhSSR23490	9	GGCCTTTGGGACACTAAGCA	GGAATGCGGCGACTCATAGA	60	286
28	BhSSR27214	9	TGTGGGTTCTAGGCCACAAC	AGATGAGAGACGGCATTCAAA	57	130
29	BhSSR27323	9	TCTAGTGGTCGACTGTCCGT	CGGAGTTTCAGTTTCAGCCC	59	221
30	BhSSR27324	10	AGGTTATAGGCAGGTCAAAGTT	GTTCGTCGGGAGATATGCGT	60	103
31	BhSSR28644	10	TGACACATGGCCTTTGGGAC	GCACAATATTGGAATGCGACGA	60	278
32	BhSSR29996	10	TGTGACTTTTGAGCTTTAAAGGGG	AGTATGTTGACGTGACACACA	58	218
33	BhSSR29997	11	TGGGCTTGTTCCTGCTGAAA	ATGCACAGTCCACACACACA	60	193
34	BhSSR31088	11	TGCCAAACTTCTCCAAATTCTTGT	TCTAAGGGATAACTTACCATGATGT	57	161
35	BhSSR32383	11	ACGGTTGAATTGATGGGCCA	GGGAAAGCACGGACAAAAATCA	60	300
36	BhSSR33832	11	GGTCTGGTTATGCCACGTCA	ACACGTCGTTGCCTTTTTGG	60	260
37	BhSSR33833	12	TGTTGGGTTGGGTTGGTTGA	TGGTCGAGTTAGCAACCCAA	59	157
38	BhSSR33972	12	CCGTATGCTCTAGTCGCTCA	ACAGATGCGATACGATACGTT	57	211
39	BhSSR37386	12	TGTCCACACACAATCACATTTTCA	ACCAATAGATGATCACATGGGAA	57	169
40	BhSSR37488	12	ACAAAATTCAATCCAATCCAACCTC	AGGCACTCCTTCACTAGTTCA	58	227

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp tách chiết ADN

Tách chiết ADN từ lá non của các mẫu giống bí xanh và tinh sạch theo phương pháp của Doyle J. J. và J. L. Doyle (1987) có cải tiến [4].

Chất lượng và nồng độ ADN tổng số được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1% trong môi trường đệm TBE 0,5X cùng với lamda chuẩn.

2.2.2. Phương pháp khuếch đại bằng chỉ thị phân tử SSR

- Kỹ thuật PCR: Phản ứng PCR được tiến hành trên máy Veriti 96 well Thermal cycler. Tổng dung dịch phản ứng là 20 µl bao gồm: 9,9 µl H20; 2 µl PCR buffer 10x; 1,6 µl dNTP 2,5 mM; 1,4 µl primer 25ng/µl; 0,1 µl green Taq (5 U/µl); 5 µl ADN (5 ng/µl). Điều kiện phản ứng: 95°C trong 5 phút; 35 chu kỳ của 95°C trong 1 phút, Ta trong 1 phút (Ta là nhiệt độ gắn mồi SSR sử dụng); 72°C trong 1 phút, bảo quản ở 4°C.

- Điện di và phát hiện sản phẩm PCR trên gel polyacrylamide 8% và máy soi UV Transilluminator.

2.2.3. Phương pháp phân tích và xử lý số liệu

- Số liệu phân tích SSR và sơ đồ hình cây được thiết lập bằng phần mềm NTSYSpc2.1 [5].

Hệ số tương đồng di truyền theo công thức của Nei (1972) [6]:

$$I = \frac{q_{12}}{\sqrt{Q_1 Q_2}} \text{ và } D = -\ln(I)$$

Trong đó: I là hệ số tương đồng di truyền; D là khoảng cách di truyền theo cặp; q 12: số các alen đồng nhất ở cả 2 mẫu; Q1 và Q2 là tổng số các alen của mẫu giống 1 và 2.

Sơ đồ hình cây biểu diễn quan hệ di truyền giữa các mẫu giống nghiên cứu được xây dựng dựa trên tương đồng di truyền của Nei (1972) [6], theo phương pháp UPGMA bằng phần mềm NTSYS 2.1.

- Chỉ số PIC (Polymorphism Information Content) của từng chỉ thị SSR ứng mỗi locus được tính theo công thức như sau: PIC = 1 - ∑ pi2 [7], trong đó pi là tần số xuất hiện của alen thứ i).

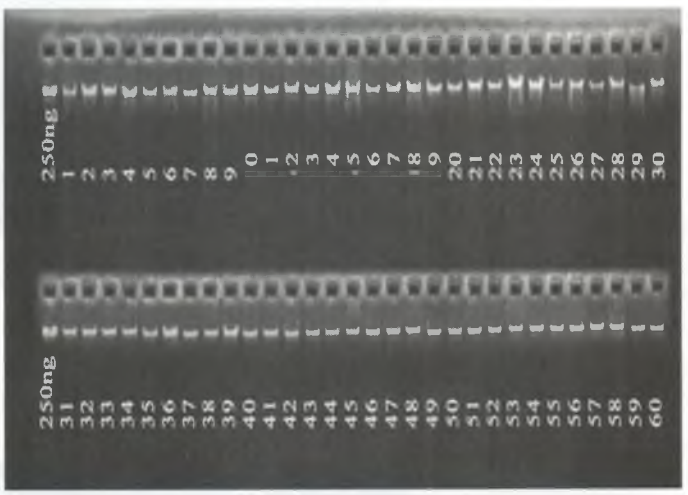
2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 1 đến tháng 4 năm 2022 tại 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.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tách chiết ADN tổng số các mẫu giống bí xanh nghiên cứu

60 mẫu giống bí xanh được tiến hành tách chiết ADN. Các mẫu ADN được điện di và kiểm tra mẫu trên gel Agarose 1% và nồng độ được đo bằng máy quang phổ nanodrop ở bước sóng OD260/OD280. Kết quả thu được ADN tổng số thu được đều nguyên vẹn, độ tinh sạch nằm trong khoảng từ 1,8 đến 2,0 và có nồng độ của ADN khá cao 200 - 370 ng/µl, hoàn toàn đáp ứng được yêu cầu cho phản ứng nhân gen PCR (Hình 1).



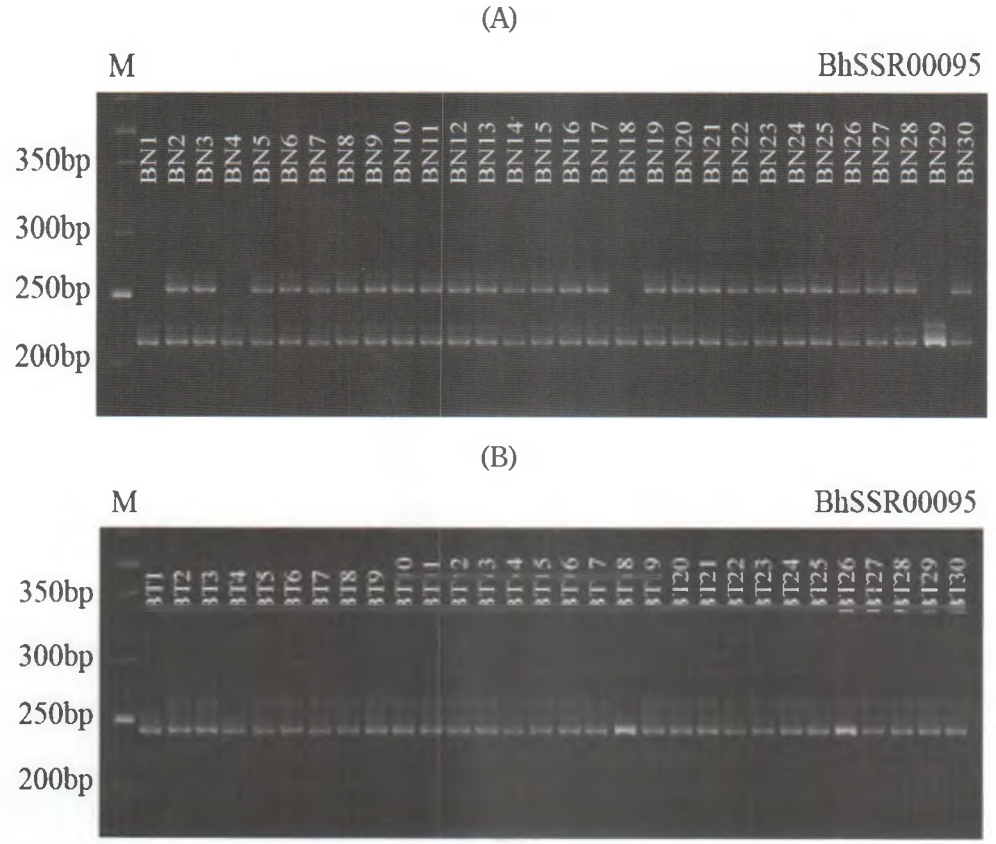
Hình 1. Kết quả điện di ADN tổng số của 60 mẫu giống bí xanh

Ghi chú: 1 - 30: số thứ tự các mẫu giống Bí nếp nghiên cứu (BN1 - BN30); 31 - 60: số thứ tự các mẫu giống Bí thơm nghiên cứu (BT1- BT30).

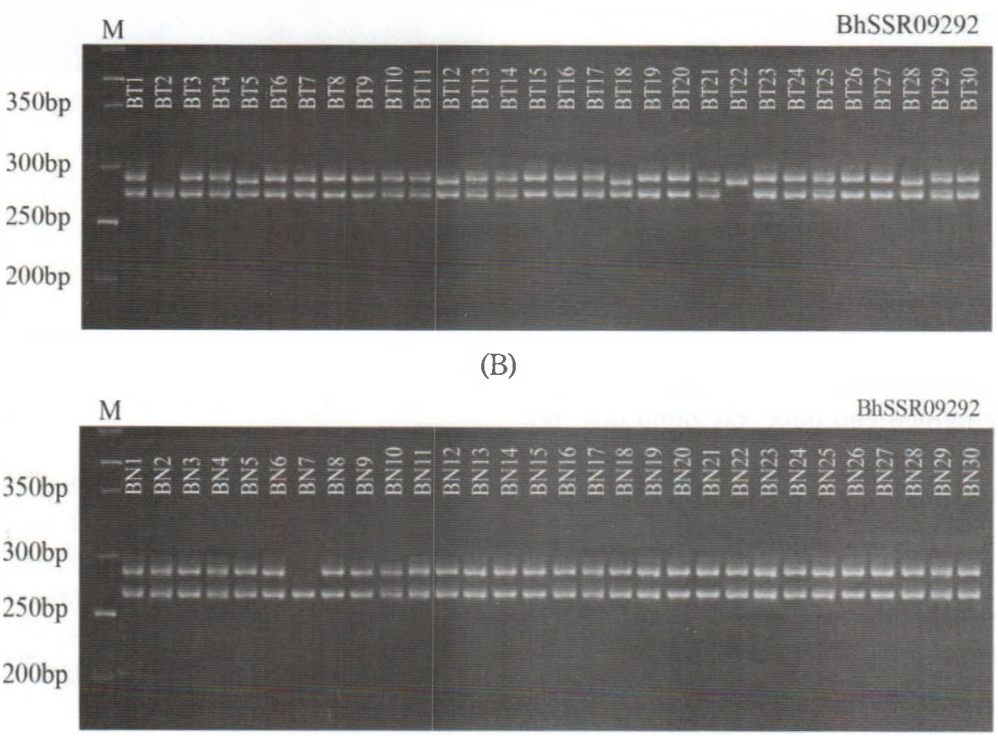
3.2. Kết quả phân tích đa hình các mẫu giống bí xanh bằng chỉ thị SSR

3.2.1. Hệ số PIC, số alen đa hình, số alen đặc trưng

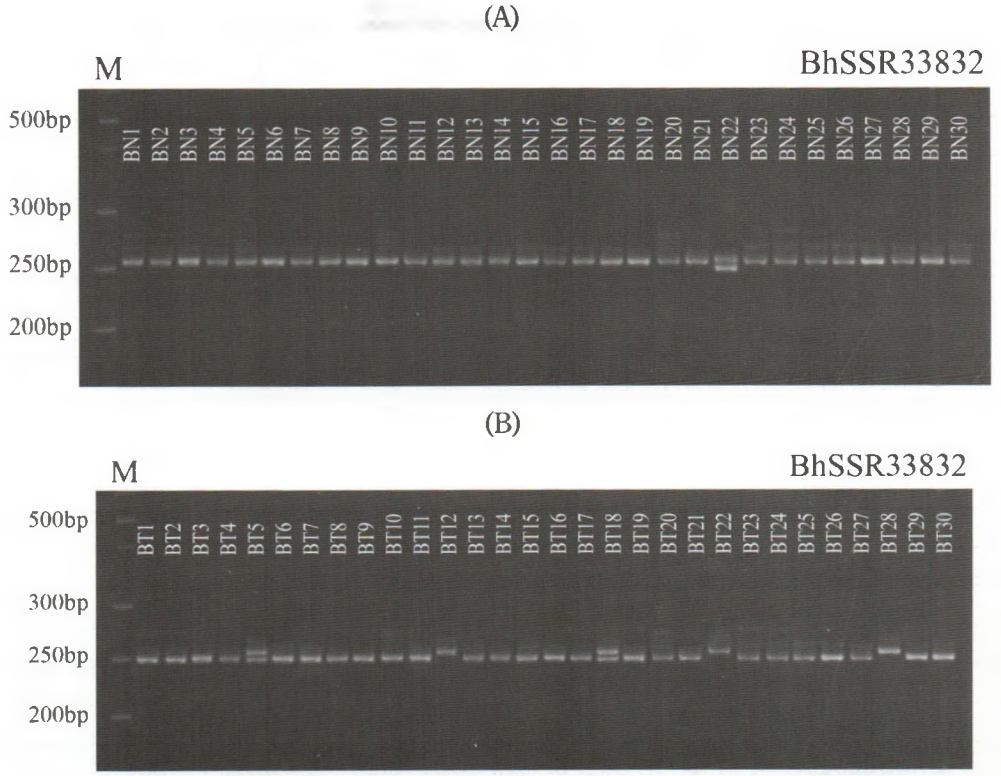
Để đánh giá mức độ tương đồng di truyền của 60 mẫu giống bí xanh, nghiên cứu đã sử dụng 40 chỉ thị SSR. Sản phẩm PCR - SSR được điện di trên gel acrylamine 8% để phân tích mối tương quan di truyền giữa các mẫu nguồn gen. Trong số 40 chỉ thị SSR thì 27 chỉ thị cho băng ADN đa hình giữa các mẫu giống. Tổng số thu được 1620 mẫu phản ứng (tổ hợp PCR) với băng ADN rõ ràng, sắc nét cho đa hình (Hình 2, 3, 4).



Hình 2. Hình ảnh nhận dạng kiểu gen của các mẫu giống bí xanh bằng chỉ thị BhSSR00095.
(A): Bí nếp; (B): Bí thơm



Hình 3. Hình ảnh nhận dạng kiểu gen của các mẫu giống bí xanh bằng chỉ thị BhSSR09292.
(A): Bí nếp; (B): Bí thơm

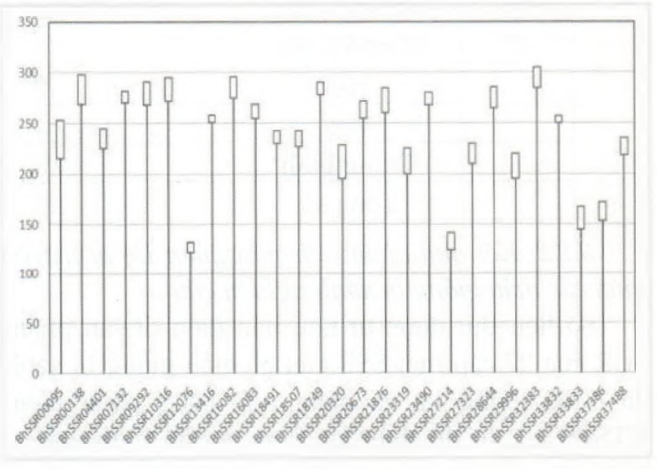


Hình 4. Hình ảnh nhận dạng kiểu gen của các mẫu giống bí xanh bằng chỉ thị BhSSR33832. (A): Bí nếp; (B): Bí thơm

Kết quả chạy điện di cho thấy alen thu được giữa các mồi khác nhau là rất khác nhau. Các alen được phân tích dựa trên sự có mặt hay vắng mặt của chúng ở các mẫu nghiên cứu (xuất hiện băng ADN được ký hiệu là 1 và 0 là không xuất hiện). Dựa vào mức đa hình của các phân đoạn ADN mà chúng ta có thể đánh giá mức độ khác nhau và nguồn gen nhau giữa các mẫu nghiên cứu.

Thống kê trên 27 locut SSR cho đa hình cho thấy, sản phẩm PCR là các băng có kích thước nằm trong khoảng từ 122 - 305 bp. Tuy nhiên, kích thước phổ biến của các alen thu được trong bộ mẫu giống nghiên cứu biến thiên trong khoảng từ 200 - 300 bp. Tại mỗi locut, kích thước các alen thu được trong tập đoàn nghiên cứu biến thiên trong khoảng từ 7 bp (BhSSR13416, BhSSR33832) cho đến 38 bp (BhSSR00095) (Hình 5).

Tổng số alen được phát hiện tại 27 locut là 81 alen. Số alen đa hình tại mỗi locut biến động từ 2 alen (BhSSR10316, BhSSR12076, BhSSR27323, BhSSR32383, BhSSR33832) đến 4 alen (BhSSR00138, BhSSR09292, BhSSR16083, BhSSR20320, BhSSR23319), trung bình đạt 3,00 alen/locut. Có 17/25 cặp mồi cho 3 alen (BhSSR00095, BhSSR04401, BhSSR07132, BhSSR13416, BhSSR16082, BhSSR18491, BhSSR18507, BhSSR18749, BhSSR20673, BhSSR21876, BhSSR23490, BhSSR27214, BhSSR28644, BhSSR29996, BhSSR33833, BhSSR37386, BhSSR37488).



Hình 5. Biến động kích thước alen tại các locut SSR

Hệ số PIC thu được tại 27 locut SSR nghiên cứu dao động từ 0,5 (BhSSR10316, BhSSR12076, BhSSR32383, BhSSR33832) đến 0,75 (BhSSR00138, BhSSR04401, BhSSR09292, BhSSR16083, BhSSR18507, BhSSR20320, BhSSR23319). Hệ số PIC trong nghiên cứu trung bình đạt được là 0,66 (Bảng 2).

Bảng 2. Thông tin đa hình các locut SSR ở các mẫu giống bí xanh nghiên cứu

TT	Tên mồi	NST	Số alen	Min alen (bp)	Max alen (bp)	PIC
1	BhSSR00095	1	3	215	253	0,67
2	BhSSR00138	1	4	269	298	0,75
3	BhSSR04401	2	3	225	245	0,75
4	BhSSR07132	3	3	270	282	0,66
5	BhSSR09292	3	4	268	291	0,75
6	BhSSR10316	4	2	272	295	0,5
7	BhSSR12076	4	2	122	132	0,5
8	BhSSR13416	5	3	251	258	0,66
9	BhSSR16082	5	3	275	296	0,66
10	BhSSR16083	6	4	255	269	0,75
11	BhSSR18491	6	3	230	242	0,67
12	BhSSR18507	7	3	227	242	0,75
13	BhSSR18749	7	3	278	290	0,66
14	BhSSR20320	7	4	195	228	0,75
15	BhSSR20673	8	3	255	272	0,66
16	BhSSR21876	8	3	260	285	0,67
17	BhSSR23319	9	4	200	225	0,75
18	BhSSR23490	9	3	268	280	0,67
19	BhSSR27214	9	3	125	142	0,67
20	BhSSR27323	9	2	210	230	0,5
21	BhSSR28644	10	3	265	286	0,66
22	BhSSR29996	10	3	195	220	0,66
23	BhSSR32383	11	2	285	305	0,50
24	BhSSR33832	11	2	250	257	0,50
25	BhSSR33833	12	3	145	167	0,67
26	BhSSR37386	12	3	153	172	0,66
27	BhSSR37488	12	3	218	235	0,66
	Min		2			0,5
	Max		4			0,75
	Trung bình		3			0,66
	Tổng số		81			

3.2.2. Kết quả phân tích mối quan hệ di truyền giữa các mẫu giống bí xanh nghiên cứu

Số liệu thu được từ tiêu bản điện di sản phẩm PCR của 27 cặp mồi SSR của 60 mẫu giống bí xanh đã được thống kê và phân tích bằng phần mềm NTSYS 2.1, từ đó thiết lập được sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền giữa các mẫu giống nghiên cứu (Hình 6). Kết quả phân tích cho thấy hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu giống bí xanh nghiên cứu dao động từ 0,82 đến 1,00; điều này chứng tỏ các mẫu giống bí có sự đồng nhất khá cao về mặt di truyền.

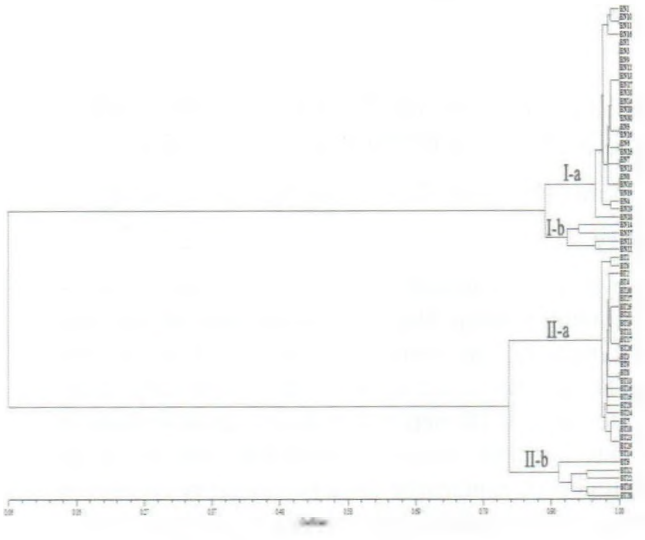
Tại mức tương đồng di truyền 0,82; 60 mẫu giống bí xanh chia thành 2 nhóm chính, mỗi nhóm gồm 30 mẫu giống. Tất cả 30 mẫu giống của giống Bí nếp đều xếp trong cùng một nhóm; tương tự, 30 mẫu giống của giống bí thơm trong một nhóm.

- Nhóm I gồm 30 mẫu giống bí nếp (BN1 - BN30), với hệ số tương đồng giữa các mẫu giống trong nhóm biến thiên trong khoảng 0,92 đến 1. Ở mức tương đồng di truyền 0,92 nhóm chính I phân tách thành 2 nhóm phụ I-a và I-b.

+ Nhóm phụ I-a gồm 26 mẫu giống Bí nếp, với hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,97 đến 1. Có 21 mẫu giống bí nếp thuộc 6 nhóm mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền là 1 đó là: cặp BN10 và BN11; nhóm BN2, BN3, BN9, BN12, BN13, BN17, BN20, BN24, BN28, BN30; cặp BN5 và BN26; cặp

BN6 và BN25; cặp BN7 và BN23; nhóm BN8, BN15, BN19.

+ Nhóm phụ I-b gồm 4 mẫu giống bí xanh BN14, BN27, Bn21 và BN22 với hệ số tương đồng di truyền từ 0,93 đến 0,96.



Hình 6. Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền của các mẫu giống bí xanh

- Nhóm II gồm 30 mẫu giống Bí thơm (BT1 - BT30), với hệ số tương đồng giữa các mẫu giống trong nhóm biến thiên trong khoảng 0,91 đến 1. Ở mức tương đồng di truyền 0,91 nhóm chính II phân tách thành 2 nhóm phụ II-a và II-b.

+ Nhóm phụ II-a gồm 25 mẫu giống bí thơm, với hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,98 đến 1. Có 17 mẫu giống bí thơm thuộc 5 nhóm mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền là 1 đó là: nhóm BT4, BT30, BT27, BT25, BT21, BT19 và BT11; cặp BT17 và BT26; cặp BT3 và BT9; cặp BT8 và BT13; nhóm BT10, BT23, BT14 và BT29.

+ Nhóm phụ II-b gồm 5 mẫu giống Bí thơm BT5, BT12, BT18, BT22 và BT28 với hệ số tương đồng di truyền từ 0,91 đến 0,97.

4. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Qua phân tích mối quan hệ di truyền dựa vào mức độ tương đồng di truyền cho thấy 60 mẫu giống bí xanh là có sự khác biệt và được phân tách thành 2 nhóm thuộc 2 giống bí xanh là bí nếp và bí thơm riêng biệt. Nhóm các mẫu giống bí nếp có 21 mẫu giống có độ đồng đều rất cao (hệ số tương đồng di truyền là 1). Nhóm các mẫu giống bí thơm có 17 mẫu giống có độ đồng đều rất cao (hệ số tương đồng di truyền là 1).

Phân tích đa dạng di truyền 60 mẫu giống bí xanh với 27 chỉ thị SSR đã ghi nhận mức độ đa alen không cao của các locut SSR khảo sát (từ 2 đến 4 alen/locut) với tổng alen thu được 81 alen.

Tại mức tương đồng di truyền 0,82 thì 60 mẫu giống phân thành 2 nhóm chính, tương ứng với 2 giống bí nếp và bí xanh. Nhóm các mẫu giống bí nếp có 26 mẫu giống có độ đồng đều rất cao (hệ số tương đồng di truyền 0,97 đến 1). Nhóm các mẫu giống bí thơm có 25/30 mẫu giống có độ đồng đều rất cao (hệ số tương đồng di truyền từ 0,98 đến 1). Như vậy, 26 mẫu giống Bí nếp và 25 mẫu giống bí thơm có sự đồng đều di truyền cao sẽ được chọn cho công tác phục tráng giống sau này.

4.2. Đề nghị

Sử dụng kết quả phân tích đa dạng di truyền giữa các giống bí xanh nghiên cứu làm cơ sở lựa chọn vật liệu để phục tráng giống bí nếp và bí thơm.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được thực hiện trong khuôn khổ đề tài "Nghiên cứu khai thác, phát triển nguồn gen Bí nếp và Bí thơm Sơn La tại một số tỉnh miền núi phía Bắc" thuộc Nhiệm vụ quỹ gen cấp Quốc gia, mã số NVQG-2021/ĐT.24 do Bộ Khoa học và Công nghệ cấp kinh phí.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Chi cục Thống kê huyện Mai Sơn (2021). Báo cáo diện tích, năng suất, sản lượng cây hằng năm năm 2021 của huyện Mai Sơn.

2. Đoàn Xuân Cảnh, Nguyễn Đình Thiều, Đỗ Thị Thủy, Nguyễn Thị Trang, Tống Văn Hải, Phùng Thị Duyên (2019). Nghiên cứu một số đặc điểm nông sinh học và đa dạng di truyền nguồn vật liệu bí xanh bằng chỉ thị phân tử AND. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam* - Số 12 (109)/2019: 149-155.

3. Qianmei Hu, Haiping Wang, Biao Jiang, Huayu Zhu, Xiaoming He, Pengyao Song, Jiangping Song, Sen Yang, Junjun Shen, Zheng Li, Hu Jianbin, Shouru Sun, Luming Yang (2021). Genome wide SSR development and their application in genetic diversity analysis in Wax gourd. Research Square, DOI: https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-147921/v1.

4. Doyle J. J. and J. L. Doyle, (1987). A rapid isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochem. Bull., 19: 11-15.

5. Rohlf, F. J. (2000). NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1. Exeter Publishing Setauket, New York.

6. Nei M. (1972). Genetic distance between population. The American Naturalist, 106: 283 - 292.

7. Mohammadi S. A., Prasanna B. M. (2003). Analysis of genetic dversity in crop plant - Salient satatistical tool and consideration. Crop. Sci., 43: 1235-1248.

EVALUATION OF GENETIC SIMILARITY AMONG INDIVIDUALS OF TWO LOCAL WAX GOURD VARIETIES (BI NEP AND BI THOM) COLLECTED IN MAI SON DISTRICT, SON LA PROVINCE

Pham Thi Xuan, Tran Danh Suu, Ha Minh Loan

Summary

The study on genetic similarity of 60 local wax gourd individuals (30 individuals of Bi nep and 30 individuals of Bi thom variety) collected from two communes, including Chieng Mai and Muong Bon of Mai Son district, Son La province was carried out by using 40 SSR markers. The results of the evaluation by the SSR indicator (Simple Sequence Repeats) showed that, at the genetic similarity level of 0.82, 60 individuals separated into 2 main groups, corresponding to 2 separate varieties (Bi nep and Bi thom). 26 individuals of Bi nep variety group were with high genetic uniformity (genetic similarity coefficient 0.97 to 1). 25 individuals of Bi thom variety group were also with high genetic uniformity (genetic similarity coefficient from 0.98 to 1). These individuals with very high genetic similarity will be used to restore the pure variety, contributing to the conservation and development of the genetic resources of Bi nep and Bi thom in Son La province as well as in some Northern mountainous provinces.

Keywords: *Wax gourd (Benincasa cerifera Savi), Bi nep variety, Bi thom variety, genetic similarity.*

Người phản biện: PGS.TS. Đặng Trọng Lương
Ngày nhận bài: 4/8/2022
Ngày thông qua phản biện: 5/9/2022
Ngày duyệt đăng: 23/9/2022