

## PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA ĐẬU TƯƠNG BẰNG CHỈ THỊ SSR

### Analysis of Genetic Diversity in Soybean Determined by SSR markers

Triệu Thị Thịnh<sup>1</sup>, Vũ Thị Thúy Hằng<sup>2</sup>, Vũ Đình Hòa<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Trường Trung cấp Nông nghiệp Sơn La, <sup>2</sup>Trường Đại học Nông nghiệp Hà Nội

\*Địa chỉ email tác giả liên lạc: vdhoa@hua.edu.vn

#### TÓM TẮT

Mục tiêu của thí nghiệm này nhằm phát hiện sự có mặt và mức độ đa hình thông qua chỉ thị phân tử SSR - lập lại trình tự đơn giản - của 36 mẫu giống đậu tương (*Glycine max* (L.) Merr.) có nguồn gốc khác nhau. Bảng chỉ thị SSR, 39 alen được phát hiện ở 10 SSR locut với hệ số tương đồng di truyền từ 0,38 đến 0,95 (trung bình là 0,67) và các mẫu giống được phân thành 2 nhóm chính. Năm chỉ thị SSR: Satt245, Satt309, Satt373, Satt521, and Satt556 có khả năng phân biệt tính đa hình của các mẫu giống đậu tương nghiên cứu. Về tổng thể, chỉ thị phân tử SSR sử dụng đã phát hiện tính đa hình và biểu thị khả năng phân loại các mẫu giống đậu tương. Thông tin phát hiện trong nghiên cứu này có thể sử dụng cho công tác chọn tạo giống đậu tương.

Từ khoá: Chỉ thị phân tử SSR, đa dạng di truyền, đậu tương, *Glycine max* (L.) Merr.

#### SUMMARY

The objective of this study was to detect the presence and the degree of simple sequence repeat (SSR) polymorphism in 36 soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] accessions of different origin. A total of 39 alleles were detected at 10 SSR marker loci clusters with genetic similarity coefficients ranging from 0.38 to 0.95 (average 0.67), and the soybean accessions were grouped into two main clusters. Five SSR markers, viz. Satt245, Satt309, Satt373, Satt521, and Satt556 were found successful in differentiation of the 36 soybean accessions studied. Overall, SSR markers were effective in revealing soybean diversity and showed good potential for differentiation of soybean germplasm. The information found in this study may be useful for soybean breeding programs.

Key words: Genetic diversity, *Glycine max* (L.) Merr., soybean, SSR markers.

### 1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Đậu tương [*Glycine max* (L.) Merr.] là cây trồng có giá trị dinh dưỡng cao và là nguồn thực phẩm quan trọng cho người và gia súc. Đậu tương còn có vai trò quan trọng trong hệ sinh thái nông nghiệp bền vững vì có khả năng cố định đạm và tăng độ phì tự nhiên cho đất (Smil, 1999).

Hệ gen đậu tương tương đối lớn, chứa khoảng 1,1 tỷ cặp bazơ (Nguyen, 2007). Đậu tương là một tứ bội thể có tỷ lệ các vùng lặp đoạn tương đối lớn phân bố trên các nhiễm sắc thể (Pagel và cs., 2004). Chọn lọc các tính trạng nông học chủ yếu, khả năng chống đổ và thời gian sinh trưởng đã và đang được áp

dụng trong các chương trình tạo giống nhằm cải tiến năng suất và khả năng thích nghi. Tuy nhiên, việc xác định giá trị kiểu gen của nhiều tính trạng nông học dựa vào sự biểu hiện kiểu hình thường gặp khó khăn do tính di truyền phức tạp và tương tác kiểu gen với môi trường. Cho đến nay, các phương pháp lai được áp dụng nhiều để tạo ra nguồn biến dị tái tổ hợp cho chọn lọc. Quá trình chọn giống sử dụng ít bố mẹ ưu tú lặp đi lặp lại dẫn đến nền di truyền hạn chế và làm tăng tính đồng nhất di truyền trong loài (Gizlice và cs., 1994). Việc tạo ra những thế hệ giống mới cải tiến chỉ có thể được tăng cường nhờ mở rộng các nguồn biến động di truyền, do

đó các chỉ tiêu chọn bố mẹ cần phải được xem xét không chỉ thông qua giá trị nông học mà cả sự khác biệt về di truyền. Các kiểu gen bố mẹ với những tính trạng nông học giống nhau nhưng đa dạng về di truyền tạo ra thế hệ con cái biến động di truyền cao (Cox và cs., 1985). Vì vậy, đánh giá sự đa dạng di truyền có vai trò quan trọng trong cung cấp thông tin cho quản lý và sử dụng hiệu quả nguồn vật liệu khởi đầu cho chọn tạo giống.

Sự đa dạng ở cây trồng có thể đánh giá dựa vào các đặc điểm hình thái, nông học và sự đa dạng ADN. Phương pháp dựa vào các tính trạng hình thái và nông học tuy đơn giản hơn nhưng có nhiều nhược điểm như biểu hiện kiểu hình bị chi phối bởi môi trường, giai đoạn sinh trưởng, phát triển của cây và thậm chí bởi tính chủ quan của chính người tiến hành thí nghiệm. Phân tích chỉ thị ADN là một phương pháp được nhiều nhà nghiên cứu quan tâm (Akkaya và cs., 1992; Narvel và cs., 2000; Chen và Nelson, 2005). Chỉ thị phân tử ADN là chỉ thị phân tích đa dạng di truyền hiệu quả và không bị chi phối bởi các yếu tố môi trường. Trong các chỉ thị phân tử như RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphism DNA), chỉ thị SSR (Simple Sequence Repeat) – một chỉ thị đồng trội biểu thị tính đa hình cao được coi là chỉ thị hữu ích để phát hiện sự đa dạng di truyền ở đậu tương (Akkaya và cs., 1992; Abe và cs., 2003; Hwang và cs., 2008; Wang và Takahata, 2007). Ở nước ta, chưa có nhiều tài liệu về đánh giá sự đa dạng di truyền để sử dụng nguồn gen đậu tương một cách hữu hiệu. Phạm Thị Be Tu và cs. (2003) sử dụng 20 chỉ thị RAPD đánh giá 50 mẫu giống đậu tương đã ghi nhận sự đa hình ở 17 chỉ thị. Tương tự, bằng 25 chỉ thị RAPD (Đinh Thị Phòng và Ngô Thị Lam Giang, 2008) cũng phát hiện 17 môi chỉ ra tính đa hình, trong đó có 3 môi cho tính đa hình cao. Trong nghiên cứu này, chỉ thị phân tử SSR được sử dụng nhằm phân tích đa dạng di

truyền của nguồn vật liệu đậu tương địa phương, nhập nội và các giống cải tiến và thiết lập mối quan hệ giữa chúng.

## 2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu

36 mẫu giống đậu tương có nguồn gốc khác nhau (Bảng 1) gồm 14 mẫu giống nhập nội, 17 mẫu giống địa phương, còn lại là giống được cải tiến trong nước do Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển đậu đỗ, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam cung cấp được sử dụng để đánh giá sự đa dạng di truyền kết dựa vào chỉ thị phân tử microsatellite - lặp lại trình tự đơn giản, SSR.

### 2.2. Tách chiết ADN

ADN genom được tách chiết từ lá non của các mẫu giống đậu tương. Mẫu lá thu thập từ 5 - 10 cá thể của mỗi kiểu gen được nghiền bằng chày và cối trong dung dịch Tris-HCl+SDS+H<sub>2</sub>O rồi chuyển sang ống eppendorf 1,5 ml; ủ mẫu ở 65°C trong 15 phút và tiến hành đảo 2 lần. Sau đó cho 200 µl 5MK-acetate, lắc nhẹ rồi để trên đá 30 phút (có thể để qua đêm trong tủ lạnh); ly tâm ở 12.000 vòng/phút ở 20°C trong 20 phút; hút 600 µl dung dịch nổi sang ống eppendorf 1,5 ml mới; ly tâm ở 12.000 vòng/phút ở 20°C trong 20 phút; hút 500 µl dung dịch nổi sang ống eppendorf 1,5 ml mới; cho 500 µl ethanol (cồn tuyệt đối), lắc đều rồi ly tâm ở 12.000 vòng/phút ở 20°C trong 20 phút và loại bỏ dịch nổi; sau đó tiến hành rửa 2 - 3 lần bằng cách cho 500 µl ethanol 70%, lắc đều rồi ly tâm với 12.000 vòng/phút ở 20°C trong 5 phút và loại bỏ dịch nổi. Để khô ở 37°C trong 30 phút rồi hòa tan trong 50 µl TE, lắc đều và bảo quản trong tủ lạnh ở -20°C. Kiểm tra chất lượng ADN tách chiết bằng điện di.

### 2.3. Phản ứng PCR

10 cặp môi SSR được chọn dựa theo Wang và Takahata (2007) (Bảng 2).

**Bảng 1. Các mẫu giống đậu tương sử dụng trong đánh giá đa dạng di truyền**

Số SSR	Mẫu giống	Nguồn gốc	Số SSR	Mẫu giống	Nguồn gốc
1	DT84	Đột biến từ dòng lai 8-33	19	ĐH <sub>4</sub> tím	Nhập nội từ Trung Quốc
2	K6844	Giống nhập nội	20	Thanh Tiên	Giống địa phương
3	K9133 dạng 1	Giống nhập nội	21	DT99	Đột biến
4	N <sub>0</sub> -515526	Giống nhập nội	22	Phú Bình	Giống địa phương
5	G82	Giống nhập nội	23	D907	Chọn tạo trong nước
6	4923	Giống nhập nội	24	H-666-1	Giống nhập nội
7	4924	Giống nhập nội	25	Đậu Miên	Giống địa phương
8	Palga	Giống nhập nội	26	Đậu Trắng Thuận Châu	Giống địa phương
9	4981	Giống địa phương	27	Minh Tân	Giống địa phương
10	4988	Giống địa phương	28	6666	Giống địa phương
11	Đậu Bont	Giống địa phương	29	Tuần Giáo	Giống địa phương
12	D140	Tạo từ tổ hợp lai: DL <sub>02</sub> x ĐH <sub>4</sub>	30	Phong Niên	Giống địa phương
13	Đậu Phú Yên Gia Lai 1	Giống địa phương	31	Tai Wan 1	Giống nhập nội
14	ĐT2000	Nhập từ Đài Loan	32	Sơn La	Giống địa phương
15	Bắc Ngâm	Giống địa phương	33	Ba Bể	Giống địa phương
16	AK06	Chọn từ dòng từ giống nhập nội	34	Pogla	Giống nhập nội
17	Thái Giao	Giống địa phương	35	ĐVN10	Chọn tạo trong nước
18	AU6	Nhập nội từ Úc	36	Đậu Mỹ	Giống địa phương (thu thập từ Gia Lai)

**Bảng 2. 10 cặp mỗi SSR được sử dụng trong thí nghiệm**

Kí hiệu	Trình tự cặp mỗi
Satt228	F - tcataacgtaagagatggtaaaact R - cattataagaaaacgtgctaaga
Satt230	F - ccgtcaccgtaataaaaatagcat R - ctccccaaatttaacctaaaga
Satt242	F - gcgtgatcaggtcgattttattgt R - gcgagtccaactaaactctttatga
Satt245	F - aacgggagtaggacattttatt R - gcgcctcctgaattcaagaatgaaga
Satt279	F - gcgcaaaaggacgccaccaatag R - gcggtgatcggatgtatagttcag
Satt309	F - gcgcctcaaattggcgtct R - gcgccttaataaaaaccgaaaact
Satt373	F - tccgcgagataaattcgtaaat R - ggccagatacccaagttgactgt
Satt521	F - gcgctcactctgggtagtagtag R - gcgtagataacgacacattatta
Satt556	F - gcgataaaaccgataaataa R - gcggtgtgcacctgtttct
Satt565	F - gcgcccgaactgtataacctaata R - gcgctcttatgatgttcataata

Phản ứng PCR được thực hiện trên máy PCR iCycler, với thể tích phản ứng 25  $\mu$ l, chứa 100 ng ADN tổng số, 10 pmol mỗi loại mỗi, 200  $\mu$ M mỗi loại dNTPs, 1U Taq DNA polymerase, 2  $\mu$ l của 10 x BF Dream và nước. Chu kỳ nhiệt cho phản ứng PCR - SSR được lập trình như sau (1) 95°C trong 3 phút, (2) 95°C trong 30 giây, (3) 50 - 60°C trong 30 giây, (4) 72°C trong 1 phút và 35 chu kỳ lặp lại từ (2) đến (4), (5) 72°C trong 5 phút và sau đó giữ lạnh ở 4°C.

#### 2.4. Điện di và score vạch

12 - 15  $\mu$ l sản phẩm PCR được điện di trên agarose 3% ở 100V trong 2 giờ ở dung dịch đệm 1 x Tris-acetate-EDTA (TAE). Sau đó, gel được nhuộm trong Ethidium Bromide 0,5 g/ml 15 phút và soi dưới đèn UV và chụp ảnh. Các băng trên gel được xác định và quy ước (0) không có băng và (1) có băng.

#### 2.5. Xử lý số liệu

Hệ số tương đồng di truyền Jaccard và phương pháp UPGMA trong NTSYSpc phiên bản 2.1 được sử dụng để phân tích, đánh giá sự đa dạng di truyền, phân tổ (cây di truyền) và phân tích tọa độ chính.

Nội dung thông tin đa hình (PIC - Polymorphic Information Content) cho mỗi locut chỉ thị SSR (i) được tính theo công thức sau:

$$PIC(i) = 1 - P_{ij}^2$$

Trong đó:  $P_{ij}$  là tần suất allen thứ j với locut SSR thứ i.

### 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Tất cả 10 cặp môi đều cho xuất hiện băng ADN (allen) với kích thước trong khoảng 47 - 300 bp. Kết quả thu được tổng số 39 allen/10 locus với giá trị trung bình là 3,9 allen/1 locus và số băng đa hình là 34 (chiếm 87,18%). Số lượng allen/1 locus dao

động từ 1 đến 7, với locus Satt521 biểu hiện số allen lớn nhất, trong khi đó locus Satt230 biểu hiện đơn hình (Bảng 3). Như vậy, 10 môi sử dụng cho tỷ lệ số băng đa hình khá cao (70 - 100%). Tuy nhiên, số allen trung bình trên một locus tương đối thấp so với trung bình 10,4 allen được phát hiện của Hudcovicova và Kraic (2003), Narvel và cs. (2000), tương ứng ở 18 và 74 SSR locut. Số lượng allen thấp trong thí nghiệm này có lẽ do số lượng và loại chỉ thị sử dụng, số lượng các mẫu giống không lớn hoặc có sự đa dạng di truyền thấp hơn. Phần lớn giá trị PIC dao động từ 0,64 - 0,80, trừ chỉ thị Sat230 với giá trị (PIC = 0 và cũng là locut chỉ có một allen. Locus cho giá trị PIC cao nhất là Satt521 (PIC = 0,8) (Bảng 3). Trong 36 mẫu giống đậu tương nghiên cứu, có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,38 đến 0,95 với giá trị trung bình 0,67, hay sự khác biệt di truyền giữa các mẫu giống là 5 - 62%.

Mức đa hình cao tương ứng với độ biến động di truyền giữa các mẫu giống đậu tương. Hệ số tương đồng Jaccard biến động từ 0,38 đến 0,95 (Bảng 4) chứng tỏ đa dạng di truyền tồn tại ở các mẫu giống đậu tương nghiên cứu nhưng không quá lớn. Hệ số tương đồng cao nhất được phát hiện giữa Đậu Miên - Minh Tân (0,95), DT84 - K6844 và AU6 - 6666 (Bảng 4). Mối quan hệ này được hỗ trợ bằng hình cây qua kết quả phân tích tổ (Hình 1) và phân tích tọa độ chính (Hình 2). Giá trị tương đồng cao chứng tỏ sự tồn tại dòng chu chuyển gen và trao đổi nguồn gen và mức độ chọn lọc ở đậu tương khá cao. Hệ số tương đồng thấp nhất (0,38) được xác định giữa Tuần giáo - Minh Tân (Bảng 3). Về mặt hình thái, hai mẫu giống này cũng tương đối khác biệt. Tuần giáo có hoa màu trắng, quả màu nâu, rốn hạt màu nâu, hạt hình trứng, trong khi đó Minh Tân có hoa màu tím đậm, quả màu đen, rốn hạt màu nâu nhạt, hạt hình elip.



**Bảng 4. Ma trận tương đồng di truyền từng cặp giữa 36 mẫu giống đậu tương**

SSR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36				
1	1.00																																							
2	0.95	1.00																																						
3	0.52	0.52	1.00																																					
4	0.65	0.65	0.60	1.00																																				
5	0.83	0.83	0.62	0.74	1.00																																			
6	0.74	0.74	0.77	0.70	0.89	1.00																																		
7	0.81	0.81	0.60	0.61	0.74	0.70	1.00																																	
8	0.55	0.61	0.69	0.75	0.65	0.67	0.63	1.00																																
9	0.53	0.53	0.59	0.79	0.63	0.53	0.48	0.69	1.00																															
10	0.59	0.65	0.60	0.78	0.69	0.76	0.67	0.75	0.67	1.00																														
11	0.76	0.76	0.53	0.67	0.63	0.59	0.78	0.63	0.42	0.6	1.00																													
12	0.72	0.78	0.55	0.63	0.71	0.72	0.74	0.65	0.50	0.74	0.80	1.00																												
13	0.73	0.73	0.47	0.65	0.62	0.63	0.70	0.61	0.54	0.75	0.70	0.82	1.00																											
14	0.77	0.72	0.56	0.68	0.76	0.67	0.63	0.65	0.63	0.53	0.68	0.65	0.57	1.00																										
15	0.68	0.68	0.65	0.70	0.72	0.73	0.85	0.67	0.54	0.60	0.75	0.67	0.59	0.71	1.00																									
16	0.55	0.60	0.55	0.62	0.58	0.65	0.62	0.63	0.50	0.67	0.62	0.74	0.74	0.63	0.70	1.00																								
17	0.53	0.53	0.58	0.54	0.61	0.74	0.54	0.61	0.47	0.54	0.43	0.61	0.54	0.67	0.68	0.75	1.00																							
18	0.65	0.65	0.56	0.76	0.68	0.70	0.67	0.68	0.62	0.62	0.71	0.68	0.70	0.73	0.83	0.8	0.70	1.00																						
19	0.71	0.71	0.57	0.54	0.60	0.67	0.78	0.59	0.42	0.59	0.78	0.70	0.71	0.56	0.76	0.64	0.62	0.77	1.00																					
20	0.50	0.56	0.69	0.74	0.59	0.61	0.57	0.71	0.81	0.63	0.51	0.53	0.51	0.59	0.67	0.63	0.56	0.78	0.60	1.00																				
21	0.60	0.60	0.61	0.76	0.63	0.70	0.67	0.74	0.67	0.71	0.62	0.59	0.65	0.68	0.74	0.67	0.65	0.88	0.77	0.83	1.00																			
22	0.73	0.73	0.47	0.55	0.67	0.68	0.75	0.56	0.49	0.60	0.75	0.82	0.77	0.62	0.73	0.74	0.68	0.83	0.89	0.62	0.74	1.00																		
23	0.65	0.60	0.56	0.67	0.68	0.70	0.62	0.58	0.62	0.52	0.57	0.58	0.57	0.77	0.74	0.71	0.79	0.83	0.72	0.73	0.79	0.78	1.00																	
24	0.61	0.67	0.63	0.63	0.60	0.71	0.73	0.65	0.47	0.73	0.68	0.75	0.76	0.56	0.67	0.73	0.62	0.72	0.78	0.65	0.81	0.76	0.64	1.00																
25	0.67	0.72	0.63	0.58	0.76	0.87	0.74	0.65	0.46	0.79	0.63	0.81	0.67	0.60	0.76	0.78	0.77	0.73	0.74	0.59	0.68	0.81	0.68	0.74	1.00															
26	0.71	0.71	0.63	0.78	0.75	0.76	0.78	0.61	0.63	0.68	0.68	0.70	0.67	0.74	0.89	0.73	0.67	0.85	0.65	0.75	0.81	0.71	0.77	0.74	0.74	1.00														
27	0.73	0.73	0.59	0.55	0.77	0.83	0.80	0.72	0.49	0.75	0.65	0.77	0.68	0.67	0.82	0.74	0.73	0.74	0.76	0.56	0.70	0.82	0.7	0.71	0.95	0.80	1.00													
28	0.64	0.64	0.59	0.74	0.67	0.73	0.65	0.50	0.65	0.70	0.65	0.67	0.68	0.71	0.77	0.74	0.73	0.94	0.79	0.81	0.94	0.81	0.86	0.79	0.76	0.83	0.77	1.00												
29	0.55	0.55	0.45	0.50	0.44	0.41	0.50	0.69	0.48	0.43	0.57	0.52	0.44	0.53	0.44	0.39	0.48	0.41	0.42	0.44	0.41	0.44	0.41	0.42	0.40	0.42	0.38	0.40	1.00											
30	0.70	0.75	0.55	0.82	0.68	0.65	0.77	0.63	0.72	0.82	0.67	0.74	0.74	0.63	0.70	0.62	0.50	0.67	0.59	0.68	0.71	0.60	0.62	0.73	0.63	0.77	0.65	0.70	0.52	1.00										
31	0.70	0.70	0.60	0.72	0.69	0.70	0.83	0.69	0.48	0.72	0.83	0.74	0.65	0.63	0.85	0.67	0.54	0.71	0.73	0.57	0.67	0.70	0.67	0.68	0.74	0.78	0.75	0.70	0.43	0.72	1.00									
32	0.70	0.76	0.60	0.72	0.69	0.70	0.83	0.69	0.48	0.67	0.83	0.80	0.65	0.63	0.85	0.67	0.59	0.71	0.73	0.57	0.62	0.70	0.62	0.68	0.74	0.73	0.70	0.65	0.57	0.77	0.89	1.00								
33	0.72	0.67	0.62	0.74	0.71	0.72	0.80	0.65	0.50	0.63	0.80	0.70	0.62	0.70	0.87	0.63	0.61	0.73	0.70	0.53	0.63	0.67	0.68	0.60	0.70	0.75	0.72	0.67	0.52	0.68	0.91	0.91	1.00							
34	0.65	0.65	0.55	0.82	0.63	0.65	0.67	0.69	0.72	0.77	0.62	0.63	0.65	0.59	0.60	0.57	0.55	0.71	0.68	0.74	0.80	0.65	0.71	0.73	0.63	0.68	0.60	0.78	0.52	0.86	0.62	0.67	0.63	1.00						
35	0.82	0.82	0.54	0.56	0.71	0.72	0.79	0.56	0.50	0.60	0.74	0.76	0.72	0.67	0.77	0.65	0.64	0.78	0.92	0.62	0.73	0.89	0.73	0.75	0.80	0.75	0.85	0.80	0.40	0.65	0.70	0.70	0.67	0.70	1.00					
36	0.62	0.62	0.50	0.68	0.54	0.51	0.68	0.71	0.63	0.63	0.68	0.59	0.71	0.70	0.62	0.63	0.51	0.73	0.70	0.65	0.77	0.67	0.68	0.70	0.50	0.60	0.52	0.71	0.53	0.73	0.63	0.68	0.65	0.73	0.62	1.00				

Sơ đồ hình cây xây dựng bằng chương trình UPGMA dựa vào hệ số Jaccard (Hình 1), chia 34/36 mẫu giống (trừ Tuần Giáo và K9133 dạng 1) thành 2 nhóm chính. Nhóm 1 được phân thành hai nhóm phụ. Nhóm phụ thứ nhất gồm 17 mẫu giống: DT84, K6844, G82, 4923, Đậu Miên, Minh Tân, D140, Đậu Phú Yên GL1, ĐH4, ĐVN10, Phú Bình, H-666-1, 4924, Taiwan1, Ba Bể, Sơn La, và Đậu Bont. Nhóm phụ thứ 2 gồm 9 mẫu giống: DT2000, Bắc Ngâm, Đậu trắng Thuận Châu, AU6, 6666, DT99, D907, AK06 và Thái Giao.

Nhóm 2 cũng gồm hai nhóm phụ. Nhóm phụ thứ nhất gồm 7 mẫu giống: NO-515526, Phong Niên, Polga, 4988, Palga, 4981 và Thanh Tiên. Nhóm phụ thứ hai chỉ có duy nhất mẫu giống Đậu Mỹ.

#### 4. KẾT LUẬN

Với 10 chỉ thị phân tử SSR đã phát hiện 39 allel ở 36 mẫu giống đậu tương với hệ số tương đồng di truyền từ 0,38 đến 0,95. Trong 5 chỉ thị SSR: Satt245, Satt309, Satt373, Satt521 và Satt556 có khả năng phân biệt tính đa hình của các mẫu giống đậu tương nghiên cứu khá rõ rệt. Về tổng thể, chỉ thị phân tử SSR sử dụng đã phát hiện tính đa hình và biểu thị khả năng phân loại các mẫu giống đậu tương. Thông tin phát hiện trong nghiên cứu này có thể sử dụng cho công tác chọn tạo giống đậu tương.

#### CẢM ƠN

Các tác giả cảm ơn Trung tâm Tài nguyên Di truyền thực vật, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam và TS. Vũ Đình Chính, Bộ môn Cây công nghiệp, Trường Đại học Nông nghiệp Hà Nội đã cung cấp nguồn giống đậu tương cho nghiên cứu này.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

Abe J, Xu DH, Suzuki Y, Kanazawa A, Shimamoto Y (2003). Soybean germplasm

pools in Asia revealed by nuclear SSRs. *Theoretical and Applied Genetics* 106, 445-453.

Chen Y, Nelson RL (2005). Relationship between origin and genetic diversity in Chinese soybean germplasm. *Crop Science* 45, 1645-1652.

Cox T.S., Kiang JY T., Gorman M. B., Rodgers D. M. (1985). Relationship between coefficient of parentage and genetic similarity indices in soybean. *Crop Sci.*, 25: 529-532.

Đình Thị Phòng và Ngô Thị Lam Giang (2008). Phân tích mối quan hệ di truyền của 19 giống đậu tương bằng chỉ thị RAPD. *Tạp chí Công nghệ sinh học* 6: 327-334.

Gizlice, Z. Carter T.E., and Burton J. W. (1994). Genetic base for North American soybean cultivars released between 1947 and 1988. *Crop Sci.* 34: 1143-1151.

Hudcovicova M. and Kraic J. (2003). Utilisation of SSRs for characterisation of the soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic resources. *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 39: 120-126.

Hwang T-Y, Nakamoto Y, Kono I, Enoki H, Funatsuki H, Kitamura K, Ishimoto M (2008). Genetic diversity of cultivated and wild soybeans including Japanese elite cultivars as revealed by length polymorphism of SSR markers. *Breeding Science* 58, 315-323.

Narvel J.M., Fehr W.R., Chu W.C., Grant D. Shoemaker R.C. (2000). Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions and elite genotypes. *Crop Sci.* 40:1452-1458.

Nguyen, H. T., Wu X. L., Vuong T. D., Sleper D. A., Shanon G. J. Stacy G. (2007). Genome maps, genetic diversity and marker assisted selection for soybean improvement. *Molecular Plant Breeding*, 5: 196-198.

Pagel, J. Walling J. G. Young N. D. Shoemaker R.C. and Jackson S.A. (2004)

- Segmental duplications within the Glycine max genome by fluorescence in situ hybridization of bacterial artificial chromosomes. *Genome*, 47: 764-768.
- Pham Thi Be Tu, Nguyen Thi Lang and Bui Chi Buu (2003). Soybean genetic diversity analysis. *Omono Rice* 11:138-142.
- Singh R.J., Hymowitz T (1999). Soybean genetic resources and crop improvement. *Genome* 42, 605.
- Smil V (1999). Nitrogen in crop production: An account of global flows. *Global Biogeochem Cycles* 13: 647-633.
- Wang K-J. and Takahata Y. (2007). A preliminary comparative evaluation of genetic diversity between Chinese and Japanese wild soybean (*Glycine soja*) germplasm pools using SSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 54, 157-165.