

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA CÁC MẪU GIỐNG VỪNG (*Sesamum indicum* L.) SỬ DỤNG CHỈ THỊ SSR VÀ SRAP

Nguyễn Tài Toàn^{1*}, Trần Tú Ngà², Vũ Văn Liết², Nguyễn Quốc Trung³

¹*Khoa Nông lâm ngư, Trường đại học Vinh*

²*Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

³*Khoa Công nghệ sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

Email*: toannguyentai@gmail.com

Ngày gửi bài: 27.06.2016

Ngày chấp nhận: 03.04.2017

TÓM TẮT

Cây vừng (*Sesamum indicum* L.) là cây lấy dầu quan trọng và dầu có chất lượng cao, giàu chất chống oxy hóa. Nghiên cứu mối quan hệ di truyền của các mẫu giống vừng có ý nghĩa quan trọng đối với bảo tồn và sử dụng nguồn gen, tuy nhiên ứng dụng chỉ thị phân tử trong nghiên cứu cây vừng còn rất hạn chế. Trong nghiên cứu này, chúng tôi trình bày kết quả phân tích đa dạng di truyền của 56 mẫu giống vừng dựa vào mức độ đa hình của chỉ thị phân tử. Nghiên cứu sử dụng 15 chỉ thị (10 chỉ thị SSR và 5 chỉ thị SRAP), trong đó có 3 chỉ thị đơn hình và 12 chỉ thị đa hình với tổng số 34 allel đa hình, chiếm tỷ lệ trung bình 2,3 allel trên một locus. Tỷ lệ băng đa hình dao động từ 66,7 - 100% và đạt bình quân là 80,9%. Hệ số tương đồng di truyền của 56 mẫu giống vừng dao động từ 0,52 - 0,97, ở mức tương đồng 0,70 đã chia 56 mẫu giống thành 7 nhóm, trong đó nhóm 1 nhiều nhất với 35 mẫu giống, tiếp theo là nhóm 2 với 17 mẫu giống.

Từ khóa: chỉ thị SSR và SRAP, đa dạng di truyền, cây vừng.

Assessment of Genetic Diversity of Sesame Accessions (*Sesamum indicum* L.) Using SSR and SRAP Markers

ABSTRACT

Sesame (*Sesamum indicum* L.) is an important oilseed crop with high-quality seed oil and richness in antioxidant substances. The genetic relationship analysis of sesame is important for genetic conservation and exploration. In this research, we reported the results on analysis of genetic diversity of 56 sesame accessions by using DNA markers. Among 15 markers (10 SSR and 5 SRAP markers) used, 3 were monomorphic and 12 were polymorphic with a total of 34 alleles and an average of 2.3 alleles per locus. The proportion of polymorphic bands ranged from 66.7 to 100% and reached 80.9% on average. Genetic similarity coefficient of 56 sesame accessions ranged from 0.52 to 0.97. At 0.70 similarity, 56 accessions were divided into 7 groups, the largest group with 35 accessions, followed by group 2 with 17 accessions.

Keywords: SSR and SRAP marker, genetic diversity, sesame.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Vừng (*Sesamum indicum* L.) là một cây lấy dầu quan trọng thuộc họ *Pedaliaceae*. Cây vừng được xem là “Nữ hoàng” của cây có dầu dựa trên ưu điểm tuyệt hảo của dầu vừng (Falusi *et al.*, 2001). Hàm lượng dầu trong hạt vừng biến động từ 34,4 - 59,8% (Ashri, 1998). Theo FAOSTAT

(2013), thế giới có khoảng 9,4 triệu ha vừng, trong đó châu Á có 4,38 triệu ha và châu Phi 4,74 triệu ha. Năng suất vừng bình quân đạt khoảng 5,74 tạ/ha, Trung Quốc là nước dẫn đầu về năng suất đạt 13,25 tạ/ha, tiếp theo là Ethiopia đạt 7,64 tạ/ha. Ở Việt Nam, vừng được trồng ở nhiều vùng sinh thái trong cả nước với diện tích biến động từ 40.000 - 50.000 ha, sản

lượng khoảng 22.000 tấn. Nguồn gen đa dạng là cơ sở rất quan trọng để sử dụng các gen, allele phong phú trong các phép lai khác nhau, đồng thời, đa dạng di truyền còn là cơ sở để tạo các biến dị tái tổ hợp theo mục tiêu chọn tạo giống. Hiện nay, các nghiên cứu theo hướng đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen ở cây vừng tại Việt Nam còn rất hạn chế, mới chỉ có các công trình của Phạm *et al.* (2009); Nguyễn Thị Mai Thúy và Nguyễn Văn Mùi (2011). Việc nghiên cứu đa dạng di truyền có thể được xác định dựa trên các đặc tính nông sinh học và hình thái cũng như phân tích isozyme và chỉ thị DNA (Geleta *et al.*, 2008). Tuy nhiên, các đặc điểm nông sinh học và hình thái thường chịu ảnh hưởng lớn với yếu tố môi trường. Do đó, việc nghiên cứu bằng chỉ thị phân tử có thể hạn chế được các nhược điểm trên. Ngày nay, các phương pháp dựa trên kỹ thuật PCR như AFLP, SSR, ISSR, SRAP và RAPD đã được sử dụng phổ biến trong nghiên cứu đa dạng di truyền ở cây vừng ở trên thế giới (Phạm *et al.*, 2009). Trong đó, chỉ thị SSR và SRAP là công cụ mạnh để phân tích đa dạng di truyền nguồn gen cây vừng bởi vì chúng thường là chỉ thị đồng trội, khả năng lặp lại cao, tần suất lớn, nhận biết allele đa hình cao, đã được sử dụng phổ biến và hiệu quả nhất để đánh giá nguồn gen cây vừng (Zhang *et al.*, 2010, 2012 a, b; Yepuri *et al.*, 2013; Wu *et al.*, 2014; Pandey *et al.*, 2015). Trong nghiên cứu này, chỉ thị SSR và SRAP được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền của 56 mẫu giống vừng được thu thập trong nước và nhập nội nhằm phục vụ cho các chương trình chọn tạo giống vừng.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu gồm 56 mẫu giống vừng có nguồn gốc khác nhau (Bảng 1): 31 mẫu giống vừng thu thập tại Nghệ An, 6 mẫu thu thập tại Hà Tĩnh, 3 mẫu thu thập tại Thanh Hóa, 4 mẫu thu thập tại Quảng Bình, 2 mẫu thu thập tại Quảng Trị, 2 mẫu thu thập tại Lào và 8 mẫu thu thập tại Thái Lan.

10 chỉ thị SSR và 5 chỉ thị SRAP (Bảng 2) đã được sử dụng dựa trên công bố của Zhang *et*

al. (2012 a, b) và được tổng hợp bởi Công ty ITD (Mỹ). Tại Việt Nam, các mẫu này được Công ty TNHH Phát triển Công nghệ ứng dụng Việt Nam (VN DAT CO., LTD) phân phối.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.2. Phân tích đa dạng di truyền sử dụng chỉ thị phân tử

Tách chiết DNA:

Gieo trồng 56 mẫu giống đến khi cây vừng có từ 3 - 5 lá. Mỗi mẫu giống tiến hành lấy lá từ 3 - 5 cây để tách DNA theo phương pháp CTAB của Doyle *et al.* (1987), có cải tiến theo Phòng thí nghiệm Chọn giống phân tử, Trung tâm Nghiên cứu cây trồng Việt Nam - Nhật Bản, Học viện Nông nghiệp Việt Nam, cụ thể như sau: Làm ẩm dung dịch CTAB trong tủ ấm ở 65°C. Nghiền 100 mg lá với nitor lỏng bằng chày cối. Thêm 700 µl dung dịch đệm 2X CTAB, 20 µl β-mercaptoethanol và nghiền kỹ lại. Chuyển dịch sang ống eppendorf 1,5 mL. Ủ mẫu ở 65°C trong 30 phút. Thêm 500 µl CIA (24 chloroform: 1 isoamylalcohol) lắc trong 30 phút. Ly tâm 14.000 vòng/phút ở 20°C trong 15 phút và sau đó hút phần dịch nổi phía trên sang ống mới. Thêm 1 V tương đương Isopropanol và đặt trong đá 15 phút. Ly tâm 14.000 vòng/phút ở 4°C trong 10 phút. Đổ bỏ phần dung dịch. Thêm 500 µl ethanol 70% để rửa rửa. Ly tâm 14.000 vòng/phút ở 4°C trong 5 phút, sau đó đổ bỏ dung dịch. Làm khô ethanol còn lại trong ống. Thêm 30 µl dung dịch TE 0,1X vào mỗi ống để hòa tan kết tủa.

Phản ứng PCR:

Sự khuếch đại PCR được tiến hành trên máy PCR (Hãng ABI) trong 20 µl, bao gồm 10 µl dung dịch đệm Go Taq® Green Master Mix 2X, 1 µl cho từng thành phần trong 4 loại dNTPs, 1 µl cho DNA khuôn, 2 µl /mỗi 10 µM và 5 µl Nuclease-Free Water. Chu trình nhiệt cho phản ứng PCR như sau: (1) 95°C trong 3 phút, (2) 94°C trong 20 giây, (3) 45°C cho chỉ thị SRAP hoặc 55°C cho chỉ thị SSR trong 30 giây, (4) 72°C trong 40 giây, 36 chu kỳ lặp lại từ (2) đến (4), (5) 72°C trong 5 phút và sau đó được giữ lạnh ở 4°C.

Bảng 1. Danh sách 56 mẫu giống vừng nghiên cứu

TT	Mẫu giống	Nguồn gốc	TT	Mẫu giống	Nguồn gốc
1	VTC ₁	Thanh Chương - Nghệ An	29	VDLC ₁₀	Đô Lương - Nghệ An
2	VTL ₂	Chiang Mai, Thái Lan	30	VBTB ₂	Viện KHKTNN BTB
3	VQL	Quỳnh Lưu - Nghệ An	31	VQB ₁	Quảng Phương, Quảng Bình
4	VDL ₁	Đô Lương - Nghệ An	32	VQB ₂	Quảng Phương, Quảng Bình
5	VTL ₁	Ratchasima, Thái Lan	33	VQT ₁	Gio Linh, Quảng Trị
6	VDL ₂	Đô Lương - Nghệ An	34	VDLC ₃	Đô Lương - Nghệ An
7	VTL ₃	Chiang Mai, Thái Lan	35	VL ₂	Xiêng Khoáng, Lào
8	VDHK ₁	Hương Khê - Hà Tĩnh	36	VDLC ₉	Đô Lương - Nghệ An
9	VTTH	Hoàng Hóa - Thanh Hóa	37	VBTB _{8HH}	Viện KHKTNN BTB
10	VDVQ	Vũ Quang - Hà Tĩnh	38	VBTB _{4HH}	Viện KHKTNN BTB
11	VNL	Nghi Lộc - Nghệ An	39	VTC ₃	Thanh Chương - Nghệ An
12	VHH	Hoàng Hóa - Thanh Hóa	40	VQB ₃	Quảng Phương, Quảng Bình
13	VTL ₄	Ratchasima, Thái Lan	41	VTL ₈	Chiang Mai, Thái Lan
14	VTL ₅	Ratchasima, Thái Lan	42	VDHK ₂	Hương Khê - Hà Tĩnh
15	VTL ₆	Ratchasima, Thái Lan	43	VAS ₄	Anh Sơn - Nghệ An
16	VDL ₃	Đô Lương - Nghệ An	44	VTC ₄	Thanh Chương - Nghệ An
17	VDL ₄	Đô Lương - Nghệ An	45	VBTB ₃	Viện KHKTNN BTB
18	VTC ₂	Thanh Chương - Nghệ An	46	VDLC ₈	Đô Lương - Nghệ An
19	VAS ₁	Anh Sơn - Nghệ An	47	VDLC ₂₋₁₋₂	Đô Lương - Nghệ An
20	VBTB ₆	Viện KHKTNN BTB	48	VTH	Hoàng Hóa - Thanh Hóa
21	VCL	Can Lộc, Hà Tĩnh	49	VDLC ₃₋₁	Đô Lương - Nghệ An
22	VLH	Lộc Hà - Hà Tĩnh	50	VBTB ₄	Viện KHKTNN BTB
23	VL ₁	Xiêng Khoáng, Lào	51	VDLC ₁₀₋₁	Đô Lương - Nghệ An
24	VTL ₇	Chiang Mai, Thái Lan	52	VDLC ₂₋₂	Đô Lương - Nghệ An
25	VDL ₅	Đô Lương - Nghệ An	53	VQT ₂	Gio Linh, Quảng Trị
26	VDLC ₁	Đô Lương - Nghệ An	54	VBTB ₅	Viện KHKTNN BTB
27	VDLC ₂₋₁	Đô Lương - Nghệ An	55	VQB ₄	Quảng Phương, Quảng Bình
28	VBTB ₁	Viện KHKTNN BTB	56	VDHS	Hương Sơn - Hà Tĩnh

Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 4% ở hiệu điện thế 150 V, cường độ dòng điện 200 mA trong thời gian 50 - 70 phút. Bản gel được nhuộm trực tiếp với ethidium bromide 0,5 g/ml. Sử dụng thang chuẩn 100 bp của Sigma-Aldrich (USA). Kết quả điện di được hiển thị dưới đèn UV và được chụp lại bởi máy đọc gel, chụp và in ảnh của hãng ATTO Corporation. Các băng trên gel được xác định: xuất hiện (đánh số 1) và không xuất hiện (đánh số 0).

Xử lý số liệu:

Cây đa dạng di truyền được xây dựng bằng phương pháp nhóm cặp không trọng số UPGMA trong đó các băng ADN thu được khi điện di sản

phẩm PCR sử dụng mỗi chỉ thị được coi là các allen và được ký hiệu là 1 ở mẫu giống xuất hiện băng và 0 ở mẫu giống không có băng ADN tương ứng. Toàn bộ kiểu allen của tất cả mẫu giống được nhập trực tiếp bằng phần mềm NTedit. Dữ liệu số hóa sau đó được phân tích mức độ tương đồng phần mềm NTSYS-pc 2.10 từ đó nhóm cặp các mẫu giống, các nhánh của cây đa dạng thể hiện mức độ tương đồng của nhóm.

Hệ số hàm lượng thông tin đa dạng PIC (Polymorphic Information) của mỗi locus SSR và SRAP được tính theo công thức: $PIC(i) = 1 - \sum P_{ij}^2$ (Weir, 1996). Trong đó P_{ij} là tần suất allen thứ j với locus SSR hoặc SRAP thứ i.

Bảng 2. Các chỉ thị SSR và SRAP sử dụng trong nghiên cứu

Chỉ thị	Trình tự mỗi (5' đến 3')	Nhiệt độ gắn mỗi	Loại chỉ thị
HS233	F- CGT CCC GTG TTG TCT CTA TG R- GCG GAG AAT ATG CCG TTA TT	55	SSR
Me07 và Em09	F-TGA GTC CAA ACC GGT CC R-TGA GTC CAA ACC GGA CG	45	SRAP
Me 07 và Em 07	F-TGA GTC CAA ACC GGT CC R- GAC TGC GTA CGA ATT CAA	45	SRAP
HS189	F-CTC CAA CCC CCA TAA ATC AC R-GCT TCT GGA GAG GAG ATT GC	55	SSR
Me07 và Em 06	F-TGA GTC CAA ACC GGT CC R-GAC TGC GTA CGA ATT GCA	45	SRAP
HS94	F-CAT GTG TTC TCT CCC ACC AC R-TCT TGA CCA TGT TTT CCA CC	55	SSR
HS07	F-AGA GTA CAG CCA CGG GAA T R-CAA CAA GAC AAC GGT TTT GG	55	SSR
HS216	F-TGA GAG AGG TTA ATT GGG GG R-TGG CTC CCA TGT ATT TAC CA	55	SSR
HS 53	F-GAA GCT TGA AGA GAG GAG GG R-ATG GAA CTT CTC CGA TCA CC	55	SSR
HS21	F-CGG AAT TCC TGA AAG AAG GA R-CAG TGA ATT TCT CAA CCC GA	55	SSR
HS207	F-TGC CCA TGG ATT CAA TTT TT R-CAG AGG TCA CCA TTG ACG AG	55	SSR
Me08 và Em 08	F-TGA GTC CAA ACC GG TGC R-GAC TGC GTA CG AAT TCT G	45	SRAP
HS 270	F-TGC CCA TGG ATT CAA TTT TT R-CAG AGG TCA CCA TTG ACG AG	55	SSR
HS259	F-AAA GCC TCC CAT ACG ATC AC R-ACC GAC GGA AAC AAC TAA GC	55	SSR
Me 05 và Em 05	F-TGA GTC CAA ACC GGA AG R-GAC TGC GTA CGA ATT AAC	45	SRAP

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Mức độ đa hình nhận biết bằng chỉ thị SSR và SRAP

Trong 15 chỉ thị phân tử được sử dụng có 12 chỉ thị cho các allen đa hình và 3 chỉ thị không cho đa hình là *HS21*, *HS270* và *HS259*, các chỉ thị này không có ý nghĩa trong nghiên cứu đa hình. Số lượng allen dao động từ 1 đến 5 allen. Chỉ thị *Me 07* và *Em 07* nhận lên nhiều allen nhất với 5 allen, trong đó 4 allen đa hình. Tiếp theo đó là chỉ thị *HS94* (Hình 2) và chỉ thị *Me08-Em08* với 4 allen và cả 4 allen đều đa hình. Số allen bình quân trên locus của các mẫu giống vùng đạt 2,8 và số allen bình quân cho đa hình đạt 2,3. Số lượng allen trung bình tương tự như nghiên cứu của Zhang *et al.* (2012 a), đạt

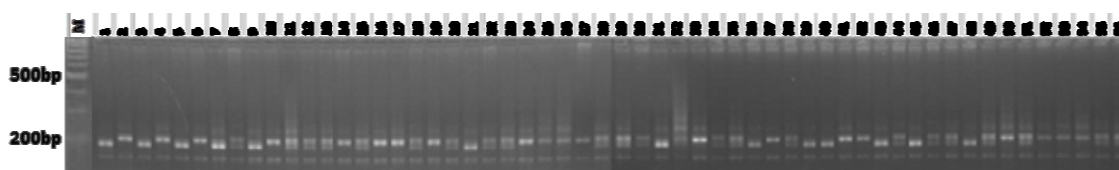
2,31 và thấp hơn nghiên cứu của Pandey *et al.* (2015); Yepuri *et al.* (2013) và Wu *et al.* (2014), đạt tương ứng 3,37; 3,00 và 3,65 allen/locus.

Tỷ lệ số băng đa hình của các chỉ thị biến động từ 66,7 - 100%. Tổng số allen của 15 chỉ thị nhận lên là 42, trong đó 34 allen đa hình, đạt trung bình 70,89% tỷ lệ allen đa hình. Tỷ lệ băng đa hình tương tự như nghiên cứu của Zhang *et al.* (2010 và 2012b), đạt 72% và cao hơn kết quả nghiên cứu của Pandey *et al.* (2015) và Wu *et al.* (2014), đạt tương ứng 57,00% và 36,50%. Như vậy, tỷ lệ allen đa hình thu được mức cao, điều này rất có ý nghĩa trong nghiên cứu đa dạng di truyền ở mức độ phân tử DNA.

Kích thước của các allen giữa các cặp môi biến động từ 80 - 500 bp. Hàm lượng thông tin

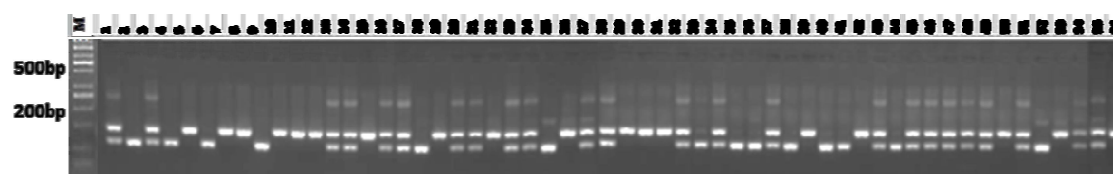
Bảng 3. Số allen thu được bằng PCR sử dụng các chỉ thị SSR và SRAP

Chỉ thị	Tổng số allen	Số allen đa hình	Tỷ lệ số băng đa hình (%)	PIC	Kích thước allen (bp)
HS233	2	2	100,0	0,65	160, 170
Me07 và Em09	2	2	100,0	0,22	190, 200
Me 07 và Em 07	5	4	80,0	0,71	150, 200, 210, 280, 310
HS189	3	2	66,7	0,52	90, 200, 480
Me07 và Em 06	3	2	66,7	0,66	80, 100, 150
HS94	4	4	100,0	0,60	90, 150, 400
HS07	2	2	100,0	0,43	160, 170
HS216	4	3	75,0	0,59	80, 300, 310, 320
HS 53	3	3	100,0	0,54	140, 150, 500
HS21	1	0	0,0	0	230
HS207	3	3	100,0	0,49	150, 180, 220
Me08 và Em 08	4	4	100,0	0,33	90, 100, 110, 250
HS 270	1	0	0,0	0	150
HS259	1	0	0,0	0	110
Me 05 và Em 05	4	3	75,0	0,42	220, 230, 300, 380
Tổng	42	34	-	-	-
Trung bình	2,8	2,3	70,89	0,41	-



Hình 1. Sản phẩm PCR của các mẫu giống vừng thu được cặp môi SRAP (Me07-Em06)

Ghi chú: Lane M: 1 kb DNA marker, lanes 1-56 tương ứng với các mẫu giống vừng trong bảng 1



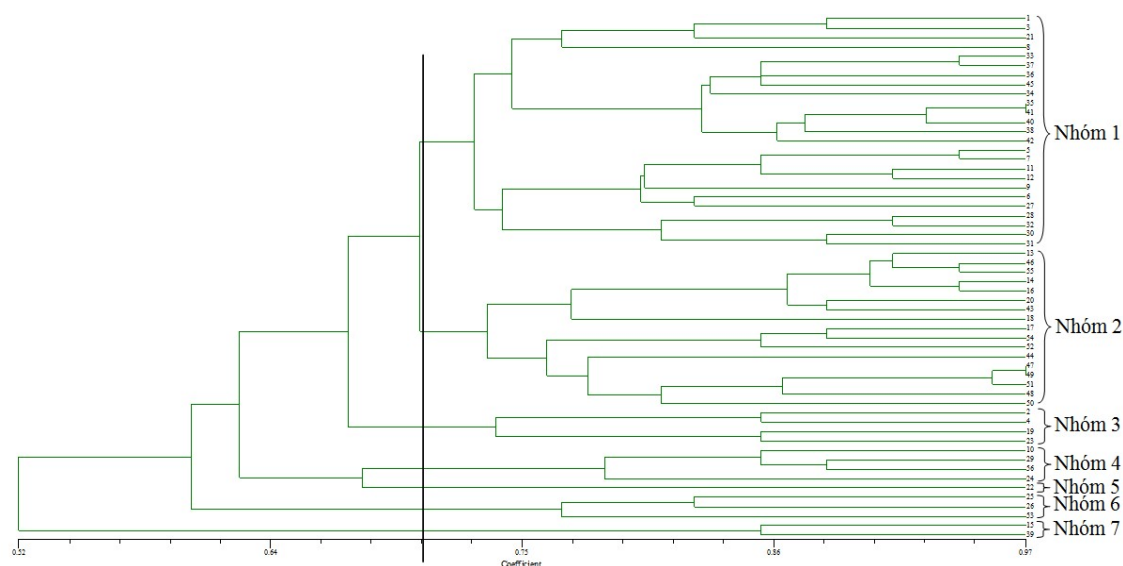
Hình 2. Sản phẩm PCR của các mẫu giống vừng thu được cặp môi SSR (HS94)

Ghi chú: Lane M: 1 kb DNA marker, lanes 1-56 tương ứng với các mẫu giống vừng trong bảng 1

đa hình (PIC) của 15 chỉ thị SSR và SRAP biến động từ 0,00 - 0,71 đạt bình quân là 0,41. Giá trị PIC của nghiên cứu này thấp hơn nghiên cứu Pendey *et al.* (2015) và Yepuri *et al.* (2013) đạt tương ứng 0,57 và 0,72 và cao hơn nghiên cứu của Zhang *et al.* (2012a, b) đạt tương ứng là 0,34 và 0,20.

3.3. Quan hệ di truyền giữa các mẫu giống vừng nghiên cứu

Quan hệ di truyền giữa các mẫu giống vừng được phân tích bằng phần mềm NTSYS 2.10 (Hình 3). Hệ số tương đồng di truyền của 56 mẫu giống dao động từ 0,52 - 0,97, đạt trung



Hình 3. Cây phân nhóm đa dạng di truyền của 56 mẫu giống vùng dựa trên chỉ thị phân tử

bình 0,70. Kết quả nghiên cứu này cho hệ số tương đồng di truyền tương tự như các nghiên cứu của Zhang *et al.* (2010, 2012b) khi sử dụng kết hợp chỉ thị SSR và SRAP để đánh giá tương ứng cho 404 và 453 mẫu giống vùng, đều đạt trung bình 0,71. Trong khi đó, nghiên cứu của Yepuri *et al.* (2013) khi đánh giá 49 mẫu giống vùng sử dụng chỉ thị SSR cho hệ số tương đồng di truyền biến động từ 0,49 - 1,00. Tuy nhiên, kết quả nghiên cứu này cho hệ số tương đồng di truyền cao hơn so với kết quả nghiên cứu của Pham *et al.* (2009) và Nguyễn Thị Thúy Mai và Nguyễn Văn Mùi (2011), đạt tương ứng 0,03 - 0,43 và 0,42 - 0,81.

Như vậy, với hệ số tương đồng di truyền > 0,7 biểu thị trên cây di truyền (Hình 4), 56 mẫu giống vùng được chia thành 7 nhóm.

- Nhóm 1 bao gồm 25 mẫu giống với mức độ tương đồng di truyền khoảng 70,6%, cụ thể các mẫu giống số 1, 3, 21, 8, 33, 37, 35, 45, 34, 35, 41, 40, 38, 42, 5, 7, 11, 12, 9, 6, 27, 28, 32, 30 và 31. Trong 25 mẫu giống, có 21 mẫu giống được thu thập tại vùng Bắc Trung bộ, 3 mẫu giống thu thập từ Thái Lan và 1 mẫu giống thu thập ở Lào.

- Nhóm 2 bao gồm 17 mẫu giống với mức độ tương đồng di truyền khoảng 70,6%, cụ thể các mẫu giống số 13, 46, 55, 14, 16, 20, 43, 18, 17, 54, 52, 44, 47, 49, 51, 48 và 50. Nhóm này bao gồm

đa số các mẫu giống có đặc tính phân cành. Hai mẫu giống số 47 và 49 có nhiều đặc điểm tương đồng như: cây phân cành, quả có 4 hàng hạt, hạt màu đen, 3 quả/nách lá và chúng đều được thu thập từ huyện Đô Lương, tỉnh Nghệ An.

- Nhóm 3 bao gồm 4 mẫu giống với mức độ tương đồng di truyền khoảng 73%, cụ thể mẫu giống số 2 có nguồn gốc từ Thái Lan, mẫu giống số 4 và số 19 có nguồn gốc tương ứng từ huyện Đô Lương và Anh Sơn, tỉnh Nghệ An và mẫu giống số 23 có nguồn gốc từ tỉnh Xiêng Khoảng, Lào. Nhóm này có nhiều đặc điểm chung như chúng đều có 4 hàng hạt, thân cây có tiết diện hình vuông, góc lá đứng.

- Nhóm 4 bao gồm 4 mẫu giống với mức độ tương đồng di truyền khoảng 78%, cụ thể mẫu giống số 10, 29, 56 và 24. Các mẫu giống này có nhiều đặc điểm giống nhau như cây phân cành đốt dưới, hạt có màu đen, lông trên quả nhẵn.

- Nhóm 5 chỉ có duy nhất một giống là mẫu giống số 22 có nguồn gốc từ huyện Lộc Hà, tỉnh Hà Tĩnh.

- Nhóm 6 bao gồm 3 mẫu giống với mức độ tương đồng di truyền khoảng 77%, cụ thể các mẫu giống số 25, 26 và mẫu số 53. Các mẫu giống này có nhiều đặc điểm nông sinh học và hình thái giống nhau như quả có 4 hàng hạt, hạt có màu đen, cây phân cành ở đốt dưới, 3 quả/nách lá.

- Nhóm 7 gồm có 2 mẫu giống là mẫu giống số 15 có nguồn gốc Thái Lan và mẫu giống số 19 có nguồn gốc tại huyện Thanh Chương, tỉnh Nghệ An. Hai mẫu giống này có một số đặc điểm chung như cây phân cành, quả có 4 hàng hạt, 3 quả/nách lá.

Kết quả phân nhóm dựa vào khoảng cách di truyền ở trên cho thấy, tập đoàn các mẫu giống vùng hiện có tại Trường Đại học Vinh có tính đa hình cao, là vật liệu quan trọng cho công tác nghiên cứu và chọn tạo giống vùng năng suất cao ở Việt Nam. Các mẫu giống khác nhóm có thể lai với nhau để cho ưu thế lai mà không xảy ra hiện tượng bất dục ở con lai.

4. KẾT LUẬN

Sử dụng chỉ thị phân tử SSR và SRAP đánh giá đa dạng di truyền của 56 mẫu giống vùng có nguồn gốc tại vùng Bắc Trung bộ và nguồn gen nhập nội thì có 12 chỉ thị cho các băng DNA đa hình tại 12 locus, thu được 34 allel đa hình khác nhau, số lượng allel đa hình đạt bình quân 2,3 allel/locus. Tỷ lệ số băng đa hình của 12 cặp mỗi đạt trung bình 80,9, có 7 cặp mỗi cho tỷ lệ băng đa hình 100%. Hệ số đa dạng di truyền (PIC) dao động từ 0,00 - 0,71 với giá trị bình quân là 0,41. Hệ số tương đồng di truyền của 56 mẫu giống vùng dao động từ 0,52 - 0,97. Ở mức tương đồng di truyền 70%, 56 mẫu giống vùng được phân thành 7 nhóm, trong đó nhóm 1 nhiều nhất với 25 mẫu giống, tiếp theo là nhóm 2 với 17 mẫu giống. Kết quả đánh giá đa dạng di truyền chỉ ra rằng cần thiết phải bảo tồn nguồn gen vùng, sử dụng nguồn gen thuộc các nhóm di truyền khác nhau cho phát triển giống vùng mới.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Ashri (1998). Sesame Breeding in Plant Breeding Reviews. John Wiley & Sons, Inc, 16: 179-222.
- Falusi O.A. and Salako E.A. (2001). Assemblage of sesame germplasm for conservation and genetic improvement in Nigeria. Plant Genetic Resource Newsletter, 127: 35-38.
- Furat S. and Uzun B. (2010). The use of agromorphological characters for the assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.). Plant Omics Journal, 3(3): 85-91.
- Geleta M., Bryngelsson T., Bekel E. (2008). Assessment of genetic diversity of *Guizotia abyssinica* (L.f.) Cass. (*Asteraceae*) from Ethiopia using amplified fragment length polymorphism. Plant Genetic Resources Characterization Utilization, 6: 41-51.
- Nguyễn Thị Thúy Mai và Nguyễn Văn Mùi (2011). Nghiên cứu tính đa hình của giống vùng đen (*Sesamum indicum* L.) bằng phương pháp RAPD-PCR. Báo cáo Khoa học Hội thảo KHCN quản lý nông học vì sự phát triển nông nghiệp bền vững ở Việt Nam, tr. 289-294.
- Pham D.T., Bui T.M., Werlemark G., Bui T.C., Merker A., Carisson A.S. (2009). A study of genetic diversity of sesame (*Sesamum indicum* L.) in Vietnam and Cambodia estimated by RAPD markers. Genet Resour Crop Evol., 56: 679-690.
- Pandey S.K., Das A., Rai P., and Dasgupta T. (2015). Morphological and genetic diversity assessment of sesame (*Sesamum indicum* L.) accessions differing in origin. Physiol Mol Biol Plants, 21(4): 519-529.
- Wu K., Minmin Yang, Hongyan Liu, Ye Tao, Ju Mei, Yingzhong Zhao (2014). Genetic analysis and molecular characterization of Chinese sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars using Insertion-Deletion (InDel) and Simple Sequence Repeat (SSR) markers. BMC Genetics, pp. 15-35.
- Yepuri V., Surapaneni M., Kola V.S.R., Vemireddy L.R., Jyothi B, Dineshkumar V., Anuradha G., Siddiq E.A. (2013). Assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes using EST-Derived SSR markers, J. Crop Sci. Biotech., 16(2): 93-103.
- Zhang YX., Zhang XR., Hua W., Wang LH., Che Z. (2010). Analysis of genetic diversity among indigenous landraces from sesame (*Sesamum indicum* L.) core collection in China as revealed by SRAP and SSR markers. Genes & Genomics, 32: 207-215.
- Zhang HY., Wei LB, Miao HM, Zhang TD, Wang CY (2012a). Development and validation of genic-SSR markers in sesame by RNA-seq. BMC Genomics, 13: 316.
- Zhang YX., Zhang XR., Che Z., Wang LH., Wei WL. And Li DH (2012b). Genetic diversity assessment of sesame core collection in China by phenotype and molecular markers and extraction of a mini-core collection. BMC Genetics, 13: 102.