

## **PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN MẪU GIỐNG LÚA CANH TÁC NHỜ NƯỚC TRỜI BẰNG CHỈ THỊ SSR**

### **Analysis of Genetic Diversity in Rainfed Rice Accessions by SSR Markers**

**Vũ Thị Thu Hiền, Phạm Văn Cường**

*Khoa Nông học, Trường Đại học Nông nghiệp Hà Nội*

Địa chỉ email tác giả liên lạc: vtthien@hua.edu.vn

Ngày gửi đăng: 03.01.2011

Ngày chấp nhận: 17.02.2012

#### **TÓM TẮT**

Mục đích của thí nghiệm nhằm phân tích đa dạng di truyền của 64 dòng/ giống lúa đang canh tác trong điều kiện nhờ nước trời thông qua sự có mặt và mức độ đa hình của các chỉ thị phân tử SSR. Bằng việc sử dụng 34 chỉ thị phân tử SSR, có 8 chỉ thị không cho xuất hiện vạch ở tất cả các dòng/ giống và 2 chỉ thị xuất hiện vạch đơn hình. Hai mươi tư chỉ thị còn lại xuất hiện đa hình với tổng số 90 allel chiếm tỷ lệ trung bình 3,75 allel trên một locus. Kết quả phân tích đa dạng di truyền với hệ số tương đồng là 0,65 đã phân chia nguồn vật liệu thành 7 nhóm chính. Số lượng lớn các dòng/ giống thuộc hai nhóm có hai giống đối chứng chịu hạn là CH5 và LC93-1. Kết quả này bước đầu cho thấy các dòng/ giống có khả năng chịu hạn tương tự như hai giống đối chứng thông qua biểu hiện ở cấp độ phân tử DNA. Thông tin các chỉ thị SSR đa hình giữa các dòng/ giống rất có giá trị trong chọn giống lúa chịu hạn nhờ chỉ thị phân tử.

Từ khoá: Chỉ thị phân tử SSR, đa dạng di truyền, lúa.

#### **SUMMARY**

The objective of this study was to analyze genetic diversity of 64 rainfed rice accessions by detecting the presence and degree of polymorphisms of simple sequence repeat (SSR) markers. Thirty-four SSR markers were used. There were eight SSR markers that do not show polymorphism and two markers are monomorphic. A total of 90 alleles were detected at twenty-four SSR marker loci with average 3.75 alleles per locus. With the genetic similarity coefficient of 0.65 the rice accessions were grouped into 7 main clusters. Most of rice accessions were found in two groups together with two controls CH5 and LC93-1. Information of SSR marker polymorphisms are useful for drought tolerance breeding in rice.

Keywords: Genetic diversity, Rice, SSR markers.

### **1. ĐẶT VẤN ĐỀ**

Lúa (*Oryza sativa* L.) là cây lương thực đứng thứ 2 của thế giới về diện tích gieo trồng và tổng sản lượng nhưng là cây lương thực hàng đầu ở các nước châu Á, nhất là vùng Đông Nam Á. Theo số liệu của FAO (1993), diện tích canh tác lúa của thế giới chiếm 148 triệu hecta (ha), trong đó châu Á chiếm 133,3 triệu ha (90,07%). Trong số

này, có 19,16 triệu ha là đất cạn (lúa rẫy - upland rice); 36,37 triệu ha đất hoàn toàn nhờ nước trời (rainfed rice) và 12,5 triệu ha đất ngập nước (lowland rice). Năng suất lúa trung bình ở những vùng đất khó khăn đạt khoảng 0,8 - 1,7 tấn/ha, chỉ bằng 20 - 40% năng suất lúa của vùng chủ động tưới. Việt Nam có khoảng 4,36 triệu ha canh tác lúa, trong đó có 2,2 triệu ha là đất thâm canh, chủ động tưới tiêu còn lại hơn 2,1 triệu ha

là đất canh tác lúa gặp những khó khăn về hạn, mặn, úng, phèn... (Nguyễn Tấn Hình và cs., 2005). Chỉ tính riêng canh tác lúa chủ động tưới tiêu của 2,2 triệu ha, việc cung cấp đủ nước ngập để cây lúa sinh trưởng phát triển trong thời gian từ 3 - 4 tháng cũng tiêu tốn số tiền không nhỏ về thủy lợi phí, nguồn điện năng, nhân lực... Các nhà khoa học trên thế giới đều có quan niệm giống chịu hạn không có nghĩa là có thể sinh trưởng phát triển trong điều kiện hoàn toàn không có nước mà chỉ là giống chịu đựng được hạn ở mức độ nhất định và có khả năng phục hồi nhanh (rainfed rice). Trong cơ cấu vụ lúa ở Việt Nam, thời gian khan hiếm nước thường xuất hiện ở miền Bắc từ tháng 2 - tháng 4 ở vụ xuân (giai đoạn lúa đẻ nhánh) và tháng 9 ở vụ mùa (giai đoạn lúa sau trổ). Như vậy, chiến lược chọn tạo giống lúa năng suất cao cần lượng nước tưới tối thiểu sẽ góp phần nâng cao hiệu quả kinh tế của sản xuất lúa.

Đa dạng di truyền là sự thể hiện phong phú kiểu hình và kiểu gen của cây trồng. Các gen đa hình là nguyên nhân dẫn đến sự tồn tại các kiểu gen dị hợp trong quần thể. Sự khác biệt về kiểu gen của các cá thể trong quần thể cho phép các quần thể này thích nghi hơn quần thể khác khi chịu những thay đổi của môi trường. Đa dạng di truyền còn là cơ sở để tạo nên ưu thế lai. Trong một chủng mục nhất định, nếu tính đa dạng di truyền giữa các bố mẹ càng lớn thì ưu thế lai càng cao. Nghiên cứu đa dạng di truyền có ý nghĩa rất lớn trong chọn giống. Đó là nhân tố giúp cho sinh vật di truyền được nòi giống, kháng với các loại dịch bệnh và thích nghi với những thay đổi của điều kiện ngoại cảnh. Việc đánh giá đa dạng di truyền có thể dựa vào các đặc điểm hình thái, nông học và cấp độ gen (ADN) của cây trồng. Phương pháp đánh giá dựa

vào các đặc điểm hình thái và nông học được tiến hành đơn giản nhưng có thể mắc sai lầm do sự biểu hiện kiểu hình là tương tác giữa kiểu gen và môi trường hay do tính chủ quan của người tiến hành đánh giá. Ngày nay, phương pháp đánh giá dựa vào phân tích chỉ thị ADN được nhiều nhà khoa học quan tâm do chỉ thị này không bị chi phối bởi các yếu tố môi trường và có thể tiến hành nhanh và chính xác.

Trong số các chỉ thị ADN thì chỉ thị SSR (simple sequence repeat markers) được sử dụng rộng rãi và hiệu quả trong nghiên cứu cấu trúc di truyền lúa trồng *O. sativa*, nghiên cứu quá trình tiến hóa, làm rõ độ thuần của vật liệu lai tạo giống... Đây là loại chỉ thị đồng trội cho đa hình cao và ổn định. Hiện nay, hơn 25.000 chỉ thị phân tử SSR đã được tạo ra và ứng dụng trong phân tích kiểu gen của các giống lúa (Temnykh và cs., 2000; McCouch và cs., 2002; IRGSP, 2005). Trong nghiên cứu này, mục đích của thí nghiệm nhằm phân tích đa dạng di truyền của 64 dòng/ giống lúa đang canh tác trong điều kiện nhờ nước trời (rainfed rice) thông qua sự có mặt và mức độ đa hình của các chỉ thị phân tử SSR để phục vụ công tác chọn tạo giống lúa chịu hạn.

## 2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Mẫu ADN của 64 dòng/ giống lúa có nguồn gốc khác nhau (Bảng 1) gồm : 39 dòng nhập nội từ Nhật Bản; 6 giống lúa địa phương; 5 giống lúa chịu hạn (trong đó có 2 giống được công nhận quốc gia làm đối chứng là CH5 và LC93-1); 12 dòng lúa lai tạo ở thế hệ  $F_7$ ; 2 dòng bất dục đực TGMS 103S và 103BBS, được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền dựa vào chỉ thị phân tử SSR.

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

TT	Tên mẫu	Nguồn gốc	TT	Tên mẫu	Nguồn gốc
1	TN3	Nhật Bản	33	TN93-2	Nhật Bản
2	TN6	Nhật Bản	34	TN94-2	Nhật Bản
3	TN14	Nhật Bản	35	BD	Địa phương (Bèo Diển)
4	TN16	Nhật Bản	36	SS	Nhật Bản (Sensho)
5	TN21-1	Nhật Bản	37	18-15	Lai tạo F <sub>7</sub> (Piê pàu vè/Q5)
6	TN21-2	Nhật Bản	38	29-43	Lai tạo F <sub>7</sub> (Tê Điện Biên/Q5)
7	TN21-3	Nhật Bản	39	33-12	Lai tạo F <sub>7</sub> (Khẩu Chiếu Càng /Q5)
8	TN24	Nhật Bản	40	35-14	Lai tạo F <sub>7</sub> (Khẩu Chiếu Càng /Q5)
9	TN30	Nhật Bản	41	56-12	Lai tạo F <sub>7</sub> (Piê tay lau/Q5)
10	TN31-1	Nhật Bản	42	56-13	Lai tạo F <sub>7</sub> (Piê tay lau/Q5)
11	TN31-2	Nhật Bản	43	36-13	Lai tạo F <sub>7</sub> (Khẩu Chiếu Càng /Q5)
12	TN48	Nhật Bản	44	37-11	Lai tạo F <sub>7</sub> (Khẩu Chiếu Càng /Q5)
13	TN51	Nhật Bản	45	53-1	Lai tạo F <sub>7</sub> (Piê ón lành/Q5)
14	TN52-2	Nhật Bản	46	53-2	Lai tạo F <sub>7</sub> (Piê ón lành /Q5)
15	TN52-1	Nhật Bản	47	54-11	Lai tạo F <sub>7</sub> (Piê tay lau/Q5)
16	TN53-1	Nhật Bản	48	55-11	Lai tạo F <sub>7</sub> (Ngọ Chim/Q5)
17	TN53-2	Nhật Bản	49	CH5 (ĐC)	Viện Cây lương thực & Thực phẩm
18	TN56	Nhật Bản	50	CH208	Viện Cây lương thực & Thực phẩm
19	TN64	Nhật Bản	51	CH207	Viện Cây lương thực & Thực phẩm
20	TN75	Nhật Bản	52	CH16	Viện Cây lương thực & Thực phẩm
21	TN73	Nhật Bản	53	4748	Địa phương (TTTNDTTV, Viện KHNNVN)
22	TN76	Nhật Bản	54	4840	Địa phương (TTTNDTTV, Viện KHNNVN)
23	TN78-1	Nhật Bản	55	4793	Địa phương (TTTNDTTV, Viện KHNNVN)
24	TN79	Nhật Bản	56	4726	Địa phương (TTTNDTTV, Viện KHNNVN)
25	TN83	Nhật Bản	57	5011	Địa phương (TTTNDTTV, Viện KHNNVN)
26	TN84-1	Nhật Bản	58	TN13	Nhật Bản
27	TN84-2	Nhật Bản	59	TN17	Nhật Bản
28	TN85-1	Nhật Bản	60	TN15	Nhật Bản
29	TN85-2	Nhật Bản	61	TN12	Nhật Bản
30	TN86	Nhật Bản	62	LC 93-1 (ĐC)	Viện Bảo vệ thực vật
31	TN93-1	Nhật Bản	63	103S	dòng bắt dục TGMS
32	TN94-1	Nhật Bản	64	103BBS	dòng bắt dục TGMS

TTTNDTTV, Viện KHNNVN: Trung tâm Tài nguyên di truyền thực vật, Viện Khoa học nông nghiệp Việt Nam.

## 2.2. Tách chiết ADN

ADN lá non của các dòng/ giống lúa nghiên cứu được tách chiết và tinh sạch theo phương pháp CTAB của Doyle và cs. có cải tiến (1987).

## 2.3. Phản ứng PCR

34 chỉ thị SSR được lựa chọn nằm trên các vị trí nhiễm sắc thể (NST) khác nhau, trong đó có 22 chỉ thị được xác định liên kết với một số tính trạng được trình bày ở bảng 2.

**Bảng 2. Các chỉ thị SSR sử dụng trong thí nghiệm**

TT	Chỉ thị SSR	NST	Tính trạng liên kết	Tài liệu tham khảo
1	RM3825	1	Năng suất hạt	Beena (2005)
2	RM315	1	-	Jearakongman (2005)
3	RM5964	1	Tổng số rẽ	Đặng Quý Nhân (2009)
4	RM5461	1	Tỷ lệ rẽ đâm xuyên	Đặng Quý Nhân (2009)
5	RM212	1	Áp suất thẩm thấu	Zhang (1999)
6	RM302	1	Năng suất hạt	Beena (2005)
7	RM34	1	Độ dày của rẽ	Shen (1999)
8	RM263	2	-	www.gramene.org
9	RM221	2	-	www.gramene.org
10	RM7286	2	Đường kính rẽ	Đặng Quý Nhân (2009)
11	RM250	2	-	www.gramene.org
12	RM48	2	-	www.gramene.org
13	RM218	3	Chiều dài rẽ	Đặng Quý Nhân (2009)
14	RM451	4	Năng suất hạt	Liu (2008); Zou (2005)
15	RM317	4	Năng suất hạt	Liu (2008); Zou (2005)
16	RM6303	4	-	www.gramene.org
17	RM2431	4	-	www.gramene.org
18	RM1386	5	-	www.gramene.org
19	RM3160	5	-	www.gramene.org
20	RM249	5	Khối lượng khô của rẽ	Đặng Quý Nhân (2009)
21	RM6811	6	Số rẽ đâm xuyên	Đặng Quý Nhân (2009)
22	RM5463	6	Số rẽ đâm xuyên	Đặng Quý Nhân (2009)
23	RM217	6	% số hoa bất dục	Lanceras (2004)
24	RM256	8	% số hoa bất dục	Lanceras (2004)
25	RM210	8	Số nhánh	Lanceras (2004)
26	RM223	8	Năng suất hạt	Xu (2005)
27	RM152	8	Năng suất hạt	Beena (2005)
28	RM1235	9	Năng suất hạt	Beena (2005)
29	RM107	9	-	Jearakongman (2005)
30	RM215	9	Thời gian từ gieo đến trổ	Babu (2003)
31	RM201	9	Chiều dài rẽ tối đa	Shen (1999)
32	RM278	9	-	Xu (2005)
33	RM242	9	-	Jearakongman (2005)
34	RM102	NA	Chiều cao cây	Lanceras (2004)

NST: Nhiễm sắc thể; NA: chưa xác định

Phản ứng PCR được thực hiện trên máy GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), với thể tích phản ứng 15µl chứa 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl (pH 9,0); 1,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 200 µM dNTP; 0,2 µM primer, 1 đơn vị Taq polymerase và 5 µl mẫu ADN hàm lượng 100ng. Chu kỳ nhiệt cho phản ứng PCR được lập trình như sau (1) 95°C trong 5 phút; (2) 95°C trong 30 giây, (3) 55°C trong 30 giây và (4) 72°C trong 30 giây, 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 xác định vạch (băng)

Điện di 8 - 10 µl sản phẩm PCR trên gel agarose 4% ở 250V, thời gian 50 phút trong dung dịch đệm 0,5 x Tris-Bore-EDTA (TBE). 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: là 0 - không có băng; là 1 - có băng.

#### 2.5. Xử lý số liệu

Phân tích, đánh giá đa dạng di truyền các dòng/ giống được sử dụng “Hệ số tương đồng Jaccard” và phương pháp UPGMA trong NTSYS 2.1. Hàm lượng thông tin tính đa hình (PIC - Polymorphic Information Content) cho mỗi locus SSR (i) được tính theo công thức (Weir, 1996)

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

Trong đó: P<sub>ij</sub> là tần suất allen thứ j với locus SSR thứ i

### 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Trong 34 chỉ thị SSR sử dụng để xác định đa dạng di truyền của 64 dòng/ giống

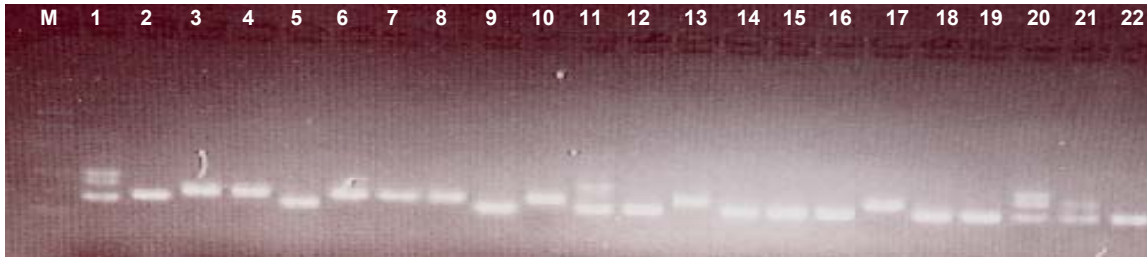
lúa thí nghiệm, có tám chỉ thị *RM315*, *RM7286*, *RM250*, *RM2431*, *RM3160*, *RM217*, *RM1235* và *RM34* không xuất hiện băng ADN. 26 chỉ thị xuất hiện băng ADN (allen), trong đó có 2 chỉ thị, *RM221* và *RM215*, có xuất hiện băng ADN nhưng thể hiện trạng thái đơn hình (monomorphism) và 24 chỉ thị khác thể hiện trạng thái đa hình (polymorphism) (Bảng 3).

Mỗi chỉ thị đa hình biểu hiện số lượng allen khác nhau. Kết quả ở 24 chỉ thị đa hình thu được tổng số 90 allen trên 24 locus với giá trị trung bình là 3,75 allen trên một locus và số băng đa hình là 78 (chiếm 86,67%). Số lượng allen trung bình trên một locus trong nghiên cứu thấp hơn so với các kết quả nghiên cứu trước đây là 6,53; 6,8; 7,8; 11,9; 6,6; 14,6; 7,7; 13,0 và 6,6 tương ứng của các tác giả Trần Danh Sửu và cs., 2011; Ni và cs., 2002; Jian và cs., 2004; Xu và cs., 2004; Lu và cs., 2005; Brondani và cs., 2006; Jayamani và cs., 2007; Thomson và cs., 2007; Alba và cs., 2007. Số lượng allen trong một locus dao động từ 2 đến 6. Các locus *RM210* và *RM278* (Hình 1) biểu hiện số allen lớn nhất.

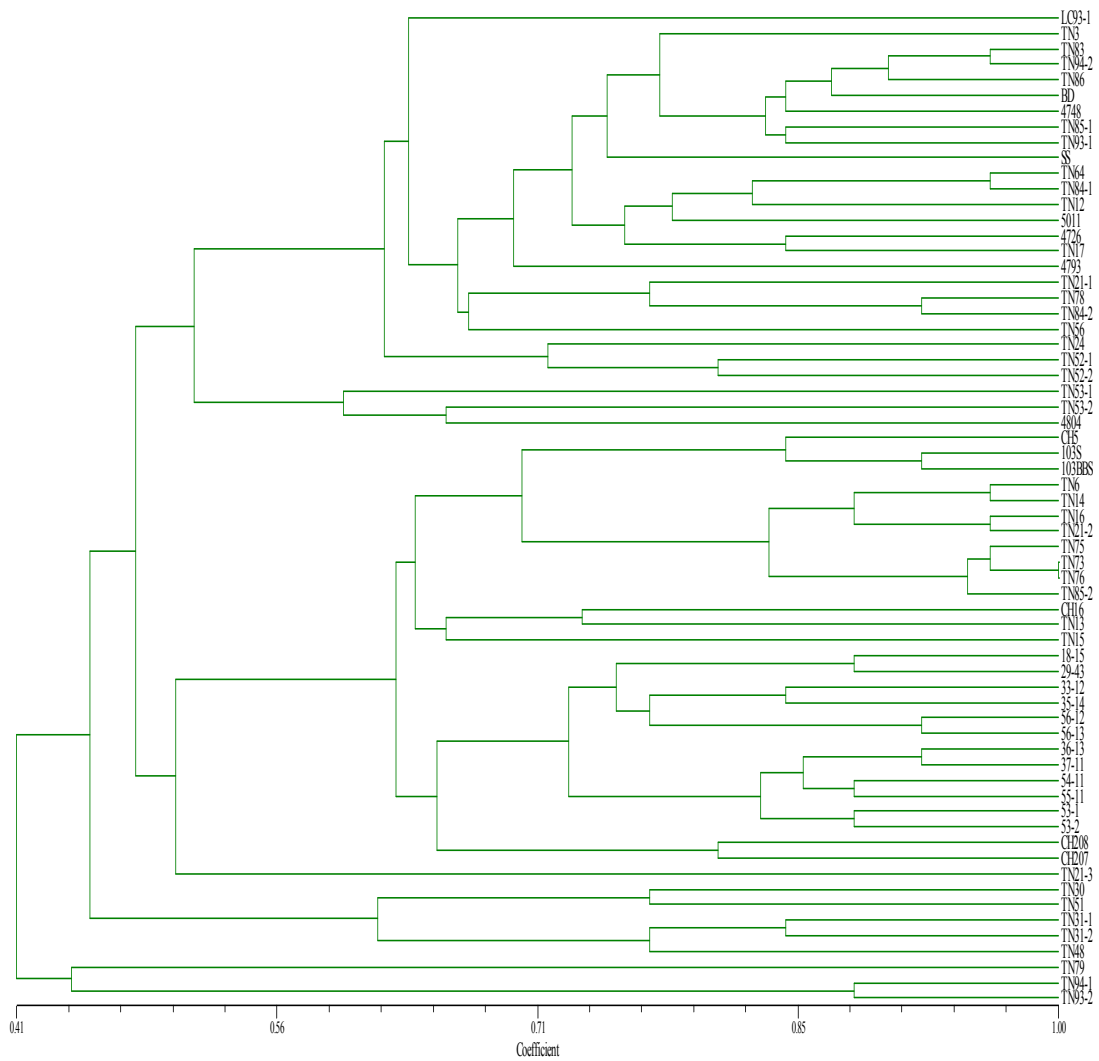
Mức độ đa dạng di truyền kiểu gen của 64 dòng/ giống lúa được đánh giá thông qua giá trị PIC mỗi chỉ thị SSR. Giá trị PIC biến động giữa các vị trí locus, dao động từ 0,03 (*RM451*) đến 0,75 (*RM242*) với giá trị trung bình là 0,50 (Bảng 3). Giá trị PIC = 0 là tại vị trí locus chỉ có 1 allen đơn hình. Các chỉ thị SSR có giá trị PIC lớn hơn hoặc bằng 0,5 sẽ cho sự phân biệt cao về tỷ lệ đa hình của chỉ thị đó (DeWoody và cs., 1995).

**Bảng 3. Số băng và giá trị PIC của các chỉ thị SSR phân tích với 64 dòng/ giống lúa**

TT	Chỉ thị SSR	Tổng số băng	Số băng đa hình	Tỷ lệ số băng đa hình (%)	PIC
1	RM3825	4	4	100	0,61
2	RM315	0	0	-	-
3	RM5964	4	3	75,0	0,57
4	RM5461	5	4	80,0	0,69
5	RM212	3	2	66,7	0,40
6	RM302	3	2	66,7	0,51
7	RM263	5	5	100	0,57
8	RM221	1	1	100	0
9	RM7286	0	0	-	-
10	RM250	0	0	-	-
11	RM48	2	2	100	0,19
12	RM218	3	2	66,7	0,52
13	RM451	3	2	66,7	0,03
14	RM317	2	2	100	0,46
15	RM6303	3	2	66,7	0,29
16	RM2431	0	0	-	-
17	RM1386	5	4	80,0	0,72
18	RM3160	0	0	-	-
19	RM249	3	3	100	0,17
20	RM6811	3	3	100	0,47
21	RM5463	5	4	80,0	0,67
22	RM217	0	0	-	-
23	RM256	4	4	100	0,25
24	RM210	6	6	100	0,65
25	RM223	3	3	100	0,58
26	RM152	3	3	100	0,60
27	RM1235	0	0	-	-
28	RM107	3	3	100	0,55
29	RM215	1	1	100	0
30	RM201	3	2	66,7	0,60
31	RM278	6	6	100	0,66
32	RM242	3	2	66,7	0,75
33	RM102	4	3	75,0	0,58
34	RM34	0	0	-	-
	Tổng	90	78	TB: 86,7	TB: 0,50



**Hình 1. Kết quả điện di sản phẩm PCR của chỉ thị SSR RM278 đại diện cho 22 dòng/ giống lúa theo thứ tự 1 đến 22 là: LC93-1, CH5, 103S, 103BBS, TN3, TN6, TN14, TN16, TN21-1, TN21-2, TN21-3, TN24, TN30, TN31-1, TN31-2, TN48, TN51, TN52-2, TN52-1, TN53-1, TN53-2 và TN56 (Bảng 1); M = DNA thang chuẩn 100 bp**



**Hình 2. Sơ đồ hình cây của 64 mẫu giống lúa canh tác nhờ nước trời được xác định bằng chỉ thị phân tử SSR**

**Bảng 4. Số lượng chỉ thị đa hình của các dòng/ giống so với hai đối chứng**

	CH5		LC93-1	
	Ít nhất	Nhiều nhất	Ít nhất	Nhiều nhất
Nhóm I	17	18	14	14
Nhóm II	13	13	14	14
Nhóm III	10	16	12	17
Nhóm IV	11	11	15	15
Nhóm V	3	12	9	14
Nhóm VI	12	14	11	14
Nhóm VII	6	14	5	13

Kết quả phân tích đa dạng di truyền bằng chương trình UPGMA dựa vào hệ số Jaccard đã xây dựng được sơ đồ hình cây của 64 dòng/giống lúa nghiên cứu (Hình 2). Với hệ số tương đồng (coefficient) là 0,65 đã phân chia nguồn vật liệu thành 7 nhóm chính. Nhóm I gồm hai dòng là TN94-1, TN93-2; nhóm II gồm 1 dòng là TN79; nhóm III gồm 5 dòng là TN48, TN31-2, TN31-1, TN51, TN30; nhóm IV gồm 1 dòng là TN21-3; nhóm V gồm 28 dòng/ giống là CH207, CH208, 53-2, 53-1, 55-11, 54-11, 37-11, 36-13, 56-13, 56-12, 35-14, 33-12, 29-43, 18-15, TN15, TN13, CH16, TN85-2, TN76, TN73, TN75, TN21-2, TN16, TN14, TN6, 103BBS, 103S, CH5 (đối chứng); nhóm VI gồm 3 dòng là 4804, TN53-2, TN53-1; và nhóm VII gồm 24 dòng/ giống là TN52-2, TN52-1, TN24, TN56, TN84-2, TN78, TN21-1, 4793, TN17, 4726, 5011, TN12, TN84-1, TN64, SS, TN93-1, TN85-1, 4748, BD, TN86, TN94-2, TN83, TN3, LC93-1 (đối chứng).

Hai giống đối chứng CH5 và LC93-1 là hai giống được công nhận giống quốc gia về giống chịu hạn thuộc hai nhóm có số lượng dòng/ giống nhiều nhất (28 và 24 dòng/ giống). Như vậy bước đầu nhận xét, những dòng/ giống trong tập đoàn nghiên cứu đã có nhiều tính trạng liên quan đến khả năng chịu hạn tương tự như hai giống đối chứng. Các giống lúa địa phương thuộc nhóm với giống đối chứng LC93-1 còn dòng lúa lai tạo thế hệ  $F_7$  thuộc nhóm giống đối chứng CH5.

Số lượng chỉ thị đa hình của các dòng/ giống trong các nhóm so với đối chứng CH5 biến động từ 3 đến 18 (Bảng 4). Dòng có số lượng chỉ thị đa hình ít nhất (3) là 103BB thuộc nhóm V và nhiều nhất (18) là TN93-2 thuộc nhóm I. Tương tự so sánh về số lượng chỉ thị đa hình của các dòng/ giống trong các nhóm so với đối chứng LC93-1, dòng TN84-1 thuộc nhóm VII có số lượng chỉ thị đa hình ít nhất (5) và dòng TN51 thuộc nhóm III có số lượng chỉ thị đa hình nhiều nhất. Thông tin này rất có giá trị trong chọn giống lúa chịu hạn nhờ chỉ thị phân tử.

#### 4. KẾT LUẬN

Sử dụng 24/34 chỉ thị SSR đa hình đã phân tích được sự đa dạng di truyền của các dòng/ giống nghiên cứu. Số lượng lớn các dòng/ giống thuộc hai nhóm có hai giống đối chứng chịu hạn là CH5 và LC93-1. Kết quả này bước đầu cho thấy các dòng/ giống có khả năng chịu hạn tương tự như hai đối chứng thông qua biểu hiện ở cấp độ phân tử DNA.

Thông tin các chỉ thị SSR đa hình giữa các dòng/ giống rất có giá trị trong chọn giống lúa chịu hạn nhờ chỉ thị phân tử. Tuy nhiên, tỷ lệ các chỉ thị không biểu hiện và biểu hiện đơn hình còn cao (10/34) cho nên cần tiếp tục sử dụng thêm chỉ thị SSR khác để xác định chính xác hơn sự đa dạng di truyền của các dòng/ giống phục vụ công tác chọn tạo giống lúa năng suất và chịu hạn.



TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Alba A., L. F. Jorge, P. Violeta, J. G. Pedro, M. Leonor, C. D. Miriam, G. Gerardo and M.T. Joe (2007). Genetic diversity analysis of Cuban traditional rice (*Oryza sativa* L.) varieties based on microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*, Vol. 30, No. 4, 1109 - 1117.
- Babu R.C., B. D. Nguyen, V. Chamarek, P. Shanmugasundaram, P. Chezhan, P. Jeyaprakash, S. K. Ganesh, A. Palchamy, S. Sadasivam, S. Sarkarung, L. J. Wade, H. T. Nguyen (2003). Genetic analysis of drought resistance in rice by molecular markers: association between secondary traits and field performance. *Crop Science* 43, 1457 - 1469.
- Beena (2005). Studies on physio-morphological traits and genetic markers associated with drought response in rice (*O. sativa*). PhD thesis. Tamil Nadu Agricultural University, Coimbatore, India.
- Brondani C., T.C.O. Borba, P.H.N. Rangel, R.P.V. Brondani (2006). Determination of genetic variability of traditional varieties of Brazilian rice using microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*, Vol. 29, No. 4, 676 - 684.
- DeWoody J. A., R. L. Honeycutt, L. C. Skow (1995). Microsatellite markers in white-tailed deer. *J. Hered* 86, 317 - 319.
- Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull* 19: 11-15.
- Đặng Quý Nhân (2009). Lập bản đồ QTLs (Quantitative trait loci) cho một số tính trạng rễ lúa (*Oryza sativa* L.) liên quan đến khả năng chịu hạn. Báo cáo khoa học Hội nghị Công nghệ sinh học toàn quốc 2009. Nhà xuất bản Đại học Thái Nguyên, trang 279 - 283.
- FAO (1993). The State of Food and Agriculture 1993. Rome, FAO Agriculture Series, No. 26
- Ghneim H. T., D. D. Possso, A. I. Perez, N. G. Torrealba, (2008). Assessment of genetic diversity in Venezuelan rice cultivars using simple sequence repeats markers. *Electronic Journal of Biotechnology*, Vol. 11, No 5.
- IRGSP (2005). International Rice Genome Sequencing Projects. The map based sequence of the rice genome. *Nature*, vol 436, No. 7282.
- Jayamani P., S. Negrao, M. Martins, B. Macas, M.M. Oliveira (2007). Genetic relatedness of Portuguese rice accessions from diverse origins as assessed by microsatellite marker. *Crop Science*, Vol. 47, No. 2, 879 - 886.
- Jearakongman S. (2005). Validation and discovery of quantitative trait loci for drought tolerance in backcross introgression line in Rice (*Oryza sativa* L.) Cultivar IR64. PhD thesis, Kasetsart University. p. 95.
- Jian S., Jian, K. Rajinder, S. R. McCouch (2004). Genetic analysis of Indian aromatic and quality rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using panels of fluorescently-labeled microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, Vol. 109, No. 5, 965 - 977.
- Lanceras J. C., G. Pantuwan, B. Jongdee, T. Toojinda (2004). Quantitative trait loci associated with drought tolerance at reproductive stage in rice. *Plant Physiology* 135. 384 - 399.
- Liu G., H. W. Mei, X. Q. Yu, G. H. Zou, H. Y. Liu, S. P. Hu, M. S. Li, J. H. Wu, L. Chen, L. J. Luo (2008) QTL analysis of panicle neck diameter, a trait highly correlated with panicle size, under well-watered and drought conditions in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Science* 174, 71 - 77.
- Lu H., M. A. Redus, J. R. Coburn, J. N. Rutger, S. R. McCouch, T. H. Tai (2005). Population structure and breeding patterns of 145 US rice cultivars based on SSR marker analysis. *Crop science*, Vol. 45, 66 - 67.
- McCouch S. R., L. Teytelman, Y. Xu, K. B. Lobos, K. Clare, et. al. (2002). Development of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.). *DNA research*, Vol. 9, No. 6, 199 - 207.
- Ni J., Colowit, M. Peter and Mackill, J. David (2002). Evaluation of genetic in rice sub species using microsatellite markers. *Crop Science*, Vol. 42, No. 2, 601 - 607.
- Nguyễn Tấn Hình, Trương Văn Kính, Vũ Thị Hằng, Trần Nguyên Tháp (2005). Giống lúa chịu hạn CH208. Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, số 21, trang 23 - 25.
- Ravi M., S. Geethanjali, F. Sameeyafarheen and M. Maheswaran (2003). Molecular marker based genetic diversity analysis in rice (*Oryza sativa* L.) using RAPD and SSR markers. *Euphytica*, Vol. 113, No. 2, 243 - 252.

- Saini N., N. Jain, S. Jain and R. Jain (2004). Assessment of genetic diversity within and among Basmati and non-Basmati rice varieties using AFLP, ISSR and SSR markers. *Euphytica*, Vol. 140, No. 3, 133 - 146.
- Shen L. B., K. Courtois, S. McNally, McCouch and Z. Li (1999) Developing near-isogenic lines of IR64 introgressed with QTL for deeper and thicker roots through marker-aided selection. Pp. 275-292. In OToole C. J., Ito and B. Hardy (eds.) *Genetic Improvement of Rice for Water-Limited Environments*. International Rice Research Institute. Los Banos, Philippine.
- Siwach P., S. Jain, N. Saini, V. K. Chowdhury and R. K. Jain (2004). Allelic diversity among Basmati and non-Basmati long-grain *indica* rice varieties using microsatellite markers. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, Vol. 13, No. 1, 25 - 32.
- Temnykh S., W. D. Park, N. Ayres, S. Cartinhour, N. Hauck, L. Lopovich, Y. G. Cho (2000). Mapping and genome organization of microsatellite sequence in rice (*Oryza sativa* L.). *TAG.*, Vol. 100, No. 5, 697 - 712.
- Thomson M. J., E. M. Septiningih, F. Suwardjo, T. J. Santoso, T. S. Silitonga and S.R. McCouch (2007). Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesia rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers. *TAG.*, Vol. 114, 559 - 568.
- Trần Danh Sửu, Nguyễn Thị Lan Hoa, Hà Minh Loan, Ngô Kim Hoài, Bùi Thị Thu Giang, Hoàng Thị Huệ, Hà Thị Xuân Mai, Nguyễn Thị Tuyết (2011). Nghiên cứu đa dạng di truyền các giống lúa địa phương tỉnh Lào Cai bằng chỉ thị ADN. Báo cáo khoa học, Trung tâm Tài nguyên Di truyền thực vật. (<http://www.pgrvietnam.org.vn/index.asp?m=08&ClassID=2&bydate=&page=1&layID=318>)
- Weir B.S. (1996). *Genetic data analysis II*, 2<sup>nd</sup> ed. Sunderland, Massachusetts, Sinauer Associates: 377.
- Xu Y., H. Beachell and S.R. McCouch (2004). A marker-based approach to broadening the genetic base of rice in the USA. *Crop Sci.* 44, 1947 - 1959.
- Xu J. L., H. R. Lafitte, Y. M. Gao, B. Y. Fu, R. Torres, Z. K. Li (2005) QTLs for drought escape and tolerance identified in a set of random introgression lines of rice. *Theoretical Applied Genetics* 111, 1642 - 1650. [www.gramene.org](http://www.gramene.org)
- Zhang J., R. C. Babu, G. Pantuwan, A. Kamoshita, A. Blum, L. J. Wade, S. Sarkarung, J. C. O Toole, H. T. Nguyen (1999) Molecular dissection of drought tolerance in rice: from physio-morphological traits to field performance. In: Ito O., O Toole, J. Hardy B (Eds). *Genetic Improvement of Rice for Water-limited Environments*. Proceedings of the Workshop on Genetic Improvement of Rice for Water-limited Environments. International Rice Research Institute. Los Banos, Philippines, December 1 -3, 1998, pp. 331 - 343.
- Zou G. H., H. W. Mei, H. Y. Liu, G. L. Liu, S. P. Hu, X. Q. Yu, M. S. Li, J. H. Wu, L. J. Luo (2005) Grain yield responses to moisture regimes in a rice population: association among traits and genetic markers. *Theoretical Applied Genetics* 112, 106 - 113.