

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ MẪU GIỐNG LÚA BẰNG CHỈ THỊ MICROSATELLITE

Bùi Thị Cúc¹, Nguyễn Thị Huyền², Phan Hữu Tôn³, Đồng Huy Giới⁴

^{1,2}Trường Đại học Lâm nghiệp

^{3,4}Học viện Nông nghiệp Việt Nam

TÓM TẮT

Chỉ thị phân tử là công cụ hữu ích để đánh giá đa dạng di truyền, xác định và nhận diện giống cây trồng. Mục đích của nghiên cứu này là đánh giá đa dạng di truyền của 85 mẫu giống lúa được thu thập bởi Trung tâm Bảo tồn và Phát triển nguồn gen cây trồng - Học viện Nông nghiệp Việt Nam bằng 20 chỉ thị phân tử SSR. Kết quả cho thấy, 18 chỉ thị cho các băng DNA đa hình tại 18 locus, thu được 80 allele khác nhau, số allele dao động từ 2 - 6 allele/locus, số allele trung bình đạt 4,44 allele/locus. Tỷ lệ dị hợp của các mẫu nghiên cứu dao động từ 3,3 - 60%. Phân tích số liệu thu được cũng cho thấy sự đa dạng lớn trong tập đoàn nguồn gen đã thu thập, với hệ số tương đồng di truyền từ 0,65 đến 0,95. Ở mức tương đồng di truyền 0,65 tập đoàn giống lúa nghiên cứu phân thành 2 nhóm chính với khoảng cách di truyền giữa 2 nhóm là 35%. Các số liệu thu được trong nghiên cứu này cung cấp những thông tin quan trọng cho công tác chọn tạo giống lúa mới.

Từ khóa: Đa dạng di truyền, lúa, SSR, tỉ lệ dị hợp.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa (*Oryza sativa* L.) là một trong những loại cây lương thực quan trọng trên thế giới, không những có vai trò về kinh tế mà còn có ý nghĩa quan trọng trong vấn đề an ninh lương thực. Đặc biệt quan trọng với châu Á vì trong tổng số 164,7 triệu ha trồng lúa trên thế giới thì có 146,4 triệu ha được canh tác tại châu Á – chiếm 89% (FAOSTAT, 2014).

Nguồn gen cây lúa rất đa dạng và phong phú có ở nhiều quốc gia như Việt Nam, Thái Lan, Lào, Campuchia... Tại Việt Nam, Trung tâm Tài nguyên di truyền thực vật hiện lưu giữ khoảng 5000 mẫu giống, Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long cũng lưu giữ khoảng 1800 mẫu giống lúa được thu thập ở các vùng miền của Việt Nam (Nguyễn Văn Luật, 2009). Ngoài ra còn có các giống được nhập nội hoặc thu thập ở các nước khác trong khu vực như Thái Lan, Lào...

Chỉ thị phân tử SSR (Simple sequence repeat marker) là công cụ để xác định đa dạng di truyền của nguồn gen sinh vật, giải thích mối quan hệ di truyền trong và giữa các loài. Phương pháp này có ưu điểm là đánh giá nhanh, chính xác, cho đa hình cao và ổn định (Ma H. và cộng sự, 2011; Song Z.P. và cộng sự, 2003; Teixeira da Silva J. A., 2005).

Đã có rất nhiều nghiên cứu ở Việt Nam và trên thế giới sử dụng chỉ thị phân tử để đánh giá đa dạng nguồn gen cây lúa. Năm 2003, Ravi M. và cộng sự đã sử dụng 38 cặp mồi SSR để đánh giá đa dạng di truyền của 40 giống lúa trồng và 5 giống lúa hoang dại (Ravi M. et al., 2003). Năm 2014, Nguyễn Thị Hồng Tươi và cộng sự đã sử dụng 35 chỉ thị phân tử SSR để phân tích đa dạng di truyền của 46 dòng/giống lúa cảm gồm cả lúa nếp và tẻ được thu thập từ các địa phương dựa vào sự có mặt và mức độ đa hình của chỉ thị phân tử SSR. Cũng trong năm này, Nguyễn Quốc Trung và cộng sự đã sử dụng 50 chỉ thị SSR nằm trên cả 12 nhiễm sắc thể của lúa để phân tích đa dạng di truyền của 23 mẫu giống lúa ngắn ngày và một giống dài ngày (VN10). Đoàn Thanh Quỳnh và cộng sự (2016) đã tiến hành phân tích đa dạng di truyền của 42 mẫu giống lúa nếp địa phương thu thập tại tỉnh Điện Biên bằng 38 chỉ thị SSR.

Trong nghiên cứu này, 20 chỉ thị phân tử SSR được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền của 85 mẫu giống lúa được thu thập bởi Trung tâm Bảo tồn và Phát triển nguồn gen cây trồng – Học viện Nông nghiệp Việt Nam nhằm cung cấp thông tin về nguồn gen, phân nhóm được nguồn vật liệu để sử dụng trong quá trình lai tạo giống mới.

II. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- 85 mẫu giống lúa được thu thập và lưu giữ tại Trung tâm Bảo tồn và Phát triển nguồn gen cây trồng - Học viện Nông nghiệp Việt Nam.

- 20 cặp mồi SSR được sử dụng để phân tích do hãng Invitrogen cung cấp dựa vào các thông tin về trình tự, kích thước, số allele trên mỗi locus, vị trí phân bố của các locus ở trên 12 nhiễm sắc thể khác nhau đã được McCouch công bố năm 2002 (McCouch et al., 2002).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp chiết tách DNA

DNA tổng số được tách chiết theo phương pháp CTAB (Doyle J.J., 1991) cải tiến như sau: Nghiền 2 cm lá non, cho vào ống effendorft 2 ml. Thêm 0,75 ml dung dịch đệm chiết CTAB (100 mMTris-HClpH8, 20 mMEDTA, 1,4 MNaCl, 2% CTAB), ủ 60 phút ở 65°C. Thêm 0,75 ml Chloroform, đảo đều, li tâm 12.000 vòng/phút trong 15 phút, thu 700 µl dung dịch pha trên. Thêm 700 µl Isopropanol, ly tâm thu cặn DNA (12.000

vòng/phút, 15 phút). Rửa rửa bằng ethanol 70% lạnh 2 lần, sau đó làm khô cặn DNA. Hòa cặn vào 100 µl dung dịch TE hoặc nước deion và bảo quản ở -20°C.

2.1.2. Chu kỳ nhiệt và thành phần phản ứng PCR

Phản ứng PCR sử dụng 20 cặp mồi SSR được thực hiện có thành phần như bảng 1.

Bảng 1. Thành phần phản ứng PCR-SSR

TT	Thành phần	Thể tích (µl)
1	PCR Mastermix 2X	10
2	Mồi xuôi (10 pM)	1
3	Mồi ngược (10 pM)	1
4	DNA tổng số (40 ng/µl)	1
5	dH ₂ O	7
	Tổng	20

Chu kỳ nhiệt phản ứng PCR nhân gen như sau: Biến tính (95°C/5 phút), 35 chu kỳ phản ứng; Biến tính (95°C/1 phút), gắn mồi (47-67°C/30 giây), kéo dài chuỗi (72°C/1 phút), hoàn thiện kéo dài chuỗi (72°C/10 phút) và kết thúc phản ứng (4°C).

Bảng 2. Nhiệt độ gắn mồi trong phản ứng PCR

TT	Tên mồi	Nhiệt độ gắn mồi (°C)	STT	Tên mồi	Nhiệt độ gắn mồi (°C)
1	RM145	67	11	RM3468	56
2	RM152	57	12	RM3476	50
3	RM267	54	13	RM3483	55
4	RM566	58	14	RM3515	55
5	RM1155	58	15	RM5599	51
6	RM1364	47	16	RM5811	56
7	RM1367	58	17	RM6051	57
8	RM3288	55	18	RM212	57
9	RM7003	57	19	RM3825	58
10	RM3467	57	20	RM302	56,5

2.3.1. Phân tích và xử lý số liệu

Kết quả được thống kê dựa vào sự xuất hiện hay không xuất hiện các băng DNA (các allele). Số liệu được xử lý, phân tích bằng phần mềm NTSYSpc 2.1 (Rohlf et al., 2002).

Tỷ lệ dị hợp (H) của mỗi mẫu được tính theo công thức:

$$H\% = \frac{X}{M - Y}$$

Trong đó:

X: Tổng số mồi có xuất hiện 2 allele/1 locus SSR; M: Tổng số mồi sử dụng trong nghiên cứu;

Y: Tổng số mồi SSR không xuất hiện băng DNA.

Tỷ lệ khuyết số liệu (M) được tính bằng công thức: $M\% = \frac{Z}{M}$

Trong đó: Z là tổng số mồi không xuất hiện băng DNA; M là tổng số mồi sử dụng trong nghiên cứu.

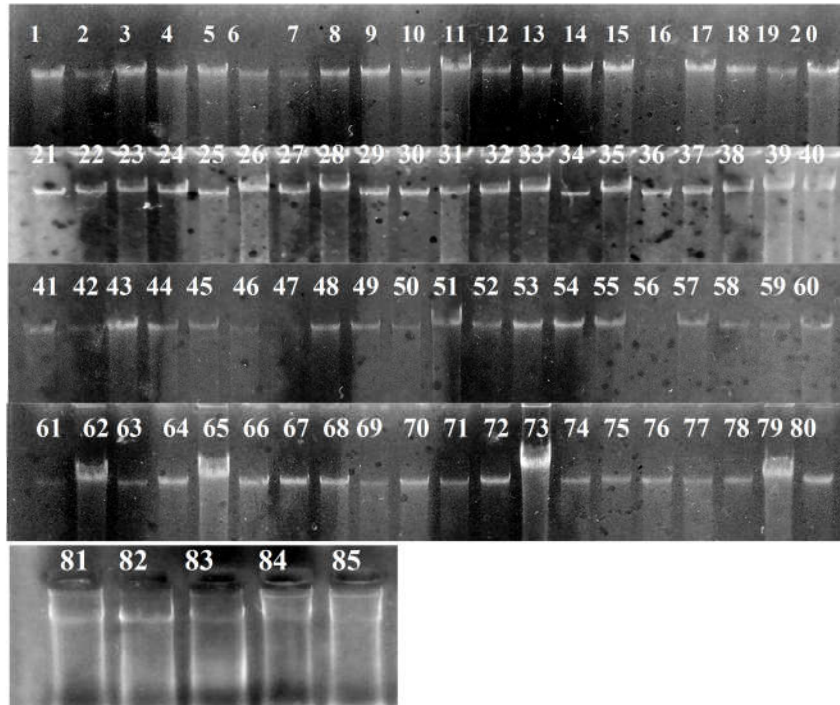
Xác định hệ số tương đồng di truyền Jaccard, thiết lập sơ đồ hình cây để so sánh hệ số tương đồng di truyền giữa 85 mẫu giống lúa dựa theo phương pháp UPGMA trong NTSYSpc2.1.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tách chiết DNA tổng số

Nghiên cứu sử dụng 85 mẫu giống lúa được thu thập và lưu trữ tại Trung tâm Bảo tồn và Phát triển nguồn gen cây trồng để tách chiết

DNA tổng số và phân tích sự đa dạng di truyền. Sau khi tách chiết DNA tổng số, sản phẩm được điện di kiểm tra trên gel agarose 0,8%, kết quả được thể hiện như hình 1.



Hình 1. Kết quả điện di DNA tổng số các giống lúa
(Ghi chú: giếng 1-85 tương đương với mẫu giống L01-L85)

Kết quả điện di thể hiện trong hình 1 cho thấy DNA tổng số tách từ mẫu lá các mẫu giống lúa đều hiện bằng vạch rõ ràng, chứng tỏ DNA ít bị đứt gãy, ít bị nhiễm tạp chất, chất lượng DNA tổng số này hoàn toàn đủ điều kiện cho các nghiên cứu tiếp theo.

3.2. Kết quả phân tích đa hình SSR

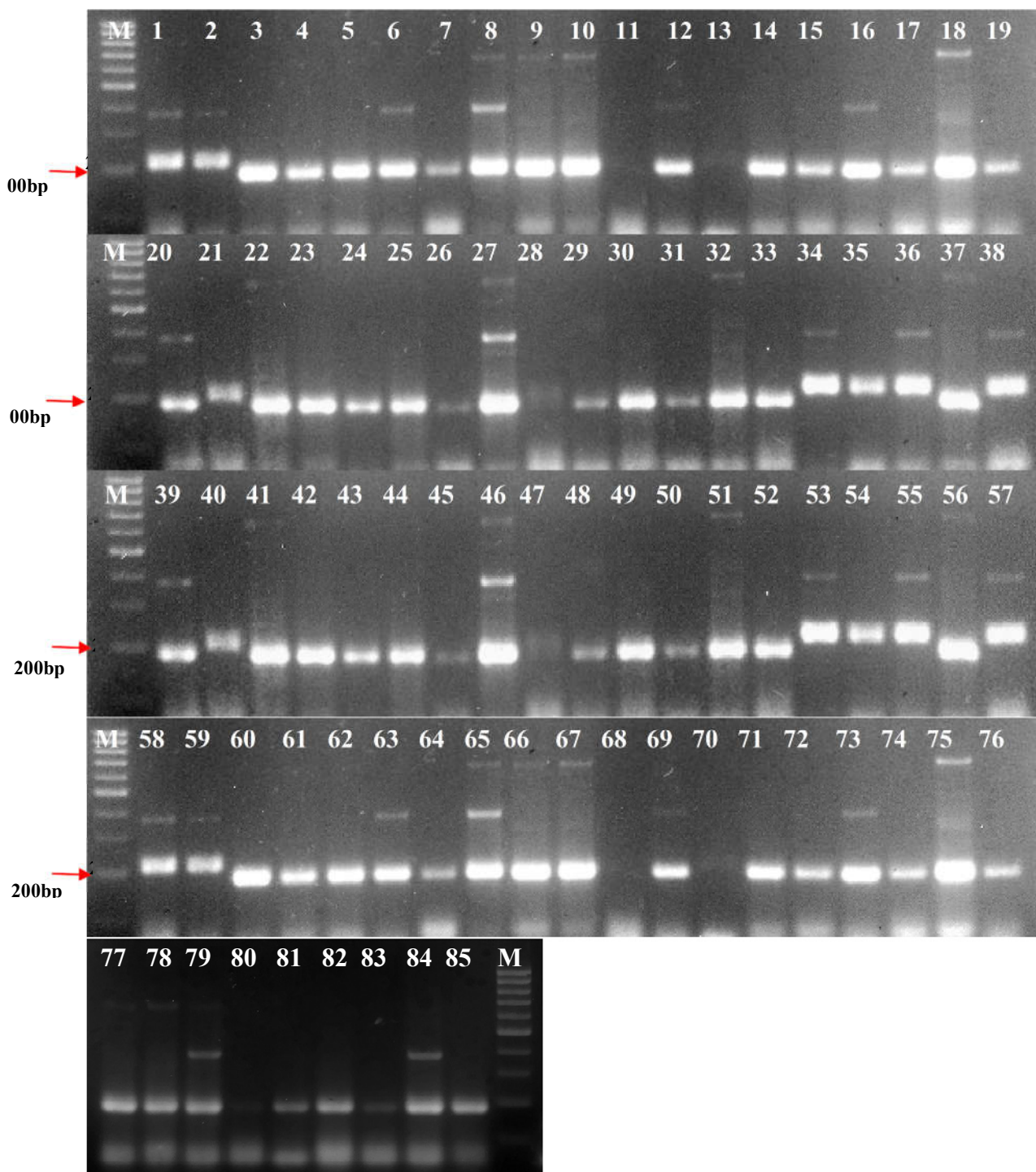
Đa hình của các giống lúa có thể được xác định bởi chiều dài khác nhau của các đoạn lặp lại ở mỗi giống khi chúng được nhân lên bởi cùng một chỉ thị nhờ phản ứng PCR. Việc sàng lọc các chỉ thị SSR đa hình là điều kiện tiên quyết cho việc tìm ra các chỉ thị SSR có liên kết với các tính trạng mang đặc tính mong muốn. Chỉ thị phân tử SSR đã được chứng minh có hiệu quả trong xác định các vùng gen chịu trách nhiệm cho sự biểu hiện của các tính trạng nông học và quá trình sinh lý quan trọng. Ngoài ra, chúng cũng được sử dụng trong phân tích các locus tính trạng số lượng (quantitative

trait loci - QTL), mà qua đó có thể xác định được các gen quy định các tính trạng mong muốn.

Sự đa hình của một cặp mồi SSR thể hiện ở sự có mặt hay vắng mặt của băng điện di của cặp mồi đó ở mỗi cá thể trong quần thể. Số liệu ở bảng 3 cho thấy, số lượng allele rất khác nhau giữa các locus. Sử dụng 20 cặp mồi SSR đánh giá đa dạng di truyền của 85 mẫu giống lúa cho kết quả, 18/20 cặp mồi xuất hiện băng DNA và cho đa hình với kích thước khoảng từ 90 đến 270bp, 2 cặp mồi RM7003 và RM3467 không xuất hiện băng DNA. Số lượng allele/locus dao động từ 2 đến 6 allele, có 2 cặp mồi cho 2 allele (RM152, RM1367), có 2 cặp mồi cho 3 allele (RM1364, RM3468), 4 cặp mồi cho 4 allele (RM3288, RM3515, RM5811 và RM6051), có đến 6 cặp mồi cho 5 allele (RM566, RM1155, RM3476, RM5599, RM212 và RM3825), và 4 cặp mồi: RM145,

RM267, RM3483, RM302 được phát hiện có số allele lớn nhất là 6 allele/locus. Giá trị trung bình thu được là 4,44 allele/locus. Với giá trị trung bình 4,44 allele/locus chứng tỏ các giống lúa nghiên cứu có độ đa hình khá cao, điều này rất có ý nghĩa trong công tác chọn tạo và xác định giống lúa. Kết quả này cũng cao hơn so

với kết quả nghiên cứu của Ashaq và cộng sự (2012) khi nghiên cứu sự đa dạng di truyền giống lúa Basmati cho 3,6 allele/locus và Rahman và cộng sự (2012) khi nghiên cứu đa dạng di truyền các giống lúa ưu tú ở Bangladesh với giá trị trung bình là 4,18 allele/locus.



Hình 2. Kết quả điện di sản phẩm PCR-SSR sử dụng mồi RM145
(Ghi chú: M: DNA ladder 100bp, giếng 1-85 tương ứng với giống lúa L01-L85)

Bảng 3. Kích thước và số allele cho mỗi locus

Tên mồi	Số allele	Kích thước (bp)	locus	Số allele	Kích thước (bp)
RM145	6	190-260	RM3468	3	190-210
RM152	2	150-170	RM3476	5	115-190
RM267	6	140-190	RM3483	6	160-240
RM566	5	230-270	RM3515	4	190-250
RM1155	5	160-200	RM5599	5	120-170
RM1364	3	140-190	RM5811	4	90-120
RM1367	2	90-110	RM6051	4	120-150
RM3288	4	180-220	RM212	5	130-170
RM7003	0		RM3825	5	140-180
RM3467	0		RM302	6	150-210

3.3. Tỷ lệ khuyết số liệu M và tỉ lệ dị hợp H của các mẫu giống lúa trong nghiên cứu

Tỉ lệ dị hợp (H) và tỉ lệ khuyết số liệu M

của các mẫu giống lúa nghiên cứu dựa trên kết quả phân tích với 20 cặp mồi SSR được trình bày ở bảng 4.

Bảng 4. Tỷ lệ khuyết số liệu M và tỉ lệ gen dị hợp H của các giống lúa nghiên cứu

Giống	M (%)	H (%)	Giống	M (%)	H (%)	Giống	M (%)	H (%)	Giống	M (%)	H (%)
L01	10	16,7	L23	15	23,5	L45	10	27,8	L67	10	22,2
L02	10	22,2	L24	10	33,3	L46	10	50,0	L68	15	41,2
L03	10	27,8	L25	10	27,8	L47	15	52,9	L69	15	35,3
L04	10	22,2	L26	15	22,2	L48	15	35,3	L70	15	29,4
L05	10	11,2	L27	10	11,1	L49	10	44,4	L71	15	23,5
L06	10	22,2	L28	10	16,7	L50	10	27,8	L72	10	27,8
L07	10	22,2	L29	10	16,7	L51	10	27,8	L73	10	38,9
L08	10	16,7	L30	10	22,2	L52	10	44,4	L74	10	27,8
L09	10	27,8	L31	15	29,4	L53	20	25,0	L75	10	27,8
L10	15	17,6	L32	15	23,5	L54	15	29,4	L76	10	22,2
L11	10	5,6	L33	10	22,2	L55	20	18,8	L77	10	27,8
L12	15	58,8	L34	15	17,6	L56	10	22,2	L78	15	29,4
L13	10	16,7	L35	15	23,5	L57	20	50,0	L79	10	27,8
L14	20	3,3	L36	10	33,3	L58	15	41,2	L80	20	12,5
L15	10	22,2	L37	10	33,3	L59	25	60,0	L81	10	11,1
L16	10	5,6	L38	10	27,8	L60	10	22,2	L82	10	11,1
L17	10	5,6	L39	15	29,4	L61	20	31,3	L83	15	11,8
L18	15	11,8	L40	15	17,6	L62	10	38,9	L84	15	17,6
L19	10	22,2	L41	10	33,3	L63	10	27,8	L85	15	17,6
L20	10	11,1	L42	10	27,8	L64	10	27,8			
L21	20	25,0	L43	10	27,8	L65	20	25,0			
L22	10	27,8	L44	10	16,7	L66	10	38,9			

Số liệu ở bảng 4 cho thấy: Tỷ lệ khuyết số liệu (M) cao nhất là 25% ở giống L59, 8 giống có tỉ lệ khuyết số liệu là 20% (L14, L21, L53, L55, L57, L61, L65, L80), 23 giống có tỉ lệ khuyết số liệu là 15% và 53 giống có tỉ lệ khuyết số liệu là 10%. Tỷ lệ khuyết số liệu trung bình ở 85 giống là 12,5%.

Tỉ lệ dị hợp cao nhất ở giống L59 (60%) và L12 (58,8%). Các giống còn lại có tỉ lệ dị hợp dao động từ 3,3 đến 52,9%. Không có giống

nào biểu hiện đồng hợp tử hoàn toàn ở 20 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu.

3.4. Phân tích đa dạng di truyền dựa vào hệ số tương đồng di truyền và cây phát sinh chủng loại

Trên cơ sở đa hình của 85 mẫu giống lúa nghiên cứu chúng tôi sử dụng hệ số tương đồng Jaccard và phương pháp UPGMA trong NTSYSpc 2.1 để nghiên cứu mức độ đa dạng, từ đó xác định được hệ số tương đồng di truyền

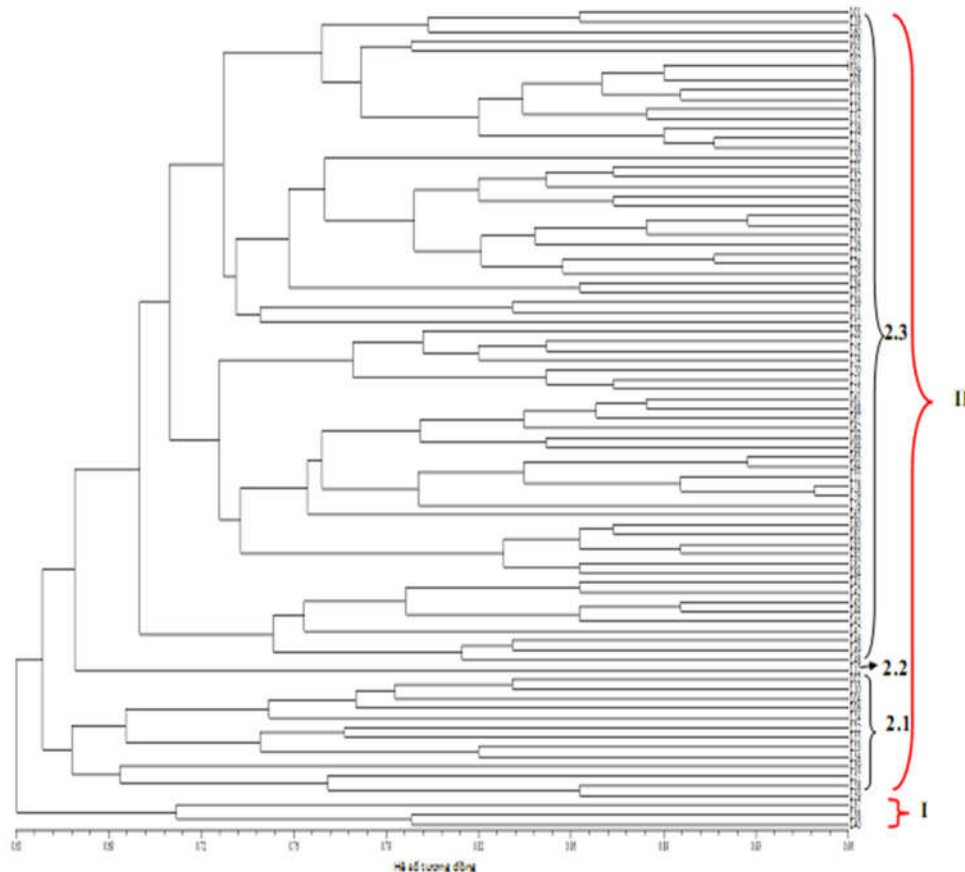
và sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền giữa các giống lúa. Kết quả cho thấy, ở mức tương đồng di truyền 0,65 tập đoàn giống lúa nghiên cứu phân thành 2 nhóm chính (hình 3) với khoảng cách di truyền giữa 2 nhóm là 35%.

Nhóm chính I: bao gồm 3 giống L37, L38 và L40 có thể chia thành 2 nhánh phụ đó là: Nhánh phụ 1 gồm giống L37, nhánh phụ 2 gồm L38 và L40 với khoảng cách di truyền giữa các giống trong nhóm dao động từ 20 - 29%.

Nhóm chính II: bao gồm 82 giống còn lại, nhóm chính 2 phân thành 3 nhánh phụ. Nhánh phụ II.1 bao gồm 13 giống (L59, L58, L57, L39, L54, L53, L55, L22, L24, L06, L04, L10 và L02) với mức độ tương đồng di truyền giữa các giống trong nhánh dao động từ 0,67 đến 0,83. Nhánh phụ II.2 chỉ bao gồm một giống

L12 với mức độ tương đồng di truyền với các giống khác trong nhóm là 0,67. Nhánh phụ II.3 bao gồm 68 giống tiếp tục được chia thành 3 nhánh nhỏ với mức độ tương đồng di truyền từ 0,70 đến 0,95. Nhánh nhỏ II.3.1 gồm 9 giống (L48, L49, L46, L47, L45, L44, L43, L42, L41) có mức độ tương đồng di truyền khá cao từ 0,75 - 0,90. Nhánh nhỏ II.3.2 gồm 27 giống, trong đó có 2 giống L78 và L79 có mức độ tương đồng di truyền rất cao đạt xấp xỉ 0,95. Nhánh nhỏ II.3.3 chứa 32 giống còn lại với mức độ tương đồng di truyền dao động từ 0,73 - 0,93.

Nhìn chung, sơ đồ quan hệ di truyền của 85 mẫu giống lúa chia ra rất nhiều nhánh nhỏ khác nhau, đa số các giống nghiên cứu có mức độ tương đồng di truyền khá cao, mức tương đồng di truyền cao nhất đạt 95%.



Hình 3. Sơ đồ quan hệ di truyền của 85 mẫu giống lúa dựa trên số liệu phân tích DNA với 18 chỉ thị phân tử SSR

IV. KẾT LUẬN

Trong số 20 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu đa dạng di truyền của 85 mẫu giống lúa thì có 18 chỉ thị cho các băng DNA đa hình tại 18 locus, thu được 80 allele khác

nhau, số allele dao động từ 2 - 6 allele/locus, số allele trung bình đạt 4,44 allele/locus.

Các giống lúa nghiên cứu có tỉ lệ dị hợp dao động từ 3,3 - 60%. Hệ số tương đồng di truyền của 85 mẫu giống lúa nghiên cứu dao động từ

0,65 - 0,95. Hai giống có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là L78 và L79 đạt 0,95.

Ở mức tương đồng di truyền 0,65 tập đoàn giống lúa nghiên cứu được chia thành 2 nhóm chính, nhóm 1 gồm 3 giống (L37, L38 và L40), nhóm 2 gồm 82 giống còn lại; khoảng cách di truyền giữa 2 nhóm là 35%.

Các số liệu thu được trong nghiên cứu này cung cấp những thông tin quan trọng cho việc nghiên cứu chọn tạo các giống lúa có các tính trạng mong muốn bằng phương pháp truyền thống và phương pháp phân tử.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nguyễn Văn Luật (2009). *Cây lúa Việt Nam*. Nhà xuất bản Nông nghiệp, Hà Nội.
2. Đoàn Thanh Quỳnh, Nguyễn Thị Hào, Vũ Thị Thu Hiền, Trần Văn Quang (2016). Đánh giá đa dạng di truyền của nguồn gen lúa nếp địa phương dựa trên kiểu hình và chỉ thị phân tử. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, tập 14, số 4: 527-538.
3. Ngô Thị Hồng Tươi, Phạm Văn Cường, Nguyễn Văn Hoan (2014). Phân tích đa dạng di truyền của các mẫu giống lúa cẩm bằng chỉ thị SSR. *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, tập 12, số 4: 485-494.
4. Nguyễn Quốc Trung, Lê Văn Trung, Nguyễn Thị Trang, Nguyễn Thị Thùy Dương, Nguyễn Thanh Tùng, Nguyễn Văn Hoan, Phạm Văn Cường (2014). Đánh giá đa dạng di truyền một số giống lúa ngắn ngày. *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, tập 12, số 4: 461-467.

5. Ashfaq M., Khan A. S. (2012). Genetic diversity in basmati rice (*Oryza sativa* L.) germplasm as revealed by microsatellite (SSR) markers. *Genetika*, 48(1):62-7.

6. Doyle J.J. (1991). DNA protocol for plants. *Molecular Techniques in Taxonomy*, 57: 283-293.

- Ma H., Yin Y., GuoZ. F., Cheng L. J., Zhang L., Zhong M. and Shao G. J. (2011). Establishment of DNA finger printing of Liaojing series of japonica rice. *MEJSR.*, 8(2): 384-392.

7. Rahman M. M., Rasaul G. M., Hossain A. M., Iftakharuddaula M. K., Hasegawa. H. (2012). Molecular Characterization and Genetic Diversity Analysis of Rice (*Oryza sativa* L.) Using SSR Markers. *J. Crop Dev.*, 26(2):244-257.

8. Ravi M., Geethanjali S., Sameeyafarheen F., Maheswaran M. (2003). Molecular Marker based Genetic Diversity Analysis in Rice (*Oryzasativa* L.) using RAPD and SSR markers. *Euphytica*, 133: 243-252.

9. Rohlf et al (2002). NTSYSpc2.1: Numerical taxonomy system.

10. Song Z. P., Xu X., Wang B., Chen J. K. and Lu B. R. (2003). Genetic diversity in the northernmost *Oryza rufipogon* populations estimated by SSR markers. *Theor. Appl. Genet.*, 107: 1492-1499.

11. Teixeira da Silva J. A. (2005). Molecular markers for phylogeny, breeding and ecology in agriculture. In: Thangadurai D., Pullaiah T., Tripathy L. (Eds) Genetic Resources and Biotechnology (Vol. III), Regency Publications, New Delhi, India, 221-256.

12. FAOSTAT (2014). Fao.org/faostat/en#home.

EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY IN SOME RICE VARIETIES USING MICROSATELLITE MARKERS

Bui Thi Cuc¹, Nguyen Thi Huyen², Phan Huu Ton³, Dong Huy Gioi⁴

^{1,2}Vietnam National University of Forestry

^{3,4}Vietnam National University of Agriculture

SUMMARY

Molecular markers are useful tools for evaluating genetic diversity and determining cultivar identification. The purpose of this study was to evaluate the genetic diversity of 85 rice varieties collected by the Center for Crop Genetic Resources Development - Vietnam National University of Agriculture by SSR molecular indicator with 20 specific of primers. The studied result showed that there were 18 indicators for polymorphic DNA bands at 18 locus, 80 different alleles, numbers of alleles ranging from 2 - 6 allele/locus, average was 4.44 alleles/locus. The heterozygosity of the samples ranged from 3.3 to 60%. Analysis of the data also revealed a large diversity in the rice genetic group sample collected with genetic similarity value similarity value from 0.65 to 0.95. At genetic similarity value of 0.65, 85 rice varieties were divided into two groups with a genetic distance of 35%. The data obtained in this study provide is important information for any new rice breeding program.

Keywords: Genetic diversity, heterozygosity, rice, SSR.

Ngày nhận bài : 15/6/2018

Ngày phản biện : 19/7/2018

Ngày quyết định đăng : 30/7/2018