

NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA CÁC DÒNG/GIỐNG ĐẬU NÀNH BẰNG CHỈ THỊ ISSR

Huỳnh Kỳ¹, Nguyễn Lộc Hiền¹, Văn Quốc Giang¹, Nguyễn Văn Mạnh¹,
Chung Trương Quốc Khang¹, Trần In Đô¹, Nguyễn Châu Thanh Tùng¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu về đa dạng di truyền là một trong những bước đầu trong việc cải thiện giống cây trồng. Trong nghiên cứu này, chỉ thị phân tử ISSR được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền của 120 dòng/giống đậu nành đang được lưu giữ trong ngân hàng giống của Trường Đại học Cần Thơ. Kết quả khuếch đại từ 10 chỉ thị phân tử ISSR cho được tổng cộng 89 phân đoạn, trong đó có 79 phân đoạn đa hình, chỉ số PIC của các môi ISSR dao động từ 0,06 đến 0,25 và hệ số tương đồng từ 0,55 - 0,91. Sự đa dạng di truyền tương đối cao và 120 dòng/giống đậu nành chia được thành 7 nhóm chính và một số phân nhóm. Đây là thông tin rất có giá trị cho cơ sở chọn các cặp bố mẹ khác nhau để phát triển các giống đậu nành ưu việt cho tương lai.

Từ khóa: Đậu nành, đa dạng di truyền, chỉ thị ISSR

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Đậu nành là một trong những cây trồng quan trọng nhất trên thế giới vì đậu nành là một trong những nguồn cung cấp protein chính cho người và động vật cũng như nguồn cung cấp dầu thực vật quan trọng trên thế giới. Ở Việt Nam, diện tích canh tác đậu nành năm 2018 ước tính khoảng 105 nghìn ha, với sản lượng khoảng 157 nghìn tấn với năng suất 1,57 tấn/ha (Tổng cục Thống kê, 2020). Tuy nhiên, muốn cây đậu nành phát triển bền vững thì chỉ có cách duy nhất là tăng năng suất từ 1,5 tấn/ha hiện nay lên ít nhất trên 1,8 tấn/ha, trên cơ sở đó sẽ làm giảm chi phí đầu tư, bên cạnh đó phải tăng diện tích để tăng sức cạnh tranh cho sản phẩm đậu nành của Việt Nam. Do đó các nhà chọn giống đậu nành Việt Nam tập trung nghiên cứu việc cải tiến giống đậu nành cho năng suất và chất lượng cao để có thể tăng sức cạnh tranh cho thị trường trong và ngoài nước, đây là một trong những vấn đề tiên quyết và thiết yếu cho việc phát triển loại cây trồng này.

Theo nhiều nghiên cứu cho thấy phân tích đa dạng di truyền là rất cần thiết cho việc cải tiến cây trồng và đa dạng di truyền được phân tích thông qua đánh giá đặc tính hình thái và kiểu gen bằng dấu chỉ thị phân tử (Dong *et al.*, 2014; Hipparagi *et al.*, 2017). Dấu chỉ thị phân tử đánh giá đa dạng kiểu gen của cây trồng mà không chịu ảnh hưởng của điều kiện môi trường, cung cấp thông tin một cách chính xác tính đa dạng di truyền của tập đoàn các giống cây trồng. Có rất nhiều nghiên cứu ứng dụng dấu chỉ thị phân tử trong đánh giá đa dạng di truyền của tập đoàn giống đậu nành được báo cáo như ứng dụng chỉ thị SSR đánh giá 38 kiểu gen đậu nành ở Ấn Độ (Bisen *et al.*, 2015), hay đánh giá đa dạng di truyền

của 72 giống đậu nành ở bang Uttarakhand, Ấn Độ bằng chỉ thị SSR (Hipparagi *et al.*, 2017; Kumawat *et al.*, 2015). Bên cạnh đó chỉ thị ISSR cũng thành công trong đánh giá đa dạng di truyền của 24 giống đậu nành ở Ấn Độ (Jain *et al.*, 2017), hay dùng chỉ thị ISSR để đánh giá quần thể đậu nành được xử lý đột biến bằng tia gamma (Mudibu *et al.*, 2011).

Ở Việt Nam, nhóm nghiên cứu của Nguyễn Lộc Hiền và cộng tác viên (2010) đã đánh giá thành công sự đa dạng di truyền của 22 giống đậu nành rau nhập nội thông qua 15 tính trạng nông học kết hợp với sử dụng chỉ thị phân tử RAPD. Cho thấy việc sử dụng chỉ thị phân tử trong nghiên cứu đa dạng di truyền đậu nành luôn đạt được hiệu quả cao. Do đó, trong nghiên cứu này, bộ sưu tập 120 dòng/giống đậu nành của trường Đại học Cần Thơ được đánh giá đa dạng di truyền bằng dấu chỉ thị phân tử ISSR, kết quả nghiên cứu này nhằm cung cấp thông tin hữu ích cho chương trình chọn giống đậu nành trong tương lai.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Nghiên cứu đã sử dụng 120 dòng/giống đậu nành đang được lưu trữ trong ngân hàng giống tại Khoa Nông nghiệp, trường Đại học Cần Thơ. Các dòng/giống đậu nành nhập nội có ưu điểm thời gian sinh trưởng ngắn nhưng thấp cây, trong khi đó nhóm dòng/giống đậu nành trong nước có thời gian sinh trưởng dài hơn nên không phù hợp với cơ cấu mùa vụ ĐBSCL, riêng nhóm dòng/giống đậu nành thường cho năng suất cao. Danh sách dòng/giống được liệt kê trong bảng 1.

¹ Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

Bảng 1. Danh sách 120 dòng/giống đậu nành nghiên cứu

TT	Tên dòng/giống	TT	Tên dòng/giống	TT	Tên dòng/giống	TT	Tên dòng/giống
1	TGX 814-26D	31	PK 73-49	61	Bản đốc A hạt vàng	91	MTĐ 9
2	TGX 811-27D	32	AGS 79	62	Thọ Xuân	92	MTĐ 22
3	TGX 849-294D	33	AGS 299	63	Số 81	93	MTĐ240
4	VERDA	34	AGS 9	64	Hồng Đĩnh B	94	MTĐ 305
5	SENCA	35	AGS 314	65	Đậu miên trạng (d2)	95	MTĐ 173
6	PURGA	36	AGS 208	66	A100	96	MTĐ 120-2
7	GELDULT A	37	AGS 85	67	Thanh oai 2	97	MTĐ 299
8	TROPICAL	38	AGS 214	68	Số 29	98	Cọc chùm × NTC 188
9	IPBSY 153-17	39	Ankur	69	Vân đen Từ Liêm	99	Santa Maria × V74 (d 2)
10	MACK 57	40	GAS 73	70	Năm Căn 4 hạt đen	100	Santa Maria × V74 (d 10)
11	Liên Xô 4	41	F 5-3	71	Số 87	101	MTĐ 10
12	Liên Xô 6	42	ALOMA	72	144	102	MTĐ 459
13	Ottawa	43	S1 F1-1	73	T4	103	Cọc chùm × V73
14	Nhật Bản 20	44	PI 189-836	74	VS 87-C1	104	DT 2000
15	Nhật Bản 38	45	TGX 573-201	75	VX 87-C2	105	Ba tháng chim ba Đắc lặc
16	Nhật Bản 17A	46	TGX 536-02D	76	VX 87-09-2	106	Cao Bằng
17	EGSY 73	47	TGX 573-209D	77	VX 87-09-1	107	Vàng Hà Giang
18	IGH 23	48	MTĐ 860-1	78	VX 87-04-4	108	HL 09-5 (hoa trắng)
19	G 34-73	49	PI206258	79	Xanh lơ	109	HL 09-10
20	GC 86040-1	50	PI462312(Rpp3)	80	Hồng Đĩnh A	110	HL 09-9
21	GC 82349-6-1	51	Oosaya chamame	81	Thanh Lĩnh	111	MTĐ 455-3
22	GC 86031-4NL	52	Natsuno Shirabe	82	X33	112	Nhật 17a-7
23	GC 82341-14-2	53	Kokuwase Chamame	83	Vàng Nguyên Dương	113	MTĐ 865-1
24	GC 86026-48	54	Sapporo midori	84	T 84	114	MTDD
25	G 12501	55	Umai Chame	85	T 78	115	DT thu thập Daklak
26	CEP 77-17	56	MTĐ 878-8	86	Tân uyên 1	116	Daklak
27	CS 39-0-22-1-3-1	57	MTĐ 878-15	87	Mỹ Hưng	117	MTĐ 765 (hoa trắng)
28	D75-9207	58	MTĐ 885-1	88	MTĐ 760-4	118	MTĐ 765 (hoa tím)
29	B 3039	59	MTĐ 760-4	89	MTĐ 517-8	119	MTĐ 861
30	G 9556	60	Thanh Lĩnh	90	MTĐ 176	120	MTĐ 878-22

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Tách chiết DNA

Mẫu lá đậu nành được thu và trữ lạnh ở -20°C để tránh DNA bị biến tính. Sau đó các mẫu lá này được ly trích DNA theo phương pháp CTAB (Doyle and Doyle, 1990). DNA sau khi được ly trích và tinh sạch sẽ được kiểm tra bằng cách điện di trên gel agarose 1% (w/v), mẫu có DNA tốt sẽ được sử dụng cho phản ứng PCR.

2.2.2. Phân tích kiểu gen bằng dấu chỉ thị phân tử ISSR

Phản ứng khuếch đại DNA hay gọi là phản ứng PCR được tiến hành như sau: Mỗi phản ứng bao gồm 10 μL , trong đó có 5 μL PCR Master Mix 2X; 3,5 μL H₂O PCR; 0,5 μL Primers và 1 μL DNA. Phản ứng được thực hiện trong 40 chu kỳ gia nhiệt, bao gồm: 5 phút ở 95°C , 30 giây ở 95°C , 30 giây kế tiếp tùy thuộc vào nhiệt độ gắn mỗi của mỗi primer ISSR

(Bảng 2) mà điều chỉnh trên máy cho phù hợp. Kéo dài chuỗi trong 30 giây ở 72°C, 5 phút ở 72°C và sản phẩm được trừ ở 10°C trong 20 phút. Sản phẩm PCR sau khi được khuếch đại sẽ được tiến hành chạy điện di trên gel agarose 2% (w/v).

Bảng 2. Trình tự 10 đoạn mỗi ISSR và nhiệt độ gắn mỗi (Tm) được dùng trong thí nghiệm

Tên đoạn mỗi	Trình tự (5'-3')	Tm °C
BB1	CCACCACCACCA	56
BB3	CAGCAGCAGCAG	55
BB5	GTCCTCTCTCTCTCTCTCTCT	58
BB10	GAGCACCACCACRC	57
BB11	GTGGTGTTGGC	50
BB12	GAGGAGGAGGC	51
BB13	GTGTGTGTGTGTGG	55
BB16	ACACACACACACACC	55
BB17	GAGAGAGAGAGAGAGAC	57
BB19	GACAGACAGACAGACA	55

2.2.3 Phân tích số liệu

Tất cả băng xuất hiện trên phổ điện di được mã hóa thành số theo dạng nhị phân (1 và 0), 1 tương ứng với locus được khuếch đại, 0 tương ứng với locus không được khuếch đại. Chỉ số PIC (Polymorphism Information Content) là chỉ số đa hình di truyền hay còn gọi là thước đo độ đa hình theo định nghĩa của (Botstein *et al.*, 1980). Theo đó, dấu chỉ thị phân tử ISSR là dạng marker trội (dominant marker) cho nên (Anderson *et al.*, 1993) cho rằng chỉ số PIC của mỗi locus sẽ được tính theo công thức:

$$PIC(i) = 1 - \sum_j i_j^2$$

Trong đó, i là thứ tự locus được tính, i_j là tần số alen của mẫu thứ j với locus thứ i . Kết quả chỉ số PIC sau cùng sẽ là chỉ số PIC trung bình cộng của tất cả locus được tính theo công thức trên.

Bảng hệ số ma trận tương đồng của các giá trị di truyền giữa 120 giống đậu nành và biểu đồ mối quan hệ giữa quần thể 10 mỗi ISSR được tạo ra bằng phần mềm NTSYSpc 2.1 (Rohlf, 1988). Trọng lượng phân tử các băng đặc trưng được tính toán bằng phần mềm GelAnalyzer 19.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 8 đến tháng 12 năm 2019 tại phòng thí nghiệm Di truyền và Chọn giống cây trồng, Khoa Nông nghiệp, Đại học Cần Thơ.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Sự đa hình của 120 dòng/giống đậu nành bằng dấu chỉ thị ISSR

Kết quả bảng 3 cho thấy, 10 đoạn mỗi ISSR cho khuếch đại có tất cả có 89 phân đoạn và trong đó có 72 phân đoạn đa hình chiếm tỷ lệ 81%. Mỗi BB12 cho kết quả khuếch đại cao nhất với 12 phân đoạn, tỷ lệ đa hình đạt 92%. Ngược lại mỗi BB3 cho kết quả thấp nhất với 6 phân đoạn, tỷ lệ đa hình của mỗi BB3 là 67%. Trong 10 mỗi khảo sát không có mỗi nào cho kết quả đa hình 100%. Mỗi BB1 có kết quả đa hình thấp nhất là 57%.

Botstein và cộng tác viên (1980) cho rằng nếu chỉ số PIC > 0,5 thì mỗi được sử dụng cho kết quả đa hình cao, ngược lại nếu $0,25 \leq PIC < 0,5$ thì mỗi cho kết quả trung bình và với $PIC < 0,25$ thì kết quả đa hình thấp. Như vậy, theo bảng 3 ta thấy, chỉ số PIC của các mỗi ISSR dao động từ 0,06 đến 0,25, chỉ số PIC trung bình là 0,16. Chỉ số PIC thấp nhất là 0,06 ở mỗi BB12 và chỉ số PIC cao nhất là 0,25 ở mỗi ISSR BB3. Chỉ số PIC lớn nhất của từng mỗi cao nhất ở mỗi BB3 là 0,5 và thấp nhất ở mỗi BB12 là 0,18. Ngược lại, chỉ số PIC thấp nhất giữa các mỗi bằng nhau và bằng 0.

Kích thước phân tử của các đoạn mỗi dao động từ 68 - 2.000 kp. Mỗi BB12 có kích thước dao động lớn nhất trong khoảng 100 - 2.000 kp với 11 phân đoạn được khuếch đại với tỷ lệ đa hình chiếm 92%, mỗi có chỉ số PIC cao nhất là 0,18. Mỗi BB17 có khoảng phân đoạn xuất hiện là trong khoảng 110 - 850 kp với 8 phân đoạn được khuếch đại với tỷ lệ đa hình chiếm 75%, chỉ số PIC cao nhất của mỗi là 0,49.

Bên cạnh các đoạn mỗi nói trên, mỗi BB1 có kích thước khuếch đại trong khoảng 300 - 1.650 bp, tổng số băng được khuếch đại là 7 đoạn mỗi, tỷ lệ đa hình đạt 57%, chỉ số PIC lớn nhất là 0,44. Mỗi BB5 có kích thước dao động trong khoảng 68 - 1650 bp, khuếch đại được 11 phân đoạn, trong đó có 9 phân đoạn đa hình, chiếm tỷ lệ 82%, chỉ số PIC lớn nhất đạt 0,47. Mỗi BB10 với 10 phân đoạn được khuếch đại, băng đa hình là 8, tỷ lệ đa hình 80%, chỉ số PIC trung bình là 0,22 và lớn nhất là 0,46 có kích thước trong khoảng 87 - 1.650 bp. Mỗi BB11 có kích thước 97 - 1.650 bp khuếch đại được 11 băng, trong đó có 10 băng đa hình chiếm 91%, chỉ số PIC trung bình 0,1 và lớn nhất là 0,48 (Bảng 3).

Bảng 3 cho thấy mỗi BB13 và mỗi BB16 có cùng kích thước khuếch đại là 100 - 850 bp. Mỗi BB13 cho khuếch đại được 9 phân đoạn, có 8 phân đoạn đa hình chiếm 89%, chỉ số PIC trung bình 0,17 và lớn

nhất là 0,5. Mỗi BB16 khuếch đại được 7 phân đoạn, có 6 phân đoạn đa hình chiếm 86%, chỉ số PIC trung bình 0,18 và lớn nhất là 0,5.

Mỗi BB19 khuếch đại được 8 phân đoạn có kích thước dao động trong khoảng 106 - 1.000 bp, trong đó có 6 phân đoạn đa hình chiếm tỷ lệ 75%, với chỉ số PIC trung bình là 0,14 và cao nhất là 0,41.

Bảng 3. Chỉ số đánh giá tính đa hình của 120 giống đậu nành được khuếch đại bởi 10 mồi ISSR

Tên mồi	Trọng lượng phân tử (bp)	Tổng số phân đoạn	Số phân đoạn đa hình	Tỷ lệ phân đoạn đa hình (%)	PIC	PIC max
BB1	300 - 1650	7	4	57	0,15	0,44
BB3	200 - 1650	6	4	67	0,25	0,50
BB5	68 - 1650	11	9	82	0,14	0,47
BB10	87 - 1650	10	8	80	0,22	0,46
BB11	97 - 1650	11	10	91	0,10	0,48
BB12	101 - 2000	12	11	92	0,06	0,18
BB13	100 - 850	9	8	89	0,17	0,50
BB16	100 - 850	7	6	86	0,18	0,50
BB17	110 - 850	8	6	75	0,15	0,49
BB19	106 - 1000	8	6	75	0,14	0,41
Tổng cộng		89	72			
Trung bình		8,9	7,2	79	0,156	
Độ lệch chuẩn		± 2,02	± 2,39	± 11,13	± 0,05	

Ghi chú: PIC là chỉ số đa hình di truyền.

3.2. Môi quan hệ của 120 giống đậu nành dựa trên sự đa dạng kiểu gen bằng dấu chỉ thị ISSR

Sự giống và khác nhau về mặt di truyền của 120 giống đậu nành được ghi nhận trên sự đa dạng về kiểu gen trong quần thể được khuếch đại bởi 10 mồi ISSR. Hệ số tương đồng Nei-Li của 120 giống đậu nành giao động từ 0,55 đến 0,91 (Bảng 4).

Bảng 4. Giá trị lớn nhất, giá trị nhỏ nhất, giá trị trung bình của Hệ số tương đồng Nei-Li của 120 dòng/giống đậu nành

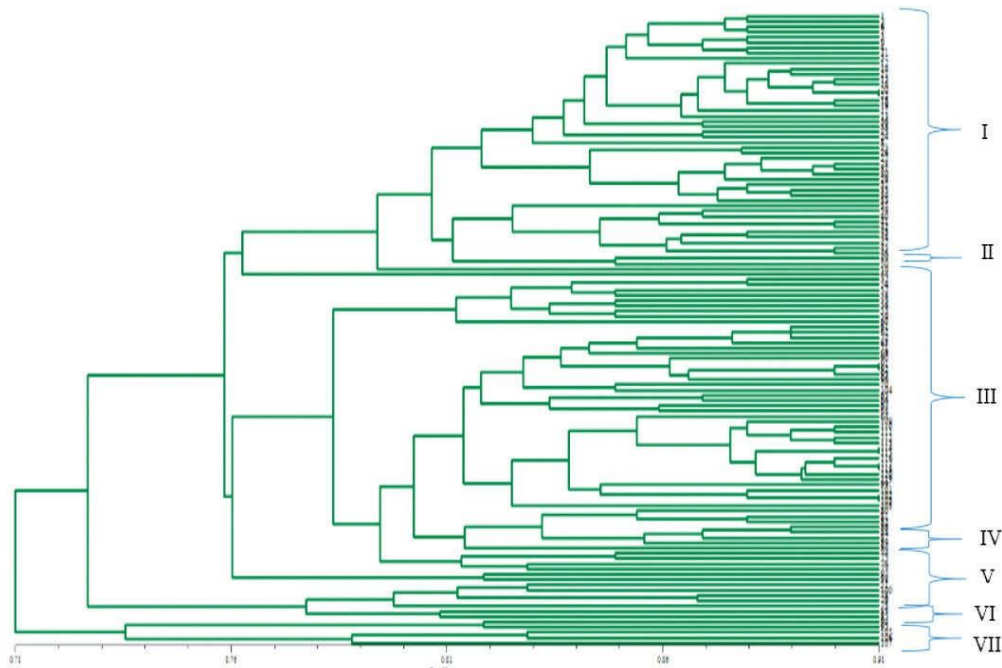
Các chỉ số	Giá trị
Giá trị lớn nhất	0,91
Giá trị nhỏ nhất	0,55
Giá trị trung bình	0,77

Bảng 5. Kết quả phân nhóm di truyền của 120 dòng/giống bằng dấu chỉ thị ISSR

Nhóm	Dòng/giống	Hệ số tương đồng
I(A1)	1, 2, 6, 7, 3, 9, 4, 11, 5, 12, 14, 21, 15, 16, 20, 22, 18, 19, 17, 13, 36, 38, 23, 24, 8, 25, 26, 27, 28, 31, 30, 29, 32, 33, 34, 35	0,790 - 0,910
I(A2)	37, 39, 40, 41, 42, 43, 48, 47, 45, 46, 49, 50	0,812 - 0,90
I(B)	10	0,790
II	44	0,764
III(A)	52, 54, 57, 58, 53, 56, 55, 59, 60	0,850 - 0,882
III(B1)	61, 62, 72, 63, 71, 69, 90, 91, 92, 93, 96, 70, 104, 65, 66, 67, 68, 64, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 120, 119, 99, 101, 102, 103, 108, 80, 81, 82, 86, 88, 87, 89, 84	0,812 - 0,910
III(B2)	74, 75, 76, 77	0,828 - 0,850
IV	97, 98	0,818
V	51, 100, 78, 79, 73, 83, 85	0,776 - 0,870
VI	94, 95	0,812
VII	105, 106, 107	0,788 - 0,828

Từ kết quả của hệ số tương đồng Nei-Li sử dụng phương pháp UPGMA thông qua phần mềm NTSYS ver 2.1 để tạo biểu đồ mối liên hệ di truyền của 120 giống đậu nành (Hình 1). Dựa vào kết quả ở

hình 1 có thể chia 120 giống đậu nành thành 7 nhóm chính gồm nhóm I, II, III, IV, V, VI và VII dựa vào hệ số tương đồng Nei-Li và có trung bình là (0,77) (Bảng 5).



Hình 1. Sơ đồ nhánh của 120 dòng/giống đậu nành trên dấu chỉ thị phân tử ISSR

Ghi chú: 1-120 tương ứng với các giống đậu nành sắp xếp theo thứ tự Bảng 1.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

Tóm lại, trong chọn giống đậu nành, việc chọn các cặp bố mẹ mang các kiểu gen xa nhau nhằm tạo các ưu thế lai cho các thế hệ sau là rất cần thiết. Kết quả phân tích đa dạng di truyền cho thấy mức độ đa dạng kiểu gen của tập đoàn dòng/giống đậu nành trường Đại học Cần Thơ là rất cao, có hệ số tương đồng Nei-Li biến động từ 0,55 - 0,91.

Tiếp tục khảo sát đặc tính hình thái, nông sinh học nhằm kết hợp với kết quả phân tích đa dạng kiểu gen ở nghiên cứu này để đưa ra các cơ sở chọn các cặp bố mẹ khác nhau để phát triển các giống đậu nành ưu việt cho Việt Nam nói chung cho ĐBSCL nói riêng.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu được tài trợ bởi dự án Nâng cấp Trường Đại học Cần Thơ VN14-P6 (vốn vay ODA từ chính phủ Nhật Bản).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Nguyễn Lộc Hiền, Trần Thanh Xuyên, Trần Thị Bích Phương và Tadashi Yoshihashi, 2010. Sự đa dạng di

truyền của các giống đậu nành rau Nhật Bản. *Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ*, 16a: 51-56.

Tổng cục Thống kê, 2020. *Niên giám Rong kê Việt Nam*, 2019. 1036 trang.

Anderson, J.A., G.A. Churchill, J.E. Autrique, S.D. Tanksley, and M.E. Sorrells, 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36: 181-186.

Bisen, A., D. Khare, P. Nair, and N. Tripathi, 2015. SSR analysis of 38 genotypes of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic diversity in India. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 21: 109-115.

Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick, and R.W. Davis, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet.*, 32: 314-331.

Dong, D., X. Fu, F. Yuan, P. Chen, S. Zhu, B. Li, Q. Yang, X. Yu, and D. Zhu, 2014. Genetic diversity and population structure of vegetable soybean (*Glycine max*(L.) Merr.) in China as revealed by SSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 61: 173-183.

Doyle, J.J., and J.L. Doyle, 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.

- Jain, R.K., A. Joshi, D. Jain, D. Rajpurohit, and P. Jain, 2017. ISSR Based Molecular Characterization of Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Genotypes. *Bull. Env. Pharmacol. Life Sci.*, 7: 46-54.
- GelAnalyzer 19.1 (www.gelanalyzer.com) by Istvan Lazar Jr., PhD and Istvan Lazar Sr., PhD, CSc.
- Hipparagi, Y., R. Singh, D.R. Choudhury, and V. Gupta, 2017. Genetic diversity and population structure analysis of Kala Bhat (*Glycine max* (L.) Merrill) genotypes using SSR markers. *Hereditas*, 154: 9.
- Kumawat, G., G. Singh, C. Gireesh, M. Shivakumar, M. Arya, D.K. Agarwal, and S.M. Husain, 2015. Molecular characterization and genetic diversity analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) germplasm accessions in India. *Physiol. Mol. Biol. Plants*, 21: 101-107.
- Mudibu, J., K.K.C. Nkongolo, M. Mehes-Smith, and A. Kalonji-Mbuyi, 2011. Genetic analysis of a soybean genetic pool using ISSR marker: effect of gamma radiation on genetic variability. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5: 235-245.
- Rohlf, F., 1988. NTSYS-pc - Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. *Applied Biostatistics Inc. New York*. 2.1.

Study on genetic diversity of soybean varieties/lines by ISSR markers

Huynh Ky, Nguyen Loc Hien, Van Quoc Giang,
Nguyen Van Manh, Chung Truong Quoc Khang,
Tran In Do, Nguyen Chau Thanh Tung

Abstract

Genetic diversity research is one of the first steps in improving crop varieties. In this study, the ISSR molecular markers were used to evaluate the genetic diversity of 120 soybean varieties/lines maintained at Can Tho University genebank. The PCR products of 10 ISSR markers regenerated 89 bands, including 79 polymorphic ones. The analysis showed that PIC index of ISSR primers was ranged from 0.06 to 0.25 and the similarity coefficient was 0.55 - 0.91. The genetic diversity was relatively high and 120 soybean varieties/lines were divided into 7 main groups and few subgroups. This is very valuable information for selection of different parent pairs to develop superior soybean varieties in the future.

Keywords: Soybean, genetic diversity, ISSR marker

Ngày nhận bài: 08/5/2021

Ngày phản biện: 17/5/2021

Người phản biện: TS. Lê Đức Thảo

Ngày duyệt đăng: 04/6/2021