

## NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN VÀ XÁC ĐỊNH CHỈ THỊ PHÂN TỬ PHỤC VỤ CHO NHẬN DẠNG GIỐNG HỒ TIÊU (*Piper nigrum* L.)

Dương Thị Oanh<sup>1\*</sup>, Phạm Thị Hoài<sup>1</sup>, Kiều Thị Dung<sup>2</sup>, Nguyễn Quang Ngọc<sup>1</sup>, Khuất Hữu Trung<sup>2</sup>, Trần Quang Trường<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm đánh giá đa dạng di truyền và xác định chỉ thị phân tử phục vụ nhận dạng giống hồ tiêu (*Piper nigrum* L.), góp phần hỗ trợ công tác quản lý, bảo tồn và bảo hộ giống. Thí nghiệm tiến hành trên 33 mẫu giống trong vườn tập đoàn, kết hợp mô tả đặc điểm hình thái và phân tích SSR với 32 cặp mồi. Kết quả khảo sát hình thái cho thấy sự khác biệt giữa các giống về màu sắc chồi non, dạng phiến lá và mép lá, hình dạng gốc lá, cấu trúc gié và cách sắp xếp quả. Trong 32 mồi SSR, có 20 mồi đa hình, tạo ra 89 alen (trung bình 4,45 alen/mồi) với chỉ số PIC dao động 0,21 - 0,82 (trung bình 0,64). Phân tích cây phát sinh chủng loại chia tập đoàn hồ tiêu thành 6 nhóm chính, phản ánh mối liên hệ giữa quan hệ di truyền và nguồn gốc địa lý. Năm chỉ thị SSR (BPssr1, BPssr13, BPssr19, PNB5, BPssr27) cho khả năng nhận dạng đặc hiệu một số giống (DP6, TAD14, TAD15, NT1, A9, P4), nâng cao độ chính xác trong định danh và xác thực giống hồ tiêu.

**Từ khóa:** *Piper nigrum*, đa dạng di truyền, chỉ thị SSR, đặc điểm hình thái, nhận dạng giống

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hồ tiêu (*Piper nigrum* L.) có nguồn gốc từ vùng Tây Ghats (Ấn Độ), là cây gia vị có giá trị kinh tế cao và được trồng rộng rãi tại Việt Nam. Sự đa dạng về hình thái, sinh lý - sinh hóa và khả năng thích nghi giữa các giống phản ánh tính đa dạng di truyền phong phú của loài. Nhiều nghiên cứu trên thế giới đã sử dụng các chỉ thị phân tử như SSR, AFLP, EST-SSR, SNP để phân tích cấu trúc di truyền, cho thấy mức độ đa hình cao và khả năng phân loại giống theo địa lý (Joy *et al.*, 2011; Wu *et al.*, 2016; Negi *et al.*, 2022; Wimalarathna *et al.*, 2024).

Tại Việt Nam, công tác chọn tạo giống hồ tiêu đã đạt được một số thành tựu như chọn lọc giống có năng suất cao, chất lượng tốt, chống chịu bệnh và hạn (Dương Thị Oanh *et al.*, 2023a; b), cũng như bảo tồn trên 40 nguồn gen trong vườn tập đoàn (Nguyễn Trần Quyên *et al.*, 2020).

Tuy nhiên, việc phân loại giống hiện chủ yếu dựa vào đặc điểm hình thái, dễ bị ảnh hưởng bởi môi trường và giai đoạn sinh trưởng, dẫn đến tình trạng trùng tên hoặc nhầm lẫn giữa các địa phương. Việc thiếu các chỉ thị phân tử đặc trưng và hệ thống đánh giá di truyền bài bản là một hạn chế lớn trong công tác bảo tồn và chọn tạo giống.

Do đó, việc kết hợp đánh giá hình thái với ứng dụng chỉ thị phân tử, đặc biệt là SSR, để nhận dạng và phân loại giống hồ tiêu một cách chính xác là cần thiết. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm phân tích đa dạng di truyền và xác định các chỉ thị phân tử đặc trưng phục vụ cho nhận dạng giống, hướng tới xây dựng cơ sở khoa học cho quản lý nguồn gen và chọn tạo giống hồ tiêu ở Việt Nam.

### II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

#### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

**Bảng 1.** Danh sách nguồn gen (*Piper nigrum*) đang lưu giữ tại vườn tập đoàn hồ tiêu

TT	Tên giống	Nguồn gốc thu thập	Ký hiệu	TT	Tên giống	Nguồn gốc thu thập	Ký hiệu
1	Tiêu Ấn Độ	Đắk Lắk	A3	18	Tiêu Phú Quốc	Gia Lai	P2
2	Tiêu Ấn Độ	Đồng Nai	A9	19	Tiêu Phú Quốc	Đắk Đoa	P4
3	Tiêu Ấn Độ	Vũng Tàu	A7	20	Tiêu Tiêu sê	Đắk Lắk	Se1
4	Tiêu Ấn Độ	Gia Lai	A11	21	Tiêu Sri Lanka	Tiêu hạt	Sr1
5	Tiêu Bầu Mây	Vũng Tàu	BM	22	Tiêu Sri Lanka	Gia Lai	Sr3
6	Tiêu Địa phương	Đồng Nai	DP1	23	Tiêu Tiên Sơn	WASI	TS
7	Tiêu xanh địa phương	Đồng Nai	DP6	24	Tiêu Thakken	Vũng Tàu	TK
8	Tiêu Địa phương	Đồng Nai	DP9	25	Tiêu Tràu	Đắk Lắk	TT1
9	Tiêu Indo	VPA	ID2	26	Tiêu Vĩnh Linh	Vĩnh Linh	V13
10	Tiêu Địa phương	Đắk Nông	KT2	27	Tiêu Vĩnh Linh đợt xanh	Đồng Nai	V19
11	Tiêu Lộc Ninh	WASI	L1	28	Tiêu hạt Vĩnh Linh	Đồng Nai	V21
12	Tiêu Lộc Ninh	Đồng Nai	L3	29	Tiêu Pournami	Ấn Độ	TAD13
13	Tiêu Lada	Vũng Tàu	La3	30	Tiêu IISR-Thevam	Ấn Độ	TAD14
14	Tiêu Lada	Đồng Nai	La6	31	Tiêu IISR-Shakthi	Ấn Độ	TAD15
15	Tiêu Malai	Đồng Nai	M3	32	Tiêu Ba Lễ	Quảng Ngãi	BL
16	Tiêu Malai	Campuchia	M4	33	Tiêu Tiên Phước	Quảng Nam	TP
17	Tiêu Nata 1	Indonesia	NT1				

<sup>1</sup> Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển cây Hồ tiêu, Viện Khoa học Kỹ thuật Nông Lâm nghiệp Tây Nguyên; <sup>2</sup> Viện Di truyền Nông nghiệp

\* Tác giả liên hệ, email: oanhtgl@yahoo.com.vn

**Bảng 2.** Danh sách các môi SSR, tham khảo từ các nghiên cứu trước (Kumari *et al.*, 2019; Menezes *et al.*, 2009).

TT	Tên môi	Trình tự môi	TT	Tên môi	Trình tự môi
1	BPssr1	F: GCTGGGTCACACATAGGTCC R: TTGAGGCTATGGCGGTAAGT	17	BPssr30	F: TCCTTGTTTGGAGGGGAGGA R: GGATGCAATCAATGGCCGG
2	BPssr3	F: TAGGCGGTGGCAAAACAGT R: TGCATACCCACCACATACGT	18	BPssr40	F: TCTGCTCTTGATGGTGGCAG R: ACACGTGTCAGGAAATCCCC
3	BPssr4	F: CTTCTGTGATGGGCGAAGGT R: GTGATGACCAGCTCTTGCCCT	19	BPssr50	F: TGGACGGCCTAGATTGCTG R: AGGTCGTTGCAACATTTAGTGT
4	BPssr6	F: TTGTGCATGTGTGGAGGTGT R: CGCCAGCGTTGTCCTACATA	20	BPssr55	F: TTTTAACTCGACCGTGCCGA R: ATGCTGTCTGAGGTTGGTG
5	BPssr10	F: AGGCGGTAATGGATTGGGTG R: GTTCTTCTCGCCTTGGTCCA	21	BPssr61	F: CACACACACACACACAGG R: TTTGGATACGCGGGGTAAGC
6	BPssr11	F: CCTACCGAGAGCTTGAGCAC R: GCAGTCGGGCACTCTACATT	22	BPssr62	F: GCGGGTAAGGATTTCTGCCT R: TGTGTGTGTGAGGGCCATTT
7	BPssr12	F: CCCAGGTTGAGGTTGAAAA R: AGTCGTAGCGGAAAAACAGA	23	BPssr67	F: AAGCCAATCGCATTAAGCCA R: AAAGCCAGAACCTAGGTGCC
8	BPssr13	F: ACGGTGATGTCGGTTCCATT R: TCCTCTTCGGCATGGTACCT	24	BPssr71	F: AGGCCTCAAAAAGTGCAGGA R: ATCAATCTTGCTCGGGGCTT
9	BPssr16	F: GTTGAGCCCGTCACATACCA R: GCTCCTTTCTGACCTGCCAT	25	BPssr73	F: CGATCACGATCACGATCACG R: ACGAACAGAGTCGAGGAGGA
10	BPssr17	F: CCATTGCGCCGACCCATATGA R: ATGATCAACCCGGCGAACTT	26	BPssr75	F: CCCACCGAGTCGAACGTTAT R: TCTGATGAGACACCCACAAC
11	BPssr19	F: ATGCCCGGTATGACTTGGAC R: GACGTGGAATGCTGCCTAGA	27	BPssr77	F: TATTGCCTCCCAAGAAGCGC R: ACAGTTTTCCACATGGTGC
12	BPssr22	F: ACGTTCTCACCCTTCACTT R: TCCGCCACTTCGATTTTCCA	28	BPssr85	F: CCAACGGGAATGGAACAACC R: GGAGCTCGTCACCTATGTGG
13	BPssr25	F: TCAATTGACGTGGGCACTGT R: GATCAGACCAGCCACCTTC	29	PNB5	F: GTTTTTGAATGGGTGCGGTGAT R: ATTGTTCTGATTTCTTCGTTATTG
14	BPssr26	F: CGACGTGTCGCGCAATTTAT R: ACCCAACCTGCACTCGAATT	30	PND10	F: GTGTTACCTTTGGGGCATTCA R: TGTGTCAAGGCATCAAACC
15	BPssr27	F: TAAACAGCAAGGCCCAAGT R: ACCAAAAATTCCACGGCAGC	31	PNG11	F: TTACTAGTGTCCACCCCACT R: TCGATGGAAAGTCACCCCTCT
16	BPssr29	F: TGCATGCGTACCTTCACCTT R: AAGTGCATCACAATGGCCCT	32	PNE3	F: TTTGTGCTCTCCTCTCCCTCTCC R: AAGACTAAATAGGCAAGGCAAA

## 2.2. Phương pháp nghiên cứu

### 2.2.1. Đánh giá hình thái

Đánh giá một số tính trạng hình thái đặc trưng của tập đoàn giống hồ tiêu gồm: màu sắc chồi non, hình dạng lá và giá quả. Mỗi giống được quan sát trên 5 cây, thu thập dữ liệu tại các thời điểm sinh trưởng phù hợp. Mô tả hình thái được thực hiện theo hướng dẫn của Viện Tài nguyên Di truyền Thực vật Quốc tế (International Plant Genetic Resources Institute, 1995) và tiêu chuẩn khảo nghiệm DUS-TCCS 03:2018/VNLT của Viện Khoa học Kỹ thuật Nông Lâm nghiệp Tây Nguyên.

### 2.2.2. Phân tích đa dạng di truyền bằng chỉ thị SSR

Phương pháp tách ADN tổng số được chiết tách từ lá non theo phương pháp CTAB cải tiến của Obara và Kako (1998), ủ ở 65°C trong 60 phút, ly tâm tách pha và tủa bằng ethanol lạnh. ADN tinh sạch được hòa tan trong đệm TE và bảo quản ở -20°C.

Phản ứng PCR được thực hiện trong thể tích 10 µL với thành phần: 2 µL ADN mẫu, 0,8 µL mỗi xuôi và ngược (10 µM), 0,3 µL dNTPs (5 mM), 0,2 µL Taq polymerase (5 U/µL), 1 µL buffer Mg<sup>2+</sup> và nước cất. Chu trình PCR gồm: 1 chu kỳ đầu (94°C, 3 phút), 40 chu kỳ khuếch đại (94°C, 30 giây, nhiệt độ khởi động TM, 30 giây, 72°C, 40

giây) và kết thúc bằng 72°C trong 5 phút; sản phẩm PCR được kiểm tra bằng hai phương pháp: (1) Điện di trên gel polyacrylamide 6%, nhuộm ethidium bromide (EtBr), ghi hình dưới UV; (2) Điện di trên gel agarose, sử dụng EtBr và quan sát dưới ánh sáng tử ngoại.

### 2.2.3. Xử lý số liệu

Các băng ADN được mã hóa: 1 (có băng), 0 (không có), 9 (mất dữ liệu). Hệ số thông tin đa hình (PIC) được tính theo công thức:  $PIC = 1 - \sum P_i^2$ , trong đó  $P_i$  là tần số allele thứ  $i$  tại một locus. Số liệu được xử lý bằng phần mềm NTSYSpc 2.1 để tính hệ số tương đồng di truyền (Jaccard) và xây dựng cây phân nhóm (UPGMA).

## 2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

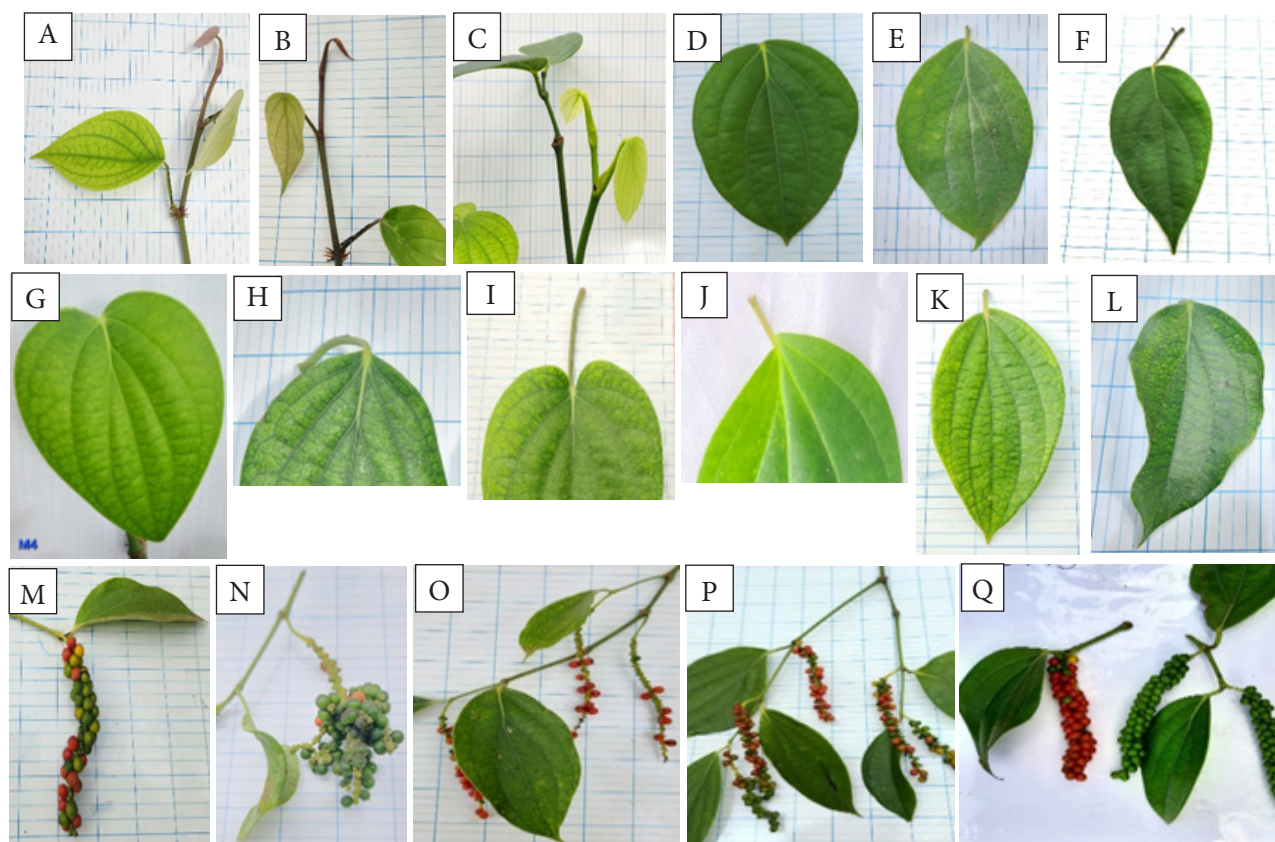
Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 01 đến tháng 12/2024 tại Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Cây hồ tiêu.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. Nghiên cứu đa dạng di truyền các mẫu giống hồ tiêu

#### 3.1.1. Nghiên cứu đa dạng di truyền dựa trên đặc điểm hình thái

Kết quả đánh giá 33 mẫu giống hồ tiêu đang được lưu giữ tại vườn tập đoàn cho thấy có sự khác biệt rõ rệt về một số đặc điểm hình thái như màu sắc chồi non, hình dạng phiến lá, gốc lá, mép lá và đặc điểm giá quả (Hình 1).



**Hình 1.** Đặc điểm hình thái của các giống hồ tiêu

Màu sắc chồi non: Có ba nhóm màu sắc chồi non được xác định. Nhóm có màu tím nhạt (Hình 1A) chiếm 27,3%, bao gồm A11, A3, A9, DP6, L3, La3, La6, TAD15, TT1. Nhóm tím đậm (Hình 1B) chiếm tỷ lệ cao nhất (60,6%), gồm A7, BL, BM, DP1, DP9, ID2, KT2, L1, M3, NT1, P2, P4, Se1, TK, TAD13, TAD14, TP, TS, V13, V21. Nhóm còn lại có chồi non màu xanh hơi vàng (Hình 1C), chiếm 12,1%, bao gồm M4, Sr1, Sr3, V19.

Hình dạng phiến lá: Phiến lá phổ biến nhất là dạng elip - mũi mác (Hình 1F), chiếm 42,4%, điển hình như A11, A7, BL, DP6, ID2, NT1, Se1, TAD13, TAD14, TAD15, TK, TP, V13, V21. Dạng trứng - elip (Hình 1E) chiếm 30,3%, gồm BM, L1, M3, P2, P4, A9, La3, La6, L3, V19. Dạng trứng (Hình 1D) chiếm 18,2%, ghi nhận ở A3, DP1, DP9, KT2, TS, TT1. Dạng tim (Hình 1G) ít gặp nhất, chiếm 9,1%, bao gồm M4, Sr1, Sr3.

Hình dạng gốc lá: Đa số các giống có gốc lá dạng tròn (Hình 1H), chiếm 63,6% (A3, A7, A9, BL, BM, DP1, DP9, ID2, KT2, L3, La3, La6, M3, NT1, P2, P4, Se1, TK, TP, V13, V21). Dạng tim (Hình 1I) chiếm 9,1%, chỉ xuất hiện ở các giống có phiến lá dạng tim và chồi non màu xanh, gồm M4, Sr1, Sr3. Các giống còn lại có gốc lá dạng vát (Hình 1J), bao gồm A11, DP6, L1, TAD13, TAD14, TAD15, TS, TT1, V19.

Mép lá: Phần lớn các giống có mép lá gợn sóng (Hình 1L), chiếm 72,7%. Chỉ 27,3% số giống có mép lá bằng (Hình 1K), gồm BL, BM, DP1, KT2, La6, M4, Sr3, TK, V13.

Cấu trúc gié và sắp xếp quả trên gié: Hầu hết các giống (32/33) có gié không phân nhánh (Hình 1M), chỉ riêng TK có gié phân nhánh (Hình 1N). Dựa vào mức độ sắp xếp quả trên gié, các giống được chia thành ba nhóm: sắp xếp chặt chẽ (Hình 1Q) theo đường xoắn ốc hoặc hàng đều, chiếm 30,3%, gồm DP1, DP6, DP9, La3, M4, Sr1, Sr3, TAD13, TAD14, TAD15; sắp xếp lỏng lẻo (Hình 1O), đậu quả kém và không theo quy luật rõ ràng, chiếm 15,1%, gồm L1, Se1, V19, V21; mức trung bình (Hình 1P), chiếm 54,6% số mẫu.

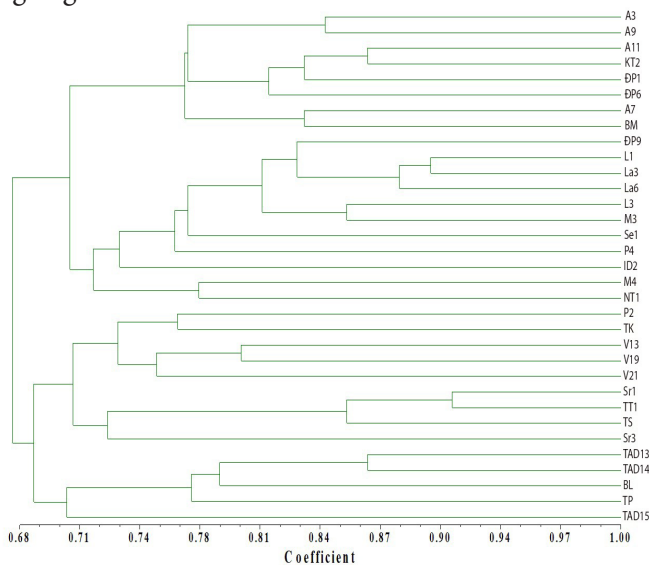
Ngoài các đặc điểm định tính, các chỉ tiêu định lượng như kích thước lá, chiều dài gié, số quả/gié cũng được ghi nhận có sự khác biệt đáng kể giữa các giống. Tuy nhiên, các chỉ tiêu này có thể chịu ảnh hưởng bởi điều kiện môi trường và kỹ thuật canh tác.

Kết quả này phù hợp với các nghiên cứu trước đây về đa dạng hình thái hồ tiêu tại Indonesia (Prayoga *et al.*, 2020) và Malaysia (Chen *et al.*, 2018), cho thấy sự đa dạng về các đặc điểm hình thái là cơ sở quan trọng cho công tác chọn giống và bảo tồn nguồn gen.

### 3.1.2. Nghiên cứu đa dạng di truyền dựa trên chỉ thị ADN

Phân tích 33 mẫu giống hồ tiêu bằng 32 chỉ thị SSR cho thấy 20 chỉ thị có tính đa hình, tạo ra 89 allele với trung bình 4,45 allele/mỗi. Giá trị PIC dao động từ 0,21 đến 0,82 (trung bình 0,64), phản ánh mức độ đa dạng di truyền cao trong tập đoàn giống. Mặc dù thấp hơn một số nghiên cứu trước, PIC trung bình 0,85 (Joy *et al.*, 2011) và 0,93 (Wu *et al.*, 2016), kết quả vẫn cho thấy sự phân hóa di truyền rõ rệt, có thể do sự khác biệt về nguồn vật liệu và thiết kế nghiên cứu.

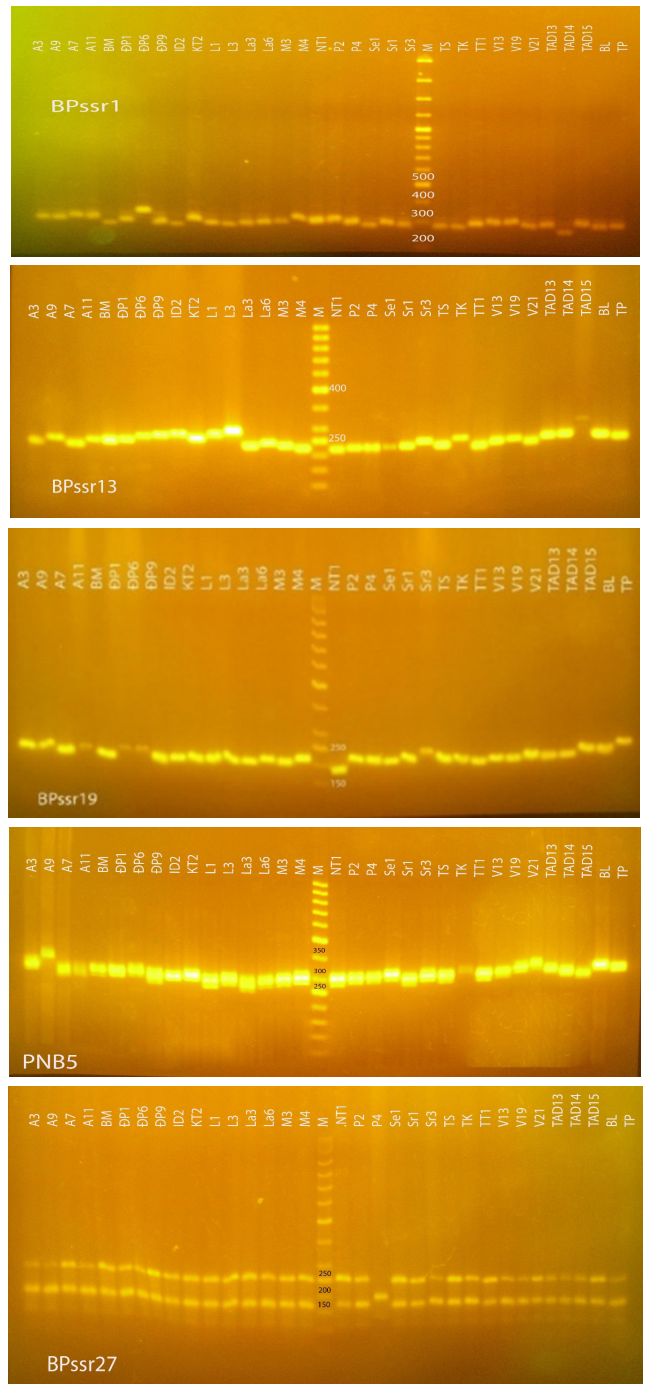
Cây phát sinh chủng loại (Hình 2) chia các mẫu thành 6 nhóm chính, với hệ số tương đồng di truyền từ 0,56 đến 0,91. Nhóm I, III, IV gồm các giống nội địa; nhóm II bao gồm 11 giống đến từ Việt Nam, Indonesia và Campuchia, chia thành 2 phân nhóm; nhóm V kết hợp giống Ấn Độ và Việt Nam; nhóm VI chỉ gồm giống TAD15 (Ấn Độ), thể hiện đặc điểm di truyền biệt lập. Kết quả phân nhóm cho thấy mối liên hệ giữa nguồn gốc địa lý và quan hệ di truyền, là cơ sở quan trọng phục vụ công tác quản lý, bảo tồn và chọn tạo giống hồ tiêu.



Hình 2. Sơ đồ phát sinh chủng loại của tập đoàn hồ tiêu

### 3.2. Nghiên cứu xác định chỉ thị ADN phục vụ cho nhận dạng giống hồ tiêu

Năm marker (BPssr1, BPssr13, BPssr19, PNB5, BPssr27) cho thấy khả năng nhận dạng đặc hiệu cho một số giống, góp phần nâng cao độ chính xác trong phân biệt và bảo hộ giống hồ tiêu. BPssr1 phân biệt được DP6 (mang allele tại 350 bp) và TAD14 (250 bp); BPssr13 nhận dạng riêng giống TAD15 (330 bp); BPssr19 đặc hiệu với giống NT1 (190 bp); PNB5 nhận diện giống A9 (350 bp), khác biệt với các giống còn lại; BPssr27 đặc trưng cho giống P4 (200 bp).



Hình 3. Ảnh điện di sản phẩm PCR các môi BPssr1, BPssr13, BPssr19, PNB5, BPssr27

## IV. KẾT LUẬN

Nghiên cứu 33 mẫu giống hồ tiêu lưu giữ trong vườn tập đoàn đã ghi nhận sự đa dạng rõ rệt về đặc điểm hình thái và di truyền phân tử. Các đặc điểm hình thái như màu sắc chồi ngọn, dạng phiến lá, mép lá, hình dạng gốc lá cùng cấu trúc gié và cách sắp xếp quả trên gié cho thấy giá trị phân loại cao, có thể sử dụng để phân biệt các giống trong điều kiện thực tế.

Kết quả phân tích 32 cặp môi SSR cho thấy 20 môi có tính đa hình, tạo ra 89 alen (trung bình 4,45 alen/mỗi)

với giá trị PIC dao động 0,21 - 0,82 (trung bình 0,64), phản ánh mức độ đa dạng di truyền cao trong tập đoàn giống hồ tiêu. Dựa trên dữ liệu SSR, cây phát sinh chủng loại đã phân chia các mẫu giống hồ tiêu thành 6 nhóm chính, thể hiện sự tương đồng nhất định với nguồn gốc địa lý của từng giống.

Nghiên cứu đã xác định được 5 chỉ thị SSR (BPssr1, BPssr13, BPssr19, PNB5, BPssr27) có khả năng nhận dạng đặc hiệu cho một số giống hồ tiêu như DP6, TAD14, TAD15, NT1, A9, P4, đây là cơ sở quan trọng trong việc định danh, quản lý và bảo hộ giống hồ tiêu tại Việt Nam đồng thời góp phần hỗ trợ công tác chọn tạo và bảo tồn nguồn gen phục vụ sản xuất bền vững.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

Dương Thị Oanh, Trần Thị Diệu Hiền, Nguyễn Việt Vinh, Nguyễn Quang Ngọc, Nguyễn Thị Thanh Phụng, Phạm Thị Hoài, 2023a. Nghiên cứu nguồn vật liệu phục vụ tuyển chọn giống hồ tiêu (*Piper nigrum*) chống chịu *Phytophthora capsici* gây bệnh chết nhanh tại Tây Nguyên. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, Đặc biệt 9/2023*: 144-150.

Dương Thị Oanh, Nguyễn Bá Huy, Phạm Thị Hoài, 2023b. Đánh giá khả năng chịu hạn của một số giống hồ tiêu tại Tây Nguyên. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 143 (1): 13-19.

Nguyễn Trần Quyên, Trần Thị Diệu Hiền, Dương Thị Oanh, Nguyễn Quang Ngọc, 2020. Nghiên cứu về giống và các biện pháp kỹ thuật tổng hợp phát triển hồ tiêu bền vững. Báo cáo tổng kết đề tài cấp Bộ. Viện Khoa học Kỹ thuật Nông Lâm nghiệp Tây Nguyên.

Chen, Y. S., Dayod, M., & Tawan, C. S. 2018. Phenetic Analysis of Cultivated Black Pepper (*Piper nigrum* L.) in Malaysia. *International Journal of Agronomy*, e3894924. <https://doi.org/10.1155/2018/3894924>.

International Plant Genetic Resources Institute, 1995. *Descriptors for Black pepper (Piper nigrum L.)*. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Joy N., V.P. Prasanth & E.V. Soniya, 2011. Microsatellite-based analysis of genetic diversity of popular black pepper genotypes in South India. *Genetica*, 139 (8): 1033-1043. <https://doi.org/10.1007/s10709-011-9605-x>.

Kumari R., D.P. Wankhede, A. Bajpai, A. Maurya, K. Prasad, D. Gautam, P. Rangan, M. Latha, K.J.A.S. John, K.V. Bhat & A.B. Gaikwad, 2019. Genome wide identification and characterization of microsatellite markers in black pepper (*Piper nigrum*): A valuable resource for boosting genomics applications. *PLOS ONE*, 14 (12): e0226002. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226002>.

Menezes I.C., F.W. Cidade, A.P. Souza & I.C. Sampaio, 2009. Isolation and characterization of microsatellite loci in the black pepper, *Piper nigrum* L. (Piperaceae). *Conservation Genetics Resources*, 1 (1): 209-212.

Negi A., K. Singh, S. Jaiswal, J.G. Kokkat, U.B. Angadi, M.A. Iquebal, P. Umadevi, A. Rai & D. Kumar, 2022. Rapid genome wide location-specific polymorphic SSR marker discovery in black pepper by GBS approach. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.846937>.

Obara-Okeyo P. & S. Kako, 1998. Genetic diversity and identification of *Cymbidium* cultivars as measured by random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Euphytica*, 99 (2): 95-101. <https://doi.org/10.1023/A:1018374226074>.

Prayoga G.I., R. Ropalia, S.N. Aini, E.D. Mustikarini & Y. Rosalin, 2020. Diversity of black pepper plant (*Piper nigrum*) in Bangka Island (Indonesia) based on agro-morphological characters. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 21 (2): 652-660.

Rasphone S., Ho T.H.N., Dang T.L., Nguyen B.L.Q. & Truong H.T.H., 2022. Genetic diversity analysis of black pepper (*Piper* spp.) with RAPD markers. *Hue University Journal of Science: Natural Science*, 131 (1D): 49-59.

Wimalarathna N.A., A.M. Wickramasuriya, D. Metschina, L.A. Cauz-Santos, D. Bandupriya, K.G.S.U. Ariyawansa, B. Gopallawa, M.W. Chase, R. Samuel & T.D. Silva, 2024. Genetic diversity and population structure of *Piper nigrum* (black pepper) accessions based on next-generation SNP markers. *PLOS ONE*, 19 (6): e0305990. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0305990>.

Wu B.D., R. Fan, L.S. Hu, H.S. Wu & C.Y. Hao, 2016. Genetic diversity in the germplasm of black pepper determined by EST-SSR markers. *Genetics and Molecular Research*, 15 (1): 1-9. <https://doi.org/10.4238/gmr.15018099>.

## Genetic diversity assessment and identification of molecular markers for cultivar discrimination in Black pepper (*Piper nigrum*)

Duong Thi Oanh, Pham Thi Hoai, Kieu Thi Dung  
Nguyen Quang Ngọc, Khuat Huu Trung, Tran Quan Truong

### Abstract

This study was conducted to assess the genetic diversity and identify molecular markers for cultivar authentication in black pepper (*Piper nigrum* L.), thereby supporting germplasm management, conservation, and variety protection. A total of 33 accessions from the black pepper germplasm collection were evaluated using a combination of morphological characterization and simple sequence repeat (SSR) analysis with 32 primer pairs. Morphological assessment revealed

clear variations among accessions in young shoot color, leaf shape and margin, leaf base morphology, spike structure, and fruit arrangement. Among the 32 SSR primers tested, 20 were polymorphic, generating 89 alleles (an average of 4.45 alleles per locus), with polymorphic information content (PIC) values ranging from 0.21 to 0.82 (mean 0.64). Phylogenetic analysis grouped the accessions into six major clusters, reflecting the relationship between genetic similarity and geographical origin. Five SSR markers (BPssr1, BPssr13, BPssr19, PNB5, BPssr27) demonstrated specificity for the identification of certain cultivars (DP6, TAD14, TAD15, NT1, A9, P4), thereby enhancing the accuracy of cultivar discrimination and verification in black pepper.

**Keywords:** *Piper nigrum*, genetic diversity, SSR markers, morphological traits, cultivar identification

Ngày nhận bài: 11/6/2025

Người phản biện: PGS.TS. Lã Tuấn Nghĩa

Ngày phản biện: 07/8/2025

Ngày duyệt đăng: 10/10/2025

## ĐÁNH GIÁ ĐẶC ĐIỂM NÔNG SINH HỌC, KHẢ NĂNG CHỐNG CHỊU SÂU BỆNH VÀ CHẤT LƯỢNG CỦA MỘT SỐ NGUỒN GEN LÚA CẨM (*Oryza sativa*)

Nguyễn Thị Hương<sup>1\*</sup>, Nguyễn Thanh Tuấn<sup>2</sup>, Trần Văn Quang<sup>2</sup>

### TÓM TẮT

Nghiên cứu nhằm đánh giá đặc điểm nông sinh học, năng suất, khả năng chống chịu sâu bệnh hại chính và chất lượng của 30 mẫu giống lúa cẩm thu thập. Các thí nghiệm khảo sát, đánh giá nhân tạo khả năng chống chịu sâu bệnh hại chính và phân tích chất lượng gạo được thực hiện tại Học viện Nông nghiệp Việt Nam và Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm. Kết quả đánh giá cho thấy các mẫu giống lúa cẩm đa dạng về thời gian sinh trưởng và các đặc điểm cấu trúc cây (chiều cao cây, chiều dài lá đòng, góc lá đòng, kiểu hình cây và chiều dài bông), đã xác định được 09 mẫu giống lúa cẩm (G20, G21, G25, G26, G3, G24, G19, G11 và G28) có đặc điểm nông sinh học, chất lượng gạo và khả năng chống chịu với một số sâu bệnh hại chính (đạo ôn, bạc lá vi khuẩn và rầy nâu), phù hợp với mục tiêu làm vật liệu trong chọn tạo các giống lúa cẩm mới. Như vậy, việc lựa chọn vật liệu phục vụ cho chọn tạo giống lúa cẩm có chất lượng tốt cần kết hợp đánh giá đặc điểm nông sinh học, chất lượng gạo và khả năng chống chịu sâu bệnh hại.

**Từ khóa:** Đặc điểm nông sinh học, chống chịu sâu bệnh, chất lượng gạo, nguồn gen vật liệu lúa cẩm

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trên thế giới có ít nhất 175 quốc gia và vùng lãnh thổ tiêu thụ gạo với mức tiêu thụ dao động từ 100 đến 200 kg hạt/người/năm, đây là lý do nhiều chương trình Quốc tế quan tâm nghiên cứu nhằm tăng cường dinh dưỡng cho con người thông qua khai thác sinh khối cây lúa có chứa nhiều sắt, iốt và selen (Prom-u-thai *et al.*, 2020). Trong các loại cây lương thực chính, lúa gạo được công nhận là cây có chứa một lượng lớn các chất chống oxy hóa như anthocyanin, đặc biệt là ở các giống lúa có sắc tố đen, tím và đỏ (Ghasemzadeh *et al.*, 2018; Veni, 2020). Các giống lúa cẩm có các màu sắc khác nhau ở vỏ trấu và vỏ cám như màu đỏ, tím hoặc đen. Gạo cẩm có chứa các chất kháng oxy hóa anthocyanin, vitamin, các vi lượng có lợi cho sức khỏe của con người và có thể ngăn ngừa một số bệnh nguy hiểm nên đã thu hút nhiều nhà nghiên cứu trong những năm gần đây

(Pratiwi & Purwestri, 2017). Gạo cẩm kết hợp với một số thức ăn như rau xanh, hoa quả, thịt nạc sẽ có thể tăng sự hấp thụ sắt cho cơ thể (Maeda *et al.*, 2014), hơn nữa gạo cẩm là nguồn giàu chất sắt tự nhiên, thích hợp cho người ăn kiêng (Madhurima, 2024).

Các nghiên cứu trên thế giới cho rằng lúa cẩm rất đa dạng về các tính trạng số lượng như chiều cao cây, đường kính thân, chiều dài lá đòng, chiều rộng lá đòng, chiều dài bông, chiều dài hạt, chiều rộng hạt, tỷ lệ dài/rộng, khối lượng 1.000 hạt và hình dạng hạt (Zhang *et al.*, 2024; Hamidah *et al.*, 2024). Ở Việt Nam, lúa cẩm đa dạng về vùng phân bố, thời gian sinh trưởng, đặc điểm nông sinh học, dạng hạt và hàm lượng dinh dưỡng (Hoàng Thị Lan Hương và *cs.*, 2024; Nguyễn Thị Tuyết và *cs.*, 2022; Hoàng Thị Giang và *cs.*, 2021).

Lúa cẩm được gieo cấy chủ yếu ở các tỉnh miền núi

<sup>1</sup> Viện Cây lương thực & CTP, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam; <sup>2</sup> Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

\* Tác giả liên hệ, email: nguyenthihuongvclt@gmail.com