BỘ GIÁO DỤC VÀ ĐÀO TẠO

TRƯỜNG ĐẠI HỌC CẦN THƠ

TRẦN NGỌC CHI

NGHIÊN CỨU BIẾN DỊ DI TRUYỀN CỦA VIỆC LAI VÀ GHÉP CÁC GIỐNG ỚT DỰA VÀO ĐẶC TÍNH NÔNG HỌC VÀ DẤU PHÂN TỬ DNA

LUẬN ÁN TIẾN SĨ

CHUYÊN NGÀNH CÔNG NGHỆ SINH HỌC

Mã số: 62 42 02 01

NĂM 2022

BỘ GIÁO DỤC VÀ ĐÀO TẠO

TRƯỜNG ĐẠI HỌC CẦN THƠ

TRẦN NGỌC CHI

MÃ SỐ NCS: P0915001

NGHIÊN CỨU BIẾN DỊ DI TRUYỀN CỦA VIỆC LAI VÀ GHÉP CÁC GIỐNG ỚT DỰA VÀO ĐẶC TÍNH NÔNG HỌC VÀ DẤU PHÂN TỬ DNA

LUẬN ÁN TIẾN SĨ

CHUYÊN NGÀNH CÔNG NGHỆ SINH HỌC

Mã số: 62 42 02 01

NGƯỜI HƯỚNG DẪN

PGS.TS. TRƯƠNG TRỌNG NGÔN

NĂM 2022

LỜI CẢM ƠN

Để luận án được hoàn thành bên cạnh sự cố gắng nổ lực của bản thân còn có sự đóng góp, giúp đỡ động viên nhiệt tình của nhiều cá nhân và tập thể. Tôi xin trân trọng gởi lời cảm ơn chân thành nhất đến:

- Ban Giám Hiệu trường Đại học Cần Thơ, Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ sinh học, Khoa Sau Đại học và các phòng ban chức năng khác của Trường Đại học Cần Thơ đã tạo điều kiện cho tôi được học tập và nghiên cứu tại trường.

- Ban Giám hiệu Trường Đại học Tiền Giang, Phòng Tổ chức hành chính, Phòng Quản lý Khoa học & hợp tác quốc tế và quý Thầy Cô Khoa Nông nghiệp và Công nghệ Thực phẩm đã luôn tạo điều kiện, động viên giúp đỡ về nhiều mặt để tôi có điều kiện thực hiện luận án của mình. Đồng thời cảm ơn các bạn sinh viên các khóa của Ngành Công nghệ sinh học tại trường đã hỗ trợ giúp đỡ và động viên tôi rất nhiều.

- Xin được bày tỏ lòng biết ơn sâu nhất đến PGS.TS. Trương Trọng Ngôn đã luôn bao dung động viên tinh thần, hướng dẫn tận tâm để giúp tôi có thể vượt qua khó khăn để hoàn thành được luận án và hoàn thành khóa học của mình.

- Quý Thầy Cô Trường Đại học Cần Thơ, đặc biệt là quý Thầy Cô ở Viện Nghiên cứu & Phát triển Công nghệ sinh học, các anh chị Nghiên cứu sinh, đã luôn động viên khích lệ tinh thần và giúp đỡ tôi vượt qua các khó khăn trở ngại về nhiều mặt, đồng thời cảm ơn các bạn học viên cao học và các bạn sinh viên đã hỗ trợ trong thời gian tôi làm thí nghiệm tại Viện.

- Đặc biệt tôi gởi lời cảm ơn đến gia đình, cha mẹ, anh chị và chồng với con luôn là chỗ dựa giúp đỡ và động viên tôi có đủ nghị lực để vượt qua chặng đường khó khăn để hoàn thành được luận án này.

Thông qua thời gian học tập tại Trường và thực hiện luận án tôi đã học tập được nhiều kiến thức mới và rút ra được nhiều kinh nghiệm chuyên môn cho bản thân. Tuy nhiên với khả năng và thời gian có hạn tôi thấy mình khó có thể tránh khỏi những thiếu sót. Kính mong sự góp ý của Quý Thầy Cô và các nhà khoa học để tôi có điều kiện học hỏi và sửa chữa, bổ sung để luận án được tốt hơn.

Trân trọng cảm ơn!

Nghiên cứu sinh

Chi

Trần Ngọc Chi

TÓM TẮT

Ớt là một loại gia vị quan trọng trong bữa ăn của con người và là nguồn xuất khẩu lớn của nước ta. Nguồn giống ớt hiện nay chủ yếu là các giống F1 nhập nội phụ thuộc vào thị trường giống nước ngoài và giá thành cao. Vì vậy việc nghiên cứu và sản xuất giống nội địa là việc làm cần thiết. Trong các phương pháp chọn tạo giống ớt thì phương pháp lai và ghép là 2 phương pháp phổ biến được sử dụng lâu đời. Vì vậy đề tài sử dụng 2 phương pháp này nhằm nghiên cứu xác định sự thay đổi di truyền khi lai và ghép giữa 3 giống ớt có kiểu hình khác biệt nhau cụ thể như sau: ghép giữa Sừng với Hiểm và Hiểm với Cà ở những độ tuổi và độ dài gốc ghép khác nhau (50 ngày: 15 và 20 cm, 60 ngày: 20 và 25 cm, 70 ngày: 25 và 30 cm); lai giữa 2 cặp giống ớt Sừng với Hiểm và Sừng với Cà khảo sát thể hệ lai F1. Kết quả đối với ghép đã nhận thấy được sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép đối với cặp ghép Sừng-Hiểm có sự thay đổi về màu bao phấn, dạng lá và thay đổi làm tăng kích thước cũng như khối lượng trái của cây ghép cao hơn cành ghép ở các độ tuổi 60 ngày 20 cm, 25cm và 70 ngày 25 cm, tuy nhiên về hình dạng trái không có sự thay đổi; cặp Hiểm-Sừng có sự thay đổi màu bao phấn, dạng lá và dạng trái thiên về giống Sừng. Tương tự cặp ghép Cà và Hiểm cũng nhận thấy có sự thay đổi trên màu bao phấn, dạng lá và dạng trái thì cũng phần lớn thiên về giống với cành ghép, tuy nhiên các tính trạng số lượng trên trái có sự vượt trội hơn cành ghép ở một số nghiệm thức. Kết quả khảo sát dựa trên các cặp mồi SSR liên kết tính trạng trái không nhận thấy sự thay đổi giữa các nghiệm thức ghép và với gốc và cành ghép; đối với vùng gen CaOvate nhận thấy các cây ghép đều thiên về giống với cành ghép. Kết quả lai thuận nghịch thu được các thế hệ lai F1 như sau: lai giữa Sừng và Hiểm đều có hoa có màu bao phấn trung gian giưa cha và mẹ, lá đều thiên về giống với cây Sừng và trái cũng có dạng trái cũng như hướng trái chỉ địa thiên về giống với cây Sưng ở cả 2 phép lai; lai giữa Sừng và Cà đều có dạng hoa giống với Sừng nhưng màu bao phấn vàng giống như Cà ở cả 2 phép lai, về lá cặp Sừng-Cà giống Sừng nhưng cặp Cà-Sừng lại giống Cà, về dạng trái 2 phép lai giống nhau khi lai giữa Sừng thon dài và Cà tròn thu trái F1 có dạng trung gian và đều có hướng chỉ địa giống như ớt Sừng.

Từ khóa: *CaOvate*, dấu phân tử, ghép, lai, SSR, Ớt

ABSTRACT

Chilli is an important spice in everyone's meal as well as a major export product of Vietnam. Most current chilli species are domestically imported F1s that are dependent on high-priced overseas markets. Therefore, it is vital to research and produce domestic chilli species. Among different chilli cultivation techniques, crossbreed and grafting are the two most popular and longstanding techniques. This research has used these two techniques to determine the genetic changes after cross-breeding and grafting between three chilli species with different shapes; specifically: grafting Sung with Hiem and Hiem with Ca with different growth rate and rootstocks' length (50 days: 15 and 20cm, 60 days: 20 and 25cm, 70 days: 25 and 30cm); cross-breeding two pairs of Sung with Hiem and Sung with Ca to study F1 hybrids. The result has shown the impact of rootstocks on grafted boughs of Sung – Hiem grafted pair having differences in their tether color, leaf shape, and an increase in size as well as weight of the grafted plants' fruits, which are more than the grafted boughs of 60 days at 20 cm, 25cm and of 70 days at 25cm, yet there are no differences in fruit shape; the Hiem – Sung pair has a difference in its tether color, while its leaf and fruit shape are the same with the Sung species. Similarly, there are also some differences in Ca – Hiem grafted pair in terms of its tether color, leaf shape, and fruit shape that are inclined to be the same as the grafted boughs; however, there is a surpass in the fruits' quantity traits compared with grafted boughs in some experiments. The research results based on linked SSR pairs do not point out any differences between experimented grafts with rootstocks and grafted boughs; with regards to the CaOvate gene order, we notice that the grafted plants are similar to grafted boughs. The reversible hybrid process has produced the following F1: hybrids of Sung and Hiem to produce a tether with an osculant color of the father and mother plants, its leaf is similar to Sung plants while its fruits are similar in shape and in its downward pointing direction to Sung plants in both hybrids; hybrids Sung and Ca to produce flowers that are similar to Sung but the tether's yellow color is similar to Ca in both hybrids, the leaf shape of the Sung–Ca pair is similar to Sung while the Ca – Sung is similar to Ca the fruit shape of both hybrids is the same after hybrids slim, long Sung with round-shaped Ca to produce an F1 that is osculant-shaped and similar at its downward pointing direction to Sung chillies.

***Keywords**: CaOvate, Capsicum, graft, hybrid, molecular marker, SSR.*

LỜI CAM ĐOAN

Tôi tên là Trần Ngọc Chi, là NCS ngành Công nghệ sinh học, khóa 2015 (đợt 1). Tôi xin cam đoan luận án "Nghiên cứu biến dị di truyền của việc lai và ghép các giống ớt dựa vào đặc tính nông học và dấu phân tử DNA" là công trình nghiên cứu khoa học thực sự của bản thân tôi được sự hướng dẫn của PGS.TS. Trương Trọng Ngôn.

Các thông tin được sử dụng tham khảo trong đề tài luận án được thu thập từ các nguồn đáng tin cậy, đã được kiểm chứng, được công bố rộng rãi và được tôi trích dẫn nguồn gốc rõ ràng ở phần Danh mục Tài liệu tham khảo. Các kết quả nghiên cứu được trình bày trong luận án này là do chính tôi thực hiện một cách nghiêm túc, trung thực và không trùng lắp với các đề tài khác đã được công bố trước đây.

Tôi xin lấy danh dự và uy tín của bản thân để đảm bảo cho lời cam đoan này.

Cần Thơ, ngày tháng năm 2022

Người hướng dẫn	Tác giả thực hiện
PGS.TS. Trương Trọng Ngôn	Trần Ngọc Chi

MỤC LỤC

Trang

Lời cảm ơn ..... **i**
Tóm tắt ..... **ii**
ABSTRACT ..... **iii**
Lời cam đoan ..... **iv**
Mục lục ..... **v**
Danh sách hình ..... **ix**
Danh sách bảng ..... **xii**
Danh sách từ viết tắt ..... **xiv**
Chương I: GIỚI THIỆU 1
1.1. Đặt vấn đề 1
1.2. Mục tiêu nghiên cứu 2
1.3 Nội dung nghiên cứu 2
1.4 Đối tượng và phạm vi nghiên cứu 3
1.4.1 Đối tượng nghiên cứu 3
1.4.2 Phạm vi nghiên cứu 3
1.5 Ý nghĩa khoa học và thực tiễn của luận án 3
1.5.1 Ý nghĩa khoa học 3
1.5.2 Ý nghĩa thực tiễn 3
1.6 Điểm mới của luận án 4
Chương II: TỔNG QUAN TÀI LIỆU **5**
2.1. Tổng quan về cây ớt 5
2.1.1 Giới thiệu về cây ớt 5
2.1.2 Nguồn gốc cây ớt 6
2.1.3 Đặc điểm bộ gen cây ớt 6
2.1.4 Đặc điểm thực vật 7
2.1.4.1 Đặc điểm hình thái cây ớt 7
2.1.4.2 Các thời kỳ sinh trưởng của cây ớt 8
2.1.5 Các loài ớt 9
2.2. Sơ lược về giống và chọn giống cây trồng 10
2.2.1 Khái niệm về giống cây trồng 10
2.2.2 Các tính trạng và đặc tính của giống 11
2.2.3 Mục tiêu chọn tạo giống ớt 12
2.2.3.1 Giá trị của cây ớt 12
2.2.3.2 Mục tiêu tạo giống ớt 12
2.3. Biến dị di truyền 14
2.3.1 Biến dị 14

2.3.2 Biến dị di truyền.....15
2.3.3 Sự biến dị di truyền trên cây ớt.....15
2.3.3.1 Sự biến dị dạng cây con.....15
2.3.3.2 Sự biến dị hình dạng thân và cành.....16
2.3.3.3 Sự biến dị dạng lá.....16
2.3.3.4 Sự biến dị dạng hoa và cuống.....17
2.3.3.5 Sự biến dị dạng trái và số lượng trái.....18
2.3.3.6 Sự biến dị dạng hạt.....19
2.4. Phương pháp ghép.....19
2.4.1 Định nghĩa.....19
2.4.2 Lịch sử ghép.....20
2.4.3 Cơ sở khoa học của ghép cây.....21
2.4.4 Mối quan hệ giữa cành ghép và gốc ghép.....21
2.4.5 Cơ chế ghép.....23
2.4.6 Các nghiên cứu về ghép cây ớt.....25
2.4.6.1 Nghiên cứu trong nước.....25
2.4.6.2 Nghiên cứu ngoài nước.....26
2.5. Lai giống.....30
2.5.1 Khái niệm lai giống.....30
2.5.2 Các kiểu lai giống.....30
2.5.3 Vai trò của việc chọn giống bố mẹ trong lai giống.....32
2.5.4 Cơ sở di truyền của lai giống.....32
2.5.5 Ý nghĩa của lai giống.....32
2.5.6 Những tác động di truyền khi lai.....33
2.6. Tình hình nghiên cứu về lai tạo cây ớt trong và ngoài nước.....34
2.7. Phương pháp đánh giá biến dị di truyền.....34
2.7.1 Ứng dụng tính trạng nông học trong đánh giá biến dị di truyền..... 36
2.7.2 Ứng dụng chỉ thị phân tử trong đánh giá biến dị di truyền.....37
2.8 Sơ lược về gen *CaOvate* trên cây ớt.....39
Chương III: PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU.....41
3.1. Phương tiện nghiên cứu.....41
3.1.1 Địa điểm, thời gian.....41
3.1.2 Vật liệu nghiên cứu.....41
3.1.3 Thiết bị và dụng cụ.....43
3.1.4 Hóa chất.....44
3.2. Phương pháp nghiên cứu.....44
3.2.1 Khảo sát sự biến đổi di truyền bằng phương pháp ghép.....44
3.2.1.1 Các bước hực hiện ghép.....44
3.2.1.2 Bố trí thí nghiệm khảo sát sự thay đổi của cây ghép thế hệ T_1 với

gốc ghép và cành ghép 47
3.2.2 Khảo sát sự biến đổi di truyền bằng phương pháp lai 50
3.2.2.1 Các bước thực hiện lai 50
3.2.2.2 Khảo sát sự thay đổi một số tính trạng nông học ở cây lai F_1 so với cây cha mẹ ban đầu.....51
3.2.3 Khảo sát sự thay đổi về mặt di truyền của cây ghép và lai.....52
3.2.3.1 Ly trích DNA 52
3.2.3.2 Thực hiện phản ứng PCR.....52
3.2.3.3. Giải trình tự đoạn gen quy định hình dạng trái *CaOvate*.....54
3.3. Phân tích số liệu 55
Chương IV: KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN.....56
4.1. Kết quả thí nghiệm ghép 56
4.1.1 Tỉ lệ sống sau ghép 56
4.1.2 Khảo sát sự thay đổi di truyền của các tổ hợp ghép so với đối chứng dựa trên đặc tính nông học 59
4.1.2.1 Các đặc tính sinh trưởng 59
4.1.2.2 Khảo sát thay đổi di truyền dựa trên tính trạng chất lượng và số lượng ..64
4.1.3 Khảo sát di truyền của các tổ hợp ghép so với đối chứng ở mức độ phân tử 95
4.1.4 Kết quả giải trình tự đoạn gen *CaOvate* của các tổ hợp ghép và đối chứng98
4.1.4.1 Kết quả so sánh trình tự vùng gen *CaOvate* dựa vào dấu phân tử SNP giữa cây ghép và cành ghép.....99
4.1.4.2 Kết quả khảo sát sự khác nhau giữa cây ghép với gốc ghép và cành ghép dựa trên vùng gen *CaOvate*.....105
4.2. Kết quả thí nghiệm lai.....107
4.2.1 Tỉ lệ lai thành công 107
4.2.2 Khảo sát sự thay đổi của cây lai thế hệ F_1 dựa vào đặc tính nông học.....108
4.2.2.1 Tính trạng lá.....108
4.2.2.2 Tính trạng trái và hoa.....110
4.2.3 Khảo sát sự thay đổi di truyền của các tổ hợp lai thế hệ F_1 bằng chỉ thị phân tử 116
4.2.4 Khảo sát sự thay đổi di truyền của các tổ hợp lai thế hệ F_1 dựa trên trình tự gen *CaOvate*.....118
4.2.5 Khảo sát sự phân bố các tính trạng ở các tổ hợp lai F_2.....119
4.2.5.1 Tổ hợp Hiểm – Sừng F_2 119
4.2.5.2 Tổ hợp Sừng – Hiểm F_2 124
4.2.5.3 Tổ hợp Sừng – Cà F_2.....129
4.2.5.4 Tổ hợp Cà – Sừng F_2.....134

Chương V: KẾT LUẬN VÀ KHUYẾN NGHỊ 139
5.1 Kết luận 139
5.2 Khuyến nghị 140
TÀI LIỆU THAM KHẢO 141
DANH MỤC CÁC CÔNG TRÌNH ĐÃ CÔNG BỐ 150
PHỤ LỤC 151

DANH SÁCH HÌNH

Hình 2.1 Bộ nhiễm sắc thể của các loài ớt 7
Hình 2.2 Hình dạng tử diệp 15
Hình 2.3 Các dạng thân ớt 16
Hình 2.4 Các dạng lá ớt 17
Hình 2.5 Vị trí hoa ớt.....17
Hình 2.6 Dạng đài hoa 18
Hình 2.7 Các kiểu biến đổi đa dạng về hình dạng, kích thước màu sác quả ở.....18
Hình 2.8 Các kiểu biến đổi đa dạng về hình dạng, kích thước quả ớt.....19
Hình 2.9 Dạng chop trái lúc dứt trổ.....19
Hình 2.10 Phương pháp ghép nêm 20
Hình 2.11 Phương pháp ghép cành 20
HÌnh 2.12 Phương pháp ghép nối ống cao su.....20
Hình 2.13 Một số hình thức ghép cây 22
Hình 2.14 Cơ chế sinh họ của sự hình thành mối ghép.....24
Hình 2.15 Phương pháp ghép Mentor grafting.....25
Hình 2.16 Dạng trái của ở Nokkwang, Saengaeng 28
Hình 2.17 Kết quả thí nghiệm của Tsaballa 29
Hình 2.18. Các kiểu lai giống 31
Hình 2.19. Sơ đồ lai thuận nghịch 31
Hình 3.1 Đặc tính hình thái giống ớt Cà.....41
Hình 3.2 Đặc tính hình thái giống ớt Hiểm 42
Hình 3.3 Đặc tính hình thái giống ớt Sừng.....42
Hình 3.4 Thao tác ghép 47
Hình 3.5 Bố trí các nghiệm thức ghép.....48
Hình 3.6 Các bước lai tạo trên ớt 51
Hình 3.7 Chu kỳ gia nhiệt của phản ứng PCR 54
Hình 4.1 Một số hình ảnh cây ghép và cây ghép mang trái 58
Hình 4.2 Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Sừng-Hiểm.....65
Hình 4.3 Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Hiểm-Sừng.....67
Hình 4.4 Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Sừng-Hiểm.....67
Hình 4.5 Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Hiểm-Sừng.....68
Hình 4.6 Dạng lá cặp ghép Sừng-Hiểm.....70
Hình 4.7 Dạng lá cặp ghép Hiểm-Sừng.....72
Hình 4.8 Dạng trái cặp ghép Sừng-Hiểm 73
Hình 4.9 Dạng trái cặp ghép Hiểm-Sừng 78
Hình 4.10 Hướng trái tổ hợp ghép Sừng-Hiểm 81
Hình 4.11 Hướng trái tổ hợp ghép Hiểm-Sừng 81
Hình 4.12 Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Cà-Hiểm.....82
Hình 4.13 Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Hiểm-Cà.....83

Hình 4.14 Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Cà-Hiểm 84
Hình 4.15 Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Hiểm-Cà 85
Hình 4.16 Dạng lá cặp ghép Cà-Hiểm 86
Hình 4.17 Dạng lá cặp ghép Hiểm-Cà 88
Hình 4.18 Dạng trái cặp ghép Cà-Hiểm 90
Hình 4.19 Dạng trái lúc dứt trổ của tổ hợp ghép Cà-Hiểm, Hiểm-Cà 94
Hình 4.20 Dạng trái cặp ghép Hiểm-Cà 94
Hình 4.21 Hướng trái cặp ghép Cà-Hiểm 95
Hình 4.22 Hướng trái cặp ghép Hiểm-Cà 95
Hình 4.23 Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CAMS493 tổ hợp ghép Hiểm-Sừng, Sừng-Hiểm 96
Hình 4.24 Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CAMS493 tổ hợp ghép Cà-Hiểm, Hiểm-Cà 96
Hình 4.25 Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CaeMS010 tổ hợp ghép Hiểm-Sừng, Sừng-Hiểm 97
Hình 4.26 Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CaeMS010 tổ hợp ghép Cà-Hiểm, Hiểm-Cà 97
Hình 4.27 Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị HpmsE045 tổ hợp ghép Hiểm-Sừng, Sừng-Hiểm 98
Hình 4.28 Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị HpmsE045 tổ hợp ghép Cà-Hiểm, Hiểm-Cà 98
Hình 4.29 Kết quả điện di sản phẩm PCR của chỉ thị Left+Right 99
Hình 4.30 Trình tự vùng gen CaOvate đối với cặp ghép Hiểm-Sừng và Sừng-Hiểm 105
Hình 4.31 Trình tự vùng gen CaOvate đối với cặp ghép Cà-Hiểm, Hiểm-Cà 106
Hình 4.32 Các giai đoạn phát triển trái của tổ hợp Hiểm-Sừng F0 108
Hình 4.33 Các giai đoạn phát triển trái của tổ hợp Cà-Sừng F0 108
Hình 4.34 Màu lá và dạng lá tổ hợp Hiểm-Sừng, Sừng-Hiểm 109
Hình 4.35 Màu lá và dạng lá tổ hợp Cà-Sừng, Sừng-Cà 110
Hình 4.36 Dạng trái và dạng hoa của tổ hợp Hiểm-Sừng và cha mẹ 111
Hình 4.37 Màu trái và dạng trái tổ hợp Sừng-Hiểm, Hiểm-Sừng 113
Hình 4.38 Hướng trái và dạng hoa của tổ hợp Cà-Sừng 114
Hình 4.39 Màu trái và dạng trái tổ hợp Cà-Sừng và Sừng-Cà 116
Hình 4.40 Kết quả điện di sản phẩm PCR trên gel agarose 2% chỉ thị Hpms 1- 169 . 117
Hình 4.41 Kết quả điện di sản phẩm PCR trên gel agarose 2% chỉ thị Hpms 1- 172 . 118
Hình 4.42 Khảo sát trình tự gen *CaOvate* cây lai F1 S-H và H-S 118
Hình 4.43 Khảo sát trình tự gen *CaOvate* cây lai F1 S-C và C-S 119
Hình 4.44 Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Hiểm-Sừng 120
Hình 4.45 Vị trí hoa tổ hợp Hiểm-Sừng 120
Hình 4.46 Màu bao phấn tổ hợp Hiểm-Sừng 120

Hình 4.47 Phân bố màu bao phấn tổ hợp Hiểm-Sừng 121
Hình 4.48 Kích thươc trái (không cuống) tổ hợp Hiểm-Sừng 121
Hình 4.49 Dạng trái tổ hợp Hiểm-Sừng 122
Hình 4.50 Phân bố hướng trái tổ hợp lai Hiểm-Sừng..... 123
Hình 4.51 Hướng trái tổ hợp Hiểm-Sừng..... 123
Hình 4.52 Phân bố độ cong của trái tổ hợp Hiểm-Sừng 123
Hình 4.53 Độ cong trái tổ hợp Hiểm-Sừng 124
Hình 4.54 Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Sừng-Hiểm..... 125
Hình 4.55 Vị trí hoa tổ hợp Sừng-Hiểm..... 125
Hình 4.56 Màu bao phấn tổ hợp Sừng-Hiểm 125
Hình 4.57 Màu bao phấn tổ hợp Sừng-Hiểm 126
Hình 4.58 Kích thước trái (không cuống) tổ hợp Sừng-Hiểm 126
Hình 4.59 Dạng trái tổ hợp Sừng-Hiểm 127
Hình 4.60 Phân bố hướng trái tổ hợp lai Sừng-Hiểm..... 127
Hình 4.61 Hướng trái tổ hợp Sừng-Hiểm..... 128
Hình 4.62 Độ cong của trái tổ hợp Hiểm-Sừng..... 128
Hình 4.63 Độ cong trái tổ hợp Hiểm-Sừng 129
Hình 4.64 Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Sừng-Cà 129
Hình 4.65 Vị trí hoa tổ hợp Sừng-Cà 130
Hình 4.66 Màu bao phấn tổ hợp Sừng-Cà..... 130
Hình 4.67 Phân bố màu bao phấn tổ hợp Sừng-Cà 131
Hình 4.68 Kích thước trái (không cuống) tổ hợp Hiểm-Sừng 131
Hình 4.69 Dạng trái tổ hợp Sừng-Cà..... 132
Hình 4.70 Phân bố hướng trái tổ hợp lai Sừng-Cà 132
Hình 4.71 Hướng trái tổ hợp Sừng-Cà 133
Hình 4.72 Phân bố độ cong của trái tổ hợp Sừng-Cà 133
Hình 4.73 Độ cong của trái tổ hợp Sừng-Cà 133
Hình 4.74 Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Cà-Sừng 134
Hình 4.75 Vị trí hoa tổ hợp Cà-Sừng 134
Hình 4.76 Phân bố màu bao phấn tổ hợp Cà-Sừng 135
Hình 4.77 Màu bao phấn tổ hợp Cà-Sừng..... 135
Hình 4.78 Dạng trái tổ hợp Cà-Sừng..... 136
Hình 4.79 Phân bố hướng trái tổ hợp lai Cà-Sừng 137
Hình 4.80 Hướng trái tổ hợp Cà-Sừng 137
Hình 4.81 Phân bố độ cong của trái tổ hợp Cà-Sừng 137
Hình 4.82 Độ cong của trái tổ hợp Cà-Sừng 138

DANH SÁCH BẢNG

Bảng 2.1 Các loài và nơi phát sinh các loài Capsicum spp 10
Bảng 3.1 Danh sách giống và nguồn giống ớt..... 41
Bảng 3.2 Danh sách các tính trạng liên kết với mồi..... 42
Bảng 3.3 Danh sách mồi SSR sử dụng trong quá trình phân tích DNA ớt 43
Bảng 3.4 Thành phần phản ứng PCR 54
Bảng 4.1 Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Sừng – Hiểm ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép 56
Bảng 4.2 Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Hiểm – Sừng ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép 57
Bảng 4.3 Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Cà – Hiểm ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép 58
Bảng 4.4 Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Hiểm - Cà ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép 59
Bảng 4.5 Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Sừng-Hiểm 60
Bảng 4.6 Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Hiểm-Sừng 62
Bảng 4.7 Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Cà-Hiểm 63
Bảng 4.8 Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Hiểm-Cà 64
Bảng 4.9 Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của cặp ghép Sừng-Hiểm..... 65
Bảng 4.10 Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của cặp ghép Sừng-Hiểm..... 66
Bảng 4.11 Chiều dài và rộng lá của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm 69
Bảng 4.12 Chiều dài và rộng lá của tổ hợp ghép Hiểm – Sừng 71
Bảng 4.13 Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm..... 74
Bảng 4.14 Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Sừng – Hiểm 75
Bảng 4.15 Năng suất của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm 76
Bảng 4.16 Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Hiểm-Sừng..... 79
Bảng 4.17 Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Hiểm-Sừng..... 80
Bảng 4.18 Năng suất của tổ hợp ghép Hiểm – Sừng..... 80
Bảng 4.19 Một số tính trạng trái cặp Cà-Hiểm..... 81
Bảng 4.20 Một số tính trạng trái cặp ghép Hiểm-Cà..... 83
Bảng 4.21 Tỉ lệ lai thành công của các tổ hợp lai..... 87
Bảng 4.22 Chiều dài lá và chiều rộng lá tổ hợp lai Sừng – Hiểm, Hiểm – Sừng..... 89
Bảng 4.23 Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm..... 89
Bảng 4.24 Chiều dài cuống, dày vách trái và khối lượng trái cặp ghép Cà-Hiểm 91
Bảng 4.25 Năng suất của tổ hợp ghép Cà-Hiểm 92
Bảng 4.26 Chiều dài và chiều rộng trái của tổ hợp ghép Hiểm-Cà..... 92
Bảng 4.27 Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Hiểm-Cà..... 93

Bảng 4.28 Năng suất của tổ hợp ghép Hiểm-Cà 93
Bảng 4.29 Những vị trí thể hiện sự đa hình giữa cây ghép và cành ghép Sừng-Hiểm..... 100
Bảng 4.30 Những vị trí thể hiện sự đa hình giữa cây ghép và cành ghép Hiểm-Sừng..... 101
Bảng 4.31 Những vị trí thể hiện sư đa hình giữa cây ghép và cành ghép Cà-Hiểm 102
Bảng 4.32 Những vị trí thể hiện sự đa hình giữa cây ghép và cành ghép Hiểm-Cà 104
Bảng 4.33 Tỉ lệ lai thành công của các tổ hợp lai..... 107
Bảng 4.34 Chiều dài lá và chiều rộng lá tổ hợp lai Sừng-Hiểm, Hiểm-Sừng 108
Bảng 4.35 Chiều dài lá và chiều rộng lá tổ hợp lai Sừng-Cà, Cà-Sừng 110
Bảng 4.36 Chiều dài và chiều rộng trái của tổ hợp ghép Sừng-Hiểm 112
Bảng 4.37 Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Sừng-Hiểm..... 112
Bảng 4.38 Năng suất của tổ hợp ghép Sừng-Hiểm 113
Bảng 4.39 Chiều dài và chiều rộng trái của tổ hợp lai Sừng-Cà 115
Bảng 4.40 Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp lai Sừng-Cà..... 115
Bảng 4.41 Năng suất của tổ hợp lai Sừng-Cà..... 115

DANH SÁCH TỪ VIẾT TẮT

ANOVA	Analysis of variance
AVRDC	Asian Vegetable Research and Development Center
C – H	Cà – Hiểm
CTAB	Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
CV	Coeficient of variability
DNA	Deoxyribo nucleic acid
dNTP	dideoxy nucleotide triphosphate
H – C	Hiểm - Cà
H – S	Hiểm – Sừng
EDTA:	Ethelene diamine tetraacetic acid
PCR:	Polymerase chain reaction
T_1,:	Đời cây ghép
F1, F2 :	đời cây lai
SDS:	Sodium dodecyl sulfate
SSR:	Simple sequence repeat (microsatellite)
S – H :	Sừng – Hiểm
TE:	Tris EDTA

CHƯƠNG 1: GIỚI THIỆU

1.1 Đặt vấn đề

Ớt cay *(Capsicum annum* spp.*)* là loại rau gia vị được trồng lâu đời ở nước ta. Tuy nhiên, nó chỉ được xem là cây gia vị nên có mức tiêu thụ ít. Trong những năm gần đây ớt trở thành một mặt hàng có giá trị kinh tế vì ớt không chỉ là gia vị tươi mà còn được sử dụng trong công nghiệp chế biến thực phẩm và dược liệu để bào chế thuốc nhờ tính chất capsaicine chứa trong trái. Bên cạnh đó một số loại ớt còn được dùng làm cây cảnh nhờ vào sự đa dạng về màu sắc và dạng trái của nó. Vì vậy ớt đã trở thành một trong những loại cây trồng có giá trị kinh tế cao.

Trong thực tế hiện nay ớt sản xuất ở nước ta chủ yếu là các giống F1, số lượng công ty sản xuất giống trực tiếp của nước ta còn ít, chủ yếu sản xuất các giống nhập nội. Vì vậy nguồn giống phụ thuộc vào thị trường giống nước ngoài và có giá thành cao. Bên cạnh đó xét về phương diện rau xuất khẩu thì ớt là mặt hàng chủ lực của Đồng bằng sông cửu long xuất khẩu ra nước ngoài với số lượng lớn và ổn định so với các cây trồng khác. Do đó để cây ớt thực sự trở thành cây hàng hóa, đáp ứng nhu cầu tiêu thụ ngày càng tăng đối với các sản phẩm chế biến từ ớt thì việc nâng cao năng suất và chất lượng của các giống ớt là nhiệm vụ hết sức cấp bách mà các nhà chọn giống cần phải thực hiện một cách nghiêm túc.

Để thực hiện được nhiệm vụ này, trước hết các nhà chọn giống cần phải có nguồn tập đoàn giống ớt phong phú về số lượng được sưu tập từ khắp nơi, không chỉ trong nước, mà còn ở cả các nước trên thế giới, mang đầy đủ các đặc tính đa dạng về mặt di truyền. Bên cạnh đó cũng cần thiết tạo ra các giống lai để có thể tận dụng được các đặc tính tốt của cả bố và mẹ vào cùng một cá thể lai. Việc sử dụng giống lai F1 trong các loại cây trồng đặc biệt là ớt đang được sử dụng rộng rãi trong thương mại và nông dân. Owens (1992) đã báo cáo rằng năng suất trái tăng từ 200-300%, chất lượng, màu sắc và hình dạng trái cũng được cải thiện. Cải thiện chất lượng trái bằng cách lai tạo đã được báo cáo bởi Joshi *et al*. (1992), lai hai giống Y02 và Y70 đã cải thiện được tính ngọt và cay, trong khi lai giống EC-203599 với Kt-PI-18 đã cải thiện được tính ngọt và lai giống EC- 203600 với Kt-PI-19 đã cải thiện được tính cay. Cải thiện khả năng kháng bệnh như bệnh virus đã được Ganashan nghiên cứu năm 1992. Một giống mới được tạo ra có khả năng kháng bệnh tốt, chịu được điều kiện môi trường, năng suất cao và độ cay cũng được tăng lên. Kivadasannavar (2008) đã kết luận rằng tiến hành thụ phấn từ 9 đến 12 giờ sáng sau khi khử đực 1 ngày sẽ cho tỷ lệ đậu trái là 53.63% và tỷ lệ nảy mầm là 88,20%. Colla *et al*. (2006) khi nghiên cứu về ảnh hưởng của việc ghép cây lên năng suất và chất lượng của quả ớt ở điều kiện phòng thí nghiệm đã cho thấy rằng cây ghép cao hơn 28-29% so với cây cha mẹ ban đầu. Tổng sản lượng thu được, sản lượng có thể tiêu thụ được và số lượng quả bị ảnh hưởng trực tiếp bởi gốc ghép. Sản lượng quả có thể tiêu thụ được của cây ghép cao hơn nhiều so với cây bình thường. Yagishita & Hirata (1984, 1986) đã cho thấy rằng việc ghép cây dẫn đến việc

thay đổi dạng quả, nồng độ capsaicin và loại cây được truyền qua 26 thế hệ tự thụ. Trong đó tính trạng dạng quả có chóp ngược được dùng làm tính trạng đặc trưng được tạo bởi việc ghép cây.

Lai và ghép để tạo ra những giống mới là việc làm cần thiết trong công tác giống nhằm tạo ra những giống ngày càng có nhiều đặc điểm ưu việt hơn đáp ứng được với nhu cầu khắc khe của thị trường và đồng thời thích nghi tốt với những điều kiện bất lợi của môi trường. Ở cây tự thụ phấn, phương pháp lai là cần thiết để các nhà chọn giống có được sự phân ly và tái tổ hợp các đặc tính mong muốn ở đời con, nhằm tăng năng suất cây trồng (Allard, 1960). Ghép có thể được định nghĩa là sự kết hợp tự nhiên hoặc có chủ ý của các bộ phận của thực vật để thiết lập một mạch dẫn liên tục giữa chúng (Pina & Errea, 2005) và kết hợp các chức năng di truyền như một cây hoàn chỉnh (Mudge *et al.,* 2009). Ghép cây rau ăn quả đóng một vai trò quan trọng trong việc tăng năng suất và chất lượng sản phẩm, nó giúp cây trồng tăng sức đề kháng và đáp ứng lại với các yếu tố stress sinh học và phi sinh học (Yassin & Hussen, 2015). Giống mới tạo ra càng ưu việt càng có khả năng cạnh tranh tốt với thị trường ớt trên thế giới từ đó có thể giúp nền kinh tế sản xuất ớt được phát triển hơn và góp phần nâng cao kinh tế cho người nông dân. Việc định hướng phải chủ động được nguồn hạt giống ớt trong nước là vấn đề tất yếu nhằm tăng năng suất cây trồng, hạn chế nhập khẩu hạt giống, đẩy mạnh công tác sản xuất hạt giống trong nước.

Xuất phát từ những vấn đề trên đề tài **"**Nghiên cứu biến dị di truyền của việc lai và ghép các giống Ớt dựa vào đặc tính nông học và dấu phân tử DNA" được thực hiện.

1.2 Mục tiêu nghiên cứu

Xác định được sự thay đổi di truyền của việc lai và ghép, qua đó làm cơ sở cho việc chọn tạo giống mới.

- Thực hiện ghép thuận nghịch giữa các cặp giống ớt và khảo sát sựu thay đổi di truyền của cây ghép thế hệ T_1 với gốc ghép và cành ghép.

- Thực hiện lai thuận nghịch giữa các cặp giống ớt và khảo sát sựu thay đổi di truyền của cây lai thế hệ F_1 với cây cha và mẹ, sự phân bố các tính trạng ở thế hệ F_2.

1.3 Nội dung nghiên cứu

Đề tài thực hiện gồm 2 nội dung chính: **(1)** Thực hiện việc ghép thuận nghịch giữa hai cặp giống ớt Sừng với Hiểm và Hiểm với Cà ở những độ tuổi và chiều dài gốc ghép khác nhau, qua đó khảo sát sự thay đổi của cây ghép thế hệ tiếp theo so với gốc ghép và cành ghép dựa vào các tính trạng nông học và dấu phân tử DNA; **(2)** Thực hiện lai thuận nghịch giữa hai cặp giống ớt Sừng với Hiểm và Cà với Sừng thu thế hệ F1 và khảo sát sự thay đổi của cây lai F1 với cha mẹ dựa vào đặc tính nông học và dấu phân tử.

1.4 Đối tượng và phạm vi nghiên cứu

1.4.1 Đối tượng nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu chủ yếu của luận án là 3 giống ớt có đặc điểm hình thái khác nhau Hiểm, Sừng và Cà; các cây ghép thế hệ T1 và cây lai ở thế hệ F1.

1.4.2 Phạm vi nghiên cứu

Phạm vi nghiên cứu của luận án là 3 giống ớt nhập nội từ AVRDC gồm ớt Hiểm, ớt Sừng và ớt Cà. Luận án được thực hiện trong chậu đặt trên ruộng có che lưới tại tỉnh Đồng Tháp. Phần thí nghiệm phân tử được thực hiện trong phòng thí nghiệm sinh học phân tử tại Viên Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học, trường Đại học Cần Thơ, các mẫu DNA được gởi giải trình tự tại Viện Nghiên cứu hệ gen, Viện Hàn lâm khoa học và công nghệ Việt Nam.

1.5 Ý nghĩa khoa học và thực tiễn của luận án

1.5.1 Ý nghĩa khoa học

- Luận án đã thực hiện được phương pháp ghép ớt ở độ tuổi cao và độ dài gốc ghép cao nhằm tạo ra sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép.

- Luận án đã sử dụng phương pháp nghiên cứu kết hợp quan sát kiểu hình và dựa trên kiểu gen bằng cách dùng các dấu phân tử SSR liên kết gen quy định tính trạng trái và dấu phân tử SNP nhằm khảo sát sự thay đổi trên vùng gen quy định hình dạng trái *CaOvate* để khảo sát sự thay đổi của cây ghép và cây lai so với cây cha mẹ ban đầu.

- Mặc dù kết quả cho thấy chưa có sự thay đổi di truyền trên tính trạng trái của cây ghép so với cha mẹ rõ rệt trên kiểu hình. Nhưng đã phát hiện được sự thay đổi dựa trên tính trạng hoa cụ thể ở màu bao phấn. Đây là cơ sở đề xuất hướng nghiên cứu tiếp theo khảo sát sự thay đổi gen quy định tính trạng màu bao phấn trên cây ghép.

- Tuy xét về mặt tổng thể thì trình tự gen *CaOvate* của cây ghép thiên về giống với cành ghép hơn so với gốc ghép nhưng cũng đã phát hiện được sự thay đổi trên một số vị trí nucleotide của cây ghép so với cành ghép

- Luận án đã đánh giá được sự thay đổi về mặt di truyền của cây lai F1 dựa trên kiểu hình cho thấy con lai đều thể hiện tính ưu thế lai so với cha hoặc mẹ và dựa kiểu gen tại vùng gen *CaOvate.*

1.5.2 Ý nghĩa thực tiễn

- Luận án là cơ sở khoa học quan trọng phục vụ tốt cho công tác nghiên cứu chọn tạo giống ớt mới dựa vào hai phương pháp ghép và lai và bổ sung tài liệu giảng dạy.

- Luận án đã xây dựng được quy trình ghép cây ớt ở độ tuổi và chiều dài gốc ghép cao bằng phương pháp ghép nêm cho hiệu quả thành công trên 50%. Có thể ứng dụng cho các nghiên cứu tiếp theo trên ớt nói riêng và cây trồng khác nói chung.

1.6 Điểm mới của luận án

- Luận án tiến hành ghép các giống ớt có đặc điểm hình thái khác nhau ở độ tuổi lớn và độ dài gốc ghép cao để tạo ra sự sự ảnh hưởng di truyền từ gốc ghép lên cành ghép.

- Khảo sát sự thay đổi di truyền của cây ghép dựa trên kiểu hình và kiểu gen bằng cách dựa vào các dấu phân tử SSR liên kết chặt với gen quy định tính trạng trái đồng thời giải trình tự vùng gen quy định hình dạng trái *CaOvate* để xem xét sự thay đổi về mặt kiểu gen. Kết quả nhận thấy ở tính trạng trái không có sự thay đổi nhiều về kiểu hình và kiểu gen so với cành ghép, nhưng ở tính trạng hoa có sự thay đổi đáng kể.

- Khảo sát được sự thay đổi của cây lai F1 so với cha mẹ dựa trên kiểu hình và kiểu gen liên quan đến vùng gen quy định hình dạng trái *CaOvate*.

CHƯƠNG 2: TỔNG QUAN TÀI LIỆU

2.1. Tổng quan về cây ớt

2.1.1 Giới thiệu về cây ớt

Ớt (*Capsicum* spp.) thuộc chi *Capsicum*, họ cà (Solanaceae) (Trung tâm dữ liệu Thực vật Việt Nam, 2008).

Ớt cay là món gia vị phổ biến còn ớt ngọt là một loại rau mang về hiệu quả kinh tế cho người nông dân ở các nước như Ethiopia, Nigeria, Ghana, Trung Quốc, Ấn Độ, Pakistan, Bhutan, Indonesia, Campuchia và Thái Lan. Loài *Capsicum annuum* (gồm ớt cay và ớt ngọt) là loài dùng trồng nhiều nhất trong 5 loài ớt được trồng (Shih-wen Lin *et al.*, 2013).

Trên thế giới ớt trồng cả ở Châu Âu, Châu Á và Châu Mỹ. Nước trồng ớt nhiều nhất là Ấn Độ, Brazin, Trung Quốc,..Ớt được xem là cây "*đặc sản*" của vùng nhiệt đới (Perry *et al.*, 2007). Theo ước tính năm 2011, ớt (khô và tươi) được trồng khoảng 3,8 triệu ha, trong đó 3,3 triệu ha ở nước đang phát triển và kém phát triển của Châu Á (2,5 triệu ha) và châu Phi (0,8 triệu ha) (FAOSTAT, 2013).

Ớt thuộc chi *Capsicum* của họ Cà (*Solanaceae*) (Hunziker, 2001; Knapp, 2002) trong đó có 4 đến 5 loài được thuần hóa và hơn 20 loài hoang dại (Eshbaugh, 1980). Tuy nhiên, kết quả nghiên cứu của Bosland and Votava (2000) lại cho rằng có 5 loài được thuần hóa và 25 loài hoang dại. Các loài thuần hóa bao gồm *Capsicum annuum* L., *Capsicum frutescens* L., *Capsicum chinense* Jacq., *Capsicum baccatum* L., và *Capsicum pubescens* R & P (IBPGR, 1983). Trong số các loài được thuần hóa trên thì *Capsicum annuum* L. Là giống được trồng phổ biến trên thị trường, nó gồm 2 loại ớt ngọt và ớt cay với vô số hình dạng và kích thước khác nhau. Các giống ớt thường được phân loại dựa trên vị hăng cay, màu sắc, hình dạng, mùi vị, kích thước và mục đích sử dụng (Bosland, 1992).

Hầu hết các loài *Capsicum* là loài lưỡng bội có 24 nhiễm sắc thể (2n=24). Tuy nhiên, một vài nghiên cứu gần đây đã kết luận số nhiễm sắc thể trên một số loài ớt ngọt là 26 (2n = 26). Các giống ớt khác nhau về hình dạng, kích thước, màu sắc, mùi thơm và độ cay, từ cay ít đến rất cay (Tong & Bosland, 2003).

Loài *Capsicum* là hoa lưỡng phái mọc đơn hoặc thành chùm 2-3 hoa, tràng hoa có 6-7 cánh màu trắng hoặc tím. Số nhị đực bằng số cánh hoa và mọc quanh nhụy cái. Phần trong cánh hoa có lỗ tiết mật. Hoa ớt có thể tự thụ phấn hay thụ phấn chéo do côn trùng. Trái ớt có 2-4 thùy, dạng trái rất thay đổi từ hình cầu đến hình nón, bề mặt trái có thể phẳng, gợn sóng, có khía hay nhẵn; trái khi chín có màu đỏ đen vàng; trái không cay hay rất cay (Ba, 2005).

Ớt là cây chịu nhiệt, nhiệt độ thích hợp cho tăng trưởng là 18-30°C. Nhiệt độ cao trên 32°C và thấp dưới 15°C. Cây tăng trưởng kém và hoa dễ rụng. Ớt là cây không

quang cảm, tuy nhiên trong điều kiện ngày ngắn các giống ớt cay phát triển tốt và cho năng suất cao. Ớt chịu đựng được điều kiện che rợp đến 45%, nhưng che rợp nhiều hơn ớt chậm trổ hoa và rụng nụ (Ba, 2005).

Hiện nay, ớt là một trong những loại cây trồng đang được quan tâm nghiên cứu. Để ngăn chặn sự xói mòn của các gen quý trong tập đoàn ớt đã có rất nhiều nơi trên thế giới tiến hành sưu tập và lưu giữ các nguồn gen quý để phục vụ cho công tác nghiên cứu và chọn tạo giống khắp nơi trên thế giới. Trung tâm nghiên cứu và phát triển rau Á Châu (AVRDC) là nơi có tập đoàn ớt lớn nhất hiện nay (2008), trung tâm đã thu thập được 7.514 giống, bộ nông nghiệp Mỹ đang nắm giữ 3210 giống của tất cả các dòng thuộc nhiều quốc gia trên thế giới.

2.1.2 Nguồn gốc cây ớt

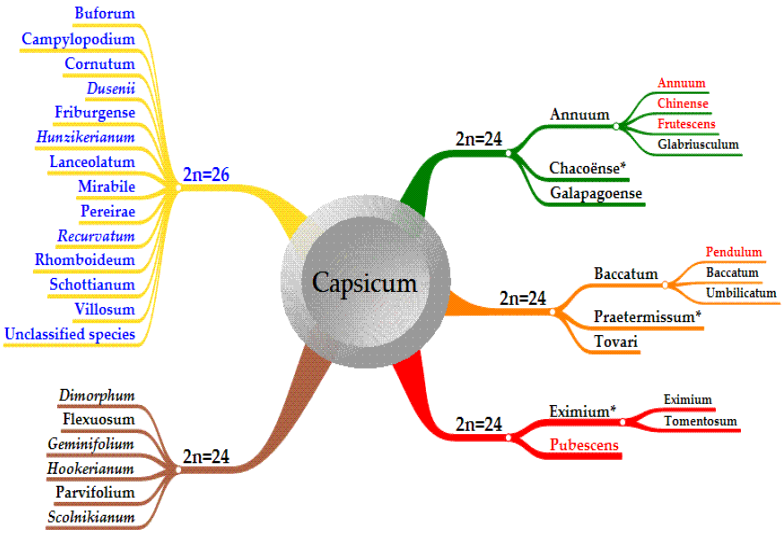
Cây ớt có nguồn gốc rất cổ xưa, các nhà khảo cổ học đã tìm thấy quả ớt khô trong ngôi mộ cổ của người Peru hàng ngàn năm trước. Nhiều tác giả khẳng định rằng ớt có nguồn gốc từ vùng nhiệt đới châu Mỹ và được trồng lâu đời ở Peru và Mêxicô. Trung tâm khởi nguồn của ớt có thể là Mêhicô và trung tâm thứ hai là Guatemala. Người ta cho rằng ớt đã được thuần hóa ít nhất năm lần bởi những cư dân tiền sử ở các khu vực khác nhau của Nam và Bắc Mỹ, từ Peru ở phía nam đến Mexico ở phía bắc và một số vùng của các bang Colorado và New Mexico (Mỹ) bởi các dân tộc Pueblo Cổ đại (Bosland, 1996).

Ớt đã là một phần trong ẩm thực của loài người ít nhất là 7500 năm trước Công nguyên và có lẽ sớm hơn. Có những bằng chứng khảo cổ ở các khu vực ở Tây Nam Ecuador cho thấy ớt đã được thuần hóa hơn 6000 năm về trước và là một trong những loại cây trồng đầu tiên ở châu Mỹ (Perry *et al*., 2007).

Theo Pickersgill (1997) chi *Capsicum* bắt nguồn từ vùng nhiệt đới nước Mỹ từ đó được phổ biến rộng rãi ở khắp nơi trên thế giới bao gồm vùng nhiệt đới, cận nhiệt đới và các vùng có khí hậu ôn hòa.

2.1.3 Đặc điểm bộ gen cây ớt

Ớt được chia thành 2 nhóm: nhóm cây trồng (bao gồm cả ớt cay và ớt ngọt) và nhóm hoang dại. Loài ớt hoang dại thường nhỏ, màu đỏ, quả mọng tròn, màu sắc và kích thước thu hút chim. Loài thuần hóa và bán thuần hóa gồm *Capsicum annuum* L., *Capsicum chinense* Jacq., *Capsicum frutescens* L., *Capsicum baccatum* L. (*C. var. pendulum*) và *Capsicum pubescens* R & P (De, 2003; Russo, 2012). Các loài ớt trồng có bộ nhiễm sắc thể 2n = 24, còn ở loài hoang dại có thể 2n = 24 hoặc 2n = 26.



Hình 2.1: Bộ nhiễm sắc thể của các loài ớt

(Nguồn: Tong và Bosland, 1999; Walsh và Hoot, 2001; Jarret và Dang, 2004; Ryzhova và Kochieva, 2004).

2.1.4 Đặc điểm thực vật

2.1.4.1 Đặc điểm hình thái cây ớt

Thân: ớt thuộc loại thân gỗ, thân tròn, dễ gãy. Khi thân già, phần gốc thân chính hóa gỗ. Thân có lông hoặc không lông, chiều cao cây phụ thuộc vào giống, thường dao động từ 20 – 40 cm thì ngừng sinh trưởng và bắt đầu phân nhánh thứ cấp. Ớt phân tán mạnh, kích thước tán thay đổi tùy theo điều kiện canh tác và giống. Khi cây già thì khó phân biệt thân chính và các nhánh cấp. Trên thân các cành phát triển mạnh và mọc đối xứng hoặc so le tùy giống, kiểu lưỡng phân tạo cho cây ớt có dạng lật ngửa, do vậy rất dễ đổ khi gặp mưa, gió mạnh.

Rễ: rễ là các phần của cơ thể thực vật nằm phía dưới mặt đất. Rễ giúp thực vật bám vào đất và giúp nước, chất khoáng và các thành phần quan trọng khác hấp thụ vào thực vật. Ở cây ớt rễ có dạng hình trụ, nhưng khi rễ phân nhánh mạnh về bốn phía và cây phát triển thành rễ chùm ăn sâu, có thể ăn sâu tới 70 –100 cm nhưng chủ yếu tập trung ở tầng đất mặt 0 – 30 cm. Phân bổ theo chiều ngang với đường kính 50 – 70 cm. Có hai loại rễ: rễ chính (rễ trụ) và rễ phụ (rễ bên). Bộ rễ có khả năng tái sinh nếu có thể thông qua thời kỳ vườn ươm và nhổ đi trồng trần. Rễ ớt rất sợ ngập úng, chịu hạn khá hơn so với một số loại cây rau khác. Sự phát triển của bộ rễ ớt có liên quan với các bộ phận trên mặt đất hay sự phân nhánh của rễ có liên quan đến sự phát triển của các cành cấp 1, cấp 2, cấp 3 trên thân.

Lá: ớt thuộc loại lá đơn mọc đối nhau, đôi khi mọc thành chùm hình hoa thị, lá có cuống. Cuống lá mập, khỏe, dài, chiều dài cuống thường chiếm 1/3 so với tổng chiều dài lá (2,5 – 5 cm) tùy giống. Lá nguyên có dạng hình trứng đến bầu dục, phiến lá nhẵn không răng cưa, đầu lá nhọn, gân lá dày nổi rõ, phân bố dày và so le. Lá ớt thường có màu xanh đậm, xanh nhạt, xanh vàng và màu tím. Một số giống trên mặt lá

non còn phủ lông tơ. Diện tích, hình dạng, màu sắc lá phụ thuộc vào giống và điều kiện trồng trọt. Lá ớt nhiều hay ít có ảnh hưởng sản lượng quả sau này. Lá ít không những ảnh hưởng đến quá trình quang hợp của cây mà còn làm cho ớt ít quả vì ở mỗi nách lá nơi phân cành là vị trí ra hoa, ra quả.

Hoa: lưỡng tính (tự thụ phấn), mọc đơn hoặc thành chùm (2 - 3 hoa/chùm) nhưng rất ít. Hoa nhỏ, dài, hoa màu xanh có hình chén, lá đài nhỏ, hẹp và nhọn. Tràng hoa có 6 - 7 cánh màu trắng hoặc tím. Số nhị đực bằng số cánh hoa và mọc quanh nhụy cái. Phần trong cánh hoa có lỗ tiết mật.

Trái: có 2 – 4 thùy, dạng trái rất thay đổi từ hình cầu đến hình nón, bề mặt trái có thể phẳng, gợn sóng, có khía hay nhẵn; trái khi chín có màu đỏ, đen hay vàng; trái không cay hay rất cay. Cấu tạo quả chia làm 3 phần: thịt quả, xơ thịt và vỏ quả. Nửa quả gần cuống to hơn và chứa nhiều hạt hơn nửa quả phần ngọn. Hạt ớt nằm tập trung xung quanh lõi của quả. Phần lớn chất cay được tập trung phần giữa đến cuống quả. Quả ớt mọc rủ xuống đất, chỉ riêng ở cây ớt chỉ thiên thì quả lại quay lên trời.

Hạt: nhẵn, tròn dẹp, nhỏ có màu nâu sáng.

Chiều dài và dạng trái đóng vai trò quan trọng trong việc chọn giống ớt xuất khẩu dưới dạng quả khô. Ớt quả khô nguyên trái phải dài hơn 9 cm và khi khô không rời cuống. Việc chế biến ớt bột không đòi hỏi tiêu chuẩn về kích thước và dạng trái nhưng yêu cầu về màu sắc, độ cay và tỷ lệ tươi/khô khi phơi; ớt trái to ở nước ta có tỷ lệ tươi/khô là 6,5:1 trong khi ớt trái nhỏ có tỷ lệ này là 8:1 (Ba, 2005).

2.1.4.2 Các thời kỳ sinh trưởng của cây ớt

Thời gian sinh trưởng của cây ớt thay đổi tuỳ giống, mùa vụ và biện pháp canh tác. Ớt có thể trồng được 3 vụ trong năm.

Vụ sớm: Gieo tháng 8 – 9, trồng tháng 9 – 10, bắt đầu thu hoạch tháng 12 – 1 dương lịch và kéo dài đến tháng 4 – 5 năm sau. Vụ này ớt trồng trên đất bờ líp cao không ngập nước vào mùa mưa. Ớt trồng mùa mưa đỡ công tưới, thu hoạch trong mùa khô dễ bảo quản, chế biến và thời gian thu hoạch dài, tuy nhiên diện tích canh tác vụ này không nhiều.

Vụ chính (Đông Xuân): Gieo tháng 10 – 11, trồng tháng 11 – 12, bắt đầu thu hoạch tháng 2 – 3 dương lịch. Trong vụ này cây sinh trưởng tốt, năng suất cao, ít sâu bệnh.

Vụ Hè Thu: Gieo tháng 4 – 5 trồng tháng 5 – 6 thu hoạch 8 – 9 dương lịch. Mùa này cần trồng trên đất thoát nước tốt để tránh úng ngập và chọn giống kháng bệnh thán thư (Ba, 2005).

Thời gian sinh trưởng của cây ớt có thể được chia thành các thời kì sau:

Thời kì nảy mầm: tính từ khi gieo đến khi 2 lá mầm, hạt ớt thường nảy mầm chậm, 8 – 10 ngày sau khi gieo mới mọc khỏi mặt đất, nhiệt độ nảy mầm trong khoảng 18 – 32ºC, ẩm độ 70 – 80%.

Thời kì cây con: từ cây 2 lá mầm đến 5, 6 lá thật. Thời gian khoảng 30 – 40 ngày sau khi gieo. Yêu cầu nhiệt độ 18 – 20ºC, ẩm độ đất 80%. Khi cây đến thời kì này cây ớt cần được đặt ngoài ánh sáng để đảm bảo quá trình sinh trưởng. Tưới nước đầy đủ cho cây.

Thời kỳ hồi xanh: sau trồng 5 – 7 ngày, yêu cầu nhiệt độ từ 18 – 20ºC, ẩm độ đất 80%.

Thời kỳ ra hoa: sau trồng 40 – 45 ngày, yêu cầu tối đa về dinh dưỡng, nước, nhiệt độ 20 – 25ºC, ẩm độ đất 80 – 90%.

Thời kỳ ra quả và chín:

Ra quả đợt 1: 50 – 60 ngày sau trồng.

Thu hoạch quả đợt 1: 90 – 100 ngày sau trồng.

Thu hoạch quả đợt 2 đến thu quả đợt cuối cùng: 110 – 180 ngày sau trồng.

Thời gian ra quả và thu hoạch liên tục trên 1 tháng. Giai đoạn này yêu cầu tối đa về dinh dưỡng và nước. Yêu cầu về nhiệt độ 20 – 30 ºC và ẩm độ 80%. Qua các giai đoạn sinh trưởng và phát triển ta cần tác động các biện pháp kỹ thuật thích hợp, chọn thời vụ trồng và có chế độ chăm sóc tốt (Ba, 2005).

2.1.5 Các loài ớt

Chi *Capsicum* có sự đa dạng di truyền rộng, khoảng 27 loài gồm 5 loài thuần hoá và được trồng như: *C. annuum, C. frutescens, C. chinense, C. baccatum, C. pubescens* và 22 loài bán hoang dã và hoang dã (Fabiane Rabelo da Costa *et al*., 2006).

Bảng 2.1: Các loài và nơi phát sinh các loài *Capsicum* spp.

Loài	Nơi phát sinh
C. annuum L.	Từ phía nam nước Mỹ đến Colombia
C. baccatum L.	Peru, Bolivia, Paraguay, Argentina và Brazil
C. buforum Hunz.	Phía nam Brazil
C. campylopodium Sendtner;	Phía nam Brazil
C. cardenasii Heiser & P.G. Smith	Phía bắc Bolivia
C. chacoense Hunz.	Argentina, Paraguay và Bolivia
C. chinense Jacq.	Bắc Amazon thuộc Nam Mỹ
C. coccineum (Rusby) Hunz.	Bolivia và Peru
C. cornutum (Hiern) Hunz.	Phía nam Brazil
C. dimorphum (Miers) Kuntze	Colombia
C. dusenii Bitter	Phía bắc Brazil
C. eximium Hunz.	Bolivia và bắc Argentina
C. flexuosum Sendtner	Argentina, Brazil và Paraguay
C. frutescens L.	Phía tây Amazon (Colombia đến Peru)
C. galapagoense Hunz.	Đảo Galápagos (Ecuador)
*C. geminifolium (*Dammer) Hunz.	Colombia và Ecuador
C. hookerianum (Miers) Kuntze	Ecuador và bắc Peru
C. lanceolatum (Greenman) Morton & Standley;	Honduras, Guatemala và Mexico
C. leptopodum (Dunal) Kuntze	
C. minutiflorum (Rusby) Hunz.	Brazil
C. mirabile Mart. ex Sendtner;	Argentina, Paraguay và Bolivia
C. parvifolium Sendtner	phía nam Brazil
C. praetermissum Heiser & P.G. Smith	Đông bắc Brazil, Venezuela và Colombia
[synonym *C. baccatum* var. *praetermissum*	phía nam Brazil
(Heiser & P.G. Smith) Hunz.]	
C. pubescens Ruiz & Pavón	
C. rhomboideum (Dunal) Kuntze	Bolivia đến Colombia
[synonym *C. ciliatum* (Kunth) Kuntze];	Mexico đến Peru
C. schottianum Sendtner;	
C. scolnikianum Hunz.	phía nam Brazil, Paraguay và Argentina
C. tovarii Eshbaugh, P.G. Smith & Nickrent	Tây bắc Peru
C. villosum Sendtner	Nam và trung tâm Peru phía nam Brazil

2.2 Sơ lược về giống và chọn giống cây trồng

2.2.1 Khái niệm về giống cây trồng

Thuật ngữ giống (tiếng Latinh: varietas; tiếng Anh: variety) dùng để chỉ một quần thể các sinh vật cùng loài do con người chọn tạo ra và có các đặc điểm di truyền xác định. Tất cả các cá thể của cùng một giống đều có các tính trạng hay thường được gọi là các đặc tính về hình thái – giải phẫu, sinh lý – sinh hoá, năng suất v.v. hầu như giống nhau và ổn định trong những điều kiện sinh thái và kỹ thuật sản xuất phù hợp (Phán, 2008).

Theo Hoàng Trọng Phán và Trương Thị Bích Phượng (2008) giống cây trồng (crop variety; cultivar) là một nhóm các thực vật có các đặc trưng sau:

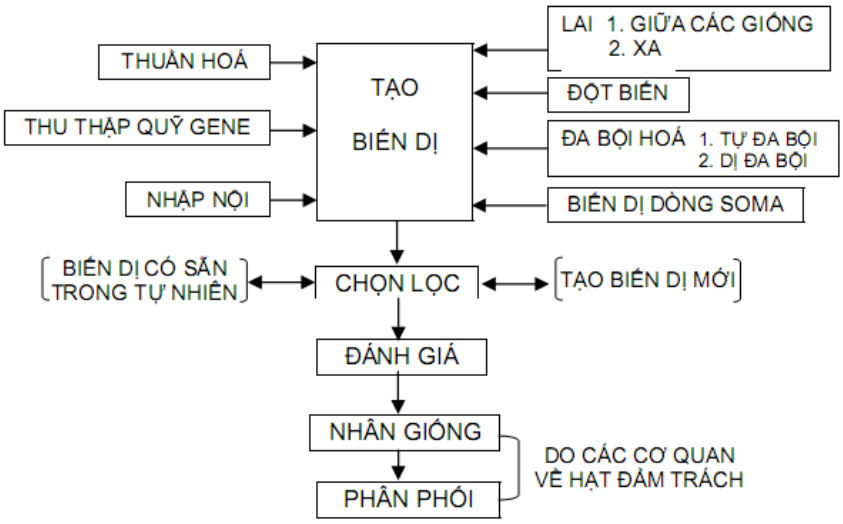
- Có nguồn gốc chung với các tính trạng hay đặc điểm giống nhau.

- Mang tính di truyền đồng nhất (nghĩa là có sự ổn định, ít phân ly) về các tính trạng hình thái và một số đặc tính nông sinh học khác nhau như: chiều cao cây, thời gian sinh trưởng, khả năng chống chịu sâu bệnh v.v.

- Mang tính khu vực hóa, nghĩa là tất các đặc điểm hay tính trạng của giống được biểu hiện trong các điều kiện ngoại cảnh (như đất đai, khí hậu, các biện pháp kỹ thuật sản xuất) nhất định. Từ đây xuất hiện các khái niệm về giống chịu hạn, chịu mặn, chịu úng v.v.

- Do con người tạo ra.

Các hoạt động trong chọn giống thực vật gồm các bước sau:



2.2.2 Các tính trạng và đặc tính của giống

Tính trạng (phenotype) là những đặc điểm về hình thái và cấu tạo quan sát được của cây trong cùng một giống giúp ta phân biệt với các giống khác trong cùng một loài.

Các đặc điểm về hình thái: chiều cao cây, kích thước lá, v.v. Đây là những tính trạng số lượng (quantitative characters), nghĩa là có thể "cân – đo – đong - đếm" được; chúng thường do nhiều gene kiểm soát và chịu ảnh hưởng lớn của điều kiện môi trường.

Các đặc điểm về cấu tạo: màu sắc, hình dạng thân, lá, hoa, quả, v.v. Đây là những tính trạng chất lượng (qualitative characters), thường do một gene kiểm soát, chúng ít chịu tác động của điều kiện ngoại cảnh và có thể quan sát bằng mắt thường.

Đặc tính (characteristics) đó là những tính chất hay đặc điểm sinh lí, sinh hóa đặc trưng có liên quan đến các đặc tính chống chịu của thực vật (như chịu hạn, chịu rét, chịu úng v.v.) và các đặc điểm kĩ thuật canh tác (Phán & Phượng, 2008).

❖ **Mục tiêu của chọn giống thực vật gồm:** năng suất cao và ổn định, chất lượng tốt, kháng sâu bệnh, chống chịu các stress vô sinh, loại bỏ các chất độc, thay đổi về thời gian chín, các đặc điểm nông học, tính cảm quan (Phán & Phượng, 2008).

2.2.3 Mục tiêu chọn tạo giống ớt

2.2.3.1 Giá trị của cây ớt

Ớt là loại cây vừa làm rau tươi vừa làm gia vị. Qủa ớt sử dụng ở dạng tươi, khô hoặc chế biến thành bột, dầu, nước xốt, pate, muối chua…Ớt là cây lấy quả nhưng lá có thể dùng để nấu canh. Màu sắc và hương vị quả ớt được sử dụng rất nhiều trong công nghiệp thực phẩm. Ớt là cây rau có giá trị cao cả thị trường trong nước và xuất khẩu, là loại hàng xuất khẩu đứng ở vị trí số 1 trong các loại gia vị.

Chất rutin trong ớt được dùng rộng rãi trong dược phẩm.Ớt dùng dưới dạng cồn chống khản cổ, xoa chữa đau do trĩ, chữa đầy hơi, chữa lị. Capsicin dùng chế bông đắp cho nóng. Ớt dùng để chữa phong thấp, đau lưng, đau khớp, sát khuẩn, lá ớt kết hợp với các loại lá thuốc có trong các bài thuốc dân gian. Ớt còn dùng làm cây cảnh. Ớt có thể dùng trong việc chế thuốc trừ sâu.

Trong quả ớt có chứa nhiều sinh tố đặc biệt là có nhiều vitamin C, 1 số giống ớt có hàm lượng Vitamin C 300mg/100 g quả tươi. Ngoài ra, ớt rất giàu các loại vitamin A (ở dạng tiền vitaminA như caroten), vitamin nhóm B (B1.B2,B3…), vitamin E, PP.

Trong ớt có chứa 1 loại Capsaicine (C18H27NO3) là một loai ankaloid có vị cay, gây cảm giác ngon miệng khi ăn, kích thích quá trình tiêu hoá, chất này có nhiều trong giá noãn, biểu bì của hạt, trong 1kg chứa tới 1,2 g. Hoạt chất Capsaicine giúp cơ thể phòng được sự hình thành các cục máu đông, làm giảm đau nhiều trong các chứng viêm do ức chế yếu tố P trong cơ thể. Gần đây người ta còn chứng minh ớt có vai trò ngăn cản các chất gây ung thư.

Trong thịt quả ớt có chứa khoảng 25%, một chất dầu có tên là capsicin gây đỏ da và nóng. Chất Capxanthin không cay, màu đỏ là chất tạo nên màu sắc quả.

2.2.3.2 Mục tiêu tạo giống ớt

Mục tiêu tạo giống ớt gồm: tạo giống có năng suất cao, tạo giống có hàm lượng các chất dinh dưỡng cao, tạo giống ớt cảnh và tạo giống ớt chống chịu sâu bệnh.

a) Những nghiên cứu chọn tạo giống ớt trên thế giới

❖ Nghiên cứu nguồn vật liệu khởi đầu

Cây ớt đang là đối tượng nghiên cứu quan trọng của các nhà khoa học trên toàn thế giới. Ngân hàng tài nguyên thực vật thế giới (IBPGR, 1983) là cơ quan đứng đầu thu thập quỹ gen ớt toàn cầu, tại đây lưu giữ khoảng 23000 mẫu giống ớt.

Năm 1986, Trung tâm nghiên cứu và phát triển rau châu Á (AVRDC) đã bắt đầu thu thập và bảo tồn nguồn gen ớt. Cùng với sự hợp tác của gen quốc tế, AVRDC đã có tập đoàn về ớt gồm 5177 dòng đến từ 81 nước ở các khu vực khác nhau.

Bên cạnh việc thu thập lưu giữ và đánh giá sử dụng nguồn gen có sẵn, hiện nay nhiều cơ quan khoa học trên thế giới có chương trình tạo nguồn vật liệu khởi đầu bằng kỹ thuật nhân tạo như gây đột biến, tạo thể đơn bội kéo từ nuôi cấy bao phấn …..

❖ Nghiên cứu tạo giống kháng bệnh

Bên và côn trùng là những yếu tố hạn chế chủ yếu hạn chế chủ yếu với việc sản xuất ớt trên phạm vi toàn cầu. AVRDC tập trung nghiên cứu phòng trừ bệnh của ớt bằng cách phối hợp giữa tạo giống kháng bệnh và biện pháp quản lý dịch hại trong quá trình canh tác. Hơn 6000 giống ớt trên thế giới được sưu tập và chọn lọc tại đây để sàng lọc và chọn ra giống kháng với các bệnh và côn trùng hại chính. Bên cạnh đó AVRDC cũng đã sử dụng phương pháp điện di và RAPD để đánh giá nguồn gen chống bệnh.

❖ Nghiên cứu tạo giống năng suất cao

Năng suất ớt có sự biến động rất lớn. Do vậy với mục đích chọn giống năng suất cao, người ta phân các nhóm ớt theo khối lượng quả để xác định nguồn vật liệu khởi đầu: nhóm ớt ngọt, nhóm ớt chỉ địa, chế biến, nhóm ớt ăn tươi, nhóm ớt sấy khô và nhóm ớt bột.

Tuy nhiên, năng suất ớt thường phụ thuộc vào các yếu tố chính: số quả tren cây (r=0,72-0,80), khối lượng trung bình quả (r=0,81-0,85), cao cây (r=0,31-0,34), mức độ phân cành (r=0,28-0,30) và cấu trúc tán cây (r=0,16-0,22) (Paul, 2008).

Căn cứ vào các yếu tố trên, đồng thời theo thời gian giống tồn tại trên đồng ruộng tùy thuộc cơ cấu canh tác, người chọn giống sẽ xác định phương pháp và vật liệu để tạo năng suất cao.

❖ Nghiên cứu tạo giống ớt chất lượng cao

Chất lượng ớt liên quan đến các chỉ tiêu trong quả: độ cay, hàm lượng dinh dưỡng (chủ yếu là vitamin A và C), hàm lượng chất khô và hình thái cũng như màu sắc. Độ cay quả ớt được quyết định bởi hàm lượng Capsici trong quả, tính trạng này do cặp alen trội Cp kiểm soát (Paul, 2008). Ngoài ra còn phụ thuộc vào yếu tố ngoại cảnh như: nhiệt độ, độ ẩm không khí và đất. Việc xác định hàm lượng Capsici chủ yếu thông qua cảm quan, phương pháp phân tích bằng sắc kí khí trong phòng thí nghiệm với khối lượng là hết sức khó khăn. Hàm lượng chất khô là tính trạng chất lượng không chỉ phụ thuộc vào yếu tố di truyền mà còn liên quan đến kích thước và cấu trúc quả. Ngoài ra, còn tương quan thuận với độ cay của quả và chế độ canh tác. Việc nghiên cứu chọn giống có hàm lượng chất khô cao chủ yếu phục vụ cho xuất khẩu.

b) Những nghiên cứu chọn tạo giống ớt ở Việt Nam

Thời gian đầu công tác nghiên cứu trên cây ớt chủ yếu tập trung vào công tác nhập nội, khảo nghiệm và đánh giá tính thích ứng của các mẫu giống nhằm phát hiện các tính trạng tốt phục vụ cho công tác lai tạo giống những năm tiếp theo.

Giai đoạn từ 1995-2000**:** Trong chương trình hợp tác với AVRDC, Viện nghiên cứu Rau Quả đã chọn ra được 14 dòng có triển vọng đưa vào khảo sát 2 năm 1997-1998, sơ bộ rút ra kết luận: Giống ớt cay PVR9 cho năng suất cao ở vụ xuân hè đạt 20 tấn/ha, độ cay tương đương giống Chìa vôi, nhưng hàm lượng Vitamin C và đường tổng số cao hơn Chìa vôi. Giống PVR 9 đã được hội đồng khoa học Bộ Nông Nghiệp & Phát triển Nông Thôn cho phép khu vực hóa ở các tỉnh phía Bắc.

Giai đoạn từ 2000- 2005: Công tác chọn tạo giống ớt lai bắt đầu được nghiên cứu, trong khuôn khổ đề tài: "Nghiên cứu chọn tạo, công nghệ nhân giống và kỹ thuật thâm canh một số giống rau chủ yếu"các nhà khoa học đã 19 chọn tạo được 2 giống ớt cay HB9 và giống HB14 có khối lượng trung bình quả 14-15 gram, cây trung bình, đạt năng suất cao ở cả 2 thời vụ từ 20-25 tấn/ha. Đặc biệt giống ớt cay HB9 được trồng phổ biến trong sản xuất và diện tích ngày càng đƣợc mở rộng, giống có ưu điểm chín tập trung, thời gian cho thu hoạch quả từ 1-1,5 tháng nên được rất nhiều địa phương trồng ớt xuất khẩu lựa chọn để bố trí trong cơ cấu khung thời vụ xen ớt giữa 2 vụ lúa. Giống HB9 được công nhận giống chính thức năm 2007, hiện nay giống đang được trồng chủ yếu ở Hải Phòng, Hải Dương, Thanh Hóa.

Ớt chỉ thiên 25 và 27 của Công ty giống cây trồng Miền nam sinh trưởng mạnh, phân cành khá, cao từ 60-95 cm. Chống chịu bệnh tốt, trồng được quanh năm, vùng đồng bằng. Bắt đầu thu hoạch từ 75-78 ngày sau trồng. Ớt 25 nặng từ 5-6 g/quả, ớt 27 nặng từ 3,8-4 g/quả. Quả non màu 20 xanh trung bình, chín màu đỏ tươi, bóng đẹp, thịt dày, chắc cứng, rất cay. Mỗi cây cho từ 200-280 quả. Năng suất từ 20 -30 tấn/ha.

Các giống lai của Công Ty Đông Tây cũng khá đa dạng về mẫu mã và chất lượng quả: Giống ớt cay lai F1 7126 cây phát triển tốt, tán rộng, lá phân bố gọn, chiều cao cây 60 cm. Năng suất trung bình 2,5 kg/cây, quả dài 15cm, trọng lượng quả từ 20-22 gam khi chín có màu đỏ tươi, cay và thơm. Thu hoạch đợt đầu từ 80-85 ngày sau gieo, kháng bệnh héo xanh và bệnh thán thư.

Ớt chỉ thiên Hiểm lai 207 dễ trồng, cây phát triển tốt, cao từ 50-60 cm. Năng suất đạt từ 2-3 kg/cây. Quả chỉ thiên, thẳng dài từ 2-3 cm, khi chín có màu đỏ tươi, rất cay và thơm. Giống đặc biệt chống chịu tốt bệnh thán thư. Thời gian thu hoạch từ 80-85 ngày sau gieo.

2.3 Biến dị di truyền

2.3.1 Biến dị

Biến dị là biểu hiện sự khác nhau giữa các cá thể. Nhờ có biến dị, chủ yếu là các đột biến, chúng ta mới nghiên cứu được các cơ chế di truyền.

Biến dị là quá trình phản ánh sự tương tác giữa kiểu gen với môi trường. Xét từ quan điểm di truyền học, biến dị cũng là kết quả của phản ứng giữa kiểu gen trong quá trình phát triển các thể đối với các điều kiện của môi trường bên ngoài. Biến dị là một

trong ba nhân tố tiến hoá chủ yếu. Nó cũng là nguồn nguyên liệu cho chọn lọc tự nhiên và chọn lọc nhân tạo. Biến dị gồm biến dị không di truyền và di truyền (Hổ, 2007).

2.3.2 Biến dị di truyền

Biến dị di truyền là các biến dị của kiểu gen và được truyền cho các thế hệ sau. Các biến dị di truyền phần lớn liên quan đến những biến đổi nhiễm sắc thể trong nhân tế bào, một số rất ít ở ngoài nhân (tế bào chất). Biến dị trong nhân có thể chia ra thành biến dị tổ hợp (do lai) và biến dị đột biến. Biến dị tổ hợp gồm 2 loại: tổ hợp tự do khi các gen nằm trên các cặp nhiễm sắc thể tương đồng khác nhau, tái tổ hợp khi có trao đổi chéo giữa các nhiễm sắc thể tương đồng (Hổ, 2007). Biến dị thường để chỉ sự khác biệt giữa những cá thể trong quần thể hay mẫu hoặc giữa những loài trong một nơi nào đó (Ngôn, 2012).

2.3.3 Sự biến dị di truyền trên cây ớt

Hầu hết các loài *Capsicum* spp. (ngoại trừ *C. pubescens* và có thể một vài loài khác) đều có khả năng giao phấn chéo với các loài khác trong chi. Đặc điểm này đã tạo nên tính đa dạng di truyền rất cao trong các loài *Capsicum* spp. với hàng loạt các dạng hoang dại hay giống trồng trọt, điều này có ý nghĩa rất lớn trong công tác chọn tạo giống (Trung Tâm Dữ liệu Thực Vật Việt Nam, 2008).

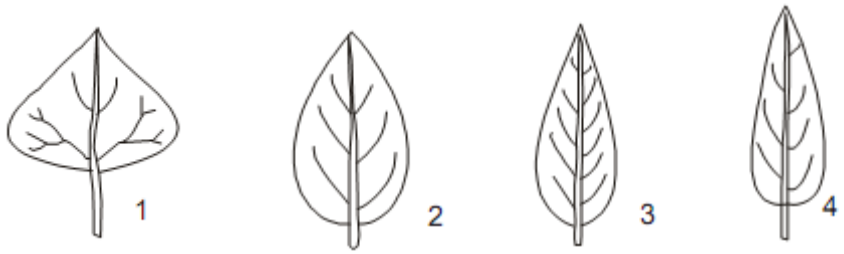
2.3.3.1 Sự biến dị dạng cây con

Xét khi chồi tân ngọn dài 1 – 2 mm. Ở ớt sự biến dị di truyền trên cây con thể hiện ở sự khác nhau về màu sắc:

Trục hạ diệp: màu trắng, màu xanh hay màu tím.

Tử diệp có sự khác nhau rất đa dạng như: màu xanh nhạt, màu xanh, màu xanh đậm, màu tím nhạt, màu tím, màu tím đậm, có đốm màu khác, màu vàng và màu khác.

Hình dạng tử diệp gồm các dạng như hình tam giác, trái xoan, hình mũi mác, hình tam giác dài (IPGRI, AVRDC & CATIE, 1995).



Hình 2.2: Hình dạng tử diệp

1: Dạng tam giác; 2: Dạng hình trái xoan; 3: Dạng mũi mác; 4: Dạng tam giác kéo dài

(Nguồn: IPGRI, AVRDC & CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy)

Dạng cây con khác nhau do gen quy định. "Gen *bv* quy định đột biến các dạng bụi cây khác nhau" (Cook, 1962). Trong khi đó thì ở nguồn trích dẫn khác của Lippert *et al.* (1964) và Daskalov (1947, 1977) đã tìm ra rằng sự thay đổi của lá có vân giống đá cẩm thạch được điều khiển bởi 4 gen*: m-1, m-2, m-3 và m-4*. Đồng thời thì Lippert *et al. (*1965) cho rằng sự thay đổi màu vàng lục khác nhau thì được điều khiển bởi gen *chl.*

2.3.3.2 Sự biến dị hình dạng thân và cành

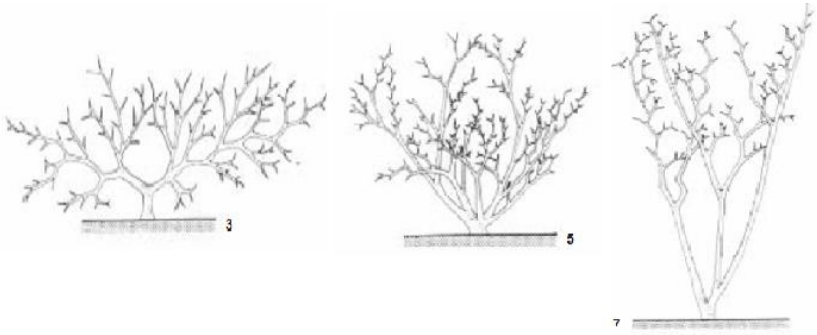
Hình dạng của thân và cành đều do gen quy định:

Dạng thân của cây ớt cũng có sự thay đổi: màu xanh, màu xanh với dãy tím, màu tím hoặc màu khác.

Hình dạng thân cũng khác nhau từ hình trụ, hình gốc cạnh đến hình dẹt.

Có 9 gen tác động đồng thời đến tính trạng chiều cao của cây ớt như *dw-1, dw-2, dw-3, dw-4, dw-5, dw-6, dw-7, dw-8* và *tal* (Deyuan & Bosland, 2006).

Các dạng mọc của thân như bò lan, dạng chặt và dạng thẳng (IPGRI, AVRDC & CATIE, 1995). Các cây có dạng bò ngang và dạng chặt thường có cành nhiều, các giống có dạng thẳng thường có cành ít hoặc trung bình. Dạng cành do gen quy định. Tính phân nhánh của cây thì do các gen *bl, ct, dt, fa* quy định (Deyuan and Bosland, 2006).



Hình 2.3: Các dạng thân ớt

3:Dạng bò lan; 5: Dạng chặt; 7: Dạng thẳng

(Nguồn: IPGRI, AVRDC & CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy)

2.3.3.3 Sự biến dị dạng lá

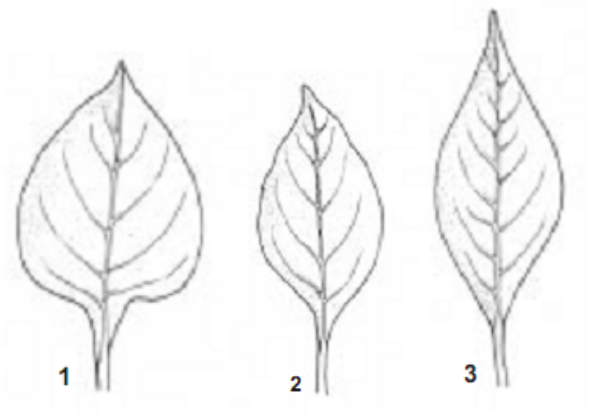
Trên cây ớt có sự biến dị về hình thái, số lượng cũng như màu sắc lá. Dạng lá là biến dị do gen kiểm soát. Phân loại lá sẽ giúp chọn lựa chọn được loại lá phù hợp được với điều kiện từng vùng để đưa vào sản xuất.

Màu sắc lá: màu vàng, màu xanh nhạt, màu xanh đậm, màu tím nhạt,…

Số lượng lá: ít thưa, nhiều trung bình, dày đặc.

Hình dạng lá: hình tam giác, hình trái xoan, hình mũi giác.

Dạng lá do các gen qui định: *un, anv, brl, fi, wl, ca, tu, fv, rl-1, rl-2, ru-1, ru-2, dtr, sl-1, call, fr, ph, pc-1, pc-2, pc-*...(Deyuan and Bosland, 2006).



Hình 2.4: Các dạng lá ớt

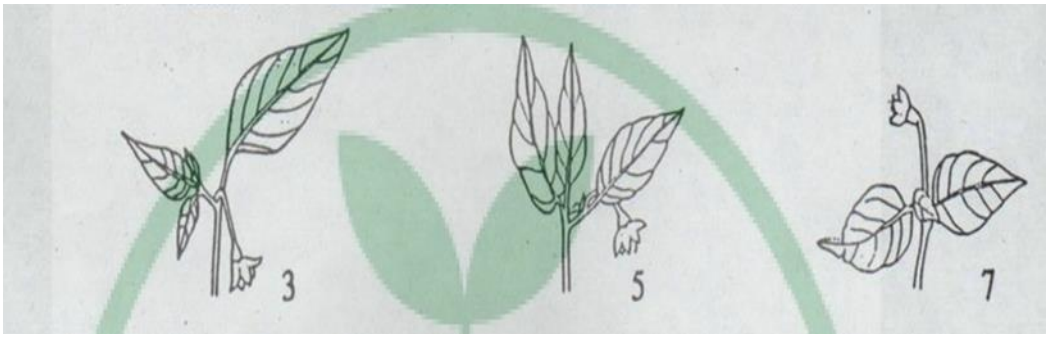
1: Dạng tam giác; 2: Dạng trái xoan; 3: Dạng mũi mác

(Nguồn: IPGRI, AVRDC & CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy)

2.3.3.4 Sự biến dị dạng hoa và cuống

Dạng hoa do gen quy định, tính đa dạng của hoa do các gen *Mf-1, Mf-2, Mf-3*. Gen *ef* quy định nở hoa sớm, gen *lf* quy định nở hoa trễ. Các gen quy định tính đột biến ở hoá như *nf, cf-1, cf-2* (Deyuan and Bosland, 2006).

Hoa là cơ quan sinh sản của cây ớt. Ở hoa ớt có sự khác nhau về số lượng màu sắc cũng như vị trí.



Hình 2.5: Vị trí hoa ớt

3: Cong xuống; 5: Vừa phải: 7: Thẳng lên

(Nguồn: IPGRI, AVRDC & CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy)

Màu sắc tràng hoa rất có nhiều biến đổi: tràng hoa màu trắng, màu vàng nhạt, màu vàng, màu vàng – xanh, màu tím với nền trắng, màu trắng với nền tím, màu trắng với rìa tím, màu tím…

Màu sắc bao phấn: trắng, vàng, xanh nhạt, xanh, tím…

Nhị hoa: trắng, vàng, xanh lá cây, xanh, tím nhạt, tím…

Dạng đài hoa: dạng trơn nguyên, dạng hơi có răng, dạng có răng cưa.

Hình 2.6: Dạng đài hoa (dạng cuốn)

3: trơn nguyên; 5: Hơi có răng; 7: Có răng

(Nguồn : IPGRI, AVRDC & CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy)

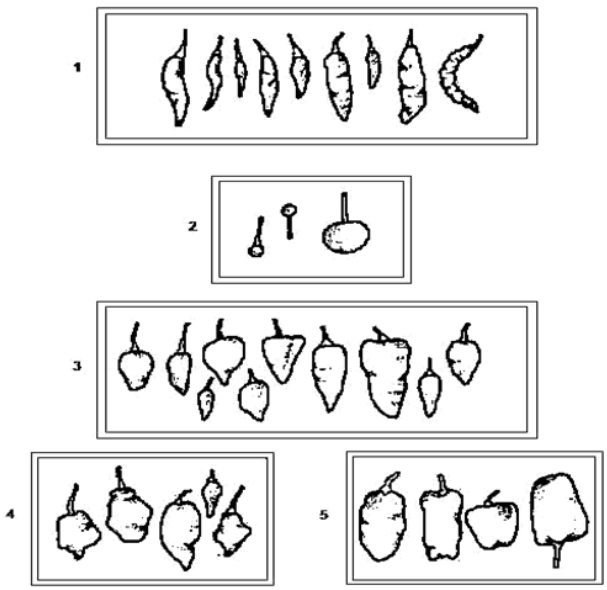
Dạng hoa do gen quy định, tính đa dạng của hoa do các gen *Mf-1, Mf-2, Mf-3*. Gen *ef* quy định nở hoa sớm, gen *lf* quy định nở hoa trễ. Các gen quy định tính đột biến ở hoá như *nf, cf-1, cf-2* (Deyuan & Bosland, 2006).

2.3.3.5 Sự biến dị dạng trái và số lượng trái

Trái ớt có nhiều hình dạng khác nhau, trong đó có 5 dạng phổ biến sau: dạng hình thon, dạng hình cầu, dạng hình nón, dạng hình chuông (campanulate), dạng hình chuông (bell or blocky).

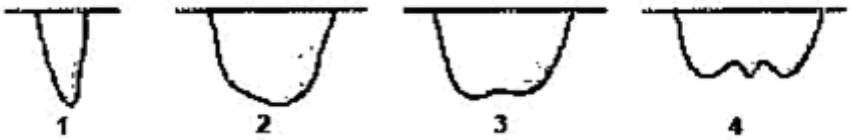
Dạng trái do gen quy định, có các gen như *P, fb, ce, O, up-1, up-2, Ap, cy, Ped, pf,* sw_1, sw_2, sw_3, *y, cl, c-1,c-2…* (Deyuan & Bosland, 2006).

Hình 2.7: Các kiểu biến đổi đa dạng về hình dạng, kích thước và màu sắc quả ở ớt *(Nguồn: Phán, 2008).*



Hình 2.8: Các kiểu biến đổi đa dạng về hình dạng, kích thước và màu sắc quả ở ớt

(Nguồn : IPGRI, AVRDC & CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy).



Hình 2.9: Dạng chóp trái lúc dứt trổ

1: Dạng nhọn; 2: Dạng cùn; 3: Dạng lõm; 4: D ạng lõm có chóp nhọn.

(Nguồn : IPGRI, AVRDC & CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy).*

2.3.3.6 Sự biến dị dạng hạt

Hạt ớt có thể là màu vàng đậm, màu nâu, màu đen… Mặt ngoài hạt có các dạng nhẵn, nhám, nhăn nheo. Kích thước nhỏ, trung bình và to. Số hạt trên mỗi trái biến đổi từ dưới 20 đến trên 50 hạt.

2.4 Phương pháp ghép

2.4.1 Định nghĩa

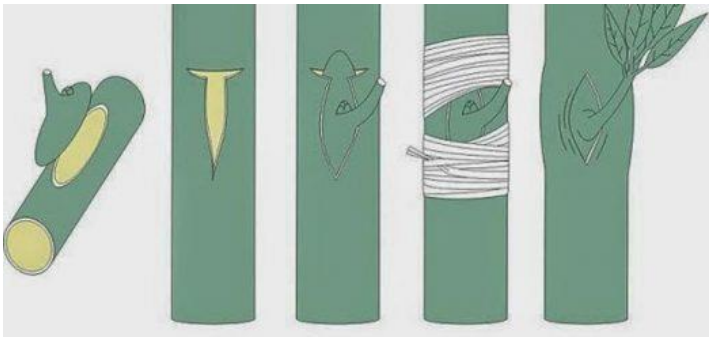
Ghép là một trong những phương pháp được biết đến trong quá trình nhân giống thực vật được thực hiện bằng cách: đem gắn một phần của cây giống (gọi là cành ghép) sang một cây khác (gọi là gốc ghép) thông qua việc áp sát các mô phân sinh ngang (tượng tầng) để tạo nên một cây mới (sống cộng sinh) giữ được những đặc tính di truyền của cây giống ban đầu và những đặc tính chống chịu quý của gốc ghép (Côn, 2014). Mục đích của việc ghép cây nhằm nhân giống vô tính tạo ra vườn cây ghép đồng đều, khắc phục tính không đồng đều cục bộ giữa gốc ghép và cành ghép.

Các phương pháp ghép:

Ghép nêm: ghép chẻ ngọn.

Hình 2.10: Phương pháp ghép nêm

Ghép cành (hay ghép mắt): lấy một cành để ghép**.**



Hình 2.11: Phương pháp ghép cành

(*Nguồn: Phan Thành Long, 2011***)**

Ghép nối ống cao su: dùng ống cao su để nối cành ghép và ngọn ghép áp vào nhau.

Hình 2.12: Phương pháp ghép nối ống cao su

(Nguồn: Võ Thị Bích Thủy và ctv, 2014)

2.4.2 Lịch sử ghép

Ghép cây được thực hiện đầu tiên trên cây ăn trái và sau đó phương pháp này được sử dụng khá rộng rãi trên rau và một số loại cây khác. Đối với các loại rau, cà tím là cây được ghép đầu tiên, sau đó đến dưa leo và các cây họ cà khác (Edelstein, 2004).

Cho đến ngày nay, bất chấp những tiến bộ đáng kể trong khoa học và công nghệ nhân giống cây trồng, ghép vẫn đóng vai trò quan trọng trong việc sản xuất cây trồng, bao gồm hoa quả, hoa cảnh và rau (Lee & Oda 2003).

2.4.3 Cơ sở khoa học của ghép cây

Thực vật sinh trưởng đều theo quy luật chung: nhờ có mô phân sinh, các tế bào sinh sôi nảy nở rất nhanh, một mặt tăng trưởng về chiều dài nhờ mô phân sinh ngọn (chiều cao cây, chiều dài cành), một mặt tăng trưởng về chiều ngang nhờ mô phân sinh bên nên đường kính thân cây (hoặc cành) tăng lên không ngừng. Tiết diện thân cây gồm hai phần chính: gỗ thứ cấp phía trong và vỏ phía ngoài với cây lâu năm, hoặc gỗ sơ cấp phía trong và vỏ phía ngoài đối với cây hằng năm. Giữa hai phần này là tượng tầng. Đây là mô phân sinh bên (ngang) bao gồm nhiều tế bào bé, vách mỏng chứa đầy chất dịch, có khả năng phân chia rất nhanh tạo nên tế bào gỗ thứ cấp hoặc sơ cấp ở phía trong và tế bào vỏ (gọi là mạch libe) ở phía ngoài.

Ghép tức là áp sát phần tượng tầng của gốc ghép và cành (thân) ghép hoặc phiến mềm ghép với nhau. Những tế bào bị thương tổn của hai mặt cắt sẽ hình thành lớp ngăn cách. Các tế bào nhu mô (vách mỏng) dưới lớp ngăn cách ấy phân chia rất nhanh hình thành mô liên hợp giữa cành ghép và gốc ghép, đồng thời lớp ngăn cách này dần biến mất. Những tế bào mới sản sinh sẽ liên hệ với nhau bằng những đường ống qua vách tế bào, chất nguyên sinh đồng hóa lẫn nhau, chất dinh dưỡng từ gốc ghép chuyển lên cành ghép và ngược lại. Những tế bào mới sinh từ cành ghép chịu ảnh hưởng bởi những tế bào bên cạnh của gốc ghép mà phân hóa thành mô tương tự. Những tế bào sinh của cành ghép tương ứng với mạch dẫn của gốc ghép thì phân hóa thành mô tế bào mạch dẫn, hình thành một mối tương quan tương ứng giữa cành ghép và gốc ghép tạo thành một cơ thể sống cộng sinh (Côn, 2014).

2.4.4 Mối quan hệ giữa cành ghép và gốc ghép

Gốc ghép và cành ghép mang bản chất di truyền khác nhau. Gốc ghép là bộ phận hút nước và chất dinh dưỡng cung cấp cho cành ghép chế tạo sản phẩm quang hợp. Gốc càng khỏe, càng thích nghi với điều kiện khí hậu, đất đai của địa phương thì cây ghép sinh trưởng càng tốt, sản lượng càng cao, tuổi thọ càng dài (Côn, 2014).

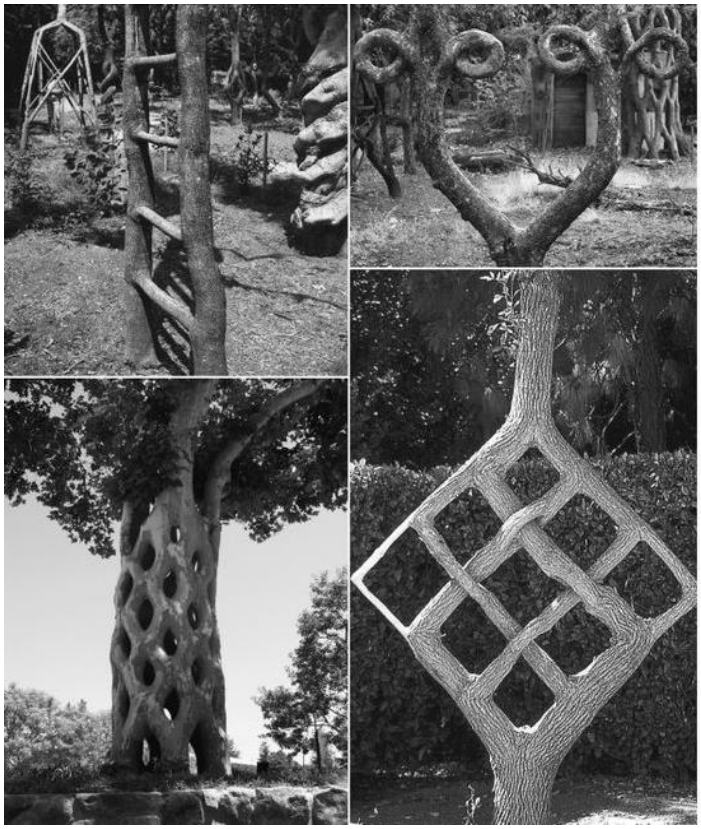
Cây ghép, cành cây và các bộ phận khác tạo thành một hệ thống dẫn truyền thống nhất, cành và lá phát triển bởi cây cành và hệ thống gốc rễ trao đổi chất dinh dưỡng. Bởi vì cây ghép được cấu tạo bởi hai cá thể khác nhau, nơi mà rễ của gốc không chỉ có chức năng hấp thụ nước và khoáng chất mà còn có chức năng tổng hợp các axit hữu cơ và axit amin trong khi đó lá của cành cây là cơ quan chính để tổng hợp các chất dinh dưỡng hữu cơ. Cả hai phần không kết hợp cơ học nhưng là một toàn bộ hữu cơ phụ thuộc lẫn nhau. Các gốc rễ và cành cây có chức năng đặc biệt cần thiết cho sự sống còn, và cũng ảnh hưởng đến chức năng của nhau, bao gồm sự tổng hợp các chất chuyển hóa và sự phát triển của các cơ quan sinh sản, do đó được biểu hiện ở con cháu của chúng (Pan Xiang Wen *et al*.,2011).

Các nhà tạo giống có thể sản xuất ra các giống cải tiến bằng phương pháp ghép. Việc thay đổi giống có thể được đẩy nhanh bằng cách tận dụng hệ thống gốc chủ đạo.

Trường hợp cây già khỏe mạnh, các vết sẹo mới có thể được ghép trên cành cây của cây đã được thiết lập.

Việc ghép còn được để tạo ra các hình thức phát triển bất thường trong một thực tiễn liên quan đến việc ghép lẫn các thân cây của hai hoặc nhiều cây để tạo vòm, ghế, thang và các tác phẩm điêu khắc huyền ảo khác.

Cành ghép và gốc ghép hình thành một lớp tiếp hợp càng chặt chẽ, sự trao đổi chất dinh dưỡng vô cơ của gốc ghép và chất dinh dưỡng hữu cơ của cành ghép càng dễ dàng. Vì vậy, trong quá trình ghép cần lưu ý áp cành ghép thật sát với gốc ghép trong một khoảng thời gian nhất định, sớm làm cho gốc ghép và cành ghép tạo thành một cơ thể sống cộng sinh. Một tổ hợp ghép (cây ghép) có thể sinh trưởng phát triển tốt khi có sự phù hợp sinh vật học (gọi là sức hợp sinh học). Thông thường người ta hay lựa chọn các cặp họ hàng gần nhau để tổ hợp ghép như: cùng loài, cùng giống hoặc cùng họ…(Côn, 2014). Ví dụ, cây mía đường (*Acer sacharrum*) có thể được ghép trên bất kỳ cây mía đường (*interclon / intraspeci fic*), nhưng trong trường hợp của cây nho đỏ (*Acer rubrum*), ghép giữa các giống khác nhau hoặc cây giống thường không tương thích. Sự kết hợp giữa hạnh nhân (*Prunus amygdalus*) / quả đào (*P. persica*) tương hợp, nhưng quả hạnh / quả mơ (*P. armeniaca*) thì không.



Hình 2.13: Một số hình thức cây ghép

(Nguồn Pan Xiang Wen et al.,2011)

Một đánh giá toàn diện của Nelson (1968) đánh giá sự tương thích / không tương thích của nhiều kết hợp khác nhau trên một số loài, chi và gia đình rất hữu ích đối với sự hiểu biết của chúng ta về tính chất sinh lý của tính tương hợp. Andrews and

Marquez (1993) công nhận bốn yếu tố tiềm ẩn có thể góp phần gây ra sự không tương thích: (1) công nhận tế bào, (2) phản ứng bị thương, (3) các chất điều chỉnh tăng trưởng, và (4) độc tố không tương thích. Ngoài sự không tương thích của ghép, thất bại ghép cũng có thể là do sự không phù hợp về mặt giải phẫu, sự khéo léo của người ghép, điều kiện môi trường và bệnh tật (Hartmann *et al*., 2002).

Tính không phù hợp có thể được biểu hiện ở dạng tiếp hợp không hoàn toàn và không chặt chẽ ở các thành phần ghép hoặc rối loạn sinh lý khác nhau, đặc biệt cây có thể bị chết sau thời kỳ ra hoa kết quả. Thông thường sức tiếp hợp giữa cành ghép và gốc ghép được đánh giá bằng tỷ số tiếp hợp sau:

T=Đường kính gốc ghép/ Đường kính cành ghép

T=1: Cây ghép sinh trưởng bình thường là do thế sinh trưởng của cành ghép tương đương thế sinh trưởng của gốc ghép, vị trí ghép cân đối, màu sắc và độ nứt của vỏ cành ghép và gốc ghép tương đương nhau, có thể không nhận rõ vị trí giáp ranh giữa gốc ghép và cành ghép.

T>1: Cây ghép có hiện tượng chân voi, cây ghép sinh trưởng phát triển bình thường. Thế sinh trưởng của cành ghép yếu hơn của gốc ghép, biểu hiện cây ghép hơi cằn cỗi, chậm lớn, lá hơi vàng, phần gốc ghép vỏ nứt nhiều hơn phần cành ghép.

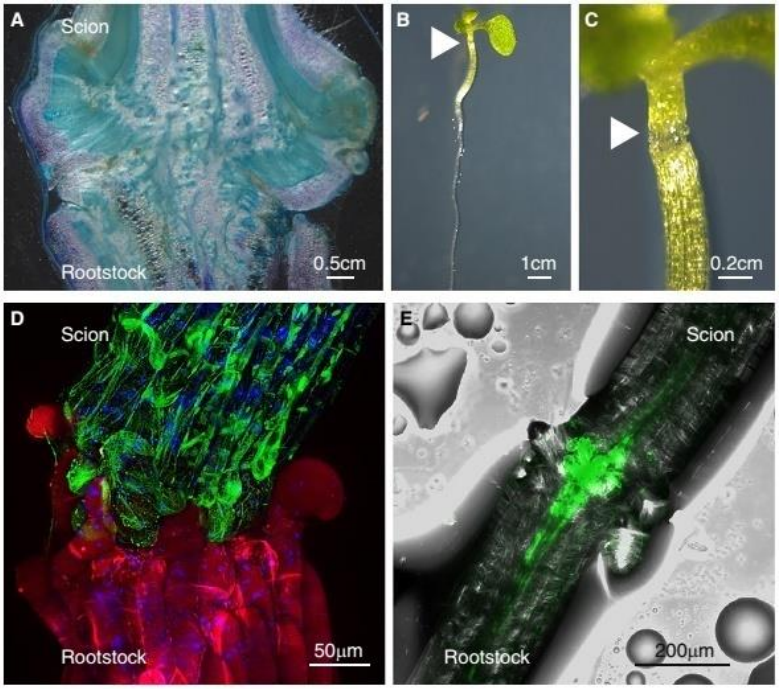
T<1: Cây ghép có hiện tượng chân hương (gốc nhỏ hơn thân). Thế sinh trưởng của cành ghép mạnh hơn gốc ghép. Phần cành ghép bị nứt vỏ nhiều và phình to hơn phần gốc ghép. Cây ghép thường sinh trưởng phát triển kém dần, tuổi thọ ngắn (Côn, 2014).

2.4.5 Cơ chế ghép

Theo Melnyk and Meyerowitz (2015) những cơ chế về ghép tương thích đã dần dần được sáng tỏ. Vào những năm 1960 và 1970, một nhóm nghiên cứu đã quan sát sự hình thành vết ghép sau khi ghép cây mọng nước với cà chua một thời gian để quan sát sự phân chia tế bào và những thay đổi về mặt giải phẫu tại mối ghép. Ban đầu, sau khi ghép các tế bào chỗ vết cắt và các tế bào nguyên vẹn nằm lân cận của mối ghép đối lập nhau. Sự tiếp xúc này tăng lên theo thời gian khi các tế bào đan vào nhau (Hình 2.13). Polysaccharides, bao gồm pectins được lưu giữ tại mối ghép như là nguồn cung cấp năng lượng. Cùng thời gian này, tế bào phân chia tạo ra một số lượng lớn các tế bào đa chức năng gọi là mô sẹo (callus). Tế bào gốc giống như mô này có thể biệt hoá, giống như sự chữa lành vết thương ở động vật, đòi hỏi tế bào gốc có sự phân chia và biệt hoá. Sự biệt hoá callus tại mối ghép tạo ra hai loại mô thực vật chính là mạch rây và mạch gỗ. Mạch rây bao gồm các tế bào sống, vận chuyển chất dinh dưỡng và các phân tử nhỏ, trong khi mạch gỗ gồm các tế bào chết vận chuyển nước và khoáng chất. Cầu sinh chất, kênh nối giữa các tế bào thực vật, hình thành dọc theo mối ghép. Các mối ghép tương thích có tất cả những đặc điểm này, nhưng các trường hợp ghép không tương thích thì chỉ thể hiện một phần các đặc điểm trên. Sự phân chia tế bào và sự hình

thành callus xảy ra nhưng sức mạnh của các phần phụ thấp hơn và sự biệt hoá mạch rây và mạch gỗ có thể không xảy ra. Người ghép sẽ tăng áp suất xung quanh mối ghép bằng một đoạn nhựa hoặc băng xung quanh. Kỹ thuật này có thể định hướng callus phân chia biệt hoá đồng thời giữ cố định cành và gốc ghép với nhau. Bên cạnh đó để tăng sự tương thích người trồng cây còn lựa chọn cành ghép và gốc ghép có kích thước tương đương nhau và sắp xếp các mạch dẫn tương ứng với nhau.

Hartmann *et al.* (2002) đã mô tả trình tự các sự việc xảy ra khi tiến hành ghép trên thực vật. Đầu tiên, các tế bào nhu mô tăng sinh từ cả hai gốc ghép và cành ghép để hình thành cấu trúc mô sẹo để làm đầy khoảng cách giữa hai mối ghép và kết nối cành ghép và gốc ghép với nhau. Tiếp theo từ các mô sẹo hình thành các mạch gỗ và mạch libe để nối với mạch gỗ và mạch libe trên gốc ghép và cành ghép tạo thành một hệ thống mạch liên tục từ gốc đến cành.

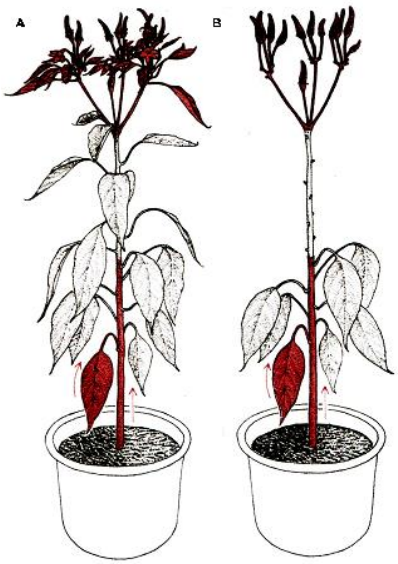


Hình 2.14: Cơ chế sinh học của sự hình thành mối ghép

(A) Sự phân chia và nhuộm vết cắt ngang mối ghép ở cà chua cho thấy sự hình thành callus và kết nối các mạch dẫn mới giữa gốc ghép và cành ghép. Hình ảnh ở giai đoạn 75 ngày sau khi ghép và nhuộm màu xanh bằng toluidine. Mạch gỗ nhuộm màu xanh sáng. (Ảnh: Jacobs and Melnyl.); (C) Ghép với mô hình cây *Arabidopsis* đã tạo ra một lượng lớn nguồn gen sẵn có để nghiên cứu sự hình thành ghép. Việc ghép thường được thực hiện trên cây có 3-8 ngày tuổi ở trụ dưới lá mầm vùng tách rễ cây khỏi chồi. Hình tam giác chỉ đường mối ghép trên cây (B) hoặc một khung phóng to ở hình (C) cây được chụp ảnh lúc 10 ngày sau ghép. (D) Hình ảnh đồng bộ của mối ghép ở trụ dưới lá mầm *Arabidopsis*, các tế bào từ cành ghép được nhuộm huỳnh quang thể hiện màu xanh (GFP-green fluorescent protein) và phân biệt với các tế bào ở gốc ghép được nhuộm huỳnh quang thể hiện màu đỏ. Ảnh chụp 6 ngày sau khi ghép. (E) Biểu hiện gene được hoạt hoá khi ghép, đặc biệt xung quanh mối ghép. Gene này, *ARR5* liên quan đến phản đáp ứng cytokinin và biểu hiện ở mức cao vào ngày thứ 8 sau ghép ở trụ dưới lá mầm *Arabidopsis*; (E) Biểu hiện gen hoạt động ở trên cây ghép, đặc biệt xung quanh mối ghép. Gen *ARR5* có liên quan với đáp ứng cytokinin và biểu hiện cao ở ngày thứ 8 sau khi ghép ở trụ dưới lá mầm của *Arabidopsis* (Ảnh màu xanh sáng (Ảnh: Melnyk and Meyerowitz)).

Vật chất di truyền được chuyển từ gốc ghép đến cành ghép do việc biến nạp ghép (graft transformation), dẫn đến sự thay đổi di truyền ở cành ghép. Cành ghép có khả năng bị thay đổi di truyền từ gốc ghép được coi là graft hybrid. Tuy nhiên, biến nạp ghép chỉ xảy ra dưới điều kiện ghép điều khiển (Mentor grafting), điều này làm cho việc chuyển vật liệu di truyền từ gốc ghép sang cành ghép (Goldschmidt, 2014).

Theo Ohta and Chuong (1975) và Ohta (1991) để có sự chuyển vật chất di truyền từ lá và thân của gốc ghép lên cành ghép thì nhất thiết phải thực hiện phương pháp ghép "Mentor grafting". Phương pháp ghép "Mentor grafting" (Hình 2.14) có nghĩa là gốc ghép thì phải già hơn cành ghép, cành ghép phải còn non và gốc ghép có thể đến giai đoạn trổ hoa. Cành ghép phải được loại bỏ lá chỉ chừa lại hai hoặc ba lá ở đỉnh ngọn để đảm bảo rằng ngọn ghép phụ thuộc dinh dưỡng vào gốc ghép, đồng thời loại bỏ lá trên cành ghép trong suốt quá trình thí nghiệm. Trái của gốc ghép được loại bỏ để đảm bảo tối đa dòng vận chuyển các chất từ gốc ghép lên cành ghép. Ông nhận thấy rằng khối nhiễm sắc được di chuyển xuyên qua thành tế bào và khoảng không giữa các tế bào từ các tế bào hoá gỗ và tế bào chết hướng tới bó mạch dẫn. Ông đề nghị rằng các nhiễm sắc chất này phải được vận chuyên xuyên qua hệ thống mạch dẫn, đi qua mối ghép đến mầm hoa hoặc đỉnh sinh trưởng trên cành ghép.



Hình 2.15: Phương pháp ghép "Mentor grafting"

(A) Cây bình thường không ghép. (B) Mentor graft

2.4.6 Các nghiên cứu về ghép cây ớt

2.4.6.1 Nghiên cứu trong nước

Thanh (2010) đã tiến hành khảo sát khả năng sinh trưởng, phát triển của các loại ớt kiểng (*Capsicum* spp.) trên gốc ớt hiểm đã cho thấy sự tương hợp giữa ngọn và gốc tác động đến sự tăng trưởng của cây.

Năm 2014, Thủy *và ctv.* đã tiến hành khảo sát sơ khởi 10 loại gốc ghép ớt đến năng suất ớt Hiểm lai 207 cho thấy hiệu quả của biện pháp ghép trong việc tăng năng suất ớt Hiểm lai 207, làm cơ sở cho nghiên cứu tiếp theo tìm ra gốc ghép kháng bệnh do vi khuẩn *Ralstonia solanacearum.*

Bên cạnh đó Thủy *và ctv.* (2014) cũng đã tiến hành khảo sát ảnh hưởng của bốn loại gốc ghép ớt đến sinh trưởng và năng suất ớt sừng vàng Châu Phi (*Capsicum* spp.*).* Kết quả cho thấy các loại gốc ghép đều có ảnh hưởng đến kích thước trái ớt Sừng vàng Châu Phi.

Ngoài ra, ở Việt Nam việc nghiên cứu trên cây ớt còn hạn chế, phần lớn người ta nghiên cứu về nấm bệnh trên ớt.

2.4.6.2 Nghiên cứu ngoài nước

Từ một cây ghép (cá thể) duy nhất ban đầu có thể nhân ra rất nhiều cá thể bằng phương pháp ghép. Những các thể này đồng nhất về mặt di truyền. Việc ghép đã được sử dụng rộng rãi trong các nghiên cứu về sinh lý học và di truyền để xác định việc chuyển các phần tử di động trong thực vật. Điều này bao gồm chuyển vị của alkaloids và các chất chuyển hóa thứ sinh (Wilson, 1952).

Ohta & Chuong (1975), khi ghép trên ớt đã nhiều lần cho thấy gene quy định màu trái và vị trí trái có thể chuyển giao bằng ghép. Hai ông cho rằng cơ chế ảnh hưởng của việc ghép giống như sự biến nạp ở sinh vật bậc cao.

Ghép là một trong những phương pháp được biết đến trong quá trình nhân giống thực vật. Việc ghép trên các loại rau để nghiên cứu sinh lý của chồi và rễ (Masuda & Gomi, 1984), khả năng tương thích giữa gốc ghép và cành ghép (Marukawa, 1979), cải tiến cây trồng (Lee & Oda, 2010).

Một nghiên cứu khác đã cứu cho thấy rằng việc ghép cây dẫn đến sự thay đổi dạng quả, nồng độ capsaicin và loại cây được truyền vào 26 thế hệ tự thụ Yagishita & Hirata (1984, 1986)

Ogata *et al*. (1986) cho thấy chóp quả đầu ngược cùng của gốc ghép được biểu hiện trên cây ghép và tính cay của ớt bị ảnh hưởng bởi cành ghép. Thêm vào đó, vị trí và hướng của quả là sự kết hợp của những nhân tố ở cả gốc ghép và cành ghép, sự thay đổi màu sắc của quả chín từ đỏ sang vàng chỉ xuất hiện vào thế hệ đầu tiên của cây ghép.

Chromatin được truyền giữa các tế bào qua hệ thống mạch qua mối nối ghép đến các điểm phát triển của cây cành và quá trình đó làm cho quá trình chuyển đổi trong sự phân chia nhanh của hoa mầm. Tầm quan trọng của sự chuyển vị có thể được hiểu theo cách sau: Sự truyền tải thông tin di truyền sẽ không xảy ra nếu các phân tử DNA phân hủy thành các nucleotide như khi một phân tử protein bị tiêu hóa

thành các acid amin và được sử dụng như là nguyên liệu để hình thành tế bào mới (Ohta, 1991).

Đã có nhiều nghiên cứu cho thấy rằng việc ghép đã có những biến đổi di truyền, Hirata *et al*. (1995) tổng kết lịch sử nghiên cứu ảnh hưởng của gốc ghép lên sự biến đổi đặc tính hình thái của mắt ghép. Ông nhận thấy rằng tất cả thí nghiệm đều cho kết quả là khi ghép thì gốc ghép luôn ảnh hưởng lên đặc tính của mắt ghép như màu sắc, kiểu sắp xếp của cành, lá, hoa trên cây ghép. Việc này ảnh hưởng đến cả trên cây ghép cùng loài hay khác loài.

Theo Ohta (1991), để có sự chuyển vật chất di truyền từ lá và thân của gốc ghép lên cành ghép thì nhất thiết phải thực hiện phương pháp ghép "Mentor grafting" có nghĩa là gốc ghép thì phải già hơn cành ghép, cành ghép phải còn non và gốc ghép có thể đến giai đoạn trổ hoa. Bên cạnh đó cành ghép phải được loại bỏ lá chỉ chừa lại hai hoặc ba lá ở đỉnh ngọn để đảm bảo rằng ngọn ghép phụ thuộc vào gốc ghép, đồng thời loại bỏ lá trên cành ghép trong suốt quá trình thí nghiệm.

Taller *et al.* (1998) dựa trên nền tảng phân tích RAPD đã nhận thấy rằng DNA của gốc ghép hiện diện ở mức khác nhau ở cành ghép, điều này chỉ ra rằng sự chuyển DNA từ gốc ghép lên cành ghép.

Minamiyama *et al.* (2006) đã phân tích marker và xây dựng bản đồ các đa hình AFLP và SSR. Những cặp primer SSR sử dụng trong nghiên cứu được được phát triển từ thư viện gen và cơ sở dữ liệu bộ gen.

Colla *et al.* (2006) khi nghiên cứu về ảnh hưởng của việc ghép cây lên năng suất và chất lượng của quả ớt ở điều kiện phòng thí nghiệm đã cho thấy rằng cây ghép cao hơn 28 – 29% so với cây mẹ ban đầu. Tổng sản lượng thu được, sản lượng có thể tiêu thụ được và số lượng quả bị ảnh hưởng trực tiếp bởi gốc ghép. Sản lượng quả ở cây ghép cao hơn gấp nhiều lần ở cây bình thường.

Liu (2006) đề nghị rằng phân tử mRNA từ gốc (cành ghép) chuyển tới cành ghép (gốc), sau đó phiên mã ngược thành cDNA và có thể chèn vào bộ gen của tế bào mầm của cành (hoặc gốc), tế bào phôi, tế bào mô sẹo cũng như tế bào sinh dưỡng, đây có thể là cơ chế chính của "graft hybridization''.

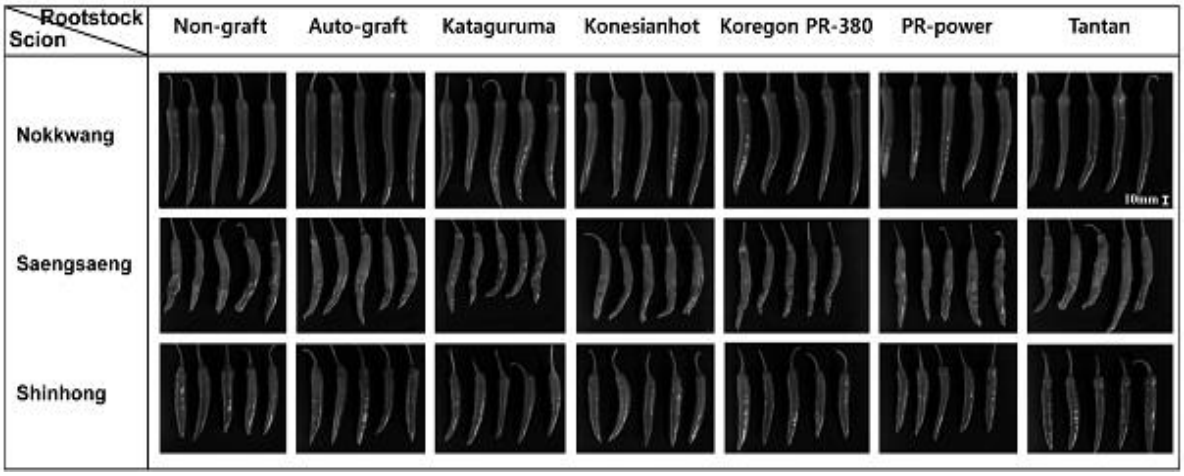
Stegemann & Bock (2009) đã chỉ ra rằng vật liệu di truyền được chuyển giao giữa cây trồng thông qua các mối ghép. Họ đã kiểm tra việc ghép giữa các cây thuốc lá cho thấy việc ghép cây trồng có thể xảy ra sự trao đổi thông tin di truyền thông qua các đoạn DNA lớn hoặc bộ gen (genome) lục lạp. Đồng thời họ chỉ ra rằng sự chuyển gen có xảy ra nhưng bị giới hạn ở khu vực xung quanh mối ghép và sự di truyền ở những chồi bên từ mối ghép.

Hanacek *et al*. (2009) đã nghiên cứu biến dị di truyền trên 41 giống ớt đỏ (*Capsicum annuum* L.) dùng 8 cặp mồi SSR với kết quả có trung bình 3,5 alen trên một cặp mồi, *Hpms 1-5* (8 alen). Yasuhiro Minamiyama *et al.* (2006) đã lặp một bản

đồ liên kết của *Capsicum annuum* dựa trên dấu phân tử SSR. Sudre *et al.* (2010) đã nghiên cứu đa dạng di truyền trên ớt thuần *Capsicum* spp. dựa vào dữ liệu hình thái và nông học thông qua phân tích thống kê. Berhanu Yadeta *et al.* (2011) đã nghiên cứu biến dị di truyền, hệ số di truyền và tiến độ di truyền trên 20 kiểu gen ớt cay (*Capsicum annuum L.)* ở Tây Shoa, Ethiopia.

Se – Jong Oh *et al*. (2012) đã nghiên cứu đa dạng di truyền trên 61 giống ớt đỏ (*Capsicum annuum L.)* từ Bulgaria dùng dấu phân tử SSR và sử dụng phương pháp phân tích thành phần chính (PCA) để phân tích số liệu nông học và phân tử. Baral and Bosland (2002) đã nghiên cứu đa dạng di truyền của một bộ sưu tập giống ớt từ Nepal bằng dấu phân tử RAPD. Kulkarni (2006) đã nghiên cứu tính biến đổi, tương quan, sự đa dạng hình thái và phân tử trên ớt khô.

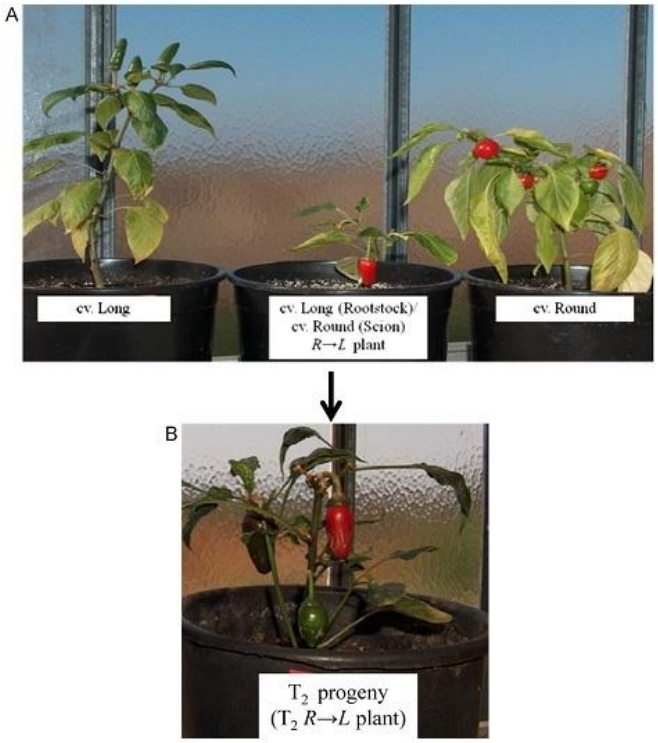
Jang *et al*. (2013) đã kiểm tra ảnh hưởng của việc ghép ớt (*Capsicum annuum*) trên nhiều loại gốc ghép khác nhau, quan sát chất lượng trái. Cụ thể họ dùng 3 giống ớt trồng "Nokkwang", "Saengaeng Matkkwri" và "Shinhong" dùng làm cành để ghép trên 5 loại gốc ghép thương mại khác nhau. Kết quả tổng sản lượng thị trường của "Nokkwang", "Saengaeng Matkkwri" và "Shinhong" thì không bị ảnh hưởng đáng kể bằng cách tự ghép hoặc ghép vào 5 loại gốc ghép thương mại khác nhau, trong khi ngược lại ghép ảnh hưởng đến chất lượng trái cây rõ nét ở ớt; đặc điểm trái thay đổi theo gốc ghép cây trồng. Tuy nhiên, đặc điểm trái của gốc ghép thì không ảnh hưởng bởi cành ghép đã ghép trên gốc ghép đó.



Hình 2.15: Dạng trái của ớt "Nokkwang", "Saengaeng Matkkwri" và "Shinhong" ghép trên các loại gốc ghép khác nhau (Jang *et al*., 2013).

Tsaballa *et al*. (2013) đã làm thí nghiệm nghiên cứu ở mức phân tử sự thay đổi do ghép gây ra ở tính trạng hình dạng trái trên ớt (*Capsicum annuum*). Ớt dạng hình tròn (Round) cv. "Mytilini Round" được dùng làm cành ghép, ớt dạng dài (Long) cv. "Piperaki Long" được dùng làm gốc ghép. Qua khảo sát thu được kết quả trái ở thế hệ T_1 có hình dạng thon dài khác với dạng tròn ban đầu của cành ghép, thế hệ T_1 được lấy từ cành ghép cho tự thụ thu thế hệ T_2 có hình dạng thon dài và hình trứng. Điều này cho thấy có sự thay đổi hình dạng trái của cành ghép. Hơn nữa, sự thay đổi kiểu hình

quan sát thấy ở trái của cành ghép thì được di truyền cho thế hệ thứ 2 từ hạt của cành ghép. Điều này cho thấy những thay đổi trên cành ghép có thể di truyền. Ngoài khảo sát sự thay đổi về mặt kiểu hình, tác giả còn khảo sát sự thay đổi về mặt kiểu gene bằng cách sử dụng sáu cặp mồi ISSR được dùng trên 2 giống cha mẹ và thế hệ T_2. Kết quả cho thấy kích thước các band giống cành ghép nhiều hơn giống với gốc ghép, điều này chỉ ra rằng có một thay đổi nhỏ xảy ra ở cành ghép trong suốt quá trình ghép.



Hình 2.16: Kết quả thí nghiệm của Tsaballa *et al*. (2013)

Donas – Ucles *et al.* (2014) nghiên cứu ảnh hưởng của 3 loại gốc ghép lên sản lượng và chất lượng thương mại của giống ớt "Italian Sweet". Ông dùng giống ớt "Palemo" ghép trên 3 giống dùng làm gốc ghép gồm "Oscos", "AR40" và "Tresor" đồng thời giống "Palemo" được trồng làm đối chứng không ghép. Sản lượng trái trung bình được tính bằng kg/cây biểu hiện khác biệt có ý nghĩa giữa cây ghép và không ghép. Trọng lượng trái cao nhất ở cặp ghép Palermo trên Tresor, cặp ghép Palermo trên AR40 có trọng lượng trái thấp nhất.

Fuentes *et al.* (2014), đưa ra tiêu đề "Chuyển gene ngang như là một cong đường vô tính để hình thành các loài mới". Kết quả cho thấy toàn bộ bộ gene đã được chuyển giao giữa các tế bào thực vật trong vùng giao cắt ghép, dẫn tới sự hình thành các tế bào thực vật mới, các tế bào thực vật tự nhiên.

Leal – Fernández *et al*. (2013), gốc ghép CM334 ảnh hưởng tiêu cực đến tất cả các đặc tính nông học và hình thái, trong khi gốc AR96029 có tác động tích cực giúp tăng sự tăng trưởng và năng suất cây trồng, gốc Tresor gây ra sự tăng chiều dài lá và số trái cây nhưng không tăng sản lượng trái cây. Bằng chứng này chỉ ra rằng gốc ghép

có ảnh hưởng đáng kể đến đặc điểm hình thái học và nông học của cành cây. Đối với việc sản xuất ớt, do đó lựa chọn đúng gốc ghép trước khi thực hiện việc ghép.

2.5 Lai giống

2.5.1 Khái niệm lai giống

Lai là phương pháp cho giao phối giữa hai hay nhiều dạng bố mẹ khác nhau, tạo ra thể lai (cây lai, con lai) phối hợp các tính chất di truyền và tính trạng của bố mẹ. Khi hai giao tử thuộc cùng một loài gọi là lai trong loài, khi hai giao tử thuộc hai loài khác nhau gọi là lai khác loài hay lai xa. Khi lai cây cha cung cấp phấn hoa, được ký hiệu bằng dấu ♂, cây mẹ tiếp nhận phấn hoa được ký hiệu ♀. Dấu (X) dùng để chỉ sự lai. Thông thường khi viết công thức lai, cây mẹ được viết trước về bên trái, còn cây cha được viết sau về bên phải của dấu nhân. Các dạng cha mẹ thường được kí hiệu bằng chữ P, con lai được ký hiệu bằng chữ F với con số đi kèm biểu hiện thế hệ của con lai, ví dụ F_1, F_2.... (Tuấn, 1992).

Lai giống là sự giao phối (thụ phấn, thụ tinh) giữa các dạng cha mẹ có kiểu gen khác nhau nhằm tạo ra nhiều con lai có nhiều đặc tính tốt. Sự giao phối có thể xảy ra trong tự nhiên không có sự can thiệp của con người (lai tự nhiên) hoặc do con người tiến hành (lai nhân tạo) đều tạo ra biến dị tái tổ hợp và đều có giá trị trong chọn giống. Một số ký hiệu trong lai giống: ♀: Mẹ (giống nhận phấn).♂: Cha (giống cho phấn). Dấu ×: Phép lai. P1, P2,...,Pn: Thế hệ bố mẹ. F_1, F_2,...,Fr: Thế hệ thứ 1,2,...,r. F_0: Hạt lai trên cây mẹ (chưa gieo ra đời nào). P1×P2 (hoặc A×B)- P1 hoặc A là mẹ (viết trước), P2 hoặc B là bố (viết sau). A, B, C, D: Gen (allen) trội. a, b, c, d: Gen (allen) lặn (Kiếm, 2016).

Căn cứ vào huyết thống bố mẹ người ta phân biệt lai gần và lai xa:

Lai gần là lai giữa các giống, giữa các cá thể trong cùng một loài. Ví dụ, lai giữa các giống trong mỗi loài lúa trồng *O. Sativa* (châu Á), *O. Glaberrima* (châu Phi); lai giữa các giống bông trong loài *G. hirsutum,* trong loài *G. barbadense.*

Lai xa là lai giữa các giống, giữa các cá thể giữa hai hay nhiều loài với nhau. Ví dụ, lai giữa các giống lúa trồng *O. Sativa* (châu Á) với các giống lúa trồng *O. Glaberrima* (châu Phi); lai giữa các giống bông loài *G.hirsutum* với dạng bông dại *G. Hirsutum* ssp. *Mexicanum* (Tod) Mayer (Kiếm, 2016).

2.5.2. Các kiểu lai giống

Theo Kiếm (2016) lai giống gồm các kiểu lai được thể hiện ở hình 2.17. Trong đó có phương pháp lai thuận nghịch là phương pháp lai hai cặp lai đơn mà vị trí bố mẹ được đổi cho nhau. Nếu ký hiệu A × B là cặp lai thuận thì B × A là cặp lai nghịch. Lai thuận nghịch được thực hiện trong ba trường hợp sau:

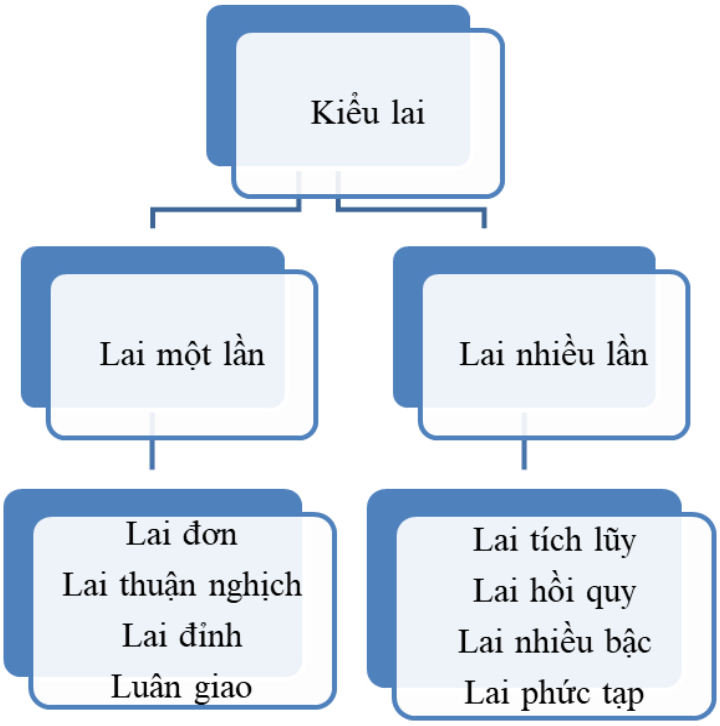
Trường hợp 1: Khi muốn xác định sự khác nhau hay không về tế bào chất giữa bố và mẹ. Nếu A × B khác B × A thì chúng không giống nhau về tế bào chất. Trường

hợp này cho phép ta chọn được giống làm mẹ tốt nhất về năng suất hay tính chống chịu, mặt khác trong lai xa sẽ có cơ hội tạo ra nhiều kiểu gen hơn trong trường hợp hai tế bào chất giống nhau.

Trường hợp 2: Khi có sự khác nhau về tính kết hạt thì có thể chọn được giống làm mẹ cho hạt nhiều và ngược lại. Ví dụ, khi lai hai giống bông: giống A thuộc loài *G. Hirsutum* quả lớn, nhiều hạt với giống B thuộc loài G. *Barbadense* quả nhỏ, ít hạt, nếu thế hệ F_1 ưu thế lai của hai cặp A × B giống B × A thì để sản xuất được nhiều hạt giống lai F_1 ta dùng cặp A × B.

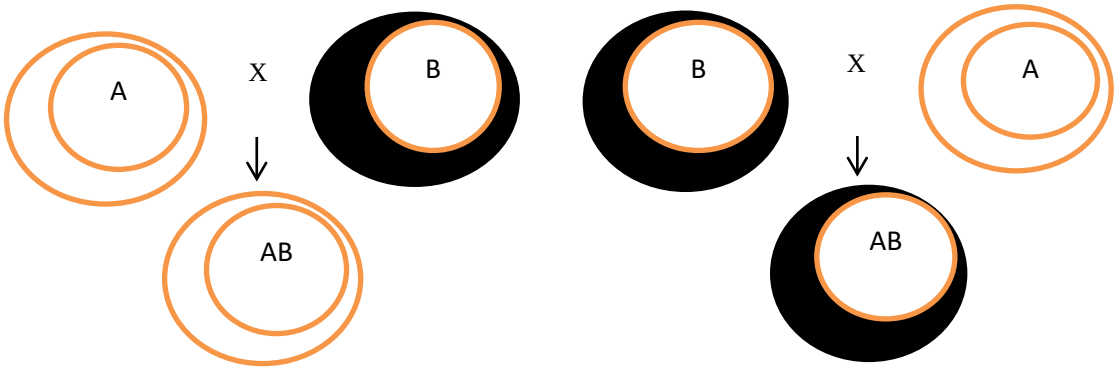
Trường hợp 3: Khi ưu thế lai F_1 của hai cặp C × D và D × C như nhau. Để sản xuất hạt giống lai F_1 ta sử dụng được cả hai cặp lai.

Sơ đồ các kiểu lai giống: (Kiếm, 2016)



Hình 2.17: Các kiểu lai giống

Hình 2.18 thể hiện sơ đồ lai thuận nghịch (Kiếm, 2016)



Lai thuận Lai nghịch

Hình 2.18: Sơ đồ lai thuận nghịch

2.5.3 Vai trò của việc chọn giống bố mẹ trong lai giống

Công tác tạo giống bằng lai hữu tính, nói chung, bao gồm 3 giai đoạn:

Chọn cha mẹ.

Lai và thu nhận quần thể lai (có thể từ lai đơn, lai ba, lai trở lại (hồi giao, lai tích lũy), lai kép, lai nhiều bậc,...).

Chọn lọc nhiều lần, tạo dòng ưu tú và đánh giá các dòng.

Kết quả cuối cùng của quá trình trên đây trước hết phụ thuộc vào việc chọn cha mẹ. Chọn đúng cha mẹ để lai là vấn đề phức tạp vì các nhà chọn giống cần quy tụ những tính trạng tốt của cha mẹ cho đời sau, trong khi cha mẹ chỉ truyền lại cho đời con các gen. Ở đời con, từ cơ sở vật chất di truyền được cha mẹ truyền lại có sự tổ chức lại, có một số đặc tính và tính trạng giống cha mẹ, nhưng cũng có nhiều tính trạng mới, Đó là quá trình phức tạp của việc hình thành những dạng mới dựa trên sự phát triển kiểu gen (Kiếm, 2016).

2.5.4 Cơ sở di truyền của lai giống

Cơ sở di truyền của lai là sự tái tổ hợp gen. Khi lai nhờ có sự tái tổ hợp các kiểu gen khác nhau, nên có thể cải tạo gần như vô hạn vốn gen của vật liệu chọn giống. Điều đó cũng có nghĩa là khả năng sáng tạo ra giống mới cũng được mở rộng gần như vô hạn nếu chọn đúng các kiểu gen thích hợp để lai tạo ra nguồn vật liệu khởi đầu. Như vậy lai giống không bao giờ mất ý nghĩa trong quá trình chọn giống, cho dù khoa học có tiến hóa đến mức nào đi nữa, vì lai giống là cơ sở để áp dụng có hiệu quả những thành tựu mà những phương pháp khác tạo ra được. Ngay cả trong trường hợp người ta đã tạo ra được những đột biến có lợi bằng các tác nhân lý hay hóa học thì thông thường các tính trạng đột biến đó cũng được đưa vào giống mới qua con đường lai (Tuấn, 1992).

2.5.5 Ý nghĩa của lai giống

Theo Tuấn (1992) lai giống thúc đẩy quá trình tiến hóa của sinh vật nói chung và của cây trồng nói riêng, chủ động tạo ra những dạng hình mới có định hướng.

- Lai giống có hai ý nghĩa to lớn trong chọn giống là tạo ra nguồn vật liệu khởi đầu với những đặc tính tốt theo hướng mong muốn của con người

- Sản xuất hạt lai F_1 nhằm tạo giống ưu thế lai.

Lai giống là phương pháp tạo ra biến dị tái tổ hợp. Trong sự tái tạo hợp tử các gen được tổ chức lại trong các kiểu gen làm xuất hiện nhiều kiểu gen mới khác bố mẹ. Nhờ sự phối hợp của các gen hữu ích trong một kiểu gen mà có thể chọn ra những giống tốt theo mục đích của nhà chọn giống. Độ lớn tính trạng được quyết định bởi các

hiệu ứng gen. Trong lai giống, nhiều trường hợp con lai F_1 vừa có hiệu ứng cộng tính additive cao vừa có hiệu ứng phi cộng tính (trội dominance, tương tác không allen epistasis) cao làm xuất hiện các giống lai có ưu thế cao. Giống ưu thế lai ngày nay đã được phổ biến rộng rãi trong sản xuất ở nhiều loại cây trồng như: ngô, lúa, bông vải,... (Kiếm, 2016).

2.5.6 Những tác động di truyền khi lai

Theo Tuấn (1992) những tác động di truyền của việc lai có thể diễn ra theo cả hai chiều hướng: có lợi và không có lợi với mục tiêu chọn giống. Những tác động di truyền này là kết quả tổng hợp của những hiện tượng tái tổ hợp, phân ly, liên kết, tác động qua lại của các gen khác locus, độ thâm nhập mức biểu hiện của gen…quan trọng là mối quan hệ giữa gen và tính trạng.

Trong trường hợp các tác động nhiều mặt của một gen là tác động mong muốn thì việc chọn giống sẽ gặp nhiều thuận lợi. Ngược lại khi tác động nhiều mặt của một gen nào đó bao gồm cả mặt có lợi và mặt không mong muốn thì việc chọn giống sẽ gặp nhiều khó khan.

Hiện tượng liên kết gen cũng có thể có những tác động có lợi và những tác động không có lợi. Sự liên kết chặt chẽ giữa những gen có lợi với những gen không mong muốn là một trở ngại lớn trong chọn giống. Sự liên kết giữa các gen mong muốn là một hiện tượng có lợi trong chọn giống.

Tác động của một gen còn chịu ảnh hưởng của kiểu gen chung của cây thông qua các gen biến đổi. Các gen này có ảnh hưởng theo chiều hướng gia tăng hoặc giảm thấp mức biểu hiện của gen chính. Trong chọn giống, người ta quan tâm đến việc tăng cường các tính trạng có lợi, do đó ảnh hưởng của các gen biến đổi trong một số trường hợp là có thể có lợi, còn trong một số trường hợp khác là có hại.

Sự tương tác gen khác locus ở con lai có thể đưa đến những hậu quả khác nhau. Do có sự tương tác giữa các gen khác locus mà ở con lai có thể xuất hiện các đặc tính mới không có ở các dạng cha mẹ hoặc có mức biểu hiện gia tăng hay giảm đối với một số tính trạng nào đó theo hướng mong muốn hoặc không mong muốn đối với mục tiêu chọn giống.

Sự tái tổ hợp gen và phân li ở con lai là những biến đổi về di truyền có thể dẫn đến sự phát sinh vô số kiểu gen và kiểu hình mới.

Sự tái tổ hợp gen và phân li ở con lai là những biến đổi về di truyền có thể dẫn đến sự phát sinh vô số kiểu gen và kiểu hình mới.

Việc sử dụng giống lai F1 trong các loại cây trồng đặc biệt là ớt đang được sử dụng rộng rãi trong thương mại và nông dân. Owens (1992) đã báo cáo rằng năng suất trái tăng từ 200-300%, chất lượng, màu sắc và hình dạng trái cũng được cải thiện. Một cải tiến năng suất đã được tìm thấy trong giống ớt "Anaheim" do sự gia tăng chiều dài

trái và độ dày trái. Cải thiện chất lượng trái bằng cách lai tạo đã được báo cáo bởi Joshi *et al*. (1992). Lai hai giống Y02 và Y70 đã cải thiện được tính ngọt và cay, trong khi lai giống EC-203599 với Kt-PI-18 đã cải thiện được tính ngọt và lai giống EC-203600 với Kt-PI-19 đã cải thiện được tính cay. Cải thiện khả năng kháng bệnh như bệnh virus đã được Ganashan nghiên cứu năm 1992. Một giống mới được tạo ra có khả năng kháng bệnh tốt, chịu được điều kiện môi trường, năng suất cao và độ cay cũng được tăng lên. Kivadasannavar (2008) đã kết luận rằng tiến hành thụ phấn từ 9 đến 12 giờ sáng sau khi khử đực 1 ngày sẽ cho tỷ lệ đậu trái là 53.63% và tỷ lệ nảy mầm là 88.20%.

2.6 Tình hình nghiên cứu về lai tạo cây ớt trong và ngoài nước

Trong những năm gần đây, nhiều người đã dùng các phương pháp lai tạo truyền thống để làm tăng lượng capsaicin - hợp chất gây ra độ cay nóng của ớt nhằm tạo ra những giống ớt cay hơn. Giống ớt cay lai GL1-10 là sản phẩm của đề tài chọn tạo giống ớt lai F1 giai đoạn 2011-2015 do Viện nghiên cứu Rau quả chủ trì, giống ớt lai GL1-10 có thời gian sinh trưởng và phát triển tốt(155-160 ngày), cho thu hoạch quả sớm và tập trung, năng suất đạt 27-30 tấn/ha, dạng quả chỉ địa, mẫu mã đẹp, quả chín đỏ đậm thịt quả dày, chống được bệnh thối quả sinh lý (Thi *và ctv*., 2016).

Một số giống lai thành công có thể kể đến như giống Carolina Reaper và Trinidad Moruga Scorpion có độ cay gấp 100.000 lần ớt bình thường, và các nhà nghiên cứu đã tính toán được rằng khoảng 2,7 pound (khoảng 1,2kg) các loại ớt này sẽ đủ để giết chết một người. (Một quả ớt Trinidad Moruga Scorpion chứa lượng capsaicin tương đương với một bình xịt hơi cay) (Jim Duffy *et al*., 2012).

Giống ớt lai Long Định 3 được lai tạo từ 2 dòng ớt bố mẹ (9950-5197 x 9955-15) nhận từ Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Rau châu Á, đã được Hội đồng Công nhận giống của Cục Trồng trọt – Bộ Nông nghiệp và PTNT (18/12/2010) công nhận là giống sản xuất thử, có dạng hình sinh trưởng vô hạn, cây cao 95cm ở vụ đông xuân và 67cm ở vụ hè thu. Cho thu hoạch lứa đầu vào 67 ngày sau trồng ở vụ đông xuân và 72 ngày ở vụ hè thu. Số trái/cây 50 – 70 trái. Dạng trái chỉ địa, trái lớn trung bình nặng 16g với chiều dài 14cm và đường kính 1,9cm. Trái có màu vàng chanh trước lúc chín và chuyển sang màu đỏ khi chín, mặt ngoài trái trơn bóng. Trái có độ cay vừa. Giống ớt lai Long Định 3 rất ít bị nhiễm bệnh do virus. Năng suất trung bình 45 - 50 tấn/ha. Trong điều kiện vụ thuận và thâm canh tốt năng suất đạt trên 60 tấn/ha (Tiền Giang) (Cương *và ctv*., 2010).

Costa *et al*. (2016) đã mô tả tính đa dạng di truyền bằng cách sử dụng các đặc tính hình thái và các dấu phân tử của giống cha mẹ là *Capsicum annuum* (UFPB-01 và UFPB-137), *C. baccatum* (UFPB-72) và *C. chinense* (UFPB-128) và các giống lai khác nhau của chúng (01x128, 72x128 và 137x128), 17 đoạn mồi đã tạo ra 58 dải đa hình cho phép ước tính sự đa dạng di truyền giữa cha mẹ và cây lai, và những kết quả này đã khẳng định kết quả phân tích hình thái học. Kết quả Chiều dài trái và năng suất

hạt / quả (SYF) cho thấy sự khác biệt cao nhất. Tính đa đa dạng nhất là đường kính trái cây lớn nhất (26,42%). Đặc điểm ít có ý nghĩa nhất là độ dày màng (0,33%). Các kết quả này khẳng định *C. annuum* đã có mối quan hệ họ hàng gần *C. chinense* so với *C. baccatum*.

Trong nghiên cứu của Jae Bok Yoon *et al*. (2006) các nguồn gen hữu ích chống lại chứng bệnh thán thư được nhận diện trong loài *C. baccatum*. Và lai tạo giữa *C. annuum* và *C. baccatum* hiện nay là phương pháp duy nhất được xem xét để đánh giá sức đề kháng của *C. baccatum* vào các giống canh tác. Kết luận, đã có thể phát triển và chọn lọc một số cây BC_1F_1 được lai thành công có khả năng đề kháng với mầm bệnh gây bệnh thán thư. Những kết quả này rất hữu ích cho việc phân tích di truyền, bao gồm lập bản đồ QTL (Mục tiêu cơ bản của bản đồ QTL là tìm hiểu cơ sở di truyền của những tính trạng số lượng bằng cách xác định số lượng, các vị trí, những ảnh hưởng của gen, và hoạt động của những loci bao gồm tương tác gen và tương tác QTL x E (môi trường)) kháng lại bệnh thán thư, cũng như cho sự lai tạo các giống lai F_1 thương mại có khả năng chống bệnh thán thư.

Kumar *et al*. (2015) đánh giá độ thuần trong lai tạo là một trong những thông số kiểm soát chất lượng quan trọng nhất trong sản xuất giống lai. Vì vậy nghiên cứu này được thực hiện để làm sáng tỏ các mối quan hệ tế bào học giữa *C. annuum* var. X-235, *C. frutescens* và hai giống lai F_1 của hai giống. Các dữ liệu về đặc điểm hình thái của cả bố và mẹ F_1 đã được ghi lại. Đối với phân tích tế bào học, dữ liệu được phân tích bằng cách ghi các polypeptides protein trên gel SDS-Polyacrylamide dưới dạng (+) hoặc không (-). Nghiên cứu này chỉ ra rằng cấu trúc hình thái học, tế bào học và cấu tạo protein của hai giống lai khác nhau so với bố mẹ chúng có thể nhận ra sự lai tạp. Thành phần protein của hạt giống có thể giúp nhận dạng và kiểm tra gen hạt ớt thương mại là công cụ đáng tin cậy hơn trong chứng nhận hạt giống. Trong nghiên cứu này, các cây lai F_1 có khả năng sống đã được thu hồi khi *C. annuum* var. X-235 và *C. frutescens* là giống bố mẹ.

Monteiro *et al*. (2011) đã nghiên cứu đặc điểm sinh sản của các giống ớt lai khác nhau, dựa trên khả năng sống của phấn hoa. Các loài thuộc chi Capsicum có thể được nhóm thành các phức hợp, mỗi loại bao gồm các kiểu gen có lai tạo sẽ tạo ra lai giống hữu thụ: phức hợp *annuum*, bao gồm các loài *C. annuum* (các giống *glabriusculum* và *annuum*), *C. frutescens, C. chinense, C. chacoense* và *C. galapagoensis*; phức *hợp baccatum* bao gồm các loài *C. baccatum* (giống *baccatum, pendulum* và *praetermissum*) và *C. tovari*, và phức hợp *pubescens* bao gồm các loài *C. cardenasii, C. eximium* và *C. Pubescens*. Và kết quả khả năng sống của phấn hoa của loài *C. pubescens* là thấp nhất (27%). Các giống lai có thể được tạo thành, nhưng có thể là bất dục. Khả năng sống sót của phấn hoa của *C. chinense* cũng cao (98%). *Capsicum frutescens* cũng có khả năng sống sót phấn hoa cao (86,8%). Khả năng sống của phấn hoa của phức *Capsicum baccatum* và các dạng thực vật (var. *baccatum* và

var *pendulum*) là cao, bình quân 98,3% và 96,1%, và cao nhất. Khả năng sống của phấn hoa tốt (81,5% - 84%) đã được quan sát trong sự kết hợp lai của *C. annuum* var. *annuum* x *C. frustescens,* và khi *C. annuum* var. *annuum* đã được sử dụng làm giống cái. Giống lai giữa các loài *C. chinense* x *C. frustescens* dẫn đến khả năng sống sót của hạt phấn cao khoảng 94%, khẳng định rằng hai loài này tương thích và tạo ra giống lai hữu thụ, do đó có thể chuyển gen giữa hai loài này.

Nhằm cải thiện tính kháng đối với các bệnh trên như: virut khảm thuốc lá, bệnh rễ, virut héo do cà chua, vv dẫn đến sự suy giảm năng suất, Debbarama *et al*. (2013) đã lai tạo và tách phôi để cải thiện giống ớt. Các nhóm *Capsicum chinense, C. annuum* và *C. frutescens* đã được lai chéo với nhau và việc tách phôi được thực hiện giữa 27-33 ngày sau khi thụ phấn. Các yếu tố phân bón, trước và sau bón phân cho thấy rằng quả có mối liên hệ quan trọng với mức độ nảy mầm phấn hoa và tăng trưởng của hạt phấn hoa. Các cây lai đã được thu lại và sự lai tạp của chúng đã được xác nhận bằng cách sử dụng các đặc tính hình thái và dấu phân tử RAPD. Kết quả thu được *C. chinense* và *C. frutescens* được sử dụng làm nguồn gen kháng bệnh.

Để trồng ớt dưới điều kiện tốt nhất, Kurubetta & Patil (2008) đã báo cáo về hiệu suất của các giống lai ớt màu dưới các cấu trúc bảo vệ khác nhau (trồng trong nhà kính có thông gió tự nhiên và dưới bóng râm có thông gió tự nhiên. Kết quả cho thấy rằng bắt đầu hoa sớm nhất (33,00 ngày), thời gian thu hoạch đầu tiên ngắn nhất (86,00 ngày) và quả quả cao nhất (49,81) được ghi nhận trong NVP (nhà kính thông gió tự nhiên). Các thông số về chất lượng như trọng lượng quả (160,00 g), khối lượng trái cây (320,00 cm), độ dày vỏ (0,91 cm) và thời hạn sử dụng (8,62 ngày) cũng đáng kể nhất trong nhà kính thông thoáng tự nhiên hơn so với bóng râm thông gió tự nhiên.

2.7 Phương pháp đánh giá biến dị di truyền

2.7.1 Ứng dụng tính trạng nông học trong đánh giá biến dị di truyền

Biến dị có thể quan sát trực tiếp như là thuộc tính của sinh vật, và nó có thể đo đạc được. Phương sai di truyền trong quần thể được đo bởi mức độ dị hợp (heterozygosity) hay mức độ đa hình (polymorphism). Phương sai kiểu hình số lượng được đo bởi phương sai kiểu hình, phương sai di truyền và phương sai kiểu gen hoặc bất kỳ sự đo mức độ phân tán của các phương pháp thống kê khác (Barton & Turelli, 1989).

Để đánh giá mức độ biến dị kiểu hình giữa các cá thể người ta thường dùng hệ số di truyền để đánh giá.

Tỉ lệ biến dị kiểu hình ở vài tính trạng do sự khác biệt di truyền giữa các cá thể được gọi là hệ số di truyền (heritability), ước lượng thông số (statistic) này biến động trong khoảng từ 0 (trong trường hợp sự khác biệt di truyền không đóng góp vào biến dị kiểu hình) đến 1 (khi sự khác biệt di truyền đóng góp hoàn toàn vào biến dị kiểu hình giữa các cá thể) (Ngôn, 2012).

Sudré *et al*. (2010) đã nghiên cứu đa dạng di truyền trên ớt thuần *Capsicum* spp dựa vào dự liệu hình thái và nông học thông qua phân tích thống kê.

Berhanu Yadeta *et al*. (2011) đã nghiên cứu biến dị di truyền, hệ số di truyền và tiến độ di truyền trên 20 kiểu gen ớt cay (*Capsicum annuum L.)* ở Tây Shoa, Ethiopia.

Hanacek *et al*. (2009) đã nghiên cứu biến dị di truyền trên 41 giống ớt đỏ (*Capsicum annuum* L.) dùng 8 cặp mồi SSR với kết quả có trung bình 3.5 alen trên một cặp mồi, *Hpms 1-5* (8 alen).

Kulkarni (2006) đã nghiên cứu tính biến đổi, tương quan, sự đa dạng hình thái và phân tử trên ớt khô.

Manju & I.Sreelathakumary (2002) nghiên cứu đa dạng di truyền, hệ số di truyền và tiến bộ di truyền trên 32 giống ớt cay (*Capsicum chinense* JACQ).

Kumari *et al*. (2010) nghiên cứu về biến dị và phân tách di truyền trên ớt (*Capsicum annuum* L.*)*.

Geleta *et al.* (2005) nghiên cứu biến dị di truyền trên 35 giống ớt (*Capsicum annuum* L.*)* với việc sử dụng các dữ liệu hình thái và phương pháp AFLP.

2.7.2 Ứng dụng chỉ thị phân tử trong đánh giá biến dị di truyền

Chỉ thị phân tử được ứng dụng rộng rãi trong phân tích di truyền, nghiên cứu lai giống, nghiên cứu đa dạng di truyền và họ hàng giữa các giống, loài và tổ tiên hoang dại của chúng. Chỉ thị phân tử có một vài ưu điểm khi so sánh với chỉ thị hình thái như: mức độ đa dạng cao và nhận ra được ảnh hưởng của điều kiện môi trường và phạm vi hoạt động sinh thái của thực vật.

Các chỉ thị phân tử rất phong phú do tính đa dạng của DNA. Các chỉ thị phân tử chia làm 2 nhóm bao gồm: chỉ thị dựa trên cơ sở enzym cắt giới hạn RFLP, các chỉ thị dựa trên cơ sở phản ứng PCR (RAPD, SSR…). Các chỉ thị phân tử hiện nay được ứng dụng có hiệu quả trong nghiên cứ đa dạng di truyền thực vật (Candida *et al.,* 2006).

Để đánh giá biến dị di truyền trên phân tử người ta thường sử dụng các marker phân tử như: SSR, RFLP, RADP, SNP, AFLP…

Sự đa dạng di truyền giữa và trong các loài Capsicum đã được nghiên cứu trong một số nghiên cứu sử dụng dấu phân tử như RFLP, RAPD, AFLP và vi vệ tinh (SSR) (Paran *et al*., 1998, Rodriguez *et al*., 1999, Minamiyama *et al*., 2006, , Rao *et al*., 2003, Geleta *et al.,* 2005 and Kwon *et al*., 2005). Đặc biệt dấu phân tử SSR đang được sử dụng rộng rãi trong các nghiên cứu trên ớt (Minamiyama *et al*., 2006, Kwon *et al*., 2005 and Lee *et al*., 2004).

Se-Jong Oh *et al*. (2012) đã nghiên cứu đa dạng di truyền trên 61 giống ớt đỏ (*Capsicum annuum L.)* từ Bulgaria dùng dấu phân tử SSR và sử dụng phương pháp phân tích thành phần chính (PCA) để phân tích số liệu nông học và phân tử.

Yasuhiro Minamiyama Masato Tsuro and Masashi Hirai (2006) đã lặp một bản đồ liên kết của *Capsicum annuum* dựa trên dấu phân tử SSR.

2.7.2.1 Dấu phân tử Microsatellite (SSR: Simple Sequence Repeat)

Các chuỗi lặp lại đơn giản (Tautz *et al*., 1986) hay còn gọi là tiểu vệ tinh (Litt and Luty, 1989) hay đa hình độ dài các đoạn lặp lại (McDonald & Potts, 1997) là những đoạn DNA lặp lại nhỏ nhất được biết đến như các microsatellite thường xảy ra một cách ngẫu nhiên trong hầu hết genome trên thực vật, chiều dài thường từ 1 – 100 bp.

Những đoạn này gồm một số nucleotide lặp lại liên tiếp, mỗi đơn vị có chiều dài từ 2 – 8 cặp bazơ (Armour *et al*., 1999), 1 – 6 (Goldstein & Pollock, 1997) còn Chambers and MacAvoy (2000) khuyến cáo định nghĩa chính xác là từ 2 đến 6. Những đoạn SSR phân bố ở đầu và cuối tâm động nhiễm sắc thể có tác dụng bảo vệ và liên quan đến sự di chuyển của nhiễm sắc thể. Chỉ thị SSR được phát triển dựa trên nguyên lý của PCR với các cặp mồi đặc hiệu để nhân các đoạn trình tự SSR. Sự khác nhau trong cấu trúc đơn vị lặp lại dẫn đến sự thay đổi độ dài đoạn lặp lại được nhân lên và được xác định khi kiểm tra bằng chạy điện di rên gel agarose hoặc gel polyacrylamide. Cho đến nay, chỉ thị SSR đang được sử dụng rộng rãi trong lĩnh vực di truyền phân tử của nhiều đối tượng khác nhau như đánh dấu gen, xác định giống, chuẩn đoán bệnh di truyền.

Các trình tự này rất phổ biến có thể được tìm thấy ở nhiều nơi trong hệ gen, cả trong trình tự DNA mã hóa và không mã hóa protein (Toth *et al*., 2000) và chúng đặc trưng cho từng loài. Các đoạn SSR có mặt chủ yếu ở các vùng dị nhiễm sắc của nhiễm sắc thể, như vùng gần tâm động, hoặc đầu mút của nhiễm sắc thể.

Kỹ thuật SSR dựa trên phản ứng chuỗi PCR với sự phát triển của các mồi (primer) được thiết kế dựa theo miền hai bên của vùng microsatellite trên một locus nhằm khuếch đại đoạn SSR chứa DNA. Độ đa hình xảy ra khi sản phẩm của PCR có độ dài khác nhau. Hiện tượng tồn tại các SSR trong cơ thể sinh vật nhóm chân hạch là khá phổ biến ở động vật và thực vật. Tuy nhiên tùy từng loài mà số lượng nucleotide trong mỗi đơn vị lặp lại có thể thay đổi từ 2 đến hàng trăm ngàn lần hoặc nhiều hơn. Ví dụ: Ở lúa có khoảng 1000 đơn vị lặp lại (AC/TG), trên 1000 đơn vị (GA/CT), trên 1000 đơn vị (GT/CA), gần 300 đơn vị (GATA/CTAT). Đơn vị lặp lại kiểu (CGG/GCC) ở cây một lá mầm (ngô, lúa…) phổ biến hơn ở cây hai lá mầm.

Phương thức lặp lại khá đa dạng nhưng tập trung ở 3 kiểu sau:

Lặp lại hoàn toàn: Các đơn vị lặp lại sắp xếp nối tiếp nhau.

Lặp lại không hoàn toàn: Xen kẽ vào các đơn vị lặp lại là một hoặc một số nucleotide khác.

Lặp lại phức tạp: Xen kẽ giữa những đơn vị lặp lại khác nhau.

Dấu phân tử SSR là đồng trội (codominant), có khả năng phát hiện tính đa hình rất cao và có khả năng tự động hóa trong quá trình thực nghiệm.

SSR được thực hiện theo bốn bước:

- Thứ nhất tách chiết và tinh sạch DNA của các mẫu nghiên cứu.

- Thứ hai thực hiện phản ứng khuếch đại qua PCR với các primer đặc trưng cho các đoạn lặp đơn giản.

- Thứ ba điện di kết quả trên gel polyacrylamid và tính toán số liệu, xác định mức độ giống và khác nhau giữa các đoạn lặp DNA.

- Thứ tư xử lý số liệu bằng các phần mềm như Map Marker Program, SYSTAT, NTSYSpc lập bản đồ di truyền và dựng cây phát sinh chủng loại.

2.7.2.2 Đa hình nucleotide đơn (Single nucleotide polymorphisms: SNP)

Đa hình nucleotide đơn hay SNP là những biến đổi trên trình tự DNA xảy ra khi 1 nucleotide (A, T, C hoặc G) trên trình tự của gen bị thay đổi (mất base, chèn thêm base hay thay đổi base). Ví dụ: 1 SNP có thể làm thay đổi trình tự A**A**GGTAA thành A**T**GGTAA. SNP có thể xảy ra trên cả 2 vùng gene mã hóa và không mã hóa của bộ gene. Nhiều SNP không có ảnh hưởng đến chức năng tế bào nhưng các nhà khó học tin rằng những SNP khác có thể dẫn đến bệnh tật cho con người hoặc ảnh hưởng đến sự đáp ứng với các thuốc trị bệnh hay hình thành tính kháng ở vi sinh vật…Điều này đã làm cho các SNP có gí trị to lớn đối với những nghiên cứu vi sinh vật, sinh-y-học, sự phát triển những sản phẩm dược chất hoặc trong chẩn đoán y học (Brutly, 2010).

Các công nghệ phát hiện đa hình đơn nucleotide (SNP) được sử dụng để xem xét những đa hình mới và các allele của những đa hình đã biết trên chuỗi trình tự mục tiêu. Số các phương pháp phân tích SNP đã bùng nổ trong những năm gần đây và nhiều phương pháp hiệu quả đã được sử dụng; tuy nhiên, không có một phương pháp nào có thể đáp ứng được tất cả nhu cầu của những nghiên cứu sử dụng SNP (Kwok, 2003).

Một trong các ứng dụng của dấu phân tử SNP (SNP molecular marker) trong khảo sát đa dạng di truyền là xác định được những vùng biến đổi trên các chuỗi trình tự DNA khảo sát đồng thời tính các chỉ số Pi và Theta, giúp ước tính đa dạng nucleotide với sự hỗ trợ của các phần mềm chuyên biệt.

Pi được định nghĩa như là số trung bình các khác biệt nucleotide trên các vịt trí bất kỳ giữa các chuỗi trình tự DNA chọn ngẫu nhiên từ các mẫu (Nei & Miller, 1990); Pi càng lớn thì tính đa dạng càng cao.

2.8 Sơ lược về gen *CaOvate* trên cây ớt

Các đặc điểm của trái ớt phần lớn được xác định bởi tính di truyền của chúng. Những tiến bộ gần đây trong việc lập bản đồ các tính trạng số lượng (QTLs) đã xác định được nhiều gen góp phần kiểm soát các tính trạng ở quả, chẳng hạn như chiều cao

cây, trọng lượng quả, hình dạng trái và số ô ở trái ớt (Be Chaim et al., 2001; Palloix et al., 2009) . Trong phân tích QTL về trọng lượng trái ớt (Ftw), *fw2.1* được phát hiện là QTL chính ảnh hưởng đến trọng lượng quả và nằm trên nhiễm sắc thể số 2 (Be Chaim et al., 2001). Vì ớt và cà chua (*Solanum lycopersicum* L.) thuộc họ Solanaceae nên nhiều nhà nghiên cứu đã so sánh QTL của ớt với cà chua để thúc đẩy các nghiên cứu về cây ớt. Zygier et al. (2005) cho thấy locus *fw2.1* giải thích 62% sự biến đổi tính trạng và được liên kết chặt chẽ với *Ovate*, có liên quan đến hình dạng quả (Fts) ở cà chua. *fw4.1* và *fw4.2* được xác định là QTL trọng lượng trái chính trên nhiễm sắc thể số 4 (Zygier et al., 2005). *fs3.1* là QTL chính liên quan đến hình dạng trái, giải thích 60% sự biến đổi kiểu hình nằm trên nhiễm sắc thể số 3 của cây ớt (Be Chaim et al., 2001). *fs3.1*, tương tự như *fw2.1* cũng được liên kết với *Ovate*. *CaOvate* (gen *Ovate* trên ớt), gen giống *Ovate* (cà chua) có khả năng tham gia vào quá trình phát triển hình dạng quả (Tsaballa, 2011). Như vậy gen quy định hình dạng quả là *Ovate* với cà chua là *Ovate* và với ớt gọi là *CaOvate* (Ca được lấy từ chữ *Capsicum* để phân biệt với gen *Ovate* của cà chua). Bên cạnh đó Chunthawodtiporn et al. (2018) đã chỉ ra 3 gen tiêu biểu (*Big Brother*, *Ovate* and *KLUHICYP78A5*) nằm trên nhiễm sắc thể số 1, 2 và 3 có thể là yếu tố chính ảnh hưởng đến hình dạng trái trên cây ớt.

CHƯƠNG 3: PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

3.1. Phương tiện nghiên cứu

3.1.1. Địa điểm, thời gian

Thí nghiệm ghép, lai và khảo sát các thế hệ sau được tiến hành trên đất ruộng tại tỉnh Đồng Tháp. Thực hiện các thí nghiệm sinh học phân tử được thực hiện tại phòng thí nghiệm sinh học phân tử Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học, Trường Đại học Cần Thơ và Đại học Tiền Giang. Mẫu DNA được gởi giải trình tự tại Viện Nghiên cứu hệ gen – Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam.

Các thí nghiệm được thực hiện từ tháng 6/2015 đến tháng 3/2022.

3.1.2. Vật liệu nghiên cứu

Các giống ớt sử dụng được nhập từ Trung tâm Nghiên cứu và phát triển Rau Quả Châu Á (AVRDC). Danh sách các giống ớt được trình bày dưới Bảng 3.1.

Bảng 3.1: Danh sách giống và nguồn giống

STT	Tên giống	Tên tiếng Việt	Nguồn cung cấp	Loài
1	VI059363	Ớt Cà	AVRDC	*Capsicum chinenesis*
2	AVPP0520	Ớt Hiểm	AVRDC	*Capsicum fructescens*
3	AVPP0415	Ớt Sừng	AVRDC	*Capsicum annuum*

Ớt Cà VI59363 thuộc loài *Capsicum chinenesis* với 3-5 cuống hoa trên nách, cánh hoa màu vàng xanh, nhị hoa màu vàng. Dạng lá hình tam giác màu xanh. Trái hướng thẳng đứng (chỉ thiên), trái hình tròn. Màu trái chưa chín màu vàng, màu trái lúc chín đỏ. Trái rất cay, năng suất khoảng ...trái/cây.

Hình 3.1: Đặc tính hình thái giống ớt Cà (8,9,10/2019)

Ớt Hiểm AVPP0520 thuộc loài *Capsicum fructescens* có lá hình mũi mác, hơi phẳng. Trái hướng chỉ thiên, trơn, hình thon. Cánh hoa màu trắng, nhị hoa màu tím. Màu trái chưa chín xanh, màu trái lúc chín đỏ, trái cay nhiều, năng suất khoảng....trái/cây.

Hình 3.2: Đặc tính hình thái giống ớt Hiểm (8,9/2019)

Ớt Sừng AVPP0415 thuộc loài *Capsicum annuum* hoa màu trắng, nhị hoa màu xanh. Cây dạng thẳng, lá hình trái xoan, hơi phẳng. Trái hướng chỉ địa, cong, nhăn, thon dài. Màu trái chưa chín xanh, màu trái lúc chín đỏ, trái ít cay, năng suất khoảng ...trái/cây.

Hình 3.3: Đặc tính hình thái giống ớt Sừng (8,9/2019)

Bảng 3.2: Danh sách tính trạng liên kết với mồi

Tên Marker	Tính trạng liên kết
CAMS493	Hình dạng trái
CaeMS010	Đường kính trái
HpmsE045	Chiều dài trái
Hpms 1-69	Không
Hpms 1 – 172	Không

(Nguồn: Mimura *et al*., 2012)

Các cặp mồi: CAMS493, CaeMS010, HpmsE045 là những cặp mồi liên kết chặt với các gen quy định hình dạng trái, chiều dài trái và chiều rộng trái (Chamikara *et al.*, 2015) và Hpms 1-69 được dùng để kiểm tra cây lai F_1.

Bảng 3.3: Danh sách mồi SSR sử dụng trong quá trình phân tích DNA Ớt

Tên Marker	Trình tự Primer(5'-3')	Kiểu lặp	Vị trí NST	Kích thước (bp)	Nguồn
CAMS493	F: TCGATGACGAAAAAGTGTGAA R:AGGGCAAAAGACCCATTCTT	$(AG)_6$	8	225	Mimura *et al.,2012*
CaeMS010	F: ATAAATTGGTTTGGGAGACACAGC R: GTTTGCTAGTATGCTGCAACCATCG	$(AG)_3.(GCA)_6$	8	213	Mimura *et al.,2010*
HpmsE045	F: GCTTGTTCAAGGAGCATTACGACA R: TGTCCTTCCTTGCATTTGCATC	$(AAATT)_3$	2	240	Yi *et al.*, 2006
Hpms 1-172	F:GGGTTTGCATGATCTAAGCATTTT R:CGCTGGAATGCATTGTCAAAGA	$(GA)_{15}$	11	344	Mimura *et al.,2012*
Hpms 1-69	F: CGGTGGCATGTAGTTTCTGGAG R:AAGACATGAAATCCACAAGTTTTC	$(AC)_9(AT)_4$	4	217	Mimura *et al.,2012*

- Đất trồng, xơ dừa, tro trấu.

- Phân bón được áp dụng theo công thức 210N-180 P_2O_5-180 K_2O với 3 loại phân Urea (46% N), Super lân Lâm thao (18% P_2O_5), Clorua kali (60% K_2O), ngoài ra còn sử dụng thêm Calcum nitrat 10 kg, 16-16-8 50 kg (Ba, 2005).

- Thuốc trừ sâu, bệnh: sử dụng một số loại thuốc trừ sâu bệnh phổ biến hiện nay như Basudin 10H, Forsan 50EC, Match 50EC, Midan 10WP, Annongvin 50SC...

3.1.3 Thiết bị và dụng cụ

Dụng cụ:

- Ống đong 10 ml, 100 ml, 250 ml.
- Chai thủy tinh chịu nhiệt.
- Thùng trữ lạnh.
- Đầu cone.
- Tube PCR 0,2 ml, 2,2 ml.
- Dao, kéo, nhíp, lưỡi lam, băng keo non, bọc nilon, thước thẳng, thước vuông, thước cặp điện tử.
- Khai gieo hạt giống, nhãn, chậu trồng, lưới che mát.

Thiết bị:

- Máy chụp hình Sony.
- Cân phân tích: Cân phân tích Kern ABJ 220 – 4NM (Đức).
- Bộ micropipette đơn kênh 0,5 - 10µl, 2 -20µl, 20 - 200µl, 100 - 1000µl Micropipette Nexty Single Channel Pipetter, Watson – Nhật.
- Máy đo pH Adwai Instruments AD1020 – Hungary.
- Nồi hấp tiệt trùng MC – 23 ALP – Nhật Bản.
- Tủ sấy Contherm 8050 – New Zealand.
- Máy vortex ZX3 Velp – Italy.

- Máy làm đá vảy FIM – 90 Evermed – Italy.
- Máy ly tâm MIKRO 220R - Hettich – Đức.
- Máy ly tâm mini Microspin 12 – Đức.
- Máy PCR eppendorf Mastercycler nexus gradient X2 – Đức.
- PCR Bio-Rad C1000 Thermal Cycler – USA.
- Máy điện di gel Consort E3200 (bộ nguồn EV231).
- Máy chụp ảnh gel Chemidoc XRS – USA.

3.1.4 Hóa chất

- Ly trích DNA: Nitơ lỏng, dung dịch trích, Isopropanol, SDS, CTAB, chloroform, isoamyl alcohol, TE 1X, TE 0.1X, ethanol 70%, ethanol 96%.

- Điện di: Agarose, Buffer TAE, redsafe, loadingdye.

- Phản ứng PCR: Nước cất, dung dịch đệm, dNTP, mồi xuôi, mồi ngược, BSA, *Taq-polymerase*.

3.2 Phương pháp nghiên cứu

3.2.1 Khảo sát sự biến đổi di truyền bằng phương pháp ghép

3.2.1.1 Các bước thực hiện ghép

Thực hiện ghép thuận nghịch giữa 2 cặp giống ớt Hiểm và Sừng, Cà và Hiểm, như vậy có tổng cộng 4 cặp ghép gồm gốc ghép Sừng với cành ghép Hiểm, gốc ghép Hiểm với cành ghép Sừng, gốc ghép Cà với cành ghép Hiểm và gốc ghép Hiểm với cành ghép Cà.

Việc ghép được thực hiện dựa trên phương pháp "Mentor grafting" của Ohta (1991) có nghĩa là ghép khi gốc ghép ở độ tuổi lớn, khi gốc ghép gần tới giai đoạn ra hoa và cành ghép phải non hơn gốc ghép. Trong quá trình cây ghép phát triển phải thường xuyên loại bỏ lá trên cành ghép chỉ chừa lại 2-3 lá ở trên ngọn để cành ghép phụ thuộc hoàn toàn nước và chất dinh dưỡng từ gốc ghép. Đối với gốc ghép thường xuyên loại bỏ hoa trái để gốc ghép tập trung chất dinh dưỡng lên nuôi cành ghép.

Cây dùng làm gốc ghép được ghép ở 3 độ tuổi khác nhau là 50 ngày, 60 ngày và 70 ngày. Ở mỗi độ tuổi tiến hành ghép ở 2 độ dài gốc ghép khác nhau cụ thể như sau: ở gốc ghép 50 ngày tuổi tiến hành ghép ở 2 độ dài 15 cm và 20 cm, gốc ghép 60 ngày tuổi tiến hành ghép ở 2 độ dài 20 cm và 25 cm, gốc ghép 70 ngày tiến hành ghép ở 2 độ dài 25 cm và 30 cm.

Mục đích: khảo sát sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép ở những độ tuổi và độ dài gốc ghép khác nhau.

Quy ước cách gọi tên cặp ghép như sau: (gốc ghép)-(cành ghép) (tuổi gốc ghép)-(độ dài gốc ghép). Như vậy ở mỗi cặp ghép có tổng cộng các tổ hợp ghép như sau:

- Cặp ghép Sừng-Hiểm gồm: S-H 50-15, S-H 50-20, S-H 60-20, S-H 60-25, S-H 70-25 và S-H 70-30.

- Cặp ghép Hiểm-Sừng gồm: H-S 50-15, H-S 50-20, H-S 60-20, H-S 60-25, H-S 70-25 và H-S 70-30.

- Cặp ghép Cà-Hiểm gồm: C-H 50-15, C-H 50-20, C-H 60-20, C-H 60-25, C-H 70-25 và C-H 70-30.

- Cặp ghép Hiểm-Cà gồm: H-C 50-15, H-C 50-20, H-C 60-20, H-C 60-25, H-C 70-25 và H-C 70-30.

➢ Các bước ghép được thực hiện như sau (Hình 3.6):

- Bước 1: Chuẩn bị cây dùng làm gốc ghép

Cây dùng làm gốc ghép được gieo trong chậu. Mỗi loại gốc ghép gieo 15 cây, được gieo cách nhau 1 ngày để thuận tiện cho việc ghép. Mỗi cây ghi chú rõ tên giống, ngày gieo ngày ghép và độ dài gốc ghép.

- Bước 2: Chuẩn bị cây dùng làm cành ghép

Cây dùng làm cành ghép được sử dụng tại thời điểm 40 ngày tuổi, vì vậy cây dùng làm cành ghép được gieo làm nhiều đợt để phù hợp với từng đợt gốc ghép khác nhau.

- Bước 3: Thực hiện ghép theo phương pháp ghép nêm

+ Việc ghép cần thực hiện lúc trời mát từ tốt nhất là vào lúc ban đêm từ 18 giờ trở đi thì hiệu quả ghép sẽ cao hơn vì lúc đó cành ghép khi được cắt ra mặt cắt sẽ lâu bị khô và cành ghép ít bị mất nước do ban đêm sự thoát hơi nước giảm và độ ẩm môi trường cao, giúp dễ hình thành mối ghép.

+ Đầu tiên dùng lưỡi lam cắt ngang thân của cây dùng làm gốc ghép ở độ dài thích hợp, sau đó cắt chỗ vết cắt thành hình chữ V và chẻ ngay vết cắt xuống khoản 1,5-2 cm.

+ Nhanh chóng cắt ngọn cây dùng làm cành ghép có độ dài khoản 5-7 cm, dùng lưỡi lam vát nhọn chỗ vết cắt sao cho khớp với hình chữ V trên gốc ghép. Sau đó cắt bỏ hết lá chỉ chừa 1-2 lá trên ngọn, nhanh chóng đặt vào cành ghép chỗ vết hình chữ V, dùng tay cố định chặt 2 cạnh chữ V của gốc ghép vào cành ghép đảm bảo sự tiếp xúc giữa 2 mặt cắt của cành ghép với gốc ghép nhằm duy trì dòng vận chuyển từ gốc ghép lên cành ghép. Thao tác cần nhanh gọn để tránh các mặt cắt bị khô sẽ không tạo được dòng vận chuyển từ gốc ghép lên cành ghép và không hình thành được vết ghép.

+ Sau đó dùng băng keo non cố định nhanh vết ghép bằng cách quấn nhiều vòng quanh mối ghép và về 2 phía của mối ghép để đảm bảo mối ghép được cố định chắc chắn.

+ Sau khi đã cố định mối ghép nhanh chóng dùng bình phun sương phun ướt cành ghét và gốc ghép, sau đó dùng 1 bao nilon nhỏ dùng lưỡi lam cắt một vết trên đáy bao và trùm bao nilon lên cành ghép, dùng ghim bấm cố định bao nilon để không bị rơi. Sau đó tiếp tục phun sương nước cho ướt mặt ngoài của bao nilon.

- Bước 4: chăm sóc cây ghép

+ Sau khi ghép cây ghép được đặt ở nơi mát có lưới che nhiều lớp và bóng cây sẽ giúp cây cây ghép ít bị mất nước và dễ hình thành mối ghép.

+ Hàng ngày thường xuyên dùng bình phun sương tưới lên cành ghép và mặt ngoài của bao nilon để cho cành ghép không bị mất nước. Phun thường xuyên trong ngày cách nhau mỗi 1-2 giờ tùy theo điều kiện thời tiết nắng nóng hay trời mát.

+ Bên cạnh đó phun sương xung quanh khu vực để cây ghép những lúc nắng nóng nhằm tăng độ ẩm và hạ nhiệt độ khu vực xung quanh để cây ghép không bị mất nước.

+ Chậu trồng gốc ghép cần được duy trì đủ nước nhằm đảm bảo gốc ghép vận chuyển tốt nước lên cành ghép.

+ Chăm sóc đặc biệt cây ghép như trên từ 5-7 ngày nếu thấy lá cành ghép xanh tốt và ra chồi non thì mỗi buổi tối có thể mở bao nilon để cành ghép hô hấp tốt hơn. Buổi sáng lại trùm bao nilon trở lại nhằm giảm sự mất nước cho cành ghép.

+ Khi thấy cành ghép đâm chồi và phát triển lá cho thấy vết ghép đã được hình thành tốt, mỗi buổi sáng có thể mở bao nilon và di chuyển cây ghép ra chỗ có che 1 lớp lưới vài giờ để cây ghép làm quen với môi trường có nắng nhẹ, thực hiện vài ngày.

+ Sau khi cành ghép đã phát triển xanh tốt và mọc thêm chồi mới có thể đặt cây ghép ở môi trường bình thường để cây ghép phát triển. Trong suốt quá trình phát triển cần loại bỏ lá liên tục trên cành ghép chỉ chừa lại 2-3 lá trên mỗi ngọn.

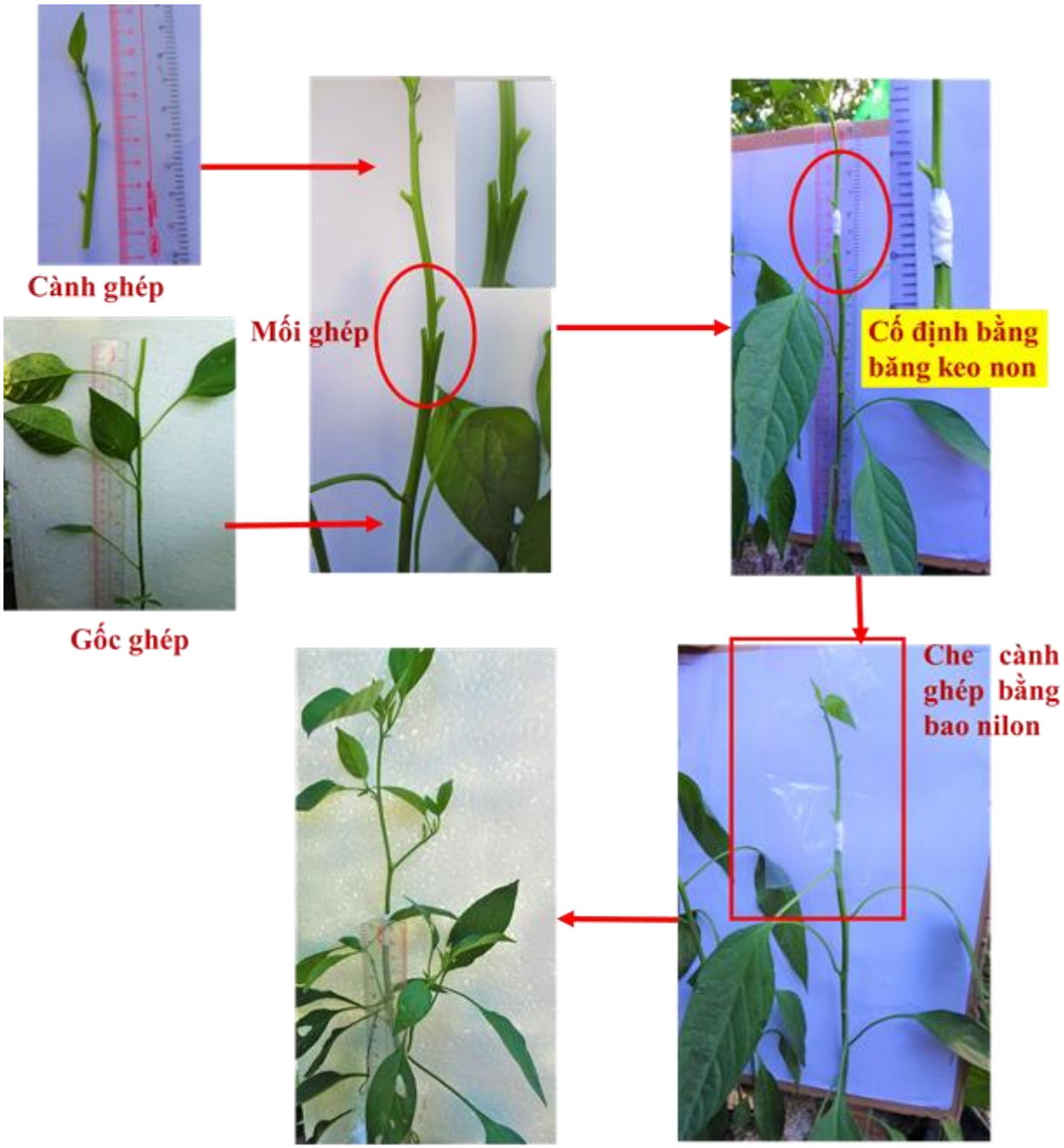
- Bước 5: thu trái tự thụ

Khi cây ghép trổ hoa dùng bao giấy không thấm nước bao các hoa để thu trái tự thụ và gieo tiếp tạo thể hệ sau. Đồng thời liên tục loại bỏ hoa và trái trên gốc ghép để dồn toàn bộ dinh dưỡng từ gốc ghép lên nuôi cành ghép.

➢ Theo dõi chỉ tiêu tỉ lệ sống sau ghép ở các mốc thời gian: 5 ngày, 10 ngày, 15 ngày và 20 ngày.

Theo dõi nhiệt độ hàng ngày giai đoạn ghép bằng nhiệt kế điện tử vào 3 thời điểm 7 giờ sáng, 12 giờ trưa và 5 giờ chiều. Tuy nhiên trong giai đoạn ghép để cây ghép hình thành mối ghép tốt và không bị mất nước phải luôn luôn điều chỉnh nhiệt độ phù hợp với cây ghép nằm trong khoản 22°C – 28°C bằng cách che mát. Nếu nhiệt độ tăng cao thì thường xuyên phun nước xung quanh khu vực đặt cây ghép để làm giảm

nhiệt độ, đồng thời phun nước lên cây ghép để tránh mất nước ngọn ghép và giữ ngọn ghép không bị héo.



Hình 3.4: Thao tác ghép (9/2019)

3.2.1.2 Bố trí thí nghiệm khảo sát sự thay đổi của cây ghép thế hệ T_1 với gốc ghép và cành ghép

❖ **Bố trí thí nghiệm**

Hạt tự thụ được thu từ cây ghép T_0 được gieo tạo thế hệ T_1. Tiến hành bố trí thí nghiệm để khảo sát sự thay đổi của cây ghép thế hệ T_1 so với cây đối chứng là gốc ghép và cành ghép. Thí nghiệm được bố trí hoàn toàn ngẫu nhiên một nhân tố với các nghiệm thức là các tổ hợp ghép ở các độ tuổi và độ dài gốc ghép khác nhau và 2 nghiệm thức đối chứng gốc ghép và cành ghép. Thí nghiệm thực hiện 10 lần lặp lại (10

cây). Đối với trái và lá tiến hành quan sát mỗi cây ngẫu nhiên 10 trái và 10 lá, như vậy tổng số trái, lá quan sát cho mỗi nghiệm thức là 100 trái, lá.

Thí nghiệm được trồng trong chậu với thành phần gồm đất thịt, xơ dừa, tro trấu với tỉ lệ 3:1:1. Các giống ớt thí nghiệm được trồng và chăm sóc theo tài liệu hướng dẫn Kỹ thuật trồng ớt (Ba , 2015).

Hình 3.5: Bố trí các nghiệm thức ghép (3/2020)

❖ **Các chỉ tiêu theo dõi**

☞ Tiêu chuẩn chất lượng trái

Theo Chi cục bảo vệ thực vật TP. Hồ Chí Minh nêu ra tiêu chuẩn chất lượng trái ớt như sau: trái non, tươi, màu vàng đến đỏ, trái còn cứng không mềm và xốp dài 3 -7 cm cho dùng tươi và trữ lạnh v.v…

Tiến hành theo dõi các tính trạng nông học theo từng giai đoạn sinh trưởng theo hướng dẫn của AVRDC (1995).

➢ Chỉ tiêu sinh trưởng

Ngày mọc mầm: tính từ khi gieo đến khi có 50% số cây có hai lá mầm xòe ra.

Ngày trổ hoa: ghi nhận và quan sát khi 50% số cây trổ hoa đầu tiên tính từ ngày gieo hạt.

Ngày thu hoạch đầu tiên: ghi nhận ngày đầu tiên thu trái trên 50% số cây.

Ngày thu hoạch sau cùng: thí nghiệm ghi nhận ngày thu hoạch sau cùng sau khi đã thu hoạch 3 đợt trái chín.

➢Chỉ tiêu hình thái

Các chỉ tiêu về tính trạng trên lá và hoa được quan sát ở giai đoạn trổ hoa.

Dạng lá: tiến hành đo khi cây dứt trổ đợt một, đo chiều dài (có cuống và không cuống) và chiều rộng trên 10 lá ngẫu nhiên trên 1 cây, mỗi nghiệm thức 10 cây (tổng 100 lá). Tính tỉ số dài/rộng của lá. Màu lá có thể màu vàng, xanh nhạt, xanh hay xanh đậm.

Màu cánh hoa phong phú gồm trắng, vàng nhạt, vàng, xanh vàng, trắng với nền tím, trắng với viền tím hay tím.

Màu bao phấn có thể vàng, xanh nhạt, xanh hay tím.

Màu chỉ nhị đa dạng như trắng, vàng, xanh, tím nhạt hay tím.

Vị trí nướm nhụy liên quan đến bao phấn vào giai đoạn trổ hoàn toàn có thể có các dạng sau: dính vào, ngang hay nhô lên.

Các tính trạng hình thái về trái được quan sát khi trái chưa chín cho đến giai đoạn chín.

Vị trí trái có thể rủ, chỉ thiên, trung gian, chỉ địa hay thẳng.

Màu trái chưa chín: xanh, vàng, cam, đỏ, tím, nâu, đen.

Màu trái lúc chín: xanh, vàng, cam, đỏ, tím,nâu ,đen.

Dạng trái: hình thon, cầu, tròn, hình nón, hình chuông, chuông (bell).

Dạng trái lúc dứt trổ: nhọn, cùn hay lõm xuống.

❖ Chỉ tiêu nông học

Chiều cao cây lúc trổ (cm): đo từ mặt đất đến đỉnh sinh trưởng của 10 cây trong giai đoạn trổ.

Chiều cao cây lúc chín (cm): đo từ mặt đất đến đỉnh sinh trưởng của 10 cây trong giai đoạn chín.

Chiều dài lá và chiều rộng lá (cm): đo lấy giá trị trung bình của 10 lá ngẫu nhiên trên 10 cây trong giai đoạn trổ.

Chiều dài trái và chiều rộng trái (cm): đo lấy giá trị trung bình của 10 trái ngẫu nhiên trên 10 cây trong giai đoạn chín.

Chiều dài cuống trái (cm): đo lấy giá trị trung bình ngẫu nhiên 10 cuống trái của 10 trái đã đo chiều dài.

Trọng lượng trái (g): trọng lượng trung bình của 10 trái ngẫu nhiên trên 10 cây.

Số hạt trên trái: đếm số hạt có trên 10 trái ngẫu nhiên thu trên 10 cây mẫu.

Khối lượng hạt trên trái: cân số hạt trên 10 trái ngẫu nhiên đã đếm hạt.

Dày vách trái: dùng thước kẹp điện tử đo độ dày vách trái trên 10 trái mẫu đã cân trọng lượng.

Số trái trên cây là tổng số trái của 10 cây mẫu trong 3 lần thu đầu tiên, mỗi lần cách nhau 10 ngày.

Năng suất trái (g) là tổng trọng lượng trái của 10 cây mẫu trong 3 lần thu đầu tiên đã đếm số trái.

3.2.3 Khảo sát sự biến đổi di truyền của cây lai từ các tổ hợp lai

3.2.3.1 Các bước thực hiện lai

Tiến hành lai thuận nghịch giữa 2 cặp giống Hiểm với Sừng và Sừng với Cà thu được trái lai F_0. Tiến hành thu hạt trái lai F_0 gieo thành cây thế hệ F_1. Tổ hợp lai thu được thế hệ F_1 được ký hiệu là F_1. Cây F_1 tiến hành bao hoa để thu trái tự thụ, thu hạt F_1 đem gieo tạo thành cây F_2 ký hiệu là F_2.

Các bước tiến hành lai

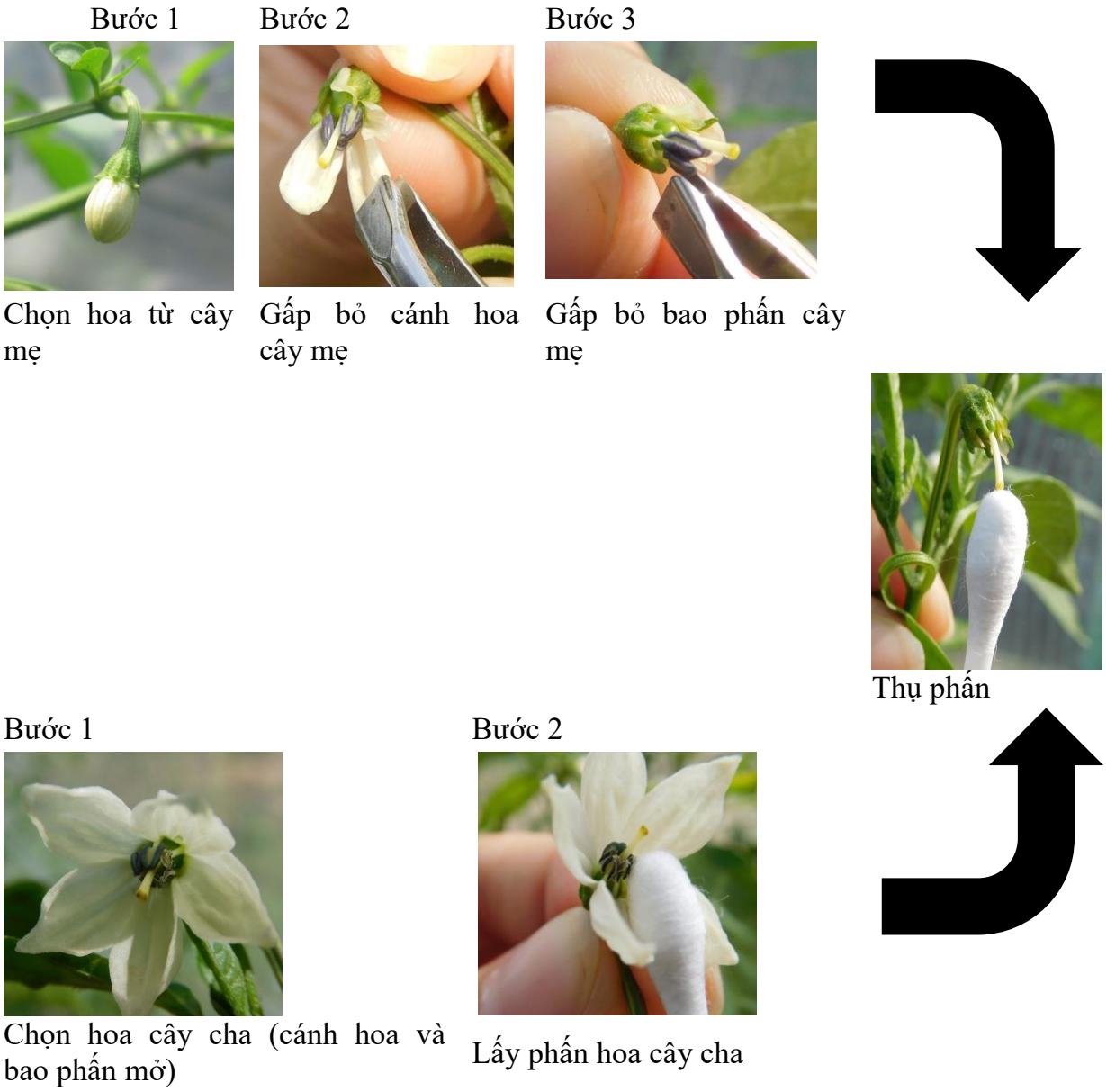
Các bước tiến hành lai tạo được trình bày ở Hình 3.8. Trước tiên, tiến hành khử đực hoa cây mẹ bằng cách loại bỏ hết những túi phấn khi còn chưa phát triển hoàn chỉnh trước khi túi phấn chín, hoa chưa nở. Lúc này các túi phấn chưa chín còn có màu xanh nhạt hoặc trắng ngà. Sau khi khử đực cần cách li bằng bao giấy các hoa cái đã khử đực xong để tránh hiện tượng thụ phấn ngẫu nhiên. Khi khử đực cần chọn các hoa phát triển tốt, nằm ở những vị trí dễ đậu trái nhất trên cây.

Để tạo điều kiện cho hạt lai phát triển tốt, cần loại bỏ bớt các hoa không cần thiết ở những vị trí lân cận, hoặc đôi khi trên cả cây, nhằm tập trung chất dinh dưỡng của cây để nuôi các hạt lai, giúp dễ dàng thực hiện các thao tác tỉ mỉ trong quá trình lai, giảm khả năng tự thụ phấn ngẫu nhiên và giảm sự nhầm lẫn khi thu hạt lai. Dùng kẹp gắp bỏ hết tất cả các túi phấn, lưu ý tránh làm vỡ bao phấn gây hiện tượng tự phối.

Thu thập phấn cây cha bằng cách chọn những cây khỏe mạnh, có nhiều phấn tốt và có đầy đủ đặc điểm tiêu biểu của giống, tốt nhất là sử dụng phấn của các bao phấn vừa chín để thụ phấn. Để tránh hiện tượng lẫn phấn lạ do gió và côn trùng các hoa dự tính lấy phấn cần được cách li một thời gian trước khi thu thập phấn. Thời gian cách li này phải dài hơn tuổi thọ của hạt phấn trong điều kiện tự nhiên khi đã rời khỏi túi phấn. Tuổi thọ của hạt phấn nhiều loại cây trồng thường không vượt quá 10 giờ trong điều kiện tự nhiên, vì vậy thời gian cách li 16-24 giờ đủ đảm bảo các hạt phấn lạ rơi lên hoa trước đã mất sức sống. Phấn được thu thập trong các bao cách li để sử dụng vào ngày hôm sau. Trước khi tháo bao cần giũ bao ở thế nằm ngang và run cho phấn rơi vào bao.

Thụ phấn cho hoa lấy hạt phấn từ cây cha rắc lên đầu nhuỵ hoa của cây mẹ. Khi lai cần chú ý đến thời gian sống và sức sống của hạt phấn và noãn. Thời gian sống của noãn thay đổi khoảng từ 3 đến 10 ngày. Tiến hành khử đực hôm trước thụ phấn hôm

sau. Thụ phấn đạt kết quả tốt nhất vào buổi sáng lúc hoa nở rộ với nhụy cái đã chín và phấn hoa vừa nở Trong quá trình lai, để tránh việc lẫn phấn ngẫu nhiên mỗi lần chuyển từ giống này sang giống khác cần nhúng dụng cụ dùng để lai vào cồn, sau khi lai xong thường cần phải bao cách li trong những ngày đầu và treo biển ghi rõ tổ hợp lai, ngày lai và tên người lai (Tuấn, 1992).



Hình 3.6: Các bước lai tạo trên 2 giống ớt (11/2019)

3.2.3.2 Khảo sát sự thay đổi một số tính trạng nông học ở cây lai F_1 so với cây cha mẹ ban đầu

Tiến hành lai thuận nghịch giữa các giống gồm các cặp lai sau mẹ Hiểm (hoa Hiểm được khử đực) và cha Sừng (lấy phấn) (ký hiệu là H – S), mẹ Sừng và cha Hiểm (ký hiệu S – H), mẹ Cà và cha Sừng (ký hiệu C – S) và mẹ Sừng và cha Cà (ký hiệu S – C). Các trái lai được thu hạt và gieo lại tạo ra thế hệ F_1. Để tiến hành khảo sát sự thay đổi của cây lai F_1 so với cây thế hệ cha mẹ, các cây lai và cây cha mẹ được bố trí thí nghiệm như sau: Bố trí theo thể thức hoàn toàn ngẫu nhiên một nhân tố với các

nghiệm thức gồm cha, mẹ, con lai F_1 với 10 lần lặp lại (10 cây, chỉ tiêu trái và lá quan sát 10 trái, lá ngẫu nhiên trên mỗi cây, tổng số 100 trái, lá) để khảo sát sự thay đổi của cây F_1 so với cha, mẹ nhằm khảo sát sự thay đổi của con lai so với cha mẹ ban đầu.

Các chỉ tiêu theo dõi

Theo dõi các chỉ tiêu nông học trên 3 giống ớt cha mẹ, các thế hệ F_1.

Theo dõi các chỉ tiêu nông học trên 3 giống ớt cha mẹ, các thế hệ F_1.

- Tỉ lệ đậu trái sau lai (%).

- Các chỉ tiêu sinh trưởng và nông học tương tự như của thí nghiệm ghép.

- Phân tích phương sai ANOVA và kiểm định LSD để khảo sát sự khác biệt giữa cha, mẹ và thế hệ F_1.

3.2.4 Khảo sát sự biến đổi di truyền của cây cây ghép và con lai dựa trên dấu phân tử DNA

3.2.4.1 Ly trích DNA

Ly trích và phân tích DNA được tiến hành đối với các giống thuần chủng, T_1 của tổ hợp ghép, F_1 của các tổ hợp lai để đánh giá sự biến đổi về mặt di truyền.

Ly trích DNA bằng phương pháp CTAB có cải tiến (Doyle & Doyle, 1990).

Quá trình thực hiện ly trích DNA gồm các bước cụ thể như sau:

a) Chuẩn bị mẫu

Mẫu dùng để ly trích là các chồi non của ớt. Thời gian thu ở giai đoạn cây ớt 2 tháng tuổi.

Trước khi thu chuẩn bị sẵn giấy bạc để gói mẫu và thùng đá mang theo ra vườn ớt, kéo cắt được khử trùng trước khi cắt. Các mẫu sau khi thu được bảo quản trong giấy bạc và để ngay vào thùng đá.

Sau đó mang vào phòng thí nghiệm và dùng bông thấm cồn 70% lau sạch các dụng mẫu lá (mặt trên và mặt dưới lá) và các dụng cụ thí nghiệm như chày, cối sứ.

Gói lá đã lau sạch trong giấy bạc và ghi tên giống.

b) Qui trình ly trích DNA

Cho một lượng nitơ lỏng vào thùng xốp sau đó cho các mẫu lá đã lau vào ngâm khoảng 10 phút. Ngâm cả các dụng cụ như muỗng, chày, cố sứ.

Sau đó nghiền mẫu nào thì dùng cây gắp mẫu đó ra cho vào cối đã ngâm đồng thời cho một lượng nitơ vào cối và dùng chày nghiền miết mẫu đến khi thành bột mịn.

Dùng muỗng chuyển phần bột vào tuýp 2,2 ml đáy tròn sao cho lượng bột nằm vừa đủ phần đáy tròn của tuýp. Thêm 1 ml dung dịch trích + 50µl SDS 10%.

Sau đó ủ các tuýp ở 65°C trong 30 phút, khoảng 5 phút đảo nhẹ tuýp để trộn mẫu.

Mẫu sau khi ủ đem đi ly tâm 13.000 vòng/phút trong 10 phút.

Mẫu sau khi được ly tâm sẽ phân thành 2 phần phần nước trong ở trên và phần đục ở dưới. Nhẹ nhàng chuyển phần trong vào tuýp mới 800 µl dịch trong và thêm một lượng tương đương 800 µl isopropanol, ủ 10 - 30 phút trên khay nước đá (hoặc ủ ở -20°C).

Sau khi ủ xong ly tâm mẫu 13.000 vòng/phút trong 10 phút.

Sau khi ủ xong đổ bỏ phần trong giữ phần kết tủa dưới đáy và hòa tan kết tủa này trong 400 µl T.E.

Thêm 1 µl ARNse (10mg/ml), ủ ở 37°C trong 10 phút.

Sau đó thêm 400 µl CTAB buffer và ủ ở 65°C trong 15 phút, thỉnh thoảng đảo ngược ống tuýp để trộn đều.

Thêm 800 µl Chloroform/isoamylancohol và trộn đều. Ly tâm 13000 vòng/phút trong 5 phút.

Chuyển phần dung dịch trong qua tuýp 2,2 ml mới, thêm 1,4 ml ethanol 96% và ủ ở nhiệt độ phòng trong 15 phút.

Ly tâm 13000 vòng/phút trong 10 phút, đổ bỏ phần trong và rửa phần cặn với 400µl Ethanol 70% (rửa 2 lần).

Ly tâm lần nữa để loại bỏ ethanol.

Sấy khô tủa bằng máy ly tâm chân không.

Bảo quản DNA bằng cách hòa tan tủa trong 100 µl T.E 0,1 X và giữ ở 4 ^{o}C.

Các mẫu DNA được kiểm tra bằng gel agarose 1% trước khi thực hiện phản ứng PCR.

3.2.4.2. Thực hiện phản ứng PCR

Các mẫu DNA sẽ được dùng để thực hiện tiếp phản ứng PCR với các cặp mồi SSR. Công việc đầu tiên là chuẩn bị đủ các thành phần cho phản ứng PCR. Thành phần và nồng độ cho một phản ứng PCR được trình bày ở Bảng 3.4.

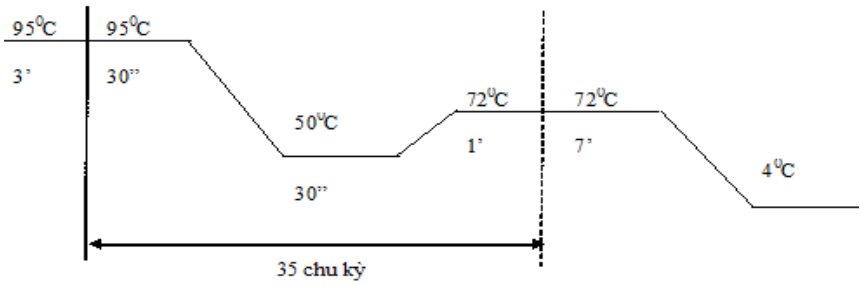
Chu kỳ gia nhiệt của một phản ứng PCR được thể hiện ở Hình 3.9, tuy nhiên nhiệt độ và số chu kỳ khác nhau ở từng cặp mồi cụ thể như sau: CAMS493, CaeMS010, Hpms 1-69 là 59°C, cặp mồi HpmsE045 là 57°C với chu kỳ như sau: 35 chu kỳ gia nhiệt, giai đoạn biến tính với 5 phút ở 95°C, 60 giây ở 95°C, thời gian bắt cặp là 50 giây ở nhiệt độ bắt cặp của từng cặp mồi, thời gian kéo dài là 90 giây ở 72°C, kéo dài chuỗi trong 5 phút ở 72°C

Sau khi thực hiện phản ứng PCR tiến hành kiểm tra sản phẩm với gel agarose 2%. Các bước gồm chuẩn bị gel agarose 2% với thuốc nhuộm redsafe sau đó load mẫu

với thang chuẩn 100bp, tiếp theo chạy điện di ở hiệu điện thế 70 Volt trong 100 phút sau cùng chụp hình gel và phân tích kết quả.

Bảng 3.4: Thành phần phản ứng PCR (Dũng, 2011)

Thành phần	Nồng độ đầu	Nồng độ sau cùng	Thể tích (µl)
1. Nước cất 2 lần			17,5
2. Dream Taq Buffer	20mM	2mM	2,5
3. dNTPs	0,2mM	0,004mM	0,5
4. Mồi xuôi	1µM	0,04µM	1
5. Mồi ngược	1µM	0,04µM	1
6. BSA	20mg/µl	0,2mg/µl	0,25
7. Taq DNA polymerase	5U/µl	0,05U/µl	0,25
8. DNA	50-100ng/ µl	4-8ng/ µl	2
Tổng			25



Hình 3.7: Chu kỳ gia nhiệt của phản ứng PCR

3.2.4.3. Giải trình tự đoạn gene *CaOvate* quy định hình dạng trái ớt

Gen *CaOvate* trên cây ớt có mã số GenBank: JF427571.1 trên ngân hàng gen NCBI. Trên ngân hàng gen NCBI là chuỗi trình tự nucleotide mRNA để tổng hợp chuỗi protein hoàn chỉnh từ gen này và có kích thước khoảng 1032 bp. Vì đây là trình tự mRNA của gen *Ovate* trên cây ớt (hay *CaOvate*) nên đây cũng chính là trình tự của mạch mang mã trên gen *CaOvate* (trên phân tử DNA) quy trình trình tự chuỗi acid amin tổng hợp nên protein. Vì vậy có thể sử dụng trình tự này để thiết kế mồi thực hiện phản ứng PCR để giải trình tự vùng gen *CaOvate* trên cây ớt.

Sau khi tham khảo trình tự gene *CaOvate* tiến hành thiết kế cặp mồi phát hiện dựa vào phần mềm Primer 3, sau đó tiến hành phản ứng PCR để khuếch đại đoạn gene mục tiêu. Trình tự mồi thiết kế với các thông số như sau:

	Strart	len	tm	gc%	trình tự mồi
LEFT PRIMER:	202	20	59.96	55.00	TCCAGCTCCTTCGTCTCTGA
RIGHT PRIMER:	978	21	59.22	47.62	TGGGTGGGAATGACTTGACTT

atgggaaaaa gtttgaaact tcgtttctcc aaagttattg cttccttcaa ttcttgccgt
tccaaagagc cttcttctct tccccaaaat cctaatttct acccatcaca tactactaat
aatagtaagc tcagtacaaa tccaaatact ccttacgagc cggaattcaa gtggcagaaa
gaagagaagt ttcacgtgat ttccagctcc ttcgtctctg aagaagaaga agaagaagaa
caatgtgaag aggaggagat acatttggcc ataaagccgc caactactcc tccgcgattc
agtactcatc atgttgagaa gacggagaag aagaaacgga gagttaaaaa gacgaaaacg
aggagtagag cgattagaat gagcacgtct tcagctgagg agtactgcag aactgaaact
gaagaggaaa ctgaaacttt ggtttcatct tccagaagct tcgatttctc gagtgatgat
gattcgtcta ctgattttaa tcctcagttg gaaactatat gtgagactgc tacaattagg
cgtcggtaca agagaaacgg caacaccaag aggagagtga agcattctag accaagtttc
tcctcttcaa aaggtagaag atcgtcggtt tctacatcat cagacagcga gttaccagct
aggttatcag tgttcaagaa gctaatacca tgtagtgtag atgggaaagt gaaggagagc
ttcgcgatcg tgaagaaatc gcaggatcct tatgaagatt tcaagagatc aatgatggaa
atgatattgg agaaggaaat gtttgagaag aatgagcttg aacagctttt acaatgtttt
ctgtcgttga acggaaaaca ttatcatggg gtgattgttg acgctttttc tgagatttgg
gggactttat ttttaggtaa cagtaataat aatgatggta atgatagagg taggaggaag
tcaagtcatt cccacccacc tgctgctgta tgcagaatgt ccctttgatt aatccagcat
ctatgttagg tc

Chu kỳ gia nhiệt như sau: phản ứng PCR bao gồm 35 chu kỳ gia nhiệt, giai đoạn biến tính với 5 phút ở 95°C, 60 giây ở 95°C, thời gian bắt cặp là 50 giây ở 60°C, thời gian kéo dài là 90 giây ở 72°C, kéo dài chuỗi trong 5 phút ở 72°C

3.5 Phân tích số liệu

Các số liệu nông học được phân tích thống kê phương sai ANOVA bằng phần mềm SPSS 16.0.

Cặp mồi dùng giải trình tự vùng gen *CaOvate* được thiết kế bằng phần mềm Primer 3. Các kết quả giải trình tự được so sánh sự khác nhau bằng phần mềm Bioedit và phân tích mối quan hệ di truyền dựa trên phần mềm Mega 7.0.

CHƯƠNG 4: KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

4.1 Kết quả thí nghiệm ghép

4.1.1 Tỷ lệ sống sau ghép

Kết quả khảo sát tỷ lệ thành công sau ghép ở các thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép được thể hiện ở Bảng 4.1. Trong 3 độ tuổi ghép ở thời điểm 20 ngày sau khi ghép, gốc ghép có độ tuổi 50 ngày có tỷ lệ sống cao nhất trung bình khoảng 83%, ở độ tuổi 70 ngày có tỷ lệ sống thấp nhất khoảng 59%. Điều này cho thấy rằng gốc ghép ở độ tuổi 50 ngày cao hơn gốc ghép ở độ tuổi 70 ngày, cây ghép càng già thì thân sẽ càng hoá gỗ nhiều và cứng hơn so với cây còn non, vì vậy khi ghép thì vết ghép khó được hình thành do bề mặt vết ghép có ít nhựa cây và mau khô hơn nên khó tạo thành mạch liên tục dẫn nước và chất dinh dưỡng từ gốc ghép lên cành ghép nên không hình thành được vết ghép, dẫn đến ngọn ghép bị mất nước và héo. Tỉ lệ ghép sống nhiều nhất đạt được khi nhiệt độ 22-28^{0}C, nhất là khi trời có mưa giúp ngọn ghép duy trì độ ẩm. Tuy nhiên, khi mưa nhiều ẩm độ cao sẽ xuất hiện nấm ở đoạn ghép, làm ngọn ghép bị rụng đi. Các yếu tố như khí hậu khi ghép, thời điểm ghép và thao tác ghép ảnh hưởng rất đến tỉ lệ sống của cây ghép. Nếu nhiệt độ quá cao cây bị héo và chết, còn nếu ẩm độ quá cao cây dễ phát sinh bệnh, rụng lá và chết. Nhiệt độ và độ ẩm trong thời điểm cây ghép phát triển khảo sát được trung bình nằm ở khoảng 28-29^{0}C 85-89% lúc 8 giờ sáng, từ 30-33^{0}C 75-79% lúc 11 giờ trưa và 29-30^{0}C 79-80% lúc 17 giờ chiều. Nhiệt độ và độ ẩm trong ngày có thể thay đổi do thời điểm ghép là vào mùa mưa, nên nếu ngày có mưa thì nhiệt độ sẽ thấp hơn và độ ẩm sẽ cao hơn.

Bảng 4.1: Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Sừng – Hiểm ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép

Nghiệm thức	5 ngày	10 ngày	15 ngày	20 ngày
S–H 50-15	100	93	86	80
S–H 50-20	100	100	93	86
S–H 60-20	93	86	80	73
S–H 60-25	93	93	80	80
S–H 70-25	80	80	60	53
S–H 70-30	86	80	73	66

Đối với cặp ghép Hiểm-Sừng khi dùng Hiểm làm gốc ghép và Sừng làm cành ghép cũng cho thấy tỉ lệ ghép thành công khá cao (Bảng 4.2). Giữa 2 giống Hiểm và Sừng có sự tương đồng khá cao về kích thước thân cây nên việc ghép cũng khá thuận lợi thể hiện ở tỉ ghép thành công ở mức cao. Tuy nhiên cũng giống như cặp ghép Sừng-Hiểm các độ tuổi cho tỉ ghép thành công cao phần lớn là 50 ngày và 60 ngày tuổi, trong khi đó ghép độ tuổi 70 ngày cho tỉ lệ thành công thấp hơn. Cụ thể ở 50 ngày tuổi cho tỉ lệ thành công trung bình ở mức 83% và 60 ngày tuổi cho tỉ lệ thành công trung bình 80%. Ở hai độ tuổi này nhận thấy ghép ở độ dài gốc ghép 20 cm cho thấy

thuận lợi trong việc hình thành vết ghép hơn ở các độ dài còn lại. Khi ghép ở độ tuổi gốc ghép nhỏ và độ dài gốc ghép cao nghĩa là khi cây ghép còn non, thân chưa hóa gỗ mạnh và ở độ dài gốc ghép cao đồng nghĩa với vị trí mối ghép càng gần với ngọn hơn, đó là vị trí còn non chưa hóa gỗ mạnh như các vị trí gần gốc. Khi cắt cây gốc ghép tại vị trí càng gần ngọn thì ngay vết ghép càng có nhiều nước và vết cắt lâu khô hơn, khi áp cành ghép vào giúp duy trì được dòng vận chuyển nước được liên tục từ gốc ghép lên cành ghép, làm cho cành ghép không bị mất nước dẫn đến tỉ lệ thành công cao hơn. Ngược lại ở độ tuổi 70 ngày cho tỉ lệ thành công ở 20 ngày sau ghép thấp hơn 2 độ tuổi còn lại với trung bình khoảng 56,5%, điều này cho thấy khi gốc ghép ở độ tuổi càng cao thì cây càng bị hóa gỗ làm cho khả năng hình thành vết ghép thấp hơn. Bên cạnh đó ở độ tuổi 70 ngày cũng nhận thấy khi ghép ở độ dài gốc ghép cao 30 cm cho tỉ lệ thành công cao hơn 25 cm, điều này cũng cho thấy vết ghép càng gần với ngọn thì thân cây tại vị trí đó càng non chứa nhiều nước và dễ hình thành mạch liên tục với cành ghép hơn là ghép ở vị trí càng xa ngọn tức độ dài gốc ghép thấp hơn (25 cm cho thành công 53% thấp hơn 30 cm cho tỉ lệ thành công 60%).

Bảng 4.2: Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Hiểm – Sừng ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép

Nghiệm thức	5 ngày	10 ngày	15 ngày	20 ngày
H-S 50-15	93	86	86	80
H-S 50-20	100	93	93	86
H-S 60-20	100	86	86	80
H-S 60-25	93	93	80	80
H-S 70-25	80	80	60	53
H-S 70-30	80	80	73	60

Tỷ lệ sống của cặp ghép Cà-Hiểm thể hiện ở Bảng 4.3, ở cặp ghép này khi dùng Cà làm gốc và Hiểm làm cành ghép có đặc điểm thân không tương đương nhau. Cây ớt Cà có đặc điểm thân to và mọng nước hơn cây hớt Hiểm, khi cắt ngang thân nước chảy ra từ vị trí vết cắt của ớt Cà nhiều hơn và duy trì lâu hơn (lâu khô bề mặt cắt). Vì vậy ở cặp ghép này nhận thấy tỷ lệ thành công khá cao, ở thời điểm 20 ngày sau ghép ở độ tuổi 50 ngày trung bình 83% và 60 ngày trung bình 80%. Có sự khác nhau về tỷ lệ thành công ở 2 độ tuổi này là do thân cây Cà to hơn kích thước bình thường của Hiểm và thân to nhanh dẫn đến có sự không tương thích về kích thước của gốc ghép với cành ghép hơn là ở cặp ghép Hiểm và Sừng. Ở độ tuổi 70 ngày tỷ lệ thành công trung bình ở mức 60% cao hơn cặp ghép Sừng-Hiểm, điều này do thân cây Cà mọng nước nhiều hơn nên bề mặt cắt được duy trì lượng nước tạo dòng vận chuyển liên tục lên cành ghép vì vậy giúp mối ghép hình thành được dễ dàng hơn.

Bảng 4.3: Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Cà – Hiểm ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép

Nghiệm thức	5 ngày	10 ngày	15 ngày	20 ngày
C-H 50-15	100	93	86	86
C-H 50-20	100	93	93	80
C-H 60-20	100	100	80	80
C-H 60-25	93	93	86	80
C-H 70-25	86	80	66	60
C-H 70-30	80	73	73	60

Hình 4.1: Một số hình ảnh cây ghép và cây ghép mang trái (11,12,1/2019)

Ở cặp ghép Hiểm-Cà tỷ lệ sống được thể hiện ở Bảng 4.4, đối với cặp ghép này có tỷ lệ sống ở thời điểm 20 ngày nhìn chung thấp hơn so với các cặp ghép khác. Tương tự khi ghép ở độ tuổi gốc ghép càng nhỏ sẽ cho kết quả ghép thành công cao hơn so với độ tuổi gốc ghép càng lớn.

Bảng 4.4: Tỷ lệ sống (%) của cây ghép Hiểm - Cà ở các nghiệm thức tại thời điểm 5, 10, 15, 20 ngày sau ghép

Nghiệm thức	5 ngày	10 ngày	15 ngày	20 ngày
H-C 50-15	86	86	86	80
H-C 50-20	93	93	93	80
H-C 60-20	86	86	86	66
H-C 60-25	86	80	80	73
H-C 70-25	80	80	66	60
H-C 70-30	73	73	73	53

Như vậy khi ghép các giống ớt ở độ tuổi lớn từ 50 ngày đến 70 ngày tuổi cho tỷ lệ thành công cũng khác cao trên 50%. Qua kết quả thí nghiệm nhận thấy độ tuổi cây ghép càng lớn tỷ lệ thành công càng thấp do cây đã dần hóa gỗ làm cho mối ghép khó được hình thành.

4.1.2 Khảo sát sự thay đổi di truyền của các tổ hợp ghép so với đối chứng dựa trên đặc tính nông học

4.1.2.1 Các đặc tính sinh trưởng

a) Ngày mọc mầm

Kết quả khảo sát ngày mọc mầm của các nghiệm thức và giống đối chứng dao động từ 7 đến 10 ngày. Thời gian mọc mầm của tổ hợp ghép Sừng-Hiểm là 7 ngày. Ở tổ hợp ghép Hiểm-Sừng, nghiệm thức H-S 60-20 có thời gian mọc mầm là 8 ngày, các nghiệm thức còn lại là 9 ngày. Đối với tổ hợp ghép Cà-Hiểm, thời gian mọc mầm là 10 ngày, tổ hợp ghép Hiêm-Cà có thời gian mọc mầm lâu hơn là 13 ngày.

Ngày mọc mầm được tính từ lúc gieo đến khi có 50% cây xòe 2 lá đơn đầu tiên. Một giống ớt tốt đồng nghĩa với hạt giống của giống đó nảy mầm tốt. Thời gian nảy mầm là thời kì quan trọng đối với ớt vì nó quyết định thời gian sinh trưởng, phát triển về sau của cây cũng như có ý nghĩa về số lượng cây trên đồng ruộng dẫn đến ảnh hưởng đến năng suất quần thể, giống nảy mầm sớm là giống sớm mọc thành cây từ đó hạn chế những điều kiện bất lợi ảnh hưởng đến hạt giống như sâu bọ, kiến ăn hạt giống và tránh được các điều kiện bất lợi của môi trường như mưa, nắng. Cây sớm nhô khỏi mặt đất đồng nghĩa với việc lá xuất hiện sớm dẫn đến sớm tạo ra lượng chất hữu cơ nuôi cây góp phần thúc đẩy cây sinh trưởng sớm hơn và giống cho thu hoạch nhanh hơn những giống mọc mầm trễ.

b) Ngày trổ hoa, thu trái

Ngày trổ hoa là đặc tính di truyền của giống, tuy nhiên nó cũng chịu ảnh hưởng bởi điều kiện môi trường như quang kỳ, chế độ nước, nhiệt độ, ẩm độ và dinh dưỡng. Thời kỳ từ khi cây mọc mầm đến ra hoa đầu tiên gọi là thời kỳ sinh trưởng sinh dưỡng. Sau khi cây ra hoa thì chuyển sang thời kỳ sinh trưởng sinh dục. Tuy nhiên

trong lúc cây ra hoa hình thành quả cây vẫn còn sinh trưởng mạnh, đâm chồi và đẻ nhánh. Các giống có thời gian cây con đến trổ ngắn cũng đồng nghĩa với việc thu hoạch trái sớm vì vậy rút ngắn được thời gian trồng đến thu hoạch, tuy nhiên do thời gian sinh trưởng sinh dưỡng ngắn nên kích thước cũng như số nhánh chưa cao, chỉ thu hoạch được sớm nhưng thời gian đầu năng suất chưa cao mà phải đợi cây tiếp tục phát triển số chồi và nhánh lúc đó mới thu lại năng suất cao.

Khoảng thời gian từ khi cây trổ đến khi có trái chín là thời kỳ quan trọng bởi vì nó quyết định số trái được tạo thành hay không, thời kỳ này cần cung cấp đủ nước và chất dinh dưỡng mặt khác cần điều kiện khô ráo để tăng khả năng đậu trái. Vì vậy trong trồng trọt cần lựa chọn thời điểm để tránh mưa ngay lúc hoa đang nở để tăng sự tạo trái.

Cây cho thu hoạch sớm phù hợp với nhu cầu của người nông dân, sớm thu lại lợi nhuận, hạn chế ảnh hưởng xấu của điều kiện bất lợi của môi trường.

Ngày thu hoạch sau cùng được tính là ngày thu hoạch đợt 3 của mỗi giống. Thời gian thu hoạch sớm sẽ phù hợp với việc canh tác theo 4 vụ ở Việt Nam .

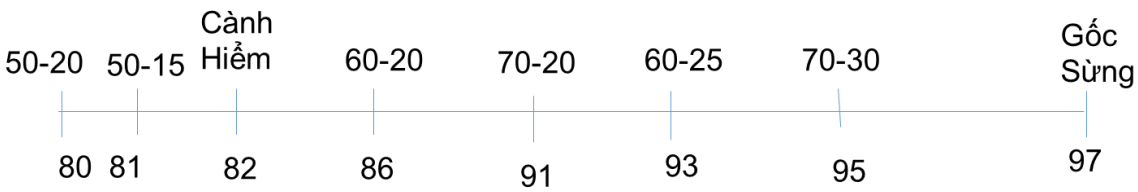
Mỗi giống khác nhau sẽ có ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên cũng như thu trái cuối cùng khác nhau..

❖ Cặp ghép Sừng-Hiểm

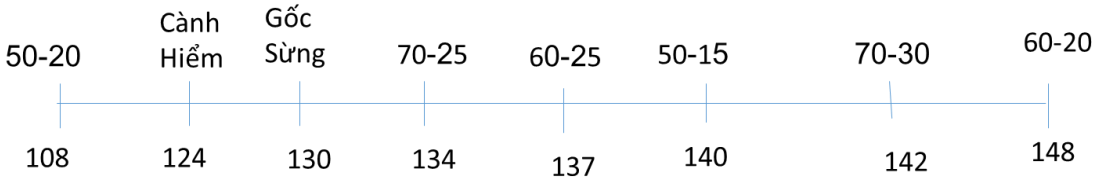
Kết quả khảo sát của ngày trổ hoa, ngày thu trái của tổ hợp ghép Sừng-Hiểm được thể hiện ở Bảng 4.5. Thời gian trổ hoa sớm nhất là cặp ghép S-H 50-20, 80 ngày ngắn hơn thời gian trổ hoa của cành Hiểm. Thời gian trổ hoa trễ nhất là 95 ngày với giống S – H 70-30 và S – H 60-25. Thời gian trổ hoa của các nghiệm thức ghép thiên về giống với cành ghép Hiểm.

Bảng 4.5: Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Sừng-Hiểm

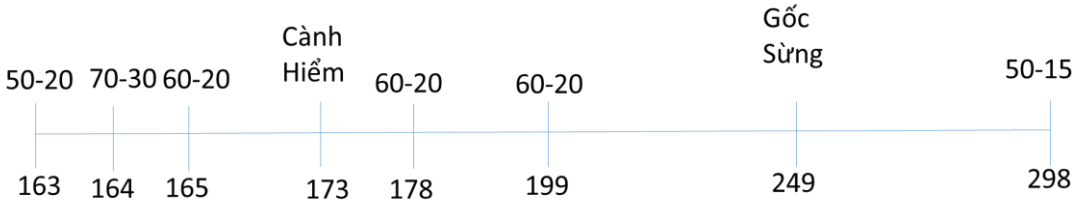
Nghiệm thức	Ngày trổ hoa (ngày)	Ngày thu trái đầu tiên thu trái (ngày)	Ngày thu trái cuối cùng (ngày)
Sừng	97	130	249
Hiểm	82	124	173
S–H 50-15	81	140	298
S–H 50 -20	80	108	163
S–H 60-20	86	148	178
S–H 60-25	93	137	165
S–H 70-25	91	134	199
S–H 70-30	95	142	164



S – H 50-20 cho trái chín đầu tiên sớm hơn các nghiệm thức còn lại là 108 ngày và sớm hơn so với giống đối chứng Hiểm là 124 ngày.



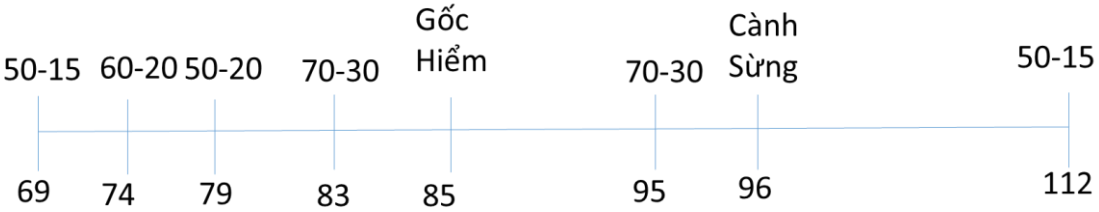
Thời gian cho trái ngắn nhất 163 ngày là các giống S – H 50-20, S – H 60-25, S – H 70-30 ngắn hơn so với giống đối chứng Hiểm. S – H 50 15 thời gian cho trái dài nhất 298 ngày, cao hơn so với 2 giống đối chứng Hiểm thuần chủng (173 ngày) và Sừng thuần chủng (249 ngày), thời gian cho trái dài hơn so với ngọn ghép Hiểm thuần chủng có thể là do có sự ảnh hưởng từ gốc ghép ớt Sừng lên ngọn ghép thông qua quá trình ghép và di truyền cho thế hệ sau.



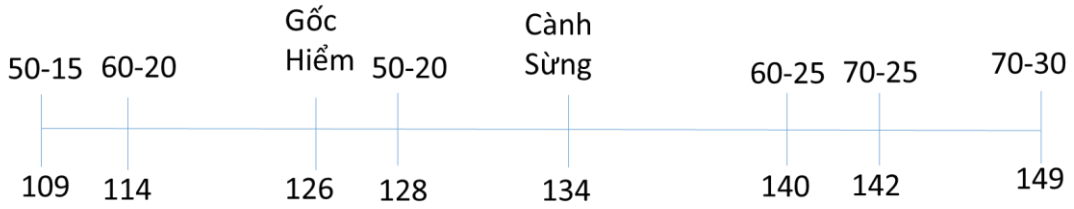
❖ **Cặp ghép Hiểm-Sừng**

Thời gian trổ hoa dao động từ 69 – 112 ngày. H – S 50 15 có thời gian trổ sớm nhất và sớm hơn so với giống thuần chủng 13 ngày (Bảng 4.6).

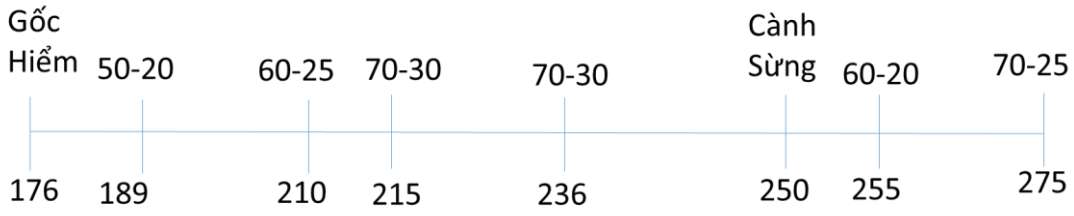
nhất là 112 ngày với giống H – S 70 25.



Do trổ hoa sớm nên H – S 50 15 cho trái chín đầu tiên sớm nhất so với các giống còn lại và giống đối chứng.



. H – S 70 25 thời gian cho trái dài nhất 275 ngày. Thời gian cho trái ngắn nhất 189 ngày là giống H – S 50 20. Thời gian cho trái của giống H – S có thể chịu sự ảnh hưởng của Hiểm thuần chủng trong quá trình ghép nên ngắn hơn so với giống Sừng thuần chủng.



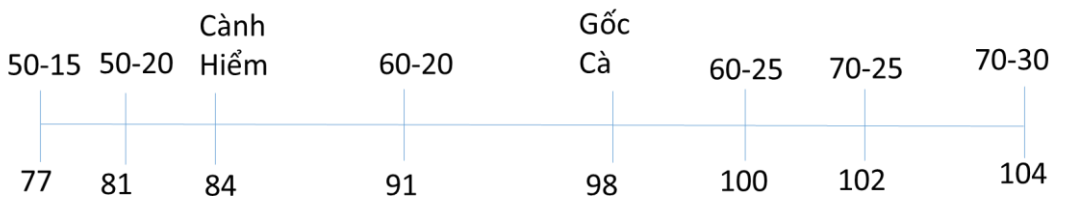
Bảng 4.6: Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Hiểm-Sừng

Nghiệm thức	Ngày trổ hoa (ngày)	Ngày thu trái đầu tiên thu trái (ngày)	Ngày thu trái cuối cùng (ngày)
Hiểm	85	126	176
Sừng	96	134	250
H–S 50-15	69	109	236
H–S 50 -20	79	128	189
H–S 60-20	74	114	255
H–S 60-25	95	140	210
H–S 70-25	112	142	275
H–S 70-30	83	149	215

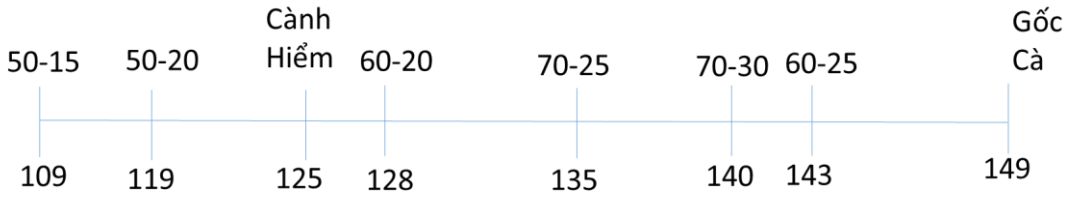
Thời gian trổ hoa trễ

❖ **Cặp ghép Cà-Hiểm**

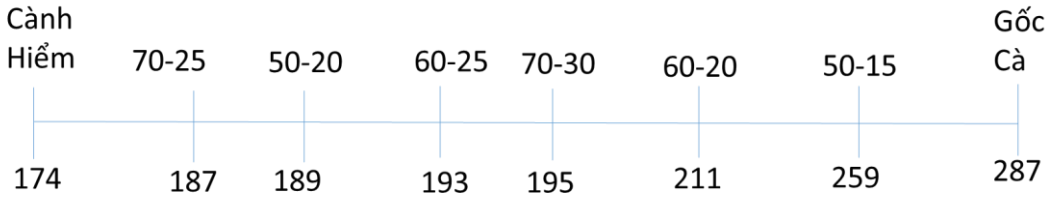
Thời gian trổ hoa và thu trái của cặp ghép Cà-Hiểm thể hiện ở Bảng 4.7. Thời gian trổ hoa dao động 77 – 104 ngày. Trổ hoa sớm nhất là giống C – H 50 15, trổ hoa trễ nhất là giống C – H 60 25.



Thời gian thu trái đầu tiên sớm nhất là 109 ngày với giống C – H 50 15, trễ nhất là giống C – H 60 25 143 ngày.



Giống C – H 50 15 có thời gian cho trái lâu nhất là 259 ngày, ngắn nhất là giống C – H 70 25. Thời gian cho trái của các nghiệm thức kéo dài hơn so với Hiểm thuần chủng, có xu hướng giống với thời gian cho trái giống với Cà thuần chủng, điều này cho thấy có sự ảnh hưởng trong quá trình ghép và được di truyền cho thế hệ sau.

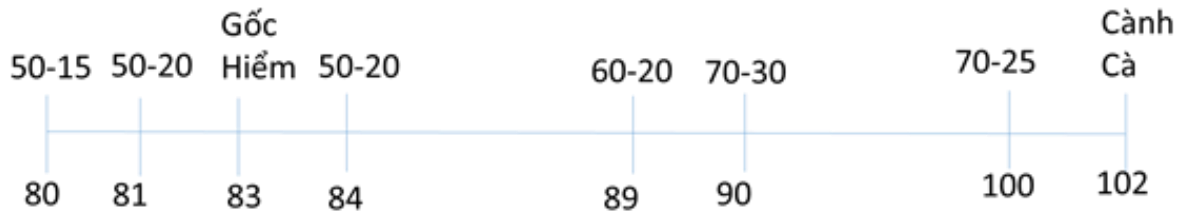


Bảng 4.7: Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Cà-Hiểm

Nghiệm thức	Ngày trổ hoa (ngày)	Ngày thu trái đầu tiên thu trái (ngày)	Ngày thu trái cuối cùng (ngày)
Cà	98	149	287
Hiểm	84	125	174
C–H 50-15	77	109	259
C–H 50 -20	81	119	189
C–H 60-20	91	128	211
C–H 60-25	104	143	193
C–H 70-25	100	135	187
C–H 70-30	102	140	195

❖ **Cặp ghép Hiểm-Cà**

Đối với cặp Hiểm-Cà thời gian trổ hoa và thu trái được trình bày ở bảng 4.8.

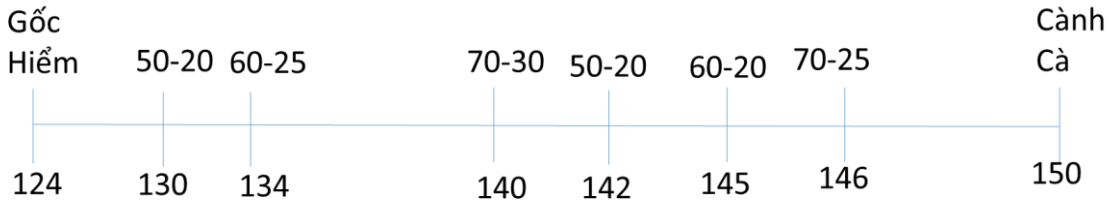


Thời gian trổ hoa dao động từ 80 – 100 ngày. H-C 50-15 và H-C 60-25 có thời gian trổ sớm nhất và sớm hơn so với giống thuần chủng 20 ngày. Thời gian trổ hoa trễ nhất là 100 ngày với giống H-C 70-25.

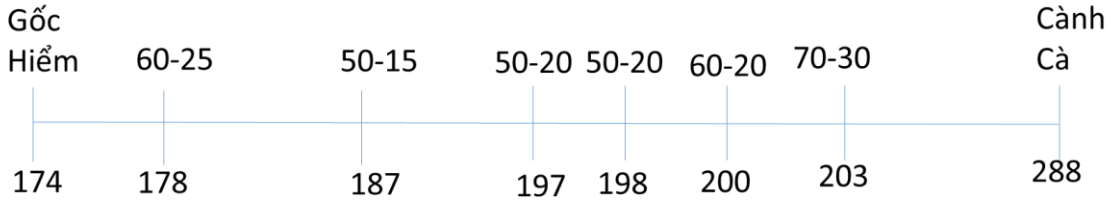
Bảng 4.8: Ngày trổ hoa, ngày thu trái đầu tiên và ngày thu trái cuối cùng của các nghiệm thức Hiểm-Cà

Nghiệm thức	Ngày trổ hoa (ngày)	Ngày thu trái đầu tiên thu trái (ngày)	Ngày thu trái cuối cùng (ngày)
Hiểm	83	124	174
Cà	102	150	288
H–C 50-15	80	130	187
H–C 50 -20	84	142	197
H–C 60-20	89	145	200
H–C 60-25	81	134	178
H–C 70-25	100	146	198
H–C 70-30	90	140	203

Do trổ hoa sớm nên H-C 50-15 cho trái chín đầu tiên sớm nhất so với các giống còn lại và giống đối chứng.



H-C 70-30 thời gian cho trái dài nhất 203 ngày. Thời gian cho trái ngắn nhất 178 ngày là giống H-C 60-20. Thời gian cho trái của giống H-C.



4.1.2.2 Khảo sát thay đổi di truyền dựa trên tính trạng chất lượng và số lượng

a) Cặp ghép Sừng-Hiểm và Hiểm-Sừng

❖ Tính trạng chiều cao cây

➢ ***Sừng – Hiểm***

Kết quả khảo sát chiều cao cây ở giai đoạn cây bắt đầu trổ hoa và lúc trái chín được trình bày ở Hình 4.9.

Bảng 4.9: Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của cặp ghép Sừng-Hiểm

Nghiệm thức	Chiều cao cây lúc trổ	Chiều cao cây lúc chín
Sừng	41,2±2,61	56,6^{ab}±2,99
Hiểm	46±3,13	62,5^{a}±4,55
S–H 50-15	41,9±2,5	56,9^{ab}±2,02
S–H 50 -20	41,2±7,55	57,2^{ab}±3,88
S–H 60-20	45,4±5,35	62,4^{ab}±9,74
S–H 60-25	42,7±4,5	54,1^{b}±6,77
S–H 70-25	43±3,43	58,4^{ab}±3,09
S–H 70-30	46,5±4,65	58,4^{ab}±3,17
F	ns	**
CV(%)	10,35	8,76

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% .*

Thân cây trồng nói chung và cây ớt nói riêng là bộ phận quan trọng nâng đỡ toàn cây. Thân là nơi trung gian vận chuyển các dòng nhựa nguyên và nhựa luyện trong cây. Thân to cành lá khỏe cây sinh trưởng phát triển tốt là nơi nâng đỡ cho trái và nuôi trái. Việc nghiên cứu chiều cao cây không chỉ để cho ta biết được về khả năng sinh trưởng của cây trồng mà còn phản ánh một số đặc điểm nông sinh học khác của cây như: khả năng chống đổ, số lá trên cây, số cành, số chùm hoa và số trái.

Hình 4.2: Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Sừng-Hiểm (7,8/2020)

Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của tổ hợp ghép và 2 giống thuần chủng khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức 1%. Chiều cao cây lúc trổ dao động từ 37,6 cm đến 67,2 cm, có hệ số biến thiên 10,47%. Kết quả kiểm định Ducan ở mức 0,01 cho thấy nghiệm thức S – H 60 20 có chiều cao lúc trổ thấp nhất khác biệt có ý nghĩa thống kê so với các nghiệm thức còn lại và đối chứng H – TC và S – TC.

Chiều cao cây lúc chín cho thấy cây vươn dài thêm bao nhiêu so với lúc trổ hoa. Cây cao là một đặc điểm tốt, phơi bông nên thuận lợi cho thu hoạch và phòng trừ sâu bệnh. Tuy nhiên cây cao dễ bị đổ ngã trong giai đoạn tạo trái và dễ bị nhiễm bệnh vì vậy cần chống đỡ và phòng bệnh hợp lí. Chiều cao cây lúc chín dao động từ 68 cm đến 99,6 cm. Hệ số biến thiên 13,44%.

Cây càng cao các cành bậc 2, 3, 4 càng nhiều, lá nhiều giúp cây quang hợp tạo ra lượng chất hữu cơ lớn. Cành nhiều khả năng ra hoa và cho trái càng cao giúp nâng cao năng suất. Chiều cao cây quá cao cũng ảnh hưởng đến khả năng chống đỡ của cây vào mùa mưa, cây dễ đổ ngã, gãy nhánh.

➢ ***Hiểm – Sừng***

Đối với cặp ghép Hiểm-Sừng kết quả chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc trổ và lúc chín được thể hiện ở Bảng 4.10.

Bảng 4.10: Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của cặp ghép Sừng-Hiểm

Nghiệm thức	Chiều cao cây lúc trổ (cm)	Chiều cao cây lúc chín (cm)
Hiểm	46,7±2,83	63,2^{a}±4,73
Sừng	41,6±2,71	57,1^{b}±2,64
H-S 50-15	43,9±5,52	55^{b}±3,62
H-S 50 -20	41,2±7,55	57,7^{b}±2,98
H-S 60-20	46,7±4,76	57,4^{b}±4,22
H-S 60-25	41,6±5,16	56,1^{b}±4,91
H-S 70-25	40,2±5,03	53,7^{b}±5,16
H-S 70-30	44,7±5,38	55,5^{b}±5,21
F	ns	**
CV(%)	11,65	7,5

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%* .

Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của tổ hợp ghép và 2 giống thuần chủng khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức 1%. Chiều cao cây lúc trổ dao động từ 40,5 cm đến 75,8 cm. Kết quả kiểm định Ducan ở mức 0,01 cho thấy nghiệm thức H-S 70-25 có chiều cao lúc trổ thấp nhất khác biệt có ý nghĩa thống kê so với các nghiệm thức còn lại và đối chứng H – TC và S – TC. Chiều cao cây lúc chín dao động từ 63 đến 88 cm, phần lớn chiều cao cây lúc chín của các nghiệm thức thiên về giống với cành ghép Sừng

Cây càng cao các cành bậc 2, 3, 4 càng nhiều, lá nhiều giúp cây quang hợp tạo ra lượng chất hữu cơ lớn. Cành nhiều khả năng ra hoa và cho trái càng cao giúp nâng

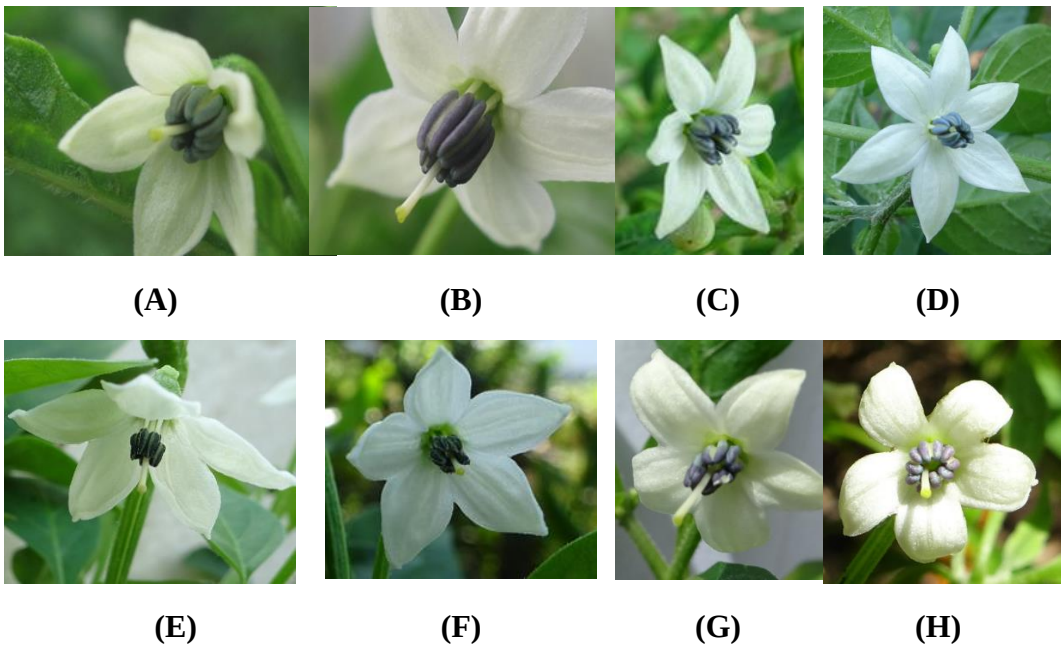
cao năng suất. Chiều cao cây quá cao cũng ảnh hưởng đến khả năng chống đỡ của cây vào mùa mưa, cây dễ đổ ngã, gãy nhánh.

Hình 4.3: Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Hiểm-Sừng (7,8/2020)

❖ **Tính trạng hoa**

➢ ***Sừng – Hiểm***

Màu cánh hoa là màu trắng ở tất cả các nghiệm thức ghép giống với màu cánh hoa ớt Hiểm thuần chủng và giống ớt Sừng thuần chủng được thể hiện ở Hình 4.4.



Hình 4.4: Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Sừng-Hiểm (7,8/2020)

(A) Sừng, (B) Hiểm, (C) S-H 50-15, (D) S-H 50-20, (E) S-H 60-20, (F) S-H 60-25, (G) S-H 70-25, (H) S-H 70-30

Bao phấn của các nghiệm thức trong tổ hợp ghép có màu sắc đa dạng từ xanh đến tím nhạt và tím. Số cánh hoa có sự xuất hiện các hoa có 6 cánh ở một số nghiệm thức ghép. Sự khác biệt này cho thấy có sự ảnh hưởng từ gốc ghép lên ngọn ghép làm

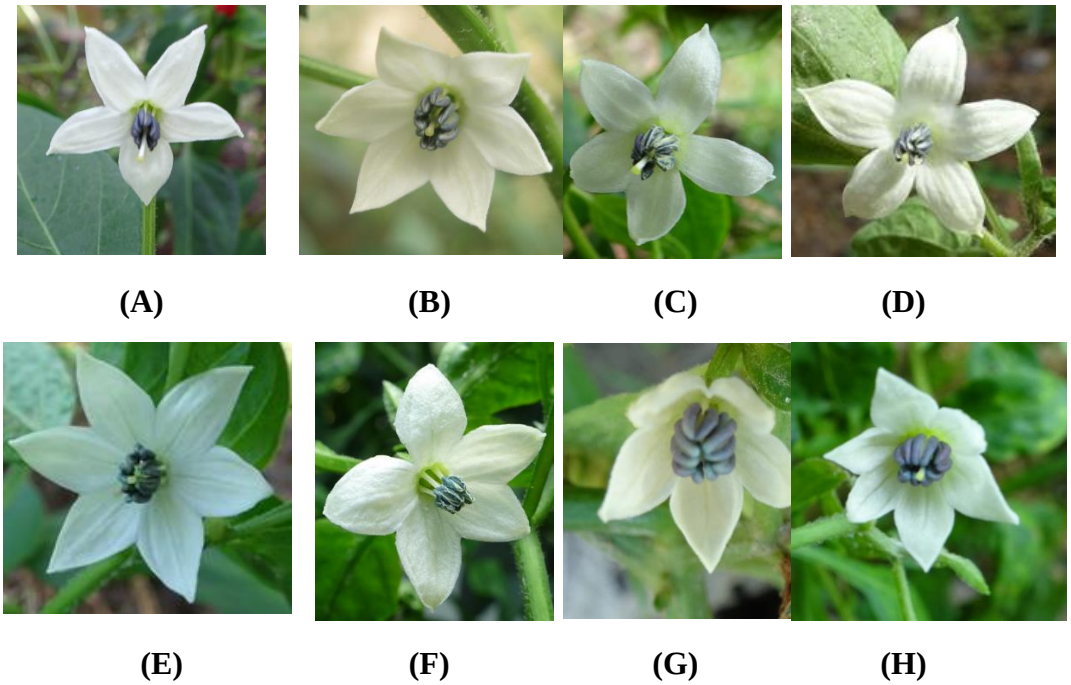
thay đổi tính trạng màu bao phấn từ tím đậm chuyển sang tím nhạt hoặc xanh gần giống với màu bao phấn của Sừng thuần chủng.

➢ ***Hiểm – Sừng***

Kết quả khảo sát màu cánh hoa và màu bao phấn của tổ hợp Hiểm – Sừng được trình bày ở Hình 4.5.

Không có sự khác nhau về màu cánh hoa giữa các nghiệm thức. Cánh hoa màu trắng giống với màu cánh hoa ớt Hiểm thuần chủng và Sừng thuần chủng

Tính trạng màu bao phấn cũng có sự xuất hiện từ xanh đến tím nhạt và tím là do có sự ảnh hưởng trong quá trình ghép nên ở thế hệ sau xuất hiện tính trạng màu bao phấn mới. Ở nghiệm thức H-S 70-25 và H-S 70-30 có màu bao phấn thiên về màu tím khác biệt nhiều so với màu xanh của Sừng thuần chủng. Điều này cho thấy có sự ảnh hưởng của gốc ghép Hiểm lên cành ghép Sừng nên dẫn đến cây ghép có màu bao phấn gần giống với gốc ghép Hiểm. Dạng cánh hoa cũng thể hiện sự khác biệt giữa các nghiệm thức ghép.



Hình 4.5: Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Hiểm-Sừng (7,8/2020)

(A) Hiểm, (B) Sừng, (C) H-S 50-15, (D) H-S 50-20, (E) H-S 60-20, (F) H-S 60-25, (G) H-S 70-25, (H) H-S 70-30

Như vậy đối với tính trạng hoa nhận thấy có sự thay đổi về dạng hoa và màu sắc bao phấn so với gốc ghép và cành ghép, màu bao phấn của các nghiệm thức có sự phân hóa có nghiệm thức có màu bao phấn tím đậm giống gốc ghép và cũng có nghiệm thức có màu bao phấn xanh giống cành ghép Sừng hoặc có màu tím nhạt không giống gốc ghép và cành ghép. Do đó có thể kết luận việc ghép giữa các giống ở ở các độ tuổi và độ dài gốc ghép khác nhau đã dẫn đến sự thay đổi ở tính trạng hoa của cây ghép ở thế hệ T_1 và cụ thể là ở màu bao phấn. Điều này cũng được tìm thấy trong nghiên cứu của Hirata *et al.* (1995) cho thấy gốc ghép làm thay đổi các đặc tính như

màu sắc, dạng cành, lá, hoa,.. trên cây ghép, ảnh hưởng đến cả trên cây ghép cùng loài hay khác loài.

❖ **Dạng lá**

➢ ***Sừng – Hiểm***

Đặc điểm lá của các nghiệm thức ghép Sừng-Hiểm được thể hiện ở Hình 4.6 và Bảng 4.11. Chiều dài lá giữa các nghiệm thức có sự khác biệt về mặt thống kê ở mức ý nghĩa 1% trong đó chiều dài lá có cuống và không cuống của cành ghép Hiểm cao hơn so với gốc ghép Sừng. Chiều dài lá có cuống và không cuống ở tất cả nghiệm thức ghép đều nhỏ hơn so với cành ghép Hiểm. Giữa các nghiệm thức ghép thì cặp ghép S-H 60-20 cho thấy chiều dài lá cao hơn tất cả nghiệm thức còn lại. Ngược lại đối với tính trạng chiều rộng lá cặp ghép S-H 60-20 có chiều rộng lá cao hơn so với cành ghép và gốc ghép và cả các nghiệm thức ghép còn lại.

Đối với chỉ tiêu tỉ số dài/rộng của lá (chiều dài lá không cuống/rộng) dùng để phân biệt hình dạng của lá, lá càng lớn thì hiệu quả quang hợp càng cao. Kết quả thống kê cho thấy các nghiệm thức ghép có tỉ số đều nhỏ hơn so với gốc ghép và cành ghép và gần với giá trị của gốc ghép hơn.

Bảng 4.11: Chiều dài và rộng lá của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm

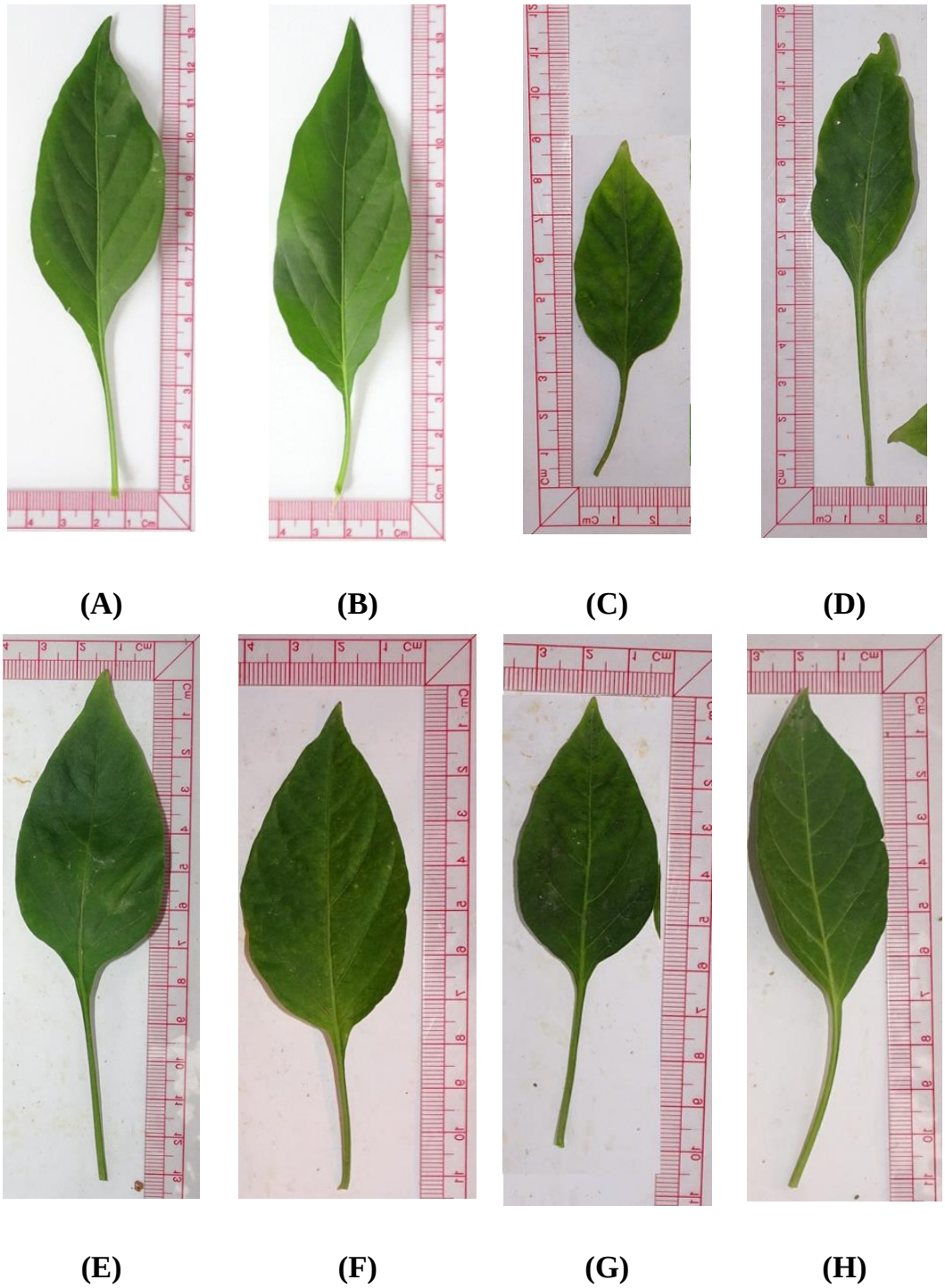
Nghiệm thức	Chiều dài lá (cm)	Chiều dài lá không cuống (cm)	Chiều rộng lá (cm)	Tí số dài/rộng lá
Sừng	$11,81^{bc} \pm 0,38$	$9,49^{b} \pm 0,26$	$3,84^{c} \pm 0,18$	$2,47^{b} \pm 0,12$
Hiểm	$13,64^{a} \pm 0.34$	$10,72^{a} \pm 0.22$	$4,1^{b} \pm 0.22$	$2,63^{a} \pm 0,17$
S–H 50-15	$8,54^{e} \pm 0.26$	$6^{g} \pm 0.66$	$3,02^{d} \pm 0.15$	$1,99^{f} \pm 0,26$
S–H 50 -20	$11^{cd} \pm 1,02$	$7,23^{e} \pm 0,53$	$3,04^{d} \pm 0,15$	$2.38^{c} \pm 0,23$
S–H 60-20	$12,6^{b} \pm 0,85$	$8,11^{c} \pm 0,27$	$4,4^{a} \pm 0,49$	$1,85^{g} \pm 0,23$
S–H 60-25	$11,3^{cd} \pm 0,44$	$8,02^{e} \pm 0,62$	$3,85^{c} \pm 0,16$	$2,11^{e} \pm 0,17$
S–H 70-25	$10,65^{d} \pm 0,51$	$7,47^{d} \pm 0,38$	$3,28^{d} \pm 0,26$	$2,29^{d} \pm 0,21$
S–H 70-30	$11,19^{cd} \pm 0,18$	$7,03^{f} \pm 0,24$	$3,29^{d} \pm 0,22$	$2,18^{e} \pm 0,40$
F	**	**	**	**
CV(%)	5,8	5,4	7,02	10,56

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% .*

Trong các nghiệm thức ghép thì nghiệm thức S-H 60-20 là nhỏ nhất là 1,85 và cao nhất là nghiệm thức S-H 50-20 với tỉ số là 2,38. Tỉ số này càng nhỏ chứng tỏ chiều dài lớn hơn chiều rộng càng ít và ngược lại tỉ số càng lớn cho thấy chiều dài lớn hơn chiều rộng càng nhiều. Từ tỉ số này có thể hình dung được hình dạng của lá. Dựa trên tỉ số này có thể thấy được các nghiệm thức ghép có sự khác nhau về dạng lá và các

nghiệm thức ghép có dạng lá gần với gốc ghép Sừng hơn so với cành ghép Hiểm và hai nghiệm thức S-H 60-20 và S-H 50-15 khác xa với cành ghép Hiểm nhất.

Như vậy ở cặp ghép Sừng-Hiểm nhận thấy có sự thay đổi về hình dạng lá của cây ghép so với cành ghép và gốc ghép. Điều này chứng tỏ việc ghép đã gây ra các thay đổi về dạng kiểu hình ở lá theo hướng khác xa cành ghép và gần với gốc ghép hơn.



Hình 4.6: Dạng lá cặp ghép Sừng-Hiểm (7/2020)

(A) Sừng, (B) Hiểm, (C) S-H 50-15, (D) S-H 50-20, (E) S-H 60-20, (F) S-H 60-25, (G) S-H 70-25, (H) S-H 70-30

➢ ***Hiểm – Sừng***

Đối với cặp ghép Hiểm-Sừng các tính trạng số lượng của lá được trình bày ở Bảng 4.12. Kết quả phân tích thống kê cho thấy ở cặp ghép này tính trạng chiều dài lá của nghiệm thức ghép H-S 50-20 và H-S 60-20 cao hơn cành ghép Sừng, các nghiệm thức còn lại đều nhỏ hơn so với cành ghép Sừng. Tuy nhiên ở tính trạng chiều dài lá không cuống thì tất cả nghiệm thức ghép đều nhỏ hơn Sừng, điều này cho thấy ở 2 nghiệm thức ghép trên có cuống lá cao nên dẫn đến chiều dài lá tổng thể cao hơn so với Sừng.

Với chỉ tiêu chiều rộng lá nhận thấy chỉ có nghiệm thức H-S 60-20 có chiều rộng lá 4,19 cm cao nhất trong tất cả nghiệm thức, nhỏ nhất là nghiệm thức ghép H-S 70-25 với chiều rộng 2,54 cm.

Bảng 4.12: Chiều dài và rộng lá của tổ hợp ghép Hiểm – Sừng

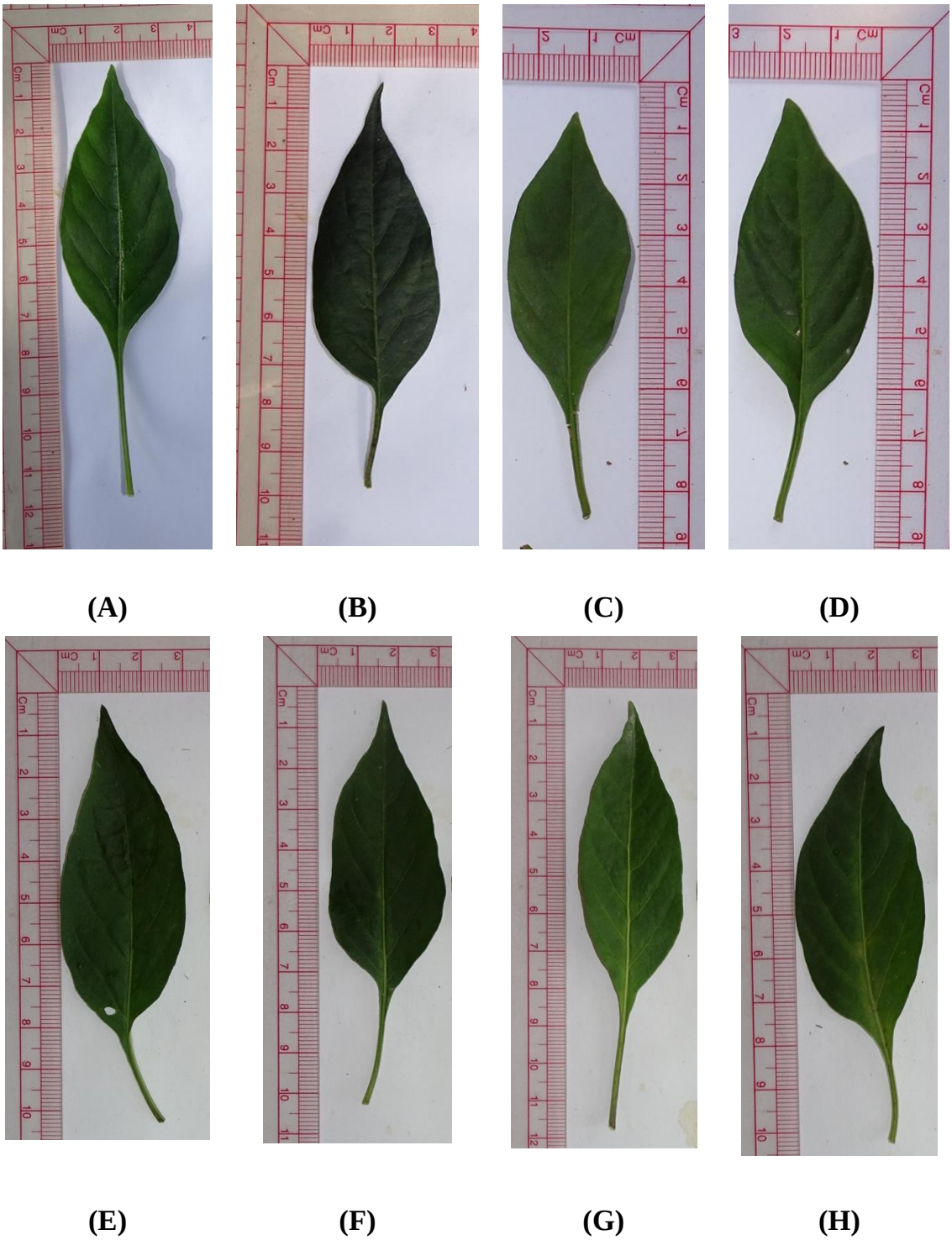
Nghiệm thức	Chiều dài lá (cm)	Chiều dài lá không cuống (cm)	Chiều rộng lá (cm)	Tí số dài/rộng lá
Hiểm	$13,3^{a} \pm 0,32$	$10,5^{a} \pm 0,28$	$3,91^{b} \pm 0,12$	$2,69^{a} \pm 0,11$
Sừng	$10,04^{d} \pm 0.97$	$9,17^{b} \pm 0,21$	$3,94^{b} \pm 0,22$	$2,34^{e} \pm 0,14$
H-S 50-15	$8,54^{g} \pm 0.27$	$5,61^{h} \pm 0.16$	$3,02^{c} \pm 0.15$	$1,86^{h} \pm 0,13$
H-S 50 -20	$11,04^{c} \pm 1,02$	$6,48^{g} \pm 0,34$	$3,04^{c} \pm 0,15$	$2,13^{f} \pm 0,11$
H-S 60-20	$12,6^{b} \pm 0,85$	$8,46^{c} \pm 0.12$	$4,19^{a} \pm 0.43$	$2,04^{g} \pm 0,19$
H-S 60-25	$9,54^{e} \pm 0,54$	$7,3^{f} \pm 0,25$	$2,97^{c} \pm 0,15$	$2,46^{d} \pm 0,14$
H-S 70-25	$9,62^{e} \pm 0,9$	$7,85^{d} \pm 0,57$	$2,54^{d} \pm 0,13$	$3,09^{a} \pm 0,21$
H-S 70-30	$8,91^{f} \pm 0,18$	$7,51^{e} \pm 0,22$	$2,96^{c} \pm 0,1$	$2,57^{c} \pm 0,33$
F	**	**	**	**
CV(%)	6,8	3,9	6,2	7,68

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% .*

Với chỉ tiêu tỉ số dài/rộng của lá của các nghiệm thức phần lớn gần với gốc ghép Hiểm hơn so với Sừng gồm các nghiệm thức như H-S 60-25, H-S 70-25 và H-S 70-30, trong đó nghiệm thức H-S 70-25 có tỉ số lớn hơn cả gốc ghép Hiểm, còn lại nghiệm thức H-S 50-15 có tỉ số nhỏ hơn Sừng và nhỏ hơn tất cả nghiệm thức còn lại. Ở cặp ghép này nhận thấy gốc ghép có tỉ số cao hơn cành ghép, 50% cây ghép có tỉ số gần bằng hoặc lớn hơn cả gốc ghép. Điều này cho thấy gốc ghép đã có sự ảnh hưởng làm thay đổi hình dạng lá của cành ghép theo hướng giống với gốc ghép ở các độ tuổi 60 ngày 20 cm và 70 ngày ở cả 2 độ dài gốc ghép.

Như vậy đối với cặp ghép này nhận thấy có sự ảnh hưởng rõ rệt của gốc ghép lên cành ghép, làm thay đổi hình dạng lá theo hướng giống với gốc ghép. Đặc biệt các nghiệm thức có sự thay đổi lớn khác biệt so với cành ghép và càng giống với gốc ghép là các nghiệm thức ở độ tuổi 60 ngày ở độ dài 25 cm và 70 ngày ở cả 25 cm và 30 cm. Từ đây có thể kết luận khi ghép ở độ tuổi gốc ghép càng cao thì gốc ghép càng gây ra ảnh hưởng lên cành ghép và làm thay đổi các đặc điểm của cây theo theo hướng giống

với gốc ghép. Kết quả này phù hợp với nghiên cứu của Ohta (1991) khi ông đưa ra phương pháp "Mentor grafting" với nội dung thực hiện ghép ớt ở độ tuổi lớn có thể sắp ra hoa và ở độ dài gốc ghép cao thì có khả năng gây ra sự ảnh hưởng lớn từ gốc ghép lên cành ghép, gốc ghép càng già và cành ghép còn non có thể gây ra sự vận chuyển vật chất di truyền từ gốc ghép lên cành ghép. Như vậy kết quả của cặp ghép này đối với tính trạng lá góp phần chứng minh cho phương pháp "Mentor grafting" của Ohta.



Hình 4.7: Dạng lá cặp ghép Hiểm-Sừng (7/2020)

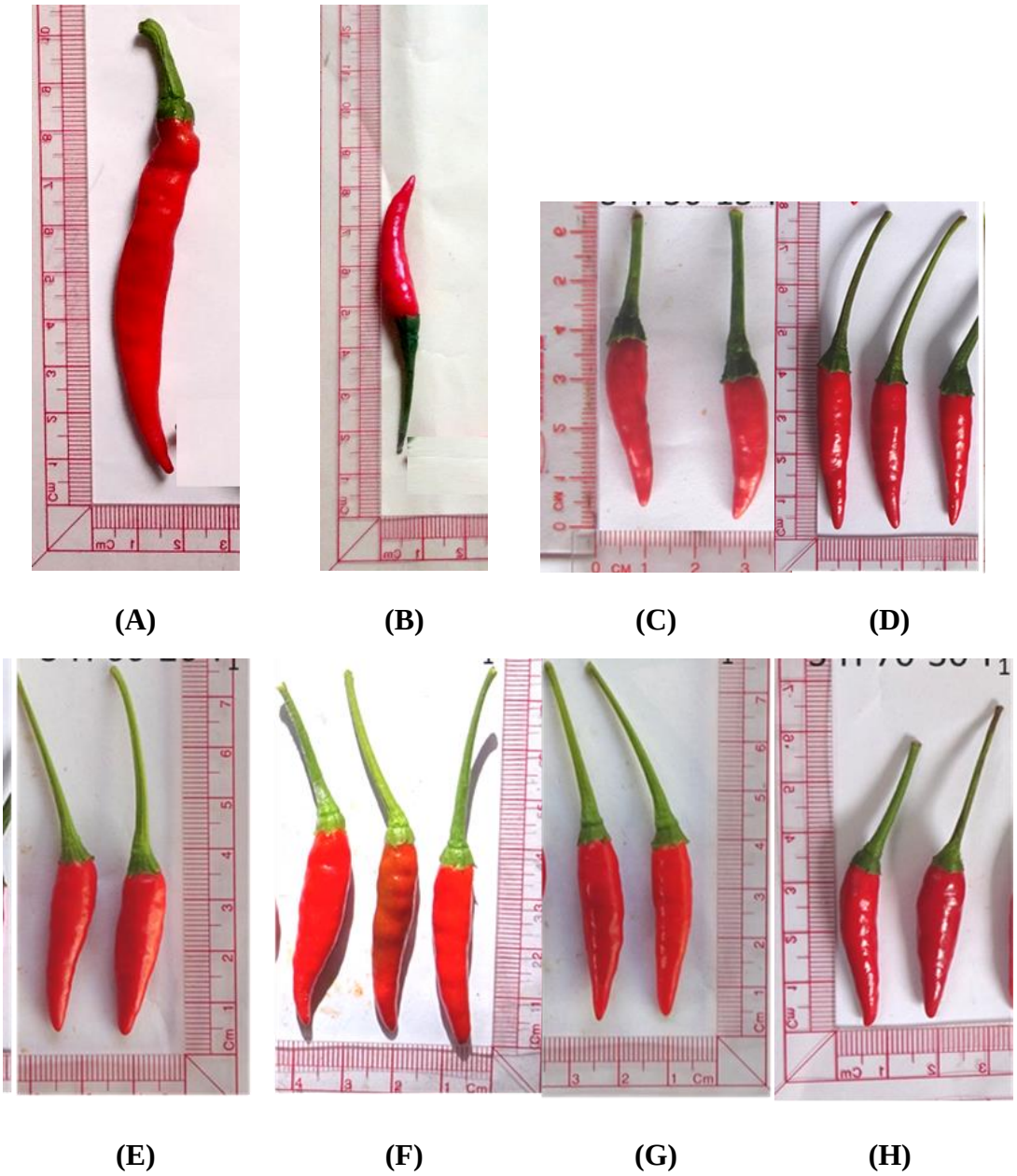
(A) Hiểm, (B) Sừng, (C) H-S 50-15, (D) H-S 50-20, (E) H-S 60-20, (F) H-S 60-25, (G) H-S 70-25, (H) H-S 70-30

❖ **Dạng trái**

➢ ***Sừng – Hiểm***

Dạng trái có vai trò trong chế biến thực phẩm, ớt có dạng chuông thường được dùng như rau cải, trong khi ớt có dạng thon như ớt sừng hoặc ớt hiểm lại thường dùng làm gia vị trong các bữa ăn hoặc trong công nghiệp chế biến thực phẩm. Tùy theo mục đích sử dụng khác nhau mà lựa chọn các giống có dạng trái thích hợp.

Đối với cặp ghép Sừng-Hiểm: dạng trái của các nghiệm thức ghép của cặp ghép Sừng – Hiểm đa số có dạng thon nhọn giống như Hiểm thuần chủng.



Hình 4.8: Dạng trái cặp ghép Sừng – Hiểm (8/2020)

(A) Sừng, (B) Hiểm, (C) S-H 50-15, (D) S-H 50-20, (E) S-H 60-20, (F) S-H 60-25, (G) S-H 70-25, (H) S-H 70-30

Sự thay đổi về chiều dài và rộng của trái của các nghiệm thức so với đối chứng được trình bày ở Bảng 4.13. Chiều dài và chiều rộng trái của các nghiệm thức khác

biệt có ý nghĩa với nhau ở mức 1% qua phân tích phương sai ANOVA. Chiều dài trái của các nghiệm thức biến thiên từ 6,23 cm đến 7,27 cm trong đó chiều dài trái cuả 4 cặp ghép S-H 50-20, S-H 60-20, S-H 60-25 và S-H 70-25 có chiều dài trái trên 7 cm và các nghiệm thức S-H 50-15 và S-H 70-30 có chiều dài trái nhỏ hơn 7 cm. Bên cạnh đó chiều dài trái của cành ghép Hiểm nhỏ hơn 7 cm và của gốc ghép Sừng TC gần bằng 10 cm. Như vậy việc ghép gốc ghép có chiều dài trái lớn hơn so với cành ghép đã dẫn đến sự thay đổi về chiều dài trái của các nghiệm thức ghép. Kết quả cho thấy việc ghép ở những độ dài gốc ghép trong khoảng từ 20-25 cm cho kết quả ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép, vì gốc ghép có chiều dài trái lớn nên ảnh hưởng cải thiện phần nào độ dài trái của cây ghép, tuy nhiên sự khác biệt chưa có sự rõ ràng.

Bảng 4.13: Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm

Nghiệm thức	Chiều dài trái (cm)	Chiều dài trái (không cuống, cm)	Chiều rộng trái (cm)	Tỉ số dài/rộng trái
Sừng	$9,8^{a} \pm 1,00$	$7,7^{a} \pm 0,69$	$1,42^{a} \pm 0,15$	$5,46^{a} \pm 0,76$
Hiểm	$6,9^{bc} \pm 0,33$	$3,6^{d} \pm 0,32$	$0,81^{bc} \pm 0,73$	$4,89^{b} \pm 0,83$
S–H 50-15	$6,51^{bc} \pm 0,34$	$3,15^{e} \pm 0,14$	$0,76^{c} \pm 0,66$	$4,17^{d} \pm 0,46$
S–H 50 -20	$7,27^{b} \pm 0,33$	$3,89^{c} \pm 0,18$	$0,84^{bc} \pm 0,43$	$4,63^{c} \pm 0,26$
S–H 60-20	$7,13^{b} \pm 0,25$	$3,52^{d} \pm 0,28$	$0,85^{bc} \pm 0,78$	$4,16^{d} \pm 0,44$
S–H 60-25	$7,08^{b} \pm 0,37$	$4,16^{b} \pm 0,24$	$0,88^{b} \pm 0,14$	$4,83^{bc} \pm 0,77$
S–H 70-25	$7,25^{b} \pm 0,44$	$4,04^{b} \pm 0,16$	$0,75^{c} \pm 0,68$	$5,41^{a} \pm 0,53$
S–H 70-30	$6,23^{c} \pm 0,32$	$3,18^{e} \pm 0,14$	$0,74^{c} \pm 0,12$	$4,4^{d} \pm 0,75$
F	**	**	**	**
CV(%)	6,6	7,7	31,3	13,3

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Chiều rộng trái dao động từ 0,7 cm đến 0,88 cm. Ở tính trạng này cũng có sự khác biệt về chiều rộng trái giữa các nghiệm thức ở mức ý nghĩa 1%, trong đó 3 nghiệm thức ghép có chiều rộng trái nhỏ nhất ở mức nhỏ hơn 0,8 cm và nhỏ hơn cành ghép Hiểm là S-H 50-15, S-H 70-25 và S-H 70-30 còn 3 nghiệm thức còn lại đều có chiều rộng trái lớn hơn 0,8 cm và tương đương với cành ghép. Qua đây nhận thấy việc ghép ớt ở độ tuổi gốc ghép 50, 60, 70 ngày tuổi có sự khác nhau về chiều rộng trái của cây ghép ở thế hệ sau. Tuy nhiên việc ghép ở độ tuổi quá nhỏ 50 ngày tuổi và độ dài gốc ghép qúa ngắn 15 cm dẫn đến sự thay đổi theo hướng giảm kích thước trái so với cành ghép Ớt Hiểm TC, nhưng khi ghép ở độ tuổi gốc ghép quá lớn 70 ngày và độ dài gốc ghép quá dài 25 cm và 70 ngày 30 cm cũng dẫn đến kết quả tương tự. Như vậy, các độ tuổi 50 ngày 20 cm, 60 ngày 20 cm, 60 ngày 25 cm là thích hợp để ghép mặc dù không cải thiện nhiều về kích thước trái nhưng về mặt đại số kích thước trái có sự chênh lệch nhiều hơn so với Hiểm. Đối với chỉ tiêu chiều dài trái không cuống nhận

thấy 2 nghiệm thức S-H 60-25 và S-H 70-25 có chiều dài trái lớn nhất so với các nghiệm thức khác với độ dài lần lượt là 4,16 và 4,04 cm và lớn hơn cả so với cành ghép Hiểm. Như vậy ở chỉ tiêu này đã nhận thấy có sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép làm cho chiều dài trái tăng cao hơn so với cành ghép Hiểm do gốc ghép Sừng có chiều dài cao hơn so với cành Hiểm.

Bảng 4.14: Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Sừng – Hiểm

Nghiệm thức	Chiều dài cuống (cm)	Chiều dày vách trái (cm)	Khối lượng trái (g)
Sừng	$2,1^{d} \pm 0,71$	$0.19^{a} \pm 0,12$	$3,91^{a} \pm 0,5$
Hiểm	$3,3^{ab} \pm 0,32$	$0.13^{b} \pm 0,13$	$0,76^{e} \pm 0,12$
S–H 50-15	$3,36^{ab} \pm 0,43$	$0,11^{b} \pm 0,1$	$0,93^{d} \pm 0,14$
S–H 50 -20	$3,37^{ab} \pm 0,43$	$0,12^{b} \pm 0,2$	$1,23^{b} \pm 0,21$
S–H 60-20	$3,61^{a} \pm 0,35$	$0,12^{b} \pm 0,23$	$1,24^{b} \pm 0,17$
S–H 60-25	$2,92^{c} \pm 0,42$	$0,11^{b} \pm 0,2$	$1,21^{b} \pm 0,09$
S–H 70-25	$3,21^{cb} \pm 0,5$	$0,09^{b} \pm 0,12$	$1,09^{c} \pm 0,12$
S–H 70-30	$3,05^{bc} \pm 0,4$	$0,11^{b} \pm 0,11$	$1,00^{d} \pm 0,12$
F	**	**	**
CV(%)	14,8	8,06	15

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Ở tính trạng chiều dài cuống không thể hiện rõ sự khác biệt của các nghiệm thức với Hiểm. Chiều dày vách trái có ảnh hưởng lớn đến năng suất của giống. Vách trái có tác dụng hạn chế sâu bệnh tấn công, tăng trọng lượng trái góp phần tăng năng suất và nó cũng có tác dụng giữ nước cho trái. Chiều dày vách trái của gốc ghép cao hơn cành ghép và các nghiệm thức ghép. Giữa các nghiệm thức ghép và cành ghép không có sự khác biệt ở độ dày vách trái.

Khối lượng trái là một chỉ tiêu quan trọng ảnh hưởng đến năng suất của giống. Đối với chỉ tiêu khối lượng trái nhận thấy các nghiệm thức ghép ở độ tuổi 50 ngày 20 cm, 60 ngày 20 cm và 25 cm đều có trọng lượng trái lớn hơn so với cành ghép Ớt Hiểm và ưu thế hơn các nghiệm thức ghép còn lại.

Chỉ tiêu số hạt trên trái và trọng lượng hạt trên trái cũng là chỉ tiêu quan trọng ảnh hưởng đến khối lượng trái. Trái có số hạt càng nhiều và có khối lượng hạt càng lớn thì có khối lượng trái càng cao, cũng là một trong những chỉ tiêu ảnh hưởng đến năng suất của giống. Số hạt trên trái phụ thuộc vào chất lượng giống vào dạng trái và cũng chịu ảnh hưởng bởi môi trường. Hạt là nơi chứa nhiều capsicin vì vậy hạt là yếu tố ảnh hưởng đến độ cay của ớt. Số hạt trên trái và khối lượng hạt trên trái ở các

nghiệm thức ghép ở độ tuổi 50 ngày 20 cm, 60 ngày 20 cm và 70 ngày 25 cm đều thể hiện có sự khác biệt cao hơn so với cành ghép Ớt Hiểm (Bảng 4.15).

Số trái trên cây và khối lượng trái trên cây là yếu tố quan trọng ảnh hưởng đến năng suất của giống. Đối với cặp ghép này cành ghép có số trái trên cây cao gần gấp đôi gốc ghép. Do gốc ghép có số trái nhỏ nên các nghiệm thức ghép có số trái tương tự như cành ghép không có sự khác biệt. Tuy nhiên do khối lượng trái của Sừng cao hơn cành Hiểm nên mặc dù có ớt Sừng có số trái ít hơn nhưng lại có khối lượng trái trên cây cao hơn nhiều so với cành Hiểm. Mặc dù các nghiệm thức ghép không có sự khác biệt về số trái so với cành ghép. Tuy nhiên ở các nghiệm thức ghép S-H 50-20, S-H 60-20 và S-H 70-25 có khối lượng trái trên cây cao hơn cành Hiểm. Điều này có thể giải thích do khối lượng trái cũng như số hạt và khối lượng hạt trên trái của các nghiệm thức trên đều lớn hơn so với cành ghép Hiểm nên dẫn đến tổng khối lượng trái trên cây của các nghiệm thức trên cao hơn cành Hiểm.

Bảng 4.15: Năng suất của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm

Nghiệm thức	Số hạt/trái	Khối lượng hạt/trái (g)	Số trái/cây	Khối lượng trái/cây (g)
Sừng	$56^{a} \pm 5,2$	$0,42^{a} \pm 0,05$	$36,2^{b} \pm 3,99$	$141,21^{a} \pm 15,81$
Hiểm	$49,8^{bc} \pm 4,3$	$0,29^{c} \pm 0,02$	$61,2^{a} \pm 7,32$	$46,44^{f} \pm 5,56$
S–H 50-15	$47,6^{bc} \pm 6,8$	$0,25^{cd} \pm 0,04$	$53,3^{a} \pm 9,95$	$50,01^{ef} \pm 9,31$
S–H 50 -20	$61,5^{a} \pm 10,4$	$0,34^{b} \pm 0,03$	$54,4^{a} \pm 10,14$	$67,26^{bcd} \pm 12,46$
S–H 60-20	$57^{a} \pm 5,9$	$0,32^{b} \pm 0,06$	$62,3^{a} \pm 7,44$	$77,5^{b} \pm 9,15$
S–H 60-25	$51,5^{bc} \pm 11,2$	$0,3^{b} \pm 0,05$	$60,1^{a} \pm 8,5$	$73,04^{bc} \pm 10,17$
S–H 70-25	$57,8^{a} \pm 8,1$	$0,31^{b} \pm 0,1$	$56,7^{a} \pm 8,69$	$61,91^{cde} \pm 8,94$
S–H 70-30	$44,2^{c} \pm 3,33$	$0,24^{cd} \pm 8,06$	$58,3^{a} \pm 8,06$	$57^{def} \pm 7,48$
F	**	**	**	**
CV(%)	14,8	27,1	14,8	14,3

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Như vậy mặc dù việc ghép không gây ra sự thay đổi về số trái trên cây so với cành ghép, nhưng dưới sự ảnh hưởng của gốc ghép Sừng có chiều dài, chiều rộng cũng như khối lượng trái cao hơn nên đã tạo ra các cây ghép có các chỉ tiêu chiều dài, chiều rộng và khối lượng trái vượt trội hơn so với cành ghép và điều này đã dẫn đến vượt trội về khối lượng trái trên cây của các nghiệm thức trên so với cành ghép.

Tổng hợp kết quả các chỉ tiêu của các nghiệm thức ghép ở những độ tuổi và độ dài gốc ghép khác nhau giữa cặp ghép Sừng- Hiểm nhận thấy rằng các nghiệm thức ghép đều có sự thay đổi so với cành ghép Ớt Hiểm và khác nhau giữa các nghiệm thức ghép ở các chỉ tiêu khảo sát ở hoa, ở lá và ở trái. Trong đó các cặp ghép ở độ tuổi 60 ngày 20 cm, 60 ngày 25 cm và 70 ngày 25 cm nhận thấy có nhiều thay đổi theo hướng

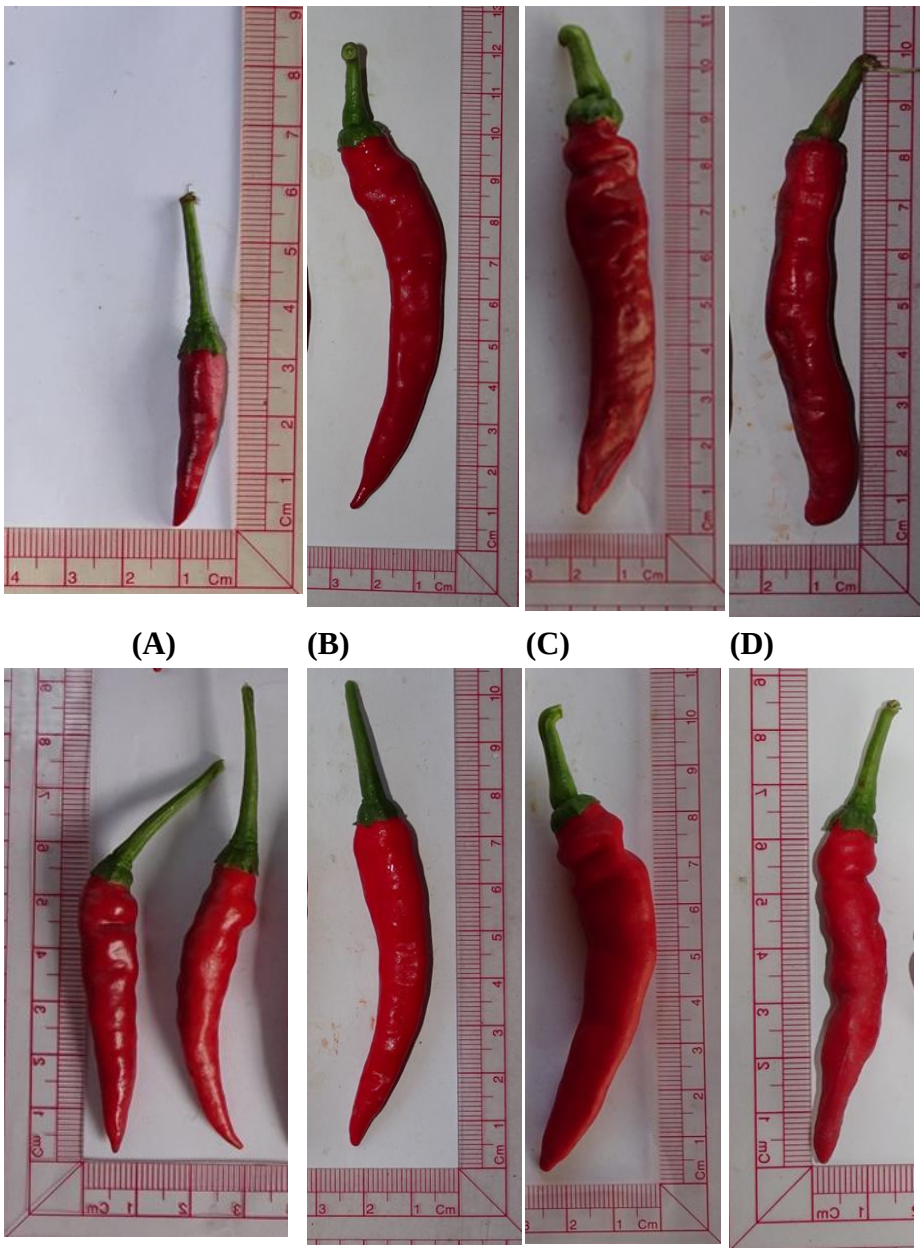
tốt hơn so với Ớt Hiểm và các nghiệm thức khác ở một số chỉ tiêu điểm quan trọng như chiều rộng lá, chiều dài trái không cuống, trọng lượng trái, số hạt trên trái, khối lượng hạt trên trái và khối lượng trái trên cây góp phần cải thiện năng suất của Hiểm khi được ghép với gốc ghép Sừng với trái cao hơn Hiểm bởi vì tính trạng chiều rộng lá cao góp phần tăng diện tích lá từ đó tăng khả năng quang hợp tổng hợp chất dinh dưỡng cho cây, tính trạng trọng lượng trái cũng như số hạt và trọng lượng hạt trên trái là các thông số quan trọng làm nên năng suất của cây. Vì vậy để cải thiện năng suất Ớt Hiểm dựa trên phương pháp ghép trên gốc ghép Sừng (trái to hơn ớt Ớt Hiểm) có thể chọn ghép ở độ tuổi 60 ngày và ở độ dài gốc ghép 20 cm và 25 cm vừa mang lại sự thay đổi về nhiều đặc điểm tốt vừa cho hiệu quả ghép thành công cao hơn so với ghép ở độ tuổi lớn và chiều dài gốc ghép ở mức trung bình cho hiệu quả thành công dễ hơn với gốc ghép quá cao.

Từ kết quả khảo sát cho thấy có sự ảnh hưởng của gốc ghép lên ngọn ghép lên các bộ phận lá, hoa và trái. Mặc dù không thể hiện rõ sự khác biệt về hình dạng trái nhưng đã gây ra những thay đổi trên các tính trạng số lượng của trái. Theo Ohta (1991) đưa ra phương pháp ghép là "Mentor grafting" đã nhận định rằng với việc ghép các giống ớt ở độ tuổi cao và chiều cao gốc ghép cao kết hợp với việc loại bỏ lá của ngọn ghép trong suốt quá trình phát triển của cây ghép và loại bỏ toàn bộ trái của gốc ghép có thể dẫn đến sự thay đổi về mặt di truyền do ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép, bởi vì trong suốt thời gian phát triển ngọn ghép hoàn phụ thuộc vào dinh dưỡng và nước do gốc ghép cung cấp, điều này dẫn đến sự lưu thông dòng vận chuyển vật chất liên tục từ gốc ghép lên cành ghép có thể dẫn đến sự thay đổi về mặt di truyền cho có di di truyền ngang. Các nghiên cứu về ghép trên ớt cũng thu được các kết quả tương tự như nghiên cứu của Võ Thị Bích Thủy và *ctv*. (2014) cho rằng các loại gốc ghép có ảnh hưởng đến kích thước trái ớt Sừng vàng Châu Phi. Trong một nghiên cứu khác của Tsaballa *et al.* (2013) đã làm nghiên cứu ở mức độ phân tử sự thay đổi do ghép gây ra ở tính trạng trái trên ớt (*Capsicum annuum*). Qua khảo sát thu được kết quả trái ở đời T_1 có hình dạng khác với trái của cành ghép ban đầu. Điều này cho thấy có sự ảnh hưởng của gốc ghép lên tính trạng trái. Leal – Fernández *et al.* (2013) cũng đã nghiên cứu và nhận thấy rằng gốc ghép đã gây ra sự tăng chiều dài lá và số trái cây so với ngọn ghép. Bằng chứng này chỉ ra rằng gốc ghép có ảnh hưởng đáng kể đến đặc điểm hình thái học và nông học của cành cây đối với việc sản xuất ớt, do đó lựa chọn đúng gốc ghép trước khi thực hiện việc ghép. Donas *et al.* (2014) nghiên cứu ảnh hưởng của 3 loại gốc ghép lên sản lượng và chất lượng của giống ớt "Italian Sweet". Ông dùng giống ớt "Palemo" ghép trên 3 giống dùng làm gốc ghép gồm "Oscos", "AR40" và "Tresor" đồng thời giống "Palemo" được trồng làm đối chứng không ghép. Sản lượng trái trung bình được tính bằng kg/cây biểu hiện khác biệt có ý nghĩa giữa cây ghép và không ghép. Theo báo cáo của Lee (1994) kết luận rằng hình dạng trái cây bị ảnh hưởng bởi gốc ghép. Yagishita (1961) đã cho thấy rằng việc ghép cây dẫn đến việc thay đổi dạng quả. Một nghiên cứu của Stroun khi ghép loài cà tím có trái tròn màu đỏ

lên cà tím có trái dài màu tím, sau ba thế hệ thu được các loại tròn dài và dài màu trắng có thể có sọc tím hay không có sọc tím. Colla *et al*. (2008) khi nghiên cứu về ảnh hưởng của việc ghép cây lên năng suất và chất lượng của quả ớt ở điều kiện nhà kính thì kết quả cho thấy sản lượng quả và trọng lượng quả trung bình có thể tiêu thu được, tuy nhiên về hình dạng quả không có sự khác biệt. Nghiên cứu của Aloni *et al.* (2010) cho thấy ghép giúp tăng kích thước trái từ cây ghép.

➢ ***Hiểm – Sừng***

Dạng trái của các nghiệm thức ghép H-S đều có dạng thon dài thiên về giống với cành ghép Sừng. Màu trái lúc chín màu đỏ, nhăn và cong như cành ghép Sừng (Hình 4.9).



Hình 4.9: Dạng trái cặp ghép Hiểm-Sừng (8/2020)

(A) Hiểm, (B) Sừng, (C) H-S 50-15, (D) H-S 50-20, (E) H-S 60-20, (F) H-S 60-25, (G) H-S 70-25, (H) H-S 70-30

Trong các nghiệm thức ghép của cặp ghép Hiểm-Sừng nhận thấy nhìn chung chiều dài trái có cuống nhỏ hơn so với cành ghép và lớn hơn gốc ghép. Tuy nhiên ở chỉ tiêu độ dài trái không cuống thì nghiệm thức H-S 50-15 và H-S 50-20 thể hiện cao hơn cành ghép Sừng. Đối với chỉ tiêu chiều rộng trái cũng là 2 nghiệm thức H-S 50-15 và H-S 50-20 lớn hơn các nghiệm thức còn lại và lớn hơn so với cành ghép Sừng. Nghiệm thức H-S 60-20, H-S 60-25 và H-S 70-30 có chiều dài trái không cuống và chiều rộng trái nhỏ hơn các nghiệm thức ghép còn lại và nhỏ hơn cành ghép Sừng. Tỉ số dài trên rộng trái của các nghiệm thức thiên về giống với cành Sừng và có 2 nghiệm thức cao hơn cành ghép sừng là ở độ tuổi 60 ngày 25 cm và 70 ngày 30 cm (Bảng 4.16).

Bảng 4.16: Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Hiểm-Sừng

Nghiệm thức	Chiều dài trái (có cuống, cm)	Chiều dài trái (không cuống, cm)	Chiều rộng trái (cm)	Tỉ số dài/rộng trái
Hiểm	$6,91^{e} \pm 0,36$	$3,59^{f} \pm 0,33$	$0,8^{f} \pm 0,43$	$4,47^{e} \pm 0,49$
Sừng	$9,95^{a} \pm 1,06$	$7,92^{ab} \pm 0,83$	$1,41^{c} \pm 0,16$	$5.67^{b} \pm 0,82$
H-S 50-15	$9,59^{b} \pm 0.59$	$8,11^{a} \pm 0,56$	$1,51^{b} \pm 0,11$	$5,38^{cd} \pm 0,46$
H-S 50 -20	$9,5^{b} \pm 0,84$	$8,09^{a} \pm 0,79$	$1,56^{a} \pm 0,1$	$5,22^{d} \pm 0,72$
H-S 60-20	$8,58^{c} \pm 0.41$	$5,94^{e} \pm 0,19$	$1,08^{e} \pm 0,09$	$5,55^{bc} \pm 0,51$
H-S 60-25	$9,44^{b} \pm 0,45$	$7,17^{c} \pm 0,27$	$1,18^{d} \pm 0,1$	$6,12^{a} \pm 0,53$
H-S 70-25	$9,45^{b} \pm 0,62$	$7,8^{b} \pm 0,54$	$1,42^{c} \pm 0,13$	$5,51^{bc} \pm 0,61$
H-S 70-30	$8,26^{d} \pm 0,38$	$6,69^{d} \pm 0,19$	$1,08^{e} \pm 0,09$	$6,14^{a} \pm 0,78$
F	**	**	**	**
CV(%)	7,06	7,53	9,12	11,49

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Chiều dài cuống của cành ghép thấp hơn gốc ghép. Khi ghép giữa gốc ghép có chiều dài cuống dài với cành ghép có chiều dài cuống ngắn thu được các cây ghép có sự khác biệt rõ rệt về chiều dài cuống ở các nghiệm thức ghép cụ thể như sau: có 2 nghiệm thức ghép ở độ tuổi 60 ngày có chiều dài cuống cao hơn cành ghép, các nghiệm thức còn lại đều có chiều cuống nhỏ hơn cành ghép. Như vậy ở độ tuổi 60 ngày đã có sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép làm cho cây ghép có sự thay đổi độ dài cuống theo hướng giống như gốc ghép.

Chiều dày vách của 2 nghiệm thức 50 ngày cao hơn cành ghép Sừng, còn lại các nghiệm thức khác không có sự khác biệt hoặc nhỏ hơn cành ghép.

Đối với chỉ tiêu khối lượng trái tương tự ở nghiệm thức ghép 50 ngày 20 cm có khối lượng trái cao hơn cành Sừng, các nghiệm thức còn lại tương đương hoặc nhỏ hơn so với Sừng (Bảng 4.17).

Bảng 4.17: Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Hiểm-Sừng

Nghiệm thức	Chiều dài cuống (cm)	Chiều dày vách trái (cm)	Khối lượng trái (g)
Hiểm	$3,32^{a} \pm 0,31$	$0,12^{e} \pm 0,03$	$0,81^{f} \pm 0,53$
Sừng	$2,04^{d} \pm 0,69$	$0,18^{b} \pm 0,02$	$3,79^{b} \pm 0,81$
H-S 50-15	$1,48^{fg} \pm 0,21$	$0,2^{a} \pm 0,1$	$3,68^{b} \pm 3,68$
H-S 50 -20	$1,4^{g} \pm 0,32$	$0,21^{a} \pm 0,12$	$4,01^{a} \pm 4,01$
H-S 60-20	$2,64^{b} \pm 0,38$	$0,16^{d} \pm 0,1$	$2,53^{e} \pm 2,53$
H-S 60-25	$2,28^{c} \pm 0,42$	$0,17^{c} \pm 0,14$	$2,56^{e} \pm 2,56$
H-S 70-25	$1,65^{e} \pm 0,43$	$0,18^{b} \pm 0,14$	$3,45^{c} \pm 3,45$
H-S 70-30	$1,57^{ef} \pm 0,39$	$0,17^{c} \pm 0,15$	$2,81^{d} \pm 2,81$
F	**	**	**
CV(%)	20,34	7,06	15

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Chỉ tiêu số hạt trên trái của các nghiệm thức không có sự khác biệt đáng kể so với cành ghép. Đối với chỉ tiêu số trái trên cây phần lớn các nghiệm thức ghép đều nhỏ hơn so với cành ghép và nhỏ hơn gốc ghép. Vì vậy khối lượng trái trên cây cũng nhỏ hơn so với cành ghép.

Bảng 4.18: Năng suất của tổ hợp ghép Hiểm – Sừng

Nghiệm thức	Số hạt/trái	Khối lượng hạt/trái (g)	Số trái/cây	Khối lượng trái/cây (g)
Hiểm	$51^{c} \pm 4,2$	$0,3^{c} \pm 0,1$	$63,7^{a} \pm 5,95$	$52^{f} \pm 4,83$
Sừng	$58^{a} \pm 3,3$	$0,41^{a} \pm 0,3$	$37,1^{b} \pm 4,41$	$140,66^{a} \pm 14,6$
H-S 50-15	$55,4^{b} \pm 5,9$	$0,35^{b} \pm 0,12$	$25,2^{cd} \pm 2,44$	$91,31^{c} \pm 6$
H-S 50 -20	$59^{a} \pm 7,4$	$0,43^{a} \pm 0,02$	$29,5^{c} \pm 3,67$	$118^{b} \pm 14,76$
H-S 60-20	$51,4^{c} \pm 6,8$	$0,34^{b} \pm 0,06$	$26,7^{c} \pm 1,89$	$66,89^{e} \pm 4,63$
H-S 60-25	$51,5^{c} \pm 5,7$	$0,33^{b} \pm 0,04$	$34,5^{b} \pm 3,57$	$89,05^{cd} \pm 8,66$
H-S 70-25	$54^{bc} \pm 8,1$	$0,34^{b} \pm 0,1$	$22,7^{d} \pm 2,58$	$78,73^{d} \pm 8,86$
H-S 70-30	$50^{c} \pm 4.3$	$0,3^{c} \pm 0,07$	$23,5^{d} \pm 2,95$	$66,06^{e} \pm 7,96$
F	**	**	**	**
CV(%)	14,5	20,1	11,07	10,87

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%*

❖ Hướng trái

Hướng trái của các nghiệm thức trong tổ hợp ghép Sừng – Hiểm đều có dạng chỉ thiên (Hình 4.10) giống như của cành ghép Hiểm thuần chủng.

Hình 4.10: Hướng trái của tổ hợp ghép Sừng-Hiểm (8/20200

Hướng trái của tổ hợp ghép Hiểm-Sừng có dạng chỉ địa giống với hướng trái của cành ghép Sửng thuần chủng (Hình 4.11)

Hình 4.11: Hướng trái của tổ hợp ghép Hiểm – Sừng (8/2020)

b) Cặp Cà - Hiểm và Hiểm – Cà

❖ Tính trạng chiều cao cây

➢ *Cà – Hiểm*

Kết quả khảo sát chiều cao cây ở giai đoạn cây bắt đầu trổ hoa và lúc trái chín được trình bày ở Hình 4.19.

Bảng 4.19: Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của cặp ghép Cà-Hiểm

Nghiệm thức	Chiều cao cây lúc trổ	Chiều cao cây lúc chín
Cà	$62,3^{a}$±7,97	$76,3^{a}$±5,41
Hiểm	$47,7^{b}$±2,87	$63,4^{b}$±4,35
S–H 50-15	$41,8^{b}$±8,37	$56,8^{b}$±5,63
S–H 50 -20	$41,2^{b}$±7,55	$57,2^{b}$±7,17
S–H 60-20	$46,1^{b}$±5,28	$58,1^{b}$±5,06
S–H 60-25	$43,6^{b}$±4,83	$55,4^{b}$±4,74
S–H 70-25	40^{b}±4,49	$56,7^{b}$±4,71
S–H 70-30	$45,5^{b}$±6,2	$59,6^{b}$±5,08

F	**	**
CV(%)	13,5	8,83

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% .*

Thân cây trồng nói chung và cây ớt nói riêng là bộ phận quan trọng nâng đỡ toàn cây. Thân là nơi trung gian vận chuyển các dòng nhựa nguyên và nhựa luyện trong cây. Thân to cành lá khỏe cây sinh trưởng phát triển tốt là nơi nâng đỡ cho trái và nuôi trái. Việc nghiên cứu chiều cao cây không chỉ để cho ta biết được về khả năng sinh trưởng của cây trồng mà còn phản ánh một số đặc điểm nông sinh học khác của cây như: khả năng chống đổ, số lá trên cây, số cành, số chùm hoa và số trái.

Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của tổ hợp ghép và 2 giống thuần chủng khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức 1%. Chiều cao cây lúc trổ dao động từ 40 cm đến 62,3 cm. Kết quả kiểm định Ducan ở mức 0,01 cho thấy gốc ghép Cà thuần chủng có chiều cao lúc trổ cao nhất khác biệt có ý nghĩa thống kê so với các nghiệm thức còn lại, cành ghép Hiểm đối chứng và các nghiệm thức ghép không khác biệt có ý nghĩa thống kê.

Hình 4.12 : Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Cà-Hiểm (7,8/2020)

Chiều cao cây lúc chín cho thấy cây vươn dài thêm bao nhiêu so với lúc trổ hoa. Cây cao là một đặc điểm tốt, phơi bông nên thuận lợi cho thu hoạch và phòng trừ sâu bệnh. Tuy nhiên cây cao dễ bị đổ ngã trong giai đoạn tạo trái và dễ bị nhiễm bệnh vì vậy cần chống đỡ và phòng bệnh hợp lí. Chiều cao cây lúc chín dao động từ 55,4 cm đến 76,4 cm. Tương tự với chiều cao cây lúc chín của các nghiệm thức ghép và cành ghép Hiểm cũng không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê và đều nhỏ hơn chiều cao cây lúc chín của gốc ghép Cà thuần chủng.

Cây càng cao các cành bậc 2, 3, 4 càng nhiều, lá nhiều giúp cây quang hợp tạo ra lượng chất hữu cơ lớn. Cành nhiều khả năng ra hoa và cho trái càng cao giúp nâng cao năng suất. Chiều cao cây quá cao cũng ảnh hưởng đến khả năng chống đỡ của cây vào mùa mưa, cây dễ đổ ngã, gãy nhánh.

➢ ***Hiểm – Cà***

Đối với cặp ghép Hiểm-Cà kết quả chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc trổ và lúc chín được thể hiện ở Bảng 4.20.

Bảng 4.20: Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của cặp ghép Hiểm-Cà

Nghiệm thức	Chiều cao cây lúc trổ	Chiều cao cây lúc chín
Hiểm	$46,4^{b}$±2,54	$62,7^{b}$±4,54
Cà	63^{a}±8,4	$76,9^{a}$±5,8
H-C 50-15	$39,3^{c}$±3,3	$51,4^{c}$±2,63
H-C 50 -20	$41,9^{bc}$±4,8	$53,8^{c}$±4,78
H-C 60-20	$40,1^{bc}$±2,6	$52,2^{c}$±3,29
H-C 60-25	$42,1^{bc}$±4,55	$54,9^{c}$±5,3
H-C 70-25	$38,7^{c}$±3,56	$50,9^{c}$±2,99
H-C 70-30	$41,7^{bc}$±6,18	$54,1^{c}$±6,38
F	**	**
CV(%)	11,04	8,13

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% .*

Hình 4.13 : Cây lúc trổ và lúc chín cặp ghép Hiểm-Cà (7/8/2020)

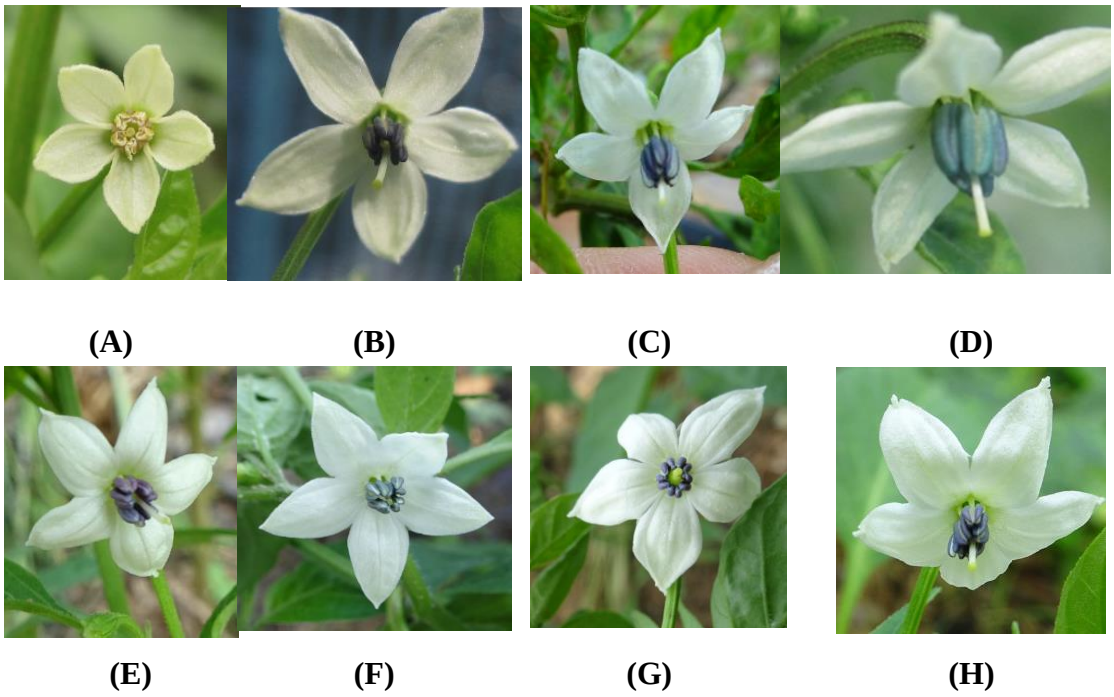
Chiều cao cây lúc trổ và chiều cao cây lúc chín của tổ hợp ghép và 2 giống thuần chủng khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức 1%. Chiều cao cây lúc trổ của cành ghép cao hơn cành ghép, tuy nhiên ở các nghiệm thức ghép lại thể hiện chiều cao cây lúc trổ

thấp hơn cành ghép và thiên về giống với gốc ghép hoặc thấp hơn gốc ghép. Giữa các nghiệm thức ghép cũng không có sự khác biệt về mặt thống kê. Tương tự đối với chiều cao cây lúc chín giữa các nghiệm thức ghép không có sự khác biệt và đều thể hiện thấp hơn so với cành ghép và cả gốc ghép.

❖ **Tính trạng hoa**

➢ ***Cà – Hiểm***

Màu cánh hoa của các nghiệm thức Cà – Hiểm có màu trắng khác so với màu cánh hoa Cà thuần chủng và giống với cành ghép Hiểm thuần chủng. Dạng cánh hoa nhìn chung giống với cành ghép Hiểm thuần chủng.



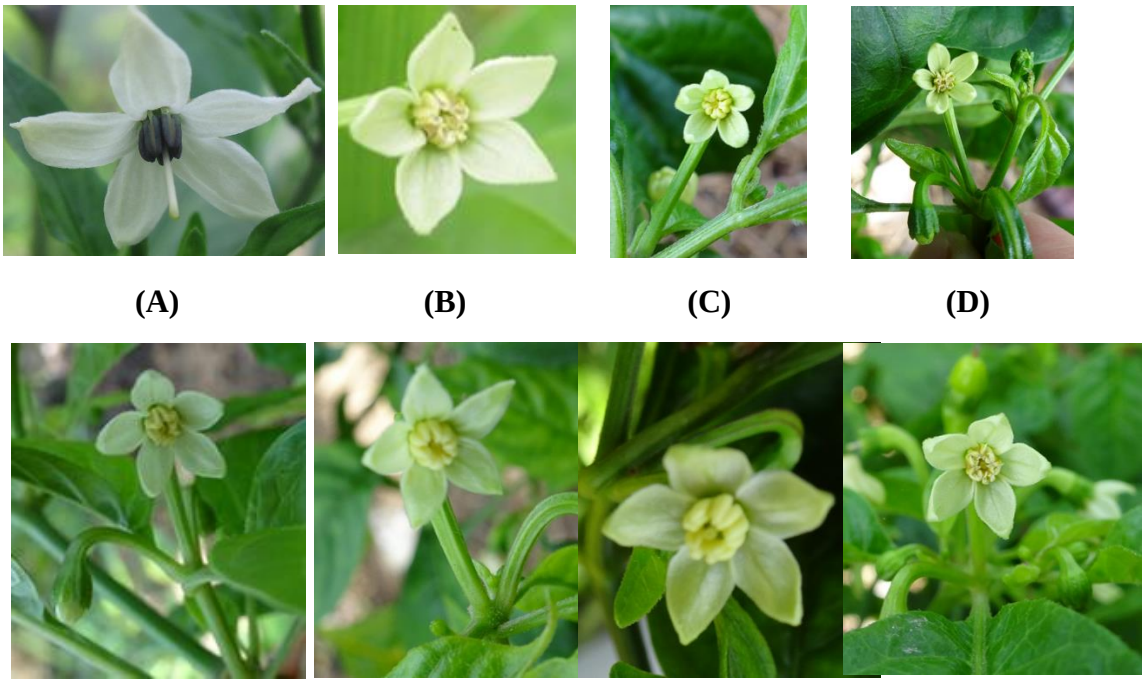
Hình 4.14: Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Cà-Hiểm (7/2020)

(A) *Cà, (B) Hiểm, (C) C-H 50-15, (D) C-H 50-20, (E) C-H 60-20, (F) C-H 60-25, (G) C-H 70-25, (H) C-H 70-30*

Bao phấn của các cây ghép Cà – hiểm ở thế hệ tự thụ có các màu từ xanh đến tím nhạt và tím khác biệt so với màu tím đậm của Hiểm thuần và vàng của cà thuần chủng. Qua đây nhận thấy màu bao phấn có sự thay đổi đáng kể ở các nghiệm thức ghép so với cành ghép Hiểm. Điều này cho thấy việc ghép giữa cây có màu bao phấn tím với gốc ghép có màu bao phấn vàng đã làm thay đổi màu bao phấn tím ban đầu thành các dạng màu khác nhau từ xanh đến tím nhạt và tím. Cụ thể phần lớn các nghiệm thức có bao phấn xanh và nghiệm thức 60 20 và 70 25 có màu tím nhạt và tím gần với Hiểm thuần chủng. Qua đó cho thấy việc ghép ở độ tuổi cao và chiều cao gốc ghép có ảnh hưởng đến sự thay đổi màu bao phấn của cây ghép.

➢ ***Hiểm – Cà***

Màu cánh hoa của các nghiệm thức Hiểm – Cà được thể hiện ở hình 4.15.



(A) **(B)** **(C)** **(D)**

(E) **(F)** **(G)** **(H)**

Hình 4.15: Màu hoa và màu bao phấn cặp ghép Hiểm-Cà (8/2020)

(A) Hiểm, (B) Cà, (C) H-C 50-15, (D) H-C 50-20, (E) H-C 60-20, (F) H-C 60-25, (G) H-C 70-25, (H) H-C 70-30

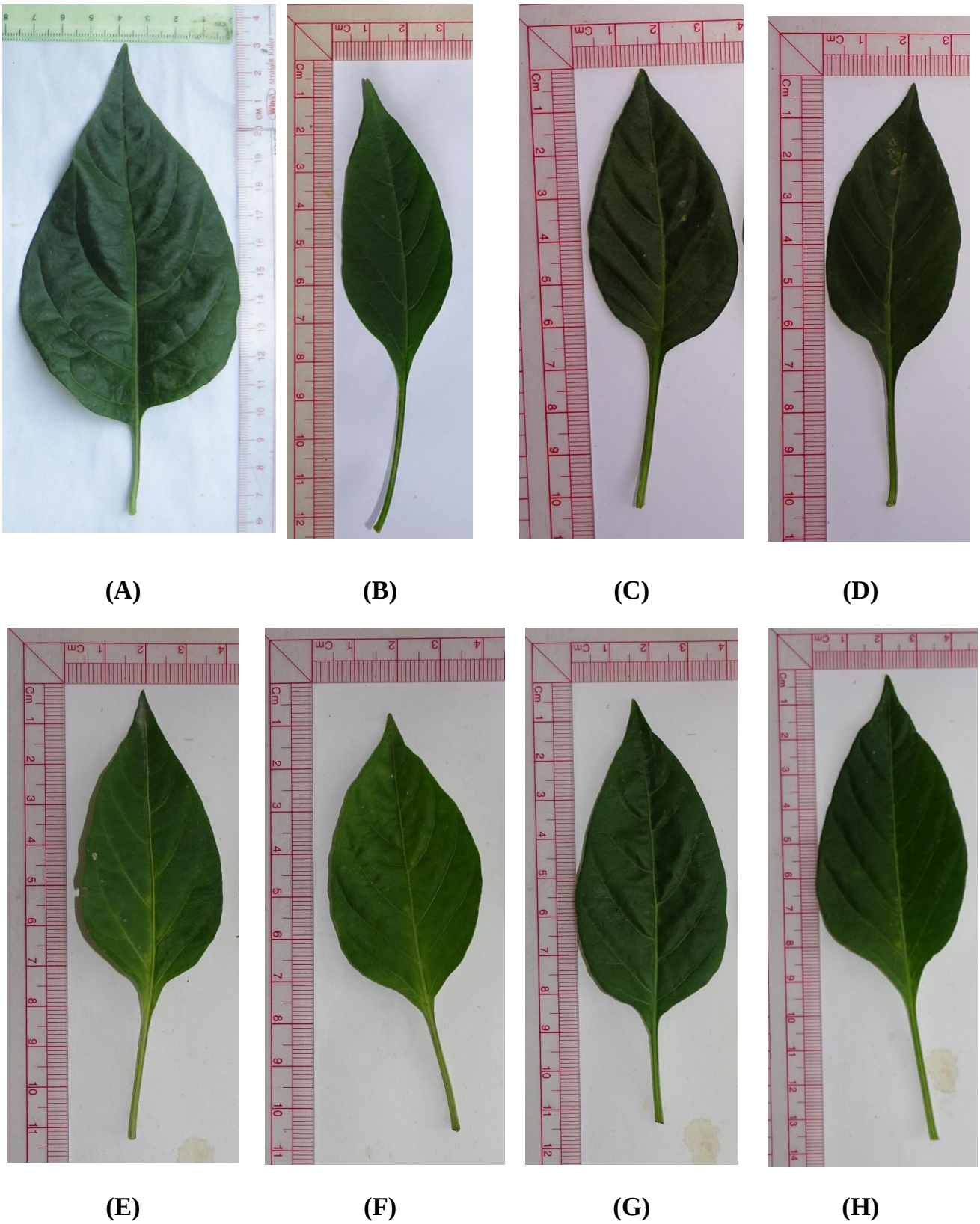
Đối với cặp ghép Hiểm – Cà các nghiệm thức ghép có dạng hoa và màu cánh hoa đa số giống với cành ghép Cà thuần chủng. Cà thuần chủng có đặc điểm nhiều hoa trên cuốn và các nghiệm thức ghép cũng có đặc điểm nhiều hoa trên cuốn. Đối với màu bao phấn cũng có màu vàng như của Cà thuần chủng. Như vậy đối với cặp ghép này không có sự thay đổi đáng kể về dạng hoa của các nghiệm thức ghép so với cành ghép đối chứng.

❖ **Dạng lá**

➢ ***Cà – Hiểm***

Dạng lá của các nghiệm thức ghép Cà – Hiểm được thể hiện ở bảng 4.21 và hình 4.16. Dạng lá của các nghiệm thức ghép có sự thay đổi đa dạng đối với cặp ghép Cà - Hiểm có dạng trung gian giữa Cà và Hiểm như dạng trái xoan đến gần tam giác.

Đối với chỉ tiêu kích thước lá nhận thấy cả chiều dài lá không cuống và đường kính lá của gốc ghép Cà đều lớn hơn so với cành ghép Hiểm. Đối với chiều dài lá không cuống các nghiệm thức ghép phần lớn có kích thước gần với cành ghép Hiểm hơn so với gốc ghép Cà. Tuy nhiên đối với tính trạng đường kính lá của các nghiệm thức ghép thì có sự khác biệt đa dạng từ nhỏ hơn đường kính lá của cành ghép Hiểm đến tương đương và cao hơn so với cành ghép Hiểm, cụ thể cặp ghép C-H 50 20 có đường kính thấp nhất là 3,21 cm và 2 nghiệm thức C-H 70 25 và C-H 70 30 có đường kính lá vượt trội hơn các nghiệm thức còn lại và cao hơn cành ghép Hiểm tương ứng có kích thước là 3,98 cm và 4,06 cm.



Hình 4.16: Dạng lá cặp ghép Cà-Hiểm (7/2020)

(A) Cà, (B) Hiểm, (C) C-H 50-15, (D) C-H 50-20, (E) C-H 60-20, (F) C-H 60-25, (G) C-H 70-25, (H) C-H 70-30

Điều này cho thấy đường kính lá của các nghiệm thức ghép có xu hướng phát triển kích thước cao hơn so với cành ghép. Ở cặp ghép này gốc ghép có đường kính lớn hơn nhiều so với cành ghép, khi ghép thu được các cây ghép có đường kính có xu

hướng cao hơn cành ghép, điều này cho thấy với tính trạng đường kính lá đã có sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép và làm xuất hiện các cây ghép có đường kính lá tăng theo hướng đường kính lá của gốc ghép.

Xét về tỉ số dài/rộng lá (tỉ số thể hiện hình dạng lá) nhận thấy gốc ghép Cà có tỉ số thấp hơn cành ghép Hiểm. Kết quả từ bảng 4.21 cho thấy phần lớn các nghiệm thức ghép có tỉ số dài/rộng lá thiên về giống với cành ghép Hiểm chỉ có 2 nghiệm thức C-H 50-15 và C-H 60-25 có tỉ số thiên về giống với gốc ghép Cà, điều này cho thấy 2 nghiệm thức này có dạng lá gần giống với dạng lá với gốc ghép Cà hơn giống với cành ghép Hiểm. Vì vậy có thể kết luận ở tính trạng lá đã có sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép ở các tính trạng kích thước lá và từ đó gây ra sự thay đổi về hình dạng lá của cây ghép so với cành ghép.

Bảng 4.21: Chiều dài và rộng lá của tổ hợp ghép Cà – Hiểm

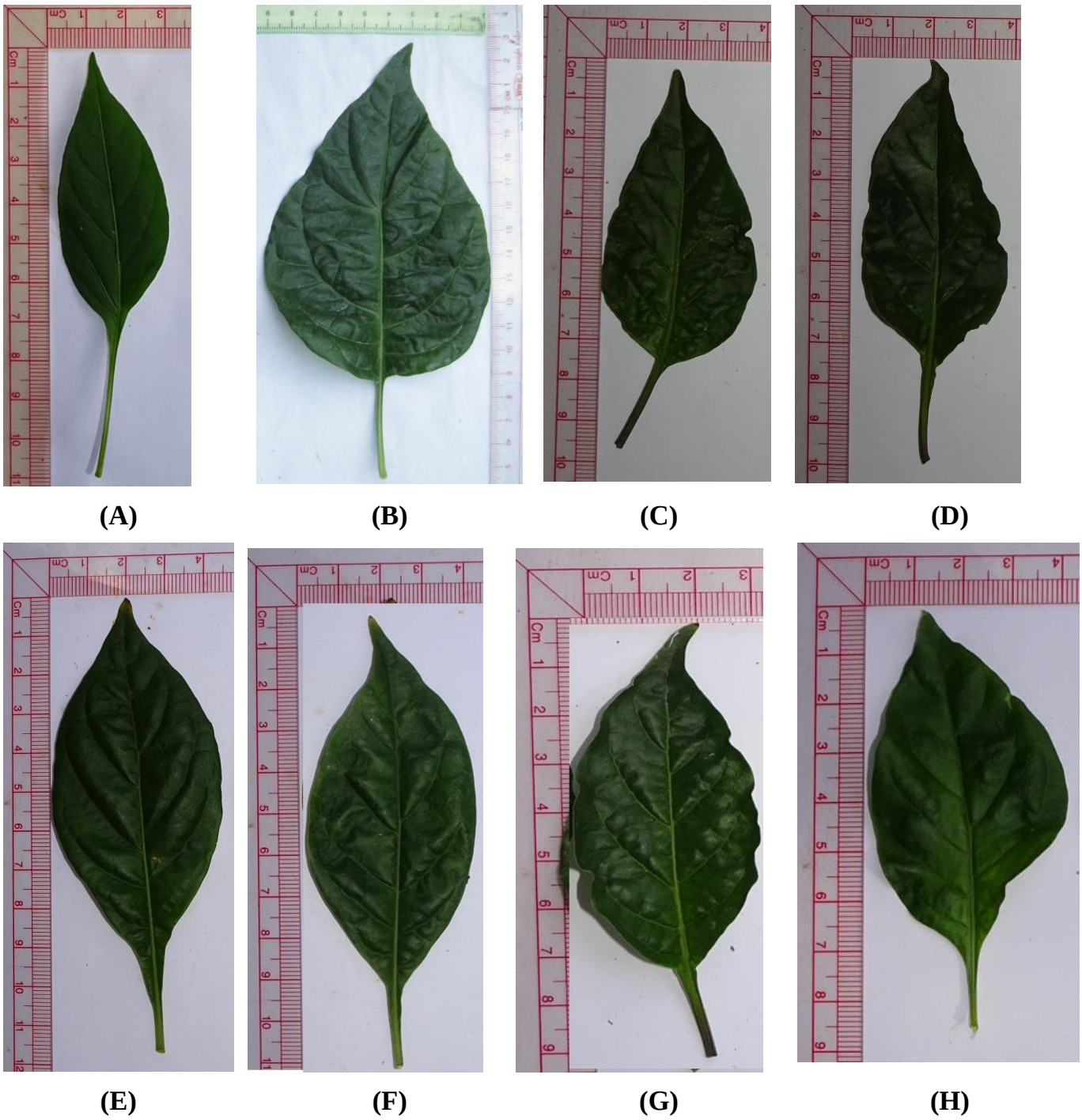
Nghiệm thức	Chiều dài lá (cm)	Chiều dài lá không cuống (cm)	Chiều rộng lá (cm)	Tỉ số dài/rộng lá
Cà	$16,93^{a}$± 0,6	$13,68^{a}$± 0,56	$7,39^{a}$± 0,49	$1,86^{e}$± 0,17
Hiểm	$13,29^{b}$± 0,45	$10,25^{a}$± 0,95	$3,86^{c}$± 0,26	$2,66^{a}$± 0,18
C–H 50-15	$10,53^{e}$± 0,24	$6,54^{g}$± 0,32	$3,81^{cd}$± 0,18	$1,72^{f}$± 0,08
C–H 50 -20	$10,37^{e}$± 0,25	$6,47^{g}$± 0,32	$3,21^{f}$± 0,16	$2,01^{d}$± 0,09
C–H 60-20	$11,42^{c}$± 1,04	$7,4^{e}$± 0,2	$3,54^{e}$± 0,18	$2,1^{c}$± 0,13
C–H 60-25	$9,85^{f}$± 0,21	$6,9^{f}$± 0,3	$3,75^{d}$± 0,19	$1,84^{e}$± 0,09
C–H 70-25	$11,05^{d}$± 0,34	$8,1^{d}$± 0,17	$3,98^{b}$± 0,11	$2,03^{cd}$± 0,06
C–H 70-30	$13,2^{b}$± 0,51	$8,99^{c}$ ± 0,19	$4,06^{b}$± 0,25	$2,22^{b}$± 0,13
F	**	**	**	**
CV(%)	4,3	5,23	6,02	5,9

Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% .

➢ ***Hiểm – Cà***

Ngược lại đối với cặp ghép Hiểm - Cà dạng lá phần lớn gần tam giác giống như cành ghép Cà, tuy nhiên cũng có một số nghiệm thức lá có dạng trái xoan thể hiện trung gian giữa Cà (tam giác) và Hiểm (mũi mác).

Đối với cặp ghép Hiểm - Cà các tính trạng số lượng của lá được trình bày ở Bảng 4.22 và hình dạng lá được thể hiện ở hình 4.17. Kết quả phân tích thống kê cho thấy ở cặp ghép này tính trạng chiều dài lá không cuống của các nghiệm thức ghép đều nhỏ hơn so với cành ghép Cà. Tương tự tính trạng chiều rộng lá cũng nhỏ hơn so với cành ghép Cà thuần chủng. Đặc biệt khi nhìn về hình dạng bên ngoài nhận thấy đa số các nghiệm thức ghép có lá dạng trái xoan không thể dạng tam giác như cành ghép.



Hình 4.17: Dạng lá cặp ghép Hiểm-Cà (8/2020)

(A) Hiểm, (B) Cà, (C) H-C 50-15, (D) H-C 50-20, (E) H-C 60-20, (F) H-C 60-25, (G) H-C 70-25, (H) H-C 70-30

Xét về tỉ số dài/rộng lá nhận thấy có nghiệm thức ghép H-C 70-30 có tỉ số dài/rộng lá thiên về giống với cành ghép Cà nhất, trong khi đó các nghiệm thức ghép còn lại đều có tỉ số thiên về giống gốc ghép Hiểm thuần chủng. Kết quả cho thấy gốc ghép Hiểm đều có kích thước chiều dài và chiều rộng lá nhỏ hơn so với cành ghép Cà, khi ghép thu được các cây ghép đều có kích thước lá nhỏ hơn so với cành ghép. Còn xét về tỉ số dài/rộng lá thì phần lớn thiên về giống với gốc ghép Hiểm hơn so với cành ghép Cà. Ở đây cũng có thể kết luận việc ghép gây ra sự ảnh hưởng của gốc ghép lên

cành ghép làm cho kích thước cũng như hình dạng lá của cây ghép theo hướng giống với gốc ghép.

Bảng 4.22: Chiều dài và rộng lá của tổ hợp ghép Hiểm – Cà

Nghiệm thức	Chiều dài lá (cm)	Chiều dài lá không cuống (cm)	Chiều rộng lá (cm)	Tí số dài/rộng lá
Hiểm	13,1^{b}± 0,4	10,16^{b}± 0,97	3,82^{d}± 0,28	2,69^{a}± 0,23
Cà	17,3^{a}± 0,57	13,79^{a}± 0,51	7,87^{a}± 0,57	1,76^{e}± 0,14
H-C 50-15	9,5^{f}± 0,19	7,28^{f}± 0,16	3,75^{d}± 0,14	1,94^{d}± 0,09
H-C 50 -20	9,9^{e}± 0,18	7,44^{e}± 0,23	3,58^{e}± 0,18	2,08^{c}± 0,12
H-C 60-20	11,41^{c}± 0,14	8,75^{d}± 0,15	4,43^{b}± 0,12	1,97^{d}± 0,06
H-C 60-25	11,04^{d}± 0,17	8,92^{c}± 0,17	4,15^{c}± 0,18	2,15^{b}± 0,1
H-C 70-25	8,82^{g}± 0,18	7,23^{f}± 0,15	3,38^{f}± 0,17	2,14^{b}± 0,1
H-C 70-30	8,42^{h}± 0,21	6,79^{g}± 0,28	4,05^{c}± 0,12	1,67^{f}± 0,07
F	**	**	**	**
CV(%)	2,6	4,8	6,0	6,17

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% .*

❖ **Dạng trái**

➢ ***Cà – Hiểm***

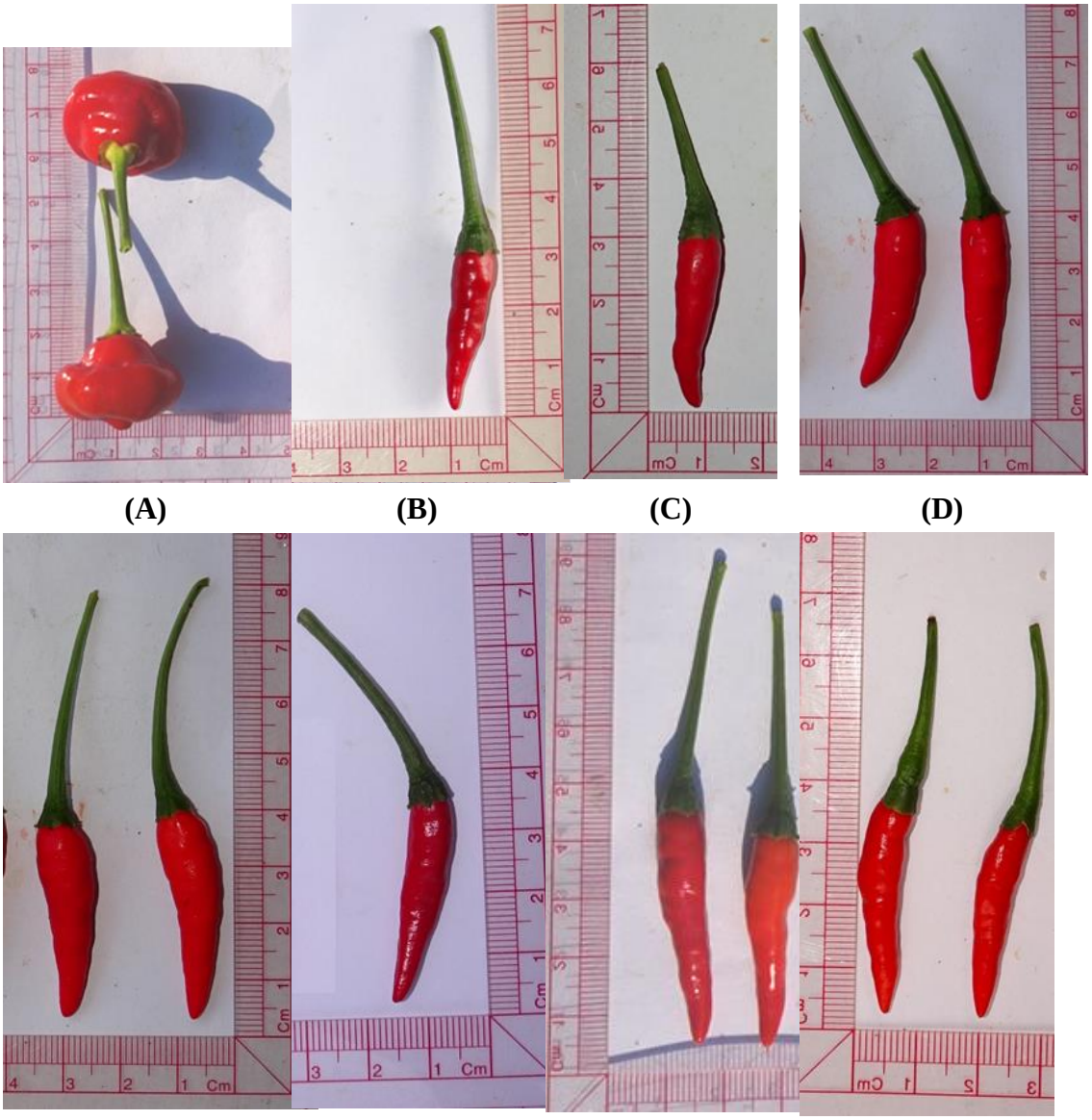
Trái của các nghiệm thức Cà-Hiểm có dạng thon, thẳng, dài, khi chín có màu đỏ giống với hình dạng trái ớt Hiểm thuần chủng (Hình 4.18).

Bảng 4.23: Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Cà – Hiểm

Nghiệm thức	Chiều dài trái (cm)	Chiều dài trái (không cuống, cm)	Chiều rộng trái (cm)	Tỉ số dài/rộng trái
Cà	5,5^{g}±0,26	2,49^{f}±0,16	2,73^{a}±0,34	0,92^{d}±0,1
Hiểm	6,91^{e}±0,32	3,56^{d}±0,32	0,79^{b}±0,05	4,5^{c}±0,5
C–H 50-15	6,36^{f}±0,3	3,69^{b}±0,16	0,7^{c}±0,06	5,27^{b}±0,44
C–H 50 -20	7,3^{c}±0,47	3,61^{c}±0,16	0,82^{b}±0,07	4,43^{c}±0,4
C–H 60-20	7,69^{b}±0,18	3,62^{c}±0,14	0,83^{b}±0,09	4,39^{c}±0,5
C–H 60-25	7,14^{d}±0,2	3,51^{d}±0,1	0,69^{c}±0,08	5,18^{b}±0,66
C–H 70-25	8,56^{a}±0,25	4,35^{a}±0,22	0,82^{b}±0,05	5,33^{b}±0,53
C–H 70-30	6,36^{f}±0,11	3,38^{e}±0,12	0,61^{d}±0,06	5,64^{a}±0,69
F	**	**	**	**
CV(%)	4,0	5,23	13,4	11,93

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Tuy nhiên cũng có sự khác biệt về hình dạng khi so sánh dạng trái giữa các nghiệm thức như nghiệm thức C – H 60 20 và C – H 70 30 có dạng trái thon dài nhưng thon nhỏ đều từ cuống đến chóp trái, còn các nghiệm thức khác thì có sự to ra ở phần gần đầu cuống như đối với trái Hiểm thuần chủng.



Hình 4.18: Dạng trái cặp ghép Cà-Hiểm (8/2020)

(A) Cà, (B) Hiểm, (C) C-H 50-15, (D) C-H 50-20, (E) C-H 60-20, (F) C-H 60-25, (G) C-H 70-25, (H) C-H 70-30 (B)

Như vậy xét kỹ về mặt hình dạng trái nhận thấy có sự khác biệt về hình dạng trái so với cành ghép đối chứng. Qua đây nhận thấy ở nghiệm thức 60 20 và 70 30 có sự thay đổi về dạng trái thấy rõ so với các nghiệm thức ghép khác. Từ đó nhận thấy việc ghép ớt ở độ tuổi và chiều dài gốc ghép cao đã mang đến sự thay đổi về hình dạng

trái của cây ghép so với cành ghép ban đầu. Dạng chóp trái phần lớn dạng nhọn giống như trái Hiểm.

Khi ghép giữa gốc ghép Cà có trái dạng tròn, màu trái chưa chín vàng, màu trái lúc chín đỏ với cành ghép Hiểm có trái dạng thon thu được các cây ghép có trái dạng thon, màu trái lúc chín đỏ (Hình 4.18). Kết quả phân tích thống kê ở Bảng 4.24 nhận thấy khối lượng trái của gốc ghép Cà cao hơn so với cành ghép Hiểm. Vì vậy thông qua ghép gốc ghép đã ảnh hưởng làm thay đổi khối lượng trái của cành ghép thể hiện ở một số nghiệm thức như C-H 60-20 và C-H 70-25 có khối lượng trái cao hơn so với cành ghép Hiểm, ở các nghiệm thức còn lại không có sự thay đổi so với Hiểm hoặc nhỏ hơn Hiểm.

Bảng 4.24: Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Cà – Hiểm

Nghiệm thức	Chiều dài cuống (cm)	Chiều dày vách trái (cm)	Khối lượng trái (g)
Cà	$3,05^{e}$±0,29	$0,19^{a}$±0,12	$2,66^{a}$±0,36
Hiểm	$3,35^{d}$±0,3	0.13^{b}±0,13	$0,82^{d}$±0,15
C–H 50-15	$2,66^{f}$±0,31	$0,11^{b}$±0,1	$0,84^{cd}$±0,13
C–H 50 -20	$3,69^{c}$±0,49	$0,12^{b}$±0,2	$0,9^{c}$±0,15
C–H 60-20	$4,07^{b}$±0,25	$0,12^{b}$±0,23	$1,01^{b}$±0,12
C–H 60-25	$3,62^{c}$±0,22	$0,11^{b}$±0,2	$0,89^{ed}$±0,1
C–H 70-25	$4,21^{a}$±0,3	$0,09^{b}$±0,12	$1,02^{b}$±0,17
C–H 70-30	$2,99^{e}$±0,15	$0,11^{b}$±0,11	$0,74^{e}$±0,18
F	**	**	**
CV(%)	8,76	8,06	16,6

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Số trái trên cây và khối lượng trái trên cây là yếu tố quan trọng ảnh hưởng đến năng suất của giống. Đối với cặp ghép này cành ghép có số trái trên cây của gốc ghép cao hơn rất nhiều so với cành ghép. Tuy nhiên cây ghép có số trái trên cây cũng tương tự hoặc thấp hơn với cành ghép, và cũng chính vì vậy mà khối lượng trái trên cây của các nghiệm thức ghép cũng không có sự khác biệt so với cành ghép và đều nhỏ hơn so với gốc ghép.

Như vậy mặc dù việc ghép không gây ra sự thay đổi về số trái trên cây so với cành ghép, nhưng dưới sự ảnh hưởng của gốc ghép Cà có khối lượng trái cao hơn nên đã tạo ra các cây ghép có khối lượng trái vượt trội hơn so với cành ghép.

Bảng 4.25: Năng suất của tổ hợp ghép Cà – Hiểm

Nghiệm thức	Số hạt/trái	Khối lượng hạt/trái (g)	Số trái/cây	Khối lượng trái/cây (g)
Cà	56^{a}±5,2	0,42^{a}±0,05	173,7^{a}±18,98	462,33^{a}±50,4
Hiểm	49,8^{bc}±4,3	0,29^{c}±0,02	61,7^{b}±5,42	51,8^{b}±4,18
C–H 50-15	47,6^{bc}±6,8	0,25^{cd}±0,04	48,2^{c}±4,94	40,86^{b}±4,27
C–H 50 -20	61,5^{a}±10,4	0,34^{b}±0,03	60,5^{b}±4,22	54,73^{b}±4,07
C–H 60-20	57^{a}±5,9	0,32^{b}±0,06	52,6^{c}±7,29	53,3^{b}±7,67
C–H 60-25	51,5^{bc}±11,2	0,3^{b}±0,05	47,1^{c}±7,33	43,95^{b}±7,29
C–H 70-25	57,8^{a}±8,1	0,31^{b}±0,1	48,3^{c}±7,88	49,56^{b}±8,22
C–H 70-30	44,2^{c}±3,33	0,24^{cd}±8,06	49,2^{c}±3,88	36,61^{b}±3,14
F	**	**	**	**
CV(%)	14,8	27,1	12,9	18,8

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

➢ ***Hiểm – Cà***

Về dạng trái của cặp ghép Hiểm – Cà nhận thấy cũng có sự thay đổi về hình dạng so với cành ghép Cà, trái cũng có màu trái chưa chín màu vàng và khi chín màu đỏ, dạng tròn một số có chóp nhọn một số chóp cùn. Nhìn chung quan sát nhận thấy có sự khác biệt đáng kể so với hình dạng trái của Cà thuần chủng.

Bảng 4.26: Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Hiểm-Cà

Nghiệm thức	Chiều dài trái (có cuống, cm)	Chiều dài trái (không cuống, cm)	Chiều rộng trái (cm)	Tỉ số dài/rộng trái
Hiểm	6,96^{a}±0,29	3,55^{a}±0,31	0,81^{d}±0,06	4,4^{a}±0,53
Cà	5,54^{b}±0,25	2,48^{b}±0,16	2,74^{a}±0,32	0,92^{de}±0,1
H-C 50-15	3,77^{d}±0,31	1,89^{d}±0,28	1,82^{c}±0,2	1,05^{bc}±0,18
H-C 50 -20	3.64^{e}±0,17	1,88^{d}±0,11	2,02^{c}±0,14	0,93^{de}±0,07
H-C 60-20	3,14^{g}±0,27	1,69^{f}±0,14	2^{c}±0,18	0,85^{e}±0,09
H-C 60-25	3,89^{c}±0,47	2,17^{c}±0,22	2,01^{c}±0,32	1,12^{b}±0,24
H-C 70-25	3,53^{f}±0,37	1,61^{g}±0,13	1,83^{c}±0,2	0,89^{de}±0,11
H-C 70-30	3,62^{f}±0,10	1,8^{e}±0,16	1,87^{c}±0,16	0,97^{cd}±0,13
F	**	**	**	**
CV(%)	7	9,3	11,22	16,56

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Đối với chỉ tiêu khối lượng trái tương tự ở nghiệm thức ghép 50 ngày 20 cm có khối lượng trái cao hơn cành Sừng, các nghiệm thức còn lại tương đương hoặc nhỏ hơn so với Sừng (Bảng 4.28).

Bảng 4.27: Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Hiểm-Cà

Nghiệm thức	Chiều dài cuống (cm)	Chiều dày vách trái (cm)	Khối lượng trái (g)
Hiểm	$3,4^{a}$±0,31	$0,12^{e}$±0,03	$0,79^{f}$±0,14
Cà	$3,06^{b}$±0,28	$0,18^{b}$±0,02	$2,48^{a}$±0,42
H-C 50-15	$1,88^{cd}$±0,39	$0,2^{a}$±0,10	$1,75^{d}$±0,31
H-C 50 -20	$1,76^{ef}$±0,21	$0,21^{a}$±0,12	$2,07^{b}$±0,16
H-C 60-20	$1,45^{g}$±0,23	$0,16^{d}$±0,10	$1,91^{e}$±0,27
H-C 60-25	$1,72^{f}$±0,5	$0,17^{c}$±0,14	$1,97^{e}$±0,22
H-C 70-25	$1,92^{c}$±0,37	$0,18^{b}$±0,14	$1,49^{e}$±0,33
H-C 70-30	$1,82^{de}$±0,17	$0,17^{c}$±0,15	$1,69^{d}$±0,32
F	**	**	**
CV(%)	15,28	7,06	16

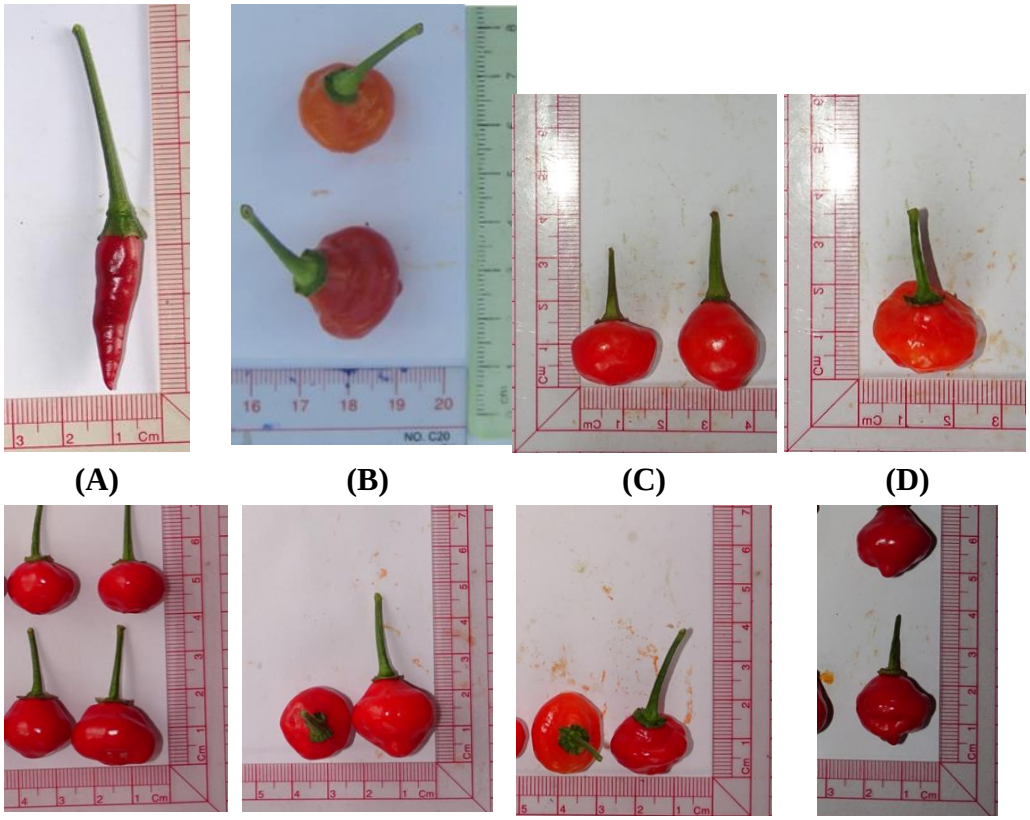
*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Cặp ghép Hiểm-Cà tương tự nhận thấy cây ghép có dạng trái tròn giống cành ghép Cà (Hình 4.19), khối lượng trái của các nghiệm thức ghép phần lớn nhỏ hơn so với cành ghép, đồng thời số trái trên cây cũng không cao hơn cành ghép dẫn đến khối lượng trái trên cây cũng có chiều hướng đa số nhỏ hơn so với cành ghép (Bảng 4.27).

Bảng 4.28: Năng suất của tổ hợp ghép Hiểm – Cà

Nghiệm thức	Số hạt/trái	Khối lượng hạt/trái (g)	Số trái/cây	Khối lượng trái/cây (g)
Hiểm	51^{c}±4,2	$0,3^{c}$±0,1	$63,8^{c}$±5,1	$50,37^{d}$±3,98
Cà	58^{a}±3,3	$0,41^{a}$±0,3	$167,3^{a}$±13,6	415^{a}±33,69
H-C 50-15	$55,4^{b}$±5,9	$0,35^{b}$±0,12	$62,8^{c}$±6,8	$110,23^{c}$±12,18
H-C 50 -20	59^{a}±7,4	$0,43^{a}$±0,02	$63,7^{c}$±8,6	$134,1^{bc}$±18,27
H-C 60-20	$51,4^{c}$±6,8	$0,34^{b}$±0,06	$57,7^{c}$±6,6	$110,03^{c}$±12,67
H-C 60-25	$51,5^{c}$±5,7	$0,33^{b}$±0,04	$67,8^{c}$±9,2	$132,2^{bc}$±18
H-C 70-25	54^{bc}±8,1	$0,34^{b}$±0,1	$83,1^{b}$±14,1	$123,62^{bc}$±21
H-C 70-30	50^{c}±4.3	$0,3^{c}$±0,07	$83,9^{b}$±10,6	$141,2^{b}$±18
F	**	**	**	**
CV(%)	14,5	20,1	12,1	12,47

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%*

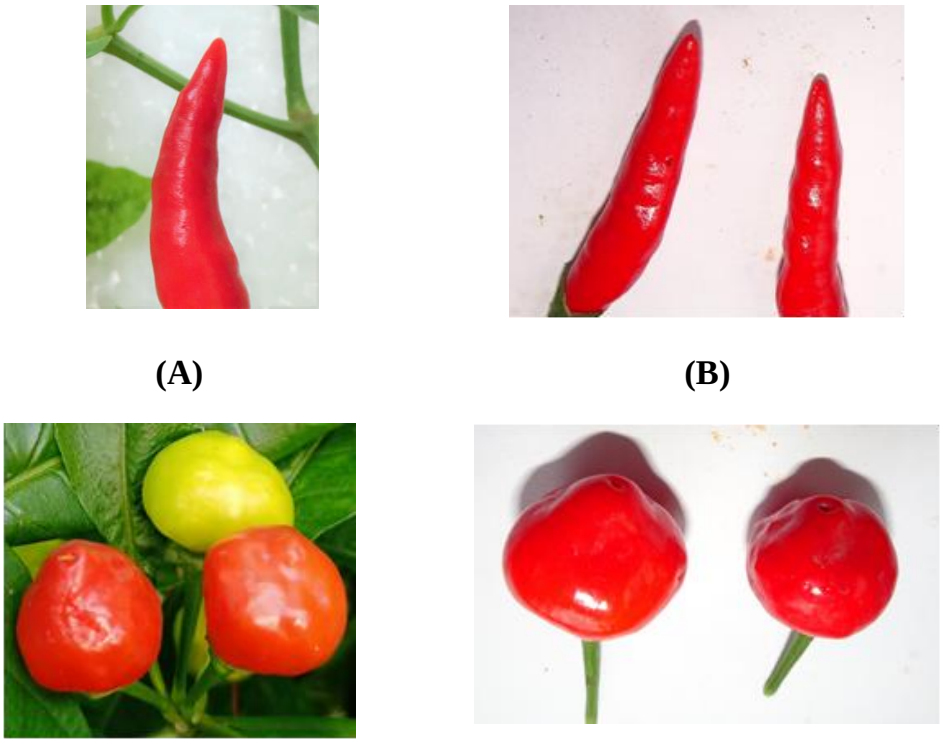


(A) **(B)** **(C)** **(D)**

(E) **(F)** **(G)** **(H)**

Hình 4.19: Dạng trái cặp ghép Hiểm-Cà (9/2020)

(A) Hiểm, (B) Cà, (C) H-C 50-15, (D) H-C 50-20, (E) H-C 60-20, (F) H-C 60-25, (G) H-C 70-25, (H) H-C 70-30



(A) **(B)**

(C) **(D)**

Hình 4.20: Dạng trái lúc dứt trổ của tổ hợp ghép Cà – Hiểm, Hiểm – Cà và đối chứng (9/2020)

Ở cặp ghép này nhận thấy gốc ghép là Hiểm có số trái trên cây cũng như khối lượng trái nhỏ hơn nhiều so với cành ghép Cà vì vậy có khả năng gốc ghép Hiểm đã ảnh hưởng lên cây ghép mang những đặc điểm nhỏ hơn cành ghép Cà. Vì vậy khi ghép cần xác định mục tiêu cần cải thiện số trái thì tránh chọn cây dùng làm gốc ghép có số trái ít hơn cành ghép.

❖ **Hướng trái**

Hướng trái các cặp ghép Cà – Hiểm hướng lên (chỉ thiên) giống với cành ghép Hiểm thuần chủng.

Hình 4.21: Hướng trái của cặp ghép Cà – Hiểm (8/2020)

Hướng trái của các nghiệm thức ghép Hiểm – Cà có chiều hướng lên giống với cành ghép Cà thuần chủng và cũng có nhiều hoa trên cuống.

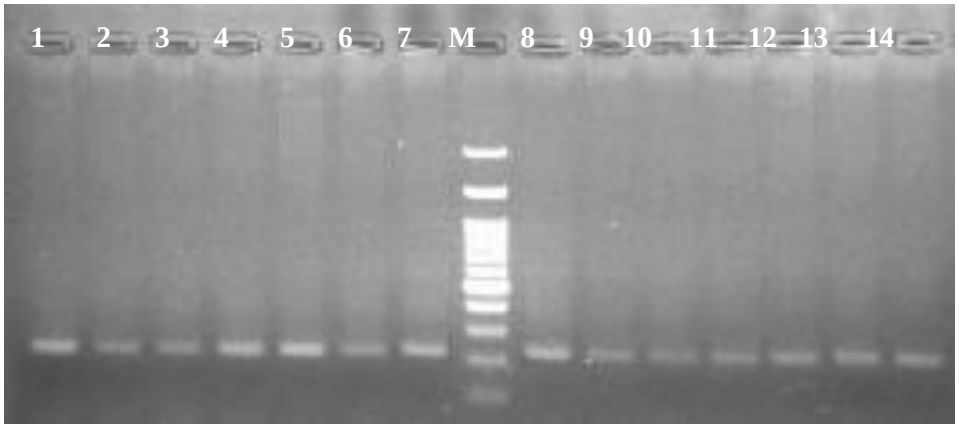
Hình 4.22: Hướng trái cặp ghép ghép Hiểm-Cà (9/2020)

4.1.3 Khảo sát di truyền của các tổ hợp ghép so với đối chứng ở mức độ phân tử

Để xác định sự thay đổi di truyền của các tố hợp ghép khi so sánh với cây đối chứng, ngoài việc xác định dựa vào các đặc tính nông học, thì việc xác định đặc điểm di truyền bằng kiểu gene là một biện pháp hữu hiệu. Dấu phân tử SSR được sử dụng để khảo sát sự thay đổi di truyền giữa tổ hợp ghép so với cành ghép.

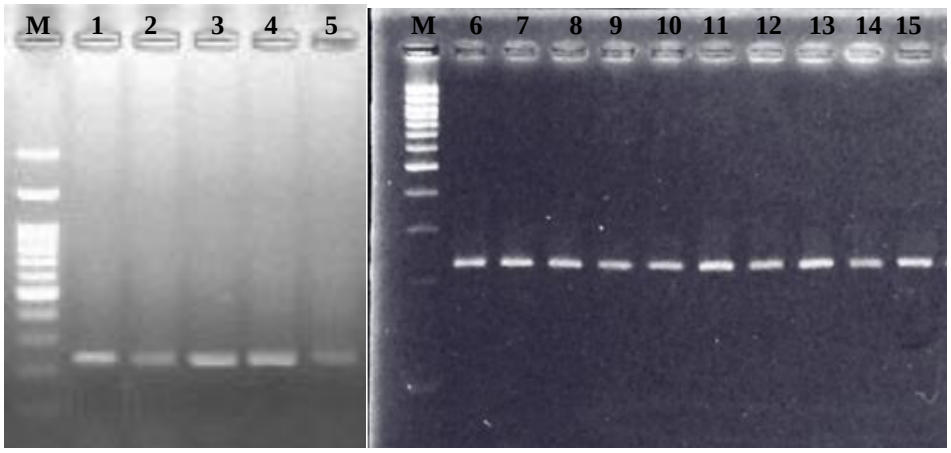
Kết quả sản phẩm PCR với mồi CAMS493, CaeMS010, HpmsE045 trên gel agarose 2% của các cặp ghép Sừng với Hiểm và Hiểm với Cà được thể hiện ở các hình từ 4.23 đến 4.28. Kết quả cho thấy tất cả các giống đều xuất hiện các band với kích thước có sự khác biệt không đáng kể. Điều này là do với các đoạn SSR liên kết với các gen quy định tính trạng trái được sử dụng không có sự khác biệt giữa các giống Sừng,

Hiểm và Cà. Vì vậy khi ghép giữa các giống trên đã tạo ra cây ghép không có sự thay đổi ở những vị trí lặp trên. Do đó cần có những thí nghiệm tiếp theo khảo sát các trình tự có sự khác biệt rõ rệt giữa các giống dùng làm gốc ghép và cành ghép để có thể quan sát sự thay đổi của cây ghép dựa trên kiểu gen được thuận tiện hơn. Có thể lựa chọn khảo sát các đoạn SSR liên kết chặt với gen quy định dạng lá hoặc màu bao phấn. Vì với kết quả khảo sát dựa trên kiểu hình nhận thấy hình dạng lá và màu bao phấn có sự thay đổi trên cây ghép so với cành ghép.



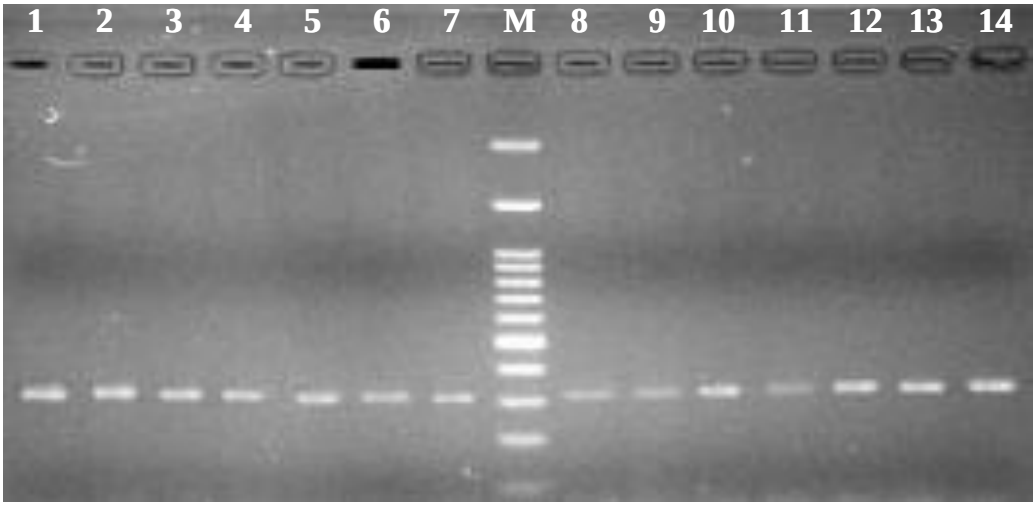
Hình 4.23: Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CAMS493 tổ hợp ghép Hiểm – Sừng, Sừng – Hiểm

Ghi chú: M: Thang DNA 100 bp; giếng 1: H – S 50 15; giếng 2: H – S 50 20; giếng 3: H – S 60 20; giếng 4: H – S 60 25; giếng 5: H – S 70 25; giếng 6: H – S 70 30; giếng 7: Sừng thuần chủng; giếng 8: Hiểm thuần chủng; giếng 9: S – H 50 15; giếng 10: S – H 50 20; giếng 11: S – H 60 20; giếng 12: S – H 60 25; giếng 13: S – H 70 25; giếng 14: S – H 70 30.



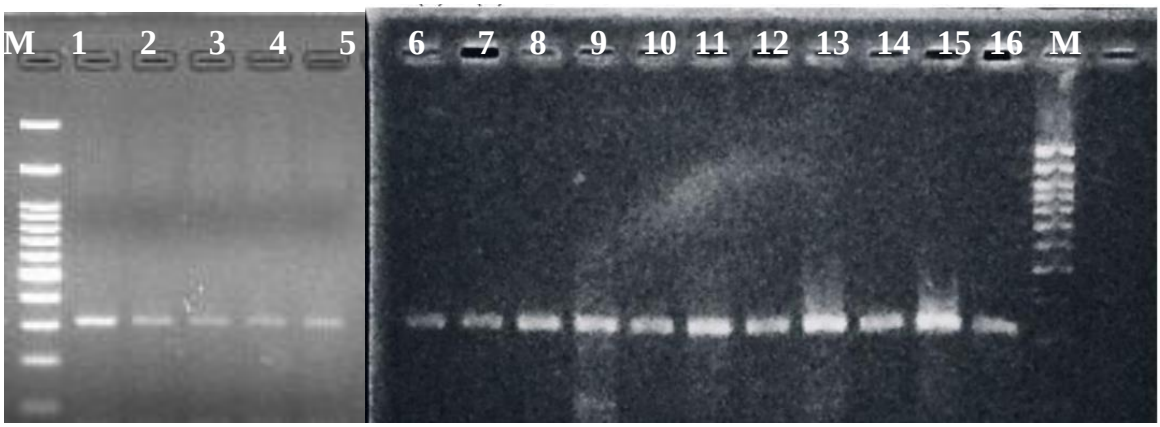
Hình 4.24: Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CAMS493 tổ hợp ghép Cà – Hiểm và Cà – Hiểm

Ghi chú: M: Thang DNA 100 bp; giếng 1: Cà thuần chủng; giếng 2: C – H 50 15; giếng 3: C – H 50 20; giếng 4: C – H 60 20; giếng 5: C – H 60 25; giếng M: thang DNA 100bp; giếng 6: Cà; giếng 7: Hiểm; giếng 8: C-H 70 25; giếng 9: C-H 70 30; giếng 10: H-C 50 15; giếng 11: H-C 50 20; giếng 12: H-C 60 20; giếng 13: H-C 60 25; giếng 14: H-C 70 25; giếng 15: H-C 70 30.



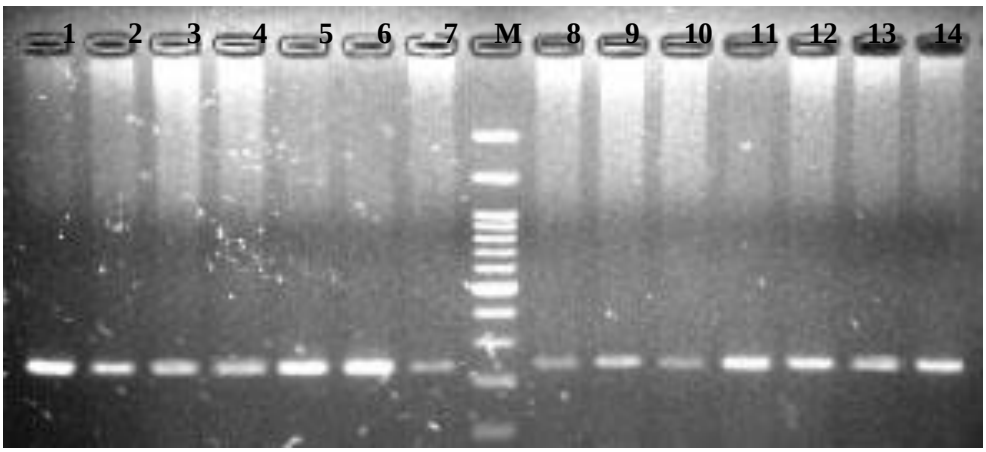
Hình 4.25: Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CaeMS010 tổ hợp ghép Sừng – Hiểm, Hiểm – Sừng

Ghi chú: M: Thang DNA 100 bp; giếng 1: H – S 50 15; giếng 2: H – S 50 20; giếng 3: H – S 60 20; giếng 4: H – S 60 25; giếng 5: H – S 70 25; giếng 6: H – S 70 30; giếng 7: Sừng thuần chủng; giếng 8: Hiểm thuần chủng; giếng 9: S – H 50 15; giếng 10: S – H 50 20; giếng 11: S – H 60 20; giếng 12: S – H 60 25; giếng 13: S – H 70 25; giếng 14: S – H 70 30.



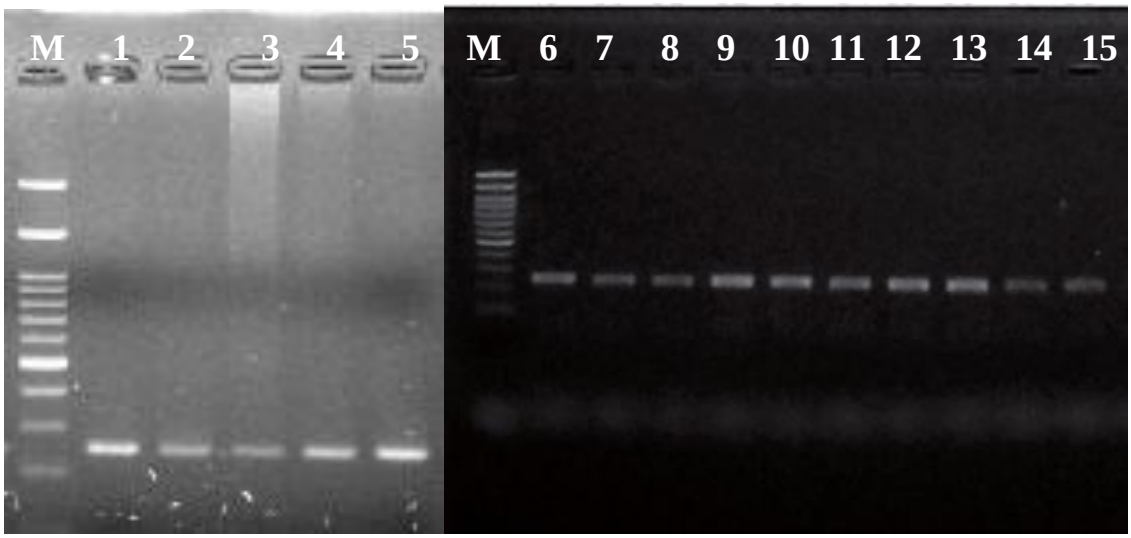
Hình 4.26: Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị CaeMS010 tổ hợp ghép Cà – Hiểm và Hiểm - Cà

Ghi chú: M: Thang DNA 100 bp; giếng 1: Cà thuần chủng; giếng 2: C – H 50 15; giếng 3: C – H 50 20; giếng 4: C – H 60 20; giếng 5: C – H 60 25; giếng 6: Hiểm; giếng 7: Cà; giếng 8: C-H 70 25; giếng 9: C-H 70 30;; giếng 10: H-C 50 15; giếng 11: H-C 50 20; giếng 12: H-C 60 20; giếng 13: H-C 60 25; giếng 14: H-C 70 25; giếng 16: H-C 70 30; M: Thang DNA 100bp.



Hình 4.27: Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị HpmsE045 tổ hợp ghép Sừng – Hiểm, Hiểm – Sừng

Ghi chú: M: Thang DNA 100 bp; giếng 1: H – S 50 15; giếng 2: H – S 50 20; giếng 3: H – S 60 20; giếng 4: H – S 60 25; giếng 5: H – S 70 25; giếng 6: H – S 70 30; giếng 7: Sừng thuần chủng; giếng 8: Hiểm thuần chủng; giếng 9: S – H 50 15; giếng 10: S – H 50 20; giếng 11: S – H 60 20; giếng 12: S – H 60 25; giếng 13: S – H 70 25; giếng 14: S – H 70 30.



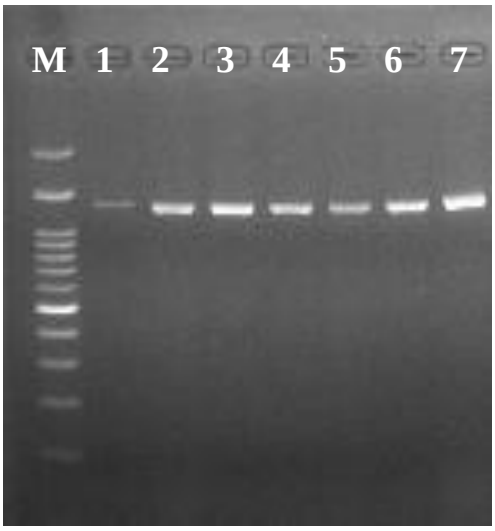
Hình 4.28: Kết quả điện di sản phẩm PCR chỉ thị HpmsE045 tổ hợp ghép

Cà – Hiểm và Hiểm - Cà

Ghi chú: M: Thang DNA 100 bp; giếng 1: Cà thuần chủng; giếng 2: C – H 50 15; giếng 3: C – H 50 20; giếng 4: C – H 60 20; giếng 5: C – H 60 25; giếng M: thang DNA 100bp; giếng 6: Cà; giếng 7: Hiểm; giếng 8: C-H 70 25; giếng 9: C-H 70 30; giếng 10: H-C 50 15; giếng 11: H-C 50 20; giếng 12: H-C 60 20; giếng 13: H-C 60 25; giếng 14: H-C 70 25; giếng 15: H-C 70 30.

4.1.4 Kết quả giải trình tự đoạn gene *CaOvate* của các tổ hợp ghép với cành ghép

Dựa vào kiểu hình khác biệt chọn 1 tổ hợp ghép của mỗi nghiệm thức để giải trình tự đoạn gene *CaOvate* để khảo sát sự khác biệt ở mức độ phân tử của các tổ hợp ghép so với gốc ghép và ngọn ghép.



Hình 4.29: Kết quả điện di sản phẩm PCR của chỉ thị Left + Right

(Giếng 1: Hiểm thuần chủng; giếng 2: Sừng thuần chủng; giếng 3: S – H ; giếng 4: H – S; giếng 5: C – H; giếng 6: H – C; giếng 7: Cà thuần chủng).

Từ kết quả điện di (Hình 4.29), các nghiệm thức đều cho các band có kích thước dao động trong khoảng trên 1000 bp nhận thấy phù hợp với kích thước đoạn gen *CaOvate* đã tham khảo trên ngân hàng gen NCBI.

4.1.4.1 Kết quả so sánh trình tự vùng gen *CaOvate* dựa vào dấu phân tử SNP giữa cây ghép và cành ghép

❖ **Cây ghép Sừng-Hiểm và cành ghép Hiểm**

Đoạn gene *CaOvate* của cây ghép sau khi giải trình tự được so sánh với cành ghép bằng phần mềm BioEdit, mục đích so sánh nhằm phát hiện sự thay đổi trong trình tự nucleotide của cây ghép so với cành ghép thuần chủng, từ đó đánh giá được sự thay đổi di truyền gây ra bởi ghép, kết quả so sánh trình tự được thể hiện như sau:

```
                10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
Hiểm    ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----|
S-H     --TAAAAAAA ATGTGAAGAG GAGGAGATAC ATTTGG-CCA TAAAGCCGCC AACTACTCCT CCGCGATTCA GTACTCATCA TGTTGAGAAG ACGGAGAAGA
        GGCT...... .......... .......-.. ......G... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

                810       820       830       840       850       860       870       880       890       900
Hiểm    ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----|
S-H     AATTCTTGAG AGGAGAAATA TTCTTAAAAA GTACTACACA GAGATAATCT GAGACAGAAA AAAGTATTAT TGTTATTAAA AAATACATAG TATGGAGTAT
        .......... .......TA. .......... .......... .......... ..AGACAG.. .......... .......... ..-......A .T....A...

                910       920       930       940       950       960       970       980       990      1000
Hiểm    ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----| ----|----|
S-H     TAATTA-TGT TATGTCTCGA TAGG-TAGAA GATCGTCGGT TTCTACA-TC ATCAGA-CAG CGAGTTACCA GCTAGGTTAT CAGTGTTCAA GAAGCTAATA
        ......A... A...A..... ....A..A.. ....CG.... ...C.A.A.A ....A.A... .......... A......... .......... .........T
```

Những vị trí thể hiện sự thay đổi của cây ghép so với cành ghép ở các vị trí được tổng hợp ở Bảng 4.29.

Kết quả so sánh trình tự cho thấy phần lớn trình tự nucleotide của đoạn gen *CaOvate* của cây ghép Sừng-Hiểm đều giống với trình tự nucleotide của cành ghép Hiểm. Tuy nhiên có sự khác biệt ở 1 nucleotide ở vị trí nằm ở phần đầu đoạn gen còn lại xuất hiện sự khác biệt trình tự nucleotide ở 28 vị trí phân bố ở phần cuối đoạn gen.

Sự khác biệt về trình tự nucleotide chủ yếu thể hiện ở 2 kiểu đó là thêm nucleotide, mất nucleotide và thay thế nucleotide của cây ghép so với cành ghép và kiểu thay đổi thay thế nucleotide chiếm tỉ lệ cao nhất.

Bảng 4.29: Những vị trí thể hiện sự đa hình giữa cây ghép và cành ghép

Vị trí \ Kí hiệu	Hiểm thuần chủng	Sừng – Hiểm
37	-	G
818	A	T
819	T	A
811	A	T
853	G	A
854	A	G
855	C	A
856	A	C
857	G	A
858	A	G
880	A	-
890	G	A
892	A	T
897	G	A
907	-	A
911	T	A
915	T	A
925	-	A
928	G	A
935	G	C
936	T	G
944	T	C
946	C	A
948	-	A
950	C	A
955	G	A
957	-	A
971	G	A
1000	A	T

❖ Cây ghép Hiểm-Sừng và cành ghép Sừng

Tương tự kết quả so sánh trình tự nucleotide của cây ghép Hiểm-Sừng và cành ghép Sừng bằng phầm Bioedit được thể hiện như sau:

```
                10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
Sừng    ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
H-S     GGCCAGTTTT TTTGAAACGG TTTTTAATCA TTATAATTAC GGATACCTAA AA-TAAAGTC ACCCCAAATC TCAGAAAAAG CGTCAACAAT CACCCCATGA
        ---------- ---.GCC.AT ...AC.T... ....T..... T.T....... ..A....... -......... .......... .......... ..........

                110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
Sừng    ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
H-S     TAATGGTTTC CGTTCAACGA CAGAAAACAT TGTAAAAGCT GTTCAAGCTC ATTCTTCTCA AACATTTCCT TCTCCAATAT CATTTCCATC ATTGATCTCT
        .....T.... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........
```

Những vị trí thể hiện sự thay đổi của cây ghép so với cành ghép ở các vị trí được tổng hợp ở Bảng 4.30.

Bảng 4.30: Những vị trí thể hiện sự đa hình giữa cây ghép và cành ghép

Vị trí \ Kí hiệu	Sừng thuần chủng	Hiểm – Sừng
15	A	G
16	A	C
17	A	C
19	G	A
20	G	T
24	T	A
25	T	C
27	A	T
35	A	T
41	G	T
43	A	T
53	-	A
106	G	T

Kết quả so sánh trình tự cho thấy phần lớn trình tự nucleotide của đoạn gen *CaOvate* của cây ghép Hiểm-Sừng đều giống với trình tự nucleotide của cành ghép Sừng. Đối với cặp ghép này cũng có sự thay đổi trình tự nucleotide của cây ghép so với cành ghép tuy nhiên vị trí nucleotide thay đổi ít hơn so với cặp ghép Sừng-Hiểm. Cụ thể chỉ có 13 vị trí nucleotide xuất hiện sự thay đổi trình tự thể hiện phần lớn ở dạng thay thế nucleotide và chỉ 1 vị trí thay đổi ở dạng thêm nucleotide

❖ Cây ghép Cà-Hiểm và cành ghép Hiểm

Những vị trí thể hiện sự thay đổi của cây ghép so với cành ghép ở các vị trí được tổng hợp ở Bảng 4.31.

Bảng 4.31: Những vị trí thể hiện sự đa hình giữa cây ghép và cành ghép

Vị trí \ Kí hiệu	Hiểm thuần chủng	Cà – Hiểm
1	-	A
2	T	A
5	A	G
7	A	C
8	A	C
14	-	T
15	-	G
16	G	A
29	T	-
876	A	T
877	T	A
879	A	T
897	-	G
906	-	A
912	T	G
915	-	A
920	-	C
931	G	A
932	A	G
934	G	A
935	-	G
936	-	A
941	T	G
942	C	T
945	-	G
946	-	T
949	T	C
961	-	A
965	A	G
967	C	G
969	-	G
984	-	G
985	-	T
995	-	G
996	-	T
998	T	C

Kết quả so sánh cho thấy đối với cặp ghép này có 36 vị trí thay đổi trình tự nucleotide của cây ghép so với cành ghép, các vị trí còn lại của đoạn gen *CaOvate*

giữa cây ghép và cành ghép đều giống nhau. Các vị trí thay đổi ở phần đầu đoạn gen *CaOvate* ít ơn ở phần cuối đoạn gen. Các kiểu thay đổi của cặp ghép này so với cành ghép chủ yếu ở dạng thay thế nucleotide, thêm nucleotide và số ít mất nucleotide.

Kết quả so sánh trình tự đoạn gen *CaOvate* bằng phần mềm Bioedit của cây ghép Cà-Hiểm và cành ghép Hiểm được thể hiện như sau:

```
                10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
Hiểm    ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
C-H     -TAAAAAAAATGT--GAAGAGGAGGAGATACATTTGGCCATAAAGCCGCCAACTACTCCTCCGCGATTCAGTACTCATCATGTTGAGAAGACGGAGAAGA
        AA..G.CC.....TGA...........-.......................................................................

                710       720       730       740       750       760       770       780       790       800
Hiểm    ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
C-H     TTCAAATTGTCATGGTTCTCTTTCACATGTTTCTTTTTTACCAAAAAAAACATTTCTTAAGAAAAGGTTTATAACTATTTTATCGTATTT-GAACATTCA
        ..........................................................................................T.........

                810       820       830       840       850       860       870       880       890       900
Hiểm    ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
C-H     TAATTCTTGAGAGGAGAAATATTCTTAAAAAGTACTACACAGAGATAATCTGAGACAGAAAAAAGTATTATTGTTATTAAAAAATACATAGTATGG-AGT
        ...........................................................................TA.T..................G...

                910       920       930       940       950       960       970       980       990      1000
Hiểm    ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
C-H     ATTAA-TTATGTTA-TGTC-TCGATAGGTAGAAG--ATCGTCGG--TTTCTACATCATCA-GACAGCG-AGTTACCAGCTAGG--TTATCAGTG--TTCA
        .....A.....G..A....C..........AG.AGA....GT..GT..C...........A...G.G.G.............GT.........GT.C..
```

❖ Cây ghép Hiểm-Cà và cành ghép Cà

Đoạn gene *CaOvate* của các nghiệm thức sau khi giải trình tự được so sánh với nhau bằng phần mềm BioEdit, mục đích so sánh nhằm phát hiện sự thay đổi trong trình tự nucleotide của các tổ hợp ghép so với ngọn ghép thuần chủng, từ đó đánh giá được sự thay đổi di truyền gây ra bởi ghép, kết quả so sánh trình tự được thể hiện như sau:

```
                10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
Cà      ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
H-C     AAGGATGTAGGAAGGAGGAGATACATTTGGCCATAAAGCCGCCAACTACTCCTCCGCGATTCAGTACTCATCATGTTGAGAAGAAGGAGAAGAAGAAACG
        GG..GAAGGA..G.............................................................................................

                710       720       730       740       750       760       770       780       790       800
Cà      ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
H-C     TGTCATGGTTCTCTTTCACATGTTTCTTTTTGTACCAAAAAAA-CCATTTCTTAAGAARAGGTTTATAACTATTTTATCGTATTTGA-CATTCATAATTC
        ...........................................A..........................................A............

                810       820       830       840       850       860       870       880       890       900
Cà      ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
H-C     TTGAGAGGACAATATTCTTAAAAAGTACTACACAGAGATAATCTGAGACAGAAAAGTATAATGTATTGACAATACGTA-GTAATGAGTATTTAGTA--AT
        ...........................................T....................T...TA.T.A.....A..A...TG.......A.T..TG..
```

Những vị trí thể hiện sự thay đổi của cây ghép so với cành ghép ở các vị trí được tổng hợp ở Bảng 4.32.

Đối với cặp ghép Hiểm-Cà nhận thấy phần lớn trình tự nucleotide của cây ghép đều giống với cành ghép ở đoạn gen *CaOvate* và cũng có sự thay đổi ở các nucleotide ở phần đầu đoạn gen và phần cuối đoạn gen với 26 vị trí thay đổi. Đối với cặp ghép này dạng thay đổi chủ yếu là thay thế nucleotide và thêm nucleotide.

Bảng 4.32: Những vị trí thể hiện sự đa hình giữa cây ghép và cành ghép

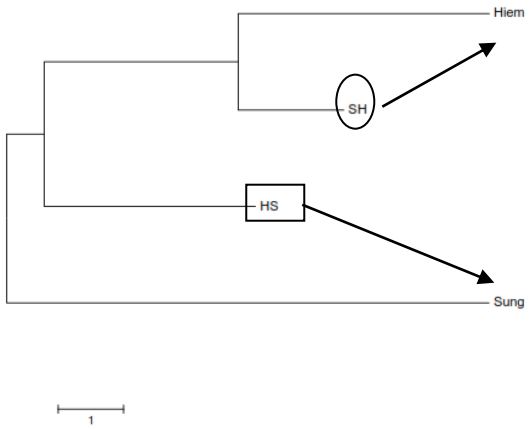
Vị trí \ Kí hiệu	Cà thuần chủng	Hiểm-Cà
1	A	G
2	A	G
5	A	G
6	T	A
7	G	A
8	T	G
9	A	G
10	G	A
13	A	G
699	-	A
744	-	A
788	-	A
841	A	T
861	A	T
865	A	T
866	T	A
868	G	T
870	C	A
876	G	A
879	-	A
883	A	T
884	T	G
892	T	A
894	G	T
897	-	T
898	-	G

Như vậy khi so sánh trình tự vùng gen *CaOvate* của cây ghép với cành ghép ở các cặp ghép khác nhau đều nhận thấy phần lớn trình tự nucleotide của cây ghép đều giống với cành ghép. Tuy nhiên đều có sự thay đổi trình tự nucleotide của cây ghép so với cành ghép ở các mức độ khác nhau và dạng thay đổi khác nhau tùy thuộc vào từng cặp ghép nhưng đều có đặc điểm chung là sự thay đổi thường xuất hiện ở phần đầu đoạn gen và phần cuối đoạn gen, trong đó sự thay đổi ở phần cuối đoạn gen gen thường xuất hiện nhiều hơn. Và các dạng thay đổi phổ biến là thay thế nucleotide, thêm nucleotide và số ít mất nucleotide.

4.1.4.2 Kết quả khảo sát sự khác nhau giữa cây ghép với gốc ghép và cành ghép dựa trên vùng gen *CaOvate*

❖ **Cặp ghép Hiểm và Sừng**

Qua đánh giá các đặc điểm nông học và hình thái của nghiệm thức ghép Hiểm-Sừng cho thấy phần cành ghép là giống ớt Hiểm thì đều giống với giống ớt Hiểm, còn cành ghép là giống ớt Sừng thì đặc điểm hầu như nghiêng về giống ớt Sừng. Nhằm hỗ trợ cho kết quả này, việc phân tích trình tự vùng gen *CaOvate* giữa cành và gốc ghép đã thực hiện bằng phần mềm Mega 7.0, kết quả được trình bày ở Hình 4.30.



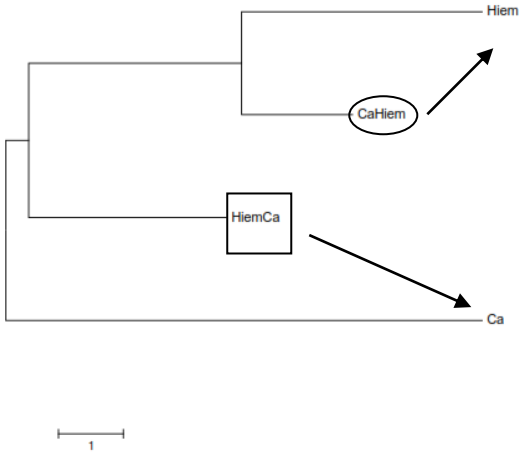
Hình 4.30: Trình tự vùng gen *CaOavte* đối với cặp ghép Hiểm-Sừng và Sừng-Hiểm

Hình 4.30 cho thấy ngọn ghép là Hiểm thì trình tự vùng gen *CaOvate* giống với trình tự giống ớt Hiểm, ngược lại nếu cành ghép là giống ớt Sừng thì trình tự vùng gen *CaOvate* gần giống với trình tự giống ớt Sừng. Một lần nữa chứng tỏ rằng gen của gốc ghép chưa ảnh hưởng nhiều đến cành ghép và vì vậy các đặc điểm hình thái và đặc tính nông học của cành ghép hầu như không biến đổi.

❖ **Cặp ghép Hiểm và Cà**

Kết quả đặc điểm nông học và hình thái của nghiệm thức ghép Hiểm-Cà cho thấy phần cành ghép là giống ớt Hiểm thì đều giống với ớt Hiểm, còn cành ghép là giống ớt Cà thì đặc điểm hầu như nghiêng về giống ớt Cà. Nhằm hỗ trợ cho kết quả này, việc phân tích trình tự vùng gen *CaOvate* giữa cành và gốc ghép đã thực hiện. Kết quả được trình bày ở Hình 4.31.

Kết quả hình 4.31 cho thấy ngọn ghép là Hiểm thì trình tự vùng gen *CaOvate* giống với trình tự giống ớt Hiểm, ngược lại nếu cành ghép là giống ớt Cà thì trình tự vùng gen này gần giống với trình tự giống ớt Cà. Điều này minh chứng minh rằng gen của gốc ghép vẫn chưa ảnh hưởng nhiều đến cành ghép và vì vậy các đặc tính hình thái trái của cành ghép hầu như không thay đổi nhiều.



Hình 4.31: Trình tự vùng gen *CaOavte* đối với cặp ghép Cà-Hiểm và Hiểm-Cà

Việc ảnh hưởng của gốc ghép lên cành ghép đã có nhiều tác giả nghiên cứu và đề xuất. Hartmann *et al.* (2002) đã mô tả trình tự các sự việc xảy ra khi tiến hành ghép trên thực vật. Đầu tiên, các tế bào nhu mô tăng sinh từ cả hai gốc ghép và cành ghép để hình thành cấu trúc mô sẹo để làm đầy khoảng cách giữa hai mối ghép và kết nối cành ghép và gốc ghép với nhau. Tiếp theo từ các mô sẹo hình thành các mạch gỗ và mạch libe để nối với mạch gỗ và mạch libe trên gốc ghép và cành ghép tạo thành một hệ thống mạch liên tục từ gốc đến cành.

Vật chất di truyền được chuyển từ gốc ghép đến cành ghép do việc biến nạp ghép (graft transformation), dẫn đến sự thay đổi di truyền ở cành ghép. Cành ghép có khả năng bị thay đổi di truyền từ gốc ghép được coi là graft hybrid. Tuy nhiên, biến nạp ghép chỉ xảy ra dưới điều kiện ghép điều khiển (Mentor grafting), điều này làm cho việc chuyển vật liệu di truyền từ gốc ghép sang cành ghép (Goldschmidt, 2014).

Theo Ohta and Chuong (1975) và Ohta (1991) để có sự chuyển vật chất di truyền từ lá và thân của gốc ghép lên cành ghép thì nhất thiết phải thực hiện phương pháp ghép "Mentor grafting". Phương pháp ghép "Mentor grafting" (Hình 2.14) có nghĩa là gốc ghép thì phải già hơn cành ghép, cành ghép phải còn non và gốc ghép có thể đến giai đoạn trổ hoa. Cành ghép phải được loại bỏ lá chỉ chừa lại hai hoặc ba lá ở đỉnh ngọn để đảm bảo rằng ngọn ghép phụ thuộc dinh dưỡng vào gốc ghép, đồng thời loại bỏ lá trên cành ghép trong suốt quá trình thí nghiệm. Trái của gốc ghép được loại bỏ để đảm bảo tối đa dòng vận chuyển các chất từ gốc ghép lên cành ghép. Ông nhận thấy rằng khối nhiễm sắc được di chuyển xuyên qua thành tế bào và khoảng không giữa các tế bào từ các tế bào hoá gỗ và tế bào chết hướng tới bó mạch dẫn. Ông đề nghị rằng các nhiễm sắc chất này phải được vận chuyên xuyên qua hệ thống mạch dẫn, đi qua mối ghép đến mầm hoa hoặc đỉnh sinh trưởng trên cành ghép.

Chromatin được truyền giữa các tế bào qua hệ thống mạch qua mối nối ghép đến các điểm phát triển của cây cành và quá trình đó làm cho quá trình chuyển đổi trong sự phân chia nhanh của hoa mầm. Tầm quan trọng của sự chuyển vị có thể được hiểu theo cách sau: Sự truyền tải thông tin di truyền sẽ không xảy ra nếu các

phân tử DNA phân hủy thành các nucleotide như khi một phân tử protein bị tiêu hóa thành các acid amin và được sử dụng như là nguyên liệu để hình thành tế bào mới (Ohta, 1991).

4.2 Kết quả thí nghiệm lai

4.2.1 Tỉ lệ lai thành công

Tỉ lệ thành công trên các tổ hợp lai khác nhau cũng cho kết quả khác nhau. Thành công cao nhất khi tiến hành giữa hai giống ớt Sừng (cây cha) và Hiểm (cây mẹ). Và tỉ lệ thành công kém nhất thuộc về hai giống Cà (cây mẹ) và Sừng (cây cha) khi lai. Nguyên nhân là do các loài ớt thuộc các nhóm phân loại khác nhau sẽ khó thụ phấn cho nhau. Trong đó thì ớt Cà (VI59363) thuộc loài *Capsicum chinensis*, ớt Sừng (AVPP0415) thuộc loài *Capsicum annuum* và ớt Hiểm (AVPP0520) thuộc loài *Capsicum fructescens* vì vậy tỉ lệ thành công khi lai xa giữa 2 loài khác nhau là không cao trong quá trình lai tạo (Walsh & Hoot, 2001). Cặp lai Cà – Sừng lại cho hạt bình thường và có khả năng nảy mầm thành cây con, tuy nhiên số hạt ít hơn trái Cà không lai.

Bảng 4.33: Tỉ lệ lai thành công của các tổ hợp lai

Tổ hợp lai		Số hoa được lai	Số hoa thành công	Tỉ lệ
Cây làm mẹ	Cây làm cha			
Ớt Hiểm	Ớt Sừng	45	5	11,11%
Ớt Sừng	Ớt Hiểm	50	7	14,00%
Ớt Cà	Ớt Sừng	45	4	8,89%
Ớt Sừng	Ớt Cà	45	6	11,11%

Như vậy, cần chọn đúng thời điểm để cắt nhị và thụ phấn cho nhụy khi lai tạo. Cần cắt nhị trước khi nhị tung phấn và thụ phấn cho hoa khi nhụy đã đủ độ ẩm để tăng độ dính của hạt phấn trên nhuỵ, tỉ lệ thành công khi lai cao.

Ngoài yếu tố quan hệ di truyền ảnh hưởng đến tỉ lệ thành công khi lai, yếu tố về ngoại cảnh cũng có vai trò nhất định đối với việc thụ phấn cho hoa. Việc thí nghiệm được tiến hành khi trời không quá nắng cũng như không có mưa nhiều. Nếu nắng khô làm cho hạt phấn bung sớm, nhụy nhanh khô nướm, khả năng tiếp xúc giữa hạt phấn và nhụy giảm từ đó không hiệu quả trong quá trình lai tạo. Khi mưa nhiều, làm hạt phấn bị dính lại, làm giảm quá trình bám của phấn vào nhụy hoa.

Sau khi đã thụ phấn cho hoa, cần bao hoa để đảm bảo trái F_1 được hình thành trong quá trình lai tạo và tránh hạt phấn của hoa khác có cơ hội bám vào nhụy.

Hình 4.32: Các giai đoạn phát triển trái của tổ hợp Hiểm – Sừng F_0 (10,11/2019)

Hình 4.33: Các giai đoạn phát triển trái của tổ hợp Cà – Sừng F_0 (11,12/2019)

4.2.2 Khảo sát sự thay đổi của cây lai thế hệ F_1 dựa vào đặc tính nông học

4.2.2.1 Tính trạng lá

a) Cặp lai Sừng-Hiểm và Hiểm-Sừng

Về tính trạng màu lá, tổ hợp lai Sừng – Hiểm có màu lá đậm giống với Sừng (TC). Ngược lại, tổ hợp Hiểm –Sừng có lá màu xanh, tương đồng với giống mẹ.

Ở tính trạng dạng lá, dạng trái xoan thuộc về tổ hợp Hiểm – Sừng và dạng lá giống với cây cha (Sừng TC). Và tổ hợp Sừng – Hiểm có dạng lá hình trái xoan và giống với cây mẹ (Sừng TC). Như vậy ở cả 2 cặp lai Sừng – Hiểm và Hiểm – Sừng lá cây F_1 đều có dạng trái xoan.

Bảng 4.34: Chiều dài lá và chiều rộng lá tổ hợp lai Sừng – Hiểm, Hiểm – Sừng

Nghiệm thức	Chiều dài lá (cm)	Chiều dài lá không cuống (cm)	Chiều rộng lá (cm)	Tí số dài/rộng lá
Hiểm	$13,54^{a}$±0,42	$10,58^{a}$±0,38	$4,05^{a}$±0,22	$2,6^{a}$±0,12
Sừng	$11,78^{c}$±0,38	$9,48^{b}$±0,27	$3,82^{b}$±0,18	$2,48^{b}$±0,17
Hiểm – Sừng	$12,09^{b}$±0,76	$8,27^{c}$±0,64	$3,68^{c}$±0,24	$2,26^{b}$±0,26
Sừng – Hiểm	$11,49^{d}$±0,38	$7,83^{d}$±0,23	$3,08^{d}$±0,16	$2,55^{c}$±0,23
F	**	**	**	**
CV(%)	4,2	4,57	5,6	7,75

*Những số trong cùng một cột có chữ số theo sau giống nhau thì không khác biệt có ý nghĩa thống kê qua kiểm định LSD ở mức 0,01; **: khác biệt ở mức ý nghĩa 1%.*

Kết quả phân tích phương sai ANOVA chiều dài lá và chiều rộng lá được trình bày ở Bảng 4.34. Đối với cặp lai Sừng-Hiểm cây dùng làm mẹ Sừng có chiều dài lá và

chiều rộng lá thấp hơn cây dùng làm cha là Hiểm. Kết quả lai thu được cây lai F_1 có kích thước gần với Sừng hơn là với Hiểm, tương tự đối với cặp lai Hiểm-Sừng cây lai F_1 cũng có kích thước gần với Sừng nhiều hơn. Điều này cho thấy kết quả lai thuận và lai nghịch đều tương tự nhau và đều thiên về giống nhiều với cây ớt Sừng, vì vậy có thể kết luận gen quy định dạng lá ở Sừng có thể trội hơn gen quy định dạng lá ở cây Hiểm. Ở tính trạng chiều dài lá, có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1% giữa các nghiệm thức khi phân tích phương sai ANOVA. Giá trị trung bình của các giống cha mẹ và tổ hợp lai dao động từ 11,49 – 13,54 cm.

(A) **(B)** **(C)** **(D)**

Hình 4.34: Màu lá và dạng lá tổ hợp Hiểm – Sừng, Sừng – Hiểm và giống cha, mẹ (6/2020)

(A): Sừng; (B): Hiểm-Sừng; (C): Sừng-Hiểm; (D): Hiểm

Qua kiểm định LSD ở mức 0,01 nhận thấy có sự khác biệt mang ý nghĩa thống kê của hai tổ hợp lai Sừng – Hiểm (12,09cm) và Hiểm – Sừng (11,49 cm) so với giống Sừng (11,78 cm) và Hiểm (13,54cm). Kể quả cho thấy kích thước lá cây lai Hiểm – Sừng lớn hơn so với cây lai Sừng – Hiểm.

b) Cặp lai Sừng – Cà và Cà – Sừng

Kết quả xét về dạng lá được thể hiện ở Hình 4.35 cho thấy dạng lá của cây lai Sừng-Cà có dạng trái xoan gần với dạng lá cây Sừng hơn là với cây cha Cà.

Ngược lại cây lai Cà-Sừng có dạng lá gần giống tam giác như là dạng lá của cây mẹ Cà. Kết hợp hai kết quả dựa trên hình thái và tính trạng số lượng trên lá có thể kết

luận ở tính trạng lá ở cặp lai thuận nghịch giữa Cà với Sừng kết quả đều cho cây F_1 thiên về giống với cây mẹ nên có thể kết luận tính trạng lá có sự di truyền theo dòng mẹ. Như vậy ở các nghiên cứu tiếp theo về cặp lai này có thể nghiên cứu sự di truyền các gen trên ty thể hoặc lục lạp.

Bảng 4.35: Chiều dài lá và chiều rộng lá tổ hợp lai Sừng – Cà, Cà – Sừng

Nghiệm thức	Chiều dài lá (cm)	Chiều dài lá không cuống (cm)	Chiều rộng lá (cm)	Tí số dài/rộng lá
Sừng	$11,71^{d}$ ±0,4	$9,48^{c}$±0,27	$3,82^{c}$±0,19	$2,48^{a}$±0,12
Cà	$16,94^{b}$±0,59	$13,19^{b}$±0,6	$7,33^{b}$±0,45	$1,8^{c}$±0,14
Sừng – Cà	$12,14^{c}$±0,67	$9,1^{d}$±0,23	$3,88^{c}$±0,11	$2,35^{b}$±0,08
Cà – Sừng	$22,57^{a}$± 1,3	$15,57^{a}$±1,23	$8,56^{a}$±0,66	$1,83^{c}$±0,15
F	**	**	**	**
CV(%)	5,3	5,4	7,0	6,0

*Những số trong cùng một cột có chữ số theo sau giống nhau thì không khác biệt có ý nghĩa thống kê qua kiểm định LSD ở mức 0,01; **: khác biệt ở mức ý nghĩa 1%.*

(A) **(B)** **(C)** **(D)**

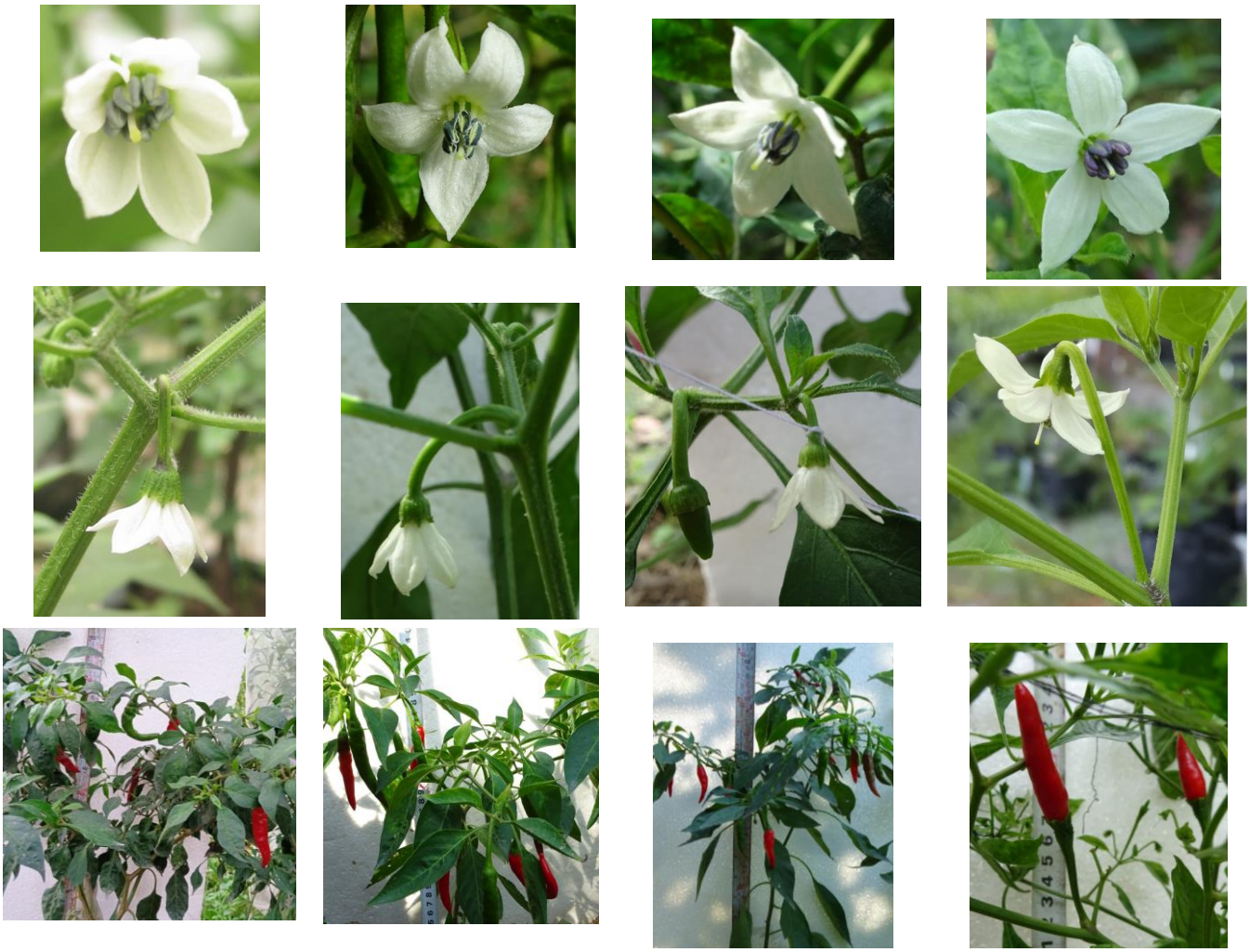
Hình 4.35: Màu lá và dạng lá tổ hợp Sừng – Cà, Cà – Sừng và giống cha, mẹ (6/2020)

(A): Sừng; (B): Sừng-Cà; (C): Cà-Sừng; (D): Cà

4.2.2.2 Tính trạng trái và hoa

a) Cặp lai Sừng – Hiểm và Hiểm – Sừng

Nhìn chung hai tổ hợp có sự ảnh hưởng từ giống Sừng (TC) do có nét tương đồng về hình dạng trái các tổ hợp chỉ nhỏ hơn giống Sừng (TC) về kích thước. Về dạng chóp trái lúc dứt trổ, tổ hợp Sừng – Hiểm có hình dạng trái giống với cây cha là Hiểm (TC) thuộc dạng trái nhọn. Còn về tổ hợp Hiểm – Sừng, hình dạng trái cũng có nét tương đồng với cây cha là Sừng (TC). Giữa hai dạng trái của 2 cây F_1 nhìn vừa có nét tương đồng cũng vừa có nét khác nhau có thể phân biệt trái từ 2 cây khác nhau. Màu trái chưa chín đều có màu xanh giống với Sừng và Hiểm.



(A) **(B)** **(C)** **(D)**

Hình 4.36: Dạng trái và dạng chóp trái của tổ hợp Hiểm – Sừng và giống cha mẹ (7/2020)

(A): Sừng; (B): Sừng-Hiểm; (C): Hiểm-Sừng; (D): Hiểm

Màu sắc hoa của cả 2 cây lai đều có màu cánh hoa trắng, có 5 cánh và có màu bao phấn có đặc điểm màu xanh giống như màu bao phấn của hoa Sừng thuần chủng. Tuy nhiên nhìn vào đặc điểm hoa có thể nhận thấy được hình dáng hoa của cây lai Hiểm – Sừng khác với đặc điểm hoa của cây lai Sừng – Hiểm.

Về hướng trái cả 2 F_1 Hiểm – Sừng và Sừng – Hiểm đều có dạng hướng xuống (chỉ địa) giống như hướng của cây ớt Sừng cho thấy gen quy định tính hướng xuống

của cây ớt Sừng là gen trội hơn gen quy định tính hướng lên của cây ớt Hiểm. Tương tự vị trí hoa của cây lai Hiểm – Sừng có dạng cong xuống và hoa của cây lai Sừng – Hiểm có vị trí hoa trung gian. Điều này cho thấy khi cây ớt Sừng được dùng làm cha gen quy định hướng hoa hướng xuống có tính trội hơn so với gen quy định hoa hướng lên của cây ớt Hiểm. Khi cây Sừng được dùng làm mẹ thì hướng hoa của cây lai thể hiện đặc điểm trung gian giữa cha và mẹ.

Kết quả phân tích phương sai ANOVA và kiểm định LSD ở mức ý nghĩa 1% chiều dài trái được trình bày ở Hình 4.35.

Bảng 4.36: Chiều dài và rộng trái của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm

Nghiệm thức	Chiều dài trái (cm)	Chiều dài trái (không cuống, cm)	Chiều rộng trái (cm)	Tỉ số dài/rộng trái
Hiểm	$6,9^{c}$±0,33	$3,6^{d}$±0,32	$0,81^{d}$±0,08	$4,49^{c}$±0,59
Sừng	$9,8^{a}$±1	$7,7^{a}$±0,69	$1,42^{a}$±0,15	$5,46^{b}$±0,77
H-S F1	$8,6^{b}$±0,64	$5,9^{c}$±0,37	$1,07^{c}$±0,08	$5,54^{b}$±0,51
S-H F1	$9,6^{a}$±0,46	$7,22^{b}$±0,26	$1,2^{b}$±0,12	$6,07^{a}$±0,58
F	**	**	**	**
CV(%)	11,8	7,27	8,1	11,51

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Về tính trạng chiều dài trái của tổ hợp lai Hiểm –Sừng và Sừng- Hiểm đều gần giống với cây Sừng. Ở tính trạng chiều rộng trái của tổ hợp lai Hiểm –Sừng và Sừng-Hiểm cũng thiên về gần với cây Sừng. Trong đó tổ hợp lai Hiểm – Sừng có giá trị trung bình chiều rộng trái là 1,07 cm nhận thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê so với giá trị trung bình chiều dài trái của cây mẹ (giống Hiểm (0,81 cm)) và có sự khác biệt đối với giống cha (giống Sừng (1,42 cm). Và cũng thể hiện mức giá trị trung bình giữa cha và mẹ.

Bảng 4.37: Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp ghép Sừng – Hiểm

Nghiệm thức	Chiều dài cuống (cm)	Chiều dày vách trái (cm)	Khối lượng trái (g)
Hiểm	$3,3^{a}$±0,32	0.13^{b}±0,13	$0,77^{e}$±0,11
Sừng	$2,1^{d}$±0,71	0.19^{a}±0,12	$3,89^{d}$±0,5
H-S F1	$2,75^{b}$±0,65	$0,11^{b}$±0,1	$1,82^{c}$±0,35
S-H F1	$2,38^{c}$±0,46	$0,12^{b}$±0,2	$2,18^{b}$±0,6
F	**	**	**
CV(%)	21,11	8,06	19,81

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

(A) **(B)** **(C)** **(D)**

Hình 4.37: Màu trái và dạng trái tổ hợp Sừng – Hiểm, Hiểm – Sừng và cha, mẹ (7/2020)

(A): Sừng; (B): Sừng-Hiểm; (C): Hiểm-Sừng; (D): Hiểm

Bảng 4.38: Năng suất của tổ hợp ghép Sừng – Hiểm

Nghiệm thức	Số hạt/trái	Khối lượng hạt/trái (g)	Số trái/cây	Khối lượng trái/cây (g)
Hiểm	$49,98^{b}$±4,22	$0,29^{b}$±0,06	$62,2^{a}$±8,12	$47,86^{c}$±6,25
Sừng	$55,6^{a}$±5,2	$0,43^{a}$±0,05	$36,9^{b}$±4,33	$143,73^{a}$±16,73
H-S F1	$48,99^{b}$±5,03	$0,27^{c}$±0,04	$59,1^{a}$±6,92	$107,33^{c}$±12,56
S-H F1	$56,69^{a}$±14,08	$0,31^{b}$±0,04	$60,2^{a}$±11,91	$128,86^{c}$±33,31
F	**	**	**	**
CV(%)	15,5	16,83	15,17	18,6

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

b) Cặp lai Sừng - Cà và Cà – Sừng

Dạng trái của cây lai F_1 Cà – Sừng và Sừng – Cà có nét tương đồng nhau và dạng thon, ngắn có dạng trung gian khác hoàn toàn với dạng trái tròn của Cà và trái thon dài của Sừng. Nhìn vào hình dạng trái có thể phân biệt được sự khác nhau về 2 hình dạng trái của 2 cây lai F_1 với nhau. Về chóp trái lúc dứt trổ cây lai Cà – Sừng F_1 có dạng nhọn và trái của cây lai Sừng – Cà F_1 có dạng cùn.

(A) **(B)** **(C)** **(D)**

Hình 4.38: Hướng trái và dạng hoa của tổ hợp Cà – Sừng và giống cha mẹ (8/2020)

(A): Sừng; (B): Sừng-Cà; (C): Cà-Sừng; (D): Cà

Màu trái chưa chín của cây lai Cà – Sừng có màu xanh đậm hơn màu trái chưa chín của cây lai Sừng – Cà có màu xanh nhạt. Về hướng trái thì cả 2 cây lai F_1 Cà – Sừng Sừng – Cà đều có hướng trái hướng xuống (chỉ địa) giống với hướng trái của cây Sừng. Khi lai giữa 2 cây cha mẹ hướng lên và hướng xuống cho đặc điểm cây F_1 hướng xuống cho thấy gen quy định tính hướng xuống là gen trội hơn gen quy định tính hướng lên của cây ớt Cà. Ở cả 2 cây lai đều xuất hiện tính trạng có nhiều hoa trên nách cụ thể là 2 hoa trên cùng 1 nách. Tuy nhiên ở cây lai Sừng – Cà còn duy trì được số lượng lớn đặc điểm có 2 trái trên cùng 1 nách, còn ở cây lai Cà – Sừng phần lớn 1 hoa bị rụng bớt chỉ còn phần lớn chỉ có 1 trái trên nách, số lượng trái có 2 trái trên cùng 1 nách rất ít mà phần lớn là mỗi nách có 1 trái. Điều này cho thấy cây lai F_1 có mang đặc điểm của cây Cà thuần chủng với nhiều hoa trên nách (4-5 hoa trên nách). Tuy nhiên do ảnh hưởng bởi cây Sừng chỉ có 1 hoa trên nách nên cả 2 cây lai F_1 thuận nghịch đều có tối đa 2 hoa trên nách và ở cây lai Sừng – Cà duy trì và thể hiện đặc điểm này rõ rệt và nhiều hơn chứng ở khi cây Cà được dùng làm cha thì gen quy định số cuống hoa trên nách ảnh hưởng nhiều hơn đến cây lai F_1.

Bảng 4.39: Chiều dài và rộng trái của tổ hợp lai Sừng-Cà

Nghiệm thức	Chiều dài trái (cm)	Chiều dài trái (không cuống, cm)	Chiều rộng trái (cm)	Tỉ số dài/rộng trái
Sừng	9,81^{a}±1,00	7,75^{a}±0,66	1,42^{b}±0,15	4,49^{a}±0,59
Cà	5,56^{c}±0,26	2,49^{d}±0,16	2,75^{a}±0,31	0,91^{d}±0,1
S-C F1	6,69^{b}±0,54	4,48^{c}±0,53	1,43^{b}±0,12	3,23^{c}±0,4
C-S F1	6,81^{b}±0,38	4,9^{b}±0,25	1,42^{b}±0,14	3,47^{b}±0,43
F	**	**	**	**
CV(%)	7,5	9,18	11,07	13,9

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Bảng 4.40: Chiều dài cuống, dày vách và khối lượng trái cặp lai Sừng-Cà

Nghiệm thức	Chiều dài cuống (cm)	Chiều dày vách trái (cm)	Khối lượng trái (g)
Sừng	2,05^{bc}±0,69	0.19^{a}±0,12	3,86^{a}±0,48
Cà	3,06^{a}±0,27	0.13^{b}±0,13	2,67^{b}±0,35
S-C F1	2,12^{b}±0,37	0,11^{b}±0,1	2,39^{c}±0,45
C-S F1	1,91^{c}±0,44	0,12^{b}±0,2	2,43^{c}±0,49
F	**	**	**
CV(%)	20,6	8,06	15,79

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt- không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Bảng 4.41: Năng suất của tổ hợp lai Sừng-Cà

Nghiệm thức	Số hạt/trái	Khối lượng hạt/trái (g)	Số trái/cây	Khối lượng trái/cây (g)
Sừng	55,6^{a}±1,00	0,42^{a} ± 0,05	36,9^{c}±4,33	142,9^{c}±16,58
Cà	54,94^{a}±1,00	0,29^{c} ± 0,02	162,1^{a}±22,53	435,22^{a}±60,1
S-C F1	24,43^{b}±0,54	0,25^{cd} ± 0,04	112,3^{b}±15,08	268,84^{b}±36,21
C-S F1	^{b}±0,38	0,34^{b} ± 0,03	116,8^{b}±17,32	283,95^{b}±42,25
F	**	**	**	**
CV(%)	16,39	27,1	15,16	14,77

*Trong cùng một cột, những số có chữ theo sau giống nhau thì khác biệt không ý nghĩa thống kê, **: khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức ý nghĩa 1%.*

Về hình dạng hoa của cả 2 cây lai F_1 đều có hình dạng hoa to giống với hoa của cây ớt Sừng hơn so với hoa cây ớt Cà. Cánh hoa đều có màu trắng và đều có màu bao phấn là vàng giống với màu bao phấn của cây Ớt Cà, điều này cho thấy gen quy định màu bao phấn của cây ớt Cà trội hơn so với gen quy định màu bao phấn xanh của ớt

Sừng. Về vị trí hoa cả 2 cây lai đề có vị trí hoa vừa phải là trung gian của vị trí hoa cong xuống của ớt Sừng và thẳng lên của ớt Cà.

(A) **(B)** **(C)** **(D)**

Hình 4.39: Màu lá và dạng lá tổ hợp Sừng – Cà, Cà – Sừng và giống cha, mẹ (8/2020)

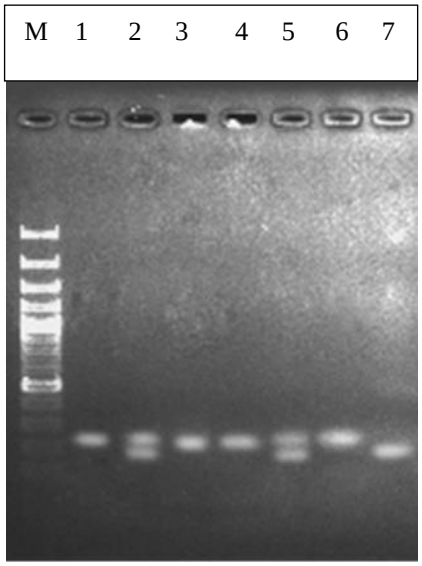
(A): Sừng; (B): Sừng-Cà; (C): Cà-Sừng; (D): Cà

4.2.3 Khảo sát sự thay đổi di truyền của các tổ hợp lai thế hệ F_1 bằng chỉ thị phân tử

Bên cạnh việc khảo sát thế hệ lai F_1 dựa trên sự thay đổi về mặt kiểu hình. Tuy nhiên kiểu hình dễ bị ảnh hưởng bởi điều kiện môi trường. Vì vậy để kiểm tra chính xác hơn về thành công các cặp lai cần thiết phải thực hiện dựa trên kiểu gen, có thể kiểm tra bằng cách sử dụng dấu phân tử. Trong số các dấu phân tử thì dấu SSR là một trong những dấu phân tử được sử dụng phổ biến hiện nay. SSR là dấu đồng trội nên có khả năng phân biệt cá thể đồng hợp hay dị hợp, nếu lai 2 cha mẹ có sự đa hình về độ dài đoạn lặp tại một locus nào đó thì con lai F_1 phải nhận được một alen từ mẹ và một alen từ cha. Như vậy con lai F_1 phải thể hiện 2 băng trên bảng điện di, nếu F_1 chỉ thể hiện 1 band thì cần tiến hành lai lại vì có khả năng việc lai tạo chưa thành công. Như vậy để kiểm tra sự thành công của con lai F_1 cần sử dụng các cặp mồi có sự đa hình cao, cụ thể tại locus quan sát thì giữa giống cha và mẹ phải có sự đa hình, có như vậy mới có thể dễ dàng kiểm tra con lai có thành công hay không. Chính vì thế, đề tài trước tiên thực hiện khảo sát trên cả 4 cặp mồi dự kiến sử dụng ở các giống cha mẹ để xem tại locus nào thì cha mẹ có sự đa hình sẽ sử dụng cặp mồi đó để khảo sát thế hệ con lai F_1. Khi kiểm tra DNA của các tổ hợp lai thế hệ F_1 thì kết quả cho thấy 3 chỉ thị CAMS493, CaeMS010, HpmsE045 thể hiện kích thước băng không có sự chênh lệch đáng kể giữa các giống cha và mẹ. Nhưng ở chỉ thị Hpms 1 – 69 thì có sự chênh lệch kích thước band đáng kể giữa giống cha và mẹ, có thể sử dụng để kiểm tra việc lại có

thành công hay không ở thế hệ F_1. Các kết quả kiểm tra được thể hiện trong 4 hình sau:

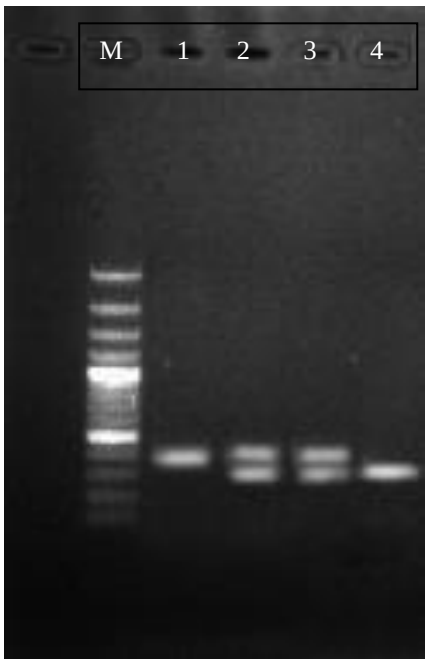
Sau khi đã chọn được cặp mồi Hpms-169 có sự đa hình giữa bố và mẹ, cặp mồi này được dùng để kiểm tra con lai F_1. Sau khi thực hiện phản ứng PCR các con lai F_1 với giống cha mẹ đối chứng kết quả được trình bày ở hình 4.35.



Hình 4.40: Kết quả điện di sản phẩm PCR trên gel agarose 2% chỉ thị Hpms 1- 169

Ghi chú: Giếng M: Lader 100bp; giếng 1: Sừng; giếng 2: Sừng – Hiểm F1; giếng 3: Sừng – Cà F1; giếng 4: Cà; giếng 5: Hiểm – Sừng F1; giếng 6: Cà – Sừng F1; giếng 7: Hiểm.

Kết quả điện di cho thấy ở cặp lai giữa 2 giống cha mẹ Sừng và Hiểm có thể hiện 2 băng trong đó có 1 băng giống cha và 1 băng giống mẹ. Như vậy cây lai Sừng – Hiểm và Hiểm – Sừng F_1 đã được chứng minh lai thành công vì đã nhận một alen từ cha và một alen từ mẹ tại locus Hpms 1-69, từ đó có thể suy luận có hiện tượng tái tổ hợp di truyền của cha mẹ vào thế hệ con lai. Từ kết quả trên có thể tiến hành thu trái tự thụ để khảo sát tiếp sự thay đổi di truyền ở thế hệ F_1. Tuy nhiên ở locus này kích thước băng của Sừng và Cà đều giống nhau nên con lai F1 có kích thước không khác biệt với Sừng và Cà nên không kiểm tra được việc lai có thành công hay không. Vì vậy tiến hành sử dụng thêm cặp mồi phát hiện locus có sự khác biệt giữa Sừng và Cà để kiểm tra sự thành công của con lai F1 đó là cặp mồi *Hpms 1-172.*

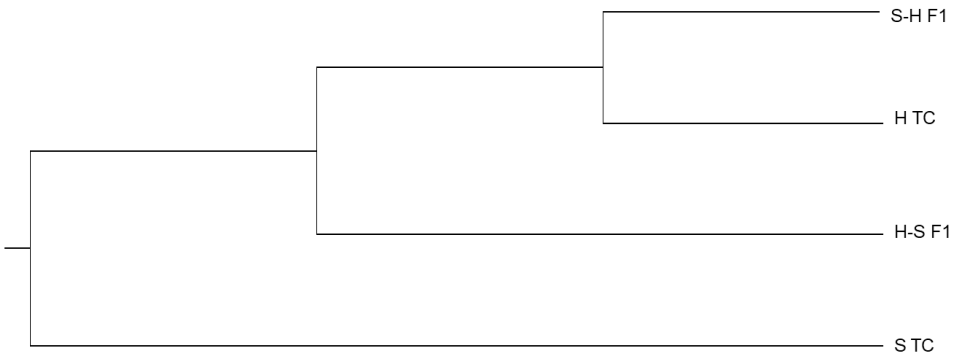


Hình 4.41: Kết quả điện di sản phẩm PCR trên gel agarose 2% chỉ thị Hpms 1- 172

Ghi chú: Giếng M: Lader 100bp; giếng 1: Sừng; giếng 2: Sừng – Cà F1; giếng 3: Cà– Sừng F1; giếng 4: Cà.

4.2.4 Khảo sát sự thay đổi di truyền của các tổ hợp lai thế hệ F_1 dựa trên trình tự gen *CaOvate*

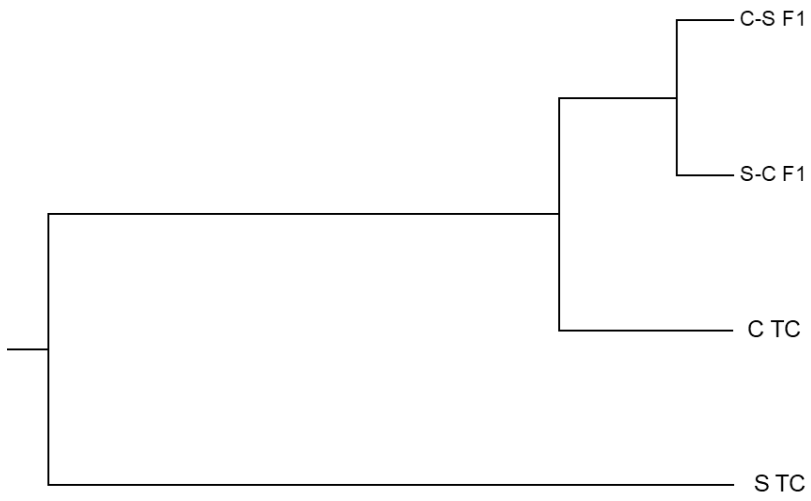
Kết quả giải trình tự vùng gen *CaOvate* của các cây lai F1 thuận nghịch với cây cha và mẹ được vẽ thành sơ đồ hình cây dựa trên phần mềm Mega 7.0 được thể hiện ở Hình 4.42 (tổ hợp lai giữa Sừng và Hiểm) và Hình 4.43 (tổ hợp lai giữa Sừng và Cà).



Hình 4.42: Khảo sát trình tự gen *CaOvate* của cây lai F_1 S-H và H-S với cha mẹ

Dựa trên sơ đồ hình cây hình 4.42 cho thấy ở tổ hợp lai thuận nghịch giữa cây Hiểm và Sừng nhận thấy cặp lai Sừng – Hiểm F_1 giống với Hiểm nhiều hơn so với cặp lai Hiểm – Sừng F_1 và cả 2 cặp lai thuận nghịch này đều biểu hiện thiên về giống với ớt Hiểm hơn là giống với ớt Sừng. Xét về hình dáng bên ngoài trái của cả 2 cây F_1 đều có dạng thon dài và hướng xuống giống với Sừng. Tuy nhiên ớt Sừng có dạng nhăn nheo, còn ớt Hiểm thì có dạng trơn, trái của 2 cây F_1 đều có chiều rộng theo hướng nhỏ hơn so với chiều rộng của cây ớt Sừng và trái trơn giống như cây ớt Hiểm. Thông qua kết quả nhận thấy việc lai giữa cây ớt Hiểm và cây ớt Sừng thu được dạng trái và

hướng trái nhìn chung giống ớt Sừng, tuy nhiên có sự ảnh hưởng của ớt Hiểm lên trái làm cho kích thước trái nhỏ hơn so với ớt Sừng ban đầu và trái trơn giống như ớt Hiểm.



Hình 4.43: Khảo sát trình tự gen *CaOvate* của cây lai F_1 S-C và C-S với cha mẹ

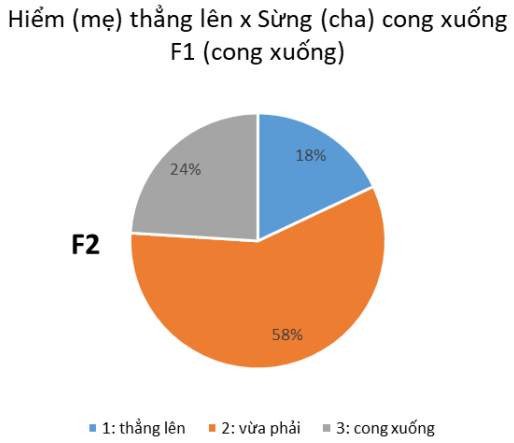
Kết quả khảo sát mối quan hệ giữa cây lai F_1 thuận nghịch của Cà và Sừng với cây cha mẹ cũng nhận thấy trình tự vùng gen *CaOvate* của 2 cây lai F_1 có trình tự gần nhau nhất và cả 2 cây lai này đều giống với cây ớt Cà hơn là giống với cây ớt Sừng. Xét về hình dạng trái thì cả 2 cây lai F_1 đều hướng xuống giống với ớt Sừng. Tuy nhiên dạng trái có dạng trung gian giữa thon dài, nhăn của Sừng và tròn của ớt Cà. Cả 2 cây lai F_1 đều có dạng trái gần giống nhau nên kết quả phân tích cho thấy trình tự gen *CaOvate* của 2 cây lai này gần nhau nhất là phù hợp với kiểu hình. Mặc dù hướng xuống giống ớt Sừng nhưng dạng trái hoàn toàn khác so với ớt Sừng đều này cho thấy có sự ảnh hưởng lớn từ cây ớt Cà, vì thế kết quả trình tự nhận thấy cả 2 cây lai đều gần giống với ớt Cà nhiều hơn giống với ớt Sừng.

4.2.5. Khảo sát các tính trạng chất lượng của tổ hợp lai thế hệ F_2

4.2.4.1 Tổ hợp Hiểm– Sừng F_2

a) Dạng hoa

Khi lai giữa mẹ Hiểm có hoa thẳng lên với cha Sừng có hoa cong xuống thu được quần thể F_2 xuất hiện các dạng gồm 18% thẳng lên, 58% vừa phải và 24% cong xuống (Hình 4.44). Từ kết quả cho thấy các cá thể F_2 có sự phân ly 3 dạng kiểu hình khác nhau, trong đó chiếm tỷ lệ cao nhất là dạng hoa vừa phải (trung gian giữa Hiểm và Sừng), dạng hoa thẳng lên giống với cây mẹ Hiểm chiếm tỷ lệ thấp hơn dạng hoa cong xuống giống với cha Sừng.



Hình 4.44: Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Hiểm-Sừng

(A) (B) (C) (D) (E)

Hình 4.45: Vị trí hoa tổ hợp Hiểm – Sừng

(A: Hiểm (mẹ) thẳng lên, B: Thẳng lên, C: Vừa phải, D: Cong xuống, E: Sừng (cha) cong xuống)

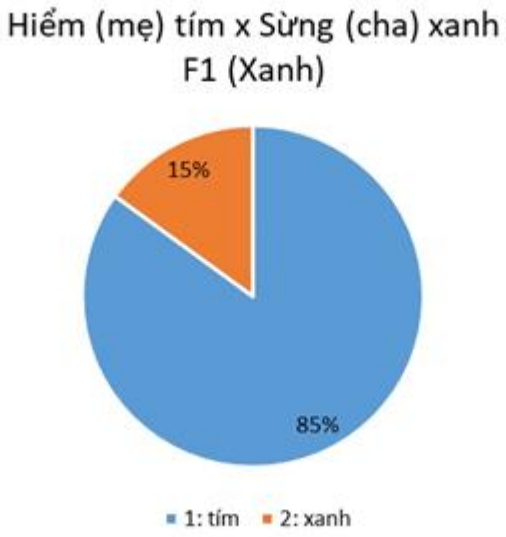
Màu hoa đa số là màu trắng với đài hoa màu xanh. Số cánh hoa đa số 5 cánh có một số cá thể vừa có 5 cánh vừa có 6 cánh hoa.

(A) (B) (C) (D)

Hình 4.46: Màu bao phấn tổ hợp Hiểm – Sừng

(A: Hiểm (mẹ) bao phấn màu tím, B: Bao phấn tím, C: Bao phấn xanh,

D: Sừng (cha) bao phấn xanh)



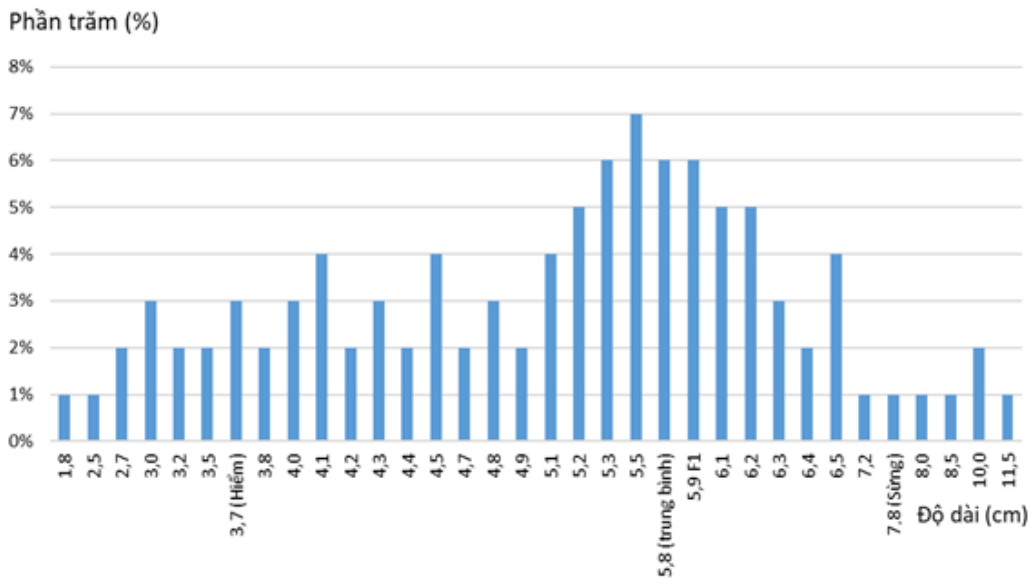
Hình 4.47: Màu bao phấn tổ hợp Hiểm – Sừng

Khi lai giữa mẹ Hiểm có bao phấn màu tím và cha Sừng có bao phấn màu xanh thu được F_2 có 2 dạng màu bao phấn gồm màu xanh và màu tím, trong đó tỉ lệ bao phấn màu tím chiếm tỷ lệ cao hơn nhiều so với số cá thể có bao phấn màu xanh tương ứng với 85% tím và 15% xanh (Hình 4.47). Qua kết quả nhận thấy phần lớn cá thể F_2 có kiểu hình màu bao phấn giống với cây mẹ, các cá thể có màu bao phấn giống với cây cha chiếm tỷ lệ ít hơn.

b) Dạng trái

Trái: có sự phân ly về tính trạng chất lượng ở trái điển hình như: dài, ngắn, trung bình; hướng xuống, hướng lên; cong, thẳng; nhăn, trơn.

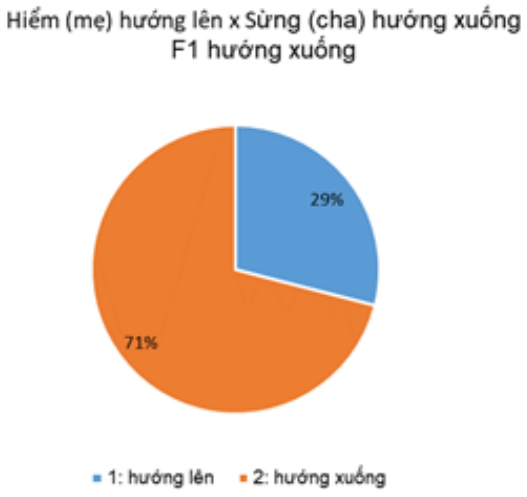
Kết quả tổng hợp cho thấy kích thước trái (không cuống) có sự phân bố khác nhau thể hiện ở Hình 4.48 kích thước trái có sự phân bố đa dạng từ 1,8 cm đến 11,5 cm. Phần lớn các trái có chiều dài trái tập trung gần với giá trị trung bình hơn so với gần với kích thước của Hiểm và Sừng.



Hình 4.48: Kích thước trái (không cuống) tổ hợp Hiểm – Sừng

Hình 4.49: Dạng trái tổ hợp Hiểm – Sừng

Với tính trạng hướng trái nhận thấy có sự phân bố thành 2 dạng hướng lên và hướng xuống, cụ thể có 29% cây hướng lên giống với cây mẹ Hiểm và 71% hướng xuống giống với cây cha Sừng. Qua đó nhận thấy số cây có hướng trái giống với cây cha nhiều hơn số cây có hướng trái giống với cây mẹ.

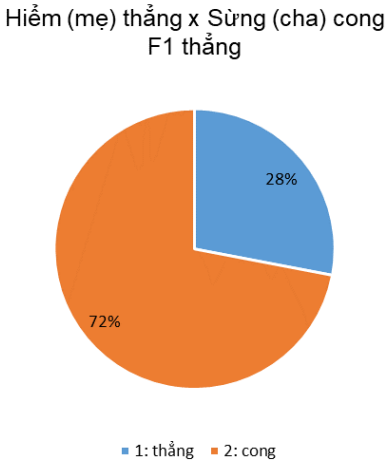


Hình 4.50: Hướng trái tổ hợp lai Hiểm – Sừng

(A) (B) (C) (D)

Hình 4.51: Hướng trái tổ hợp Hiểm – Sừng

(A: Hiểm (mẹ) hướng lên, B: Hướng lên, C: Hướng xuống, D: Sừng (cha) hướng xuống)



Hình 4.52: Độ cong của trái tổ hợp Hiểm – Sừng

Đối với tính trạng độ cong của trái nhận thấy đa số các cá thể F_2 có trái cong giống với cha Sừng (72%) và số ít các cá thể F_2 có dạng trái thẳng giống với mẹ Hiểm (28%). Như vậy đối với tính trạng này cũng đa số các cá thể F_2 có sự phân bố theo hướng giống với cha nhiều hơn mẹ.

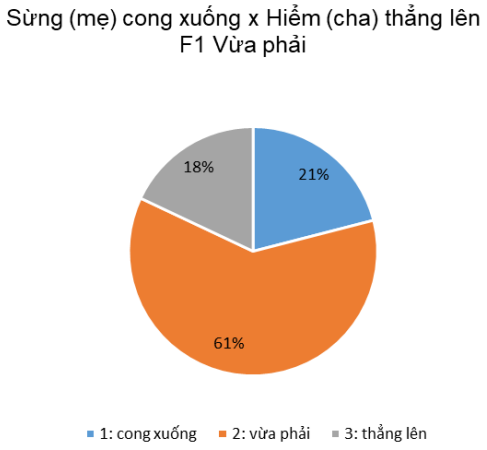
Hình 4.53: Độ cong trái tổ hợp Hiểm – Sừng

Như vậy đối với thế hệ F_2 của cặp lai Hiểm-Sừng nhận thấy các tính trạng hoa có sự phân bố tỷ lệ lớn hướng trái trung gian giữa cha và mẹ, màu bao phấn thì phần lớn giống mẹ. Đối với tính trạng trái thì tính trạng kích trước trái có sự phân bố đều tuy nhiên phần lớn số trái có kích thước xung quanh giá trị trung bình giữa cha và mẹ. Đối với tính trạng hướng trái thì các các thể có trái hướng xuống giống cha chiếm phần lớn. Tương tự độ cong trái của các cá thể F_2 cũng phần lớn có dạng cong giống cha Sừng.

4.2.4.2 Tổ hợp Sừng – Hiểm F_2

a) Dạng hoa

Đối với cặp lai giữa Sừng có hoa dạng cong xuống với Hiểm có hoa thẳng lên thu được F1 hoàn toàn cong xuống. Khi cho F1 tự thụ thu thế hệ F2 nhận thấy có sự phân ly về dạng hoa ở các cá thể F2 cụ thể được thể hiện ở Hình 4.54 với tỉ lệ cao nhất là dạng hoa vừa phải chiếm 61%, dạng hoa cong xuống giống với ở Sừng chiếm 21% và dạng hoa thẳng lên giống với ớt Hiểm chiếm ít nhất 18%. Như vậy, phần lớn các cá thể F2 có dạng hoa trung gian giữa Sừng và Hiểm, dạng hoa giống với Sừng và Hiểm cũng có xuất hiện tuy nhiên với số lượng ít và giống với Sừng nhiều hơn giống với Hiểm.



Hình 4.54: Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Sừng-Hiểm

(A) (B) (C) (D) (E)

Hình 4.55: Vị trí hoa tổ hợp Sừng-Hiểm

(A: Sừng (mẹ) cong xuống, B: Thẳng lên, C: Vừa phải, D: Cong xuống, E: Hiểm (cha) thẳng lên)

Màu cánh hoa của các cá thể F2 đều có màu trắng giống như của cây ớt Sừng và cây ớt Hiểm (Hình 4.56).

(A) (B) (C) (D)

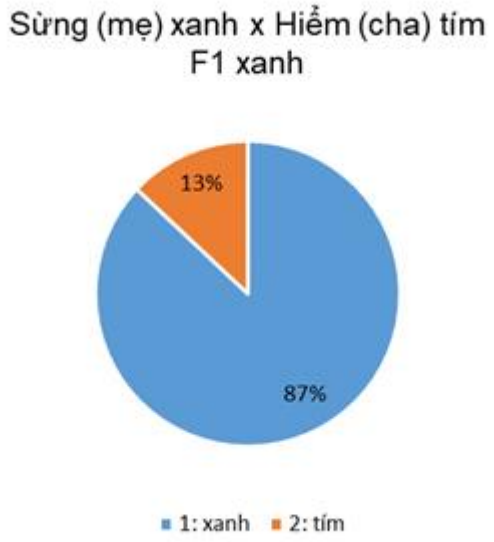
Hình 4.56: Màu bao phấn tổ hợp Sừng – Hiểm

(A: Sừng (mẹ) bao phấn màu xanh, B: Bao phấn xanh, C: Bao phấn tím,

D: Hiểm (cha) bao phấn tím)

Đối với tính trạng màu bao phấn nhận thấy có sự phân ly chỉ có 2 màu là màu xanh giống ớt Sừng (87%) và màu tím giống ớt Hiểm (13%). Như vậy đối với tính

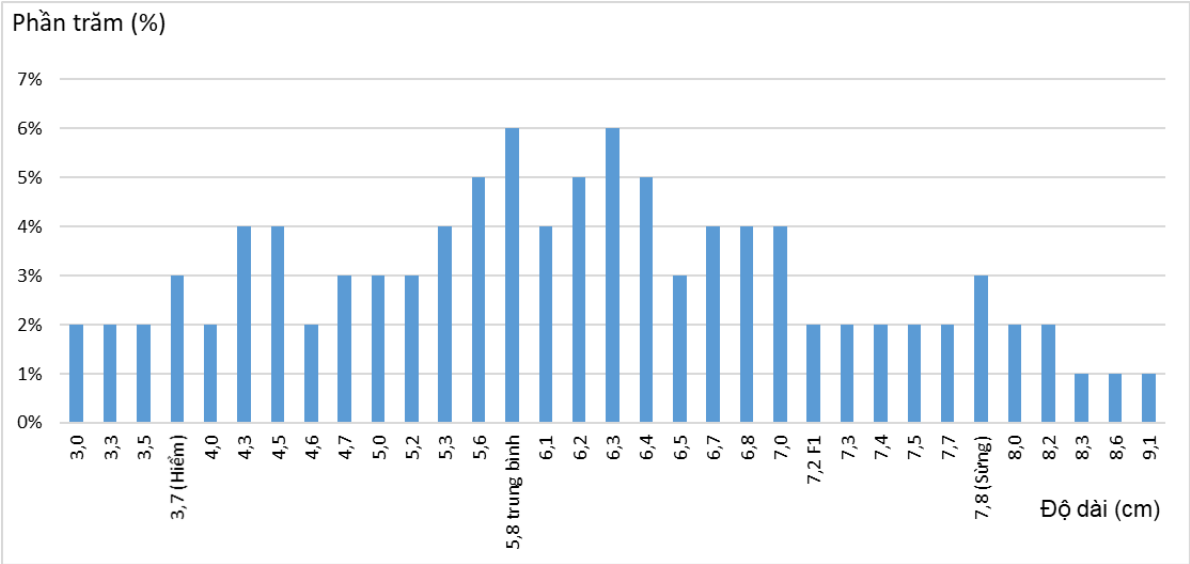
trạng màu bao phấn nhận thấy phần lớn các cá thể F2 đều có biểu hiện thiên về giống mẹ nhiều hơn giống với cây làm cha.



Hình 4.57: Màu bao phấn tổ hợp Sừng – Hiểm

b) Dạng trái

Kết quả tổng hợp cho thấy kích thước trái có sự phân bố khác nhau thể hiện ở Hình 4.58:

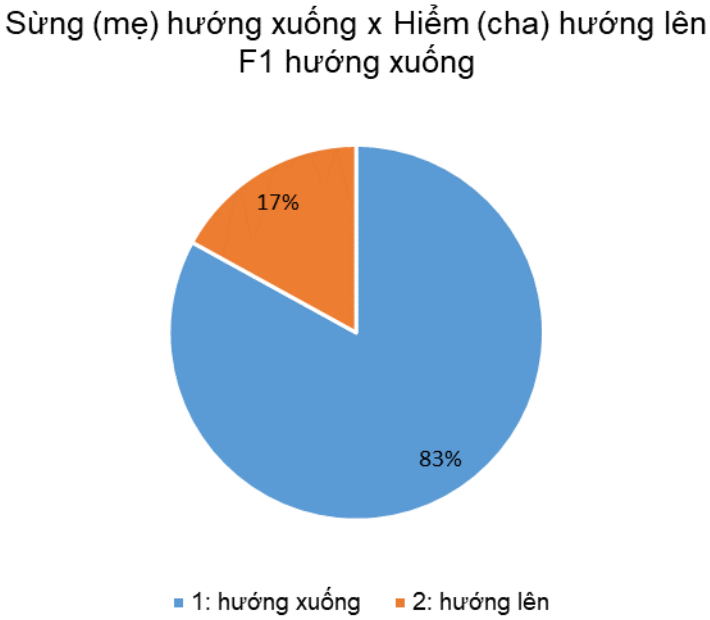


Hình 4.58: Kích thước trái (không cuống) tổ hợp Sừng – Hiểm

Đối với tính trạng số lượng chiều dài trái (không cuống) có sự phân ly vô cùng đa dạng từ 3,0 cm đến 9,1 cm. Cũng tương tự như đối với cặp lai Hiểm – Sừng các cá thể có xu hướng có chiều dài gần với giá trị trung bình giữa Hiểm và Sừng hơn là giống với Hiểm và Sừng. Tuy nhiên cũng có các cá thể có kích thước nhỏ hơn so với cây Hiểm và lớn hơn so với cây Sừng.

Hình 4.59: Dạng trái tổ hợp Sừng – Hiểm

Hướng trái của các cá thể F2 cũng có sự phân ly 2 dạng hướng lên và hướng xuống trong đó phần lớn các cá thể có dạng hướng xuống giống với Sừng chiếm 83% và số ít có dạng hướng lên giống với Hiểm 17% (Hình 4.60).



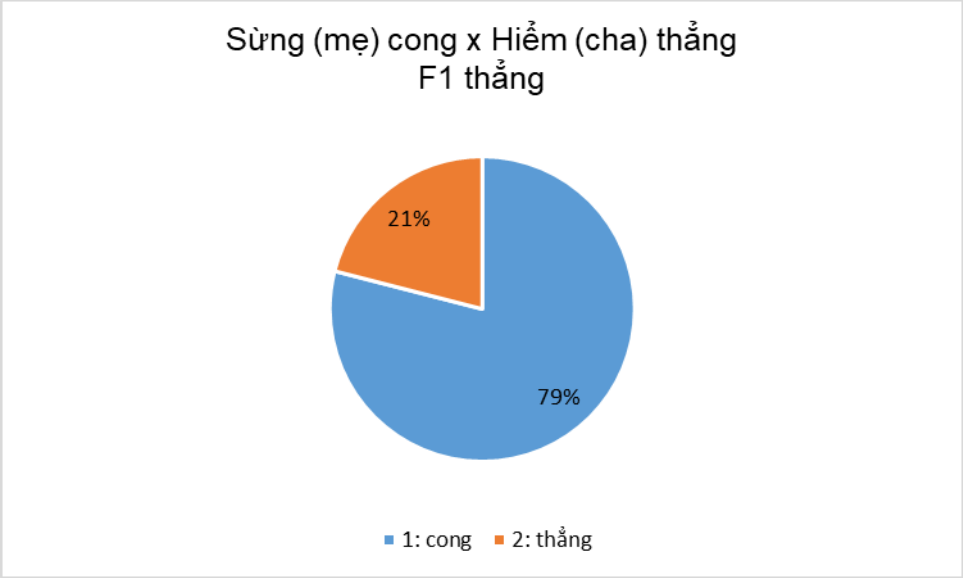
Hình 4.60: Hướng trái tổ hợp lai Sừng – Hiểm

(A) (B) (C) (D)

Hình 4.61: Hướng trái tổ hợp Sừng – Hiểm

(A: Sừng (mẹ) hướng xuống, B: Hướng xuống, C: Hướng lên, D: Hiểm (cha) hướng lên)

Về độ cong nhận thấy cũng có sự phân ly 2 dạng thẳng và cong ở các cá thể F2 của cặp lai Sừng – Hiểm trong đó phần lớn các cá thể F2 có dạng trái cong giống với trái của cây mẹ ớt Sừng chiếm tỉ lệ lớn 79% và chỉ có 21 % các cá thể có dạng trái thẳng giống với cây cha ớt Hiểm. Như vậy đối với cặp lai này phần lớn cá thể có dạng trái cong thiên về giống với mẹ hơn là giống với cây cha (Hình 4.62 và 4.63).



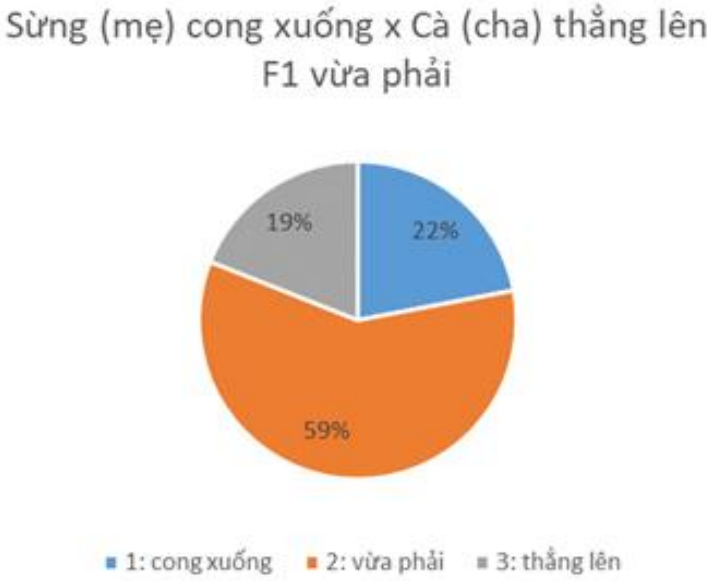
Hình 4.62: Độ cong của trái tổ hợp Hiểm – Sừng

Hình 4.63: Độ cong trái tổ hợp Hiểm – Sừng

4.2.4.3 Tổ hợp Sừng - Cà F_2

a) Dạng hoa

Khi lai giữa cây Sừng có hoa hướng xuống với cây ớt Cà có hoa hướng lên thu được F1 có dạng hoa vừa phải. Đối với các cá thể F2 có sự phân ly cả 3 dạng hoa hướng xuống, vừa phải và hướng lên.



Hình 4.64: Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Sừng-Cà

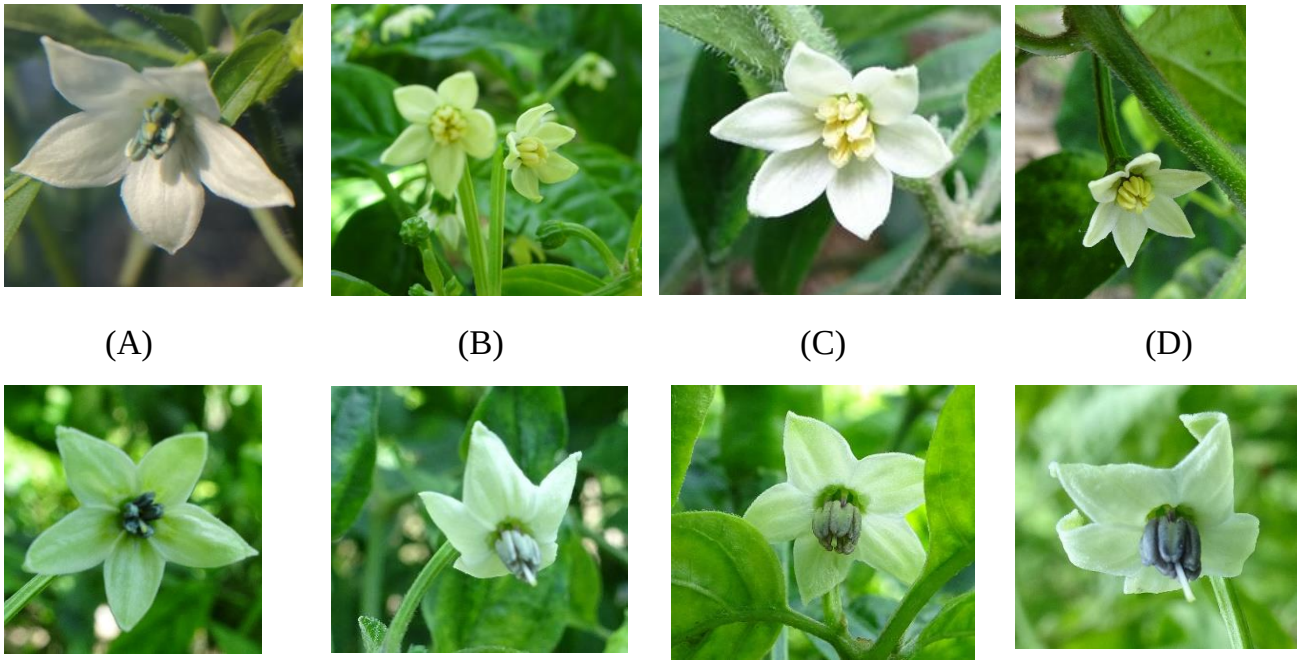
Kết quả Hình 4.64 cho thấy phần lớn các cá thể F2 có vị trí hoa vừa phải (59%) trung gian giữa hướng lên và hướng xuống, có 22% cá thể có hoa cong xuống và 19% cá thể có hướng hoa thẳng lên. Như vậy đối với cặp lai này đa số các cá thể có dạng hoa trung bình giữa cha và mẹ, và các cá thể có vị trí hoa giống cha và giống mẹ cũng tương đương gần bằng nhau.

(A) (B) (C) (D) (E)

Hình 4.65: Vị trí hoa tổ hợp Sừng-Cà

(A: Sừng (mẹ) cong xuống, B: Cong xuống, C: Vừa phải, D: thẳng lên, E: Cà (cha) thẳng lên)

Đối với tính trạng màu bao phấn nhận thấy phần lớn các cá thể F2 đều có bao phấn màu vàng giống với cây cha Cà chiếm 65%, 11% cá thể xuất hiện màu bao phấn màu xanh giống với cây mẹ Sừng, 15% cá thể có màu bao phấn tím nhạt và 9% cá thể có màu bao phấn màu tím. Như vậy đối với cặp lai này ngoài xuất hiện 2 màu bao phấn giống với Sừng và Cà thì cón xuất hiện các màu bao phấn mới đó là tím nhạt và tím (Hình 4.67).



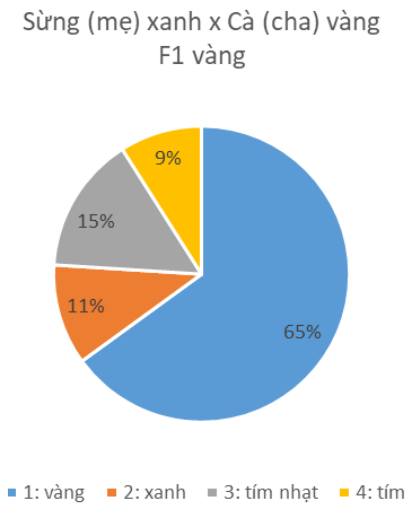
(A) (B) (C) (D)

(E) (F) (G) (H)

Hình 4.66: Màu bao phấn tổ hợp Sừng – Cà

(A: Sưng (mẹ) bao phấn màu xanh, B: Cà (cha) bao phấn vàng, C, D: Bao phấn vàng, E: Bao phấn xanh, F,G: Bao phấn tím nhạt, H: Bao phấn tím

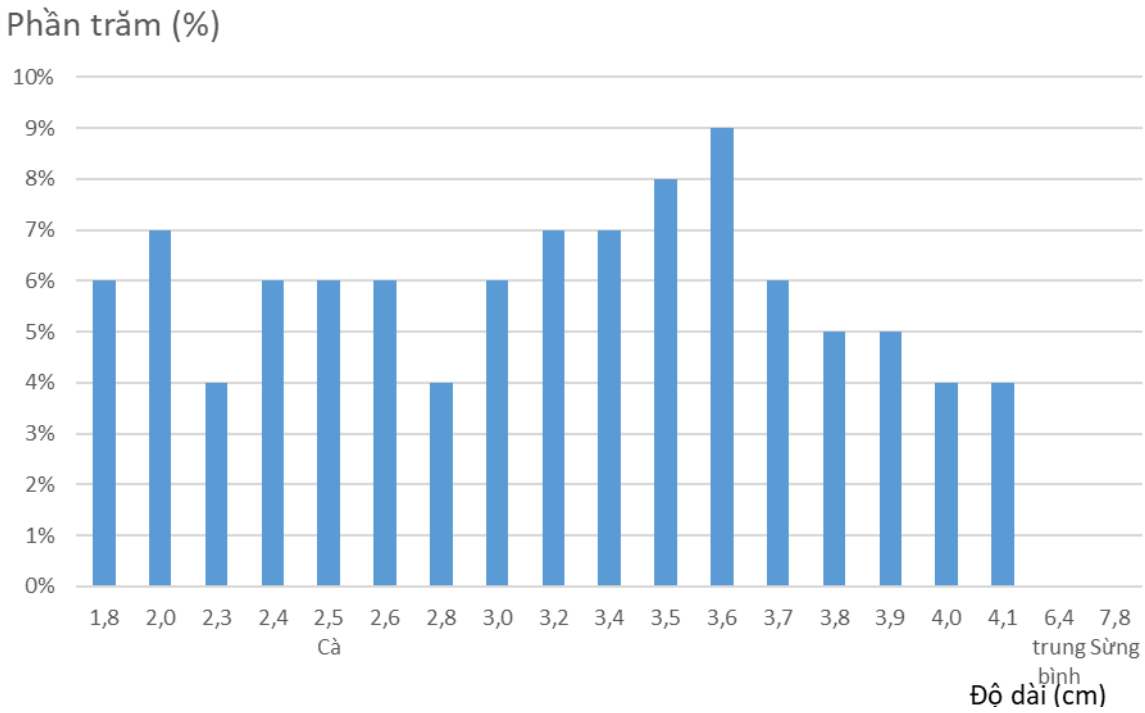
Bên cạnh đó đối với tính trạng màu cánh hoa cũng có sự đa dạng với các màu trắng, trắng ngà, hơi vàng và có cả cá thể có cánh hoa màu hơi vàng và có chấm vàng trên cánh hóa. Về số lượng hoa trên nách cũng có sự xuất hiện các cá thể có nhiều hoa trên nách giống cây ớt Cà tuy nhiên phần lớn thì chỉ có 1 hoa trên nách.



Hình 4.67: Màu bao phấn tổ hợp Sừng - Cà

b) Dạng trái

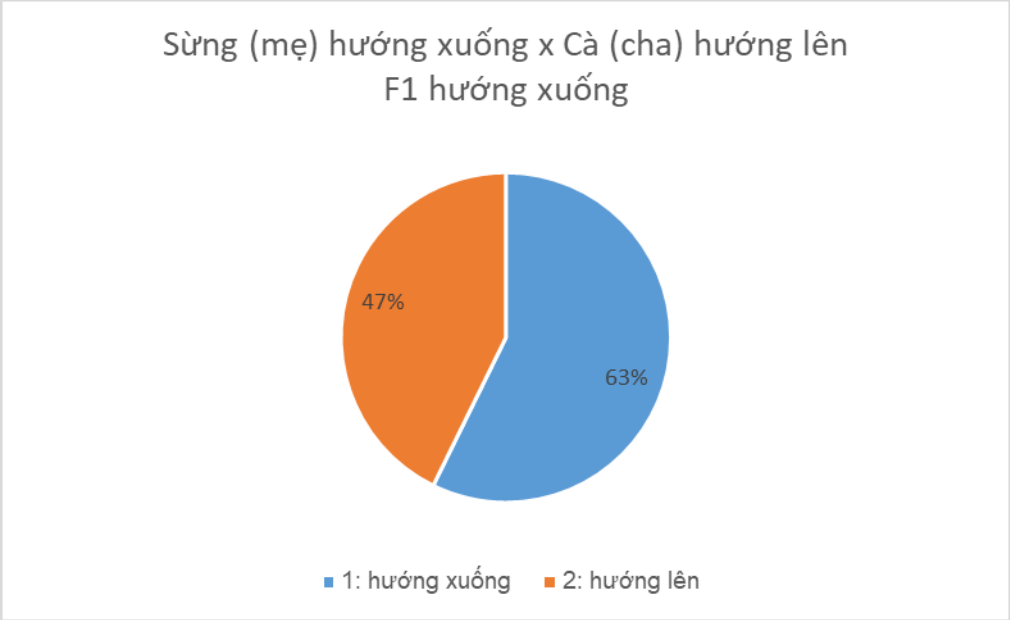
Về kích thước trái (không cuống) có sự phân bố đa dạng từ 1,8 cm đến 4,1 cm. Có trái có chiều dài nhỏ hơn so với trái Cà. Tuy nhiên phần lớn trái đều có kích thước nhỏ hơn ớt Sừng và nhỏ hơn kích thước trung bình giữa ớt Cà và ớt Sừng. Qua đó nhận thấy phần lớn các cá thể có kích thước trái thiên về giống với trái ớt Cà nhiều hơn, chứng tỏ sự ảnh hưởng của cây cha Cà lên kích thước trái của các cá thể F2 (Hình 4.68).



Hình 4.68: Kích thước trái (không cuống) tổ hợp Hiểm – Sừng

Hình 4.46: Dạng trái tổ hợp Sừng – Cà

Về hướng trái có sự phân ly thành 2 hướng chủ yếu ở thế hệ F2 đó là hướng lên giống với Cà là 63% và hướng xuống giống với Sừng là 47% (hình 4.69). Như vậy cặp lai này ở thế hệ F2 có sự phân ly hướng trái giống với cây dùng làm cha cao hơn cây mẹ.

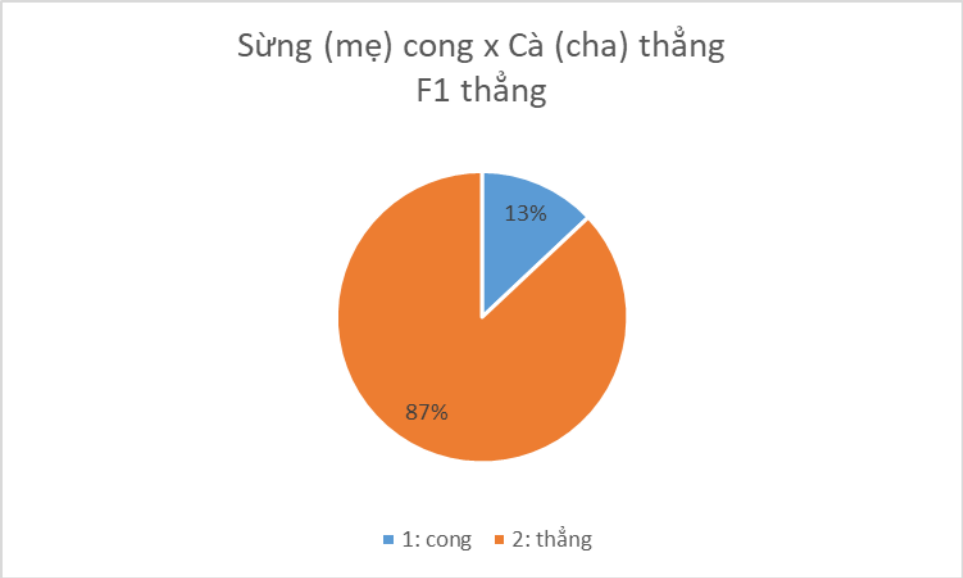


Hình 4.69: Hướng trái tổ hợp lai Sừng - Cà

(A) (B) (C) (D)

Hình 4.70: Hướng trái tổ hợp Sừng - Cà

(A: Sừng (mẹ) hướng xuống, B: Hướng xuống, C: Hướng lên, D: Cà (cha) hướng lên)



Hình 4.71: Độ cong của trái tổ hợp Sừng - Cà

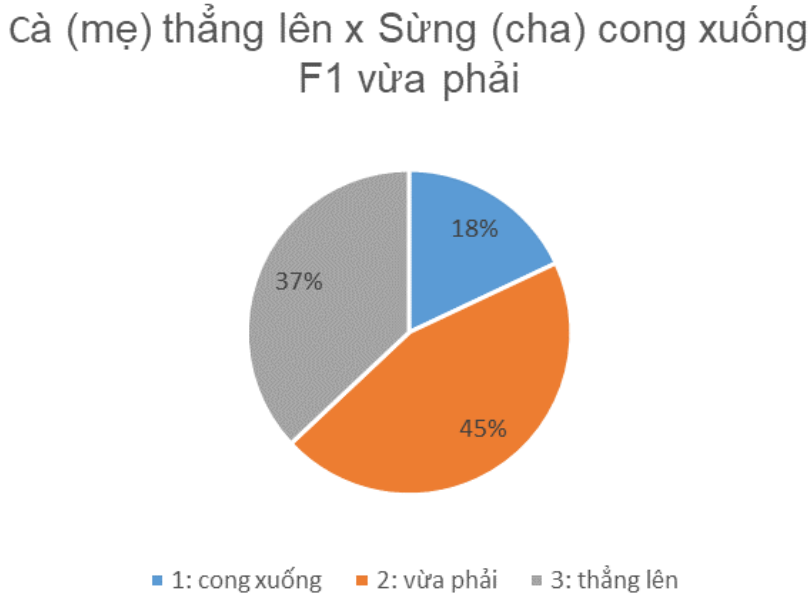
Các trái của cây lai F2 xuất hiện các trái dạng cong và thẳng. Vì cây Sừng có dạng trái cong chính vì vậy phần lớn con lai ở thế hệ F2 xuất hiện dạng trái cong giống với Sừng cụ thể chiếm 87%, dạng trái thẳng chiếm tỷ lệ ít hơn rất nhiều chỉ 13% (hình 4.71).

Hình 4.72: Độ cong trái tổ hợp Sừng – Cà

4.2.4.4 Tổ hợp Cà – Sừng F_2

a) Dạng hoa

Khi lai giữa cây ớt Cà có hoa hướng lên với cây ớt Sừng có hoa hướng xuống thu được F1 có dạng hoa vừa phải. Đối với các cá thể F2 có sự phân ly cả 3 dạng hoa hướng xuống, vừa phải và hướng lên.



Hình 4.73.: Phân bố các dạng vị trí hoa tổ hợp lai Cà-Sừng

Kết quả Hình 4.73 cho thấy phần lớn các cá thể F2 có vị trí hoa vừa phải (45%) trung gian giữa hướng lên và hướng xuống, có 18% cá thể có hoa cong xuống và 37% cá thể có hướng hoa thẳng lên. Như vậy đối với cặp lai này đa số các cá thể có dạng hoa trung bình giữa cha và mẹ, và các cá thể có vị trí hoa giống mẹ nhiều hơn gấp đôi với các cá thể có hoa giống cha.

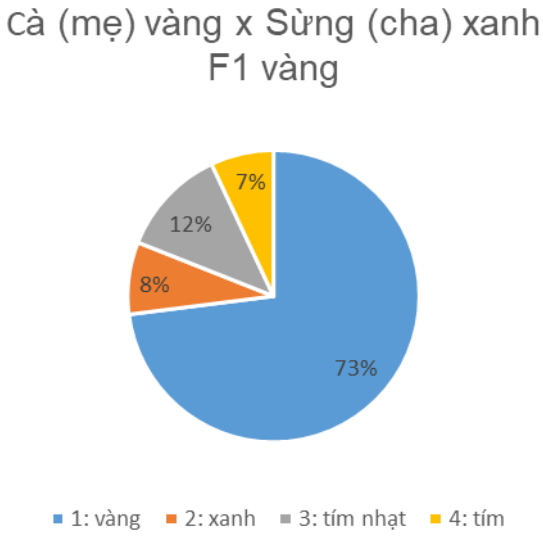
(A) (B) (C) (D) (E)

Hình 4.74: Vị trí hoa tổ hợp Cà - Sừng

(A: Cà (mẹ) thẳng lên, B: Thẳng lên, C: Vừa phải, D: Cong xuống, E: Sừng (cha) cong xuống)

Đối với tính trạng màu bao phấn nhận thấy phần lớn các cá thể F2 đều có bao phấn màu vàng giống với cây cha mẹ Cà chiếm 73%, 8% cá thể xuất hiện màu bao phấn màu xanh giống với cây cha Sừng, 12% cá thể có màu bao phấn tím nhạt và 7% cá thể có màu bao phấn màu tím. Như vậy đối với cặp lai này ngoài xuất hiện 2 màu

bao phấn giống với Sừng và Cà thì còn xuất hiện các màu bao phấn mới đó là tím nhạt và tím (Hình 4.75).



Hình 4.75: Màu bao phấn tổ hợp Cà – Sừng

(A) (B) (C) (D) (E) (F)

Hình 4.76: Màu bao phấn tổ hợp Cà – Sừng

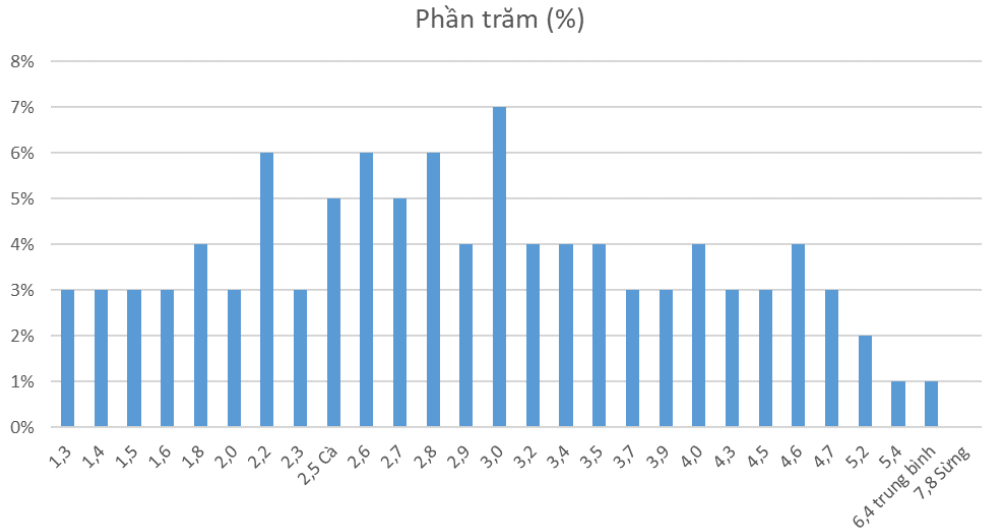
(A: Cà (mẹ) bao phấn màu vàng, B: Sừng (cha) bao phấn xanh C: Bao phấn vàng, D: Bao phấn xanh, E: Bao phấn tím nhạt, F: Bao phấn tím đậm)

Bên cạnh đó đối với tính trạng màu cánh hoa cũng có sự đa dạng với các màu trắng, trắng ngà, hơi vàng và có cả cá thể có cánh hoa màu hơi vàng và có chấm vàng trên cánh hóa. Về số lượng hoa trên nách cũng có sự xuất hiện các cá thể có nhiều hoa trên nách giống cây ớt Cà tuy nhiên phàn lớn thì chỉ có 1 hoa trên nách.

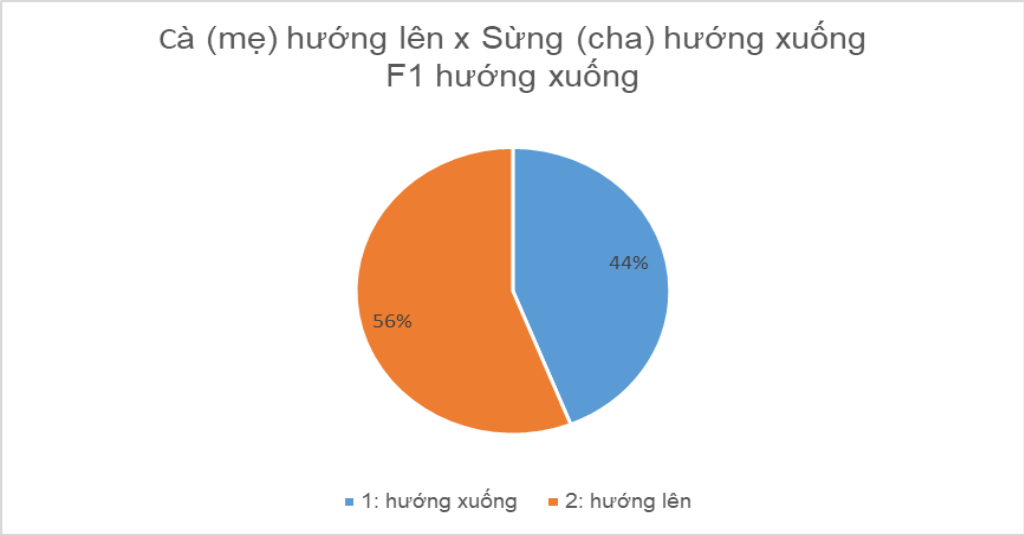
b) Dạng trái

Về kích thước trái (không cuống) có sự phân bố đa dạng từ 1,3 cm đến 5,4 cm. Có trái có chiều dài nhỏ hơn so với trái Cà. Tuy nhiên phần lớn trái đều có kích thước nhỏ hơn ớt Sừng và nhỏ hơn kích thước trung bình giữa ớt Cà và ớt Sừng. Qua đó nhận thấy phần lớn các cá thể có kích thước trái thiên về giống với trái ớt Cà nhiều hơn, chứng tỏ có sự ảnh hưởng nhiều của cây mẹ Cà lên kích thước trái của các cá thể F2 (Hình 4.77).

Hình 4.78: Dạng trái tổ hợp Cà – Sừng



Hình 4.77: Kích thước trái (không cuống) tổ hợp Cà – Sừng



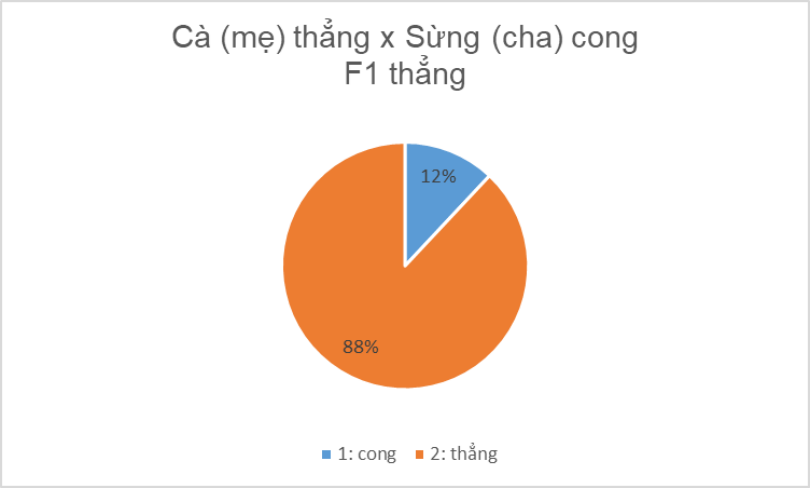
Hình 4.79: Hướng trái tổ hợp lai Cà – Sừng

Cây mẹ Cà có trái hướng lên và cây cha Sừng có trái hướng xuống, thế hệ F2 có sự phân ly thành 2 dạng hướng lên và hướng xuống với tỉ lệ gần như nhau. Tuy nhiên tỷ lệ có thể có trái hướng lên giống cây mẹ Cà (56%) cao hơn so với cá thể có trái hướng xuống (44%) (hình 4.79).

(A) (B) (C) (D)

Hình 4.80: Hướng trái tổ hợp Cà – Sừng

(A: Cà (mẹ) hướng lên, B: Hướng lên, C: Hướng xuống, D: Sừng (cha) hướng xuống)



Hình 4.81: Độ cong của trái tổ hợp Cà – Sừng

Phần lớn trái có dạng thẳng giống Cà (88%) và phần còn lại có dạng cong giống Sừng (12%).

Hình 4.82: Độ cong trái tổ hợp Cà – Sừng

Như vậy khi lai giữa các cha mẹ có kiểu hình dạng trái khác nhau đã khảo sát được sự phân bố về kiểu hình của con lai ở thế hệ F1 và F2 từ đó làm cơ sở để đánh giá và chọn lọc cho những bước tiếp theo của công tác chọn tạo giống ớt.

Costa *et al*. (2016) đã mô tả tính đa dạng di truyền bằng cách sử dụng các đặc tính hình thái và các dấu phân tử của giống cha mẹ là *Capsicum annuum* (UFPB-01 và UFPB-137), *C. baccatum* (UFPB-72) và *C. chinense* (UFPB-128) và các giống lai khác nhau của chúng (01x128, 72x128 và 137x128), 17 đoạn mồi đã tạo ra 58 dải đa hình cho phép ước tính sự đa dạng di truyền giữa cha mẹ và cây lai, và những kết quả này đã khẳng định kết quả phân tích hình thái học. Kết quả Chiều dài trái và năng suất hạt / quả (SYF) cho thấy sự khác biệt cao nhất. Tính đa đa dạng nhất là đường kính trái cây lớn nhất (26,42%). Đặc điểm ít có ý nghĩa nhất là độ dày màng (0,33%). Các kết quả này khẳng định *C. annuum* đã có mối quan hệ họ hàng gần *C. chinense* so với *C. baccatum*.

CHƯƠNG 5: KẾT LUẬN VÀ KHUYẾN NGHỊ

5.1. Kết luận

- Khảo sát được sự thay đổi di truyền ở thế hệ T1 của việc ghép các cặp ghép thuận nghịch Sừng với Hiểm và Hiểm với Cà dựa vào các đặc tính nông học và dấu phân tử SSR và dấu phân tử SNP với kết quả như sau:

+ Cặp ghép Sừng-Hiểm: nhận thấy có sự thay đổi hình thái trên tính trạng hoa cụ thể ở màu bao phấn, tính trạng lá gây thay đổi hình dạng và kích thước lá, tính trạng trái có hình dạng không khác với cành Hiểm tuy nhiên có sự thay đổi theo hướng tăng kích thước trái và khối lương trái ở một số nghiệm thức S-H 60-20, S-H 60-25 và S-H 70-25. Điều này cho thấy có sự ảnh hưởng của gốc ghép Sừng có kích thước lớn đã làm tăng kích thước của cây ghép cao hơn cành ghép Hiểm.

+ Cặp ghép Hiểm-Sừng: nhận thấy có sự thay đổi trên tính trạng màu bao phấn của hoa, hình dạng và kích thước lá, về trái phần lớn có kích thước và khối lượng nhỏ hơn cành ghép Sừng. Điều này cho thấy có thể có sự ảnh hưởng của gốc ghép Hiểm lên cành ghép vì gốc ghép Hiểm có các thông số trên trái nhỏ hơn gốc Sừng.

+ Kết quả khảo sát dựa trên các cặp mồi SSR liên kết chặt với gen quy định tính trạng trái nhận thấy không có sự khác biệt giữa các nghiệm thức ghép và gốc ghép với cây ghép ở tất cả các cặp ghép. Điều này là do ở các locus này không có sự khác biệt giữa các gốc ghép và cây ghép nên chưa phát hiện được sự ảnh hưởng của cây ghép.

+ Kết quả khảo sát dựa vào vùng gen *CaOvate* quy định hình dạng trái trên ớt nhận thấy cây ghép đều thiên về giống với cành ghép. Kết quả này phù hợp với kết quả quan sát trên hình dạng trái của cây ghép. Dạng trái trên cây ghép thiên về giống với cành ghép.

- Khảo sát sự thay đổi của thế hệ lai F1 giữa các cặp lai và cha mẹ dựa trên kết quả nông học và vùng gen *CaOvate* nhận thấy kết quả như sau:

+ Cặp lai thuận nghịch giữa Sừng và Hiểm: các tính trạng hoa thể hiện màu bao phấn trung gian giữa cha và mẹ, tính trạng lá thiên về giống với Sừng, tính trạng trái giữa phép lai thuận và nghịch tương tự nhau và có dạng và kích đều thiên về giống với cây Sừng. Về hướng trái cả hai phép lai đều có hướng trái chỉ địa giống như ớt Sừng. Điều này có thể kết luận gen quy định tính trạng trái ở cây Sừng là gen trội hơn so với cây Hiểm.

+ Cặp lai thuận nghịch giữa Sừng và Cà: các tính trạng hoa thể hiện dạng cánh hoa giống Sừng nhưng màu bao phấn cả 2 phép lai đều có màu vàng giống với Cà. Đối với tính trạng lá cặp Sừng- Cà có dạng lá giống mẹ Sừng và cặp Cà-Sừng có dạng lá giống mẹ Cà, ở đây có thể kết luận tính trạng lá có sự di truyền theo dòng mẹ. Với tính trạng trái nhận thấy cả 2 phép lai thuận nghịch đều có dạng trái giống nhau với kích thước và dạng trái trung gian giữa cha và mẹ, đặc biệt cả 2 đều có trái chỉ địa giống

như ớt Sừng, từ đó có thể kết luận gen quy định hướng trái của cây Sừng trội hơn cây Cà.

5.2. Khuyến nghị

- Đối với ghép: cần khảo sát thêm ở những độ tuổi và chiều dài gốc ghép khác để tìm thấy sự ảnh hưởng của gốc ghép lên cây ghép ở tính trạng trái nhiều hơn; sử dụng các cặp mồi SSR khác liên kết với các tính trạng lá và hoa (màu bao phấn) và các vùng gen quy định 2 tính trạng trên để khảo sát sự thay đổi về mặt di truyền của cây ghép, vì trên thực tế các cây ghép có sự thay đổi ở 2 tính trạng lá và hoa.

- Đối với lai: khảo sát thêm sự thay đổi của các vùng gen quy định các tính trạng khác như lá và hoa.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Allard, R.W. (1960). Principles of Plant Breeding. *New York Jhon Wiley and Sons*, 485.

Andrews, P.K. & Marquez, C.S. (1993). Graft incompatibility. *Hort. Rev*. 15:183 – 231.

Armour, J.A.L., Alegre, S.A., Miles, S., Williams, L.J. & Badge, R.M. (1999). *Minisatellites and mutation processes in tandemly repetitive DNA. In: Goldstein DB, Schlotterer C (Eds) Microsatellites: evolution and applications*. Oxford: Oxford University Press, 24 – 33.

AVRDC (1995). Progress Report. Asian Vegetable Research and Development Center, Shanhua, Tainan, Taiwan (ROC).

Ba, T.T. (2005). *Kỹ thuật trồng cây ớt cay*. NXB Đại học Cần Thơ.

Ba, T.T, Hai, T.V. & Thủy, V.T.B. (2009). *Kỹ thuật sản xuất rau sạch*. Khoa Nông nghiệp và Sinh học Ứng dụng.

Baral, J. & Bosland, P. W. (2002). Genetic diversity of a Capsicum germplasm collection from Nepal as determined by Randomly Amplified Polymorphic DNA markers. *J. Amer. Soc. Hort. Sci*, 127 (3): 316-324.

Barton & Turelli (1989). Avolutionary quantitative geneticcs. *Annual Reviews Inc*: 337 – 370.

Ben Chaim, A.; Paran, I.; Grube, R.C.; Jahn, M.; Van Wijk, R.; Peleman, J. (2001). QTL mapping of fruit-related traits in pepper (*Capsicum annuum*). *Theor. Appl. Genet. , 102*, 1016–1028.

Berhanu Yadeta, Derbew Belew, Wosene Gebreselassie & Fekadu Marame (2011). Variability, heritability and genetic advance in hot pepper (*Capsicum annuum* L.) genotypes in West Shoa, Ethiopia. *American-Eurasian J. Agric & Environ . Sci*, 10(4): 587-592.

Bosland, P.W. (1992). Chiles: a diverse crop. *Hort. Technol*., 2, 6-10.

Bosland, P.W. (1996). Capsicums: Innovative uses of an ancient crop. *Hort. Techno*l.:479 – 487.

Bosland, P.W. & Votava, E. (2000). Peppers: Vegetable and spice Capsicums Oxford, Wallingford: Cabi. Bosland, P.W. and E. J. Votava, 2012. Peppers: Vegetable and Spice C*apsicums* J. Atherton and A. Rees (eds), CABI Publishing, pp: 199.

Bosland, P.W. & Wang, D. (2006). The Genes of Capsicum. *HortScience, 41/5*, 1169-1187.

Bửu, B.C. & Lang, N.T. (1999). *Di truyền phân tử*, NXB Nông nghiệp.

Cândida H.C. de Magalhães Bertini, Ivan Schuster, Tocio Sediyama, Everaldo Gonçalves de Barros & Maurílio Alves Moreira (2006). Characterization and genetic diversity analysis of cotton cultivars using microsatellites. *Genetic and Molecular Biology*, 29(2): 321-329.

Chambers, G.K. & MacAvoy, E.S. (2000). Microsatellites: consensus and controversy. *Comp Biochem Physiol (Part B) Biochem Moi Biol* 126(4): 455 - 476.

Chamikara, M., Rajapaksha, P., Weebadde, C. & Sooriyapathirana, S.S. (2015). Morphological and microsatellite marker analysis of fruit size and shape in selected accession and commercial cultivars of capsicum species in Sri Lanka. *International Journal of multidisciplinary studies* (02) Isue-01, 29-51.

Chunthawodtiporn, J.; Hill, T.; Stoffel, K.; Van Deynze, A. (2018). Quantitative Trait Loci Controlling Fruit Size and Other Horticultural Traits in Bell Pepper (*Capsicum annuum*). *Plant Genome* , *11*, 160125.

Colla, G., Rouphael Y., Cardarelli M., Temperini O., Rea E., Salerno A. & Pierandrei, F. (2008). Influence of grafting on yield and fruit quality of pepper (*Capsicum annuum* L.) grown under greenhouse conditions. *Acta Hortic*, 782, 359-364.

Costa, M., Rêgo1, M.M. do, Silva, A.P.G. da, Rêgo1, E.R. do & Barroso1, P.A. (2006). Characterization and genetic diversity of pepper (*Capsicum* spp.) parents and interspecific hybrids. *Genetics and Molecular Research* 15 (2), gmr.15027652.

Côn, P.V. (2013). *Kỹ thuật ghép cây Rau – Hoa - Quả*. NXB Nông Nghiệp.

Cương, T.K. (2004). *Nghiên cứu sử dụng 2 giống cà tím EG 195 và EG 203 làm gốc ghép kháng bệnh héo xanh trên cây cà chua trong điều kiện Đồng bằng sông Cửu Long*. Kết quả nghiên cứu khoa học công nghệ rau quả 2003 – 2004. Viện Nghiên cứu Cây ăn quả miền Nam.

De (2003). Capsicum: *The genus Capsicum*. London: 275 pp.

Debbarama, C., Khanna, V.K., Tyagi, W., Rai, M. & Meetei, N.T. (2013). Wide Hybridization and Embryo-Rescue for Crop Improvement in Capsicum. *Agrotechnol*, S11,003.

Deyuan Wang & Paul W. Bosland (2006). The Genes of Capsicum. *Hort Science* 41/5: 116 - 118.

Donas - Ucles, Jiménez-Luna, F., Gongora-Corral, J.A., Perez-Madrid, D., Verde-Fernández, D. & Camacho-Ferre, F. (2014). Influence of three rootstocks on yield and commercial quality of "Italian Sweet" pepper. *Ciênc. Agrotec., Lavras*, Vol. 38, No.6:538-545.

Dũng, T.N. (2011). *Sổ tay thực hành Sinh học phân tử*. NXB Đại học Cần Thơ.

Edelstein, M. (2004). Grafting Vegetable-crop Plants: Pros and Cons. *Acta Hort.*, 659, 235-238.

Eshbaugh, W.H. (1980). The taxonomy of the genus *Capsicum* (Solanaceae). *Phytologia*, 47, 153-166.

FAOSTAT (2013). www.fao.org.

Hoà, V.Đ., Liết, V.V. & Hoan, N.V. (2005). *Giáo trình Chọn giống cây trồng*. NXB Đại học Nông Nghiệp Hà Nội.

Ganashan, P. (1992). Developing hot pepper cultivars in Sri Lanka. In Proceedings of the conference on chili pepper production in the tropics. *Concorde Hotel. Kualalumpur*, 226-228.

Geleta, L.F., M.T. Labuschagne and C.D. Viljoen, 2005. Genetic variability in pepper (*Capsicum annuum L.)* estimated by morphological data and amplified fragment length polymorphism markers. *Biodivers. Conserv*. 14: 2361-2375.

Goldschmidt, E. (2014). Plant grafting: new mechanisms, evolutionary implication. *Plant Science*, Vol 5, 1 - 9.

Goldstein, D.B. & Pollock, D.D. (1997). Launching microsatellites. A review of mutation processes and methods of phylogenetic inference. *J Hered*, 88, 335-342.

Hanáček, P. T., M. Vyhnánek, J. Rohrer, H. Cieslarová & Stavělíková (2009). DNA polymorphism in genetic resources of red pepper using microsatellite markers. *Hort . Sci* . (Prague), 36 (4): 127–132.

Hartman, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T. & Geneve, R.L. (2002). *Plant propagation. Principle and Practices*. Upper Saddle River: Prentice Hall.

Hirata, Y., Noguchi, T., Kita, M., Kan, T. & Ledoux, L. (1995). Graft transformation and its mechanism in higher plants. *Modification of gene expression and non-Mendelain inheritance*, 325-340.

Hirata, Y., Ogata, S., Kurita, S., Nozawa, G.T., Zhou, J. & Wu, S. (2003). Molecular mechanism of graft transformation in *Capsicum annuum* L. *Acta Hort* 625: 125–130.

Hổ, P.T. (2000). *Di truyền học (Tái bản lần thứ 2)*, NXB. Giáo dục TPHCM.

IBPGR. (1983). Genetic resources of *Capsicum*. International Board for Plant Genetic Resources, Rome.

International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) (1995). Descriptors for Capsicum (*Capsicum* spp.). Intl.Plant Genetic Resources Inst, Rome.

IPGRI, AVRDC & CATIE (1995). Descriptors for Capsicum (*Capsicum* spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy; the Asian

Vegetable Research and Develop-ment Center, Taipei, Taiwan, and the Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, Turrialba, Costa Rica.

Jang, Y., Moon, J., Lee, J., Lee, S.G., Kim, S.Y. & Chun, C. (2013). Effects of different rootstocks on fruit quality of grafted pepper (*Capsicum annuum* L.). *Korean J. Hort. Sci. Technol*., 31, 687-699.

Jarret, R.L. & Dang, P.M. (2004). Revisiting the waxy locus and the *Capsicum annuum* L. complex. *Georgia Journal of Science*, 117 - 133.

Johnson, H.W., Robinson, H.F. & Comstock, H.F. (1955). Genotypic and phenotyphic correlations in soybean and their implication in selection. *Agron*. J., 47, 477-483.

Joshi, S., Thakur, P.C. & Verma, T. S. (1992). Progress in paprika breeding at Katrain (India). In Proceedings of the conference on chili pepper production in the tropics. Concorde hotel, Kualalumpur: 226-228.

Kiếm, P.T. (2016). *Nguyên lý chọn giống cây trồng*. NXB Nông nghiệp.

Kivadasannavar Pruya (2004). Standardization of hybrid seed production techniques in chilli (*Capsicum annuum* L.). Doctor of phylosophy in seed science and technology. Deparment of seed science and technology college of agriculture, Dharwad university of agricultural sciences.

Knapp, S., Bohs, L., Nee, M. & Spooner, D.M. (2004). Solanaceae. A model for linking genomics with biodiversity. *Comp. Funct. Genom*., 5, 285-291.

Kwon, Y.S., J.M. Lee, G.B. Yi, S.I. Yi, K.M. Kim, E.H. Soh, K.-M. Bae, K.M. Park, I.H. Song and B.D. Kim (2005). Use of SSR Markers to Complement Tests of Distinctiveness, Uniformity, and Stability (DUS) of Pepper (*Capsicum annuum* L.) *Varieties. Mol. Cells*. 19(3): 1-8.

Kulkarni, Vani S. (2006). Studies on variability, correlation, morphological and molecular diversity in dry chillies (*Capsicum annuum* L.). Deparment of genetics and plant breeding College of Agriculture,dharwad University of Agricultural sciences, Dharwad- 580005: 1-30.

Kumar, O. & Tata, S.S. (2015). Assessment of genetic purity of F1 interspecific hybrids of Chilli pepper (*Capsicum* L.). *Asian Journal of Plant Science and Research*, 5(5), 47-51.

Kurubetta, Y. & Patil, A. (2008). Performance of coloured capsicum hybrids under different protected structures. *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, 22 (5).

Lang, N.T. & Bửu, B.C (2005). *Sinh học phân tử Giới thiệu phương pháp và ứng dụng*, NXB Nông nghiệp.

Leal-Fernández, C., Godoy-Hernández, H., Núnez-Colín, C. A., Anaya-Lopez, J. L., Villalobos-Reyes, S. & Castellanos, J. Z. (2013). Morphological response and

fruit yield of sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) grafted onto different commercial rootstocks. *Biol. Agric. Hortic*. 29: 1-11.

Lee, J.M. & Oda, M. (2010). Grafting of Herbaceous Vegetable and Ornamental Crops. *Horticultural Reviews:* 61–124.

Lin, S., Chou, Y., Shieh, H., Ebert, A.W., Kumar, S., Mavlyanova, R., Rouamba, A., Tenkouano, A., Afari-Sefa, V. & Gniffke, P.A. (2013). Pepper (*Capssicum* spp.) germplasm dissemination by AVRDC- the world vegetable center: an overview and introspection. *Chronica Horticulturae, 53* (3), 1-27.

Litt, M. & Luty, J.A. (1959). A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinuccleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *Am JHum Genet*, 44, 397 - 401.

Liu, Y. (2006). Historical and modern genetics of plant graft hybridization. *Adances in Genetics, Vol.* 56:102 - 126.

Marukawa, S. (1979). Bull. Ibaraki- Ken. *Hort. Exp. Sta.* Special Issue No3,152 pp.

Manju, P.R. and I.Sreelathakumary (2002). Genetic variability, heritability and genetic advance in hot chili (*Capsicum chinense* jacq.). *Journal of Tropical Agriculture*, 40: 4-6.

Masuda, M. & Gomi, K. (1984). Japanese Soc. *Hort. Sc*i., 52(4), 414-419.

McDonald, D.B. & Potts, W.K. (1997). *Microsatellite DNA as a genetic marker at several scales. In avian molecular evolution and systematics*. Academic Press, New York, 29-39.

Melnyk, C. & Meyerowitz, E.M. (2015). Plant grafting. *Current Biology,* Vol 25 No 5: 183 - 188.

Mimura, Y., Minamiyama, Y. Sano, H. & Hirai, M. (2010). Mapping for axillary shooting, flowering date, primary axis Length, and number of leaves in pepper (*Capsicum annuum*). *J. Japan. Soc. Hort. Sci*, 79 (1), 56-63.

Mimura, Y., Inoue, T., Minamiyama, Y. & Kubo, N. (2012). An SSR-based genetic map of pepper (*Capsicum annuum* L.) serves as an anchor for the alignment of major pepper maps. *Breed Sci*, 62 (1),93-98.

Minamiyama, Y., M. Tsuro and M. Hirai (2006). An SSR- based linkage map of *Capsicum annuum*. *Mol Breeding*, 18: 157-169.

Monteiro, C., Pereira, T.N.S. & Campos, K.P. de (2011). Reproductive characterization of interspecific hybrids among Capsicum species. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11, 241-249.

Morita, E., Narikiyo M., Yano A., Nishimura E., Igaki H., Sasaki H., Terada M., Hanada, N. & Kawabe, R. (). Different frequencies of *Streptococcus*

anginosus infection in oral cancer and esophageal cancer. *Cancer Sci*, 94 (6), 492–496.

Mudge, K., J. Jules, S. Steven & E. G. Eliezer, 2009. A history of grafting. *Horticultural Reviews, Volume 35* John Wiley and Sons, Inc.

Nagy, I., Stágel, A., Sasvári, Z., Roder, M. & Ganal, M. (2007). Development, characterization, and transferability to other Solanaceae of microsatellite markers in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Genome*, 50(7), 668-888.

Nelson, S.H. (1968). Incompatibility survey among horticultural plants. *Intl. Plant Prop. Soc. Comb. Proc.* 18: 343–393.

Ngôn, T.T. (2012). *Phân tích tương tác kiểu gen và môi trường*. Khoa Nông nghiệp. Đại học Cần Thơ.

Ngôn, T.T. (2013). Đánh giá sự đa dạng di truyền của 16 giống ớt nhập nội dựa vào hình thái và chỉ thị phân tử SSR. *Tạp chí khoa học,* Trường Đại học Cần Thơ.

Ngôn, T.T & Thủy, T.T.T. (2012). Phân tích đa dạng di truyền và việc xây dựng tập đoàn lõi của tập đoàn giống đậu nành (*glycine max* (l.) merrill). *Tạp chí khoa học,* Trường Đại học Cần Thơ, 150 – 159.

Odland, M.L. & Porter, A.M. (1941). A study of natural crossing in pepper (*Capsicum frutescens* L.) *J. Am. Soc. Hort. Sci*., 38, 585-588.

Ogata, S., Taller, J., Hirata, Y., Yagishita, N. & Kita, M. (1998). Graft-induced genetic changes and the inheritance of several characteristics in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Appl Genet*, 97, 705-713.

Ohta, Y. (1991). Graft-transformation, the mechanism for graft-induced genetic changes in higher plants. *Euphytica*, 55, 91-99.

Ohta, Y. & Chuong, P.V. (1975). Hereditary changes in *Capsicum annuum* L. induced by ordinary grafting. *Euphytica*, 24(2), 355-368.

Owens, K. (1992). Breeding pepper varieties for commercial processing. In Proceedings of the conferences on chili pepper production in the tropics. *Concorde Hotel, Kualalumpur*, 195-201.

Rao, G.U., A. Ben-Chaim, Y. Borovsky and I. Paran (2003). Mapping of yield related QTLs in pepper in an interspecific cross of *Capsicum annuum* and *C. frutescens*. *Theor. Appl. Genet*. 106: 1457-1466.

Rodriguez, J.M., T. Berke, L. Engle and J. Nienhuis (1999). Variation among and within Capsicum species revealed by RAPD markers. *Theor. Appl. Genet. 99:* 147-156

Russo, V. (2012). *Peppers: botany, production and uses*. CAB International. London: 280 pp.

Ryzhova, N.N. & Kochieva, E.Z. (2004). Analysis of microsatellite loci of chloroplast genome in the genus Capsicum (pepper). *Russian Journal of Genetics*, 40, 892-896.

Palloix, A.; Barchi, L.; Lefebvre, V.; Sage-Palloix, A.-M.; Lanteri, S. (2009). QTL analysis of plant development and fruit traits in pepper and performance of selective phenotyping. *Theor. Appl. Genet.*, *118*, 1157–1171

Paran, I., E. Aftergoot and C. Shifriss (1998). Variation in *Capsicum annuum* revealed by RAPD and AFLP markers. *Euphytica*. 99: 167-173.

Paul Gniffke, (2008), Reducing post – harvest losses in peppers through variety selection. Reta 6802 workshop, June 24.

Perry, L., Dickau, R., Zarrillo, S., Holst, I., Pearsall, D.M., Piperrno, R.D. & Berm M.J. (2007). Starch fossils and the domestication and dispersal of chili peppers (*Capsicum* spp. L.) in the Americas. *Science:* 986 – 988.

Phán, H.T. & Phượng, T.T.B. (2008). *Giáo trình Cơ sở di truyền chọn giống thực vật*. NXB Đại Học Huế.

Pickersgill, B. (1997). Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. *Euphytica* 96: 129-133.

Pina, P. & Errea, P. (2005). A review of new advances in mechanism of graft compatibility-incompatibility. *Scieantia Hort.*, *106*:1-11.

Pruya, K. (2004). Standardization of hybrid seed production techniques in chilli (*Capsicum annuum* L.). Doctor of phylosophy in seed science and technology. Deparment of seed science and technology college of agriculture, Dharwad university of agricultural sciences.

Se-Jong Oh, Jae-Young Song, Jeongran Lee, Gi-An Lee, Ho-Cheol Ko, T. Stoilova, L. Krasteva, Yeon-Gyu Kim, Ju-Hee Rhee, Jae-Gyun Gwag, Na-Young Ro, On-Sook Hur & Myung-Chul Lee (2012). Evaluation of genetic diversity of red pepper landraces (*Capsicum annuum* L.) from Bulgaria using SSR markers. *Korean J. Intl. Agri*, 24(5): 547-556.

Shih-wen Lin, Yu-yu Chou, Hsueh-ching Shieh, Andreas W. Ebert, Sanjeet Kumar, Ravza Mavlyanova, Albert Rouamba, Abdou Tenkouano, Victor Afari-Sefa & Paul A. Gniffke (2013). Pepper (*Capssicum* spp.) germplasm dissemination by AVRDC- the world vegetable center: an overview and introspection. *Chronica Horticulturae vol 53*, 3:1-27.

Stegemann, S. & Bock R. (2009). Exchange of genetic material between cells in plant tissue grafts. *Science* 324: 649–651.

Sudré, C.P., Gonçalves LS, Rodrigues R, do Amaral Júnior AT, Riva-Souza EM & Bento Cdos S. (2010). Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. *Genet. Mol. Res, 9* (1): 283-294.

Taller, J., Yagishita, N., Kita, M. & Ogata, S. (1998). Graft-induced genetic changes and the inheritance of several characterictics in pepper. (*Capsicum annuum* L.). Theore. *Appl. Genet*., 97, 705-713.

Tanksley, S.D. (1984). High rates of cross-pollination in chile pepper. *Hort Science*, 19, 580-582.

Tautz, D., Trick, M. & Dover, G.A. (1986). Cryptic simplicity in DNA is a major source of genetic variation. *Natura*, 322, 652- 656.

Thành, L.D. (2001). *Cơ sở di truyền chọn giống thực vật*. NXB Khoa học và Kỹ thuật. Hà Nội.

Thành, N.D. (2015). *Các kỹ thuật chỉ thị DNA trong nghiên cứu đa dạng di truyền nguồn gene và chọn giống thực vật,* NXB Khoa học Tự nhiên và Công nghệ.

Thi, Q.Đ. & Hải, N.V. (2008). *Những kỹ thuật PCR và ứng dụng trong phân tích DNA*. NBX Khoa học tự nhiên và công nghệ.

Thủy, V.T.B., Ba, T.T. & Thịnh, D.P. (2014). Ảnh hưởng của bốn loại gốc ghép ớt đến sinh trưởng và năng suất ớt Sừng vàng Châu Phi (*Capsicum* spp.). *Tạp chí khoa học,* Trường Đại học Cần Thơ, 31 - 37.

Thủy, V.T.B., Ba, T.T., Rè, D.V. & Phát, Đ.T. (2014). Khảo sát sơ khởi 10 loại gốc ghép ớt đến năng suất ớt hiểm lai 207. *Tạp chí khoa học*. Trường Đại học Cần Thơ, 85 - 90.

Toth, G., Gaspari, Z. & Jurka, J. (2000). Microsatellites in diferent eukaryotic genomes: survey and analysis. *Genome Res*, 10, 967-981.

Tong, N. & Bosland, P.W. (1999). *Capsicum tovarii*, a new member of the *Capsicum baccatum* complex. *Euphytica*, 109, 71-77.

Tong, N. & Bosland, P.W. (2003). Observations on interspecific compatibility and meiotic chromosome behavior of *Capsicum buforum* and *C. lanceolatum*. Genet. *Resour. Crop Ev*., 50, 193-199.

Tsaballa, A.; Pasentsis, K.; Darzentas, N.; Tsaftaris, A.S. (2011). Multiple evidence for the role of an Ovate-like gene in determining fruit shape in pepper. *BMC Plant Biol. , 11*, 46.

Tsaballa, A., Athanasiadis, C., Pasentsis, K., Ganopoulos, I., Obeidat, I.N. & Tsaftaris, A. (2013). Molecular studies of inheritable grafting induced changes in pepper (*Capsicum annuum*) fruit shape. *Scientia Horticulture*, 149, 2-8.

Trung tâm dữ liệu Thực Vật Việt Nam (2008). Khoá phân loại và mô tả các loài Ớt (*Capsicum* L.): phần 1-Khoá định loại, http://www.botanyvn.com/cnt.asp?param=news&newsid=201.

Tuấn, T.T. (1992). *Giáo trình Chọn giống và Công tác giống cây trồng*. NXB Trường Đại học Cần Thơ.

Walsh, B.M. & Hoot, S.B. (2001). Phylogenetic relationships of Capsicum (Solanaceae) using DNA sequences from two noncoding regions: the chloroplast atpB-rbcL spacer region and nuclear waxy introns. *International Journal of Plant Sciences*, 1409 - 1418.

Wang, D. & Bosland, P.W. (2006). The Genes of Capsicum. *Hort Science* 41/5, 116 - 118.

Wilson, P.M.W. (1952). Distribution of solanaceous Alkaloids in some new graft combinations. *New Phytol*. 51:260–263.

Yagishita, N. & Hirata, Y. (1984). Genetic analysis of new cultivar obtained by grafting in *Capsicum annuum* L. *I. Jap. J. Breed*., 34 (Suppl. 1), 58-59.

Yassin, H. & Hussen, S. (2015). Reiview on role of graft on yield and quality of selected fruit vegetable. *Global Journals Inc,Vol 15.*

Yasuhiro Minamiyama Masato Tsuro & Masashi Hirai (2006). An SSR- based linkage map of *Capsicum annuum*. *Mol Breeding*, 18: 157-169.

Yi, G., Lee, J. M., Lee, S., Choi, D. & Kim, B.D. (2006). Exploitation of pepper EST-SSRs and an SSR-based linkage map. *Theor Appl Genet*, 114, 113-130.

Yoon, J., Yang, D.C, Do, J.W. & Park, H.G. (2006). Overcoming two post-fertilization genetic barriers in interspecific hybridization between *Capsicum annuum* and *C. baccatum* for Introgression of Anthracnose Resistance.

Zygier, S.; Chaim, A.B.; Efrati, A.; Kaluzky, G.; Borovsky, Y.; Paran, I (2005). QTLs mapping for fruit size and shape in chromosomes 2 and 4 in pepper and a comparison of the pepper QTL map with that of tomato. *Theor. Appl. Genet.*, *111*, 437–445.

DANH MỤC CÁC BÀI BÁO KHOA HỌC ĐÃ ĐƯỢC CÔNG BỐ

[1] **Trần Ngọc Chi**, Trương Trọng Ngôn (2021), Khảo sát sự di truyền tính trạng quả ở thế hệ lai F_1-F_2 của tổ hợp lai ớt cay chỉ thiên và chỉ địa, *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn* (Số 10, 2021, tr. 3-10).

[2] **Trần Ngọc Chi**, Trương Trọng Ngôn (2021), Ảnh hưởng của độ tuổi và chiều cao gốc ghép đến một số đặc điểm hình thái cây ớt cay ghép tại tỉnh Đồng Tháp, *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn* (Số 12, 2021, tr.16-23).

[3] **Trần Ngọc Chi**, Trương Trọng Ngôn, Lê Việt Dũng (2022), Ảnh hưởng của gốc ghép lên đặc tính nông sinh học của trái ớt (*Capsicum* SPP.) lên cành ghép, Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ (Tập 58, số 4B, 2022, tr.132-142).

PHỤ LỤC A: BẢNG PHÂN TÍCH ANOVA

Cặp ghép giữa Hiểm và Sừng

Bảng A.1: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc trổ cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	328,887	46,984	2,315	0,035
Sai số	72	1461,100	20,293		
Tổng	79	1789,987			

Bảng A.2: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc chín cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	587,200	83,886	3,206	0,005
Sai số	72	1884,000	26,167		
Tổng	79	2471,200			

Bảng A.3: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc trổ cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	328,887	46,984	2,315	0,035
Sai số	72	1461,100	20,293		
Tổng	79	1789,987			

Bảng A.4: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc chín cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	587,200	83,886	3,206	0,005
Sai số	72	1884,000	26,167		

Bảng A.5: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	2071,648	295,950	587,718	0,000

Sai số	792	398,817	0,504		
Tổng	799	2470,466			

Bảng 6: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá không cuống cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1639,609	234,230	2579,035	0,000
Sai số	792	71,930	0,091		
Tổng	799	1711,539			

Bảng 7: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng lá cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	251,476	35,925	838,199	0,000
Sai số	792	33,945	0,043		
Tổng	799	285,421			

Bảng 8: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài/rộng lá cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	109,011	15,573	460,451	0,000
Sai số	792	26,786	0,034		
Tổng	799	135,797			

Bảng 9: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1717,821	245,403	664,761	0,000
Sai số	792	292,375	0,369		
Tổng	799	2010,195			

Bảng: 10 Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá không cuống cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1546,336	220,905	1176,288	0,000

Sai số	792	148,736	0,188		
Tổng	799	1695,073			

Bảng 11: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng lá cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	185,190	26,456	412,395	0,000
Sai số	792	50,808	0,064		
Tổng	799	235,998			

Bảng 12: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài/rộng lá cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	46,524	6,646	117,916	0,000
Sai số	792	44,641	0,056		
Tổng	799	91,165			

Bảng 13: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	825,225	117,889	510,767	0,000
Sai số	792	182,800	0,231		
Tổng	799	1008,025			

Bảng 14: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái không cuống cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1533,144	219,021	2138,189	0,000
Sai số	792	81,127	0,102		
Tổng	799	1614,271			

Bảng 15: Phân tích phương sai (ANOVA) đường kính trái cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	35,352	5,050	66,527	0,000

Sai số	792	60,124	0,076		
Tổng	799	95,476			

Bảng 16: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài/rộng trái cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	179,628	25,661	64,023	0,000
Sai số	792	317,443	0,401		
Tổng	799	497,071			

Bảng 17: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	725,478	103,640	2065,869	0,000
Sai số	792	39,733	0,050		
Tổng	799	765,210			

Bảng 18: Phân tích phương sai (ANOVA) số hạt cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	23614,219	3373,46	61,465	0,000
Sai số	792	43467,97	54,884		
Tổng	799	67082,189			

Bảng 19: Phân tích phương sai (ANOVA) trọng lượng hạt trên trái cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	2,242	0,320	185,229	0,000
Sai số	792	1,370	0,002		
Tổng	799	3,612			

Bảng 20: Phân tích phương sai (ANOVA) số trái trên cây cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	4874,287	696,327	10,331	0,000

Sai số	72	4852,900	67,401		
Tổng	79	9727,188			

Bảng 21: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái trên cây cặp ghép Sừng-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	63067,057	9009,580	85,216	0,000
Sai số	72	7612,324	105,727		
Tổng	79	70679,381			

Bảng 22: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái có cuống cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	697,875	99,696	249,002	0,000
Sai số	792	317,104	0.4		
Tổng	799	1014,979			

Bảng 23: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái không cuống cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1672,528	238,933	880,368	0,000
Sai số	792	214,949	0,271		
Tổng	799	1887,4777			

Bảng 24: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài cuống trái cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	315,192	45,027	259,094	0,000
Sai số	792	137,64	0,174		
Tổng	799	452,832			

Bảng 25: Phân tích phương sai (ANOVA) đường kính trái cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	48,125	6,875	545,812	0,000

Sai số	792	9,976	0,013		
Tổng	799	58,101			

Bảng 26: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài trên rộng trái cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	197,533	28,219	70,368	0,000
Sai số	792	317,606	0,401		
Tổng	799	515,139			

Bảng 27: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	753,160	107,594	365,071	0,000
Sai số	792	233,419	0,295		
Tổng	799	986,579			

Bảng 28: Phân tích phương sai (ANOVA) số trái trên cây cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	12705	1815,027	136,940	0,000
Sai số	72	954,300	13,254		
Tổng	79	13659,488			

Bảng 29: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái trên cây cặp ghép Hiểm-Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	59934,621	8562,089	93,807	0,000
Sai số	72	6571,695	91,274		
Tổng	79	66506,316			

Cặp ghép giữa Hiểm và Cà

Bảng 30: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc trổ cặp ghép Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig

Nghiệm thức	7	3512,750	501,821	12,991	0,000
Sai số	72	2781,200	38,628		
Tổng	79	6293,950			

Bảng 31: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc chín cặp ghép Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	3296,187	470,884	16,542	0,000
Sai số	72	2049,500	28,465		
Tổng	79	5345,678			

Bảng 32: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc trổ cặp ghép Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	4452,800	636,114	26,762	0,000
Sai số	72	1711,400	23,769		
Tổng	79	6164,200			

Bảng 33: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều cao cây lúc chín cặp ghép Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	5430,688	775,813	35,915	0,000
Sai số	72	1555,300	21,601		
Tổng	79	6985,988			

Bảng 34: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá không cuống cặp Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	4201,565	600,224	2993,653	0,000
Sai số	792	158,795	0,2		
Tổng	799	4360,360			

Bảng 35: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng lá cặp Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig

Nghiệm thức	7	1212,943	173,278	2718,268	0,000
Sai số	792	50,486	0,064		
Tổng	799	1263,430			

Bảng 36: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài/rộng lá cặp Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	58,996	8,428	550,968	0,000
Sai số	792	12,115	0,015		
Tổng	799	71,111			

Bảng 37: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá có cuống cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	5904,893	843,556	9804,201	0,000
Sai số	792	68,144	0,086		
Tổng	799	5973,073			

Bảng 38: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá không cuống cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	3744,561	534,937	2999,831	0,000
Sai số	792	141,231	0,178		
Tổng	799	3885,793			

Bảng 39: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng lá cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1469,279	209,897	3029,938	0,000
Sai số	792	54,865	0,069		
Tổng	799	1524,144			

Bảng 40: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài/rộng lá cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig

Nghiệm thức	7	64,194	9,171	583,877	0,000
Sai số	792	12,439	0,016		
Tổng	799	76,634			

Bảng 41: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái có cuống cặp Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	598,432	85,490		0,000
Sai số	792	62,774	0,079		
Tổng	799	661,206			

Bảng 42: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng trái cặp Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	348,347	49,764	2730,370	0,000
Sai số	792	14,435	0,018		
Tổng	799	362,782			

Bảng 43: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái không cuống cặp Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	182,4	26,057	765,629	0,000
Sai số	792	26,955	0,034		
Tổng	799	209,355			

Bảng 44: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài/rộng trái cặp cặp Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1588,222	226,889	878,458	0,000
Sai số	792	204,558	0,258		
Tổng	799	1792,781			

Bảng 45: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái cặp ghép Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig

Nghiệm thức	7	282,736	40,391	1179,593	0,000
Sai số	792	27,119	0,034		
Tổng	799	309,855			

Bảng 46: Phân tích phương sai (ANOVA) số trái trên cây cặp ghép Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	130750,587	18678,655	242,698	0,000
Sai số	72	5541,300	76,963		
Tổng	79	136291,887			

Bảng 47: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái trên cây cặp ghép Cà-Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1510796,349	215828,050	619,193	0,000
Sai số	72	25096,581	348,564		
Tổng	79	1535892,929			

Bảng 48: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái có cuống cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1188,123	169,733	1911,554	0,000
Sai số	792	70,324	0,089		
Tổng	799	1258,456			

Bảng 48: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài không cuống cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	284,985	40,712	1011,781	0,000
Sai số	792	31,869	0,04		
Tổng	799	316,854			

Bảng 49: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng trái cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig

Nghiệm thức	7	193,947	27,707	615,626	0,000
Sai số	792	35,645	0,045		
Tổng	799	229,591			

Bảng 50: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài/rộng trái cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	1044,288	149,184	2816,972	0,000
Sai số	792	41,944	0,053		
Tổng	799	1086,232			

Bảng 51: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài cuống trái cặp Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	345,636	49,377	467,397	0,000
Sai số	792	83,668	0,106		
Tổng	799	429,305			

Bảng 52: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái cặp ghép Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	170,138	24,305	302,669	0,000
Sai số	792	63,600	0,080		
Tổng	799	233,738			

Bảng 53: Phân tích phương sai (ANOVA) số trái trên cây cặp ghép Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	7	91034,588	13004,941	134,285	0,000
Sai số	72	6972,900	96,846		
Tổng	79	98007,488			

Bảng 54: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái trên cây cặp ghép Hiểm-Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig

Nghiệm thức	7	845987,795	120855,399	335,213	0,000
Sai số	72	25958,426	360,534		
Tổng	79	871946,221			

Cặp lai giữa Hiểm và Sừng; Cà và Sừng

Bảng 55: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá cặp lai F1 giữa Hiểm và Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	249,797	83,266	315,223	0,000
Sai số	396	104,603	0,264		
Tổng	399	354,4			

Bảng 56: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá không cuống cặp lai F1 giữa Hiểm và Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	463,909	154,636	906,870	0,000
Sai số	396	67,525	0,171		
Tổng	399	531,434			

Bảng 57: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng lá cặp lai F1 giữa Hiểm và Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	52,177	17,392	408,823	0,000
Sai số	396	16,847	0,043		
Tổng	399	69,024			

Bảng 58: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài trên rộng lá cặp lai F1 giữa Hiểm và Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	7,446	2,482	66,301	0,000
Sai số	396	14,824	0,037		
Tổng	399	22,269			

Bảng 59: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá cặp lai F1 giữa Sừng và ớt Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	7735,470	2578,490	3910,605	0,000
Sai số	396	261,106	0,659		
Tổng	399	7996,576			

Bảng 60: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài lá không cuống cặp lai F1 giữa Sừng và ớt Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	2882,433	960,811	1931,876	0,000
Sai số	396	196,949	0,497		
Tổng	399	3079,382			

Bảng 61: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng lá cặp lai F1 giữa Sừng và ớt Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	1752,522	584,174	3442,566	0,000
Sai số	396	67,198	0,17		
Tổng	399	1819,72			

Bảng 62: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài trên rộng của lá cặp lai F1 giữa Sừng và ớt Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	37,111	12,370	777,789	0,000
Sai số	396	6,298	0,016		
Tổng	399	43,410			

Bảng 63: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái cặp lai F1 giữa Hiểm và Sừng

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	526,068	175,356	401,233	0,000
Sai số	396	173,069	0,437		
Tổng	399	699,137			

Bảng 64: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái không cuống cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	1009,970	336,657	1712,698	0,000
Sai số	396	77,840	0,197		
Tổng	399	1087,810			

Bảng 65: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài cuống trái cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	81,614	27,205	88,013	0,000
Sai số	396	122,403	0,309		
Tổng	399	204,017			

Bảng 66: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng trái cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	19,865	6,622	521,509	0,000
Sai số	396	5,028	0,013		
Tổng	399	24,893			

Bảng 67: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài trên rộng trái cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	130,534	43,511	113,031	0,000
Sai số	396	152,440	0,385		
Tổng	399	282,973			

Bảng 68: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	504,521	168,174	913,731	0,000

Sai số	396	72,884	0,184		
Tổng	399	577,406			

Bảng 69: Phân tích phương sai (ANOVA) số hạt trên trái cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	4543,970	1514,657	22,569	0,000
Sai số	396	26576,340	67,112		
Tổng	399	31120,310			

Bảng 70: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng hạt trên trái cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	1,384	0,461	164,931	0,000
Sai số	396	1,108	0,003		
Tổng	399	2,492			

Bảng 71: Phân tích phương sai (ANOVA) số trái trên cây cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	4226,600	1408,869	20,526	0,000
Sai số	396	2471,000	68,639		
Tổng	399	6697,600			

Bảng 72: Phân tích phương sai (ANOVA) khối lượng trái trên cây cặp lai F1 giữa Sừng và Hiểm

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	53253,654	17751,218	44,762	0,000
Sai số	396	14276,603	396,572		
Tổng	399	67530,256			

Bảng 73: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái cặp lai F1 giữa Sừng và Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig

Nghiệm thức	3	991,547	330,516	876,354	0,000
Sai số	396	149,351	0,377		
Tổng	399	1140,898			

Bảng 74: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều dài trái không cuống cặp lai F1 giữa Sừng và Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	1411,692	470,564	2322,913	0,000
Sai số	396	80,220	0,203		
Tổng	399	1491,912			

Bảng 75: Phân tích phương sai (ANOVA) chiều rộng trái cặp lai F1 giữa Sừng và Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	131,612	43,871	1148,132	0,000
Sai số	396	15,131	0,038		
Tổng	399	146,744			

Bảng 76: Phân tích phương sai (ANOVA) tỉ số dài trên rộng trái cặp lai F1 giữa Sừng và Cà

Nguồn biến động	Độ tự do	Tổng bình phương	Trung bình bình phương	F tính	Sig
Nghiệm thức	3	684,763	228,254	1283,482	0,000
Sai số	396	70,425	0,178		
Tổng	399	755,188			

PHỤ LỤC B. HÌNH ẢNH SO SÁNH TRÌNH TỰ

```
         10         20         30         40         50         60         70         80         90        100
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
--TAAAAAAA ATGTGAAGAG GAGGAGATAC ATTTGG-CCA TAAAGCCGCC AACTACTCCT CCGCGATTCA GTACTCATCA TGTTGAGAAG ACGGAGAAGA
GGCT...... .......... .......-.. ......G... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        110        120        130        140        150        160        170        180        190        200
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
AGAAACGGAG AGTTAAAAAG ACGAAAACGA GGAGTAGAGC GATTAGAATG AGCACGTCTT CAGCTGAGGA GTACTGCAGA ACTGAAAGTG AAGAGGAAAC
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        210        220        230        240        250        260        270        280        290        300
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TGAAACTTTG GTTTCATCTT CCAGAAGCTT CGATTTCTCG AGTGATGATG ATTCGTCTAC TGATTTTAAT CCTCAGTTGG AAACTATATG TGAGACTGCT
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        310        320        330        340        350        360        370        380        390        400
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
ACAATTAGGC GTCGGTACAA GAGAAACGGC AACACCAAGA GGAGAGTGAA GCATTCTAGA CCAAGTTTCT CCTCTTCAAA AGGTAAAAGT ATTTGTGTGA
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        410        420        430        440        450        460        470        480        490        500
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TCAATCATCT ACAAGTTAAT ATTTACAGAT AATCTTATTT TTAACTTTTC TATCTTATTT TAATGAAATA CTGGTATTAT AGTAGTGTAA ATATCTATAA
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        510        520        530        540        550        560        570        580        590        600
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
GTTGTTTTAG ATCATAATTT TTTTTAAAAA TTTGAGCTTC CATCAAAATT CGTTACACAT AAATTGAAAC AGAAGACTAT TTGATTTACC TTGTGTCGTT
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        610        620        630        640        650        660        670        680        690        700
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
CCAATATGCT CCCTCTTGTG TGCTATTTAC TTTTTTTTAG GGTCAAGTAT GTGAAAACAT TTTAAAAATA TTTGACAATA CTTCTGCATA CTCCCTGAGT
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        710        720        730        740        750        760        770        780        790        800
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TTCAAATTGT CATGGTTCTC TTTCACATGT TTCTTTTTTA CCAAAAAAAA CATTTCTTAA GAAAAGGTTT ATAACTATTT TATCGTATTT GAACATTCAT
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        810        820        830        840        850        860        870        880        890        900
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
AATTCTTGAG AGGAGAAATA TTCTTAAAAA GTACTACACA GAGATAATCT GAGACAGAAA AAAGTATTAT TGTTATTAAA AAATACATAG TATGGAGTAT
.......... .......TA. .......... .......... .......... ..AGACAG.. .......... .......... ..-......A .T....A...

        910        920        930        940        950        960        970        980        990       1000
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TAATTA-TGT TATGTCTCGA TAGG-TAGAA GATCGTCGGT TTCTACA-TC ATCAGA-CAG CGAGTTACCA GCTAGGTTAT CAGTGTTCAA GAAGCTAATA
......A... A...A..... ....A..A.. ....CG.... ...C.A.A.A ....A.A... .......... A......... .......... .........T

       1010       1020       1030       1040       1050       1060       1070       1080       1090       1100
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
CCCATGTAGT GTAGATGGGA AAGTGAAGGA GAGCTTTCGC GATCGTGAAA ATCGCAGATC CCTTATGAAG ATTCAGAAAT CATGATGCAA TTGATATGCA
A.....---- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ----------

       1110
....|....| ....|...
ATGAATGTTT TGCGASCA
---------- --------
```

Hình B.1. So sánh trình tự gen *CaOvate* giữa cành ghép Hiểm và cây ghép Sừng-Hiểm

```
         10         20         30         40         50         60         70         80         90        100
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
GGCCAGTTTT TTTGAAACGG TTTTTAATCA TTATAATTAC GGATACCTAA AA-TAAAGTC ACCCCAAATC TCAGAAAAAG CGTCAACAAT CACCCCATGA
---------- ---.GCC.AT ...AC.T... ....T..... T.T....... ..A....... -......... .......... .......... ..........

        110        120        130        140        150        160        170        180        190        200
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TAATGGTTTC CGTTCAACGA CAGAAAACAT TGTAAAAGCT GTTCAAGCTC ATTCTTCTCA AACATTTCCT TCTCCAATAT CATTTCCATC ATTGATCTCT
.....T.... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        210        220        230        240        250        260        270        280        290        300
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TGAAATCTTC ATAAGGATCC TGCGATTTCT TCACGATCGC GAAGCTCTCC TTCACTTTCC CATCTACACT ACATGGTATT AGCTTCTTGA ACACTGATAA
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        310        320        330        340        350        360        370        380        390        400
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
CCTAGCTGGT AACTCGCTGT CTGATGATGT AGAAACCGAC GATCTTCTAC CTATCGAGAC ATAACATAAT TAATACTCCA TACTATGTAT TTTTAATAAC
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        410        420        430        440        450        460        470        480        490        500
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
AATAATACTT TTTCTGTCTC AGATTATCTC TGTGTAGTAC TTTTTAAGAA TATTTCTCCT CTCAAGAATT ATGAATGTTC AAATACGATA AAATAGTTAT
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        510        520        530        540        550        560        570        580        590        600
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
AAACCTTTTC TTAAGAAATG TTTTTTTTGG TAAAAAAGAA ACATGTGAAA GAGAACCATG ACAATTTGAA ACTCAGGGAG TATGCAGAAG TATTGTCAAA
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        610        620        630        640        650        660        670        680        690        700
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TATTTTTAAA ATGTTTTCAC ATACTTGACC CTAAAAAAAA GTAAATAGCA CACAAGAGGG AGCATATTGG AACGACACAA GGTAAATCAA ATAGTCTTCT
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        710        720        730        740        750        760        770        780        790        800
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
GTTTCAATTT ATGTGTAACG AATTTTGATG GAAGCTCAAA TTTTTAAAAA AAATTATGAT CTAAAACAAC TTATAGATAT TTACACTACT ATAATACCAG
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        810        820        830        840        850        860        870        880        890        900
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TATTTCATTA AAATAAGATA GAAAAGTTAA AAATAAGATT ATCTGTAAAT ATTAACTTGT AGATGATTGA TCACACAAAT ACTTTTACCT TTTGAAGAGG
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

        910        920        930        940        950        960        970        980        990       1000
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
AGAAACTTGG TCTAGAATGC TTCACTCTCC TCTTGGTGTT GCCGTTTCTC TTGTACCGAC GCCTAATTGT AGCAGTCTCA CATATAGTTT CCAACTGAGG
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

       1010       1020       1030       1040       1050       1060       1070       1080       1090       1100
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
ATTAAAATCA GTAGACGAAT CATCATCACT CGAGAAATCG AAGCTTCTGG AAGATGAAAC CAAAGTTTCA GTTTCCTCTT CACTTTCAGT TCTGCAGTAC
.......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........

       1110       1120       1130       1140       1150       1160       1170       1180       1190       1200
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
TCCTCAGCTG AAGACGTGCT CATTCTAATC GCTCTACTCC TCGTTTCGTC TTTTAACTCT CCGTTTCT-C TTCTCCGTCT TCTCAAATGA TGAGTACTGA
.......... .......... .......... .......... .......... .......... ........T. .......... .....C.... ..........

       1210       1220       1230       1240
....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....
ATCGCGAAGA ATAGTGGCGG TTTATGGCCA ATGAACCCTC CTCT
...N..G..G .--------- ---------- ---------- ----
```

Hình B.2. So sánh trình tự gen *CaOvate* giữa cành ghép Sừng và cây ghép Hiểm-Sừng

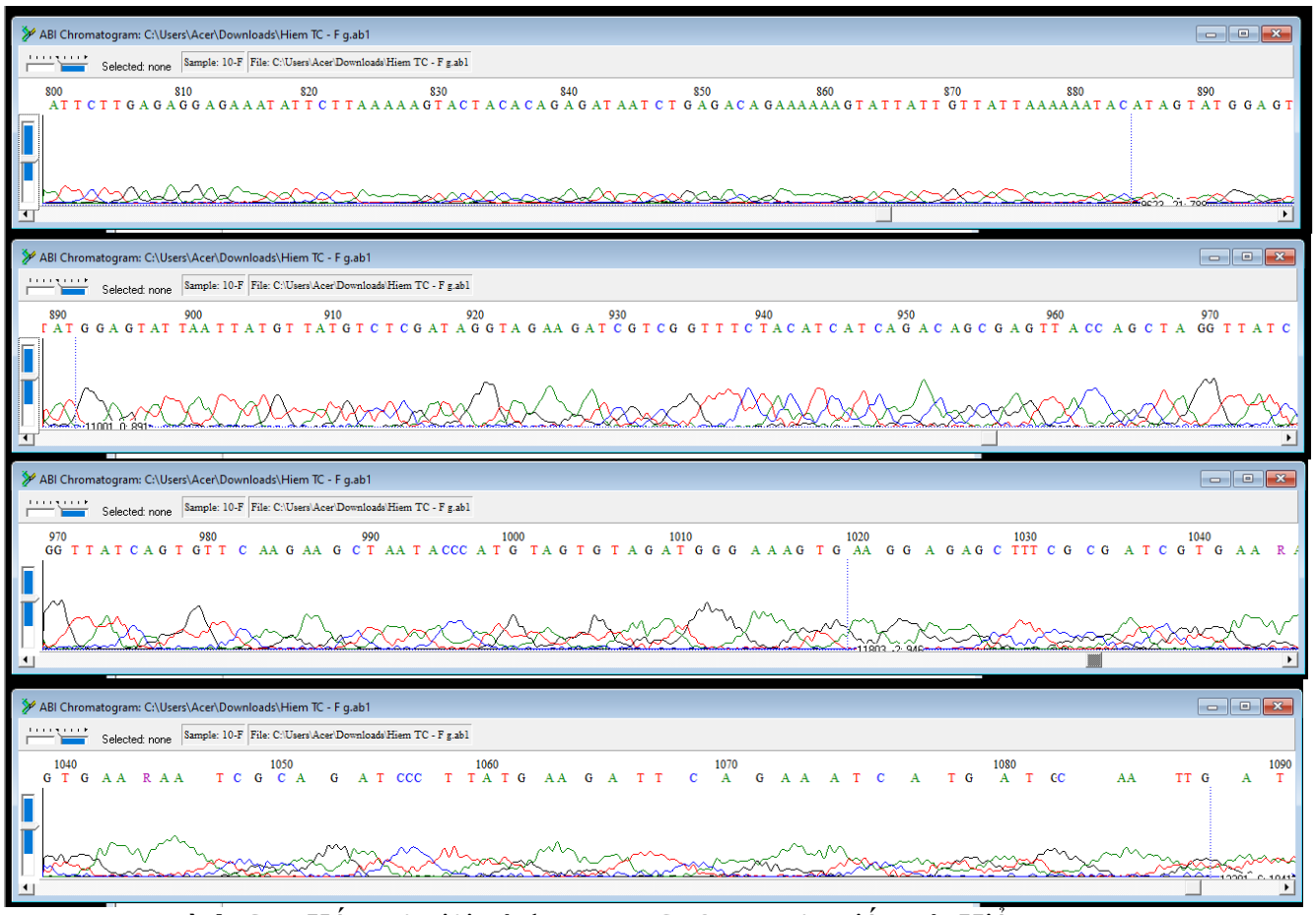
```
         10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
-TAAAAAAAATGT--GAAGAGGAGGAGATACATTTGGCCATAAAGCCGCCAACTACTCCTCCGCGATTCAGTACTCATCATGTTGAGAAGACGGAGAAGA
AA..G.CC.....TGA............-.......................................................................

        110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AGAAACGGAGAGTTAAAAAGACGAAAACGAGGAGTAGAGCGATTAGAATGAGCACGTCTTCAGCTGAGGAGTACTGCAGAACTGAAAGTGAAGAGGAAAC
....................................................................................................

        210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TGAAACTTTGGTTTCATCTTCCAGAAGCTTCGATTTCTCGAGTGATGATGATTCGTCTACTGATTTTAATCCTCAGTTGGAAACTATATGTGAGACTGCT
....................................................................................................

        310       320       330       340       350       360       370       380       390       400
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
ACAATTAGGCGTCGGTACAAGAGAAACGGCAACACCAAGAGGAGAGTGAAGCATTCTAGACCAAGTTTCTCCTCTTCAAAAGGTAAAAGTATTTGTGTGA
....................................................................................................

        410       420       430       440       450       460       470       480       490       500
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TCAATCATCTACAAGTTAATATTTACAGATAATCTTATTTTTAACTTTTCTATCTTATTTTAATGAAATACTGGTATTATAGTAGTGTAAATATCTATAA
....................................................................................................

        510       520       530       540       550       560       570       580       590       600
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
GTTGTTTTAGATCATAATTTTTTTTAAAAATTTGAGCTTCCATCAAAATTCGTTACACATAAATTGAAACAGAAGACTATTTGATTTACCTTGTGTCGTT
....................................................................................................

        610       620       630       640       650       660       670       680       690       700
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
CCAATATGCTCCCTCTTGTGTGCTATTTACTTTTTTTTAGGGTCAAGTATGTGAAAACATTTTAAAAATATTTGACAATACTTCTGCATACTCCCTGAGT
....................................................................................................

        710       720       730       740       750       760       770       780       790       800
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TTCAAATTGTCATGGTTCTCTTTCACATGTTTCTTTTTTACCAAAAAAAACATTTCTTAAGAAAAGGTTTATAACTATTTTATCGTATTT-GAACATTCA
.......................................................................................T........

        810       820       830       840       850       860       870       880       890       900
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TAATTCTTGAGAGGAGAAATATTCTTAAAAAGTACTACACAGAGATAATCTGAGACAGAAAAAAGTATTATTGTTATTAAAAAATACATAGTATGG-AGT
.....................................................................TA.T.................G...

        910       920       930       940       950       960       970       980       990      1000
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
ATTAA-TTATGTTA-TGTC-TCGATAGGTAGAAG--ATCGTCGG--TTTCTACATCATCA-GACAGCG-AGTTACCAGCTAGG--TTATCAGTG--TTCA
.....A.....G..A....C..........AG.AGA....GT..GT..C...........A...G.G.G.............GT.........GT.C..

       1010      1020      1030      1040      1050      1060      1070      1080      1090      1100
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AGAAGCTAATACCCATGTAGTGTA-GATGGGAAAGTGAAGGAGAGCTTTCGCGATCGTGAAAATCGCAGATCCCTTATGAAGATTCAGAAATCATGATGC
.......T.ATTA.CAA.T..A..T.G.TAAC.T.G.GG.A.AT.GGAA...A.GAACTTTTTC....AC...GG.GGA..A.A..C.CCGG...CTCC.

       1110      1120      1130
....|....|....|....|....|....|..
------AATTGATATGCAATGAATGTTTTGCGASCA-
TTACTG..AC..CT.C.CCC...C.AGAAATTCA..T
```

Hình B.3. So sánh trình tự gen *CaOvate* giữa cành ghép Hiểm và cây ghép Cà-Hiểm

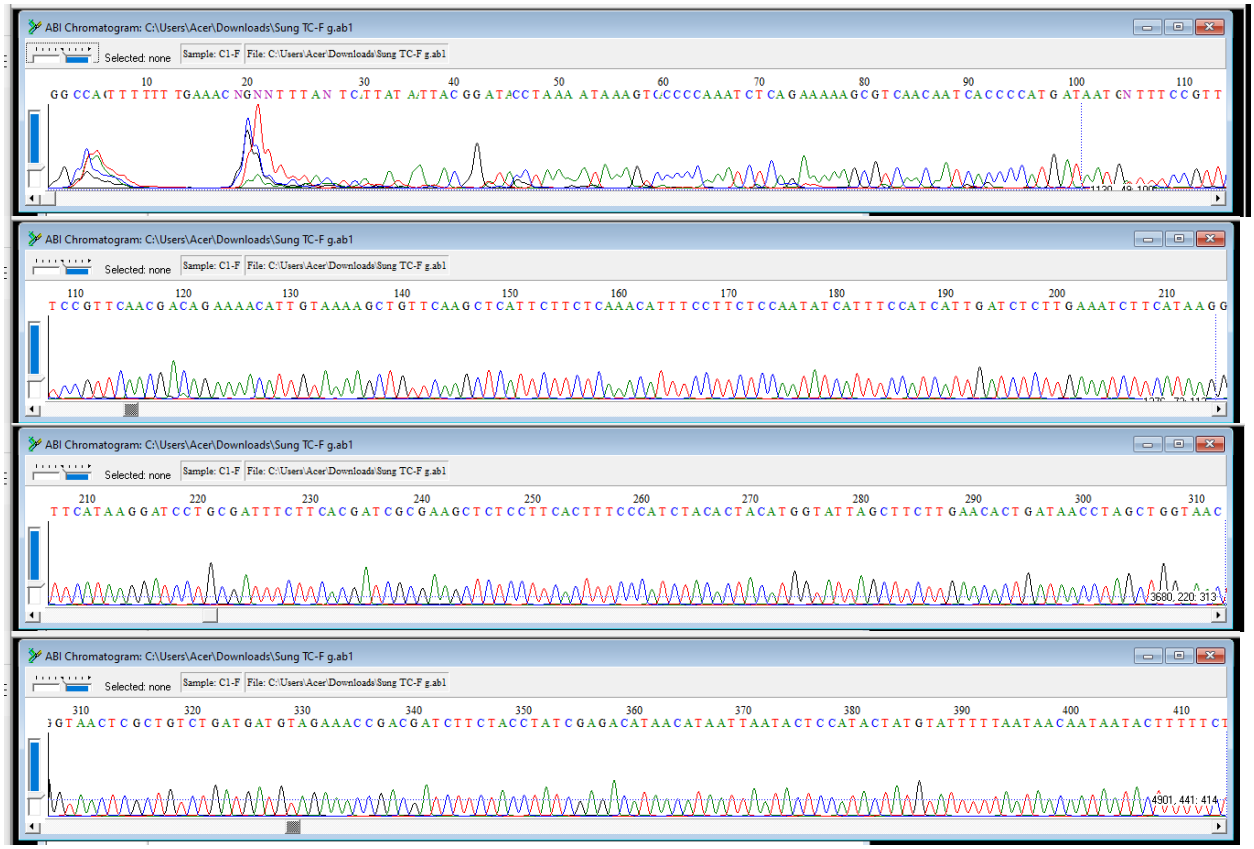
```
         10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AAGGATGTAGGAAGGAGGAGATACATTTGGCCATAAAGCCGCCAACTACTCCTCCGCGATTCAGTACTCATCATGTTGAGAAGAAGGAGAAGAAGAAACG
GG..GAAGGA..G.......................................................................................

        110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
GAGAGTTAAAAAGACGAAAACGAGGAGTAGAGCGATTAGAATGAGCACGTCTTCAGCTGAGGAGTACTGCAGAACTGAAACTGAAGAGGAAACTGAAACT
....................................................................................................

        210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TTGGTTTCATCTTCCAGAAGCTTCGATTTCTCGAGTGATGATGATTCGTCTACTGATTTTAATCCTCAGTTGGAAACTATATGTGAGACTGCTACAATTA
....................................................................................................

        310       320       330       340       350       360       370       380       390       400
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
GGCGTCGGTACAAGAGAAACGGCAACACCAAGAGGAGAGTGAAGCATTCTAGACCAAGTTTCTCCTCTTCAAAAGGTAAAAGTATTTGTGTGATCAATCT
....................................................................................................

        410       420       430       440       450       460       470       480       490       500
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TCTACAAGTTTATATTTACAGATAATTTTGTTTTTAACTTTTCTATCTTATTTTAATGAAATACTGGTATTATAGTAGTGTAAATACCTATAAGTTGTTT
....................................................................................................

        510       520       530       540       550       560       570       580       590       600
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TAGATCATAATTTTTTCAAAAAATTTGAGCTTCCATCAAAATTCGTTACACATAAATTGAAACAGAAGACTATTTGATTTACCTTGTGTCGTTCCRATAT
....................................................................................................

        610       620       630       640       650       660       670       680       690       700
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
GCTCCCTCTTGTGTGCTATTTACATTTTTTTAGGGTCAAGTATGTGAAAACATTTTAAAAATATTTGACAATACTTCTGCATACTCCCTGAGTCTCAA-T
.......................................................................................A.

        710       720       730       740       750       760       770       780       790       800
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TGTCATGGTTCTCTTTCACATGTTTCTTTTTGTACCAAAAAAA-CCATTTCTTAAGAARAGGTTTATAACTATTTTATCGTATTTGA-CATTCATAATTC
.............................................A.....................................A............

        810       820       830       840       850       860       870       880       890       900
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TTGAGAGGACAATATTCTTAAAAAGTACTACACAGAGATAATCTGAGACAGAAAAGTATAATGTATTGACAATACGTA-GTAATGAGTATTTAGTA--AT
.........................................T...................T...TA.T.A.....A..A...TG.......A.T..TG..

        910       920       930       940
....|....|....|....|....|....|....|....|
GCTTAATGGTT----------------------------
ATG.CTC.A..ACGGTAGCAAGAGATTGCGCGGTCGCTCG
```

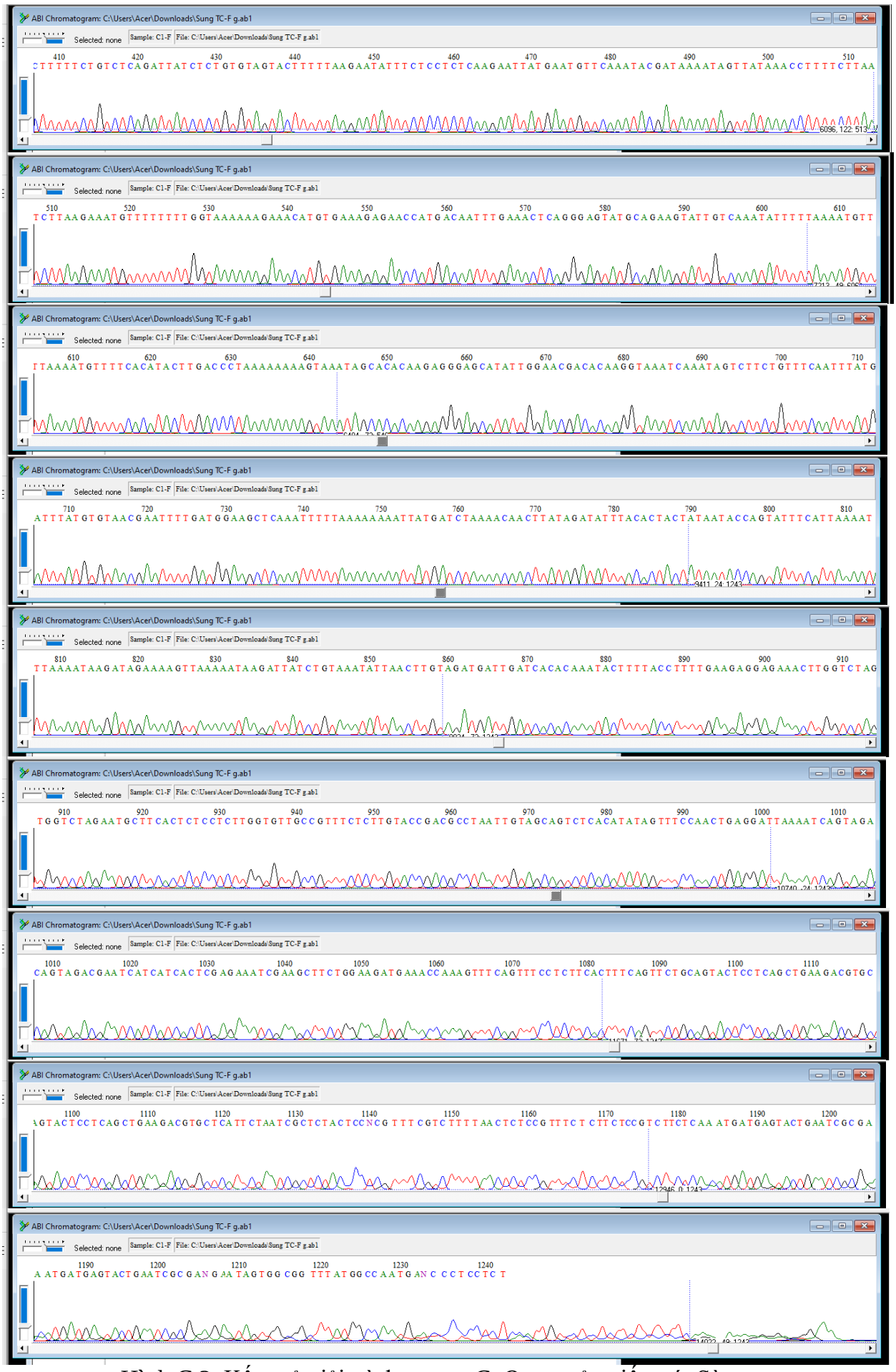
Hình B.4. So sánh trình tự gen *CaOvate* giữa cành ghép Cà và cây ghép Hiểm-Cà

PHỤ LỤC C. HÌNH ẢNH GIẢI TRÌNH TỰ



Hình C.1. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của giống ớt Hiểm

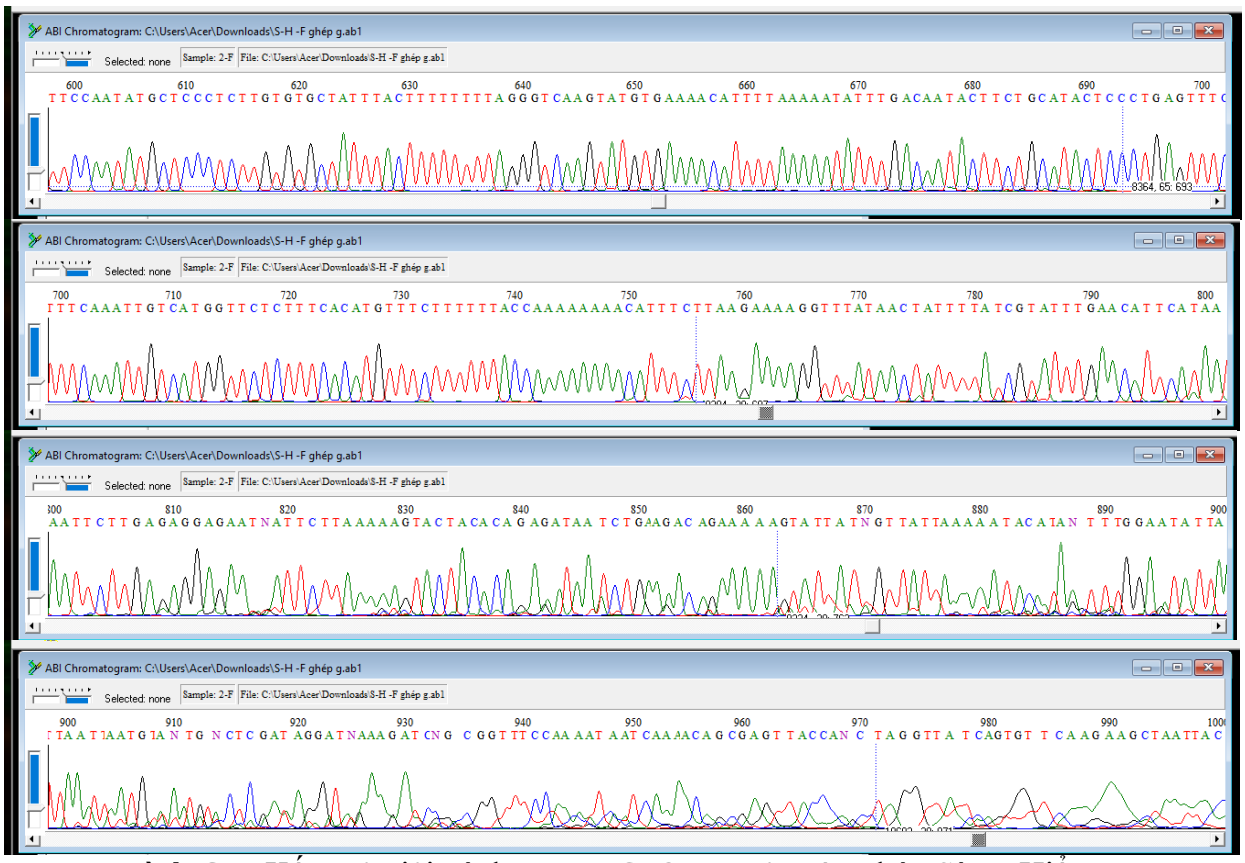




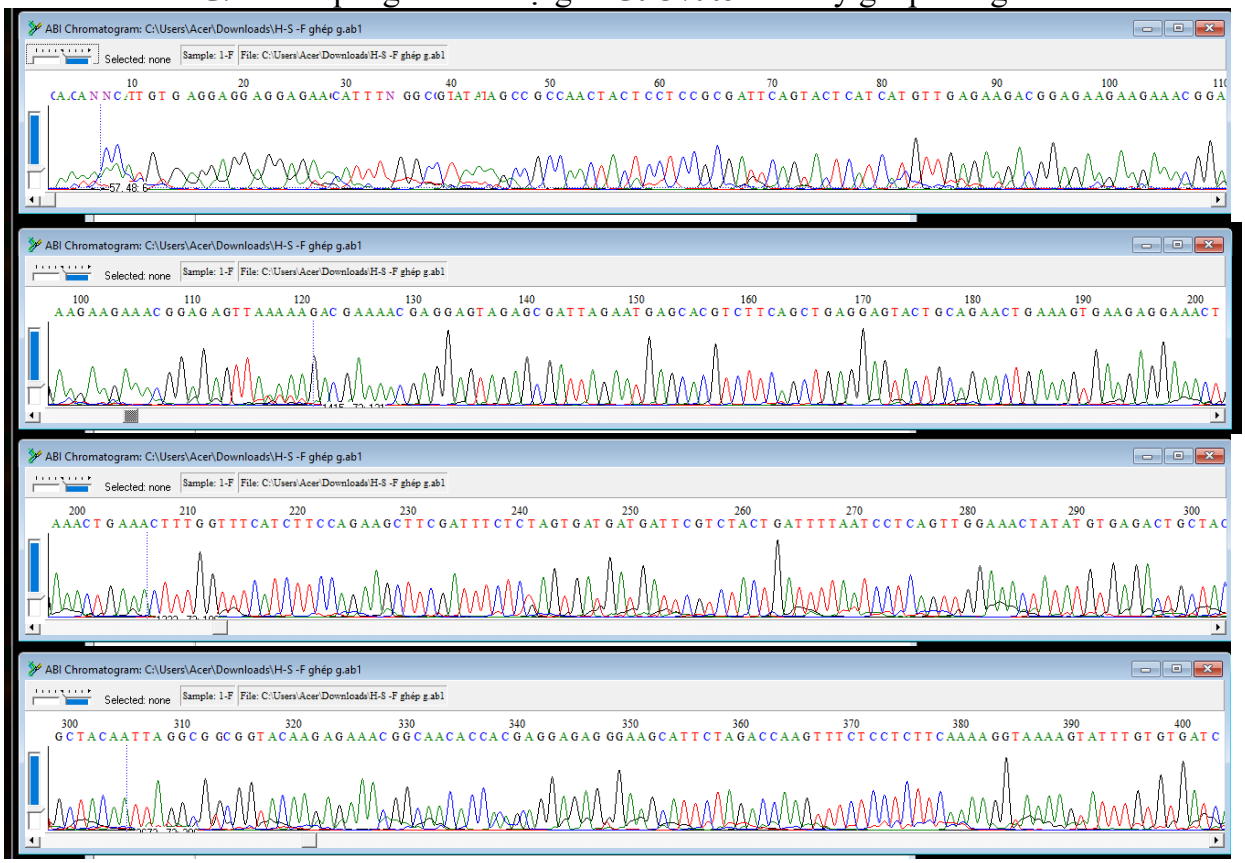
Hình C.2. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của giống ớt Sừng

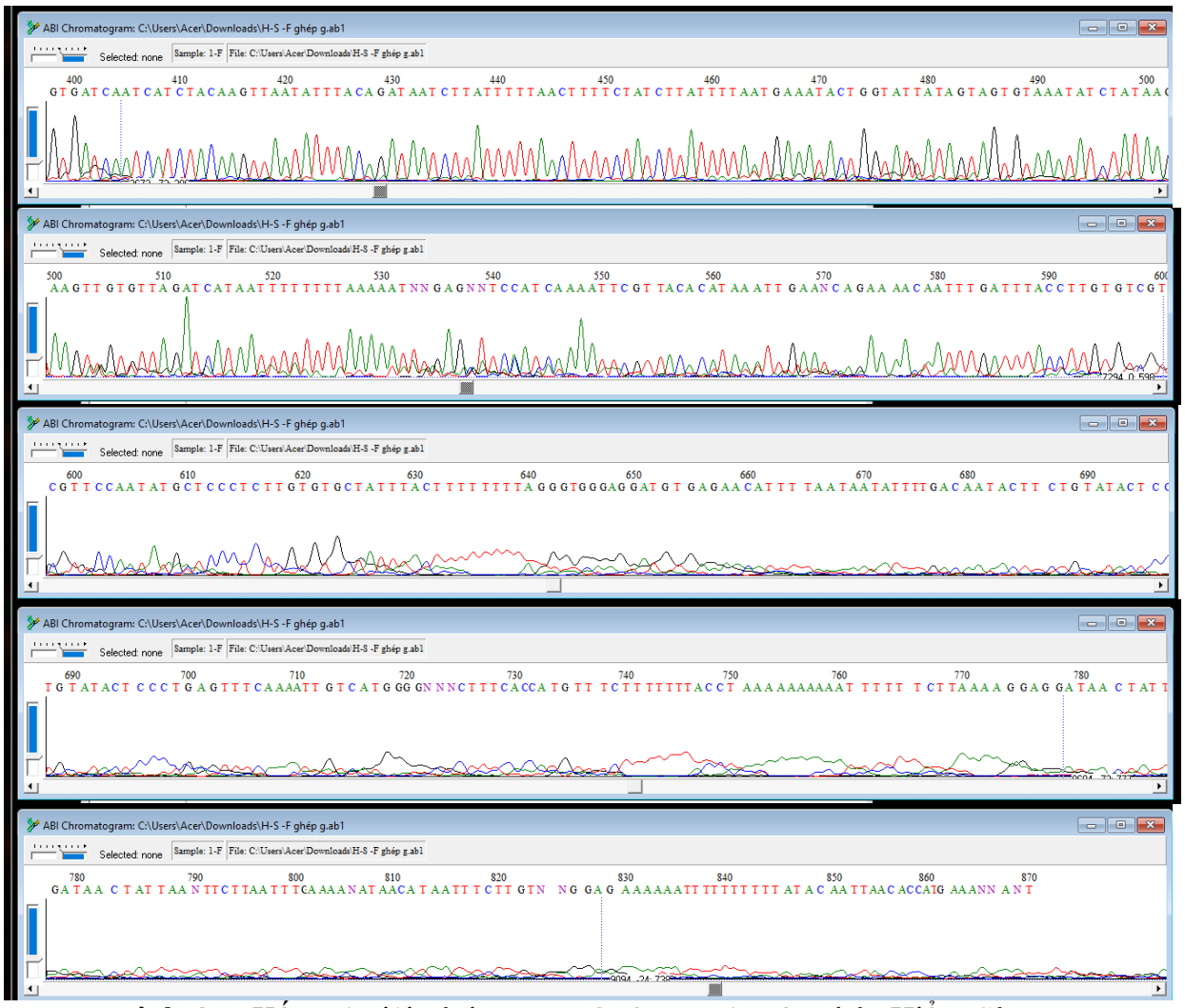
ABI Chromatogram: C:\Users\Acer\Downloads\CTC.ab1
Selected: none
Sample: CTC_F
File: C:\Users\Acer\Downloads\CTC.ab1

Hình C.3. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của giống ớt Cà



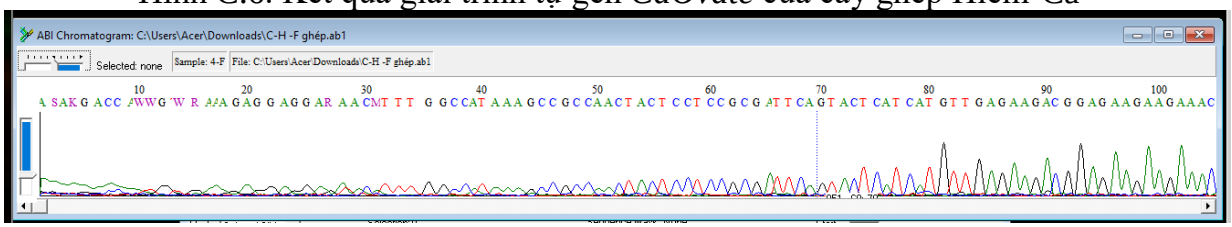
Hình C.4. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây ghép Sừng-Hiểm





Hình C.5. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây ghép Hiểm-Sừng

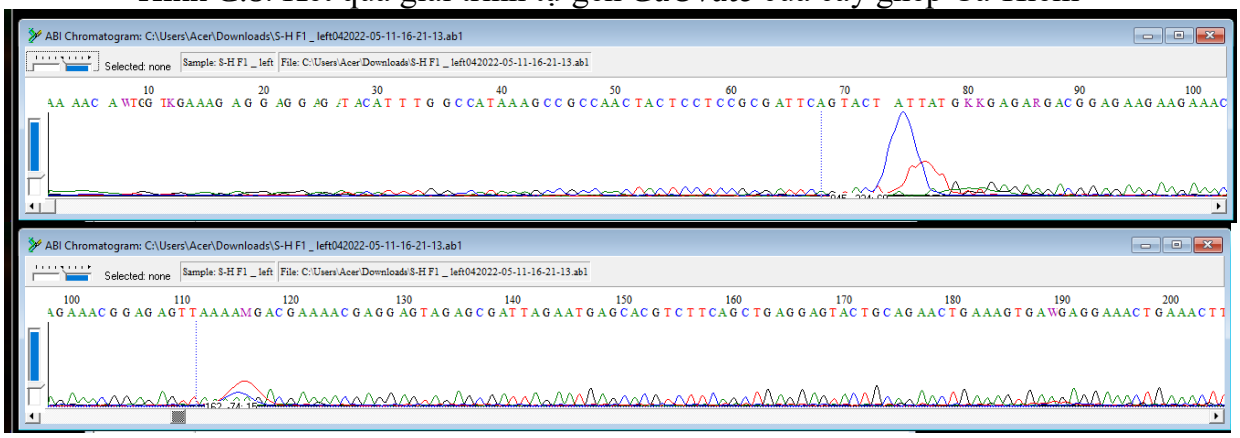
Hình C.6. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây ghép Hiểm-Cà



ABI Chromatogram: C:\Users\Acer\Downloads\C-H -F ghép.ab1
Selected: none
Sample: 4-F
File: C:\Users\Acer\Downloads\C-H -F ghép.ab1

Hình C.7. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây ghép Cà-Hiểm

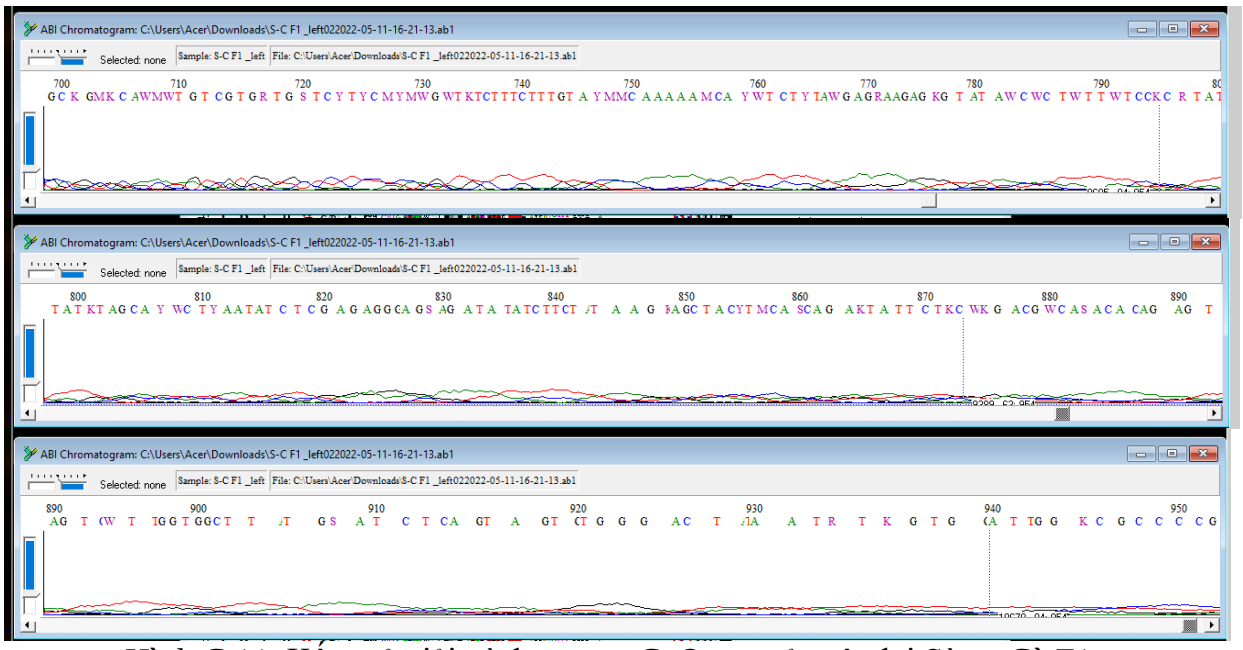
Hình C.8. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây ghép Cà-Hiểm



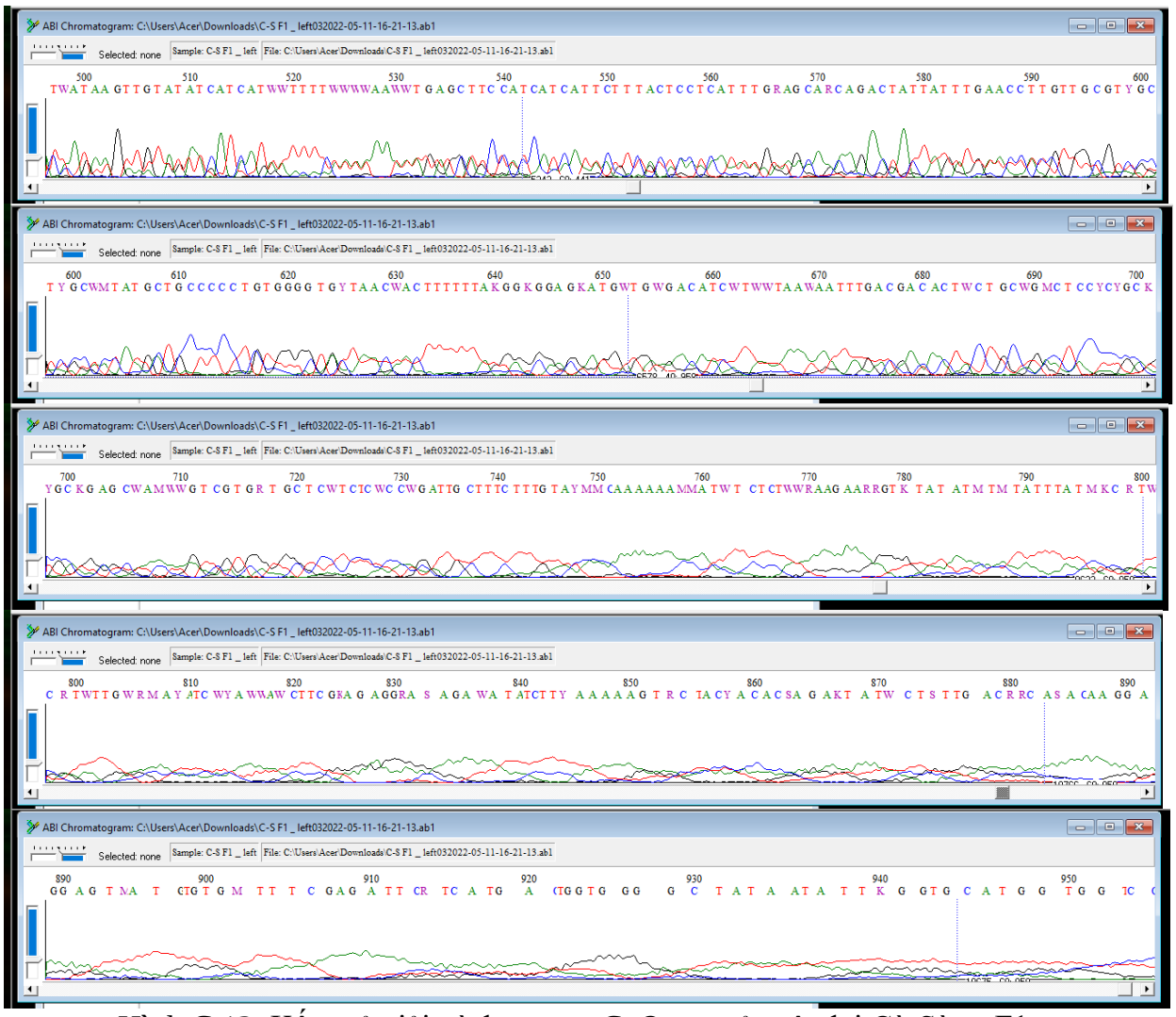
ABI Chromatogram: C:\Users\Acer\Downloads\S-H F1 _ left042022-05-11-16-21-13.ab1
Selected: none
Sample: S-H F1 _ left
File: C:\Users\Acer\Downloads\S-H F1 _ left042022-05-11-16-21-13.ab1

Hình C.9. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây lai Sừng-Hiểm F1

Hình C.10. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây lai Hiểm-Sừng F1



Hình C.11. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây lai Sừng-Cà F1



Hình C.12. Kết quả giải trình tự gen *CaOvate* của cây lai Cà-Sừng F1