

NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG MÍT (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) THU THẬP Ở MIỀN BẮC VIỆT NAM BẰNG CHỈ THỊ SSR

Lê Thị Thu Trang^{1*}, Lê Tuấn Phong¹, Nguyễn Thị Xuyên¹,
Đoàn Minh Diệp¹, Đặng Thị Trang¹, Hoàng Thị Lan Hương¹

TÓM TẮT

Mít (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) là một loại trái cây nhiệt đới, có giá trị kinh tế, được trồng nhiều tại Việt Nam. Sử dụng 50 chỉ thị SSR để nghiên cứu đa dạng di truyền của 30 mẫu giống mít thu thập ở miền Bắc Việt Nam. Kết quả phân tích đa hình với các chỉ thị SSR thu được 33/50 chỉ thị cho đa hình giữa các mẫu giống mít nghiên cứu, với tổng số 101 alen, trung bình 3,06 alen/locut. Chỉ số đa dạng PIC dao động từ 0,12 - 0,76 với giá trị trung bình là 0,57. Hệ số tương đồng di truyền của các mẫu giống mít dao động từ 0,39 - 0,96. Tại mức tương đồng di truyền 0,48, các mẫu giống mít Dai và mít Mật được phân tách thành 2 nhóm riêng biệt: Nhóm I gồm 18 mẫu giống có mức tương đồng di truyền từ 0,67 - 0,95; nhóm II gồm 12 mẫu giống có mức tương đồng di truyền từ 0,50 - 0,96. Cặp mẫu giống MNA1 và MNA3 có mức tương đồng rất cao (0,96), phản ánh mối quan hệ di truyền gần gũi, trong khi cặp mẫu giống MPT4 và MNA11 có sự khác biệt di truyền lớn với hệ số tương đồng rất thấp (0,39) so với các mẫu giống còn lại. Kết quả phân nhóm các mẫu giống trong nghiên cứu sẽ là những thông tin có ý nghĩa trong công tác bảo tồn và chọn tạo giống mít tại Việt Nam.

Từ khóa: Cây mít, chỉ thị SSR, đa dạng di truyền.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây mít (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) là loài cây ăn quả nhiệt đới được trồng ở nhiều nước thuộc châu Á, châu Phi và châu Đại Dương. Cây mít được sử dụng với nhiều mục đích, cung cấp nguyên liệu cho ăn tươi và cho công nghiệp chế biến các sản phẩm xuất khẩu như: Nước ép, mít sấy, bánh, mứt, kẹo, giấm và rượu vang [1], [2]. Mít được xem là nguồn thực phẩm bổ sung quan trọng, trong quả mít chín có chứa nhiều carbohydrate, chất xơ, protein, khoáng chất và các loại vitamin (axit ascorbic, pyridoxine, niacin, riboflavin và axit folic) có tác dụng tốt cho sức khỏe [3]. Các hợp chất carotenoids, flavonoid, axit béo dễ bay hơi, sterol và tannin trong thịt quả và hạt giúp ngăn ngừa các bệnh như ung thư, viêm nhiễm, tim mạch, tăng huyết áp, chống oxy hoá, đục thủy tinh thể và teo cơ do tuổi tác [4], [5], [6].

Ngoài ra, thân mít còn là nguồn cung cấp gỗ có giá trị, vì vậy cây mít được xác định là cây ăn quả có tiềm năng phát triển rất lớn.

Ở nước ta, cây mít được coi là một trong những loại trái cây đặc sản và có khả năng thích nghi rộng, được trồng phổ biến ở nhiều vùng, miền trên khắp cả nước. Các giống mít được trồng tại Việt Nam khá đa dạng về đặc điểm hình thái và chất lượng quả nhờ sự đa dạng về khí hậu, địa hình và quá trình nhân giống chủ yếu từ hạt, thụ phấn chéo. Nhiều giống mít nổi tiếng như: Mít Nghệ, mít Mật, mít Dai, mít Uớt, mít Tố Nữ. Đây là nguồn vật liệu có giá trị đối với chương trình chọn tạo giống mít. Việc nghiên cứu đa dạng di truyền của các giống mít không chỉ tạo cơ sở khoa học cho bảo tồn nguồn gen mà còn cung cấp dữ liệu ở mức độ phân tử, giúp tiết kiệm được thời gian, công sức trong chọn tạo giống.

Trong những năm gần đây, các chỉ thị phân tử như: SSR, RAPD, ISSR, ADN barcode được sử dụng rộng rãi và có hiệu quả trên nhiều đối tượng

¹ Trung tâm Tài nguyên thực vật

* Email: lethutrang2810@gmail.com

cây trồng trong phân loại và đánh giá đa dạng di truyền. Chỉ thị SSR là một trong những chỉ thị được ghi nhận rất thành công trong việc nghiên cứu đa dạng di truyền và xác định mối quan hệ giữa các kiểu gen trên nhiều loại cây trồng lâu năm như xoài [7], ổi [8], bơ [9], cây có múi [10], mít [11], [12], [13] do có tính di truyền đồng trội, cho đa hình cao, dễ dàng được khuếch đại bằng PCR, có độ chính xác cao và ổn định [14]. Tuy nhiên, tính đến nay tại Việt Nam chưa có nhiều nghiên cứu về nhận dạng di truyền các giống mít bằng chỉ thị SSR. Chính vì vậy, trong nghiên cứu

này, chỉ thị SSR được sử dụng để nghiên cứu đa dạng di truyền của 30 mẫu giống mít thu thập ở miền Bắc, từ đó đưa ra những nhận định về quan hệ di truyền của các mẫu giống mít nghiên cứu, góp phần cung cấp dữ liệu sử dụng trong công tác lai tạo giống mít mới.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- 30 mẫu giống mít Mật và mít Dai được thu thập tại thành phố Hà Nội, tỉnh Phú Thọ và Nghệ An (Bảng 1).

Bảng 1. Danh sách các mẫu giống mít sử dụng trong nghiên cứu

STT	Giống	Mã kí hiệu	Nơi thu thập	STT	Giống	Mã kí hiệu	Nơi thu thập
1	Mít dai	MPT 1	Phú Thọ	16	Mít dai	MHN 9	Hà Nội
2	Mít dai	MPT 2	Phú Thọ	17	Mít mật	MNA 1	Nghệ An
3	Mít dai	MPT 3	Phú Thọ	18	Mít mật	MNA 2	Nghệ An
4	Mít dai	MPT 4	Phú Thọ	19	Mít mật	MNA 3	Nghệ An
5	Mít dai	MPT 5	Phú Thọ	20	Mít mật	MNA 4	Nghệ An
6	Mít dai	MPT 6	Phú Thọ	21	Mít mật	MNA 5	Nghệ An
7	Mít dai	MPT 7	Phú Thọ	22	Mít mật	MNA 6	Nghệ An
8	Mít dai	MHN 1	Hà Nội	23	Mít mật	MNA 7	Nghệ An
9	Mít dai	MHN 2	Hà Nội	24	Mít mật	MNA 8	Nghệ An
10	Mít dai	MHN 3	Hà Nội	25	Mít mật	MNA 9	Nghệ An
11	Mít dai	MHN 4	Hà Nội	26	Mít mật	MNA 10	Nghệ An
12	Mít dai	MHN 5	Hà Nội	27	Mít mật	MNA 11	Nghệ An
13	Mít dai	MHN 6	Hà Nội	28	Mít dai	Malayxia	Hà Nội
14	Mít dai	MHN 7	Hà Nội	29	Mít dai	Thái	Hà Nội
15	Mít dai	MHN 8	Hà Nội	30	Mít mật	Tổ Nữ	Hà Nội

- 50 chỉ thị SSR đặc hiệu cho cây mít (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) với thông tin về trình tự, kích thước, nhiệt độ gắn mỗi được tham khảo từ công bố của Nakintu và cs (2019) [12]; Marjan và cs (2019) [15]; Singh và cs (2021) [16].

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp tách chiết và kiểm tra nồng độ ADN tổng số

Mẫu lá non của từng mẫu giống mít được tách chiết ADN tổng số theo phương pháp CTAB của Fjellstrom và cs (2004) [17] có cải tiến. Chất lượng và nồng độ ADN tổng số được kiểm tra trên gel agarose 1% trong môi trường đệm TBE 0,5X cùng với Lambda ADN chuẩn. Độ tinh sạch của ADN tổng số được đo trên hệ thống Nanodrop bằng phương pháp đo mật độ quang phổ hấp phụ ở bước sóng 260 nm và 280 nm.

2.2.2. Phương pháp thực hiện phản ứng PCR

Thực hiện phản ứng PCR được tiến hành trên máy Veriti 96 well Thermal cyclers với tổng thể tích phản ứng là 20 µl gồm: 2 µl PCR buffer 10x; 1,6 µl dNTPs 2,5 mM; 1,4 µl primer 25 ng/µl; 0,1 µl dream green Taq polymerase (5U/µl); 5 µl ADN (5 ng/µl); 9,9 µl H₂O khử ion. Chu kỳ nhiệt phản ứng PCR gồm: 95°C trong 5 phút; 35 chu kỳ [biến tính ở 94°C trong 1 phút, nhiệt độ gắn mỗi đặc hiệu trong 1 phút và kéo dài ở 72°C trong 1 phút]

và kết thúc ở 72°C trong 5 phút. Sản phẩm PCR được bảo quản ở 4°C và được điện di trên gel polyacrylamide 8%. Các bản gel được soi trên máy UV Transilluminator và chụp ảnh để phân tích có hay không các băng ADN theo thang chuẩn ADN.

2.2.3. Phương pháp phân tích và xử lý số liệu

Sản phẩm băng ADN trên gel điện di được phân tích và được mã hoá bằng số 1 (mẫu có băng ADN) và số 0 cho mẫu không xuất hiện băng ADN. Các số liệu (0,1) được phân tích bằng phần mềm NTSYSpc 2.1X [18] để xây dựng ma trận tương đồng giữa các cặp mẫu giống và sơ đồ hình cây phân nhóm di truyền các mẫu giống nghiên cứu.

Mức độ đa dạng của locut SSR được đánh giá bằng hệ số thông tin đa hình PIC (Polymorphism information content) được tính theo công thức của Mohammadi và Prasanna (2003) [19] như sau:

$PIC = 1 - \sum p_i^2$ (p_i : tần số xuất hiện của alen thứ i)

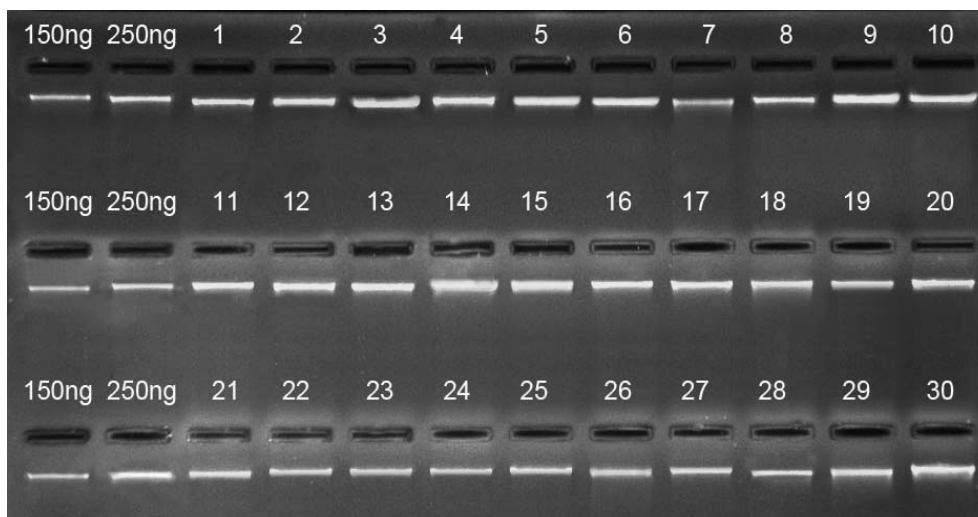
2.3. Địa điểm và thời gian nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện tại Trung tâm Tài nguyên thực vật từ năm 2022 đến năm 2023.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tách chiết ADN tổng số

ADN tổng số sau khi tách chiết được kiểm tra nồng độ và độ tinh sạch trên gel agarose và máy quang phổ NanoDrop (Hình 1 và Bảng 2).



Hình 1. Kết quả kiểm tra ADN tổng số của 30 mẫu giống mít trên gel agarose 1%

Ghi chú: 150 ng và 250 ng: ADN chuẩn, từ 1 - 30: ADN tổng số của 30 mẫu giống mít trong bảng 1

Kết quả điện di và đo nồng độ ADN cho thấy, các mẫu ADN tổng số thu được có băng rõ, gọn, độ tinh sạch cao và có nồng độ từ 168,4 - 472,4 ng/μl. Tất cả các mẫu ADN đã tách chiết

đều có tỷ lệ OD260/OD280 nằm trong khoảng từ 1,8 - 2,0, chứng tỏ ADN nguyên vẹn, chất lượng tốt, đủ tiêu chuẩn thực hiện các phản ứng PCR (Bảng 2).

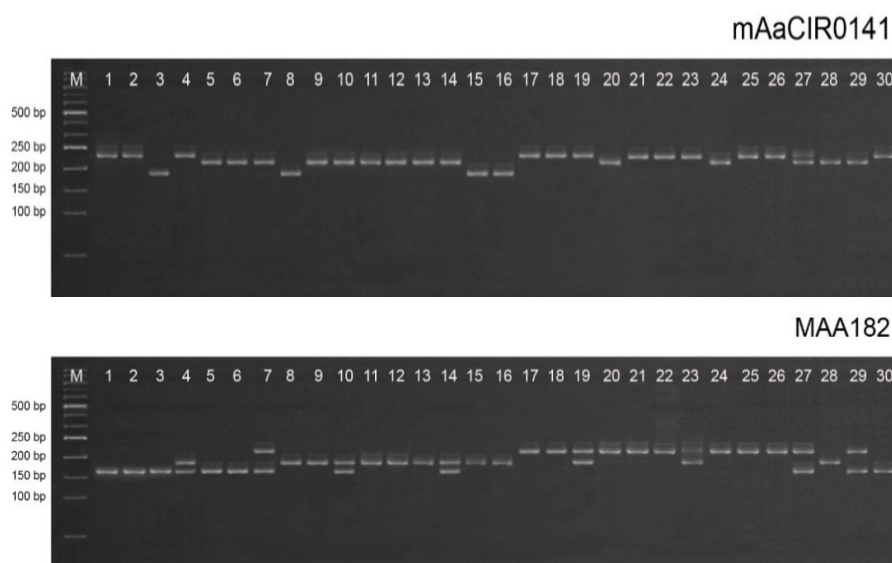
Bảng 2. Kết quả đo nồng độ ADN tổng số của các mẫu giống mít nghiên cứu

STT	Mã ký hiệu	OD 260/280	Nồng độ ADN (ng/μl)	STT	Mã ký hiệu	OD 260/280	Nồng độ ADN (ng/μl)
1	MPT 1	1,84	293,2	16	MHN 9	1,8	343,6
2	MPT 2	1,88	322,8	17	MNA 1	1,92	383,9
3	MPT 3	1,94	441,9	18	MNA 2	1,96	324,1
4	MPT 4	1,95	420,1	19	MNA 3	1,8	298,7
5	MPT 5	1,89	462,4	20	MNA 4	1,96	385,1
6	MPT 6	1,81	451,5	21	MNA 5	1,96	267,8
7	MPT 7	1,94	168,4	22	MNA 6	1,93	231,3
8	MHN 1	1,88	248,8	23	MNA 7	1,8	265,5
9	MHN 2	1,97	465,8	24	MNA 8	1,91	227,3
10	MHN 3	1,9	428,9	25	MNA 9	1,96	293,7
11	MHN 4	1,99	322,7	26	MNA 10	1,84	301,9
12	MHN 5	1,96	362,2	27	MNA 11	1,9	294,1
13	MHN 6	1,93	382,3	28	Malayxia	1,82	245,7
14	MHN 7	1,92	472,4	29	Thái	1,94	344,7
15	MHN 8	1,87	457,5	30	Tổ Nữ	1,96	392,9

3.2. Đa hình SSR trong các mẫu giống mít nghiên cứu

Trong nghiên cứu này, 50 chỉ thị SSR đã được sử dụng để phân tích đa dạng di truyền của 30 mẫu giống

mít. Kết quả thu được 33/50 chỉ thị cho băng ADN đa hình tại 33 locut với kích thước từ 83 - 377 bp (Hình 2). Sai khác về kích thước các alen của cùng một locut dao động từ 6 bp (MAA54a) - 132 bp (MAA196b).



Hình 2. Ảnh điện di sản phẩm PCR của 30 mẫu giống mít bằng chỉ thị mAaCIR0141 và MAA182 trên gel polyacrylamide 8%

Ghi chú: M: 50 bp ADN ladder; từ 1 - 30: các mẫu giống mít trong bảng 1.

Kết quả phân tích đa hình các locus SSR cho thấy, số lượng alen đa hình khác nhau giữa các locus, với tổng số alen thu được tại 33 locus SSR là 101 alen. Số alen đa hình tại mỗi locus dao động từ 2 alen (JFSSR-132) - 5 alen (MAA26, mAaCIR0049), trung bình đạt 3,06 alen/locut. Có 11 chỉ thị cho đa hình cao > 3 alen/locut.

Những chỉ thị này có thể được sử dụng như bộ chỉ thị phân tử xác định giống mít, trong đó locus mAaCIR0049 và MAA26 có số alen cao nhất là 5 alen, tiếp đến là 9 locus (MAA105, MAA122, MAA156, MAA54b, MAA196b, JFSSR-48, JFSSR-126, JFSSR-134, JFSSR-180) cho 4 alen (Bảng 3).

Bảng 3. Đa hình các locus SSR ở các mẫu giống mít nghiên cứu

TT	Tên môi	Số alen	Kích thước alen (bp)	PIC	TT	Tên môi	Số alen	Kích thước alen (bp)	PIC
1	mAaCIR0048	3	136 - 167	0,66	18	JFSSR-12	2	330 - 390	0,59
2	mAaCIR0049	5	145 - 169	0,76	19	JFSSR-39	2	295 - 350	0,49
3	mAaCIR0141	3	190 - 210	0,62	20	JFSSR-48	4	255 - 374	0,73
4	MAA105	4	250 - 277	0,71	21	JFSSR-64	3	352 - 375	0,61
5	MAA122	4	254 - 312	0,70	22	JFSSR-88	3	305 - 370	0,62
6	MAA140	2	142 - 160	0,46	23	JFSSR-116	3	215 - 356	0,53
7	MAA145	2	275 - 295	0,50	24	JFSSR-126	4	137 - 200	0,69

8	MAA156	4	260 - 300	0,70	25	JFSSR-132	2	153 - 165	0,26
9	MAA182	3	164 - 216	0,67	26	JFSSR-134	4	125 - 183	0,56
10	MAA26	5	198 - 297	0,76	27	JFSSR-135	2	132 - 147	0,18
11	MAA54a	2	181 - 187	0,50	28	JFSSR-141	3	108 - 176	0,65
12	MAA54b	4	200 - 239	0,71	29	JFSSR-170	3	141- 175	0,65
13	MAA196a	3	83 - 153	0,60	30	JFSSR-172	2	152 - 177	0,28
14	MAA178a	2	250 - 258	0,12	31	JFSSR-180	4	90 - 185	0,69
15	MAA178b	2	268 - 284	0,50	32	JFSSR-181	3	98 - 150	0,61
16	MAA196b	4	225 - 377	0,68	33	JFSSR-182	3	105 - 153	0,53
17	JFSSR-2	2	355 - 386	0,53					
Trung bình							3,06		0,57

Hệ số thông tin đa hình (PIC) được coi là thước đo tính đa dạng di truyền của các alen ở từng locut SSR. Kết quả phân tích số liệu ở bảng 3 cho thấy, hệ số PIC thu được tại 33 locut SSR nghiên cứu dao động từ 0,12 (MAA178a) - 0,76 (mAaCIR0049), trung bình đạt là 0,57. Các chỉ thị có hệ số PIC lớn hơn hoặc bằng 0,5 sẽ cho phân biệt cao về tỷ lệ đa hình của chỉ thị đó [20]. Có 27 mẫu cho tính đa hình cao với giá trị $PIC \geq 0,5$ (chiếm 81,8%), trong đó hệ số PIC cao nhất ở locut MAA26 và mAaCIR0049 đạt 0,76, tiếp đến là JFSSR-48, MAA105, MAA122 có hệ số PIC lần lượt đạt 0,73; 0,71; 0,70. Như vậy, mức độ đa dạng của các alen ở các mẫu giống mít nghiên cứu là khá cao và cao hơn so với các kết quả nghiên cứu của Singh và cs (2021) [16], khi sử dụng 38 chỉ thị SSR để đánh giá đa dạng di truyền của 224 mẫu giống mít thu thập ở Ấn Độ với hệ số PIC trung bình đạt 0,51, tuy nhiên lại thấp hơn so kết quả nghiên cứu của Marjan và cs (2019) [15], khi sử dụng 11 chỉ thị SSR để đánh giá đa dạng di truyền của 8 giống mít ở bang Kerala thuộc miền

Nam Ấn Độ đã thu được hệ số PIC trung bình đạt 0,75.

3.3. Mối quan hệ di truyền giữa các mẫu giống mít nghiên cứu

Quan hệ di truyền giữa 30 mẫu giống mít được thống kê và phân tích UPGMA bằng phần mềm NTSYSpc2.1, từ đó thiết lập ma trận tương đồng di truyền của các mẫu giống mít và cây phân nhóm di truyền (Bảng 4, Hình 3).

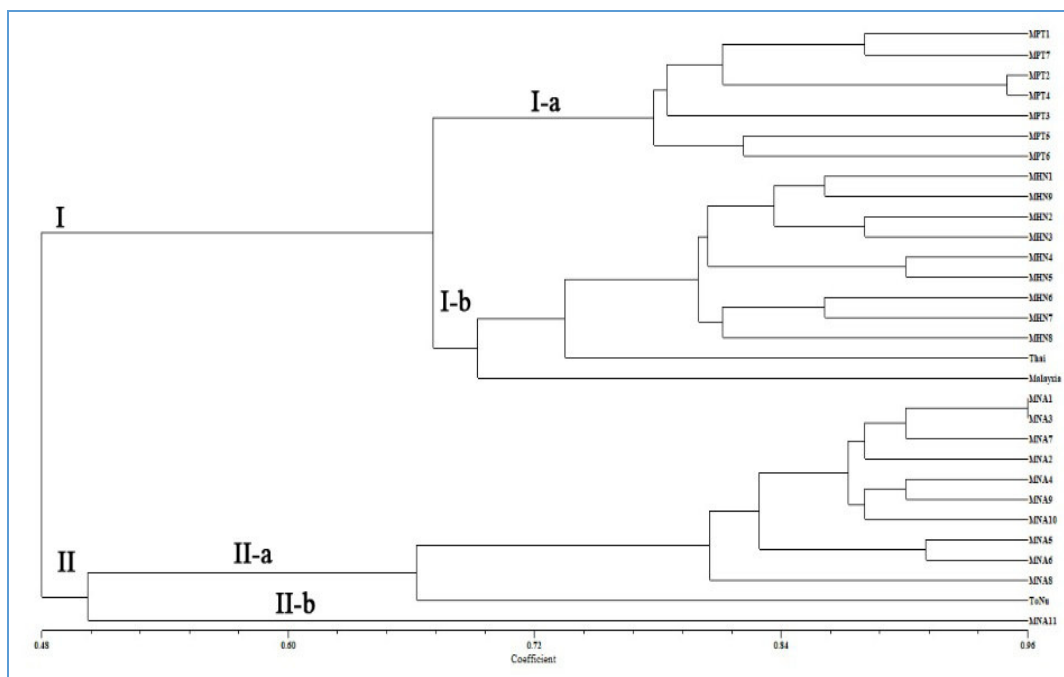
Dựa vào số liệu ma trận tương đồng giữa các mẫu giống mít nghiên cứu có thể xác định được mối tương đồng di truyền của từng cặp giống. Các giống có hệ số tương đồng di truyền càng gần tới 1 thì càng giống nhau về mặt di truyền, các giống có hệ số tương đồng di truyền gần tới 0 thì chúng càng xa nhau về di truyền. Hệ số tương đồng di truyền thấp nhất ở mức 0,39 xuất hiện ở cặp mẫu giống MPT4 và MNA11; hệ số tương đồng di truyền cao nhất ở mức 0,96 giữa mẫu giống MNA1 và MNA3, tiếp đến là cặp mẫu giống MPT2 và MPT4 có mức tương đồng di truyền là 0,95 (Bảng 4).

Bảng 4. Ma trận tương đồng của các mẫu giống mít nghiên cứu bằng chỉ thị SSR

	MPT1	MPT2	MPT3	MPT4	MPT5	MPT6	MPT7	MHN1	MHN2	MHN3	MHN4	MHN5	MHN6	MHN7	MHN8	MHN9	MNA1	MNA2	MNA3	MNA4	MNA5	MNA6	MNA7	MNA8	MNA9	MNA10	MNA11	Malaysia	Thai	ToNu
MPT1	1.00																													
MPT2	0.82	1.00																												
MPT3	0.78	0.78	1.00																											
MPT4	0.83	0.95	0.79	1.00																										
MPT5	0.80	0.72	0.78	0.73	1.00																									
MPT6	0.78	0.80	0.76	0.79	0.82	1.00																								
MPT7	0.88	0.80	0.78	0.79	0.80	0.80	1.00																							
MHN1	0.58	0.66	0.72	0.67	0.64	0.68	0.58	1.00																						
MHN2	0.64	0.72	0.66	0.73	0.72	0.76	0.68	0.82	1.00																					
MHN3	0.62	0.72	0.70	0.73	0.70	0.76	0.66	0.84	0.88	1.00																				
MHN4	0.62	0.66	0.64	0.67	0.76	0.76	0.64	0.82	0.80	0.86	1.00																			
MHN5	0.68	0.72	0.64	0.73	0.76	0.82	0.66	0.76	0.82	0.82	0.90	1.00																		
MHN6	0.65	0.65	0.61	0.66	0.63	0.75	0.65	0.77	0.81	0.81	0.75	0.79	1.00																	
MHN7	0.67	0.67	0.65	0.68	0.73	0.81	0.73	0.77	0.83	0.87	0.81	0.83	0.86	1.00																
MHN8	0.64	0.66	0.64	0.67	0.62	0.74	0.66	0.80	0.78	0.76	0.80	0.78	0.79	0.83	1.00															
MHN9	0.64	0.68	0.72	0.69	0.70	0.76	0.64	0.86	0.86	0.82	0.74	0.80	0.79	0.81	0.80	1.00														
MNA1	0.56	0.50	0.45	0.51	0.49	0.43	0.49	0.43	0.45	0.43	0.45	0.45	0.42	0.40	0.45	0.41	1.00													
MNA2	0.60	0.50	0.47	0.51	0.50	0.43	0.50	0.45	0.45	0.43	0.47	0.45	0.50	0.42	0.47	0.41	0.90	1.00												
MNA3	0.56	0.50	0.45	0.53	0.49	0.43	0.49	0.45	0.45	0.43	0.47	0.45	0.44	0.40	0.45	0.43	0.96	0.86	1.00											
MNA4	0.56	0.50	0.47	0.51	0.54	0.45	0.52	0.49	0.50	0.47	0.49	0.47	0.48	0.44	0.45	0.45	0.90	0.88	0.86	1.00										
MNA5	0.55	0.51	0.50	0.52	0.53	0.40	0.51	0.51	0.55	0.48	0.46	0.42	0.47	0.45	0.44	0.50	0.81	0.81	0.77	0.85	1.00									
MNA6	0.56	0.54	0.50	0.55	0.50	0.43	0.52	0.52	0.56	0.52	0.49	0.45	0.48	0.46	0.49	0.50	0.86	0.82	0.82	0.82	0.91	1.00								
MNA7	0.58	0.50	0.45	0.53	0.50	0.43	0.50	0.43	0.47	0.41	0.45	0.43	0.46	0.42	0.45	0.41	0.90	0.88	0.90	0.86	0.85	0.86	1.00							
MNA8	0.55	0.50	0.44	0.50	0.59	0.51	0.55	0.46	0.53	0.50	0.51	0.51	0.54	0.52	0.53	0.46	0.83	0.79	0.79	0.83	0.74	0.75	0.83	1.00						
MNA9	0.62	0.52	0.45	0.53	0.52	0.43	0.54	0.45	0.47	0.41	0.45	0.45	0.46	0.44	0.47	0.43	0.90	0.86	0.86	0.90	0.85	0.82	0.90	0.89	1.00					
MNA10	0.55	0.48	0.48	0.49	0.55	0.44	0.53	0.48	0.48	0.44	0.48	0.44	0.41	0.47	0.46	0.46	0.89	0.85	0.85	0.87	0.84	0.81	0.85	0.78	0.89	1.00				
MNA11	0.44	0.40	0.50	0.39	0.48	0.48	0.55	0.51	0.50	0.51	0.48	0.42	0.52	0.54	0.50	0.50	0.48	0.48	0.48	0.48	0.50	0.51	0.44	0.58	0.50	0.52	1.00			
Malaysia	0.47	0.54	0.56	0.55	0.58	0.60	0.52	0.72	0.66	0.72	0.78	0.70	0.65	0.65	0.64	0.66	0.45	0.45	0.49	0.50	0.50	0.52	0.45	0.50	0.45	0.48	0.55	1.00		
Thai	0.59	0.65	0.59	0.64	0.65	0.71	0.65	0.67	0.77	0.71	0.75	0.77	0.68	0.76	0.77	0.71	0.46	0.46	0.44	0.51	0.49	0.51	0.44	0.56	0.50	0.49	0.54	0.71	1.00	
ToNu	0.55	0.57	0.48	0.52	0.46	0.48	0.50	0.48	0.48	0.48	0.44	0.46	0.50	0.47	0.44	0.46	0.73	0.71	0.69	0.67	0.60	0.59	0.65	0.60	0.67	0.68	0.56	0.42	0.43	1.00

Kết quả phân tích sơ đồ hình cây phân nhóm các mẫu giống mít nghiên cứu cho thấy, hệ số tương đồng di truyền của các mẫu giống mít

nghiên cứu dao động từ 0,39 - 0,96. Kết quả này cho thấy, tập đoàn các mẫu giống nghiên cứu có sự khác biệt di truyền từ 4 - 61% (Hình 3).



Hình 3. Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền của 30 mẫu giống mít nghiên cứu bằng chỉ thị SSR

Tại mức tương đồng di truyền 0,48, các mẫu giống mít Dai và mít Mật được phân tách thành 2 nhóm chính:

Nhóm I: Gồm 18 mẫu giống mít Dai, ở mức tương đồng di truyền 0,67 được phân tách thành 2 phân nhóm I-a (7 mẫu giống) và I-b (11 mẫu giống).

Nhóm phụ I-a gồm 7 mẫu giống đều có nguồn gốc thu thập tại tỉnh Phú Thọ, có hệ số tương đồng di truyền trong nhóm dao động từ 0,78 - 0,95. Trong đó có cặp mẫu giống MPT2 và MPT4 có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,95, tiếp đến là cặp mẫu giống MPT1 và MPT7 có hệ số tương đồng di truyền là 0,88, điều này chứng tỏ các cặp mẫu giống này có quan hệ di truyền rất gần.

Nhóm phụ I-b gồm 11 mẫu giống, trong đó mẫu giống mít Malayxia được thu thập ở thành phố Hà Nội tách biệt với các mẫu giống còn lại trong nhóm ở mức tương đồng di truyền 0,72. Nhóm này có 9 mẫu giống là các giống mít Dai được thu thập ở thành phố Hà Nội nằm phân tách với giống mít Thái ở mức độ tương đồng di truyền là 0,76. Cặp mẫu giống MHN4 và MHN5 có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,90.

Nhóm II: Gồm 12 mẫu giống mít Mật thu thập ở tỉnh Nghệ An có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,5 - 0,96. Ở mức tương đồng 0,60 nhóm II được phân tách thành nhóm phụ II-a (11 mẫu giống) và nhóm phụ II-b gồm duy nhất mẫu giống mít MNA11

Nhóm phụ II-a gồm 11 mẫu giống, trong đó giống mít Tố Nữ nằm phân tách với 10 giống mít Mật (MNA1, MNA2, MNA3, MNA4, MNA5, MNA6, MNA7, MNA8, MNA9, MNA10) ở mức độ tương đồng di truyền là 0,70. Cặp mẫu giống MNA1 và MNA3 có quan hệ di truyền rất gần với hệ số tương đồng di truyền là 0,96.

Như vậy, qua kết quả đánh giá đa dạng di truyền 30 mẫu giống mít bằng chỉ thị SSR cho thấy, hệ số tương đồng di truyền thấp nhất là 0,39 và cao nhất 0,96; điều này chứng tỏ tập đoàn các mẫu giống nghiên cứu rất đa dạng (khác biệt di truyền giữa các mẫu giống nghiên cứu khá lớn từ 4 - 61%). Phần lớn các mẫu giống có đặc điểm hình thái tương đồng có xu hướng nằm cùng một nhóm. Các mẫu giống mít Dai và mít Mật đã phân tách thành 2 nhóm riêng biệt. Kết quả này cho thấy, chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu đã xác định được quan hệ di truyền giữa mẫu giống, phân biệt các nhóm quan hệ di truyền, làm cơ sở cho việc phân loại, xác định các nhóm ưu thế lại, nhận dạng các nguồn gen phục vụ công tác bảo tồn, chọn tạo giống mít tại Việt Nam.

4. KẾT LUẬN

Kết quả phân tích 30 mẫu giống mít ở miền Bắc với 50 chỉ thị SSR đã phát hiện đa dạng di truyền cao giữa các mẫu giống nghiên cứu, với 33 locut SSR đa hình, kích thước sản phẩm PCR nằm trong khoảng từ 83 - 377 bp. Sai khác về kích thước các alen của cùng một locut dao động từ 6 - 132 bp. Tổng số alen thu được tại 33 locut SSR là 101 alen, trung bình 3,06 alen/locut, hệ số thông tin đa hình (PIC) thu được dao động từ 0,12 - 0,76, trung bình là 0,57. Có 11 chỉ thị có mức đa hình cao > 3 alen/locut, có thể sử dụng như bộ chỉ thị phân tử xác định giống mít.

Kết quả phân tích đa dạng di truyền 30 mẫu giống mít bằng chỉ thị SSR thu được hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,39 - 0,96, cho thấy các mẫu giống nghiên cứu rất đa dạng (khác biệt di truyền giữa các mẫu giống nghiên cứu khá lớn từ 4 - 61%). Tại mức tương đồng di truyền 0,48, các mẫu giống mít Dai và mít Mật được phân tách thành 2 nhóm chính I và II. Nhóm I gồm 18 mẫu giống, ở mức tương đồng di truyền 0,67 tách thành 2 nhóm phụ I-a (7 mẫu giống) và I-b (11 mẫu giống). Nhóm II gồm 12 mẫu giống, ở mức tương đồng 0,60 nhóm II phân tách thành nhóm phụ II-a (11 mẫu giống) và nhóm phụ II-b gồm duy nhất mẫu giống mít MNA11. Kết quả thu được trong nghiên cứu này rất có ý nghĩa trong công tác bảo tồn và chọn, tạo giống mít ở Việt Nam.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin chân thành cảm ơn Bộ Khoa học và Công nghệ đã cấp kinh phí cho nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Amit, K. T. and Ambarish, V. (2010). Production of jackwine - A wine from ripe jackfruit. *Pharmbit* 22 (2): 154 - 156.
2. Haq N. (2006). Jackfruit (*Artocarpus heterophyllus*). Southhamton Centre for Underutilised Crops. University of Southampton, Southampton, UK.
3. Swami, S. B., Thakor, N. J., Haldankar, P. M., Kalse, S. B. (2012). Jackfruit and its many functional components as related to human health:

a review. *Comprehensive Rev. Food Sci. Food Safety*. 11 (6): 565 - 576.

4. Elevitch C. R, Manner H. I (2006). *Artocarpus heterophyllus* (jackfruit) ver. 1.1v. Elevitch C. R (ed), Species Profiles for Pacific Island Agroforestry, Permanent Agriculture Resources (PAR), Holualoa, Hawaii, 17 pages.

5. Arung, E. T., Shimizu, K. and Kondo, R. (2007). Structure-activity relationship of prenyl-substituted polyphenols from Swathiet al. *Artocarpus heterophyllus* as inhibitors of melanin biosynthesis in cultured melanoma cells. *Chem. Biodivers*. 4 (9): 2166 - 2171.

6. Ranasinghe, R. A. S. N., Maduwanthi, S. D. T. and Marapana, R. A. U. J. (2019). Nutritional and health benefits of jackfruit (*Artocarpus heterophyllus* Lam.): A review. *Int. J. Food Sci*. 1: 25 - 37.

7. Eiadthong W., Yonemori, K., Sugiura, A., Utsunomiya N. and Subhadrabandhu S. (1999). Identification of mango cultivars of Thailand and evaluation of their genetic variation using the amplified fragments by simple sequence repeat- (SSR-) anchored primers. *Sci. Horti*. 82: 57 - 66.

8. Padmakar, B., Kanupriya, C., Latha, P. M., Prashant, K. S., Dinesh, M. R., Sailaja, D. and Aswath, C. (2015). Development of SRAP and SSR marker-based genetic linkage maps of guava (*Psidium guajava* L.). *Sci. Horti*. 192: 158 - 165.

9. Reyes-Alemán J. C., et al. (2016). Assessment of genetic relationship in *Persea* spp by traditional molecular markers. *Genetics and Molecular Research*. 15 (2), doi: 10.4238/gmr.15027359

10. Ahmed S., H. S. Rattanpal, Kumari P. and Singh J. (2017). Study of Genetic Variability in Citrus Fruit Crop by Molecular Markers - A Review. *Int. J. Pure App. Biosci*. 5 (1): 111 - 128.

11. Kavya, G. K., Shyamalamma, S. (2019). Characterization of selected jackfruit germplasm accessions for fruit shape through morphological and marker-based assay. *Indian J. Agric. Res*. <https://doi.org/10.18805/IJARE.A-5427>

12. Nakintu, J., Albrecht, C., Müller, C. M., Kagoro-Rugunda, G., Andama, M., Olet, E. A., Lejju, J. B., Gemeinholzer, B. (2019). Exploring the genetic diversity of jackfruit (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) grown in Uganda based on SSR markers. *Genet. Resour. Crop Evol*. 67, 605 - 619. <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00830-5>.

13. Racheal Gwokyalaya, Ann Nanteza, Henry Wagaba, Siraj Ismail Kayondo; Dan Kazigaba, Grace Nakabonge (2023). Morphological and Genetic Characterization of Jackfruit (*Artocarpus heterophyllus*) in Kayunga and Luwero districts of Uganda. *Researchsquare*, 28 pages.

14. Singh, J., Dhall, R. K. and Aulakh, P. S. (2011). Molecular characterization of Biodiversity in Vegetables- A review. *Agri. Reviews*. 32 (3): 193 - 201.

15. Marjan P. S., Krishnan A. G. and Cyriac A. (2019). Molecular Characterization and DNA Fingerprinting of Superior Jackfruit Genotypes from Kerala using SSR Markers. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. Vol. 8 (01).

16. Singh DK., Pandey A, Choudhary SB, Kumar S, Tribhuvan KU., Mishra DC., Bhati J, Kumar M, Tomar J. B., Bishnoi S. K., Mallick M. A., Bhadana V. P., Sharma T. R., Pattanayak A., Singh B K. (2021). Development of genic-SSR markers and their application in revealing genetic diversity and population structure in an Eastern and North-Eastern Indian collection of Jack (*Artocarpus heterophyllus* Lam.). *Ecological Indicators*, 131, 108143.

17. Fjellstrom, R., C. A. Conaway-Bormans, A. M. McClung, M. A. Marchetti, A. R. Shank and W. D. Park. (2004). Development of DNA markers suitable for marker assisted selection of three Pi genes conferring resistance to multiple *Pyricularia grisea* pathotypes. *Crop Sci*. 44: 1790 - 1798.

18. Rohlf F. J. (2000). NTSYS-Pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system. *Exeter Publishing Ltd*, 1, version 2.1, New York, USA.

19. Mohammadi S. A. and Prasanna B. M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plant - Salient statistical tool and considerations. *Crop Sci.* 43 (4): 1235 - 1248.
20. DeWoody J. A., R. L. Honeycutt, L. C. Skow (1995). Microsatellite markers in white - tailed deer. *J. Hered.* 86: 317 - 319.

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF JACKFRUIT (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) ACCESSIONS COLLECTED FROM NORTH VIETNAM USING SSR MARKERS

**Le Thi Thu Trang¹, Le Tuan Phong¹, Nguyen Thi Xuyen¹,
Doan Minh Diep¹, Dang Thi Trang¹, Hoang Thi Lan Huong¹**

¹Plant Resources Center

Summary

Jackfruit (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) is a tropical climacteric fruit with economic value, widely grown in Vietnam. Fifty simple sequence repeat (SSR) markers were used to analyse 30 jackfruit accessions collected from some provinces of North Vietnam. Polymorphism survey showed that 33 SSR markers could generate clear and polymorphic bands among jackfruit accessions, the total number of alleles detected in 33 loci was 101 with an average of 3.06 alleles per locus. Polymorphic information content (PIC) values varied from 0.12 - 0.76 with an average of 0.57. The genetic similarity coefficient within the ranges from 0.39 - 0.96. At a genetic similarity coefficient of 0.48, jackfruit accessions were divided into two groups: group I consisted of 18 jackfruit accessions with genetic similarity coefficient ranging from 0.67 - 0.95; group II consisted of 12 jackfruit accessions with genetic similarity coefficient ranging from 0.50 - 0.92. MNA1 and MNA3 have a very high level of similarity (0.96) reflecting very close genetic relationships, while MPT4 and MNA11 have large genetic differences with very low similarity coefficient (0.39). These results will be meaningful information for jackfruit conservation and breeding program.

Keywords: *Genetic diversity, jackfruit, SSR markers.*

Người phản biện: TS. Nguyễn Thị Minh Nguyệt

Ngày nhận bài: 15/9/2023

Ngày thông qua phản biện: 02/10/2023

Ngày duyệt đăng: 24/11/2023