

NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG ỚT ĐỊA PHƯƠNG Ở VIỆT NAM BẰNG CHỈ THỊ SSR

Hoàng Thị Huệ¹, Lê Thị Thu Trang^{1*},
Hà Minh Loan¹, Đàm Thị Thu Hà¹, Lã Tuấn Nghĩa¹

TÓM TẮT

20 chỉ thị SSR đã được sử dụng để nghiên cứu đa dạng di truyền của 90 mẫu giống ớt địa phương của Việt Nam. Kết quả cho thấy, tổng số alen phát hiện tại 20 locut là 83 alen khác nhau, trung bình 4 alen/locut. Hệ số thông tin đa hình của mỗi (PIC) dao động từ 0,4 đến 0,8, trung bình 0,6 và mức độ tương đồng di truyền trong khoảng từ 0,65 đến 0,94. Tại mức tương đồng di truyền 0,65, các giống ớt nghiên cứu chia làm 2 nhóm: nhóm I gồm 80 mẫu giống có mức tương đồng di truyền từ 0,74 đến 0,93; nhóm II gồm 10 mẫu giống có mức tương đồng di truyền từ 0,687 đến 0,92. Nghiên cứu đã xác định được 2 chỉ thị cho nhận dạng đặc trưng là CAMS091 và CAMS-90. Các kết quả thu được trong nghiên cứu này rất có ý nghĩa trong công tác bảo tồn và chọn tạo giống ớt ở Việt Nam.

Từ khóa: *Chỉ thị SSR, đa dạng di truyền, giống ớt địa phương, tính đa hình.*

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây ớt (*Capsicum* spp.) là loại cây rau gia vị trồng ở vùng nhiệt đới, được tiêu thụ ở nhiều nước trên thế giới do có giá trị kinh tế cao với tổng diện tích trồng chiếm 4,47 triệu ha, sản lượng đạt 57,28 triệu tấn [15]. Cây ớt được trồng với mục đích lấy trái tươi hoặc ớt khô (ớt bột) [9]. Ngoài công dụng cung cấp vị cay và màu cho thực phẩm, ớt còn cung cấp các chất như vitamin (A, B, C, E), protein, flavonoid, chất xơ và các chất khoáng (molybden, mangan, folate, kali, thiamin và đồng) có tác dụng tốt cho sức khỏe con người [1]. Hợp chất capsaicin trong ớt không chỉ hỗ trợ trong giảm cân mà còn được sử dụng trong nhiều chế phẩm dược phẩm và thuốc mỡ trị cảm lạnh, đau họng, nghẹt ngực... Vì vậy cây ớt được xác định là cây nông nghiệp trong nhóm cây trồng họ cà (*Solanaceae*) có tiềm năng phát triển rất lớn, đứng thứ hai chỉ sau cây cà chua.

Ở Việt Nam, cây ớt được trồng rộng rãi khắp cả nước, tập trung nhiều ở các tỉnh miền Bắc, miền Trung và duyên hải Nam Trung bộ... Diện tích trồng các giống ớt ngày càng được mở rộng, năm 2009 chỉ đạt 9,28 nghìn ha với sản lượng 90,39 nghìn tấn, đến năm 2018 đã đạt trên 107,39 nghìn ha, sản lượng đạt 262,6 nghìn tấn. Tuy nhiên, các giống ớt địa phương có chất lượng cao, phù hợp với thị hiếu người tiêu dùng trong nước và có tiềm năng để xuất khẩu vẫn

còn hạn chế. Công tác nghiên cứu về giống cần tập trung và đầu tư nhiều hơn nữa do hiện nay phần lớn các giống ớt được tuyển chọn theo phương pháp truyền thống, đánh giá hình thái, nông sinh học. Sự phát triển của chỉ thị phân tử (RAPD, SSR, ISSR...) rất hữu ích trong phân loại và đánh giá đa dạng di truyền. Trình tự lặp lại đơn giản (SSR - Simple Sequence Repeat) được sử dụng khá phổ biến để phân tích, xác định mối quan hệ di truyền của các giống trong cùng tập đoàn. Phương pháp này có ưu điểm là đánh giá nhanh chóng, chính xác, cho đa hình cao và ổn định [5]; vì vậy chỉ thị SSR được sử dụng rộng rãi và rất có hiệu quả trên nhiều đối tượng cây trồng giúp công tác bảo tồn, khai thác và sử dụng nguồn gen hiệu quả hơn. Trong nghiên cứu này, chỉ thị SSR được sử dụng để nghiên cứu đa dạng di truyền của 90 mẫu giống ớt địa phương ở Việt Nam. Qua phân tích SSR sẽ phân nhóm được nguồn vật liệu, từ đó làm dẫn liệu cho quá trình lai tạo giống ớt mới.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- 90 mẫu giống ớt địa phương đang được lưu giữ tại ngân hàng gen cây trồng Quốc gia thuộc Trung tâm Tài nguyên thực vật (Bảng 1).

- 20 chỉ thị SSR được định vị trên hệ genome cây ớt với thông tin về trình tự, kích thước, nhiệt độ gắn mỗi đã được công bố trên NCBI được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền.

¹ Trung tâm Tài nguyên thực vật

*Email: lethutrang2810@gmail.com

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

TT	SDK	Tên giống	Nơi thu	TT	SDK	Tên giống	Nơi thu
1	3620	Ớt cay càng cua	Tuyên Quang	46	5455	Ớt quả bé	Quảng Bình
2	3621	Ớt cay nhân	Tuyên Quang	47	5457	Ớt thời dạng 1	Quảng Trị
3	3624	Ớt tròn lâu năm	Tuyên Quang	48	5458	Ớt	Nghệ An
4	3706	Ớt	Quảng Ninh	49	5466	Ớt hiểm Sài Gòn	Sóc Trăng
5	3707	Ớt đỏ	Hải Dương	50	5467	Ớt càng cua	Hải Dương
6	3708	Ớt	Hải Dương	51	5468	Ớt quả TB	Hải Dương
7	3709	Ớt	Hải Dương	52	5469	Ớt quả nhỏ	Hải Dương
8	3710	Ớt	Quảng Ninh	53	6727	Ớt bóng	Lạng Sơn
9	3712	Phản chiu ca	Quảng Ninh	54	6728	Ớt sừng bò	Lạng Sơn
10	3713	Ớt quả tròn	Quảng Ninh	55	6732	Ớt chỉ thiên	Bắc Giang
11	3714	Ớt vàng	Thái Bình	56	8420	Ná ưọt	Sơn La
12	3809	Ớt chỉ thiên	Hoà Bình	57	8423	Ớt	Sơn La
13	3810	Ớt	Hoà Bình	58	8875	Ớt gà	Lạng Sơn
14	3812	Ớt tròn	Sơn La	59	8881	Ớt châu	Sơn La
15	3813	Ớt chỉ thiên	Lai Châu	60	8882	Ớt	Sơn La
16	3814	Ớt chuông	Lai Châu	61	8884	Ớt ngà voi	Thanh Hoá
17	3854	Ớt dài địa phương	Quảng Bình	62	8885	Ớt sừng trâu	Thanh Hoá
18	3855	Ớt quả to	Quảng Bình	63	9154	Ớt thời dạng 2	Quảng Trị
19	3856	Ớt mọi	Quảng Trị	64	9741	Ớt xanh	Bến Tre
20	3857	Ớt quả bé	Thừa Thiên - Huế	65	9742	Ớt bún	Bến Tre
21	3858	Ớt quả to	Thừa Thiên - Huế	66	9751	Mặc phết	Hà Tĩnh
22	3859	Ớt	Thanh Hoá	67	13471	Ớt	An Giang
23	3860	Ớt quả dài	Thanh Hoá	68	15442	Ớt chỉ thiên	Lạng Sơn
24	5411	P-HN1 dạng 1	Hà Nội	69	15445	Ớt thóc	Lạng Sơn
25	5412	P-HN2 dạng 2	Hà Nội	70	15471	Má ưọt	Lai Châu
26	5413	P-HN3 dạng 3	Hà Nội	71	15481	Lã phí phí già	Lào Cai
27	5414	P-HN5 dạng 1	Hà Nội	72	16686	Mrê	Lâm Đồng
28	5415	P-HN6	Hà Nội	73	16689	Ớt	Đắk Lắk
29	5416	P-HN7 dạng 1	Hà Nội	74	16690	Ớt	Gia Lai
30	5417	P-HN9	Hà Nội	75	16691	Hăng	Gia Lai
31	5418	P-NA1	Nghệ An	76	16692	Hăng	Kon Tum
32	5419	Ớt quả tròn có múi	Tuyên Quang	77	16693	Hăng	Kon Tum
33	5420	Ớt cay	Tuyên Quang	78	21993	Mrê	Lâm Đồng
34	5422	Ớt chỉ thiên	Tuyên Quang	79	21996	Ớt	Quảng Ninh
35	5423	Ớt tím dạng 1	Tuyên Quang	80	22005	Ớt	Quảng Ninh
36	5424	Ớt chỉ thiên	Tuyên Quang	81	23159	Lã phí phí ma	Lào Cai
37	5425	Ớt cay	Tuyên Quang	82	23169	Hăng nút	Bình Định
38	5427	Ớt chỉ thiên	Bắc Kạn	83	23170	Ớt xim	Phú Yên
39	5433	Phản chiu bé	Quảng Ninh	84	23171	Ớt	Phú Yên
40	5434	Ớt thóc	Quảng Ninh	85	23177	Hăng	Gia Lai

41	5447	Ớt hình chuông	Sơn La	86	23179	Hăng	Kon Tum
42	5448	Ớt	Sơn La	87	23180	Vít	Kon Tum
43	5449	Ớt chỉ thiên dài	Sơn La	88	23181	Mắc mản	Lạng Sơn
44	5453	Ớt chỉ thiên to	Hà Tĩnh	89	23182	Ớt	Quảng Ninh
45	5454	Ớt chỉ thiên nhỏ	Hà Tĩnh	90	25882	Mèk	Đắk Lắk

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Mẫu lá được thu thập và tách chiết ADN tổng số theo phương pháp CTAB của Doyle, J. J. và Doyle, J. L. (1990) [4] có cải tiến và kiểm tra nồng độ bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1% và máy Nanodrop Lite.

- Phản ứng PCR được tiến hành trên máy Veriti 96 well Thermal cycler. Tổng thể tích phản ứng là 20 µl, bao gồm: 2 µl PCR buffer 10x; 1,6 µl dNTP 2,5 mM; 1,4 µl primer 25 ng/µl; 0,1 µl green Taq (5U/µl); 5 µl ADN (5 ng/µl), 9,9 µl H₂O khử ion. Điều kiện phản ứng PCR như sau: 95°C trong 5 phút; 35 chu kì gồm: 94°C trong 1 phút, T_m trong 1 phút (T_m là nhiệt độ gắn mỗi của từng mỗi SSR sử dụng), 72°C trong 1 phút; 72°C trong 10 phút, bảo quản 4°C.

- Sản phẩm PCR được điện di trên gel polyacrylamide 8% và phát hiện dưới tia UV bằng phương pháp nhuộm Ethidium Bromide 0,5 mg/ml, kích thước sản phẩm PCR được so sánh với thang ADN 50 bp.

- Phương pháp xử lý số liệu: kết quả phân tích dựa trên sự xuất hiện (1) hay không xuất hiện (0) của các băng ADN (các alen). Sơ đồ hình cây và xác định khoảng cách di truyền của các giống được thiết lập bằng phần mềm NTSYSpc 2.1X theo phương pháp của Rohlf (2000) [11].

Mức độ đa dạng của locut được đánh giá bằng hệ số thông tin đa hình PIC (Polymorphism information content) được tính theo phương pháp của Mohammadi và Prasanna (2003) [8].

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

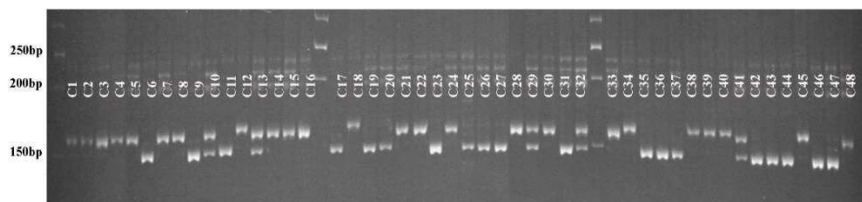
Thời gian nghiên cứu: năm 2020

Địa điểm nghiên cứu: Phòng thí nghiệm công nghệ sinh học, Bộ môn Đa dạng sinh học nông nghiệp, Trung tâm Tài nguyên thực vật, xã An Khánh, huyện Hoài Đức, thành phố Hà Nội.

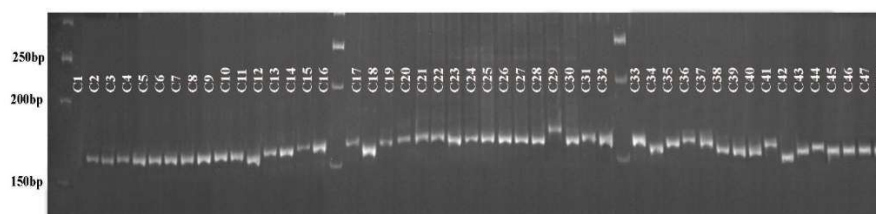
3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Hệ số PIC, số alen đa hình, số alen đặc trưng của các mẫu giống ớt nghiên cứu

CAMS476 - bản 1



CAMS071- bản 1



Hình 1. Ảnh tiêu bản của một số mẫu giống ớt nghiên cứu với mỗi CAMS476 và CAMS071

Ghi chú: Thang ADN 50 bp, C1-C48: là kí hiệu các mẫu giống ớt ở bảng 1.

Phân tích 20 locut SSR trên tập đoàn 90 mẫu giống ớt thu được tổng số 83 alen. Số alen đa hình tại mỗi locut số alen đa hình dao động từ 2 đến 6, trung bình là 4 alen/locut. Trong đó, số alen thu được thấp

nhất là 2 alen tại locut CAMS-63-2 và cao nhất là 6 alen tại locut CAMS-864, có đến 7 cặp mỗi cho 5 alen (điển hình như CAeMS138, CAMS-015...) và 7 cặp mỗi cho 4 alen (điển hình như CAeMS035,

CAMS066, CAMS-095...). Kích thước các băng ADN (alen) thu được trong tập đoàn ốt nghiên cứu dao động từ 126bp - 262 bp. Kết quả này cũng tương tự so với các nghiên cứu trước đây của Minamiya và cs (2006), Mimura và cs (2012), Rai và cs (2013) [14, 13, 10], tuy nhiên tại một số locut kích thước các alen có sự sai khác rõ rệt so với các nghiên cứu đã được công bố trước đây như locut CAeMS035 theo nghiên cứu của Mimura và cs (2012) [13] có kích thước alen nằm trong khoảng 181-183 bp khác so với kết quả của nhóm nghiên cứu có kích thước alen nằm trong khoảng 220-240 bp; locut CAMS095 trong nghiên cứu của Minamiya và cs (2006) [14] cho kích thước alen khoảng 228 bp, còn trong nghiên cứu này chỉ đạt kích thước 153-160 bp. Ngoài ra, kích thước giữa các alen trong cùng một locut có sự chênh lệch khác

nau, chênh lệch từ 7bp (CAMS - 095) đến 65 bp (CAMS - 864). Điều này chứng tỏ, tập đoàn giống ốt nghiên cứu có các băng ADN khác biệt so với các giống ốt đã được nghiên cứu trước đó.

Trong số 20 locut khảo sát, có 7 locut (CAMS351, CAMS476, CAMS090, CAMS035, CAMS173, CAeMS138 và CAMS647) xuất hiện alen dị hợp tử chiếm tỉ lệ 35%. Có 2 chỉ thị xuất hiện alen đặc trưng ở 2 mẫu giống. Các alen đặc trưng đã phát hiện sẽ giúp nhận dạng các giống trên nhờ xuất hiện các băng ADN có kích thước khác nhau như ốt quả to (SDK 3855) có thể nhận dạng bằng chỉ thị CAMS091 với băng ADN có kích thước 175 bp và ốt chỉ thiên (SDK 3813) có thể nhận dạng bằng chỉ thị CAMS-90 với băng ADN có kích thước 248 bp.

Bảng 2. Đa hình các locut SSR của các giống ốt nghiên cứu

STT	Marker	Số alen	Kích thước alen nhỏ nhất (bp)	Kích thước alen lớn nhất (bp)	Hệ số PIC
1	CAeMS035	4	220	240	0,47
2	CAeMS073	3	225	238	0,62
3	CAeMS138	5	214	252	0,77
4	CAMS-015	5	126	135	0,65
5	CAMS-024	5	210	265	0,67
6	CAMS066	4	142	158	0,50
7	CAMS071	5	155	168	0,65
8	CAMS091	3	152	175	0,47
9	CAMS-095	4	153	160	0,59
11	CAMS-173	4	155	175	0,56
12	CAMS-177	5	225	245	0,45
13	CAMS-191	3	195	210	0,51
14	CAMS-351	4	180	200	0,45
15	CAMS476	5	140	170	0,73
16	CAMS493	3	217	225	0,40
17	CAMS-619	4	147	185	0,80
17	CAMS-63-2	2	145	160	0,50
18	CAMS-647	4	185	248	0,67
19	CAMS-864	6	197	262	0,80
20	CAMS-90	5	235	248	0,60
Tổng số alen: 83 alen					
Số alen thấp nhất: 2 alen				Hệ số PIC thấp nhất: 0,40	
Số alen trung bình: 4 alen/locut				Hệ số PIC trung bình: 0,60	
Số alen cao nhất: 6 alen				Hệ số PIC cao nhất: 0,80	

Ghi chú: PIC: Hệ số thông tin đa hình.

Hệ số lượng thông tin đa hình (PIC) thu được tại 20 locut SSR khảo sát dao động từ 0,4 (tại CAMS493)

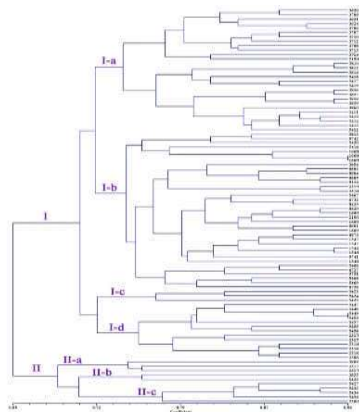
đến 0,8 (tại CAMS-864, CAMS-619) với giá trị trung bình là 0,60. Có đến 13 môi cho tính đa hình cao, với

giá trị $PIC \geq 0,5$ (chiếm 66,67%) (Bảng 2). Theo DeWoody và cs (1995) [3] các mối SSR có giá trị PIC lớn hơn hoặc bằng 0,50 sẽ cho sự phân biệt cao về tỉ lệ đa hình của các mối đó. Kết quả thu được cho thấy mức độ đa dạng của các alen ở các mẫu giống ớt địa phương trong nghiên cứu này tương tự với kết quả nghiên cứu của M. S. Dhaliwal (2014) [7] với hệ số PIC trung bình là 0,59 và cao hơn so nghiên cứu của Afsana Sharmin và cs (2018) [2] với hệ số PIC trung bình 0,371, tuy nhiên thấp hơn so với nghiên cứu của Haque và cs (2021) [6] với hệ số PIC trung bình 0,658.

3.2. Mối quan hệ di truyền giữa các mẫu giống ớt nghiên cứu

Quan hệ di truyền giữa 90 mẫu giống ớt với 20 mối SSR được phân tích UPGMA bằng phần mềm NTSYSpc2.1 từ đó thiết lập được bảng ma trận tương đồng di truyền của các mẫu giống ớt và sử dụng chương trình NTSYS Tree- Display để vẽ cây phân nhóm di truyền (Hình 2).

Sơ đồ hình cây cho thấy mức tương đồng di truyền của cả nhóm giống ớt nghiên cứu biến động từ 0,65 đến 0,94. Kết quả này cho thấy tập đoàn các mẫu giống nghiên cứu có sự khác biệt di truyền giữa các mẫu giống nghiên cứu khá lớn, từ 6 - 35%. Kết quả này cho thấy 90 mẫu giống ớt nghiên cứu có mức tương đồng thấp hơn so với nghiên cứu của Wartono và cs. (2019) [12] khi nghiên cứu 41 mẫu giống ớt với hệ số tương đồng từ 0,75 đến 0,93.



Hình 2. Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền của 90 mẫu giống ớt

Ghi chú: Các mẫu giống được kí hiệu ở bảng 1

Ở mức tương đồng di truyền 0,65 các mẫu giống ớt được chia thành 2 nhóm lớn (nhóm I và nhóm II):

Nhóm I gồm 80 mẫu giống có mức độ tương đồng di truyền từ 0,71 đến 0,94 và được phân tách

thành 4 phân nhóm (I-a, I-b, I-c, I-d) tại mức độ tương đồng di truyền 0,73: phân nhóm I-a gồm 28 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,74 đến 0,93, trong đó có 3 cặp mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là ớt (SDK3810) và ớt tròn (SDK3812), ớt mọi (SDK3856) và ớt quả bé (SDK3857), ớt quả to (SDK3858) và ớt (SDK3859). Phân nhóm I-b gồm 36 mẫu giống có hệ số tương đồng di truyền từ 0,74 đến 0,94, trong đó có cặp mẫu giống ớt (SDK 16689) được thu thập tại Eah'leo- Đăk Lăk và ớt (SDK 16690) được thu thập tại Ia Grai – Gia Lai có hệ số tương đồng cao nhất 0,94, tiếp đến là cặp mẫu giống ớt chỉ thiên (SDK15442) và ớt thóc (SDK15445) có hệ số tương đồng di truyền là 0,93. Phân nhóm I-c gồm 3 mẫu giống ớt tím dạng 1 (SDK5423), ớt chỉ thiên (SDK5424), ớt cay (SDK5425) có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,83. Phân nhóm I-d gồm 13 mẫu giống còn lại trong đó có 2 mẫu giống có hệ số tương đồng cao nhất 0,94 là 2 giống ớt chỉ thiên dài (SDK5449) và giống ớt chỉ thiên to (SDK5453).

Nhóm II gồm 10 mẫu giống có mức tương đồng di truyền từ 0,687 đến 0,92 và được phân tách thành nhóm II-a, II-b và II-c tại mức tương đồng 0,71. Phân nhóm I-a gồm 3 mẫu giống ớt (SDK3809), Hăng (SDK23177), Hăng (SDK23179) có hệ số tương đồng di truyền cao nhất là 0,76 giữa cặp mẫu giống Hăng (SDK23177) được thu ở Gia Lai, Hăng (SDK23179) được thu ở Kon Tum. Phân nhóm II-b gồm 2 giống ớt quả to (SDK3855) được thu ở Quảng Bình và ớt chỉ thiên (SDK5422) được thu ở Tuyên Quang có hệ số tương đồng di truyền là 0,76, còn lại là phân nhóm II-c gồm 5 mẫu giống ớt chỉ thiên (SDK5427), Phàn chiu bé (SDK5433), ớt thóc (SDK5434), ớt chỉ thiên nhỏ (SDK5454), ớt (SDK22005) trong đó cặp mẫu giống Phàn chiu bé (SDK5433) và ớt thóc (SDK5434) có hệ số tương đồng di truyền cao nhất 0,92 đều được thu ở Quảng Ninh.

Kết quả phân nhóm dựa vào mức độ tương đồng di truyền ở trên cho thấy các mẫu giống ớt nghiên cứu rất đa dạng, có sự khác biệt rõ ràng giữa các mẫu giống, đây là cơ sở để phân loại, xác định các nhóm ưu thế lai, nhận dạng các nguồn gen sử dụng cho việc chọn tạo giống mới.

4. KẾT LUẬN

Với 20 chỉ thị SSR sử dụng trong nghiên cứu đa dạng di truyền 90 mẫu giống ớt đã thu được 83 alen khác nhau, số alen dao động từ 2 đến 6 alen/locut,

trung bình là 4 alen/locut. Hệ số đa hình di truyền (PIC) dao động từ 0,4 đến 0,8 với giá trị trung bình là 0,60. Có 7 locut xuất hiện alen dị hợp tử và xác định được 2 alen đặc trưng ở 2 locut giúp nhận dạng được ớt quả to (SDK 3855) bằng chỉ thị CAMS091 và ớt chỉ thiên (SDK 3813) bằng chỉ thị bằng chỉ thị CAMS090.

Tập đoàn mẫu giống nghiên cứu có hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu giống dao động từ 0,52 đến 0,94. Tại mức tương đồng di truyền 0,65 thì 90 mẫu giống ớt được chia thành 2 nhóm: nhóm I gồm 80 mẫu giống và phân tách thành 4 phân nhóm I-a (28 mẫu giống), I-b (36 mẫu giống), I-c (3 mẫu giống), I-d (13 mẫu giống) tại mức tương đồng di truyền 0,73 và nhóm II gồm 10 mẫu giống còn lại cũng phân tách thành II-a, II-b và II-c tại mức tương đồng 0,71. Cặp mẫu giống ớt (SDK 16689) được thu thập tại Eah'leo- Đắc Lắc và ớt (SDK 16690) được thu thập tại Ia Grai – Gia Lai có quan hệ di truyền gần nhau nhất 0,94. Kết quả thu được trong nghiên cứu này rất có ý nghĩa trong công tác bảo tồn và chọn, tạo giống ớt ở Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. A. S. Antonio., L. S. M. Wiedemanna and V. F. Veiga Junior (2018). The genus *Capsicum*: a phytochemical review of bioactive secondary metabolites. *RSC Adv.*, 2018, 8, 25767-25784.
2. Afsana Sharmin, Md. Ekramu Hoque, Md. Masudul Haque, Fahima Khatun (2018). Molecular Diversity Analysis of Some Chilli (*Capsicum* spp.) Genotypes Using SSR Markers. *American Journal of Plant Sciences*, 2018, 9, 368-379.
3. DeWoody J. A., R. L. Honeycutt, L. C. Skow (1995). Microsatellite markers in white-tailed deer. *J. Hered.*, 86: 317-319.
4. Doyle, J. J. and Doyle, J. L. (1990). Isolation of Plant DNA from Fresh Tissue. *Focus*, 12, 13-15.
5. Froelicher Y, Dambier D, Badssene JB, Costantino G, Lotiy S, Didout C, Beaumont V, Brottier P, Risterucci AM, Luro F, Ollitrah P (2008). Characterization of microsatellite markers in mandarin orange (*Citrus reticulata* Blanco). *Mol Ecol Res* 8: 119-122.
6. M. I. Haque, S. Ishtiaque, M. M. Islam, T. A. Mujahidi and M. A. Rahim (2021). Molecular profiling of chilli germplasm by using SSR marker. *SAARC J. Agric.*, 19(1): 1-13.
7. M. S. Dhaliwal, Abhay Yadav and S. K. Jindal (2014). Molecular characterization and diversity analysis in chilli pepper using simple sequence repeat (SSR) markers. *African journal of Biotechnology*. Vol 13(31), pp.3137-3143.
8. 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.
9. R. L. Jarret, F. R. Costa Batista, T. Berke, Y. Y. Chou, A. Hulse-Kemp, N. OchoaAlejo, P. Tripodi, A. Veres, C. C. Garcia, G. Csillery, Y. K. Huang, E. Kiss, Z. Kovacs, and M. Kondrak (2019). *Capsicum-An Abbreviated Compendium*, J. Amer. Soc. Hort. Sci., 2019, 144(1):3-22.
10. Rai, V. P., Kumar, R., Kumar, S., Rai, A., Kumar, S., Singh, M., Singh, S. P., Rai, A. B. and Paliwal, R. (2013). *Genetic Diversity in Capsicum Germplasm Based on Microsatellite and Random Amplified Microsatellite Polymorphism Markers*. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 19, 575-586.
11. Rohlf F. J. (2000). NTSYS-Pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system. *Exeter Publishing Ltd*, 1, version 2.1, New York, USA.
12. Wartono, Suryo Wiyono, Muhamad Syukur, Giyanto, Kristianto Nugroho, dan Puji Lestari (2019). Analisis Keragaman Genetik 41 Genotipe Cabai (*Capsicum annum* L.) Berdasarkan Marka SSR (Genetic Diversity Analysis of 41 Chili Pepper Genotypes [*Capsicum annum* L.] Based on SSR Markers). *Jurnal AgroBiogen* 15(2):65-74.
13. Y. Mimura, T. Kageyama, Y. Minamiyama and M. Hirai (2009). QTL Analysis for Resistance to *Ralstonia solanacearum* in *Capsicum* Accession 'LS2341'. *J. Japan. Soc. Hort. Sci.* 78 (3): 307-313. 2009.
14. Y. Minamiyama, M. Tsuro, M. Hirai (2006). An SSR-based linkage map of *Capsicum annum*. *Mol Breeding* 18:157-169.
15. FAOSTAT (2021). <http://www.fao.org/faostat/en/#data>

**EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY OF LOCAL CHILI VARIETIES
IN VIETNAM USING SSR MARKERS**

Hoang Thi Hue¹, Le Thi Thu Trang^{1,*},

Ha Minh Loan¹, Dam Thi Thu Ha¹, La Tuan Nghia¹

¹Plant Resources Center

Summary

20 SSR markers were used to study genetic diversity of 90 local chilli varieties in Vietnam. The results revealed that the total number of alleles detected in 20 loci was 83 with an average of 4 alleles per locus. Polymorphic information content (PIC) values varied from 0.4 to 0.8 with an average of 0.6 and genetic similarity coefficients ranged from 0.65 to 0.94. At a genetic similarity coefficient of 0.65, chilli varieties were divided into two groups: group I consisted of 80 chili varieties with genetic similarity coefficients ranged from 0.74 to 0.93; group II consisted of 10 chili varieties with genetic similarity coefficients ranged from 0.687 to 0.92. The research revealed 2 loci have unique alleles consisted of CAMS091 and CAMS-90. Thus, the results are valuable information for chilli conservation and breeding program in Vietnam.

Keywords: *Genetic diversity, local chilli variety, polymorphism, SSR marker.*

Người phản biện: TS. Nguyễn Thị Minh Nguyệt

Ngày nhận bài: 5/5/2022

Ngày thông qua phản biện: 10/6/2022

Ngày duyệt đăng: 17/6/2022