

THÔNG TIN KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

1. Thông tin chung

- Tên đề tài: Xây dựng cơ sở dữ liệu DNA mã vạch cho các giống cây ăn trái đặc sản của Việt Nam khu vực Nam Bộ
- Chủ nhiệm đề tài: TS. Đỗ Tấn Khang – Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học
- Cơ quan chủ trì: Trường Đại học Cần Thơ
- Thời gian thực hiện: 01/2019 đến 6/2021

2. Mục tiêu đề tài

Mục tiêu chung: Xây dựng được cơ sở dữ liệu DNA mã vạch cho 10 loại trái cây đặc sản của Việt Nam khu vực Nam Bộ.

Mục tiêu cụ thể:

Khảo sát và tìm được các cây đầu dòng của 10 loại cây ăn trái đặc sản ở Nam Bộ.

Giải được trình tự DNA mã vạch và phân tích được đa dạng di truyền của từng loại DNA mã vạch của từng loại cây ăn trái đặc sản dựa trên các phần mềm tin sinh học và cơ sở dữ liệu DNA, từ đó xây dựng được cơ sở dữ liệu DNA mã vạch chuẩn có giá trị nhận dạng chính xác 10 loại cây ăn trái đặc sản Nam Bộ.

3. Tính mới và sáng tạo

DNA mã vạch là một trong những công cụ ứng dụng mới trong công nghệ sinh học nông nghiệp để nhận dạng giống cây trồng. Việc đưa công cụ này vào nhận diện cây cây giống và các sản phẩm từ cây ăn trái là một trong những bước tiến của nông nghiệp trong ứng dụng công nghệ 4.0.

Đề tài đã xác định được các vị trí chuyên biệt của từng giống cây ăn trái đặc sản trong nhóm cây ăn trái có nhiều đặc điểm tương đồng cả về hình thái và về gen.

4. Kết quả nghiên cứu

- Bưởi Da Xanh: Dựa trên mức độ sai khác về nucleotide, ITS là trình tự tiềm năng để nhận diện giống bưởi Da Xanh. với độ tương đồng dao động trong khoảng 0,66-0,95 với khoảng dao động là 0,07 được chia thành 3 nhóm chính: nhóm I với Nhóm 2 có hệ số tương đồng là 0,76, nhóm I, II với nhóm 3 có hệ số tương đồng thấp nhất là 0,66.

- Cam Mật: gen ycf1b cho thấy có 5 SNPs có thể phân biệt giữa các giống cam Mật với các giống khác. Giản đồ phả hệ dựa trên dấu ISSR cho thấy có sự khác biệt về mặt di truyền giữa các mẫu cam Mật không hạt và các mẫu cam khác trong nghiên cứu.

- Chôm chôm: Gene matK có thể được sử dụng làm DNA mã vạch để nhận diện giống chôm chôm rừng ruột vàng, chôm chôm Java và giống chôm chôm lai Tiến Cường của Việt Nam. Phương pháp phân tích đa hình dựa trên mồi ISSR này đã chia tám giống – 14 mẫu chôm chôm thành bốn nhóm lớn. Với hệ số tương đồng giữa các giống dao động từ 72 đến 100%

- Dâu hạ châu: Trình tự atpF-H thấy được trình tự của dâu Hạ Châu khác biệt hoàn toàn với các mẫu dâu đối chứng ở 11 vị trí nucleotide. Dựa trên giản đồ, cho thấy sự đa dạng di truyền giữa 12 mẫu dâu thể hiện qua hệ số tương đồng là 74%. Các mẫu dâu Hạ Châu có hệ số tương đồng với nhau khá cao nằm trong khoảng từ 0,875 - 1 và nằm chung ở 1 nhóm trên giản đồ.

- Mãng cầu xiêm: Kết quả phân tích cho thấy gene rpoC1, kết quả nghiên cứu đã đưa ra 7 vị trí sai khác nucleotide. Trong đó có 2 vị trí đặc trưng cho loài bình bát, 4 vị trí có khả năng nhận diện loài măng cầu. Kết quả trên cho thấy ISSR phù hợp để đánh giá đặc tính của ba loài Annona và có sự khác biệt đáng kể về đa dạng di truyền giữa các loài

- Quýt hồng: Kết quả phân tích trình tự vùng ITS ở cho thấy có 14 vị trí khác nhau giữa quýt hồng và các giống quýt khác. Từ kết quả xây dựng giản đồ phả hệ ISSR cho thấy, mức độ tương đồng của các mẫu biến thiên từ 0,49 đến 1,00.

- Sầu riêng Ri-6: Phát hiện 6 SNPs giữa các trình tự của các mẫu sầu riêng. Trong đó có một SNP đặc trưng cho giống sầu riêng Ri-6 là vị trí 444, ở sầu riêng Ri-6 là G trong khi các giống còn lại là C. Kết quả phân tích dựa vào dấu phân tử ISSR đã phân chia 20 giống sầu

riêng thu được ở bốn tỉnh của vùng ĐBSCL chia thành các 5 nhóm có hệ số tương đồng dao động khá xa trong khoảng 0,61 – 0,97.

- Thanh long ruột đỏ: Giống thanh long ruột đỏ Viện Cây ăn quả miền Nam được xác định bởi ba locus, *atpF-H* + *rbcL* + *matK*.

- Vú sữa lò rèn: Khi dựa trên trình tự DNA vùng *atpF-atpH* cho thấy có sự khác biệt giữa năm giống vú sữa Lò Rèn, vú sữa bơ hồng, vú sữa bơ tím, vú sữa tím và vú sữa Mica. Phân tích đa dạng di truyền bằng dấu ISSR cho thấy các giống vú sữa có độ tương đồng từ 0,68 đến 1,00 trong đó các giống vú sữa Lò Rèn được tách thành một nhánh riêng.

- Xoài cát Hòa Lộc: Qua kết quả phân tích vùng trình tự *matK* xuất hiện đa dạng vị trí biến đổi xảy ra ở hầu hết các vị trí ở 16 trình tự, trong đó có 27 vị trí có thể nhận diện xoài cát Hòa Lộc với các mẫu còn lại. Dựa trên dấu phân tử ISSR, các mẫu xoài được chia thành 2 nhóm với hệ số tương đồng trung bình là 0,67.

5. Sản phẩm

Sản phẩm khoa học:

- 05 bài báo quốc tế

+ 01 bài đăng trên Asian Journal of Plant Sciences 20(3) (2021) – Q3

+ 01 bài đăng trên Biodiversitas (2021) – Q3 (Vượt 01)

+ 01 bài đăng trên Asian Journal of Agriculture and Biology 2021(2) – Q4

+ 02 bài đăng trên International Journal of Agriculture and Biological Sciences 04(2021) (vượt 02 so với đăng ký thuyết minh).

- 02 bài báo trong nước

+ 01 bài đăng trên Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ

+ 01 bài đăng trên Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam

- 01 Sách chuyên khảo: “DNA mã vạch và đa dạng di truyền cây ăn trái”.

Sản phẩm đào tạo:

- Đào tạo thành công 06 thạc sĩ (vượt 04 so với đăng ký thuyết minh)

Sản phẩm ứng dụng:

- 01 Cơ sở dữ liệu về DNA mã vạch của 10 giống cây ăn trái đặc sản của Việt Nam (<https://dnafv.ctu.edu.vn/>)

- 01 Thư viện DNA mã vạch của 10 giống cây ăn trái đặc sản của Nam Bộ

6. Hiệu quả, phương thức chuyển giao kết quả nghiên cứu và khả năng ứng dụng vào thực tế

6.1. Hiệu quả

Đối với tổ chức chủ trì và các cơ sở ứng dụng kết quả nghiên cứu

Kết quả nghiên cứu này là một bước đột phá của vùng đồng bằng sông Cửu Long nói chung và của Trường đại học Cần Thơ nói riêng. Cơ sở dữ liệu DNA của các loại cây ăn trái đặc sản của Nam Bộ được lưu giữ tại trường làm cơ sở cho các tra cứu về gen cho các nghiên cứu liên quan. Đề tài còn hỗ trợ luận văn và luận án cho học viên cao học và nghiên cứu sinh của trường. Các luận văn và luận án này là nguồn tài liệu tham khảo quý cho các học viên tiếp theo cũng như cho các nhà khoa học cùng lĩnh vực nghiên cứu.

Đối với lĩnh vực giáo dục và đào tạo

Công nghệ sinh học của Việt Nam đang phát triển khá chậm so với thế giới, do đó những công trình về gene sẽ tăng tốc cho sự phát triển của khoa học nước ta. Đề tài cho ra các sản phẩm khoa học là các bài báo và sách về công nghệ DNA của thực vật. Đây là một trong những lĩnh vực quan trọng của công nghệ sinh học, có thể sử dụng như các tài liệu giảng dạy ở các cơ sở đào tạo ngành công nghệ sinh học và các ngành gần có liên quan.

Đối với lĩnh vực khoa học và công nghệ có liên quan

Xác định và lưu giữ cây đầu dòng cho việc sản xuất và nhân giống cây ăn trái ở khu vực Nam Bộ. Kết quả nghiên cứu tạo tiền đề quan trọng cho hướng nghiên cứu ứng dụng chỉ thị phân tử vào việc phân loại, giám định, đánh giá đa dạng di truyền, bảo tồn và quản lý thương mại nguồn tài nguyên sinh vật ở nước ta, cụ thể là các loại cây ăn trái đặc sản trên toàn lãnh thổ.

Đối với phát triển kinh tế-xã hội

Ngoài giá trị khoa học xác định giống cây ăn trái, một hệ thống quản lý giống dựa vào DNA mã vạch sẽ giúp chúng ta quản lý được tài nguyên di truyền để khai thác hiệu quả nhất và có đủ cơ sở khoa học để chứng minh được quyền sở hữu quốc gia đối với nguồn tài nguyên sinh học, khi Việt Nam gia nhập tổ chức thương mại quốc tế.

6.2. Phương thức chuyển giao kết quả

- Cơ sở dữ liệu DNA mã vạch của 10 loại cây ăn trái được công khai trên internet và được xem như chứng minh thư của các loại cây ăn trái này. Các tổ chức nghiên cứu trong nước và thậm chí nước ngoài có thể sử dụng làm trình tự tham khảo khi nghiên cứu về gen của các cây trồng tương tự.
- Có khả năng ứng dụng trong quản lý giống cây trồng ở các trung tâm giống và trung tâm ứng dụng tiên bộ khoa học công nghệ.

Cơ quan chủ trì

Chủ nhiệm đề tài

TS. Đỗ Tấn Khang