



SỰ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA BẢY DÒNG CAM SÀNH KHÔNG HẠT ĐƯỢC PHÁT HIỆN NĂM 2013 TẠI HẬU GIANG DỰA TRÊN TRÌNH TỰ *matK*

Lê Minh Triết, Nguyễn Bá Phú và Nguyễn Bảo Vệ

Khoa Nông nghiệp và Sinh học Ứng dụng, Trường Đại học Cần Thơ

Thông tin chung:

Ngày nhận: 05/08/2016

Ngày chấp nhận: 26/10/2016

Title:

Genetic diversity of seven seedless King mandarin accessions discovered 2013 at Hau Giang based on *matK* gene

Từ khóa:

Cam sành, Hậu Giang, không hạt, *matK*, nucleotide, trình tự

Keywords:

Hau Giang, King mandarin, *matK*, nucleotide, seedless, sequence

ABSTRACT

Understanding genetic traits of seven seedless King mandarin accessions discovered 2013 at Hau Giang, this study was based on the *matK* region to discriminate among them and with other common King mandarin trees especially the seedless King mandarin LD6 accession based on the *matK* region. The pair of primers *matK*-390F/*matK*-1326R was used to amplify the *matK* region of these accessions. The results of *matK* sequence showed a genetic diversity of King mandarin accessions studied, that is the 7 seedless accessions had different nucleotide positions not only among themselves but also with other common King mandarin accessions especially LD6 accession. Based on the phylogenetic tree, studied King mandarin accessions could be grouped into 2 branches of bootstrap ranged from 22 to 75%: branch I included the seedless King mandarin accessions and branch II contained two seedy King mandarin. This genetic diversity in *matK* sequence could be used to distinguish 7 seedless King mandarin discovered in Hau Giang and with other common King mandarin especially with LD6 accession.

TÓM TẮT

Để có thông tin đặc điểm về di truyền của bảy dòng cam sành không hạt được phát hiện năm 2013 tại Hậu Giang, đề tài được thực hiện với mục tiêu có thể phân biệt các dòng cam sành không hạt với nhau và với các dòng cam sành phổ biến khác, đặc biệt là dòng cam sành không hạt LD6 dựa trên trình tự *matK*. Tiến hành khuếch đại *matK* bằng cặp mồi *matK*-390F/*matK*-1326R. Có sự đa dạng di truyền trong các dòng cam sành không hạt và có hạt được khảo sát. Kết quả phân tích trình tự *matK* cho thấy, 7 dòng CSKH có các vị trí nucleotide khác biệt với nhau và khác với dòng cam sành không hạt LD6 cũng như với dòng cam sành có hạt đầu dòng CS8 và dòng cam sành có hạt thương phẩm. Giản đồ phá hệ phân chia các dòng cam sành thành 2 nhánh lớn với chỉ số bootstrap dao động từ 22-75%: nhánh I gồm các dòng cam sành không hạt và nhánh II gồm 2 dòng cam sành có hạt. Sự đa dạng di truyền trong chuỗi trình tự *matK* của 10 dòng cam sành được khảo sát có thể dùng để phân biệt 7 dòng CSKH với nhau và với dòng LD6, dòng CS8, dòng cam sành có hạt thương phẩm.

Trích dẫn: Lê Minh Triết, Nguyễn Bá Phú và Nguyễn Bảo Vệ, 2016. Sự đa dạng di truyền của bảy dòng cam sành không hạt được phát hiện năm 2013 tại Hậu Giang dựa trên trình tự *matK*. Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ. Số chuyên đề: Nông nghiệp (Tập 3): 55-61.

1 MỞ ĐẦU

Cam quýt (*Citrus*) là một trong những loại cây ăn trái quan trọng nhất trên thế giới, với sản lượng toàn cầu đạt đến 122 triệu tấn (FAO, 2008). Tuy nhiên theo Raza *et al.* (2003), số lượng lớn hạt trong trái thuộc họ cam quýt đã làm trở ngại đối với người tiêu dùng về mặt cảm quan. Vì vậy, nhiều nhà khoa học đã tham gia vào chiến lược phát triển các giống không hạt bằng nhiều phương pháp khác nhau. Trong những năm gần đây, các nhà khoa học tại Việt Nam đã nghiên cứu và chọn tạo các giống cam quýt không hạt để đáp ứng nhu cầu thị trường trong và ngoài nước.

Cam Sành là loại trái ngon, giá trị kinh tế và dinh dưỡng cao, được trồng nhiều ở ĐBSCL, nhưng giống trồng phổ biến hiện nay còn khá nhiều hạt, gây khó khăn trong việc chế biến và làm giảm giá trị sản phẩm. Tôn Thất Trinh (2000) cho rằng cam Sành là một loài quýt, còn được gọi là quýt vua (King mandarin). Cam Sành có thể trồng dày, sai trái và cho năng suất cao nên người dân trồng nhiều (Nguyễn Bảo Vệ và Lê Thanh Phong, 2011). Các nhà khoa học Bộ môn Khoa học Cây trồng, khoa Nông Nghiệp và Sinh học Ứng dụng, Trường Đại học Cần Thơ đã phát hiện bảy cá thể cam Sành không hạt vào năm 2013 ở xã Đông Phước, huyện Châu Thành, tỉnh Hậu Giang (Nguyễn Bá Phú và Nguyễn Bảo Vệ, 2014). Bên cạnh đó, Trần Thị Oanh Yến và *ctv.* (2010) đã thực hiện công trình nghiên cứu trên dòng cam sành CS8 có số lượng 10 - 23 hạt/quả, sau khi chiếu xạ tại Viện Nghiên cứu hạt nhân Đà Lạt dòng cam sành không hạt mang tên LĐ6 đã được tạo ra, đây là dòng cam Sành được Hội đồng công nhận giống Cục Trồng trọt - Bộ Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn công nhận tạm thời.

Gen *matK* được tìm thấy trong intron của gen *trnK* lục lạp (Liang, 1997). Trước đây được gọi là gen *orfK* có tiềm năng rất lớn trong hệ thống phân loại thực vật và tiến hóa. Gen *matK* có kích thước phân tử \approx 1500 bp (Miller và Bayer, 2001). Theo Soltis *et al.* (1996), chính nhờ tỷ lệ đột biến cao nên sự tiến hóa có thể đạt nhanh hơn gấp ba lần *rbcL*, và cũng do sự bảo tồn cấu trúc thấp *matK* đã được khai thác như dấu chỉ thị phân tử trong việc tìm hiểu phát sinh loài. Theo Droogenbroeck (2004), gen *matK* của lục lạp có thể sử dụng trong phản ứng PCR để làm cơ sở nghiên cứu, phân tích độ đa dạng cũng như thiết lập cây phát sinh giống loài ở thực vật. Ở Việt Nam, trình tự *matK* cũng được sử dụng trong phân tích mối quan hệ di truyền trên các giống cam quýt và các giống tương cận (Dung, 2007).

Để có cơ sở khoa học phát triển 7 dòng cam Sành không hạt được phát hiện tại Đông Phước, Châu Thành, Hậu Giang trong sản xuất, thì bên cạnh các khảo sát được tiến hành như đặc tính hình thái thực vật, sự ổn định đặc tính không hạt, nguyên nhân không hạt,... Việc tìm hiểu thông tin về đặc điểm di truyền của bảy dòng cam Sành không hạt cần được thực hiện nhằm phân biệt các dòng cam Sành không hạt với nhau và với các giống cam Sành phổ biến khác đặc biệt là với dòng cam Sành không hạt LĐ6 dựa trên trình tự *matK*.

2 PHƯƠNG TIỆN PHƯƠNG PHÁP

2.1 Phương tiện

Bảy dòng cam Sành không hạt (được ký hiệu: CSKH1, CSKH2, CSKH3, CSKH4, CSKH5, CSKH6 và CSKH7) đã được phát hiện trong đợt khảo sát tháng 6/2013 trên 1.000 cây cam Sành với gốc ghép là chanh Tàu, giống được mua trôi nổi, không rõ nguồn gốc, trồng năm 2009, trong vườn cam Sành của nông dân Huỳnh Long Nhân, ấp Đông Lợi B, xã Đông Phước, huyện Châu Thành, tỉnh Hậu Giang. Dòng cam Sành có hạt thương phẩm được trồng cùng đợt và cùng địa điểm với 7 dòng cam Sành không hạt. Dòng cam Sành không hạt LĐ6, dòng cam Sành có hạt đầu dòng CS8 được trồng tại Trung tâm giống Nông nghiệp, thành phố Cần Thơ.

Tiến hành thu thập mẫu lá của các dòng cam Sành được khảo sát. Chọn những lá non, không có biểu hiện của sâu bệnh, mỗi cây lấy khoảng 5 - 10 lá. Cho vào bọc có ghi chú rõ ràng và trữ trong tủ lạnh 4°C.

2.2 Phương pháp

Ly trích DNA theo quy trình của Rogers và Bendich (1988) được tóm tắt như sau: cắt nhuyễn lá (250 mg) cho vào tuýp 2,2 ml có chứa bi sắt và nitơ lỏng (-196°C), sau đó đem đi nghiền trong 10 phút. Kế tiếp, thêm vào 1 ml EB (extraction buffer) và 50 μ l SDS (sodium dodecyl sulfate) 10% và ủ ở 65°C trong 30 phút, sau đó ly tâm 13000 vòng/phút trong 10 phút, chuyển 800 μ l phần trên vào tuýp mới. Kế đến, thêm một lượng isopropanol tương đương, giữ mẫu ở -20°C trong 10 - 30 phút. Tiếp tục ly tâm 13000 vòng/phút trong 10 phút, hòa tan DNA trong 400 μ l TE; sau đó thêm 400 μ l CTAB và ủ ở 65°C trong 15 phút rồi thêm 800 μ l chloroform/isoamylalcohol (24:1) và đảo đều, ly tâm 13000 vòng/phút trong 5 phút. Chuyển phần dung dịch trong qua tuýp mới và thêm 1,4 ml ethanol 96% và ủ ở nhiệt độ phòng trong 15 phút. Ly tâm mẫu 13000 vòng/phút trong 10 phút, rửa phần lắng với 400 μ l ethanol 70%, làm khô DNA và trữ DNA trong 200 μ l TE 0.1X.

Phản ứng PCR được khuếch đại với cặp mồi *matK*-390F/*matK*-1326R có trình tự như sau (Kyndt *et al.*, 2005):

matK-390F: 5'
CGATCTATTCATTCAATATTTTC 3'

matK-1326R: 5'
TCTAGCACACGAAAGTCGAAGT 3'

Quy trình thực hiện phản ứng PCR theo Trần Nhân Dũng (2011), cụ thể như sau: Phản ứng PCR với thể tích 50 µL gồm các thành phần: BiH₂O (31 µL), PCR buffer 10X (5 µL), MgCl₂ 50 mM (4 µL), dNTPs 200 µM (3 µL), cặp mồi *matK*-390F/*matK*-1326R 100 µM (0,5 µL), *Taq* polymerase 5 U/µL (1 µL), DNA 50 ng/µL (4 µL). Sau đó, phản ứng PCR được thực hiện với chu kỳ nhiệt như sau: 95°C trong 5 phút ở giai đoạn khởi động; tiếp theo là 40 chu kỳ của 3 giai đoạn gồm biến tính (95°C trong 1 phút 30 giây), gắn mồi (44°C trong 2 phút) và kết thúc (72°C trong 3

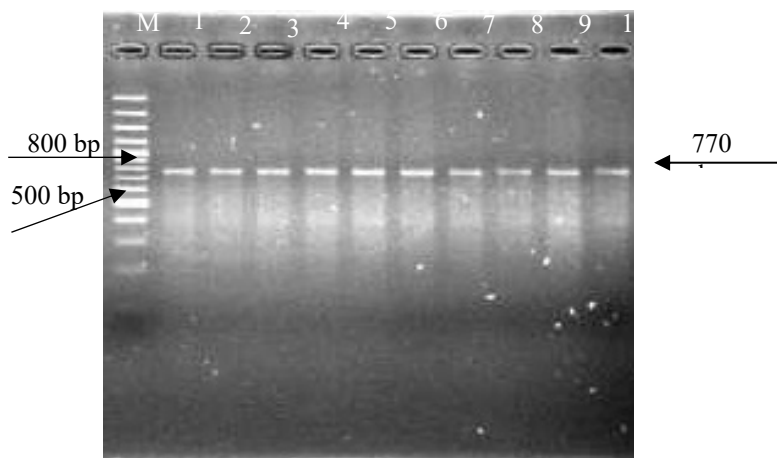
phút); giai đoạn kết thúc ở 72°C trong 5 phút và cuối cùng là trữ mẫu ở 10°C. Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 1,5% với hiệu điện thế 100 V. Kết quả điện di được ghi nhận bằng máy BioRad và được phân tích bằng phần mềm Quantity One 4.6.

Sản phẩm PCR đã được gửi đem giải trình tự tại công ty MacroGen, Seoul, Hàn Quốc. Các trình tự được xếp hàng (Alignment) bằng phần mềm BioEdit 7.0. Sau đó dữ liệu được đưa vào phần mềm MEGA 6.06 để phân tích gián đồ phá hệ theo phương pháp DNAPars (DNA Parsimony method).

3 KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1 Khuếch đại gen *matK*

Kết quả cho thấy hình ảnh các băng đơn hình tương đối rõ ràng (Hình 1). Tất cả các dòng cam Sành khảo sát đều có băng được khuếch đại với kích thước khoảng 770 bp.



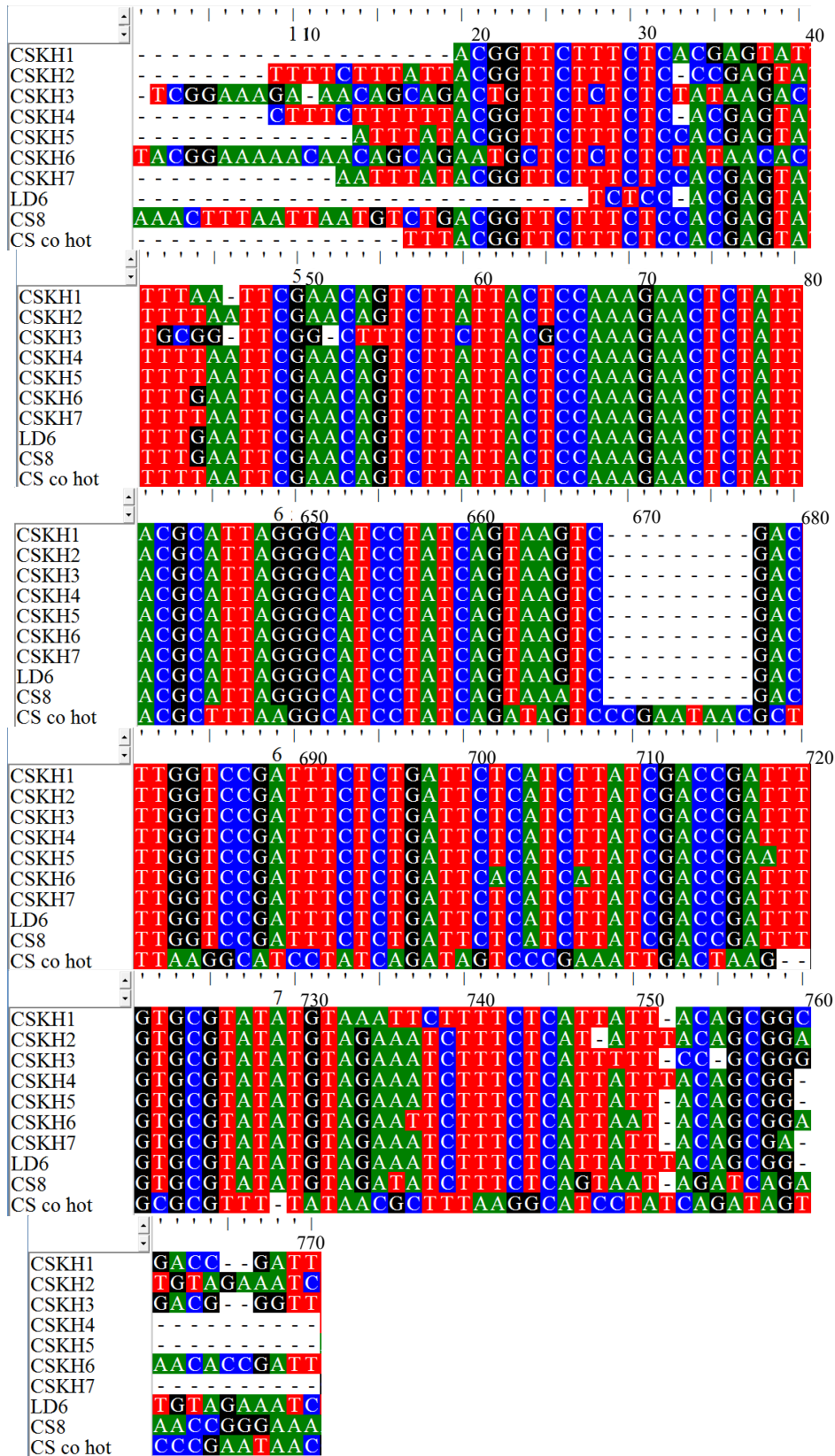
Hình 1: Phổ điện di 770 bp sản phẩm PCR của đoạn gen *matK* bằng cặp mồi *matK*-390F/*matK*-1326R

M: Thang chuẩn 1kb; 1: CSKH1; 2: CSKH2; 3: CSKH3; 4: CSKH4; 5: CSKH5; 6: CSKH6; 7: CSKH7; 8: LĐ6; 9: CS8; 10: CS có hạt

3.2 Phân biệt các dòng cam Sành không hạt thông qua kết quả phân tích trình tự gen *matK*

Hình 2 so sánh các chuỗi trình tự *matK* của các dòng cam Sành quan sát có nhiều vị trí nucleotide khác nhau và xuất hiện nhiều ký tự “-”. Ký tự “-” trong sinh học phân tử thường được gọi là “gap”. Thuật ngữ “gap” là một phần của trình tự đã bị mất đi do các hành vi của quá trình tiến hóa sinh vật như: đột biến, sự mất đi một thành phần trong chuỗi trình tự (Trần Nhân Dũng và Nguyễn Vũ

Linh, 2011). Điều này cho thấy có nhiều sự biến đổi trong trình tự *matK*, qua đó có sự đa dạng di truyền giữa 7 dòng CSKH với dòng LĐ6, dòng CS8 và dòng cam Sành có hạt thương phẩm. Từ chuỗi trình tự *matK*, có thể phân biệt 7 dòng CSKH với nhau và với các dòng cam Sành phổ biến đặc biệt là với dòng LĐ6. Ngoài ra, trình tự *matK* cũng có thể được sử dụng để nhận diện từng dòng cam Sành trong 10 dòng cam Sành được khảo sát.



Hình 2: Sự khác biệt các vị trí nucleotide của các dòng cam Sành không hạt và có hạt

Phân tích tỷ lệ thành phần nucleotide A, T, G, C có sự khác nhau giữa các dòng cam Sành khảo sát trên *matK* (Bảng 1). Thành phần nucleotide theo thứ tự A, T, G, C của các dòng cam Sành lần lượt là CSKH1 (26,7; 36,4; 19,1 và 17,8%), CSKH2 (26,8; 36,7; 19,1 và 17,4%), CSKH3 (25,9; 35,5; 19,7 và 18,8%), CSKH4 (26,4; 36,8; 19,2 và 17,5%), CSKH5 (27,5; 35,8; 19,1 và 17,6%), CSKH6 (28,4; 34,5; 19,6 và 17,5%), CSKH7 (27,6; 35,5; 19,3 và 17,5%), LĐ6 (26,7; 35,9; 19,2 và 18,2%), CS8 (28,0; 35,3; 18,9 và 17,8%) và CS có hạt thương phẩm (28,4; 34,6; 19,7 và 17,2%).

CSKH7 (27,6; 35,5; 19,3 và 17,5%), LĐ6 (26,7; 35,9; 19,2 và 18,2%), CS8 (28,0; 35,3; 18,9 và 17,8%) và CS có hạt thương phẩm (28,4; 34,6; 19,7 và 17,2%). Tỷ lệ AT và GC của các dòng cam Sành dao động lần lượt từ 61,4 - 63,5% và 36,5 - 38,5%. Kết quả này tương đối phù hợp với nhận định của Bausher *et al.* (2006) là thành phần AT và GC trong bộ gen lục lạp ở nhóm cây có múi là 61,5% và 38,5%.

Bảng 1: Tỷ lệ (%) Adenine (A), Thymine (T), Guanine (G), Cytosine (C) của *matK* trên cam Sành không hạt và có hạt

Dòng	Adenine(%)	Thymine(%)	Guanine (%)	Cytosine (%)
CSKH1	26,7	36,4	19,1	17,8
CSKH2	26,8	36,7	19,1	17,4
CSKH3	25,9	35,5	19,7	18,8
CSKH4	26,4	36,8	19,2	17,5
CSKH5	27,5	35,8	19,1	17,6
CSKH6	28,4	34,5	19,6	17,5
CSKH7	27,6	35,5	19,3	17,5
LĐ6	26,7	35,9	19,2	18,2
CS8	28,0	35,3	18,9	17,8
CScohot	28,4	34,6	19,7	17,2

Kết quả Blast (Basic Local Alignment Search Tool) trong NCBI (National Center for Biotechnology Information) cho thấy sự tương

đồng của trình tự nucleotide *matK* ở các dòng cam Sành với *Citrus sp. acidotaiwanochiuto* Hoshino vào khoảng 99 - 100% (Bảng 2).

Bảng 2: Kết quả Blast trình tự các nucleotide *matK* của từng dòng cam Sành có độ đồng nhất cao nhất

Dòng cam Sành	Mã số	Loại tương đồng	Độ đồng nhất (%)
CSKH1	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	100%
CSKH2	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	100%
CSKH3	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	99%
CSKH4	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	100%
CSKH5	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	100%
CSKH6	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	99%
CSKH7	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	100%
LĐ6	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	100%
CS8	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	99%
CS có hạt	LC030203.1	<i>Citrus sp. acidotaiwanochiuto</i> Hoshino	99%

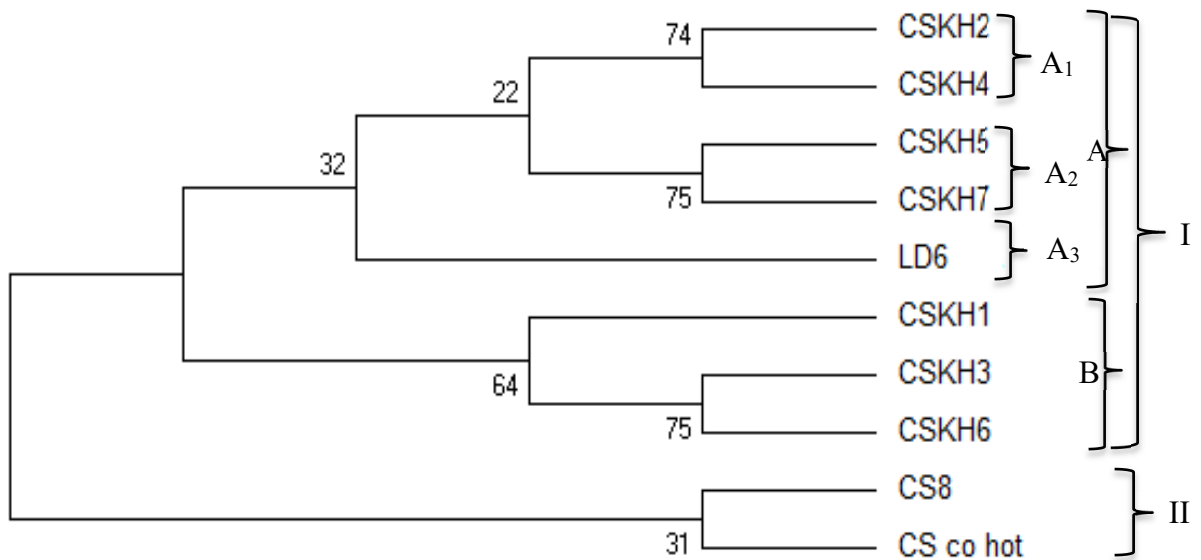
3.3 Phân tích giản đồ phả hệ và phân nhóm các dòng cam Sành

Các trình tự *matK* của các dòng cam Sành có chiều dài khoảng 770 bp tạo nên giản đồ phả hệ (Hình 3). Giản đồ phả hệ cho thấy các dòng cam Sành được khảo sát có thể được chia làm hai nhánh lớn. khác biệt rõ rệt với các chỉ số bootstrap khác nhau. Bootstrap có ý nghĩa trong sinh học là tần số xuất hiện của một nhóm (Cluster) trên số lần giản đồ phả hệ được thiết lập với đơn vị tính là phần trăm (%) (Trần Nhân Dũng và Nguyễn Vũ Linh, 2011).

Nhánh I gồm các dòng CSKH2, CSKH4, CSKH5, CSKH7, LĐ6, CSKH1, CSKH3 và CSKH6. Trong nhánh này phân ra thành 2 nhóm: nhóm A gồm CSKH2, CSKH4, CSKH5, CSKH7

và LĐ6 có chỉ số bootstrap 32%, nhóm B gồm dòng CSKH1, CSKH3 và CSKH6 với chỉ số bootstrap là 64%. Trong nhóm A được chia thành 3 nhóm nhỏ: nhóm A₁ gồm CSKH2 và CSKH4 với chỉ số bootstrap là 74%; nhóm A₂ gồm CSKH5 và CSKH7 có chỉ số bootstrap là 75% và nhóm A₃ tách riêng thành 1 nhánh gồm dòng LĐ6. Nhóm B gồm các dòng CSKH1, CSKH3 và CSKH6 với chỉ số bootstrap 64%. Nhóm này chia ra thành 2 nhóm nhỏ: 2 dòng CSKH3 và CSKH6 có chỉ số bootstrap là 75% so với dòng CSKH1.

Nhánh II gồm 2 dòng cam Sành có hạt là dòng CS8 và cam Sành có hạt thương phẩm hệ số bootstrap là 31%. Nhánh này tách biệt hoàn toàn so với nhánh I nên có thể thấy 2 dòng cam Sành có hạt có sự khác biệt về mặt di truyền so với các dòng cam Sành không hạt.



Hình 3: Giản đồ phả hệ của dòng cam Sành không hạt và có hạt từ kết quả giải trình tự đoạn mồi *matK*

Dựa vào phân tích giản đồ phả hệ cho thấy có sự phân nhánh rõ rệt của từng dòng cam Sành trong 10 dòng cam Sành khảo sát. Giản đồ phả hệ cũng cho thấy 2 dòng cam Sành có hạt tách thành nhánh riêng biệt với nhánh gồm các dòng cam Sành không hạt. Điều này cho thấy rằng đã có những biến đổi di truyền trong tự nhiên xuất hiện, có khả năng làm thay đổi một số đặc tính giống của cam Sành và có thể liên quan đến đặc tính không hạt.

4 KẾT LUẬN

Có sự đa dạng di truyền trong các dòng cam Sành không hạt và có hạt được khảo sát. Các vị trí nucleotide trong chuỗi trình tự *matK* giữa 7 dòng CSKH có sự khác biệt với nhau và với dòng cam Sành không hạt LD6, cũng như với dòng cam Sành có hạt đầu dòng CS8 và dòng cam Sành có hạt thương phẩm. Thành phần nucleotide gen *matK* của 7 dòng CSKH có sự khác biệt với nhau và với các dòng cam Sành phổ biến, đặc biệt là với dòng cam Sành không hạt LD6. Giản đồ phả hệ chia các dòng cam Sành thành 2 nhánh lớn với chỉ số bootstrap dao động từ 22 - 75%: nhánh I gồm các dòng cam Sành không hạt và nhánh II gồm 2 dòng cam Sành có hạt. Sự đa dạng di truyền trong chuỗi trình tự *matK* của 10 dòng cam Sành được khảo sát có thể dùng để phân biệt 7 dòng CSKH với nhau và với dòng LD6, dòng CS8, dòng cam Sành có hạt thương phẩm. Như vậy, trình tự gen *matK* cũng có thể được sử dụng để nhận diện từng dòng cam Sành trong 10 dòng cam Sành được khảo sát.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Bausher M.G., N.D. Singh, S.B. Lee, R.K. Jansen and H. Daniell, 2006. The complete chloroplast genome sequence of *Citrus sinensis* (L.) Osbeck var “Ridge Pineapple”: organization and phylogenetic relationships to other angiosperms, *BMC Plant Biology*, 6:21.

Droogenbroeck, B. V. 2004. Biodiversity of the genus *Vasconcellea* (Caricaceae) in Ecuador. pp. 93-112.

Dung, T. N. 2007. Molecular detection of greening disease and analysis of genetic relations of citrus varieties in Vietnam. PhD thesis, Ghent University, Belgium.

FAO, 2008. Food and Agricultural Organization of the United Nations, <http://faostat.fao.org>

Kyndt, T., B. V. Droogenbroeck, E. Romeijn-Peeters, J. P. Romero-Motochi, X. Scheldeman, P. Goetghebeur, P. V. Damme and G. Gheysen. 2005. Molecular phylogeny and evolution of Caricaceae based on rDNA internal transcribed spacers and chloroplast sequence data. *Mol Phylogenet Evol*, 37(2). pp. 442-459.

Liang, H. 1997. The Phylogenetic Reconstruction of the Grass Family (Poaceae) Using *matK* Gene Sequences. Degree Doctor of Philosophy. Department Biology.

Miller, J.M. and R.J. Bayer, 2001. Molecular phylogenetics of *Acia* (Fabaceae: Mimosoideae) based on the chloroplast *trnK/matK* and nuclear Histone H3-DNA sequences. In Herendeen PS, Bruneau A, eds. *Advances in legume systematics: part 9*. Kew: Royal Botanic Gardens, Kew, 2000, publ. 2001. pp. 181-200.

- Nguyễn Bá Phú và Nguyễn Bảo Vệ, 2014. Khảo sát đặc điểm hình thái thực vật của cam Sành không hạt được phát hiện ở ĐBSCL. Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn. Tháng 12/2014. tr. 11-18.
- Raza, H., M.M. Khan and A.A. Khan, 2003. Seedlessness in Citrus. International journal of agriculture and biology, Vol. 5, pp. 388-391
- Rogers, S. O. and A. J. B. Bendich. 1988. Extraction of DNA from plant tissues. Plant molecular Biology Manual. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, printed in Belgium.
- Tôn Thất Trình, 2000. Tìm hiểu về các loại cây ăn trái có triển vọng xuất khẩu. Nhà xuất bản Nông Nghiệp. Thành phố Hồ Chí Minh. 279 tr.
- Trần Nhân Dũng và Nguyễn Vũ Linh, 2011. Giáo trình tin sinh học, NXB Đại học Cần Thơ. 168 tr.
- Trần Nhân Dũng, 2011. Sổ tay thực hành sinh học phân tử. NXB Đại học Cần Thơ. 169 tr.
- Trần Thị Oanh Yến, Nguyễn Nhật Trường, Nguyễn Ngọc Thi và Nguyễn Minh Châu. 2010. Giống cam Sành không hạt LĐ6. <http://sofri.org.vn/NewsDetail.aspx?l=&id=376&cat=7&catdetail=42>. Ngày truy cập 22/06/2015