

## PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN VÀ VIỆC XÂY DỰNG TẬP ĐOÀN LỖI CỦA TẬP ĐOÀN GIỐNG ĐẬU NÀNH (*GLYCINE MAX* (L.) MERRILL)

Trương Trọng Ngôn<sup>1</sup> và Trần Thị Thanh Thủy<sup>2</sup>

### ABSTRACT

*Analysis of genetic diversity and construction of core collection in soybean germplasm were studied on a collection of 296 indigenous and exotic soybean cultivars collected from different geographical regions. The experiment was conducted in the Winter-Spring crop 2009 at the experimental station, Can Tho University. Each variety was sown by 1 row of 4 m length with a spacing of 40 cm x 10 cm, and 2 plants per hill, without-replication. Genetic diversity was evaluated by morphological and agronomic traits. The core collection was developed with PowerCore software based on 13 traits. One hundred seed weight varied from 6,88 g (Cúc lục Ngan) to 27,62 g (IT 104535). Hilum color and seed coat color was highest genetic diversity index. The exotic soybean cultivars were more diverse than indigenous ones. Plant height, pod number and plant yield showed wider range as compared to other characteristics. Exotic cultivar groups gave more diverse than indigenous cultivar groups in eight characteristics. 31 entries were really represneted for total of 296 entries by using M strategy. Core collection analysis had 10,7% of mean difference (MD%), 53,5% of variance difference (VD%), 136,3% of variable rate (VR%), and 95,6% of coincidence rate (CR%).*

**Keywords:** Genetic diversity, M strategy, core collection, Shannon index, soybean

**Title:** Genetic diversity analysis and core collection establishment of soybean germplasm

### TÓM TẮT

*Phân tích tính đa dạng di truyền và xây dựng tập đoàn lõi được thực hiện dựa trên khảo sát 296 giống đậu nành nhập nội và địa phương được thu thập từ nhiều vùng địa lý khác nhau. Các giống được gieo vụ Đông Xuân 2009 tại trại nghiên cứu và thực nghiệm nông nghiệp trường Đại học Cần Thơ. Mỗi giống trong tập đoàn được gieo thành một hàng dài 4m, không lặp lại, khoảng cách trồng là 40x10cm, 2 hạt một hốc. Đánh giá sự đa dạng di truyền dựa trên các đặc tính hình thái và nông học. Tập đoàn lõi được xây dựng dựa vào phần mềm PowerCore trên 13 tính trạng. Kết quả cho thấy trọng lượng 100 hạt của các giống dao động từ 6,88 g (Cúc lục Ngan) đến 27,62 g (IT 104535). Màu vỏ hạt và màu tế có chỉ số Shannon cao nhất ở 2 nhóm giống nhập nội và địa phương. Chỉ số đa dạng của nhóm giống nhập nội cao hơn nhóm giống địa phương trên các tính trạng khảo sát. Phương sai kiểu hình trên các đặc tính nông học biến đổi rộng giữa các nhóm giống. Trong đó chiều cao cây, số trái trên cây và năng suất hạt trên cây có hệ số biến động kiểu hình cao nhất. Việc xây dựng tập đoàn lõi bước đầu chọn được 31 giống gồm 18 giống nhập nội và 13 giống địa phương. Các thông số<sup>1</sup> được tạo ra từ việc xây dựng tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc: giá trị trung bình khác nhau (MD%) là 10,7%, giá trị phương sai khác nhau (VD%) là 53,5%, tỷ số biến dị (VR%) là 136,3% và tỷ số trùng hợp (CR%) là 95,6%.*

**Từ khóa:** Chỉ số Shannon, chiến lược M, đa dạng di truyền, đậu nành, tập đoàn lõi

<sup>1</sup> Viện NC & PT Công Nghệ Sinh học, Trường Đại học Cần Thơ

<sup>2</sup> Khoa Nông Nghiệp và SHƯĐ, Trường Đại học Cần Thơ

## 1 ĐẶT VẤN ĐỀ

Nghiên cứu, đánh giá và so sánh đa dạng di truyền của tập đoàn giống là công việc rất cần thiết nhằm tạo nên cơ sở dữ liệu cho các phương pháp bảo tồn, hoạch định chính sách và kế hoạch phát triển sử dụng bền vững nguồn tài nguyên di truyền, và đồng thời có ý nghĩa chiến lược trong chương trình cải thiện giống. Tuy nhiên, do số lượng giống đậu nành tồn trữ ngày một gia tăng, Frankel (1984) và Brown (1994) đã đưa ra ý tưởng xây dựng tập đoàn lõi (core collection) để việc bảo tồn và đánh giá giống sẽ ít tốn thời gian và kinh phí.

Đề tài “Phân tích tính đa dạng di truyền và xây dựng tập đoàn lõi (core collection) của tập đoàn giống đậu nành (*Glycine max* (L.) Merrill)” được thực hiện nhằm đánh giá được sự đa dạng di truyền của các giống đậu nành trong tập đoàn và xây dựng được bộ tập đoàn lõi (core collection) góp phần làm giảm chi phí và công sức đầu tư cho việc khai thác, bảo tồn và duy trì nguồn giống được hiệu quả.

## 2 VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

### 2.1 Vật liệu

Có 296 giống đậu nành được gieo vào vụ Đông Xuân từ tháng 01 đến tháng 04/2009, tại trại nghiên cứu và thực nghiệm nông nghiệp khu II – trường Đại học Cần Thơ (ĐHCT).

Trong đó có 148 giống địa phương (có nguồn gốc từ miền bắc, trung và nam Việt Nam) và 148 giống nhập nội (có nguồn gốc từ Trung Quốc, Hàn Quốc, Mỹ, Nhật, và Úc). Mỗi giống trong tập đoàn được gieo thành một hàng dài 4m, không lặp lại. Khoảng cách trồng là 40x10cm, 2 hạt một hốc. Cứ 20 giống khảo sát có hàng giống đối chứng là giống MTĐ176. Biện pháp kỹ thuật canh tác được áp dụng theo khuyến cáo của Bộ Môn Di Truyền Giống Nông Nghiệp, Khoa Nông Nghiệp và Sinh Học Ứng Dụng trường ĐHCT.

### 2.2 Phương pháp

#### Đánh giá tính đa dạng di truyền

Có nhiều chỉ số đa dạng được sử dụng để đo lường sự đa dạng như chỉ số Shannon, Simpson, McIntosh,... nhưng chỉ số được dùng phổ biến nhất là chỉ số Shannon. Chỉ số này đã được Tang (1997) đề nghị như sau:

$$H' = -\sum_{i=1}^S p_i \ln p_i$$

Trong đó:

H': chỉ số đa dạng

S: tổng số đa dạng (kiểu hình) đánh giá trong một tính trạng nào đó

i: dạng (kiểu hình) thứ i trong tính trạng nào đó

p<sub>i</sub>: tỉ lệ dạng (kiểu hình) thứ i<sup>th</sup>

### Xây dựng tập đoàn lõi

Để xác định sự khác nhau của các tính trạng giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc Hu *et al.* (2000) đã sử dụng kiểm định *F* cho giá trị phương sai và kiểm định *t* cho giá trị trung bình.

Sau đó xác định phần trăm sự khác nhau có ý nghĩa giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc dựa trên phần trăm khác nhau về trung bình (MD%: mean difference percentage) và phần trăm khác nhau về phương sai (VD%: variance difference percentage) của các tính trạng.

Phần trăm khác biệt trung bình:

$$MD\% = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \frac{|Me - Mc|}{Mc} \times 100$$

Trong đó: Me: trung bình của tập đoàn gốc.

Mc: trung bình của tập đoàn lõi.

m: số tính trạng

Phần trăm khác biệt phương sai:

$$VD\% = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \frac{|Ve - Vc|}{Vc} \times 100$$

Trong đó: Ve: phương sai của tập đoàn gốc

Vc: phương sai của tập đoàn lõi

m: số tính trạng

Ngoài ra, tỷ số trùng hợp (coincidence rate) và mức độ biến dị (variable rate) giữa tập đoàn gốc và tập đoàn lõi cũng được tính theo công thức:

Tỷ số trùng hợp:

$$CR\% = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \frac{Rc}{Re} \times 100$$

Trong đó: Re: khoảng dao động của tập đoàn gốc.

Rc: khoảng dao động của tập đoàn lõi.

m: số tính trạng

Mức độ biến dị

$$VR\% = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \frac{CVc}{CVe} \times 100$$

Trong đó: CVe: hệ số biến dị của tập đoàn gốc.

CVc: Hệ số biến dị của tập đoàn lõi.

m: số tính trạng.

Dựa vào 6 chỉ tiêu hình thái và 7 chỉ tiêu nông học, năng suất và thành phần năng suất kết hợp với chiến lược M để thiết lập tập đoàn lõi. Đối với các tính trạng hình thái, màu sắc được mã hóa để đưa vào phân tích.

Phần mềm Microsoft Excel được dùng để tính các đặc số thống kê, vẽ biểu đồ và tính tương quan đơn giữa các tính trạng. Phần mềm PowerCore được sử dụng để xây dựng tập đoàn lõi.

### 3 KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### Đánh giá sự đa dạng di truyền dựa trên tính trạng chất lượng

Kết quả phân tích sự đa dạng của các giống trong tập đoàn dựa vào chỉ số Shannon về đặc tính hình thái cho thấy: màu vỏ trái và màu tẻ là đa dạng nhất do có chỉ số Shannon cao. Chỉ số Shannon của màu vỏ trái và màu tẻ ở nhóm giống nhập nội cao hơn (1,510 và 1,586) nhóm giống địa phương (1,159 và 1,264) (Bảng 1).

Nhìn chung, nhóm giống nhập nội là đa dạng hơn về hình thái so với nhóm giống địa phương. Điều này có thể do những giống nhập nội được thu thập từ nhiều quốc gia khác nhau và tập trung chủ yếu ở Hàn Quốc, Nhật Bản và Trung Quốc. Theo Nelson và Li (1998), đậu nành có nguồn gốc từ Trung Quốc và nó có một quá trình phát triển lâu đời ở Hàn Quốc, Nhật Bản. Còn theo Vavilop (1935) thì xác định Trung Quốc là một trong những trung tâm khởi nguyên của đậu nành và theo ông tại các trung tâm khởi nguyên các loài cây trồng rất đa dạng với nhiều vốn gen phong phú. Do đó, có thể chứng minh được vì sao các giống nhập nội có chỉ số đa dạng về hình thái cao hơn những giống địa phương.

**Bảng 1: Kết quả phân tích sự đa dạng các đặc tính hình thái của tập đoàn giống đậu nành**

STT	Tính trạng	Chỉ số Shannon	
		Nhập nội	Địa phương
1	Màu trục hạ diệp	0,692	0,504
2	Màu hoa	0,692	0,504
3	Màu vỏ trái	<b>1,510</b>	<b>1,159</b>
4	Màu lông tơ	1,159	0,793
5	Màu vỏ hạt	0,593	0,416
6	Màu tẻ	<b>1,586</b>	<b>1,264</b>

#### Đánh giá sự đa dạng di truyền dựa trên tính trạng số lượng

Bên cạnh việc khảo sát chung, việc so sánh sự khác biệt về kiểu hình của các đặc tính nông học giữa hai nhóm giống nhập nội và nhóm giống địa phương cũng được trình bày ở (Bảng 2).

Burton (1952) xác định rằng hệ số biến dị kiểu hình thấp khi PCV < 10%, trung bình là 10-15% và cao là trên 15%. Kết quả phân tích ở Bảng 4 cho thấy thời gian trổ và thời gian chín ở nhóm giống địa phương có hệ số biến dị kiểu hình thấp (7,83% và 7,38%), chứng tỏ hai tính trạng này do ít gen kiểm soát và ít chịu tác động từ môi trường. Tương tự như vậy, hệ số biến dị của tính trạng thời gian chín trên các giống nhập nội cũng thấp (8,86%). Tuy nhiên, thời gian trổ hoa của các giống nhập nội có khoảng biến động tương đối rộng và hệ số biến dị cao là do các giống này có nguồn gốc từ nhiều vùng địa lý khác nhau nên khả năng phản ứng với quang kỳ cũng khác nhau.

Chiều cao cây, số trái trên cây, số đốt, trọng lượng 100 hạt, và năng suất hạt có khoảng biến động rộng, hệ số biến dị kiểu hình lớn ở cả hai nhóm giống nhập nội và địa phương. Điều này cho thấy những tính trạng này do nhiều gen kiểm soát và chịu tác động mạnh của môi trường. Hệ số biến dị kiểu hình ở nhóm giống nhập nội luôn cao hơn so với nhóm giống địa phương trên các tính trạng khảo sát. Hệ số biến dị kiểu hình cao có thể do hệ số biến dị về môi trường cao hoặc hệ số biến dị

về kiểu gen cao. Nếu hệ số biến dị về môi trường cao điều này có thể giải thích là do những giống nhập nội được thu thập từ nhiều vùng địa lý khác nhau nên sẽ chịu áp lực chọn lọc của môi trường.

**Bảng 2: Khoảng biến động, giá trị trung bình, phương sai kiểu hình và hệ số biến dị kiểu hình của 7 tính trạng ở 2 nhóm giống**

Tính trạng	Nhóm giống	Khoảng biến động	Trung bình ± SD	Phương sai kiểu hình (PV)	Hệ số biến dị kiểu hình (PCV%)
Thời gian trổ (ngày)	Nhập nội	22 - 42	28 ± 4,65	21,62	16,82
	Địa phương	25 - 39	32 ± 2,49	6,20	7,83
Thời gian chín (ngày)	Nhập nội	64 - 105	84 ± 7,41	54,97	8,86
	Địa phương	68 - 95	79 ± 5,82	33,87	7,38
Chiều cao cây (cm)	Nhập nội	16,60 - 85,98	37,62 ± 12,86	165,41	34,18
	Địa phương	21,10 - 76,50	39,80 ± 10,00	100,02	25,14
Số đốt trên cây	Nhập nội	6 - 19	11 ± 2,49	6,18	23,62
	Địa phương	9 - 17	12 ± 1,51	2,27	12,48
Số trái trên cây	Nhập nội	14 - 92	33 ± 16,08	258,62	48,68
	Địa phương	24 - 139	50 ± 15,53	241,16	31,04
T. Lượng 100 hạt (g)	Nhập nội	7,71 - 27,62	15,00 ± 4,18	27,87	27,87
	Địa phương	6,90 - 22,00	12,50 ± 2,75	7,56	21,94
Năng suất (g/cây)	Nhập nội	2,90 - 22,98	9,04 ± 3,66	13,41	40,52
	Địa phương	3,90 - 33,50	11,80 ± 3,74	13,97	31,67

**Xây dựng tập đoàn lõi**

**Sự phân bố tần suất của các giống trong tập đoàn**

Kết hợp việc lấy mẫu ngẫu nhiên với chiến lược M trong phần mềm PowerCore đã tạo ra được một tập đoàn lõi đầu nành dựa trên sự phân tích 13 tính trạng bao gồm 6 tính trạng hình thái và 7 tính trạng nông học của 296 giống. Sự phân loại để tạo ra từng lớp và chọn các giống đại diện nhất vào mỗi lớp trong chương trình PowerCore được thể hiện ở bảng 3.

Kết quả bảng 3, cho thấy màu hoa, màu thân cây con được phân ra làm 2 lớp và có 31 giống: trong đó 5 giống địa phương và 6 giống nhập nội được chọn ra trong 100 giống ở lớp 1. Đối với lớp 2 có 20 giống được chọn ra từ 196 giống trong đó có 8 giống địa phương và 12 giống nhập nội.

Tương tự, màu vỏ trái được phân làm 6 lớp, màu vỏ hạt có 5 lớp, màu lông tơ 4 lớp và màu tể đa dạng nhất có 10 lớp. Tuy tần số xuất hiện của giống có khác nhau giữa nhóm địa phương và nhập nội trên các đặc tính hình thái nhưng tổng vẫn là 31 giống.

**Bảng 3: Tần số xuất hiện của các đặc tính hình thái ở các nhóm.**

Tính trạng	Địa phương	Nhập nội	Tổng cộng
<b>Màu thân cây con, Màu hoa</b>			
1	5(30)*	6(70)	11(100)
2	8(75)	12(121)	20(196)
<b>Màu vỏ trái</b>			
1	2(84)	3(59)	5(143)
2	3(37)	1(11)	4(48)
3	1(3)	2(4)	3(7)
4	3(18)	5(35)	8(53)
5	1(2)	4(14)	5(16)
6	3(4)	3(25)	6(29)
<b>Màu lông tơ</b>			
1	8(100)	7(60)	15(160)
2	0(0)	1(3)	1(3)
3	2(9)	2(43)	4(52)
4	3(40)	8(41)	11(81)
<b>Màu vỏ hạt</b>			
1	11(147)	12(110)	23(257)
2	0(0)	2(17)	2(17)
3	1(11)	2(4)	3(15)
4	0(0)	1(2)	1(2)
5	1(2)	1(3)	2(5)
<b>Màu tẻ</b>			
1	2(25)	3(23)	5(48)
2	1(10)	1(5)	2(15)
3	1(34)	4(32)	5(66)
4	0(0)	1(1)	1(1)
5	0(0)	1(2)	1(2)
6	0(0)	1(1)	1(1)
7	1(2)	0(0)	1(2)
8	0(0)	1(4)	1(4)
9	1(1)	2(17)	3(18)
10	7(76)	4(63)	11(139)

Ghi chú: \* giá trị trong ngoặc là số lượng giống của tập đoàn gốc có xuất hiện tính trạng

Như vậy dựa trên các đặc tính hình thái đã cho ra tập đoàn lõi gồm 31 giống, đại diện cho toàn bộ tập đoàn gốc và chiếm khoảng 10% lượng giống so với tập đoàn giống ban đầu (296 giống). Trong 31 giống trên có 18 giống nhập nội và 13 giống địa phương (Bảng 4).

**Bảng 4: Danh sách các giống trong tập đoàn lõi**

STT	Tên giống	Nguồn gốc	Tên giống	Nguồn gốc
1	82 Pel	Việt Nam	IT 101075	Hàn Quốc
2	A-100	Việt Nam	IT 102668	Hàn Quốc
3	Bắc lượng	Việt Nam	IT 102730	Hàn Quốc
4	Bạch hoa vang	Việt Nam	IT 103906	Hàn Quốc
5	Cần thơ 4	Việt Nam	IT 104535	Hàn Quốc
6	Chi thảo MN	Việt Nam	IT 104620	Hàn Quốc
7	Cúc tuyên	Việt Nam	IT 161557	Trung Quốc
8	Da trâu bông trắng	Việt Nam	IT 161799	Trung Quốc
9	Đậu miên trắng dòng 2	Việt Nam	IT 161964	Nhật
10	Đen biên hòa I	Việt Nam	NB.21	Nhật
11	ĐT 1	Việt Nam	PI 281908	USDA
12	Vân đen tứ liêm	Việt Nam	PI 340900 B	USDA
13	Việt Khái 4	Việt Nam	PI 566956	USDA
14			PI 566969	USDA
15			SN 97-6946	USDA
16			SO2-7998	USDA
17			SS02-9789	USDA
18			GC 90012-18-25-3	AVRDC

**So sánh một số tính trạng giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc**

Kết quả so sánh một số tính trạng chính (thời gian sinh trưởng-TGST, chiều cao cây-CC, số đốt-SĐ, số cành-SC, năng suất-NS, trọng lượng 100 hạt-TL100H, và tổng số trái - TST) của 31 giống trong tập đoàn lõi với 296 giống trong tập đoàn gốc thể hiện ở bảng 5 cho thấy: Các giá trị nhỏ nhất, lớn nhất, trung bình của tập đoàn lõi rất gần với tập đoàn gốc. Dựa vào kết quả kiểm định *t* cho giá trị trung bình trên 8 tính trạng cho thấy sự khác biệt giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc không có ý nghĩa. Điều này cho thấy giá trị trung bình của các tính trạng là như nhau ở 2 tập đoàn. Kết quả kiểm định *F* cho giá trị phương sai ở 8 tính trạng cho thấy thời gian sinh trưởng và số cành của 2 tập đoàn có sự khác biệt ở mức 5%, các tính trạng còn lại thì không khác biệt. Như vậy, giá trị phương sai ở tính trạng thời gian sinh trưởng và số cành của tập đoàn lõi khác với tập đoàn gốc.

Bên cạnh việc so sánh các tính trạng chính giữa hai tập đoàn để đánh giá tập đoàn lõi thì Hu *et al.* (2000) cũng đề xuất các chỉ số để đánh giá tập đoàn lõi. Các chỉ số MD%, VD%, CR% và VR% được tạo ra từ phần mềm PowerCore cho phép đánh giá khả năng đại diện của tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc. Hu *et al.* (2000) đã kết luận rằng khi MD% <20% và CR% > 80%, VD% thấp và VR% lớn thì tập đoàn lõi được tạo ra càng mang đầy đủ đặc điểm di truyền của tập đoàn gốc và đại diện cho tập đoàn gốc.

Dựa trên việc đưa vào 6 tính trạng hình thái và 7 tính trạng nông học để chọn tập đoàn lõi, MD% là 10,7% thấp hơn có ý nghĩa so với 20% giữa 296 giống trong tập đoàn gốc với 31 giống trong tập đoàn lõi được chọn ra bởi chương trình PowerCore. CR% trên 13 tính trạng là 95,6% cho thấy có sự phân bố đồng nhất về các tính trạng vì CR% lớn hơn 80% (Hu *et al.*, 2000). %VR có giá trị cao (136,3%) thể hiện sự đại diện của tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc. Tuy nhiên, %VD là 53,5% tương đối cao hơn so với nghiên cứu của Kim *et al.* (2007) trên tập

đoàn lúa (%VD = 34,5%), nghĩa là tính đa dạng di truyền của tập đoàn lõi thấp. Điều này có thể giải thích là do phương sai của thời gian sinh trưởng và số cành khác biệt có ý nghĩa ở 5% qua kiểm định F giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc, dẫn đến phần trăm biến dị khác nhau (%VD) cao.

**Bảng 5: So sánh một số đặc tính nông học giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc**

Tính trạng	Tập đoàn gốc				Tập đoàn lõi				Ý nghĩa của các thông số đánh giá tập đoàn lõi và tập đoàn gốc					
	Max	Min	TB	SD	Max	Min	TB	SD	MD <sup>(1)</sup>	VD <sup>(2)</sup>	CR	VR		
TGST	105	64	81	7,09	105	68	83,7	9,0	ns	*	0,902	1,27		
CC	86,0	16,6	33,7	11,6	86	21,8	42,5	16,8	ns	ns	0,808	1,19		
TST	139	14	41	17,9	139	15	49	30,9	ns	ns	0,992	1,73		
TL 100H	27,6	6,9	13,8	3,7	27,6	8,3	14,2	4,8	ns	ns	0,934	1,24		
SD	19	6	11	2,2	19	6	11,7	3,2	ns	ns	0,846	1,42		
SC	7	0	3	1,9	7	0	2,9	2,1	ns	*	1,0	1,63		
NS (g/cây)	33,5	2,1	10,4	3,9	33,5	5,1	12,0	6,8	ns	ns	0,922	1,58		
Tổng cộng % <sup>(3)</sup>											10,68	53,5	95,61	136,32

Ghi chú: (1) Sự khác nhau có ý nghĩa về giá trị trung bình của tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc qua kiểm định t.

(2) Sự khác nhau có ý nghĩa về phương sai của tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc qua kiểm định F.

(3) MD% và VD% : phần trăm khác nhau ở mức ý nghĩa 5% giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc về giá trị trung bình và phương sai của các tính trạng.

CR%: Tỷ số trùng hợp, VR%: Tỷ số biến dị. \* khác biệt ở 5%, ns: không khác biệt.

Như vậy, dựa vào các thông số %MD, %CR, %VR, %VD cho thấy tập đoàn lõi được tạo ra đại diện cho tập đoàn gốc, nhưng tính đa dạng di truyền so với tập đoàn gốc chưa cao do %VD cao.

### So sánh các tập đoàn lõi

Ngoài việc xây dựng tập đoàn lõi dựa trên tổng số giống nhập nội với địa phương, sự chọn lọc tập đoàn lõi dựa trên từng nhóm giống địa phương và các giống nhập nội cũng được thực hiện. Để kiểm tra tính đại diện của các giống trong tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc tiến hành so sánh các thông số MD%, VD%, CR% và VR%.

Từ bảng 6 cho thấy tập đoàn lõi được chọn ra từ nhóm nhập nội, địa phương và tập đoàn giống (nhập nội + địa phương) đại diện cho tập đoàn gốc. Vì cả ba tập đoàn lõi tạo ra đều có giá trị trung bình khác nhau (MD%) thấp hơn 20% và tỷ lệ trùng hợp (CR%) trên 80%.

Tập đoàn lõi được tạo ra không chỉ đại diện cho tập đoàn gốc mà còn phải mang đầy đủ sự đa dạng di truyền của tập đoàn gốc. Hu *et al.* (2000), Kim *et al.* (2007) đã kết luận rằng một tập đoàn lõi với %MD và %VD thấp (< 20%), %VR và %CR cao (%VR>100%, %CR <80%) thì đại diện và mạng đầy đủ các đặc điểm di truyền so với tập đoàn gốc. Các thông số %MD, %CR, có được từ xây dựng tập đoàn lõi ở nhóm giống nhập nội, địa phương và tổng cộng thì tương đối như nhau. %VD ở nhóm giống địa phương thấp hơn hai nhóm giống còn lại, nghĩa là tập đoàn lõi được tạo ra từ nhóm giống địa phương thì có tính đa dạng di truyền gần giống tập đoàn gốc hơn so với hai nhóm còn lại. Tuy nhiên, Hu *et al.* (2000) đã kết luận rằng %VD < 20% thì tập đoàn lõi mới mang đầy đủ tính đa dạng di truyền so



với tập đoàn gốc, nhưng kết quả bảng 8 cho thấy cả ba tập đoàn đều không thỏa mãn điều kiện này, nghĩa là chúng chưa mang đầy đủ tính đa dạng di truyền so với tập đoàn gốc.

Phần trăm VR so sánh hệ số biến dị của 13 tính trạng đo lường trong tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc. Phần trăm VR ở cả ba nhóm giống nhập nội, địa phương và tổng cộng đều lớn hơn 100%, như vậy cả ba tập đoàn lõi được tạo ra đều đại diện cho tập đoàn gốc.

**Bảng 6: Phần trăm khác nhau giữa các tính trạng của tập đoàn lõi so với tập đoàn gốc**

Thông số	Nhập nội	Địa phương	Tập đoàn giống
MD% <sup>a</sup>	10,9	10,6	10,7
VD% <sup>b</sup>	54,9	30,0	53,5
CR% <sup>c</sup>	98,3	94,6	95,6
VR% <sup>d</sup>	141,6	108,1	136,3

*Ghi chú: a- phần trăm khác nhau ở mức ý nghĩa 5% giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc về trung bình của các tính trạng.*

*b- phần trăm khác nhau ở mức ý nghĩa 5% giữa tập đoàn lõi và tập đoàn gốc về giá trị phương sai của các tính trạng.*

*c- Tỷ số trùng hợp. d- Tỷ số biến dị.*

## 4 KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

### 4.1 Kết luận

Màu vỏ trái và màu tẻ là đa dạng nhất do có chỉ số Shannon cao. Chỉ số Shannon của màu vỏ trái và màu tẻ ở nhóm giống nhập nội (1,510 và 1,586) cao hơn nhóm giống địa phương (1,183 và 1,210). Xét về tổng thể nhóm giống nhập nội đa dạng hơn nhóm giống địa phương

Các giống nhập nội có thời gian sinh trưởng dài, chiều cao cây thấp, ít phân cành hơn các giống địa phương.

Trọng lượng 100 hạt của các giống nhập nội và địa phương tương đối nhỏ (<15 g) chiếm tỷ lệ lần lượt là 54,1% và 83,3%. Chỉ có khoảng 12,8% giống nhập nội và 5% giống địa phương có trọng lượng 100 hạt trên 20g. Năng suất hạt trên cây của các giống địa phương dao động từ 2,3g đến 22,3g. Nhóm giống nhập nội có năng suất biến thiên từ 2,9g đến 22,9g.

Việc xây dựng tập đoàn lõi bước đầu cũng chọn được 31 giống trong đó có 18 giống nhập nội và 13 giống địa phương nhưng vẫn mang đầy đủ tính đa dạng di truyền của tập đoàn gốc gồm 296 giống.

### 4.2 Đề nghị

Có thể ứng dụng phương pháp xây dựng tập đoàn lõi này để tạo ra nhiều tập đoàn lõi trên nhiều loại cây trồng khác nhằm phục vụ cho công tác chọn tạo giống đạt được nhiều hiệu quả.

Việc xây dựng tập đoàn lõi giúp giảm chi phí và công sức đầu tư rất nhiều cho việc khai thác, bảo tồn và duy trì nguồn tài nguyên di truyền trong tập đoàn gốc và mang lại hiệu quả khai thác nguồn gen trong việc chọn giống cha mẹ để lai tạo, nhằm đáp ứng nhiều mục tiêu cải thiện giống khác nhau.

Một khi tập đoàn lõi được thiết lập nó trở thành một khung sườn xác định phạm vi và sự phân bố của đa dạng di truyền trong ngân hàng gen. Những giống trong tập đoàn lõi cung cấp một sự chỉ dẫn thích hợp cho những vật liệu mới khi nhập vào ngân hàng gen, giúp nhà quản lý xác định một cách nhanh chóng sự tồn tại hoặc không của vật liệu mới.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Brown, A.H.D. 1994. The core collection at the crossroads. In: T. HODGKIN, A.H.D. Brown, TH.J.L. van Hintum and E.A.V. Morales (EDS.) Core Collections of Plant Genetic Resources.
- Burton, G. W. 1952. Quantitative Inheritance in grasses. Proceeding of the Sixth International Grassland Congress. Vol. 1: 277-283.
- Frankel, O.H. 1984. Genetic perspectives of germplasm conservation, In: W. Arber, K. Llimensee, W.J. Peacock and P. Starliger (EDS.), Genetic Manipulation: Impact on Man and Society, Cambridge University Press, Cambridge, 161-170.
- Hu J., J. Zhu, and X. M. Xu. 2000. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops, *Theor. Appl. Genet.* 101, 264-268.
- Kim, K.W., H.K. Chung, G.T. Cho, K.H. Ma, D. Chandrabalan, J.G. Gwag, T.S. Kim, E.G. Cho, and Y.J. Park. 2007. PowerCore: A program applying the advanced M strategy with a heuristic search for establishing core sets. *Bioinformatics* 23:2155–2162.
- Nelson, R.L., and Z. Li .1998. RAPD marker diversity of soybean and wild soybean accessions from four Chinese provinces. p. 164. *In* Agronomy abstracts. ASA, Madison, WI.
- Shannon, C., and W. Weaver. 1949. The Mathematical Theory of omunication, University of Illinois Press, Urbana.
- Tang Q. Y. 1997. Data processing system, Chinese Agricultural Press, Beijing.
- Van Hintum Th. J. L. , A. H. D. Brown, C. Spillane, and T. Hodgkin. 2000. Core collection plant genetic resources. IPGRI Technical Bulletin No.3. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Vavilov, N. I. 1935. The origin, variation immunity and breeding of cultivated plants, Chon. Bot. 13,6 volumes.