

PHÂN TÍCH SỰ ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG LÚA NƯƠNG (*ORYZA SATIVA* L.) ĐỊA PHƯƠNG Ở MIỀN BẮC, VIỆT NAM

NGUYỄN THỊ NGỌC LAN, NGUYỄN VŨ THANH THANH, CHU HOÀNG MẬU

Đại học Thái Nguyên

NGUYỄN NHƯ KHANH

Trường đại học Sư phạm Hà Nội

Hiện nay, các giống lúa nương (lúa cạn) địa phương đang bị mất dần và được thay thế bởi các giống lúa lai cho năng suất cao. Tuy nhiên, ở một số địa phương vẫn còn sản xuất lúa nương bởi đây là những giống địa phương có chất lượng gạo cao và khả năng chống chịu tốt với điều kiện ngoại cảnh bất lợi. Cây lúa nương phân bố ở nhiều địa phương khác nhau trong cả nước, chủ yếu ở các tỉnh miền núi phía Bắc, vùng Duyên hải Trung Bộ và Tây Nguyên. Sự đa dạng của cây lúa không những biểu hiện ở các tính trạng hình thái, đặc điểm phả hệ mà còn biểu hiện ở các dữ liệu ADN trong cấu trúc hệ gien của chúng [5].

Cấu trúc ADN hệ gien không giống nhau giữa các giống lúa là cơ sở tạo ra sự khác nhau về các sản phẩm nhân bản bởi các môi trong phản ứng PCR. Nghiên cứu của Puji Lestari và cs (2009) đã xác định được 30 chỉ thị phân tử ADN từ kết quả sử dụng các kỹ thuật STSs, SNPs, SSRs với 22 giống lúa thuộc loài phụ *japonica*. Trong số 30 chỉ thị phân tử tìm thấy 18 chỉ thị liên kết với tính trạng chất lượng gạo, hệ số tương quan là $R = 0,99$ [7]. Williams và cs (1990) đã đề xuất phương pháp phân tích đa hình ADN bằng kỹ thuật PCR với các môi đơn có trình tự nucleotide tùy ý và ông đề nghị sự đa hình này gọi là chỉ thị RAPD (*Random Amplified polymorphic DNA*) [12]. Kỹ thuật RAPD ra đời cùng với các kỹ thuật phân tử khác như SSR, AFLP, SNP đã được ứng dụng rộng rãi trong phân tích tính đa hình trong hệ gien của cây trồng. Khi phân tích sự đa dạng di truyền của 40 giống lúa trông quan hệ với 5 giống lúa hoang dại bằng chỉ thị phân tử trong sự kết hợp 38 cặp môi SSR và 36 môi RAPD. Ravi và cs. (2003) nhận xét rằng, trong số 38 cặp môi SSR được sử dụng, chỉ có một locus đơn hình và

giá trị PIC là 0,578; đã thu được 499 chỉ thị phân tử RAPD với 90% phân đoạn ADN đa hình [8]. Rabbani và cs (2008) đã sử dụng kỹ thuật RAPD để phân tích tính đa hình di truyền của 40 giống lúa Pakistan và Nhật Bản với 25 môi ngẫu nhiên đã tạo ra 208 phân đoạn ADN được nhân bản, trong đó có 186 ứng với 89,4% phân đoạn đa hình Các giống lúa xếp thành 3 nhóm: thom, không thom và *Japonica* [9]. Các kết quả nghiên cứu của John và cs. (2007) [4], Shaptadvipa và cs. (2009) [10] cũng đã chỉ ra rằng RAPD là phương pháp đánh giá được sự đa dạng di truyền của cây lúa ở mức phân tử ADN và có thể thiết lập chỉ thị phân tử RAPD liên kết với các tính trạng liên quan đến chất lượng hạt gạo và các tính trạng khác của cây lúa. Các thông tin về tính đa dạng di truyền của cây lúa được tạo lập từ phân tích RAPD có thể được sử dụng cho các chương trình chọn giống và bảo tồn nguồn gien cây lúa. Ngoài ra, kỹ thuật RAPD còn được sử dụng để xác định sự sai khác về hệ gien của các dòng lúa chọn lọc từ mô sẹo chịu mất nước bằng công nghệ tế bào thực vật [11].

Trong bài báo này, chúng tôi trình bày kết quả phân tích tính đa dạng di truyền của 25 giống lúa nương địa phương ở miền núi phía Bắc, Việt Nam dựa trên chỉ thị phân tử RAPD kết hợp với sự đánh giá các tính trạng hình thái, khối lượng hạt của các giống lúa này.

I. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

1. Vật liệu

Sử dụng 25 giống lúa nương địa phương làm vật liệu nghiên cứu. Tên địa phương, kí hiệu của các giống lúa và địa điểm thu mẫu được thể hiện ở bảng 1.

2. Phương pháp

Phân loại loài phụ theo Chang (1976) [1], Oka (1958) [6]. Đánh giá các đặc điểm hình thái hạt được thực hiện theo IRR1 [3].

Tách chiết ADN tổng số theo phương pháp của Gawel và Jarret (1991) [2].

Phản ứng PCR được thực hiện với 20 mỗi RAPD (bảng 3). Mỗi phản ứng PCR có tổng thể tích là 20 μ l bao gồm: 1 μ l dung dịch ADN 10 ng/ μ l; 2 μ l buffer PCR 10X; 2 μ l $MgCl_2$ 25 mM; 1,2 μ l dNTPs 10 mM; 1,6 μ l primer 10 pmol/ μ l; 0,5 μ l *Taq* polymerase 1 u/ μ l và 11,7 μ l nước khử ion. Chu trình nhiệt của phản ứng là

1 chu kỳ 94°C trong 1 phút; 45 chu kỳ: 92°C trong 30 giây, 36°C trong 45 giây, 72°C trong 1 phút; 1 chu kỳ 72°C trong 10 phút và lưu giữ mẫu ở 4°C. Điện di sản phẩm RAPD trên gel agarose 2% trong đệm TAE 1X. Nhuộm gel bằng ethidium bromide và chụp ảnh.

Phân tích các số liệu bằng phần mềm NTSYSpc (USA, 1998) và Minitab 12. Xác định chỉ số đa dạng di truyền (genetic diversity index) trong cấu trúc ADN dựa trên các phân đoạn ADN được nhân bản (H_{RAPD}) theo công thức: $H_{RAPD} = 1 - \sum f_i^2$. Trong đó: H_{RAPD} là chỉ số đa dạng di truyền; f_i là tần suất lặp lại thứ i của mỗi chỉ thị phân tử.

Bảng 1

Danh sách các giống lúa nương nghiên cứu

STT	Kí hiệu	Tên địa phương	Nguồn gốc	Loài phụ
1	Bcc	Blào cô cả	Sơn La	<i>Japonica</i>
2	Bcs	Blào chinh sái	Hoà Bình	<i>Japonica</i>
3	Bct	Blào cong ton	Hoà Bình	<i>Japonica</i>
4	Bic	Biều chìm trí	Bắc Kạn	<i>Indica</i>
5	Blt	Blê tở	Lai Châu	<i>Japonica</i>
6	Blx	Ble xenh xi	Sơn La	<i>Indica</i>
7	Bsn	Blào sa ngay	Sơn La	<i>Japonica</i>
8	Gb	Giăng bau	Quảng Ninh	<i>Japonica</i>
9	Kk	Khẩu kén	Cao Bằng	<i>Indica</i>
10	Kld	Khẩu lấy deng	Cao Bằng	<i>Indica</i>
11	Klk	Khẩu lấy khao	Cao Bằng	<i>Indica</i>
12	Km	Khẩu mô	Sơn La	<i>Indica</i>
13	Kn	Khẩu ghé	Tuyên Quang	<i>Japonica</i>
14	Kp	Khẩu pe	Sơn La	<i>Indica</i>
15	Kpl	Khẩu pe lạnh	Sơn La	<i>Indica</i>
16	Kt	Khẩu thên	Bắc Kạn	<i>Japonica</i>
17	Kx	Khẩu xe	Sơn La	<i>Indica</i>
18	Ln	Lúa nương	Hà Giang	<i>Japonica</i>
19	Lo	Lúa ổi	Hoà Bình	<i>Japonica</i>
20	Ltn	Lúa tẻ nương	Hà Giang	<i>Japonica</i>
21	Md	Mồ dầm	Bắc Kạn	<i>Japonica</i>
22	Mt	Mộ trắng	Lào Cai	<i>Indica</i>
23	Nn	Nếp nương	Hoà Bình	<i>Japonica</i>
24	Nro	Ngọ rí ợ	Lai Châu	<i>Japonica</i>
25	Ss	Soam sí	Tuyên Quang	<i>Japonica</i>

II. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

1. Đánh giá sự đa dạng của các giống lúa nương dựa trên các tính trạng hình thái,

khối lượng hạt

Chúng tôi tiến hành đánh giá sự đa dạng của 25 giống lúa nương địa phương có nguồn gốc từ

9 tỉnh thuộc khu vực miền núi phía Bắc, Việt Nam. Kết quả phân loại các giống lúa nương cho thấy, các giống lúa thuộc loài phụ *Japonica* chiếm tỷ lệ cao hơn (60%) và chỉ có 40% các giống lúa thuộc loài phụ *Indica* (bảng 1).

Bảng 2 trình bày một số tham số thống kê về kích thước và khối lượng hạt thóc. Các tính trạng kích thước và khối lượng 100 hạt của các giống lúa nghiên cứu đều có sự đa dạng cao thể hiện ở sự biến động lớn của các tính trạng, trong

đó khối lượng 100 hạt có hệ số biến động cao nhất 24,93%, thấp nhất là chiều dài hạt thóc có hệ số biến động là 10,80%.

Các giống lúa nương địa phương có chiều dài hạt rất dài, dao động trong khoảng từ 7,54 mm đến 10,40 mm. Xét về hình dạng hạt theo tỷ lệ D/R thì có hai dạng hạt: trung bình và thon, đây cũng là dạng hạt được người tiêu dùng ưa chuộng; xét về khối lượng 100 hạt thì các giống lúa có ba kiểu hạt: hạt nhỏ, hạt trung bình và hạt to.

Bảng 2

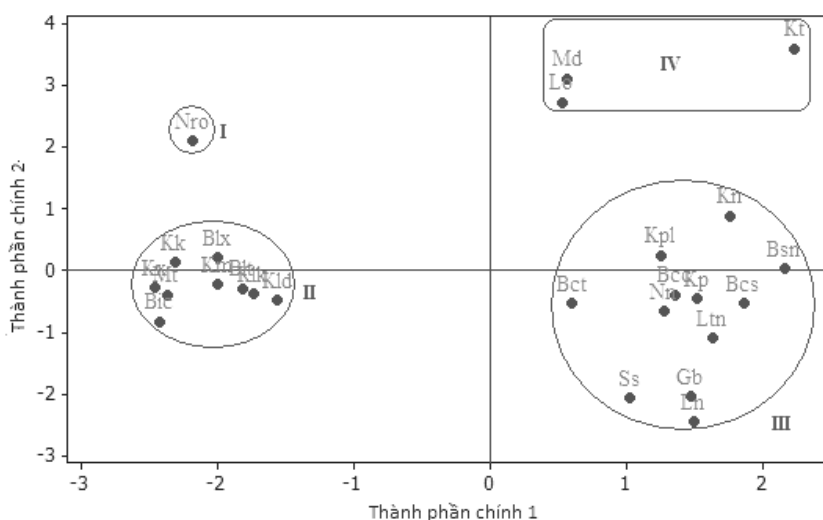
Tham số thống kê về kích thước và khối lượng hạt thóc

	Trung bình	Độ lệch chuẩn	Hệ số biến động (%)
Dài hạt thóc (mm)	8,81	0,87	10,80
Rộng hạt thóc (mm)	3,23	0,23	14,79
Tỷ lệ dài/rộng hạt thóc	2,74	0,34	21,32
Khối lượng 100 hạt thóc (g)	2,58	0,41	24,93

Dựa trên sự biến động của 10 tính trạng hạt (chiều dài hạt, chiều rộng hạt, tỷ lệ dài/rộng hạt, khối lượng 100 hạt, râu đầu hạt, màu râu, màu vỏ trấu, màu vỏ lụa, độ bạc bụng hạt gạo, dạng nội nhũ) và nhóm loài, bằng phần mềm Minitab12 chúng tôi đã tiến hành phân tích thành phần chính của đặc điểm hạt của các giống lúa nương địa phương. Kết quả cho thấy, thành phần chính 1 đại diện cho các tính trạng theo thứ tự ưu tiên là khối lượng 100 hạt, chiều dài hạt và tỷ lệ dài/rộng hạt. Thành phần chính 1 có vai trò quyết định trong việc phân nhóm các

giống lúa thành hai nhóm; một nhóm gồm các giống có hạt nhỏ và một nhóm có dạng hạt lớn hơn (hạt trung bình và hạt to). Thành phần chính 2 đại diện cho chiều rộng hạt thóc để phân biệt các nhóm giống. Các giống lúa được chia thành hai nhóm, một nhóm có chiều rộng hạt nhỏ hơn 3,3 mm gồm đa số các giống lúa nghiên cứu, chiếm 84%, chỉ có 4 giống (Nro, Lo, Md và Kt) thuộc nhóm hạt có chiều rộng lớn hơn 3,5 mm.

Kết hợp kết quả phân nhóm của thành phần chính 1 và thành phần chính 2 được trình bày ở sơ đồ phân bố của các giống lúa trong hình 1.



Hình 1. Sơ đồ phân bố của các giống lúa dựa trên phân tích thành phần chính của các tính trạng hạt và nhóm loài

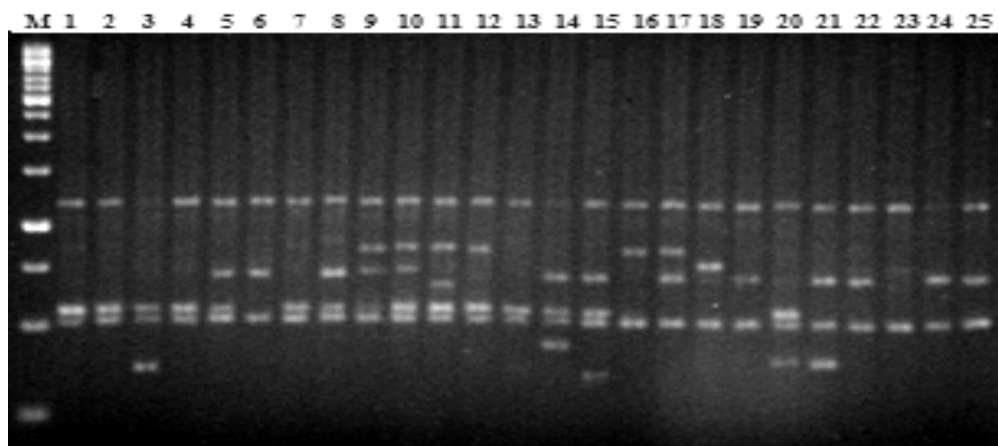
Trong 10 tính trạng hạt và nhóm loài thì hai tính trạng có trọng số lớn nhất là khối lượng 100 hạt và chiều rộng hạt và vì vậy sơ đồ hình 1 cho thấy các giống lúa phân bố theo 4 nhóm (I, II, III, IV) khác nhau về đặc điểm của hạt. Nhóm I (Nro) có hạt nhỏ - rộng, nhóm II (Bic, Blt, Blx,

Kk, Blx, Kld, Klk, Km, Kx, Mt) là dạng hạt nhỏ - hẹp (36%), nhóm III (Bcc, Bcs, Bct, Bsn, Gb, Kn, Kp, Kpl, Ln, Ltn, Nn, Ss) có dạng hạt to và trung bình - hẹp, chiếm tỷ lệ lớn nhất (48%) và nhóm IV (Kt, Lo, Md) có dạng hạt to - rộng.

Bảng 3

Trình tự mỗi RAPD

S TT	Mồi	Trình tự (5'-3')	Tổng số phân đoạn ADN được nhân bản	Tỷ lệ phân đoạn ADN đa hình (%)	Tỷ lệ phân đoạn ADN đơn hình (%)
1	M1	AACCGACGGG	15	66,67	33,33
2	M2	GGGGGTCGTT	10	60,00	40,00
3	M3	TACCACCCCG	6	50,00	50,00
4	M4	GGCGGACTGT	12	58,33	41,67
5	M5	TCGGCGATAG	9	88,89	11,11
6	M6	GTGTCTCAGG	11	100,00	0,00
7	M7	CAGCACCCAC	14	57,14	42,86
8	M8	GGAAGTCGCC	8	62,50	37,50
9	M9	CCTCCAGTGT	8	88,89	11,11
10	M10	CTATGCCGAC	5	40,00	60,00
11	M11	CGGCCACGT	2	0,00	100,00
12	M12	AACGCGTAGA	0	0,00	0,00
13	M13	GCCACGGAGA	9	100,00	0,00
14	M14	TAGGCGAACG	4	25,00	75,00
15	M15	CACGGCTGCG	5	40,00	60,00
16	M16	GTATGGGGCT	8	87,50	12,50
17	M17	GCGAACCTCG	7	85,71	14,29
18	M19	CCTGCTCATC	7	85,71	14,29
19	M20	GACAGGAGGT	10	90,00	10,00
20	TRA4	CACCGTAGCG	9	28,57	71,43



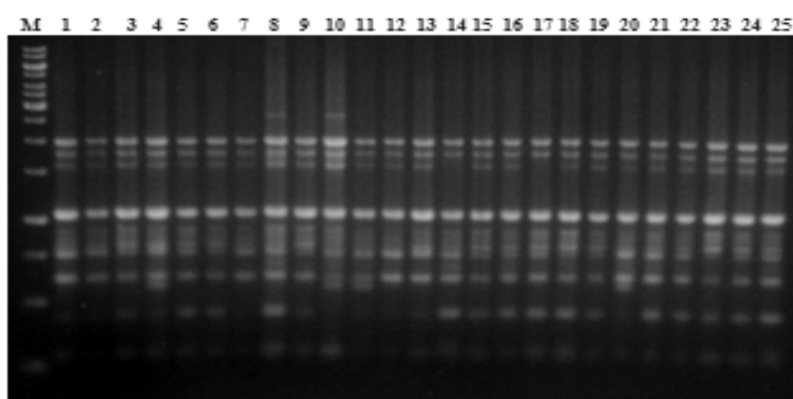
Hình 2. Hình ảnh điện di sản phẩm RAPD với mồi M20

Ghi chú: M-marker; 1. Mt; 2. Klk; 3. Kk; 4. Blt; 5. Ln; 6. Bcc; 7. Km; 8. Ltn; 9. Blx; 10. Kp; 11. Kpl; 12. Kx; 13. Kld; 14. Nn; 15. Nro; 16. Lo; 17. Bct; 18. Bcs; 19. Kt; 20. Bic; 21. Ss; 22. Kn; 23. Md; 24. Bsn; 25. Gb.

2. Sự đa dạng di truyền của các giống lúa nương ở mức độ phân tử ADN dựa trên kết quả phân tích RAPD

Sau khi thực hiện phản ứng PCR-RAPD, sản phẩm được điện di trên gel agarose để phân tích sự đa hình ADN của các giống lúa nghiên cứu. Với 25 giống lúa và 20 môi ngẫu nhiên, số phản ứng mà chúng tôi đã thực hiện là 500 phản ứng và tổng cộng có 2431 phân đoạn ADN được nhân bản. Kết quả thống kê số phân đoạn ADN đơn hình và đa hình của từng môi được thể hiện

ở bảng 3. Bảng 3 cho thấy, trong 20 môi RAPD sử dụng phân tích tính đa hình của 25 giống lúa thì mỗi M12 không có phân đoạn ADN nào được nhân bản, các môi còn lại đều có số lượng phân đoạn ADN dao động từ 2 đến 15. Mỗi M6 và M13 có tỷ lệ phân đoạn ADN đa hình là cao nhất (100%), mỗi M11 không xuất hiện phân đoạn đa hình và cũng là môi có số lượng phân đoạn ADN được nhân bản ít nhất. Chỉ số đa dạng di truyền (H_{RAPD}) xác định dựa trên các phân đoạn ADN được nhân bản trong phản ứng RAPD ở 158 locus là 47,46%.

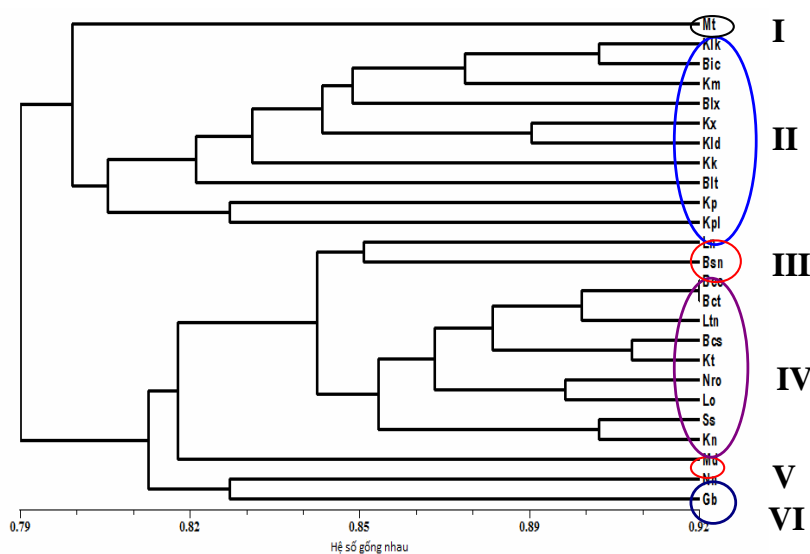


Hình 3. Hình ảnh điện di sản phẩm RAPD với môi M7

Ghi chú: M- marker, 1- Mt, 2- Klk, 3- Kk, 4- Blt, 5- Ln, 6- Bcc, 7- Km, 8- Ltn, 9- Blx, 10- Kp, 11- Kpl, 12- Kx, 13- Kld, 14- Nn, 15- Nro, 16- Lo, 17- Bct, 18- Bcs, 19- Kt, 20- Bic, 21- Ss, 22- Kn, 23- Md, 24- Bsn, 25- Gb.

Dựa trên kết quả phân tích đa hình ADN, chúng tôi đã xác định mối quan hệ và khoảng cách di truyền của các giống lúa nghiên cứu

(hình 4). Hình 4 cho thấy, các giống lúa được chia làm hai nhánh chính với khoảng cách di truyền là 21% (79-100%).



Hình 4. Sơ đồ hình cây mô tả mối quan hệ di truyền của 25 giống lúa nương trên cơ sở xác định hệ số giống nhau

Nhánh chính thứ nhất tập trung các giống thuộc loài phụ *Indica*, chỉ có Blt là giống thuộc loài phụ *Japonica*. Nhánh này chia làm hai nhóm I và II. Nhóm I chỉ có một giống Mt, nhóm II gồm 10 giống (Klk, Bic, Km, Blx, Kx, Kld, Kk, Blt, Kp, Kpl), hai nhóm I và II có khoảng cách di truyền là 20% (80-100%).

Nhánh chính thứ hai gồm 14 giống đều thuộc loài phụ *Japonica*. Nhánh này gồm nhánh phụ thứ nhất có 3 nhóm: nhóm III gồm hai giống Ln và Bsn, nhóm IV gồm 9 giống (Bcc, Bct, Ltn, Bcs, Kt, Nro, Lo, Ss, Kn), trong đó hai giống lúa Bcc và Bct có khoảng cách di truyền thấp nhất (8%); nhóm V chỉ có giống Md. Nhánh phụ thứ hai có hai giống Gb và Nn, có khoảng cách di truyền với nhánh phụ thứ nhất là 18,75% (81,25-100%).

Kết quả nghiên cứu về sự thay đổi cấu trúc hệ gien giữa các quần thể lúa đại *Oryza rufipogon* ở Trung Quốc và Brazil ở mức độ phân tử ADN bằng kỹ thuật RAPD với 60 mẫu ngẫu nhiên, Song và cs. (1999) cho rằng, các giống lúa ở cùng khu vực thì có hệ số đa dạng di

truyền thường thấp hơn (khoảng 14,9-23%) so với những giống ở những châu lục khác nhau (đạt 61,8%) [8]. Các giống lúa nương mà chúng tôi phân tích có cùng nguồn gốc thuộc các địa phương miền núi phía Bắc Việt Nam, có khoảng cách di truyền từ 8-21% hoàn toàn phù hợp với nhận định của Song và cs.

Bảng 5 trình bày các chỉ thị phân tử RAPD cho một số giống lúa nương. Các giống lúa Bcs, Gb, Kn, Ln, Md, Mt, Nn thuộc nhóm chịu hạn tốt. Giống Bcs có hai chỉ thị phân tử 800 bp - M20 và 550 - M5, giống Gb có hai chỉ thị 900 bp - M3 và 1500 bp - M15, giống Kn có một chỉ thị 400 bp - M6, giống Ln có một chỉ thị 750 bp - M17, giống Md có hai chỉ thị 500 bp - M3 và 1100 bp - M6, giống Mt có một chỉ thị 1400 bp - M1, giống Nn có một chỉ thị 350 bp - M20.

Các giống Blx, Kk, Km, Kpl, Nro thuộc nhóm chịu hạn kém. Giống Blx có một chỉ thị 350 bp - M16, giống Kk có chỉ thị 1250 bp - M9 và 900 bp - M9, giống Km có chỉ thị 400 bp - M5, 650 bp - M5 và 1300 bp - M5, giống Kpl có hai chỉ thị 900 bp - M13 và 650 bp - M20.

Bảng 5

Các phân đoạn ADN đặc trưng của các giống lúa nương với các môi

Giống	Vị trí phân đoạn ADN đặc trưng của từng môi (bp)									
	M1	M3	M5	M6	M9	M13	M15	M16	M17	M20
Bcs	-	-	550	-	-	-	-	-	-	800
Blx	-	-	-	-	-	-	-	350	-	-
Gb	-	900	-	-	-	-	1500	-	-	-
Kk	-	-	-	-	1250; 900	-	-	-	-	-
Km	-	-	400; 650; 1300	-	-	-	-	-	-	-
Kn	-	-	-	400	-	-	-	-	-	-
Kpl	-	-	-	-	-	900	-	-	-	650
Ln	-	-	-	-	-	-	-	-	750	-
Md	-	500	-	1100	-	-	-	-	-	-
Mt	1400	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nn	-	-	-	-	-	-	-	-	-	450
Nro	-	-	-	-	-	-	-	-	-	350

Khả năng chịu hạn của cây lúa là tính trạng đa gien và thực tế có nhiều gien liên quan đến đặc tính chịu hạn. Kết quả so sánh các phân đoạn ADN đặc trưng của các giống lúa giữa hai nhóm chịu hạn tốt và chịu hạn kém có thể là cơ sở để nhận dạng các giống lúa nương nghiên cứu.

III. KẾT LUẬN

Đã sưu tập được 25 giống lúa nương từ 9 tỉnh miền núi thuộc miền Bắc, Việt Nam, trong đó có 15 giống lúa thuộc loài phụ *Japonica* và 10 giống lúa thuộc loài phụ *Indica*. Khối lượng 100 hạt có sự đa dạng nhất trong số các tính trạng nghiên cứu, dao động từ 1,91 g đến 3,44 g và hệ số biến động là 24,93%. Các giống lúa nương được chia thành bốn nhóm (hạt nhỏ -

rộng, hạt nhỏ - hẹp, hạt to và trung bình - hẹp, hạt to - rộng) dựa trên hai tính trạng có trọng số lớn là khối lượng 100 hạt và chiều rộng hạt.

Đã sàng lọc 20 mỗi ngẫu nhiên trong 500 phản ứng RAPD đối với 25 giống lúa nương kết quả có 2431 phân đoạn ADN được nhân bản. Chỉ số đa dạng di truyền (H_{RAPD}) ở 158 locus là 47,46%. Sơ đồ hình cây thể hiện mối quan hệ di truyền của 25 giống lúa nương, khoảng cách di truyền (hệ số khác nhau) giữa các giống lúa nương là 8% đến 21%. 19 chỉ thị phân tử RAPD cho 12 trong số 25 giống lúa nương đã được thiết lập.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Chang T. T.**, 1976: Euphytica, 25: 422-441.
2. **Gawel N. J.** and **Jarret R. L.**, 1991: Plant Molecular Biology Reporter, 9: 262-266.
3. **IRRI.**, 1996: Hệ thống tiêu chuẩn đánh giá nguồn gien lúa. Viện nghiên cứu lúa quốc tế, Malina, Philippin.
4. **John Milton Lima et al.**, 2007: Crop Protection, 26(9): 1431-1435.
5. **Jorge Luis Fuentes et al.**, 2005: Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, 3: 353-359.
6. **Oka H. I.**, 1958: Indian Journal of Genetic Plant Breed, 18: 79-89.
7. **Puji Lestari et al.**, 2009: J. Agric. Food chem., 57: 2754-2762.
8. **Ravi M. Geethanjali S. et al.**, 2003: Euphytica, 133(2): 243-252.
9. **Rabbani A. M. et al.**, 2008: Electronic Journal of Biotechnology, 11(3).
10. **Shaptadvipa B.** and **Sarma R. N.**, 2009: Asian Journal of Plant Sciences, 8(3): 218-223.
11. **Nguyễn Thị Tâm**, 2004: Nghiên cứu khả năng chịu nóng và chọn dòng chịu nóng ở lúa bằng công nghệ tế bào thực vật. Luận án Tiến sỹ Sinh học. Viện Công nghệ sinh học, Hà Nội.
12. **Williams J. G. K. et al.**, 1990: Nucleic Acids research, 18(22): 6531-6535.

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF LOCAL UPLAND RICE CULTIVARS (*ORYZA SATIVA* L.) FROM NORTH PROVINCES OF VIETNAM

NGUYEN THI NGOC LAN, NGUYEN VU THANH THANH,
CHU HOANG MAU, NGUYEN NHU KHANH

SUMMARY

Genetic diversity of twenty five local upland rice cultivars (*Oryza sativa* L.) from 9 provinces of North in Vietnam was investigated at the morphologic grain characters and DNA levels. Results on classification of variety group of 25 local upland rice varieties indicated that there are fifteen *Japonica* subspecies and ten *Indica* subspecies. Analyzing principle components of ten grain characters include grain length, grain width, grain length/width ratio, 100-grain weight, awning, awn color, lemma and palea color, coat seed color, chalkiness of endosperm, endosperm type and variety group showed that the 100-grain weight and grain width were two main characters separated cultivars into four groups: small-large seeds, small-narrow seeds, big - narrow seeds, big - large seeds. To determine the genetic relationships among rice cultivars, we used the randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) method. In the total five hundred of the polymerase chain reaction (PCR) with twenty random primers, 2431 DNA fragments were produced and genetic diversity index (H_{RAPD}) was 47.46%. The coefficients of dissimilarity among upland rice cultivars were calculated between 8-21%.

Ngày nhận bài: 14-11-2009