

PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN PHÂN TỬ, CÁC ĐẶC TÍNH NÔNG SINH HỌC VÀ TÍNH KHÁNG BỆNH XANH LÙN Ở MỘT SỐ GIỐNG BÔNG VẢI TRONG NƯỚC VÀ NHẬP NỘI

Nguyễn Thị Minh Nguyệt¹, Phạm Anh Tuấn¹, Phạm Thị Hoa¹, Nguyễn Thị Tân Phương¹, Lê Tuấn Nghĩa¹, Nguyễn Thị Lan Hoa³, Đặng Minh Tâm², Trịnh Minh Hợp², Nguyễn Văn Chánh², Nguyễn Thị Thanh Bình², Nguyễn Duy Bảy⁴, Nguyễn Thị Thanh Thủy¹

¹Viện Di truyền nông nghiệp

²Viện Nghiên cứu Bông và Phát triển nông nghiệp Nha Hồ

³Trường Đại học Nông nghiệp Hà Nội

⁴Trường Đại học Kỹ thuật Texas, Hoa Kỳ

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, 49 giống bông địa phương và nhập nội có triển vọng đại diện cho 3 nhóm bông Luồi (*Gossypium hirsutum* L.), bông Hải đảo (*Gossypium barbadense* L.), bông Cò (*Gossypium arboreum* L.) được đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị phân tử SSR, đánh giá các đặc tính nông sinh học và tính kháng bệnh xanh lùn. Phân tích đa dạng di truyền 49 giống bông nghiên cứu với 50 cặp mỗi SSR đã thu được 128 allele. Hệ số tương đồng di truyền nằm trong khoảng 0,48 đến 0,97 với mức trung bình là 0,8 đã cho thấy có sự đa hình di truyền trong các mẫu bông nghiên cứu. Đa dạng di truyền quan sát được trong nhóm các giống bông Luồi cao hơn ở 2 nhóm giống bông Hải đảo và bông Cò. Phân tích sơ đồ hình cây cho thấy, ở mức độ tương đồng di truyền 67%, các giống bông nghiên cứu đã phân rõ thành 3 nhóm: Nhóm 1 gồm 16 giống bông Hải đảo, nhóm 2 gồm 21 giống bông Luồi, nhóm 3 gồm 12 giống bông Cò. Kết quả phân nhóm này phù hợp với những nghiên cứu phân loại truyền thống trước đây về các giống bông nghiên cứu. Những phân tích về các đặc tính nông sinh học cho thấy nhóm bông Luồi có năng suất cao hơn hẳn 2 nhóm bông Hải đảo và bông Cò, nhưng về chất lượng xơ bông lại thấp hơn nhiều so với nhóm bông Hải đảo. Kết quả đánh giá tính kháng bệnh xanh lùn cho thấy 100% các giống bông thuộc nhóm bông Luồi và Hải đảo đều cho phản ứng nhiễm với bệnh xanh lùn. Ở nhóm bông Cò, chỉ có duy nhất giống bông Cò Nghệ An và 4 dòng từ giống này cho biểu hiện kháng với bệnh xanh lùn. Những kết quả này sẽ cung cấp thông tin giúp cho việc xác định dòng/giống bố mẹ thích hợp để lập quần thể, phục vụ cho mục đích lập bản đồ gen kháng bệnh xanh lùn ở bông.

Từ khóa: Bệnh xanh lùn hại bông, bông, chỉ thị SSR, đa dạng di truyền, đặc điểm nông sinh học

MỞ ĐẦU

Bông vải là loại cây trồng lấy sợi tự nhiên hàng đầu và quan trọng nhất trên thế giới. Theo thống kê của Sở Nông nghiệp Quốc tế thuộc Bộ Nông nghiệp Mỹ, diện tích và sản lượng bông vải thế giới năm 2007 là 33,26 triệu ha và 119,31 triệu kiện bông xơ (<http://www.fas.usda.gov>). Tuy nhiên, sản lượng bông vải hàng năm phụ thuộc vào nhiều yếu tố khác nhau, trong đó sâu bệnh và giống là hai yếu tố có ảnh hưởng lớn nhất. Hiện nay, đã có hơn 20 loại bệnh hại bông do virus gây ra được công bố, trong đó bệnh xanh lùn hay còn gọi là bệnh xanh lá (cotton blue disease) là loại bệnh xuất hiện từ sớm và gây hại nghiêm trọng cho sản xuất bông (Correae *et al.*, 2005). Bệnh đã xuất hiện và làm giảm sản lượng bông đáng kể ở khá nhiều nước trên thế giới, và cũng chính là loại bệnh gây hại lớn nhất cho cây bông ở

nước ta hiện nay.

Theo dự kiến của chính phủ đề ra, đến năm 2010, nông nghiệp nước ta phải đáp ứng được 20% sản lượng bông xơ, mở rộng diện tích trồng bông lên 0,5 triệu ha (Bộ Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn, 2003). Nhưng chính vì những hạn chế do giá bông không ổn định, năng suất, chất lượng bông thu hoạch thấp do sâu bệnh, chưa có giống kháng, chi phí sản xuất cao dẫn đến thua lỗ đã không khuyến khích được việc mở rộng diện tích trồng bông, cũng như tăng sản lượng bông trong nước.

Sự lựa chọn tối ưu nhất cho công tác quản lý bệnh cây và hạn chế ô nhiễm môi trường do dùng thuốc hóa học hiện nay chính là việc sử dụng giống kháng bệnh. Nhờ sự tiến bộ của công nghệ sinh học, các nhà khoa học đã dễ dàng chuyển nạp các gen kháng vào các giống mới cho năng suất chất

lượng tốt, kháng sâu bệnh, kháng thuốc diệt cỏ, giảm thiểu chi phí sản xuất và tăng thu nhập cho người trồng bông. Tuy nhiên, hiện nay vẫn chưa có nhiều công trình nghiên cứu về tính kháng bệnh xanh lùn ở bông. Vì vậy, nghiên cứu này đã thu thập các giống bông vải địa phương và nhập nội để tiến hành đánh giá khả năng kháng/nhiễm bệnh xanh lùn qua chỉ tiêu hình thái, đồng thời nghiên cứu sự đa dạng di truyền của các giống bông bằng chỉ thị phân tử nhằm mục đích xác định nguồn gen kháng bệnh xanh lùn để lai tạo quần thể con lai phục vụ cho những nghiên cứu về lập bản đồ phân tử gen kháng bệnh xanh lùn và chọn tạo giống bông kháng bệnh.

VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Vật liệu nghiên cứu

Bốn mươi chín giống bông địa phương và nhập nội, trong đó: 21 giống bông Luôi có nguồn gốc từ Việt Nam, Trung Quốc, Úc, Brazil, Mỹ, Ấn Độ; 16 giống bông Hải đảo từ các nước Peru, Tuốc-me-ni, Ai Cập, Việt Nam; 12 giống bông Cò chọn lọc từ các nước Việt Nam, Ấn Độ, Nga (Bảng 1).

Năm mươi cặp mỗi SSR đặc hiệu của bông thuộc 3 nhóm mỗi BNL (Brookhaven National Laboratory); CIR (CIRAD); NAU (Nanjing Agricultural University, Trung Quốc). Đây là các mồi được thiết kế dựa trên trình tự nucleic acid của genome cây bông và đã được sử dụng trong lập bản đồ trên nhiều quần thể bông khác nhau (Cotton Marker Database: <http://www.cottonmarker.org>; Cotton Genome Database: <http://cottondb.org>).

Phương pháp nghiên cứu

Phương pháp phân tích đa hình di truyền bằng chỉ thị phân tử SSR

Phương pháp tách chiết DNA tổng số

DNA lá bông được tách chiết và tinh sạch theo phương pháp CTAB của Doyle và Doyle (1987) có cải tiến.

Kỹ thuật SSR

Phản ứng PCR được tiến hành trên máy chu kỳ nhiệt (Mastercycler Eppendorf AG 22331) trong

tổng dung dịch phản ứng là 15 μ l bao gồm 50 ng DNA tổng số, 0,15 μ M mỗi, 0,2 mM dNTPs, 1X dịch đệm PCR, 2,5 mM $MgCl_2$ và 0,5 đơn vị Tag TaKaRa. Điều kiện phản ứng PCR như sau: 7 phút: 95°C; 40 chu kỳ của: 15 giây: 94°C, 30 giây 55°C, 2 phút: 72°C; và bước cuối cùng - 30 phút: 72°C. Sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose SFR 3,5% (Liu *et al.*, 2005).

Phân tích đa hình di truyền

Các băng DNA được nhập vào chương trình Excel theo quy tắc: hiện băng đánh số 1, không hiện băng đánh số 0. Số liệu nghiên cứu được phân tích bằng chương trình NTSYS pc2.1 để xây dựng ma trận tương đồng biểu hiện cho mối quan hệ gần xa về mặt di truyền và sơ đồ hình cây biểu diễn mối liên kết di truyền giữa các mẫu nghiên cứu.

Đánh giá tính kháng bệnh xanh lùn của các giống bông

Các giống bông vải được gieo trồng với ba lần nhắc lại và được bố trí theo phương pháp ngẫu nhiên. Tính kháng/nhiễm của các giống bông được đánh giá bằng phương pháp lây nhiễm nhân tạo tại giai đoạn cây con 10 ngày tuổi. Lây nhiễm lần 1 bằng cách sử dụng tác nhân gây bệnh là rệp trên cây bị bệnh với mật độ 15 - 25 con/cây. Sau 48 h phun thuốc diệt rệp. Lây nhiễm lần 2 cho các cây chưa bị bệnh ở giai đoạn 40 ngày tuổi bằng cách ghép áp với cây bị bệnh. Rệp mang mầm bệnh xanh lùn được phân lập và nuôi từ nguồn rệp bệnh lưu giữ của Viện Nghiên cứu Bông và Phát triển nông nghiệp Nha Hồ. Tỷ lệ và chỉ số nhiễm bệnh được đánh giá theo thang 3 cấp (Cauquil, Vaissayre, 1971): Cấp 1: Lá cong nhẹ, hơi phồng; Cấp 2: lá cong nhiều và phồng; Cấp 3: lá cong nhiều và các đốt ngắn lại. Tuy nhiên, đánh giá kết quả cuối cùng được đưa về hai mức sau: cây kháng là cây hoàn toàn không bị nhiễm bệnh, các cây nhiễm bệnh cấp 1, cấp 2 và cấp 3 đều được coi là cây nhiễm bệnh.

Đánh giá các đặc điểm nông sinh học chính của các giống bông

Các giống bông được gieo trồng và theo dõi theo các chỉ tiêu theo quy trình chung của ngành bông:

- Diện tích ô thí nghiệm: 6 m²/giống.
- Diện tích bảo vệ: 100 m².
- Tổng diện tích thí nghiệm: 400 m².

Bảng 1. Mã số tập đoàn, tên và nguồn gốc của các dòng/giống bông thu thập.

TT	Ký hiệu	Tên giống	Nguồn gốc	TT	Ký hiệu	Tên giống	Nguồn gốc
BÔNG LUÌ				25	HD24	Carna K 10-38	Pêru
1	L19	L.36	Việt Nam	26	HD26	Tanguis CIICR 128-68	Pêru
2	L95	Lương Sơn	Việt Nam	27	HD30	64-85	Pêru
3	L111	8 Tây Bắc	Việt Nam	28	HD45	Au 143b	Tuốc mê ni
4	L131	Bắc Bình	Việt Nam	29	HD48	Au 173b	Tuốc mê ni
5	L134	Phú Quý	Việt Nam	30	HD126	85-2-153	Ai Cập
6	L747	Phú Yên	Việt Nam	31	HD 128	85-3-193	Ai Cập
7	L749	Nghệ An 2	Việt Nam	32	HD141	Gviza 45	AGY
8	L751	Ba Tri	Việt Nam	33	HD 147	Giza 75	REN
9	L1887	L. Mai Châu HSB	Việt Nam	34	HD 148	Pima S6	ZAF
10	L1208	D16-2	VN/Nicaragua	35	HD 151	Givza 76	EGY
11	L1232	C118	Việt Nam	36	HD 157	Không tên	Ai Cập
12	D.99-4	D.99-4	Trung Quốc	37	HD 158	HĐĐP - Quảng Nam	Việt Nam
13	D20-22	D20-22	Trung Quốc	BÔNG CỎ			
14	L1877	Bông không xơ	Úc	38	BC3	Cỏ Hà Sơn Bình	Việt Nam
15	L1886	BolIII	Braxin	39	BC6	Cỏ Nghệ An	Việt Nam
16	D97-1	DK97-1	Mỹ	40	BC15	AK-235	Ấn độ
17	LRA5166	LRA5166	Ấn Độ	41	BC34	B2III4	Ấn độ
18	TL00-34	TL00-34	Chọn lọc VN	42	BC35	B2IV10	Ấn độ
19	L1247	BHH	Ấn Độ	43	BC46	Ava	Liên Xô
20	KS02-63	KS02-63	Chọn lọc VN	44	BC75	B10	Ấn độ
21	VN36PKS	VN36PKS	Chọn lọc VN	45	BC76	91-L1-2	Ấn độ
BÔNG HẢI ĐÀO				46	BC78	91-B-36	Ấn độ
22	HD18	BUP6730	Pêru	47	BC79	BAA (bar x arb)	Ấn độ
23	HD 21	Không tên	Pêru	48	BC82	BAA (bar x arb)	Ấn độ
24	HD 22	CNH-339-67	Pêru	49	BC101	Không tên	Ấn độ

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Đa dạng di truyền các giống bông vải bằng chỉ thị phân tử SSR

Mẫu lá non 1 tuần tuổi đã được thu thập và tiến hành tách chiết DNA tổng số theo phương pháp CTAB có cải tiến. Từ 49 mẫu giống bông đã thu được 49 mẫu DNA có chất lượng tốt với nồng độ 100 ng/μl.

DNA tổng số của 49 giống bông vải sau khi tinh sạch được sử dụng để tiến hành làm phản ứng PCR với 50 chỉ thị phân tử SSR. Hình 1 là ảnh gel minh họa đa hình DNA giữa một số giống bông vải nghiên cứu. Tuy nhiên, đối với hệ gen cây bông, việc xác định được những locus SSR cho các allele đa hình là tương đối khó khăn, chính vì vậy, trong số 50 cặp mỗi năm rải rác trên 45 nhóm liên kết của hệ gen bông vải đã nghiên cứu, chỉ có 27 cặp mỗi cho kết quả đa hình, chiếm tỷ lệ 54% và tổng số allele thu

được sau khi phân tích 50 cặp mỗi là 128. Số liệu phân tích SSR được đánh giá, nhập vào chương trình Excel và xử lý bằng phần mềm NTSYS pc2.1 để phân tích mức độ tương đồng di truyền và khoảng cách di truyền giữa các giống bông nghiên cứu.

Kết quả phân tích từ ma trận tương đồng di truyền đã cho thấy độ tương đồng di truyền giữa các cặp giống bông nằm trong khoảng từ 0,48 đến 0,97. Bên cạnh đó, các cặp giống xa nhau nhất về di truyền (có độ tương đồng di truyền 48%) chủ yếu là những cặp bông Luồi - bông Hải đảo.

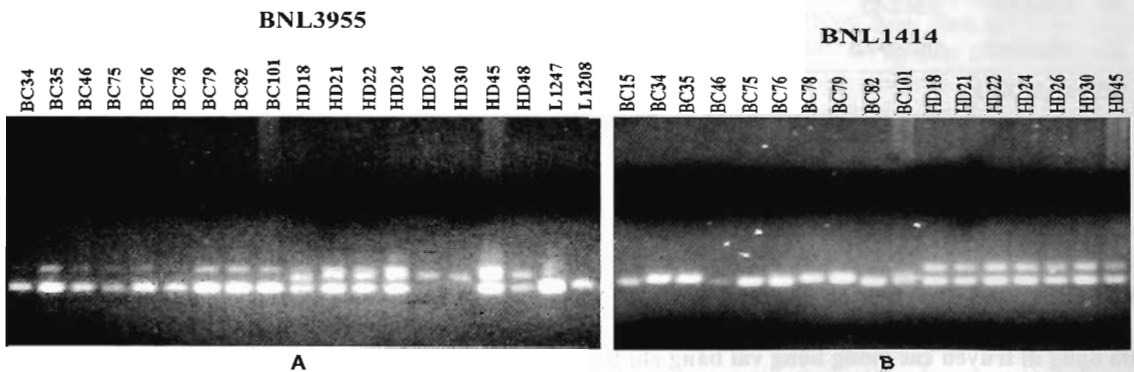
Sơ đồ hình cây (Hình 2) đã minh họa mối liên kết di truyền giữa 49 giống bông nghiên cứu. Ở mức độ tương đồng di truyền 67%, các giống bông nghiên cứu đã phân rõ thành 3 nhóm: Nhóm 1 gồm 16 giống bông Hải đảo, nhóm 2 gồm 21 giống bông Luồi, nhóm 3 gồm 12 giống bông Cò. Quan sát sơ đồ hình cây có thể nhận thấy, độ tương đồng di truyền của nhóm 1 (các giống bông Hải đảo) với 2 nhóm bông còn lại là khá thấp, chỉ khoảng 59%, trong khi 2 nhóm bông Luồi và bông Cò gần nhau hơn về mặt di truyền, với độ tương đồng di truyền khoảng 67%. Kết quả cũng cho thấy các giống bông trong từng nhóm phân loại có độ tương đồng di truyền khá cao, trên 84%.

Zhang và đồng tác giả (2005) đã sử dụng 88 cặp mỗi SSR để phân tích đa dạng di truyền của 24 giống bông và thu được 177 SSRs, hệ số tương đồng di truyền giữa 24 kiểu gen nằm trong khoảng từ 0,694 đến 0,936, với giá trị trung bình là 0,772. Trong

nghiên cứu này, kết quả phân tích độ tương đồng di truyền giữa 49 giống bông nằm trong khoảng từ 0,48 đến 0,97 với giá trị trung bình là 0,8.

Trong một số nghiên cứu khác, đa dạng di truyền bằng chỉ thị phân tử được xác định giữa các giống bông Úc là từ 1 - 8% (Multani, Lyon, 1995) và từ 2 - 7% giữa 10 giống bông có nguồn gốc từ Mỹ (Lu, Myers, 2002). Tuy nhiên, Gutierrez và đồng tác giả (2002) đã xác định khoảng cách di truyền cao từ 10 - 22% của 5 giống bông Luồi có nguồn gốc từ Mỹ.

Độ tương đồng của các giống trong cùng một nhóm bông Luồi, bông Hải đảo hay bông Cò là tương đối cao so với độ tương đồng của các giống khác nhóm. Có thể nói kết quả chia nhóm những giống bông theo phân tích nhóm ở nghiên cứu này là dựa vào đa hình của các allele bằng một số chỉ thị phân tử SSR chưa bao phủ được hết hệ gen của cây bông. Vì vậy, các giống bông nằm trong cùng một nhóm vẫn có thể có những khác nhau về mặt hình thái và các đặc tính nông sinh học. Để có cơ sở chắc chắn hơn về đa dạng di truyền và hình thái của các giống bông cần phải có những nghiên cứu đánh giá hệ gen một cách sâu rộng. Tuy nhiên, hệ gen của bông vải rất lớn với kích thước khoảng 2200 Mb và có chiều dài tái tổ hợp tương đương 5200 cM, để phủ toàn bộ hệ gen với kích thước 10 cM/1 chỉ thị SSR thì cần phải phân tích thêm 500 chỉ thị nữa và đây là việc còn gặp nhiều khó khăn đối với các nghiên cứu ở cây bông.



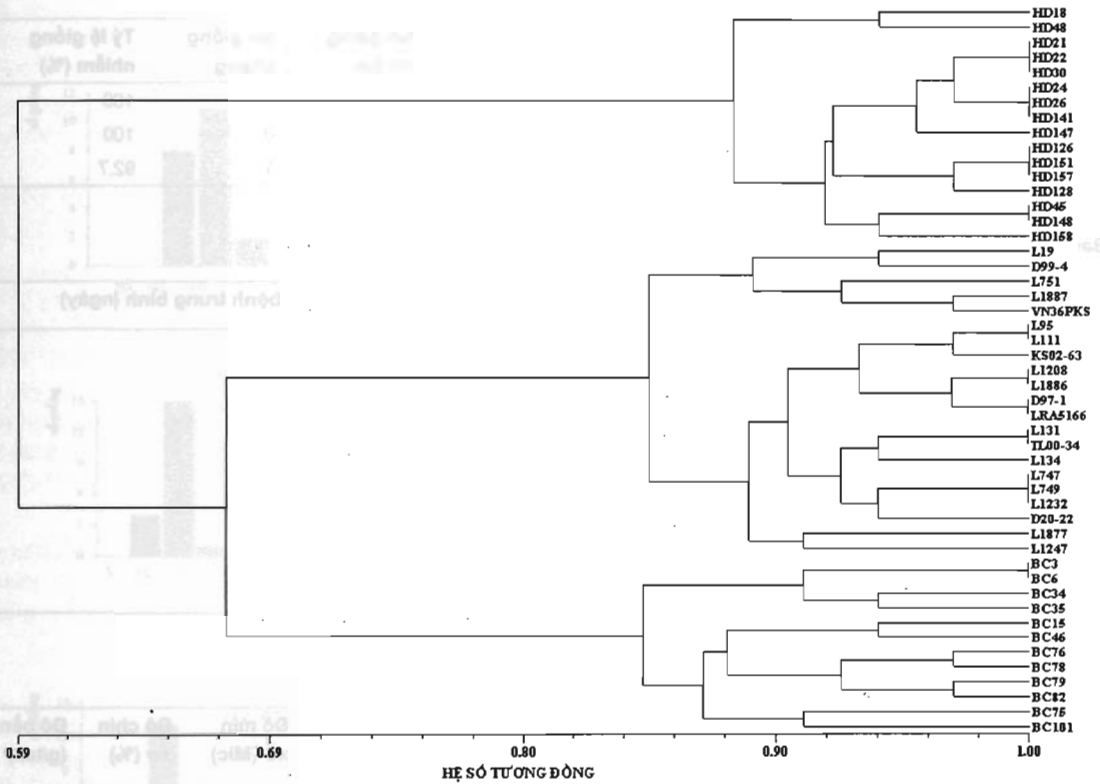
Hình 1. Sản phẩm PCR của một số giống bông nghiên cứu với các chỉ thị SSR trên gel agarose SFR 3,5%. A. Cặp mồi BNL3955; B. Cặp mồi BNL 1414.

Đề lập bản đồ gen kháng bệnh xanh lùn, trước tiên phải xác định được các tổ hợp lai với những

giống bố mẹ mang đặc tính kháng và nhiễm rõ rệt. Ngoài ra, mức độ đa hình DNA giữa cây bố và mẹ

trong tổ hợp lai phải đủ lớn để dễ dàng xác định các chỉ thị liên kết gen kháng. Tuy nhiên, khoảng cách di truyền giữa các cây bố mẹ không được quá xa vì có thể ảnh hưởng tới sức sống hoặc độ hữu thụ của thế hệ con lai. Chính vì vậy, kết quả phân tích đa dạng di truyền rất có ích cho việc xác định

các tổ hợp lai phục vụ cho việc lập bản đồ gen kháng bệnh. Dựa trên phân tích ở nghiên cứu này, chúng tôi đã xác định được một số cặp lai có khoảng cách di truyền phù hợp giữa các dòng kháng xanh lùn và giống nhiễm để tạo quần thể phân ly.



Hình 2. Sơ đồ hình cây biểu hiện mối liên kết di truyền giữa các giống bông nghiên cứu.

Đánh giá tính kháng/nhiễm bệnh xanh lùn của các giống bông nghiên cứu

Bốn mươi chín giống bông nghiên cứu được đưa vào thí nghiệm đánh giá tính kháng bệnh xanh lùn với mục đích xác định được nguồn gen kháng bệnh làm vật liệu ban đầu cho việc lai tạo quần thể. Kết quả đánh giá cho thấy, 100% các giống bông Luồi và bông Hải đảo đều phản ứng nhiễm với bệnh xanh lùn. Trong 12 giống bông Cò nghiên cứu, duy nhất chỉ có 1 giống bông Cò Nghệ An biểu hiện kháng với bệnh (Bảng 2).

Thí nghiệm chọn dòng đối với giống bông Cò Nghệ An theo tính kháng bệnh xanh lùn được thực

hiện tại Viện Nghiên cứu Bông và Phát triển nông nghiệp Nha Hồ đã thu được 6 dòng biểu hiện kháng, trong đó có 4 dòng kháng hoàn toàn với bệnh, đó là các dòng KXL-00-02, KXL-00-03, KXL-00-04, KXL-00-05. Đây chính là nguồn vật liệu quan trọng để tạo lập quần thể phục vụ cho những nghiên cứu tiếp theo. (Bảng 3).

Kết quả đánh giá các đặc tính nông sinh học chính của các giống bông đã thu thập

Bốn mươi chín giống bông thu thập được tiến hành gieo trồng ngoài đồng ruộng và theo dõi các chỉ tiêu nông sinh học tại Viện nghiên cứu Bông và Phát triển nông nghiệp Nha Hồ năm 2007. Giá trị trung bình và biến động của các chỉ tiêu nông sinh học

chính của bông là thời gian sinh trưởng, khối lượng 100 hạt, năng suất, cùng với 5 chỉ tiêu về chất lượng xơ bông (chiều dài, độ đều, độ mịn, độ chín và độ bền xơ) được tổng hợp ở bảng 4 và biểu đồ hình 3.

Kết quả đánh giá cho thấy, trong 3 nhóm giống bông nghiên cứu, nhóm bông Luồi có một số chỉ tiêu

nông sinh học tốt hơn 2 nhóm bông còn lại: thời gian sinh trưởng ngắn, khối lượng 100 hạt và năng suất cũng cao hơn hẳn hai nhóm bông Cỏ và bông Hải đảo. Tuy nhiên, nếu xét các chỉ tiêu về chất lượng xơ bông, về cả độ đều xơ, độ chín xơ và độ bền thì nhóm bông Hải đảo nổi trội hơn hẳn so với bông Luồi.

Bảng 2. Kết quả đánh giá khả năng kháng bệnh xanh lùn của các nhóm giống bông vải.

Loài	Số giống nghiên cứu	Số lần lặp lại	Số giống nhiễm	Số giống kháng	Tỷ lệ giống nhiễm (%)
Bông Luồi (<i>G. hirsutum</i>)	21	3	21	0	100
Bông Hải đảo (<i>G. barbadense</i>)	16	3	16	0	100
Bông Cỏ (<i>G. arboreum</i>)	12	3	11	1	92,7

Bảng 3. Kết quả chọn lọc giống bông cỏ Nghệ An đối với bệnh xanh lùn.

TT	Dòng	Tổng số cây	Tỷ lệ bệnh (%)	Thời gian ủ bệnh trung bình (ngày)
1	KXL-00-01	23	4,3	25,0
2	KXL-00-02	32	0	0
3	KXL-00-03	29	0	0
4	KXL-00-04	22	0	0
5	KXL-00-05	22	0	0
6	KXL-00-06	27	3,7	40,0

Bảng 4. Một số đặc điểm nông sinh học chính của các nhóm giống bông.

Tên Loài	Đặc tính	TGST (ngày)	KL 100h (g)	NS (tạ/ha)	CDX (mm)	Độ đều xơ (%)	Độ mịn xơ (Mic)	Độ chín xơ (%)	Độ bền (g/tex)
Luồi (<i>G. hirsutum</i>)		102,0	11,1	26,9	28,8	52,3	4,3	88,3	20,6
	CV%	0,93	3,89	5,4	2,27	1,21	2,15	1,06	3,02
Hải đảo (<i>G. barbadense</i>)		117,0	10,6	19,9	34,6	86,7	3,6	90,0	40,2
	CV%	2,5	4,24	9,96	2,77	1,09	8,75	8,18	1,84
Cỏ (<i>G. arboreum</i>)		102,8	6,5	19,7	24,5	51,4	6,0	92,9	19,0
	CV%	0,89	1,34	8,83	0,38	1,77	0,78	0,51	3,37

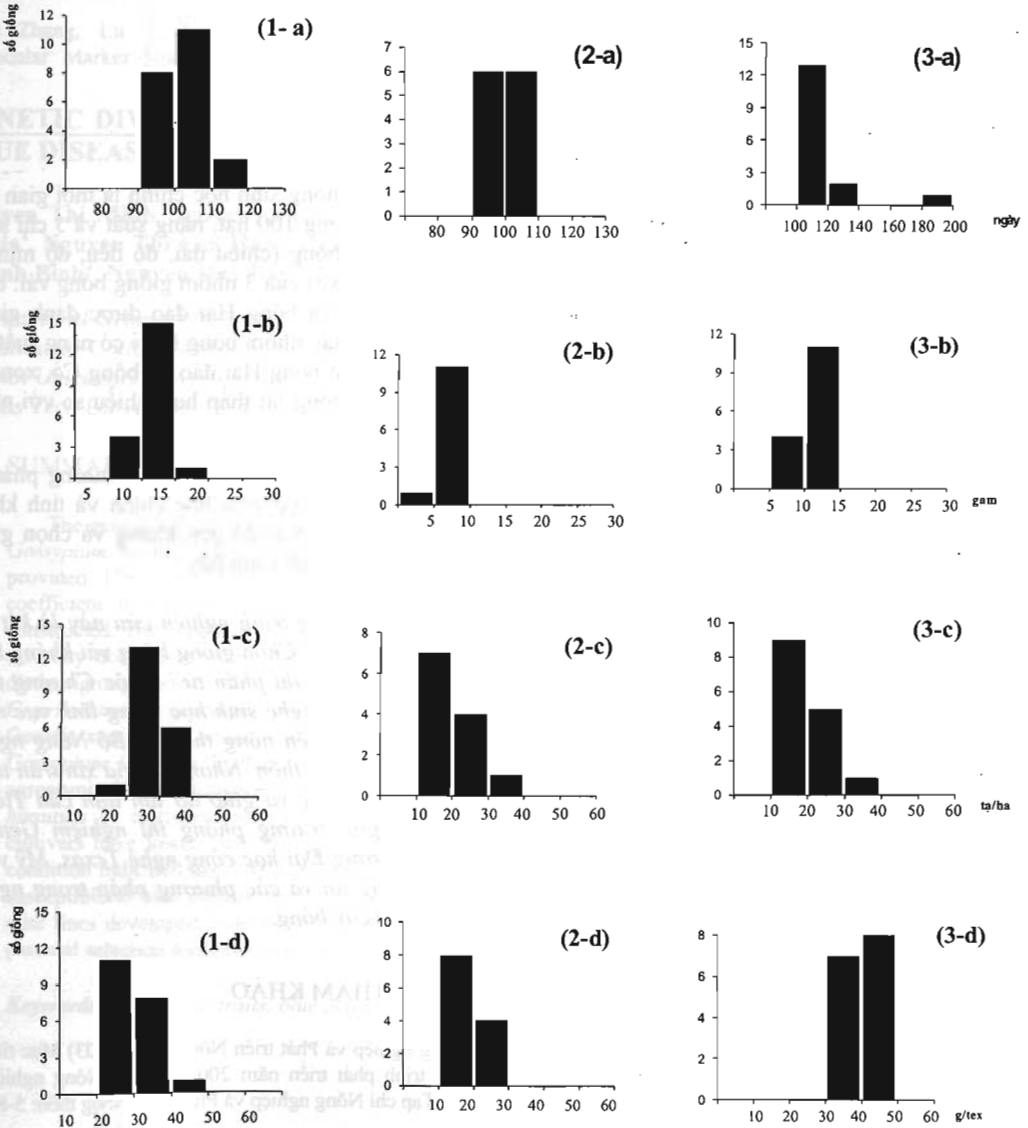
Chú thích: TGST. Thời gian sinh trưởng; KL. Khối lượng 100 hạt; NS. Năng suất; CDX. Chiều dài xơ.

Trên cơ sở phân tích kết quả đánh giá một số đặc tính nông sinh học chính cho thấy sự khác nhau rõ nét về các đặc tính năng suất và chất lượng xơ giữa 3 nhóm bông Luồi, bông Cỏ và bông Hải đảo. Đối với chỉ số thời gian sinh trưởng, nhóm giống

bông Luồi biến động từ 90 - 120 ngày và tập trung chủ yếu trong khoảng giá trị từ 90 - 110 ngày, nhóm bông Cỏ biến động đều trong khoảng từ 90 - 110 ngày, trong khi nhóm bông Hải đảo có thời gian sinh trưởng dài hơn, từ 100 - 120 ngày, và cả

biệt có giống bông Hải đảo có thời gian sinh trưởng rất dài, trên 180 ngày. Quan sát cũng cho thấy nhóm bông Luồi có năng suất cao nhất, biến động tập trung trong khoảng 30 - 40 tạ/ha, trong khi hai nhóm giống bông còn lại có biến động năng suất trong khoảng 10 - 20 tạ/ha. Độ bền xơ là một chỉ

tiêu quan trọng khi đánh giá chất lượng xơ của bông. Kết quả nghiên cứu cho thấy, độ bền xơ của các giống bông Hải đảo biến động đều trong khoảng 30 - 50 g/tex, của nhóm bông Luồi đạt trong khoảng 20 - 40 g/tex và của nhóm bông Cỏ tập trung trong khoảng 10 - 30 g/tex.



Hình 3. Biểu đồ đánh giá một số đặc tính nông sinh học chính của các giống bông. 1. Bông Luồi; 2. Bông Cỏ; 3. Bông Hải đảo; a: Thời gian sinh trưởng (ngày); b: Khối lượng 100 hạt (g); c: Năng suất (tạ/ha); d: Độ bền xơ (g/tex).

Bảng 5. So sánh các đặc tính nông sinh học và tính kháng bệnh xanh lùn của hai giống bông lựa chọn làm quần thể lai tạo.

Đặc tính	Tên giống	B10 (BC75)	Bông Cò Nghệ An (BC6)
Nguồn gốc		Bông Cò, Ấn Độ	Bông Cò Nghệ An, Việt Nam
Năng suất bông xơ (tạ/ha)		8,0	3,7
Chiều dài xơ (mm)		26,7	19,4
Độ đều xơ (%)		50,5	50,7
Độ mịn xơ (Mic)		4,7	6,8
Độ chín xơ (%)		90,6	100,0
Độ bền (g/tex)		17,5	18,0
Kháng bệnh xanh lùn		Nhiễm	Kháng

Qua phân tích từng đặc tính nông sinh học và tính kháng nhiễm của 49 giống bông cũng như khoảng cách di truyền dựa trên chỉ thị phân tử SSR, đã chọn lọc được 2 giống bông Cò cho đa hình cao nhất, có sự tương phản của tính trạng kháng xanh lùn và một số đặc tính nông sinh học chính là giống bông B10 có nguồn gốc Ấn Độ và giống bông Cò Nghệ An (Bảng 5). Số liệu bảng 5 cho thấy, giống bông Cò B10 có năng suất cao hơn gấp đôi so với năng suất của bông Cò Nghệ An, trong khi đó giống B10 lại nhiễm bệnh xanh lùn, còn dòng bông Cò Nghệ An là dòng kháng bệnh xanh lùn.

KẾT LUẬN

Kết quả phân tích đa hình di truyền của các giống bông sử dụng 50 chỉ thị phân tử SSR cho thấy, ở độ tương đồng di truyền khoảng 67%, 49 giống bông vải đã phân thành 3 nhóm rõ rệt, tương ứng với nhóm giống bông Luồi, bông Cò và bông Hải đảo. Kết quả này sẽ cung cấp thông tin giúp chọn được những giống bố mẹ thích hợp cho tạo lập quần thể phục vụ cho mục đích lập bản đồ gen kháng bệnh xanh lùn.

Kết quả đánh giá tính kháng/nhiễm bệnh xanh lùn của 49 giống bông vải đã xác định được giống bông Cò Nghệ An có khả năng kháng tốt với bệnh. Thí nghiệm chọn dòng đối với tính kháng bệnh xanh lùn trên giống bông Cò Nghệ An đã thu được 4 dòng: KXL-00-02, KXL-00-03, KXL-00-04, KXL-00-05 biểu hiện kháng hoàn toàn với bệnh. Đây chính là nguồn vật liệu quan trọng cho những nghiên cứu tiếp theo về tính kháng bệnh xanh lùn trên bông vải.

Các chỉ số nông sinh học chính là thời gian sinh trưởng, khối lượng 100 hạt, năng suất và 5 chỉ số về chất lượng xơ bông (chiều dài, độ đều, độ mịn, độ chín và độ bền xơ) của 3 nhóm giống bông vải: bông Luồi, bông Cò và bông Hải đảo được đánh giá và phân tích cho thấy nhóm bông Luồi có năng suất cao hơn hẳn 2 nhóm bông Hải đảo và bông Cò, xong về chất lượng xơ bông lại thấp hơn nhiều so với nhóm bông Hải đảo.

Đã chọn được cặp bố mẹ có sự tương phản về một số đặc tính nông sinh học chính và tính kháng bệnh phục vụ lập bản đồ gen kháng và chọn giống bông vải kháng bệnh xanh lùn.

Lời cảm ơn: Công trình nghiên cứu này là kết quả của đề tài cấp Bộ "Chọn giống bông vải kháng bệnh xanh lùn bằng chỉ thị phân tử" thuộc Chương trình "Ứng dụng công nghệ sinh học trong lĩnh vực nông nghiệp và phát triển nông thôn" - Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn. Nhóm tác giả xin trân trọng cảm ơn sự hợp tác và giúp đỡ tận tình của Tiến sĩ Robert Wright, trường phòng thí nghiệm Genome thực vật, trường Đại học công nghệ Texas, Mỹ về sự chia sẻ thông tin và các phương pháp trong nghiên cứu genome cây bông.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Bộ Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn (2003) Mục tiêu và chương trình phát triển năm 2003 của Bộ Nông nghiệp và PTNT. Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn: 5-8.

Caquil J, Vaissayre M (1971) La maladie bleue du cotonnier en Afrique: transmission de cotonnier à cotonnier par *Aphis gossypii* Glove. *Cot Fib Trop* 26: 463-466.

Correae RL, Silvat TF, Simoes Araujo JL, Barroso PAV, Vidal MS, Vaslin MFS (2005) Molecular characterization of a virus from family luteoviridae associated with cotton blue disease. *Arch Virol* 150(7): 1357-1367.

Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull* 19: 11-15.

Gutierrez OA, Basu S, Saha S, Jenkins JN, Shoemaker DB, Cheatham CL, McCarty JC (2002) Genetic distance among selected cotton genotypes and its relationship with F2 performance. *Crop Sci* 42: 1841-1847.

Jinfa Zhang, Lu Y, Cantrell RG, Hughs E (2005) Molecular Marker Diversity and Field Performance in

Commercial Cotton Cultivar Evaluated in the Southwestern USA. *Crop Sci* 45: 1483-1490.

Liu D, Guo X, Lin Z, Nie Y, Zhang X (2005) Genetic diversity of Asian cotton (*Gossypium arboreum* L.) in China evaluated by microsatellite analysis. *Genet Res Crop Eval* 53(5): 1145-1152.

Lu H, Myers GO (2002) Genetic relationships and discrimination of ten influential upland cotton cultivars using RAPD markers. *Theor Appl Genet* 105: 325-331.

Multani DS, Lyon BR (1995) Genetic fingerprinting of Australian cotton cultivars with RAPD markers. *Genome* 38: 1005-1010.

GENETIC DIVERSITY, AGRONOMICAL CHARACTERISTICS AND RESISTANCE TO BLUE DISEASE IN SOME LOCAL AND INTRODUCED COTTON CULTIVARS

Nguyen Thi Minh Nguyet¹, Pham Anh Tuan¹, Pham Thi Hoa¹, Nguyen Thi Tan Phuong¹, La Tuan Nghia¹, Nguyen Thi Lan Hoa³, Dang Minh Tam², Trinh Minh Hop², Nguyen Van Chanh², Nguyen Thi Thanh Binh², Nguyen Duy Bay⁴, Nguyen Thi Thanh Thuy^{1,*}

¹Agricultural Genetics Institute

²Institute for Cotton Research and Agricultural Development in Nha Ho

³Hanoi University of Agriculture

⁴Texas Tech University, USA

SUMMARY

The genetic diversity among 49 local and introduced cotton cultivars belonging to *Gossypium hirsutum* L., *Gossypium barbadense* L. and *Gossypium arboreum* L. were investigated using 50 SSR markers, which provided 128 alleles. The genetic relationships among 49 cotton genotypes were examined using SM coefficient to compute the similarity matrices. UPGMA analysis was performed and dendrogram was constructed. The genetic similarity ranged from 0.48 to 0.97 with an average of 0.8 indicated sufficient genetic diversity does exist within the cotton collection. Dendrogram clustered the 49 cotton genotypes into three distinct groups: one of 21 *G. hirsutum* L. genotypes, one of 16 *G. barbadense* L. genotypes, and the other of 12 *G. arboreum* L. genotypes, that are agreement with the traditional taxonomic arrangement of these cultivars. Genetic similarities among each group ranged from 0.86 to 0.96. More genetic diversity was observed in *Gossypium hirsutum* L. than *Gossypium barbadense* L. and *Gossypium arboreum* L.. Morphological and agronomical characteristics were also evaluated under field condition in 2007 indicated that *Gossypium hirsutum* L. cultivars yielded higher, but produced lower fiber quality, while *Gossypium barbadense* L. cultivars have lower yield but higher fiber quality. The screening of cotton blue disease under glass house condition indicated that 100% cultivars of *Gossypium hirsutum* L. and *Gossypium barbadense* L. groups were susceptible to blue disease. In *Gossypium arboreum* L. group, there was only Co Nghe An variety and four elite lines developed from Co Nghe An showed resistance to blue disease. These results could be handy in parental selection tool for mapping and breeding for cotton blue disease resistance.

Keywords: Agronomic traits, blue disease, cotton, genetics diversity

* Author for correspondence: Tel: 84-4-37557821; Fax: 84-4-37543196; E-mail: nguyenthithanhthuy@agi.vaas.vn