

ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA 120 GIỐNG/DÒNG ĐẬU NÀNH (*Glycine max* (L.) Merr.) BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR

Huỳnh Kỳ*, Nguyễn Lộc Hiền, Văn Quốc Giang, Nguyễn Văn Mạnh,
Chung Trương Quốc Khang, Trần In Đô, Nguyễn Châu Thanh Tùng

Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

*Tác giả liên hệ: hky@ctu.edu.vn

Nhận bài: 10/05/2021 Hoàn thành phản biện: 25/07/2021 Chấp nhận bài: 09/08/2021

TÓM TẮT

Nghiên cứu đa dạng di truyền nhằm mục đích tìm ra mối quan hệ giữa các kiểu gen trong tập đoàn giống/dòng cây trồng, từ đó có thể đưa ra chiến lược chọn tạo giống, cải thiện nguồn gen. Nghiên cứu này đã sử dụng 09 chỉ thị phân tử SSR để đánh giá mức độ đa dạng di truyền của 120 giống/dòng đậu nành (*Glycine max* (L.) Merr.) đang được bảo tồn tại ngân hàng giống trường Đại học Cần Thơ. Kết quả điện di sản phẩm PCR bằng 09 chỉ thị phân tử SSR thu được 52 phân đoạn và tất cả 52 phân đoạn đều có tỷ lệ đa hình trung bình cao (100%). Chỉ số PIC dao động từ 0,05 (satt596) đến 0,46 (satt009), với giá trị trung bình là 0,21. Cây phả hệ được xây dựng dựa trên 09 chỉ thị SSR bằng phân tích nhóm UPGMA phân các mẫu thành 11 nhóm chính với hệ số di truyền trung bình là 0,7 và hệ số tương đồng dao động từ 0,47 - 0,87. Kết quả này cho thấy bộ sưu tập 120 giống/dòng đậu nành rất đa dạng về bản chất di truyền và có thể dùng làm vật liệu ban đầu cho công tác chọn tạo giống đậu nành trong tương lai.

Từ khóa: Chỉ thị phân tử, Đậu nành, Đa dạng di truyền, *Glycine max*, PIC, SSR

GENETIC DIVERSITY OF 120 SOYBEAN (*Glycine max* (L.) Merr.) VARIETIES/LINES USING SSR MARKERS

Huynh Ky*, Nguyen Loc Hien, Van Quoc Giang, Nguyen Van Manh,
Chung Truong Quoc Khang, Tran In Do, Nguyen Chau Thanh Tung

College of Agriculture, Can Tho University

ABSTRACT

Genetic diversity research aims to study the relationship between genotypes in the varieties/lines, as the results, a breeding strategy will be set up for genetic improvement. In this study, 09 SSR molecular markers were used to evaluate the genetic diversity of 120 soybean varieties/lines being conserved at the gene bank of Can Tho University. A total of 52 fragments were produced by 09 SSR primers with 100% polymorphism rate. The PIC index value was ranged from 0.05 (satt596) to 0.46 (satt009), the average PIC index was 0.21. Using UPGMA analysis showed that the phylogenetic tree was divided 120 soybean varieties/lines into 11 main groups with the average genetic coefficient of 0.7 and the similarity coefficient ranging from 0.47-0.87. Thus, this result showed that the collection of 120 soybean varieties/lines is very diverse in genetic background and can be used as a starting material for future soybean breeding.

Keywords: Genetic diversity, *Glycine max*, Molecular marker, PIC, Soybean, SSR

1. MỞ ĐẦU

Đậu nành (*Glycine max* (L.) Merr.) là cây họ đậu đóng vai trò quan trọng trên thế giới, đây là một trong những nguồn cung cấp protein và dầu (khoảng 40% protein và 20% dầu thực vật) cho người và động vật

(Ibanda và cs., 2018), do đó đậu nành được trồng phổ biến trên thế giới. Ở Việt Nam, ước tính khoảng 100 nghìn ha đậu nành được canh tác vào năm 2017, với sản lượng khoảng 157 nghìn tấn (Tổng cục thống kê, 2020). Tuy nhiên, diện tích canh tác đậu

nành bị thu hẹp lại còn khoảng 55 nghìn ha vào năm 2018 (Tổng cục thống kê, 2020), nguyên do diện tích đất nông nghiệp mất đi, thêm vào đó đậu nành còn là cây trồng không mang lại giá trị kinh tế cao so với các loại cây trồng khác, do đó việc cải tiến giống đậu nành là thiết yếu cho việc phát triển loại cây trồng này.

Trong chọn giống cây trồng, việc sử dụng nguồn gen đa dạng dùng làm vật liệu ban đầu là một trong những yếu tố quyết định đến sự thành công trong một chương trình chọn giống. Do đó, việc khai thác và sử dụng nguồn gen hiện đang bảo tồn và lưu trữ trong ngân hàng gen đang rất được quan tâm (Mukuze và cs., 2020). Khi những hiểu biết về thông tin di truyền trong các kiểu gen đậu nành có thể giúp nhà chọn giống hiểu được cấu trúc của ngân hàng gen và dự đoán tổ hợp bố mẹ nào sẽ tạo ra thế hệ con tốt nhất và tạo điều kiện để tăng sự biến đổi di truyền của vật liệu ban đầu để chọn lọc. Ngoài ra, việc đánh giá tính đa dạng di truyền giữa các kiểu gen giúp nhà tạo giống bảo vệ giống (Bisen và cs., 2015).

Một số phương pháp đã được sử dụng để đánh giá sự đa dạng di truyền giữa các giống đậu nành bao gồm việc sử dụng các đặc điểm hình thái học, isozyme, thông tin phả hệ và dấu chỉ thị phân tử DNA (Chakraborty và cs., 2018). Tuy nhiên, việc sử dụng các đặc điểm hình thái để đánh giá đa dạng di truyền bị ảnh hưởng nhiều bởi các yếu tố môi trường, làm cho việc đánh giá không chính xác (Chakraborty và cs., 2018; Chauhan và cs., 2015; Ghosh và cs., 2014; Gupta & Manjaya, 2017; Mukuze và cs., 2020). Ngoài ra, việc sử dụng thông tin

phả hệ cũng bị ảnh hưởng bởi dữ liệu không chắc chắn hoặc không đầy đủ và các lỗi có thể xảy ra khi thu thập dữ liệu (Oda và cs., 2015). Nhằm khắc phục được hạn chế trên việc sử dụng các chỉ thị phân tử DNA trong các nghiên cứu đa dạng di truyền ngày càng trở nên phổ biến (Chauhan và cs., 2015). Việc sử dụng chỉ thị phân tử DNA được coi là cung cấp nhiều thông tin, đáng tin cậy và có thể lặp lại so với các phương pháp thông thường được sử dụng phổ biến trước đây như mô tả kiểu hình và phân tích phả hệ (Chakraborty và cs., 2018).

Đối với các nghiên cứu về đặc tính phân tử và đa dạng di truyền ở đậu nành, chỉ thị SSR được coi là chỉ thị phân tử được lựa chọn vì sự phong phú, tính đồng trội, khả năng lặp lại cao (Koutu và cs., 2019; Mofokeng và cs., 2019), và có khả năng xác định các kiểu gen dị hợp tử (Tantasawat và cs., 2011). Do đó, mục tiêu của nghiên cứu này là xác định mức độ đa dạng di truyền tồn tại giữa các kiểu gen có trong bộ sưu tập 120 giống/dòng đậu nành của trường Đại học Cần Thơ dựa trên các chỉ thị phân tử SSRs.

II. NỘI DUNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Nghiên cứu đã sử dụng 120 giống/dòng đậu nành đang được bảo tồn trong ngân hàng giống tại Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ. Danh sách giống được liệt kê trong Bảng 1 bao gồm 47 giống/dòng nhập nội, 48 giống/dòng địa phương và 25 dòng lai tại Trường Đại học Cần Thơ.

Bảng 1. Danh sách 120 giống/dòng đậu nành nghiên cứu

Tên giống	STT	Tên giống	STT	Tên giống	STT	Tên giống
TGX 814-26D	31	PK 73-49	61	Bản đóc A hạt vàng	91	MTĐ 9
TGX 811-27D	32	AGS 79	62	Thọ Xuân	92	MTĐ 22
TGX 849-294D	33	AGS 299	63	Số 81	93	MTĐ240
VERDA	34	AGS 9	64	Hồng Đình B	94	MTĐ 305
SENCA	35	AGS 314	65	Đậu miên trạng d2	95	MTĐ 173
PURGA	36	AGS 208	66	A100	96	MTĐ 120-2
GELDULT A	37	AGS 85	67	Thanh oai 2	97	MTĐ 299
TROPICAL	38	AGS 214	68	Số 29	98	Cọc chùm x NTC 188
IPBSY 153-17	39	Ankur	69	Vân đen Từ Liêm	99	Santa Maria x V74 d2
MACK 57	40	GAS 73	70	Năm Căn 4 hạt đen	100	Santa Maria x V74 (d10)
Liên Xô 4	41	F 5-3	71	Số 87	101	MTĐ 10
Liên Xô 6	42	ALOMA	72	144	102	MTĐ 459
Ottawa	43	S1 F1-1	73	T4	103	Cọc chùm x V73
Nhật Bản 20	44	PI 189-836	74	VS 87-C1	104	DT 2000
Nhật Bản 38	45	TGX 573-201	75	VX 87-C2	105	3 tháng chim 3 Đắc lặc
Nhật Bản 17A	46	TGX 536-02D	76	VX 87-09-2	106	Cao Bằng
EGSY 73	47	TGX 573-209D	77	VX 87-09-1	107	Vàng Hà Giang
IGH 23	48	MTĐ 860-1	78	VX 87-04-4	108	HL 09-5 (hoa trắng)
G 34-73	49	PI206258	79	Xanh lơ	109	HL 09-10
GC 86040-1	50	PI462312(Rpp3)	80	Hồng Đình A	110	HL 09-9
GC 82349-6-1	51	Oosaya chamame	81	Thanh Lĩnh	111	MTĐ 455-3
GC 86031-4NL	52	Natsuno Shirabe	82	X33	112	Nhật 17a-7
GC 82341-14-2	53	Kokuwase Chamame	83	Vàng Nguyên Dương	113	MTĐ 865-1
GC 86026-48	54	Sapporo midori	84	T 84	114	MTDD
G 12501	55	Umai Chame	85	T 78	115	DT thu thập Daklak
CEP 77-17	56	MTĐ 878-8	86	Tân uyên 1	116	Daklak
CS39-0-22-1-3-1	57	MTĐ 878-15	87	Mỹ Hưng	117	MTĐ 765 (hoa trắng)
D75-9207	58	MTĐ 885-1	88	MTĐ 760-4	118	MTĐ 765 (hoa tím)
B 3039	59	MTĐ 760-4	89	MTĐ 517-8	119	MTĐ 861
G 9556	60	Thanh Lĩnh	90	MTĐ 176	120	MTĐ 878-22

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Tách chiết DNA

DNA được tách chiết từ lá non 02 tuần tuổi theo theo phương pháp CTAB (Doyle & Doyle, 1990). DNA sau khi được ly trích và tinh sạch được kiểm tra độ tinh sạch và nồng độ của bằng Nano-spectrophotometer. Sau khi xác định được nồng độ mẫu, tất cả các mẫu DNA được đưa về nồng độ 100 ng/μl và dùng cho phản ứng PCR cho chỉ thị phân tử SSR trong nghiên cứu này.

2.2.2. Phân tích kiểu gen bằng dấu chỉ thị phân tử SSR

Phản ứng khuếch đại DNA hay gọi là phản ứng PCR được tiến hành như sau: Mỗi phản ứng bao gồm 10 μl, trong đó có 5 μl PCR Master Mix 2X (Nex Diagnostics, Korean); 3,5 μl H₂O PCR; 0,5 μl Primer và 1 μl DNA. Phản ứng được thực hiện trong 40 chu kỳ gia nhiệt, bao gồm: 5 phút ở 95°C, 30 giây ở 95°C, 30 giây kế tiếp tùy thuộc vào nhiệt độ gắn mỗi của mỗi primer SSR (Bảng 2) mà điều chỉnh trên máy cho phù hợp. Kéo dài chuỗi trong 30 giây ở 72°C, 5 phút ở 72°C và sản phẩm được trữ ở 10°C trong 20 phút. Sản phẩm PCR sau khi được khuếch đại sẽ được tiến hành chạy điện di trên gel agarose 2% (w/v).

Bảng 2. Trình tự 9 đoạn mỗi SSR và nhiệt độ gắn mỗi (Ta) được dùng trong thí nghiệm

Mỗi	Trình tự	Ta (°C)
Satt 009	5'-CCAACTTGAAATTACTAGAGAAA-3' 5'-CTTACTAGCTATTAACCCTT-3'	55
Satt 005	5'-TATCCTAGAGAAGAACTAAAAAA-3' 5'-GTCGATTAGGCTTGAAATA-3'	53
Satt 534	5'-CATGCATATTGACTTCATTATT-3' 5'-CCAAGCGGGTGAAGAGGTTTTT-3'	63
Satt 030	5'-AAAAAGTGAACCAAGCC-3' 5'-TCTTAAATCTTATGTTGATGC-3'	52
Satt 458	5'-TTGGGTTGACCGTGAGAGGGAGAA-3' 5'-GCGAACCACAAACAACAATCTTCA-3'	63
Satt 596	5'-TTCCTTCGTCCACCAAAT-3' 5'-CCGTCGATTCCGTACAA-3'	57
Satt 544	5'-GCTATGGGAAAAGGATGTGTG-3' 5'-GAGCTACCCGAGATGATACTC-3'	61
Sat 040	5'-GTTCTAGTTCTTCTTTTCACTTG-3' 5'-TTGTCATCAAATATCATCCATTT-3'	55
Sct 026	5'-CGAAACGCAAAATCTC-3' 5'-AAAACGTATCTGAAGTAGTGG-3'	55

2.2.3. Phân tích số liệu

Tất cả băng xuất hiện trên phổ điện di được mã hóa thành số theo dạng nhị phân (1 và 0), 1 tương ứng với locus được khuếch đại, 0 tương ứng với locus không được khuếch đại. Chỉ số PIC (Polymorphism Information Content) là chỉ số đa hình di truyền hay còn gọi là thước đo độ đa hình theo định nghĩa của (Botstein và cs., 1980). Theo đó, chỉ thị phân tử SSR là dạng marker đồng trội (codominant marker) cho nên sẽ được tính theo công thức cho quần thể có

Nguồn: <https://soybase.org/resources/ssr/old.php> chứa dị hợp tử, nhưng để đơn giản hóa cho công thức tính giả định 120 giống/dòng đậu nành trong nghiên cứu này được cho là đồng hợp tử, công thức được tính như sau:

$$PIC(i)=1-\sum(P_{ij})^2$$

Trong đó, i là thứ tự locus được tính, f_{ij} là tần số alen của mẫu thứ j với locus thứ i . Kết quả chỉ số PIC sau cùng sẽ là chỉ số PIC trung bình cộng của tất cả locus được tính theo công thức trên.

Bảng hệ số ma trận tương đồng của các giá trị di truyền giữa 120 giống/dòng đậu nành và biểu đồ cây phả hệ giữa quần thể được tạo ra bằng phần mềm NTSYSpc 2.1 (Rohlf, 1988). Kích thước các băng sản phẩm PCR được tính toán bằng phần mềm GelAnalyzer 19.1 (Lazar & Lazar, 2010).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 8 đến tháng 12 năm 2019 tại phòng thí nghiệm Di truyền và Chọn giống cây trồng, Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Sự đa hình của 120 giống đậu nành bằng dấu chỉ thị ISSR

Theo kết quả khảo sát 09 môi SSR (Bảng 3), tất cả các môi đều cho khuếch đại tổng số có 52 phân đoạn được khuếch đại và cả 52 phân đoạn đều đa hình chiếm 100%. Môi Satt534 cho kết quả cao nhất với

15 phân đoạn, môi Stt026 và Satt009 cho kết quả với 02 phân đoạn được khuếch đại.

Botstein và cs. (1980) cho rằng nếu chỉ số PIC > 0,5 thì môi được sử dụng cho kết quả đa hình cao, ngược lại nếu 0,25 ≤ PIC < 0,5 thì môi cho kết quả đa hình trung bình và với PIC < 0,25 thì kết quả đa hình thấp. Bảng 3 cho thấy, chỉ số PIC thấp nhất là 0,05 (SSR Satt596) và chỉ số PIC cao nhất là 0,46 (SSR Satt009). Nhìn chung tất cả chỉ số PIC của 09 môi SSR thì có 03 môi (Satt040, Satt544, Satt009) nằm trong khoảng giá trị 0,25 ≤ PIC < 0,5, nên 03 môi này cho kết quả đa hình ở mức trung bình, còn 06 môi còn lại thì thấp hơn 0,25, cho mức đa hình thấp trong nhóm 120 giống/dòng đậu nành dùng trong thí nghiệm này. Như vậy thì môi SSR Satt009 có thể sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền cho bộ sưu tập giống/dòng đậu nành của Trường Đại học Cần Thơ.

Bảng 3. Chỉ số đánh giá tính đa hình của 120 giống/dòng đậu nành được khuếch đại bởi 09 môi SSR

Tên môi	Trọng lượng phân tử (bp)	Tổng số phân đoạn	Số phân đoạn đa hình	Tỷ lệ phân đoạn đa hình (%)	PIC ¹
Satt 005	80-500	8	8	100	0,07
Satt 030	72-400	8	8	100	0,20
Satt 040	122-150	4	4	100	0,34
Satt 544	60-300	3	3	100	0,26
Satt 596	135-150	3	3	100	0,05
Sct 026	42-100	2	2	100	0,18
Satt 458	83-400	7	7	100	0,10
Satt 534	68-650	15	15	100	0,21
Satt 009	86-200	2	2	100	0,46
Tổng cộng	52	52			
Trung bình	5,78	5,78	100	0,21	
Độ lệch chuẩn	± 4,24	± 4,24 ²	0,00	± 0,13	

¹Chỉ số đa hình di truyền; ²Độ lệch tiêu chuẩn

3.2. Môi quan hệ của 120 giống/dòng đậu nành dựa trên sự đa dạng kiểu gen bằng dấu chỉ thị ISSR

Sự giống và khác nhau về mặt di truyền giữa 120 giống/dòng đậu nành được ghi nhận dựa trên sự đa hình về kiểu gen trong quần thể đậu nành, được khuếch đại bởi 09 môi SSR. Hệ số tương đồng Nei-Li

của 120 giống/dòng đậu nành trong nghiên cứu dao động từ 0,47 đến 0,87 cho thấy các giống đậu nành có sự đa dạng cao về di truyền. Ở đây các giống số 1,3, 4, 30, 32, 108 và 109 có hệ số tương đồng là 0,87 tức 7 giống này chúng gần giống nhau về kiểu di truyền.

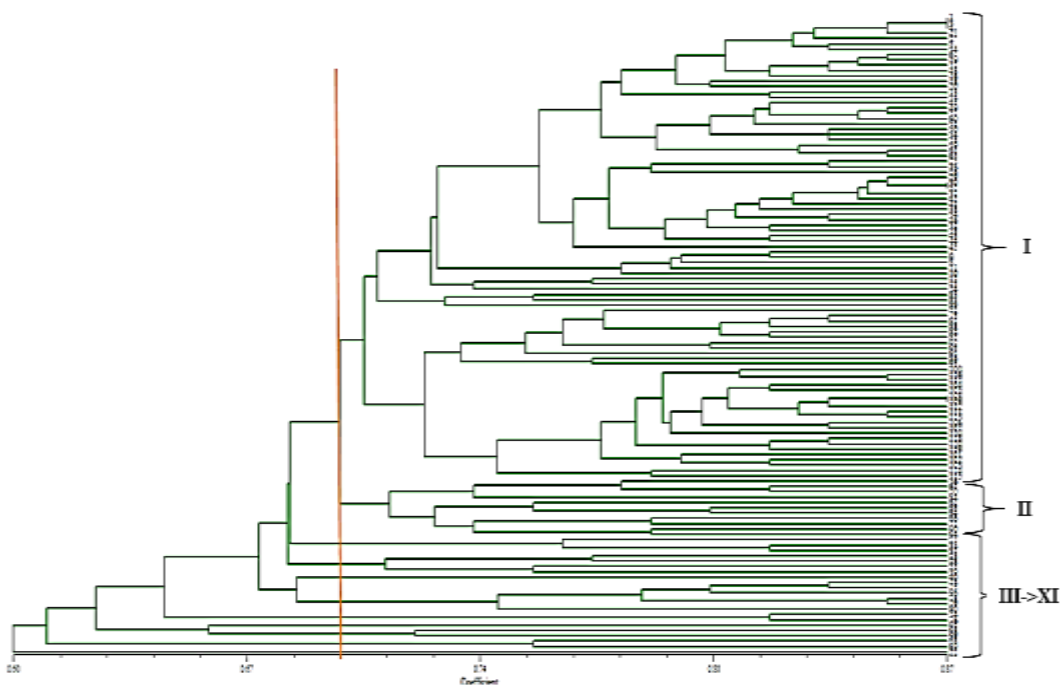
Sử dụng phương pháp UPGMA thông qua phần mềm NTSYSpc 2.1 (Rohlf, 2000) để tạo nên biểu đồ mối liên hệ di truyền của 120 giống/dòng đậu nành (Hình 1), dựa vào hệ số tương đồng Nei-Li trung bình là (0,7), chia thành 11 nhóm chính (Bảng 4). Nhóm I có 87 giống chia thành 02 nhóm phụ I(A) và I(B) hệ số dao động 0,71 đến 0,87 và là nhóm có số lượng giống nhiều và biến động di truyền lớn nhất, trong đó nhóm I(A), trong nhóm này giống số 1-3-4-30-32 có cùng hệ số tương đồng là 0,87; nhóm phụ I(B) gồm các giống mang số 72, 73, 81, 88, 82, 87, 92, 95, 91, 86, 93, 100, 116, 117, 104, 105, 108, 109, 112, 111, 113, 106, 107, 110, 118, 120, 119, 101, 102, 103, 114 và 115, nhóm này có giống số 108 và 109 có cùng hệ số tương đồng 0,87.

Nhóm II gồm 11 giống với các số 56, 67, 70, 84, 62, 63, 64, 66, 71, 90 và 94 chia thành 2 phân nhóm II(A) và II(B). II(A) gồm II(A1) có giống số 56 khác biệt về di truyền với hệ số 0,78 và II(A2) chỉ có giống

số 84 với hệ số là 0,63. II(B) gồm II(B1) có giống số 62 khác biệt với hệ số là 0,67 và II(B2) 04 giống số 66, 71, 90 và 94 giống nhau về di truyền ở hệ số là 0,78. Nhóm III có 03 giống với 27, 35 và 37; cặp giống số 35-37 giống nhau về di truyền có hệ số 0,82, giống số 27 khác biệt ở hệ số 0,76. Nhóm IV có 04 giống với các số 23, 28, 33 và 39; giống số 23 và 28 giống nhau với hệ số 0,77; còn lại 33 và 39 giống nhau ở hệ số 0,72. Nhóm V duy nhất giống số 40 với hệ số 0,67. Nhóm VI gồm 06 giống với các số 75, 77, 96, 78, 79 và 80. Chia thành 02 phân nhóm là VI(A) gồm giống số 75-77 giống nhau ở hệ số 0,83; giống số 78-79 giống nhau ở hệ số 0,85 và VI(B) có duy nhất giống số 80 với hệ số 0,75. Nhóm VII gồm 74 và 76 với hệ số tương đồng là 0,82 đến 0,87. Nhóm VIII duy nhất giống số 97 với hệ số 0,65 so với các nhóm còn lại. Nhóm IX gồm 98 và 99 có hệ số tương đồng là 0,72. Nhóm X gồm giống số 68 và 69 hệ số là 0,75. Nhóm XI duy nhất giống số 22 với hệ số là 0,67 (Bảng 4).

Bảng 4. Kết quả phân nhóm di truyền của 120 giống/dòng bằng dấu chỉ thị ISSR

Nhóm	Giống	Hệ số tương đồng
I(A1)	1, 2, 6, 7, 3, 9, 4, 11, 5, 12, 14, 21, 15, 16, 20, 22, 18, 19, 17, 13, 36, 38, 23, 24, 8, 25, 26, 27, 28, 31, 30, 29, 32, 33, 34, 35	0,790-0,910
I(A2)	37, 39, 40, 41, 42, 43, 48, 47, 45, 46, 49, 50	0,812-0,90
I(B)	10	0,790
II	44	0,764
III(A)	52, 54, 57, 58, 53, 56, 55, 59, 60 61, 62, 72, 63, 71, 69, 90, 91, 92, 93, 96, 70, 104, 65, 66, 67, 68, 64, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 120, 119, 99, 101, 102, 103, 108, 80, 81, 82, 86, 88, 87, 89, 84	0,850-0,882
III(B1)	74, 75, 76, 77	0,812-0,910
III(B2)	74, 75, 76, 77	0,828-0,850
IV	97, 98	0,818
V	51, 100, 78, 79, 73, 83, 85	0,776-0,870
VI	94, 95	0,812
VII	105, 106, 107	0,788-0,828
VIII	97	0,65
IX	98, 99	0,72-0,87
X	68, 69	0,75-0,87
XI	22	0,67



Hình 1. Sơ đồ nhánh của 120 giống/dòng đậu nành trên dấu chỉ thị phân tử SSR 1-120 tương ứng với các giống đậu nành sắp xếp theo thứ tự Bảng 1

IV. KẾT LUẬN

Phân tích đa dạng di truyền của 120 giống/dòng/dòng đậu nành dựa trên 09 chỉ thị phân tử SSR chia thành 11 nhóm di truyền khác biệt. Có 03 giống riêng biệt được nhận thấy trong 03 nhóm ở cây sơ đồ di truyền bằng chỉ thị phân tử, có thể các nhóm khác biệt trên không có cùng nguồn gốc với nhau. Kết quả phân tích đa dạng di truyền cho thấy mức độ đa dạng kiểu gen của tập đoàn giống/dòng đậu nành của Trường Đại học Cần Thơ là rất cao, có hệ số tương đồng Nei-Li biến động từ 0,47 - 0,87. Như vậy kết quả này có thể sử dụng làm cơ sở để chọn các cặp bố khác nhau như giống/dòng nhóm IA với nhóm XI để phát triển các giống đậu nành ưu việt cho Việt Nam nói chung cho Đồng bằng Sông Cửu Long nói riêng.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu được tài trợ bởi dự án Nâng cấp Trường Đại học Cần Thơ VN14-P6 (vốn vay ODA từ Chính phủ Nhật Bản).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Anderson, J. A., Churchill, G. A., Autrique, J. E., Tanksley, S. D., & Sorrells, M. E. (1993). Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36(1), 181-186. <https://doi.org/10.1139/g93-024>

Bisen, A., Khare, D., Nair, P., & Tripathi, N. (2015). SSR analysis of 38 genotypes of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic diversity in India. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 21(1), 109-115. <https://doi.org/10.1007/s12298-014-0269-8>

Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet*, 32(3), 314-331.

Chakraborty, S., D.A.Patel, Parmar, H., Dhaduk, H., & Sasidharan. (2018). *Genetic diversity analysis in soybean (Glycine max (L.) Merrill.) using SSR markers.*

Chauhan, D. K., Bhat, J., Thakur, A., Kumari, S., Hussain, Z., & Satyawathi, C. T. (2015). *Molecular characterization and genetic diversity assessment in soybean [Glycine max (L.) Merr.] varieties using SSR markers.* 14, 504-510.

- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13-15.
- Ghosh, J., Ghosh, P., & Choudhury, P. (2014). An Assessment of Genetic Relatedness between Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Cultivars Using SSR Markers. *American Journal of Plant Sciences*, 05, 3089-3096. <https://doi.org/10.4236/ajps.2014.520325>
- Gupta, S. K., & Manjaya, J. G. (2017). Genetic diversity and population structure of Indian soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] revealed by simple sequence repeat markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 20(3), 221-231. <https://doi.org/10.1007/s12892-017-0023-0>
- Ibanda, A. P., Karungi, J., Malinga, G. M., Tanzito, G. A., Ocan, D., Badji, A., Mwila, N., Odong, T., L., , Tukamuhabwa, P., & Rubaihayo, P. (2018). Influence of environment on soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] resistance to groundnut leaf miner, *Aproaerema modicella* (Deventer) in Uganda. *Breeding and Crop Science*, 10(12), 336-346. <https://doi.org/https://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0764>
- Koutu, G. K., Shrivastava, A., Singh, Y., & Tiwari, S. (2019). Molecular Characterization and Genetic Diversity Assessment of Soybean Varieties using SSR Markers. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8, 173-182. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2019.804.018>
- Lazar, I., & Lazar, I. (2010). *GelAnalyzer 19.1* (www.gelanalyzer.com).
- Mofokeng, M., Kujane, K., & Sedibe, M. (2019). Genetic diversity analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genotypes making use of SSR markers.
- Mukuze, C., Tukamuhabwa, P., Maphosa, M., Dari, S., Dramadri, I., Obua, T., Kongai, H., & Rubaihayo, P. (2020). Genetic diversity analysis among soybean genotypes using SSR markers in Uganda. *African Journal of Biotechnology*, 19(7), 439-448. <https://doi.org/10.5897/AJB2020.17152>
- Oda, M. d. C., Sedyama, T., Matsuo, É., Cruz, C. D., Barros, E. G. d., & Ferreira, M. F. d. S. (2015). Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. *Agronomy Science and Biotechnology*, 1(1), 1. <https://doi.org/10.33158/ASB.2015v1i1p1>
- Rohlf, F. (1988). NTSYS-pc - Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. *Applied Biostatistics Inc. New York*, 2.1.
- Tantasawat, P., Trongchuen, J., Prajongjai, T., Jenweerawat, S., & Chaowiset, W. (2011). SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) Genetic relationship and variety identification in Thailand. *Australian Journal of Crop Science*, 5.