

# TRÍCH YẾU LUẬN ÁN TIỀN SĨ

**Tên luận án:** Đa dạng di truyền của quần thể cây cao su Rondonia (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) được bảo tồn tại Việt Nam

**Chuyên ngành:** Khoa học cây trồng

Mã số: 9.62.01.10

## Nghiên cứu sinh: Vũ Văn Trường

**Người hướng dẫn:** TS. Huỳnh Văn Biết và TS. Vincent Le Guen

**Cơ sở đào tạo:** Trường Đại học Nông Lâm Thành phố Hồ Chí Minh

## **1. Mục tiêu và đối tượng nghiên cứu của luân án**

## Mục tiêu nghiên cứu

Đánh giá di truyền ở mức độ phân tử một phần của bộ sưu tập quỹ gen cây cao su ở Việt Nam nhằm xác định sự đa dạng, mối quan hệ di truyền giữa các nguồn gen và tiềm năng của các mẫu giống có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil) để sử dụng hiệu quả và bền vững trong dài hạn.

## **Đối tượng nghiên cứu**

Những mẫu giống có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam; bộ sưu tập quỹ gen cây cao su của Việt Nam được lưu giữ dưới dạng vườn nhân chồi ghép tại Viện Nghiên cứu Cao su Việt Nam và được đánh giá đặc tính nông học trên các thí nghiệm quy mô nhỏ tại Lai Khê (Lai Hưng - Bàu Bàng - Bình Dương).

## **2. Phương pháp chủ yếu đã sử dụng trong nghiên cứu**

Sử dụng phương pháp hiện đại để đánh giá di truyền ở mức độ phân tử cho bộ sưu tập quỹ gen cây cao su ở Việt Nam:

Ly trích DNA từ lá cao su theo phương pháp CTAB, khuếch đại các mẫu giống với 15 chỉ thị SSRs được thực hiện bằng phản ứng PCR và được điện di mao quản trên máy đọc trình tự ABI 3500, số lượng và kích thước băng đa hình được phân tích bằng phần mềm GeneMapper.

Các thông số di truyền được phân tích bằng phần mềm GENALEX gồm dị hợp tử quan sát (Ho), dị hợp tử kỳ vọng (He), chỉ số khác biệt di truyền (Fst) và chỉ số thông tin đa hình (PIC); phân tích thành phần chính (PCA) để phát hiện quan hệ di truyền giữa các nhóm giống; phân tích AMOVA để xác định biến lượng di truyền xảy ra bên trong mẫu giống, giữa các mẫu và giữa các nhóm giống.

Xác định quan hệ di truyền giữa các mẫu giống thông qua cây phả hệ được xây dựng theo phương pháp Neighbor-Joining từ ma trận sai biệt (dissimilarity matrix) bằng phần mềm DARWIN.

Phân tích cấu trúc di truyền của các mẫu giống cao su, mô hình dự đoán cấu trúc được phân tích theo hai phương pháp: (1) phân tích thành phần chính (PCA) bằng phần mềm DARWIN để đưa ra đồ thị khoảng cách đa chiều của các mẫu giống trên các trục tọa độ; (2) phân cụm di truyền Bayes bằng phần mềm STRUCTURE.

Thống kê  $\Delta K$  đặc biệt để đánh giá những thay đổi xác suất Log theo giá trị cụm di truyền và giá trị cụm di truyền tối ưu được xác định bằng chương trình Structure Harvester trực tuyến; sử dụng thuật toán từ phần mềm CLUMPP để ước lượng hệ số mẫu giống tốt nhất cho mỗi cụm di truyền và số lượng mẫu giống ở mỗi cụm di truyền được minh họa bằng phần mềm DISTRUCT.

Đánh giá đặc tính về sinh trưởng và năng suất mủ của các mẫu giống cao su theo phương pháp truyền thống: Thu thập số liệu trên các thí nghiệm, sử dụng phương pháp kiểm tra dạng phân bố chuẩn bằng trắc nghiệm  $\lambda^2$  để xác định khoảng biến thiên của các mẫu giống, chia tổ, trị số giữa tổ, tần số quan sát ( $f_i$ ) của tổ; giá trị trung bình, phương sai mẫu, xác suất của tổ và trị số  $\lambda^2$ .

### 3. Những kết quả chính và kết luận

Bộ mẫu giống đưa vào nghiên cứu gồm 1.127 mẫu DNA được ly trích từ lá cao su đều đạt yêu cầu chất lượng và nồng độ cho phản ứng PCR với chỉ thị SSRs; sản phẩm PCR của các mẫu giống với 15 chỉ thị SSRs có tỷ lệ thành công đạt 98%. Mức độ đa hình cao của 15 chỉ thị SSRs tạo ra từ các mẫu giống cao su với số lượng đạt từ 15 đến 47 băng đa hình, do đó 15 chỉ thị SSRs được ứng dụng để đánh giá đa dạng di truyền cho các nguồn gen cao su ở Việt Nam là phù hợp và đáng tin cậy.

Tất cả các nhóm giống cao su được sưu tập từ các tiểu vùng thuộc bang Rondonia (Brazil) là rất đa dạng di truyền với các chỉ số di truyền cao, số allele trung bình ( $N_a$ ) đạt 13,7 và dị hợp tử kỳ vọng ( $H_e$ ) đạt 0,78; nguồn gen cao su từ bang Rondonia đa dạng di truyền hơn các nguồn gen đã được chọn tạo giống như nguồn gen Wickham và Wickham x Amazon, kể cả nguồn gen hoang dại từ bang Mato Grosso (Brazil). Nguồn gen Wickham đã xảy ra hiện tượng thoái hóa giống, nhưng nguồn gen từ bang Rondonia vẫn còn nguyên trạng ban đầu từ khi đưa vào bảo tồn tại Việt Nam.

Dựa vào 15 chỉ thị SSRs đã phát hiện 105 mẫu giống có quan hệ di truyền với các mẫu giống khác từ 95% đến 100% bao gồm 85 cặp mẫu và 10 bộ ba trong số 1.127 mẫu giống. Những mẫu giống từ cùng một tiểu vùng sưu tập thuộc bang Rondonia (Brazil) đã nhóm lại với nhau theo từng cụm di truyền riêng và biến lượng di truyền chủ yếu là do nội tại của các mẫu giống (74%), nhưng giữa các nhóm giống vẫn có sự khác biệt di truyền và giữa các nhóm giống có mối quan hệ di truyền gần gũi hơn so với các nguồn gen khác. Đối với nguồn gen Wickham và Wickham x Amazon, biến lượng di truyền giữa các mẫu giống đã giảm đáng kể và không khác biệt, nhưng giữa hai nguồn gen vẫn có sự khác biệt di truyền.

Những mẫu giống cao su từ bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam chủ yếu được hình thành từ hai nguồn gen, một nguồn gen gồm các mẫu giống từ tiểu vùng Ariquemes, một nguồn gen khác gồm mẫu giống từ tiểu vùng Costa Marques, Ji-Parana và Ouro Preto; giữa hai nguồn gen có mối quan hệ di truyền gần gũi hơn so với các nguồn gen bên ngoài bang Rondonia. Cấu trúc di truyền của các nguồn gen phù hợp với các tiểu vùng địa lý được sưu tập và giữa các mẫu giống trong cùng một tiểu vùng có quan hệ di truyền gần gũi hơn so với mẫu giống từ các tiểu vùng khác.

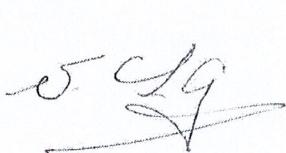
Nguồn gen cao su hoang dại từ bang Rondonia (Brazil) đã thể hiện khả năng sinh trưởng khỏe, nhưng biến thiên thấp (17%); trong khi, năng suất mủ thấp nhưng biến thiên rất cao (90%). Những mẫu giống có sinh trưởng khỏe và năng suất mủ cao gần như không phụ thuộc vào số lượng mẫu của các nhóm giống; những mẫu giống có tiềm năng vượt trội tập trung ở các nhóm giống và đồng thời cũng xuất hiện trên cụm di truyền từ cây phả hệ thuộc về các nhóm giống tương ứng, những mẫu giống vừa có sinh trưởng khỏe và năng suất mủ tập trung trên nhóm giống RO/C/9 và RO/JP/3; mẫu giống có sinh trưởng khỏe thuộc về nhóm giống RO/A/7 và RO/C/8.

#### Hướng dẫn Khoa học



TS. Huỳnh Văn Biết

#### Nghiên cứu sinh



TS. Vincent Le Guen



Vũ Văn Trường