

Đa dạng di truyền của các giống đậu tương có đặc tính kháng bệnh phấn trắng khác nhau bằng chỉ thị SSR

Đoàn Thị Thùy Linh¹, Trần Thị Trường², Chu Hoàng Hà³, Lê Văn Sơn^{3,*}

¹Khoa Nông – Lâm, Trường Đại học Tây Bắc

²Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Đậu đỗ, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

³Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

Nhận ngày 16 tháng 8 năm 2017

Chỉnh sửa ngày 20 tháng 9 năm 2017; Chấp nhận đăng ngày 10 tháng 10 năm 2017

Tóm tắt: Bệnh phấn trắng gây ra bởi nấm *Microsphaera diffusa* Cke. & Pk. là một trong các bệnh chính hại đậu tương ở Việt Nam. Chỉ thị SSR (Simple sequence repeats) là một chỉ thị đồng trội, đa hình và ổn định cao nên được sử dụng rộng rãi để đánh giá đa dạng di truyền, xác định chỉ thị liên kết tính kháng bệnh ở đậu tương. Trong nghiên cứu này, chúng tôi đánh giá đa dạng di truyền của 36 mẫu giống đậu tương khác nhau về tính kháng bệnh phấn trắng bằng 14 chỉ thị SSR. Kết quả thu được 61 allele biểu hiện ở 14 locus, đạt giá trị trung bình 4,36 allele/locus, điều này thể hiện đa dạng di truyền cao ở các giống nghiên cứu. Giá trị PIC dao động từ 0,00 (Sat_396, Satt183, Sat_298) đến 0,748 (Satt009), đạt giá trị trung bình 0,364. Ở mức tương đồng di truyền 75%, 36 mẫu nghiên cứu được chia thành 8 nhóm. Các nhóm 1, 2, 4, 5 và 8 bao gồm các giống đậu tương kháng bệnh phấn trắng. Sự đa dạng di truyền của các giống đậu tương khác nhau về đặc tính kháng bệnh phấn trắng được xác định trong nghiên cứu này được sử dụng để nhận dạng giống đậu tương và đề xuất các tổ hợp lai cho chương trình tạo giống đậu tương kháng bệnh phấn trắng.

Từ khóa: Chỉ thị SSR, đa dạng di truyền, gen kháng, *Glycine max* L., bệnh phấn trắng.

1. Mở đầu

Đậu tương là cây trồng quan trọng có đa tác dụng như cung cấp thực phẩm cho con người, nguyên liệu cho công nghiệp, thức ăn cho chăn nuôi, cải tạo đất,... Với hơn 100 nghìn ha trồng đậu tương của cả nước đã tạo ra sản lượng trung bình hơn 150 nghìn tấn/năm. Năng suất đậu tương ở Việt Nam thấp, chỉ bằng 60-65% năng suất đậu tương thế giới. Một trong những nguyên nhân chính gây giảm năng suất đậu

tương là do yếu tố thời tiết, sâu bệnh. Đặc biệt trong vụ Đông Xuân, bệnh phấn trắng gây ra suy giảm nghiêm trọng năng suất đậu tương ở các tỉnh Miền Bắc. Việc phát triển các giống đậu tương kháng bệnh phấn trắng là thách thức với các nhà chọn giống. Để thực hiện mục đích này, việc lựa chọn các cặp lai kháng phấn trắng, đa dạng về di truyền là nhiệm vụ ưu tiên hàng đầu trong chương trình phát triển các giống đậu tương kháng phấn trắng.

Phân tích đa dạng di truyền cung cấp cái nhìn sâu sắc cho việc lựa chọn các cặp bố mẹ nhằm kết hợp các allele và các tính trạng mong muốn trong chương trình cải tiến giống cây trồng [1]. Sử dụng chỉ thị phân tử trong nghiên

* Tác giả liên hệ. ĐT.: 84-915570750.

Email: levanson@ibt.ac.vn

<https://doi.org/10.25073/2588-1140/vnunst.4565>

cứ đa dạng di truyền cho phép đánh giá một số lượng lớn locus trải khắp bộ gen của nhiều loài cây trồng. Những thông tin về đa dạng di truyền DNA có thể phát hiện sự khác biệt nhỏ nhất giữa các giống, vì thế giúp nhận dạng và phân biệt giống trong tập đoàn cây trồng một cách chính xác nhất.

Chỉ thị SSR là chỉ thị đồng trội, đa hình và ổn định cao nên được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền ở nhiều loài cây trồng như ở đậu tương, lúa mì, lúa, khoai tây,... [1, 2]. Đã có hơn 33.650 chỉ thị SSR được thiết lập phủ kín trên bản đồ di truyền liên kết ở đậu tương - BARCSOYSSR-1.0 [3].

Nhiều công trình trong và ngoài nước đánh giá đa dạng di truyền đậu tương sử dụng chỉ thị SSR cho kết quả tốt đã được công bố [1-6].

Trong nghiên cứu này, 36 mẫu giống đậu tương khác nhau về đặc tính kháng bệnh phấn trắng được đánh giá đa dạng di truyền sử dụng 14 chỉ thị SSR nhằm cung cấp thông tin hữu ích cho việc nhận dạng các giống đậu tương và đề xuất các cặp lai tạo giống kháng bệnh phấn trắng.

2. Đối tượng và phương pháp nghiên cứu

2.1. Đối tượng

Ba mươi sáu mẫu giống đậu tương khác nhau về tính kháng bệnh phấn trắng được cung cấp bởi Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Đậu đỗ, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam (Bảng 1).

Bảng 1. Danh sách các mẫu giống đậu tương nghiên cứu

STT	Kí hiệu	TGST* (ngày)	Mức độ kháng bệnh phấn trắng	STT	Kí hiệu	TGST* (ngày)	Mức độ kháng bệnh phấn trắng
1	TR1	101	Kháng cao	19	TR33	105	Kháng cao
2	TR5	89	Kháng cao	20	TR34	105	Kháng cao
3	TR7	90	Nhiễm trung bình	21	TR35	96	Kháng cao
4	TR8	88	Kháng cao	22	TR36	105	Kháng cao
5	TR10	90	Nhiễm trung bình	23	TR37	120	Kháng cao
6	TR11	88	Kháng cao	24	TR18	86	Nhiễm nặng
7	TR12	88	Kháng cao	25	TR19	76	Kháng cao
8	TR14	95	Kháng cao	26	TR20	90	Kháng cao
9	TR16	109	Kháng cao	27	TR21	86	Nhiễm trung bình
10	TR23.1	120	Kháng cao	28	TR22	90	Nhiễm trung bình
11	TR24	95	Kháng cao	29	TR41	105	Kháng cao
12	TR26	95	Kháng cao	30	TR42	96	Nhiễm nặng
13	TR27.1	95	Kháng	31	TR43	96	Kháng cao
14	TR27.2	98	Kháng	32	TR44	82	Nhiễm nặng
15	TR28	95	Kháng cao	33	TR45	120	Kháng cao
16	TR29	95	Kháng cao	34	TR52	105	Kháng cao
17	TR30	96	Kháng cao	35	TR53	115	Kháng cao
18	TR31	110	Kháng cao	36	TR54	96	Kháng cao

*TGST (ngày): Thời gian sinh trưởng (ngày)

2.2. Phân tích SSR

Tách DNA tổng số từ lá theo phương pháp CTAB (Cetyl Trimethyl Amonium Bromide) [7]. Xác định độ tinh sạch và hàm lượng DNA bằng máy đo quang phổ Nanodrop Lite (Thermo Scientific), điều chỉnh nồng độ DNA đạt 50 ng/μl. PCR được thực hiện với từng chỉ

thị SSR, thể tích mỗi phản ứng là 20μl bao gồm 1 μl DNA; 0,5 μl mỗi xuôi; 0,5 μl mỗi ngược; 8 μl H₂O; 10 μl master mix (Quick-Load® *Taq* 2X Master Mix, hãng NEB, Mỹ). Sử dụng 14 chỉ thị SSR phân bố trên 10 nhiễm sắc thể dựa trên cơ sở dữ liệu genome đậu tương <http://www.soybase.org>, trong đó 5 chỉ thị SSR trên nhiễm sắc thể 16 - chứa gen kháng

bệnh phân trắng (Bảng 2). Chu trình PCR: (1) 94°C, 4 phút, (2) 94°C, 30 giây, (3) 52 – 56°C, 30 giây, (4) 72°C, 30 giây, lặp lại 35 chu kỳ từ (2) đến (4), (5) 72°C, 7 phút, giữ mẫu ở 4°C. Sản phẩm phản ứng PCR được điện di trên gel polyacrylamide 6% biến tính trong đệm 0,5x TAE (Tris - Acetate - EDTA), 50W, thời gian 90 phút. Các băng DNA được phát hiện bằng phương pháp nhuộm bạc nitrat.

2.3. Phân tích số liệu

Sự xuất hiện ổn định (1) hay không xuất hiện (0) của mỗi băng trên phổ điện di được sử dụng như một đặc trưng để mô tả biến dị DNA của các mẫu phân tích. Kích thước băng DNA của mỗi chỉ thị SSR được xác định bằng cách so với thang DNA 100bp (Fermentas).

Hệ số tương đồng di truyền (S) và hàm lượng thông tin đa hình (PIC - Polymorphism Information Content) được tính theo công thức của Nei (1973) [8].

$$S = 2.N_{xy}/(N_x + N_y)$$

N_{xy} : là số allen cùng vị trí của mẫu x và y;

N_x, N_y : là số allen của mẫu x và y.

$$PIC = 1 - \sum P_i^2$$

P_{ij} là tần số xuất hiện của allen thứ j ở mỗi i.

Số liệu phân tích SSR được xử lý bằng phần mềm NTSYS pc.2.0 để tính Hệ số tương đồng di truyền và vẽ sơ đồ biểu thị mối quan hệ di truyền bằng phương pháp UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetical averages).

3. Kết quả và thảo luận

3.1. Đa dạng di truyền các giống đậu tương bằng chỉ thị phân tử SSR

Với 61 allen được biểu hiện, cả 14 chỉ thị SSR phân bố trên 10 nhiễm sắc thể (Bảng 2) đều thể hiện đa hình ở 36 mẫu giống đậu tương nghiên cứu. Hình ảnh điện di 36 giống nghiên cứu của một số chỉ thị SSR trên gel polyacrylamide 6% được thể hiện ở hình 1. Số allen ở mỗi locus dao động từ 2 (Sat_137) tới 8

(Satt009), đạt trung bình 4,36 allen/locus. Trong số 61 allen, 35 allen có tần số $\leq 25\%$, 6 allen có tần số $\geq 75\%$, 20 allen còn lại có tần số ở khoảng 25% - 75%.

Hệ số PIC (Polymorphic Information Content) phản ánh tính đa hình của tập đoàn các giống nghiên cứu theo từng chỉ thị. Hệ số PIC của các chỉ thị SSR trong nghiên cứu này dao động từ 0,00 (Sat_396, Satt183, Sat_298) đến 0,748 (Satt009), đạt giá trị trung bình là 0,364. Giá trị PIC trung bình của nghiên cứu này (0,364) là cao hơn so với kết quả nghiên cứu của Bisen *et al* (2014) [6] (0,199). Các nghiên cứu về giá trị PIC cao hơn cũng đã được báo cáo bởi các tác giả Ho *et al* (2016) [9] (0,578), Triệu Thị Thịnh *et al* (2101) [4] (0,63), Vũ Thanh Trà *et al* (2012) [5] (0,729), Trần Thị Phương Liên *et al* (2003) [10] (0,633),.... Nguyên nhân của sự sai khác này là sự khác nhau về tập đoàn các mẫu giống nghiên cứu cũng như sự khác nhau về số lượng và loại chỉ thị SSR được sử dụng trong các nghiên cứu.

Trong số 14 chỉ thị SSR được phân tích, 4 chỉ thị cho nhận dạng đặc biệt với 6 allen hiếm ở 4 mẫu giống. Satt197 biểu hiện 6 allen trong đó có allen tương ứng với 450bp chỉ xuất hiện ở mẫu TR45. Satt009 biểu hiện 8 allen trong đó có 3 allen hiếm có kích thước 500bp, 650bp, 720bp ở các mẫu giống tương ứng là TR19, TR52, TR54. Satt235 biểu hiện 4 allen trong đó có allen 600bp chỉ xuất hiện ở mẫu TR27.1. Satt256 biểu thị 03 allen trong đó có allen hiếm có kích thước tương ứng là 550bp ở mẫu giống TR45.

Nhìn chung, các chỉ thị SSR thể hiện số allen lớn đều có giá trị PIC cao. Hai chỉ thị Sat_224 và Satt009 biểu hiện 7 và 8 allen có giá trị PIC tương ứng là 0,711 và 0,748. Do đó, hai chỉ thị SSR này mang thông tin để phân biệt các mẫu giống đậu tương nghiên cứu. Thêm vào đó, các allen chỉ xuất hiện duy nhất ở 1 mẫu giống được coi là allen hiếm cũng là một thông tin hữu ích để nhận dạng các mẫu giống nghiên cứu.

Bảng 2. Kết quả phân tích sự đa hình của các chỉ thị SSR

Tên môi	Trình tự môi	Kiểu SSR	Nhóm liên kết	Số allen	Kích thước allen (bp)	PIC
Sat_396	F-GCGCCCTAGGGAATG...GAAGG...TAATA R-GCGAGAACGC...CAATCATAGCAGAAT	(AT)34	16	3	280, 320, 480	0,000
Sat_224	F-GCGGGG...AGTTGTTAACTCAGTCAAAGT R-GCG..ATCAAGAATCAGTGGTATAATC A	(AT) ₁₉	16	7	200, 230, 420, 450, 480, 550, 620	0,711
Satt373	F-TCCGCGAGATAAATTCGTAAAAT R-GGCCAGATACCCAAGTTGTACTTGT	(ATT)21	19	5	600, 620, 640, 670, 700	0,353
Satt183	F-TAGGTCCCAGAATTTTCATTG R-CACCAACCAGCACAAAA	(TTA)13	16	4	680, 700, 720, 740	0,000
Satt431	F-GCGTGGCACCCTTGATAAATAA R-GCGCACGAAAGTTTTTCTGTAACA	(AAT)21	16	4	520, 560, 600, 620	0,458
Satt197	F-CACTGCTTTTTCCCTCTCT R-AAGATACCCCAACATTATTTGTAA	(ATT)20	11	6	270, 320, 450*, 470, 500, 560	0,39
Sat_228	F-GCGTGACTACGGGAAGTTGGAAC R-GCGTTGGCGGTAAGAGCACTATA	(AT)40	16	4	500, 550, 600, 680	0,567
Satt009	F-CCAACCTTGSAAATTAAGAGAAA R-CTTACTAGCGTATTAACCCCTT	(ATT)14	3	8	400, 450, 500, 550, 600*, 620, 650*, 720*	0,748
Satt294	F-GCGGGTCAAATGCAAATTATTTTT R-GCGCTCAGTGTGAAAGTTGTTTCTAT	(TAT)23	4	3	720, 740, 750	0,188
Sat_137	F-GATGACGCCGCAGGTTTCTCC R-GGTGCGGTTCCACAGTTTTTTT	(AT)16	5	2	750, 800	0,203
Sat_182	F-GCGATATTACCAGGATTGTCTGTGTC R-GCGTAGGCACACTTCGTTGTTACT	(AT)26	14	4	500, 530, 580, 600	0,615
Satt235	F-GCGGGCTTTGCCAAGAAGTTT R-GCGGTGAGGCTGGCTATAAG	(TC)5	18	4	200, 320, 500, 600*	0,354
Sat_298	F-GCGCGTTCGAAGCAAAAATTAATA R-GCGGCGAAACCCACAAAGCATA	(AT)28	13	4	520, 540, 570, 590	0,000
Satt256	F-GCGATGCATAAATTAGACACAT R-CCACTGCTTCATCACATTCACAC	(ATT)10	17	3	550*, 580, 620	0,499
Tổng				61		
Trung bình				4,36		0,364

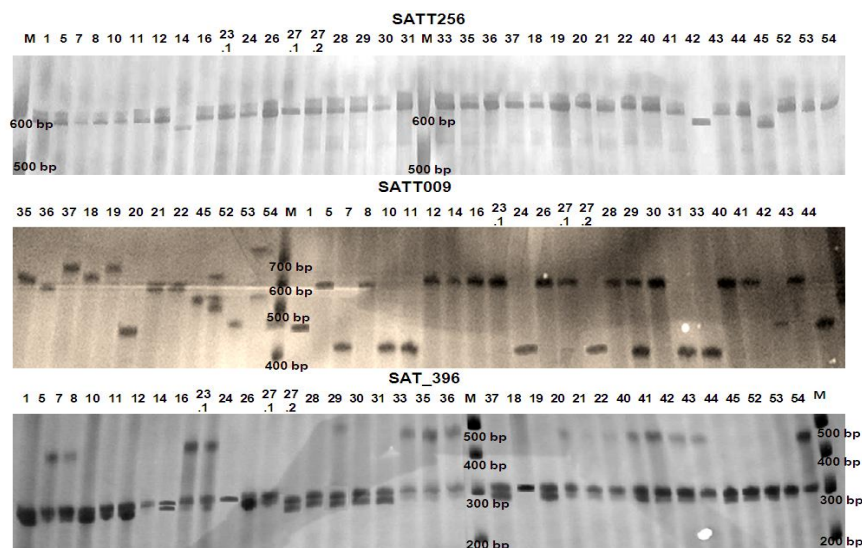
3.2. Phân tích quan hệ di truyền giữa các giống đậu tương bằng chỉ thị SSR

Quan hệ di truyền giữa 36 mẫu giống đậu tương được phân tích theo phương pháp UPGMA bằng phần mềm NTSYS 2.0, từ đó xác định được hệ số tương đồng di truyền và mối quan hệ di truyền giữa các mẫu nghiên cứu (Hình 2).

Hệ số tương đồng di truyền của 36 mẫu nghiên cứu dao động từ 0,49–0,95. Hệ số tương đồng cao nhất (0,95) giữa hai cặp TR28 và TR29, TR41 và TR43, thể hiện nguồn gốc di truyền gần nhau của từng cặp giống này. Hệ số

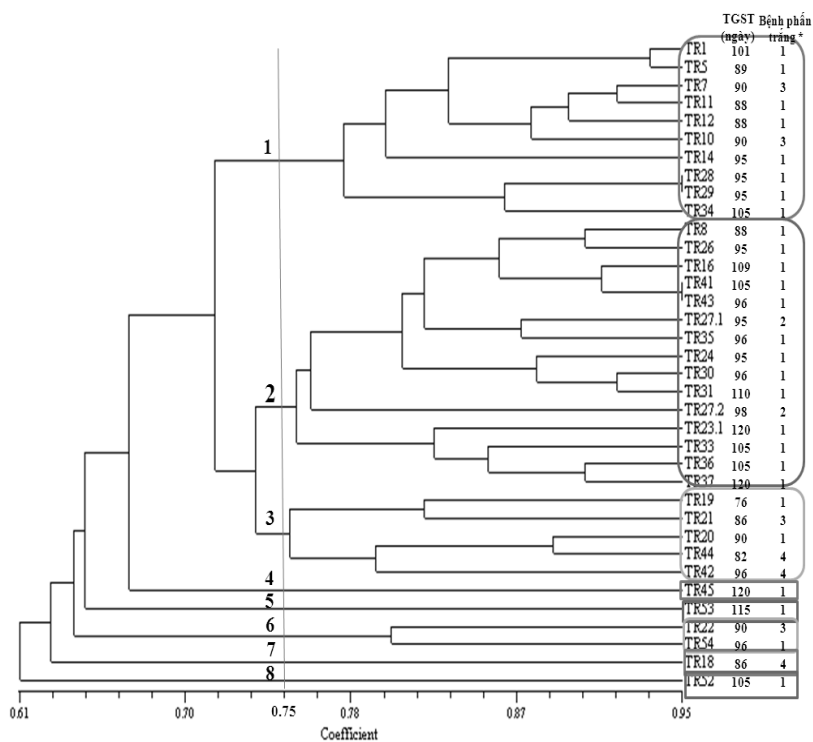
tương đồng thấp nhất (0,49) giữa hai mẫu TR45 và TR22. Ở mức tương đồng 75%, 36 mẫu đậu tương nghiên cứu được chia thành 8 nhóm:

Nhóm 1 gồm 10 mẫu TR1, TR5, TR7, TR11, TR12, TR10, TR14, TR28, TR29, TR34 có hệ số tương đồng giữa các mẫu trong nhóm 2 dao động từ 0,74–0,95. Trong các mẫu nhóm 1 chỉ có 2 mẫu TR1 và TR34 thuộc nhóm chín muộn, các mẫu còn lại thuộc nhóm chín trung bình. Về tính kháng bệnh phấn trắng, mẫu TR7 và TR10 thể hiện nhiễm trung bình, các mẫu còn lại đều kháng bệnh phấn trắng cao.



Hình 1. Kết quả điện di sản phẩm PCR của 36 giống đậu tương với một số chỉ thị SSR.

M: Ladder 100 bp; Các lane 1,5,7,8,..., 54 tương ứng với kí hiệu các giống đậu tương TR1, TR5, TR7, TR8,..., TR54.



Hình 2. Phân nhóm 36 mẫu giống đậu tương theo phân tích tương đồng di truyền

* Bệh phần trắng: 1 – Kháng cao, 2 – Kháng, 3 - Nhiễm trung bình, 4 - Nhiễm nặng TGST (ngày): Thời gian sinh trưởng (ngày).

Nhóm 2 gồm 15 mẫu TR8, TR26, TR16, TR41, TR43, TR27.1, TT35, TR24, TR30, TR31, TR27.2, TR23.1, TR33, TR36, TR37 có hệ số tương đồng giữa các mẫu trong nhóm 2 dao động từ 0,66–0,95. Các mẫu nhóm 2 đều thuộc nhóm chín trung bình và chín muộn. Về tính kháng bệnh phấn trắng, có 2 mẫu TR27.1 và TR27.2 biểu hiện kháng bệnh phấn trắng, các mẫu còn lại đều kháng bệnh phấn trắng cao.

Nhóm 3 gồm 5 mẫu TR19, TR21, TR20, TR44, TR42 có hệ số tương đồng giữa các mẫu trong nhóm 2 dao động từ 0,67–0,89. Các mẫu nhóm 3 thuộc nhóm chín trung bình, trừ mẫu TR19 thuộc nhóm chín sớm. Mẫu TR19, TR42 kháng bệnh phấn trắng cao, TR21 biểu hiện nhiễm trung bình với bệnh phấn trắng, TR42 và TR44 nhiễm phấn trắng nặng.

Nhóm 4 gồm 1 mẫu TR45, hệ số tương đồng di truyền giữa TR45 và các mẫu còn lại khá thấp dao động từ 0,56–0,75. Mẫu TR45 thuộc nhóm chín muộn, kháng bệnh phấn trắng cao.

Nhóm 5 gồm 1 mẫu TR53, hệ số tương đồng di truyền giữa TR53 và các mẫu còn lại khá thấp dao động từ 0,52–0,74. Mẫu TR53 thuộc nhóm chín muộn, kháng bệnh phấn trắng cao.

Nhóm 6 gồm 2 mẫu TR22 và TR54 có hệ số tương đồng di truyền 0,80, đều thuộc nhóm chín trung bình, có phản ứng khác nhau với bệnh phấn trắng. Mẫu TR22 nhiễm phấn trắng trung bình, TR54 kháng phấn trắng cao.

Nhóm 7 gồm 1 mẫu TR18, hệ số tương đồng di truyền giữa TR18 và các mẫu còn lại khá thấp dao động từ 0,51–0,74. Mẫu TR18 thuộc nhóm chín muộn, nhiễm phấn trắng nặng.

Nhóm 8 gồm 1 mẫu TR52, hệ số tương đồng di truyền giữa TR52 và các mẫu còn lại khá thấp dao động từ 0,49–0,70. Mẫu TR52 thuộc nhóm chín muộn, kháng phấn trắng cao.

Việc phân nhóm dựa vào 61 allen được khuếch đại từ 14 chỉ thị SSR đã thể hiện được mối quan hệ di truyền của 36 mẫu đậu tương nghiên cứu. Các nhóm 1, 2, 4, 5 và 8 bao gồm các giống đậu tương kháng bệnh phấn trắng. Kết quả nghiên cứu này cung cấp thông tin hữu

ích cho việc nhận dạng các giống đậu tương và đề xuất các cặp lai tạo giống kháng bệnh phấn trắng.

4. Kết luận

Kết quả phân tích DNA của 36 mẫu giống đậu tương bằng 14 chỉ thị SSR thể hiện 61 allen, trong đó 100% số allen đều thể hiện sự đa hình. Số lượng allen ở mỗi locus dao động từ 2 allen 2 (Sat_137) tới 8 (Satt009), đạt trung bình 4,36 allen/locus.

Hệ số PIC của các chỉ thị SSR trong nghiên cứu này dao động từ 0,00 (Sat_396, Satt183, Sat_298) đến 0,748 (Satt009), đạt giá trị trung bình là 0,364.

Có 4 chỉ thị SSR cho nhận dạng đặc biệt với 6 allen hiếm ở 4 mẫu giống. Satt197 có allen hiếm tương ứng với 450bp ở mẫu TR45. Satt009 có 3 allen hiếm có kích thước 500bp, 650bp, 720bp ở các mẫu giống tương ứng là TR19, TR52, TR54. Satt235 có allen hiếm 600bp ở mẫu TR27.1. Satt256 có allen hiếm 550bp ở mẫu TR45.

Hệ số tương đồng di truyền của 36 mẫu nghiên cứu dao động từ 0,49–0,95. Hệ số tương đồng cao nhất (0,95) giữa hai cặp TR28 và TR29, TR41 và TR43. Hệ số tương đồng thấp nhất (0,49) giữa hai mẫu TR45 và TR22. Ở mức tương đồng 75%, 36 mẫu đậu tương nghiên cứu được chia thành 8 nhóm. Các nhóm 1, 2, 4, 5 và 8 bao gồm các giống đậu tương kháng bệnh phấn trắng.

Lời cảm ơn

Nghiên cứu này được thực hiện tại Viện Công nghệ Sinh học thuộc Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam và Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Đậu đỗ thuộc Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam.

Tài liệu tham khảo

- [1] Rani, A., Kumar, V., Gill, B. S., Morya, V., & Rawal, R., Assessment of genetic diversity of soybean genotypes differing in resistance against

- yellow mosaic virus using simple sequence repeat markers, *Legume Research* 39 5 (2016) 674.
- [2] Tantasawat P., Trongchuen J., Prajongjai T., Jenweerawat S. & Chaowiset W., SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand, *Australian Journal of Crop Science* Vol. 5 số 3 (2011) 283.
- [3] Song, Q., Jia, G., Zhu, Y., Grant, D., Nelson, R. T., Hwang, E. Y., ... & Cregan, P. B., Abundance of SSR Motifs and development of Candidate Polymorphic SSR Markers (BARCSOYSSR_1.0) in Soybean. *Crop Sci.* 50 (2010) 1950.
- [4] Triệu Thị Thịnh, Vũ Thị Thúy Hằng, Vũ Đình Hòa, Phân tích đa dạng di truyền của đậu tương bằng chỉ thị SSR, *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, tập 8 số 4 (2010) 638.
- [5] Vũ Thanh Trà, Chu Hoàng Mậu, Trần Thị Phương Liên, Đánh giá sự đa dạng di truyền của 50 giống đậu tương Việt Nam có phản ứng khác nhau với bệnh gỉ sắt bằng chỉ thị SSR, *Tạp chí Sinh học*, tập 34 số 2 (2012) 235.
- [6] Bisen, A., Khare, D., Nair, P., & Tripathi, N., SSR analysis of 38 genotypes of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic diversity in India, *Physiol Mo Biol Plants* (2014).
- [7] Saghai-Marouf, K., Soliman, M., Jorgensen, R.A., & Allard, R.W., Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics, *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, Vol. 81 24 (1984) 8014.
- [8] Nei M., Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 70 (1973) 3321.
- [9] Tuong, H. M., Truong, T. T., Lien, T. T. P., & Ha, C. H., Analysis of Powdery Mildew Resistant Characteristic and Genetic Relationship of Cultivated Soybean, *Glycine max*, in Vietnam for Parental Selection. *International Journal of Bioscience, Biochemistry and Bioinformatics*, 6 (3) (2016) 105.
- [10] Trần Thị Phương Liên, Lê Thị Muội, Nghiên cứu về sự đa dạng di truyền của một số giống đậu tương bằng chỉ thị phân tử SSR, *Tạp chí Công nghệ Sinh học*, tập 1 số 3 (2003) 347.

Genetic Diversity of Soybean Genotypes Different in Powdery Mildew Resistance Using SSR Markers

Doan Thi Thuy Linh¹, Tran Thi Truong², Chu Hoang Ha³, Le Van Son³

¹*Faculty of Agricultural and Forestry, Tay Bac University*

²*Legumes Research and Development Center, Vietnam Academy of Agricultural Sciences*

³*Institute of Biotechnology, Vietnam Academy of Science and Technology*

Abstract: Powdery mildew disease, caused by *Microsphaera diffusa* Cke. & Pk. is one of the major diseases on soybean in Vietnam. SSR (Simple sequence repeats) marker is co-dominance, polymorphic and stability, so this kind of marker have been widely used to measure genetic diversity and identify markers linked with resistance characteristic in soybean. In the present study, genetic basis of 36 soybean genotypes varying in powdery mildew resistance was studied using 14 SSR markers. A total of 61 alleles with an average of 4,36 allele/locus, which indicated high genetic diversity of the studied genotypes. PIC value of each marker ranged from 0,00 (Sat_396, Satt183, Sat_298) to 0,748 (Satt009) with an average of 0.364 which shown high genetic diversity among the studied genotypes. At genetic similarity coefficient of 0.75, 36 soybean genotypes divided into 8 distinct groups. Group 1 and group 2 included 21/25 genotypes which was resistant to powdery mildew. Groups 1, 2, 4, 5 and 8 include powdery mildew resistance genotypes. Genetic diversity of soybean genotypes different in powdery mildew resistance identified in the study can be used to identify soybean variety and propose some hybrids for powdery mildew resistance soybean breeding program.

Keywords: Genetic diversity, *Glycine max* L., powdery mildew, resistance gene, SSR markers.