

NGHIÊN CỨU CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR Ở MỘT SỐ GIỐNG /DÒNG CHÈ TRỒNG TẠI THÁI NGUYÊN

Hoàng Thị Thu Yến, Lê Quang Thương, Dương Thị Nhung, Hà Thị Loan

TÓM TẮT:

PCR-SSR là kỹ thuật sinh học phân tử quan trọng, được sử dụng phổ biến và hiệu quả để nghiên cứu chỉ thị phân tử trong chọn giống, nghiên cứu đa dạng di truyền, lập bản đồ gen, nhận dạng di truyền... Trong nghiên cứu này, chúng tôi phân tích đặc điểm kích thước một số đoạn SSR và đánh giá sự đa dạng genome các giống/dòng chè thu thập tại xã Tân Cương, thành phố Thái Nguyên, tỉnh Thái Nguyên; Công ty chè Sông Cầu và xã Trại Cài- huyện Đồng Hỷ tỉnh Thái Nguyên. DNA tổng số từ các mẫu nghiên cứu được sử dụng làm khuôn để thực hiện kỹ thuật PCR-SSR với 5 cặp mồi đặc hiệu. Kết quả khuếch đại ở mỗi mồi đều chỉ ra sự đa dạng trình tự lặp lại của đoạn SSR và đa dạng các phân đoạn DNA được khuếch đại. Sử dụng phần mềm NTSYS version 2.1 phân tích sự đa dạng các phân đoạn DNA được khuếch đại bằng kỹ thuật PCR-SSR, các giống/dòng chè nghiên cứu được chia thành 2 nhóm chính: Nhóm I gồm 22 mẫu chè, chia thành 2 nhóm phụ. Nhóm phụ 1 gồm 19 mẫu (M1, M2, M17, M7, M10, M20, M22, M23, M11, M21, M4, M8, M16, M15, M3, M14, M5, M6, M13), hệ số sai khác giữa chúng với nhóm phụ còn lại là 0,412. Nhóm phụ 2 gồm 3 mẫu M12, M24 và M25 có hệ số sai khác là 0,252. Nhóm chính II gồm 3 mẫu là M9, M18, M19, ba mẫu này có hệ số di truyền sai khác lớn nhất so với nhóm khác là 0,46.