

Using SSR markers for evaluation of genetic variation among sesame
(*Sesamum indicum* L.) accessions

Toan D. Pham^{1*}, Biet V. Huynh¹, & Tuyen C. Bui²

¹Research Institute of Biotechnology and Environment, Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam

²Faculty of Environment and Natural Resources, Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam

ARTICLE INFO

Research Paper

Received: September 18, 2020

Revised: October 02, 2020

Accepted: October 23, 2020

Keywords

Dendrogram

Diversity

Genetic

Sesame

Sesame accessions

*Corresponding author

Pham Duc Toan

Email: phamductoan@hcmuaf.edu.vn

ABSTRACT

Sesame (*Sesamum indicum* L.) is an annual plant belonging to the Pedaliaceae family which is considered to be the oldest of the oilseed plants. Sesame is known as the king of oilseeds because its seeds contain high oil content (50-60%). The objective of the study was to evaluate the genetic variation of sesame accessions based on ten SSR markers. The results showed that all sesame accessions showed high genetic similarity among individuals in each accession. Polymorphism information content ranged from 0.24 (TNB17) to 0.37 (MT20). H_O varied from 0.04 (MT30) to 0.25 (GENE1). The highest H_E was 0.37 (MT20) and the lowest H_E was 0.28 (TNB17). The results also displayed the high genetic diversity among 7 sesame accessions. The genetic diversity distance varied from 0.0 to 1.0. Dendrogram analysis divided 7 sesame accessions into 5 clear groups at an average genetic distance of 0.25. The results achieved would be useful information for genetic evaluation and sesame breeding development in the future.

Cited as: Pham, T. D., Huynh, B. V., & Bui, T. C. (2020). Using SSR markers for evaluation of genetic variation among sesame (*Sesamum indicum* L.) accessions. *The Journal of Agriculture and Development* 19(5), 9-19.

Sử dụng chỉ thị SSR để đánh giá sự biến động di truyền của các mẫu giống mè (*Sesamum indicum* L.)

Phạm Đức Toàn^{1*}, Huỳnh Văn Biết¹ & Bùi Cách Tuyến²

¹Viện Nghiên Cứu Công Nghệ Sinh Học và Môi Trường, Trường Đại Học Nông Lâm TP.HCM, TP. Hồ Chí Minh

²Khoa Môi Trường và Tài Nguyên, Trường Đại Học Nông Lâm TP.HCM, TP. Hồ Chí Minh

THÔNG TIN BÀI BÁO

Bài báo khoa học

Ngày nhận: 18/09/2020

Ngày chỉnh sửa: 02/10/2020

Ngày chấp nhận: 23/10/2020

Từ khóa

Cây mè
Cây phân nhóm
Di truyền
Đa dạng
Mẫu giống mè

*Tác giả liên hệ

Phạm Đức Toàn
Email: phamductoan@hcmuaf.edu.vn

TÓM TẮT

Cây mè (*Sesamum indicum* L.) là cây hàng niên, thuộc họ Pedaliaceae, là cây có dầu lâu đời. Cây mè cũng được biết đến như là vua của các cây có dầu, vì hạt chứa hàm lượng dầu khá cao (50-60%). Mục tiêu của nghiên cứu này là đánh giá sự biến thiên di truyền của các mẫu giống mè dựa trên chỉ thị sinh học phân tử SSR. Kết quả thể hiện hầu hết các mẫu giống mè có sự biến thiên di truyền giữa các cá thể trong cùng mẫu giống. Chỉ số PIC dao động từ 0,24 (TNB17) đến 0,37 (MT20), H_O biến thiên từ 0,04 (MT30) tới 0,25 (GENE1), H_E lớn nhất 0,37 (MT20) và nhỏ nhất 0,28 (TNB17). Kết quả cũng thể hiện sự đa hình di truyền cao giữa 7 mẫu giống mè trong nghiên cứu, khoảng cách đa dạng di truyền dao động từ 0,0 - 1,0. Cây phân nhóm chia các mẫu giống mè thành 5 nhóm khác nhau ở mức giá trị trung bình khoảng cách đa dạng di truyền 0,25. Kết quả nghiên cứu này là nguồn thông tin rất hữu ích trong công tác đánh giá di truyền và phát triển nguồn giống mè trong tương lai.

1. Đặt Vấn Đề

Cây mè hay còn gọi là vừng (*Sesamum indicum* L.) là cây có dầu lâu đời, thuộc họ Pedaliaceae, cây thân thảo, hàng niên, phân bố và phát triển rộng trên các vùng sinh thái khác nhau. Cây mè cũng được biết đến như là cây vua của các cây có dầu, vì hạt nó chứa hàm lượng dầu khá cao từ 50 đến 60% (Pham & ctv., 2010). Đặc biệt hơn là dầu hạt mè chứa nhiều acid béo quý, acid béo chưa no, các chất chống oxy-hóa có tác dụng rất tốt cho sức khỏe, ngăn ngừa được một số bệnh như cao máu, bệnh tim mạch, ngăn ngừa bệnh ung thư (Miyahara & ctv., 2001).

Ở Việt Nam, mè là cây cho hạt có dầu dễ trồng, chịu hạn tốt và thích nghi trên nhiều loại đất, chi phí đầu tư sản xuất không cao nên được nông dân trồng từ lâu. Do đó, tiềm năng để mở rộng sản

xuất cây mè là khá lớn. Tuy nhiên, so với các cây có dầu khác như đậu nành, đậu phộng thì cây mè chưa được chú trọng đầu tư đúng tầm nên năng suất và phẩm chất mè vẫn còn hạn chế, hiệu quả kinh tế chưa cao. Vì vậy, để cải thiện năng suất, nâng cao hiệu quả kinh tế thì cần chú trọng đầu tư trong khâu sản xuất giống mè, vì giống là yếu tố quan trọng quyết định hàng đầu.

Sự đa dạng di truyền ở các loài cây trồng bao gồm mè có thể được xác định bằng các đặc điểm hình thái và nông học, isozyme và các phân tích chỉ thị DNA (Koornneef, 1990; Reiter & ctv., 1993; Pham & ctv., 2009). Có nhiều giải pháp khác nhau để thực hiện đánh giá di truyền trong số các dòng, giống cây trồng. Trong số này, các chỉ thị phân tử cho phép so sánh trực tiếp mức tương đồng kiểu gene ở mức DNA. Chỉ thị Simple sequence repeat (SSR) là một trong những công

cụ để xác định sự đa dạng di truyền của nguồn gene (Powell & ctv., 1996). Kỹ thuật này có ưu điểm là đánh giá nhanh chóng, chính xác, cho đa hình cao và ổn định, vì vậy chỉ thị SSR được sử dụng rộng rãi và rất có hiệu quả trên nhiều đối tượng cây trồng. Vì vậy, mục tiêu của nghiên cứu này là sử dụng chỉ thị sinh học phân tử SSR trong đánh giá sự biến thiên di truyền của các mẫu giống mè phục vụ cho công tác nhân giống đáp ứng cho nhu cầu canh tác cây mè trong tương lai.

2. Vật Liệu và Phương Pháp Nghiên Cứu

Tổng số 7 mẫu giống mè được trồng tại ruộng thí nghiệm của Viện Nghiên cứu Công nghệ Sinh học và Môi trường - Trường Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh (Bảng 1), diện tích 25 m²/mẫu giống. Mỗi mẫu giống chọn 30 cá thể, các cá thể được đánh số thứ tự từ 1 đến 30 để đánh giá di truyền bằng chỉ thị SSR.

2.1. Li trích DNA, phản ứng PCR-SSR và điện di kết quả

Mẫu lá non của 30 cá thể trên mỗi mẫu giống được thu thập để li trích DNA. DNA từ lá non của các mẫu giống mè được li trích bằng quy trình SDS tại Viện nghiên cứu Công nghệ Sinh học và Môi trường - Trường Đại học Nông Lâm TP. Hồ Chí Minh. Tổng số 10 cặp mồi SSR được sử dụng từ nghiên cứu của Dixit & ctv. (2005) (Bảng 2), phản ứng PCR-SSR được thực hiện trong thể tích 25 μ L bao gồm 1X MasterMix (Bioline - UK), 0,2 μ M mỗi mồi, 1 μ L DNA (khoảng 50-100 ng/ μ L), và nước cất khử ion vừa đủ 25 μ L. Phản ứng PCR-SSR được thực hiện trên máy PCR (Applied Biosystems 9700, Singapore) với chu trình nhiệt như sau: 1 chu kỳ ở 94°C trong 5 phút; 35 chu kỳ gồm: 94°C trong 1 phút, 55°C trong 1 phút 30 giây, 72°C trong 1 phút; 1 chu kỳ ở 72°C trong 5 phút và cuối cùng là giữ sản phẩm PCR-SSR ở 4°C. Điện di kiểm tra sản phẩm PCR-SSR trên gel agarose với nồng độ 1,5%. Sau khi điện di, gel được chụp hình trên máy chiếu sáng bằng UV. Đánh giá, ước lượng kích thước trình tự các đoạn DNA khuếch đại trong gel agarose dựa trên thang chuẩn ladder 100 bp DNA (Bioline - UK).

2.2. Mã hóa số liệu và phân nhóm di truyền

Từ kết quả điện di của sản phẩm PCR - SSR, tiến hành so sánh các đoạn khuếch đại DNA và

mã hóa dữ liệu. Mã hóa các đoạn khuếch đại DNA được ghi nhận như sau: nếu xuất hiện băng trong sản phẩm điện di ở cùng kích thước được ghi nhận "1", không xuất hiện thì ghi nhận "0". Các số liệu mã hóa được xử lý và phân tích bằng phần mềm NTSYSpc 2.1 (Numerical Taxonomy System) và Popgene 1.31 để đánh giá sự đa hình di truyền, biến thiên di truyền và phân nhóm di truyền của các mẫu giống mè trong nghiên cứu.

3. Kết Quả và Thảo Luận

3.1. Đánh giá sự biến động di truyền của các cá thể trên mỗi mẫu giống mè

Tổng số 10 mồi SSR được sử dụng trong phân tích sự biến động di truyền của các mẫu giống mè. Tất cả các mồi cho kết quả đa hình cao trên các mẫu giống mè, trong đó mẫu giống MT20 có số mồi cho đa hình cao nhất là 10 đạt 100% và MT30 thấp nhất với 7 mồi đa hình đạt 70%. Kết quả thể hiện thông tin đa hình (PIC) của MT20 có giá trị cao nhất (0,37) và TNB17 có giá trị thấp nhất (0,24). Chỉ số H_O của các mẫu giống rất thấp chứng tỏ giữa các cá thể trong cùng một mẫu giống có độ biến động di truyền rất thấp, điều này cho thấy giữa các cá thể có độ đồng hình di truyền cao, và độ đồng đều cao. Trong đó, chỉ số H_O của MT30 thể hiện thấp nhất (0,04), cho thấy rằng các cá thể của mẫu giống này có độ đồng đều cao nhất trong 7 mẫu giống (Hình 1). Ngược lại, mẫu giống GENE1 có sự biến thiên di truyền cao nhất với chỉ số H_O thể hiện giá trị 0,25, đồng nghĩa với việc các cá thể trên mẫu giống này có độ đồng đều thấp nhất trong 07 mẫu giống mè (Bảng 3).

3.2. Phân nhóm di truyền của các cá thể trên từng mẫu giống mè

Mẫu giống mè DH1: Kết quả phân nhóm di truyền của các cá thể trong mẫu giống DH1 có mức độ tương đồng biến động từ 0,34 đến 1,00 (Hình 2). Ở mức tương đồng di truyền 0,72, cây phân nhóm của 30 cá thể được chia thành 7 nhóm. Nhóm I gồm 2 cá thể số 1 và số 5. Nhóm II gồm 3 cá thể số 11, 12, 13. Nhóm III chỉ có 1 cá thể số 17. Nhóm IV gồm 15 cá thể, bao gồm cá thể số 2, 3, 4, 10, 24, 28, 25, 22, 26, 23, 27, 30, 18, 21 29. Nhóm V gồm 4 cá thể số 7, 15, 16, 8. Nhóm VI gồm 4 cá thể số 6, 9, 20, 19. Nhóm VII chỉ có 1 cá thể số 14 và có khoảng cách di truyền xa hơn so với các cá thể khác trong mẫu giống

Bảng 1. Danh sách mẫu giống mè được dùng trong thí nghiệm

| STT | Tên mẫu giống | Nguồn gốc | Hiện trạng mẫu giống |
|-----|---------------|---|--------------------------|
| 1 | DH1 | Thu thập tại Long An | Nguyên mẫu từ thực địa |
| 2 | GENE1 | Mẫu giống thuộc tập đoàn giống đang được bảo tồn tại RIBE-NLU | Nguyên mẫu bảo tồn |
| 3 | TNB17 | Mẫu giống thuộc tập đoàn giống đang được bảo tồn tại RIBE-NLU | Đã tuyển chọn phục tráng |
| 4 | DNB30 | Mẫu giống thuộc tập đoàn giống đang được bảo tồn tại RIBE-NLU | Đã tuyển chọn phục tráng |
| 5 | T.Ng8 | Mẫu giống thuộc tập đoàn giống đang được bảo tồn tại RIBE-NLU | Đã tuyển chọn phục tráng |
| 6 | MT20 | Mẫu giống thuộc tập đoàn giống đang được bảo tồn tại RIBE-NLU | Đã tuyển chọn phục tráng |
| 7 | MT30 | Mẫu giống thuộc tập đoàn giống đang được bảo tồn tại RIBE-NLU | Đã tuyển chọn phục tráng |

Bảng 2. Danh sách mỗi SSR được sử dụng trong nghiên cứu

| STT | Tên mỗi | Trình tự mỗi |
|-----|--------------|--|
| 1 | GBssr-sa-05 | F: 5'-TCATATATAAAAAGGAGCCCAAC-3' R: 5'-GTCATCGCTTCTCTCTTCTTC-3' |
| 2 | GBssr-sa-08 | F: 5'-GGAGAAATTTTCAGAGAGAAAA-3' R: 5'-ATTGCTCTGCCTACAAATAAAA-3' |
| 3 | Sesame-09 | F: 5'-CCCAACTCTTCGTCTATCTC-3' R: 5'-TAGAGGTAATTGTGGGGA-3' |
| 4 | GBssr-sa-33 | F: 5'-TTTTCTGAATGGCATAAGTT-3' R: 5'-GCCCAATTTGTCTATCTCCT -3' |
| 5 | GBssr-sa-72 | F: 5'-GCAGCAGTTCCGTTCTTG-3 R: 5'-AGTGCTGAATTTAGTCTGCATAG-3' |
| 6 | GBssr-sa-108 | F: 5'-CCACTCAAATTTTCACTAAGAA-3' R: 5'-TCGTCTTCCTCTCTCCCC-3' |
| 7 | GBssr-sa-123 | F: 5'-GCAAACACATGCATCCCT-3' R: 5'-GCCCTGATGATAAAGCCA-3' |
| 8 | GBssr-sa-173 | F: 5'-TTTCTTCTCGTTGCTCG-3' R: 5'-CCTAACCAACCACCCTCC-3' |
| 9 | GBssr-sa-182 | F: 5'-CCATTGAAAACCTGCACACAA-3' R: 5'-TCCACACACAGAGAGCCC-3' |
| 10 | GBssr-sa-184 | F: 5'-TCTTGCAATGGGGATCAG-3' R: 5'-CGAACTATAGATAATCACTTGAA-3' |

Bảng 3. Thông tin đa hình của các mẫu giống mè khi sử dụng 10 mỗi SSR

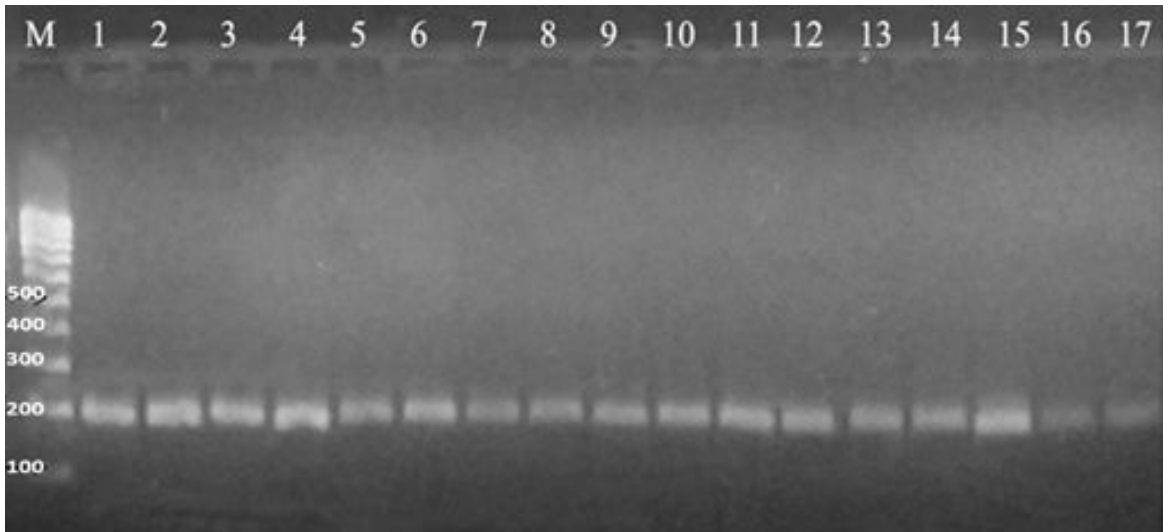
| Tên mẫu giống | Số mỗi đa hình | % đa hình | PIC | H _O | H _E |
|---------------|----------------|-----------|------|----------------|----------------|
| DH1 | 8 | 80 | 0,31 | 0,09 | 0,31 |
| GENE1 | 9 | 90 | 0,31 | 0,25 | 0,38 |
| TNB17 | 9 | 90 | 0,24 | 0,12 | 0,28 |
| DNB30 | 8 | 80 | 0,34 | 0,20 | 0,32 |
| T.Ng8 | 9 | 90 | 0,36 | 0,18 | 0,35 |
| MT20 | 10 | 100 | 0,37 | 0,07 | 0,37 |
| MT30 | 7 | 70 | 0,30 | 0,04 | 0,31 |

PIC: polymorphism information content, H_O: observed heterozygosity, H_E: expected heterozygosity.

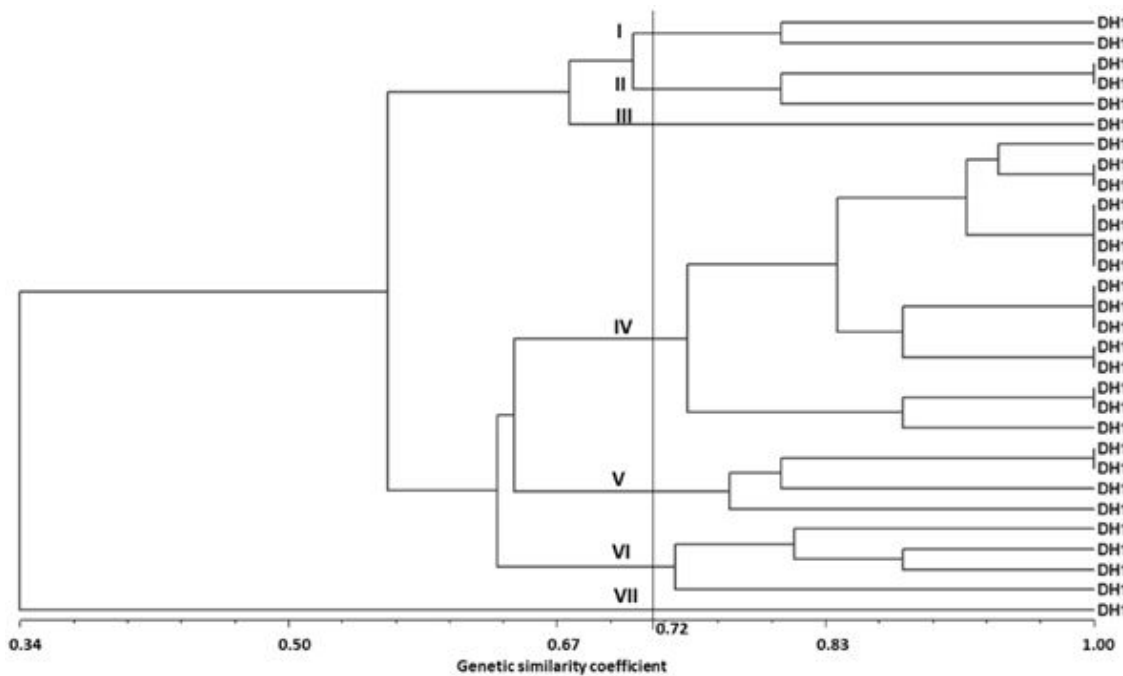
DH1 (Hình 2).

Mẫu giống mè GENE1: Kết quả phân nhóm di truyền của các cá thể trong mẫu giống GENE1

có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,47 đến 1,0 (Hình 3). Ở mức độ tương đồng 0,70 trên cây phân nhóm cho thấy 30 cá thể của mẫu giống



Hình 1. Kết quả điện di sản phẩm PCR của mỗi GBssr-sa-184 trên các cá thể trong mẫu giống mè MT30. Ghi chú: M thang chuẩn 100 bp DNA; 1-17: cá thể số 1 đến 17 trong mẫu giống MT30.

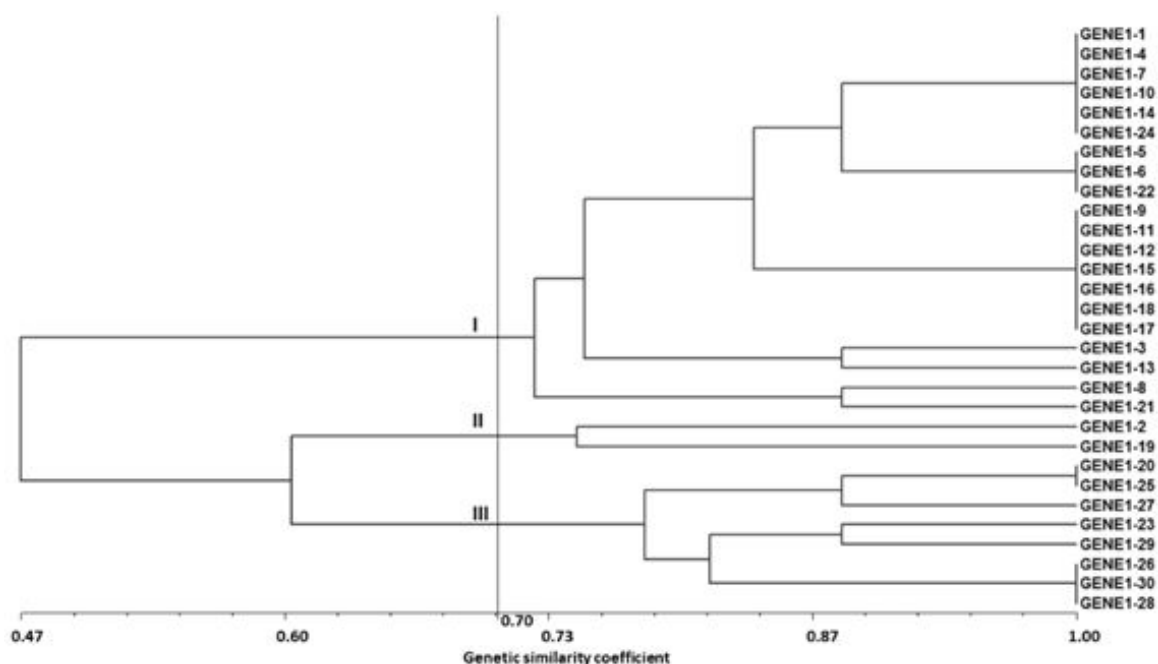


Hình 2. Cây phân nhóm di truyền các mẫu giống DH1.

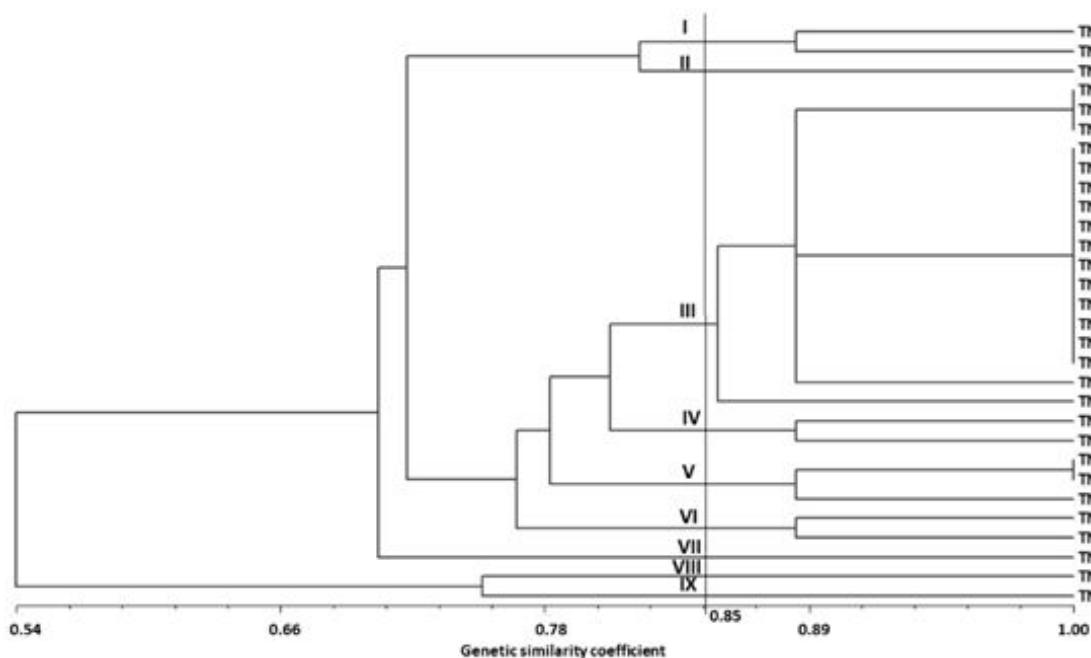
GENE1 được chia thành 3 nhóm. Trong đó nhóm I chiếm nhiều nhất với 20 cá thể, bao gồm cá thể số 1, 4, 7, 10, 14, 24, 5, 6, 22, 9, 11, 12, 15, 16, 18, 17, 3, 13, 8, 21; trong nhóm này có các nhóm nhỏ bao gồm các cá thể có sự tương đồng tuyệt đối, ví dụ nhóm các cá thể số 1, 4, 7, 10, 14, 24,

và nhóm nữa gồm các cá thể số 9, 11, 12, 15, 16, 18, 17. Nhóm II chỉ có 2 cá thể số 2 và 19. Nhóm III gồm có 8 cá thể, số 20, 25, 27, 23, 29, 26, 30, 28 (Hình 3).

Mẫu giống mè TNB17: Kết quả phân nhóm di truyền của các cá thể trong mẫu giống TNB17 có



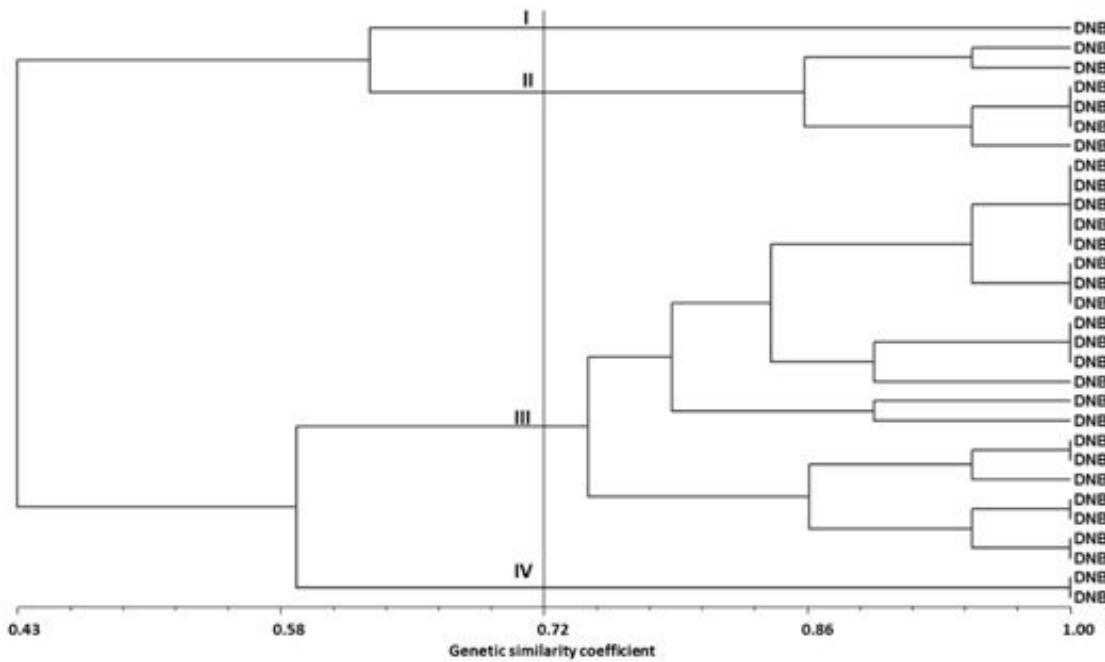
Hình 3. Cây phân nhóm di truyền các mẫu giống GENE1.



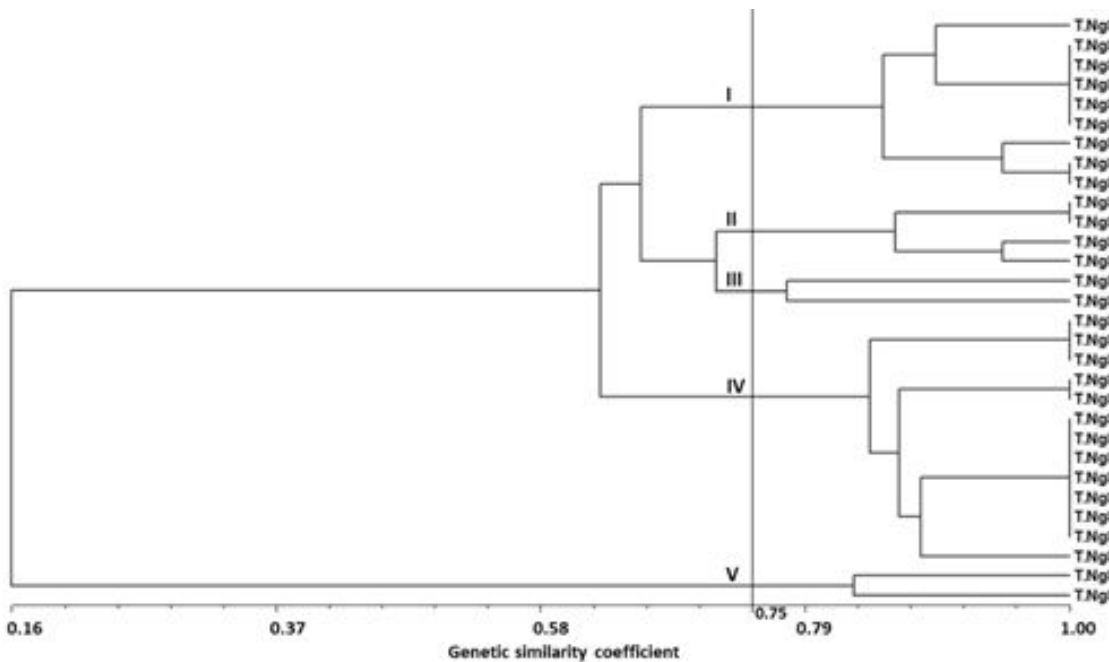
Hình 4. Cây phân nhóm di truyền các mẫu giống TNB17.

mức độ tương đồng di truyền biến động từ 0,55 đến 1,00 (Hình 4). Ở mức tương đồng di truyền 0,85 thì 30 cá thể được chia thành 9 nhóm. Nhóm

I gồm 3 cá thể, số 1, 20, 21. Nhóm II chỉ có 1 cá thể số 21. Nhóm III gồm 17 cá thể, số 2, 3, 7, 4, 17, 18, 28, 26, 25, 24, 23, 22, 29, 27, 19, 13, 30



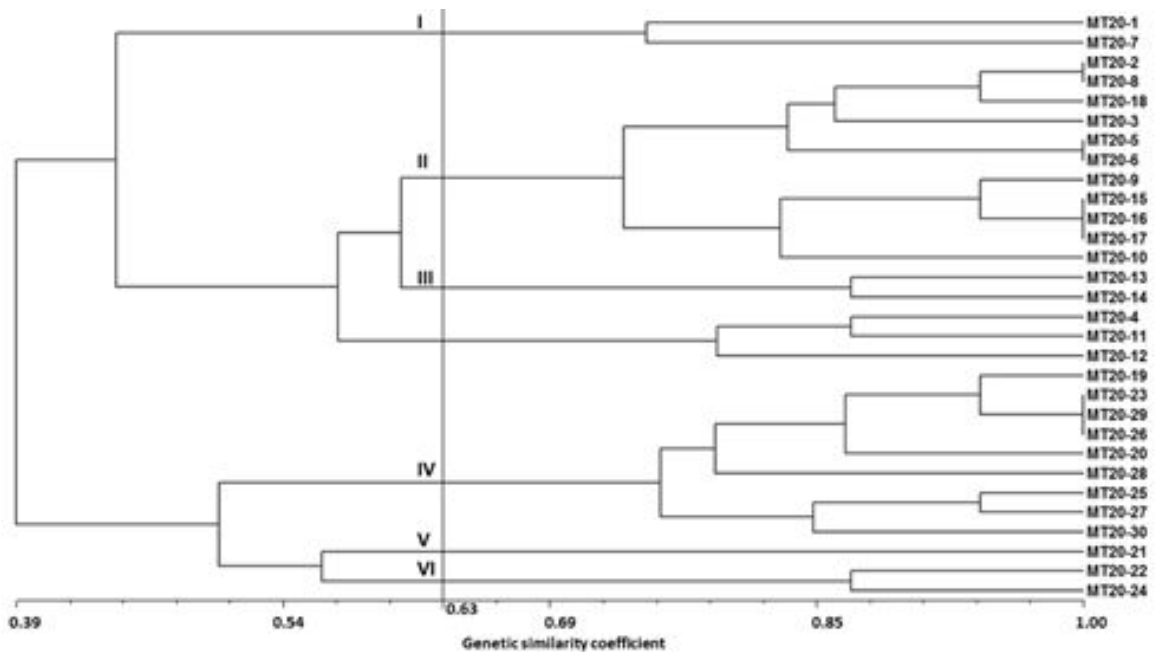
Hình 5. Cây phân nhóm di truyền các mẫu giống DNB30.



Hình 6. Cây phân nhóm di truyền các mẫu giống T.Ng8.

trong nhóm này các cá thể số 4, 17, 18, 28, 26, 25, 24, 23, 22, 29, 27, 19 hoàn toàn tương đồng về mặt di truyền. Nhóm IV gồm 2 cá thể số 6, 16.

Nhóm V gồm 3 cá thể số 8, 11, 9. Nhóm VI chỉ có 2 cá thể số 12,15. Nhóm VII, nhóm VIII, nhóm IX chỉ có duy nhất 1 cá thể lần lượt là cá thể số



Hình 7. Cây phân nhóm di truyền các mẫu giống MT20.

5, 10, 14. Nhìn chung, mẫu giống TNB17 có số cá thể hoàn toàn tương đồng về mặt di truyền cao nhất so với các mẫu giống còn lại (Hình 4).

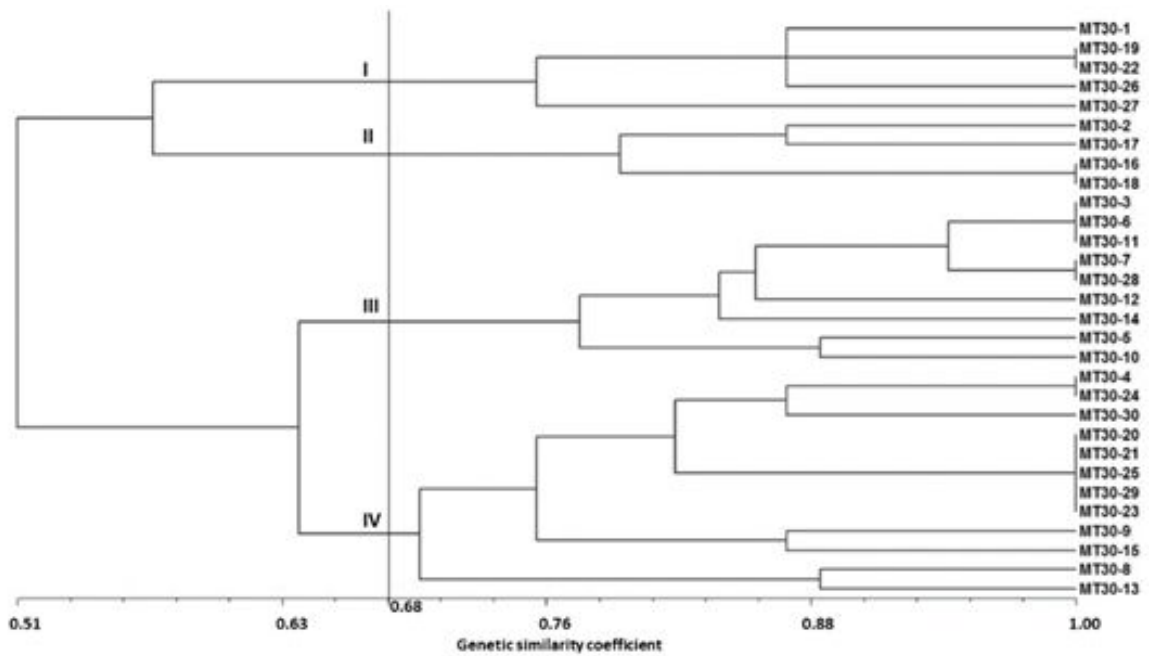
Mẫu giống mè DNB30: Kết quả phân nhóm di truyền của các cá thể trong mẫu giống DNB30 có sự tương đồng di truyền dao động từ 0,43 đến 1,00 (Hình 5). Ở mức tương đồng 0,72, cây phân nhóm di truyền chia 30 cá thể thành 4 nhóm. Trong đó, nhóm I chỉ có 1 cá thể số 1; nhóm II gồm 6 cá thể số 2, 23, 10, 11, 14, 13; nhóm III gồm 21 cá thể, gồm cá thể số 3, 5, 8, 19, 27, 21, 25, 22, 4, 20, 28, 18, 12, 30, 6, 15, 24, 7, 29, 9, 26, ở nhóm này có 5 cá thể số 3, 5, 8, 19, 27 có hệ số tương đồng di truyền 1,00. Nhóm IV chỉ có 2 cá thể số 16 và 17 (Hình 5).

Mẫu giống mè T.Ng8: Kết quả phân nhóm di truyền của các cá thể trong mẫu giống T.Ng8 có mức độ tương đồng di truyền từ 0,16 đến 1,00 (Hình 6). Ở mức tương đồng di truyền 0,75, cây phân nhóm di truyền phân chia 30 cá thể của mẫu giống T.Ng8 thành 5 nhóm. Nhóm I gồm 9 cá thể có số thứ tự từ 1 đến 9, trong đó 5 cá thể 2, 3, 4, 5, 6 đạt mức tương đồng di truyền 1,00. Nhóm II gồm 4 cá thể số 10, 11, 15, 19. Nhóm III chỉ có 2 cá thể số 12, 16. Nhóm IV gồm 13 cá thể, số 14, 24, 23, 18, 21, 20, 30, 27, 28, 26, 22, 29, 25, trong đó các cá thể số 20, 30, 27, 28, 26,

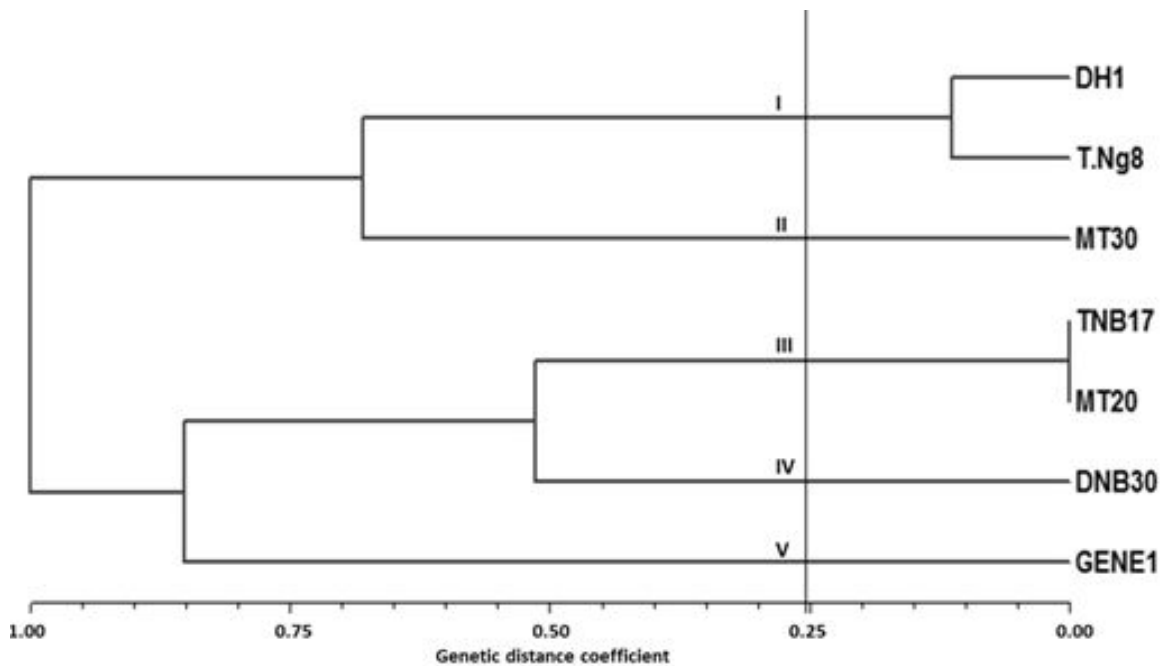
22, 29 đạt mức tương đồng di truyền 1,00. Nhóm V bao gồm 2 cá thể số 13 và 17 (Hình 6).

Mẫu giống mè MT20: Kết quả phân nhóm di truyền của các cá thể trong mẫu giống MT20 có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,39 đến 1,00 (Hình 7). Ở mức tương đồng 0,63, cây phân nhóm chia 30 cá thể thành 7 nhóm. Nhóm I gồm 2 cá thể số 1, 7. Nhóm II gồm 11 cá thể số 2, 8, 18, 3, 5, 6, 9, 15, 16, 17, 20. Nhóm III chỉ có 2 cá thể số 13, 14. Nhóm IV gồm 3 cá thể số 4, 11, 12. Nhóm V gồm 8 cá thể số 19, 23, 29, 26, 20, 28, 25, 27, 30. Nhóm VI chỉ có duy nhất 1 cá thể số 21. Nhóm VII gồm 2 cá thể số 22, 24 (Hình 7).

Mẫu giống mè MT30: Kết quả phân nhóm di truyền của các cá thể trong mẫu giống MT30 có hệ số tương đồng di truyền dao động trong khoảng 0,51 đến 1,00 (Hình 8). Ở hệ số tương đồng 0,68, cây phân nhóm phân chia 30 cá thể của mẫu giống MT30 thành 4 nhóm. Nhóm I gồm 5 cá thể số 1, 19, 22, 26, 27. Nhóm II gồm cá thể số 2, 17, 16, 18. Nhóm III có 9 cá thể, gồm cá thể số 3, 6, 11, 7, 28, 12, 14, 5, 10. Nhóm IV có 12 cá thể, bao gồm cá thể số 4, 24, 30, 20, 21, 25, 29, 23, 9, 15, 8, 13, trong đó 5 cá thể số 20, 21, 25, 29, 23 hoàn toàn tương đồng về mặt di truyền (Hình 8).



Hình 8. Cây phân nhóm di truyền các mẫu giống MT30.



Hình 9. Cây phân nhóm di truyền của 7 giống mè.

3.3. Đánh giá sự biến động di truyền giữa 7 giống mè

Tổng số 10 môi SSR được sử dụng trong nghiên cứu đều cho đa hình cao với 7 giống mè. Tổng số

đoạn khuếch đại là 25, và tất cả 25 đoạn khuếch đại đều đa hình, đạt tỉ lệ 100%. Kết quả trong nghiên cứu này cho thấy tỉ lệ băng đa hình cao

Bảng 4. Các thông tin đa hình của 10 mỗi SSR trên 7 giống mè

| Primer | Tổng số băng | Số băng đa hình | % đa hình | Kích thước (bp) | H _O | H _E | PIC |
|--------------|--------------|-----------------|-----------|-----------------|----------------|----------------|------|
| GBssr-sa-05 | 2 | 2 | 100 | 160-180 | 0,35 | 0,40 | 0,45 |
| GBssr-sa-08 | 2 | 2 | 100 | 180-200 | 0,34 | 0,40 | 0,39 |
| Sesame09 | 3 | 3 | 100 | 210-230 | 0,29 | 0,36 | 0,38 |
| GBssr-sa-33 | 3 | 3 | 100 | 280-320 | 0,50 | 0,47 | 0,47 |
| GBssr-sa-72 | 4 | 4 | 100 | 300-400 | 0,43 | 0,66 | 0,66 |
| GBssr-sa-108 | 2 | 2 | 100 | 200-250 | 0,14 | 0,55 | 0,54 |
| GBssr-sa-123 | 3 | 3 | 100 | 250-350 | 0,43 | 0,58 | 0,57 |
| GBssr-sa-173 | 2 | 2 | 100 | 200-250 | 0,18 | 0,20 | 0,20 |
| GBssr-sa-182 | 2 | 2 | 100 | 200-250 | 0,32 | 0,39 | 0,39 |
| GBssr-sa-184 | 2 | 2 | 100 | 200-220 | 0,36 | 0,48 | 0,48 |
| Tổng | 25 | 25 | | | | | |
| Trung bình | 2,5 | 2,5 | 100 | 160-400 | 0,33 | 0,45 | 0,46 |

PIC: polymorphism information content, H_O: observed heterozygosity, H_E: expected heterozygosity.

hơn các nghiên cứu của Wu & ctv. (2014), Pandey & ctv. (2015) và Nguyen & ctv. (2017), đạt tương ứng là 57%, 36,5% và 70,89%. Số lượng đoạn khuếch đại dao động từ 2 đến 4, trong đó mỗi GBssr-sa-72 cho nhiều băng nhất với 4, tất cả 4 băng đều đa hình. Số đoạn khuếch đại của từng môi trung bình đạt 2,5 băng/môi, và đây cũng là trung bình số băng đa hình của các môi SSR (Bảng 4). Kết quả này tương tự như nghiên cứu của Zhang & ctv. (2010) và Nguyen & ctv. (2017), đạt tương ứng 2,31 và 2,3 băng. Tuy vậy, kết quả này lại thấp hơn nghiên cứu của Yepuri & ctv. (2013), Wu & ctv. (2014) và Pandey & ctv. (2015), đạt tương ứng 3,37; 3,00 và 3,65 băng. Kích thước đoạn khuếch đại trên các chỉ thị SSR biến động từ 160-400 bp. Thông tin đa hình (PIC) của 10 chỉ thị SSR biến động từ 0,20 – 0,66, giá trị trung bình 0,46 (Bảng 4). Giá trị PIC của nghiên cứu này thấp hơn nghiên cứu của Yepuri & ctv. (2013) và Pandey & ctv. (2015) đạt tương ứng 0,57 và 0,72 và cao hơn nghiên cứu của Zhang & ctv. (2010) và Nguyen & ctv. (2017) đạt tương ứng 0,34 và 0,41.

Kết quả phân nhóm đa dạng di truyền cho thấy 7 mẫu giống mè trong nghiên cứu có sự đa dạng di truyền rất cao, khoảng cách đa dạng di truyền dao động từ 0,0 - 1,0 (Hình 9). Cây phân nhóm chia các mẫu giống mè thành 5 nhóm khác nhau ở mức giá trị trung bình khoảng cách đa dạng di truyền 0,25. Kết quả nghiên cứu này cho hệ số tương tự như các nghiên cứu của Zhang & ctv. (2010) khi sử dụng kết hợp chỉ thị SSR và SRAP để đánh giá tương ứng cho 404 và 453 mẫu giống mè, đều đạt trung bình 0,71. Trong khi đó, nghiên cứu của Yepuri & ctv. (2013) khi đánh giá

49 mẫu giống mè sử dụng chỉ thị SSR cho hệ số tương đồng di truyền biến động từ 0,49 – 1,00.

Trong nghiên cứu này, ở mức giá trị trung bình khoảng cách đa dạng di truyền 0,25 đã chia 7 giống mè thành 5 nhóm. Nhóm I gồm 2 giống DH1 và T.Ng8, hai giống này có vài đặc tính nông học tương đồng như ngày ra hoa đầu tiên, số quả trên cây, số quả trên nách lá, số khía trên quả, phân nhánh ít khi quan sát ngoài ruộng thực nghiệm. Nhóm II chỉ có 1 giống là MT30. Nhóm III gồm 2 giống là TNB17 và MT20, hai giống này có các đặc tính nông học tương đồng như ngày ra hoa, số quả trên nách lá, chiều cao cây và thời gian sinh trưởng. Nhóm IV và V chỉ có 1 giống lần lượt là DNB30 và GENE1.

4. Kết Luận

Tổng số 7 mẫu giống mè được đánh giá sự biến thiên di truyền dựa trên 10 chỉ thị SSR. Hầu hết các mẫu giống thể hiện có sự biến thiên di truyền giữa các cá thể trong cùng mẫu giống. Trong đó, mẫu giống TNB17 có số cá thể có sự đồng hình di truyền cao nhất so với các mẫu giống còn lại, và ngược lại mẫu giống GENE1 có sự biến thiên di truyền cao nhất so với 6 mẫu giống còn lại. Kết quả phân nhóm dựa vào khoảng cách di truyền giữa các mẫu giống cho thấy 7 mẫu giống mè có tính đa hình cao, đây là nguồn vật liệu quan trọng cho công tác nghiên cứu và chọn tạo giống mè năng suất cao trong tương lai. Kết quả nghiên cứu này là nguồn thông tin rất hữu ích trong công tác đánh giá di truyền và phát triển nguồn giống cây mè đạt năng suất và chất lượng đáp ứng nhu cầu canh tác cây mè trong tương lai.

Lời Cảm Ơn

Nhóm tác giả gửi lời cảm ơn chân thành đến Sở Khoa Học Công Nghệ tỉnh Long An đã cấp kinh phí thực hiện nghiên cứu này và cảm ơn tới các đồng nghiệp ở các địa phương nơi thu thập mẫu, cũng như các đồng nghiệp ở các địa phương trên địa bàn tỉnh Long An, và Trường Đại học Nông Lâm TP.HCM đã hỗ trợ hoàn thành nghiên cứu này.

Tài Liệu Tham Khảo (References)

- Dixit, A., Jin, M. H., Chung, J. W., Yu, J. W., Chung, H. K., Ma, K. H., & Cho, E. G. (2005). Development of polymorphic microsatellite markers in sesame (*Sesamum indicum* L.). *Molecular Ecology Notes* 5(4), 736-738.
- Koorneef, M. (1990). Arabidopsis thaliana genetic map. In: Brien, S. J. (Ed.) *Cold spring harbor laboratory press* (694-697). New York, USA: ColdSpring Harbor.
- Miyahara, Y., Hibasami, H., Katsuzaki, H., Imai, K., & Komiya, T. (2001). Sesamolin from sesame seed inhibits proliferation by inducing apoptosis in human lymphoid leukemia Molt 4B cells. *International Journal of Molecular Medicine* 7(4), 369-371.
- Nguyen, T. T., Tran, N. T., Vu, L. V., & Nguyen, T. Q. (2017). Evaluation of genetic diversity of sesame accessions using SSR and SRAP markers. *Vietnam Journal of Agriculture Sciences* 15(2), 164-170.
- Pandey, S. K., Das, A., Rai, P., & Dasgupta, T. (2015). Morphological and genetic diversity assessment of sesame (*Sesamum indicum* L.) accessions differing in origin. *Physiology and Molecular Biology of Plants* 21(4), 519-529.
- Pham, D. T., Bui, M. T., Werlemark, G., Bui, C. T., Merker, A., & Carlsson, A. S. (2009). A study of genetic diversity of sesame (*Sesamum indicum* L.) in Vietnam and Cambodia estimated by RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 56(5), 679-690.
- Pham, D. T., Nguyen, T. T. D., Carlsson, A. S., & Bui, M. T. (2010). Morphological evaluation of sesame (*Sesamum indicum* L.) varieties from different origins. *Australian Journal of Crop Science* 4(7), 498-504.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., & Rafalski, A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular breeding* 2(3), 225-238.
- Reiter, R. S., Young, R. M., & Scolnik, P. A. (1993). Genetic linkage of the Arabidopsis genome: methods for mapping with recombinant inbreds and random amplified polymorphic DNAs (RAPDs). In: Koncz, C., Chua, N. H., and Schell, J. (Eds.) *Methods in Arabidopsis research* (170-190). Singapore: World Scientific Publishing.
- Wu, K., Yang, M., Liu, H., Tao, Y., Mei, J., & Zhao, Y. (2014). Genetic analysis and molecular characterization of Chinese sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars using Insertion-Deletion (InDel) and Simple Sequence Repeat (SSR) markers. *BMC genetics* 15(1), 35.
- Yepuri, V., Surapaneni, M., Kola, V. S. R., Vemireddy, L. R., Jyothi, B., Dineshkumar, V., Anuradha, G., & Siddiq, E. A. (2013). Assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes, using EST-derived SSR markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology* 16(2), 93-103.
- Zhang, Y. X., Zhang, X. R., Hua, W., Wang, L. H., & Che, Z. (2010). Analysis of genetic diversity among indigenous landraces from sesame (*Sesamum indicum* L.) core collection in China as revealed by SRAP and SSR markers. *Genes & Genomics*, 32(3), 207-215.