

KẾT QUẢ ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ GIỐNG MÍA TRONG TẬP ĐOÀN Ở VIỆT NAM VÀ CHỌN LỌC CHỈ THỊ SSR NHẬN BIẾT DÒNG GIỐNG CÓ HÀM LƯỢNG ĐƯỜNG CAO

Nguyễn Văn Trữ^{1,*}, Nguyễn Đức Thành¹, Hồ Hữu Nhị², Lê Thị Bích Thủy¹

¹*Viện Công nghệ sinh học, Viện KHCNVN, 18 Hoàng Quốc Việt, Cầu Giấy, Hà Nội*

²*Viện Cây lương thực và cây thực phẩm, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*

*Email:quangtrucnsh@gmail.com

Đến Toà soạn: 10/5/2011; Chấp nhận đăng: 26/4/2012

TÓM TẮT

Gần đây, mục tiêu chính của lai tạo mía là tăng hàm lượng đường, phương pháp hiệu quả nhất là thông qua con đường cải tiến nền di truyền. Việc mô tả nguồn gen mía sẽ cung cấp những thông tin cần thiết cho những nhà lai tạo nhằm phát triển các giống mới. Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng 20 cặp mồi SSR để đánh giá đa dạng di truyền của 42 giống mía trồng phổ biến ở Việt Nam. Kết quả nghiên cứu thu được tổng số 85 alen, số lượng alen ở mỗi cặp mồi dao động từ 3 (M53) đến 10 (M10). Dựa trên phân tích cây biểu đồ di truyền, 42 giống mía được chia thành 2 nhóm chính. Hệ số tương đồng di truyền giữa các giống mía nghiên cứu rất thấp, từ 3% đến 64%. Cặp mồi M12 có sự đa hình rõ rệt giữa nhóm giống mía hàm lượng đường cao và nhóm hàm lượng đường thấp. Do đó, chỉ thị này có thể được sử dụng cho nhận biết giống mía có hàm lượng đường cao một cách hiệu quả.

Từ khóa: cây mía, hàm lượng đường, chỉ thị phân tử, SSR, đa dạng di truyền

1. MỞ ĐẦU

Mía là cây công nghiệp quan trọng được trồng làm nguyên liệu sản xuất đường sucrose. Mía có hiệu suất quang hợp rất cao và là một trong số các thực vật có hiệu quả sử dụng nước tốt nhất [1]. Hàm lượng đường là một trong những mục tiêu quan trọng, mà bất kỳ nghiên cứu cải thiện giống mía đường nào cũng muốn đạt được. Việc làm tăng hàm lượng đường trong cây mía sẽ mang lại triển vọng tăng lợi nhuận, nhờ việc tăng sản lượng đường mà không cần phải tăng khối lượng thu hoạch, vận chuyển, sản xuất [2]. Mía được quan tâm sau các cây trồng khác trong việc sử dụng các chỉ thị phân tử, bởi sự phức tạp về mặt di truyền của mía: kích thước hệ gen lớn, nhiều alen trên một locus, một tính trạng do nhiều alen quy định [3]. Tuy nhiên, đã có nhiều kết quả rất đáng chú ý trong nghiên cứu ở mức độ phân tử. Xây dựng bản đồ liên kết di truyền của *Saccharum officinarum* đã được công bố [4, 5, 6]. Việc nhận ra các chỉ thị liên kết với các tính trạng số lượng làm tăng tích trữ đường có thể cải thiện hiệu quả các dòng lai ở mía. Sử dụng bản đồ liên kết xây dựng từ trên 1000 chỉ thị SSR và AFLP, đã có 37 QTL xác định cho độ Pol và

Brix. Ảnh hưởng tăng cường hay ức chế của các QTL cũng được xác định. Phần lớn trong số chúng thể hiện ở cả cây mía trưởng thành và mía non [4].

Tính trạng hàm lượng đường là một tính trạng đa gen. Một loạt gen tham gia vào quá trình tổng hợp và tích lũy sucrose: gen mã hóa các enzyme chuyển hóa acid, tổng hợp sucrose và một số enzyme tổng hợp sucrose phosphate [7]. Hàm lượng đường của mía còn phụ thuộc vào hoạt tính của các enzyme. Lingle và Irvine (1994) đã tìm thấy mối tương quan chặt chẽ giữa hoạt tính của enzyme tổng hợp sucrose với sự tăng tỉ lệ tích lũy sucrose [8]. Tuy nhiên, cũng có các gen mã hóa các enzyme tham gia vào quá trình chuyển hóa sucrose thành tinh bột. Điều này làm giảm sự tích lũy hàm lượng đường trong thân cây mía [9].

Bên cạnh việc sử dụng các chỉ thị để chọn lọc các giống mía hàm lượng đường cao. Các nghiên cứu dựa trên hình thái và các tính trạng nông sinh học vẫn được tiến hành. Một số giống thích nghi với vùng Nam bộ đã được ghi nhận, khi cho năng suất cao và khả năng kháng sâu bệnh tốt như: VĐ63273, VĐ 79-177 và ROC1 [10]. Một số giống đã được công nhận chính thức là kết quả của việc lai tạo từ các giống địa phương như: VN84-4137, VN84-422, VN85-1427 và VN85-1859 [11].

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu

Các giống mía sử dụng trong nghiên cứu là các dòng, giống mía trong tập đoàn thu thập ở miền Bắc, miền Nam và do Viện Cây lương thực và cây thực phẩm - Viện Khoa học kỹ thuật nông nghiệp Việt Nam cung cấp (bảng 1).

Bảng 1. Các giống mía sử dụng trong nghiên cứu

Stt	Tên mẫu	Bố mẹ	Xuất xứ	Stt	Tên mẫu	Bố mẹ	
1	K95-84	K90-79 x K84-200	Thái Lan	22	Ku00-1-92	Uthong 1 x K84-200	Thái Lan
2	Em08-030	VN08-030	Việt nam	23	K95-283	Q79 (Open Pollination)	Thái Lan
3	RB72-454	Không rõ bố mẹ	Braxin	24	C90-501	C266-70 x Ja60-5	Cuba
4	32	Không rõ bố mẹ	Không rõ	25	Em08-078	VN08-078)	Việt nam
5	K88-92	Uthong 1 x PL310	Thái Lan	26	Uthong3	Uthong 1 x Uthong 2	Thái Lan
6	C0414	Không rõ bố mẹ	Ấn Độ	27	K88-65	Co775 x PL310	Thái Lan
7	Ty70-17	C87-51 x Ja60-5	Trung Quốc	28	DT15	Không rõ bố mẹ	Úc
8	KU00-1-61	K84-200 x đa giao	Thái Lan	29	VL6	Không rõ bố mẹ	Trung Quốc
9	KK2	Không rõ bố mẹ	Thái Lan	30	QĐ86-368	F160 x VĐ 71-210	Trung Quốc
10	PLP85-86	Không rõ bố mẹ	Philippin	31	Roc16	F171 x 74-575	Đài Loan
11	Em08-028	(VN08-028)	Việt nam	32	Roc10	ROC5 x F152	Đài Loan
12	Em08-027	VN08-028	Việt nam	33	33	Không rõ bố mẹ	Không rõ
13	K93-027	Uthong 1 x Ehaew	Thái Lan	34	VĐ93-159	Quế Nông73-204 x Cp72-1210	Trung Quốc
14	Roc26	71-296 x ROC11	Trung Quốc	35	21	Không rõ bố mẹ	Không rõ
15	KU60-1-58	Uthong 3 x NCo310	Thái Lan	36	TĐĐ 22	Không rõ bố mẹ	Trung Quốc

Kết quả đánh giá đa dạng di truyền một số giống mía trong tập đoàn ở Việt Nam và chọn lọc....

16	K88-200	Không rõ bố mẹ	Không rõ	37	VĐ 00236	VĐ73 x Cp 72	Trung Quốc
17	C1324-74	B45181 x C87-51	Cuba	38	VN 84-4137	Ja60-5 x Đa Giao	Việt Nam
18	KU60-2	K88-92 x K92-166	Thái Lan	39	CC3	Không rõ bố mẹ	Không rõ
19	K90-54	K83-74 x Uthong 1	Thái Lan	40	CC2	Không rõ bố mẹ	Không rõ
20	QD21	MT76-65 x MN 71-374	Trung Quốc	41	VL4	Không rõ bố mẹ	Trung Quốc
21	K95-156A	PL310 x Uthong 1	Thái Lan	42	48	Không rõ bố mẹ	Không rõ

Trong nghiên cứu, 20 cặp mỗi SSR chọn lọc từ các cặp mỗi đã công bố [12,13] và được cung cấp bởi hãng IDT, Mỹ (bảng 2).

Bảng 2. Các mỗi SSR sử dụng trong nghiên cứu

STT	Tên mỗi	Tm (°C)	Trình tự mỗi xuôi	Trình tự mỗi ngược
1	M2	61	ACC AGC ACA GGA ACA GGA AC	ATT GCG CAG GGA TTA GGT AGG AG
2	M3	61	GAT TGT TTT TCC CCC CAC TA	TGC ACC TTG TTC TTG CTT TAC T
4	M7	59	CAC GCA CTC CAC TCA CAC C	TTG CCG TTG CCT GCT CT
6	M10	58	GCC TTT CTC CAA ACC AAT TAG T	GTT GTT TAT GGA ATG GTG AGG A
7	M11	57	GCG ATG GTT CCT ATG CAA CTT	TTC GTG GCT GAG ATT CAC ACT A
8	M12	57	CGT CTG GCG GAT GAA ATT GAG	CCT ATC GGC ATC AAA TGG TCG
9	M14	53	TGA GCA CAT GGT TCT GCA AG	TCC ACT CCC TCA CCA TCA G
10	M17	53	CGC AAC GAC ATA TAC AAC TTG G	CGA CAT CAC GGA GCA ATC AGT
11	M20	56	CAA TTC TGA CCG TGC AAA GAT	CGA TGA GCT TGA TTG CGA ATG
12	M22	56	ATT CAA CGA TTT TCA CGA G	AAC CTA GCA ATT TAC AAG AG
13	M25	52	TTC TAG TGC CAA TCC ATC TCA GA	CAT GCC AAC TTC CAA ACA GAC T
14	M28	54	GCC TTT CTC CAA ACC AAT TAG T	GTT GTT TAT GGA ATG GTG AGG A
15	M35	62	AGA TAT AAC ACA CAC ACA CAC AAA	GGC CAT CGA GGA GGA GTT CAA G
16	M37	62	GCT TCC TCG CTC CTC CTC	TAC TTC TAC CTC GTC TGC TTC
17	M38	59	CTG TTT CCT TCC TTC TCG T	CAA TCA TAG CCC AGA CAC C
18	M39	59	GAA GAG GAG GAG AGG AGA AG	TGG GAT GGT TGT TGA CTG
19	M40	54	CTA TCC TCT TGT TGG GTC CT	TCC GCA CCT CCG TTC ACC
20	M53	54	GAA ATT GCC TCC CAG GAT TA	CAA ACT TGA GAA TTG AGA TTC G

2.2. Phương pháp

2.2.1. Tách ADN tổng số theo phương pháp của Saghai Maroof và cs., 1984[14]

2.2.2. Phương pháp PCR với các mỗi SSR

Phản ứng PCR với tổng thể tích là 20 µl, bao gồm đệm PCR 1x và nồng độ cuối cùng các thành phần khác là: MgCl₂ 2,0 mM; dNTPs 0,2 mM; mỗi 0,5 µM; 0,2 đơn vị Taq polymerase và 20 ng ADN khuôn. Phản ứng được thực hiện theo chương trình 94°C trong 5 phút, 35 chu kỳ lặp lại với 3 bước chính: biến tính ADN khuôn 1 phút ở 94°C, gắn mỗi 30 giây nhiệt độ từ 52-61°C theo từng mỗi (bảng 2) và kéo dài chuỗi ở 72°C trong 1 phút. Sản phẩm PCR được kiểm tra sự đa hình trên gel polycrylamide 5%. Các số liệu phân tích phân tử với các cặp mỗi SSR được xử lý bằng phần mềm NTSYT V.2.0.[15].

2.2.3. Phương pháp phân tích hàm lượng đường

Hàm lượng đường được xác định theo chỉ số CCs (content commercial sugar). Để xác định chỉ số CCs người ta phân tích các chỉ tiêu chất lượng sau:

Độ Brix_{mía} là % đường tổng số có trong nước mía. Mẫu mía sau thu hoạch được đem nghiền để thu lấy nước. Nước mía được loại bỏ hết cặn mía. Sau đó, tiến hành đo trên máy đo điện tử tự động. Kết quả độ Brix được tính theo công thức:

$$\text{Brix}_{\text{mía}} = \text{Bx}_{\text{cc}} [1 - (5 + 100)]$$

trong đó: Bx_{cc} là chỉ số đo được trên máy; (5 + F/100) là chỉ số tra trong bảng.

Xác định hệ số Pol (hệ số phân cực): cân 26 g nước mía đã đo độ Brix cho vào bình định mức 100 ml +1 ml Axetat chì kiểm tính ở nhiệt độ 52,5⁰C, lắc đều rồi lọc qua giấy lọc ta thu được nước mía trong. Cho vào ống phân cực rồi tiến hành đo hệ số Pol trên máy đo điện tử tự động. Kết quả hệ số Pol xác định theo công thức:

$$\text{Pol}_{\text{mía}} = \text{Pol}_{\text{cc}} [1 - (5 + F/100)].$$

trong đó: Pol_{cc} là số đo được trên máy, (5 + F/100) hệ số tra bảng

Sau khi biết các chỉ số Brix, hệ số Pol ta tính hệ số CCs theo công thức

$$\text{CCs} = 3/2 \text{ Pol}_{\text{mía}} - 1/2 \text{ Brix}.$$

3. KẾT QUẢ THẢO LUẬN

3.1. Xác định khoảng cách, mối quan hệ di truyền giữa 42 dòng/giống mía

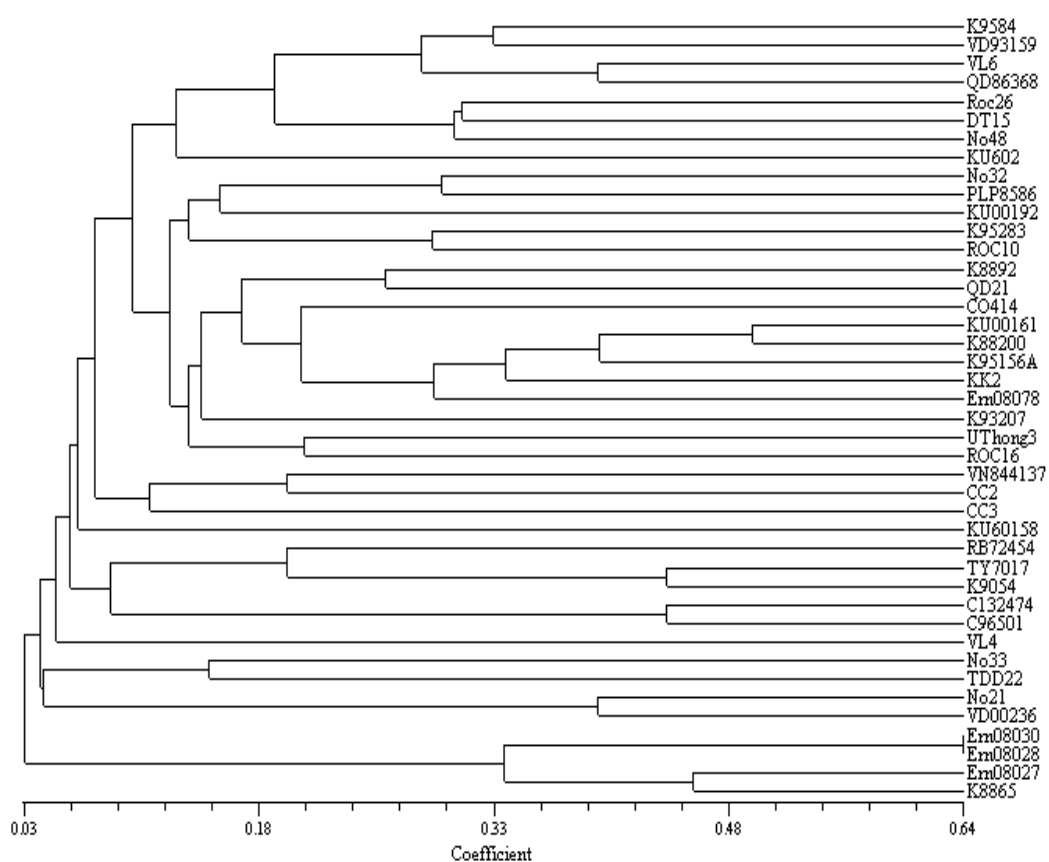
Với 20 cặp mỗi SSR sử dụng cho nghiên cứu đa dạng di truyền của 42 giống mía đã tạo ra 85 alen. Trong 20 cặp mỗi, sáu cặp mỗi M35, M36, M37, M38, M39 và M40 không có đa hình các alen, còn lại 14 cặp mỗi cho đa hình alen. Cặp mỗi M10 có số alen nhiều nhất 10 alen, cặp mỗi M53 cho ít alen nhất 3 alen. Kết quả này cũng tương tự với các kết quả nghiên cứu đã công bố trước đó về mía. Có nhiều alen trên một locus tuy nhiên lại có rất ít sự đa hình các alen [3, 12, 13].



Hình 1. Ảnh điện di sản phẩm PCR với cặp mỗi M53 của 30 mẫu mía trên gel polyacrylamide 5%; 1-30 thứ tự các mẫu mía nghiên cứu; M: marker 100 bp (fermentas)

Từ số liệu phân tích 20 cặp mỗi SSR, với các giống mía. Biểu đồ quan hệ di truyền giữa 42 giống mía đã được xây dựng (hình 2). Biểu đồ hình 2 cho thấy hệ số tương đồng di truyền giữa 42 giống mía rất thấp và dao động rất lớn từ 3% đến 64%. Với 42 giống mía sử dụng trong nghiên cứu được chia làm 2 nhóm chính. Nhóm một gồm 4 giống: Ern08-027, Ern08-028, Ern08-030 và K88-65. Nhóm này có hệ số tương đồng di truyền với nhóm hai rất thấp chỉ 3%. Đồng thời, nhóm có cặp Ern08-028 và Ern08-030 là hai giống có hệ số tương đồng cao nhất trong các giống nghiên cứu (64%). Nhóm 2 được phân thành 5 phân nhóm phụ. Phân nhóm phụ 1 gồm 5 giống: VL4, số 33, TDD22, số 21 và VĐ00-236. Hệ số tương đồng của phân nhóm phụ này so với các phân nhóm phụ khác trong nhóm 2 khá thấp (khoảng 4 %). Phân nhóm phụ 2

gồm 6 giống: KU60-158, RB72-454, TY70-17, K90-54, C1324-74 và C96-501. Trong phân nhóm phụ này giống KU60-158 đi độc lập không thuộc phân nhóm nào. Phân nhóm phụ 3 gồm 3 giống: VN84-4137, CC2 và CC3. Phân nhóm phụ này gồm toàn các giống có hàm lượng đường cao. Phân nhóm phụ 4 gồm 16 giống: số 32, PLP8586, Ku00-192, K95-283, ROC10, K88-92, QD21, CO-414, KU00-1-61, K88-200, K95-156A, KK2, Ern08-078, K93-207, Uthong3, và ROC16. Đây là phân nhóm có nhiều giống nhất. Hệ số tương đồng trong phân nhóm dao động rất lớn từ 21% giữa giống Uthong3 và ROC16 đến 50% giữa giống KU00-1-61 và K88-207. Phân nhóm phụ 5 gồm 8 giống: K95-84, VD93-159, VL6, QD86-368, Roc26, DT15, số 48 và KU60-2. Khoảng cách di truyền giữa các giống trong phân nhóm này từ 30% giữa giống Roc26 và DT15 đến 40% giữa giống VL6 và QD86-368. Những kết quả nhận được cho thấy các giống mía nghiên cứu có mức đa dạng di truyền cao (hệ số tương đồng di truyền thấp). Đây là những vật liệu di truyền rất tốt cho lai tạo giống.



Hình 2. Biểu đồ quan hệ di truyền giữa 42 giống mía

3.2. Chọn lọc chỉ thị nhận biết giống mía có hàm lượng đường cao

Ngoài việc nghiên cứu mối quan hệ di truyền giữa các giống mía. Trong khi phân tích đa hình allen của locus chúng tôi tìm thấy những allen đặc trưng cho một số giống mía nhất định.

Cụ thể kết quả phân tích ADN bằng phản ứng PCR với cặp mồi M12 cho thấy có băng ADN với kích thước 165bp ở các giống: ROC16, TDD22 và VD93-159(hình 3).



Hình 3. Điện di trên gel polyacrylamide sản phẩm PCR-ADN genome của 14 mẫu mía với cặp mồi M12; M: marker; 1: QD86-368; 2: PLP85-86; 3: ROC16; 4:ROC10; 5: 33; 6: VD93-159; 7: 21; 8: TDD22; 9: VD00-236; 10: VN84-4137; 11: CC2; 12: CC3; 13: VL4; 14: RB72-454

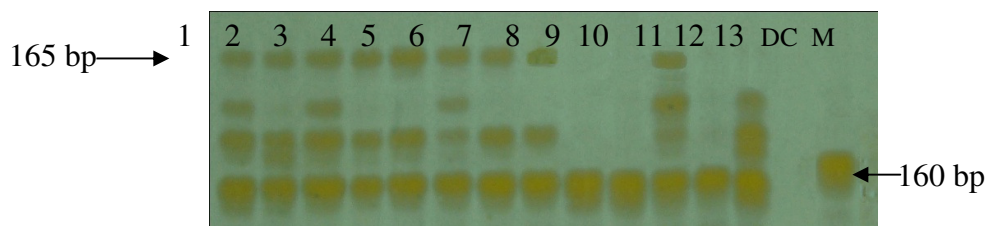
Đây là những giống trồng phổ biến trong sản xuất và đã được công nhận có hàm lượng đường cao. Ngoài ra, trong số 42 dòng, giống mía nghiên cứu còn có 7 giống cũng có băng ADN kích thước 165 bp. Để kiểm tra tính sát thực của mối quan hệ giữa chỉ thị phân tử M12 với tính trạng hàm lượng đường của các dòng, giống mía. Chúng tôi đã tiến hành phân tích hàm lượng đường của 21 mẫu giống ngẫu nhiên trong tập đoàn. Trong đó, có cả 3 giống mía đã được công nhận hàm lượng đường cao và đồng thời lấy mẫu lá phân tích ADN bằng phản ứng PCR với cặp mồi M12 Kết quả phân tích tập hợp ở bảng 3.

Bảng 3. Kết quả phân tích hàm lượng đường và ADN với cặp mồi M12

Stt	Tên mẫu	Hàm lượng đường (CCS)	Băng ADN 165 bp	Stt	Tên mẫu	Hàm lượng đường (CCS)	Băng ADN 165 bp	Stt	Tên mẫu	Hàm lượng đường (CCS)	Băng ADN 165 bp
1	ROC26	13,8	+	8	RB75-454	12,5	+	15	CC2	11,7	-
2	CC3	13,7	+	9	VN84-4137	13,2	-	16	48	11,7	-
3	TDD22	13,6	+	10	C90-501	12,5	-	17	QD86-368	11,1	-
4	VD93-159	13,5	+	11	DT15	12,4	-	18	K95- 156A	11,0	-
5	Roc16	13,4	+	12	VL6	12,2	-	19	21	10,6	+
6	PLP85-86	13,3	+	13	C1324-74	12,0	-	20	33	10,5	-
7	VD00-236	13,3	+	14	VL4	11,8	-	21	Uthong3	10,0	-

(+: có băng; - không có băngADN 165 bp)

Kết quả phân tích hàm lượng đường cho thấy có 10 giống có hàm lượng đường cao (12,5-13,7 CCS), 8 giống có hàm lượng đường trung bình (11-12 CCS) và 3 giống có hàm lượng đường thấp (10- 11 CCS). Kết hợp giữa kết quả phân tích hàm lượng đường với kết quả phân tích bằng chỉ thị M12 cho thấy: trong 10 giống có hàm lượng đường cao thì 8 giống có băng ADN với kích thước 165 bp chiếm 80%. Trong khi đó, 8 giống có hàm lượng đường trung bình và 2 giống có hàm lượng thấp đều không có băng ADN kích thước 165 bp chiếm 90,91%. Kết quả nghiên cứu trên cho thấy chỉ thị M12 có thể sử dụng làm chỉ thị cho giống mía có hàm lượng đường cao. Vì mức độ tương quan giữa hàm lượng đường cao và sự có mặt của băng ADN 165 bp lên đến 80%. Ngược lại, có đến 90,91% các dòng giống có hàm lượng đường trung bình và thấp đều không có băng của chỉ thị này.



Hình 4. Điện di trên gel polyacrylamide sản phẩm PCR-ADN genome các dòng mía với cặp mồi M12; 1: ROC26; 2: CC3; 3: TDD22; 4: VD93-159; 5: Roc16; 6: PLP85-86; 7: VD00-236; 8: RB-75-454; 9: VN84-4137; 10: C90-501; 11: 21; 12: 33; 13: Uthong3; M: marker

Việc phát hiện ra chỉ thị SSR nhận biết các giống mía có hàm lượng đường cao rất có ý nghĩa. Với mức độ đặc hiệu và khả năng lặp lại so với chỉ thị AFLP được sử dụng bởi các nghiên cứu khác thì chúng có ưu việt hơn nhiều [9]. Ngoài ra, việc chúng có thể kết hợp với các cặp mồi đặc hiệu nhận biết vùng promoter của gen tổng hợp sucrose sẽ giúp cho việc chọn lọc các dòng mía hàm lượng đường cao nhanh hơn và hiệu quả hơn [7].

4. KẾT LUẬN

Các dòng, giống mía trong tập đoàn có mức độ đa dạng di truyền cao (có hệ số tương đồng di truyền thấp và dao động rất lớn từ 3% đến 64%). Qua đó, 42 dòng, giống mía có thể chia làm 2 nhóm chính. Đây là những vật liệu di truyền rất tốt cho lai tạo giống.

Bước đầu đã xác định được cặp mồi M12 có băng ADN với kích thước 165 bp đặc trưng cho dòng, giống mía có hàm lượng đường cao có thể sử dụng cho việc đánh giá con lai trong nghiên cứu tiếp theo.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Botha F.- Potential of sugarcane as biomass producer and biofactory [abstract]. Tropical Crop Biotechnology Conference Bulletin(2006).
2. Aitken K.S., Jackson P.A., McIntyre C.L.- Quantitative trait loci identified for sugar related traits in sugarcane (*Saccharum spp*) cultivar x *Saccharum officinarum* population. Theor Appl Genet **112**(2006) 1306-1317.
3. Glaszmann J.C., Hoarau J.Y., Offmann B., D'Hont A., Risterucci A.M., Roques D., Grivet L. - Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum spp.*). I. Genome mapping with AFLP markers, Theor Appl Genet **103**(2001) 84 – 97.
4. Aitken K.S., Jackson P.A., McIntyre C.L. - A combination of AFLP and SSR provides extensive map coverage and identification of homo(eo)logous linkage groups in a sugarcane cultivar, Theor Appl Genet **110**(2005) 789–801
5. Aitken K.S., Jackson P.A., McIntyre C.L. - Construction of a genetic map for *Saccharum officinarum* incorporating both simplex and duplex markers to increase genome coverage, Genome **50** (2007) 742–756.
6. Alwala S., Kimbeng C.A., Veremis J. C., Gravois K. A. - Linkage mapping and genome analysis in a *Saccharum* interspecific cross using AFLP, SRAP and TRAP markers Euphytica **164** (2008) 37–51.
7. Vinayak V., Dhawan A.K., Gupta V.K. - PCR Primers for identification of high sucrose *Saccharum* genotypes. Physiol Mol Biol Plants **16**(1) (2010) 107-111.

8. Lingle S.E. and Irvine J.E. - Sucrose synthase and natural ripening in sugarcane. *Crop Sci***34** (1994) 1279-1283.
9. Da Silva J.A., Bressiani J.A. - Sucrose synthase molecular marker associated with sugar content in elite sugarcane progeny. *Genet Mol Biol***28**, 2 (2005) 294-298.
10. Đỗ Ngọc Diệp, Nguyễn Viết Tùng, Nguyễn Đức Khiêm - Sự phát sinh và gây hại của các loài sâu đục thân mía ở miền đông nam bộ, Báo cáo Hội nghị Côn trùng học toàn quốc Lần thứ 5(2005) 315-320.
11. Báo cáo hàng năm của trung tâm phát triển mía đường - Viện Khoa học và Kỹ thuật nông nghiệp Miền nam, 2007..
12. Pan Y.B. - Highly polymorphic microsatellite DNA markers for sugarcane germplasm evaluation and variety identity testing. *Sug Cane Tech* 8(4) (2006) 246-256.
13. Singh R. K., Mishra S. K., Singh S. P., Mishra N., Sharma M.L. - Evaluation of microsatellite markers for genetic diversity analysis among sugarcane species and commercial hybrids *AJCS***4** (2) (2010) 116-125.
14. Saghai-Maroo M.A., K.M. Soliman, R.A. Jorgesen and R.W. Allard - Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. **81**(1984) 8014-8018.
15. Rohlf F.J. - *NTSYS-pc* Numerical taxonomy and multivariate system, version 2.0. Applied Biostatistic Inc., New York, 1993.

ABSTRACT

EVALUATION OF THE GENETIC DIVERSITY OF SUGARCANE CULTIVARS GROWN IN VIETNAM AND IDENTIFICATION OF MICROSATELLITE MARKERS FOR HIGH SUGAR CONTENT.

Nguyen Van Tru^{1,*}, Nguyen Duc Thanh¹, Ho Huu Nhi², Le Thi Bich Thuy¹

¹*Institute of Biotechnology, VAST, 18 Hoang Quoc Viet, Cau Giay, Hanoi, Vietnam*

²*Field crops research institute, Vietnam Academy of Agricultural Sciences*

*Email: quangtrucnsh@gmail.com

Currently, the main concern of sugarcane breeding program is to increase the sugar productivity by genetic modification. Characterization of sugarcane germplasm provides essential information on genetic diversity for breeders in the varietal development. In this study, 20 microsatellite primer pairs were used to evaluate the genetic diversity and inter-relationships among 42 cultivars grown commonly in Vietnam. The primer pairs gave total 85 alleles, the number of allele ranged from 3 (M53) to 10 (M10). Based on cluster analysis, 42 cultivars were grouped into 2 main distinct groups. The genetic similarity among sugarcane cultivars were very low and ranged from 3% to 64%. The primer pair M12 gives clear polymorphism between high and low sugar content cultivars. This marker could be useful for discrimination of high sugar content cultivar and for marker-assisted selection.

Keywords: Sugarcane, high sugar content, SSR, marker molecular, genetic diversity