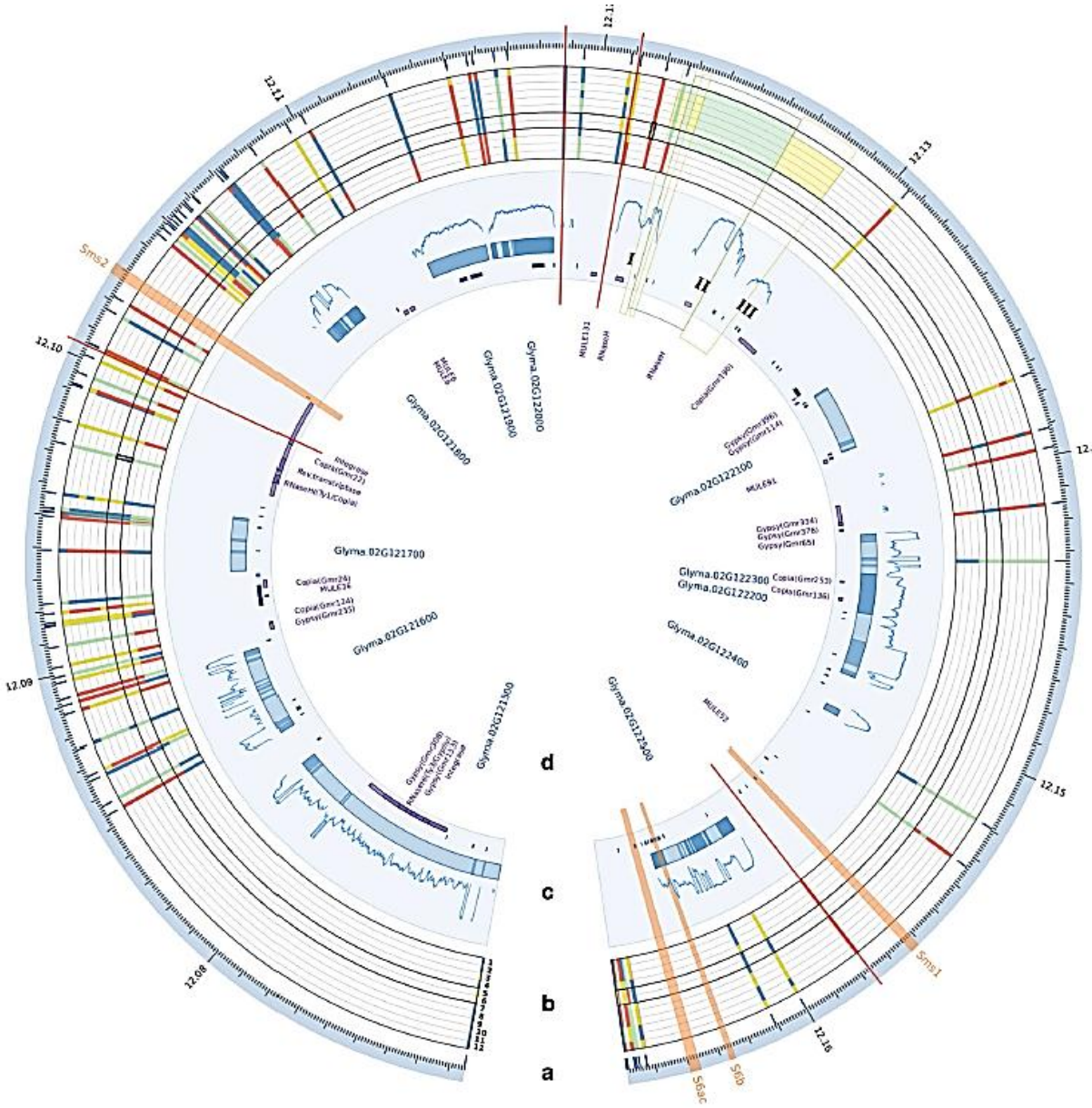
DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG BỆNH & SÂU HẠI

DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG BỆNH KHẢM VIRUS

Nghiên cứu tìm nguồn vật liệu di truyền cho gen kháng *Soybean mosaic virus* thông qua xác định haplotypes của gen *Rsv*4, nguồn vật liệu di truyền mới phục vụ kỹ thuật dòng hóa gen đích trên cơ sở bản đồ và những cố gắng cải tiến di truyền giống đậu nành (Ilut và ctv. 2015).
Tính kháng với *Soybean mosaic virus* (SMV) của locus *Rsv*4 rất hấp dẫn các nhà khoa học đậu nành vì nó cho thấy tính kháng bền vững (durable type) của cây đậu nành [*Glycine max* (L.) Merr.] đối với bệnh khảm này. Để hiểu biết nhiều hơn về cơ sở phân tử của gen kháng, Ilut và ctv. (2015) đã sử dụng quần thể con lai BC_3F_2 với 309 dòng nhằm thực hiện kỹ thuật "fine-map" gen *Rsv*4 ở qui mô đoạn phân tử ~120 kb. Nghiên cứu thứ hai là xác định mẫu giống 'Haman' và 'Ilpumgeomjeong'là nguồn cung cấp mới gen *Rsv*4. Hai mẫu giống đậu nành này cùng với 3 mẫu giống khác có gen *Rsv*4 và 14 mẫu giống có gen *rsv*4 được phân tích đa dạng nucleotide tại locus *Rsv*4 trên cơ sở dữ liệu "resequencing" theo chiều sâu. Kết quả phân tích 19 mẫu giống đậu nành trong quãng phân tử ~120 kb này cho thấy, có một nhóm với 4 SNP có tính chất "intergenic" liên quan đến tính kháng SMV. Rất đáng ngạc nhiên là chính đoạn phân tử ~120 kb ấy không có bất cứ một gen nào giống như gen được mô tả trước đây mang alen trội. Do đó, người ta tiến hành phân tích haplotype để tìm ra giải pháp hữu hiệu hơn trong sự phối hợptín hiệu của vùng có kích thước ~94 kb, nó cho kết quả là có ít nhất hai *Rsv*4 haplotypes. Một haplotype được phân tích di truyền huyết thống cho thấy locus *Rsv*4 của *G. max* vừa được du nhập từ loài hoang dại *G. soja*. Nghiên cứu cho thất một nền tảng di truyền dựa trên kỹ thuật dòng hóa được gen kháng bệnh khảm virus bền vững và chọn lọc nhờ chỉ thị phân tử phát hiện tính kháng SMV trên cơ sở gen *Rsv*4 trong chương trình lai tạo giống đậu. nành (Ilut và ctv. 2015).



Hình 6: Vùng trên hệ gen có chứa *Rsv*4 locus tương ứng với một "haplotype block" (giữa 12.071.517 và 12.165.890 bp trên nhiễm sắc thể 2) có tất cả 4 SNPs liên kết hoàn toàn với *Rsv*4 (Ilut và ctv. 2015).

DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG BỆNH RỈ SẮT

Gen kháng bệnh rỉ sắt châu Á ASR (Asian soybean rust) được ký hiệu là ***Rpp.2*** Người ta thực hiện kỹ thuật "fine map" trên một đoạn phân tử có độ lớn là 188,1 kb của giống Glyma. Wm82. a2, chứa một loạt nhiều gen kháng (*R*) (Yu và ctv. 2014).

Bệnh ASR do nấm *Phakopsora pachyrihizi* Syd. & P. Syd., là bệnh nghiêm trọng cho sản xuất đậu nành [*Glycine max* (L.) Merr.] năng suất có thể bị thiệt hại đến 75 %. Xác định chính xác vị trí trên nhiễm sắc thể các gen kháng bệnh ASR rất cần thiết cho nhà chọn giống để cải thiện tính hiệu quả của phương pháp chọn giống nhờ chỉ thị phân tử (MAS) và dòng hóa gen này. Mục tiêu nghiên cứu là thực hiện "fine map" gen ***Rpp2*** từ nguồn cây cho là giống (PI) 230970. Trước đây, gen *Rpp2* đã được hình thành bản đồ di truyền ở quãng 12.9-cM trên nhiễm sắc thể 16. Phương pháp "fine mapping" được khởi động bằng cách xác định các cây sự kiện tái tổ hợp trong quần thể F2 và F3 với chỉ thị SSR và SNP nằm kế cận các gen đích. Mười bảy cây recombinant đã được xác định, được trắc nghiệm với những marker bổ sung trong vùng được bảo hòa số marker cần thiết để xác định vị trí của từng sự kiện tái tổ hợp. Con lai của những cây được chọn lựa được khảo nghiệm tính kháng với ASR bằng SSR markers, kết quả cho thấy: gen *Rpp2* trong quãng 188.1 kb của giống đậu nành Williams 82 (hệ gen tham chiếu) (Glyma.Wm82.a2). Mười hai gen bao gồm 10 gen: toll/interleukin-1 receptor (TIR)-nucleotide- binding site (NBS)-leucine-rich repeat (LRR) được dự đoán có trong quãng này của giống Glyma.Wm82.a2.v1 (gen mô hình). Tám trong số 10 gen ấy là gen tương đồng với gen của cây Arabidopsis TIR-NBS-LRR (gen *AT5G17680.1*). Những chỉ thị phân tử đã được xác định SSR và SNP liên kết rất gần với gen mục tiêu *Rpp2*. Thông tin về gen ứng cử viên cũng được ghi nhận trong nghiên cứu để phục vụ cho chiến lược MAS và dòng hóa gen đích (Yu và ctv. 2014).

Bảng 1: Trình tự primers và probes phục vụ kỹ thuật "SimpleProbe assays" với sự tìm thấy của SNP detection (Yu và ctv. 2014)

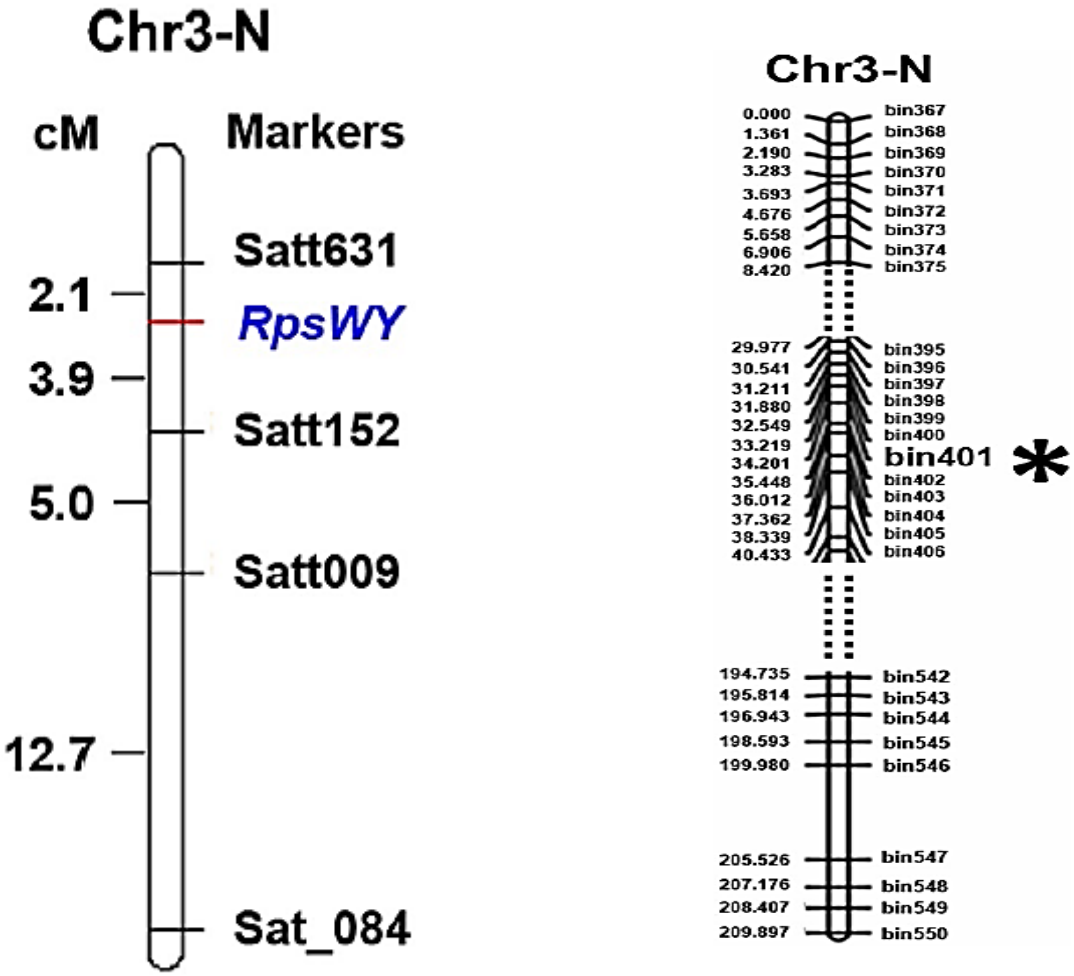
Marker Position[a]	Type	5′–3′ sequence[b]
27843796	Forward	CTATTTTGATGGTGTCATGTCATATGTCC
	Reverse	TTTGTCACAGACCAAGGTATCATGACT
	Probe	Fluorescein-SPC-GTTCTGTTTGCCTATAATTCCT**C**GGCCATAGAGAA-Phosphate
28971827	Forward	AAAGGGAATATAACAGGCTTTTCCGAAC
	Reverse	AGTAGCTTCAACGTACTTGATACATTGC
	Probe	Fluorescein-SPC-CTCTCGTGTTAAGTTG**C**CATAAAGGTTACTCTCAT-Phosphate
30033728	Forward	CTGATTGAGGGAGAACGTCAAAGG
	Reverse	ACTTGACACAACAATTGGGTGCT
	Probe	Fluorescein-SPC-ATCATCCATGAC**A**AGATGATTGTCGTCATCCTAGA-Phosphate

[a] Position of the SNP based on the Glyma.Wm82.a2 assembly

[b] The positions of the SNP in probes are underlined and in bold

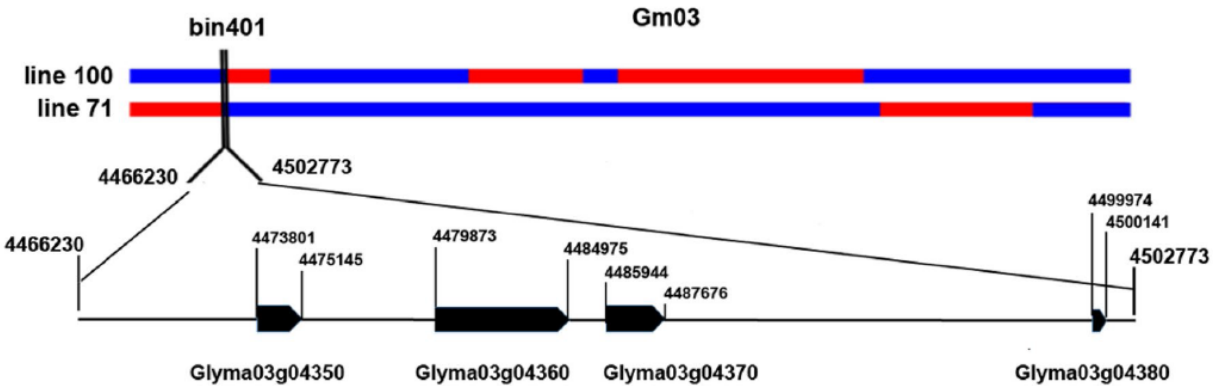
DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG BỆNH DO PHYTOPHTHORA

Kết hợp thanh lọc kiểu hình với phân tích di truyền trong đánh giá kiểu gen; người ta đã sử dụng phương pháp "highthroughput genome-wide sequencing" để thực hiện bản đồ di truyền gen trội kháng nấm *Phytophthora* trong giống đậu nành Wayao (Cheng và ctv. 2017).



Hình 7:
Bên trái: Bản đồ di truyền của gen *RpsWY* trên nhiễm sắc thể 3. Tổng số SSR marker đa hình là 210. Bản đồ di truyền được xây dựng nên từ 191 cá thể F2, thuộc cặp lai Huachun 2 × Wayao; sử dụng phân tích đa điểm, Mapmaker 3.0b. Linkage group được hình thành ở giá trị LOD score 12.64. Chr3-N: Chromosome 3 của MLG N.
Bên phải: Bản đồ di truyền với điểm ảo (virtual point) biểu hiện đoạn bị đứt khúc trên NST 3. Dấu hoa thị chỉ vị trí **bin401** (Cheng và ctv. 2017)

Bệnh PRR (*Phytophthora* root rot) thối rễ, do nấm *Phytophthora sojae* gây ra. Đây là bệnh quan trọng trong sản xuất đậu nành, truyền đi do đất (soil-borne diseases). Xác định gen kháng R để chuyển nó vào giống đậu nành cao sản là mục tiêu nghiên cứu của công trình khoa học này (Cheng và ctv. 2017). Hai quần thể bao gồm F2: 191 cây và quần thể F7: 196 cây, cùng với 8 dòng cận giao tái tổ hợp (RILs) được phát triển để hình thành bản đồ gen *Rps* trong tổ hợp lai Huachun 2 (nhiễm) x Wayao (kháng). Phân tích di truyền quần thể F2 cho thấy tính kháng với PRR của giống Wayao được điều khiển bởi gen trội, đơn, tên là ***RpsWY***, định vị trên nhiễm sắc thể 3. Bản đồ liên kết gen có mật độ cao được hình thành với 3469 "recombination bins" của quần thể cận giao tái tổ hợp để khai thác các gen ứng cử viên thông qua phương pháp "high-throughput genome-wide sequencing" (giải trình tự hệ gen toàn bộ và chính xác). Kết quả phân tích kiểu gen cho thấy gen *RpsWY* định vị tại "bin 401" giữa 4466230 và 4502773 bp trên nnhie64m sắc thể số 3 thông qua dòng số 71 và 100 của quần thể RILs. Bốn gen dự đoán (*Glyma03g04350, Glyma03g04360, Glyma03g04370,* và *Glyma03g04380*) được tìm thấy tại vùng rất hẹp 36.5 kb tại "bin 401". Kết quả cho thấy rằng phương pháp giải trình tự lại toàn bộ hệ gen với độ chính xác cao rất có hiệu quả để thực hiện "fine map" các gen ứng cử viên kháng bệnh PRR (Cheng và ctv. 2017).



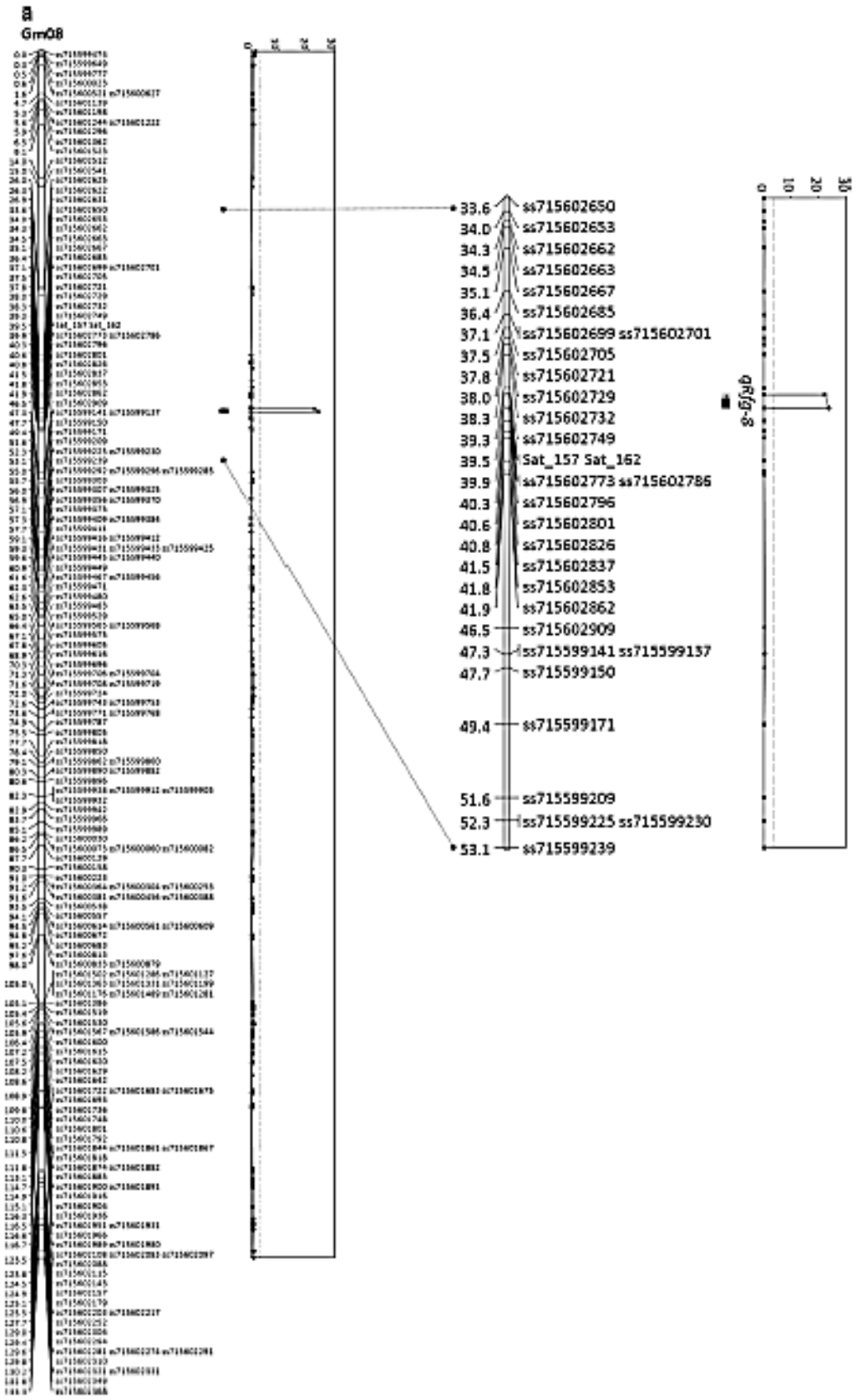
Hình 8: "Fine mapping" gen *RpsWY*. Dòng tái tổ hợp 71 và dòng tái tổ hợp100 từ quần thể RILs. Khối màu xanh dương biểu thị đoạn phân tử của giống Wayao trên NST3, và khối màu đỏ là giống Huachun 2. Dòng 71 và 100 kháng với *P. sojae* Pm14. Bốn gen ứng cử viên *Rps* là *Glyma03g04350, Glyma03g04360, Glyma03g04370,* và *Glyma03g04380* định vị tại bin401. Thông tin vị trí của gen ứng cử viên có thể tìm thấy trên website của soybase: http://soybase.org/. (Cheng và ctv. 2017)

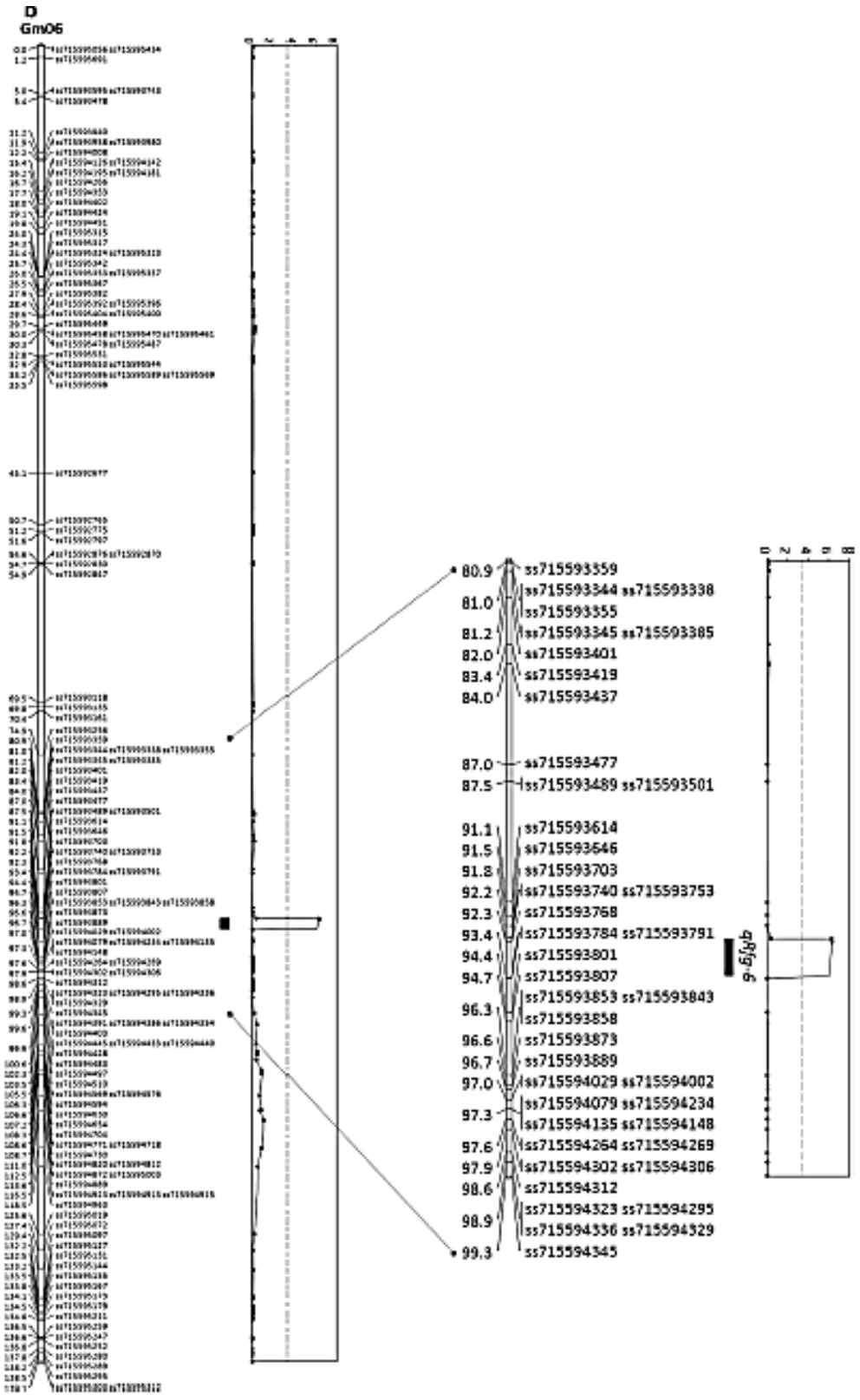
DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG VỚI *Fusarium graminearum*

Acharya và ctv. (2014) xác định một QTL chủ lực điều khiển tính kháng với nấm *Fusarium graminearum* trong quần thể cận giao tái tổ hợp của tổ hợp lai 'Wyandot' × PI 567301B, nấm này là pathogen gây bệnh trong hạt và cây mầm đậu nành.

Fusarium graminearum là pathogen chính trong sản xuất đậu nành, gây ra trên rễ, thối hạt và làm chết nhanh cây non (seedling damping-off) tại vùng sản xuất đậu nành Bắc Mỹ. Trong sàng lọc trước đây, 'Wyandot' và PI 567301B đã được xác định có phản ứng kháng từng phần trung bình và cao với nấm *F. graminearum*, theo thứ tự. Nghiên cứu này nhằm mục đíchxác định rõ tính kháng với *F. graminearum* thông qua quần thể cận giao tái tổ hợp (RILs) với 184 dòng thuộc tổ hợp lai giữa 'Wyandot' × PI 567301B. Bố mẹ và dòng RILs trong quần thể làm bản đồđã được đánh giá tính kháng (Acharya và ctv. 2014).

Thí nghiệm đánh giá tính kháng với *F. graminearum* được xử lý với công cụ "rolled towel assay", bố trí theo kiểu khối ngẫu nhiên không hoàn toàn. Bản đồ di truyền được xây dựng từ 2545 SNP markers và 2 SSR markers, thông qua phân tích bản đồ cách quãng (CIM). Một QTL chủ lực được xác định trên nhiễm sắc thể 8 và một QTL thứ yếu được xác định trên nhiễm sắc thể 6, giải thích được 38.5 và 8.1 % biến thiên kiểu hình, theo thứ tự. QTL chủ lực trên NST 8 được hình thành bản đồ trên một vùng có kích thước 300 kb theo trình tự giống đậu nành Williams 82. Chú giải (annotation) vùng này chỉ ra rằng có 39 gen bao gồm locus *Rhg4* điều khiển tính kháng tuyến trùng sưng rễ (soybean cyst nematode: SCN). Theo kết quả thanh lọc trước đây, PI 567301B là giống nhiễm với tuyến trùng SCN. Thực hiện "Fine mapping" tại locus nói trên, người ta tiến hành dòng hóa (cloning) vùng gen ứng cử viên ấy cũng như xác định được những chỉ thị phân tử cần thiết nằm kế cận QTL, phục vụ chiến lược chọn giống nhờ chỉ thị phân tử có tính kháng cao với *F. graminearum* (Acharya và ctv. 2014).


a
GmQ8
33.6 ss715602650
34.0 ss715602653
34.3 ss715602662
34.5 ss715602663
35.1 ss715602667
36.4 ss715602685
37.1 ss715602699 ss715602701
37.5 ss715602705
37.8 ss715602721
38.0 ss715602729
38.3 ss715602732
39.3 ss715602749
39.5 Sat_157 Sat_162
39.9 ss715602773 ss715602786
40.3 ss715602796
40.6 ss715602801
40.8 ss715602826
41.5 ss715602837
41.8 ss715602853
41.9 ss715602862
46.5 ss715602909
47.3 ss715599141 ss715599157
47.7 ss715599150
49.4 ss715599171
51.6 ss715599209
52.3 ss715599225 ss715599230
53.1 ss715599239
0
10
20
30
qRfg-8


D
Gm06
80.9 ss715593559
ss715593344 ss715593338
81.0 ss715593355
81.2 ss715593345 ss715593385
82.0 ss715593401
83.4 ss715593419
84.0 ss715593437
87.0 ss715593477
87.5 ss715593489 ss715593501
91.1 ss715593614
91.5 ss715593646
91.8 ss715593703
92.2 ss715593740 ss715593753
92.3 ss715593768
93.4 ss715593784 ss715593791
94.4 ss715593801
94.7 ss715593807
96.3 ss715593853 ss715593843
ss715593858
96.6 ss715593873
96.7 ss715593889
97.0 ss715594029 ss715594002
97.3 ss715594079 ss715594234
ss715594135 ss715594148
97.6 ss715594264 ss715594269
97.9 ss715594302 ss715594306
98.6 ss715594312
98.9 ss715594323 ss715594295
ss715594336 ss715594329
99.3 ss715594345
qfg-6

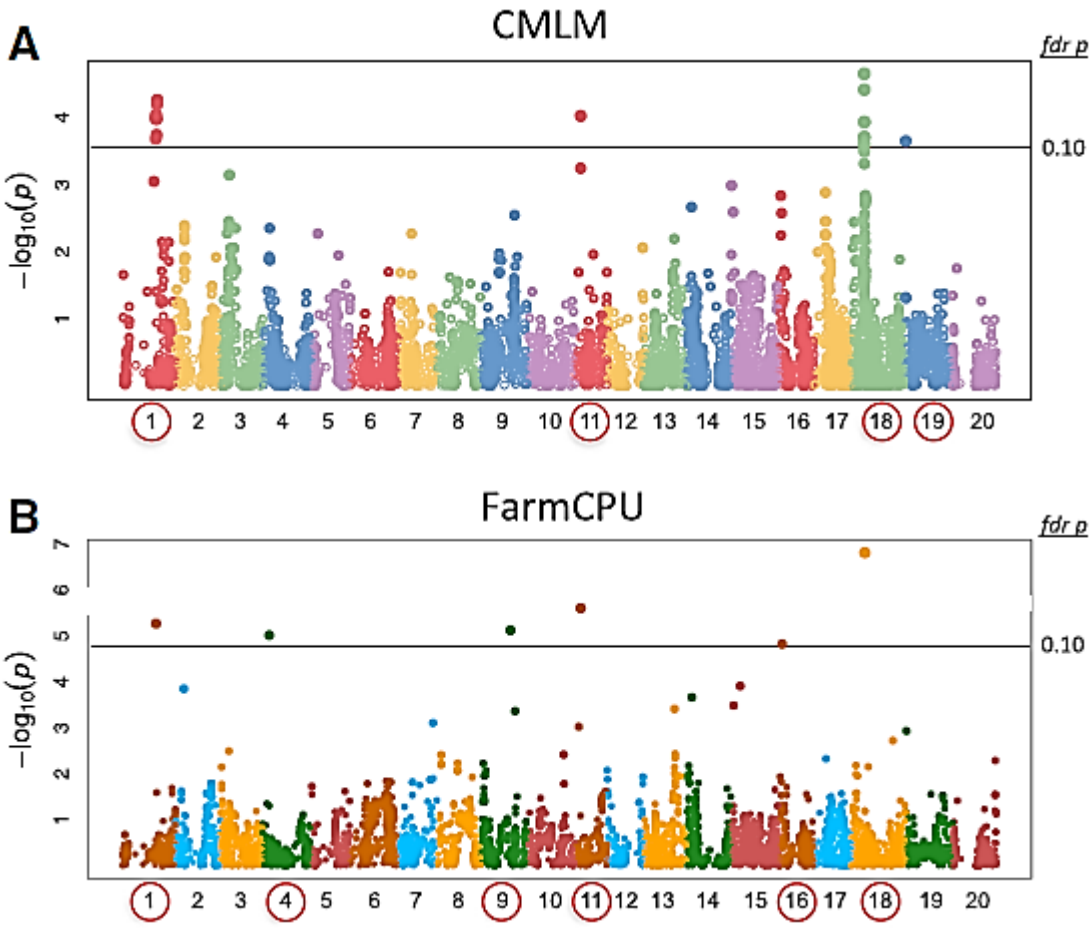
Hình: Bản đồ QTL (quantitative trait loci) tính kháng với *Fusarium graminearum* trên nhiễm sắc thể (**a)** 8 và (**b)** 6 của tổ hợp lai 'Wyandot' × PI 567301B bằng phương pháp "genome-wide LOD threshold 3.4). Giá trị 1- và 2-LOD intervals biểu thị bằng thanh màu đen và được thẳng giữa NST và LOD plot đối với mỗi QTL. Hình phóng to biểu thi đoạn phân tử 20 cM chung quanh "LOD peak" của mỗi QTL (Acharya và ctv. 2014).

DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG BỆNH THỐI THÂN

Bệnh thối thân SSR (Sclerotinia Stem Rot) do nấm *Sclerotinia sclerotiorum*, phổ biến trong vụ đậu nành mùa lạnh. Chọn tạo giống kháng bệnh thối thân là một thách thức to lớn, vì không có gen đơn nào điều khiển tính kháng mạnh, mà cơ chế di truyền ở đây là đa gen tạo ra tính kháng từng phần (partial resistance) (Wei và ctv. 2017).

Trong nghiên cứu này, người ta tiếp cận với phương pháp GWAS (genome-wide association study) để xác định kiến trúc di truyền phức tạp xét trên tính kháng về số lượng đối với bệnh thối thân. Người ta hiển thị những markers có hiệu quả để sử dụng trong chương trình chọn giống. Một tập đoàn có 420 giống đậu nành được chọn trên cơ sở các báo cáo khoa học về tính kháng trước đó, đây là một trong 3 chương trình cải tiến giống đậu nành của Brazil. Giống nhạy cảm với bệnh thối thân được đánh giá thông qua kỹ thuật chủng mầm bệnh vào thân đã cắt thành vết thương, đo chiều dài vết bệnh vào lúc 4 ngày sau khi chủng bệnh.

Phương pháp GBS (genotyping-by-sequencing) được tiến hành để đánh giá kiểu gen của 420 dòng đệu nành thử nghiệm. Sử dụng "TASSEL 5 GBSv2 pipeline" để đọc chỉ thị SNPs trong những nghiệm thức cho thông số di truyền tối hảo, với bước thực hiện kế tiếp là sử dụng việc đọc trình tự "trimming adapter". Sau khi gạn lọc các số liệu nhầm lẫn, dị hợp tử, và alen thứ yếu, người ta thu hoạch được 11.811 SNPs và 275 giống đậu nành có kết quả phục vụ phân tích "association". Sử dụng ngưỡng giá trị "FDR-adjusted" với p-values <0.1, phần mềm CMLM (Compressed Mixed Linear Model) người ta tiến hành chạy "Genome Association and Prediction Integrated Tool" (GAPIT), và Farm CPU) (Fixed and Random Model Circulating Probability Unification), cả hai phương pháp tiếp cận này đều xác định được chỉ thị SNPs có kết hợp ý nghĩa với phản ứng kháng bệnh trên nhiễm sắc thể 1, 11, và 18. kết quả chạy CMLM còn cho thấy mức độ ý nghĩa trên nhiễm sắc thể 19, trong khi kết quả chạy FarmCPU xác định mức độ có ý nghĩa trên nhiễm sắc thể 4, 9, và 16. Kết quả đã khẳng định rằng tác động của chỉ thị phân tử SNP trên cơ sở "associations" (khác với kỹ thuật tạo liên kết) trong hệ gen cây đậu nành, cây có mức độ cao về liên kết lệch (linkage disequilibrium: LD), tính kháng bệnh thối thân là tính trạng di truyền vô cùng phức tạp. Tổng số 125 gen định vị trong vùng LD của ba loci được chia sẻ với hai mô hình toán. Sự chú thích của chúng (annotations) và sự thể hiện các gen ấy trong những nghiên cứu trước đó về sự lây nhiễm của nấm *S. sclerotiorum* đã được xác định nhằm thu hẹp lại vùng mục tiêu các gen ứng cử viên (gene narrow down) (Wei và ctv. 2017).



Hình 10: Manhattan plots biểu thị mức độ "association" của chỉ thị SNPs với kiểu hình tự vệ đối với xâm nhiễm của nấm *S. sclerotiorum* được tạo nên do (a) GAPIT/CMLM hoặc (b) FarmCPU. Những SNPs trên nhiễm sắc thể được biểu hiện bởi màu sắc khác nhau, giá trị tu chỉnh FDR-corrected p-value = 0.1 biểu thị bằng đường ngang, song song với trục hoành. Trục tung là giá trị p tính theo $-\log_{10}$ (P) (Wei và ctv. 2017)

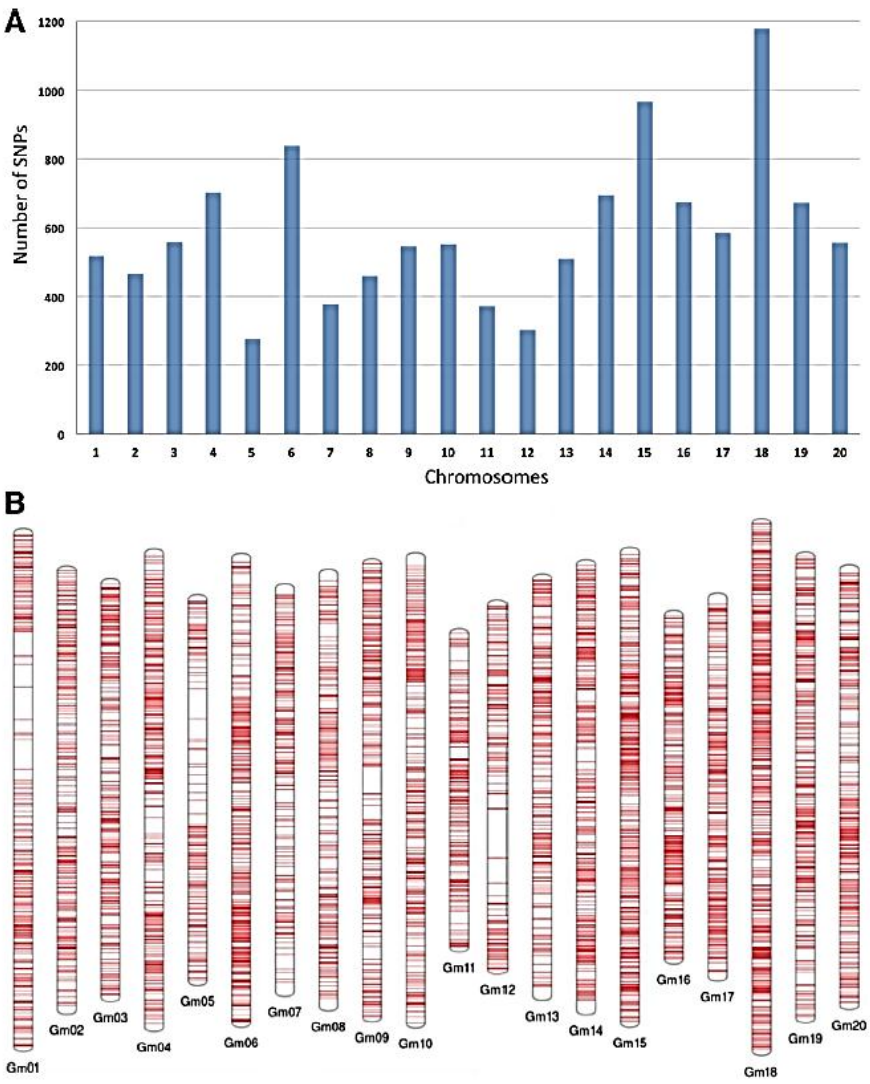
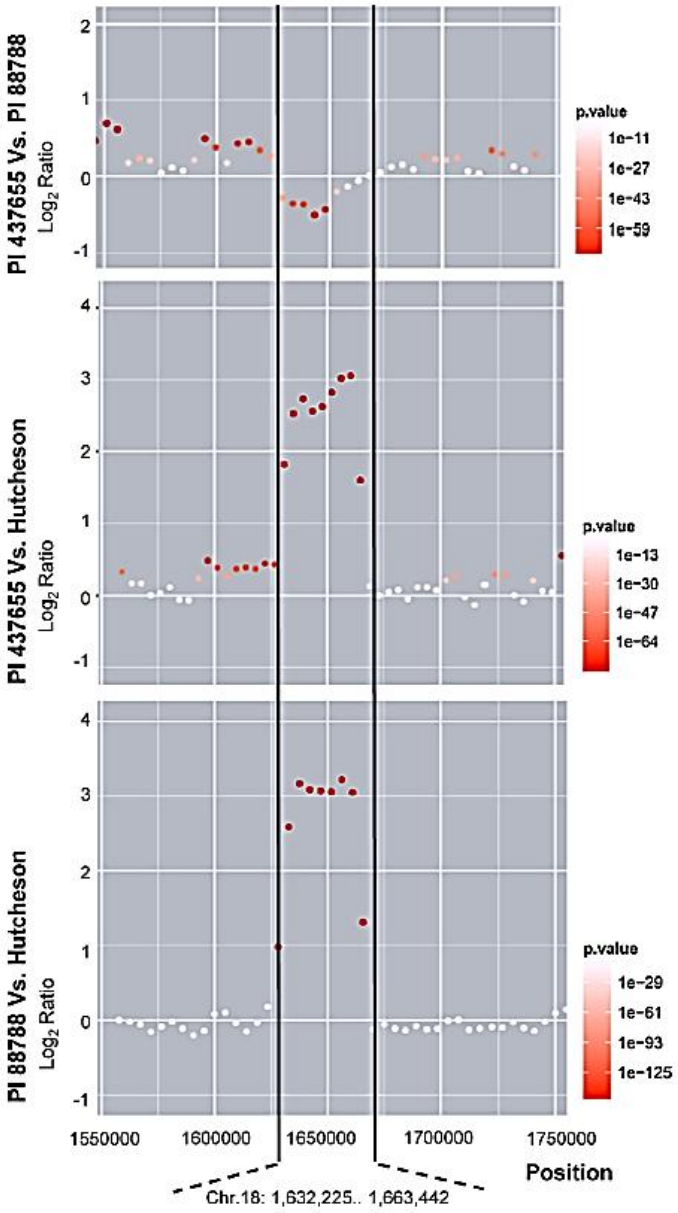


Fig. 1 Distribution of the 11,811 SNPs that remained after filtering, and MAF > 0.01, across all 20 soybean chromosomes. **a** Histogram of counts per chromosome. **b** Graphic representation of physical locations of all the SNPs on each chromosome

Hình 11: Phân bố 11.811 SNPs sau khi đã sàng lọc, MAF > 0.01, trên 20 nhiễm sắc thể của hệ gen cây đậu nành (Wei và ctv. 2017)

DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG TUYẾN TRÙNG GÂY SƯNG RỄ



Phân tích QTL điều khiển tính kháng tuyến trùng gây sưng rễ đậu nành (SCN) từ nguồn giống PI 437655 trong hai quần thể lập bản đồ di truyền, được định tính bởi CNV của gen *Rhg1* bằng phương pháp "resequencing" toàn bộ hệ gen và đánh giá ảnh hưởng của chồng những QTL với nhau (QTL pyramiding) nhằm tăng cường tính kháng (Jiao và ctv. 2014).

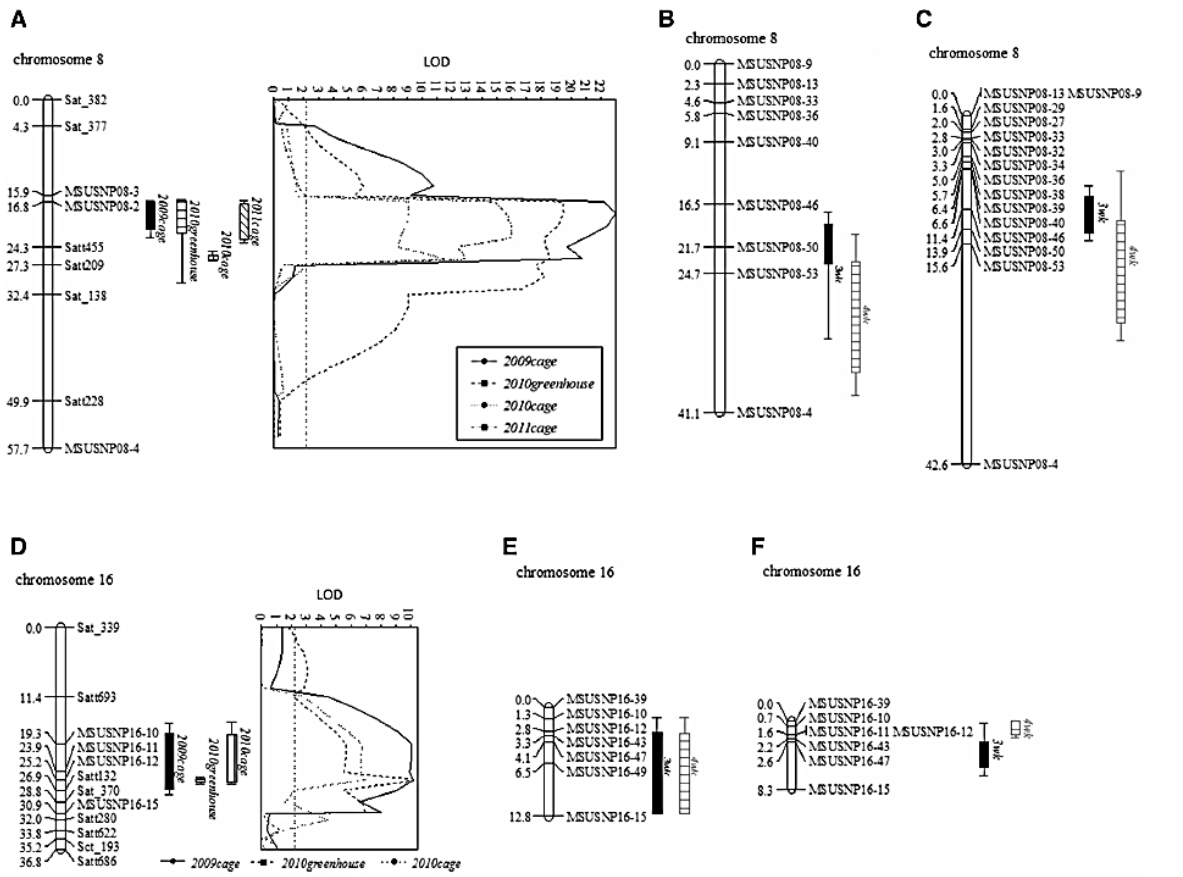
Hình 13: Biến thiên số bản sao chép locus *Rhg1* được phát hiện bởi phần mềm CNVseq trong các giống đậu nành PI 437655, PI 88788, và Hutcheson thông qua pp "whole-genome resequencing". Trục *Y* biểu thị "log2 ratios"; trục *X* biểu thị vị trí trong genome tại NST18 của giống Williams 82 (genome tham chiếu). Quãng giữa hai đường thẳng màu đen là vùng của gen *Rhg1*. Các chấm đỏ biểu hiện thay đổi số bản sao chép tương ứng với dòng đậu nành. *Red color gradient* là giá trị *P* tương ứng với mỗi ratios (Jiao và ctv. 2014).

Tuyến trùng gây sưng rễ SCN (soybean cyst nematode, tên khoa học là *Heterodera glycines* Ichinohe) là một trong những đối tượng gây hại nghiêm trọng trên đậu nành. Giống PI 437655 có phổ kháng rộng với tuyến trùng SCN HG types hơn giống đậu nành PI 88788. Mục tiêu của nghiên cứu này là xác định QTL điều khiển tính kháng SCN trong giống PI 437655, và đánh giá QTL liên quan đến tính kháng này. Hai quần thể cận giao tái tổ hợp F6:7, của tổ hợp lai giữa Williams 82 × PI 437655 và tổ hợp lai Hutcheson × PI 437655, được đánh giá tính kháng SCN HG types 1.2.5.7 (PA2), 0 (PA3), 1.3.5.6.7 (PA14), và 1.2.3.4.5.6.7 (LY2).

Khai thác bộ array với 1.536 SNP để đánh giá kiểu gen quần thể làm bản đồ nói trên và xây dựng nên bản đồ kiên kết di truyền (genetic linkage maps). Hai QTL có ý nghĩa được ghi nhận trên nhiễm sắc thể 18 và 20 ở cả hai quần thể con lai nói trên. Một QTL trên nhiễm sắc thể 18 liên quan đến locus ***Rhg1***, điều khiển tính kháng với SCN HG types 1.2.5.7, 0, 1.3.5.6.7, và 1.2.3.4.5.6.7 (PA2, PA3, PA14, và LY2, theo thứ tự). Phân tích biến thiên di truyền số bảo sao

chép (CNV) bằng phương pháp "whole-genome resequencing" cho thấy rằng nguồn giống PI 437655 và PI 88788 có cùng CNV tại locus *Rhg1*. QTL trên nhiễm sắc thể 20 điều khiển tính kháng với SCN HG types 1.3.5.6.7 (PA14) và 1.2.3.4.5.6.7 (LY2). Đánh giá cả hai QTL cho thấy việc chồng gen (pyramiding) *Rhg1* và QTL trên NST 20 cải thiện đáng kể tính kháng đối với SCN HG types 1.3.5.6.7 (PA14) và 1.2.3.4.5.6.7 (LY2) trong cả hai quần thể con lai. Nghiên cứu này đã cho thấy nguồn giống PI 437655 là "donor" tốt, phục vụ cải tiến giống đậu nành cao sản kháng được tuyến trùng rễ (Jiao và ctv. 2014).

DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG VỚI APHID



Hình 15: Vị trí của các loci điều khiển tính kháng rầy mềm trên quần thể mapping số 070020 và quần thể validation số 110193, 110201 với pp "interval mapping". 1-LOD và 2-LOD intervals của mỗi locus được hiển thị bằng thanh mỏng và thanh đậm. Threshold line (LOD = 2.2) được vẽ từ 1000 permutations ở mức độ có ý nghĩa *P* = 0.05. **a** Nhóm liên kết gen trên bản đồ A2 (chromosome 8) trong quần thể mapping số 070020 với LOD của locus kháng rầy mềm ở bên phải; **b** bản đồ linkage group A2 (chromosome 8) trong quần thể validation số 110193 với locus kháng rầy biểu thị bên phải; **c** bản đồ linkage group A2 (chromosome 8) trong quần thể validation số 110201 với locus kháng rầy mềm biểu hiện ở bên phải; **d** bản đồ linkage group J (chromosome 16) trong quần thể mapping số 070020 với LOD của locus kháng rầy biểu hiện bên phải; **e** bản đồ linkage group J (chromosome 16) trong quần thể validation số 110193; và **f** bản đồ linkage group J (chromosome 16) trong quần thể validation số 110201 (Zhang và ctv. 2017).

Hai QTLs mới điều khiển tính kháng với rầy mềm (aphid) trên đậu nành đã được lập bản đồ và được minh chứng trên nhiễm sắc thể 8 và 16 (Zhang và ctv. 2017). Những chỉ thị phân tử liên kết chặt với QTL này đã được phát triển trong chương trình chọn giống nhơ chỉ thị phân tử.

Rầy mềm tấn công đậu nành (soybean aphid, tên khoa học: *Aphis glycines* Matsumura), là đối tượng gây hại nặng nề cho sản lượng đậu nành. Giống E08934, một dòng cải tiến dẫn xuất từ loài đậu nành hoang dại *Glycine soja* 85-32, biểu thị tính kháng mạnh mẽ với aphids. Cơ sở di truyền tính kháng rầy mềm của giống E08934, trong một quần thể mapping (070020) bao gồm 140 dòng F3 của cặp lai E08934 với giống nhiễm E00003. Quần thể lập bản đồ này được đánh giá tính kháng rầy mềm trong nhà kính vào năm 2010 và trên đồng ruộng vào năm 2009, 2010,

và 2011. Hệ số di truyền nghĩa rộng (H_{bs}) trên đồng ruộng là 0.84. Trong quần thể mapping này 070020, hai QTL chủ lực đã được tìm thấy kết hợp có ý nghĩa với tính kháng rầy mềm, được người ta ký hiệu là gen *Rag6* và gen *Rag3c*. Gen *Rag6* định vị trên quãng 10,5 cM giữa marker MSUSNP08-2 và Satt209 trên nhiễm sắc thể 8, giải thích được 19.5–46.4% biến thiên kiểu hình. gen *Rag3c* định vị trong quãng 7,5 cM giữa MSUSNP16-10 và Sat_370 trên nhiễm sắc thể 16, giải thích được 12.5–22.9% biến thiên kiểu hình. gen *Rag3c* biểu thị ít tính kháng hơn gen *Rag6* thông qua các nghiệm thức khảo nghiệm. Hơn nữa, *Rag6* và *Rag3c* được minh chứng có những cơ sở di truyền khác nhau. Không có sự tương tác có ý nghĩa về mặt thống kê giữa *Rag6* và *Rag3c* ngay cả trong quần thể mapping hoặc quần thể "validation". Cả hai gen *Rag6* và *Rag3c* đều có liên quan đến cơ chế tính kháng hóa sinh (antibiosis resistance) đối với rầy mềm theo phương pháp "no-choice test". Gen kháng rầy mềm từ nguồn đậu nành hoang dại *G. soja* 85-32 là nguồn vật liệu rất quý cho nhà chọn giống (Zhang và ctv. 2017).

DI TRUYỀN TÍNH KHÁNG BỆNH CHẾT CÂY CON do *Fusarium graminearum*

Những kỹ thuật phân tích theo tổ hợp gen (association) đã được áp dụng để xác định và chứng minh: có 12 chỉ thị phân tử SNPs liên quan đến tính kháng bệnh chết cây con do nấm *Fusarium graminearum*. Hai gen ứng cử viên mới được ghi nhận trong nghiên cứu này.

Fusarium graminearum gây ra triệu chứng làm chết hạt mầm, thối rễ và chết rụi cây con (seedling damping-off) của đậu nành, làm năng suất ruộng đậu nành giảm đi nghiêm trọng. Hiện nay, cơ sở di truyền tính kháng bệnh do nấm *F. graminearum* gây ra, đã được làm sang tỏ, trong bốn nguồn vật liệu giống đậu nành, mà bốn giống này chưa đủ để cải tiến giống kháng bệnh. Mục tiêu nghiên cứu của nghiên cứu hiện nay là: xác định kiến trúc di truyền trong toàn hệ gen (genome-wide genetic architecture) về tính kháng với nấm *F. graminearum* trong các giống đậu nành bản địa và giống đậu nành đang được trồng đại trà, trên cơ sở đánh giá kiểu hình ở phòng thí nghiệm. Mức độ kháng bệnh khác nhau của 314 mẫu giống bản địa đã được xem xét, và 22.888 chỉ thị phân tử SNPs (single nucleotide polymorphisms) với tần suất alen thứ yếu là > 0.05 được áp dụng đối với locus đặc biệt nào đó theo phương pháp SLAF-seq (amplified fragment sequencing approach). Mười hai SNPs được xác định có lien kết với tính kháng nấm *F. graminearum*. Những SNPs như vậy định vị tại 12 vùng của hệ gen cây đậu nành trên 8 nhiễm sắc thể. Chúng có thể giải thích được 5,53–14,71% biến thiên kiểu hình. Một SNP, rs9479021, định vị trên nhiễm sắc thể số 6, chồng lấp với *qRfg_Gm06*, một QTL nổi tiếng điều khiển tính kháng *F. graminearum*. Những chỉ thị SNPs khác không có gì mới, lien kết với tính kháng nấm *F. graminearum*. Chín gen ứng cử viên mới được dự đoán là có tham gia vào tính kháng nấm *F. graminearum* theo kết quả phân tích haplotype và mức độ phong phú của phân tử transcript từ những gen ứng cử viên ấy. Những chỉ thị phân tử được xác định như vậy và những giống đậu nành kháng bệnh là nguồn vật liệu di truyền rất có giá trị phục vụ cho chương trình cải tiến giống đậu nành kháng nấm *F. graminearum.*

Xem: https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-018-3230-3

Nguồn: Chanjuan Zhang, Xue Zhao, Yingfan Qu, Weili Teng, Lijuan Qiu, Hongkun Zheng, Zhenhua Wang, Yingpeng Han, Wenbin Li. 2019. Loci and candidate genes in soybean that confer resistance to *Fusarium graminearum.* Theoretical and Applied Genetics, February 2019, Volume 132, Issue 2, pp 431–441

5470053
5470051