

NGHIÊN CỨU XÁC ĐỊNH HIỆU QUẢ CỦA MỘT SỐ GEN KHÁNG BỆNH GỈ SẮT Ở ĐẬU TƯƠNG VIỆT NAM VÀ CHỈ THỊ PHÂN TỬ LIÊN KẾT VỚI CHÚNG

Nguyễn Văn Khôi^{1,2*}, Dương Xuân Tú², Nguyễn Thanh Tuấn³, Nguyễn Văn Lâm²,
Nguyễn Huy Chung⁴, Đinh Xuân Hoàn⁴, Lê Thị Thanh², Nguyễn Thị Thu², Phan Hữu Tôn³

¹Nghiên cứu sinh, Khoa Nông học, Học Viện Nông nghiệp Việt Nam

²Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm

³Khoa Công nghệ sinh học, Học Viện Nông nghiệp Việt Nam; ⁴Viện Bảo vệ thực vật

Email*: khoi_sv@yahoo.com

Ngày gửi bài: 10.03.2016

Ngày chấp nhận: 15.08.2016

TÓM TẮT

Tính kháng bệnh gỉ sắt ở đậu tương do nấm *Phakopsora pachyrhizi* Sydow gây ra đã được phát hiện và quy định bởi 5 gen đơn trội là: *Rpp1*, *Rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4* và *Rpp5*. Nghiên cứu khả năng kháng nhiễm với bệnh gỉ sắt đậu tương ở Việt Nam của các dòng đậu tương mang gen chuẩn kháng cho thấy, các gen kháng *Rpp2*, *Rpp4* là các gen kháng tốt với bệnh gỉ sắt đậu tương ở Việt Nam, gen kháng *Rpp5* kháng tốt với nguồn bệnh thuộc khu vực phía Nam Việt Nam. Các gen kháng này được tiến hành lựa chọn các chỉ thị phân tử liên kết trên cơ sở phân tích quần thể lại phân tích giữa các dòng đậu tương mang gen và kháng bệnh với các dòng không mang gen và mẫu cảm với bệnh cho thấy, chỉ thị Satt620, Satt288 và Sat_275 được xác định lần lượt liên kết chặt với gen kháng *Rpp2*, *Rpp4* và *Rpp5* với khoảng cách di truyền tương ứng là 3,33 cM, 2,50 cM và 4,16 cM. Các chỉ thị này được sử dụng để nhận diện và chọn lọc các gen kháng trong nguồn gen và một số tổ hợp phân ly F₂, phục vụ chọn tạo giống đậu tương kháng bệnh gỉ sắt ở Việt Nam.

Từ khóa: Bệnh gỉ sắt, chỉ thị phân tử, đậu tương.

Identify the Effectiveness of Some Soybean Rust Resistant Genes on Vietnam and Their Linkage Molecular Markers

ABSTRACT

Five genes *Rpp1*, *Rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4* & *Rpp5* conferring resistance to *Phakopsora pachyrhizi* Sydow in soybean were identified. Resistance evaluation of the soybean lines carrying resistant genes shows that genes *Rpp2* and *Rpp4* are highly resistant to soybean rust in Vietnam while *Rpp5* is high resistant to the isolates of rust pathogen collected from South Vietnam. The selection of molecular markers linked to the above-mentioned resistance genes based on the analysis of crossing populations between resistant and susceptible cultivars shows that the markers Satt620, Satt288 and Sat_275 are closely linked to *Rpp2*, *Rpp4* and *Rpp5* with the genetic distance of 3.33cM, 2.50cM and 4.16cM, respectively. These markers may be used to identify and select resistance genes in germplasm and resistant individuals in segregating populations.

Keywords: Molecular markers, rust resistant genes, soybean.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh gỉ sắt đậu tương do nấm *Phakopsora pachyrhizi* Sydow gây ra, là bệnh hại chính trên cây đậu tương (*Glycine max*) ở Châu Á và nhiều

nước sản xuất đậu tương trên thế giới. Có 5 gen quy định tính kháng bệnh gỉ sắt ở đậu tương đã được phát hiện, nằm trên từng nhiễm sắc thể (NST) và liên kết với một số chỉ thị với khoảng cách di truyền khác nhau. Gen kháng *Rpp1*

nằm trên NST số 18, liên kết chặt với 2 chỉ thị Sct_187 và Sat_064 với khoảng cách di truyền là 0,4cM (Hyten *et al.*, 2007); *Rpp2* nằm trên NST số 16, liên kết với chỉ thị Sat_255, Satt620 và Satt215 với khoảng cách di truyền lần lượt là 8,1cM, 4,3cM và 4,3cM (Abdelnoor *et al.*, 2007); *Rpp3* nằm trên NST số 6, liên kết với các chỉ thị Satt460, Sat_263 và Sat_251 với khoảng cách di truyền lần lượt là 0,5cM, 0,9cM và 4,1cM (David *et al.*, 2009); *Rpp4* trên NST số 18, liên kết với chỉ thị Satt288 và Sat_191 với khoảng cách di truyền là 1,19cM và 6,24cM (Abdelnoor *et al.*, 2007) và gen kháng *Rpp5* nằm trên NST số 3, liên kết với chỉ thị Sat_275 và Sat_280 với khoảng cách di truyền là 4,6cM và 6,3cM (Gacia *et al.*, 2008).

Tuy nhiên, mức độ liên kết của mỗi chỉ thị ADN với mỗi gen phụ thuộc vào khoảng cách di truyền giữa chúng và có thể khác nhau tùy mỗi nguồn vật liệu sử dụng. Vì thế, để sử dụng các chỉ thị này trong chọn tạo giống kháng bệnh bằng chỉ thị phân tử thì nhà chọn giống cần xác định lại độ liên kết thực của từng chỉ thị với mỗi gen kháng có trong nguồn vật liệu nghiên cứu của mình. Trên cơ sở các chỉ thị liên kết với gen kháng đã được công bố, từ đó lựa chọn ra được chỉ thị có liên kết chặt, độ tin cậy cao rồi áp dụng trong công tác chọn tạo giống đậu tương kháng bệnh gỉ sắt ở Việt Nam.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- 5 dòng đậu tương mang gen chuẩn kháng với bệnh gỉ sắt: PI200492 (*Rpp1*), PI230970 (*Rpp2*), PI462312 (*Rpp3*), PI459025B (*Rpp4*) và PI200256 (*Rpp5*); Giống đậu tương ĐT2000 (Giống đối chứng kháng - Nguyễn Thị Bình, 1990); Giống đậu tương V74, ĐT12 (Giống mẫn cảm với bệnh gỉ sắt).

- 7 cặp mỗi SSR liên kết với các gen kháng bệnh gỉ sắt đậu tương đã được công bố (Bảng 1).

- 3 nguồn nấm gây bệnh gỉ sắt đậu tương đại diện cho các vùng sinh thái đặc trưng của Việt Nam (IS - 15: vùng đồng bằng sông Hồng; IS - 17: vùng Bắc Trung Bộ; IS - 28: vùng Tây Nam Bộ) được cung cấp bởi Bộ môn Miễn dịch, Viện Bảo vệ Thực vật

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phát triển quần thể lai phân tích

Tiến hành xây dựng các tổ hợp lai giữa mẹ là giống mẫn cảm với bệnh gỉ sắt ở Việt Nam (V74), bố là các dòng mang gen chuẩn kháng. Thế hệ F2 của mỗi tổ hợp được lấy ngẫu nhiên 120 cá thể cho phân tích kiểu gen bằng chỉ thị phân tử và kiểu hình bằng nhiễm bệnh nhân tạo.

Bảng 1. Danh sách các chỉ thị phân tử liên kết với gen kháng bệnh gỉ sắt đậu tương

Gen kháng	Chỉ thị liên kết	Trình tự	Khoảng cách liên kết (cM)	Kích cỡ (bp)	Tác giả
<i>Rpp2</i>	Satt 215	F'GCGCCTCTCTTGCTAAATCA R'CCCATTC AATTGAGATCCAAAATTAC	4,3	100 - 110	Abdelnoor <i>et al.</i> (2007)
	Satt 620	F'GCGGGACC GATTAAATCAATGAAGTCA R'GCGCATTTAATAAGGTTTACAAATTAGT	4,3	285 - 330	
	Sat_255	F'GCGGCATGTCATGGTATACGTAACTTTAGA R'GCGCAACTGAAGCAAGAAAAGAAACCT	8,1	210 - 300	
<i>Rpp4</i>	Sat_191	F' CGCGATCATGTCTCTG R' GGGAGTTGGTGTCTTTCTTGTG	6,4	200 - 260	Abdelnoor <i>et al.</i> (2007)
	Satt288	F'GCGGGGTGATTTAGTGTTTGACACCT R'GCGCTTATAATTAAGAGCAAAAGAAG	1,19	245 - 260	
<i>Rpp5</i>	Sat_275	F'GCGGGATAATTGGTTTTAGGAAAATGC R'GCGCCTAATCACCTAAAAAACGTTTA	4,6	210 - 275	Gacia <i>et al.</i> (2008)
	Sat_280	F'GGCGGTGGATATGAAACTTCAATAACTACAA R'GGCGGGCTTCAATAATTACTATAAAACTACGG	6,3	230 - 290	

Note: Các chỉ thị được cung cấp bởi hãng IDT (Mỹ)

2.2.2. Nhiễm bệnh nhân tạo

Phương pháp nhiễm bệnh nhân tạo và đánh giá tính kháng nhiễm được thực hiện theo quy trình của Nguyễn Thị Bình và cs. (1990). Khi cây non có một lá kép đã mở hoàn toàn, tiến hành nhiễm bệnh bằng phương pháp phun dịch bào tử lên bề mặt lá với liều lượng 0,5 ml/dm² lá. Tạo độ ẩm bằng che phủ ni lông từ 12 - 24 giờ đầu. Đánh giá tính kháng/nhiễm bệnh được tiến hành sau khi nhiễm bệnh 14 ngày, đánh giá từ 3 - 4 lần, mỗi lần cách nhau từ 7 - 10 ngày cho đến khi giống đối chứng đạt cấp bệnh cao nhất với 3 chỉ tiêu:

- **Mức độ nhiễm bệnh:** Đánh giá theo% diện tích lá bị bệnh với thang 7 cấp, mỗi giống đánh giá 5 cây. Cấp 1: 0%; Cấp 2: < 10%; Cấp 3: 10 - 20%; Cấp 4: 20 - 30%; Cấp 5: 30 - 50%; Cấp 6: 50 - 75%; Cấp 7: > 75%.

- **Màu sắc ổ bệnh:** Ổ bệnh có màu nâu đỏ hoặc nâu đậm, đặc trưng cho giống kháng bệnh, ký hiệu là RB. Ổ bệnh có màu nâu vàng, đặc trưng cho giống nhiễm bệnh ký hiệu là TAN. Trên lá có cả hai loại vết bệnh TAN và RB là giống có phản ứng trung gian, ký hiệu là MIX.

- **Mức độ hình thành bào tử:** Được đánh giá theo% số lượng vết bệnh có hình thành bào tử trên tổng số vết bệnh trong một đơn vị diện tích theo thang điểm: Điểm 0: Không có bào tử; Điểm 1: Không hình thành bào tử; Điểm 2: Bào tử ≤ 25%; Điểm 3: 25% < Bào tử ≤ 50%; Điểm 4: 50% < Bào tử ≤ 75%; Điểm 5: Bào tử ≥ 75%

- **Đánh giá mức kháng/nhiễm:** Các giống đậu tương kháng bệnh phải đạt được các tiêu chuẩn sau: (1) Có vết bệnh kiểu: RB; (2) Mức độ nhiễm bệnh bằng hoặc thấp hơn so với giống đối chứng kháng; (3) Bào tử hình thành ít hoặc đạt điểm từ 1 - 3.

2.2.3. Các kỹ thuật sinh học phân tử

- **Tách chiết ADN tổng số:** ADN được tách chiết theo phương pháp CTAB của Doyle *et al.* (1987) có cải tiến.

- **Phản ứng nhân gen (PCR):** Mỗi phản ứng PCR 15μl gồm: 9,6μl nước cất hai lần khử ion; 1,5μl đệm PCR 10X; 0,3μl dNTPs 10Mm; 0,2μl Taq DNA polymerase 1 U/μl; 2,4μl mỗi muối 5Mm

+ Mỗi ngược 5Mm; 1,0μl DNA 10 ng/l. Chương trình PCR trên máy Realtime PCR: 94°C - 5 phút; 35 chu kỳ (94°C - 40 giây; Tm°C - 30 giây; 72°C - 1 phút); 72°C - 5 phút; giữ mẫu ở 4°C

- **Điện di sản phẩm PCR:** Sản phẩm PCR được điện di và phân tích hình ảnh trên máy điện di mao quản QIAxel của hãng Quiagen (Đức).

2.2.4. Phân tích và xử lý số liệu

Kiểm định phân phối kiểu gen theo tỷ lệ phân ly mong đợi trong quần thể F2 bằng sử dụng phân phối χ^2 ($df = 2$, $p = 0,05$); $\chi^2 = \sum(\text{số quan sát} - \text{số mong đợi})^2 / \text{Số mong đợi}$.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Hiệu quả của một số gen kháng với bệnh gỉ sắt đậu tương ở Việt Nam

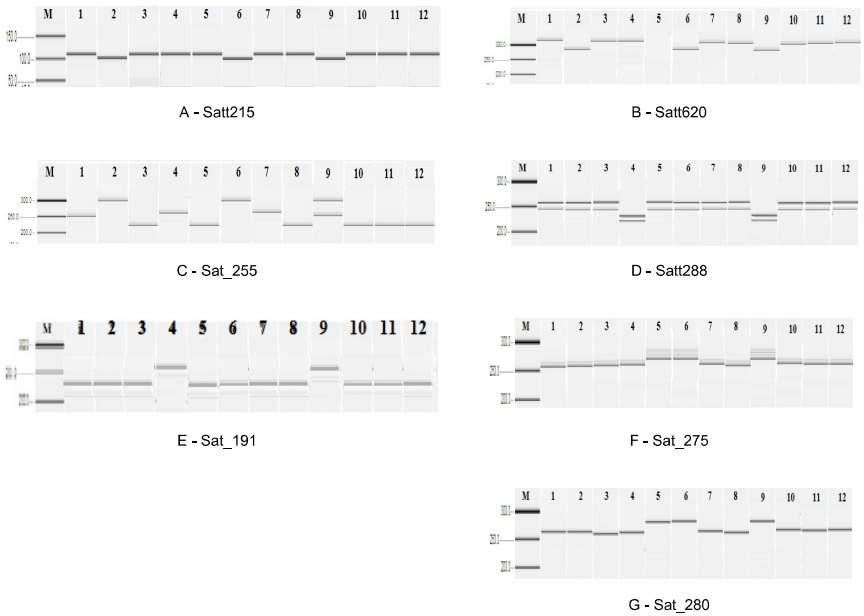
Để chọn tạo giống kháng bệnh bền vững thành công, trước hết phải phân lập và xác định được các chủng bệnh khác nhau ở vùng mà giống sẽ trồng phổ biến trong tương lai. Sau đó phải xác định được khả năng kháng của từng gen kháng đối với mỗi chủng bệnh, rồi lựa chọn chỉ thị phân tử chọn lọc gen kháng hữu hiệu đưa chúng vào mới tạo ra được giống kháng bệnh bền vững. Hiện có 5 gen (*Rpp1*, *Rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4* và *Rpp5*) được xác định bằng chỉ thị ADN có trong 5 mẫu giống, được lấy nhiễm nhân tạo sử dụng 3 nguồn nấm gỉ sắt đại diện được phân lập từ 3 vùng sinh thái khác nhau. Kết quả đánh giá được đưa ra trong bảng 2.

Kết quả nghiên cứu cho thấy, mẫu giống mang gen chuẩn kháng *Rpp1* cùng với 2 giống mẫn cảm với bệnh gỉ sắt là V74 và ĐT12 cho phản ứng nhiễm với cả 3 nguồn bệnh. Các dòng chuẩn kháng, chứa gen kháng *Rpp2*, *Rpp4* và giống ĐT2000 cho phản ứng kháng với cả 3 nguồn bệnh. Mẫu giống mang gen chuẩn kháng *Rpp3* cho phản ứng kháng với nguồn bệnh thuộc khu vực miền Bắc và phản ứng nhiễm với nguồn bệnh thuộc khu vực miền Trung và miền Nam; mẫu giống mang gen chuẩn kháng *Rpp5* cho phản ứng nhiễm với nguồn bệnh thuộc khu vực Miền Bắc và phản ứng kháng với nguồn bệnh thuộc

Bảng 2. Kết quả đánh giá tính kháng/nhiễm với bệnh gỉ sắt ở Việt Nam của các dòng mang gen chuẩn kháng khác nhau

Mẫu dòng, giống	Nguồn bệnh		
	IS - 15 (Miền Bắc)	IS - 17 (Miền Trung)	IS - 28 (Miền Nam)
PI200492 (<i>Rpp1</i>)	N	N	N
PI230970 (<i>Rpp2</i>)	K	K	K
PI462312 (<i>Rpp3</i>)	K	N	N
PI459025B (<i>Rpp4</i>)	K	K	K
PI200256 (<i>Rpp5</i>)	N	K	K
ĐT2000 (Đ/c kháng)	K	K	K
V74 (Đ/c nhiễm)	N	N	N
ĐT12 (Đ/c nhiễm)	N	N	N

Ghi chú: - K: Kháng ; - N: Nhiễm; Đ/c: Đối chứng



Hình 1. Hình ảnh điện di sản phẩm PCR sử dụng chỉ thị Satt215 (A), Satt620 (B), Sat_255 (C), Satt288 (D), Sat_191 (E), Sat_275 (F) và Sat_280 (G) với size marker 1000 bp (M) trên các mẫu giống PI200492 (1), PI230970 (2), PI462312 (3), PI459025B (4), PI200256 (5), ĐT2000 (6), V74 (7), ĐT12 (8), Nhất Tiến HLLS (9), AK03 (10), M103 (11), Đ8 (12)

khu vực miền Trung và miền Nam. Như vậy, *Rpp2* và *Rpp4* là các gen kháng tốt với bệnh gỉ sắt đậu tương ở Việt Nam, *Rpp5* kháng tốt với nguồn bệnh chỉ ở khu vực phía Nam Việt Nam. Các gen kháng này được tiến hành lựa chọn chỉ thị phân tử liên kết chặt phục vụ chọn tạo giống đậu tương kháng bệnh gỉ sắt ở Việt Nam.

3.2. Xác định đa hình các mẫu giống đậu tương sử dụng chỉ thị phân tử liên kết với gen quy định tính kháng bệnh gỉ sắt

Để kiểm tra mức đa hình phân biệt của chỉ thị phân tử với các mẫu giống kháng và nhiễm, chúng tôi tiến hành kiểm tra trên các dòng mang gen chuẩn kháng, các giống mẫn cảm và một số mẫu giống bố mẹ. Hình ảnh điện di đại diện được đưa ra trong hình 1.

Chỉ thị *Satt215* cho đa hình trên mẫu giống *PI230970* (*Rpp2*), *ĐT2000* và *Nhất Tiến HLLS* ở vạch band 100bp, phân biệt với các mẫu giống khác ở vạch band 110bp; *Satt620* cho đa hình trên mẫu giống *PI230970* (*Rpp2*), *ĐT2000* và *Nhất Tiến HLLS* ở vạch band 285bp, phân biệt với các mẫu giống còn lại ở vạch band 315bp; *Sat_255* cho đa hình trên các mẫu giống với 3 loại vạch band có các kích thước lần lượt là 300bp, 250bp và 210bp trong đó mẫu giống *PI230970* mang gen kháng *Rpp2*, *ĐT2000* và *Nhất Tiến HLLS* cho vạch band ở kích thước 300bp, *Sat_191* cho đa hình trên mẫu giống *PI459025B* (*Rpp4*) và *Nhất Tiến HLLS* ở vạch band 200bp, phân biệt với các mẫu giống khác ở

vạch band 260bp; *Satt288* cho đa hình trên mẫu giống *PI459025B* (*Rpp4*) và *Nhất Tiến HLLS* với 2 vạch band có kích thước 230bp và 240bp, phân biệt với các mẫu giống còn lại ở vạch band 250 bp và 255bp; *Sat_275* cho đa hình trên mẫu giống *PI200256* (*Rpp5*), *ĐT2000* và *Nhất Tiến HLLS* ở vạch band 275bp, phân biệt với các mẫu giống khác ở vạch band 255 bp; *Sat_280* cho đa hình trên mẫu giống *PI200256* (*Rpp5*), *ĐT2000* và *Nhất Tiến HLLS* ở vạch band 285bp, phân biệt với các mẫu giống còn lại ở vạch band 265bp.

Như vậy, tất cả các chỉ thị sử dụng trong nghiên cứu đều cho đa hình phân biệt giữa các mẫu giống mang gen kháng và không mang gen kháng. Tuy nhiên, để sử dụng các chỉ thị này trong nhận diện các gen kháng phục chọn tạo giống đậu tương kháng bệnh gỉ sắt ở Việt Nam thì cần phải xác định lại mức liên kết của từng chỉ thị với các gen kháng trên nguồn vật liệu nghiên cứu.

3.3. Mức liên kết của chỉ thị phân tử với gen quy định tính kháng bệnh gỉ sắt ở đậu tương trên quần thể F2

Gen kháng bệnh gỉ sắt đậu tương đã được xác định là di truyền bởi các gen đơn trội, do vậy sẽ tuân theo quy luật di truyền của Mendel. Liên kết của chỉ thị với các gen kháng bệnh gỉ sắt đậu tương Việt Nam *Rpp2*, *Rpp4* và *Rpp5* được xác định dựa trên kết quả phân tích sai khác về kiểu gen được nhận diện bằng chỉ thị phân tử và tính kháng nhiễm thực tế (kiểu hình)

Bảng 3. Phân ly kiểu gen kháng xác định bằng chỉ thị phân tử ở thế hệ F2 của các tổ hợp lai

Tổ hợp	Tổng số cá thể	Chỉ thị	Kiểu gen phát hiện bằng chỉ thị			χ^2
			<i>RR</i>	<i>Rr</i>	<i>rr</i>	
V74 × PI230970 (<i>Rpp2</i>)	120	<i>Satt215</i>	46	51	23	11,5
		<i>Satt 620</i>	28	66	26	1,3
		<i>Sat_255</i>	41	53	26	5,3
V74 × PI459025B (<i>Rpp4</i>)	120	<i>Sat_191</i>	39	67	14	12,05
		<i>Satt288</i>	36	65	19	5,65
V74 × PI200256 (<i>Rpp5</i>)	120	<i>Sat_275</i>	40	55	25	4,58
		<i>Sat_280</i>	38	62	20	5,67

Ghi chú: Giá trị χ^2 (*df* = 2, *p*: 0,05) tra bảng = 5,99

của 120 cá thể ở mỗi tổ hợp lai được lựa chọn với mẹ là giống V74 (nhiễm, không cho đa hình kiểu gen kháng) và bố là các dòng chuẩn kháng mang gen (kháng với các nguồn nấm bệnh).

Sử dụng phương pháp kiểm định χ^2 giữa tỷ lệ phân ly kiểu gen theo lý thuyết và tỷ lệ phân ly kiểu gen thực tế được nhận diện bằng các chỉ thị phân tử trên quần thể phân ly F2. Kết quả được trình bày trong bảng 3.

Giá trị χ^2 của các kiểu gen kháng được xác định bằng các chỉ thị đưa ra trong bảng 4, cho thấy các chỉ thị Satt620, Sat_255, Satt288, Sat_275 và Sat_280 cho tỷ lệ phân ly gần đúng với tỷ lệ phân ly theo lý thuyết (tỷ lệ 1:2:1).

Kết quả phân tích kiểu gen kháng kết hợp với đánh giá tính kháng/nhiễm của các cá thể trong quần thể F2 của các tổ hợp lai được trình bày trong bảng 4.

Gen và chỉ thị nằm cùng trên 1 NST hoặc nhóm liên kết, F1 khi hình thành giao tử, trao

đổi chéo xảy ra ở những đoạn NST tương đồng do đó có thể gen và chỉ thị không cùng đi về 1 giao tử (bị phá vỡ liên kết) dẫn đến sự sai khác ở F2 về kiểu gen được xác định bằng chỉ thị và kiểu hình do kiểu gen qui định. Dựa vào tỷ lệ sai khác giữa kiểu gen (được xác định bằng các chỉ thị) và kiểu hình (thông qua đánh giá nhân tạo) trên quần thể phân ly F2 để tính tỷ lệ giao tử trao đổi chéo (giữa gen và chỉ thị) của F1, theo qui ước 1% trao đổi chéo = 1cM. Qua kết quả phân tích, các chỉ thị được lựa chọn có liên kết với gen kháng bệnh gỉ sắt đậu tương tương đối chặt, khoảng cách di truyền < 5cM: *Rpp2* liên kết với chỉ thị Satt620 ở khoảng cách di truyền 3,33cM; *Rpp4* liên kết với chỉ thị Satt288 ở khoảng cách di truyền 2,5 cM và *Rpp5* liên kết với chỉ thị Sat_275 ở khoảng cách di truyền 4,16cM. Các chỉ thị này được sử dụng để nhận diện gen kháng trong lai tạo và chọn lọc giống đậu tương kháng bệnh gỉ sắt ở Việt Nam.

Bảng 4. Kết quả phân tích kiểu gen kháng bằng chỉ thị phân tử kết hợp với đánh giá kiểu hình bằng nhiễm bệnh nhân tạo trên quần thể phân ly F2

Tổ hợp	Chỉ thị	Kiểu gen	Tổng số cá thể	Số cá thể kháng	Số cá thể nhiễm	Trao đổi chéo (cM)
V74 × PI230970 (<i>Rpp2</i>)	Satt215	<i>RR</i>	46	43	3	7,50
		<i>Rr</i>	51	47	4	
		<i>rr</i>	23	2	21	
	Satt 620	<i>RR</i>	28	26	2	3,33
		<i>Rr</i>	66	65	1	
		<i>rr</i>	26	1	25	
	Sat_255	<i>RR</i>	41	39	2	5,00
		<i>Rr</i>	53	50	3	
		<i>rr</i>	26	1	25	
V74 × PI459025B (<i>Rpp4</i>)	Sat_191	<i>RR</i>	39	37	2	6,67
		<i>Rr</i>	67	63	4	
		<i>rr</i>	14	2	12	
	Satt288	<i>RR</i>	36	34	2	2,50
		<i>Rr</i>	65	65	0	
		<i>rr</i>	19	1	18	
V74 × PI200256 (<i>Rpp5</i>)	Sat_275	<i>RR</i>	40	38	2	4,16
		<i>Rr</i>	55	53	2	
		<i>rr</i>	25	1	24	
	Sat_280	<i>RR</i>	38	35	3	5,83
		<i>Rr</i>	62	60	2	
		<i>rr</i>	20	2	18	

4. KẾT LUẬN

Gen kháng *Rpp2*, *Rpp4* và *Rpp5* biểu hiện tính kháng tốt với bệnh gỉ sắt đậu tương ở Việt Nam, các gen kháng này rất có giá trị sử dụng trong chương trình chọn tạo giống đậu tương kháng bệnh gỉ sắt ở Việt Nam theo các vùng sinh thái đặc trưng.

Chỉ thị phân tử: Satt620 (liên kết với gen kháng *Rpp2* ở khoảng cách di truyền 3,33cM), Satt288 (liên kết với gen kháng *Rpp4* ở khoảng cách di truyền 2,50cM) và Sat_275 (liên kết với gen kháng *Rpp5* ở khoảng cách di truyền 4,16cM) là các chỉ thị liên kết chặt với gen kháng mục tiêu, có độ tin cậy cao trong nghiên cứu ứng dụng. Các chỉ thị này sẽ được sử dụng để nhận diện gen kháng trong lai tạo và chọn lọc giống đậu tương kháng bệnh gỉ sắt ở Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Abdelnoor R. V, Maria Cristina, Kazuhiro Suenaga, Naoki Yamanaka (2009). Characterization of genes

Rpp2, Rpp4, and Rpp5 for resistance to soybean rust. Plant and Animal Genomes XV Conf., poster 413: 322 - 331.

David L. H, James R. Smith, Reid D. Frederick, Mark L. Tucker, Qijian Song and Perry B. Cregan. (2009). A High Density Integrated Genetic Linkage Map of Soybean and the Development of a 1536 Universal Soy Linkage Panel for Quantitative Trait Locus Mapping. Crop Sci., 36: 451 - 460.

Garcia A, Calvo ES, de Souza Kiihl RA, Harada A, Hiromoto DM and Vieira LG. (2008). Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: Discovery of a novel locus and alleles. Theor Appl Genet., 117: 545 - 553.

Hyten D. L, Hartman G. L, Nelson R. L., Frederick R. D., Concibido V. C., Narvel J. M. and Cregan P. B. (2007). Map Location of the Rpp1 Locus That Confers Resistance to Soybean Rust in Soybean. Crop Sci., 47: 837 - 840.

Nguyễn Thị Bình (1990). Nghiên cứu và đánh giá khả năng chống chịu bệnh gỉ sắt (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow) của tập đoàn đậu tương ở miền Bắc Việt Nam. Luận án Tiến sĩ Nông nghiệp, Viện Khoa học kỹ thuật nông nghiệp Việt Nam, Hà Nội, tr. 66 - 68.