

NGHIÊN CỨU SỐ LƯỢNG NHIỄM SẮC THỂ VÀ KIỂU NHÂN TRONG TẬP ĐOÀN GEN KHOAI MÔN SỌ MIỀN BẮC BẢO TỒN TẠI TRUNG TÂM TÀI NGUYÊN THỰC VẬT

Nguyễn Xuân Viêt, Phạm Thị Việt Anh Nguyễn Thị Quỳnh Hoa,
Lê Thị Tuyết Mai, Vũ Thị Bích Huyền và Lê Thị Thủy
Khoa Sinh học, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội

Tóm tắt. Số lượng nhiễm sắc thể (NST) và kiểu nhân (karyotype) của tập đoàn gồm 250 nguồn gen khoai môn miền Bắc đang bảo tồn tại Trung tâm Tài nguyên thực vật đã được nghiên cứu nhằm phục vụ xây dựng cơ sở dữ liệu quỹ gen khoai môn sọ quốc gia. Đa số các nguồn gen được phát hiện có bộ NST lưỡng bội, chiếm 77,2%, chỉ có 22,8% số nguồn gen là tam bội. Tần suất phân bố các nguồn gen khoai lưỡng bội và tam bội giữa tiểu vùng địa lí tự nhiên miền núi Tây Bắc và tiểu vùng miền núi và trung du Đông Bắc là tương đương nhau. Tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc đang được bảo tồn có sự đa dạng về di truyền tế bào với 2 dạng bội NST (lưỡng bội và tam bội) và 5 dạng kiểu nhân khác nhau. Ba trong 5 dạng kiểu nhân (kiểu nhân lưỡng bội $11m+3sm$, $10m+3sm+1st$ và kiểu nhân tam $10m+4sm$) được phát hiện trong nghiên cứu là chưa từng được báo cáo ở loài khoai môn sọ Việt Nam, do đó đã bổ sung thêm tư liệu về sự đa dạng kiểu nhân trong loài khoai môn sọ của nước ta. Các phân tích chi tiết NST có được trong nghiên cứu này đã cung cấp tư liệu di truyền tế bào góp phần làm phong phú thêm cơ sở dữ liệu quỹ gen cây khoai môn sọ, có ý nghĩa trong công tác bảo tồn, nghiên cứu tiến hóa và khai thác quỹ gen trong các chương trình chọn tạo giống.

Từ khóa: nhiễm sắc thể, lưỡng bội, tam bội, kiểu nhân, khoai môn sọ, quỹ gen.

1. Mở đầu

Khoai môn sọ (*Colocasia esculenta* Schott) là loài cây trồng lấy củ duy nhất trong chi *Colocasia* (Araceae), và là một trong những loài cây trồng sớm nhất ở Đông Nam châu Á (Lebot, 2009) [1], có giá trị kinh tế xã hội ở khu vực Đông Nam Á và Thái Bình Dương (Kreike et al., 2004) [2]. Thuộc chi *Colocasia* có khoảng 20 loài (Li and Boy, 2010) [3] nhưng chỉ mới có một số loài đã được mô tả, trong đó *C. esculenta* (syn *C. antiquorum*) được quan tâm nghiên cứu nhiều nhất. Tuy nhiên, nghiên cứu di truyền tế bào học được báo cáo ở loài cây trồng này còn hạn chế, có thể do số lượng nhiễm sắc thể (NST) trong tế bào của khoai môn sọ nhiều và kích thước NST cũng tương đối nhỏ (Wilkinson, 1994) [4]. Trên thế giới, nghiên cứu bộ nhiễm sắc thể soma trên *C. esculenta* của Yen và Wheeler (1968); Kuruvilla và cộng sự (1981); Coastes và cộng sự (1988); Okada và Hambali (1989); Sreekumari và Mathew (1991); Kokubugata và Konishi (1999)... , đều thống nhất rằng loài khoai môn sọ có cả dạng lưỡng bội, $2n = 2x = 28$, và dạng tam bội, $2n = 3x = 42$ (Matthews, 2004) [5], tuy nhiên các giống tam bội

Ngày nhận bài: 7/9/2021. Ngày sửa bài: 19/10/2021. Ngày nhận đăng: 26/10/2021.

Tác giả liên hệ: Nguyễn Xuân Viêt. Địa chỉ e-mail: vietnx@hnue.edu.vn

là rất ít, chỉ khoảng 1/170 là giống tam bội (Isshiki và cộng sự, 1999) [6]. Ở Việt Nam, tập đoàn gen khoai môn sọ đang được bảo tồn với số lượng khá lớn, gần 1000 nguồn gen, nhưng đến nay vẫn chưa có các tư liệu di truyền tế bào học đối với tập đoàn gen này đã được báo cáo cho mục đích xây dựng cơ sở dữ liệu nguồn gen.

Hầu hết các giống khoai môn sọ được biết rất ít ra hoa, và nếu có ra hoa được cũng thường không kết hạt trong điều kiện tự nhiên. Mặt khác, cũng do nhiều giống là tam bội, việc chọn giống bằng lai hữu tính ở loài cây trồng này vì thế bị hạn chế. Nhằm khắc phục hiện tượng thoái hóa giống do nhân giống sinh dưỡng liên tục trong nhiều năm, một số nhà khoa học sử dụng gibberellic (GA3) để kích thích ra hoa, đã thiết lập được các chương trình lai tạo giống, đặc biệt trong lai tạo giống khoai môn sọ kháng nấm *Phytophthora* gây bệnh sương mai, đang được áp dụng phổ biến trong cải tiến giống khoai môn sọ ở các nước châu Á và Thái Bình Dương (Wilson, 1990) [7]; Tyagi và cộng sự, 2004 [8]; Ivancic và cộng sự, 2011 [9]. Các giống lưỡng bội mới có khả năng sinh sản hữu tính, các giống tam bội bất thụ nên chỉ có thể được nhân giống bằng phương pháp sinh dưỡng (Isshiki và cộng sự, 1999) [6].

Do đó, những hiểu biết về số lượng nhiễm sắc thể của mỗi nguồn gen, đặc biệt với các nguồn gen trong tập đoàn quỹ gen được bảo tồn, là rất có ý nghĩa đối với nhà chọn giống trong việc lựa chọn vật liệu lai tạo; những tư liệu kiểu nhân (Karyotype) cung cấp thông tin cơ bản về di truyền tế bào, có giá trị đánh giá đa dạng di truyền của các nguồn gen đang bảo tồn cũng như nghiên cứu cơ chế tiến hóa của bộ gen. Nghiên cứu này là một phần trong “Chương trình Quỹ gen cấp Quốc gia” nhằm đánh giá các nguồn gen, cung cấp các dữ liệu để từng bước tư liệu hóa và xây dựng cơ sở dữ liệu quốc gia các nguồn gen cây trồng bản địa nói chung và cây khoai môn sọ nói riêng. Mục đích của nghiên cứu là: (1) phân tích và xác định được số lượng NST soma của 250 nguồn gen khoai môn sọ miền Bắc, (2) cung cấp tư liệu đa dạng kiểu nhân phát hiện trong tập đoàn gen đang được bảo tồn. Kết quả phân tích góp phần làm phong phú thêm cơ sở dữ liệu đối với nguồn gen khoai môn sọ bản địa của Việt Nam và có ý nghĩa phục vụ bảo tồn cũng như khai thác các nguồn gen bản địa trong các chương trình chọn tạo giống mới.

2. Nội dung nghiên cứu

2.1. Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1.1. Vật liệu

Phân tích đặc điểm di truyền tế bào sử dụng 262 nguồn gen. Trong đó, 250 nguồn gen có nguồn gốc thu thập tại các tỉnh miền Bắc, bao gồm: 120 nguồn gen thu thập từ các tỉnh miền núi Tây Bắc (Lai Châu, Điện Biên, Sơn La, Hòa Bình, Lào Cai và Yên Bái); 112 nguồn gen từ vùng núi và trung du Đông Bắc (Hà Giang, Cao Bằng, Lạng Sơn, Bắc Kạn, Tuyên Quang, Phú Thọ, Thái Nguyên, Bắc Giang, Quảng Ninh); 18 nguồn gen từ một số tỉnh Đồng bằng Sông Hồng (Hà Nội, Ninh Bình, Nam Định), và 12 nguồn gen từ vùng Bắc Trung Bộ. Các nguồn gen này được Trung tâm Tài nguyên Thực vật - Viện Khoa học Kỹ thuật Nông nghiệp Việt Nam quản lý, bảo tồn và cấp phát sử dụng.

2.1.2. Phương pháp nghiên cứu

Phân tích số lượng NST của mỗi nguồn gen được tiến hành theo Sharma (1994) [10] có cải tiến. Rễ lấy từ cây phát triển trong các chậu đất đặt trong điều kiện nhà lưới của Trường Đại học Sư phạm Hà Nội được tiền cố định trong dung dịch hydroxyquinolin 0,002 M trong 5h ở 4 - 5°C, cố định trong hỗn hợp dung dịch cồn - axêtic (3:1 v/v) qua đêm tại nhiệt độ phòng. Các rễ cố định được thủy phân trong HCl 1N trong 7 phút ở nhiệt độ 60 °C và nhuộm màu bằng dung dịch thuốc nhuộm Schiff trong 30 phút. Tiêu bản lát cắt đỉnh rễ được chuẩn bị theo phương pháp làm tiêu bản ép và quan sát dưới kính hiển vi quang học Olympus sử dụng vật kính dầu 100X.

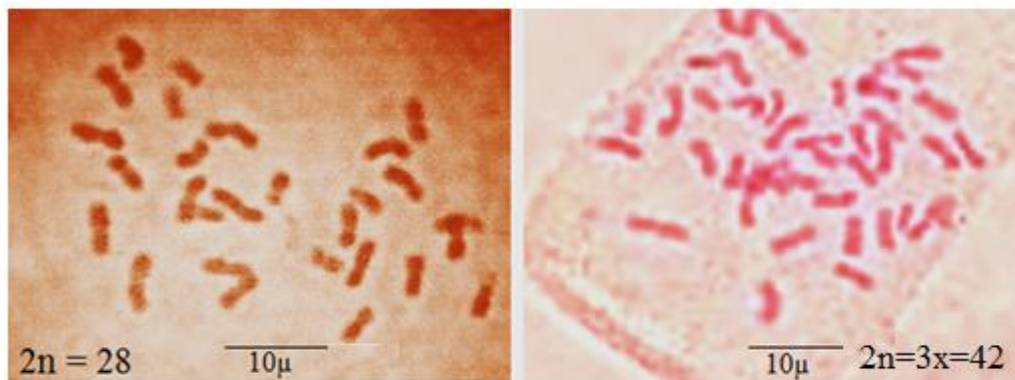
Số lượng NST trong tế bào soma đối với mỗi nguồn gen được xác định từ kết quả quan sát của ít nhất 30 tế bào phân chia kì giữa.

Phân tích kiểu nhân được tiến hành sử dụng ảnh chụp phóng đại của ít nhất 10 tế bào kì giữa tốt nhất. Số liệu về chiều dài NST được xác định trên ảnh chụp NST sử dụng phần mềm Adobe Photoshop CS6. Mô tả hình thái NST được tiến hành dựa trên sai khác về chiều dài tương đối (%) của cánh dài (long arm, L), cánh ngắn (short arm, S); tỉ lệ cánh r (arm ratio, $r = L/S$) và chỉ số tâm động CI (centromeric index, $CI = S/(L+S)$). Phân loại hình thái NST theo Levan và cộng sự (1964) [11]: NST tâm giữa ($1,0 \leq r \leq 1,69$), tâm cận giữa ($1,70 \leq r \leq 2,99$), tâm cân nút ($3,0 \leq r \leq 6,99$) và NST tâm nút ($r \geq 7,0$). Công thức kiểu nhân được biểu diễn dưới dạng số cặp NST có tâm vùng giữa (m), cận giữa (sm), cận nút (st) và tâm nút (t). Các NST trong kiểu nhân được đánh số thứ tự theo giá trị giảm dần của chiều dài trung bình của NST. Số liệu được tính toán thống kê sử dụng chương trình tính toán Excel thực hiện trên máy vi tính.

2.2. Kết quả và thảo luận

2.2.1. Số lượng nhiễm sắc thể của các nguồn gen thuộc tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc bảo tồn tại Trung tâm Tài nguyên thực vật

Phân tích tế bào học đối với 262 nguồn gen khoai môn sọ trong tập đoàn thu được kết quả trình bày ở Bảng 1 và Hình 1.



Hình 1. Nhiễm sắc thể kì giữa $2n = 2x = 28$ (nguồn gen có số đăng kí 28006) và $2n = 3x = 42$ (nguồn gen có số đăng kí 28282)

Kết quả trình bày trong Bảng 1 cho thấy, chỉ có 2 dạng bội NST, dạng lưỡng bội ($2n = 2x = 28$) và dạng tam bội ($2n = 3x = 42$), phát hiện thấy trong các mẫu nguồn gen đã phân tích, các dạng bội NST khác không tồn tại trong tập đoàn gen nghiên cứu. Số nguồn gen khoai môn sọ lưỡng bội NST chiếm ưu thế trong tập đoàn với 205 nguồn gen (chiếm 78,24%), 57 nguồn gen còn lại là tam bội ($2n = 3x = 42$), chiếm 21,76%. Hai mức bội NST (28 và 42) phát hiện trong nghiên cứu này cũng phù hợp với báo cáo trước đây của chúng tôi khi nghiên cứu về NST ở loài *C. esculenta* tại Việt Nam (Nguyễn Xuân Viêt, 2007). Các giống khoai môn sọ trồng *C. esculenta* var. *antiquorum* có số lượng NST $2n = 2x = 28$ và $2n = 3x = 42$ cũng đã được nhiều nhà khoa học thế giới báo cáo (Okada và cộng sự, 1989) [13]; Yang và cộng sự, 2003 [14]; Ochiai và cộng sự, 2001) [15]. Theo Sreekumari và Mathew (1991), tỉ lệ giống khoai môn sọ lưỡng bội ($2n = 28$) và tam bội ($2n = 42$) là gần ngang nhau ở khoai môn sọ Ấn Độ, và có sự khác biệt khá rõ ràng về phân bố tần suất theo vùng của giống tam bội và lưỡng bội. Mặc dù cả giống lưỡng bội và tam bội NST đều có ở tất cả các vùng, nhưng thể lưỡng bội chiếm ưu thế ở Nam Ấn Độ trong khi thể tam bội có số lượng nhiều hơn một cách thuyết phục so với thể lưỡng bội ở miền Bắc Ấn Độ [16].

Nghiên cứu số lượng nhiễm sắc thể và kiểu nhân trong tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc bảo tồn tại...

Bảng 1. Số lượng nhiễm sắc thể của các nguồn gen trong tập đoàn quý gen khoai môn sọ miền Bắc

Stt	Số ĐK/ ký hiệu	Số NST	Stt	Số ĐK/ ký hiệu	Số NST	Stt	Số ĐK/ ký hiệu	Số NST	Stt	Số ĐK/ ký hiệu	Số NST	Stt	Số ĐK/ ký hiệu	Số NST
1	10093	28	54	11565	28	107	28244	42	160	28345	28	213	MS.05	28
2	10102	28	55	11566	28	108	28224	28	161	28347	28	214	MS.06	42
3	10022	28	56	10005	28	109	28300	28	162	28348	28	215	MS.07	28
4	10053	28	57	10158	28	110	28257	28	163	28349	42	216	Sp19030	28
5	11674	28	58	10174	28	111	28301	42	164	11967	28	217	Sp19013	42
6	11586	42	59	10047	28	112	28304	42	165	28351	28	218	Sp19036	28
7	10033	28	60	T3515	28	113	28305	28	166	28281	28	219	Sp19002	42
8	11522	28	61	28004	28	114	28307	28	167	28282	42	220	Sp19027	28
9	10042	28	62	28006	28	115	11908	28	168	28354	28	221	Sp19091	42
10	11599	28	63	11704	28	116	28308	42	169	28355	28	222	Sp19048	42
11	11523	28	64	11702	28	117	28310	28	170	28356	28	223	Sp19049	28
12	11524	28	65	11696	28	118	28259	28	171	28284	28	224	Sp19074	28
13	11675	28	66	11574	28	119	11916	28	172	28364	28	225	Sp19079	42
14	10085	28	67	11698	28	120	11919	28	173	28371	28	226	Sp19032	28
15	10038	28	68	11539	28	121	11920	28	174	28251	28	227	Sp19075	28
16	10098	28	69	28010	28	122	11924	28	175	28288	28	228	Sp19024	28
17	10006	28	70	11605	42	123	11926	28	176	28380	42	229	KR	28
18	10068	28	71	T3681	28	124	28261	28	177	28381	42	230	Sp19065	42
19	10087	42	72	11608	28	125	11930	28	178	28189	28	231	S191001	28
20	11541	28	73	11609	28	126	28314	28	179	28211	42	232	Sp19071	28
21	11584	28	74	11612	42	127	28262	28	180	28212	28	233	Sp19089	28
22	10063	42	75	11613	42	128	28315	28	181	28198	28	234	Sp19025	28
23	11543	28	76	11614	28	129	28316	28	182	28191	42	235	Sp19019	42
24	10052	42	77	28016	28	130	28318	28	183	28199	28	236	Sp19008	28
25	11528	28	78	11615	28	131	28265	28	184	28235	28	237	Sp19067	28
26	10140	42	79	28019	28	132	11937	28	185	28200	42	238	Sp19059	28
27	11544	28	80	28021	28	133	28266	42	186	28292	28	239	Sp19063	28
28	10149	42	81	11625	28	134	28247	28	187	T15877	28	240	Sp19014	28
29	10103	28	82	28028	28	135	28268	28	188	28236	42	241	Sp19003	42
30	10106	28	83	11630	28	136	28269	28	189	T15881	42	242	Sp19033	28
31	10162	28	84	28031	28	137	28324	42	190	28293	28	243	YC	28
32	11530	28	85	11634	28	138	28249	28	191	28237	28	244	Sp19043	42
33	11545	28	86	28034	28	139	28325	28	192	28382	42	245	Sp19032	42
34	10150	28	87	28035	28	140	28326	28	193	28230	28	246	Sp19012	28
35	10134	42	88	28037	28	141	11943	28	194	28222	28	247	S191004	28
36	T3445	42	89	28038	28	142	28328	28	195	28208	28	248	S191005	42
37	10129	28	90	11635	28	143	11946	42	196	28297	42	249	S191006	28
38	10133	28	91	11636	28	144	28330	42	197	28233	28	250	S191007	28
39	10168	28	92	28039	28	145	11948	42	198	T17663	28	251	S191009	42
40	11546	28	93	28041	28	146	11953	28	199	28386	28	252	S191010	28
41	10176	28	94	T6652	28	147	11954	28	200	28387	28	253	Sp19006	42
42	11547	28	95	T7053	42	148	11957	28	201	T17674	28	254	Sp19009	42
43	11679	28	96	T7057	28	149	28332	42	202	T17675	28	255	Sp19016	42
44	T3578	42	97	28051	28	150	11960	28	203	Sp19017	42	256	Sp19023	42
45	11549	28	98	T7373	28	151	28335	42	204	Sp19026	28	257	Sp19035	42
46	10186	42	99	28053	28	152	11961	28	205	Sp19038	42	258	Sp19042	28
47	11552	28	100	11642	28	153	11962	28	206	Sp19056	28	259	Sp19008	28
48	11682	28	101	11643	28	154	28276	28	207	Sp19061	28	260	Sp19054	28
49	T3368	28	102	11644	28	155	28336	28	208	Sp191003	28	261	Sp19057	28
50	11594	42	103	T8537	28	156	28328	28	209	Sp191002	28	262	Sp19022	28
51	11531	28	104	T8843	28	157	28340	28	210	Ph.L	28			
52	10081	28	105	11664	28	158	28278	28	211	MS.03	28			
53	10034	28	106	11665	28	159	28279	28	212	MS.04	28			

Tuy nhiên, với các nguồn gen khoai môn sọ miền Bắc Việt Nam được phân tích trong nghiên cứu này đã không cho thấy có kiểu phân bố tương tự. Trong số 250 nguồn gen có nguồn gốc thu thập tại các tỉnh miền Bắc đã phân tích (không bao gồm 12 nguồn gen thu thập tại vùng Bắc Trung bộ; Thông tin địa phương thu mẫu nguồn gen không chỉ ra trong bảng 1), số nguồn gen lưỡng bội, $2n = 28$, chiếm ưu thế (77,2%). Tần suất phân bố nguồn gen tam bội ở tiểu vùng địa lý tự nhiên miền núi Tây Bắc và tiểu vùng miền núi và trung du Đông Bắc không có sự sai khác nhau đáng kể. Vùng miền núi Tây Bắc (Lai Châu, Điện Biên, Sơn La, Hòa Bình, Lào Cai và Yên Bái) có 28 nguồn gen phân tích là dạng tam bội (chiếm 11,2 %), vùng núi và trung du Đông Bắc (Hà Giang, Cao Bằng, Bắc Kạn, Tuyên Quang, Phú Thọ, Thái Nguyên, Lạng Sơn, Bắc Giang, Quảng Ninh), có 27 nguồn gen tam bội (chiếm 10,8 %). Số nguồn gen tam bội ở tiểu vùng Đồng bằng Sông Hồng được phát hiện ít nhất, chỉ 2 nguồn gen (chiếm 0,8%). Do số lượng nguồn gen của vùng này được phân tích còn ít (chỉ 19 nguồn gen), các nguồn gen này chủ yếu thu thập tại vùng lân cận của Hà Nội (17 nguồn gen), chưa đại diện cho cả vùng Đồng bằng Sông Hồng nên các phân tích mở rộng thêm là cần thiết để có bàn luận xác đáng hơn.

2.2.2. Kết quả phân tích đa dạng kiểu nhân trong tập đoàn

Hình thái NST được mô tả thông qua các giá trị số liệu trung bình chiều dài tương đối (%) của cánh dài (L), cánh ngắn (S), tỉ lệ cánh (r) và chỉ số tâm động (CI) của mỗi NST. Kết quả phân tích và so sánh hình thái NST trong tế bào đỉnh rễ của các nguồn gen khác nhau của tập đoàn đã phát hiện 5 dạng kiểu nhân (karyotype) khác nhau. Đặc điểm NST trong các kiểu nhân này được trình bày ở Bảng 2 và Bảng 3.

Bảng 2. Đặc điểm nhiễm sắc thể trong ba dạng kiểu nhân lưỡng bội ($2n = 2x = 28$) của tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc

Cặp NST	Kiểu nhân lưỡng bội (Cyt L1)					Kiểu nhân lưỡng bội (Cyt L2)					Kiểu nhân lưỡng bội (Cyt L3)				
	Chiều dài tương đối		r	CI	Dạng NST	Chiều dài tương đối		r	CI	Dạng NST	Chiều dài tương đối		r	CI	Dạng NST
	L	S				L	S				L	S			
1	6,79	5,38	1,26	44,21	m	5,59	4,2	1,33	42,90	m	5,44	4,27	1,27	43,98	m
2	5,40	3,95	1,37	42,25	m	6,21	2,9	2,14	31,83	sm	4,79	4,53	1,06	48,61	m
3	5,46	3,47	1,57	38,86	m	5,17	3,62	1,43	41,18	m	4,66	4,15	1,12	47,11	m
4	4,75	3,60	1,32	43,11	m	4,77	3,65	1,31	43,35	m	4,4	3,37	1,31	43,37	m
5	4,46	3,52	1,27	44,11	m	4,46	3,76	1,19	45,74	m	4,66	3,11	1,50	40,03	m
6	4,51	3,19	1,41	41,43	m	4,72	3,06	1,54	39,33	m	4,4	2,85	1,54	39,31	m
7	4,16	3,13	1,33	42,94	m	4,61	3,12	1,48	40,36	m	3,76	3,24	1,16	46,29	m
8	4,69	2,33	2,01	33,19	sm	4,53	2,49	1,82	35,47	sm	3,63	3,37	1,08	48,14	m
9	3,96	2,58	1,53	39,45	m	3,85	2,95	1,31	43,38	m	3,37	2,98	1,13	46,93	m
10	3,21	2,76	1,16	46,23	m	4,21	2,32	1,82	35,53	sm	4,66	1,55	3,00	24,96	sm
11	3,60	2,11	1,71	36,95	sm	3,78	2,2	1,72	36,79	sm	4,79	1,3	3,68	21,35	st
12	2,98	1,83	1,63	38,05	m	3,33	1,97	1,69	37,17	m	4,53	1,55	2,92	25,49	sm
13	2,77	1,92	1,44	40,94	m	2,98	1,9	1,57	38,93	m	3,5	2,33	1,50	39,97	m
14	2,55	1,12	2,28	30,52	sm	2,58	1,17	2,21	31,20	sm	3,37	1,42	2,37	29,65	sm

Ghi chú: (L): chiều dài tương đối của cánh dài; (S): chiều dài tương đối của cánh ngắn; (r): tỉ lệ cánh, $r=L/S$; (CI): chỉ số tâm động; (m): NST tâm giữa, (sm): NST tâm cận giữa; (st): NST tâm cận mút

Bảng 3. Đặc điểm nhiễm sắc thể trong hai kiểu nhân tam bội ($2n = 3x = 42$) của tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc

Cặp NST	Kiểu nhân tam bội (Cyt II.1)					Kiểu nhân tam bội (Cyt II.2)				
	Chiều dài tương đối		r	CI	Dạng NST	Chiều dài tương đối		r	CI	Dạng NST
	L	S				L	S			
1	9,15	3,51	2,61	27,73	sm	5,90	4,68	1,26	44,23	m
2	5,10	4,69	1,09	47,91	m	5,75	4,41	1,30	43,41	m
3	4,78	3,29	1,45	40,77	m	6,75	3,19	2,12	32,09	sm
4	4,15	3,51	1,18	45,82	m	6,88	1,77	3,89	20,46	st
5	5,00	2,33	2,15	31,79	sm	4,83	3,68	1,31	43,24	m
6	3,73	3,60	1,04	49,11	m	4,41	3,77	1,17	46,09	m
7	4,05	3,09	1,31	43,28	m	3,83	3,26	1,17	45,98	m
8	3,41	3,19	1,07	48,33	m	5,04	1,77	2,85	25,99	sm
9	3,83	2,46	1,56	39,11	m	3,90	2,77	1,41	41,53	m
10	3,41	2,65	1,29	43,73	m	3,55	2,92	1,22	45,13	m
11	3,83	2,14	1,79	35,85	sm	3,47	2,28	1,52	39,65	m
12	2,97	2,65	1,12	47,15	m	3,55	1,28	2,77	26,5	sm
13	3,19	1,50	2,13	31,98	sm	1,98	1,34	1,48	40,36	m
14	2,55	2,14	1,19	45,63	m	2,06	1,00	2,06	32,68	sm

Ghi chú: (L): chiều dài tương đối của cánh dài; (S): chiều dài tương đối của cánh ngắn; (r): tỉ lệ cánh, $r=L/S$; (CI): chỉ số tâm động; (m): NST tâm giữa, (sm): NST tâm cận giữa; (st): NST tâm cận mút.

Theo kết quả ở Bảng 2, ba dạng kiểu nhân lưỡng bội (kí hiệu Cyt I.1, Cyt I.2 và Cyt I.3) và ở Bảng 3 với 2 dạng kiểu nhân tam bội (kí hiệu Cyt II.1 và Cyt II.2), nhận thấy có sự sai khác nhau về chiều dài tương đối của NST dài nhất và NST ngắn nhất, cũng như số lượng và vị trí trong kiểu nhân của các cặp NST tâm cận giữa. Các cặp NST của kiểu nhân Cyt I.1 có kích thước lớn hơn, chiều dài tương đối của cặp NST dài nhất chiếm 12,17% tổng chiều dài của bộ NST, và có công thức kiểu nhân là $11m + 3sm$. Ở hai kiểu nhân lưỡng bội còn lại, Cyt I.2 và Cyt I.3, các cặp NST trong hai kiểu nhân đều có chiều dài tương đối ngắn hơn so với ở kiểu nhân Cyt I.1. Chiều dài tương đối của cặp NST dài nhất trong kiểu nhân Cyt I.2 và Cyt I.3 lần lượt tương ứng là 9,79 và 9,71%. Công thức kiểu nhân Cyt I.2 là $9m + 5sm$, của kiểu nhân Cyt I.3 là $10m + 3sm + 1st$. Kiểu nhân tam bội Cyt II.1 có chiều dài tương đối của NST tương đương ở kiểu nhân Cyt I.1, trong khi ở kiểu nhân Cyt II.2 các NST có chiều dài tương đương ở kiểu nhân Cyt I.2. Các kiểu nhân tam bội Cyt II.1 và Cyt II.2 có công thức kiểu nhân lần lượt là $10m + 4sm$ và $9m + 4sm + 1st$.

Tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc đang được bảo tồn biểu hiện khá đa dạng về mặt di truyền tế bào, không chỉ về 2 mức bội NST mà còn ở 5 dạng kiểu nhân khác nhau: $11m+3sm$ (Cyt I.1), $9m + 5sm$ (Cyt I.2), $10m + 3sm + 1st$ (Cyt I.3), $10m + 4sm$ (Cyt II.1) và $9m + 4sm + 1st$ (Cyt II.2). Trong đó, kiểu nhân $9m + 5sm$ (Cyt I.2) và $9m + 4sm + 1st$ (Cyt II.2) phát hiện trong nghiên cứu này cũng đã được báo cáo trong nghiên cứu trước đây (Nguyễn Xuân Việt, 2007), nhưng các kiểu nhân $11m + 3sm$ (Cyt I.1), $10m + 3sm + 1st$ (Cyt I.3) và kiểu nhân tam bội Cyt II.2 ($10m + 4sm$) là mới được phát hiện trong nghiên cứu này. Các công thức kiểu nhân $10m + 4sm$, $11m + 3sm$ và $9m + 4sm + 1st$ cũng đã được báo cáo ở các giống khoai môn sọ trồng của Ấn Độ (Sreekumari và Mathew, 1991) [16], ở khoai môn sọ Thái Lan

(Rattanavalee Senavongse và cộng sự, 2018) [17]. Những thay đổi và biến đổi cấu trúc trong quá trình tiến hóa nhiễm sắc thể của quần thể có thể phát sinh bởi dịch chuyển vị trí của tâm động đối với thể mút (telomere) trong NST, hoặc bằng sự đứt và nối lại của NST dẫn đến sự khác biệt về kích thước cũng như hình thái giữa các NST trong nhân. Do đó, các thông tin đa dạng kiểu nhân sẽ có ý nghĩa trong nghiên cứu tiến hóa NST trong loài khoai môn sọ.

3. Kết luận

Nghiên cứu đã xác định được số lượng NST trong bộ NST của 250 nguồn gen thuộc tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc đang bảo tồn tại Trung tâm Tài nguyên thực vật. Đa số các nguồn gen khoai môn sọ miền Bắc được bảo tồn có bộ NST lưỡng bội (193 nguồn gen), chiếm 77,2%, chỉ có 22,8% (57 nguồn gen) là tam bội. Không có sự khác nhau đáng kể về tần suất phân bố các nguồn gen khoai lưỡng bội và tam bội giữa tiểu vùng địa lý tự nhiên miền núi Tây Bắc và tiểu vùng miền núi và trung du Đông Bắc.

Tập đoàn gen khoai môn sọ miền Bắc đang được bảo tồn có sự đa dạng về di truyền tế bào với 2 dạng bội NST (lưỡng bội và tam bội) và 5 dạng kiểu nhân khác nhau: 11 m + 3 sm, 9 m + 5 sm, 10 m + 3 sm + 1 st, 10 m + 4 sm và 9 m + 4 sm + 1 st. Hai kiểu nhân lưỡng bội (11 m + 3 sm và 10 m + 3 sm + 1 st) và kiểu nhân tam bội (10 m + 4 sm) lần đầu tiên được báo cáo ở khoai môn sọ Việt Nam đã bổ sung thêm tư liệu đa dạng kiểu nhân ở loài khoai môn sọ của nước ta.

Các phân tích chi tiết NST có được trong nghiên cứu này đã cung cấp tư liệu di truyền tế bào góp phần làm phong phú thêm cơ sở dữ liệu quỹ gen cây khoai môn sọ, có ý nghĩa trong công tác bảo tồn, nghiên cứu tiến hóa và khai thác quỹ gen trong các chương trình chọn tạo giống.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu nhận được vật liệu là các mẫu củ nguồn gen khoai môn sọ từ Ngân hàng gen cây trồng quốc gia được cung cấp bởi Trung tâm Tài nguyên Thực và kinh phí nghiên cứu từ “Chương trình Quỹ gen cấp Quốc gia” thông qua đề tài mang mã số NVQG-2019/ĐT.05.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Lebot V., 2009. Tropical root and tuber crops: cassava, sweet potato, yams, aroids. *CABI*.
- [2] Kreike C.M., Van Eck H.J., Lebot V., 2004. Genetic diversity of taro, *Colocasia esculenta* (L.) Schott, in Southeast Asia and the Pacific. *Theor Applied Genet*, 109(4):761-8.
- [3] Li H., Boyce P.C., 2010. *Colocasia*. In: Li H., Zhu G.H., Boyce, P.C., Murata J., Heterscheid VLA, Bogner J., & Jacobsen N (Eds). *Araceae. Flora of China*, Vol. 23.
- [4] Wilkison M.J., 1994. Genome Evolution in Potatoes. In: Bradshaw and Mackay. Ed. *Potato Genetics. University Press*: 43-70.
- [5] Matthews, P.J., 2004. Genetic diversity in taro, and the preservation of culinary knowledge. *Ethnobotany Research and Applications*, 2, pp. 55-71.
- [6] Isshiki S., Otsuka K., Tashiro Y., Miyazaki S., 1999. A probable origin of triploids in taro *Colocasia esculenta* (L.) Schott. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*. 68(4), pp. 774-9.
- [7] Wilson, J.E., 1990. Agro Facts, Taro Breeding, IRETA Publication No. 3/89.
- [8] Tyagi P.A, Taylor M. and Deo P.C., 2004. Seed germination and seedling development in Taro (*Colocasia esculenta*). *The South Pacific Journal of Natural Science* 22(1), pp. 62-66.
- [9] Ivancic A., Lebot V., Roupsard O., Garcia J.Q, and Okpul T., 2011. Thermogenic flowering of taro (*Colocasia esculenta*, Araceae). *Canadian Journal of Botany* 82(11), pp.1557-1565.

- [10] Sharma, A.K. and Sharma A. *Chromosome techniques*. Harwood academic Publishers, Switzerland (1994), tr. 368.
- [11] Levan, A., Fredga K. & Sandberg A.A., 1964. Nomenclature of centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 2, pp. 201-220.
- [12] Nguyễn Xuân Việt, 2007. Sự phân bố các giống khoai sọ lưỡng bội và tam bội nhiễm sắc thể và đa dạng kiểu nhân trong loài khoai môn sọ (*Colocasia esculenta* (L.) Schott) ở miền Bắc. *Tạp chí Khoa học Tự nhiên và Công nghệ*, Đại học Quốc gia Hà Nội, 23, Số 2S:330-336.
- [13] Okada H., Hambali G.G., 1989. Chromosome Behaviors in Meiosis of the inter-specific hybrids between *Colocasia esculenta* (L.) Schott and *C. gigantea* Hook. F. *Cytol.*, 54, pp. 389-93.
- [14] Yang Z, Yi T, Li H, Gong X A, 2003. Cytological study on three species of *Colocasia* (Araceae) from Yunnan. *Caryologia*, 56, pp. 323-27.
- [15] Ochiai T., Nguyen XV, Yoshino H. and Tahara M, 2001. Geographical differentiation of Asian taro, *Colocasia esculenta* (L.) Schott, detected by RAPD and isozyme analyses. *Euphytica* 122, pp. 219-234.
- [16] Sreekumari M.T. and Thankamma Pillai P.K., 1994. Breeding barriers in taro. (*Colocasia esculenta* (L.) Schott. *J Root Crops*, 20 (1), pp. 20-25.
- [17] Rattanavalee S., Saensouk S. and Saensouk P., 2018. Comparative Karyotype Analysis in Five Strains of *Colocasia esculenta* (L.) Schott (Araceae) in Thailand. *Cytologia* 83(2): pp. 169-173.

ABSTRACT

Study on chromosome number and karyotype in the north taro germplasm preserved at the Plant Resources Center - Vietnamese Academy of Agricultural Sciences

Nguyen Xuan Viet, Pham Thi Viet Anh, Nguyen Thi Quynh Hoa, Le Thi Tuyet Mai,
Vu Thi Bich Huyen and Le Thi Thuy
Faculty of Biology, Hanoi National University of Education

Chromosome number and karyotypes of the North taro germplasm collections maintained at The Plant Resources Center were studied for the database of taro germplasm and to assess genetic diversity in taro (*Colocasia esculenta* Schott) in Vietnam. The results showed that, most of the 250 accessions of collections discovered are diploid ($2n = 2x = 28$), accounting for 77,2%, only 22,8% of the germplasm collections are triploid ($2n = 3x = 42$). The frequency of distribution of diploid and triploid taros between the natural geographic sub-region of the Northwest mountainous and the Northeastern mountainous and midland sub-region is similar. The northern taro germplasm is being conserved is cytogenetic diversity expressed in both chromosome sets (diploid and triploid) and 5 different karyotypes. Three of the five karyotypes (diploid karyotype $11m + 3sm$, $10m + 3sm + 1^{st}$, and triploid karyotype, $10m + 4sm$) were detected in the study were not still reported in taro of Vietnam, therefore added data on the diversity of karyotypes in the taro species of our country. The detailed analysis of chromosomes obtained in this study has provided cytogenetic data, contributing to enriching the taro germplasm database, which is meaningful in conservation and evolutionary research, and planning of breeding programs for new cultivar production of this crop to grow in different agroclimatic environments.

Keywords: chromosome, triploidy, diploidy, taro, germplasm.