ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN VÀ TƯƠNG QUAN KIỂU GEN - TÍNH NHIỄM BỆNH CỦA HỌ GEN KHÁNG NBS-LRR Ở CHANH LEO BẰNG CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR

Trần Đức Trung[1*], Trần Thị Huệ Hương[2], Nguyễn Thị Thu Hằng[1], Tạ Hồng Lĩnh[2], Nguyễn Thị Lan Hoa[1], Phạm Thanh Huyền[1], Nguyễn Hoàng[1], Bùi Quang Đăng[2], Nguyễn Văn Viết[3]

TÓM TẮT

Chọn tạo giống chanh leo (*Passiflora edulis* Sims) kháng bệnh hiện là nhu cầu cấp thiết cho chuỗi sản xuất chanh leo bền vững. Nghiên cứu này ứng dụng 20 chỉ thị SSR đặc hiệu kháng NBS-LRR nhằm đánh giá đa dạng di truyền gen kháng và cấu trúc quần thể của bộ 55 mẫu giống chanh leo thu thập từ Nghệ An và Tiền Giang. Giá trị trung bình của các chỉ số di truyền chính *H*, *PIC và D* lần lượt đạt 0,43; 0,395 và 0,701, tương đương với các loại chỉ thị đã được sử dụng trước đây. Phân nhóm di truyền và cấu trúc quần thể cho thấy bộ mẫu giống thuộc về 5 quần thể ($K = 5$), phản ánh đúng nguồn gốc của các mẫu giống. Phân tích tương quan kiểu gen - tính nhiễm bệnh đã xác định được liên kết giữa 6 alen của 5 gen kháng *Pe.CNL41*, *Pe.TNL27*, *Pe.TNL25*, *Pe.CNL16 và Pe.TNL25* với tính nhiễm các bệnh thối gốc, đốm nâu và đốm dầu trên bộ mẫu giống chanh leo thu thập từ Nghệ An. Các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR này sẽ là công cụ hữu hiệu phục vụ công tác chọn, tạo giống chanh leo kháng bệnh.

Từ khóa: Chanh leo (*Passiflora edulis*), đa dạng di truyền, tương quan kiểu gen - tính nhiễm bệnh, NBS-LRR, chỉ thị SSR

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh hại là tác nhân ảnh hưởng chính đến sản xuất nông nghiệp, có thể gây ra thiệt hại 15% tổng sản lượng nông nghiệp toàn cầu. Trong bối cảnh đó, chọn tạo giống kháng bệnh dựa trên việc khai thác nguồn biến dị di truyền tự nhiên hoặc nhân tạo là giải pháp bền vững nhất nhằm quản lý hiệu quả bệnh hại. Để đạt được điều này, đánh giá đa dạng di truyền các nguồn gen cây trồng là một trong những bước căn bản, tạo nền tảng quản lý và sử dụng hợp lý nguồn tài nguyên di truyền (Salgotra & Chauhan, 2023). Kỹ thuật xác định "dấu vân tay DNA" (DNA finger printing) là công cụ phổ biến, dễ tiếp cận và triển khai trong việc nhận dạng nguồn gen và định lượng mức độ đa dạng di truyền. Thế hệ chỉ thị phân tử truyền thống - chủ yếu được phát triển dựa trên các biến dị di truyền như microsatellite, InDel, SNP… ở các vùng gen không mã hóa, có tính đa hình cao và chậm hoặc ít bị loại bỏ trong quá trình tiến hóa (Parida *et al*., 2009) - thường được sử dụng trong sàng lọc, đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen. Tuy nhiên các nhà chọn giống quan tâm hơn tới các biến dị di truyền trên hoặc gần các gen quy định tính trạng có giá trị như kháng bệnh hại, năng suất cao, chất lượng tốt. Đây là cơ sở để phát triển thế hệ chỉ thị phân tử mới, chỉ thị chức năng (functional marker) hay chỉ thị đặc hiệu gen (gene-specific marker), là công cụ hiệu quả hơn trong đánh giá đa dạng di truyền của các gen quy định tính trạng mục tiêu cũng như trong chọn tạo giống nhờ chỉ thị phân tử (Salgotra & Stewart, 2020).

Họ gen NBS-LRR (Nucleotide Binding Site - Leucine-Rich Repeat) là đại diện chính của nhóm gen kháng *R* (resistance gene) ở thực vật, với số lượng phong phú trong hệ gen và thường tạo thành các cụm gen (cluster) trên các nhiễm sắc thể nhờ các sự kiện nhân đôi hoặc khuếch đại gen trong quá trình tiến hóa (Shao *et al.*, 2019). Đến nay, hàng trăm gen NBS-LRR đã được phân lập và xác định chức năng quy định tính kháng bệnh ở thực vật (Chen, 2021). Để đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen kháng, các chỉ thị đặc hiệu trình tự motif bảo thủ của các vùng chức năng đặc trưng của họ gen NBS-LRR đã được phát triển và sử dụng (Ren *et al.*, 2013). Nhờ thành tựu của công nghệ giải trình tự cũng như sự bùng nổ của dữ liệu hệ gen ở thực vật, họ gen NBS-LRR dễ dàng được xác định, mô tả thông qua các công cụ tin sinh học và là nguồn dữ liệu để phát triển các chỉ thị đặc hiệu

[1] Viện Dược liệu
[2] Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam
[3] Viện Nghiên cứu và Phát triển nông nghiệp Nafoods
* Tác giả liên hệ, email: ductrung83@gmail.com

gen kháng phục vụ nghiên cứu đánh giá nguồn gen và công tác chọn tạo giống kháng bệnh.

Chanh leo (*Passiflora edulis* Sims) là cây ăn quả có giá trị kinh tế cao và được tập trung phát triển tại Việt Nam trong những năm gần đây. Nhằm đáp ứng nhu cầu phát triển bền vững, công tác chọn tạo giống chanh leo mới nâng cao năng suất và chất lượng đã được triển khai thành công (Nguyễn Văn Viết và *cs*., 2022). Tuy nhiên nghiên cứu cải thiện tính kháng bệnh hại, trở ngại lớn nhất trong sản xuất chanh leo, vẫn còn hạn chế bởi nền tảng di truyền tính kháng ở chanh leo chưa được làm sáng tỏ. Gần đây, với trình tự hệ gen được giải mã ở cấp độ nhiễm sắc thể (Ma *et al*., 2021), họ gen NBS-LRR ở chanh leo đã được xác định và mô tả chi tiết, tạo tiền đề cho việc phát triển bộ chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR (Trần Đức Trung và *cs*., 2023). Trong nghiên cứu này, bộ chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR đã được ứng dụng nhằm đánh giá đa dạng di truyền gen kháng cho bộ mẫu giống chanh leo thu thập từ Nghệ An và Tiền Giang. Đồng thời, kết hợp với dữ liệu đánh giá trên đồng ruộng, một số alen của gen NBS-LRR tiềm năng liên kết với tính nhiễm một số bệnh hại phổ biến do nấm và vi khuẩn trên chanh leo cũng được xác định. Kết quả của nghiên cứu này tạo cơ sở cho việc đánh giá nguồn gen phục vụ công tác chọn tạo giống chanh leo kháng bệnh bằng chỉ thị phân tử trong thời gian tới.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Mẫu lá non từ 55 mẫu giống chanh leo được cung cấp bởi Viện Nghiên cứu và Phát triển nông nghiệp Nafoods (Quế Phong, Nghệ An) và Viện Cây ăn quả miền Nam (Châu Thành, Tiền Giang) (Bảng 1). Thông tin trình tự, nhiệt độ gắn mồi tối ưu của 33 chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR phát triển cho chanh leo theo Trần Đức Trung và cộng sự (2023).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Đánh giá mức độ nhiễm bệnh: Áp dụng Tiêu chuẩn quốc gia TCVN 13268-4:2021 (Bảo vệ thực vật - Phương pháp điều tra sinh vật gây hại - Phần 4: Nhóm cây ăn quả), các bệnh hại được theo dõi trong điều kiện đồng ruộng bao gồm bệnh thối gốc do nấm *Fusarium* sp., bệnh đốm nâu trên lá do nấm *Alternaria sesami* và bệnh đốm dầu do nấm *Phytophthora* sp. gây ra. Đối với bệnh thối gốc, theo dõi 10 cây/mẫu giống và xác định cấp bệnh dựa trên tỷ lệ cây bị héo chết và có dấu hiệu thối gốc: Cấp 1 - dưới 1/4 diện tích tán cây theo dõi bị héo hoặc biến vàng (nhiễm nhẹ), cấp 2 - từ 1/4 đến dưới 1/3 diện tích tán cây theo dõi bị héo hoặc biến vàng (nhiễm trung bình), cấp 3 - trên 1/3 diện tích tán cây theo dõi bị héo hoặc biến vàng (nhiễm nặng). Đối với bệnh đốm nâu và đốm dầu trên lá, điều tra toàn bộ số lá của 3 cây/mẫu giống, xác định cấp bệnh dựa trên diện tích lá bị bệnh: Cấp 1 - dưới 1% diện tích lá bị hại (không bị nhiễm bệnh), cấp 3 - từ trên 1% đến 5% diện tích lá bị hại (nhiễm bệnh nhẹ), cấp 5 - từ trên 5% đến 25% diện tích lá bị hại (nhiễm bệnh trung bình), cấp 7 - từ trên 25% đến 50% diện tích lá bị hại (nhiễm bệnh nặng) và cấp 9 - trên 50% diện tích lá bị hại (nhiễm bệnh rất nặng).

Tách chiết DNA tổng số: Áp dụng quy trình tách chiết DNA tổng số từ mẫu lá chanh leo non của Trần Đức Trung và cộng sự (2022).

Đánh giá kiểu gen SSR: Phản ứng khuếch đại PCR sử dụng kit GoTaq Green Master Mix (Promega) được chuẩn bị theo hướng dẫn của nhà cung cấp với 0,5 µM mồi mỗi loại, 25 ng DNA tổng số trong tổng thể tích 20 µL. Phản ứng khuếch đại PCR thực hiện trên máy chu trình nhiệt Mastercycler X50s (Eppendorf) sử dụng chu trình nhiệt bao gồm 1 chu kỳ biến tính ban đầu ở 94°C trong 5 phút, 35 chu kỳ gồm các các bước biến tính ở 94°C trong 30 giây, bắt cặp mồi - khuôn ở nhiệt độ tối ưu cho từng mồi trong 30 giây, tổng hợp chuỗi ở 72°C trong 30 giây, và 1 chu kỳ tổng hợp kết thúc ở 72°C trong 4 phút. Sản phẩm PCR được phân giải trên gel polyacrylamide (29:1) không biến tính 8% trong đệm TBE 1X ở hiệu điện thế 12 V/cm trong 3 giờ. Bản gel sau đó được nhuộm ethidium bromide (0,5 µg/mL) trước khi chụp ảnh dưới ánh sáng UV bằng hệ thống UVP Transiluminator PLUS (Analytik Jena). Dựa trên kích thước thang DNA chuẩn ΦX174 DNA/HinfI Marker (Thermo Scientific), các vị trí alen được ký hiệu lần lượt theo bảng chữ cái tương ứng với kích thước lớn đến nhỏ. Tại mỗi vị trí, các alen của từng mẫu giống được ghi nhận và mã hóa theo hệ nhị phân "0" (không có alen) và "1" (có alen). Một mẫu giống nhóm ngoại (outgroup) giả định với kiểu gen tại toàn bộ locus SSR phân tích là "0" được bổ sung để làm căn cứ định dạng cây phân nhóm di truyền.

Phân tích số liệu: Dựa trên ma trận dữ liệu kiểu gen SSR, các chỉ số di truyền bao gồm số lượng alen (*Na*), dị hợp tử (*H*), hàm lượng thông tin đa hình (*PIC*) và khả năng phân biệt (*D*) của từng chỉ thị SSR được phân tích bằng công cụ iMEC (Amiryousefi *et al*., 2018).

Phân nhóm di truyền dựa trên ma trận khoảng cách di truyền Jaccard được xây dựng bằng phương pháp Neighbor-joining (NJ) trên phần mềm DARWIN ver.6.0. Cấu trúc di truyền của bộ mẫu chanh leo nghiên cứu sau đó được xác nhận lại thông qua phân tích phân nhóm dựa trên mô hình (model-based clustering) trên phần mềm STRUCTURE v2.3.4 với các thông số: số lượng quần thể tối ưu *K* được kiểm nghiệm từ 1 - 10 bằng mô hình hỗn hợp với 50.000 lần lặp burn-in và 50.000 lần lặp chuỗi MCMC (Markov Chain Monte Carlo). Giá trị *K* tối ưu theo công thức và mô hình cấu trúc quần thể được xác định bằng công cụ StructureSelector (Li & Liu, 2018).

Đánh giá tương quan kiểu gen - tính trạng giữa các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR và mức độ nhiễm bệnh hại trên đồng ruộng của các mẫu giống chanh leo được thực hiện trên phần mềm TASSEL 5.0. Hai mô hình tuyến tính tổng quát (GLM) và tuyến tính hỗn hợp (MLM) được áp dụng với ngưỡng giá trị tin cậy $p < 0,05$ và so sánh để lựa chọn mô hình tối ưu nhất.

Bảng 1. Danh sách 55 mẫu giống chanh leo sử dụng cho nghiên cứu và kết quả đánh giá cấp độ nhiễm bệnh hại trên đồng ruộng

TT	Ký hiệu	Mẫu giống	Bệnh thối gốc	Bệnh đốm nâu	Bệnh đốm dầu	TT	Ký hiệu	Mẫu giống	Bệnh thối gốc	Bệnh đốm nâu	Bệnh đốm dầu
1	QP-01	GL1	2	3	3	29	QP-29	(14-11)(16-6)-24	1	3	5
2	QP-02	ĐN2	2	3	3	30	QP-30	(4-86)TC-24	2	3	5
3	QP-03	(4-86)TC-9	1	3	3	31	QP-31	TC(14-5)-57	1	3	5
4	QP-04	Nafoods 2	1	3	3	32	QP-32	H36.36	1	3	3
5	QP-05	Quế Phong 1	1	3	3	33	QP-33	Chanh khổng lồ	2	5	5
6	QP-06	H5-23	2	5	5	34	QP-34	H4.115	2	5	5
7	QP-07	Chanh bông	2	5	5	35	QP-35	TC(14-5)-51	2	3	5
8	QP-08	NYC No.2	2	3	5	36	QP-36	TC(14-5)-7	1	3	3
9	QP-09	Đài Loan	2	5	5	37	QP-37	H14.7	2	3	5
10	QP-10	H8.10×H22-6	2	3	3	38	QP-38	Đài Nông 1	2	5	5
11	QP-11	GL2	2	5	5	39	QP-39	TC(14-5)-45	2	5	3
12	QP-12	Chanh bản địa	2	5	5	40	QP-40	H5-27	1	3	3
13	QP-13	H9.10×H23-1	2	5	5	41	QP-41	(14-11)(16-6).20	2	5	5
14	QP-14	Nafoods 1	1	3	3	42	QP-42	TC(14-5)-21	2	5	5
15	QP-15	(15-6)A13-12	1	5	5	43	QP-43	ĐNX-H9.10-3	2	3	5
16	QP-16	Ecuador	1	3	3	44	SOFRI-01	PK05	NA	NA	NA
17	QP-17	Edulis	2	5	5	45	SOFRI-02	CV05	NA	NA	NA
18	QP-18	NYC No.1	1	3	3	46	SOFRI-03	PK08	NA	NA	NA
19	QP-19	B-25 (S)	2	5	5	47	SOFRI-04	CV07	NA	NA	NA
20	QP-20	Incarnata	NA	NA	NA	48	SOFRI-05	CV01	NA	NA	NA
21	QP-21	Passiflora Edulis Sims Twan	1	3	3	49	SOFRI-06	CV08	NA	NA	NA
22	QP-22	Sky Star	1	3	3	50	SOFRI-07	NL03-1	NA	NA	NA
23	QP-23	Golden passion Fruit	2	3	3	51	SOFRI-08	NL10	NA	NA	NA
24	QP-24	Hoàng Kim	1	3	3	52	SOFRI-09	NL03-2	NA	NA	NA
25	QP-25	H16-58	2	5	5	53	SOFRI-10	TB06	NA	NA	NA
26	QP-26	Germany	1	3	3	54	SOFRI-11	NL06	NA	NA	NA
27	QP-27	(15-6)A13-11	2	5	5	55	SOFRI-12	TB04	NA	NA	NA
28	QP-28	H4.75	1	3	3						

Chú thích: QP - mẫu giống từ Viện Nghiên cứu và Phát triển nông nghiệp Nafoods; SOFRI - mẫu giống từ Viện Cây ăn quả miền Nam; NA - không có dữ liệu.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

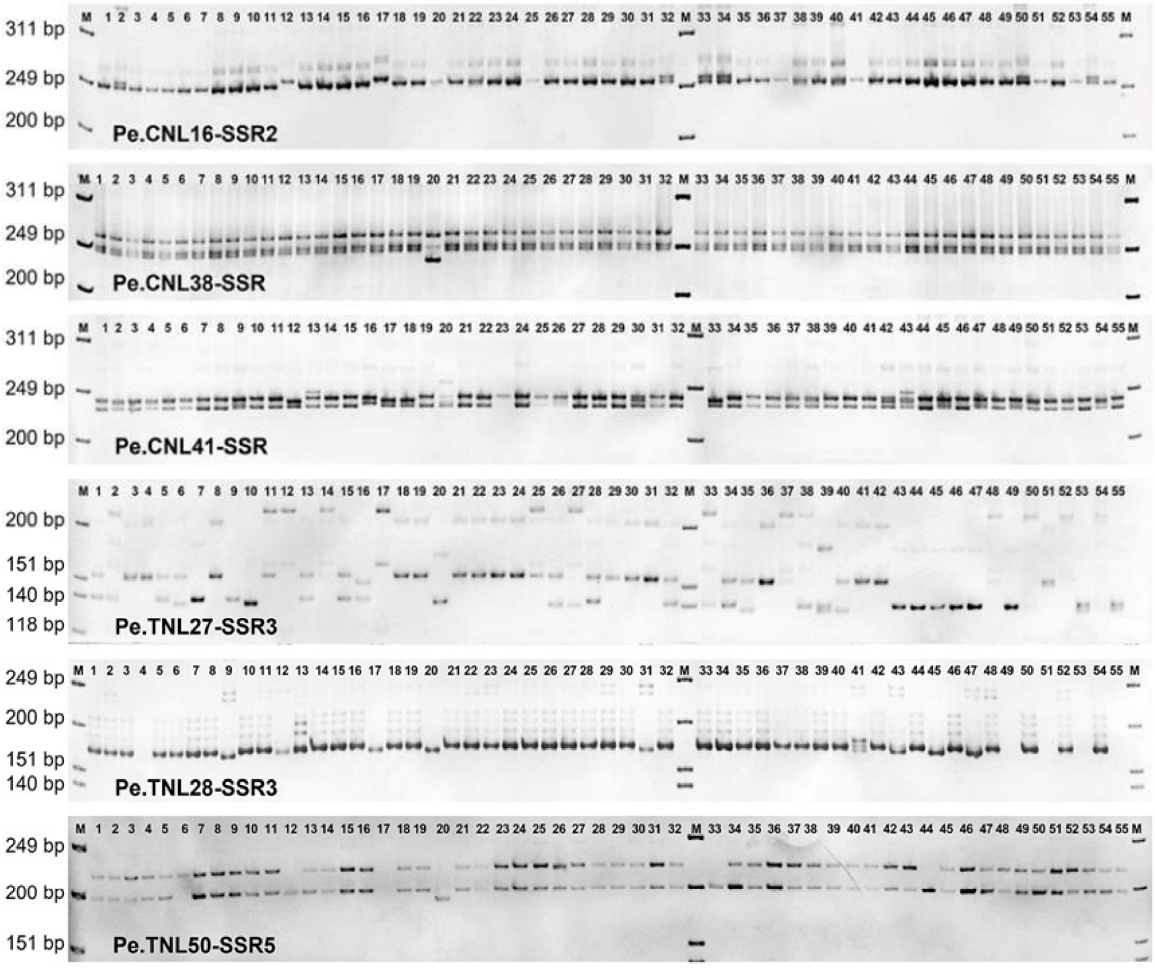
Nghiên cứu được triển khai từ tháng 6/2022 đến tháng 11/2023 tại Viện Dược liệu và Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam (Hà Nội).

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Tính hiệu quả của các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR trong đánh giá đa dạng di truyền bộ mẫu chanh leo

Trong số 33 chị thị SSR ban đầu, 13 chỉ thị có tỷ lệ khuếch đại PCR trên bộ mẫu giống chanh leo nghiên cứu dưới 65% hoặc cho kết quả kiểu gen đơn hình và bị loại khỏi phân tích tiếp theo. 20 chỉ thị còn lại cho kết quả kiểu gen rõ ràng và đa hình qua phân tích PCR-PAGE (Hình 1).

Trên bộ 55 mẫu giống chanh leo nghiên cứu, tổng số 64 alen được ghi nhận, trung bình 3,2 ± 0,696 alen/chỉ thị. Số alen ghi nhận ở mỗi chỉ thị biến thiên từ 2 alen (các chỉ thị Pe.TNL09-SSR1, Pe.TNL19-SSR và Pe.TNL50-SSR5) đến 4 alen (các chỉ thị Pe.CNL05-SSR, Pe.CNL29-SSR, Pe.CNL41-SSR, Pe.TN01-SSR, Pe.TNL25-SSR5, Pe.TNL27-SSR2 và Pe.TNL27-SSR3) (Bảng 2). Chỉ số dị hợp tử *H* của các chỉ thị biến thiên từ 0,103 (Pe.TNL50-SSR5) đến 0,499 (Pe.CNL41-SSR), với giá trị trung bình đạt 0,430 ± 0,09. Chỉ số hàm lượng thông tin đa hình *PIC* của 20 chỉ thị SSR đều cao hơn 0,35 và đạt giá trị trung bình 0,401 ± 0,029, trong đó cao nhất (0,443) là chỉ thị Pe.TNL27-SSR3. Trong khi đó, khả năng phân biệt *D* của bộ chỉ thị nghiên cứu biến thiên từ 0,107 (Pe.TNL50-SSR5) đến 0,957 (Pe.TNL27-SSR3), trung bình đạt 0,701 ± 0,207.



Hình 1. Kết quả phân tích PCR-PAGE của một số chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR trên bộ 55 mẫu giống chanh leo nghiên cứu

Chú thích: (M) - ΦX174 DNA/HinfI Marker; (1-55) - Thứ tự mẫu giống chanh leo (Danh sách theo Bảng 1).

Bảng 2. Các chỉ số của 20 chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR ở chanh leo

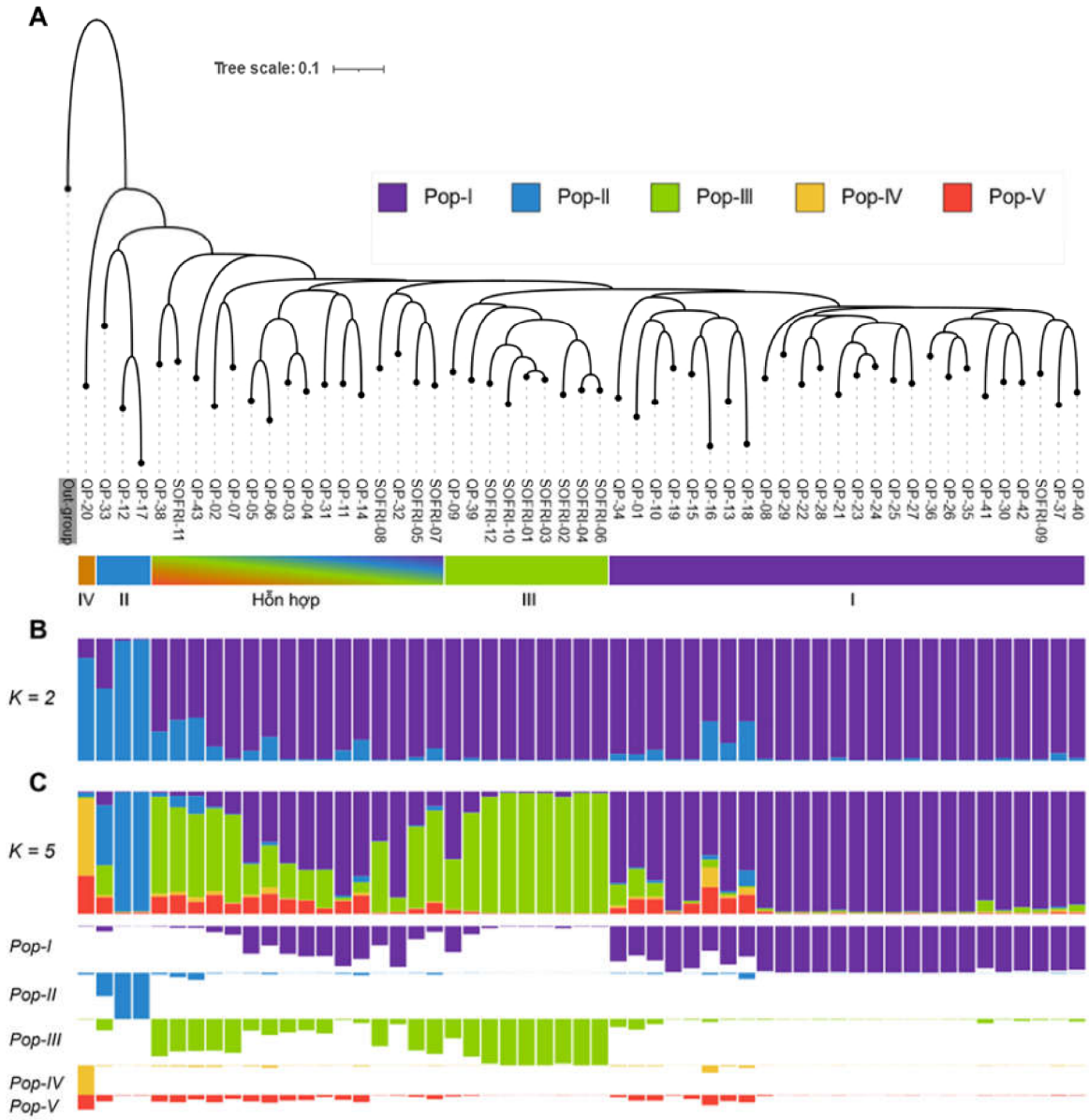
TT	Chỉ thị SSR	*Na*	*H*	*PIC*	*D*
1	Pe.CNL01-SSR5	3	0,456	0,394	0,878
2	Pe.CNL05-SSR	4	0,397	0,419	0,927
3	Pe.CNL16-SSR2	3	0,475	0,385	0,851
4	Pe.CNL16-SSR3	3	0,452	0,395	0,573
5	Pe.CNL29-SSR	4	0,494	0,376	0,803
6	Pe.CNL38-SSR	3	0,444	0,399	0,557
7	Pe.CNL41-SSR	4	0,499	0,373	0,723
8	Pe.N01-SSR	3	0,472	0,386	0,619
9	Pe.RNL02-SSR1	3	0,493	0,376	0,691
10	Pe.TN01-SSR	4	0,405	0,416	0,485
11	Pe.TNL09-SSR1	2	0,351	0,436	0,950
12	Pe.TNL14-SSR	3	0,480	0,383	0,641
13	Pe.TNL19-SSR	2	0,489	0,378	0,820
14	Pe.TNL25-SSR5	4	0,465	0,389	0,602
15	Pe.TNL27-SSR2	4	0,483	0,381	0,834
16	Pe.TNL27-SSR3	4	0,331	0,443	0,957
17	Pe.TNL28-SSR3	3	0,436	0,403	0,898
18	Pe.TNL34-SSR	3	0,444	0,399	0,557
19	Pe.TNL39-SSR	3	0,436	0,403	0,541
20	Pe.TNL50-SSR5	2	0,103	0,358	0,107
	Trung bình	3,200	0,430	0,395	0,701
	SD	0,696	0,090	0,021	0,207

Ghi chú: Na - số alen, H - chỉ số đa dạng di truyền, PIC - hàm lượng thông tin đa hình, D - khả năng phân biệt.

Các công bố trước đây cho thấy chỉ thị SSR có số lượng alen trung bình đạt 3,26 alen (Araya *et al.*, 2017) đến 4,2 alen (Olivera *et al.*, 2005) ở các quần thể chanh leo vàng. Trong nghiên cứu này, tổng số 64 alen đã được ghi nhận từ 20 chỉ thị SSR (trung bình 3,2 alen) cho thấy mức độ đa dạng alen tương đối cao của họ gen NBS-LRR ở bộ mẫu giống chanh leo nghiên cứu. Giá trị của các chỉ thị phân tử trong đánh giá đa dạng di truyền có thể được xác định thông qua các chỉ số di truyền như dị hợp tử (*H*), hàm lượng thông tin đa hình (*PIC*) và khả năng phân biệt (*D*). Trong nghiên cứu của Olivera và cộng sự (2005) và Araya và cộng sự (2017), các bộ chỉ thị SSR được phát triển ngẫu nhiên dựa trên dữ liệu trình tự DNA tách dòng và trình tự hệ gen. Qua thực nghiệm đánh giá đa dạng di truyền các mẫu giống chanh leo vàng, các bộ chỉ thị này có tính đa hình cao với giá trị *H* trung bình lần lượt là 0,43 và 0,35, giá trị *PIC* trung bình lần lượt là 0,361 và 0,45. Kết quả này tương đồng với giá trị *H* và *P* trung bình ghi nhận được ở bộ chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR trong nghiên cứu này (Bảng 2). Bên cạnh đó, chỉ thị phân tử có chỉ số *D* cao sẽ có giá trị ứng dụng trong các nghiên cứu khác nhau, mặc dù hiệu lực phân biệt có thể thay đổi giữa các quần thể có tần số alen khác nhau do khác biệt về nguồn gốc hay vùng phân bố (Tessier *et al.*, 1999). Giá trị trung bình của chỉ số *D* của các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR trong nghiên cứu này tương đương với các chỉ thị ngẫu nhiên đa locus ISSR/SRAP (0,8) đã được sử dụng trong đánh giá đa dạng di truyền một số mẫu giống chanh leo tại Việt Nam (Trần Đức Trung và *cs.*, 2022). Điều này cho thấy bộ chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR hoàn toàn có thể sử dụng thay thế các chỉ thị ngẫu nhiên cũng như các chỉ thị SSR trong nghiên cứu di truyền ở chanh leo.

3.2. Đa dạng đi truyền và cấu trúc quần thể của bộ mẫu giống chanh leo dựa trên dữ liệu SSR đặc hiệu gen NBS-LRR

Khoảng cách di truyền Jaccard giữa các mẫu giống biến thiên từ 0,028 (giữa SOFRI-01 và SOFRI-03) đến 0,815 (giữa QP-20 và QP-12), trung bình đạt 0,43. Phân tích phân nhóm di truyền NJ dựa trên dữ liệu kiểu gen SSR đặc hiệu gen NBS-LRR cho thấy phần lớn mẫu giống chanh leo tạo thành một số phân nhóm đơn nguồn riêng biệt nhưng có khoảng cách di truyền rất gần nhau. Chỉ có một nhóm nhỏ mẫu giống có khoảng cách di truyền xa hơn và phân tách đáng kể so với các mẫu giống còn lại (Hình 2A).



Hình 2. Kết quả phân nhóm di truyền bộ 55 mẫu giống chanh leo dựa trên dữ liệu kiểu gen SSR đặc hiệu gen NBS-LRR

Ghi chú: (A) Cây phân nhóm NJ dựa trên khoảng cách di truyền Jaccard. 55 mẫu giống chanh leo được phân chia thành 5 quần thể I, II, III, IV và Hỗn hợp (nền di truyền pha trộn). (B) Kết quả xác định số quần thể K tối ưu dựa trên phương pháp của Evanno (K = 2). (C) Kết quả xác định số quần thể K tối ưu dựa trên phương pháp của Raj (K = 5) với tỷ lệ nền di truyền tổng hợp và riêng rẽ theo từng quần thể thành phần.

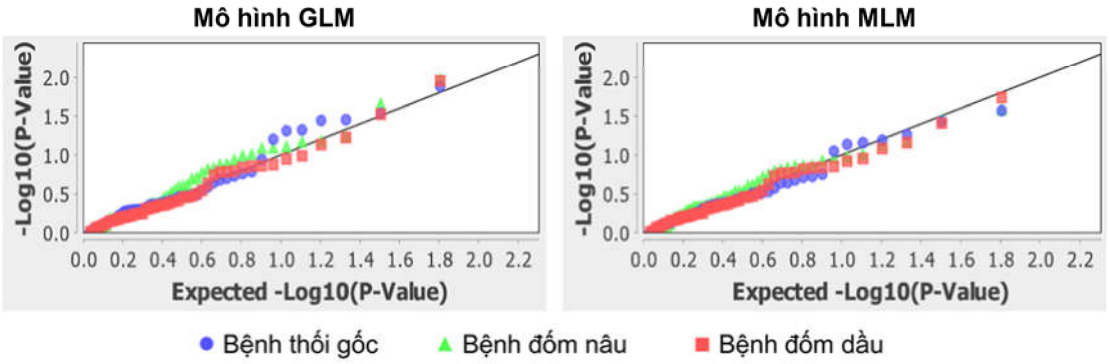
Thông qua phân tích cấu trúc di truyền của bộ 55 mẫu giống chanh leo sử dụng dữ liệu kiểu gen của 20 chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR, giá trị $K = 2$ (theo phương pháp của Evanno) và $K = 5$ (theo phương pháp của Raj) đã được đề xuất là số lượng phân nhóm tối ưu đại diện cho các nền di truyền khác nhau của các mẫu giống. Trong tương quan với kết quả phân nhóm di truyền dựa trên khoảng cách di truyền Jaccard, số lượng phân nhóm tương ứng với $K = 2$ không phản ánh đúng sự đa dạng của các mẫu giống chanh leo trong bộ mẫu nghiên cứu, đặc biệt là giữa các mẫu giống được thu thập từ hai vùng khác nhau (Nghệ An và Tiền Giang) (Hình 2B). Trong khi đó, với số phân nhóm tương ứng với $K = 5$, cấu trúc di truyền của bộ mẫu giống chanh leo được thể hiện rõ ràng và phù hợp với kết quả phân tích phân nhóm di truyền (Hình 2C). Theo đó, các phân nhóm I (bao gồm 26 mẫu giống), phân nhóm II (3 mẫu giống), phân nhóm III (9 mẫu giống) và phân nhóm IV

(1 mẫu giống) có mức đồng nhất di truyền cao nhất. Số lượng tương đối lớn mẫu giống chanh leo nghiên cứu (16 mẫu giống, 29%) có nền di truyền pha trộn của nhiều hơn 2 phân nhóm khác nhau với tỷ lệ hơn 10% được tập hợp trong phân nhóm Hỗn hợp. Mô hình cấu trúc di truyền tương ứng với K = 5 đồng thời phản ánh đúng nguồn gốc của các mẫu giống nghiên cứu với phần lớn các mẫu giống từ Tiền Giang được tập hợp trong phân nhóm III. Do không phải là cây bản địa, các mẫu giống chanh leo đã được du nhập vào nước ta phục vụ sản xuất và là nguồn gen chủ yếu cho công tác chọn tạo giống. Chính vì vậy, nền di truyền của các mẫu giống chanh leo tương đối hẹp và chỉ có thể xác định được thông qua kết hợp phân tích đa dạng di truyền và cấu trúc quần thể.

3.3. Đánh giá mức độ nhiễm bệnh hại và phân tích tương quan kiểu gen-tính trạng ở bộ mẫu giống chanh leo nghiên cứu

Các mẫu giống thu thập tại Tiền Giang không có dữ liệu về mức độ nhiễm bệnh hại. Đối với các mẫu giống thu thập tại Nghệ An, kết quả theo dõi cấp độ nhiễm của các mẫu giống chanh leo đối với bệnh thối gốc, bệnh đốm nâu và bệnh đốm dầu trong điều kiện đồng ruộng được thực hiện bởi Viện Nghiên cứu và Phát triển nông nghiệp Nafoods. Đối với bệnh thối gốc, có 18/43 (chiếm 41,8%) mẫu giống nhiễm bệnh nhẹ (cấp 1) và 25/43 (chiếm 58,2%) mẫu giống nhiễm bệnh trung bình (cấp 2). Đối với bệnh đốm nâu và bệnh đốm dầu, số lượng mẫu giống nhiễm bệnh nhẹ (cấp 3) lần lượt là 25 (chiếm 58,2%) và 20 (chiếm 46,5%), số mẫu giống nhiễm bệnh trung bình (cấp 5) lần lượt là 18 (chiếm 41,8%) và 23 (chiếm 53,5%). Trong số 43 mẫu giống đánh giá, có 13 (chiếm 30,2%) mẫu giống nhiễm cả ba bệnh ở mức nhẹ và 15 (chiếm 34,8%) mẫu giống nhiễm cả ba loại bệnh ở mức trung bình. Trong điều kiện đồng ruộng, không có mẫu giống nào thể hiện tính kháng hoặc bị nhiễm bệnh nặng với ba loại bệnh hại nêu trên (Bảng 1).

Dựa trên mô hình GLM và MLM, tương quan kiểu gen-tính trạng đã giữa các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR với cấp độ nhiễm ba bệnh hại của 43 mẫu giống chanh leo thu thập từ Nghệ An đã được phân tích. Mức độ chính xác của hai mô hình được đánh giá thông qua so sánh biểu đồ xác suất chuẩn giá trị tin cậy của các liên kết kiểu gen-tính trạng được phân tích (Hình 3). Theo đó so với mô hình GLM, mô hình MLM đã xác định được các liên kết kiểu gen-tính trạng với giá trị tin cậy phân bố tập trung quanh đường phân bố xác suất chuẩn. Kết quả này cho thấy mô hình MLM có mức độ chính xác cao hơn và được lựa chọn để xác định các liên kết kiểu gen-tính trạng tiềm năng.



Hình 3. Biểu đồ xác suất chuẩn (Q-Q plot) so sánh độ tin cậy của kết quả phân tích tương quan kiểu gen - tính trạng bằng mô hình GLM và MLM

Với ngưỡng tin cậy p < 0,05, mô hình MLM đã xác định được 6 liên kết kiểu gen - tính trạng của các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR với cấp độ nhiễm 3 loại bệnh hại ở chanh leo (Bảng 3). Đối với bệnh thối gốc, hai chỉ thị Pe.CNL41-SSR (alen d, p = 0,027) và Pe.TNL27-SSR3 (alen a, p = 0,037) tương quan cao nhất với tính nhiễm bệnh, hai alen này được ghi nhận lần lượt ở 40 và 8 mẫu giống chanh leo. Đối với bệnh đốm nâu, hai chỉ thị Pe.TNL25-SSR5 (alen d, p = 0,026) và Pe.CNL16-SSR3 (alen b, p = 0,035) tương quan cao nhất với tính nhiễm bệnh, hai alen này được ghi nhận lần lượt ở 25 và 39 mẫu giống. Đối với bệnh đốm dầu, hai alen của chỉ thị Pe.TNL25-SSR5

(alen c, p = 0,018 và alen d, p = 0,039) tương quan cao nhất với tính nhiễm bệnh và được ghi nhận lần lượt ở 20 và 25 mẫu giống (Bảng 3).

Bảng 3. Kết quả phân tích tương quan giữa kiểu gen SSR đặc hiệu gen NBS-LRR và tính nhiễm bệnh hại ở chanh leo (p < 0,05)

Bệnh hại	Tên chỉ thị	Alen	Giá trị F-test	*p*	Số mẫu giống mang alen liên kết
Bệnh thối gốc	Pe.CNL41-SSR	d	5,340	0,027	40
	Pe.TNL27-SSR3	a	4,703	0,037	8
Bệnh đốm nâu	Pe.TNL25-SSR5	d	5,403	0,026	25
	Pe.CNL16-SSR3	b	4,819	0,035	39
Bệnh đốm dầu	Pe.TNL25-SSR5	c	6,131	0,018	20
	Pe.TNL25-SSR5	d	4,599	0,039	25

Tính kháng bệnh hại là mối quan tâm hàng đầu của các nhà chọn giống chanh leo hiện nay. Mặc dù nhiều bệnh hại quan trọng với đa dạng tác nhân gây bệnh trên chanh leo đã được nhận diện (virus, vi khuẩn, nấm...) (Fischer & Rezende, 2008), nhưng đến nay nguồn gen kháng bệnh hại hiệu quả chủ yếu từ các loài hoang dại của chi *Passiflora* (Cerqueira-Silva *et al*., 2018). Tại Việt Nam, bệnh thối gốc do nấm *Fusarium* sp., bệnh đốm nâu do nấm *Alternaria sesami* và bệnh đốm dầu do nấm *Phytophthora* sp. là nhóm bệnh hại phổ biến trên chanh leo và gây thiệt hại lớn cho sản xuất. Kết quả đánh giá cấp độ nhiễm ba loại bệnh này trên đồng ruộng của 43 mẫu giống chanh leo thu thập từ Nghệ An đã phản ánh đúng thực tế này. Do số liệu biến thiên tính trạng nhiễm bệnh không đầy đủ (không có mẫu giống không nhiễm bệnh/ kháng bệnh hại) nên chỉ xác định được liên kết kiểu gen-tính trạng có ý nghĩa (p < 0,05) giữa 6 alen của các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR với cấp độ nhiễm của ba bệnh hại theo mô hình MLM (Bảng 3). So với mô hình GLM, mô hình MLM kết hợp ma trận quan hệ di truyền (kinship matrix) và kết quả phân định quần thể tối ưu (Q-matrix) nên giảm thiểu sai số và loại bỏ được kết quả dương tính giả (Mazkirat *et al*., 2023). Do cấp độ nhiễm bệnh của 43 mẫu giống chanh leo ở mức nhẹ đến mức trung bình, không có mẫu giống không nhiễm bệnh nên các alen liên kết tính nhiễm bệnh xác định được có thể là các alen nhiễm (susceptible) ở chanh leo. Mặc dù là nhân tố chính trong hệ miễn dịch tạo nên tính kháng bệnh hại ở thực vật, một số gen NBS-LRR lại thúc đẩy sự xâm nhiễm của bệnh hại do mất khả năng thực hiện chức năng và gây nên "đứt gãy" chuỗi phản ứng của hệ thống miễn dịch (Lorang *et al.,* 2007). Sáu alen nhiễm của các gen *Pe.CNL41, Pe.TNL27*, *Pe.TNL25*, *Pe.CNL16* và *Pe.TNL25* sẽ là tiền đề cho các nghiên cứu chuyên sâu hơn để làm rõ cơ chế và cải thiện tính kháng bệnh hại ở chanh leo.

Những thành tựu trong nghiên cứu lập bản đồ di truyền và đặc biệt là sự gia tăng không ngừng của dữ liệu trình tự hệ gen - hệ phiên mã đã tạo điều kiện cho việc phát triển thế hệ chỉ thị phân tử đặc hiệu gen hay chỉ thị chức năng, giúp trực tiếp khảo sát và đánh giá đa dạng di truyền các gen mục tiêu (Salgotra & Stewart, 2020). Nhóm gen quy định tính kháng bệnh hại ở thực vật là một trong những gen mục tiêu có chỉ thị chức năng đầu tiên được phát triển ở thực vật (Poczai *et al*., 2013). Từ nhóm chỉ thị phát triển dựa trên vùng bảo thủ mã hóa protein NBS đặc trưng giúp khảo sát cả họ gen của một loài cụ thể, đến nay các chỉ thị đặc hiệu cho từng gen NBS-LRR được thiết kế dựa trên các biến dị được xác định trên trình tự gen (Ren *et al.,* 2013) đã trở thành công cụ hiệu quả cho công tác đánh giá cơ sở di truyền tính kháng và khai thác trong chọn tạo và cải thiện tính kháng bệnh của cây trồng. Một số chỉ thị SSR đã được nghiên cứu phát triển trên chanh leo quả vàng (Olivera *et al*., 2005; Araya *et al.,* 2017), và đây là nghiên cứu đầu tiên sử dụng 20 chỉ thị SSR thiết kế đặc hiệu cho các gen NBS-LRR trong đánh giá đa dạng di truyền các mẫu giống chanh leo. Với khả năng đánh giá trực tiếp những biến dị di truyền ở các gen quy định tính trạng mục tiêu, chỉ thị đặc hiệu gen hay chỉ thị chức năng đã xác lập được vị trí là thế hệ chỉ thị mới, hiệu quả và chính xác hơn và thay thế các

thế hệ chỉ thị cũ trong nghiên cứu đánh giá nguồn gen và chọn tạo giống, và đặc biệt cả trong phân tích tính ổn định, tính đồng nhất và tính khác biệt (DUS) của giống cây trồng (Salgotra & Stewart, 2020). Qua so sánh với các chỉ thị ngẫu nhiên cũng như chỉ thị SSR đã được sử dụng ở chanh leo, các chỉ thị SSR đặc hiệu họ gen kháng NBS-LRR trong nghiên cứu này đã cho thấy tiềm năng sử dụng thay thế và nâng cao hiệu quả cho các phân tích đa dạng di truyền cũng như công tác chọn, tạo giống chanh leo kháng bệnh hại nhờ chỉ thị phân tử.

IV. KẾT LUẬN

Thông qua đánh giá bộ 55 mẫu giống chanh leo, 20 chỉ thị SSR đặc hiệu gen kháng NBS-LRR có giá trị trung bình của các chỉ số di truyền chính tương đương các chỉ thị ngẫu nhiên và chỉ thị SSR đã được sử dụng ở chanh leo. Kết quả đánh giá kiểu gen cho thấy mức độ đa dạng di truyền cũng như cấu trúc quần thể phản ánh đúng nguồn gốc của các mẫu giống chanh leo nghiên cứu. Phân tích tương quan kiểu gen-tính trạng đã xác định được 6 alen của 5 gen kháng *Pe.CNL41*, *Pe.TNL27*, *Pe.TNL25*, *Pe.CNL16* và *Pe.TNL25* liên kết có ý nghĩa với tính nhiễm các bệnh thối gốc do nấm *Fusarium* sp., bệnh đốm nâu do nấm *Alternaria sesami* và bệnh đốm dầu do nấm *Phytophthora* sp. trên bộ mẫu giống chanh leo thu thập từ Nghệ An. Toàn bộ mẫu giống nhiễm bệnh ở các cấp độ cho thấy các alen liên kết xác định được có thể là alen nhiễm ở chanh leo. Các kết quả này khẳng định tiềm năng ứng dụng của các chỉ thị SSR đặc hiệu gen NBS-LRR trong các nghiên cứu di truyền tính kháng bệnh hại ở chanh leo.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được thực hiện trong khuôn khổ đề tài tiềm năng cấp Bộ Nông nghiệp và PTNT "Nghiên cứu xác định họ gen kháng NBS-LRR và thiết kế chỉ thị phân tử gen đích phục vụ cải tạo tính chống chịu bệnh hại cho chanh leo". Nhóm tác giả trân trọng cảm ơn cộng sự tại Viện Cây ăn quả miền Nam đã hỗ trợ cung cấp mẫu lá của một số mẫu giống chanh leo sử dụng trong nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Nguyễn Văn Viết, Nguyễn Mạnh Hùng, Phạm Duy Thái, Hoàng Mạnh Hùng, Nguyễn Thị Hiền và Nguyễn Đức Trung, 2022. Kết quả nghiên cứu chọn tạo giống chanh leo Quế Phong 1. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn,* 14 (2): 19-25.

Trần Đức Trung, Nguyễn Thị Thu Hằng, Đào Thu Hường, Tạ Hồng Lĩnh, Nguyễn Thị Lan Hoa, Phạm Thanh Huyền, Trần Thị Huệ Hương và Nguyễn Hoàng, 2024. Nghiên cứu phát triển chỉ thị phân tử SSR đặc hiệu họ gen NBS-LRR cho Chanh leo *Passiflora edulis* Sims. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 66 (3): 31-37.

Trần Đức Trung, Nguyễn Văn Viết và Bùi Quang Đăng, 2022. Đánh giá đa dạng di truyền và cấu trúc quần thể chanh leo (*Passiflora edulis* Sim.) nhập nội bằng chỉ thị SRAP và ISSR. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam,* 20 (4): 425-435.

Amiryousefi, A., Hyvönen, J. and Poczai, P, 2018. iMEC: Online marker efficiency calculator. *Application in Plant Sciences,* 6 (6): e01159.

Araya, S., Martins, A. M., Junqueira, N.T.V., Costa, A.M., Faleiro, F.G. and Ferreira, M.E., 2017. Microsatellite marker development by partial sequencing of the sour passion fruit genome (*Passiflora edulis* Sims). *BMC Genomics,* 18 (1): 549.

Cerqueira-Silva, C.B.M., Faleiro, F.G., de Jesus, O.N., dos Santos, E.S.L. and de Souza, A.P., 2018. Passion fruit (*Passiflor*a spp.) breeding. In: Al-Khayri, J.M., Jain, S.M. and Johnson, D.V., eds., *Advances in Plant Breeding Strategies: Fruits: Volume 3*, Cham: Springer International Publishing, 929-951.

Chen, T., 2021. Identification and characterization of the LRR repeats in plant LRR-RLKs. *BMC Molecular and Cell Biology,* 22 (1): 9-9.

Fischer, I.H. and Rezende, J.A.M., 2008. Diseases of passion flower (*Passiflora* spp.). *Pest Technology,* 2 (1): 1-19.

Li, Y.L. and Liu, J.X., 2018. Structure selector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resourcé,* 18 (1): 176-177.

Lorang, J.M., Sweat, T.A. and Wolpert, T.J., 2007. Plant disease susceptibility conferred by a "resistance" gene. *Proceedings of the National Academy of Sciences,* 104 (37): 14861-14866.

Ma, D., Dong, S., Zhang, S., Wei, X., Xie, Q., Ding, Q., Xia, R. and Zhang, X., 2021. Chromosome-level reference genome assembly provides insights into aroma biosynthesis in passion fruit (*Passiflora edulis*). *Molecular Ecology Resources,* 21 (3): 955-968.

Mazkirat, S., Baitarakova, K., Kudaybergenov, M., Babissekova, D., Bastaubayeva, S., Bulatova, K. and Shavrukov, Y., 2023. SSR genotyping and marker-trait association with yield components in a Kazakh Ggermplasm collection of chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Biomolecules,* 13 (12): 1722.

Olivera, E.J., Pádua, J.G., Zucchi, M.I., Camargo, L.E.A., Fungaro, M.H.P. and Vieira, M.L.C., 2005. Development and characterization of microsatellite markers from the yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*). *Molecular Ecology Notes,* 5 (2): 331-333.

Parida, S.K., Dalal, V., Singh, A.K., Singh, N.K. and Mohapatra, T., 2009. Genic non-coding microsatellites in the rice genome: characterization, marker design and use in assessing genetic and evolutionary relationships among domesticated groups. *BMC Genomics,* 10 (1): 140.

Poczai, P., Varga, I., Laos, M., Cseh, A., Bell, N., Valkonen, J.P.T. and Hyvönen, J., 2013. Advances in plant gene-targeted and functional markers: a review. *Plant Methods,* 9 (1): 6.

Ren, J., Yu, Y., Gao, F., Zeng, L., Lu, X., Wu, X., Yan, W. and Ren, G., 2013. Application of resistance gene analog markers to analyses of genetic structure and diversity in rice. *Genome,* 56 (7): 377-387.

Salgotra, R.K. and Chauhan, B.S., 2023. Genetic diversity, conservation, and utilization of plant genetic resources. *Genes (Basel),* 14 (1): 174.

Salgotra, R.K. and Stewart, C.N., Jr., 2020. Functional markers for precision plant breeding. *International Journal of Molecular Sciences,* 21 (13): 4792.

Shao, Z.-Q., Xue, J.-Y., Wang, Q., Wang, B. and Chen, J.-Q., 2019. Revisiting the origin of plant NBS-LRR genes. *Trends in Plant Science,* 24 (1): 9-12.

Tessier, C., David, J., This, P., Boursiquot, J.M. and Charrier, A., 1999. Optimization of the choice of molecular markers for varietal identification in *Vitis vinifera* L. *Theoretical and Applied Genetics,* 98 (1): 171-177.

Genetic diversity and marker–disease sensitivity association analysis of NBS-LRR resistance gene family in passion fruit using SSR markers

Trung Duc Tran, Huong Thi Hue Tran, Hang Thi Thu Nguyen, Linh Hong Ta, Hoa Thi Lan Nguyen, Huyen Thanh Pham, Hoang Nguyen, Dang Quang Bui, Viet Van Nguyen

Abstract

Breeding for disease-resistant varieties is urgently demanded to facilitate the sustainable production of passion fruit (*Passiflora edulis* Sims). This study employed 20 NBS-LRR gene-specific SSR markers to assess the genetic diversity of resistance genes and population structure of 55 passion fruit genotypes collected from Nghe An and Tien Giang. The average value of the main genetic parameters such as *H*, *PIC*, and *D* was 0.43, 0.395, and 0.701, respectively, equivalent to previously used markers. Phylogenetic and population structure analysis grouped the studied passion fruit genotypes into five populations ($K = 5$) with genetic backgrounds accurately reflecting their origin. The marker-disease sensitivity association analysis revealed significant linkage among 6 alleles of 5 genes i.e. *Pe.CNL41*, *Pe.TNL27*, *Pe.TNL25*, *Pe.CNL16,* and *Pe.TNL25* and susceptibility to collar rot, brown spot and grease spot diseases of passion fruit genotypes collected in Nghe An. These NBS-LRR gene-specific SSR markers will be an effective tool for breeding and selecting disease-resistant passion fruit varieties.

Keywords: Passion fruit (*Passiflora edulis*), genetic diversity, marker-disease sensitivity association, NBS-LRR, SSR marker

Ngày nhận bài: 07/12/2023
Ngày phản biện: 18/12/2023
Người phản biện: PGS.TS. Trịnh Xuân Hoạt
Ngày duyệt đăng: 28/01/2024

XÁC ĐỊNH MỘT SỐ GIẢI PHÁP NHẰM NÂNG CAO CHẤT LƯỢNG SẢN PHẨM MỨT DẺO TỪ KHOAI LANG ĐỎ

Hoàng Thị Lệ Hằng[1*], Hoàng Thị Tuyết Mai[1], Phạm Văn Linh[2], Nguyễn Đức Hạnh[1], Nguyễn Thị Bích Thuỷ[3], Đinh Lê Khanh[1]

TÓM TẮT

Nghiên cứu xác định các biện pháp cùng với các thông số kỹ thuật trong quá trình chế biến sản phẩm mứt dẻo từ khoai lang đỏ Quảng Bình nhằm nâng cao chất lượng của sản phẩm. Củ khoai lang đỏ được xử lý ở các điều kiện nhiệt độ (30 ± 2°C, 35 ± 2°C, 40 ± 2°C) và độ ẩm (65 - 70%; 75 - 80%; 85 - 90%) để cải thiện hàm lượng đường. Trong quá trình chế biến, các lát khoai lang được xử lý bằng một số phụ gia (đường phytolin, axit ascorbic) ở các nồng độ khảo sát (đường phytolin 0,1%; 0,2%; 0,3% và dung dịch axit ascorbic 0,05%; 0,07%; 0,09%) nhằm cải thiện chất lượng và ổn định màu sắc sản phẩm. Kết quả cho thấy, củ khoai được ủ ở điều kiện nhiệt độ 35 ± 2°C, độ ẩm 75 - 80% trong 20 ngày sau thu hoạch đã tăng hàm lượng đường tới 7,5%, hàm lượng chất khô hòa tan tổng số đạt 10,5°Bx, tỷ lệ mọc mầm dưới 1,5%. Đồng thời, chất lượng cảm quan của sản phẩm được cải thiện rõ rệt khi sử dụng đường phytolin với nồng 0,2% trong công đoạn xử lý, đã cải thiện được màu sắc của sản phẩm sau chế biến.

Từ khóa: Khoai lang đỏ Quảng Bình, mứt dẻo khoai lang, chất lượng sản phẩm

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Khoai lang (*Ipomoea batatas*) là loại cây lương thực, thức ăn chăn nuôi, cây trồng cung cấp năng lượng quan trọng, được trồng rộng rãi ở hơn 100 quốc gia và khu vực trên thế giới (Xiao *et al*., 2023). Ở Việt Nam, khoai lang được xem là loại cây trồng quan trọng, vừa đảm bảo an ninh lương thực, vừa gia tăng giá trị kinh tế. Chính vì vậy, khoai lang đang được phát triển ở nhiều địa phương trong cả nước, trong đó Quảng Bình được biết đến với giống khoai lang đỏ. Khoai lang đỏ rất giàu vitamin A và C, giàu chất khoáng và chất xơ, giúp cơ thể cân bằng nước và tốt cho hệ tiêu hóa (Vietnam.vn, 2023). Ngoài việc sử dụng để ăn tươi, người dân Quảng Bình còn chế biến khoai lang thành một loại sản phẩm truyền thống (khoai deo), tương tự như loại mứt dẻo.

Hiện nay, sản phẩm mứt dẻo khoai lang đỏ đang được sản xuất dựa theo kinh nghiệm của người dân theo quy trình như sau: Khoai lang sau khi thu hoạch được ủ bằng chăn bông trong thời gian khoảng 5 ngày rồi được rửa sạch, luộc chín, bóc vỏ, thái lát và được sấy ở nhiệt độ 70 - 80°C hoặc phơi nắng cho đến khi độ ẩm đạt 25 - 30%. Do sản phẩm được chế biến với quy mô nhỏ lẻ, kỹ thuật thủ công nên không đảm bảo an toàn thực phẩm, màu sắc sản phẩm không đồng đều, chất lượng không ổn định trong quá trình bảo quản nên tiêu thụ trên thị trường gặp khó khăn. Các nghiên cứu quốc tế đã chứng minh việc xử lý khoai lang ở điều kiện phù hợp sau thu hoạch có thể làm giảm lượng tinh bột, tăng hàm lượng đường, đáp ứng yêu cầu khi chế biến mứt dẻo (Agnes *et al*., 2017). Do đó, việc nghiên cứu chế độ ủ trước khi chế biến và biện pháp ổn định màu sắc cho sản phẩm là rất cần thiết. Hơn nữa, hiện nay chưa có công trình nghiên cứu nào về quy trình sản xuất, chế biến sản phẩm mứt dẻo khoai lang được công bố ở nước ta, vì vậy, việc nghiên cứu các giải pháp kỹ thuật nhằm nâng cao chất lượng sản phẩm mứt dẻo khoai lang, góp phần nâng cao hiệu quả sản xuất, tạo đầu ra ổn định cho sản phẩm là vấn đề mang tính mới, có tính khoa học và thực tiễn cao.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Khoai lang đỏ được thu hoạch tại huyện Lệ

[1] Viện Nghiên cứu Rau quả

[2] Viện Khoa học Kỹ thuật Nông nghiệp Bắc Trung bộ

[3] Học viện Nông nghiệp Việt Nam

[*] Tác giả liên hệ, email: hoangthilehang@yahoo.com