potatoes in Russia. Plant Disease, 92(4): 654-661.

8. Gundersen, D.E. and Lee I-M., 1996. Ultrasensitive detection of phytoplasmas by nested-PCR assays using two universal primer pairs. *Phytopathologia Mediterranea*, 35: 114-151.

9. Lozano, J.C., 1992. Overview of integrated control of cassava diseases *Fitopatologia Brasileira*, 17: 18-22.

10. Nasare, K., Yada A., Singh A.K., Shivasharanappa K.B., Nerkar Y.S. and Reddy V.S., 2007. Molecular and symptom analysis reveal the presence of new phytoplasmas associated with sugarcane grassy shoot disease in India, Plant Disease, 91: 1413 - 1418.

11. Nguyễn Khê, *Báo Nông nghiệp Việt Nam*, 2011. Giải pháp trị bệnh chổi rồng hại sắn, *Trong mục*: Khuyến Nông, số 64, ra ngày 31/3/2011.

12. Trịnh Xuân Hoạt, Nguyễn Đức Thành, Ngô Gia Bôn, Mai Văn Quân và Vũ Duy Hiện, 2012. Phát hiện và xác định phytoplasma liên quan đến bệnh chổi rồng hại sắn tại một số tỉnh phía nam Việt Nam. *Tạp chí Bảo vệ thực vật*, 2: 10-14.

13. Thuy, T.D.N., Paltrinieri S., Mejia J.F., Hoat X.T. and Bertaccini A., 2012. Detection and identification of phytoplasmas associated with longan witches' broom in Vietnam. *Phytopathogenic Mollicutes*, 2(1): 23-27.

14. Vellios, E. and Liolliopoulou F., 2007. Detection and characterization of phytoplasmas infecting tomato plants in Greece. Bulletin of Insectology, 60(2) 157-158

15. Wei, W., Davis R.E., Lee I-M and Zhao Y., 2007. Computer-simulated RFLP analysis of 16S rRNA genes: identification of ten new phytoplasma groups. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57: 1855-1867

16. Zhao, Y., Wei W., Lee I-M., Shao J., Suo X. and Davis R.E., 2009. Construction of an interactive online phytoplasma classification tool, *i*PhyClassifier, and its application in analysis of the peach X-disease phytoplasma group (16SrIII). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59: 2582-2593.

Phản biện: **PGS.TS. Phạm Xuân Hội**

ĐÁNH GIÁ KHẢ NĂNG CHỐNG CHỊU BỆNH HÉO XANH VI KHUẨN *Ralstonia solanacearum* Smith TẬP ĐOÀN GIỐNG LẠC BẰNG LÂY NHIỄM NHÂN TẠO KẾT HỢP CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR

Evaluation of Resistance Ability to Bacterial Wilt *Ralstonia solanacearum* Smith of Groundnut Collection by Artificial Inoculation in Combination with SSR Markers

Nguyễn Văn Viết[1], Nguyễn Thị Vân[2], Lê Thị Bích Thủy[3], Hà Viết Cường[6] Nguyễn Mạnh Hùng[2], Nguyễn Văn Thắng[5], Ngọ Văn Ngôn[4], Nguyễn Xuân Thu[5], Ngô Thị Thùy Linh[3]

Ngày nhận bài: 2.3.2015 *Ngày chấp nhận: 14.4.2015*

Abstract

To determine the materials sources for breeding groundnut varieties resistant to bacterial wilt, artificial inoculation in combination with molecular markers were used.

The result on evaluation of resistance ability to bacterial wilt of 63 lines/varieties of peanut germplasm by artificial inoculation showed that, there were 3.2% of highly resistant, 11.1% resistant, 34.9% moderate resistant, 30.1% moderate susceptible, 15.9% susceptible and 4.8% highly susceptible lines/varieties.

1.Viện KHNN Việt Nam;
2.Viện Bảo vệ thực vật;
3.Viện Công nghệ sinh học
4. Sở Nông nghiệp và PTNT Hà Nội;
5. Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm;
6. Học Viện Nông nghiệp Việt Nam

Using three SSR markers: pPGPSeq3F5, 7G2 and GA161 to determine the resistance to bacterial wilt of 63 lines/varieties of peanut germplasm, the result indicated that 26 lines/varieties (O713.24.1, ICGV6022, BW62, CG 38, L17, ICGV01239, O401.57.1, line 14, ICGV01232, ICGV01238, L16, VAG 03.2, line 2, ICGV01241, ICG 5051, BW15, BWP-1, BWP-3, BWP-5, BWP-6, BWP-7, BWP-8, BWP-11, BWP-12, BWP-13 and Gie Nho Quan) were resistant to bacterial wilt on artificial inoculation but they also showed resistant ability through selection by using three SSR makers associated with resistance traits.

The 26 lines/varieties were determined to be resistant to bacterial wilt and could be used as materials for breeding programs

Keywords: groundnut, bacterial wilt, *Ralstonia solanacearum*, resistance, SSR marker.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lạc là một trong số các mặt hàng nông sản xuất khẩu quan trọng. Mặc dù có nhiều lợi thế về điều kiện tự nhiên nhưng năng suất và sản lượng lạc tăng chưa tương xứng với tiềm năng. Nguyên nhân chủ yếu là hầu hết các địa phương trồng lạc, đặc biệt là vùng đất trồng lạc nhờ nước trời như đất đồi gò, đất cạn và đất bãi ven sông thường bị bệnh héo xanh do vi *khuẩn Ralstonia solanacearum* Smith gây hại nặng. Sử dụng giống lạc kháng bệnh là biện pháp chủ động và có hiệu quả nhất trong phòng chống bệnh héo xanh vi khuẩn (HXVK). Để rút ngắn thời gian trong việc chọn tạo giống lạc kháng bệnh HXVK, ứng dụng chỉ thị phân tử là con đường ngắn và hiệu quả không những góp phần hạn chế tác hại của bệnh mà còn hạn chế sử dụng thuốc bảo vệ thực vật phòng chống bệnh, bảo vệ môi trường (Liao B.S, 2005)[2]. Đánh giá nguồn vật liệu bằng phương pháp lây bệnh nhân tạo kết hợp chọn lọc bằng chỉ thị phân tử là nhu cầu cấp thiết để sử dụng được phương pháp hiện đại kết hợp phương pháp truyền thống phục vụ nhanh và hiệu quả cho chọn tạo giống lạc kháng bệnh.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Nguồn vi khuẩn để lây nhiễm nhân tạo là isolate vi khuẩn *Ralstonia solanacearum* SS1 được thu thập và phân lập từ Sóc Sơn, Hà Nội thuộc nòi 1, biovar 3 là biovar gây bệnh phổ biến trên lạc ở miền Bắc Việt Nam (Nguyễn Văn Viết và cs., 2014)[6].

Tập đoàn mẫu giống lạc: gồm 63 mẫu giống lạc của Trung tâm Nghiên cứu Phát triển Đậu đỗ, Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm. Giống lạc đối chứng kháng bệnh HXVK là giống Gié Nho Quan có mức kháng cao đối với bệnh HXVK (Nguyễn Văn Liễu, 1998)[1]. Đối chứng nhiễm bệnh HXVK là giống ICGV3704 (giống chuẩn nhiễm của Viện Nghiên cứu cây trồng cạn và bán khô hạn Quốc tế - ICRISAT).

Chỉ thị phân tử: sử dụng 3 chỉ thị phân tử SSR liên kết với tính trạng kháng bệnh HXVK gồm pPGPSeq3F5, GA161, 7G2 là 3 chỉ thị được nhóm tác giả trong khuôn khổ đề tài cấp nhà nước "Nghiên cứu chọn tạo giống lạc kháng bệnh HXVK bằng kỹ thuật chỉ thị ADN" xác định với các đặc điểm sau:

Tên mồi	Độ dài nhân bản chuẩn (bp)	Chiều dài đoạn nhân bản thu được (bp)
pPGPseq3F5	210	219
GA161	220	226
7G2	350	386

1.2. Phương pháp nghiên cứu

Phương pháp phân lập vi khuẩn gây bệnh héo xanh hại lạc: Phân lập vi khuẩn R.solanacearum theo Mehan và McDonald (1995)[4] trên môi trường TZCA để nhận dạng các dòng vi khuẩn thông qua hình dạng và màu sắc khuẩn lạc. Các khuẩn lạc có đặc tính nhầy, màu trắng ngà, ria mép nhẵn, ở giữa có màu phớt hồng trên môi trường TZCA là đặc trưng của vi khuẩn R.solanacearum.

**** Phương pháp lây nhiễm bệnh nhân tạo đánh giá khả năng chống chịu nguồn vật liệu:*** Nguồn vi khuẩn được làm thuần, nhân lên trên môi trường SPA, sau 2 - 3 ngày nuôi cấy, rửa dịch vi khuẩn đã nuôi cấy vào nước cất vô trùng với mật độ tế bào vi khuẩn phù hợp (108 - 109 CFU/ml).

Phương pháp lây nhiễm: Lây nhiễm hạt lạc đã nảy mầm, nứt nanh dịch vi khuẩn nuôi cấy trên môi trường SPA với mật độ tế bào vi khuẩn phù hợp (108 - 109 CFU/ml) sau đó trồng để đánh giá trên nền Sick-plot (Mehan V.K. *et al.*, 1994)[3]. Lây nhiễm bổ sung nguồn bệnh bằng cách thu thập tàn dư cây lạc bị bệnh tại vùng dịch bệnh là nơi đã thu thập isolate SS1 (Sóc Sơn).

Bố trí thí nghiệm: Mỗi mẫu giống gieo 10 hạt/1 công thức, nhắc lại 3 lần với khoảng cách cây cách cây 10 cm, hàng cách hàng 25 cm.

Chỉ tiêu theo dõi: Đếm toàn bộ số cây bị héo và chết sau khi mọc và khi giống đối chứng nhiễm ICGV3704 đạt tỷ lệ bệnh cao nhất. Đánh giá khả năng chống chịu bệnh HXVK theo thang 6 điểm của ICRISAT (Mehan V.K. *et al.*, 1994)[3]:

Điểm số	Tỷ lệ cây chết (%)	Mức độ chống chịu bệnh	Ký hiệu
1	≤ 10	Kháng cao	HR
2	>10 - 20	Kháng	R
3	>20 - 30	Kháng trung bình	MR
4	>30 - 50	Nhiễm trung bình	MS
5	>50 - 90	Nhiễm	S
6	> 90	Nhiễm nặng	HS

**** Phương pháp chọn lọc các mẫu giống lạc kháng bệnh bằng chỉ thị phân tử:*** ADN genome lạc được tách chiết và tinh sạch bằng phương pháp CTAB của Saghai- Maroof et al. (1994)[5] có cải tiến. Tiến hành phản ứng PCR trên máy PCR PTC-100. Kiểm tra kết quả của phản ứng PCR bằng điện di trên gel Polyacrylamide. Sau khi phân tích các mẫu giống lạc nghiên cứu với mỗi chỉ thị liên kết (đã được xác định là có liên kết với tính trạng kháng bệnh), những mẫu giống có băng giống với giống chuẩn kháng (Gié Nho Quan) và tương đương với chiều dài đoạn nhân bản thu được được xác định là mẫu giống lạc kháng bệnh.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh khả năng kháng nhiễm bệnh HXVK của tập đoàn mẫu giống bằng lây nhiễm bệnh nhân tạo

Kết quả đánh giá tập đoàn qua 2 năm 2012 và năm 2013 thể hiện trên hình 1, bảng 1.

A B

Hình 1. Thí nghiệm đánh giá khả năng chống chịu bệnh của tập đoàn giống lạc bằng lây nhiễm nhân tạo (A. sau lây 30 ngày; B. sau lây 45 ngày)

Bảng 1. Đánh khả năng chống chịu bệnh HXVK của tập đoàn giống lạc bằng lây nhiễm bệnh nhân tạo *(năm 2012, 2013)*

STT	Tên mẫu giống	Năm 2012		Năm 2013	
		Tỷ lệ cây chết (%)	Mức độ chống chịu bệnh	Tỷ lệ cây chết (%)	Mức độ chống chịu bệnh
1	ICGV 00351	55,2	S	62,5	S
2	L18	48,0	MS	36,2	MS
3	O506.2	40,0	MS	42,1	MS
4	O713.24.1	9,1	HR	8,6	HR
5	ICGV6022	24,6	MR	26,7	MR
6	BW62	28,6	MR	25,2	MR
7	LO5	60,0	S	72,1	S
8	L19	35,7	MS	42,6	MS
9	CG 38	26,9	MR	22,8	MR
10	Sen lai	33,3	MS	38,4	MS
11	L17	22,2	MR	25,3	MR
12	ICGV01239	20,7	MR	23,6	MR
13	O401.57.1	25,9	MR	22,7	MR
14	L15	39,4	MS	42,1	MS
15	Dòng lai 14	28,3	MR	21,8	MR
16	ICGV 98370	93,3	HS	100	HS
17	L21	34,3	MS	45,3	MS
18	T38	30,4	MS	35,0	MS
19	TD 207	36,4	MS	41,7	MS
20	9805.7 1	60,0	S	65,3	S
21	L08	47,1	MS	42,6	MS
22	ICGV 970019	56,7	S	65,1	S
23	ICGV01232	29,0	MR	24,6	MR
24	ICGV01238	27,8	MR	26,5	MR
25	ICGV 89104	91,3	HS	100	HS
26	L12	60,7	S	70,5	S
27	ICGV 92118	70,4	S	81,1	S
28	O909.1	70,0	S	76,3	S
29	ICG 11515	60,7	S	58,8	S
30	L16	24,3	MR	22,4	MR
31	VAG36	31,0	MS	41,2	MS
32	Dòng lai 2	25,0	MR	27,1	MR
33	O816.7	30,8	MS	32,6	MS
34	L22	34,5	MS	38,5	MS
35	L26	47,6	MS	41,2	MS
36	O401 65 1	46,2	MS	43,6	MS
37	VAG 03.2	19,3	R	16,1	R
38	ICGV01241	26,7	MR	23,7	MR
39	Sen thật	61,5	S	65,8	S

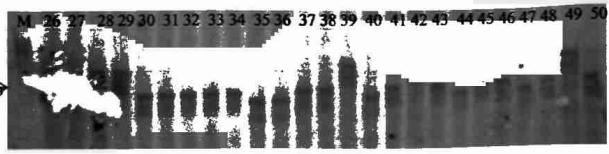
STT	Tên mẫu giống	Năm 2012		Năm 2013	
		Tỷ lệ cây chết (%)	Mức độ chống chịu bệnh	Tỷ lệ cây chết (%)	Mức độ chống chịu bệnh
40	BW79.4	45,6	MS	48,3	MS
41	L23	31,3	MS	45,2	MS
42	MDRF5.176	65,5	S	75,1	S
43	ICG 5051	28,6	MR	21,8	MR
44	L14	50,0	MS	45,6	MS
45	BW15	10,0	HR	9,1	HR
46	Dòng lai 1	30,6	MS	38,2	MS
47	ICG 4911	40,0	MS	45,6	MS
48	O702.3	21,1	MR	28,7	MR
49	BWP-1	27,5	MR	22,5	MR
50	BWP-2	18,5	R	16,8	R
51	BWP-3	28,8	MR	25,1	MR
52	BWP-4	18,5	R	16,8	R
53	BWP-5	26,5	MR	25,8	MR
54	BWP-6	17,5	R	12,5	R
55	BWP-7	18,5	R	15,3	R
56	BWP-8	25,1	MR	25,8	MR
57	BWP-9	28,2	MR	22,7	MR
58	BWP-10	29,2	MR	24,3	MR
59	BWP-11	15,5	R	18,6	R
60	BWP-12	25,8	MR	25,4	MR
61	BWP-13	23,0	MR	26,5	MR
62	Gié Nho Quan	10,1	R	12,4	R
63	ICGV3704	90,5	HS	100	HS

Ghi chú: HR: Kháng cao; R: Kháng; MR: Kháng trung bình; MS Nhiễm trung bình; S: Nhiễm; HS: Nhiễm nặng.

Kết quả bảng 1 cho thấy, có 02/63 mẫu giống kháng cao (O713.24.1, BW15) chiếm 3,2%; có 07/63 mẫu giống kháng (VAG 03.2, BWP-2, BWP-4, BWP-6, BWP-7, BWP-11, Gié Nho Quan) chiếm 11,1%; có 22/63 mẫu giống kháng trung bình chiếm 34,9%; có 19/63 mẫu giống nhiễm trung bình chiếm 30,1%; có 10/63 mẫu giống nhiễm chiếm 15,9% và có 03/63 mẫu giống nhiễm nặng (ICGV3704, ICGV89104, ICGV98370) chiếm 4,8%

3.2. Chọn lọc các mẫu giống lạc trong tập đoàn có khả năng chống chịu bệnh HXVK bằng chỉ thị phân tử

Kết quả sử dụng 3 chỉ thị pPGPSeq3F5, GA161 và 7G2 liên kết với tính trạng kháng bệnh HXVK để chọn lọc mẫu giống lạc có khả năng kháng bệnh được thể hiện trên bảng 2 và hình đại diện (hình 2). Từ hình 2 ảnh điện di gel polyacrylamide sản phẩm PCR cặp mồi 7G2 thấy rằng tương ứng với vệt băng của giống đối chứng kháng bệnh Gié Nho Quan (số 50) có một số mẫu giống cũng mang băng tương tự như mẫu giống số 30, 31, 32, 33, 34, 37, 38, 41, 43, 45, 46, 48.



Hình 2. Ảnh điện di gel polyacrylamide sản phẩm PCR cặp mồi 7G2 với một số mẫu giống trong tập đoàn 63 giống lạc

M: marker 100 bp (Biolabs). Tên giống: 26: L12, 27: ICGV 92118, 28: O909.1, 29: ICG 11515, 30: L16, 31: VAG36, 32: Dòng lai 2, 33: O816.7, 34: L22, 35: L26, 36: O401.65.1, 37: VAG03.2, 38: ICGV01241, 39: Sen thất, 40:BW79.4, 41:L23, 42:MDRF5.176, 43: ICG5051, 44:L14, 45:BW15, 46: Dòng lai 1, 47:ICG4911, 48:O702.3, 49: IVCG3704, 50: Gié Nho Quan.

Từ các kết quả ảnh điện di gel polyacrylamide sản phẩm PCR 3 cặp mồi pPGPSeq3F5, GA161, 7G2 đã chọn được các mẫu giống lạc có vệt băng tương ứng với vệt băng của giống đối chứng kháng bệnh HXVK. Kết quả kết hợp đánh khả năng chống chịu bệnh HXVK của tập đoàn mẫu giống lạc bằng lây nhiễm bệnh nhân tạo và chọn lọc bằng chỉ thị phân tử SSR được thể hiện trên bảng 2.

Bảng 2. Kết quả đánh khả năng chống chịu bệnh HXVK của tập đoàn mẫu giống lạc bằng lây nhiễm bệnh nhân tạo kết hợp chỉ thị phân tử SSR

STT	Tên mẫu giống	Mức chống chịu bệnh HXVK		Chỉ thị liên kết với tính trạng kháng bệnh HXVK		
		Năm 2012	Năm2013	pPGPSeq3F5	7G2	GA161
1	ICGV 00351	S	S	0	0	0
2	L18	MS	MS	0	0	0
3	O506.2	MS	MS	0	0	0
4	O713.24.1	HR	HR	1	1	1
5	ICGV6022	MR	MR	1	1	1
6	BW62	MR	MR	1	1	1
7	LO5	S	S	0	0	0
8	L19	MS	MS	1	1	1
9	CG 38	MR	MR	1	1	1
10	Sen lai	MS	MS	1	1	1
11	L17	MR	MR	1	1	1
12	ICGV01239	MR	MR	1	1	1
13	O401.57.1	MR	MR	1	1	1
14	L15	MS	MS	1	1	1
15	Dòng lai 14	MR	MR	1	1	1
16	ICGV 98370	HS	HS	0	0	0
17	L21	MS	MS	1	1	1
18	T38	MS	MS	1	1	1
19	TD 207	MS	MS	1	1	1
20	9805.7.1	S	S	0	0	0

STT	Tên mẫu giống	Mức chống chịu bệnh HXVK		Chỉ thị liên kết với tính trạng kháng bệnh HXVK		
		Năm 2012	Năm2013	pPGPSeq3F5	7G2	GA161
21	L08	MS	MS	0	0	0
22	ICGV 970019	S	S	0	0	0
23	ICGV01232	MR	MR	1	1	1
24	ICGV01238	MR	MR	1	1	1
25	ICGV 89104	HS	HS	0	0	0
26	L12	S	S	0	0	0
27	ICGV 92118	S	S	0	0	0
28	Q909 1	S	S	0	0	0
29	ICG 11515	S	S	0	0	1
30	L16	MR	MR	1	1	1
31	VAG36	MS	MS	1	1	1
32	Dòng lai 2	MR	MR	1	1	1
33	Q816.7	MS	MS	1	1	1
34	L22	MS	MS	1	1	1
35	L26	MS	MS	0	0	0
36	Q401 65.1	MS	MS	0	0	0
37	VAG 03.2	R	R	1	1	1
38	ICGV01241	MR	MR	1	1	1
39	Sen thất	S	S	0	0	1
40	BW79 4	MS	MS	0	0	0
41	L23	MS	MS	1	1	1
42	MDRF5.176	S	S	0	0	0
43	ICG 5051	MR	MR	1	1	1
44	L14	MS	MS	0	0	0
45	BW15	HR	HR	1	1	1
46	Dòng lai 1	MS	MS	1	1	1
47	ICG 4911	MS	MS	0	0	0
48	Q702.3	MS	MS	1	1	1
49	BWP-1	MR	MR	1	1	1
50	BWP-2	R	R	0	0	0
51	BWP-3	MR	MR	1	1	1
52	BWP-4	R	R	0	1	0
53	BWP-5	MR	MR	1	1	1
54	BWP-6	R	R	1	1	1
55	BWP-7	R	R	1	1	1
56	BWP-8	MR	MR	1	1	1
57	BWP-9	MR	MR	0	0	0
58	BWP-10	MR	MR	1	0	1
59	BWP-11	R	R	1	1	1

STT	Tên mẫu giống	Mức chống chịu bệnh HXVK		Chỉ thị liên kết với tính trạng kháng bệnh HXVK		
		Năm 2012	Năm2013	pPGPSeq3F5	7G2	GA161
60	BWP-12	MR	MR	1	1	1
61	BWP-13	MR	MR	1	1	1
62	Gié Nho Quan	R	R	1	1	1
63	ICGV3704	HS	HS	0	0	0

Kết quả bảng 2 cho thấy, trong số 63 mẫu giống đánh giá, có 26 mẫu giống (O713.24.1, ICGV6022, BW62, CG 38, L17, ICGV01239, O401.57.1, Dòng lai 14, ICGV01232, ICGV01238, L16, Dòng lai 2, VAG 03.2, ICGV01241, ICG 5051, BW15, BWP-1, BWP-3, BWP-5, BWP-6, BWP-7, BWP-8, BWP-11, BWP-12, BWP-13, Gié Nho Quan) vừa có khả năng chống chịu bệnh trên nền lây nhiễm bệnh nhân tạo, vừa thể hiện khả năng chống chịu bệnh HXVK thông qua chọn lọc bằng 3 chỉ thị phân tử pPGPSeq3F5, 7G2 và GA161.

4. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Đánh giá khả năng chống chịu bệnh HXVK của 63 mẫu giống trong tập đoàn giống lạc bằng lây nhiễm bệnh nhân tạo xác định có 02/63 mẫu giống kháng cao (chiếm 3,2%), 07/63 mẫu giống kháng (chiếm 11,1%), 22/63 mẫu giống kháng trung bình (chiếm 34,9%), 19/63 mẫu giống nhiễm trung bình (chiếm 30,1%), 10/63 mẫu giống nhiễm (chiếm 15,9%) và 03/63 mẫu giống nhiễm nặng (chiếm 4,8%).

Kết hợp kết quả đánh khả năng chống chịu bệnh HXVK của tập đoàn mẫu giống lạc bằng lây nhiễm bệnh nhân tạo và chọn lọc bằng 3 chỉ thị phân tử SSR là pPGPSeq3F5, 7G2 và GA161 xác định trong số 63 mẫu giống đánh giá, có 26 mẫu giống (O713.24.1, ICGV6022, BW62, CG 38, L17, ICGV01239, O401.57.1, Dòng lai 14, ICGV01232, ICGV01238, L16, Dòng lai 2, VAG 03.2, ICGV01241, ICG 5051, BW15, BWP-1, BWP-3, BWP-5, BWP-6, BWP-7, BWP-8, BWP-11, BWP-12, BWP-13, Gié Nho Quan) vừa có khả năng chống chịu bệnh trên nền lây nhiễm bệnh nhân tạo, vừa thể hiện khả năng chống chịu bệnh thông qua chọn lọc bằng 3 chỉ thị SSR liên kết với tính trạng kháng bệnh héo xanh vi khuẩn.

4.2. Đề nghị

Sử dụng 26 mẫu giống có khả năng chống chịu bệnh HXVK làm vật liệu chọn tạo giống kháng bệnh trong các chương trình tạo giống.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nguyễn Văn Liễu, 1998. Xác định nguồn gen kháng bệnh HXVK trong tập đoàn các giống lạc hiện có ở Việt Nam và bước đầu sử dụng chúng trong công tác chọn giống chống bệnh. *Luận án Tiến sỹ Nông nghiệp*, Viện Khoa học kỹ thuật Nông nghiệp Việt Nam, Hà Nội.

2. Liao B.S., 2005. A broad review and perspectives on breeding for resistance to bacterial wilt. In: Bacterial wilt disease and the *Ralstonia solanacearum* species complex, p. 225-238, *America Phytopathological Society*.

3. Mehan V.K., Liao B.S., Tan Y.J and Hayward A.C., 1994. Bacterial wilt of groundnut. *ICRISAT information bulletin* No.35, ICRISAT, Hyderabad, India, 23 pp.

4. Mehan V.K. and McDonald D.,1995. Techniques for diagnosis of *Pseudomonas solanacearum*, and for resistance screening against groundnut bacterial wilt. *Technical Report*. International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics.

5. Saghai-Maroof M.A., Biyashev R.M., Yang G.P., Zhang Q., Allard R.W., 1984. Extraodirarily polymorphic microsetellite DNA in barley: Species diversity, chromosome location, and population dynamics. PNAS, 91: 5466-5470.

6. Nguyễn Văn Viết, Nguyễn Thị Vân, Lê Thị Bích Thủy, Nguyễn Mạnh Hùng, Ngọ Văn Ngôn, Ngô Thị Thùy Linh, 2014. Kết quả nghiên cứu xác định biovar và đa dạng di truyền một số isolate vi khuẩn *Ralstonia solanacearum* Smith gây bệnh héo xanh hại lạc ở một số tỉnh trồng lạc miền Bắc Việt Nam. *Tạp chí Khoa học và công nghệ Nông nghiệp Việt Nam số 7/2014.*

Phản biện: **PGS.TS. Phạm Xuân Hội**