

ĐÁNH GIÁ QUAN HỆ DI TRUYỀN TRÊN QUẦN THỂ LÚA HỒI GIAO CHẤT LƯỢNG CAO OM6976*5/KDML105

Hồ Văn Được¹, Bùi Phước Tâm¹,
Phạm Thị Bé Tư¹, Nguyễn Thị Lang²

TÓM TẮT

Quần thể lai hồi giao OM6976*5/KDML105 ở thế hệ BC₄F₂ được sử dụng để đánh giá mối quan hệ di truyền giữa các cá thể thông qua việc xây dựng bản đồ di truyền (GGT). Các dòng con lai được kiểm tra các gen định vị trên 12 nhiễm sắc thể của cây lúa thông qua bộ chỉ thị phân tử liên kết (SSR). Qua phân tích bản đồ GGT ở thế hệ BC₄F₂ xác định được 1 dòng BC₄F₂-44 mang gen *waxy* đồng hợp tử và có 100% gen được đánh dấu trên 12 nhiễm sắc thể giống với cá thể mẹ. Ở thế hệ BC₄F₃, có 110 dòng BC₄F₃ (D191-D300) được phát triển từ dòng triển vọng BC₄F₂-44 trên đồng ruộng trong vụ Đông Xuân 2016 - 2017 và chọn ra được 02 dòng có tiềm năng năng suất cao và phẩm chất tốt là D296 (7,17 tấn/ha) và D233 (7,13 tấn/ha). Các dòng này được đề xuất thử nghiệm và phát triển diện rộng.

Từ khóa: Quan hệ di truyền, chỉ thị phân tử, chất lượng cao, gen *waxy*, graphical genotyping (GGT)

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong công tác chọn tạo giống lúa, lai hồi giao là phương pháp chuyển một hoặc một vài gen mục tiêu từ giống cho gen (donor) sang giống nhận gen (recipient) trong khi vẫn giữ lại các đặc tính quan trọng của giống nhận. Việc ứng dụng chỉ thị phân tử (MABC - Marker Assisted Back Crossing) cho phép giải mã di truyền của con lai ở mỗi thế hệ, rút ngắn thời gian chọn tạo, do đó tăng hiệu quả chọn lọc gen trên một đơn vị thời gian (Hospital, 2003). MABC đã được sử dụng trong nhiều nghiên cứu tạo chọn giống lúa chất lượng cao trước đây (Hasan *et al.*, 2015; Nguyen Thi Lang and Bui Chi Buu, 2004).

Mối quan hệ di truyền trong quần thể còn được xem xét và phát triển không chỉ các gen trên nhiễm sắc thể mục tiêu, mà nó còn được mở rộng ra trên toàn bộ 12 nhiễm sắc thể. Phương pháp lập bản đồ quan hệ di truyền GGT (Graphical Geno Typing) do Young và Tanksley đề xuất (1989) và sau đó, Van-Berllo (2008), Milne và cộng tác viên (2010) đã xây dựng phần mềm chuyên dụng GGT 2.0. Đây là phần mềm ứng dụng do nhóm tác giả của Đại học Wageningen phát triển, khi đó các alen thể hiện đồng hợp trội, đồng hợp lặn, dị hợp ở tất cả các con lai trong một quần thể, cho phép công tác chọn lọc các cá thể quy tụ những gen mong muốn một cách có hiệu quả nhất trong một thời gian ngắn nhất.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Giống mẹ là OM 6976 và giống bố là Khao Daw Mali 105 (KDML105).

Giống đối chứng: IR50404.

Quần thể lai hồi giao BC₄F₂ (OM6976*5/KDML105) bao gồm 50 cá thể.

Tổng cộng 27 chỉ thị phân tử SSR (Simple Sequence Repeat) bao phủ trên 12 nhiễm sắc thể của cây lúa được dùng trong thí nghiệm, bao gồm: RM1, RM583 (NST1); RM240, RM6 (NST2); RM347, RM7345 (NST3); RM471, RM241 (NST4); RM440, RM1024 (NST5); RM469, Wx, RM402, RM162, RM1031 (NST6); RM1204, RM6152 (NST7); RM339, RM256 (NST8); RM257, RM6051 (NST9); RM304, RM228 (NST10); RM7557, RM167 (NST11); RM512, RM463 (NST12) (Nguồn: <http://www.gramene.org>).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp ly trích DNA và khuếch đại gen bằng PCR

DNA được ly trích theo phương pháp SDS (Sodium Dodecyl Sulfate) và khuếch đại gen theo phương pháp PCR (Polymerase Chain Reaction) với chỉ thị SSR (IRRI, 2006).

2.2.2. Lập bản đồ quan hệ di truyền GGT

Lập bản đồ GGT theo Van-Berllo (2008) thông qua các bước như sau:

(1) Nhập dữ liệu trên phần mềm Excel: mã hóa gen của quần thể với A, B là kiểu gen đồng hợp tử của cây bố mẹ; H là kiểu gen dị hợp tử; U là kiểu gen chưa được xác định.

(2) Nhập dữ liệu vào cửa sổ GGT: chuyển đổi dữ liệu Excel sang dữ liệu GGT.

(3) Xử lý số liệu trong GGT.

(4) Đăng xuất kết quả.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 6 đến tháng 10 năm 2018 tại Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long.

¹Trường Đại học Cần Thơ; ²Viện Nghiên cứu Nông nghiệp Công nghệ cao Đồng bằng sông Cửu Long

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

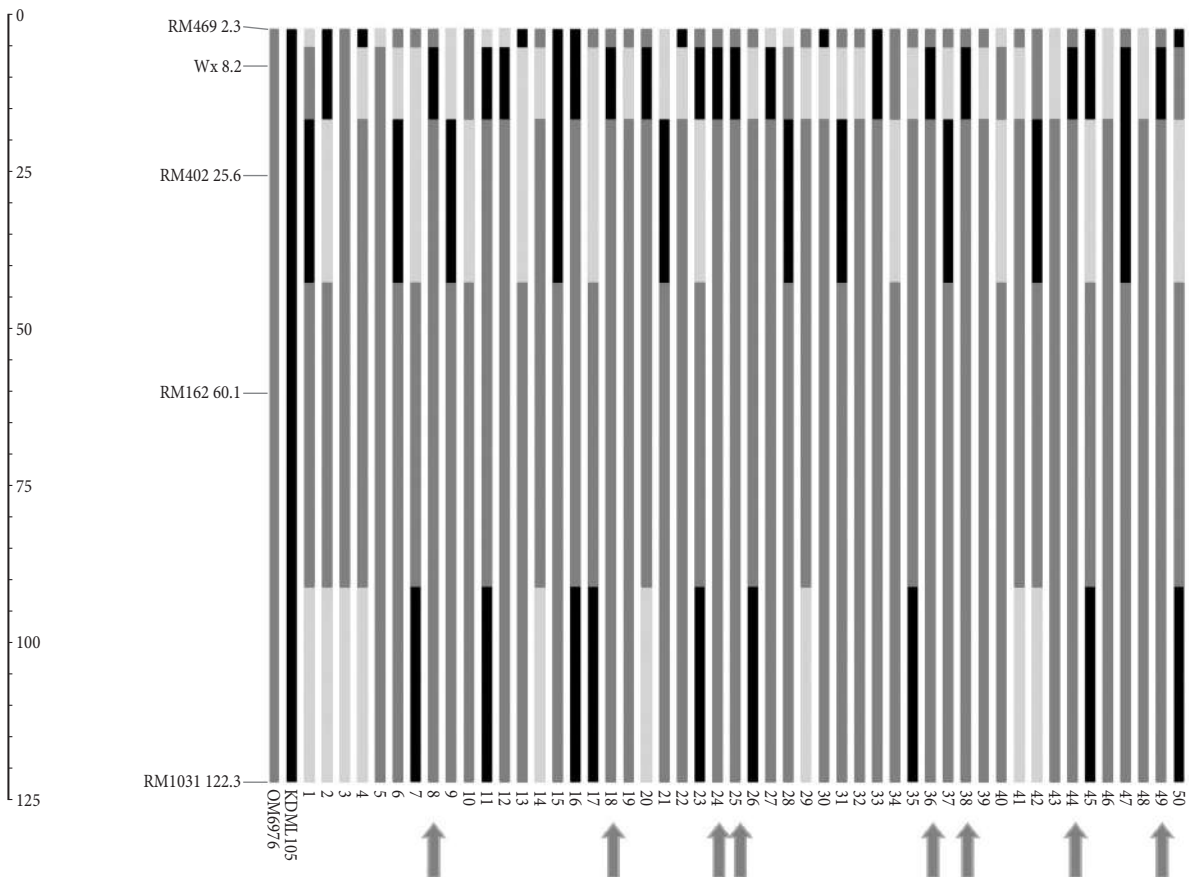
3.1. Kết quả khuếch đại các gen mục tiêu trên 12 nhiễm sắc thể của cây lúa

Các cá thể BC₄F₂ của quần thể hồi giao OM6976*5/KDML105 được đánh giá mức độ di truyền so với mẹ (OM6976) và bố (KDML105) dựa trên một số chỉ thị phân tử được đánh dấu trên nhiễm sắc thể mục tiêu (NST6) và 11 nhiễm sắc thể khác. Các cá thể được mong đợi chỉ mang gen *waxy* giống cá thể bố, còn các gen khác thì giống với cá thể mẹ. Kết quả trên bảng 1 cho thấy có sự đa dạng di truyền rất phong phú của các dòng con lai so với bố mẹ. Điều này có thể giải thích do sự phân ly độc lập và tổ hợp tự do của các gen tính trạng làm cho quần thể

con lai có hệ gen phong phú mặc dù đều xuất phát từ một cá thể bố và một cá thể mẹ.

3.2. Chọn lọc các cá thể BC₄F₂ của quần thể lai hồi giao OM6976*5/KDML105 trên nhiễm sắc thể mục tiêu

Trên nhiễm sắc thể số 6 (nhiễm sắc thể mục tiêu) (Nguyễn Thị Lang, 2004), gen *waxy* định vị ở vị trí 8,2 cm liên kết với chỉ thị phân tử Wx. Trong số 50 cá thể thể BC₄F₂, có 8 cá thể cây lúa (BC₄F₂-8, BC₄F₂-18, BC₄F₂-24, BC₄F₂-25, BC₄F₂-36, BC₄F₂-38, BC₄F₂-44 và BC₄F₂-49) biểu hiện mang gen *waxy* và các gen khác đồng hợp giống như cây mẹ (OM6976) (Hình 1).



Hình 1. Sự đa dạng di truyền của 50 cá thể trong quần thể lai hồi giao OM6976*5/KDML105 ở thế hệ BC₄F₂ trên nhiễm sắc thể số 6

Ghi chú: NST: Nhiễm sắc thể; Màu đen: kiểu gen theo cây bố (KDML 105); Màu xám: kiểu gen theo cây mẹ (OM6976); Màu trắng: kiểu gen dị hợp tử; Mũi tên: đánh dấu các cá thể được lựa chọn, 1 - 50: các cá thể của quần thể lai hồi giao OM6976*5/KDML105.

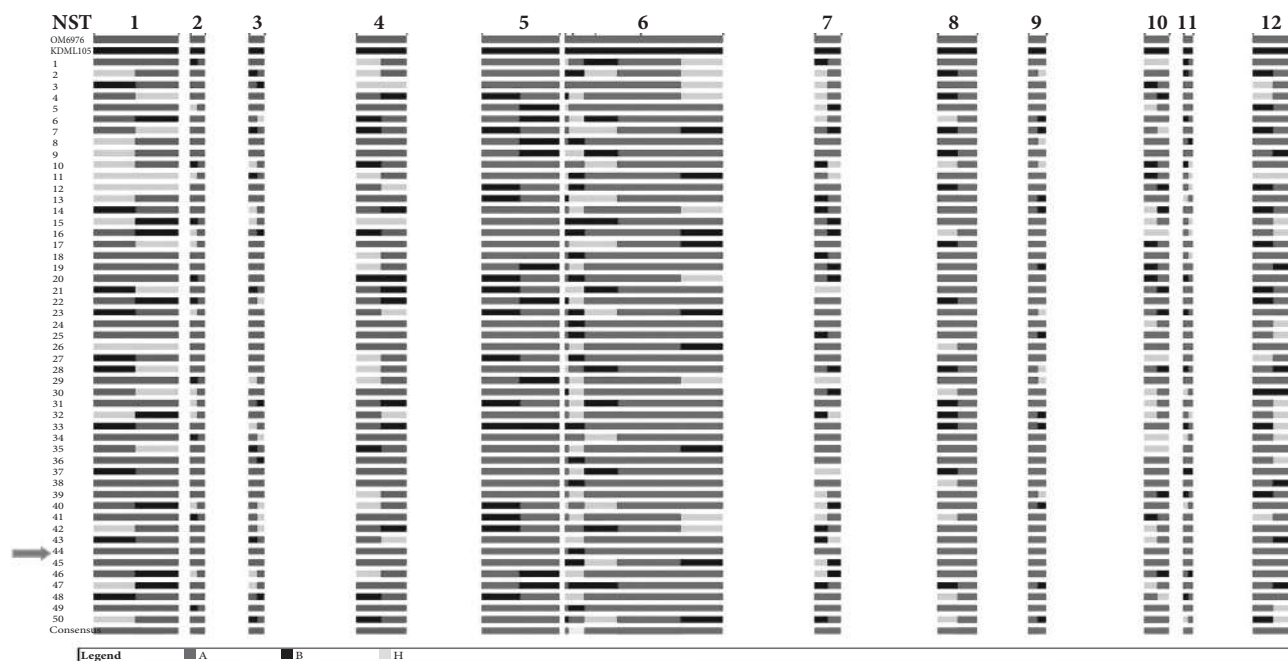
3.3. Chọn lọc các cá thể BC₄F₂ của quần thể lai hồi giao OM6976*5/ KDML105 trên 12 nhiễm sắc thể của cây lúa

Tám cá thể được chọn khi đánh giá trên nhiễm sắc thể mục tiêu (nhiễm sắc thể số 6) được kiểm

tra các gen định vị trên toàn bộ 12 nhiễm sắc thể (Hình 1). Kết quả cho thấy rằng mặc dù trên nhiễm sắc thể mục tiêu, 8 cá thể hoàn toàn phù hợp với mục tiêu chọn lọc, tuy nhiên khi đánh giá trên 12 nhiễm sắc thể, các dòng này lại biểu hiện sự thừa hưởng gen

từ bố mẹ rất khác nhau. Mục tiêu của chọn lọc dòng hồi giao trong thí nghiệm này là mong muốn tìm kiếm được các cá thể hoàn toàn giống với cá thể mẹ nhưng mang thêm gen *waxy*. Như vậy, chỉ có 1 dòng

duy nhất được chọn lọc là dòng BC₄F₂-44. Dòng này mang gen *waxy* và tỷ lệ đồng hợp gen theo cá thể mẹ (trừ gen mục tiêu) là 100% (Hình 2).



Hình 2. Sự đa dạng di truyền các gen từ bố mẹ của quần thể lai hồi giao OM6976*5/KDML105 ở thế hệ BC₄F₂ trên 12 nhiễm sắc thể

Ghi chú: NST: Nhiễm sắc thể; Màu đen: kiểu gen theo cây bố (KDML105); Màu xám: kiểu gen theo cây mẹ (OM6976); Màu trắng: kiểu gen dị hợp tử; Mũi tên: đánh dấu cá thể được lựa chọn, 1 - 50: các cá thể của quần thể lai hồi giao OM6976*5/KDML105.

3.4. Đánh giá và chọn lọc cá thể BC₄F₃ của tổ hợp OM6976*5/KDML105

Trong vụ Đông Xuân 2016 - 2017, từ dòng BC₄F₂-44, 110 dòng BC₄F₃ (D191-D300) của tổ hợp lai hồi giao OM6976*5/KDML105 được gieo trồng trên đồng ruộng (Hình 3a). Trong đó, 50 dòng được chọn để đánh giá phẩm chất vì dạng hình cây cứng cáp, đẹp, ít nhiễm sâu bệnh. Hàm lượng amylose của các dòng dao động 16,5 - 27,8% và đạt trung bình 23,3% (Bảng 2). Các dòng có hàm lượng amylose tương đương và nhỏ hơn 20% (hàm lượng amylose thấp) bao gồm: dòng BC₄F₃-195, BC₄F₃-205, BC₄F₃-230, BC₄F₃-233, BC₄F₃-237, BC₄F₃-276, BC₄F₃-285 và BC₄F₃-296. Qua kiểm chứng độ bền gel và độ trở hồ cho thấy các dòng này đều biểu hiện là các dòng có phẩm chất cơm mềm, dẻo (độ bền gel 74,8 - 93,4 mm, độ trở hồ ở cấp 6 - 7). Tám dòng này tiếp tục được lựa chọn để đánh giá kiểu gen liên quan hàm lượng amylose thấp.

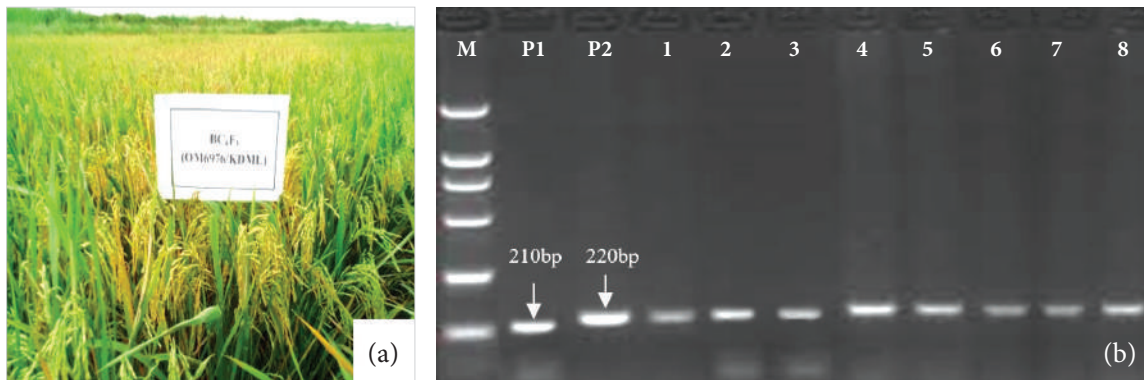
Với chỉ thị Wx, 8 dòng lúa (D195, D205, D230, D233, D237, D276, D285 và D296) được khuếch đại kiểu gen liên quan hàm lượng amylose thấp thông qua phương pháp PCR (Hình 3b). Trên gel agarose 3% ghi nhận 8 dòng lúa này đều biểu hiện băng ở vị trí 220 bp, tương ứng với vị trí băng của KDML105, trong khi đó, giống OM6976 lại biểu hiện băng hình ở vị trí 210 bp. Điều này chứng tỏ rằng 8 dòng lúa có mang gen *waxy*.

Qua đánh giá kiểu hình và kiểu gen liên quan đến hàm lượng amylose cho thấy, 8 dòng lúa (D195, D205, D230, D233, D237, D276, D285 và D296) của tổ hợp hồi giao OM6976*5/KDML105 được chứng minh có hàm lượng amylose thấp. Các dòng này tiếp tục được đánh giá một số đặc tính nông học, các thành phần năng suất và năng suất để chọn ra dòng vừa có amylose thấp vừa có năng suất cao.

Bảng 1. Phẩm chất các dòng BC₄F₃ của quần thể OM6976*5/KDML105 trồng trong vụ Đông Xuân 2016 - 2017

STT	Tên	Ký hiệu	AC (%)	GC (mm)	GT (cấp)	STT	Tên	Ký hiệu	AC (%)	GC (mm)	GT (cấp)
1	BC4F3-193	D193	25,7 ef	38,7 xy	2	29	BC4F3-254	D254	24,5 j	45,0 o-q	2
2	BC4F3-194	D194	26,5 bc	30,5 G	2	30	BC4F3-263	D263	21,9 p	65,6 g	5
3	BC4F3-195	D195	16,5 w	93,4 b	7	31	BC4F3-264	D264	25,0 hi	41,0 t-v	2
4	BC4F3-197	D197	23,9 kl	49,7 k	3	32	BC4F3-267	D267	23,9 kl	43,5 q-s	3
5	BC4F3-198	D198	24,5 j	41,0 t-v	3	33	BC4F3-270	D270	26,0 de	35,0 D	2
6	BC4F3-202	D202	25,2 gh	39,2 w-y	2	34	BC4F3-271	D271	22,7 no	59,5 h	4
7	BC4F3-203	D203	24,2 jk	42,5 st	3	35	BC4F3-272	D272	25,5 fg	37,0 A	2
8	BC4F3-205	D205	18,9 t	88,9 d	6	36	BC4F3-273	D273	27,8 a	30,5 F	1
9	BC4F3-206	D206	22,3 op	59,8 h	4	37	BC4F3-274	D274	25,0 hi	36,3 B	2
10	BC4F3-207	D207	24,5 j	46,2 m-o	2	38	BC4F3-275	D275	25,3 f-h	35,2 C	2
11	BC4F3-220	D220	25,5 fg	38,0 z	2	39	BC4F3-276	D276	17,8 v	91,0 c	7
12	BC4F3-224	D224	24,5 j	45,0 o-q	2	40	BC4F3-278	D278	24,5 j	40,5 u-w	2
13	BC4F3-225	D225	23,5 lm	50,0 k	3	41	BC4F3-279	D279	23,5 lm	44,4 p-r	3
14	BC4F3-226	D226	24,6 ij	47,7 lm	2	42	BC4F3-285	D285	18,7 t	75,5 f	6
15	BC4F3-227	D227	24,5 j	45,3 op	2	43	BC4F3-287	D287	24,5 j	41,2 t	2
16	BC4F3-228	D228	26,3 cd	32,8 E	2	44	BC4F3-288	D288	25,1 gh	38,6 y	2
17	BC4F3-229	D229	25,0 hi	40,2 u-x	2	45	BC4F3-289	D289	23,9 kl	46,5 m-o	3
18	BC4F3-230	D230	18,3 u	91,1 c	6	46	BC4F3-290	D290	22,6 o	55,5 i	4
19	BC4F3-231	D231	22,5 o	59,3 h	5	47	BC4F3-291	D291	24,5 j	42,7 r-t	2
20	BC4F3-232	D232	23,5 lm	47,8 lm	3	48	BC4F3-293	D293	24,0 k	43,2 q-s	2
21	BC4F3-233	D233	18,9 t	75,6 f	6	49	BC4F3-296	D296	20,3 r	74,8 f	6
22	BC4F3-234	D234	23,8 kl	52,5 j	3	50	BC4F3-299	D299	22,5 o	56,3 i	5
23	BC4F3-235	D235	23,2 m	48,4 kl	4	51	KDML105	đ/c 4	15,1 x	98,0 a	7
24	BC4F3-237	D237	19,7 s	78,9 e	6	52	OM6976	đ/c 2	25,4 f-h	53,6 j	2
25	BC4F3-238	D238	23,2 m	47,2 l-n	3	53	IR50404	đ/c 3	26,7 b	45,5 n-p	2
26	BC4F3-242	D242	21,2 q	66,3 g	5	<i>F</i>			**	**	-
27	BC4F3-243	D243	23,1 mn	58,5 h	4	<i>CV (%)</i>			1,07	1,89	-
28	BC4F3-249	D249	22,3 op	55,7 i	4						

Ghi chú: AC: Hàm lượng amylose; GC: Độ bền thể gel (mm); GT: Nhiệt độ trở hồ (cấp 1 - 7); ** khác biệt có ý nghĩa thống kê 99%.



Hình 3. Quần thể ngoài đồng (a) và kết quả sản phẩm PCR của các dòng BC₄F₃ của quần thể hồi giao OM6976*5/KDML105 với chỉ thị Wx trên gel agarose 3% (b)

Ghi chú: M: thang chuẩn DNA (1 Kb); P1: OM6976; P2: KDML105; 1-8: các cá thể BC₄F₃ lần lượt là: D195, D205, D230, D233, D237, D276, D285 và D296.

Các dòng lúa có thời gian sinh trưởng khá ngắn (100 - 105 ngày) so với giống bố KDML105. Chiều cao cây dao động từ 105 - 123 cm. Các dòng nở bụi khá tốt. Chiều dài bông đạt trung bình và chênh lệch không nhiều giữa các dòng (20,8 - 24,2 cm). Trong vụ đông xuân, các dòng lúa có số hạt chắc khá cao và tỷ lệ lép không khác biệt lớn. Khối lượng 1000 hạt khác biệt có ý nghĩa giữa các dòng, dao động trong khoảng

24 - 29 g. Về năng suất, năng suất biến thiên rất khác nhau, năng suất chênh lệch từ 3,60 - 7,17 tấn/ha. Các dòng có năng suất cao trên 7 tấn/ha bao gồm: D296 (7,17 tấn/ha) và D233 (7,13 tấn/ha). Hai dòng này là các dòng triển vọng vì vừa có hàm lượng amylose thấp (cơm mềm dẻo) và vừa cho năng suất khá cao (Bảng 3).

Bảng 2. Các đặc tính nông học và năng suất của các dòng BC₄F₃ và bố mẹ trồng trong vụ Đông Xuân 2016 - 2017

Tên dòng	TGST ¹ (ngày)	Chiều cao cây (cm)	Số bông/ bụi (bông)	Chiều dài bông (cm)	Số hạt chắc/ bông (hạt)	Tỷ lệ hạt lép/ bông (%)	Khối lượng 1000 hạt (g)	Năng suất (tấn/ha)
D195	100 105	106,9d	7,0de	24,2b	174,7ab	21,45a	24,40c	5,10d
D205	100 - 105	116,8bc	9,6bc	22,9b-d	144,7a-c	32,86a	29,22a	3,93ef
D230	100 - 105	107,7d	10,8ab	23,7bc	115,9bc	29,21a	30,21a	6,17bc
D233	100 - 105	117,7b	6,8de	23,1b-d	192,2a	25,45a	29,36a	7,13ab
D237	100 - 105	105,4d	9,2b-d	23,1b-d	152,7a-c	24,50a	26,47b	5,67cd
D276	100 - 105	106,9d	6,7e	21,2cd	167,2ab	28,68a	24,64c	4,97de
D285	100 - 105	122,6b	9,7bc	20,9d	117,3bc	28,96a	27,28b	4,80de
D296	100 - 105	107,6d	7,6c-e	23,0b-d	133,7a-c	25,14a	26,59b	7,17ab
KDML105	115 - 120	137,2a	12,7a	20,8d	93,7c	20,08a	24,63c	3,60f
OM6976	100 - 110	110,0cd	11,3ab	29,6a	132,7a-c	30,40a	25,80bc	7,67a
F	-	**	**	**	**	ns	**	**
CV (%)	-	2,10	9,24	4,02	16,02	28,91	2,13	6,46

Ghi chú: 1: TGST - Thời gian sinh trưởng, ** - khác biệt có ý nghĩa thống kê 99%, ns - không khác biệt có ý nghĩa thống kê.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

Việc phân tích các gen được đánh dấu trên 12 nhiễm sắc thể thông qua bản đồ GGT giúp cho việc chọn lọc các dòng hồi giao hiệu quả hơn so với việc chỉ đánh giá gen mục tiêu. Phân tích GGT giúp nhà chọn giống có cái nhìn tổng quát hơn về quần thể lai tạo. Qua đánh giá, các dòng có triển vọng vừa có năng suất cao và hàm lượng amylose thấp bao gồm D296 và D233. Các dòng này được đề xuất tiếp tục chọn lọc thành các dòng thuần để phát triển trên diện rộng.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Nguyễn Thị Lang, 2004. Nghiên cứu gen waxy trên hạt gạo bằng marker phân tử. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*, 9: 1170-1171.

Gramene, accessed on 29/5/2018. Available from: http://www.archive.gramene.org/db/markers/marker_view?action=view_feature_type&feature_type_id=14.

Hasan M, Rafii MY, Ismail MR, Mahmood M, Rahim HA, Alam MA, Ashkani S, Malek MA, Latif MA, 2015. Review: Agriculture and environmental

biotechnology. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 29 (2): 237-254.

Hospital F, 2003. Marker-assisted breeding. In: *Newbury HJ (ed) Plant molecular breeding*. Blackwell Publishing and CRC Press, Oxford/Boca Raton, pp 30-59.

International Rice Research Institute (IRRI), 2006. *Training document "Molecular Breeding Course"*. IRRI, Manila, Philippines.

Milne, I., P. Shaw., G. Stephen., M. Bayer., L. Cardle., W.T.B. Thomas., A.J. Flavell. and D. Marshall, 2010. Flapjack-graphical genotype visualization. *Bioinformatics* 26: 3133-3134.

Nguyen Thi Lang, Bui Chi Buu, 2004. Quantitative analysis on amylose content by DNA markers through backcross populations of rice (*Oryza sativa* L.). *Omonrice*, 12: 13-18.

Van-Berllo, 2008. GGT 2.0: Versatile software for visualization and analysis of genetic data. *J Hered*, 99 (2): 232-236.

Young ND, Tanksley SD, 1989. Restriction fragment length polymorphisms maps and the concept of graphical genotypes. *Theoretical and Applied Genetics*, 77 (1): 95-101.

Graphical genotyping of a backcross population of OM9676/KDML105 for development of yield and quality rice lines

Ho Van Duoc, Bui Phuoc Tam,
Pham Thi Be Tu, Nguyen Thi Lang

Abstract

In the BC_4F_2 generation, the backcross population of OM6976*5/KDML105 was evaluated the genetic relationship between individuals through graphical genotyping (GGT). The generations of backcross rice lines were tested for the genes covering all 12 rice chromosomes by linked molecular markers. Analysis of the GGT map in the BC_4F_2 generation showed that one line (BC4F2-44) carrying the homogenous *waxy* gene as well as 100% of marked genes in the maternal individual on 12 chromosomes. In the BC_4F_3 generation, the elite line (BC₄F₂-44) developed into 110 BC_4F_3 lines (D191-D300) and grew on field in Winter-Spring crop season of 2016 - 2017. The high yield and good quality rice lines were selected as D296 (7.17 tons/ha) and D233 (7.13 tons/ha). These lines were proposed for extensive development.

Keywords: Genetic relation, molecular marker, good quality, *waxy* gene, graphical genotyping (GGT)

Ngày nhận bài: 07/02/2020

Người phản biện: TS. Nguyễn Thế Cường

Ngày phản biện: 19/02/2020

Ngày duyệt đăng: 27/02/2020

ĐÁNH GIÁ SINH TRƯỞNG, NĂNG SUẤT VÀ CHẤT LƯỢNG CỦA GIỐNG LÚA THƠM HDT10 TẠI TÍCH GIANG, PHÚC THỌ, HÀ NỘI

Phùng Thị Thu Hà¹, Đỗ Thị Thanh Hoa²

TÓM TẮT

Giống lúa thơm HDT10 do Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm chọn tạo được đánh giá so sánh với các giống lúa thuần Khang Dân 18 (KD18), Bắc Thơm số 7 (BT7), Hương Thơm số 1 (HT1) đang được gieo trồng tại Tích Giang - Phúc Thọ - Hà Nội trong vụ Xuân và vụ Mùa năm 2017. Kết quả nghiên cứu cho thấy: Giống lúa HDT10 là giống ngắn ngày (thời gian sinh trưởng trong vụ Xuân 134 ngày, vụ Mùa 105 ngày), chiều cao cây đạt từ 112 - 114 cm, phù hợp với cơ cấu lúa đại trà tại Tích Giang - Phúc Thọ, có thể gieo cấy cả ở vụ Xuân và vụ Mùa. Giống lúa HDT10 thể hiện ưu điểm trội hơn ở ngoài đồng ruộng so với các giống lúa thuần tại địa phương: năng suất giống HDT10 (đạt 55,0 - 59,1 tạ/ha) cao hơn hẳn các giống KD18, BT7, HT1, ở cả vụ Xuân và vụ Mùa và ít sâu bệnh hại. HDT10 cho hạt gạo trắng và có mùi thơm, cơm mềm và dính như BT7 và HT1. Giống HDT10 thích hợp để thay thế các giống lúa thuần đang trồng tại vùng đất Tích Giang - Phúc Thọ - Hà Nội.

Từ khóa: Chất lượng, giống lúa HDT10, lúa thơm, năng suất, Tích Giang - Phúc Thọ

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa là cây lương thực chiếm vị trí quan trọng của một nửa dân số thế giới, đặc biệt là ở châu Á, châu Phi và Nam Mỹ. Lúa có sản lượng đứng hàng thứ ba trên thế giới sau ngô và lúa mì, góp phần đảm bảo an ninh lương thực cho con người và ảnh hưởng đến tình trạng nghèo đói trên thế giới. Ở Việt Nam, cây lúa có một bề dày về nền văn minh lúa nước, với khoảng 80% hộ gia đình nông thôn trong cả nước tham gia sản xuất lúa gạo (Đỗ Đình Thuận, 2001). Sản xuất lúa gạo đã ảnh hưởng tới thu nhập và đời sống của trên 70% dân số Việt Nam, cũng như ảnh hưởng tới sự ổn định chính trị - xã hội trong nước.

Trong đó, các giống lúa thơm chất lượng cao đặc biệt được ưa chuộng và ưu tiên phát triển. Các giống lúa thơm nhập nội từ Trung Quốc vào nước ta như Bắc thơm số 7 (BT7), Hương thơm số 1 (HT1) là những giống lúa thơm ngắn ngày, chất lượng nhưng chống chịu kém với một số sâu bệnh hại chính như rầy nâu, bệnh đạo ôn, đặc biệt là bệnh bạc lá và đang có biểu hiện suy thoái (Nguyễn Xuân Dũng và *ctv.*, 2010; Phạm Văn Cường và *ctv.*, 2015). Chính vì vậy, việc chọn tạo các giống lúa thơm, chất lượng cao mới, đáp ứng yêu cầu của thực tế sản xuất đang là hướng ưu tiên phát triển.

¹ Bộ môn Thực vật, Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

² Học viên K25 Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam