

Selection of “Sanh orange” elite trees grown in Ham Yen district, Tuyen Quang province

Dao Thanh Van, Duong Thi Nguyen

Abstract

Sanh orange (*Citrus nobilis* Blanco) has been concentratedly cultivating in Ham Yen district, Tuyen Quang province and plays an important role in improving local livelihood; but this orange variety is characterized by seedy fruits and a bit sour resulting in lowering benefit. 17 villages of 7 communes in Ham Yen district were selected for surveying and 750 survey forms were filled up. 20 individuals of Sanh orange variety were identified as elite ones and 19 (95%) out of them were propagated by grafting and 19 (95%) individuals had the age of more than 8 years old with orange color of fruit skin and flesh which were special for this orange variety. Two individuals coded as PL01 and PL02 had the edible ratio of more than 65%; other 8 individuals coded as YL03, YL06, YL07, TT03, TT04, PL01, PL02 and PL05 had sugar Brix over 12%; 4 individuals as PLNN01, PLNN02, PL01, PL02 had 10 - 12 seeds/fruit. 2 individuals had high yield (255 g/fruit for PL01 and 262 g/fruit for PL02) and the yield of PL02 was stable in 3 years. Of two primarily selected individual trees, PL 02 was recognized by the Dept. of Agriculture and Rural Development of Tuyen Quang Province as Sanh orange elite tree with the code C.CAMSANH.08.074.02392.15.01 because of its regular yield (228 kg in 2015), high edible part percentage (more than 65%) and few seeds (less than 12 seeds/fruit).

Key words: *Citrus nobilis* Blanco, PL02, Sanh Ham Yen orange, seedless orange

Ngày nhận bài: 8/7/2017

Người phản biện: GS.TS. Vũ Mạnh Hải

Ngày phản biện: 14/7/2017

Ngày duyệt đăng: 27/7/2017

ĐÁNH GIÁ KHẢ NĂNG CHỐNG CHỊU CỦA MỘT SỐ NGUỒN GEN LÚA VIỆT NAM

Tạ Hồng Linh¹, Trần Đức Trung¹, Lê Quốc Thanh¹,
Bùi Quang Đăng¹, Rakesh Kumar Singh², Dixit Shalabh²

TÓM TẮT

Đánh giá nguồn gen lúa là khâu quan trọng nhằm xác định và lựa chọn nguồn vật liệu phù hợp cho chương trình chọn giống theo mô hình MAGIC. 146 giống lúa Việt Nam đã được đánh giá về khả năng chống chịu ngập, mặn, hạn trong điều kiện nhân tạo và sàng lọc kiểu gen liên quan bằng chỉ thị SNP. Kết quả nghiên cứu đã xác định được 5 giống có khả năng chịu ngập tốt (OM8923 và Q5) và rất tốt (ML202, PY1 và AN4), 1 giống (Độc Trắng) chịu mặn trung bình ở nồng độ 9‰ và 16 giống có tiềm năng chịu hạn tốt. Phân tích kiểu gen dựa trên 52 chỉ thị SNP đã xác định được 83; 1; 44 giống mang haplotype tương ứng với các locut *SUB1*, *qDTY_{3.1}* và *qDTY_{12.1}*. Đặc biệt, các chỉ thị này cũng phân nhóm chính xác các dòng/giống lúa cải tiến và giống lúa địa phương trong bộ giống nghiên cứu.

Từ khóa: Lúa, chịu ngập, chịu mặn, chịu hạn, SNP (single-nucleotide polymorphism)

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Khả năng chịu ngập, mặn, hạn của cây lúa là một quá trình phức tạp, bao gồm nhiều chu trình điều hòa sinh tổng hợp với sự tham gia của nhiều thành phần ở cấp độ phân tử và tế bào. Các nghiên cứu lập bản đồ di truyền, phân lập và phân tích gen đã xác định được những locut/gen có vai trò chính hoặc liên quan đến khả năng chống chịu các điều kiện bất thuận ở các giai đoạn sinh trưởng, phát triển khác nhau của lúa. Locut *SUB1* quy định tính trạng chịu ngập bao gồm 3 gen mã hóa yếu tố đáp ứng ethylene

(ERF) *Sub1A*, *Sub1B* và *Sub1C*. Trong khi các gen *Sub1B* và *Sub1C* có mức độ biểu hiện rất thấp ở giống lúa chịu ngập, gen *Sub1A* có hai alen tạo thành do đột biến điểm tại amino axit thứ 186 được xác định tại giống lúa chịu ngập (Ser 186 ở alen *Sub1A-1*) và giống mẫn cảm với ngập (Pro186 ở alen *Sub1A-2*) (Xu *et al.*, 2006). Locut *qSaltol* mang gen tích tụ ion K⁺ tại chổ *SKC1* tại vị trí 10,7-12,2 Mb trên nhiễm sắc thể (NST) số 1 là QTL chính quy định tính chịu mặn ở giai đoạn mạ (Ren *et al.*, 2005). Ngoài ra các QTL chịu mặn thứ yếu khác cũng đã được xác

¹ Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam, ² Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế (IRRI)

định trên các NST 3, 4, 6, 7 và 9 (Takagi *et al.*, 2015; Tiwari *et al.*, 2016; Reddy *et al.*, 2017). Bên cạnh các nhân tố điều hòa trực tiếp tham gia quy định khả năng chịu hạn ở lúa, $qDTY_{1.1}$, $qDTY_{3.1}$ và $qDTY_{12.1}$ được xác định là những QTL chính duy trì và cải thiện năng suất lúa trong điều kiện hạn (Vikram *et al.*, 2011; Swamy *et al.*, 2013). Không chỉ góp phần làm sáng tỏ bản chất di truyền các đặc tính chống chịu, các QTL trên còn là công cụ hữu ích cho các nghiên cứu đánh giá, khảo sát nguồn vật liệu chống chịu cho chương trình chọn tạo giống lúa.

Là một trong những trung tâm đa dạng sinh học nguồn gen lúa gạo trên thế giới, Việt Nam sở hữu tập đoàn nguồn gen lúa địa phương phong phú và rất nhiều giống lúa thuần trong sản xuất mang nhiều đặc tính quý về chất lượng, giá trị dinh dưỡng cũng như khả năng chống chịu điều kiện bất thuận. Để khai thác hiệu quả nguồn vật liệu này cho chương trình chọn tạo giống, công tác đánh giá nguồn gen cả về các chỉ tiêu hình thái và kiểu gen mục tiêu là một khâu quan trọng. Thời gian qua, nhiều nghiên cứu đánh giá nguồn gen lúa Việt Nam về khả năng chống chịu các điều kiện bất thuận ngập, mặn, hạn đã được thực hiện, góp phần nâng cao hiệu quả công tác chọn tạo giống. Tuy nhiên, để có được thông tin tổng thể nhằm chọn lựa nguồn vật liệu phù hợp nhất, rất cần các nghiên cứu đánh giá nguồn gen được tiến hành chi tiết và trên quy mô lớn.

Thông qua hợp tác giữa Việt Nam và Viện Nghiên cứu Lúa quốc tế (IRRI), nghiên cứu này đã đánh giá khả năng chống chịu các điều kiện ngập, mặn, hạn kết hợp với sàng lọc các yếu tố di truyền liên quan thông qua các chỉ thị SNP của bộ 146 giống lúa Việt Nam (bao gồm các giống lúa địa phương và giống lúa sản xuất). Đây là nền tảng thiết lập cơ sở khoa

học để xác định, bổ sung nguồn gen lúa tiềm năng cho chương trình chọn tạo giống lúa chất lượng cao, năng suất vượt trội và có khả năng chống chịu các điều kiện bất thuận theo mô hình MAGIC (Multi-parent Advanced Generation Inter-Cross) (Bandillo *et al.*, 2013).

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Tập đoàn 146 giống lúa Việt Nam (bao gồm các giống lúa địa phương, các dòng lúa cải tiến và giống lúa thuần) là đối tượng đánh giá trong nghiên cứu này. Các dòng/giống lúa được sử dụng làm đối chứng cho các thí nghiệm bao gồm: IRRI 119, Swarna-Sub1, Ciherang-Sub1 và FR 13A (giống chịu ngập); IR 42, IR 64 và Swarna (giống mẫn cảm ngập); FL478 (giống chịu mặn); RC222 (giống mẫn cảm mặn); IR 64, IR 87707-445-B-B-B và IR 87707-446-B-B-B (giống chịu hạn).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.1.1. Đánh giá khả năng chịu ngập giai đoạn mạ trong điều kiện nhân tạo

Thí nghiệm được bố trí trong bể theo kiểu lưới ô vuông với 3 lần lặp lại. Cây mạ 14 ngày tuổi được xử lý ngập dưới 100 cm nước đến khi giống mẫn cảm ngập IR42 bị chết hoàn toàn (19 ngày) sẽ tiến hành rút nước cho cây phục hồi. Khả năng chịu ngập của mỗi giống được đánh giá dựa trên tỷ lệ cây sống sót so với giống đối chứng chịu ngập FR13A vào các thời điểm 7, 14 và 21 ngày sau khi rút nước (DAD, day after de-submergence) theo hệ thống đánh giá tiêu chuẩn cho lúa SES (Standard Evaluation System) (IRRI, 2002) ở bảng 1.

Bảng 1. Thang đánh giá khả năng chịu ngập và chịu mặn trong điều kiện nhân tạo

Điểm	Tỷ lệ % cây sống sau xử lý ngập so với đối chứng	Biểu hiện phản ứng mặn trong giai đoạn mạ	Tính chống chịu
1	100	Sinh trưởng bình thường, chỉ có lá già bị trắng ngọn lá trong khi lá non không có triệu chứng gì.	Rất tốt
3	95 - 99	Sinh trưởng gần như bình thường, các đầu lá bị cháy, một phần lá già bị trắng	Tốt
5	75 - 94	Chậm sinh trưởng nghiêm trọng, hầu hết là già bị tổn thương, chỉ một số lá non phát triển dài	Trung bình
7	50 - 74	Cây ngừng sinh trưởng, đa số lá khô, chỉ một số lá non còn xanh	Kém
9	0 - 49	Hầu hết cây bị chết hoặc đang chết	Rất kém

2.2.2. Đánh giá khả năng chịu mặn giai đoạn mạ trong điều kiện nhân tạo

Thí nghiệm được bố trí ngẫu nhiên với 3 lần lặp lại. Cây mạ gieo trên khay được trồng trong dung dịch dinh dưỡng Yoshida cải tiến (Singh *et al.*, 2010). Mạ 4 ngày tuổi được chuyển sang dung dịch dinh dưỡng bổ sung muối (EC = 12 dS/m, tương đương 6‰) trong 14 ngày và tiếp tục được chuyển sang dung dịch dinh dưỡng có nồng độ muối cao hơn (EC = 18 dS/m, tương đương 9‰). Khả năng chịu mặn của bộ giống được đánh giá dựa trên các triệu chứng quan sát được trên cây mạ tại 14 và 21 ngày sau khi xử lý mặn theo thang điểm SES (Bảng 1).

2.2.3. Đánh giá khả năng chịu hạn trong giai đoạn sinh thực

Bộ giống nghiên cứu được gieo thẳng trên đồng ruộng theo kiểu lưới ô vuông với hai lần lặp lại. Các số liệu về thời gian trổ (trên 50% tổng số cây trong mỗi ô thí nghiệm trổ), chiều cao cây (khi 80 - 85% tổng số bông chín, lấy chiều cao trung bình của 3 cây ngẫu nhiên trong mỗi ô thí nghiệm) và năng suất tính toán (dựa trên khối lượng hạt ở độ ẩm 14% thu được ở mỗi ô) được thu thập cho mỗi giống nghiên cứu để xác định khả năng chịu hạn trong giai đoạn sinh thực.

2.2.4. Đánh giá kiểu gen liên quan đến khả năng chịu ngập, mặn, hạn

ADN của 146 giống lúa trong tập đoàn nghiên

cứu cùng với các dòng/giống lúa đối chứng mang QTL chuẩn được tách chiết theo phương pháp CTAB cải tiến. Kiểu gen SNP tương ứng với các QTL mục tiêu (*SUB1* quy định khả năng chịu ngập; *qSaltol* quy định khả năng chịu mặn; *qDTY_{1.1}*, *qDTY_{2.1}* và *qDTY_{3.1}* quy định năng suất trong điều kiện hạn) được xác định bằng công nghệ lai ADN sử dụng 7K SNP chip dựa trên nền tảng Illumina Infinium tại IRRI (<http://gsl.irri.org/genotyping/infinium-7k>). Thông tin về các QTL mục tiêu cũng như các SNP tương ứng được liệt kê tại bảng 5.

2.2.5. Xử lý và phân tích số liệu

Số liệu đánh giá chỉ tiêu nông sinh học và tính chống chịu được xử lý bằng phần mềm Microsoft Excel và PTools v.1.4. Số liệu kiểu gen SNP, cây phân nhóm bộ giống lúa nghiên cứu được phân tích và xây dựng bằng phần mềm TASSEL v.5 (Bradbury *et al.*, 2007), cây phân nhóm được hiệu chỉnh bằng phần mềm FigTree v.1.4.3.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh giá khả năng chịu ngập

Trong ba thí nghiệm lặp lại, tỷ lệ cây sống giảm dần theo thời điểm đánh giá 7, 14 và 21 ngày sau khi rút nước, điểm trung bình tại các thời điểm đánh giá đều lớn hơn 5 (Bảng 2).

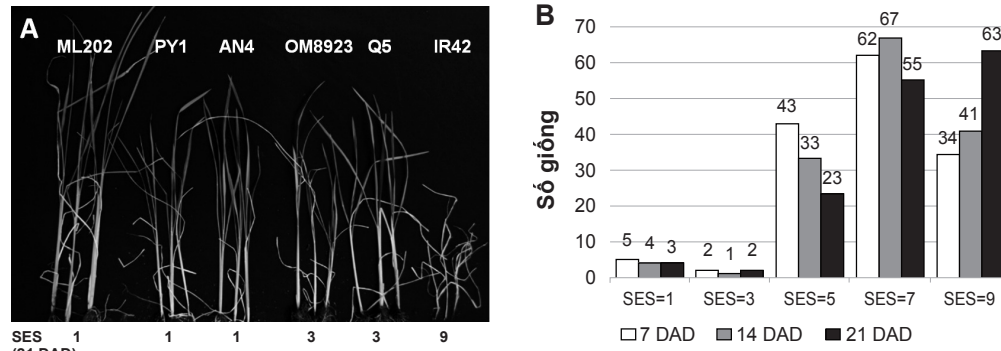
Bảng 2. Giá trị trung bình của tỷ lệ cây sống CS và điểm tại các thời điểm 7, 14 và 21 ngày sau khi rút nước (DAD) của bộ giống lúa nghiên cứu

	7DAD		14DAD		21DAD	
	CS (%)	Điểm	CS (%)	Điểm	CS (%)	Điểm
Trung bình	67,91	5,77	64,57	5,74	56,58	6,56
P	****	****	****	****	****	****
SED	19,45	1,73	19,12	1,65	19,29	1,60
Hệ số di truyền H	0,65	0,63	0,67	0,70	0,73	0,72

Ghi chú: ****: $P < 0,0001$

Tại thời điểm 7 ngày hồi phục sau khi rút nước, có 5 giống chịu ngập rất tốt với tỷ lệ cây sống cao hơn so với đối chứng chịu ngập FR13A (PY1, ML202, Q5, AN4 và ĐH191), 2 giống chịu ngập tốt (Dòng 14, KD18) và 43 giống chịu ngập trung bình. Sau 14 ngày, có 4 giống chịu ngập rất tốt với tỷ lệ cây sống cao hơn giống đối chứng chịu ngập (PY1, ML202, ĐH191 và AN4), 1 giống chịu ngập tốt (ĐH13) và 33 giống chịu ngập trung bình. Sau 21 ngày, chỉ còn 3 giống thuộc nhóm chịu ngập rất tốt (ML202, PY1 và AN4, trong đó ML202 có tỷ lệ cây sống cao hơn đối chứng FR13A), 2 giống chịu ngập tốt (OM8923 và Q5)

và 23 giống chịu ngập trung bình (Hình 1). Như vậy, phần lớn bộ giống nghiên cứu chịu ngập kém (điểm 7, chiếm 37,67%) và rất kém (điểm 9, chiếm 43,15%). Các nghiên cứu đánh giá các nguồn gen nhập nội (Tạ Hồng Lĩnh và *ctv.*, 2011) và giống lúa địa phương (Hồ Viết Thế, Ngô Thị Kim Anh, 2015) đã xác định và khuyến nghị một số giống chịu ngập tương đương hoặc gần bằng giống đối chứng chịu ngập FR13A. Các giống chịu ngập rất tốt PY1, AN4 và đặc biệt là ML202 được xác định trong nghiên cứu này có thể bổ sung nguồn gen chịu ngập cho các chương trình lai chọn tạo giống lúa chống chịu mới.



Hình 1. Kết quả đánh giá khả năng chịu ngập của tập đoàn lúa Việt Nam

(A) Các giống lúa chịu ngập rất tốt (Điểm 1) và tốt (Điểm 3) so với giống đối chứng không chịu ngập IR42 sau 21 ngày rút nước. (B) Phân bố các giống lúa Việt Nam theo khả năng chịu ngập (mức độ phục hồi tại thời điểm 1, 14 và 21 ngày sau rút nước). $n = 146$.

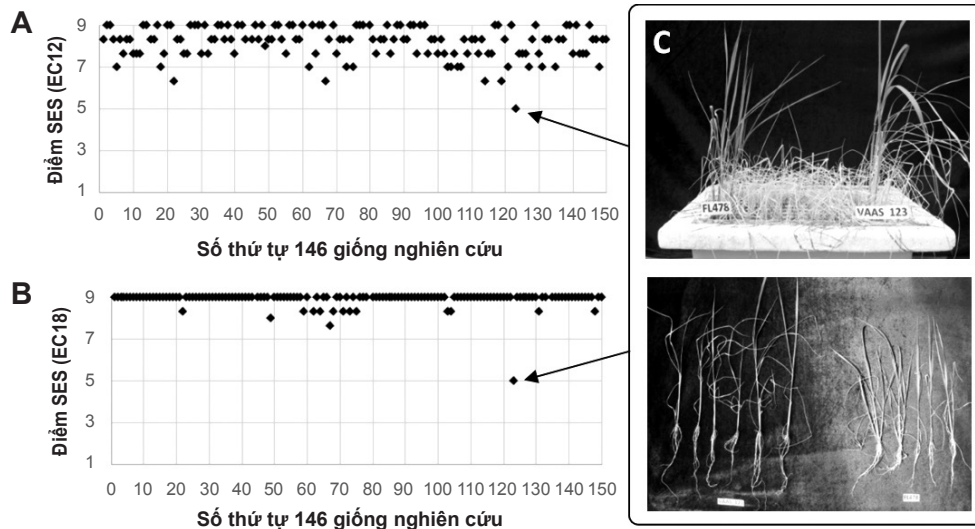
3.2. Đánh giá khả năng chịu mặn trong giai đoạn mạ

Sau 3 thí nghiệm lặp lại ở độ mặn $EC = 12$ dS/m, 127 giống (84,66%) có điểm trung bình lớn hơn 7, con số này tăng lên 145 giống (96,66%) sau khi xử lý mặn ở $EC = 18$ dS/m. Chỉ có giống Đốc Trắng duy trì mức điểm 5 ở hai chế độ xử lý mặn (Hình 2).

Như vậy, hầu hết các giống lúa nghiên cứu có khả năng chịu mặn kém hoặc rất kém trong giai đoạn mạ. Không chỉ phản ánh thực tế đánh giá áp dụng độ mặn tương đương 9‰ trong thời gian lên đến 3 tuần nhằm tìm kiếm nguồn vật liệu chịu mặn tốt hơn, kết quả này cũng phù hợp với công bố của Lê Xuân Thái, Trần Nhân Dũng (2013) và Hồ

Viết Thế, Ngô Thị Kim Anh (2015). Các tác giả đã ghi nhận tương ứng đến 80% và 75% các giống lúa được đánh giá có khả năng chịu mặn trung bình và kém khi sàng lọc ở độ mặn tương đương 6‰ trong 2 tuần, thấp hơn so với chế độ xử lý mặn áp dụng trong nghiên cứu này.

Trong bộ giống nghiên cứu, Đốc Trắng được xác định là giống có khả năng chịu mặn tốt nhất, được đánh giá điểm 5 sau 3 thí nghiệm lặp lại ở cả hai chế độ xử lý mặn (Hình 2C). Với khả năng chống chịu trung bình ở mức độ mặn 9‰, giống Đốc Trắng có thể được sử dụng làm nguồn cho gen chịu mặn tiềm năng phục vụ cho chương trình chọn tạo giống lúa chịu mặn cao.

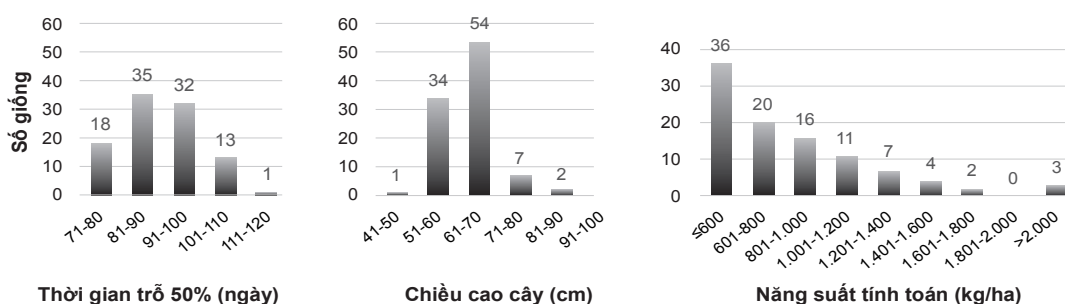


Hình 2. Kết quả đánh giá khả năng chịu mặn của 146 giống lúa Việt Nam

(A) Giá trị trung bình điểm đánh giá chịu mặn của 3 lần thí nghiệm sau 14 ngày xử lý ở độ mặn $EC = 12$ dS/m. (B) Giá trị trung bình điểm đánh giá chịu mặn của 3 lần thí nghiệm sau 21 ngày xử lý ở độ mặn $EC = 18$ dS/m. (C) Đốc Trắng (ký hiệu VAAS_123) là giống có khả năng chịu mặn tốt nhất trong bộ giống nghiên cứu (điểm 5, chịu mặn trung bình). $n = 146$.

3.3. Đánh giá khả năng chịu hạn

Thí nghiệm đánh tiềm năng năng suất trong điều kiện hạn của bộ giống lúa nghiên cứu được tiến hành trên đồng ruộng trong mùa khô năm 2017 tại IRRI. Nhằm đánh giá ảnh hưởng của điều kiện hạn đến sự phát triển trong giai đoạn sinh thực của các giống lúa có thời gian sinh trưởng khác nhau, quá trình xử lý hạn đã được tiến hành từ ngày thứ 34 đến ngày thứ 67 sau khi cấy (khi hầu hết các dòng/giống



Hình 3. Kết quả đánh giá các chỉ tiêu thời gian trổ 50%, chiều cao cây và năng suất tính toán sau khi xử lý hạn (n = 99)

Trong số các nhóm tính trạng liên quan đến khả năng chịu hạn (trốn hạn, né hạn, chịu hạn và phục hồi sau hạn), phục hồi sau hạn là đặc tính có vai trò quyết định đến năng suất lúa. Nghiên cứu đã xác định được 16 giống có khả năng phục hồi sau hạn tốt ở giai đoạn sinh thực, thể hiện qua năng suất tính toán cao hơn so với các giống chịu hạn đối chứng (trên 1,2 tấn/ha) (Hình 3C). Trong đó, 03 giống ĐH210, Lúa Kro Hom Thngonh và ML202 cho năng suất cao trên 2,0 tấn/ha (Bảng 3). Đây là nguồn vật liệu tiềm năng cho công tác chọn tạo và phát triển giống lúa chịu hạn (Bảng 3).

3.4. Xác định các giống mang kiểu gen quy định các đặc tính chống chịu

Từ kết quả phân tích kiểu gen bằng giải trình tự GBS cho 369 dòng/giống lúa của IRRI, Spindel và cộng tác viên (2015) đã xác định tập hợp 7.142 SNP phân bố đồng đều trên toàn hệ gen (trung bình 1 SNP/0,2 cM) và ứng dụng trong các nghiên cứu tạo giống lúa dựa trên chọn lọc hệ gen (Genomic selection). Sử dụng chip 7K SNP của IRRI (kết hợp giữa tập hợp SNP trên và một số SNP đặc hiệu alen khác), kiểu gen SNP của 144/146 giống lúa Việt Nam đã được xác định và so sánh với các giống đối chứng mang QTL mục tiêu. Tổng hợp kết quả phân tích, thông tin các SNP tương ứng với alen/haplotype cho từng QTL và kết quả so sánh kiểu gen các giống lúa Việt Nam với giống đối chứng tại từng vị trí SNP được thể hiện trong bảng 4 và 5.

có triệu chứng héo và khô lá). Có 99/146 (67,8%) giống trổ trong điều kiện hạn ở giai đoạn sinh thực với các chỉ tiêu được đánh giá biến động khá lớn. Thời gian trổ 50% dao động từ 77 ngày (Gia Lộc 102) đến 111 ngày (P6), chiều cao cây dao động từ 50 cm (TH6) đến 93 cm (Khẩu mu moong), năng suất tính toán dao động từ 18,0 kg/ha (OM6162) đến 2.308,0 kg/ha (ML202) (Hình 3, Bảng 3).

Bảng 3. Kết quả đánh giá các chỉ tiêu của một số giống lúa chịu hạn tốt trong giai đoạn sinh thực (năng suất tính toán > 1.200 kg/ha) so sánh với các giống đối chứng

Giống	Chiều cao cây (cm)	Thời gian trổ (ngày)	Năng suất tính toán (kg/ha)
ANS2	58	78	1.227
Dòng 13	71	85	1.245
129	59	79	1.255
AN177	60	80	1.261
KD28	59	96	1.304
AN18	63	80	1.375
AN277	64	82	1.382
AN178	69	92	1.471
AN11	66	79	1.480
ML49	58	83	1.520
TBR1	72	98	1.532
PC6	65	81	1.615
ANS1	69	78	1.736
ĐH210	65	80	2.063
Lúa Kro Hom Thngonh	74	99	2.255
ML202	62	84	2.308
IR64 (không chịu hạn)	52	97	0
IR87707-445-B-B-B (chịu hạn)	63	89	1.185
IR87707-446-B-B-B (chịu hạn)	66	89	1.089
Trung bình	64	86	1.334
SED	6	5	488
Hệ số di truyền H	0.73	0.85	0,66

Bảng 4. Tổng hợp kết quả phân tích chip 7K SNP trên hệ thống Illumina Infinium tại IRRI

TT	Mục thông tin	Giá trị
1	Số giống lúa được phân tích (1)	144*
2	Số vị trí SNP đánh giá (2)	52
3	Tổng số vị trí SNP [(1) × (2)]	7.488
4	Số lượng và tỷ lệ vị trí SNP được ghi nhận	7.235 (96,6%)
5	Số lượng và tỷ lệ vị trí SNP dị hợp tử	272 (0,36%)
6	Tần số alen phụ (minor allele frequency) trung bình	0,106

Ghi chú: * Các giống OM4900 và OM6162 không được phân tích do chất lượng ADN không đạt yêu cầu.

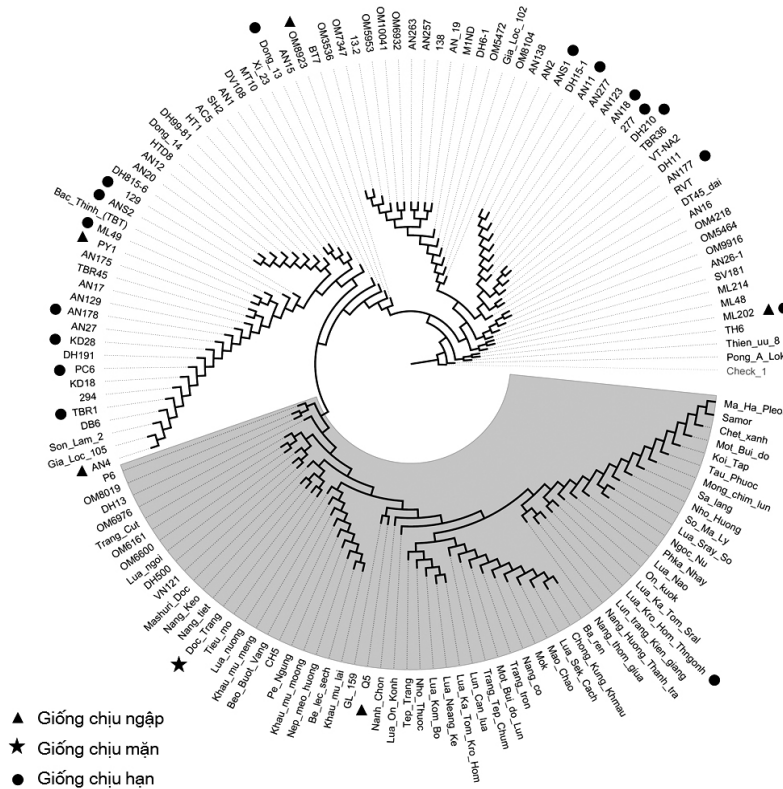
Bảng 5. Kết quả xác định và so sánh kiểu gen SNP tương ứng với các QTL quy định khả năng chịu ngập, chịu mặn và năng suất trong điều kiện hạn của 144 giống lúa Việt Nam với các giống đối chứng

Gen/QTL (NST)	Vị trí trên NST	Trình tự SNP		n	Gen/QTL (NST)	Vị trí trên NST	Trình tự SNP		n
		Giống chuẩn	Giống đối chứng				Giống chuẩn	Giống đối chứng	
SUB1 (9)	5.922.125	T	TT	128	qDTY _{1.1} (1)	37.744.697	G	GG	144
	6.2524.07	G	AA	86		37.877.061	T	CC	135
	6.913.547	G	GG	143		37.994.261	G	GG	143
qSaltol (1)	11.479.834	G	GG	143		38.024.269	C	AA	135
	11.527.750	G	AA	135		38.049.983	C	TT	134
	11.576.126	G	GG	98		38.224.245	C	TT	110
	11.694.458	G	AA	44		38.239.037	T	CC	134
	11.739.003	C	CC	143		38.258.929	G	TT	109
	11.743.893	G	AA	44		38.276.174	C	CC	143
	11.786.833	C	AA	143		38.361.942	C	TT	108
	11.940.578	A	GG	140		38.406.155	A	AA	143
	12.075.708	T	CC	143		38.423.559	C	AA	134
	12.110.935	G	GG	143		38.446.499	G	GG	143
	12.142.910	T	CC	135		38.537.855	A	GG	134
	12.205.576	C	CC	51		38.594.460	C	GG	99
	12.216.652	A	AA	101		38.659.960	G	AA	134
qDTY _{3.1} (3)	30.821.855	A	AA	140		38.691.525	A	GG	134
	30.926.534	C	TT	140		38.760.678	G	GG	22
	31.018.646	C	AA	70		38.846.063	T	CC	135
	31.025.197	C	CC	63	qDTY _{12.1} (12)	17.121.700	A	AA	85
	31.138.388	T	GG	134		17.398.116	C	CC	142
	31.190.989	G	AA	71		17.418.673	A	TT	143
	31.196.096	A	GG	70		17.477.350	T	AA	104
	31.205.828	C	CC	143		17.530.416	T	TT	140
	31.256.275	C	TT	141		17.544.410	A	GG	143
						17.596.213	T	TT	142

Ghi chú: n: số giống có kiểu gen SNP tương đồng với giống đối chứng

Phân tích tổng hợp kiểu gen dựa trên 52 SNP giúp phân nhóm rất rõ ràng hai nhóm giống lúa sản xuất và giống địa phương trong bộ giống nghiên cứu

(Hình 4). Các SNP này hoàn toàn có thể sử dụng cho các phân tích đa dạng di truyền và xác định nền di truyền cho các giống lúa mới chọn tạo.



Hình 4. Phân nhóm 144 giống lúa Việt Nam dựa trên 52 SNP tương ứng với các QTL quy định/liên quan đến tính chịu ngập, chịu hạn và chịu mặn

Check_1: Tập hợp alen từ các giống đối chứng được sử dụng làm mẫu ngoại biên. Nhóm giống lúa địa phương (nền xám) được phân định rõ ràng với các giống lúa sản xuất. Các giống lúa được đánh dấu chịu ngập, mặn, hạn dựa trên kết quả đánh giá kiểu hình.

Về kiểu gen chịu ngập, so sánh 3 SNP tương ứng với locut *SUB1* trên giống đối chứng đã xác định được 83 giống lúa (56,8%) mang haplotype tương đồng. Đáng chú ý có 42 giống lúa địa phương thể hiện khả năng chịu ngập trung bình và kém mặc dù mang haplotype *SUB1*. Ghi nhận tương tự trên tập đoàn giống lúa địa phương của Ấn Độ (Samal *et al.*, 2014) và Việt Nam (Hồ Viết Thế, Ngô Thị Kim Anh, 2015) cũng đã được công bố. Những kết quả này hỗ trợ cho giả thuyết về sự tham gia với vai trò điều hòa của các nhân tố khác (ví dụ các gen chống oxy hóa) trong quá trình biểu hiện của gen *Sub1A* và khả năng phản ứng với điều kiện ngập ở cây lúa (Xiong *et al.*, 2012).

Về kiểu gen chịu mặn, không có giống lúa nào mang haplotype *qSaltol* tương ứng với giống đối chứng. Kết quả này phù hợp với số liệu sàng lọc khả năng chịu mặn của bộ giống nghiên cứu. Khả năng chịu mặn trung bình ở nồng độ 9‰ của giống

Độc Trắng do vậy có thể do gene/QTL thứ yếu khác không phải *qSaltol* quy định. Nghiên cứu xác định các yếu tố di truyền này sẽ tạo cơ sở sử dụng hiệu quả giống Độc Trắng cho công tác chọn tạo giống lúa chịu mặn cao.

Liên quan tính trạng năng suất trong điều kiện hạn, không xác định được haplotype tương ứng với $qDTY_{1.1}$ trên bộ giống nghiên cứu. Có 1 giống (0,69%) là Mashuri Đốc mang haplotype của $qDTY_{3.1}$ và 44 giống (30,55%) mang haplotype của $qDTY_{12.1}$ (trong đó có một số giống lúa có năng suất tính toán hơn 1,0 tấn/ha như ĐV108, Dòng 13, Lùn Cẩn lựa, AN18, AN11, ANS1, Lúa Kro Hom Thngonh). Cả 3 QTL nghiên cứu không có mặt ở một số giống lúa khác có năng suất cao trong điều kiện hạn như ANS2, ML49, TBR1, PC6, ĐH210 và ML202 cho thấy các giống lúa này có thể mang các gen/QTL khác có tác động chính và/hoặc cộng tính, góp phần duy trì năng suất trong điều kiện hạn.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Trong số 146 giống lúa của Việt Nam được nghiên cứu đã xác định được 5 giống có khả năng chịu ngập rất tốt (ML202, PY1 và AN4) và tốt (OM8923 và Q5), 1 giống (Độc Trắng) có khả năng chịu mặn trung bình ở nồng độ 9‰ và 16 giống có tiềm năng chịu hạn tốt.

Kết quả sàng lọc kiểu gen SNP cho thấy 83 giống mang haplotype tương ứng với locut *SUB1*, 1 giống mang haplotype của *qDTY_{3.1}* và 44 giống mang haplotype của *qDTY_{12.1}*. Các haplotype tương ứng với *qDTY_{1.1}* và *qSaltol* không xuất hiện ở bộ giống nghiên cứu.

Thông qua 52 SNP sử dụng trong phân tích các QTL chịu ngập, mặn và hạn đã xác định được quan hệ di truyền và phân nhóm chính xác giữa các nhóm giống lúa cải tiến và giống lúa địa phương làm cơ sở cho việc phân loại nguồn vật liệu cho công tác chọn tạo giống.

4.2. Đề nghị

- Lựa chọn và sử dụng các giống có khả năng chịu ngập, hạn, mặn và mang các QTL tương ứng trong chương trình chọn tạo giống lúa chất lượng cao, chống chịu sâu bệnh và điều kiện bất thuận theo phương pháp MAGIC đang được triển khai tại IRRI.

- Tiếp tục đánh giá toàn diện các nguồn gen lúa Việt Nam, đặc biệt là nguồn gen lúa địa phương để bổ sung các giống có tính trạng tốt cho chương trình chọn giống MAGIC.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được hoàn thành trong khuôn khổ đề tài "Nghiên cứu đánh giá một số nguồn gen lúa Việt Nam tại IRRI phục vụ chọn tạo giống lúa chất lượng cao, chống chịu các điều kiện bất thuận" do Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn tài trợ. Nhóm tác giả cảm ơn Lê Hùng Linh (Viện Di truyền Nông nghiệp), Phạm Thiên Thành (Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm), Hồ Sỹ Công (Viện Khoa học Kỹ thuật Nông nghiệp Duyên hải Nam Trung bộ), Nguyễn Thúy Kiều Tiên (Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long) và các cộng tác viên đã cung cấp và hỗ trợ chuẩn bị nguồn vật liệu cho nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Tạ Hồng Linh, Lê Huy Hàm, Lê Quốc Thanh, Lê Hùng Linh, Nguyễn Văn Luận, Phạm Thị Mùi, 2011. Kết quả đánh giá một số giống lúa chịu ngập nhập nội ứng phó với biến đổi khí hậu cho vùng đồng bằng

ven biển Việt Nam. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, 4: 117-122.

Lê Xuân Thái, Trần Nhân Dũng, 2013. Chọn lọc giống lúa chịu mặn ở đồng bằng sông Cửu Long. *Tạp chí Khoa học, Trường Đại học Cần Thơ*, 28: 79-85.

Hồ Viết Thế, Ngô Thị Kim Anh, 2015. Đánh giá tiềm năng chống chịu ngập và mặn ở một số giống lúa địa phương. *Tạp chí Khoa học công nghệ & Thực phẩm*, 7: 1-5.

Bandillo N., Raghavan C., Mueyco P.A., Sevilla M.A.L., Lobina I.T., Dilla-Ermita C.J., Tung C.W., McCouch S., Thomson M., Mauleon R., Singh R.K., Gregorio G., Redoña E. and Leung H., 2013. Multi-parent advanced generation inter-cross (MAGIC) populations in rice: progress and potential for genetics research and breeding. *Rice*, 6: 11.

Bradbury P.J., Zhang Z., Kroon D.E., Casstevens T.M., Ramdoss Y. and Buckler E.S., 2007. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*, 23: 2633-2635.

IRRI, 2002. *Standard Evaluation System for Rice (SES)*. Philippines.

Reddy I.N.B.L., Kim B.K., Yoon I.S., Kim K.H. and Kwon T.R., 2017. Salt tolerance in rice: Focus on mechanisms and approaches. *Rice Science*, 24: 123-144.

Ren Z.H., Gao J.P., Li L.G., Cai X.L., Huang W., Chao D.Y., Zhu M.Z., Wang Z.Y., Luan S. and Lin H.X., 2005. A rice quantitative trait locus for salt tolerance encodes a sodium transporter. *Nat. Genet.*, 37: 1141-1146.

Samal R., Reddy J.N., Rao G.J.N., Roy P.S., Subudhi H.N. and Pani D.R., 2014. Haplotype diversity for Sub1QTL associated with submergence tolerance in rice landraces of Sundarban region (West Bengal) of India. *Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences*, 2(3): 315-322.

Singh R.K., Redoña E. and Refuerzo L., 2010. Varietal improvement for abiotic stress tolerance in crop plants: Special reference to salinity in rice. In *Abiotic stress adaptation in plants: Physiological, molecular and genomic foundation* (Pareek, A., Sopory, S.K. and Bohnert, H.J. eds). Dordrecht: Springer Netherlands, pp. 387-415.

Spindel J., Begum H., Akdemir D., Virk P., Collard B., Redona E., Atlin G., Jannink J.L. and McCouch S.R., 2015. Genomic selection and association mapping in rice (*Oryza sativa*): effect of trait genetic architecture, training population composition, marker number and statistical model on accuracy of rice genomic selection in elite, tropical rice breeding lines. *PLoS Genet.*, 11, e1004982.

Swamy B.P.M., Ahmed H.U., Henry A., Mauleon R., Dixit S., Vikram P., Tilatto R., Verulkar S.B., Perraju P., Mandal N.P., Variar M., Robin S., Chandrababu R., Singh O.N., Dwivedi J.L., Das S.P., Mishra K.K.,

- Yadaw R.B., Aditya T.L., Karmakar B., Satoh K., Moumeni A., Kikuchi S., Leung H. and Kumar A., 2013. Genetic, physiological, and gene expression analyses reveal that multiple QTL enhance yield of rice mega-variety IR64 under drought. *PLOS ONE*, 8, e62795.
- Takagi H., Tamiru M., Abe A., Yoshida K., Uemura A., Yaegashi H., Obara T., Oikawa K., Utsushi H., Kanzaki E., Mitsuoka C., Natsume S., Kosugi S., Kanzaki H., Matsumura H., Urasaki N., Kamoun S. and Terauchi R., 2015. MutMap accelerates breeding of a salt-tolerant rice cultivar. *Nat. Biotechnol.*, 33, 445-449.
- Takagi H., Tamiru M., Abe A., Yoshida K., Uemura A., Yaegashi H., Obara T., Oikawa K., Utsushi H., Kanzaki E., Mitsuoka C., Natsume S., Kosugi S., Kanzaki H., Matsumura H., Urasaki N., Kamoun S. and Terauchi R., 2016. Mapping QTLs for salt tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) by bulked segregant analysis of recombinant inbred lines using 50K SNP chip. *PLOS ONE*, 11, e0153610.
- Vikram P., Swamy B.M., Dixit S., Ahmed H.U., Teresa S.C., Singh A.K. and Kumar A., 2011. qDTY 1.1 , a major QTL for rice grain yield under reproductive-stage drought stress with a consistent effect in multiple elite genetic backgrounds. *BMC Genet.*, 12: 89.
- Xiong H., Li Y., Yang J., and Li Y., 2012. Comparative transcriptional profiling of two rice genotypes carrying SUB1A but exhibiting differential tolerance to submergence. *Functional Plant Biology*, 39: 449-461.
- Xu K., Xu X., Fukao T., Canlas P., Maghirang-Rodriguez R., Heuer S., Ismail A.M., Bailey-Serres J., Ronald P.C. and Mackill D.J., 2006. Sub1A is an ethylene-response-factor-like gene that confers submergence tolerance to rice. *Nature*, 442: 705-708.

Evaluation of tolerant ability of Vietnamese rice germplasm to abiotic stresses

Ta Hong Linh, Tran Duc Trung, Le Quoc Thanh,
Bui Quang Dang, Rakesh Kumar Singh, Dixit Shalabh

Abstract

Rice germplasm evaluation is a crucial step so that suitable parental lines can be selected for MAGIC breeding program. 146 Vietnam rice varieties/lines were phenotyped for submergence, salinity and drought tolerances and genotyped for QTLs response for these traits. By phenotyping experiments, 5 lines were identified to be highly tolerant to submergence (ML202, PY1, AN4 and OM8923, Q5), 1 line was moderately tolerant to 9‰ salinity (Độc Trắng) and 16 lines exhibited potential yield performance under drought stress. In parallel, genotyping analysis using 52 SNP markers revealed genetic patterns of 83, 1 and 44 lines which resemble haplotypes of effective alleles of *SUB1*, *qDTY_{3.1}* and *qDTY_{12.1}* respectively. These SNP markers, particularly, helped constructing a cladogram in which group of improved lines was clearly distinguished from that of landraces.

Key words: Rice, submergence tolerance, salinity tolerance, drought tolerance, single-nucleotide polymorphism

Ngày nhận bài: 10/8/2017

Ngày phản biện: 19/8/2017

Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu

Ngày duyệt đăng: 25/8/2017

ĐÁNH GIÁ TÍNH KHÁNG SÂU, BỆNH CỦA GIỐNG LÚA KR1

Lưu Minh Cúc¹, Khúc Duy Hà¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu tiến hành đánh giá phản ứng của giống lúa KR1 với các loại sâu bệnh hại chính như rầy nâu, bệnh đạo ôn, bạc lá và khô vằn hại lúa. Nguồn bệnh được thu thập tại 5 tỉnh/thành phố là Hải Phòng, Hà Nội, Hưng Yên (đại diện cho vùng Đồng bằng Sông Hồng); Bắc Giang (đại diện cho vùng Đông Bắc); Thanh Hóa (đại diện cho vùng Bắc Trung bộ). Giống lúa KR1 có điểm kháng rầy ở cấp 1 - 3 với nguồn rầy nâu thu thập ở Hải Phòng và Hà Nội, cấp 3 với nguồn rầy nâu thu thập ở ba tỉnh Thanh Hóa, Bắc Giang và Hưng Yên. Giống KR1 kháng đến kháng vừa ở mức kháng cấp 4 - 5 với nguồn vi khuẩn bạc lá thu thập ở Hải Phòng, Bắc Giang và Hà Nội, cấp 5 - 6 với nguồn vi khuẩn bạc lá ở Thanh Hóa và Hưng Yên. Với bệnh đạo ôn, giống lúa KR1 có phản ứng kháng cao ở cấp 3 với nguồn nấm bệnh đạo ôn thu thập ở Hà Nội, Bắc Giang; kháng vừa ở cấp 3 - 5 với nguồn nấm bệnh đạo ôn thu thập ở Hải Phòng, Thanh Hóa và Hưng Yên. Riêng với nguồn bệnh khô vằn thu thập ở 5 tỉnh nghiên cứu, giống lúa KR1 có phản ứng từ mức nhiễm vừa cấp 5 đến nhiễm cấp 7.

Từ khóa: Bạc lá, bệnh, đạo ôn, giống lúa, kháng rầy nâu, khô vằn

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp; ² Viện Bảo vệ thực vật