giống ĐXVN5 mặc dù có năng suất cao nhất nhưng lại không ổn định (Bảng 5).

Các giống có năng suất ổn định là ĐX12, ĐX208, ĐXVN4, ĐXVN99-3, ĐXVN6, Đậu nhỏ trong đó có giống ĐXVN 6 (có b_i ~1) thích ứng rộng với điều kiện môi trường khác nhau và cho năng suất khá (15,40 tạ/ha). Các giống còn lại ổn định và thích ứng với điều kiện môi trường bất thuận (b_i<1) trong đó giống ĐX208 có năng suất khá cao. Giống Đậu nhỏ (đ/c) mặc dù ổn định nhưng cho năng suất thấp.

IV. KẾT LUẬN

Khảo nghiệm năng suất một số giống đậu xanh tại Bắc Trung bộ đã xác định được một số giống đậu xanh cho năng suất cao là ĐXVN5, ĐX208, NTB02 trong vụ Hè Thu 3 năm 2013 - 2015.

Trên 9 môi trường nghiên cứu, rất nhiều giống cho năng suất không ổn định, chỉ có giống ĐXVN6 cho năng suất khá (15,4 tạ/ha) và ổn định, thích ứng rộng với điều kiện môi trường khác nhau. Các giống ĐX12, ĐX208, ĐXVN4, ĐXVN99-3, Đậu nhỏ có năng suất ổn định và thích ứng với điều kiện môi trường bất thuận.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Viện Quy hoạch Thiết kế Nông nghiệp, 2016. *Thống kế Nông lâm - Thủy sản.* Báo cáo thống kê. Trung tâm Phát triển bền vững Nông nghiệp Nông thôn.

Eberhart, S. A. and W. A. Russel, 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36-40.

Finlay, K.W. and Wilkinson, G.N, 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research* 14:742-754.

Nair RM, Schafleitner R, Kenyon L, Srinivasan R, Easdown W, Ebert AW and Hanson P., 2012, Genetic improvement of mungbean, *SABRAO Jounral of Breeding and Genetics* 44: 177-190.

Poehlman. J.M., 1991. Mungbean. Mohan Primlani in India for Oxfort & IBH Publishing Co. New Delhi 10020. 1-4.

Evaluation of stability and adaptability of mungbean varieties in the North Central Vietnam

Luu Quang Huy, Bui Thi Thu Huyen, Vu Dang Toan, Ha Minh Loan, Tran Danh Suu, Pham Thi Xuan

Abstract

Fourteen mungbean varieties were evaluated in Summer - Autumn season during three years of 2013 to 2015 in 3 provinces, including Thanh Hoa, Nghe An and Ha Tinh of the North Central Vietnam. The results showed that mungbean varieties DXVN5, DX208, NTB02 had the highest yield in all three provinces. Evaluation of stability and adaptability of mungbean varieties showed that only DXVN6 variety had good yield (1,540 kg/ha), stability and wide adaptation to different environmental conditions. DX12, DX208, DX64, DXV99-3 and Dau nho varieties had stable productivity and adaptation to unfavorable environmental conditions, the remaining varieties had unstable productivity.

Key words: Mungbean, productivity, stability, adaptability, North Central Vietnam

Ngày nhận bài: 13/5/2017 Ngày phản biện: 19/5/2017
Người phản biện: TS. Trần Thị Thu Hoài Ngày duyệt đăng: 29/5/2017

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN MỘT SỐ NGUỒN GEN ĐẬU XANH BẰNG CHỈ THỊ DArT

Lưu Quang Huy[1], Bùi Thị Thu Huyền[1], Nguyễn Thị Lan Hoa[1], Hà Minh Loan[1], Trần Danh Sửu[2], Phạm Thị Xuân[2]

TÓM TẮT

Đánh giá đa dạng di truyền của nguồn gen đậu xanh thực sự cần thiết cho công tác bảo tồn và quản lý cũng như làm vật liệu khởi đầu cho chọn tạo giống. Chỉ thị DArT được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền trong nghiên cứu này. Kết quả cho thấy 54 nguồn gen đậu xanh nghiên cứu nền di truyền hẹp với giá trị PIC đạt 0,248 và phân nhóm không rõ ràng theo vùng địa lý. Các nguồn gen đậu xanh được chia thành 3 nhóm chính trong đó nhóm 3 chỉ có 01 nguồn gen là đậu xanh số 21 có nguồn gốc thu thập từ Tuyên Quang.

Từ khóa: Đậu xanh, đa dạng di truyền, chỉ thị DArT, PIC

[1] Trung tâm Tài nguyên thực vật; [2] Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Đậu xanh [*Vigna radiata* (L.) Wilczek.] là cây họ đậu có vai trò quan trọng trong phát triển nông nghiệp bền vững, là cây thực phẩm của gần 300 triệu dân, đặc biệt là các nước đang phát triển bởi nó được coi là thịt của người nghèo ở Châu Á nói chung, khu vực Nam Á và Đông Nam Á nói riêng trong đó có Việt Nam.

Công tác đánh giá mức độ dạng di truyền nguồn gen cây trồng là bước nghiên cứu quan trọng quyết định tới thành công trong chọn tạo giống. Những hiểu biết đầy đủ về sự đa dạng di truyền của nguồn gen đậu xanh thực sự cần thiết trong công tác bảo tồn và quản lý. Kỹ thuật DArT được phát triển ban đầu trên lúa (Jaccoud *et al.*, 2001). Ứng dụng thành công DArT trên cây đậu triều (Yang *et al.,* 2006) là tiền đề cho việc ứng dụng kỹ thuật này để đánh giá đa dạng di truyền trên các cây họ đậu. (Vu *et al.,* 2012) đã phát triển các thư viện chỉ thị DArT cho đậu xanh và đậu tương.

Tại Việt Nam, nghiên cứu đa dạng di truyền cây trồng bằng các chỉ thị phân tử đã được tiến hành trên nhiều đối tượng cây trồng khác nhau tuy nhiên đánh giá đa dạng di truyền trên cây đậu xanh còn rất ít. Vì vậy, mục tiêu của nghiên cứu là đánh giá mức độ đa dạng di truyền của một số mẫu giống đậu xanh đang lưu giữ tại Ngân hàng gen cây trồng Quốc gia để có thêm tài liệu nghiên cứu tham khảo và qua đó nâng cao công việc bảo tồn và khai thác hiệu quả nguồn gen phục vụ cho công tác chọn tạo giống.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu gồm 54 mẫu nguồn gen đậu xanh có nguồn gốc địa phương và nhập nội đang được lưu giữ tại Ngân hàng gen cây trồng Quốc gia (Bảng 1).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Nguyên lý chung của phương pháp: DArT (Diversity Array Technology) dựa trên cơ sở các phép lai microarray để phát hiện sự có mặt hay không của các mảnh ADN cá thể trong đại diện của bộ gen (Jaccoud *et al*., 2001). Trong kỹ thuật ADN microarray, người ta cố định các đoạn ADN có trình tự xác định (mẫu dò) trên giá thể (mảng) thích hợp theo thứ tự. ADN cần nghiên cứu (đích) được đánh dấu sau đó lai với mẫu dò trên mảng. Ở những điều kiện lý tưởng, các ADN có trình tự bổ sung bắt cặp chính xác với nhau.

- Tách chiết ADN: Các nguồn gen nghiên cứu được gieo trồng, thu lá non từ 5 cây/nguồn gen để tách chiết ADN tại Phòng chỉ thị phân tử, AVRDC - Đài Loan. Tách chiết ADN theo phương pháp chiết ADN tổng số bằng dung dịch đệm CTAB (Doyle, J.J và J.L. Doyle, 1987) như được mô tả ở trên.

Sau khi tách chiết ADN của đậu xanh, các mẫu ADN được tiến hành các bước tiếp theo của quy trình DarT được mô tả chi tiết trong Wenzl *et al.* (2004) và số liệu thô thu được được phân tích đa dạng di truyền.

- Phân tích số liệu DArT: Các dòng DArT đa hình với P lớn hơn hoặc bằng 80 được lựa chọn để phân tích đa dạng di truyền của đậu xanh sử dụng phần mềm DARwin 6. Sơ đồ hình cây được xây dựng dựa trên khoảng cách di truyền của Nei (1978) theo phương pháp UPGMA bằng phần mềm DARwin 6.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Gieo hạt và tách chiết ADN được tiến hành tại Phòng Chỉ thị phân tử, AVRDC, Đài Loan.

- Phân tích đa dạng di truyền sử dụng công nghệ chỉ thị DArT tại công ty Diversity Arrays Technology, Bldg 3, Lv D, University of Canberra, Kirinari st., Bruce, ACT 2617, Australia.

- Thí nghiệm được tiến hành năm 2012.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Thống kê các chỉ tiêu đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị DArT

560 chỉ thị DArT được sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền của 54 nguồn gen đậu xanh nghiên cứu. Kết quả đánh giá được thể hiện ở bảng 2. Giá trị hệ số đa dạng gen (*PIC)* phản ánh rất chính xác mức độ đa hình giữa các kiểu gen dùng trong nghiên cứu, tính riêng rẽ đối với mỗi chỉ thị đa hình. Ở nghiên cứu này cho thấy có 271 chỉ thị cho đa hình giữa 54 nguồn gen này với số lượng chỉ thị cho giá trị PIC cao từ 0,4 - 0,5 là 77 chỉ thị chiếm 28,4%.

Do số lượng chỉ thị cho giá trị PIC thấp (nhỏ hơn 0,2) chiếm gần 50% dẫn đến giá trị PIC trung bình cũng thấp chỉ đạt 0,248, thấp hơn giá trị PIC lý tưởng là >=3,0. Giá trị PIC này cũng thấp hơn rất nhiều so với các nghiên cứu đa dạng di truyền sử dụng DArT trước đó trên các đối tượng cây trồng như lúa mạch (0,38) (Castillo *et al.*, 2013), đậu triều (0,42) (Yang *et al*., 2011). Điều này chứng tỏ các nguồn gen đậu xanh từ Việt Nam này có nền di truyền hẹp. Kết luận này cũng phù hợp với các nghiên cứu trước đó về đa dạng di truyền đậu xanh khi các tác giả cũng kết luận đậu xanh có nền di truyền hẹp (Gupta *et al.,* 2013). Theo Nair *et al.* (2012), đậu xanh có nền di truyền rất hẹp, các phả hệ của các giống đậu xanh được trồng

phổ biến nhất trên toàn thế giới chỉ được tạo ra từ vài chục nguồn bố mẹ.

Mối quan hệ giữa chất lượng của các chỉ thị DArT (được đo bằng % của tổng phương sai tồn tại giữa hai nhóm có và không) và các thành phần khác của các chỉ thị DArT được xác định thông qua Tỷ lệ gọi (Call rate) và giá trị PIC được phân tích (Bảng 3). Tỷ lệ gọi (Call rate) không phụ thuộc nhiều vào chất lượng chỉ thị, từ nhóm chất lượng chỉ thị thấp đến nhóm chất lượng chỉ thị cao đều có Tỷ lệ gọi thay đổi không đáng kể và đều ở ngưỡng trên 97%.

Bảng 1. Danh sách các nguồn gen đậu xanh nghiên cứu

TT	SĐK	Tên địa phương	Nguồn gốc thu thập	TT	SĐK	Tên địa phương	Nguồn gốc thu thập
1	3222	Xanh Buôn Ma Thuột	Đăk Lăk, Việt Nam	28	6694	Đậu xanh địa phương	Lai Châu
2	3225	Sẻ Kon Tum	Kon Tum, Đăk Lăk, VN	29	7254	Thúa xẻng	Bắc Giang
3	3232	Mỡ Tân Ba, Sông Bé	Sông Bé, Bình Dương	30	7490	Đậu tằm	Thanh Hóa
4	3233	Mỡ Biên Hòa	Biên Hòa, Đồng Nai, VN	31	8285	Đậu xanh	Khánh Hòa
5	3234	Mỡ Đồng Nai	Đồng Nai, VN	32	8286	Đậu xanh mỡ	Khánh Hòa
6	3235	Mỡ Ninh Hải, Ninh Thuận	Ninh Thuận, VN	33	8292	Đậu xanh	Bình Thuận
7	3236	Mỡ Ninh Sơn, Ninh Thuận	Ninh Thuận, VN	34	8487	U443-1	Nga
8	3247	Xanh Nho Quan, Ninh Bình	Ninh Bình, VN	35	8489	U755	Nga
9	4248	VC 3890B	AVRDC	36	8499	Đỗ xanh quả dài	Bắc Giang
10	4291	VC 6372A	AVRDC	37	9661	1791	Ấn Độ
11	4335	Đậu xanh xanh lòng	Thái Nguyên, VN	38	9662	CO-1	Ấn Độ
12	4342	Đỗ xanh hạt mốc	Thái Nguyên, VN	39	9665	CM-23	Thái Lan
13	4407	Đậu xanh Mường La	Sơn La, VN	40	12197	CM-19	Thái Lan
14	4450	Đậu xanh	Quảng Bình, VN	41	12203	Son đét khiêu	An Giang
15	4461	Đậu xanh mỡ	Quảng Trị, VN	42	12433	Má thúa kheo	Điện Biên
16	4473	Đậu xanh mốc	Quảng Trị, VN	43	12434	Đậu xanh	Nghệ An
17	4503	Đậu xanh mỡ	Thanh Hóa	44	12757	3019879	Pakistan
18	5619	Đậu xanh	Hải Dương	45	12762	3004746	Philippine
19	6493	Đậu xanh	Tây Ninh	46	12772	Thúa kheo	Tuyên Quang
20	6494	Đậu xanh mỡ	Huế	47	12763	3004754	Philippine
21	6495	Đậu xanh	Tuyên Quang	48	6691	Đậu xanh không lông	Lai Châu , VN (lọc từ số 27)
22	6497	Đậu xanh	Hà Giang	49		ĐX22	Phú Yên
23	6499	Đậu xanh	Hà Giang	50	3254	Tầm Nghĩa Đàn	Nghệ An, Việt Nam
24	6502	Đậu xanh	Bắc Cạn	51	12199	KPS1 (S)	AVRDC
25	6507	Đậu xanh	Bắc Giang	52	VC2778A	KPS2	AVRDC

Bảng 2. Các giá trị PIC cho các chỉ thị DArT đa hình

Giá trị PIC	Số lượng chỉ thị DArT	Tỷ lệ phần trăm DArT
0 - 0,1	66	24,4
0,1 - 0,2	68	25,1
0,2 - 0,3	26	9,6
0,3 - 0,4	34	12,5
0,4 - 0,5	77	28,4
Giá trị TB: 0,248	*271*	*100,0*

Bảng 3. Mối quan hệ giữa chất lượng và các thành phần khác của chỉ thị DArT

Chất lượng	P<65	65≤P<80	P≥80
Số chỉ thị	44	108	119
Tỷ lệ gọi	97,8 ± 2,29	97,0 ± 2,74	97,0 ± 2,71

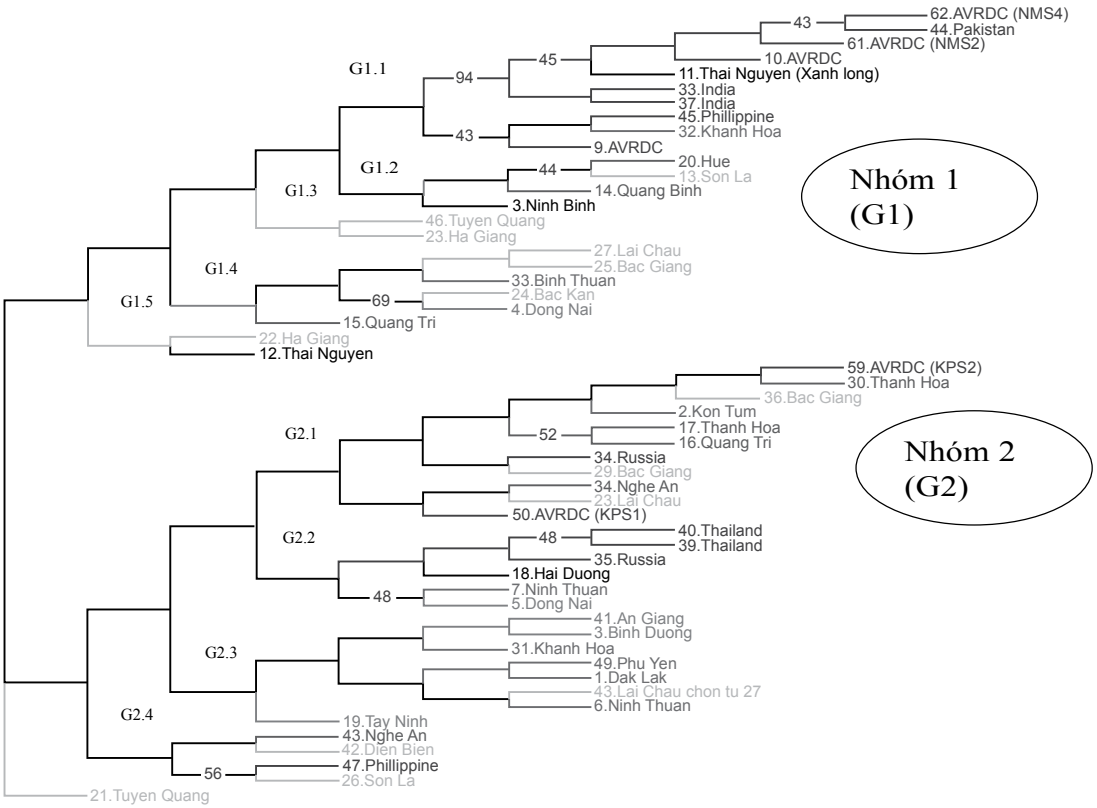
3.2. Phân tích khoảng cách di truyền của các giống đậu xanh

Để xây dựng ma trận tương đồng di truyền cho 54 nguồn gen đậu xanh này hệ số khác biệt Dice được sử dụng (Nei and Li, 1979). Kết quả trên ma trận cho thấy các giống nghiên cứu có độ khác biệt di truyền từng cặp biến động khá lớn từ 0 đến 0,846 trong đó cặp có độ khác biệt di truyền lớn nhất là nguồn gen số 37 nhập nội từ Ấn Độ và nguồn gen số 48 là dòng được chọn lọc từ nguồn gen số 27 được thu thập từ Lai Châu có đặc điểm toàn bộ cây và quả đều không có lông và có khoảng cách di truyền là 0,726. Khoảng cách di truyền có hệ số biến động cũng lớn từ 0 đến 0,806.

Sơ đồ hình cây biểu diễn mối quan hệ di truyền giữa 54 giống đậu xanh nghiên cứu được xây dựng bằng phương pháp phân nhóm neighbour - joining UPGMA (Unweighted Pair - Group Method with Arithmetical averages) với 119 chỉ thị DArT có chất lượng chỉ thị cao (P > 80) sử dụng hệ số DICE (Nei và Li, 1979) (Hình 1).

Hình 1 cho thấy sự phân nhóm theo vùng địa lý thu thập của các nguồn gen đậu xanh Việt Nam không rõ ràng thể hiện ở sự xen kẽ các nguồn gen có nguồn gốc thu thập khác nhau trong cả nước vào cùng nhóm.

Quan sát trên hình 1 có thể thấy 54 nguồn gen này được chia thành 3 nhóm chính được đặt tên là G1 và G2 và nhóm 3 chỉ có 01 nguồn gen đậu xanh số 21 có nguồn gốc thu thập từ Tuyên Quang.



Hình 1. Sơ đồ hình cây biểu diễn mối quan hệ của 54 nguồn gen đậu xanh nghiên cứu (theo phương pháp neighbour - joining UPGMA dựa trên chỉ số khác biệt DICE sử dụng 119 chỉ thị có P>80)

Trong nhóm G1, các nguồn gen nghiên cứu được chia nhỏ thành 5 nhóm phụ lần lượt từ G1.1 đến G1.5. Nhóm phụ G1.1 gồm 10 nguồn gen trong đó có 8 nguồn gen có nguồn gốc nhập nội từ các nước Ấn Độ, Pakistan, Philippine, AVRDC và xen vào đó có 2 nguồn gen có nguồn gốc thu thập tại Việt Nam là nguồn gen đậu xanh số 11 thu thập từ Thái Nguyên có đặc điểm là nguồn gen đậu xanh xanh lòng, màu sắc hạt rất đẹp, khác biệt với những nguồn gen đậu xanh nghiên cứu khác và nguồn gen đậu xanh số 32 thu thập tại Khánh Hòa. Nhóm phụ G1.2 gồm 4 nguồn gen đậu xanh địa phương nhưng phân bố địa lí từ vùng Tây Bắc đến miền Trung. Nhóm phụ G1.3 gồm 2 nguồn gen có nguồn gốc thu thập Tây Bắc. Nhóm phụ G1.4 gồm 6 nguồn gen địa phương trong đó 3 nguồn gen thu thập tại miền Bắc, 2 nguồn gen thu thập tại miền Trung và 1 nguồn gen thu thập tại miền Nam. Nhóm phụ G1.5 gồm 2 nguồn gen thu thập tại Thái Nguyên và Hà Giang.

Nhóm G2 cũng được chia thành 4 nhóm phụ từ G2.1 đến G2.4 trong đó nhóm phụ G2.1 gồm 11 nguồn gen đậu xanh, có 8 nguồn gen cs nguồn gốc địa phương phân bố từ miềm Bắc đến miềm Trung, 3 nguồn gen còn lại là giống KPS1 và KPS2 của AVRDC và 1 nguồn gen từ Nga. Nhóm phụ G2.2 gồm 6 nguồn gen thì có 2 nguồn gen nhập nội từ Thái Lan, 1 nguồn gen nhập nội từ Nga, 3 nguồn gen còn lại có nguồn gốc địa phương từ Bắc, Trung, Nam. Nhóm phụ G2.3 gồm 7 nguồn gen tất cả đều có nguồn gốc địa phương trong đó có 1 nguồn gen được chọn lọc từ nguồn gen số 27 có nguồn gốc thu thập tại Lai Châu, 6 nguồn gen còn lại có nguồn gốc thu thập tại Nam Trung Bộ và miền Nam. Nhóm phụ G2.4 gồm 5 nguồn gen thì có 1 nguồn gen có nguồn gốc nhập nội từ Philippine còn lại có nguồn gốc thu thập từ miền Bắc, Trung và Nam.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Đánh giá đa dạng di truyền của các nguồn gen đậu xanh sử dụng chỉ thị DArT thu được giá trị PIC trung bình 0,248, thấp hơn giá trị PIC lý tưởng.

Kết quả phân tích đa dạng di truyền cho thấy 54 nguồn gen đậu xanh được chia thành 3 nhóm chính trong đó nhóm 3 chỉ có nguồn gen đậu xanh số 21 có nguồn gốc thu thập từ Tuyên Quang.

Khoảng cách di truyền các nguồn gen đậu xanh cho thấy các nguồn gen đậu xanh có nền di truyền hẹp và phân nhóm không rõ ràng theo vùng địa lý.

4.2. Đề nghị

Tiếp tục nghiên cứu bổ sung các đặc điểm hình thái nông sinh học của các nguồn gen đậu xanh này để chọn lọc ra được các vật liệu khởi đầu tốt cho công tác chọn tạo giống đậu xanh.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Castillo, A., Maria C Ramirez, Azahara C Martin, Andrzej Kilian, Antonio Martin and Sergio G Atienza, 2013. High - throughput genotyping of wheat-barley amphiploids utilising diversity array technology (DArT). *BMC Plant Biology* 13: 87.

Doyle, J.J. and J.L. Doyle, 1987, "A rapid DNA isolation proceducer for small quantities of fresh leaf tissue". *Phytochemical Bulletin* 19:11-15.

Gupta, S., R. Bansal, U. Vaidya and T. Gopalakrishna, 2012. Development of EST-derived microsatellite markers in mungbean *[Vigna radiata* (L.) *Wilczek]* and their transferability to other Vigna species. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 72(4): 468-471.

Jaccoud D, P. K., Feinstein D., Kilian A., 2001. Diversity arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping. *Nucleic Acids Research* 29: 7.

Nair RM, Schafleitner R, Kenyon L, Srinivasan R, Easdown W, Ebert AW and Hanson P, 2012, "Genetic improvement of mungbean", *SABRAO Jounral of Breeding and Genetics* 44: 177-190.

Nei M. and Li W.H., 1979. *Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction and nucleases*. Proceedings of the National Academy of Sciences 76: 5269-5273.

Nei M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetic* 89(3): 583-590.

Vu, T. T. H., R. J. Lawn, L. M. Bielig, S. J. Molnar, L. Xia and A. Kilian, 2012. Development and initial evaluation of diversity array technology for soybean and mungbean. *Euphytica* 186: 741-754.

Wenzl, P., Carling, J., Kudrna, D., Jaccoud, D., Huttner, E., Kleinhofs, A., & Kilian, A, 2004. *Diversity Arrays Technology (DArT) for whole-genome profiling of barley*. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 101(26), 9915-9920.

Yang S, Pang W, Ash G, Harper J, Carling J, Wensl P, Hutter E, Zong X and Kilian A, 2006. Low level of genetic diversity in cultivated pigeonpea compared to its wild relatives is revealed by diversity array technology. *Theoretical Applied Genetics* 113: 585-595.

Yang, S.Y., Saxena, R.K., Kulwal, P.L., Ash, G.J., Dubey, A., Harper, J.D., Upadhyaya, H.D., Gothalwal, R., Kilian, A. and Varshney, R.K., 2011, The first genetic map of pigeon pea based on diversity arrays technology (DArT) markers. *Journal of genetics, 90(1)*, pp.103-109.

Genetic diversity evaluation of mungbean varieties by using DArT marker

Luu Quang Huy, Bui Thi Thu Huyen, Nguyen Thi Lan Hoa,
Ha Minh Loan, Tran Danh Suu, Pham Thi Xuan

Abstract

Genetic diversity evaluation of mungbean germplasm is essential for conservation and management as well as for breeding purposes. DArT marker was used to evaluate genetic diversity in this study. The result showed that 54 studied mungbean accessions had narrow genetic background with PIC value of 0.248 and grouping of these acc. was not distinct by geographical areas. These mungbean accessions were divided into three major groups. There was only one mungbean variety (acc. number 21) which is originated from Tuyen Quang province in the third group.

Key words: Mungbean, Genetic diversity, DArT marker, PIC

Ngày nhận bài: 13/5/2017 Ngày phản biện: 19/5/2017
Người phản biện: TS. Trần Thị Thu Hoài Ngày duyệt đăng: 29/5/2017

ẢNH HƯỞNG CỦA LIỀU LƯỢNG N, P, K ĐẾN MỘT SỐ CHỈ TIÊU HÓA SINH, SINH TRƯỞNG, NĂNG SUẤT CỦA CÂY DỪA XIÊM (*Cocos nucifera* L.) TRỒNG TẠI CÁT HIỆP, PHÙ CÁT, BÌNH ĐỊNH

Phan Thị Thảo[1]

TÓM TẮT

Nghiên cứu ảnh hưởng của liều lượng N, P, K đến một số chỉ tiêu hóa sinh, sinh trưởng, năng suất, chất lượng đối với cây dừa xiêm ở Cát Hiệp, Phù Cát, Bình Định cho thấy: Nhu cầu về nitơ tổng số của cây dừa xiêm giảm dần từ giai đoạn quả non tới giai đoạn quả trưởng thành, còn nhu cầu về kali và photpho thì ngược lại. Với lượng bón 1.200 g urê/cây làm tăng tỷ lệ nitơ trong lá và bón 1000 g KCl làm tăng tỷ lệ kali trong lá ở giai đoạn quả non và quả trưởng thành. Lượng phân bón 1.000 g urê + 1.500 g superlân + 1.000 g KCl có tác dụng tăng số lượng quả/buồng (8,8 buồng quả/cây) và tổng số quả/cây (105,6 quả/cây). Lượng phân bón (1.000 g Urê +1.500 g lân + 1.000 g KCl)/cây, có tác dụng tăng hàm lượng Magie (51,37 mg/lit), K_2O (2,81 g/lit) và tăng độ brix (7,2%) của nước dừa.

Từ khóa: Hóa sinh, sinh trưởng, năng suất, chất lượng, dừa xiêm

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Dừa (*Cocos nucifera* L.) là cây công nghiệp quan trọng của huyện Phù Cát, tỉnh Bình Định với diện tích 452 ha và sản lượng 5,8 triệu quả/năm (UBND huyện Phù Cát, 2016). Từ nhiều năm qua, ngoài lợi ích kinh tế, cây dừa còn đóng vai trò chắn gió, bão, lũ lụt... tạo cảnh quan môi trường thiên nhiên. Hiện nay, trong bối cảnh biến đổi khí hậu, việc gia tăng xâm nhập mặn, hạn hán và lũ lụt bất thường đối với vùng đồng bằng ven biển các tỉnh miền Trung, thì cây dừa được đánh giá có khả năng chống chịu các nguy cơ trên, trở thành một đối tượng cây trồng quan trọng trong hệ thống canh tác góp phần phát triển nông nghiệp bền vững.

Dừa uống nước là cây đặc sản nổi tiếng của huyện Phù Cát, tỉnh Bình Định đã đem lại nguồn thu nhập đáng kể cho người trồng. Nước dừa ở đây có vị ngọt mát, đậm đà, hương thơm đặc trưng, hơn hẳn chất lượng dừa ở Đồng bằng sông Cửu Long. Do có giá bán cao và lượng tiêu thụ ngày càng lớn, trong thời gian qua việc đầu tư chăm sóc cho vườn dừa đã được chú trọng. Năng suất quả đã được cải thiện nhưng còn chậm, mới chỉ đạt và 65 quả/cây/năm. Một trong những nguyên nhân ảnh hưởng đến năng suất là do chế độ dinh dưỡng cho cây dừa chưa hợp lý. Việc bón phân theo kinh nghiệm của người trồng là chính, dẫn đến tình trạng mất cân đối các chất dinh dưỡng cần thiết, ảnh hưởng đến quá trình sinh trưởng, năng suất, phẩm chất của sản phẩm.

Để góp phần nâng cao hiệu quả kinh tế của cây dừa xiêm ở Phù Cát nói riêng và Bình Định nói chung, việc nghiên cứu ảnh hưởng của liều lượng N, P, K đến một số chỉ tiêu hóa sinh, sinh trưởng, năng suất có ý nghĩa khoa học và thực tiễn, nhằm cung cấp đầy đủ, cân đối các chất dinh dưỡng cần thiết cho cây dừa xiêm.

[1] Trường Đại học Qui Nhơn, Bình Định