

MỘT SỐ ĐẶC ĐIỂM HÌNH THÁI VÀ GEN THƠM CỦA CÁC DÒNG LÚA CHẤT LƯỢNG CHỌN LỌC TỪ ĐỘT BIẾN GIỐNG Q2 VÀ ST19

Hoàng Thị Loan¹, Nguyễn Thái Dương²,
Trần Trung¹, Trần Duy Quý³

TÓM TẮT

Hương thơm là một chỉ tiêu rất quan trọng khi đánh giá chất lượng gạo. Hương thơm có thể được đánh giá ở các bộ phận khác nhau của cây lúa: trên lá, trên hạt gạo lật và trên cơm khi nấu. Theo đó thì người ta chia các giống thành 3 mức: không thơm, thơm nhẹ và thơm. Qua kết quả chọn lọc các dòng ở thể hệ M6, đã xác định hương thơm trên lá, trên hạt gạo và xác định gen thơm của 42 dòng được chọn lọc từ đột biến giống Q2 và ST19. Kết quả thu được cho thấy các dòng đột biến từ giống Q2 đều cho kết quả không thơm, các dòng đột biến từ giống ST19 có 18 dòng thơm và thơm nhẹ trên cả lá và hạt gạo, 17 dòng không thơm.

Từ khóa: Lúa thơm, hương thơm, đặc điểm hình thái, gen BAD2

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Chất lượng của lúa phụ thuộc nhiều yếu tố như hàm lượng amylose, dạng nội nhũ, hàm lượng protein và đặc biệt là hương thơm... Hương thơm của lúa thường là thơm nhẹ hoặc thơm ngát của các loại lúa Basmati hoặc Jasmine. Phân tích hóa học trên một phổ rộng các giống lúa thơm và không thơm cho thấy có rất nhiều các thành phần khác nhau và có sự thay đổi của các thành phần này trong quá trình bảo quản. Những nghiên cứu trước đây đã chứng minh hương thơm của gạo có liên quan tới thời gian bảo quản và các hợp chất tạo thành hương thơm là 1- butanal, 1- hexanal, 1- heptanal, methyl ethyl ketone, 1 pentanal và propanal; sau một thời gian bảo quản chỉ còn butanal và 1- heptanal. Hàm lượng của hexanal trong gạo cân bằng tuyến tính với nồng độ của axit linoleic đã oxi hóa trong gạo (Shin *et al.*, 1986), khi được bảo quản ở nhiệt độ 35°C trong hai tuần, một vài loại gạo đã giảm hàm lượng pentanal, hexanal và petanol đáng kể so với các loại gạo khác (Suzuki *et al.*, 1999). Tuy nhiên, trong những nghiên cứu gần đây đã cho thấy hương thơm của lúa chủ yếu do hợp chất 2 acetyl - 1- pyrroline tạo thành. Sử dụng các phân tích bằng cảm quan và sắc ký khí, Buttery và cộng tác viên (1986) đã xác định 2 acetyl - 1 - pyrroline (2AP) là một chất mặc dù có hàm lượng rất thấp trong các loại lúa thơm nhưng là chất khởi đầu tạo hương thơm. Một số phương pháp sử dụng hệ nhị phân đơn giản của các giống thơm/không thơm để phân loại kiểu hình hương thơm (Pinson, 1994). Các phương pháp khác đã đo mức độ khác nhau của hương thơm bằng cách sử dụng thang đánh giá bằng cảm quan và thường sử dụng thang từ 1 - 10 (Jin *et al.*, 2003).

Các chỉ thị phân tử được sử dụng rộng rãi như một công cụ chọn lọc đối với các tính trạng trong các chương trình chọn giống ở nhiều loại thực vật, bao gồm cả lúa. Sử dụng các chỉ thị phân tử đã tạo được sự liên kết về kiểu hình và kiểu gen, để nhận biết sự di truyền của các tính trạng hoặc các vùng genome quy định các tính trạng. Trong các giống lúa chất lượng ở châu Á, tính trạng hương thơm được đánh giá là một trong những tính trạng quan trọng về chất lượng. Đa số các nghiên cứu tập trung về tính trạng hương thơm trong cây lúa được xác định là do một gen lặn điều khiển trong khi các nghiên cứu khác đã xác định có 2, 3 hoặc 4 locus có liên quan tới hương thơm của lúa (Chen *et al.*, 2008; Gay *et al.*, 2010). Các phương pháp về chỉ thị phân tử ngày càng phát triển đã giúp cho việc chọn tạo giống lúa chất lượng trở nên thuận lợi, rút ngắn được thời gian cũng như giảm đáng kể nguồn chi phí. Các gen quy định tính trạng chất lượng như gen thơm *badh2*, gen mã hóa enzyme tổng hợp tinh bột *wx* đã được xác định và giải trình tự ở các giống lúa chất lượng và sự thiết lập được bản đồ các gen cũng như các chỉ thị phân tử liên kết với tính trạng chất lượng đã góp phần thúc đẩy cho việc chọn tạo giống lúa chất lượng trở nên dễ dàng và nhanh chóng (Chen *et al.*, 2008; Shao *et al.*, 2011; Singh and Sharma, 2010; Myint *et al.*, 2012). Sử dụng phản ứng PCR với 4 môi khác nhau gồm: 2 môi ngoại biên ESP và EAP ở vị trí 580bp; 2 môi nội biên là IFAP nhân vùng gen thơm cho ở vị trí 257bp và môi INSP nhân vùng gen không thơm ở vị trí 355bp (Bradbury *et al.*, 2005). Phương pháp này cho phép xác định nhanh, chính xác và phân biệt được lúa thơm, lúa không thơm đồng hợp, lúa không thơm dị hợp (Phan Hữu Tôn và Tống Văn Hải, 2010; Trần Tấn Phương *et al.*, 2010).

¹ Trường đại học Sư phạm kỹ thuật Hưng Yên; ² Viện Di truyền Nông nghiệp

³ Viện Nghiên cứu Hợp tác KHKT Châu Á Thái Bình Dương (IAP)

Chỉ thị phân tử BAD2 khuếch đại vùng gen thơm nên chỉ thị này sẽ được sử dụng để sàng lọc những cá thể mang gen qui định mùi thơm *fgr* (Nguyễn Thị Nhài và *ctv.*, 2017; Nguyễn Trí Yến Chi, 2018).

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Vật liệu nghiên cứu là 42 dòng đột biến đã được chọn lọc đến thế hệ M6 mang nhiều đặc điểm nông sinh học quý, có khả năng phục vụ trực tiếp cho sản xuất hoặc sử dụng làm vật liệu để lai, tạo ra các giống lúa chất lượng mới và giống gốc (giống ST19 và Q2).

- 4 môi xác định gen thơm BAD2 (EAP, IFAP, ESP và INSP) do hãng Bioneer cung cấp dựa theo các thông tin về trình tự đã được Bradbury phát hiện năm 2005 (Bradbury *et al.*, 2005).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- ADN tổng số được tách chiết từ 100 mg lá, sử dụng theo phương pháp cetyltrimethyl ammonium

bromide (CTAB) (Doyle & Doyle, 1987) có cải tiến theo điều kiện mẫu lá. Thành phần phản ứng khuếch đại vùng ITS lục lạp bao gồm 2,5µl dNTP Mix (nồng độ 0,2 mM); 2,5 µl 10X Buffer; 0,625 UI DreamTaq™ DNA polymerase; 0,5 µl mỗi xuôi (nồng độ 0,175 µM) 0,5 µl mỗi ngược (nồng độ 0,175 µM); 5 µl ADN mẫu (nồng độ 50 ng/ml), nước cất vừa đủ 25µl. Môi ITSF (GTTTCTTTTCCTCCGCT) và ITS R (là AGGAGAAGTCGTAACAAG) gắn ở vùng 23S và 18S, được sử dụng để khuếch đại và đọc trình tự. Phản ứng PCR được tiến hành như sau: Biến tính ở 95 °C trong 5 phút; 35 chu kì nhân ADN (biến tính ở 94 °C trong 2 phút, mỗi bắt cặp ở 58 °C trong 1 phút, kéo dài ở 72 °C trong 2 phút); giai đoạn kéo dài cuối cùng ở 72 °C trong 10 phút. Các sản phẩm PCR giải trình tự bằng phương pháp tự động ở công ty Macrogen, Seoul, Hàn Quốc.

- Sản phẩm PCR được điện di trên gel Agarose 2% và được phát hiện dưới tia tử ngoại bằng phương pháp nhuộm Ethidium Bromide.

Chỉ thị: BADH2	Kích cỡ (bp)	Tác giả
ESP: 5'-TTGTTTGGAGCTTGCTGATG-3'	580	Bradbury <i>et al.</i> , 2005b
IFAP: 5'CATAGGAGCAGCTGAAAATATATACC-3'	257	
INSP: 5'-CTGGTAAAGTTTATGGCTTCA-3'	355	
EAP : 5'-AGTGCTTTACAGCCCGC-3'	580	

- Đánh giá hương thơm trên hạt gạo và mùi thơm trên lá.

Hương thơm trên hạt gạo: Lấy 10 hạt gạo của mỗi dòng, làm trắng và nghiền, bột gạo của mỗi giống được đặt trong 1 hộp chứa 5 ml KOH 1,7%; đậy nắp và để ở nhiệt độ phòng trong vòng 10 phút. Hương thơm đánh giá bằng phương pháp ngửi: 5 người khác nhau với hình thức cho điểm và lấy trung bình. Mức độ thơm được đánh giá như sau: không thơm (cấp 1); thơm nhẹ (cấp 2); thơm (cấp 3).

Hương thơm trên lá: Thu 10 lá của mỗi giống ở giai đoạn đẻ nhánh. Cắt 1 g lá thành những mẫu dài 5 mm và trộn với 5 ml dung dịch KOH 1,7%, đậy nắp lại ngay và để ở nhiệt độ phòng trong vòng 10 phút. Đánh giá bằng phương pháp ngửi và cho điểm như trên hạt gạo.

- Phân tích và xử lý số liệu: Kết quả được thống kê dựa vào sự xuất hiện hay không xuất hiện của các băng ADN. Số liệu được xử lý, phân tích bằng chương trình Excel version 5.0 và phần mềm NTSYSpc 2.1.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Thời gian: Vụ Xuân năm 2017.

- Địa điểm: Trồng và chăm sóc lúa tại khu thí nghiệm lúa trường Đại học Sư phạm kỹ thuật Hưng Yên. Phân tích các chỉ tiêu tại phòng thí nghiệm hóa vi sinh trường Đại học sư phạm kỹ thuật Hưng Yên và Bộ môn Di truyền chọn giống - Viện Di truyền Nông nghiệp.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả xác định hương thơm của các dòng lúa

Kể từ khi bắt đầu cuộc cách mạng xanh, hầu hết các chương trình nhân giống lúa đã tập trung vào việc cải thiện dịch bệnh và kháng côn trùng, và hầu hết quan trọng, năng suất hạt. Vì các giống thơm có năng suất thấp, nông dân đã ngừng phát triển các giống thơm địa phương cụ thể và đã thay thế chúng bằng sự phát triển nhanh, chống bệnh tật mới, các giống năng suất cao, không có mùi thơm (Bhattacharjee *et al.*, 2002; Itani *et al.*, 2004). Hiện nay nhu cầu gạo thơm đã tăng đáng kể trong những năm gần đây và người tiêu dùng sẵn sàng trả giá cao cho gạo thơm.

Bảng 1. Hương thơm của các dòng lúa

Số thứ tự dòng	Hương thơm		Số thứ tự dòng	Hương thơm	
	Trên lá	Trên gạo		Trên lá	Trên gạo
1	Không thơm	Không thơm	22	Thơm	Thơm
2	Không thơm	Không thơm	23	Thơm	Thơm
3	Không thơm	Không thơm	24	Thơm	Thơm
4	Không thơm	Không thơm	25	Thơm	Thơm
5	Không thơm	Không thơm	26	Thơm	Thơm
6	Không thơm	Không thơm	27	Thơm	Thơm
7	Thơm	Thơm nhẹ	28	Thơm	Thơm
8	Thơm	Thơm	29	Không thơm	Không thơm
9	Không thơm	Không thơm	30	Không thơm	Không thơm
10	Không thơm	Thơm nhẹ	31	Không thơm	Không thơm
11	Thơm	Thơm	32	Không thơm	Không thơm
12	Thơm	Thơm	33	Không thơm	Không thơm
13	Thơm	Thơm	34	Không thơm	Không thơm
14	Thơm	Thơm	35	Không thơm	Không thơm
15	Không thơm	Không thơm	36	Không thơm	Không thơm
16	Thơm	Thơm	37	Thơm	Thơm
17	Không thơm	Không thơm	38	Không thơm	Không thơm
18	Thơm nhẹ	Thơm nhẹ	39	Không thơm	Không thơm
19	Thơm	Thơm	40	Không thơm	Không thơm
20	Không thơm	Không thơm	41	Thơm	Thơm
21	Không thơm	Không thơm	42	Thơm nhẹ	Không thơm

Kết quả được ở bảng 1 cho thấy:

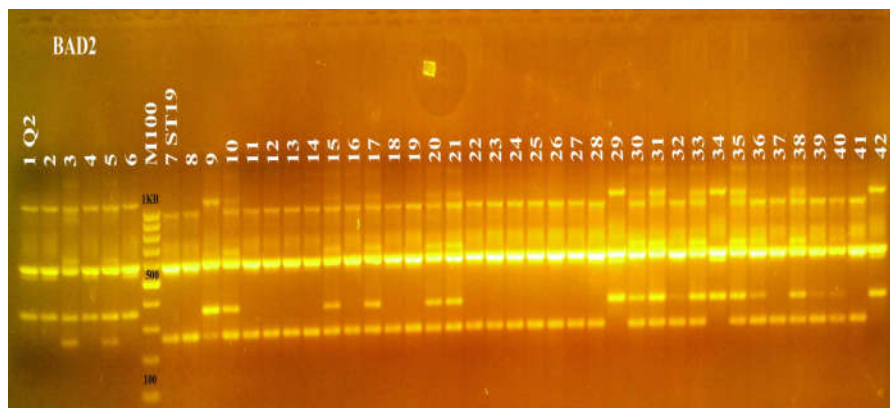
- Hương thơm trên lá: Trong 42 dòng giống tham gia thí nghiệm thì có dòng 1 (đối chứng - giống Q2) không có hương thơm và các dòng đột biến từ 2 - 5 cũng không có hương thơm. Dòng 7 (Giống đối chứng - ST19) có hương thơm, có 18 dòng đột biến có hương thơm và thơm nhẹ, còn lại lá không có hương thơm.

- Hương thơm trên gạo: Qua đánh giá thấy rằng, các dòng từ 1 - 6 không có hương thơm,

dòng 7 (Giống đối chứng - ST19) thơm nhẹ, 17 dòng đột biến có hương thơm và thơm nhẹ, còn lại không thơm.

3.2. Kết quả xác định gen thơm của các dòng lúa

Dựa vào sự đa hình ADN của gen BAD2, Bradbury và cộng tác viên (2005) đã xây dựng phương pháp ASA (Allele Specific Amplification) để làm chỉ thị phân tử xác định lúa thơm, không thơm. Nghiên cứu này đã sử dụng chỉ thị phân tử BAD2.



Hình 1. Ảnh điện di sản phẩm PCR của các dòng lúa nghiên cứu với mỗi BAD2

Ghi chú: thứ tự 1 - 42 ở bảng 1; M: Marker 100 bp ADN Ladder.

Kết quả xác định gen BAD2 (Hình 1 và Bảng 1) cho thấy:

Chỉ thị BADH2 phát hiện gen *fgr* đồng hợp với 2 vạch băng 580bp + 257bp cho hương thơm, dị hợp với 3 vạch băng 580bp + 355bp + 257bp không thơm và không có gen *fgr* với 2 vạch băng 355bp + 580bp và không thơm.

Đối với giống Q2: Sau khi xử lý đột biến và chọn lọc thu được 5 dòng (số 2 - 5), giống Q2 không thơm, khi đột biến các dòng thu được đều biểu hiện bằng ADN ở vị trí đặc hiệu 355bp được xác định là không mang gen thơm *fgr* đồng hợp, trong đó dòng 3 và số 5 biểu hiện bằng ADN ở vị trí đặc hiệu 257bp và 355bp được xác định là không mang gen thơm *fgr* dị hợp.

Đối với giống ST19: Số 7 là giống ST19, 35 dòng còn lại từ số 8 - 42 là các dòng đột biến. Các dòng 9, 10, 15, 17, 20, 21, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 38, 39, và 40 ở trạng thái dị hợp ở vị trí 257bp và 355bp được xác định là không mang gen thơm *fgr*. Các dòng số 29, 34 và 42 không mang gen thơm ở vị trí 257bp. Có 17 dòng là các dòng 8, 11, 12, 13, 14, 16, 18, 19, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 37, và 41 là các dòng có vị trí là 257 và 580bp ở trạng thái đồng hợp lặn mang gen thơm. Kết quả phân tích với chỉ thị BAD2 trong nghiên cứu này phù hợp với kết quả đã công bố của tác giả Kumari và cộng tác viên (2012), Dương Xuân Tú và cộng tác viên (2016). Kết quả này phù hợp với những đánh giá bằng các phương pháp truyền thống: Các dòng lúa chọn lọc đều có hương thơm được thể hiện ở bảng 1.

Bảng 2. Kết quả kiểm tra gen BAD2 của các dòng lúa nghiên cứu

Tên dòng	Gen BAD2	Tên dòng	Gen BAD2
1	-	22	-/-
2	-	23	-/-
3	+/-	24	-/-
4	-	25	-/-
5	+/-	26	-/-
6	-	27	-/-
7	-/-	28	-/-
8	-/-	29	-
9	+/-	30	+/-
10	+/-	31	+/-
11	-/-	32	+/-
12	-/-	33	+/-
13	-/-	34	-
14	-/-	35	+/-
15	+/-	36	+/-
16	-/-	37	-/-
17	+/-	38	+/-
18	-/-	39	+/-
19	-/-	40	+/-
20	+/-	41	-/-
21	+/-	42	-

Ghi chú: (-): không có gen; (-/-): đồng hợp lặn; (+/-): dị hợp.

3.3. Đặc điểm hình thái và yếu tố cấu thành năng suất của các dòng triển vọng

Vụ Xuân năm 2017, tiến hành so sánh 7 dòng lúa triển vọng đã được chọn lọc ra những dòng đột biến. Kết quả so sánh về năng suất và các yếu tố cấu thành năng suất của các dòng được đưa ra trong bảng 3.

Bảng 3. Đặc điểm các yếu tố cấu thành năng suất của một số dòng lúa nghiên cứu

STT	Tên dòng	Chiều dài bông (cm)	Số hạt/bông	Số hạt chắc/bông	Số bông hữu hiệu/khóm	KL1000 hạt (g)	Số bông/m ²	Năng suất lý thuyết (tạ/ha)	Năng suất thực thu (tạ/ha)
1	1-Q2	26,41	210,35	168,39	4,72	18,73	188,80	59,54	38,70
2	4	29,06	260,16	221,14	5,14	19,58	205,60	89,02	62,32
3	6	27,45	250,38	212,82	5,26	18,75	210,40	83,96	60,45
4	7-ST19	26,15	174,36	104,62	5,24	22,01	183,40	42,23	25,34
5	8	28,46	231,14	185,14	5,43	22,61	190,05	79,56	51,71
6	19	29,35	228,90	195,25	5,11	22,52	178,85	78,64	55,05
7	23	29,57	221,37	174,15	5,36	22,38	187,60	73,12	47,53
8	25	27,82	236,97	191,32	5,32	23,78	186,20	84,71	60,15
9	41	31,26	230,30	190,24	5,82	23,65	203,70	91,65	64,15

Đặc điểm về hình thái sinh trưởng: Dạng cây của các dòng triển vọng đều có dạng hình gọn, thân cứng, chống đổ tốt (chỉ có giống ST19 thân yếu, dễ nhiễm bệnh). Giống Q2 có chiều cao cây 135 cm, các dòng đột biến số 4 và 6 có chiều cao cây từ 120 - 125 cm; giống ST19 cao 110 cm, các dòng đột biến từ 8 - 41 có chiều cao trung bình từ 100 - 108 cm và thời gian sinh trưởng đạt 135 - 140 ngày/vụ Xuân và 120 - 125 ngày/vụ Mùa. Các dòng này có thời gian sinh trưởng phù hợp với cơ cấu thời vụ các tỉnh phía Bắc hiện nay.

Kết quả bảng 3 cho thấy: Dòng số 4 và 6 có năng suất cao hơn năng suất của giống đối chứng Q2 đồng thời đạt được năng suất đặt ra theo mục tiêu là từ 60 tạ/ha trong vụ Xuân. Đối với giống ST19: các dòng đột biến đều cho năng suất cao hơn, dòng 25 và 41 cho năng suất cao đạt 60,15 - 64,15 tạ /ha.

Chất lượng gạo của các dòng lúa triển vọng được đánh giá sơ bộ theo hàm lượng amylose và chất lượng ăn nếm. Kết quả đánh giá được đưa ra trong bảng 4.

Bảng 4. Chất lượng gạo của các dòng lúa trong thí nghiệm vụ Xuân năm 2017

Tên dòng	Hàm lượng amylose (%)	Đánh giá chất lượng
1- Q2	25	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm cứng, không thơm
4	21	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm hơi mềm, không thơm
6	20,5	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm hơi mềm, không thơm
7- ST19	20,5	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm hơi mềm, thơm
8	16,5	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm mềm, thơm
19	14,2	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm mềm, thơm
23	16,3	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm mềm, thơm
25	14,2	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm mềm, thơm
41	15,1	Gạo trắng, ít bạc bụng, cơm mềm, thơm

Sau khi xử lý đột biến giống Q2 và ST19 thu được một số dòng đột biến cho hàm lượng amylose thấp

hơn so với giống gốc và chất lượng cơm ngon phù hợp với mục tiêu của nghiên cứu.



Dòng số 41



Dòng số 19



Giống ST19

Hình 2. Một số hình ảnh giống ST19 và các dòng đột biến triển vọng

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Qua kết quả chọn lọc các dòng đột biến ở thế hệ M6 đã chọn lọc và xác định hương thơm trên lá và trên hạt gạo trùng khớp với kết quả xác định gen thơm trên các dòng được chọn lọc từ đột biến giống Q2 và ST19. Trong số 42 dòng đưa vào phân tích, 18 dòng biểu hiện ADN ở vị trí đặc hiệu 257bp, được xác định là mang gen thơm *fgf* đồng hợp. Kết quả thu được cho thấy các dòng đột biến từ giống Q2 đều cho kết quả không thơm, các dòng đột biến từ giống ST19 có 18 dòng có hương thơm và thơm nhẹ trên cả lá và hạt gạo, có 17 dòng không thơm.

4.2. Đề nghị

Tiếp tục chọn lọc, khảo nghiệm các dòng lúa có chất lượng, năng suất cao phục vụ sản xuất.

LỜI CẢM ƠN

Công trình này là một phần kết quả của đề tài “Nghiên cứu ứng dụng công nghệ sinh học để chọn tạo giống lúa năng suất cao và chất lượng tốt cho Hưng Yên và Đồng bằng Bắc bộ”, đề tài độc lập cấp Nhà nước, mã số ĐTĐL.2012-G36.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Dương Xuân Tú, Phạm Thiên Thành, Tăng Thị Diệp, Tống Thị Huyền, Lê Thị Thanh, Nguyễn Thị Thu và Nguyễn Trí Hoàn, 2016. Ứng dụng chỉ thị phân tử trong chọn tạo các giống lúa thơm, kháng bệnh bạc lá cho các tỉnh phía Bắc. Trong: *Kỷ yếu Hội thảo Quốc gia về Khoa học cây trồng lần thứ hai*. TP. Cần Thơ, 11-12/8/2016, trang 246-255.
- Nguyễn Trí Yến Chi, 2018. *Nghiên cứu chọn tạo giống lúa thơm (Oryza sativa L.) kháng rầy nâu (Nilaparvata lugens Stal.) bằng dấu phân tử SSR*. Trường Đại học Cần Thơ.
- Nguyễn Thị Nhài, Nguyễn Thị Minh Nguyệt, Nguyễn Thị Thanh Thủy, Lê Hùng Lĩnh, 2017. Sàng lọc chỉ thị phân tử liên kết gen qui định mùi thơm *fgf* để ứng dụng trong chọn tạo giống lúa thơm tại Việt Nam. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 77 (4): 9-13.
- Trần Tấn Phương, Hồ Quang Cua, Nguyễn Thị Trâm, Trần Duy Quý, Lê thị Kim Nhung, Lê Thị Xà, 2010. Đánh giá gen kiểm soát mùi thơm của các giống lúa thơm địa phương và cải tiến. *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, 8 (3): 410-417.
- Phan Hữu Tôn, Tống Văn Hải, 2010. Sàng lọc gen mùi thơm bằng chỉ thị phân tử. *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, 8 (4): 646-652.
- Bhattacharjee, P., Singhal, R.S. and Kulkarni, P.R., 2002. Basmati rice: a review. *International Journal of Food Science and Technology*, 37: 1-12.
- Bradbury L.M.T., R.J. Henry, Q. Jin, R.F. Reinke and D.L.E. Waters, 2005b. A Perfect Marker for Fragrance Genotyping in Rice. *Molecular Breeding*, 16, pp. 279-283.
- Buttery RG, Ling LC, Mon TR, 1986. Quantitative-Analysis of 2- Acetyl-1-Pyrroline in Rice. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 34: 112-114.
- Chen S, Yang Y, Shi W, Ji Q, He F, Zhang Z, Cheng Z, Liu X, Xu M, 2008. Badh2, encoding betaine aldehyde dehydrogenase, inhibits the biosynthesis of 2-acetyl-1-pyrroline, a major component in rice fragrance. *Plant Cell*, 20:1850-1861.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L., 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19: 11-15.
- Gay F, Maraval I, Roques S, Gunata Z, Boulanger R, Audebert A, Mestres C, 2010. Effect of salinity on yield and 2-acetyl-1-pyrroline content in the grains of three fragrant rice cultivars in Camargue. *Field Crop Res*, 117: 154-160.
- Itani, T., Tamaki, M., Hayata, Y., Fushimi, T. and Hashizume, K., 2004. Variation of 2-acetyl-1-pyrroline concentration in aromatic rice grains collected in the same region in Japan and factors affecting its concentration. *Plant Production Science*, 7: 178-183.
- Jin QS, Waters D, Cordeiro GM, Henry RJ, Reinke RF, 2003. A single nucleotide polymorphism (SNP) marker linked to the fragrance gene in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Science*, 165: 359-364.
- Myint KM, Arikrit S, Wanchana S, Yoshihashi T, Choowongkamon K, Vanavichit A, 2012. A PCR-based marker for a locus conferring the aroma in Myanmar rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet.*, 10: 1880-1890.
- Obara O. P. and Kako S., 1998. Genetic diversity and identification of *Cymbidium* cultivars as measured by random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Euphytica*, 99: 95-1001.
- Pinson SRM, 1994. Inheritance of Aroma in 6 Rice Cultivars. *Crop Science*, 34: 1151-1157.
- Pummy Kumari, Uma Ahuja, Sunita Jain and R. K. Rain, 2012. Fragrance analysis using molecular and biochemical methods in recombinant inbred lines of rice. *African Journal of Biotechnology*, 11 (91): 15784-15789.
- Shao G. N., Tang A, Tang S. Q, Luo J, Jiao G. A, Wu J. L, Hu P. S, 2011. A new deletion mutation of fragrant gene and the development of three molecular markers for fragrance in rice. *Plant Breeding*, 130 (2): 172-176.

Shin MG, Yoon SH, Rhee JS, Kwon TW, 1986. Correlation between Oxidative Deterioration of Unsaturated Lipid and Normal-Hexanal During Storage of Brown Rice. *Journal of Food Science*, 51: 460-463.

Singh NK, Sharma TR, 2010. SNP haplotypes of the BADH1 gene and their association with aroma in

rice (*O. sativa* L.). *Mol Breed*, 26: 325-338.

Suzuki Y, Ise K, Li CY, Honda I, Iwai Y, Matsukura U, 1999. Volatile components in stored rice (*Oryza sativa* L.) of varieties with and without lipoxygenase-3 in seeds. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 47: 1119-1124.

Morphological characteristics and determination of fragrant gene of rice quality lines selected from mutants Q2 and ST19 varieties

Hoang Thi Loan, Nguyen Thai Duong,
Tran Trung, Tran Duy Quy

Abstract

Scent is a very important indicator when evaluating the quality of rice. The scent can be evaluated in different parts of rice plants: in leaves, in dehulled grains and in cooked grains. The scented rice varieties can be divided by three levels: unscented, lightly scented and scented. In this study, the scent was identified in leaves, in dehulled grains and the fragrant gene was investigated in 42 rice lines selected from mutant rice varieties Q2 and ST19. The results showed that the mutant lines from variety Q2 were unscented while the mutant rice lines from ST19 variety composed of 18 scented and slightly scented in both leaves and dehulled grains and 17 unscented lines.

Keywords: Aromatic rice, scent, morphological characteristics, BAD2 gene

Ngày nhận bài: 13/3/2018

Ngày phản biện: 18/3/2018

Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu

Ngày duyệt đăng: 16/4/2018

SỰ ỔN ĐỊNH VÀ THÍCH NGHI CỦA CÁC GIỐNG LÚA TRÊN CÁC VÙNG SINH THÁI BẤT LỢI CỦA TỈNH LONG AN

Bùi Phước Tâm¹, Nguyễn Văn Hữu Linh², Biện Anh Khoa²,
Phạm Thị Bé Tư¹ và Nguyễn Thị Lang²

TÓM TẮT

Sự ổn định và thích nghi của một giống lúa thể hiện tính di truyền và sự đáp ứng của giống với môi trường canh tác. Nghiên cứu được thực hiện nhằm đánh giá sự tương tác giữa kiểu gen và môi trường dựa trên năng suất của 10 giống lúa ở các vùng sinh thái khác nhau thuộc tỉnh Long An. Qua hai vụ Đông Xuân và Hè Thu liên tiếp cho thấy năng suất các giống canh tác trên vùng sinh thái có sự khác biệt ý nghĩa ở mức 99%. Kết quả ghi nhận các giống cho năng suất cao nhất trong vụ Đông Xuân 2016 - 2017 là giống OM3673, OM344, OM8108 và OM90L đạt 7,71; 7,68; 7,36 và 7,35 tấn/ha theo thứ tự. Các giống này ổn định ($S_{di}^2 \sim 0$) và thích nghi với điều kiện bất lợi ($b_1 < 1$), riêng OM3673 thích nghi rộng ($b_1 \sim 1$). Tương tự, trong vụ Hè Thu 2017, các giống cho năng suất cao và ổn định là OM10258, OM3673, OM344 và OM8108. Trong đó, OM10258 và OM3673 thích nghi điều kiện bất lợi ($b_1 < 1$), OM344 và OM8108 thích nghi điều kiện thuận lợi ($b_1 > 1$). Các giống được đề xuất phát triển ở Long An là OM3673, OM344, OM10258 và OM8108.

Từ khóa: Lúa, năng suất, ổn định, thích nghi, tương tác kiểu gen và môi trường

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Long An là một trong những tỉnh ở Đồng bằng sông Cửu Long có điều kiện canh tác lúa kém thuận lợi. Ảnh hưởng của các tác nhân mặn, hạn, phèn và ngập úng trong những năm qua đã làm giảm năng

suất lúa cũng như gây thiệt hại kinh tế nông nghiệp một cách đáng kể. Do đó, chọn giống lúa để canh tác trên các vùng đất này đòi hỏi ngoài năng suất, chất lượng là sự ổn định và thích nghi cao. Sự ổn định và thích nghi của một giống lúa là điều kiện cần thiết để

¹ Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long

² Viện Nghiên cứu Nông nghiệp công nghệ cao Đồng bằng sông Cửu Long