

khảo nghiệm cơ bản, chúng cho năng suất từ 136,1 đến 194,0 tấn/ha, CCS từ 8,91 đến 10,62% ở vụ tơ và năng suất từ 130,2 - 141,0 tấn/ha, CCS từ 9,74 đến 10,57% ở vụ gốc I, cao hơn có ý nghĩa (P0,05) so với năng suất 127,3 tấn/ha, CCS 10,28% ở vụ tơ và 75,3 tấn/ha, CCS 9,86% ở vụ gốc I của giống đối chứng K84-200. Trong khảo nghiệm sản xuất, cho năng suất từ 120,2 đến 135,6 tấn/ha và CCS từ 9,03 đến 10,32%, cao hơn so với năng suất 83,5 tấn/ha, CCS 10,40% của giống đối chứng K84-200. Mặc dù vậy, chúng vẫn còn 1 số nhược điểm như KPS01-25 bị trở cờ (nhưng tỷ lệ thấp), KPS01-25 và KK3 còn bị nhiễm bệnh trắng lá (nhưng nhẹ).

4.2. Đề nghị

Khuyến cáo, sử dụng rộng rãi các giống mía KK3, KPS01-25 và LK92-11 trong sản xuất mía nguyên liệu trên địa bàn tỉnh Gia Lai trong thời gian tới.

Test result of some new sugarcane varieties in Gia Lai province

Pham Tan Hung, Do Cao Tri, Cao Anh Duong

Abstract

This study was carried out at Po To commune, Iapa district, Gia Lai province, through two steps including basic testing for 10 sugarcane varieties in RCBD, 4 replications, and trial testing for 5 varieties with large-scale designation, non replication. The check variety was K84-200. The result of basic experiment showed that KK3, KPS01-25 and LK92-11 varieties gave cane yield from 136.1 to 194.0 ton/ha, 8.91 to 10.62 CCS in the new plant season and from 130.2 to 141.0 ton/ha, 9.74 to 10.57 CCS in the first ratoon season, higher than that of check variety K84-200 with the yield of 127.3 ton/ha, 10.28 CCS in the plant cane and 75.3 ton/ha, 9.86 CCS in the first ratoon cane at the significant level of $P_{0.05}$. The result of large scale trial also showed that KK3, KPS01-25 and LK92-11 gave cane yield from 120.2 to 135.6 ton/ha and 9.03 to 10.32 CCS, compared to 83.5 ton/ha, 10.40 CCS of the check variety K84-200. However, they still had some disadvantages such as KPS01-25 flowering (but low rate), both KPS01-25 and KK3 were infected by white leaf disease (but lightly).

Key words: Sugarcane variety, testing, cane yield, commercial cane sugar (CCS)

Ngày nhận bài: 12/8/2016

Ngày phản biện: 21/8/2016

Người phản biện: TS. Cao Anh Dương

Ngày duyệt đăng: 25/8/2016

KHẢO SÁT SỰ PHÂN LY TỔ HỢP LAI HỒI GIAO LÚA THƠM KHÁNG RẦY NÂU DỰA VÀO ĐẶC TÍNH NÔNG HỌC VÀ DẤU PHÂN TỬ

Nguyễn Trí Yến Chi¹, Trương Trọng Ngôn¹

TÓM TẮT

Quần thể BC₂F₂ của tổ hợp lai hồi giao lúa thơm kháng rầy nâu (ST5/OM4103//ST5) được sử dụng để khảo sát sự phân ly dựa vào 5 đặc tính nông học. Gen thơm được nhận diện bằng cách sử dụng 4 chỉ thị phân tử chuyên biệt (ESP, EAP, IFAP và INSP). Chỉ thị phân tử RM225 được dùng để xác định gen kháng rầy nâu. Kết quả phân tích cho thấy thời gian sinh trưởng và số bông/khóm có tính ổn định cao, trong khi tính trạng số hạt/bông có khả năng biến dị cao. Về kiểu gen, hầu hết các cá thể của tổ hợp lai đều có kiểu gen thơm là đồng hợp lặn giống mẹ (ST5) và không có cá thể nào mang kiểu gen không thơm giống bố (OM4103). Trong 20 dòng được khảo sát có 4 dòng được chọn lọc để tiếp tục lai tạo và phát triển thành giống lúa thơm kháng rầy nâu.

Từ khóa: Chỉ thị phân tử, lúa thơm, rầy nâu

¹ Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học, Đại học Cần Thơ

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Việt Nam là quốc gia đứng thứ hai trên thế giới về xuất khẩu lúa gạo nhưng chất lượng và giá gạo xuất khẩu của Việt Nam thường thấp hơn một số nước khác như Ấn Độ và Thái Lan, đặc biệt có sự chênh lệch lớn giữa gạo đặc sản và gạo chất lượng cao. Vì vậy, chất lượng hạt gạo đang được chú trọng trong những năm gần đây. Tuy nhiên những giống gạo chất lượng cao dễ bị nhiễm sâu bệnh đặc biệt là rầy nâu, để hạn chế tối đa thiệt hại năng suất lúa chất lượng cao do rầy nâu gây ra, việc nghiên cứu và chọn tạo giống kháng là rất cần thiết.

Nghiên cứu sự phân ly của các con lai dựa vào các tính trạng nông học là phương pháp cổ điển nhưng vẫn được sử dụng rộng rãi hiện nay do chi phí thấp, để bố trí thí nghiệm và đảm bảo hiệu quả nhất định giúp các nhà nghiên cứu có thể phân biệt các giống một cách nhanh chóng trên đồng ruộng. Ngoài ra, với sự phát triển của sinh học phân tử, việc chọn tạo giống lúa mang gen mục tiêu thông qua chỉ thị phân tử liên kết với QTLs/gen mục tiêu đã và đang được ứng dụng rộng rãi, đảm bảo cho các nhà chọn giống nhận diện chính xác gen liên kết ở giai đoạn sớm mà không bị chi phối bởi điều kiện môi trường và rút ngắn thời gian tạo giống (Phạm Thị Thanh Mai và *ctv.*, 2012). Việc khảo sát đặc tính nông học kết hợp với sử dụng chỉ thị phân tử giúp các nhà nghiên cứu đưa ra kết luận chính xác hơn về khả năng thích nghi với môi trường tại nơi thí nghiệm nhằm tạo giống mang tính di truyền đồng nhất và năng suất cao. Xuất phát từ những vấn đề nêu trên, nghiên cứu này được thực hiện để đánh giá sự phân ly những đặc tính nông học và kiểu gen của các cá thể trong quần thể lai hồi giao lúa thơm kháng rầy nâu ở thế hệ BC₂F₂ dựa trên kiểu hình và chỉ thị phân tử.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu nghiên cứu gồm 20 dòng lúa thơm kháng rầy nâu ở thế hệ BC₂F₂ của tổ hợp lai lúa thơm kháng rầy nâu và 2 giống bố mẹ (ST5 và OM4103) được sử dụng trong nghiên cứu này.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Đánh giá kiểu hình

Bố trí thí nghiệm theo phương pháp tuần tự không nhắc lại. Lúa sau khi ngâm ủ được 3 ngày sẽ tiến hành cấy vào chậu, mỗi chậu 1 cây để theo dõi và ghi nhận các chỉ tiêu nông học: thời gian sinh trưởng, chiều cao cây, số bông/khóm, chiều dài bông, và số hạt/bông.

Các chỉ tiêu nông sinh học trên được đánh giá theo tiêu chuẩn (SES Standard evaluation system for rice) và tiêu chuẩn IRRI, 2002.

2.2.2. Phương pháp phân tích phương sai, hệ số phương sai và hệ số di truyền

Các đặc số thống kê như: Phương sai kiểu gen, phương sai kiểu hình, phương sai môi trường được tính theo công thức của Johnson et al. (1955). Hệ số di truyền theo nghĩa rộng (h^2_p) được tính dựa vào công thức của Allard (1960). Áp dụng công thức của công thức của Burton (1952) để tính hệ số phương sai kiểu hình (PCV), hệ số phương sai kiểu gen (GCV).

2.2.3. Một số kỹ thuật trong sinh học phân tử

- Kỹ thuật tách chiết ADN: Sử dụng kỹ thuật CTAB có cải tiến (Rogers and Bendich, 1988), lá lúa được khoảng 10-15 ngày tuổi được sử dụng để tách chiết ADN.

- Kỹ thuật PCR: Phản ứng PCR được thực hiện với các thành phần như sau: 2,5μl dung dịch đệm; 3μl MgCl₂; 4μl dNTP mỗi loại; 1μl mỗi mỗi loại; 0,25 unit Taq polymerase và 50-100ng DNA. Thêm nước cất vô trùng cho đủ thể tích 25μl. Phản ứng khuếch đại được tiến hành ở 94°C trong 7 phút, sau đó lặp lại 35 chu kỳ với các bước như sau: biến tính ở 94°C trong 45 giây, bắt cặp mỗi vào khuôn ở 56°C -58°C (đối với từng loại mỗi) trong 45 giây, kéo dài ở 72°C trong 1 phút 30 giây. Cuối cùng phản ứng được duy trì ở 72°C trong 7 phút. Sản phẩm PCR sau khi khuếch đại được phân tích bằng điện di trên gel 1,5% agarose trong dung dịch đệm TAE IX và chụp bằng máy chụp hình gel Biorad UV 2000. Thang chuẩn 100bp của công ty Fermentas đã được sử dụng để ước lượng kích thước đoạn sản phẩm PCR.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Phương sai, hệ số phương sai và hệ số di truyền

- Thí nghiệm đánh giá một số đặc tính nông sinh học được tiến hành với 20 dòng lai được trồng trong vụ Hè Thu 2015 tại nhà lưới Viện Nghiên cứu và phát triển Công nghệ sinh học, khu II Trường Đại học Cần Thơ (ĐHCT).

- Kết quả thí nghiệm ở Bảng 1 cho thấy: Phương sai kiểu hình được ước lượng của tổ hợp lai thay đổi từ cao nhất (176,527) ở tính trạng số hạt/bông, giảm dần ở các tính trạng chiều cao cây (56,350), thời gian sinh trưởng (31,214), chiều dài bông (8,960) và thấp nhất (3,917) ở tính trạng số bông/khóm. Điều này thể hiện, kiểu hình của tổ hợp lai có sự phân tán cao ở tính trạng số hạt trên bông và ít phân tán nhất ở tính trạng số bông/khóm nhất so với các giống cha

mẹ. Kiểu hình ở tổ hợp lai có sự phân tán tương đối cao tính trạng chiều cao cây, thời gian sinh trưởng và phân tán tương đối ít ở tính trạng chiều dài bông so với các giống cha mẹ.

Bảng 1. Kết quả phân tích các tham số di truyền của các dòng lai ở thế hệ BC₂F₂ (thí nghiệm tại Khu II ĐHTC, năm 2015)

Tổ hợp lai	Các tham số di truyền	Các tính trạng				
		Thời gian sinh trưởng	Chiều cao cây	Số bông/khóm	Chiều dài bông	Số hạt/bông
ST5/OM4103//ST5 (BC ₂ F ₂)	V _p	31,214	56,350	3,917	8,960	176,527
	V _G	29,667	29,910	3,244	5,527	2,667
	V _G %	95,04	53,08	82,81	61,68	1,51
	V _E	1,547	26,440	0,673	3,433	173,860
	V _E %	4,96	46,92	17,19	38,32	98,49

Ghi chú: V_G: Phương sai kiểu gen; V_p: Phương sai kiểu hình; V_E: Phương sai môi trường; V_G%: Phần trăm phương sai kiểu gen; V_E%: Phần trăm phương sai môi trường.

Kết quả phân tích phương sai kiểu gen và môi trường thể hiện theo phần trăm phương sai kiểu hình (V_G% và V_E%) tỷ lệ nghịch với nhau (Bảng 1). Tỷ lệ phương sai kiểu gen trong phương sai kiểu hình của tổ hợp lai cao nhất ở tính trạng thời gian sinh trưởng (95,04%), khá cao ở tính trạng số bông/khóm (82,8%) và thấp nhất ở tính trạng số hạt/bông (1,51%). Điều này thể hiện, sự biểu hiện về kiểu hình của 2 tính trạng thời gian sinh trưởng, số bông/khóm chủ yếu do kiểu gen quy định và ít bị ảnh hưởng bởi điều kiện môi trường. Ngược lại, môi trường có ảnh hưởng rất lớn đến tính trạng số hạt/bông. Sự biểu

hiện kiểu hình của hai tính trạng chiều cao cây và chiều dài bông chịu ảnh hưởng tương đối lớn bởi điều kiện môi trường (V_E% lần lượt là 46,92% và 38,32%), tuy nhiên sự biểu hiện kiểu hình của hai tính trạng này chủ yếu vẫn do kiểu gen qui định (V_G% lần lượt là 53,08% và 61,68%).

Việc so sánh các tính trạng liên quan đến qui mô của phương sai kiểu gen sẽ được đánh giá tốt hơn bởi sự ước lượng hệ số phương sai kiểu gen (GCV) trong mối quan hệ với hệ số phương sai kiểu hình tương ứng của chúng (PCV) (Nechifor *et al.*, 2011).

Bảng 2. Tổng hợp hệ số phương sai kiểu gen và kiểu hình (GCV, PCV), hệ số di truyền theo nghĩa rộng (h²_b) của các dòng lai ở thế hệ BC₂F₂ (thí nghiệm tại khu II ĐHTC, năm 2015)

Tổ hợp lai	Các tham số di truyền	Các tính trạng				
		Thời gian sinh trưởng	Chiều cao cây	Số bông/khóm	Chiều dài bông	Số hạt/bông
ST5/OM4103//ST5 (BC ₂ F ₂)	GCV (%)	4,82	5,22	25,75	9,40	1,47
	PCV (%)	4,94	7,16	28,28	11,97	11,97
	(%)	95,04	53,08	82,81	61,68	1,51

Hệ số phương sai kiểu hình (PCV) được ước lượng trong quần thể BC₂F₂ của tổ hợp lai thay đổi từ thấp (4,94%) ở tính trạng thời gian sinh trưởng đến cao (28,8%) ở tính trạng số bông/khóm. Những tính trạng chiều dài bông (11,97%) và số hạt/bông (11,97%) có hệ số phương sai kiểu hình trung bình. Tương tự tính trạng thời gian sinh trưởng, tính trạng chiều cao cây có hệ phương sai kiểu hình thấp (7,16%) ở tổ hợp lai (Bảng 2). Hệ số phương sai kiểu gen (GCV) được ước lượng ở tổ hợp lai thay đổi từ thấp (1,47%) ở tính trạng số hạt/bông đến cao (25,75%) ở tính trạng số bông/khóm. Các tính trạng

khác ở tổ hợp lai đều có hệ số phương sai kiểu gen thấp: Thời gian sinh trưởng (4,82%), chiều cao cây (5,22%) và chiều dài bông (9,40%). Trong nghiên cứu này, hệ số phương sai kiểu gen cao ở tính trạng số bông/khóm thể hiện sự chọn lọc tiếp theo ở tính trạng này có thể cải tiến kiểu gen.

Trong các tính trạng được khảo sát, tính trạng thời gian sinh trưởng và số bông/khóm có sự khác nhau nhỏ giữa PCV và GCV giữa bố mẹ và tổ hợp lai. Điều này thể hiện sự biến động của hai tính trạng này ảnh hưởng chủ yếu bởi yếu tố kiểu gen. Do đó, môi trường đóng vai trò nhỏ vào sự biểu

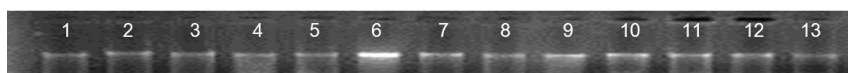
hiện của hai tính trạng này. Ngược lại, có sự khác biệt tương đối lớn giữa PCV và GCV ở chiều cao cây, chiều dài bông và rất lớn ở tính trạng số hạt/bông, điều này cho thấy môi trường có ảnh hưởng tương đối trong sự biểu hiện của tính trạng chiều cao cây, chiều dài bông và ảnh hưởng rất lớn đối với tính trạng số hạt/bông.

Hiệu quả chọn lọc phụ thuộc vào độ lớn của hệ số di truyền đối với các tính trạng được chọn. Các ước lượng về hệ số di truyền giúp các nhà tạo giống thực vật trong việc lựa chọn các kiểu gen ưu tú từ các quần thể di truyền đa dạng (Girish, 2015). Hệ số di truyền theo nghĩa rộng của tổ hợp lai ở thế hệ BC_2F_2 được trình bày ở bảng 2. Giá trị hệ số di truyền theo nghĩa rộng được ước lượng trong tổ hợp lai thay đổi từ thấp (1,51%) ở tính trạng số hạt/bông đến cao (95,04% và 82,81%) ở hai tính trạng thời gian sinh trưởng và số bông/khóm. Hệ số di truyền thấp ở tính trạng số hạt/bông cho thấy tính trạng này chịu ảnh hưởng nhiều bởi môi trường. Do đó, sự cải tiến tính

trạng này thông qua chọn lọc sẽ trở nên khó khăn vì tác động của môi trường che khuất tác động của kiểu gen. Các tính trạng thời gian sinh trưởng và số bông/khóm có hệ số di truyền cao cho thấy những tính trạng này là đặc điểm di truyền của giống và ít chịu ảnh hưởng bởi tác động của môi trường. Do đó, việc cải tiến các tính trạng này sẽ hữu ích trong công tác chọn giống. Tính trạng chiều cao cây và chiều dài bông có hệ số di truyền trung bình (h_b^2 lần lượt là 53,08% và 61,68%) cho thấy tác động của kiểu gen ở hai tính trạng này trong quần thể cũng tương đối lớn. Do đó, việc cải tiến các tính trạng này vẫn còn hiệu quả trong công tác chọn giống.

3.2. Kết quả ly trích ADN

Thí nghiệm đã chọn những lá lúa non, khỏe mạnh của các cá thể lúa BC_2F_2 để tách chiết ADN theo quy trình CTAB (Rogers và Bendich, 1988). Các mẫu ADN sau khi tách chiết được kiểm tra nồng độ bằng phương pháp điện di trên gel agarose 0,8% và thu được kết quả các phổ điện di sau:



Hình 1. Kết quả kiểm tra DNA sau khi ly trích trên gel agarose 0,8%

Ghi chú : 1: TN1: Giống chuẩn nhiễm; 2: Giống nhận gen kháng; 3: Giống cho gen kháng; 4 - 13: các dòng lai.

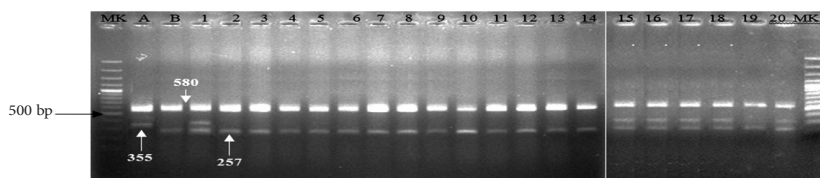
Kết quả điện di ADN trên hình 1 cho thấy, các mẫu ADN thu được cho bằng gọn, sáng rõ nét, không bị đứt gãy, có thể dùng để thực hiện các thí nghiệm liên quan đến sinh học phân tử tiếp theo.

3.2.1. Đánh giá sự di truyền gen quy định tính trạng mùi thơm bằng chỉ thị phân tử

Ứng dụng công trình nghiên cứu Bradbury *et al.* (2005) trong thí nghiệm này kiểu gen quy định tính trạng mùi thơm được đánh giá dựa trên sản phẩm PCR với 4 chỉ thị phân tử chuyên biệt đó là EAP, ESP, IFAP và INSP. Sau đó, sản phẩm của phản ứng PCR được kiểm tra trên gel agarose 1,5%.

Mùi thơm trên lúa được quy định bởi trạng thái đồng hợp lặn của gen *frg/frg* và dị hợp *Frg/frg* trên nhiễm sắc thể số 8. Sự hiện diện của enzyme BADH2 sẽ làm giảm hàm lượng của chất 2AP, một trong những hợp chất chính tạo mùi thơm trên lúa.

Trong khi đó, sự loại bỏ các cặp nucleotide của gen này tạo SNPs mà enzyme BADH2 bị bất hoạt nên đã làm tồn trữ hợp chất 2AP đủ ngưỡng để tạo mùi thơm của lúa (Louis *et al.*, 2005). Bốn chỉ thị phân tử sẽ cho 2 băng ở kích thước 577 bp và 257 bp đối với trường hợp đồng hợp lặn, 3 băng với kích thước 577 bp, 355 bp và 257 bp đối với trường hợp dị hợp, 2 băng với kích thước 577 bp và 355 bp đối với trường hợp đồng hợp trội. Trong nghiên cứu này các giống được chọn làm bố đều có kiểu gen đồng hợp trội và các giống chọn làm mẹ đều có kiểu gen đồng hợp lặn. Sau khi lai tạo thì các cá thể thế hệ F_1 của 2 tổ hợp lai đều mang kiểu gen dị hợp tử gồm 3 băng với kích thước lần lượt khoảng 577bp, 355bp và 257bp. Trong quá trình lai tạo, thế hệ BC_2F_2 của hai tổ hợp lai có thể mang kiểu gen đồng hợp lặn giống mẹ và dị hợp.



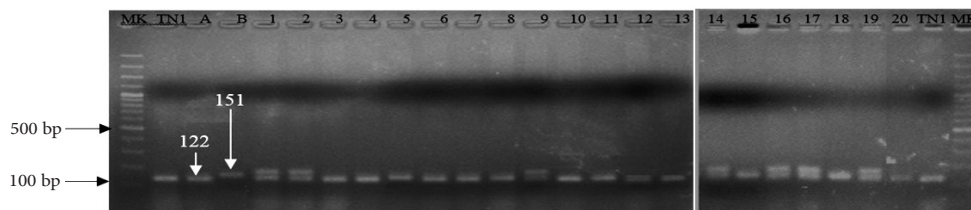
Hình 2. Kết quả điện di sản phẩm PCR của tổ hợp lai A ở thế hệ BC_2F_2

MK: thang chuẩn, A: ST5, B: OM10043, 1 đến 20: cá thể lai ST5/OM4103//ST5

Thí nghiệm được tiến hành trên 20 cá thể ở thế hệ BC₂F₂ của tổ hợp lai A (ST5/OM4103//ST5) (ký hiệu từ A1 đến A20) được chọn để khảo sát sự biểu hiện kiểu gen thơm ở quần thể BC₂F₂. Sau khi kiểm tra sản phẩm PCR, kết quả cho thấy các tổ hợp lai BC₂F₂ xuất hiện chủ yếu 2 dạng kiểu gen là đồng hợp tử lặn và dị hợp tử. Trong 20 cá thể của tổ hợp A ở thế hệ BC₂F₂ được khảo sát có 6 cá thể có kiểu gen dị hợp tử (*Fgr/fgr*) gồm 3 băng với kích thước 577 bp, 355 bp và 257 bp (A1, A15, A16, A17, A18 và A20) và 14 cá thể đồng hợp tử lặn (*fgr/fgr*) gồm 2 băng với kích thước 577 bp, 257 bp (A2, A3, A4, A5, A6, A7, A8, A9, A10, A11, A12, A13, A14, A16, A18 và A19) không có cá thể nào có kiểu gen đồng hợp tử trội giống bố (*Fgr/Fgr*) (Hình 2). Như vậy 20 cá thể được khảo sát của tổ hợp A có 14 cá thể mang gen thơm và 6 cá thể mang gen dị hợp không thơm. Xét về mặt lý thuyết, tính trạng thơm do gen lặn kiểm soát, khi được lai hồi giao 2 lần thì con lai phải thể hiện tính trạng 100% ở trạng thái đồng hợp lặn. Tuy nhiên, dựa vào kết quả phân tích cho thấy chỉ có 70% cá thể mang gen thơm đồng hợp lặn. Như vậy, đã có sự sai sót trong quá trình chọn dòng lai, có những dòng lúa lai ở kiểu gen dị hợp không thơm ở thế hệ BC₂F₁ được cho tự thụ.

Kawaguchi *et al.* (2001) đã xác định chỉ thị RM225 liên kết với gen kháng rầy nâu *bph4* trên nhiễm sắc thể số 6. Theo Sai *et al.* (2013) thì sản phẩm PCR của mỗi RM225 để nhận diện gen kháng rầy nâu *bph4* khuếch đại bằng có kích thước là 120bp – 155bp. Trong thí nghiệm này, sử dụng chỉ thị phân tử RM225 để nhận diện gen kháng rầy nâu *bph4* đã thu được sản phẩm PCR xuất hiện hai băng với kích thước lần lượt là 122bp và 151bp. Kết quả của tổ hợp lai (ST5/OM4103//ST5) được ghi nhận cụ thể ở Hình 3 như sau :

Tất cả các mẫu đều cho sản phẩm khuếch đại, cho hai alen có kích thước là khoảng 151bp và 122bp thể hiện với kiểu gen kháng và nhiễm. Giống nhận gen kháng ST5 khuếch đại bằng có kích thước khoảng 122bp bằng với kích thước của giống chuẩn nhiễm TN1. Giống cho gen kháng OM4103 khuếch đại bằng có kích thước 151bp. Trong 20 cá thể của tổ hợp lai ở thế hệ BC₂F₂ được khảo sát có 7 cá thể (A1, A2, A9, A14, A16, A17 và A19) có kiểu gen dị hợp tử gồm 2 băng với kích thước khoảng 151bp và 122bp chiếm 35% và 13 cá thể (A3-8, A10-13, A15, A18 và A20) có kiểu gen đồng hợp tử giống mẹ có băng với kích thước 122 bp chiếm 65% và không có cá thể mang gen kháng rầy nâu *bph4* ở trạng thái đồng hợp lặn (Hình 3).



Hình 3. Kết quả điện di sản phẩm PCR của tổ hợp lai với mỗi RM225

MK: thang chuẩn, TN1: giống chuẩn nhiễm A: ST5, B: OM10043, 1 đến 20: cá thể lai ST5/OM4103//ST5

Dựa vào kết quả phân tích về sự phân ly gen kháng rầy nâu bằng chỉ thị phân tử SSR cho thấy các cá thể không phân ly theo tỷ lệ Mendel (1:2:1), đó là do việc chọn ngẫu nhiên các hạt giống ở vụ trước để thí nghiệm và số cá thể được khảo sát (20 cá thể) trên mỗi tổ hợp ít nên điều này hoàn toàn phù hợp với kết quả của phép lai hồi giao và sự tự thụ qua 2 thế hệ.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1 Kết luận

Các tính trạng thời gian sinh trưởng, số bông/ khóm ít chịu tác động của môi trường, việc cải tiến tính trạng này qua chọn lọc sẽ hữu ích trong công tác chọn giống.

Tính trạng số hạt/bông có sự biến dị cao về kiểu hình và bị ảnh hưởng nhiều nhất bởi điều kiện môi trường nên sẽ khó khăn khi cải tiến tính trạng này thông qua chọn giống.

Tính trạng chiều dài bông và chiều cao cây của tổ hợp lai này bị ảnh hưởng một phần bởi các điều kiện môi trường nhưng kiểu gen vẫn là yếu tố chủ yếu ảnh hưởng đến sự phân tán kiểu hình của quần thể và việc cải tiến các tính trạng này vẫn có hiệu quả trong công tác chọn giống.

Từ kết quả đánh giá kiểu gen đã chọn được 4 dòng (A1, A2, A9 và A19) vừa có gen thơm vừa có gen kháng rầy để tiếp tục lai tạo và phát triển thành giống lúa thơm kháng rầy nâu.

4.2 Đề nghị

Để có thể chọn được dòng lúa vừa mang gen thơm giống mẹ vừa mang gen kháng rầy nâu giống bố nên tăng số lượng cá thể khảo sát và chỉ thị phân tử để kiểm tra các gen, QTLs/gen kháng rầy nâu trong các nghiên cứu tiếp theo.

LỜI CẢM ƠN

Tập thể tác giả xin chân thành cảm ơn Trường Đại học Cần Thơ đã cấp kinh phí, Viện lúa Đồng Bằng Sông Cửu Long và Tiến sĩ Hồ Quang Cua đã cung cấp 2 giống lúa (OM4103 và ST5) cho nghiên cứu này. Các thí nghiệm được tiến hành có sự dụng trang thiết bị của phòng thí nghiệm Sinh học phân tử, Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ Sinh học, Trường Đại học Cần Thơ.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Phạm Thị Thanh Mai, Nguyễn Đình Cường, Hoàng Thị Kim Hồng, Võ Thị Mai Hương, 2012. Xác định sự hiện diện của gen kháng rầy nâu (*Nilaparvata lugens* Stal) ở 1 số giống lúa. *Tạp chí KH, Đại học Huế*, 75A (6): 83-90
- Allard RW, 1960. Principles of Plant Breeding. *New York Jhon Wiley and Sons*: 485.
- Bradbury, L.M.T., T.L. Fitzgerald, R.J. Henry, Q. Jin, and D.L.E. Waters, 2005. The gene for fragrance in rice. *Plant Bio. J.* 3: 363-370.
- Burton G. W., 1952. Quantitative inheritance in grasses. Proc., 6th International Grassland Congress 1: 277-283.

- Girish Chandra Tiwari, 2015. Variability, heritability and genetic advance analysis for grain yield in rice. *Journal of Engineering Research and Applications*, 5(7):4 46-49.
- Johnson, H.W., H.F. Robinson and H.F. Comstock, 1955. Genotypic and phenotypic correlations in soybean and their implication in selection. *Agron. J.*, 47:477-483.
- Kawaguchi, M., K. Murata, T. Ishii, S. Takumi and N. Mori, 2001. Assignment of a brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stal) resistance gene to the rice chromosome 6. *Breed. Scri.* 51: 13-19
- Louis M. T. Bradbury, Timothy L. Fitzgerald, Robert J. Henry, Qingsheng Jin and Daniel L. E. Waters, 2005. The gene for fragrance in rice. *Plant Biotechnology Journal*, 3: 363-370.
- Nechifor B., Raluca Filimon, Lizica Szilagyi, 2011. Genetic variability, heritability and expected genetic advance as indices for yield and yield components selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Scientific Papers, UASVM Bucharest, series A, LIV*: 1222-5339.
- Rogers, S. O., and A. J. Bendich, 1988. Extraction of DNA from plant tissues. *Plant Molecular Biology Manual*. A6: 1-10.
- Sai, H.A., S.S. Kumar, P. Balaravi, R. Sharma, M.A. Dass and V. Shenoy, 2013. Evaluation of rice genotypes for brown planthopper (BPH) resistance using molecular markers and phenotypic methods. *Academic journals*, 12(19): 2515-2525.

Analysis of segregation in backcross combinations of aromatic rice lines with brown planthopper resistance based on agronomic traits and molecular markers

Nguyen Tri Yen Chi, Truong Trong Ngon

Abstract

Populations BC₂F₂ of backcross combination (ST5/OM4103//ST5) of aromatic rice lines with brown planthopper (BPH) resistance were used for segregation analysis of 5 agro-morphological traits (maturity, plant height, panicle number per plant, panicle length, grain number per panicle). Aromatic gene was identified by 4 primers as ESP, EAP, IFAP and INSP. Marker RM225 was used to investigate brown planthopper (BPH) resistant gene. The results showed that two traits including maturity and panicle number per plant had less variability, while grain number per panicle had high variability in all lines. For genotype, most individuals of these populations had homozygous genotype that was similar genotype of maternal varieties (ST5). There was not any individual that had homozygous genotype of paternal variety (OM4103). The result of PCR products indicated that marker RM225 linked to BPH resistance gene (bph4). There are 4 individuals of A line that were selected for further analysis and development of BPH resistant aromatic rice varieties.

Key words: Aromatic rice, brown planthopper, microsatellite markers

Ngày nhận bài: 10/8/2016
 Người phản biện: TS. Tạ Hồng Lĩnh

Ngày phản biện: 20/8/2016
 Ngày duyệt đăng: 25/8/2016

NGHIÊN CỨU SỰ TƯƠNG TÁC KIỂU GEN VÀ MÔI TRƯỜNG CỦA BỘ GIỐNG CHỊU MẶN TẠI ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

Nguyễn Thị Lang¹, Phạm Công Trứ¹, Nguyễn Văn Hiếu¹,
Trần Minh Tài¹, Nguyễn Ngọc Hương¹,
Trần Thị Thanh Xà¹, Bùi Chí Bửu²

TÓM TẮT

Kết quả phân tích tương tác giữa kiểu gen và môi trường của bộ giống trong hai vụ Hè Thu 2015 và Đông Xuân 2015-2016 theo mô hình tuyến tính, phân tích chỉ số thích nghi, chỉ số ổn định, kết hợp với phân tích theo mô hình AMMI triển khai giản đồ biplot AMM2 model, phân nhóm kiểu gen và phân nhóm môi trường. Kết quả cho thấy bộ giống ngắn ngày có các giống cho năng suất ổn định và thích nghi với môi trường qua các vụ bao gồm các giống như OM8108, OM347, S1-D1, OM345 và OM5629 có năng suất cao phù hợp cả hai vụ Hè Thu 2015 và Đông Xuân 2015-2016.

Từ khóa: AMMI, tương tác, kiểu gen, môi trường

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Các nhà chọn giống luôn luôn quan tâm đến mối quan hệ giữa gen và tính trạng, hay nói cách khác là mối quan hệ giữa kiểu gen và kiểu hình. Đối với cây trồng thuộc sinh vật bậc cao, chúng ta có thể chấp nhận: Tất cả mọi ảnh hưởng kiểu hình đều liên quan đến gen. Đây là kết quả của một chuỗi các sự kiện phản ứng sinh lý, sinh hóa, tương tác do gen điều khiển, chúng điều khiển thông qua tập hợp các chuỗi sự kiện, sự kiện này bị kiểm soát hoặc cải biến bởi những gen khác, cộng thêm những ảnh hưởng của ngoại cảnh đến kiểu hình cuối cùng mà nhà chọn giống quan sát được. Có những tính trạng do di truyền bên trong chi phối với hệ số di truyền cao theo (Bùi Chí Bửu, 2004); có những tính trạng do cả hai yếu tố di truyền và ngoại cảnh cùng chi phối như nhau, với hệ số di truyền trung bình; có những tính trạng bị chi phối bởi ngoại cảnh, với hệ số di truyền thấp.

Trong bài báo cáo này nghiên cứu phân tích tương tác mối quan hệ kiểu gen và kiểu hình trên tính trạng năng suất trên bộ giống ngắn ngày nhằm mục đích chọn lọc giống phù hợp cho từng vùng sinh thái khác nhau của Đồng bằng sông Cửu Long (ĐBSCL).

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu và địa điểm nghiên cứu

2.1.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu nghiên cứu bao gồm bộ giống triển vọng đem khảo nghiệm trong vụ Hè Thu 2015 và Đông Xuân 2015-2016. Bộ ngắn ngày gồm 14 giống, trong đó giống AS996 là giống đối chứng để so sánh năng suất và đối chứng mặn.

Bảng 1. Vật liệu giống lúa đánh giá 8 vùng sinh thái khác nhau

Giống	Cấp lai	Đặc tính
OM6328	IR71143-30/Nhỏ thơm	Chịu mặn, ngắn ngày, năng suất cao, phẩm chất tốt
OM347	OM10133/OIKO547	Ngắn ngày, năng suất cao, phẩm chất tốt
OM345	MHT/OM4900	Ngắn ngày, năng suất cao
OM344	OM96L/OM2517	Ngắn ngày, năng suất cao
OM137	KDM105/IR64	Ngắn ngày, năng suất cao
TLR906	OMCS2000/IR75499-75-1-B	Ngon cơm, ngắn ngày, năng suất cao
OM341	TLR10/OM4900	Ngắn ngày, năng suất cao
OM6162	C50/Jasmine 85	Ngắn ngày, năng suất cao
OM4900	C53/Jasmine	Thơm, ngon
AS996	IR64/ O. Rufipogon	Chịu phèn, mặn
OM5629	C27/IR64//C27	Chịu mặn, năng suất cao
OM8108	M362/AS996	Chịu nóng, mặn, năng suất cao
OM348	OM96L/OM2517	Chịu nóng, mặn, năng suất cao
OM10373	OM6162/OM6161	Chịu khô hạn
S1-D1	OM6162/Pokkali//OM6162	Chịu mặn và khô hạn

¹ Viện Lúa Đồng bằng Sông Cửu Long

² Viện Khoa học kỹ thuật Nông nghiệp miền Nam