

Study on structure of genes encoding Nuclear factor-YB subunit associated with drought tolerance in cassava

Chu Duc Ha, La Viet Hong, Le Hoang Thu Phuong,
Le Thi Thao, Hoang Thi Thao, Pham Thi Ly Thu

Abstract

Nuclear factor-YB (NF-YB), one of three basic subunits formed Nuclear factor-Y, is considered to play important roles in various biological processes in the plant cell. In this study, various hormone- and stress- responsive *cis*- regulatory elements were found in the promoter regions of 17 identified *MeNF-YB* genes. Among them, promoter regions of *MeNF-YB12* and *-YB14* genes were predicted to contain many stress- responsive regulatory elements. Construction of phylogenetic tree showed that *MeNF-YB12*, *-YB14* and *-YB16* were clustered into the same branches with well-known NF-YB in soybean and *Arabidopsis thaliana*, suggesting that these members might be linked to drought tolerance. *MeNF-YB* genes were expressed in 7 major organs in plant in normal condition. Interestingly, *MeNF-YB2* and *-YB12* were exclusively expressed in stem, storage root and root, lateral bud, respectively. Additionally, *MeNF-YB5* and *-YB14* were also strongly expressed in roots. Our results suggested that *MeNF-YB14* and *-YB12* might be responsive to drought condition in cassava.

Keywords: Nuclear factor-YB, cassava, stress condition, promoter, expression profile

Ngày nhận bài: 26/3/2018

Người phản biện: TS. Dương Xuân Tú

Ngày phản biện: 5/4/2018

Ngày duyệt đăng: 10/5/2018

ĐỊNH DANH VÀ PHÂN TÍCH CẤU TRÚC CỦA HỌ GEN LIÊN QUAN ĐẾN KHẢ NĂNG RA HOA Ở SẴN

Chu Đức Hà¹, Trần Thị Kiều Trang^{1,2}, Phạm Phương Thu²,
La Việt Hồng², Phạm Thị Lý Thu¹

TÓM TẮT

Quá trình ra hoa ở thực vật là một cơ chế rất phức tạp, do ảnh hưởng của yếu tố môi trường và liên quan đến sự biểu hiện của các gen. Trong nghiên cứu này, nhóm gen *Flowering locus T (FT)* được xác định, định danh và phân tích trên hệ gen của giống sắn mô hình AM560-2. Kết quả đã tìm thấy 10 gen mã hóa FT, được phân bố rải rác trên vùng đầu mút của các nhiễm sắc thể. Các gen mã hóa 4 nhóm protein đóng vai trò quan trọng trong cơ chế nở hoa của thực vật được xác định là *MeFT01*, *FT05* và *FT09*, các gen này mã hóa protein tương tự với 'Centroradialis' và 3 gen (*MeFT03*, *FT04*, *FT07*) mã hóa protein 'Terminal flower'. Tiếp theo, *MeFT02*, *FT10* và *MeFT06*, *FT08* lần lượt mã hóa protein tương đồng với 'Mother of FT and TFL' và 'Heading date'. Dựa trên trình tự nucleotit đã khai thác, tỷ lệ G=C và kích thước vùng gen của họ *MeFT* đa dạng, trong khi kích thước đoạn mã hóa và sự sắp xếp exon/intron của các gen này rất giống nhau. Kết quả này đã chỉ ra rằng họ gen mã hóa FT ở sắn rất bảo thủ.

Từ khóa: Sắn, ra hoa, tin sinh học, cấu trúc, flowering locus T, xác định

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Sắn (*Manihot esculenta* Crantz), là một trong bốn đối tượng cây trồng có giá trị sử dụng cao trong cơ cấu kinh tế ở Việt Nam. Với hàm lượng tinh bột cao, sắn có thể được sử dụng làm lương thực cũng như chế biến thức ăn chăn nuôi. Đồng thời, đây cũng là một nguồn yếu tố đầu vào quan trọng cho ngành công nghiệp nhiên liệu tái tạo hiện nay. Các hướng nghiên cứu chính gần đây tập trung vào nhân dạng, phân loại giống, chọn giống bằng xử lý đột biến và

bằng chỉ thị phân tử. Tuy nhiên, một trong những trở ngại lớn nhất hiện nay trong công tác lai giống là xử lý ra hoa tập trung ở sắn, nhằm nâng cao sản lượng, chất lượng và tăng lợi nhuận.

Về bản chất, quá trình ra hoa được quy định bởi yếu tố di truyền (kiểu gen) và ảnh hưởng của yếu tố môi trường, như nhiệt độ, thời gian chiếu sáng (Cho *et al.*, 2017). Trong đó, hầu hết các gen quy định khả năng ra hoa được chứng minh có liên quan đến 6 chu trình, xuân hóa (vernalization), quang

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp - Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

² Khoa Sinh - Kỹ thuật nông nghiệp, Đại học Sư phạm Hà Nội 2

chu kỳ (photoperiod), đồng hồ sinh học (circadian clock), nhiệt độ (temperature), hóc môn gibberellin, tuổi (age) và tự điều khiển (autonomous) (Fornara *et al.*, 2010). Trong đó, hoạt động của 3 nhóm gen chính, *Flowering locus T (FT)*, *Leafy* và *Suppressor of overexpression of constans 1* được chứng minh là tham gia trực tiếp vào cơ chế ra hoa ở thực vật (Fornara *et al.*, 2010). Chính vì vậy, tìm hiểu về họ gen liên quan đến khả năng ra hoa không những giúp các nhà khoa học có thể điều khiển được quá trình giao phấn theo ý muốn mà còn nắm được nguyên lý trong giai đoạn sinh trưởng sinh dưỡng và sinh thực ở cây trồng. Trong nghiên cứu này, các gen *FT* đã lần đầu tiên được tìm kiếm và xác định trên hệ gen của giống sắn mô hình AM560-2. Một số thông tin cơ bản, như mã định danh, vị trí phân bố trên nhiễm sắc thể (NST) của họ gen *FT* đã được xác định. Đồng thời, các đặc tính cơ bản và cấu trúc của họ gen *FT* liên quan đến sự nở hoa ở sắn đã được phân tích.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Hệ gen và hệ protein của giống sắn AM560-2 (Bredeson *et al.*, 2016) được cung cấp từ cơ sở dữ liệu Phytozome (Goodstein *et al.*, 2012) và NCBI (Bioproject: PRJNA234389).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp tìm kiếm *FT* ở sắn: At1G65480, protein *FT* ở *Arabidopsis thaliana* (Fornara *et al.*, 2010) được khai thác để sàng lọc toàn bộ protein tương đồng trên hệ protein của sắn (Bredeson *et al.*, 2016) bằng công cụ BlastP. Thuật toán được điều chỉnh với giá trị E-value < 1e-20, độ xác định (identity) > 50 %, độ bao phủ (coverage) > 60 %, kích thước phân tử được tìm kiếm > 60 axit amin (Wang *et al.*, 2017).

- Phương pháp xác định thông tin của gen mã hóa *FT* ở sắn: Trình tự axit amin của protein đã xác định được sử dụng để đối chiếu trên cơ sở dữ liệu gen mã hóa protein của sắn (Bredeson *et al.*, 2016). Vị trí phân bố của gen được khai thác trên Phytozome (Goodstein *et al.*, 2012).

- Phương pháp phân tích cấu trúc của gen mã hóa *FT* ở sắn: Kích thước và thành phần nucleotit của gen mã hóa *FT* ở sắn được tính toán bằng công cụ BioEDIT (Hall, 1999). Số lượng exon/intron được phân tích bằng GSDS (Hu *et al.*, 2015).

- Phương pháp xây dựng cây phân loại của *FT* ở sắn: Trình tự axit amin của các thành viên của họ *FT* ở sắn được sử dụng để thiết lập cây phân loại bằng phương pháp Neighbor-Joining trên công cụ MEGA (Kumar *et al.*, 2016).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện tại Bộ môn Sinh học phân tử - Viện Di truyền Nông nghiệp từ tháng 6/2017 đến tháng 1/2018.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả xác định họ gen mã hóa *FT* ở sắn

Đầu tiên, tất cả protein tương đồng với At1G65480 được tìm kiếm trên hệ protein của giống sắn AM560-2. Dựa trên tiêu chí sàng lọc, tổng số 10 protein đã được xác định với giá trị E-value có ý nghĩa. Trình tự axit amin của protein, trình tự nucleotit của vùng gen (genomic region) và vùng mã hóa (coding DNA sequence, CDS) sau đó được thu thập và sử dụng cho phân tích tiếp theo. Tiếp theo, đối chiếu trình tự protein trên cơ sở dữ liệu NCBI, một số thông tin cơ bản về các mã định danh của gen mã hóa *FT* ở sắn đã được xác định. Kết quả được trình bày ở bảng 1.

Bảng 1. Thông tin cơ bản về họ gen mã hóa *FT* ở sắn

STT	Tên gen	Mã locus ^{1,2}	Mã định danh protein ²	Mã định danh gen ²	Ký hiệu gen ²
1	<i>MeFT01</i>	Manes.04G004700	XP_021611344	<i>XM_021755652</i>	LOC110614163
2	<i>MeFT02</i>	Manes.06G008200	XP_021617060	<i>XM_021761368</i>	LOC110618238
3	<i>MeFT03</i>	Manes.08G024500	XP_021620067	<i>XM_021764375</i>	LOC110620581
4	<i>MeFT04</i>	Manes.09G056300	XP_021624473	<i>XM_021768781</i>	LOC110623760
5	<i>MeFT05</i>	Manes.11G161100	XP_021628960	<i>XM_021773268</i>	LOC110627046
6	<i>MeFT06</i>	Manes.12G001600	XP_021631372	<i>XM_021775680</i>	LOC110628860
7	<i>MeFT07</i>	Manes.13G011900	XP_021633534	<i>XM_021777842</i>	LOC110630377
8	<i>MeFT08</i>	Manes.13G000800	XP_021633631	<i>XM_021777939</i>	LOC110630433
9	<i>MeFT09</i>	Manes.14G027800	XP_021592756	<i>XM_021737064</i>	LOC110600257
10	<i>MeFT10</i>	Manes.16G019600	XP_021597145	<i>XM_021741453</i>	LOC110603642

Ghi chú: Thông tin được khai thác từ ¹Phytozome và ²NCBI (Bioproject: PRJNA234389).

Gần đây, ít nhất 7 thành viên của họ gen *FT* đã được ghi nhận trên củ cải (*Raphanus sativus*) (Wang *et al.*, 2017). Các gen này đều tương đồng với gen mã hóa *FT* (*At1G65480*) ở *A. thaliana* (Fornara *et al.*, 2010). Ngoài ra, ít nhất khoảng 5 gen của họ *FT* cũng được xác định lần lượt trên lúa mì (*Triticum aestivum*) và lúa mạch (*Hordeum vulgare*) (Peng *et al.*, 2015). Xét tổng thể, một số lượng lớn các gen, 160 gen ở *A. thaliana*, 254 gen ở *R. sativus*, 264 gen ở *Brassica oleracea* và 278 gen ở *B. rapa*, có liên quan đến cơ chế nở hoa (Peng *et al.*, 2015, Wang *et al.*, 2017). Như vậy, 10 gen mã hóa *FT* được tìm thấy trong nghiên cứu này đã cung cấp những dẫn liệu đầu tiên về cơ chế nở hoa ở sắn ở mức độ phân tử.

3.2. Kết quả xác định vị trí phân bố và chú giải chức năng của gen *FT* ở sắn

Tiếp theo, vị trí phân bố và chú giải chức năng của gen *MeFT* được khai thác trên NCBI (Bảng 2). Các gen thành viên của họ gen *FT* phân bố ngẫu nhiên hệ gen, không có gen nào phân bố trên vùng chứa xác định (unplaced scaffold). Đáng chú ý, tất cả các gen *MeFT* đều nằm ở phần đầu mút của NST (subtelomere). Trước đó, đầu mút của NST đã được chứng minh là vùng đóng vai trò quan trọng trong quá trình phân bào ở một số loài thực vật, giúp các NST tương đồng nhận biết và bắt cặp với nhau (Calderón *et al.*, 2014).

Bảng 2. Kết quả phân tích vị trí phân bố và chức năng của gen mã hóa *FT* ở sắn

STT	Tên gen	Vị trí phân bố ^{1,2}	Chú giải chức năng gen ²
1	<i>MeFT01</i>	NST04:526345..527458 F	CEN-like 2
2	<i>MeFT02</i>	NST06:1278556..1280523 F	MFT isoform X1
3	<i>MeFT03</i>	NST08:2270218..2271154 R	TFL 1
4	<i>MeFT04</i>	NST09:7249018..7250042 F	TFL 1-like
5	<i>MeFT05</i>	NST11:26969704..26970969 R	CEN-like 4
6	<i>MeFT06</i>	NST12:268106..270092 R	HD 3A-like
7	<i>MeFT07</i>	NST13:1124748..1126420 F	TFL 1-like
8	<i>MeFT08</i>	NST13:260550..264266 R	HD 3A-like
9	<i>MeFT09</i>	NST14:2306623..2307960 F	CEN-like 1
10	<i>MeFT10</i>	NST16:1944899..1946025 R	MFT-like

Ghi chú: Thông tin được khai thác từ ¹Phytozome (Goodstein *et al.*, 2012) và ²NCBI (Bredeson *et al.*, 2016). NST: Nhiễm sắc thể. F: Sợi xuôi, R: Sợi ngược.

Bên cạnh đó, chức năng của từng gen *MeFT* cũng được xác định và chú giải dựa bản giải mã của sắn. Ba gen, *MeFT01*, *FT05* và *FT09* quy định protein tương đồng với ‘Centroradialis’ (CEN), trong khi *MeFT03*, *FT04* và *FT07* mã hóa protein tương tự với ‘Terminal flower’ (TFL). Ngoài ra, *MeFT02*, *FT10* và *MeFT06*, *FT08* lần lượt mã hóa protein tương đồng với ‘Mother of FT and TFL’ (MFT) và ‘Heading date’ (HD). Một số nghiên cứu trước đây đã chỉ ra rằng, các gen mã hóa *FT* này, liên quan đến TFL, MFT, CEN và HD, có thể liên quan trực tiếp quá trình ra hoa ở thực vật thông qua 6 cơ chế chính như đã đề cập (Fornara *et al.*, 2010, Peng *et al.*, 2015, Wang *et al.*, 2017).

3.3. Kết quả phân tích thành phần và cấu trúc của họ gen mã hóa *FT* ở sắn

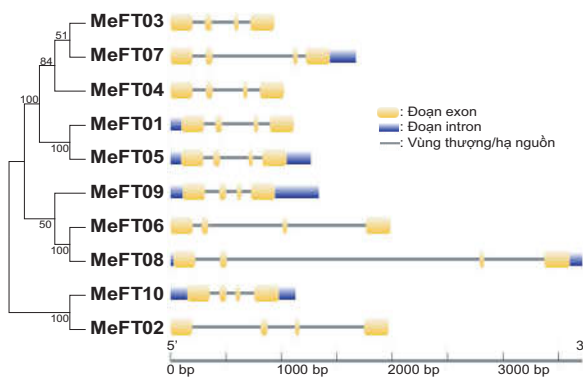
Trong nghiên cứu này, 4 đặc điểm chính của gen, bao gồm tỷ lệ giữa 2 cặp nucleotit A=T/G=C (%), số lượng exon/intron, kích thước vùng gen và đoạn CDS (bp) đã được khai thác. Những thông tin cơ bản này có thể cung cấp cái nhìn tổng quát về họ gen

FT ở sắn, từ đó so sánh với các loài thực vật khác. Tỷ lệ giữa 2 cặp nucleotit A=T/G=C và kích thước gen của 10 thành viên của họ *MeFT* ở sắn khá đa dạng. Cụ thể, tỷ lệ của G=C dao động từ 26,5 (*MeFT08*) đến 42,86 % (*MeFT10*), trong khi chiều dài gen trải dài từ 937 (*MeFT03*) đến 3717 bp (*MeFT08*) (Bảng 3). Về mặt lý thuyết, tỷ lệ G=C là một trong những yếu tố quyết định mức độ bền vững và kích thước của một gen (Oliver and Marín, 1996). Ở đây, tỷ lệ G=C có xu hướng tương quan nghịch với kích thước vùng gen mã hóa *FT* ở sắn (Bảng 3).

Kết quả khai thác chiều dài đoạn CDS đã cho thấy sự tương đồng của các gen *MeFT* ở sắn. Đoạn CDS của các gen này có sự sai lệch rất nhỏ, tập trung từ 519 đến 528 bp (Bảng 3). Không chỉ có vậy, tất cả thành viên của họ gen mã hóa *FT* ở sắn đều có 4 exon/3 intron (Bảng 3, Hình 1). Những phân tích này cho thấy họ gen *MeFT* ở sắn rất bảo thủ. Tương tự, những nghiên cứu về các gen liên quan đến quá trình nở hoa ở *A. thaliana*, lúa mì, lúa mạch và củ cải cũng đã kiểm chứng sự toàn vẹn này (Peng *et al.*, 2015, Wang *et al.*, 2017).

Bảng 3. Đặc điểm cơ bản của họ gen mã hóa FT ở sắn

STT	Tên gen	Tỷ lệ G=C (%)	Kích thước vùng gen (bp)	Kích thước CDS (bp)	Số lượng exon
1	<i>MeFT01</i>	38,87	1114	525	4
2	<i>MeFT02</i>	26,88	1968	519	4
3	<i>MeFT03</i>	35,97	937	519	4
4	<i>MeFT04</i>	37,85	1025	519	4
5	<i>MeFT05</i>	35,78	1266	525	4
6	<i>MeFT06</i>	36,99	1987	528	4
7	<i>MeFT07</i>	31,74	1673	519	4
8	<i>MeFT08</i>	26,50	3717	528	4
9	<i>MeFT09</i>	39,24	1338	522	4
10	<i>MeFT10</i>	42,86	1127	528	4



Hình 1. Cấu trúc của họ gen mã hóa FT ở sắn được sắp xếp theo cây phân loại

Xây dựng cây phân loại cho thấy các gen cùng phân nhóm thường có đặc tính và cấu trúc giống nhau. Cụ thể, *MeFT03*, *FT07* và *FT04* quy định protein tương đồng TFL cùng nằm trong 1 nhóm. Hai gen, *MeFT01* và *FT05*, nằm cùng phân nhóm và mã hóa protein tương đồng với CEN. Tương tự, *MeFT06*, *FT08* (mã hóa HD-like) và *MeNF02*, *FT10* (mã hóa MFT-like) lần lượt nằm trên cùng phân nhóm.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Đã xác định được 10 gen mã hóa FT ở hệ gen của giống sắn mô hình AM560-2. Các gen này phân bố rải rác trên vùng đầu mút của nhiễm sắc thể.

Chú giải chức năng cho thấy các gen *MeFT* có thể được chia làm 4 nhóm chính. Gen *MeFT01*, *FT05* và *FT09* mã hóa protein tương đồng với CEN. Nhóm 2 gồm 3 gen, *MeFT03*, *FT04* và *FT07*, liên quan đến protein tương tự với TFL. Hai gen, *MeFT02* và *FT10*

mã hóa protein tương đồng MFT, trong khi nhóm 4 chứa *MeFT06* và *FT08* mã hóa protein HD. Đây đều là những nhóm protein đóng vai trò quan trọng, điều khiển quá trình ra hoa ở thực vật.

Phân tích cấu trúc gen cho thấy tỷ lệ G=C và kích thước vùng gen của các gen *MeFT* rất đa dạng. Trong khi đó, kích thước đoạn CDS và số lượng exon/intron của các gen *MeFT* rất tương đồng cho thấy họ gen mã hóa FT ở sắn rất bảo thủ và toàn vẹn.

4.2. Đề nghị

Ngoài ra, sự tương đồng và bảo thủ về cấu trúc của các gen nằm cùng phân nhóm có thể gợi mở ra những giả thuyết về hiện tượng lặp trong họ gen mã hóa FT ở sắn. Những nghiên cứu tiếp theo sẽ giải thích những vấn đề này và xác định mức độ đáp ứng của các gen FT trong các điều kiện trên cây sắn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Bredeson, J. V., Lyons, J. B., Prochnik, S. E., Wu, G. A., Ha, C. M., Edsinger-Gonzales, E., Grimwood, J., Schmutz, J., Rabbi, I. Y., Egesi, C., Nauluvula, P., Ndunguru, J., Mkamilo, G., Bart, R. S., Setter, T. L., Gleadow, R. M., Kulakow, P., Ferguson, M. E., Rounsley, S., Rokhsar, D. S., 2016. Sequencing wild and cultivated cassava and related species reveals extensive interspecific hybridization and genetic diversity. *Nat Biotechnol*, 34(5): 562-570.

Calderón, M. d. C., Rey, M.-D., Cabrera, A., Prieto, P., 2014. The subtelomeric region is important for chromosome recognition and pairing during meiosis. *Sci Rep*, 4(6488): 1-6.

Cho, L.-H., Yoon, J., An, G., 2017. The control of flowering time by environmental factors. *Plant J*, 90(4): 708-719.

Fornara, F., de Montaigu, A., Coupland, G., 2010. SnapShot: Control of flowering in Arabidopsis. *Cell*, 141(3): 1-2.

Goodstein, D. M., Shu, S., Howson, R., Neupane, R., Hayes, R. D., Fazo, J., Mitros, T., Dirks, W., Hellsten, U., Putnam, N., Rokhsar, D. S., 2012. Phytozome: A comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Res*, 40 (Database issue): D1178-D1186.

Hall, T. A., 1999. BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symp Ser*, 41: 95-98.

Hu, B., Jin, J., Guo, A. Y., Zhang, H., Luo, J., Gao, G., 2015. GSDB 2.0: An upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*, 31(8): 1296-1297.

- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K., 2016. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol Biol Evol*, 33(7): 1870-1874.
- Oliver, J. L., Marín, A., 1996. A relationship between GC content and coding-sequence length. *J Mol Evol*, 43(3): 216-223.
- Peng, F. Y., Hu, Z., Yang, R. C., 2015. Genome-wide comparative analysis of flowering-related genes in Arabidopsis, wheat, and barley. *Int J Plant Genomics*, 2015: 1-17.
- Wang, J., Qiu, Y., Cheng, F., Chen, X., Zhang, X., Wang, H., Song, J., Duan, M., Yang, H., Li, X., 2017. Genome-wide identification, characterization, and evolutionary analysis of flowering genes in radish (*Raphanus sativus* L.). *BMC Genomics*, 18(981): 1-10.

Identification and structural analysis of flowering genes in cassava

Chu Duc Ha, Tran Thi Kieu Trang, Pham Phuong Thu, La Viet Hong, Pham Thi Ly Thu

Abstract

The flowering in plants is known as a complicated mechanism that highly effected by various environmental conditions and gene expressions. In this study, the *Flowering locus T (FT)* gene family has been initially identified, annotated and structural analyzed in the AM560-2 genome. As a result, 10 genes encoding FT were found to be located on the subtelomeric regions of the chromosomes with an uneven ratio. Interestingly, it was found that these gene members also encoded 4 protein groups, which were well-established to play critical roles in the flowering time in plants. Particularly, *MeFT01*, *FT05* and *FT09* were annotated to encode the *Centroradialis-like proteins*, while *MeFT03*, *FT04* and *FT07* encoded Terminal flower-like. Next, *MeFT02*, *FT10* and *MeFT06*, *FT08* were also found to encode Mother of FT-TFL and Heading date-like, respectively. Based on the nucleotide sequences, G=C contents and the length of genomic sequences of *MeFT* gene family varied, whereas the length of coding DNA sequences and the exon/intron organization of these genes were completely conserved. The study data indicated that genes encoding FT in cassava were highly preserved.

Keywords: Cassava, flowering time, bioinformatics, structure, flowering locus T, identification

Ngày nhận bài: 15/4/2018
Ngày phản biện: 18/4/2018

Người phản biện: TS. Vũ Thị Thu Hiền
Ngày duyệt đăng: 10/5/2018

KHẢO SÁT KHẢ NĂNG KHÁNG BỆNH BẠC LÁ VÀ RẦY NÂU CỦA TẬP ĐOÀN LÚA PHỔ BIẾN TRONG SẢN XUẤT TẠI VIỆT NAM

Nguyễn Thị Minh Nguyệt¹, Nguyễn Bá Ngọc¹, Nguyễn Thị Nhài¹, Chu Đức Hà¹, Bùi Thị Hợi¹, Nguyễn Thanh Tuấn², Lê Hùng Linh¹

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, bộ giống lúa phổ biến trong sản xuất đã được đánh giá khả năng kháng bệnh bạc lá và rầy nâu. Từ nguồn chủng vi khuẩn bạc lá thu thập ở miền Bắc, đã xác định được chủng X22.2 (Hà Nội), X12.4 (Bắc Giang), X17 (Thanh Hóa) và X15-1 (Nghệ An) có độc tính mạnh. Khảo sát trên các dòng, giống lúa cho thấy giống ĐB6, TH6 và dòng 14 có khả năng kháng - kháng vừa với hầu hết các chủng bạc lá, trong khi hầu hết các giống lúa phổ biến trong sản xuất tại Đồng bằng sông Cửu Long mẫn cảm với các nguồn bạc lá thu từ các tỉnh miền Bắc. Đánh giá mức độ kháng rầy nâu của tập đoàn lúa cho thấy rằng hầu hết các giống lúa đều nhiễm rầy nâu. Giống OM6600 và OM6976 thể hiện tính kháng với rầy nâu nhưng khá mẫn cảm với bạc lá. Từ nghiên cứu này, cần thiết phải có chiến lược cải thiện giống lúa phổ biến trong sản xuất bằng cách quy tụ các gen kháng thông qua kỹ thuật chọn giống nhờ chỉ thị phân tử.

Từ khóa: Đánh giá, bạc lá, rầy nâu, lúa.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa (*Oryza sativa*) là cây lương thực quan trọng và chiếm diện tích sản xuất lớn nhất nước ta. Tuy nhiên, ngành sản xuất lúa gạo của Việt Nam đang

đối diện với nhiều khó khăn do ảnh hưởng của tình trạng biến đổi khí hậu. Một trong những nguyên nhân gây ảnh hưởng đến sinh trưởng và phát triển của cây lúa, làm giảm sục năng suất và chất lượng gạo

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp, VAAS; ² Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam