

ĐÁNH GIÁ CÁC GIỐNG LÚA NĂNG SUẤT CAO, CHẤT LƯỢNG TỐT PHỤC VỤ CHỌN LỌC CÁC CẶP LAI BỐ MẸ MANG QTL9 LIÊN QUAN ĐẾN CẤU TRÚC BÔNG LÚA

Khổng Ngân Giang¹, Lê Thị Tuyết Châm², Nguyễn Tuấn Anh², Lê Thị Như¹,
Dương Lê Đạt^{1,2}, Lâm Hồng Hạnh², Stefan Jouannic³, Phạm Thị Mai¹,
Nguyễn Văn Toàn¹, Đoàn Thị Minh Thúy¹

TÓM TẮT

QTL9 đã được báo cáo liên quan đến cấu trúc bông lúa, đặc biệt là hai tính trạng số gié thứ cấp/bông (SGTC) và số hạt/bông (SLH) ở một tập đoàn các giống lúa bản địa Việt Nam. Ba chỉ thị phân tử CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) bao phủ vùng QTL9 đã được phát triển để xác định kiểu gen vùng QTL9 ở các giống lúa. Ứng dụng các chỉ thị phân tử (CTPT) CAPS để phân loại haplotype QTL9 trên một tập đoàn gồm 18 giống lúa thương mại năng suất cao, chất lượng tốt đã thu được 11 giống thuộc haplotype 1 (cấu trúc bông nhỏ) và 5 giống thuộc haplotype 2 (cấu trúc bông to). Đánh giá SLH và SGTC của 2 haplotype cho thấy có 6 giống của haplotype 1 có thể sử dụng làm mẹ và 4 giống của haplotype 2 có thể sử dụng làm bố để lai tạo nhằm cải tiến năng suất của các giống chất lượng.

Từ khóa: Cây lúa, cấu trúc bông, CAPS, QTL9

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa (*Oryza sativa* L.) là một trong những cây trồng quan trọng nhất trên thế giới, cung cấp lương thực cho hơn một nửa dân số toàn cầu. Trong tình hình dân số thế giới tiếp tục tăng và diện tích đất canh tác giảm, việc cải thiện năng suất lúa là rất quan trọng để đảm bảo an ninh lương thực (Wang *et al.*, 2018). Cấu trúc bông lúa có liên quan trực tiếp đến năng suất hạt và là mục tiêu chính trong các chương trình chọn tạo giống lúa năng suất cao, bao gồm số hạt trên bông (SLH), số lượng gié sơ cấp (SGSC), số lượng gié thứ cấp (SGTC), chiều dài bông (DB) và hình dạng hạt (Itoh *et al.*, 2005). Những đặc điểm này được di truyền một cách định lượng và thường được kiểm soát bởi một số locus đặc điểm định lượng chính và phụ (QTL).

Trong hai thập kỷ qua, một số gen hoặc QTL liên quan đến sự phát triển cấu trúc bông lúa đã được xác định từ các quần thể đa dạng tự nhiên, bao gồm *Gn1a* (Ashikari *et al.*, 2005), *IPA1* (Jiao *et al.*, 2010), *DEP1* (Huang *et al.*, 2009), *GNP1* (Wu *et al.*, 2016), *TAW1* (Yuan *et al.*, 2021), *GS5* (Li *et al.*, 2011). Tuy nhiên, rất ít QTL/gen được áp dụng vào chọn tạo giống lúa và thực sự cải thiện năng suất lúa. Năm 2018, Ta Kim Nhung và cộng sự đã sử

dụng phương pháp phân tích liên kết trên toàn hệ gen (GWAS) của 160 giống lúa bản địa Việt Nam và đã xác định được 29 QTL ảnh hưởng đến 6 tính trạng bông lúa. Trong đó đáng chú ý là QTL9 nằm trên nhiễm sắc thể (NST) số 2, có chiều dài 780 kb, liên kết với 2 tính trạng số gié thứ cấp/bông và số hạt/bông. Sau đó, vai trò của QTL9 liên quan đến cấu trúc bông lúa đã được khẳng định thông qua phân tích các quần thể lai tái tổ hợp (RIL) có nguồn gốc từ cặp bố mẹ có cấu trúc bông tương phản (haplotypes tương phản) (Giang Ngan Khong *et al.*, 2021). Ngoài ra, các chỉ thị phân tử CAPS bao phủ vùng QTL9 đã được phát triển dựa trên các đột biến (SNP) trong vùng cắt của các enzyme giới hạn tìm thấy trong vùng QTL9 (Phạm Thị Mai và *cs.*, 2020).

Nhằm mục đích ứng dụng QTL9 vào chọn tạo các giống lúa năng suất cao, chất lượng tốt, trong nghiên cứu này 3 CTPT CAPS của QTL9 được sử dụng để đánh giá phân loại kiểu haplotype của 1 bộ vật liệu giống lúa thương mại, kết hợp với phân tích cấu trúc bông, đặc biệt là 2 tính trạng số gié thứ cấp/bông và số lượng hạt/bông, từ đó chọn lọc các cặp lai bố mẹ mang QTL9 và có cấu trúc bông tương phản, phục vụ công tác lai tạo giống.

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

² Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

³ Viện Nghiên cứu Phát triển Montpellier, Đại học Montpellier (Pháp)

* Tác giả liên hệ, email: ngangiang.khong2010@gmail.com

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Gồm 18 giống lúa năng suất cao, chất lượng tốt được thu thập tại một số vùng sản xuất lúa ở Hà Nội, Nam Định, Bắc Ninh,... và 2 giống đối chứng đại diện cho 2 haplotype tương phản về cấu trúc bông: Giống Sớm Giai Hưng Yên (G6) thuộc haplotype 1

(H1) có kiểu hình bông nhỏ, số gié thứ cấp/bông (23,67) và số hạt/bông (130,22) thấp, giống Khẩu Nam Rinh (G189) thuộc haplotype 2 (H2) có kiểu hình bông to, số gié thứ cấp/bông (48,67) và số hạt/bông (250,50) cao (Ta Kim Nhung *et al.*, 2018). Danh sách các giống lúa sử dụng cho nghiên cứu được trình bày trong bảng 1.

Bảng 1. Danh sách bộ vật liệu các giống lúa năng suất cao, chất lượng tốt

STT	Tên giống	Ký hiệu	Nguồn gốc
1	CNC11	CNC11	Viện Di truyền Nông nghiệp
2	Bắc Thơm 7	BT7	Bắc Ninh
3	Bắc Thơm 7 kháng bạc lá	BT7KBL	Nam Định
4	Lth31	Lth31	Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm
5	BC15	BC15	Hoài Đức, Hà Nội
6	ĐH12	ĐH12	Bắc Ninh
7	Hà Phát 3	HP3	Bắc Ninh
8	Khang Dân 18	KD18	Bắc Ninh
9	New Type Plant 5	NPT5	Do tác giả cung cấp
10	Q5	Q5	Bắc Ninh
11	QK10	QK10	Do tác giả cung cấp
12	QK6	QK6	Do tác giả cung cấp
13	Séng cù	SC	Lào Cai
14	ST24	ST24	Nghệ An
15	Hương Việt 3	HV3	Hà Nội
16	Tẻ Râu	TR	Lai Châu
17	Thiên ưu 8	TU8	Hà Nội
18	VD3	VD3	Do tác giả cung cấp

Chỉ thị phân tử CAPS:

Ba chỉ thị phân tử CAPS#1, CAPS#5, CAPS#11 bao phủ vùng QTL9 được sử dụng để phân loại haplotype QTL9 của bộ vật liệu giống, từ đó chọn lọc các cặp lai bố mẹ. Ba chỉ thị phân tử CAPS#1, CAPS#5, CAPS#11 đã được phát triển dựa trên sự có mặt của các SNP trong vùng cắt của các enzyme giới hạn tương ứng *SacI*, *EcoRV* và *DraI* (Phạm Thị Mai và *cs.*, 2020). Chỉ thị phân tử CAPS#1 có chiều dài 357 bp, có 1 SNP (G/A) trong vùng trình tự cắt của enzyme giới hạn *SacI* (GAGCTC) ở giống G189 (H2) mà không có ở giống G6 (H1). Tương tự, chỉ thị phân tử

CAPS#5 có chiều dài 1.037 bp, trong đó có 1 SNP (A/T) trong vùng trình tự cắt của enzyme giới hạn *EcoRV* (GATATC) ở giống G189 mà không có ở giống G6. Đối với chỉ thị phân tử CAPS#11, có chiều dài 898 bp trong đó có 2 vùng trình tự cắt của cùng enzyme giới hạn *DraI* (TTTAAA). Ở giống G6 cả 2 vùng trình tự cắt của *DraI* đều không bị đột biến. Ngược lại, 1 trong 2 vùng trình tự cắt của *DraI* ở giống G189 có 1 SNP (T/A) khiến cho enzyme giới hạn không nhận ra để cắt (Phạm Thị Mai và *cs.*, 2020). Trình tự môi và enzyme cắt giới hạn tương ứng với từng chỉ thị được trình bày trong bảng 2 và bảng 3.

Bảng 2. Chỉ thị phân tử CAPS và enzyme cắt giới hạn tương ứng

Tên chỉ thị	Trình tự môi	Enzyme cắt giới hạn
CAPS#1	F: CTCCACCATGAATAACCTGCA R: CTCCAGCATCTCACCTCTC	SacI
CAPS#5	F: GGATTAGCTCCCTACCACGC R: GGCAGCATCAGCAAGCATAAC	EcoRV
CAPS#11	F: ATGCATTGAGAGGGACCTTG R: TGGATTGCATGGTTTAGCTG	DraI

Bảng 3. Danh sách các enzyme giới hạn

Enzyme	Trình tự cắt của enzyme giới hạn ở các giống đối chứng		Kích thước sản phẩm cắt bằng enzyme giới hạn (bp)	
	G6 (H1)	G189 (H2)	G6 (H1)	G189 (H2)
SacI	GAGCTC	<u>A</u> AGCTC	134 bp và 223 bp	357 bp
EcoRV	GATATC	G <u>T</u> TATC	643 bp và 394 bp	1.037 bp
DraI	TTTAAA	TTTAA <u>T</u>	226 bp, 333 bp và 339 bp	559 bp và 339 bp
DraI	TTTAAA	TTTAAA		

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phân loại haplotype QTL9 của bộ vật liệu giống

Tách chiết DNA: DNA tổng số được tách chiết theo phương pháp của Doyle có cải tiến (Doyle, 1991). Nồng độ và độ tinh sạch của DNA được kiểm tra bằng máy Nanodrop 8000.

Phản ứng PCR với các cặp môi của chỉ thị phân tử CAPS: Phản ứng PCR được thực hiện trong thể tích 20 μ L, gồm 20 ng DNA, 0,1 mM dNTPs (Thermo Scientific), 0,1 μ M mỗi xuôi và ngược, 2 μ L GoTaq Flexi Buffer (Promega), 0,2 μ L GoTaq DNA polymerase 5 U/ μ L (Promega) và nước Milli Q. Chu trình nhiệt: 95°C trong 5 phút, 30 chu kỳ; 95°C - 30 giây, 65°C - 30 giây, 72°C - 30 giây và giữ 5 phút ở 72°C.

Cắt sản phẩm PCR bằng enzyme giới hạn: Phản ứng được thực hiện trong thể tích 20 μ L bao gồm 10 μ L DNA sản phẩm PCR, 0,2 μ L enzyme giới hạn và 9,8 μ L dung môi. Hỗn hợp phản ứng được ủ ở 37°C qua đêm, sau đó được kiểm tra bằng cách điện di trên gel agarose 2,5%, quan sát dưới tia UV (Uvltec, Cambridge).

2.2.2. Phân tích cấu trúc bông của bộ vật liệu giống

Bố trí thí nghiệm đồng ruộng: Các giống lúa

nghiên cứu được trồng tại khu thí nghiệm đồng ruộng của Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam, Trâu Quỳ, Gia Lâm, Hà Nội. Thí nghiệm được bố trí thành khối ngẫu nhiên hoàn chỉnh sử dụng phần mềm alpha design. Mỗi khối gồm 20 ô, lặp lại 3 lần (3 khối). Diện tích ô thí nghiệm 0,75 m² gồm 16 cây: cây cách cây 25 cm, hàng cách hàng 25 cm, khoảng cách giữa các khối là 40 cm.

Thu thập bông lúa và phân tích cấu trúc bông: Bông lúa được thu thập vào thời kỳ lúa chín, trên 3 cây trồng ở giữa mỗi ô, mỗi cây thu thập 3 bông của 3 nhánh đầu tiên. Bông sau khi cắt được dán lên giấy A3 bằng băng dính, chụp ảnh và đưa vào phân tích hình ảnh bằng phần mềm P-TRAP (Tam *et al.*, 2013). Số liệu thống kê được phân tích bằng các gói *tables*, *adv4* trong phần mềm R. Các biểu đồ được vẽ bằng gói *ggplot2*, với hàm phân tích phương sai (ANOVA), xem xét tất cả các yếu tố (các lần lặp, các ô trong các lần lặp, haplotype và giống).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 01/2021 đến tháng 6/2021 tại Phòng Thí nghiệm trọng điểm Công nghệ tế bào thực vật, Viện Di truyền Nông nghiệp và Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam.

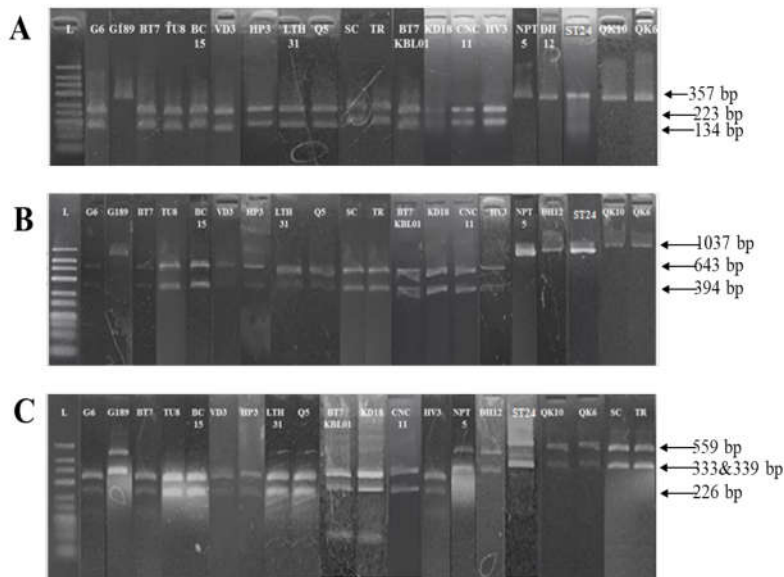
III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Phân loại haplotype QTL của bộ vật liệu giống bằng chỉ thị phân tử CAPS

Phân tích kết quả thực hiện phản ứng PCR với mỗi CAPS#1 và cắt bằng enzyme giới hạn *SacI* cho thấy 13 giống BT7, TU8, BC15, VD3, HP3, LTH31, Q5, BT7KBL, SC, TR, KD18, CNC11 và HV3 cho 2 băng DNA có chiều dài lần lượt là 134 và 223 bp, tương tự như giống G6 (haplotype 1). Trong khi đó 5 giống NPT5, ĐH12, ST24, QK10, QK6 chỉ cho 1 băng DNA dài hơn có kích thước 357 bp, tương tự giống đối chứng G189 (haplotype 2) (Hình 1A). Kết quả phân tích kiểu gen QTL9 của bộ vật liệu giống bằng CTPT CAPS#5 hoàn toàn trùng khớp với kết quả thu được khi sử dụng CAPS#1 (Hình 1B). Đối với chỉ thị phân tử CAPS#11, chỉ thu được 11 giống BT7, TU8, BC15, VD3, HP3, LTH31, Q5, BT7KBL, KD18, CNC11 và HV3 có kiểu gen QTL9 haplotype 1, 5 giống NPT5, ĐH12, ST24, QK10, QK6 có kiểu gen QTL9 haplotype 2, tương tự như đối với các phân tích bằng CTPT CAPS#1 và CAPS#5. Hai

giống Sếng cù (SC) và Tẻ Râu (TR) khi phân tích bằng CAPS#1 và CAPS#5 thuộc haplotype 1 nhưng phân tích bằng CAPS#11 lại có kiểu gen QTL9 của haplotype 2 (Hình 1C), chỉ thị phân tử CAPS#11 nằm ở cuối của vùng QTL9, có thể đã xảy ra hiện tượng trao đổi chéo ở vùng CAPS#11 của 2 giống Sếng cù và Tẻ Râu hoặc vùng trình tự cắt của *DraI* ở 2 giống này đã xảy ra đột biến.

Tổng hợp các kết quả phân tích bộ vật liệu giống bằng 3 chỉ thị phân tử CAPS có thể phân loại các giống như sau: 11 giống BT7, TU8, BC15, VD3, HP3, LTH31, Q5, BT7KBL, KD18, CNC11 và HV3 có kiểu gen QTL9 tương tự như giống đối chứng G6, kết quả lặp lại với cả 3 chỉ thị phân tử nên chúng được xếp vào nhóm haplotype 1. Trong khi đó 5 giống NPT5, ĐH12, ST24, QK10, QK6 có kiểu gen QTL9 tương tự giống đối chứng G189 nên được xếp vào nhóm haplotype 2. Kết quả phân tích không lặp lại với 3 chỉ thị CAPS đối với 2 giống Sếng cù và Tẻ Râu nên không phân loại haplotype được cho các giống này.



Hình 1. Hình ảnh điện di sản phẩm cắt bằng enzyme giới hạn của 3 chỉ thị phân tử CAPS#1 (A), CAPS#5 (B) và CAPS#11 (C)

Ghi chú: Giếng 1: L, Thang chuẩn GeneRuler Low Range DNA Ladder (Thermo Scientific). Giếng 2: G6, giống đối chứng của haplotype 1; giếng 3: G189, giống đối chứng của haplotype 2; giếng 3-22: 18 giống lúa nghiên cứu (Bảng 1).

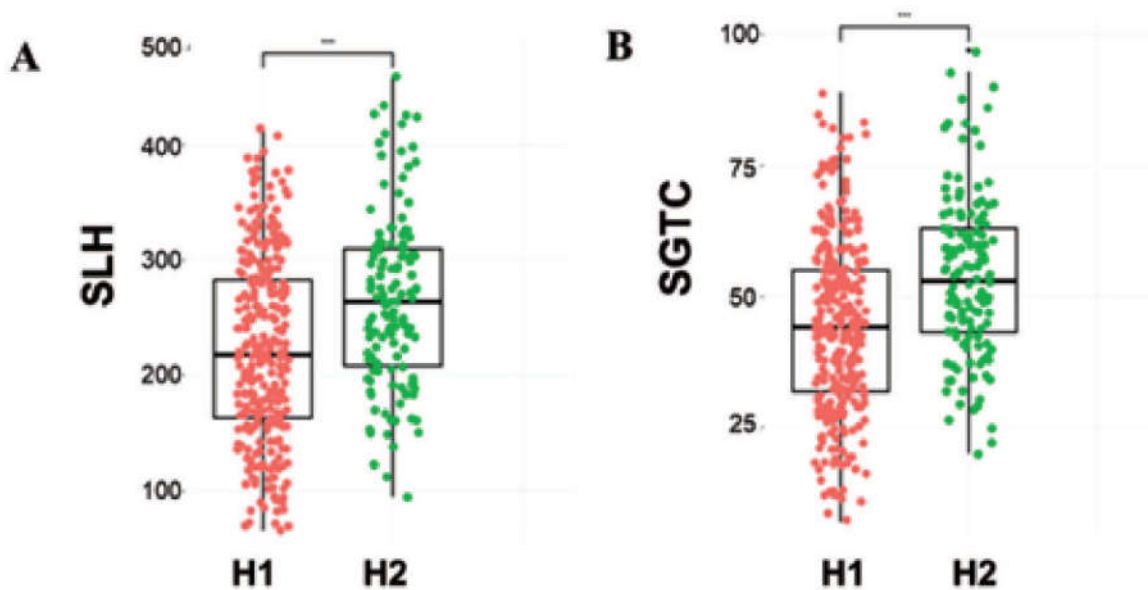
3.2. So sánh tính trạng số hạt/bông (SLH) và số gié thứ cấp/bông (SGTC) giữa 2 haplotype

Số hạt/bông (SLH) và số gié thứ cấp/bông (SGTC) của 18 giống nghiên cứu được đếm bằng phần mềm PTRAP, sau đó được xử lý thống kê

bằng phần mềm R. Kết quả phân tích cho thấy SLH trung bình và SGTC trung bình của haplotype 2 cao hơn so với haplotype 1 có ý nghĩa thống kê ở mức $P < 0,001$. SLH trung bình của haplotype 2 là 283,2 trong khi của haplotype 1 là 228,5. Tương tự

SGTC trung bình của haplotype 2 là 56,2 cao hơn so với haplotype 1 chỉ có 45,8 gié (Hình 2A,B). Kết quả thu được tương đồng với công bố trước đây

của Giang Ngan Khong và cộng sự (2021) cho thấy, kết quả phân loại haplotype QTL9 của 18 giống nghiên cứu bằng CTPT CAPS đáng tin cậy.



Hình 2. So sánh số lượng hạt/bông (SLH) và số gié thứ cấp/bông (SGTC) ở 2 Haplotype QTL9

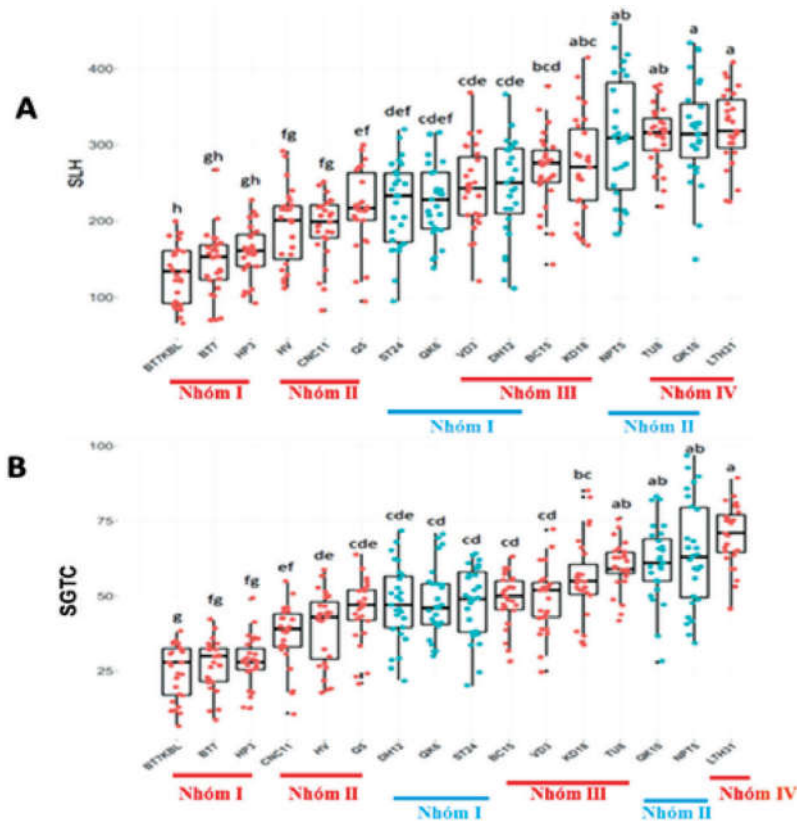
3.3. So sánh SLH và SGTC của các giống nghiên cứu và chọn lọc các cặp lai bố mẹ

So sánh số lượng hạt/bông (SLH) và SGTC của các giống trong mỗi haplotype cho thấy: 11 giống của haplotype 1 có thể chia thành 4 nhóm khác nhau có ý nghĩa thống kê: Nhóm 1 gồm 3 giống BT7, BT7-KBL, HP3 có SLH thấp nhất (132 đến 158 hạt); nhóm 2 gồm 3 giống HV, CNC11, Q5 có SLH trung bình từ 191 đến 216 hạt; nhóm 3 gồm 3 giống: VD3, BC15, KD18 với SLH trung bình từ 243 đến 272 hạt; nhóm 4 gồm 2 giống TU8, LTH31 với SLH trung bình từ 312 đến 322 hạt (Hình 3A). Trong khi đó haplotype 2 được chia thành 2 nhóm khác nhau có ý nghĩa thống kê: nhóm 1 gồm 3 giống ST24, QK6, ĐH12 với SLH trung bình từ 220 đến 244 hạt; nhóm 2 gồm 2 giống NPT5 và QK10 có SLH trung bình từ 307 đến 317 hạt. Tương tự, kết quả phân tích thống kê tính trạng số gié thứ cấp (SGTC) chỉ ra rằng haplotype 1 cũng được chia thành 4 nhóm trong đó nhóm 1 gồm 3 giống BT7, BT7-KBL, HP3; nhóm 2 cũng gồm 3 giống HV, CNC11, Q5, trùng với kết quả phân tích tính trạng SLH. Nhóm 3 gồm 4 giống BC15, VD3, KD18, TU8, còn nhóm 4 chỉ có 1 giống LTH31. Còn ở haplotype 2, các giống

cũng được chia thành 2 nhóm tương tự như với tính trạng SLH (Hình 3B).

QTL9 đã được chứng minh tham gia vào quá trình phân gié của bông mà không ảnh hưởng đến một số tính trạng liên quan đến năng suất khác như số gié sơ cấp, thời gian ra hoa, số nhánh, số nhánh hữu hiệu (Giang Ngan Khong *et al.*, 2021).

Các kết quả phân tích thống kê trên đây cho thấy, 3 giống thuộc nhóm 1 của haplotype 1 (BT7, BT7-KBL, HP3) có SLH và SGTC thấp hơn các giống trong cả 2 nhóm của haplotype 2 có ý nghĩa thống kê, vì vậy các giống này có thể sử dụng làm cây mẹ để lai với cây bố thuộc cả 2 nhóm của haplotype 2. Tuy nhiên giống ST24 được xếp vào haplotype 2 nhưng là giống chất lượng nên không sử dụng giống này làm cây bố. Nhóm 2 của haplotype 1 (HV, CNC11 và Q5) có SLH và SGTC thấp hơn không có ý nghĩa thống kê so với các giống nhóm 1 của haplotype 2 nhưng có ý nghĩa thống kê so với nhóm 2, vì vậy nhóm 2 của haplotype 1 có thể lai với nhóm 2 của haplotype 2 (NPT5 và QK10). Các giống thuộc nhóm 3 và 4 của haplotype 1 có SLH và SGTC thấp hơn không có ý nghĩa thống kê so với các giống của cả 2 nhóm thuộc haplotype 2 nên không sử dụng để lai.



Hình 3. So sánh số lượng hạt/bông (A) và số gié thứ cấp/bông (B) của bộ vật liệu giống

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Phân tích kiểu gen vùng QTL9 của 18 giống lúa của bộ vật liệu bằng 3 chỉ thị phân tử CAPS#1, CAPS#5, CAPS#11 thu được được 11 giống (BT7, TU8, BC15, VD3, HP3, LTH31, Q5, BT7KBL01, KD18, CNC11 và HV3) được xếp vào haplotype 1; 5 giống (NPT5, ĐH12, ST24, QK10, QK6) thuộc haplotype 2. Kết quả phân tích của 2 giống Ség cù và Tẻ Râu không lặp lại với 3 CTPT CAPS nên không phân loại haplotype cho 2 giống này.

So sánh 2 tính trạng số lượng hạt/bông và số gié thứ cấp/bông của 2 haplotype đã xác định được 3 giống thuộc nhóm 1 của haplotype 1 (BT7, BT7-KBL, HP3) có thể sử dụng làm cây mẹ để lai với cây bố thuộc cả 2 nhóm của haplotype 2 (NPT5, QK10, QK6, ĐH12); 3 giống của nhóm 2 của haplotype 1 (HV, CNC11 và Q5) có thể lai với nhóm 2 của haplotype (NPT5 và QK10).

4.2. Đề nghị

Tiến hành lai tạo các cặp lai bố mẹ đã chọn lọc được, sử dụng phương pháp lai trở lại kết hợp với

chọn lọc bằng CTPT CAPS nhằm tạo giống lúa mới năng suất cao, chất lượng tốt.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin trân trọng cảm ơn chương trình Đề tài tiềm năng cấp Bộ đã tài trợ cho nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Phạm Thị Mai, Lê Thị Như, Stefan Jouanic, Khổng Ngân Giang, 2020. Chọn lọc các cá thể F₂ đồng hợp tử mang QTL9 liên quan đến cấu trúc bông lúa bằng chỉ thị phân tử CAPS. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 63 (2): 55-56.
- AL-Tam, F., Adam, H., Anjos, A.D., Lorieux, M., Larmande, P., Ghesquiere, A., Jouannic, S. and Shahbazkia, H.R., 2013. P-TRAP: A Panicle Trait Phenotyping tool. *BMC Plant Biology*, 13: 122.
- Ashikari M., Sakakibara H., Lin S., Yamamoto T., Takashi T., Nishimura A., Angeles E., Qian Q., Kitano H., Matsuoka M., 2005. Cytokinin oxidase regulates rice grain production. *Science*, 309 (5735): 741-745.
- Doyle J., 1991. *DNA Protocols for Plants*. In: Hewitt G.M., Johnston A.W.B., Young J.P.W. (eds) *Molecular*

- Techniques in Taxonomy. NATO ASI Series (Series H: Cell Biology), vol 57. Springer, Berlin, Heidelberg.
- Giang Ngan Khong, Nhu Thi Le, Mai Thi Pham, Helene Adam, Carole Gauron, Hoa Quang Le, Dung Tien Pham, Kelly Colonges, Xuan Hoi Pham, Vinh Nang Do, Michel Lebrun, Stefan Jouannic**, 2021. A cluster of Ankyrin and Ankyrin-TPR repeat genes is associated with panicle branching diversity in rice. *PLOS Genetics* [online], 17 (6): e1009594.
- Huang X., Qian Q., Liu Z., Sun H., He S., Luo D., Xia G., Chu C., Li J., Fu X.**, 2009. Natural variation at the *DEP1* locus enhances grain yield in rice. *Nature Genetics*, 41 (4): 494-497.
- Itoh J., Nonomura K., Ikeda K., Yamaki S., Inukai Y., Yamagishi H., Kitano H., Nagato Y.**, 2005. Rice plant development: from zygote to spikelet. *Plant Cell Physiol*, 46 (1): 23-47.
- Jiao Y., Wang Y., Xue D., Wang J., Yan M., Liu G., Dong G., Zeng D., Lu Z., Zhu X., Qian Q., Li J.**, 2010. Regulation of *OsSPL14* by *OsmiR156* defines ideal plant architecture in rice. *Nature Genetics*, 42 (6): 541-544
- Li Y., Fan C., Xing Y., Jiang Y., Luo L., Sun L., Shao D., Xu C., Li X., Xiao J., He Y., Zhang Q.**, 2011. Natural variation in *GS5* plays an important role in regulating grain size and yield in rice. *Nature Genetics*, 43 (12): 1266-1269.
- Ta Kim Nhung, Ngan Giang Khong, Thi Loan Ha, Dieu Thu Nguyen, Duc Chung Mai, Thi Giang Hoang and Thi Phuong Nhung Phung**, 2018. A genome-wide association study using a Vietnamese landrace panel of rice (*Oryza sativa*) reveals new QTLs controlling panicle morphological traits. *BMC Plant Biology*, 18 (1): 282-197.
- Wang W., Mauleon R., Hu Z., Chebotarov D., Tai S., Wu Z., Li M., Zheng T., Fuentes R., Zhang F., Mansueto L., Copetti D., Sanciango M., Palis K., Xu J., Sun C., Fu B., Zhang H., Gao Y., Zhao X., Shen F., Cui X., Yu H., Li Z., Chen M., Detras J., Zhou Y., Zhang X., Zhao Y., Kudrna D., Wang C., Li R., Jia B., Lu J., He X., Dong Z., Xu J., Li Y., Wang M., Shi J., Li J., Zhang D., Lee S., Hu W., Poliakov A., Dubchak I., Ulat V., Borja F., Mendoza J., Ali J., Li J., Gao Q., Niu Y., Yue Z., Naredo M., Talag J., Wang X., Li J., Fang X., Yin Y., Glaszmann J., Zhang J., Li J., Hamilton R., Wing R., Ruan J., Zhang G., Wei C., Alexandrov N., McNally K., Li Z., Leung H.**, 2018. Genomic variation in 3,010 diverse accessions of Asian cultivated rice. *Nature*, 557 (7703): 43-49.
- Yuan H., Xu Z., Tan X., Gao P., Jin M., Song W., Wang S., Kang Y., Liu P., Tu B., Wang Y., Qin P., Li S., Ma B., Chen W.**, 2021. A natural allele of *TAW1* contributes to high grain number and grain yield in rice. *Crop Journal*, 9 (5): 1060-1069.
- Wu Y., Wang Y., Mi X., Shan J., Li X., Xu J., Lin H.**, 2016. The QTL *GNP1* encodes GA20ox1, which increases grain number and yield by increasing cytokinin activity in rice panicle meristems. *PLOS Genetics*, 12 (10): e1006386.

Evaluation of high yield and good quality rice varieties for selection of parents carrying QTL9 related to rice panicle structure

Khong Ngan Giang, Le Thị Tuyet Cham, Nguyen Tuan Anh, Le Thi Nhu, Duong Le Dat, Lam Hong Hanh, Stefan Jouannic, Pham Thi Mai, Nguyen Van Toan, Doan Thi Minh Thuy

Abstract

QTL9 has been reported to be related to rice panicle structure, especially two traits, secondary branch number (SBN) and spikelet number (SpN) in a Vietnamese local rice collection. Three molecular markers CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) covering the QTL9 region have been developed to identify the QTL9 genotype in rice varieties. Applying these CAPS molecular markers to evaluate QTL9 genotypes on a group of 18 commercial rice varieties with high-yield, good-quality has resulted in 11 varieties belonging to haplotype 1 (low branching) and 5 varieties belonging to haplotype 2 (high branching). Evaluation of the SpN and SBN of the two haplotypes showed that there are 6 varieties of haplotype 1 that can be used as females and 4 varieties of haplotype 2 that can be used as males for prebreeding to improve the yield of high quality varieties.

Keywords: Rice, panicle structure, CAPS, QTL9

Ngày nhận bài: 17/10/2023

Ngày phản biện: 21/11/2023

Người phản biện: TS. Trần Đình Giới

Ngày duyệt đăng: 28/01/2024

CÁC YẾU TỐ ẢNH HƯỞNG ĐẾN ÁP DỤNG TIẾN BỘ KỸ THUẬT TRONG CANH TÁC LÚA

Bùi Chúc Ly^{1,2*}, Nguyễn Hồng Tín¹, Nguyễn Thành Tâm¹,
Nguyễn Thị Kim Thoa¹, Lê Thị Kim Ngân¹, Nguyễn Hải Minh¹

TÓM TẮT

Ngành sản xuất lúa gạo ở Việt Nam trong thời gian qua đã đạt được nhiều thành tựu đáng kể, không chỉ là kết quả của quá trình nghiên cứu và phát triển các tiến bộ kỹ thuật (TBKT) mà còn là kết quả của việc khuyến khích áp dụng các TBKT vào thực tế sản xuất. Quá trình lựa chọn áp dụng TBKT trong canh tác lúa của nông dân phụ thuộc vào 67 yếu tố khác nhau, được phân loại thành bốn nhóm: (1) Đặc điểm nông dân, (2) Đặc điểm vùng sản xuất, (3) Đặc điểm của kỹ thuật mới và (4) Các điều kiện hỗ trợ bên ngoài. Trong các nhóm này, bốn yếu tố có ảnh hưởng quan trọng nhất bao gồm trình độ học vấn của chủ hộ, diện tích canh tác, lợi ích của kỹ thuật và tham gia các tổ chức đoàn thể xã hội được phân tích để phát hiện các nguyên nhân tiềm ẩn bên trong, từ đó đề xuất các giải pháp nhằm thúc đẩy mở rộng áp dụng các TBKT trong canh tác lúa ở nước ta.

Từ khóa: Việt Nam, sản xuất lúa, yếu tố ảnh hưởng, tiến bộ kỹ thuật, chọn lựa áp dụng

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa gạo được xem là nguồn lương thực chủ yếu của một nửa dân số thế giới, và 70% người dân sống ở các nước đang phát triển (Zeigler & Barclay, 2008). Việt Nam thuộc khu vực sản xuất lúa gạo chính của Châu Á và là một trong 3 nước xuất khẩu gạo lớn nhất thế giới (Anh *et al.*, 2020). Lúa gạo không chỉ góp phần đảm bảo an ninh lương thực quốc gia mà còn là một trong số các nguồn thu ngoại tệ chính của cả nước.

Để trở thành một trong các quốc gia xuất khẩu lúa hàng đầu, bên cạnh việc thực hiện các nghiên cứu phát triển nhằm gia tăng năng suất và sản lượng lúa, việc thúc đẩy áp dụng các tiến bộ kỹ thuật (TBKT) cũng đóng góp quan trọng vào sự tăng trưởng của ngành hàng lúa gạo nước ta. Tuy nhiên, một số nghiên cứu cho thấy việc áp dụng TBKT của nông dân ở một số vùng vẫn còn khá thấp (Connor *et al.*, 2021). Trong khi đó, trước bối cảnh ảnh hưởng của biến đổi khí hậu (BĐKH) đối với sản xuất nông nghiệp nói chung và sản xuất lúa ở nước ta nói riêng ngày càng trở nên nghiêm trọng, việc thích ứng thông qua áp dụng các tiến bộ kỹ thuật mới là một trong những giải pháp bền vững lâu dài. Vì thế, hiểu biết về các yếu tố ảnh hưởng đến quyết định áp dụng TBKT của nông dân là rất cần thiết.

Theo Rogers (1995), quá trình ra quyết định áp dụng một kỹ thuật mới là quá trình gồm 5 giai đoạn, đi từ 1 - Kiến thức đến 2 - Thuyết phục, 3 - Ra quyết định, 4 - Thực hiện và 5 - Xác nhận. Các kết quả nghiên cứu trên thế giới cho thấy quá trình này bị ảnh hưởng bởi nhiều yếu tố như đặc điểm kinh tế xã hội của nông hộ, các hỗ trợ bên ngoài như tổ chức khuyến nông, nhà cung cấp vật tư đầu vào, nhu cầu thị trường, điều kiện thời tiết (Bopp *et al.*, 2019) và các đặc điểm của kỹ thuật như tính dễ áp dụng, khả năng tương thích với điều kiện địa phương, hiệu quả và lợi ích mang lại (Wehmeyer *et al.*, 2020).

Đã có nhiều yếu tố được các nhà nghiên cứu ghi nhận ảnh hưởng đến việc áp dụng TBKT trong canh tác lúa ở nước ta, tuy nhiên chưa có nghiên cứu nào tổng hợp lại các yếu tố này để đưa ra những hiểu biết tổng quan cũng như đánh giá đâu là yếu tố quan trọng quyết định đến khả năng ra quyết định áp dụng các TBKT trong canh tác lúa, điều này gây ra nhiều khó khăn trong việc chọn lựa và đề xuất các giải pháp thúc đẩy áp dụng các TBKT này. Vì vậy, nghiên cứu được thực hiện nhằm tổng hợp và phân tích các yếu tố quan trọng ảnh hưởng đến việc áp dụng các TBKT trong canh tác lúa ở Việt Nam được nhiều tác giả đã nghiên cứu trong thời gian qua.

¹ Viện Nghiên cứu Phát triển Đồng bằng sông Cửu Long, Đại học Cần Thơ

² Trung tâm Khuyến nông tỉnh Sóc Trăng

* Tác giả liên hệ, email: lyp1221001@gstudent.ctu.edu.vn; bcly@soctrang.gov.vn