

ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA CÁC DÒNG/GIỐNG LÚA NẾP DỰA TRÊN ĐẶC TÍNH NÔNG HỌC VÀ KIỂM TRA SỰ HIỆN DIỆN GEN KHÁNG SÂU BỆNH HẠI CHÍNH THÔNG QUA CHỈ THỊ PHÂN TỬ

Lâm Huỳnh Như¹, Võ Thanh Toàn¹, Trần Ngọc Thạch¹,
Nguyễn Thuý Kiều Tiên¹, Phạm Thị Bé Tư², Đỗ Đức Tuyền^{1,*}

TÓM TẮT

Lúa nếp là cây lương thực quen thuộc mang nhiều giá trị về kinh tế, dinh dưỡng, văn hóa và y học cổ truyền, tuy nhiên các giống lúa nếp đang được canh tác phổ biến hiện nay thường có mức độ nhiễm bệnh cao. Nghiên cứu được thực hiện trên 48 dòng/giống lúa nếp nhằm đánh giá tính đa dạng về đặc điểm hình thái, nông học và xác định sự hiện diện của các gen liên kết với các QTL kháng bệnh đạo ôn, bạc lá và rầy nâu thông qua chỉ thị phân tử. Kết quả đánh giá 42 đặc điểm hình thái và nông học cho thấy một số chỉ tiêu như số chồi hữu hiệu/bụi, chiều cao cây, chiều dài và chiều rộng hạt có hệ số di truyền (h^2) cao, cho thấy tiềm năng ứng dụng hiệu quả trong công tác cải tiến giống. Kết quả phân tích kiểu gen bằng chỉ thị phân tử ghi nhận 20/48 dòng/giống mang gen kháng đạo ôn *Piz*, 17 dòng/giống mang gen kháng rầy nâu *Bph18* và 15 dòng/giống mang gen kháng bạc lá *xa13*. Các dòng/giống này được xem là nguồn vật liệu tiềm năng phục vụ công tác chọn tạo giống trong tương lai.

Từ khóa: Chỉ thị phân tử, đa dạng di truyền, đặc điểm nông học, gen kháng bệnh, lúa nếp

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Nhiều nghiên cứu đã ghi nhận rằng các giống lúa địa phương được lưu giữ ở các vùng sâu, vùng xa thuộc các quốc gia đang phát triển như Trung Quốc, Ấn Độ, Thái Lan, Indonesia, Nepal hay Niger, đang sở hữu nguồn gen quý có tiềm năng lớn trong chọn tạo giống mới (Gao *et al.*, 2013; Hore, 2005; Akimoto *et al.*, 1999; Sow *et al.*, 2014). Đa dạng di truyền lúa không chỉ là nền tảng của đa dạng sinh học nông nghiệp mà còn là nguồn tài nguyên chiến lược trong việc nâng cao năng suất và chất lượng lúa gạo (Nachimuthu *et al.*, 2015). Lúa nếp là một dạng đặc sản được trồng từ lâu đời, có giá trị cao về văn hóa, ẩm thực và đời sống ở nhiều quốc gia Đông Nam Á trong đó có Việt Nam (Lê Vinh Thảo và cs., 2004). Cùng với sự phát triển của xã hội, nhu cầu tiêu dùng gạo nếp và các sản phẩm từ nếp như xôi, rượu, bánh... ngày càng đa dạng và tăng cao cả về số lượng lẫn chất lượng. Tuy nhiên, phần lớn các giống nếp hiện nay còn nhiều hạn chế như năng suất thấp, chất lượng chưa ổn định và đặc biệt là khả năng chống chịu sâu bệnh còn yếu, nhất là đối với bệnh đạo ôn - bệnh hại phổ biến gây thiệt hại lớn. Bệnh đạo ôn tấn công trên nhiều bộ phận của cây lúa như trên hạt, trên gié thứ cấp, trên cổ bông, trên lá và cổ lá cò. Bệnh phân bố rất rộng và có mặt ở hầu hết các vùng trồng lúa, thiệt hại do bệnh gây ra rất khó đánh giá vì còn nhiều yếu tố khác kết hợp. Trong bối cảnh đó, việc nghiên cứu, đánh giá và bảo tồn nguồn gen lúa nếp có ý nghĩa hết sức quan trọng, vừa góp phần đa dạng hóa nguồn vật liệu di truyền phục vụ công tác chọn tạo giống, vừa đảm bảo an toàn thực phẩm và phát triển nông nghiệp bền vững. Việc xác định mức độ đa dạng di truyền của các giống/dòng nếp đang được sử dụng rộng rãi hiện nay sẽ

là cơ sở quan trọng cho quá trình chọn lọc, lai tạo nhằm tạo ra các giống lúa nếp mới có năng suất cao, phẩm chất tốt và khả năng chống chịu sâu bệnh.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Nghiên cứu này sử dụng 48 mẫu giống/dòng nếp được thu thập và lưu trữ tại ngân hàng gen của Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long (ĐBSCL). Trong đó giống lúa IR4625 đang được trồng phổ biến tại các tỉnh ĐBSCL; Ba giống lúa nếp được lai tạo bởi Viện Lúa ĐBSCL (OM406, OM368 và OM38); Hai giống lúa nếp đặc sản của miền Bắc là Nếp Hải Hậu và Nếp Tú Lệ; Các mẫu giống còn lại là các giống lúa nếp địa phương của miền Nam Việt Nam đang được lưu giữ tại Ngân hàng gen hạt - Viện Lúa ĐBSCL. Ngoài ra, hai giống đối chứng gồm: giống lúa OM3536 là giống lúa thơm chất lượng cao và dòng đẳng gen IRBB66 mang 5 gen kháng bệnh bạc lá (Hsu *et al.*, 2020; Trần Thị Nam Lý và cs., 2023).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Phương pháp bố trí thí nghiệm: Thí nghiệm được bố trí theo khối hoàn toàn ngẫu nhiên với 3 lần lặp lại.

Phương pháp đánh giá đặc tính hình thái và nông học của 48 dòng/giống nếp: Đánh giá 42 chỉ tiêu về đặc điểm hình thái theo thang điểm đánh giá tiêu chuẩn đối với lúa của Viện Lúa Quốc tế IRRI (2013). Đánh giá 8 chỉ tiêu về đặc tính nông học chính bao gồm: số chồi hữu hiệu/bụi, chiều dài lá cò (cm), chiều cao cây (cm), chiều dài bông (cm), chiều dài hạt lúa (mm), chiều rộng hạt lúa (mm), thời gian sinh trưởng (ngày), năng suất 5 m² (kg).

¹ Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long; ² Trường Nông nghiệp, Đại học Cần Thơ

* Tác giả liên hệ, email: ddtuyenvt09@gmail.com, ddtuyen@mae.go.vn

Công thức tính hệ số di truyền:

Hệ số biến động kiểu hình (PCV): $PCV(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\bar{X}} \times 100$

Hệ số biến động kiểu gen (GCV): $GCV(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} \times 100$

Hệ số di truyền theo nghĩa rộng (h^2_{BS}):

$$h^2_{BS}(\%) = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2} \times 100$$

Trong đó: σ_g^2 là phương sai kiểu gen; σ_p^2 là phương sai kiểu hình; $\bar{X}$ là giá trị trung bình của tính trạng.

Phương pháp ly trích ADN và PCR theo Doyle và Doyle (1990). Các chỉ thị sử dụng để nhận diện gen kháng bệnh đạo ôn, bạc lá và rầy nâu của 48 dòng/giống nếp được trình bày ở bảng 1.

Bảng 1. Chỉ thị phân tử liên kết với gen mục tiêu hoặc nằm trong gen được sử dụng

Gen	Marker/Chỉ thị	NST	Trình tự đoạn mỗi 5'-3'	Tài liệu tham khảo
<i>Piz5</i>	RM527	9	GGCTCGATCTAGAAAATCCG TTGCACAGGTTGCGATAGAG	Singh <i>et al.</i> , 2015
<i>Bph18</i>	RM5479	12	AACTCCTGATGCCTCCTAAG TCCATAGAAACAATTTGTGC	Harini <i>et al.</i> , 2013
<i>xa13</i>	RM6765	8	CGGAGAAAGCTGCAAGC CGTTGACTACGTTTGCAGC	Yoshimura <i>et al.</i> , 1995; Zhang <i>et al.</i> , 1996

Phương pháp xử lý số liệu: Số liệu được nhập và lưu trữ bằng chương trình Microsoft Office Excel 2013. Sử dụng phần mềm Statgraphics 18 (Statgraphics, 1988) để phân tích thống kê mô tả (số trung bình, độ lệch chuẩn). Vẽ biểu đồ sử dụng R-studio. (<https://rstudio.com/products/rstudio/download/>).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Thời gian nghiên cứu: từ tháng 05 năm 2024 đến tháng 03 năm 2025.

Địa điểm nghiên cứu: Thí nghiệm đánh giá đặc tính hình thái, nông học được thực hiện tại khu thí nghiệm ngoài đồng tại Viện Lúa ĐBSCL. Đánh giá kiểu gen được thực hiện tại phòng thí nghiệm trung tâm của Viện Lúa ĐBSCL.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh giá đa dạng di truyền dựa trên đặc điểm hình thái và nông học

Số liệu đánh giá các tính trạng hình thái mã hóa các đặc điểm nông học được sử dụng cho phân nhóm di truyền (*Hierarchical cluster analysis*). Kết quả cho thấy ở khoảng cách Euclidean 12,5 tập hợp các giống lúa được phân thành sáu nhóm chính, phản ánh sự khác biệt rõ rệt về đặc điểm hình thái và nông học:

Nhóm I: gồm 4 giống với các đặc điểm như mức độ bất thụ trung bình (25,22%), thời gian sinh trưởng ngắn (95 ngày) và năng suất thấp (0,5 kg/5 m²). Điểm nổi bật của nhóm này là bộ đặc điểm hình thái khá đồng nhất: màu tím hoặc sọc tím xuất hiện ở nhiều bộ phận sinh dưỡng và sinh sản như gốc bẹ lá, thìa lá, cổ bẹ lá, lông thân và nướm, trong khi màu mảy trấu có sắc vàng nhạt. Đây là nhóm thể hiện tính trạng hình thái dễ nhận diện nhưng hạn chế lớn là năng suất thấp nên chỉ có thể xem xét ở góc độ nghiên cứu đặc điểm di truyền hoặc phục vụ lai tạo để khai thác nguồn gen.

Nhóm II: đặc trưng ở mức trung gian cả về hình thái và nông học, không biểu hiện nổi trội về chỉ tiêu nào. Sự hiện diện của nhóm này có thể phản ánh vai trò của các nguồn gen lai tạp hoặc quá trình chọn lọc tự nhiên. Tuy nhiên, chính đặc tính trung gian này lại có giá trị trong việc duy trì sự đa dạng di truyền, đồng thời có thể trở thành cơ sở trung gian để lai tạo với các nhóm khác nhằm cải thiện tính trạng mong muốn.

Nhóm III: nhóm có độ cứng cây rất yếu, toàn bộ cây bị đổ ngã, cho thấy khả năng chống chịu kém. Đây là hạn chế lớn về mặt nông học, bởi cây dễ đổ ngã sẽ ảnh hưởng nghiêm trọng đến năng suất và chất lượng. Tuy nhiên, nhóm này vẫn có giá trị trong nghiên cứu vì tính trạng đổ ngã thường liên quan đến chiều cao thân, do đó có thể dùng làm đối tượng đối chứng khi nghiên cứu tính chống đổ và cải thiện khả năng thích ứng cho các dòng/giống lúa nếp khác.

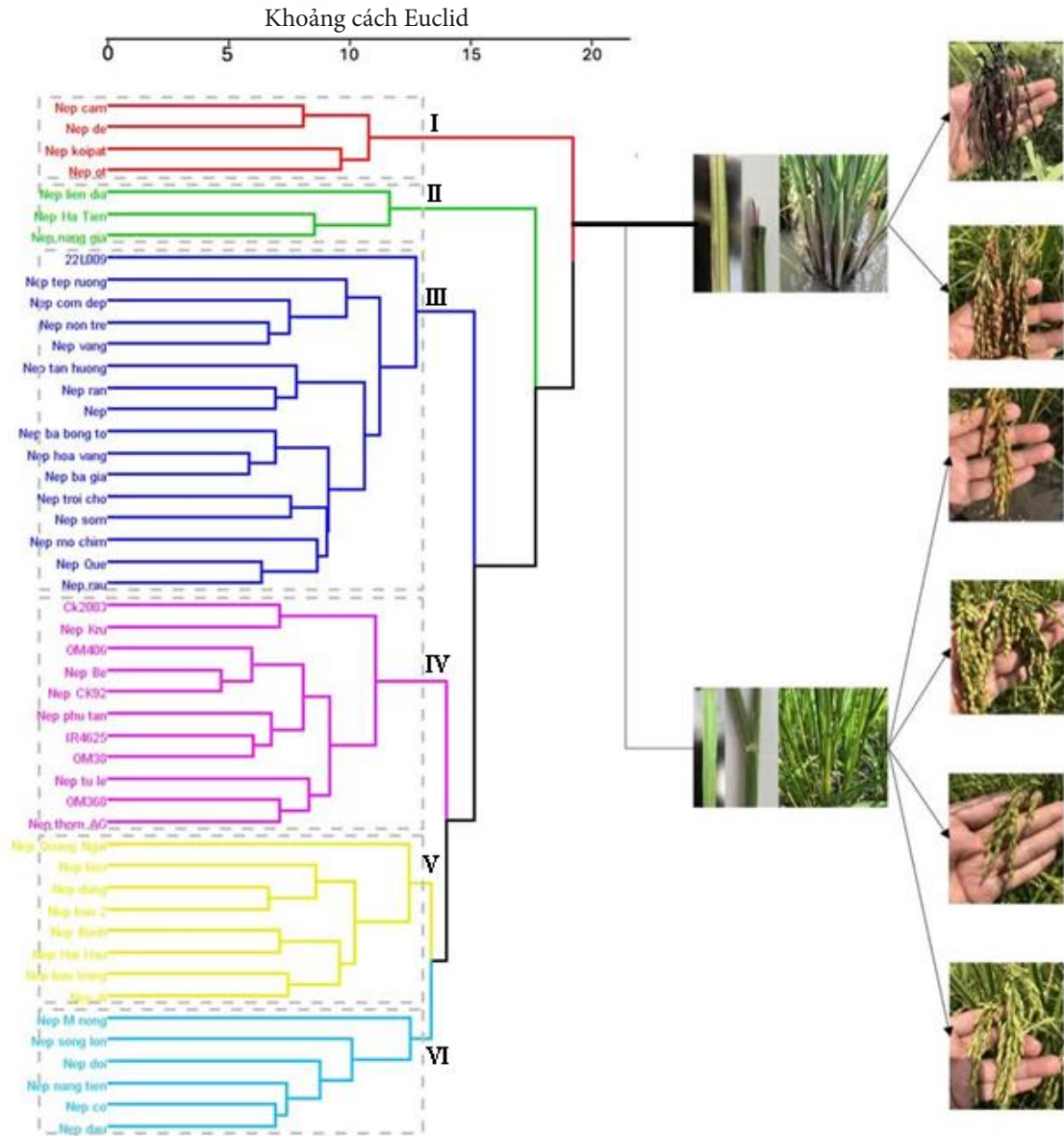
Nhóm IV: gồm các dòng/giống OM406, OM368, OM38, IR4625, Ck2003, là các giống cải tiến với đặc điểm hình thái rất phù hợp cho sản xuất có các đặc tính như: cây đứng, dạng bông gọn, không có râu, đẻ cụm rõ và kiểu hình được chấp nhận cao. Nhóm này đóng vai trò quan trọng trong sản xuất đại trà cũng như là vật liệu nền để lai tạo các giống nếp mới.

Nhóm V: đặc trưng bởi hạt lúa có chiều dài ngắn (8,05 mm), trong khi một số giống trong nhóm lại có thời gian sinh trưởng dài (121 ngày) và chiều rộng hạt lớn (3,4 mm). Sự kết hợp này cho thấy nhóm có các tính trạng hạt ngắn nhưng rộng, cùng với chu kỳ sinh trưởng dài hơn. Đây có thể là nguồn vật liệu phục vụ lai tạo cho các mục tiêu về cải thiện chất lượng gạo hay bố trí cơ cấu mùa vụ ở những vùng canh tác truyền thống.

Nhóm VI: ưu thế nổi bật về nông học, với chiều cao cây thấp (104,5 cm), thân ngắn (81 cm) - đặc điểm quan

trọng giúp hạn chế đổ ngã. Bên cạnh đó, nhóm này có vỏ trấu màu vàng rơm, không có màu ở đuôi, và đặc biệt là năng suất cao (1,4 kg/5 m²). Đây là nhóm mang nhiều tiềm năng ứng dụng trực tiếp trong sản xuất vì vừa đảm

bảo đặc điểm hình thái thuận lợi, vừa có năng suất vượt trội, phù hợp định hướng chọn giống lúa năng suất cao, chất lượng ổn định.



Hình 1. Kết quả phân nhóm (*Hierarchical cluster analysis*) của 48 dòng/giống lúa nếp dựa vào kết quả đánh giá của 42 đặc điểm

3.2. Đánh giá đa dạng di truyền dựa vào đặc tính nông học

Các tính trạng số lượng thường chịu ảnh hưởng mạnh của điều kiện môi trường nên mức độ chính xác trong đánh giá thấp hơn so với các tính trạng chất lượng. Do đó, trong nghiên cứu và chọn giống cần đặc biệt quan tâm đến các tham số di truyền như hệ số biến động kiểu hình (PCV), hệ số biến động kiểu gen (GCV) và hệ số di truyền theo nghĩa rộng (h²). Theo phân loại mức ý nghĩa của Burton (1952), các tính trạng được chia thành ba nhóm: Mức thấp: chiều dài bông có GCV 5,62% và PCV 9,23%; mức trung bình: chiều cao

cây (GCV 14,72%; PCV 15,99%), chiều dài hạt (GCV 12,06%; PCV 14,57%), chiều rộng hạt (GCV 14,82%; PCV 17,29%), năng suất/5 m² (GCV 7,22%; PCV 15,41%), chiều dài lá cờ (GCV 16,24%; PCV 22,16%); mức cao: số chồi hữu hiệu/bụi với GCV 32,11% và PCV 34,39%. Các tính trạng còn lại không có sự khác biệt có ý nghĩa về mặt thống kê. Đáng chú ý, ở hầu hết các chỉ tiêu, giá trị PCV luôn lớn hơn GCV, cho thấy ảnh hưởng môi trường đáng kể đến sự biểu hiện kiểu hình. Tuy nhiên, tỷ lệ GCV so với PCV ở mức tương đối cao phản ánh vai trò quyết định của kiểu gen đối với các tính trạng được nghiên cứu (Reni & Rao, 2013).

Bảng 2. Kết quả đánh giá đặc tính nông học của 48 dòng/giống lúa nếp

Tên dòng/ giống	Số chồi hữu hiệu/ bụi	Chiều dài lá cờ (cm)	Chiều cao cây (cm)	Chiều dài bông (cm)	Chiều dài hạt lúa (mm)	Chiều rộng hạt lúa (mm)	Thời gian sinh trưởng (ngày)	Năng suất 5 m ² (kg)
Lớn nhất	8	33,73	87,33	19,93	6,3	1,8	91	0,32
Nhỏ nhất	30	54,23	180	25,93	10,8	3,53	149	2,18
Trung bình	15,16	44,82	129,11	23,04	9,14	2,85	109,06	0,97
PCV	34,39	18,16	15,82	9,23	14,57	17,29	26,83	15,41
GCV	32,11	16,24	14,99	5,62	12,06	14,82	6,25	7,22
h ² _{BS}	0,927	0,42	0,909	0,37	0,68	0,731	0,921	0,862

Ghi chú: PCV: Hệ số biến động di truyền theo kiểu hình, GCV: Hệ số biến động di truyền theo kiểu gen; h²_{BS}: Hệ số di truyền theo nghĩa rộng.

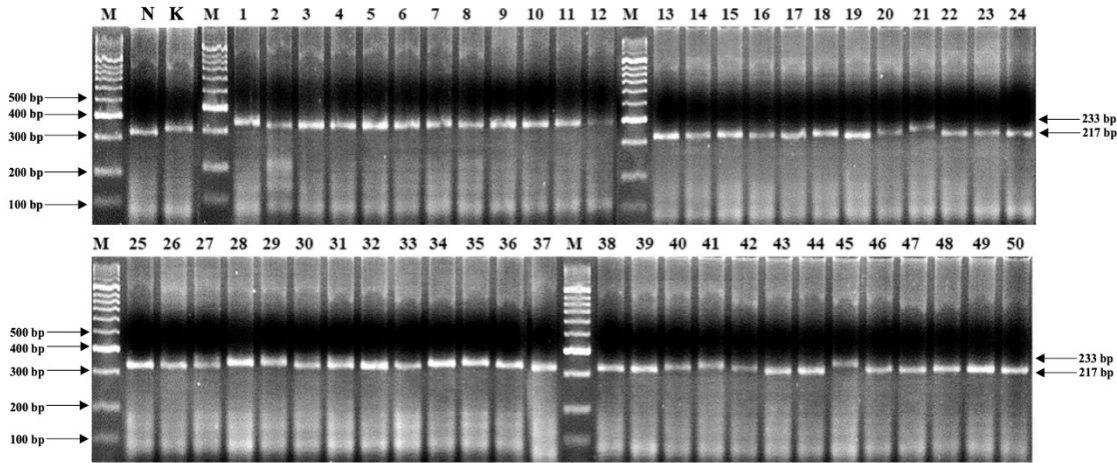
Theo Allard (1999), hệ số di truyền ở mức cao có nghĩa là tính trạng thể hiện do đóng góp phần lớn bởi yếu tố di truyền ít bị ảnh hưởng bởi các yếu tố môi trường. Ngược lại các tính trạng thuộc nhóm hệ số di truyền thấp do tác động của môi trường nhiều hơn so với đóng góp của yếu tố di truyền (Singh *et al.*, 2017). Sự kết hợp giữa hệ số di truyền theo nghĩa rộng và tiến bộ di truyền đủ tin cậy khi cả hai đều mang ý nghĩa cao trong cùng một tính trạng. Trong kết quả ở bảng 2, chỉ tiêu về số chồi hữu hiệu/bụi có h² (0,927), chiều dài lá cờ có h² (0,42), chiều cao cây có h² (0,909), chỉ tiêu về chiều dài bông có h² (0,37), chiều dài hạt lúa có h² (0,68), chiều rộng hạt lúa có h² (0,73), thời gian sinh trưởng là h² (0,92) và năng suất là h² (0,86). Các chỉ tiêu có hệ số di truyền theo nghĩa rộng cao cho thấy sự biểu hiện của giống chủ yếu chịu ảnh hưởng của yếu tố di truyền, gen đóng vai trò quyết định sự biểu hiện của các đặc tính này. Ngược lại, những tính trạng có hệ số di truyền theo nghĩa rộng thấp cho thấy chúng chịu

tác động mạnh của môi trường, dễ bị thay đổi, và do đó hiệu quả trong công tác chọn giống đối với các tính trạng này sẽ thấp hơn (Mukherjee *et al.*, 2016).

3.3. Kết quả đánh giá kiểu gen

3.3.1. Gen kháng bệnh đạo ôn

Kết quả nhận diện kiểu gen *Piz* bằng chỉ thị phân tử RM527 kháng bệnh đạo ôn trên 48 dòng/giống lúa nếp và hai giống lúa IRBB66 và OM3536 thể hiện tại hình 2 cho thấy, 20 mẫu xuất hiện băng khuếch đại có kích thước 233 bp, trong khi 30 mẫu còn lại khuếch đại bằng hình có kích thước 217 bp. Theo nghiên cứu của Singh và cộng sự (2015), kiểu gen *Piz* liên kết với khả năng kháng bệnh đạo ôn được đặc trưng bởi băng khuếch đại có kích thước 233 bp. Ngược lại, ở những cá thể không mang gen *Piz*, sản phẩm PCR khuếch đại bằng hình có kích thước 217 bp. Do đó, kết quả này cho thấy phần lớn các dòng/giống lúa nếp khảo sát có mang gen *Piz* kháng bệnh đạo ôn.



Hình 2. Sản phẩm PCR của prime RM527 nhận diện gen kháng đạo ôn *Piz*

Ghi chú: M: Ladder 1 kb; K: giống TT mang gen kháng; N: 1490 mang không mang gen kháng; 1 - 50 dòng/giống lúa nếp (theo Phụ lục).

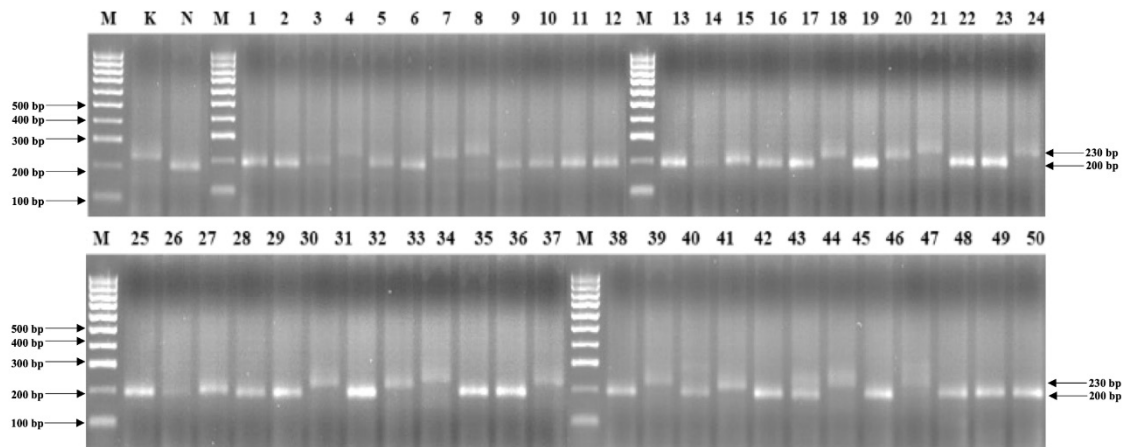
3.3.2. Gen kháng rầy nâu

Kết quả nhận diện kiểu gen kháng rầy nâu bằng chỉ thị phân tử RM5479 nhận diện gen *Bph18* trên 48 dòng/giống lúa nếp và hai giống lúa IRBB66 và OM3536 được trình bày tại hình 2 cho thấy, tổng cộng

17 mẫu khuếch đại bằng hình có kích thước 230 bp, trong khi 33 mẫu còn lại xuất hiện băng hình 200 bp. Theo nghiên cứu của Harini và cộng sự (2013), sự xuất hiện của băng khuếch đại 230 bp là đặc trưng cho các cá thể mang kiểu gen kháng gây nâu, trong khi băng

hình 200 bp cho thấy cá thể không mang gen kháng gây nâu. Như vậy, kết quả này cho thấy chỉ một phần

nhỏ dòng/giống khảo sát trong nghiên cứu có khả năng mang gen kháng gây nâu.



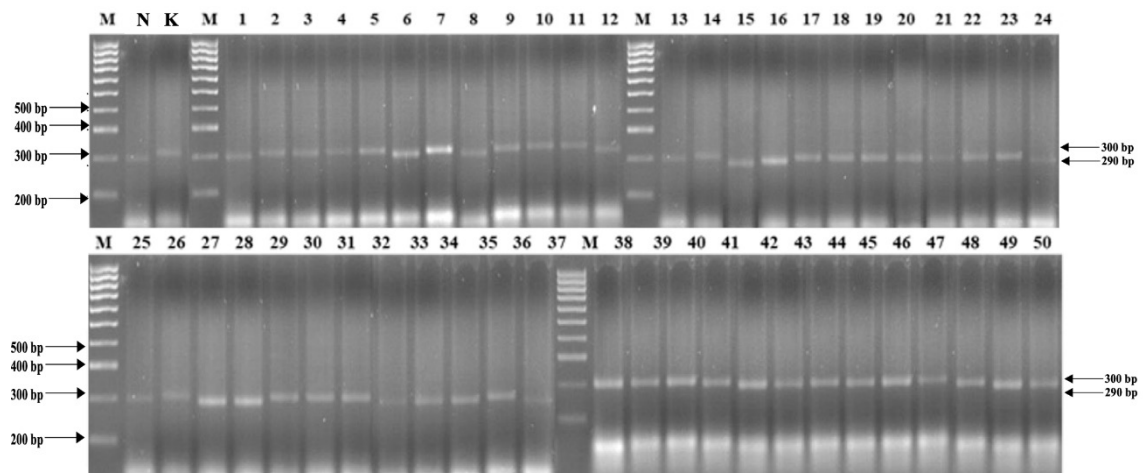
Hình 3. Sản phẩm PCR của prime RM5479 nhận diện gen kháng gây nâu (*Bph18*)

Ghi chú: M: Ladder 1 kb; K: giống *Ptb33* mang gen kháng; N: *TN1* mang không mang gen kháng; 1-50 dòng/giống lúa nếp (theo Phụ lục).

3.3.3. Gen kháng bệnh bạc lá

Kết quả nhận diện kiểu gen *xa13* kháng bệnh bạc lá bằng chỉ thị phân tử RM6765 trên 48 dòng/giống lúa nếp và hai giống lúa IRBB66 và OM3536 thể hiện tại Hình 2 cho thấy, tổng cộng 15 mẫu khuếch đại bằng hình có kích thước 300 bp, trong khi 35 mẫu còn lại

xuất hiện bằng hình 290 bp. Theo các nghiên cứu của Yoshimura và cộng sự (1995); Zhang và cộng sự (1996), sự xuất hiện của băng khuếch đại 300 bp cho thấy các cá thể mang kiểu gen *xa13* kháng bệnh bạc lá. Ngược lại, băng khuếch đại 290 bp xuất hiện ở các cá thể không mang gen *xa13* kháng bệnh bạc lá.



Hình 4. Sản phẩm PCR của prime RM6765 nhận diện gen kháng bạc lá (*xa13*)

Ghi chú: M: Ladder 1 kb; K: giống IRBB66 mang gen kháng; N: IR24 mang không mang gen kháng; 1 - 50 dòng/giống lúa nếp (theo Phụ lục).

3.3.5. Đánh giá di truyền dựa vào kiểu gen

Kết quả đánh giá kiểu gen của 48 dòng/giống lúa nếp, giống nếp năng tiên và nếp vàng nổi bật với việc sở hữu đầy đủ cả ba gen kháng: đạo ôn, bạc lá và rầy nâu. Ngược lại, các giống không mang bất kỳ gen kháng bệnh nào gồm: nếp Bonh, nếp Bè, Ck2003, nếp cơm đẹp, nếp đắng, Nếp, nếp koipat, nếp liên địa, nếp Phú Tân, OM38, nếp ba bông to, nếp năng già, nếp hoa vàng

và nếp sớm. Nhóm mang hai gen kháng đạo ôn và bạc lá bao gồm các giống: nếp Hà Tiên, nếp mỏ chim, nếp bầu 2. Nhóm mang gen kháng đạo ôn và rầy nâu gồm: nếp M nông, nếp quế, nếp dàu, nếp đen và nếp tàn hương. Các dòng/giống chỉ mang gen kháng đạo ôn gồm: IR4625, OM406, nếp co, nếp Quảng Ngãi, nếp râu, nếp bầu trắng, nếp sông lớn, nếp di, nếp tiêu và nếp Tú Lệ. Về các tổ hợp khác, giống nếp Hải Hậu, nếp đôi, nếp rần

và nếp Krụ mang cả hai gen kháng bạc lá và rầy nâu. Các dòng/giống chỉ mang gen kháng bạc lá gồm: nếp tép ruộng, IRBB66, 22L009, nếp ốt, nếp bà già và nếp cẩm. Cuối cùng, các giống OM3536, OM368, nếp trời cho, nếp thơm An Giang và nếp nồn tre được xác định mang gen kháng rầy nâu.

IV. KẾT LUẬN

Kết quả đánh giá đầy đủ về các đặc điểm hình thái và nông học của 48 dòng/giống lúa nếp cho thấy được sự đa dạng về mặt hình thái và nông học. Trong đó, các chỉ tiêu về năng suất và thời gian sinh trưởng có hệ số di truyền cao và chiều dài bông có hệ số di truyền thấp, đây được xem là các yếu tố quan trọng trong việc chọn giống. Đồng thời, kết quả phân tích kiểu gen cũng đã xác định được những dòng/giống mang các gen kháng bệnh cụ thể, như kháng bệnh đạo ôn, bạc lá và rầy nâu. Tuy nhiên, cần nghiên cứu cụ thể hơn về khả năng kháng bệnh của các dòng/giống lúa nếp thông qua đánh giá khả năng kháng sâu bệnh hại trực tiếp.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Trần Thị Nam Lý, Nguyễn Đức Cường, Nguyễn Thị Phong Lan, 2023. Đánh giá tính kháng nhiễm vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* gây bệnh bạc lá lúa trên bộ giống chỉ thị và bộ giống chất lượng cao. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 143 (1): 19-25.

Lê Vĩnh Thảo, Bùi Chí Bửu, Lưu Ngọc Trình, Nguyễn Văn Vương, 2004. *Các giống lúa đặc sản, giống lúa chất lượng cao và kỹ thuật canh tác*. Nhà xuất bản Nông nghiệp, Hà Nội.

Akimoto M., Shimamoto Y., Morishima H., 1999. The extinction of genetic resources of Asian wild rice, *Oryza rufipogon* Griff.: A case study in Thailand. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 46: 419-42.

Allard R.W., 1999. *Principles of Plant Breeding*. 2nd Edition, John Wiley and Sons Inc., New York.

Burton G.W., 1952. Quantitative inheritance in grasses. *Proceedings of 6th International Grassland Congress*, 1: 277-283.

Doyle J.J. & Doyle J.L., 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 39-40.

Gao H., Zheng X.M., Fei G., Chen J., Jin M., Ren Y., Wu K., Zhou K., Sheng P., Zhou F., Jiang L., Wang I., Zhang X., Guo X., Wang J.L., Cheng Z., Wu C., Wang H., Wan J.M., 2013. Ehd4 encodes a novel and *Oryza*-genus-specific regulator of photoperiodic flowering in rice. *PLoS Genetics*, 9 (2): e1003281.

Harini A.S., Kumar S.S., Balaravi P., Sharma R., Dass M.A., Shenoy V., 2013. Evaluation of rice genotypes for brown planthopper (BPH) resistance using molecular markers and phenotypic methods. *African Journal of Biotechnology*, 12 (19): 2515-2525.

Hore D.K., 2005. Rice diversity collection, conservation and management in Northeastern India. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52 (8): 1129-1140.

Hsu Y.C., Chiu C.H., Yap R., Tseng Y.C., Wu Y.P., 2020. Pyramiding bacterial blight resistance genes in Tainung82 for broad-spectrum resistance using marker-assisted selection. *International Journal of Molecular Sciences*, 21 (4): 1281.

IRRI, 2013. *Standard Evaluation System (SES) for Rice*. International Rice Research Institute, Los Banos, Philippines.

Mukherjee D., Roquib M., Das N., Mukherjee S., 2016. A study on genetic variability, character association and path co-efficient analysis on morphological and yield attributing characters of taro [*Colocasia esculenta* (L.) Schott]. *American Journal of Plant Sciences* 7: 479-488.

Nachimuthu V.V., Muthurajan R., Duraialaguraja S., Sivakami R., Pandian B.A., Ponniah G., Gunasekaran K., Swaminathan M., Suji K.K., Sabariappan R., 2015. Analysis of population structure and genetic diversity in rice germplasm using SSR markers: an initiative towards association mapping of agronomic traits in *Oryza sativa*. *Rice*, 8 (1): 30.

Reni Y.P., Rao Y.K., 2013. Genetic variability in soybean [*Glycine max* (L) Merrill]. *International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences*, 3 (4): 35-38.

Singh A.K., Singh P.K., Arya M., Singh N.K., Singh U.S., 2015. Molecular screening of blast resistance genes in rice using SSR markers. *The Plant Pathology Journal*, 31 (1): 12-24.

Singh V., Rana D.K., Saha K.N., 2017. Genetic variability, heritability and genetic advance in some strains of bitter melon (*Momordica charantia* L.) under subtropical conditions of Garhwal Himalaya. *Plant Archives*, 17 (1): 564-568.

Sow M., Sido A., Laing M., Ndjondjop M.N., 2014. Agromorphological variability of rice species collected from Niger. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 12: 22-34.

Statgraphics, 1988. A statistical graphics software system. *Disasters*, 12: 304.

Yoshimura S., Yoshimura A., Iwata N., McCouch S.R., Abenes M.L., Baraoidan M., Mew T.W., Nelson R.J., 1995. Tagging and combining bacterial blight resistance genes in rice using RAPD and RFLP markers. *Molecular Breeding*, 1: 375-387.

Zhang G., Angeles E.R., Abenes M.L.P., Khush G.S., Huang N., 1996. RAPD and RFLP mapping of the bacterial blight resistance gene *xa13* in rice. *Theoretical and Applied Genetics*, 93: 65-70.

Zhang G.Q., Angeles E.R., Abenes M.L.P., Khush G.S., Huang N., 1996. RAPD and RFLP mapping of the bacterial blight resistance gene *xa13* in rice. *Theoretical and Applied Genetics*, 93 (1): 65-70.

Assessment of genetic diversity among glutinous rice lines/varieties based on agronomic traits and molecular marker detection of major disease resistance genes

Lam Huynh Nhu, Vo Thanh Toan, Tran Ngoc Thach,
Nguyen Thuy Kieu Tien, Pham Thi Be Tu, Do Duc Tuyen

Abstract

Glutinous rice is a traditional staple crop with significant economic, nutritional, cultural, and traditional medicinal value. However, most glutinous rice varieties currently cultivated are highly susceptible to major diseases. This study was conducted on 48 glutinous rice lines/varieties to assess genetic diversity based on morphological and agronomic traits, as well as to detect genes/QTLs conferring resistance to blast, bacterial leaf blight, and brown planthopper using molecular markers. Evaluation of 42 morphological and agronomic traits revealed that several traits, including the number of effective tillers per hill, plant height, grain length, and grain width, exhibited high broad-sense heritability (h^2), indicating their strong potential for use in genetic improvement and breeding programs. Molecular marker analysis identified 20 out of 48 lines/varieties carrying the blast resistance gene *Piz*, 17 carrying the brown planthopper resistance gene *Bph18*, and 15 carrying the bacterial leaf blight resistance gene *xa13*, suggesting that these genotypes represent valuable genetic resources for future breeding efforts.

Keywords: Agronomic traits, genetic diversity, glutinous rice, molecular markers, resistance genes

Ngày nhận bài: 26/9/2025

Người phản biện: TS. Dương Xuân Tú, PGS.TS Khuất Hữu Trung

Ngày duyệt đăng: 23/01/2026

Ngày phản biện: 03/11/2025

NGHIÊN CỨU CHỌN TẠO DÒNG PHỤC HỒI PHẦN (R) KHÁNG BỆNH BẠC LÁ PHỤC VỤ CÔNG TÁC CHỌN TẠO GIỐNG LÚA LAI Ở VIỆT NAM

Lê Hùng Phong^{1*}, Lê Diệu My¹, Trần Thị Thu Ngân¹,
Nguyễn Thị Phương Hoa¹, Nguyễn Thị Thu Trang¹, Phan Thị Thanh²

TÓM TẮT

Sử dụng giống lúa lai trong sản xuất đã góp phần không nhỏ vào việc đảm bảo an ninh lương thực quốc gia và vùng sản xuất nhờ ưu thế về khả năng sinh trưởng và năng suất cao. Tuy nhiên, mức độ chống chịu đối với bệnh bạc lá của bộ giống lúa lai hiện nay đang được sử dụng trong sản xuất ở nước ta còn hạn chế; đây cũng là một trong những nguyên nhân làm hạn chế khả năng mở rộng và phát triển lúa lai ở Việt Nam. Do đó, việc cải thiện khả năng kháng bệnh bạc lá của các dòng bố mẹ là rất cần thiết nhằm chọn tạo các giống lúa lai có khả năng chống chịu với bệnh bạc lá. Trong nghiên cứu này, các dòng phục hồi phần kháng bệnh bạc lá được tập trung lai tạo, chọn lọc bằng phương pháp lai hữu tính có sự hỗ trợ của chỉ thị phân tử (MAS). Kết quả đã chọn lọc được 4 dòng mang gen kháng bệnh bạc lá *Xa7*, gồm RN19-60, RN15-3, RN15-7, RN19-45; trong đó, dòng RN19-60 và RN15-3 không chỉ mang gen kháng *Xa7* mà còn có khả năng kết hợp chung cao, mức độ chống chịu bệnh bạc lá đạt điểm 3 và khả năng phục hồi phần cao. Đây là những dòng phục hồi phần triển vọng, có tiềm năng ứng dụng trong chương trình chọn tạo giống lúa lai kháng bệnh bạc lá ở Việt Nam.

Từ khóa: Lúa lai, dòng phục hồi phần (R), kháng bệnh bạc lá

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hiện nay, nhiều giống lúa lai được chọn tạo trong nước và nhập nội đang trồng trong sản xuất đã được cải thiện rõ rệt về năng suất, chất lượng và khả năng chống chịu sâu bệnh hại. Tuy nhiên, việc mở rộng diện tích trồng lúa lai ở nước ta gặp nhiều khó khăn thậm chí đang có xu hướng giảm dần trong những năm gần đây do nhiều nguyên nhân như ảnh hưởng của đô thị hoá; thiếu hụt lao động nông nghiệp; biến đổi khí hậu khiến sâu bệnh phát triển làm tăng giá thành sản xuất

hạt giống F_1 , sản xuất hạt lai trong và ngoài nước gặp nhiều khó khăn; bộ giống lúa lai năng suất, chất lượng có khả năng chống chịu sâu bệnh (bạc lá, rầy nâu, đạo ôn) còn thiếu, chưa đáp ứng được nhu cầu của sản xuất. Vì vậy, việc chọn tạo các dòng phục hồi phần kháng bệnh bạc lá là một trong những giải pháp cần thiết và khả thi để nâng cao khả năng chống chịu bệnh bạc lá cho giống lúa lai.

Năm 2016, Luo và cộng sự đã chuyển thành công 2 gen kháng bệnh bạc lá *Xa4* và *Xa21* vào dòng phục

¹ Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Lúa lai, Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm

² Bộ môn Công nghệ sinh học - Sinh lý Sinh hoá, Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm

* Tác giả liên hệ, email: phonglualai@yahoo.com.vn