

Selection of cassava varieties suitable for Nghe An province

Pham Thi Thu Ha, Nguyen Trong Hien, Nguyen Viet Hung,
Nguyen Quang Tin, Nie Xuan Hong, Tran Quoc Viet

Abstract

This study was conducted to evaluate the growth, development and yield of 8 cassava varieties in order to select suitable varieties for Nghe An Province. The experiment was conducted in 2017-2018, in Thanh Ngoc commune, Thanh Chuong district, Nghe An province. 2 varieties were selected, namely 13Sa05 and BK with 10 months of growth duration, good growth and development, slightly sensitive to pests and diseases, high yield and starch content. Specifically, the yield of 13Sa05 reached 48.24 - 52.14 tons/ha, BK reached 43.36 - 48.21 tons/ha, higher than the control KM94 by 18.6 - 46.3%. Starch content of 13Sa05 at 10 months after planting reached 28.78 - 28.98%, equivalent to control variety KM94 (29.01 - 29.41%) and of BK was 26.36 - 26.63%, lower than control variety KM94 by 2.65 - 2.78%. These two varieties can be included in the structure of the province for early harvesting to avoid floods.

Keywords: Cassava varieties, selection, high yield, Nghe An province

Ngày nhận bài: 05/01/2021
Ngày phản biện: 20/01/2021

Người phản biện: PGS. TS Tăng Thị Hạnh
Ngày duyệt đăng: 29/01/2021

ĐÁNH GIÁ NGUỒN VẬT LIỆU PHỤC VỤ NGHIÊN CỨU TÍCH HỢP ĐA GEN KHÁNG BỆNH ĐẠO ÔN VÀO GIỐNG LÚA BC15 BẰNG CÔNG NGHỆ CHỈ THỊ PHÂN TỬ

Nguyễn Thị Minh Nguyệt¹, Nguyễn Bá Ngọc¹, Nguyễn Thị Nhài¹,
Chu Đức Hà¹, Tạ Hồng Lĩnh², Đào Văn Khởi³, Phạm Xuân Hội¹, Lê Hùng Lĩnh¹

TÓM TẮT

Cải tiến đặc tính kháng bệnh đạo ôn ở các giống lúa đại trà bằng công cụ chọn dòng cá thể sử dụng chỉ thị phân tử kết hợp lai trở lại (MABC) được xem là một trong những công cụ hữu hiệu. Trong nghiên cứu này, các dòng lúa BC15 cải tiến được tích hợp hai gen kháng bệnh đạo ôn, *Pik-h* và *Piz-5* đã được phân tích kiểu gen và đánh giá kiểu hình. Cụ thể, các quần thể BC₃F₃ thể hiện tính kháng tốt với các nòi đạo ôn trong điều kiện lây nhiễm nhân tạo. Các cá thể BC₃F₃ này sau đó đã được kiểm tra sự có mặt của hai gen *Pik-h* và *Piz-5* với chỉ thị liên kết gen và đánh giá nền di truyền với bộ chỉ thị phân tử SSR đa hình phân bố rải rác trên hệ gen lúa. Kết quả đã chọn được ba cá thể đầu dòng, A2.1.15.3.3, A2.1.19.9.8 và A2.1.26.3.12 để tiếp tục phát triển thành các dòng thuần. Các dòng thể hệ tiếp theo đều mang những đặc điểm nông sinh học tương tự như giống gốc BC15, đồng thời thể hiện tính kháng đạo ôn (điểm ≤ 3) trong lây nhiễm nhân tạo. Trong đó, dòng A2.1.15.3.3 được tiếp tục phát triển thành dòng triển vọng để gửi khảo nghiệm quốc gia. Kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những cơ sở khoa học cho việc áp dụng kỹ thuật MABC nhằm cải thiện đặc tính chống chịu của các giống lúa đang được sản xuất đại trà.

Từ khóa: Cây lúa (*Oryza sativa*), tính kháng, đạo ôn, chỉ thị phân tử, BC15

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh đạo ôn do nấm ký sinh *Pyricularia oryzae* Cavara được xem là một trong những tác nhân có sức tàn phá nghiêm trọng đến canh tác lúa gạo (*Oryza sativa*) trên thế giới (Srivastava *et al.*, 2017) và tại Việt Nam (Nguyen *et al.*, 2019). Bên cạnh một số biện pháp quản lý dịch hại tổng hợp, cải thiện tính kháng bệnh của các giống lúa sản xuất đại trà được xem là nhiệm vụ hàng đầu của các nhà chọn giống hiện nay (Zhang, 2007). Trong đó, chọn dòng cá thể

sử dụng chỉ thị phân tử kết hợp lai trở lại (marker-assisted backcrossing, MABC) được đánh giá là một trong công cụ chọn tạo giống lúa hiệu quả nhất trong việc nâng cao khả năng chống chịu bất lợi (phsinh học và sinh học) (Lê Hùng Lĩnh và *ctv.*, 2017).

Hiện nay, hầu hết các giống lúa đang lưu hành phổ biến trong sản xuất ở các tỉnh phía Bắc, điển hình như BC15, Nếp, AC5, Q5, Bắc thơm số 7 và Khang Dân 18 đều bị nhiễm đạo ôn với mức độ khác nhau. Điều này đã thúc đẩy công tác chọn tạo giống

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp; ² Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

³ Cục Trồng trọt, Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn

nhằm cải thiện tính trạng chống chịu bệnh, đồng thời vẫn giữ nguyên được đặc tính vốn có của giống. Trong giai đoạn trước, các thí nghiệm lai tạo đã được tiến hành nhằm tích hợp đa gen kháng đạo ôn vào giống lúa BC15 (Hình 1). Cụ thể, các dòng BC15 cải tiến mang đơn gen kháng đạo ôn đã được tạo lập từ tổ hợp lai [BC15 (♀) × IRBLkh-K3[CO] mang gen *Pik-h* (♂)] và [BC15 (♀) × IRBLz5-CA[CO] mang gen *Piz-5* (♂)] (Hình 1). Sau đó, sử dụng kỹ thuật chọn lọc gen đích và nền di truyền giống gốc bằng chỉ thị phân tử kết hợp đánh giá lây nhiễm nhân tạo, nghiên cứu đã chọn lọc được thể hệ BC₃F₃ mang đa gen kháng đạo ôn và có nền di truyền của giống gốc BC15 (Hình 1).

Trong nghiên cứu này, các quần thể BC₃F₃ tích hợp đa gen kháng bệnh đạo ôn (*Pik-h*, *Piz-5*) trên nền giống lúa trồng phổ biến BC15 đã được phân tích kiểu gen và đánh giá kiểu hình. Kết quả đã chọn

được dòng lúa BC15 cải tiến tích hợp đa gen kháng và biểu hiện tính kháng ổn định với bệnh đạo ôn.

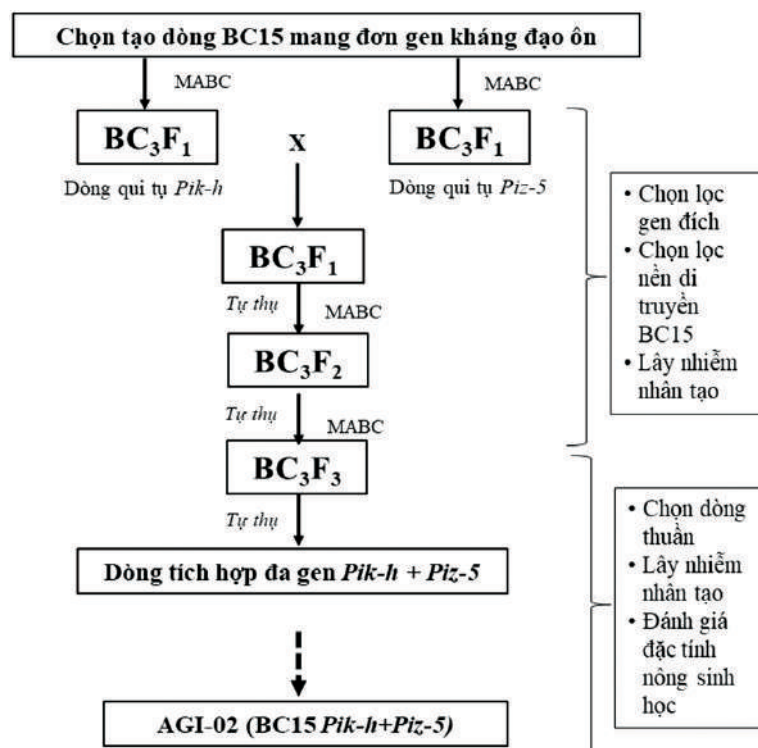
II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Giống nhận gen được sử dụng là BC15 do Công ty cổ phần Tổng công ty Giống cây trồng Thái Bình cung cấp. Giống cho gen là IRBLkh-K3[CO] (mang gen *Pik-h*) và IRBLz5-CA[CO] (mang gen *Piz-5*). Giống LTH miễn cảm với đạo ôn do Trung tâm Nghiên cứu Khoa học nông nghiệp Quốc tế Nhật Bản cung cấp được sử dụng làm đối chứng.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp lai tạo quần thể BC₃F₃: Các quần thể BC₃F₃ của tổ hợp lai được chọn tạo bằng phương pháp MABC theo sơ đồ lai thể hiện ở hình 1.



Hình 1. Sơ đồ tích hợp đa gen kháng bệnh đạo ôn vào giống lúa BC15

- Phương pháp kiểm tra locus gen mục tiêu và đánh giá nền di truyền: Quy trình phân tích kiểu gen theo ba bước chính, bao gồm tách chiết ADN, khuếch đại gen bằng kỹ thuật PCR và điện di sản phẩm ADN trên gel agarose, được thực hiện dựa theo mô tả trong các nghiên cứu gần đây (Lê Hùng Linh và *ctv.*, 2017; Nguyễn Thị Minh Nguyệt và *ctv.*, 2019). Cụ thể, ADN của các cá thể con lai được tách

chiết từ mẫu lá non sạch bệnh bằng phương pháp tách nhanh sử dụng NaOH. Sau đó, các mẫu ADN đã pha loãng được dùng làm khuôn mẫu cho phản ứng PCR với cặp chỉ thị phân tử SSR đặc trưng (Bảng 1) dựa theo phương pháp mô tả gần đây (Nguyễn Thị Minh Nguyệt và *ctv.*, 2019). Cuối cùng, sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 2,5% có bổ sung Ethidium bromide.

Bảng 1. Các chỉ thị phân tử SSR liên kết với gen kháng sử dụng trong sàng lọc cá thể

Gen kháng	NST	Chỉ thị liên kết	Khoảng cách (cM)	Trình tự mỗi xuôi/ngược	Nguồn
<i>Pik-h</i>	11	RM224	0	F: ATCGATCGATCTTCACGAGG R: TGCTATAAAAAGGCATTCGGG	(Fjellstrom <i>et al.</i> , 2004)
<i>Piz-5</i>	7	RM527	0,3	F: GGCTCGATCTAGAAAATCCG R: TTGCACAGTTGCGATAGAG	(Gouda <i>et al.</i> , 2013)

NST: Nhiễm sắc thể, cM: CentiMorgan, F: Mỗi xuôi, R: Mỗi ngược.

- Phương pháp đánh giá phản ứng với bệnh đạo ôn: Các bước lây nhiễm nấm đạo ôn trong điều kiện nhân tạo được tiến hành theo phương pháp tiêu chuẩn mô tả trong nghiên cứu gần đây (Hayashi *et al.*, 2009). Cụ thể, bào tử của các nòi nấm đạo ôn lưu giữ trước đây (Nguyen *et al.*, 2019) nuôi trong điều kiện tiêu chuẩn (nồng độ 5×10^4 bào tử/ml) trước khi được phun dịch lên khay mạ 14 ÷ 21 ngày tuổi bằng bình tích áp (Hayashi *et al.*, 2009). Khay mạ được ủ trong buồng tối (độ ẩm 100%, nhiệt độ 25°C) và giữ trong 24 giờ để bào tử nảy mầm (Hayashi *et al.*, 2009). Sau đó, khay mạ được chuyển vào nhà lưới (ánh sáng thường, độ ẩm > 70%, nhiệt độ 25 ÷ 28°C) trong 7 ngày để nấm phát triển và gây bệnh. Đánh giá mức độ phản ứng của các dòng/giống lúa với các nòi nấm bệnh đạo ôn được tiến hành dựa trên thang điểm đánh giá bệnh tiêu chuẩn của Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế (IRRI, 2013).

- Phương pháp xử lý số liệu: Số liệu đồng ruộng được phân tích và xử lý bằng các phần mềm IRRISTAT 5.0 và Microsoft Excel 2010. Số liệu kiểu gen được phân tích bằng phần mềm Graphical Genotypes 2.0 (van Berloo, 1999).

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu này được thực hiện từ vụ Xuân 2019 đến vụ Xuân 2020 tại Viện Di truyền Nông nghiệp và ruộng thí nghiệm tại xã An Khánh, huyện Hoài Đức, Hà Nội.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh giá khả năng kháng bệnh đạo ôn của quần thể BC₃F₃ trong điều kiện nhân tạo

Để đánh giá khả năng phản ứng của các cá thể trong quần thể BC₃F₃ của tổ hợp lai, thí nghiệm lây nhiễm nhân tạo đã được tiến hành. Cụ thể, mạ 14 ngày tuổi gieo trên khay được phun nhiễm với các nòi nấm đạo ôn (Nguyen *et al.*, 2019) trước khi ủ trong buồng tối, sau đó đưa vào nhà lưới theo mô tả trong nghiên cứu trước đây (Hayashi *et al.*, 2009). Kết quả đánh giá được thể hiện ở bảng 2.

Kết quả theo dõi sau bảy ngày lây nhiễm cho thấy, các cá thể trong cả bốn quần thể BC₃F₃ (mang cả hai gen kháng *Pik-h* và *Piz-5*) đều thể hiện tính kháng (điểm 3). Trong khi đó, giống nền BC15 và LTH (đối chứng âm) đều nhiễm (điểm 7) và nhiễm nặng (điểm 9) với các chủng đạo ôn. Đáng chú ý, các cá thể trong bốn quần thể BC₃F₃ đều có biểu hiện tính kháng tốt (điểm 1 ÷ 3) với nòi nấm gây bệnh đạo ôn I19 thu thập tại khu vực Hà Nội. Kết quả này đã gợi mở ra tiềm năng phát triển dòng lúa triển vọng từ quần thể BC₃F₃ mang hai gen kháng đạo ôn cho các khu vực lân cận Hà Nội.

Bảng 1. Đánh giá phản ứng của các dòng lúa nghiên cứu với các nòi nấm đạo ôn

TT	Dòng BC ₃ F ₃	Gen kháng	Điểm	Mức kháng/nhiễm
1	A2.1.15.3	<i>Pik-h, Piz-5</i>	3	Kháng
2	A2.1.19.5	<i>Pik-h, Piz-5</i>	3	Kháng
3	A2.1.19.9	<i>Pik-h, Piz-5</i>	3	Kháng
4	A2.1.26.3	<i>Pik-h, Piz-5</i>	3	Kháng
5	BC15	-	7	Nhiễm
6	LTH	-	9	Nhiễm nặng

3.2. Sàng lọc các cá thể mang đa gen kháng đạo ôn bằng chỉ thị phân tử

Để phân tích kiểu gen của các quần thể BC₃F₃ và chọn lọc dòng triển vọng, 60 cá thể/quần thể có phản ứng kháng tốt nhất với các chủng đạo ôn đã được lựa chọn để tiếp tục sàng lọc di truyền bằng kỹ thuật khuếch đại gen sử dụng hai chỉ thị SSR, RM224 (liên kết chặt với *Pik-h*) (Fjellstrom *et al.*, 2004) và RM527 (liên kết chặt với *Piz-5*) (Gouda *et al.*, 2013). Kết quả đánh giá kiểu gen được thể hiện ở hình 2.

Kết quả cho thấy tất cả 240 cá thể (thuộc bốn quần thể BC₃F₃) có kích thước băng điện di bằng với giống cho gen, IRBLkh-K3[CO] (mang gen *Pik-h*) và IRBLz5-CA[CO] (mang gen *Piz-5*) (Hình 2). Điều này chứng tỏ các cá thể này đều mang hai gen kháng *Pik-h* và *Piz-5* ở trạng thái đồng hợp tử (tương tự như giống cho gen).



Hình 2. Điện di sản phẩm PCR của các cá thể BC₃F₃ với (A) chỉ thị RM224 liên kết với gen *Pik-h* và (B) RM527 liên kết với gen *Piz-5*

Tiếp theo, nhằm đánh giá hiệu quả của phương pháp MABC, nền di truyền của 240 cá thể BC₃F₃ mang hai gen kháng ở trạng thái đồng hợp tử tiếp tục được khảo sát với bộ 36 chỉ thị SSR cho đa hình giữa hai giống bố mẹ. Cụ thể, 240 cá thể này đã được phân tích nền di truyền với 36 chỉ thị phân tử phân bố rải rác trên toàn hệ gen lúa để sàng lọc các cá thể có nền di truyền gần nhất với giống gốc BC15. Kết quả đã xác định được ba cá thể BC₃F₃, ký hiệu là A2.1.15.3.3 (99,6%), A2.1.19.9.8 (99,5%) và A2.1.26.3.12 (99,5%), có nền di truyền giống với BC15.

Có thể thấy rằng, bằng công cụ MABC, các cá thể con lai ở thế hệ BC₃F₃ đã có sự đồng nhất về kiểu gen, thể hiện ở sự có mặt của hai gen mục tiêu ở

trạng thái đồng hợp tử và có nền di truyền gần đồng nhất với giống gốc BC15 (Hình 1). Như vậy, ba cá thể A2.1.15.3.3, A2.1.19.9.8 và A2.1.26.3.12 được tiếp tục phát triển thành dòng thuần và theo dõi trên đồng ruộng trong thí nghiệm tiếp theo.

3.3. Khảo nghiệm tác giả và đánh giá tính chống chịu bệnh đạo ôn của các dòng thuần triển vọng

Trong nghiên cứu này, ba quần thể phát triển từ các cá thể đầu dòng ưu tú A2.1.15.3.3, A2.1.19.9.8 và A2.1.26.3.12, mang hai gen *Pik-h* và *Piz-5* (ở trạng thái đồng hợp tử) và có nền di truyền giống với BC15 nhất được lựa chọn để đánh giá khảo nghiệm tác giả. Kết quả đánh giá các đặc điểm nông sinh học chính của các dòng ưu tú được thể hiện ở bảng 3.

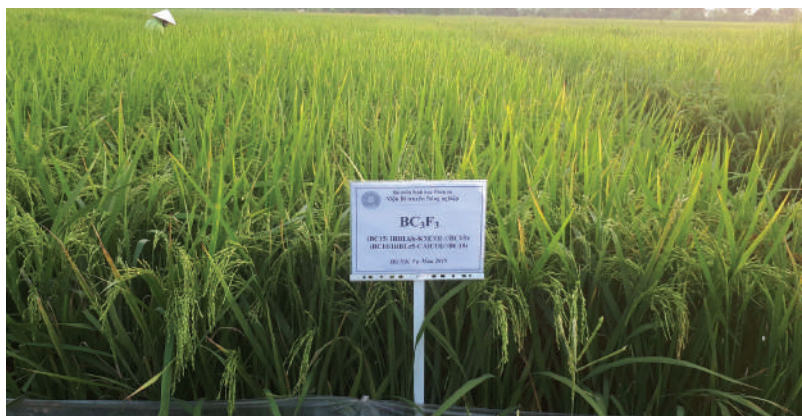
Bảng 3. Đánh giá các đặc điểm nông sinh học của ba dòng ưu tú trong nghiên cứu này

TT	Tên dòng/ giống	TGST (ngày)	Chiều cao cây (cm)	Số bông/ khóm	Hạt chắc/ bông	P 1000 hạt	NSLT (g/khóm)
1	A2.1.15.3.3	110	117	7,0	245,6	21,3	36,7
2	A2.1.19.9.8	109	116	8,0	186,8	21,3	31,9
3	A2.1.26.3.12	109	118	7,0	192,2	21,0	28,3
4	BC15	111	120	8,0	195,0	23,3	36,4

TGST: Thời gian sinh trưởng, P 1000 hạt: Trọng lượng 1000 hạt, NSLT: Năng suất lý thuyết.

Kết quả cho thấy các dòng ưu tú có đặc điểm nông sinh học ở mức tương đương với giống gốc BC15 (Bảng 3). Cụ thể, thời gian sinh trưởng của các dòng ưu tú dao động từ 109 ÷ 110 ngày, tương đương với giống BC15 (111 ngày), trong khi chiều cao cây đạt khoảng 116 ÷ 118 cm, thấp hơn không đáng kể so với giống BC15 (120 cm) (Bảng 3). Trong khi đó, các dòng lúa có số bông/khóm dao động từ 7 ÷ 8, tương đương với giống gốc BC15 (8 bông/khóm) (Bảng 3). Đáng chú ý, số hạt chắc/bông được ghi nhận từ 186,8 (dòng A2.1.19.9.8) đến 245,6 hạt/bông (dòng A2.1.15.3.3), ở mức cao hơn so với giống BC15 (Bảng 3). Thí nghiệm cũng đã chỉ ra rằng năng suất lý thuyết của dòng A2.1.15.3.3 (36,7 g/khóm) nhìn chung ở mức tương đương với BC15 (36,4 g/khóm), trong khi hai dòng còn lại có năng suất lý thuyết thấp hơn, lần lượt là 31,9 (dòng A2.1.19.9.8) và 28,3 g/khóm (A2.1.26.3.12) (Bảng 3).

Một trong những nội dung quan trọng của nghiên cứu này là đánh giá mức độ kháng/nhiễm sâu bệnh hại của ba dòng cá thể BC₃F₃ trong sản xuất. Trong điều kiện thí nghiệm không phun thuốc phòng trừ đạo ôn, cả ba dòng lúa A2.1.15.3.3, A2.1.19.9.8 và A2.1.26.3.12 đều không nhiễm bệnh đạo ôn, trong khi giống đối chứng BC15 có biểu hiện nhiễm đạo ôn (điểm 7) (Hình 3). Tất cả ba dòng lúa đều có biểu hiện nhiễm nhẹ (điểm 0 ÷ 3) đối với các sâu bệnh hại khác, ở mức tương đương với BC15. Với những kết quả trên, nghiên cứu đã bước đầu lựa chọn dòng lúa A2.1.15.3.3 mang hai gen kháng *Pik-h* và *Piz-5*, mang nền di truyền và có các đặc điểm nông sinh học tương tự giống gốc BC15, thể hiện khả năng kháng tốt với bệnh đạo ôn trong lập nhiễm nhân tạo và trên đồng ruộng. Dòng A2.1.15.3.3 được đặt tên là AGI-02 và được gửi khảo nghiệm quốc gia để đánh giá trong điều kiện sản xuất ở các tỉnh phía Bắc.



Hình 3. Ruộng gieo trồng các dòng tích hợp đa gen kháng bệnh đạo ôn trên đồng ruộng (vụ Mùa, 2019)

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Các quần thể BC₃F₃ phát triển từ tổ hợp lai tích hợp hai gen *Pik-h* và *Piz-5* vào giống lúa chất lượng BC15 thể hiện khả năng kháng tốt với các nòi đạo ôn trong điều kiện lây nhiễm nhân tạo (điểm ≤ 3).

Đánh giá kiểu gen cho thấy tất cả các cá thể BC₃F₃ thể hiện tính kháng tốt đều mang hai gen *Pik-h* và *Piz-5* ở trạng thái đồng hợp tử. Ba cá thể, A2.1.15.3.3, A2.1.19.9.8 và A2.1.26.3.12 có nền di truyền giống với BC15 nhất được lựa chọn để phát triển thành dòng triển vọng.

Kết quả đánh giá ngoài đồng ruộng cho thấy các dòng có những đặc điểm nông sinh học chính tương tự như BC15, có khả năng kháng bệnh đạo ôn vượt trội hơn hẳn BC15. Trong đó, dòng A2.1.15.3.3 được xác định là dòng triển vọng cho việc phát triển thành giống cải tiến tích hợp đa gen kháng bệnh đạo ôn.

4.2. Đề nghị

Nghiên cứu này sẽ được tiếp tục nhằm đánh giá dòng triển vọng A2.1.15.3.3 trong hệ thống khảo nghiệm quốc gia, tạo cơ sở đưa giống cải tiến tích hợp đa gen kháng bệnh đạo ôn ra sản xuất.

LỜI CẢM ƠN

Công trình nghiên cứu là kết quả nghiên cứu của Đề tài cấp Nhà nước “Nghiên cứu ứng dụng công nghệ chỉ thị phân tử và chỉnh sửa hệ gen trong chọn tạo giống lúa năng suất, chất lượng, chống chịu sâu bệnh và bất lợi ngoại cảnh” thuộc Chương trình Đổi mới công nghệ Quốc gia.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Lê Hùng Linh, Chu Đức Hà, Đào Văn Khởi, Phạm Thị Lý Thu, 2017. Tích hợp gen/QTL trong cải tiến giống lúa ứng phó biến đổi khí hậu bằng phương pháp chọn giống nhờ chỉ thị phân tử kết hợp lai

trở lại. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 15(4): 60-64.

Nguyễn Thị Minh Nguyệt, Chu Đức Hà, Nguyễn Thị Nhài, Nguyễn Bá Ngọc, Khuất Thị Mai Lương, Phạm Thị Lý Thu, Lê Hùng Linh, 2019. Xây dựng phương pháp xác định locus gen phục vụ cho công tác thử nghiệm và giám định gen ở cây lúa theo tiêu chuẩn ISO/IEC 17025:2017. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 3(100): 98-103.

Fjellstrom, R., Bormans, C.A., McClung, A.M., Marchetti, M.A., Shank, A.R., Park, W.D., 2004. Development of DNA markers suitable for marker assisted selection of three *Pi* genes conferring resistance to multiple *Pyricularia grisea* pathotypes. *Crop Sci*, 44: 1790-1798.

Gouda, P. K., Saikumar, S., Varma, C.M., Nagesh, K., Thippeswamy, S., Shenoy, V., 2013. Marker-assisted breeding of *Pi-1* and *Piz-5* genes imparting resistance to rice blast in PRR78, restorer line of Pusa RH-10 Basmati rice hybrid. *Plant Breed*, 132: 61-69.

Hayashi, N., Kobayashi, N., Vera Cruz, C.M., Fukuta, Y., 2009. Protocols for the sampling of diseased specimens and evaluation of blast disease in rice. *JIRCAS Working Report*, 63: 17-33.

IRRI, 2013. Standard evaluation system for rice. Phillipines.

Nguyen, T.M.N., Hoang, H.L., Nguyen B.N., Nguyen, T.N., Nguyen T.T.T, Hayashi, N., Fukuta, Y., 2020. Diversity and distribution of rice blast (*Pyricularia oryzae* Cavara) races in Vietnam. *Plant Dis*, 104: 381-387.

Srivastava, D., Shamim, M., Kumar, M., Mishra, A., Pandey, P., Kumar, D., Yadav, P., Siddiqui, M.H., Singh, K.N., 2017. Current status of conventional and molecular interventions for blast resistance in rice. *Rice Sci*, 24(6): 299-321.

Van Berloo, R., 1999. GGT: Software for the display of graphical genotypes. *J Hered*, 90(2): 328-329.

Zhang, Q., 2007. Strategies for developing Green Super Rice. *Proc Natl Acad Sci USA*, 104(42): 16402-16409.

Evaluation of the materials for introgression of multiple blast resistant genes into the 'BC15' rice variety by molecular markers

Nguyen Thi Minh Nguyet, Nguyen Ba Ngoc, Nguyen Thi Nhai,
Chu Duc Ha, Ta Hong Linh, Dao Van Khoi, Pham Xuan Hoi, Le Hung Linh

Abstract

Improvement of the blast resistance in rice varieties by marker-assisted backcrossing (MABC) approach has been regarded as one of the most effective tools. In this study, a comprehensive investigation of the genotypes and phenotypes of improved 'BC15' rice lines harboring two blast resistant genes, *Pik-h* and *Piz-5*, was carried out. Particularly, the BC₃F₃ populations exhibited high resistance to the blast isolates under greenhouse condition. The presence of *Pik-h* and *Piz-5* genes and the genetic background of these individuals were then validated and confirmed by PCR technique with a collection of specific SSR markers. As a result, three individuals, A2.1.15.3.3, A2.1.19.9.8 and A2.1.26.3.12, were obtained to expand the populations in the fields. We found that the whole three lines that shared similar agronomical traits with the original BC15 rice variety, resistance to blast disease (scored ≤ 3). Among them, the A2.1.15.3.3 line was selected to develop a promising line for further studies. Taken together, our study could provide a basic understanding of the improvement of stress tolerance in rice varieties by the MABC approach.

Keywords: Rice (*Oryza sativa*), resistance, blast disease, molecular marker, BC15

Ngày nhận bài: 22/8/2020
Ngày phản biện: 14/9/2020

Người phản biện: TS. Trần Đức Trung
Ngày duyệt đăng: 02/10/2020

KẾT QUẢ BAN ĐẦU TRONG NGHIÊN CỨU TẠO TẾ BÀO TRẦN TỪ MÔ SẸO PHÔI HÓA CỦA MỘT SỐ GIỐNG SẢN VIỆT NAM

Phạm Thị Hương¹, Đỗ Thị Như Quỳnh¹, Nguyễn Anh Vũ¹

TÓM TẮT

Nhằm mục đích xây dựng hệ thống chỉnh sửa gen không chuyển gen, sử dụng ribonucleoprotein Cas9 trên đối tượng cây sắn, chúng tôi đã nghiên cứu tạo mô sẹo phôi hóa (MSPH) và tế bào trần (TBT) từ mô sẹo phôi hóa của các giống sắn BK, KM94 và KM140. MSPH của các giống sắn BK, KM94 và KM140 đã được tạo thành công với tỉ lệ lần lượt đạt 22,6%, 21,8% và 22,4%. Nghiên cứu tỉ lệ các enzyme phân giải thành tế bào cellulase, macerozyme và pectolyase cho thấy tổ hợp enzyme 10 g/l cellulase RS Onozuka + 400 mg/l macerozyme + 100 mg/l pectolyase với thời gian ủ 18 giờ cho sản lượng TBT cao trên hai giống sắn KM94 và KM140 lần lượt đạt $1,09 \times 10^7$ và $1,06 \times 10^7$ TBT/g trọng lượng tươi của mẫu. Nghiên cứu cũng chỉ ra sản lượng TBT có sự khác biệt giữa các MSPH được cấy chuyển với tần suất khác nhau. Sản lượng và khả năng sống sót của TBT giống giống KM94 và KM140 đạt cao nhất ở thời điểm MSPH được cấy chuyển 4 tuần/lần. Khả năng tái sinh của TBT giống KM140 sau tách được đánh giá khi nuôi cấy ở các mật độ khác nhau 1×10^4 , 1×10^5 , 3×10^5 , 5×10^5 , mật độ 3×10^5 cho hiệu quả tái sinh cao nhất.

Từ khóa: Cây sắn (*Manihot esculenta* Crantz), mô sẹo phôi hóa, tế bào trần

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Sắn (*Manihot esculenta* Crantz) là cây lương thực chính của hơn 500 triệu người trên thế giới, đặc biệt là ở các nước châu Phi, nơi cây sắn được coi là giải pháp an ninh lương thực hàng đầu để chống tình trạng suy dinh dưỡng. Ở Việt Nam, cây sắn đã chuyển đổi vai trò từ cây lương thực thành cây công nghiệp, sản xuất sắn là nguồn thu nhập quan trọng của các hộ nông dân nghèo tại các huyện vùng núi

do sản dễ trồng, ít kén đất, ít vốn đầu tư, phù hợp sinh thái và điều kiện kinh tế nông hộ.

Hiện nay, các giống sắn mới tại Việt Nam được tạo ra chủ yếu thông qua lai tạo truyền thống và nhập nội từ CIAT sau đó được chọn tạo và khảo nghiệm để tuyển chọn thích hợp với từng vùng sinh thái. Một trong những định hướng nghiên cứu phát triển sắn của Việt Nam từ 2012 đến 2020 đó là kết hợp giữa phương pháp lai tạo giống truyền thống

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp