

DOI:10.22144/ctu.jvn.2020.088

## ĐÁNH GIÁ KIỂU GENE CHỊU MẶN BẰNG DẤU CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR TRÊN 40 GIỐNG/DÒNG LÚA CẢI TIẾN

Nguyễn Văn Mạnh, Huỳnh Như Điền, Văn Quốc Giang, Nguyễn Châu Thanh Tùng, Nguyễn Lộc Hiền, Lê Thị Hồng Thanh và Huỳnh Kỳ\*

Bộ môn Di truyền và Chọn giống Cây trồng, Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

\*Người chịu trách nhiệm về bài viết: Huỳnh Kỳ (email: [hky@ctu.edu.vn](mailto:hky@ctu.edu.vn))

### Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 25/03/2020

Ngày nhận bài sửa: 16/04/2020

Ngày duyệt đăng: 28/08/2020

### Title:

Evaluation for salt tolerance genotype of 40 improved rice accessions using SSR markers

### Từ khóa:

MTL, mặn, QTL, SSR

### Keywords:

MTL rice variety, QTL, salt, SSR

### ABSTRACT

The water resources for cultivating crops have been restricted in recent years due to the impacts of climate change, especially intrusion of salinity in rice cultivation areas. Rice is known to be a susceptible crop to salt, so the development of rice varieties with the salty genotype is important and urgent. Therefore, the study is to evaluate the salt tolerance gene by SSR molecular marker on 40 improved rice varieties was conducted at College of Agriculture, Can Tho University. The study was selected 12 SSR molecular markers associated with salt tolerance QTL on 12 chromosomes, comparing between saline-tolerant control genotype (Pokkali) and saline-sensitive control genotype (IR28) with 40 rice improved varieties/lines developed by Can Tho University. The results showed that there were two varieties lines (MTL 259 and MTL 308) that were classified into the same group with saline tolerance control Pokkali tolerance. Thus, these two varieties/lines may carry salt tolerance QTLs as Pokkali. This result is a base for further studies on salt tolerant rice varieties/lines.

### TÓM TẮT

Trong những năm gần đây, biến đổi khí hậu gây tác động ngày càng nghiêm trọng đến lượng nước canh tác cây trồng, đặc biệt hiện tượng xâm nhiễm mặn cho vùng canh tác cây lúa. Lúa là đối tượng cây trồng rất mẫn cảm với mặn, do đó việc nghiên cứu chọn tạo các giống lúa có mang kiểu gene chịu được mặn là cấp thiết. Vì vậy, đề tài đánh giá kiểu gene chịu mặn bằng dấu chỉ thị phân tử SSR trên 40 giống lúa cải tiến được tiến hành tại Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ. Nghiên cứu đã chọn 12 dấu phân tử SSR liên kết với Quantitative Trait Loci (QTL) mang tính trạng chịu mặn nằm trên 12 nhiễm sắc thể (NST) so sánh kiểu gen giữa giống chuẩn chống chịu mặn (Pokkali) và giống chuẩn mẫn cảm mặn (IR28) với 40 giống/dòng lúa cải tiến của Trường Đại học Cần Thơ. Kết quả cho thấy có 2 giống/dòng (MTL 259 và MTL 308) được xếp vào nhóm với giống chuẩn chống chịu mặn Pokkali. Như vậy 2 giống/dòng này có thể có mang các QTL chịu mặn nhưng giống như Pokkali. Kết quả này là cơ sở cho các nghiên cứu tiếp về các giống/dòng lúa cải tiến có khả năng chịu mặn trong tương lai.

Trích dẫn: Nguyễn Văn Mạnh, Huỳnh Như Điền, Văn Quốc Giang, Nguyễn Châu Thanh Tùng, Nguyễn Lộc Hiền, Lê Thị Hồng Thanh và Huỳnh Kỳ, 2020. Đánh giá kiểu gene chịu mặn bằng dấu chỉ thị phân tử SSR trên 40 giống/dòng lúa cải tiến. Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ. 56(4B): 102-108.

## 1 ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa (*Oryza sativa* L.) là một trong những cây lương thực quan trọng được tiêu thụ rộng rãi nhất trong số các loại cây ngũ cốc, với nhu cầu dự kiến sẽ tăng 38% trong 30 năm từ năm 1997 đến năm 2027 (Khush, 1997; Islam *et al.*, 2018). Theo ước tính của FAO (2006), cùng với việc dân số ngày càng tăng, tổng nhu cầu lương thực cũng tăng theo ước tính khoảng 1,5% hằng năm, cần tăng thêm khoảng 35% vào năm 2030 và nhu cầu lương thực cần tăng đến 70% vào năm 2050. Riêng ở Việt Nam vào năm 2007 đã tiêu thụ khoảng hơn 19.055 tấn gạo và theo tổng kết 10 năm tiêu thụ gạo ước tính khoảng 22.000 tấn (USDA, 2018). Để giải quyết vấn đề này, việc cải thiện năng suất lúa là rất quan trọng đối với an ninh lương thực, tăng trưởng kinh tế và nông nghiệp bền vững.

Tuy nhiên, trong những năm gần đây tình hình xâm nhập mặn đã làm diện tích canh tác lúa bị thu hẹp ở các khu vực ven biển do cây lúa rất nhạy cảm với mặn. Điều này ảnh hưởng lớn đến việc sản xuất lúa gạo do đó trong nhiều năm qua. Theo Tổng cục phòng chống thiên tai Việt Nam (VNDMA) thuộc Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, 10 trong số 13 tỉnh, thành phố với 74/137 huyện ở Đồng bằng sông Cửu Long bị ảnh hưởng bởi hạn hán và xâm nhập mặn (VNDMA, 2020; An Chi, 2020). Cũng theo báo cáo của VNDMA 2020, tác động của hạn hán và xâm nhập mặn đã và đang ảnh hưởng đến sản xuất nông nghiệp với ước tính thiệt hại sản xuất từ khoảng 460.000 ha, hạn chế sử dụng nước an toàn của 200.000 hộ gia đình. Đứng trước thực trạng đó, việc nghiên cứu tìm ra giống lúa có khả năng chống chịu mặn nhằm đảm bảo an toàn lương thực là vấn đề cấp thiết mà hầu hết các nhà chọn giống đã và đang rất quan tâm. Theo báo cáo của các nghiên cứu trước đây, khả năng chịu mặn là một tính năng phức tạp của cây lúa bao gồm các cơ chế sinh lý khác nhau như loại bỏ muối ở rễ, vận chuyển natri từ rễ đến chồi và một cơ chế khác để lưu trữ ion natri trong các mô và không bảo (Shannon, 1985; Yeo and Flowers, 1986).

Trong công tác chọn tạo giống, khai thác đặc điểm đa dạng di truyền là một trong những bước tiên phong (Khush, 2005). Thực sự, một chiến lược chọn

giống chỉ thành công khi có nhiều nguồn gen (Collard *et al.*, 2005; Subudhi *et al.*, 2006). Dựa trên các đặc điểm hình thái nông học của đa dạng di truyền lúa, các nhà chọn giống đã thu được thông tin ban đầu của các giống lúa trồng thông qua đột biến và lai tạo (Roy and Sharma, 2014). So với các phương pháp truyền thống như đánh giá đặc điểm sinh lý hình thái, các kỹ thuật chọn giống hiện đại đã sử dụng các dấu phân tử là công cụ hữu hiệu giúp các nhà chọn tạo đánh giá sự biến đổi gen giữa các con lai hay nguồn gen một cách hiệu quả (Hien *et al.*, 2016). Với sự tiên bộ của sinh học phân tử, ngày càng nhiều tính trạng số lượng (QTL) dựa trên thể hệ lai F8 giữa tổ hợp lai IR29 (mẫn cảm mặn)/Pokkali (chống chịu mặn) cho thấy mối liên kết tỷ lệ  $Na^+/K^+$  và khả năng chịu mặn của giai đoạn cây con (Gregorio, 1997). Cho đến nay, gần 70 QTL đã được đặc trưng cho khả năng chịu mặn, nhưng chỉ có Saltol được nghiên cứu rộng rãi (Ren *et al.*, 2005). Theo Lin *et al.* (2004), Simple Sequence Repeats (SSR) là marker phân tử liên kết chặt với QTL saltol, do đó việc ứng dụng dấu phân tử SSRs cho chọn giống lúa chịu mặn, giúp cho công tác chọn giống hiệu quả hơn.

Xuất phát từ nhu cầu thực tiễn các nhà khoa học đã áp dụng phương pháp chọn giống hiện đại để cải tiến nhiều giống lúa có tính chống chịu mặn là nhờ dấu chỉ thị phân tử (marker) liên kết với tính trạng mục tiêu (marker assisted selection - MAS) đây là một phương pháp cho kết quả chọn lọc giống nhanh và chính xác. Dựa trên kết quả nghiên cứu của Lin *et al.* (2004), đề tài đánh giá kiểu gene chịu mặn bằng dấu chỉ thị phân tử SSR liên kết với các QTL chịu mặn trên 40 giống lúa cải tiến được thực hiện nhằm tìm ra một số giống mang kiểu gene chịu mặn tối ưu nhất để làm nền tảng tiếp theo trong chọn giống chịu mặn có triển vọng.

## 2 VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1 Vật liệu nghiên cứu

Nguồn gốc của 40 giống lúa cải tiến MTL được chọn tạo tại Viện nghiên cứu và Phát triển Đồng bằng sông Cửu Long (MDI) và hiện đang tồn trữ tại ngân hàng giống Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ.

**Bảng 1: Danh sách các giống lúa được nghiên cứu**

STT	Tên giống	Gia phả (nguồn gốc)	Cây mẹ	Cây cha
1	Pokkali	Lúa chịu mặn của Bangladesh		
2	IR 28	Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế (IRRI)		
3	MTL 30	IR9129-192-2-3-5		
4	MTL 91	L79	BKN75091	Nếp Thái Lan
5	MTL 142	L192-1-2-12-3	IR26	CNA4130
6	MTL 180	L204-5-5-9-2-1	MTL119	MTL112
7	MTL 250	IR68077-69-2-2-2-2		
8	MTL 259	L205-2-17-2-3-3-3-1	MTL119	IR54742-19-2-3-2
9	MTL 277	Khao Hom Klong Luang		
10	MTL 292	L205-5-2-3-1-2-1	MTL119	IR54742-19-2-3-2
11	MTL 308	L205-5-5-4-1-1-2	MTL119	IR54742-19-2-3-2
12	MTL 309	L219-3-4-5-4-2-2	MTL119	VTX
13	MTL 314	IR64683-87-2-2-3-3		
14	MTL 316	L246-6-5-2-2-3	MTL119	IIR62112
15	MTL 324	L261-2-4-3	MTL142	IR64
16	MTL 336	L220-2-1-2-1-3-3-3-1	IR54743-11-43-12-3-2-	KhaodawkMali
17	MTL 422	L318-1-2-2-3-1-1	MTL156	Khaohom
18	MTL 429	L263-2-6-5-1-1	LTCN	MTL142
19	MTL 442	L293-1-13-1-1-1-1	P6	Jasmin85
20	MTL 448	L318-1-24-6-2-1-1-1	MTL156	Khaohom
21	MTL 451	L318-1-24-4-4-2-2-1	MTL156	Khaohom
22	MTL 454	L318-1-24-4-4-2-1-1	MTL156	Khaohom
23	MTL 595	L349-4-5-1-1-1-1	MTL241	IR50404/MTL142
24	MTL 604	L318-8-2-1-5-1	MTL156	Khaohom
25	MTL 666	L448-1-1-1-2-2-1-2	Nếp Dừa	Nếp Bè
26	MTL 667	L448-1-1-1-7-1-3-1	Nếp Dừa	Nếp Bè
27	MTL 672	L448-1-1-2-5-1-1-1	Nếp Dừa	Nếp Bè
28	MTL 676	L449-2-2-6-2-3-1-3	Nếp Thái	Nếp Bè
29	MTL 678	L448-1-2-2-3-1-3	Nếp Dừa	Nếp Bè
30	MTL 679	L450-1-5-2-2-2-2-2	LV3	Nếp Thái
31	MTL 688	L318-1-24-3-5-1-2-1-3-1	MTL156	Khaohom
32	MTL 691	L318-1-2-4-4-2-1-2-2-1	MTL156	Khaohom
33	MTL 702	L351-4-14-1-1-1-1-1-2-1	L295-2-6-1-2	MTL241
34	MTL 703	L349-5-6-1-1-1-1-1-1-1	MTL241	IR50404/MTL142
35	MTL 707	IR78555-68-3-3-3		
36	MTL 734	L485-3-10-4-2-2-2-3-1-2	MTL352	MTL325
37	MTL 743	L474-6-3-5-2-1-2	OM1490	Nếp Thái Lan
38	MTL 769	T3-1-3-3-4-1-7-3-1	Jasmin85	MTL98
39	MTL 774	L455-1-9-2-2-3-2-2-1-4-11	Amaroo	ST3
40	MTL 867	L454-1-9-4-2-3-9-2-4-1	Amaroo	ST3
41	MTL 868	L455-1-9-1-4-3-11-2-4-7-2	Amaroo	VD20
42	MTL 891	L349-2-6-8-1-1-1-1-1-2	MTL241	IR50404/MTL142

**2.2 Phương pháp nghiên cứu**

**2.2.1 Đánh giá kiểu gen chịu mặn của các giống lúa**

Phân tích kiểu gen chịu mặn: DNA của 40 giống lúa được ly trích theo phương pháp CTAB (Doyle and Doyle, 1987). Dung dịch ly trích DNA được sử dụng là CTAB 2X (2% CTAB, 100 mM Tris pH 8.0, 20 mM EDTA pH 8.0, 1.4 M NaCl). Ngoài ra còn

có các chất hỗ trợ cho việc ly trích DNA thêm hiệu quả là β-mercaptoethanol, chloroform: isoamyl alcohol (24:1), RNase, isopropanol, cồn ethanol (70%). Sau khi trích xong DNA được hòa tan trong 50 μl TE (pH 8.0) và trữ ở nhiệt độ -20°C.

Kiểu gen chịu mặn được đánh giá dựa vào sự liên kết của 12 cặp mồi SSR liên kết với 12 NST theo Lin *et al.* (2007) bằng kỹ thuật PCR. Phản ứng PCR

được thực hiện ở 15 µL hỗn hợp PCR, sử dụng dung dịch 2xPCR (e-Taq NEXpro, Hàn Quốc) gồm các thành phần 10X e-Taq Buffer, 10 mM dNTP, e-Taq DNA Polymerase, thêm vào nước tinh sạch, môi, và DNA. Tất cả được trộn đều trước khi cho vào máy PCR GeneAmp PCR System 2700. Phản ứng PCR được thực hiện trong 35 chu kỳ gia nhiệt, bao gồm: 5 phút ở 95°C, 30 giây ở 95°C, 30 giây ở 58-70°C (tùy vào nhiệt độ của từng môi), 30 giây ở 72°C, kéo

dài chuỗi trong 5 phút ở 72°C và sản phẩm được trữ ở 10°C trong 20 phút và thứ tự của 12 cặp môi với 12 NST được liệt kê trong Bảng 2. Sau khi điện di gel được nhuộm với ethidium bromide (10 mg/mL). Kết quả PCR được ghi nhận dựa vào phổ điện di cho kích thước band trùng khớp với giống đối chứng dương (giống chống chịu), hay giống đối chứng âm (giống mẫn cảm).

**Bảng 2: Danh sách 12 cặp môi SSR liên kết với các QTL chống chịu mặn nằm trên 12 NST (Lin et al., 2007)**

Môi	Môi xuôi	Môi ngược	NST	T <sub>m</sub>	Band (bp)
RM3810	ACGAAGGAACTACCCGTGTG	CGCACATGTTACTCTAGCGG	1	60	105
RM211	CCGATCTCATCAACCAACTG	CTTCACGAGGATCTCAAAGG	2	58	161/145
RM6329	CCCTGGATGAAAAGCACAAG	GAAGTTGTAGATGCCCCATC	3	59	156/120
RM127	GTGGATAGCTGCGTCGCGTGC	AGGCCAGGGTGTGGCATGCTG	4	69	223
RM17749	ACGCACATCACAACCTCACTGC	TCTCTTGCCACACACCTTACATCC	5	65	171
RM253	TCCTTCAAGAGTGCAAAACC	GCATTGTCATGTGCGAAGCC	6	58	141
RM214	CTGATGATAGAAACCTCTTCTC	AAGAACAGCTGACTTCACAA	7	58	112
RM6369	CAAGCTAGGGCTGCATAAGC	GCTTCACCTACCTACCTCACC	8	63	118
RM24330	AATCCGCGGGAGCAATCAACC	CGATGACCAATGACGAGGTGAGG	9	65	86/75
RM 474	AAGATGTACGGGTGGCATTG	TATGAGCTGGTGTGAGCAATGG	10	59	0/240,280
RM 286	GGCTTCATCTTTGGCGAC	CCGGATTACAGAGATAAACTC	11	58	110/97
RM28102	CACTAATTCTTCGGCTCCACTTT AGG	GTGGAAGCTCCGAGAAAGTGC	12	64	168

2.2.2 Phương pháp phân tích số liệu

Kích thước các band DNA đánh giá kiểu gen được tính toán bằng phần mềm GelAnalyzer (Istvan, 2010). Sử dụng phương pháp UPGMA thông qua phần mềm NTSYS pc 2.1 để tạo nên biểu đồ thể hiện mối liên hệ di truyền.

2.3 Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 8 đến tháng 12 năm 2019 tại phòng thí nghiệm Di truyền và Chọn giống cây trồng, Khoa Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ.

3 KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1 Kết quả đánh giá kiểu gen

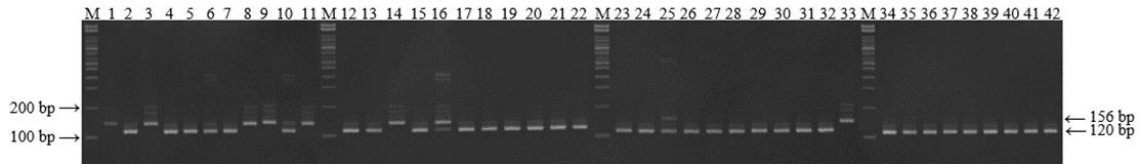
Kết quả nghiên cứu trước đây của Leon et al. (2017), đã nhận định cặp môi RM211 liên kết với ba QTL qDWT2.3, qSIS2.3 và qSHL2.3 và các alen ở vùng gene này của giống lúa Pokkali có tác dụng tích cực trong khả năng chịu mặn. Phổ điện di sản phẩm PCR được khuếch đại bởi cặp môi RM211 liên kết trên nhiễm sắc thể số 2 có được 28 giống mang kiểu gene giống với Pokkali có kích thước khoảng 161 bp, còn lại 12 giống mang kiểu gene giống với IR28 ở vị trí 145 bp (Hình 1).



**Hình 1: Phổ điện di với môi RM211 nhận diện kiểu gen kháng mặn trên nhiễm sắc thể số 2 của 40 giống lúa cải tiến trên gel acrylamide 8%**

Tương tự ở nhiễm sắc thể số 3 tương ứng với môi RM6329 giống Pokkali cho kiểu hình đồng hợp tử trội có kích thước khoảng 156 bp, còn giống IR28 cho kiểu hình đồng hợp tử lặn có kích thước khoảng 120 bp. Như vậy có được 6 giống cho band giống với giống Pokkali, có 32 giống có band giống với giống IR28 và có được 2 giống số 16 và giống số 25

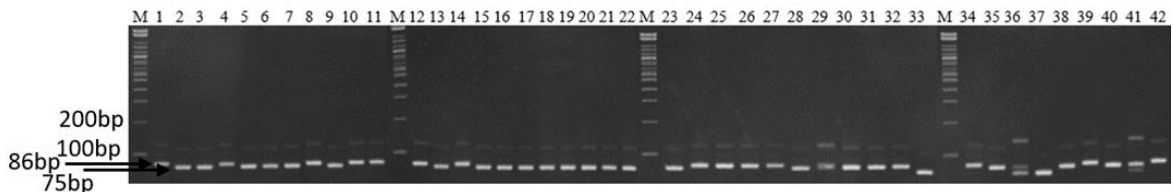
có kiểu hình dị hợp tử. Theo kết quả nghiên cứu trước đây, cặp môi RM6329 liên kết với QTL qCHL3 thể hiện khả năng quang hợp của lá khi gặp điều kiện mặn (Thomson et al., 2010). Như vậy, kết quả trên cho thấy rằng những giống có kích thước 156 bp thì có khả năng quang hợp tốt hơn các giống còn lại trong điều kiện mặn (Hình 2).



**Hình 2: Phổ điện di với môi RM6329 nhận diện kiểu gen kháng mặn trên nhiễm sắc thể số 3 của 40 giống lúa cải tiến trên gel acrylamide 8%**

Theo Thomson et al. (2010), cặp môi RM24330 nằm trên nhiễm sắc thể số 9 và liên kết trên hai QTL rất quan trọng trong cho việc hình thành tính kháng mặn là qSNK9 và qRNK9. Đây là hai QTL thể hiện sự hấp thụ cũng như tích lũy K<sup>+</sup> cao và tỷ lệ K<sup>+</sup>/Na<sup>+</sup> cao trên giống lúa Pokkali. Hình 3 cho thấy có sự khác biệt giữa giống đối chứng chịu mặn (Pokkali) và giống đối chứng nhiễm mặn (IR28). Với giống Pokkali cho khuếch đại band hình có kích thước 86 bp còn IR28 cho band hình có kích thước 75 bp. Như vậy trên tổng số 40 giống thì có được 21 giống [4 (MTL91), 8 (MTL 259), 10 (MTL292), 11

(MTL308), 12 (MTL309), 14 (MTL316), 24 (MTL604), 25 (MTL666), 26 (MTL667), 27 (MTL672), 29 (MTL678), 30 (MTL679), 31 (MTL688), 32 (MTL691), 34 (MTL703), 35 (MTL707), 38 (MTL769), 39 (MTL774), 40 (MTL867), 41 (MTL868) và 42 (MTL891)] cho band hình đồng nhất với giống Pokkali, điều này chứng tỏ có thể 21 giống trên có kiểu hình tương tự như Pokkali có tỷ lệ K<sup>+</sup>/Na<sup>+</sup> cao. Còn lại 20 giống có kiểu band tương tự với IR28 thì có tỷ lệ K<sup>+</sup>/Na<sup>+</sup> thấp. Và có một giống số 36 (MTL734) mang kiểu gene dị hợp tử.



**Hình 3: Phổ điện di với môi RM24330 nhận diện kiểu gen kháng mặn trên nhiễm sắc thể số 9 của 40 giống lúa cải tiến trên gel acrylamide 8%**

Trên nhiễm sắc thể số 10 ứng với cặp môi RM474 khuếch đại được 2 locus trên giống đối chứng IR28 ở vị trí 240 bp và 280 bp nhưng không có locus nào được khuếch đại đối với giống Pokkali, cho thấy giữa giống chống chịu và giống mặn cảm

có sự khác biệt nhau về vùng gen trên nhiễm sắc thể số 10 dẫn đến sự khác biệt nhau về khả năng chịu mặn của các giống. Phổ điện di RM474 (Hình 4) có được 11 giống không được khuếch đại locus nào tương tự với như Pokkali và 29 giống còn lại điều được khuếch đại 2 locus tương ứng với giống IR28.

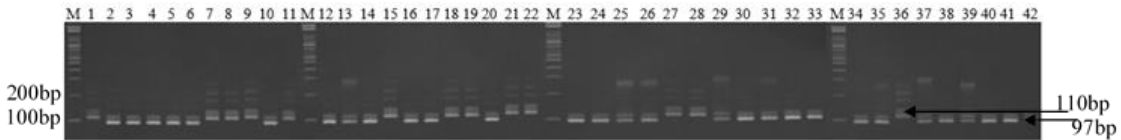


**Hình 4: Phổ điện di với môi RM474 nhận diện kiểu gen kháng mặn trên nhiễm sắc thể số 10 của 40 giống lúa cải tiến trên gel acrylamide 8%**

Cặp môi RM286 nằm trên nhiễm sắc thể 11 liên kết với QTL *qSNK11* thể hiện khả năng đào thải Na<sup>+</sup> trong chồi. Việc đào thải tốt sẽ làm giảm được nồng độ Na<sup>+</sup> trong chồi, giúp cây có khả năng chịu mặn tốt hơn (Wang et al., 2012). Dựa vào kết quả phổ điện di RM286, kích thước band của hai giống đối chứng IR28 và Pokkali lần lượt ở vị trí 97 bp và 110 bp (Hình 5). Điều đó cho thấy khả năng đào thải nồng độ Na<sup>+</sup> của Pokkali tốt hơn so với IR28. Như

vậy theo kết quả Hình 5, có 12 giống mang kiểu gene tương đồng với giống Pokkali là giống số 7 (MTL250), 8 (MTL259), 9 (MTL277), 15 (MTL324), 18 (MTL429), 19 (MTL442), 21 (MTL451), 22 (MTL454), 27 (MTL672), 28 (MTL676), 36 (MTL734) tất cả các giống này có thể mang kiểu gen có khả năng đào thải Na<sup>+</sup> tốt giúp cây vượt qua điều kiện mặn.

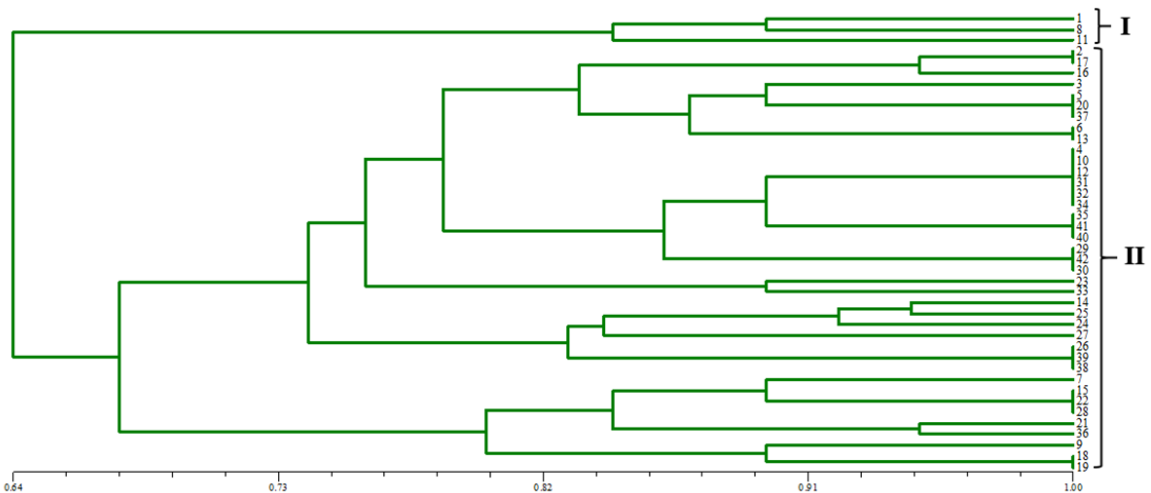




**Hình 5: Phổ điện di với môi RM286 nhận diện kiểu gen kháng mặn trên nhiễm sắc thể số 11 của 40 giống lúa cải tiến trên gel acrylamide 8%**

Qua kết quả phân tích sử dụng phương pháp UPGMA thông qua phần mềm NTSYS pc 2.1 để tạo nên biểu đồ phân nhóm của 40 giống lúa cải tiến và 2 giống đối chứng mặn bằng 12 SSR liên kết với QTL chịu mặn ở trên 12 NST (Hình 6), các giống lúa có thể được chia thành 2 nhóm chính. Nhóm I gồm có giống số 8 (MTL259) và giống số 11

(MTL308) có khoảng cách di truyền nằm trong khoảng 0.84 - 0.9. Do nằm cùng nhóm với giống đối chứng Pokkali nên 2 giống MTL259, MTL308 là giống có khả năng kháng mặn giống như giống đối chứng Pokkali. Nhóm II là những giống còn lại nằm cùng nhóm với giống IR28 các giống 0.67 – 1.00, như vậy các giống trong nhóm này có thể có kiểu gen gần với giống mẫu cảm mặn IR28.



**Hình 6: Sơ đồ di truyền nhánh dựa trên dấu phân tử SSR của 40 giống lúa cải tiến phân tích hệ số tương đồng Nei-Li bằng phương pháp UPGMA**

## 4 KẾT QUẢ VÀ ĐỀ XUẤT

### 4.1 Kết quả

Kết quả đánh giá kiểu gene của 40 giống lúa cải tiến bằng 12 cặp môi SSR liên kết với QTL chịu mặn nằm rải rác trên 12 NST, bước đầu đã chọn lọc được 2 giống MTL259 và MTL308 mang kiểu gene tương đồng nhất với giống đối chứng Pokkali. Với 12 cặp môi được sử dụng thì có được 6 cặp môi (RM211, RM286, RM474, RM6329, RM6369, RM24330) có thể dùng để đánh giá kiểu gene kháng mặn.

### 4.2 Đề xuất

Cần phải thanh lọc mặn trong môi trường dinh dưỡng đối với các giống để xác định được khả năng chịu mặn của các giống. Phân tích thêm nhiều dấu phân tử SSR hơn nữa để có thể đánh giá được khả

năng chống chịu mặn của các giống lúa ở nhiều QTL khác.

## LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu được tài trợ bởi dự án Nâng cấp Trường Đại học Cần Thơ VN14-P6 bằng vốn vay ODA từ Chính phủ Nhật Bản.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

- An Chi, 2020. Xâm nhập mặn ngày càng nghiêm trọng tại Đồng bằng sông Cửu Long. Báo kiểm toán nhà nước. Địa chỉ: <http://baokiemtoannhanuoc.vn/kinh-te---xa-hoi/chi-tiet-bai-viet-cua-143243>.
- Collard, B., Jahufer, M., Brouwer, J., and Pang, E., 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142(1-2): 169-196.

- Leon, T. B. D., Linscombe, S., and Shubudhi, P.K., 2017. Identification and validation of QTLs for seedling salinity tolerance in introgression lines of a salt tolerant rice landrace 'Pokkali'. *PLoS one* 12(4): e0175361-e0175361.
- Doyle, J.J., and Doyle, J.L., 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12(1): 13-15.
- Gregorio, G.B., Senadhira, D., and Mendoza, R.D., 1997. Screening rice for salinity tolerance, vol 22, IRRI discussion paper series. International Rice Research Institute.
- Islam, F., Wang, J., Farooq, M.A., *et al.* 2018. ZhouPotential impact of the herbicide 2,4-dichlorophenoxyacetic acid on human and ecosystems. *Environment International*, 111, pp. 332-351.
- Khush, G.S., 1997. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. *Plant Molecular Biology*, 35(1-2), 25-34.
- Khush, G. S., 2005. What it will take to feed 5.0 billion rice consumers in 2030. *Plant Molecular Biology*, 59(1): 1-6.
- Lin, H. X., Zhu, M. Z., Yano, M., *et al.*, 2004. QTLs for Na<sup>+</sup> and K<sup>+</sup> uptake of the shoots and roots controlling rice salt tolerance. *Theoretical and Applied Genetics*, 108(2): 253-260.
- Lin, Y.C., Lee, Y.H.W., and Lin, J.J., 2007. Genetic analysis reveals essential and non-essential amino acids within the telomeric DNA-binding interface of Cdc13p. *The Biochemical Journal* 403: 289-295.
- Ren, G.Y., Chu, Z.Y., and Zhou, Y.Q., 2005. Recent progresses in studies of regional temperature changes in China. *Climatic and Environmental Research*, 10(4): 701-716
- Roy, S.C. and Sharma, B.D., 2014. Assessment of genetic diversity in rice [*Oryza sativa* L.] germplasm based on agro-morphology traits and zinc-iron content for crop improvement. *Physiology and Molecular Biology of Plants* 20(2): 209-224.
- Shannon, L. V., 1985. The Benguela ecosystem. I: Evolution of the Benguela physical features and processes. *Oceanography and Marine Biology*, 23: 105-182.
- Subudhi, P.K, Sasaki, T., and Khush, G.S., 2006. Rice. In: Kole C, editor. *Genome mapping and molecular breeding in plants*. Berlin: Springer Verlag. pp. 1-78.
- FAO, 2006. The state of food and agriculture. FAO Agriculture Series No. 37.
- Thomson, M.J., Ocampo, M., Egdane, J., *et al.*, 2010. Characterizing the Saltol quantitative trait locus for salinity tolerance in rice. *Rice* 3(2), 148 - 160. (Trích dẫn dòng 141)
- Bộ nông nghiệp mỹ USDA, 2018. Dự báo toàn cảnh thị trường lúa gạo thế giới năm 2018/2019. <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/grain.pdf>.
- Wang, Z., Chen, Z., Cheng, J., *et al.* 2012. QTL analysis of Na<sup>+</sup> and K<sup>+</sup> concentrations in roots and shoots under different levels of NaCl stress in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS one* 7(12): e51202.
- Yeo, A. R., and Flowers, T. J., 1986. Salinity resistance in rice (*Oryza sativa* L.) and a pyramiding approach to breeding varieties for saline soils. *Functional Plant Biology*, 13(1): 161-173.