

ĐÁNH GIÁ CÁC THAM SỐ DI TRUYỀN CHO NĂNG SUẤT VÀ CÁC TÍNH TRẠNG LIÊN QUAN CỦA BỘ MẪU GIỐNG LÚA NHẬP NỘI TỪ IRRI TẠI ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

Tạ Hồng Linh¹, Trần Đức Trung^{1*}, Ngô Đức Thế², Nguyễn Thúy Kiều Tiên³, Bùi Quang Đăng¹

¹*Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam, ²Trung tâm Tài nguyên Thực vật,*

³*Viện Lúa đồng bằng sông Cửu Long*

TÓM TẮT

Các đặc tính nông sinh học và chỉ tiêu năng suất của 252 mẫu giống lúa nhập nội từ Viện Nghiên cứu lúa quốc tế (IRRI) đã được khảo sát tại đồng bằng sông Cửu Long. Số liệu về đặc điểm hình thái của 8 tính trạng định lượng và 4 tính trạng định tính đã được sử dụng để xác định ma trận tương quan Pearson, phân tích thành phần chính và phân tích phân nhóm để xác định sự đa dạng và mức độ liên hệ giữa các đặc điểm nông sinh học được đánh giá. Năng suất và hầu hết các tính trạng cơ bản có hệ số biến động kiểu gen và kiểu hình cao hơn so với các tính trạng liên quan đến sinh trưởng. Hệ số hiệu quả chọn lọc dao động từ 5,57% đối với chiều dài bông cho đến 100% cho các tính trạng định tính. Các tính trạng định tính và thời gian sinh trưởng (1,00), chiều cao cây, năng suất tính toán (0,76) và tỷ lệ hạt chắc (0,73) là những tính trạng có hệ số di truyền cao. Phân tích thành phần chính cho thấy mật độ hạt và năng suất tính toán là những tính trạng quyết định đến khả năng phân biệt các mẫu giống lúa. Kết quả này góp phần cung cấp cơ sở dữ liệu di truyền cho công tác khai thác nguồn vật liệu phục vụ chọn tạo giống lúa theo các mục tiêu khác nhau.

Từ khóa: *Nông học; lúa; IRRI; tham số di truyền cho năng suất; GCV; PCV; phân tích thành phần chính PCA.*

Ngày nhận bài: 27/11/2019; Ngày hoàn thiện: 13/01/2020; Ngày đăng: 16/01/2020

GENETIC VARIABILITY, HERITABILITY AND GENETIC ADVANCE FOR YIELD AND RELATING TRAITS IN RICE (*ORYZA SATIVA* L.) GENOTYPES INTRODUCED FROM IRRI IN MEKONG DELTA

Ta Hong Linh¹, Tran Duc Trung^{1*}, Ngo Duc The², Nguyen Thuy Kieu Tien³, Bui Quang Dang¹

¹*Vietnam Academy of Agricultural Sciences, ²Plant Resource Center*

³*Cuu Long Rice Research Institute*

ABSTRACT

Two-hundred and fifty-two inbred rice genotypes introduced from IRRI were evaluated under standard field-evaluation condition in Mekong Delta. These genotypes were assessed for 08 quantitative traits and 04 qualitative traits concerning yield and other relating characteristics. The morphological data were subjected to Pearson correlation matrix, Principal Component Analysis and cluster analysis to determine the level of diversity and degree of association existing between evaluated traits. Yield and most relating traits exhibited higher GCV and PCV compared to growth parameters. Genetic advance as percent of mean ranged from 5.57% for spike length to over 100% for qualitative traits. High heritability estimation were recorded for maturity and qualitative traits (1.00) following by plant height, estimated yield (0.76) and grain filling rate (0.73). The PCA results suggests that grain density and estimated grain yield were the principal discriminatory traits for evaluated IRRI rice genotypes, which indicated that selection in favour of these traits might be effective in this population and environment.

Keywords: *Agronomy; rice; IRRI; genetic parameters for yield; GCV; PCV; principal component analysis PCA.*

Received: 27/11/2019; Revised: 13/01/2020; Published: 16/01/2020

* Corresponding author. Email: ductrung83@gmail.com

1. Giới thiệu

Xây dựng và mở rộng ngân hàng mẫu giống lúa (*Oryza sativa* L.) có vai trò quan trọng đối với công tác gìn giữ, chọn tạo và phát triển các giống mới [1]. Trong đó, khảo sát và thiết lập cơ sở dữ liệu nguồn gen lúa được xác định là công việc thường xuyên nhằm tìm được các mẫu giống lúa có kiểu gen và tính trạng hữu ích, qua đó khai thác sự đa dạng di truyền và xác định những dòng triển vọng cho các chương trình chọn tạo giống lúa mới [2].

Để đạt được kết quả như mong muốn trong nghiên cứu chọn tạo giống lúa thuần, việc định hướng và lựa chọn bộ mẫu giống vật liệu khởi đầu (các biến dị trên cơ sở nguồn gen tự nhiên và/hoặc từ các hình thức nhân tạo như lai tạo, tạo đột biến...) có vai trò quyết định [3]. Trong đó, đánh giá chi tiết tiềm năng di truyền của vật liệu khởi đầu ở mức độ phân tử và biểu hiện kiểu hình được xem là khâu quan trọng, giúp các nhà chọn giống có cái nhìn tổng quát về nguồn vật liệu sẵn có, đối chiếu với các mục tiêu chọn tạo giống và qua đó xây dựng được chiến lược chọn giống phù hợp [4]. Nhờ sự phát triển của khoa học kỹ thuật hiện nay, chỉ thị phân tử và các công cụ genomics dần được ứng dụng rộng rãi như là công cụ thường quy trong đánh giá vật liệu trong chọn tạo giống. Tuy nhiên, đánh giá biểu hiện kiểu hình của cây lúa trong các điều kiện môi trường đặc biệt (sâu bệnh hại và điều kiện bất thuận) và vùng sinh thái cụ thể được xem là thước đo thực tế và đáng tin cậy trong việc đánh giá tiềm năng di truyền cây lúa.

Trong nghiên cứu này, các mẫu giống lúa của tập đoàn nhập nội từ Viện Nghiên cứu lúa quốc tế (IRRI) đã được khảo sát về đặc tính nông sinh học và các chỉ tiêu năng suất trong điều kiện canh tác tại đồng bằng sông Cửu Long. Qua đó, các dòng triển vọng sẽ được lựa chọn làm nguồn vật liệu khởi đầu phục vụ cho công tác chọn tạo giống lúa mới đáp ứng nhu cầu thực tế sản xuất của vùng trong thời gian tới.

2. Phương pháp nghiên cứu

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Tập đoàn nghiên cứu gồm 252 mẫu giống lúa được nhập nội từ IRRI. Đây là các mẫu giống

lúa được lựa chọn sơ bộ theo mục tiêu chống chịu sâu bệnh (đạo ôn, bạc lá, rầy nâu) và điều kiện bất thuận (ngập, hạn, mặn) từ các chương trình chọn giống lúa của IRRI trong giai đoạn 2014-2017 và chương trình hợp tác trao đổi vật liệu ký kết năm 2016 giữa Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam và IRRI. Các giống đối chứng được sử dụng là IR64 và OM6976.

2.2. Địa điểm và phương pháp nghiên cứu

Bộ mẫu giống lúa IRRI được đánh giá tại Viện lúa đồng bằng sông Cửu Long (Cần Thơ) trong vụ đông xuân 2017. Thí nghiệm được bố trí theo phương pháp tuần tự thẳng hàng, trong ô cơ sở diện tích 10 m²/mẫu giống (2m x 5m) trong điều kiện canh tác áp dụng chung cho thí nghiệm khảo nghiệm cơ bản theo Quy chuẩn QCVN 01-55:2011/BNNPTNT.

Tám tính trạng định lượng và 04 tính trạng định tính liên quan đến đặc điểm nông sinh học và năng suất được đánh giá theo tiêu chuẩn đánh giá nguồn gen lúa của IRRI [4]. Ký hiệu và đơn vị của các tính trạng định lượng bao gồm: thời gian sinh trưởng (TGST, ngày), chiều cao cây (CC, cm), chiều dài bông (DB, cm), số bông/khóm (SLB, bông), số hạt/bông (SLH, hạt), tỷ lệ hạt chắc (TLC, %), khối lượng 1000 hạt (KL1000, gram), năng suất tính toán (NSTT, tạ/ha). Ký hiệu và mã hóa điểm cho các tính trạng định tính bao gồm: dạng cây (DC, điểm 1 - lá dựng đứng; điểm 3 - lá dựng xiên hoặc cong nhẹ; điểm 5 - lá chạm đất hoặc rất gần mặt đất); mức chấp nhận kiểu hình (CNKH, điểm 1 - rất tốt; điểm 3 - tốt; điểm 5 - khá; điểm 7 - kém; điểm 9 - không thể chấp nhận); sức sinh trưởng (SST, điểm 1 - cực khỏe; điểm 3 - khỏe; điểm 5 - bình thường; điểm 7 - yếu; điểm 9 - rất yếu); và mật độ hạt (MĐH, điểm 1 - mật độ cao; điểm 3 - mật độ trung bình; điểm 5 - mật độ thấp). Các phép đo, đánh giá được thực hiện trên 03 cây lựa chọn ngẫu nhiên cho mỗi mẫu giống lúa.

2.3. Phương pháp xử lý số liệu

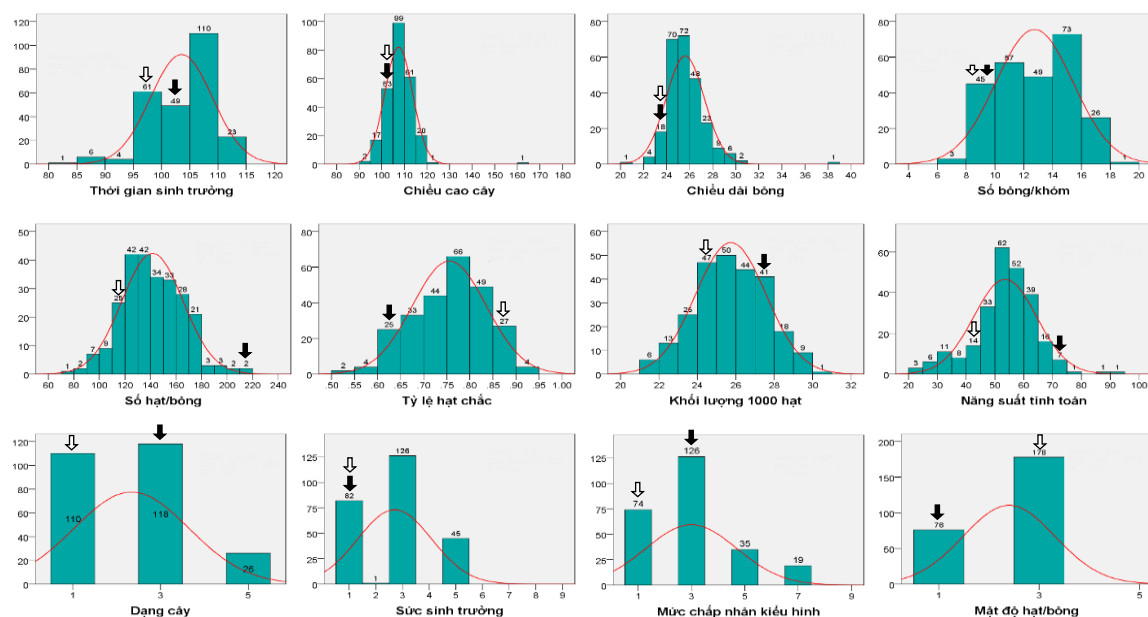
Giá trị các kiểu hình được lấy trung bình từ 3 lần đánh giá. Số liệu các tính trạng được tổng hợp và hiệu chỉnh trên phần mềm Microsoft

Excel. Các thống kê mô tả, phân tích phương sai ANOVA và tương quan giữa các tính trạng định tính - định lượng, phân tích thành phần chính PCA được xử lý bằng phần mềm SPSS v.23. Phân nhóm di truyền bằng hệ số Euclidean được thực hiện bằng phần mềm NTSYSpc 2.1. Cây phân nhóm di truyền được hiệu chỉnh bằng công cụ iTOL v4 [5]. Các tham số di truyền bao gồm phương sai kiểu gen (σ^2g), phương sai kiểu hình (σ^2p), hệ số

biến động kiểu gen (GCV - genotypic coefficient of variation), hệ số biến động kiểu hình (PCV - phenotypic coefficient of variation), hệ số di truyền rộng (h^2b), hiệu quả chọn lọc (GA - genetic advance) sử dụng hằng số vi sai chọn lọc $K = 2,06$, hiệu quả chọn lọc so với giá trị trung bình (GAM - Genetic advance as percent of mean) được tính toán theo Dutta và cộng sự [3].

Bảng 1. Thống kê kết quả đánh giá các đặc tính nông sinh học của bộ mẫu giống lúa IRRI

TT	Tính trạng	Đơn vị	Mean	SD	Giá trị nhỏ nhất	Mẫu giống có giá trị nhỏ nhất	Giá trị lớn nhất	Mẫu giống có giá trị lớn nhất	CV%
Tính trạng định lượng									
1	TGST	ngày	103,54	5,49	83	IR14L235	112	IR14D117	5,31
2	CC	cm	107,48	6,18	93	IR14D181	163	IR15T1420	5,75
3	DB	cm	25,61	1,67	20,23	IR15L1384	38,07	IR15T1401	6,52
4	SLB	bông	12,74	2,68	6,80	IR14L238	18,04	IR14D137	21,05
5	SLH	hạt	141,59	23,92	76,15	IR15T1026	218,96	IR15L1419	1,69
6	TLC	%	75,50	7,90	53,80	IR15T1387; IR_100679- SBN_18-3-3	92,60	IR15L1656	10,46
7	KL1000	gram	25,74	1,83	21,52	IR15L1514	30,34	IR14D176	7,11
8	NSTT	tạ/ha	53,54	10,88	21,20	IR14D153	93,73	IR9283I-22-BAY _3-1-1-3-AJY_1	20,32
Tính trạng định tính									
1	DC	điểm	2,34	1,31	1		5		55,90
2	CNKH	điểm	2,99	1,71	1		7		57,19
3	SST	điểm	2,70	1,49	1		5		55,07
4	MĐH	điểm	2,40	0,92	1		3		38,25



Hình 1. Biểu đồ phân bố các đặc tính nông sinh học và năng suất của bộ mẫu giống lúa IRRI thử nghiệm tại Cần Thơ. Mũi tên trắng (IR64) và mũi tên đen (OM6976) chỉ giá trị của hai giống lúa đối chứng

3. Kết quả và bàn luận

3.1. Đánh giá một số đặc tính nông sinh học và các yếu tố cấu thành năng suất của bộ mẫu giống lúa IRRI

Đánh giá các đặc tính nông sinh học là một bước quan trọng trong chọn tạo giống cây trồng, cho phép các nhà chọn giống xác định các tham số di truyền quan trọng nhằm lựa chọn các dòng bố mẹ phù hợp cho chương trình chọn giống [4]. Số liệu thống kê và phân bố kết quả đánh giá các tính trạng định tính và định lượng được trình bày ở Bảng 1 và Hình 1.

3.2. Đánh giá tương quan giữa các tính trạng

Đối với các tính trạng định lượng của 252 mẫu giống lúa IRRI, phân tích tương quan Pearson xác định bốn cặp tính trạng tương quan thuận ở mức thấp ($r < 0,3$) có ý nghĩa thống kê (chiều cao cây và năng suất tính toán, chiều dài bông và khối lượng 1000 hạt, số bông/khóm và tỷ lệ hạt chắc, số bông/khóm và năng suất tính toán), sáu cặp tính trạng tương quan nghịch ở mức thấp ($r < -0,3$) (thời gian sinh trưởng và chiều dài bông, chiều cao cây và số bông/khóm, chiều dài bông và tỷ lệ hạt chắc, số bông/khóm và năng suất tính toán, số hạt/bông và khối lượng 1000 hạt, tỷ lệ hạt chắc và khối lượng 1000 hạt) và một cặp tính trạng tương quan nghịch ở mức cao ($r > -0,5$) (thời gian sinh trưởng và tỷ lệ hạt chắc) có ý nghĩa thống kê (Bảng 2).

Đối với các tính trạng định tính, kiểm định Chi-square cho thấy có sự tương quan giữa dạng cây và sức sinh trưởng của bộ mẫu giống lúa IRRI thử nghiệm tại Cần Thơ ($p < 0,01$), theo đó lần lượt 53,2% và 64,2% các mẫu giống có dạng cây diềm 1 và 3 có sức sinh trưởng đạt mức tương đương là diềm 1 và diềm 3. Ngoài ra, dạng cây cũng tương quan với khả năng chấp nhận kiểu hình ($p < 0,01$) khi có 88,5% số mẫu giống có dạng cây đạt diềm 1 có khả năng chấp nhận kiểu hình mức 3. Tương tự, sức sinh trưởng tương quan với mức chấp nhận kiểu hình ($p < 0,01$) với lần lượt 59,3% và 73,3% số mẫu giống lúa IRRI biểu hiện sức sinh trưởng mức diềm 1 và 5 có mức chấp nhận kiểu hình tương đương mức diềm 1 và 3.

3.3. Ước tính các tham số di truyền của bộ mẫu giống lúa IRRI

Kết quả ước tính phương sai kiểu gen GCV và phương sai kiểu hình PCV được thể hiện ở Bảng 3. Khoảng dao động GCV của các tính trạng biến thiên từ 5,32 (thời gian sinh trưởng) đến 56,56 (mức chấp nhận kiểu hình). Trong khi đó, giá trị PCV dao động từ 5,32 (thời gian sinh trưởng) đến 56,60 (mức chấp nhận kiểu hình). Hầu hết các tính trạng của bộ 252 mẫu giống lúa IRRI được đánh giá trong điều kiện đồng ruộng trong nghiên cứu này có giá trị phương sai kiểu gen GCV và phương sai kiểu hình PCV khá thấp, ngoại trừ số hạt/bông và năng suất tính toán. Đây là dấu hiệu cho thấy trong quần thể nghiên cứu, kiểu gen quy định các tính trạng số hạt/bông và năng suất tính toán có thể được phản ánh thông qua kiểu hình và hai tính trạng này sẽ là chỉ tiêu tốt trong chọn lọc. Theo Sivasubramanian và cộng sự [6], GCV và PCV được phân nhóm là thấp (0-10%), trung bình (10-20%) và cao (>20%). Như vậy, ngoài trừ mật độ hạt, các tính trạng định tính của tập đoàn lúa IRRI (dạng cây, mức chấp nhận kiểu hình và sức sinh trưởng) có giá trị GCV và PCV cao và có thể được cải tiến thông qua chọn lọc. Các tính trạng số bông/khóm, số hạt/bông và năng suất tính toán có giá trị GCV và PCV ở mức trung bình, trong khi chỉ số tương ứng của các tính trạng định lượng còn lại có giá trị ở mức thấp. Kết quả tương tự cũng được Pandey và cộng sự [7] mô tả khi đánh giá các dòng lúa chịu mặn. Giá trị GCV và PCV của một tính trạng ở mức thấp cho thấy biểu hiện của tính trạng đó chủ yếu quyết định bởi kiểu gen. Vì vậy khả năng cải tạo thông qua chọn lọc rất hạn chế, cần phải cải thiện mức biến dị thông qua lai tạo hoặc đột biến để nâng cao hiệu quả chọn giống [8].

Hệ số di truyền rộng h^2b là chỉ số ước tính khả năng di truyền của một tính trạng giữa các thế hệ trong quần thể nghiên cứu, qua đó cho thấy khả năng cải thiện tính trạng đó thông qua chọn lọc. Hệ số di truyền rộng h^2b dao động từ 0,41 (chiều dài bông) đến 1,00 (thời gian sinh trưởng, khối lượng 1000 hạt, dạng cây, mức chấp nhận kiểu hình và sức sinh trưởng). Hiệu quả chọn lọc GA dao động từ 0,12% (tỷ lệ hạt chắc) đến 31,24% (số hạt/bông). Trong khi đó hiệu quả chọn lọc so với giá trị trung bình GAM dao động từ

5,57% (chiều dài bông) đến 116,60% (mức chấp nhận kiểu hình). Các tính trạng định tính có hiệu quả chọn lọc so với giá trị trung bình GAM cao hơn 100%. Các tính trạng thời gian sinh trưởng, khối lượng 1000 hạt, dạng cây, khả năng chấp nhận kiểu hình và sức sinh trưởng có hệ số di truyền rộng bằng 1,00. Hệ số di truyền rộng ở mức cao (>0,80) cho thấy mức biến động của các tính trạng này chủ yếu do kiểu gen mà ít bị tác động bởi yếu tố môi trường. Bên cạnh đó kết quả này còn phản ánh đúng nguồn gốc của 252 mẫu giống nghiên cứu được chọn lọc từ các chương trình lai tạo giống lúa tại IRRI theo các tiêu chí

hình mẫu cây lúa điển hình. Trong khi đó, các tính trạng chiều cao cây (0,76), năng suất tính toán (0,76), tỷ lệ hạt chắc (0,73), số hạt/bông (0,64) và số bông/khóm (0,54) có hệ số di truyền rộng mức trung bình (0,5-0,8), cho thấy mức ảnh hưởng cao hơn của yếu tố môi trường đến biểu hiện của tính trạng, do đó kết quả chọn lọc sẽ có sai số. Đặc biệt tính trạng chiều dài bông (0,41) có hệ số di truyền rộng mức thấp (<0,5) chứng tỏ ảnh hưởng rõ rệt của yếu tố môi trường và điều kiện canh tác lên biểu hiện của tính trạng này ở bộ mẫu giống lúa IRRI tại Cần Thơ.

Bảng 2. Hệ số tương quan Pearson giữa các tính trạng định lượng của 252 mẫu giống lúa IRRI (Ghi chú: * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$)

	TGST	CC	DB	SLB	SLH	TLC	KL1000	NSTT
TGST	1							
CC	-0,015	1						
DB	-0,285**	0,054	1					
SLB	0,005	-0,193**	0,033	1				
SLH	-0,106	0,015	-0,008	-0,094	1			
TLC	-0,521**	-0,071	-0,294**	0,207**	0,018	1		
KL1000	0,109	0,061	0,129*	0,052	-0,263**	-0,227**	1	
NSTT	0,053	0,172**	0,067	-0,284**	0,214**	-0,049	0,049	1

Bảng 3. Kết quả ước lượng các chỉ số di truyền của 12 tính trạng đánh giá trên tập đoàn 252 mẫu giống lúa IRRI thử nghiệm tại Cần Thơ

TT	Tính trạng	σ^2g	σ^2p	GCV	PCV	h^2b	GA (%)	GAM (%)
1	TGST	30,41	30,41	5,32	5,32	1,00	11,37	10,98
2	CC	39,67	52,41	5,91	6,79	0,76	11,31	10,60
3	DB	1,16	2,81	4,20	6,55	0,41	1,43	5,57
4	SLB	5,04	9,28	18,19	24,68	0,54	3,42	27,67
5	SLH	356,35	553,57	13,36	16,65	0,64	31,24	22,11
6	TLC	0,00	0,01	9,01	10,57	0,73	0,12	15,84
7	KL1000	3,37	3,37	7,13	7,13	1,00	3,79	14,71
8	NSTT	88,77	117,44	17,62	20,27	0,76	16,90	31,60
9	DC	1,70	1,70	55,57	55,57	1,00	2,69	114,37
10	CNKH	2,87	2,87	56,56	56,56	1,00	3,49	116,60
11	SST	1,94	1,94	51,37	51,37	1,00	2,87	105,93
12	MĐH	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Ghi chú: σ^2g = Phương sai kiểu gen, σ^2p = Phương sai kiểu hình, PGV = Hệ số biến thiên kiểu gen, PCV = Hệ số biến thiên kiểu hình, h^2b = Hệ số di truyền rộng, GA = Hiệu quả chọn lọc, GAM = Hiệu quả chọn lọc so với giá trị trung bình, NA = Không áp dụng.

Phân loại mức độ (áp dụng cho GCV, PCV, h^2b và GAM): □ Thấp; ▒ Trung bình; ■ Cao

Kết quả tương tự cũng được báo cáo tại các nghiên cứu của Kumar và cộng sự [9] đánh giá tập đoàn lúa basmati tại của Ấn Độ và của Abebe và cộng sự [10] đánh giá bộ giống lúa IRRI tại Ethiopia. Hiệu quả chọn lọc so với giá trị trung bình GAM, được phân ở mức cao (>50%), trung bình (25-50%) và thấp (<25%), thường được kết hợp với hệ số di truyền rộng h^2b để ước lượng

chính xác hơn khả năng cải thiện của một tính trạng thông qua chọn lọc [11]. Thời gian sinh trưởng và khối lượng 1000 hạt là hai tính trạng có hệ số di truyền rộng h^2b cao nhưng GAM thấp (Bảng 3). Điều này cho thấy sự biểu hiện của hai tính trạng này không có sự tham gia của các gen cộng tính và hệ số di truyền rộng ở mức cao là do yếu tố môi trường phù hợp quyết định sự biểu hiện của tính trạng, thay vì do kiểu gen chi phối.

3.4. Phân nhóm bộ mẫu giống lúa IRRI dựa trên các đặc tính nông sinh học

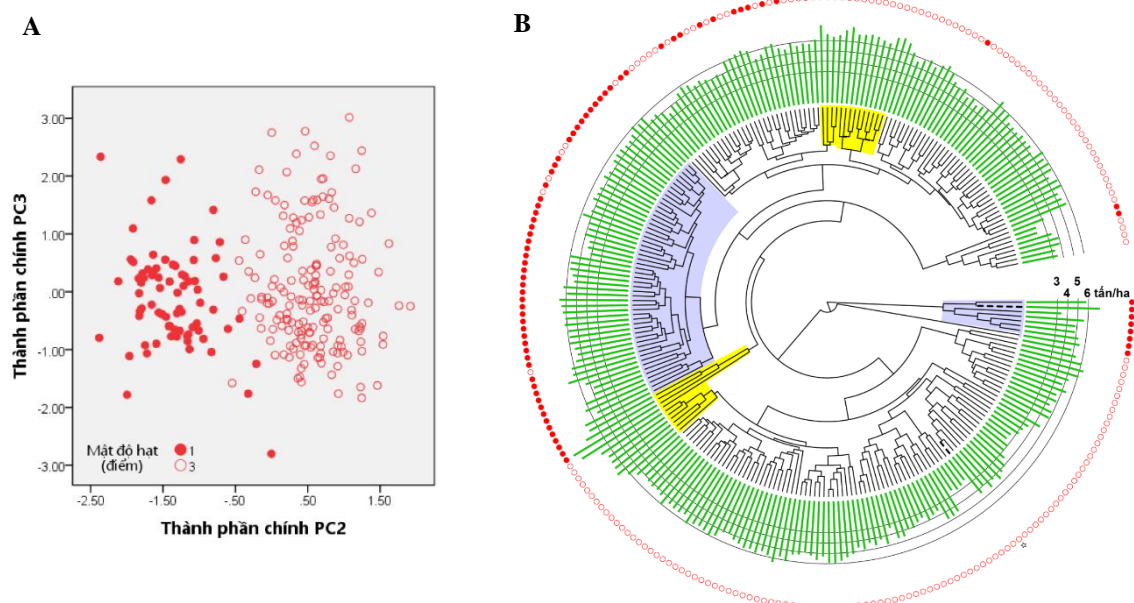
Từ kết quả phân tích thành phần chính (PCA) dựa trên 12 tính trạng, giá trị vector riêng, phương sai kiểu hình và tích lũy của 3 thành phần chính đầu tiên cũng như đóng góp vào phương sai kiểu hình của từng tính trạng được xác định và thể hiện tại Bảng 4.

Biểu đồ tham chiếu hai nhân tố dựa trên hai thành phần chính PC2 và PC3 phân chia các mẫu giống lúa IRRI thành hai nhóm chính. Trong đó, mật độ hạt là tính trạng đồng thời đóng góp nhiều nhất vào phương sai kiểu hình

của thành phần chính PC2 và PC3 và phân chia rõ hai nhóm lúa trên biểu đồ (Hình 2A).

Bảng 4. Phân tích thành phần chính PCA các tính trạng của bộ 252 mẫu giống lúa IRRI

	PC1	PC2	PC3
Giá trị vector riêng	2,887	1,991	1,486
% phương sai	24,062	16,592	12,380
% tích lũy	24,062	40,654	53,034
Giá trị của từng tính trạng			
TGST	0,677	0,288	0,038
CC	-0,044	0,224	-0,486
DB	0,509	0,186	-0,072
SLB	0,190	-0,449	0,559
SLH	-0,373	0,675	0,468
TLC	-0,645	-0,398	0,110
KL1000	0,478	-0,103	-0,309
NSTT	-0,106	0,616	-0,391
DC	0,574	0,407	0,121
CNKH	0,591	-0,289	0,310
SST	0,665	0,183	0,318
MĐH	0,467	-0,578	-0,488



Hình 2. (A) Biểu đồ tham chiếu hai nhân tố dựa trên phân tích thành phần chính của 12 tính trạng nông sinh học, và (B) Phân nhóm UPGMA của bộ mẫu giống lúa IRRI. Biểu đồ cột màu xanh lá cây thể hiện giá trị năng suất tính toán, chấm đỏ và chấm trắng lần lượt thể hiện giá trị mật độ hạt tương ứng điểm 1 và điểm 3 của từng mẫu giống. Nhóm các mẫu giống lúa có năng suất tiềm năng được đánh dấu nền vàng, nhóm lúa có mật độ hạt/bông cao (điểm 1) được đánh dấu nền xanh. Giống đối chứng OM6976 và IR64 được đánh dấu lần lượt bằng hình ngôi sao đen và trắng.

Khoảng cách di truyền giữa 252 mẫu giống lúa IRRI được tính theo hệ số Euclidean. Khoảng cách di truyền trung bình giữa các mẫu giống đạt 34,783. Trong đó, khoảng cách di truyền nhỏ

nhất (2,524) ghi nhận giữa mẫu giống IR14L539 và IR15L1655, trong khi IR15T1026 và IR15L1419 là cặp mẫu giống có khoảng cách di truyền lớn nhất (139,588). Dựa trên ma trận khoảng cách di truyền, cây phân nhóm theo trên giá trị trung bình UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) dựa trên 12 tính trạng nông sinh học đã được xây dựng. Theo đó xác định được các nhóm mẫu giống lúa có chung đặc điểm về tính trạng mật độ hạt và/hoặc năng suất tính toán (Hình 2B).

Phân tích thành phần chính giúp mô hình hóa sự đa dạng di truyền của bộ mẫu giống lúa nghiên cứu thông qua xác định mức độ đóng góp của từng thành phần chính vào tổng phương sai các tính trạng được đánh giá. Giá trị vector riêng của mỗi thành phần chính được tính toán dựa trên mức độ liên kết giữa từng tính trạng với thành phần chính đó [12]. Đối với bộ mẫu giống lúa IRRI, tổng giá trị phương sai kiểu hình của 3 thành phần chính đầu tiên chỉ chiếm 53,034%, tương tự như kết quả đánh giá tính trạng cấu thành năng suất các mẫu giống lúa cận của Anyaoha và cộng sự [13]. Mỗi thành phần chính PC1, PC2 và PC3 lần lượt có 8, 5 và 4 tính trạng ảnh hưởng mạnh (có giá trị phương sai $\geq |0.40|$) (Bảng 4) cho thấy không có tính trạng nào giúp phân nhóm hiệu quả sự đa dạng di truyền của bộ mẫu giống lúa nghiên cứu trên mô hình phân bố 3 chiều. Thay vào đó, phân bố hai chiều dựa trên thành phần chính PC2 và PC3 cùng có mật độ hạt (phương sai $\geq |0.40|$) là tính trạng ảnh hưởng đã xây dựng được mô hình đa dạng di truyền của 252 mẫu giống lúa IRRI (Hình 2A). Kết quả phân nhóm UPGMA đã xác nhận ý nghĩa của tính trạng mật độ hạt đến quan hệ di truyền của bộ 252 mẫu giống lúa IRRI. Ngoài ra, năng suất tính toán cũng là tính trạng có giá trị phân loại khi giúp phân nhóm 24 mẫu giống có năng suất tính toán tiềm năng (>6 tấn/ha). Các mẫu giống lúa này thuộc cả nhóm có mật độ hạt cao (điểm 1) và trung bình (điểm 3) cho thấy mức biến động kiểu hình cao và tiềm năng cải

tạo thông qua chọn lọc. Kết quả này phù hợp với ước lượng tham số di truyền của năng suất và các tính trạng liên quan trên bộ mẫu giống lúa IRRI thử nghiệm tại Cần Thơ.

4. Kết luận

Bộ 252 mẫu giống lúa nhập nội từ IRRI thể hiện sự biến động khá cao về năng suất và các đặc tính nông sinh học liên quan khi khảo nghiệm tại Cần Thơ. Thông qua phân nhóm thành phần chính và phân nhóm di truyền, đã xác định được nhóm 24 mẫu giống lúa IRRI có tiềm năng năng suất cao mặc dù tính trạng mật độ hạt có mức độ biến động cao. Kết quả này cung cấp cơ sở phân nguồn và sử dụng các mẫu giống lúa IRRI làm nguồn vật liệu ban đầu cho công tác chọn lọc và lai tạo giống lúa mới phù hợp với vùng đồng bằng sông Cửu Long.

Lời cảm ơn

Nghiên cứu này được hoàn thành trong khuôn khổ nhiệm vụ “Đánh giá đặc tính nông sinh học và khả năng chống chịu sâu bệnh hại của tập đoàn công tác (bao gồm các dòng/giống lúa địa phương và nhập nội từ IRRI) tại đồng bằng sông Cửu Long phục vụ chọn tạo giống lúa chất lượng cao, chống chịu điều kiện bất lợi” do Bộ Nông nghiệp và PTNT tài trợ. Nhóm tác giả cảm ơn các cộng sự tại Viện Lúa đồng bằng sông Cửu Long đã hỗ trợ thực hiện các thí nghiệm thuộc nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO/ REFERENCES

- [1]. Y. Zeng et al., “Ecogeographic and genetic diversity based on morphological characters of indigenous rice (*Oryza sativa* L.) in Yunnan, China,” *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50(6), pp. 567-577, 2003.
- [2]. M. Sajid et al., “Characterization of rice (*Oryza Sativa* L.) germplasm through various agro-morphological traits,” *Sci. Agri*, 9(2), pp.83-88, 2015.
- [3]. P. Dutta, P. N. Dutta and P. K. Borua, “Morphological traits as selection indices in rice: A statistical view,” *Universal Journal of Agricultural Research*, 1(3), pp. 85-96, 2013.
- [4]. E. D. Redoña, *Standard evaluation system for rice (5th edition)*. Manila: International Rice

- Research Institute, 2013.
- [5]. I. Letunic and P. Bork, "Interactive tree of life (iTOL) v4: recent updates and new developments," *Nucleic Acids Research*, 4(W1), pp. W256-W259, 2019.
- [6]. S. Sivasubramanian and P. Madhavamenon, "Genotypic and phenotypic variability in rice," *Madras Agric J.*, 60, pp. 1093-1096, 1973.
- [7]. V. Pandey, P. K. Singh, O. P. Verma and P. Pandey, "Inter-relationship and path coefficient estimation in rice under salt stress environment," *International Journal of Agricultural Research*, 7(4), pp. 169-184, 2012.
- [8]. D. Tiwari, et al., "Studies on genetic variability for yield components in rice (*Oryza sativa* L.)," *Advances in Agriculture & Botany*, 3(1), pp. 76-81, 2011.
- [9]. V. Kumar, D. N. Singh and R. Singh, "Assessment of genetic variability, heritability and genetic advance for yield and quality traits in basmati (*Oryza sativa* L.) genotypes of Himachal Pradesh," *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7(2), pp. 1323-1326, 2018.
- [10]. T. Abebe, S. Alamerew and L. Tulu, "Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and its related traits in rainfed lowland rice (*Oryza sativa* L.) genotypes at Fogera and Pawe, Ethiopia," *Advances in Crop Science and Technology*, 5(2), pp. 1-8, 2017.
- [11]. A. Kumar Meena, et al., "Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and yield components in rice (*Oryza sativa* L.)," *The Ecoscan*, 9(3-4), pp. 1053-1056, 2015.
- [12]. V. Varthini et al., "Evaluation of rice genetic diversity and variability in a population panel by Principal Component Analysis," *Indian journal of science and technology*, 7(10), pp. 1555-1562, 2014.
- [13]. C. Anyaoha et al., "Genetic diversity of selected upland rice genotypes (*Oryza sativa* L.) for grain yield and related traits," *International Journal of Plant & Soil Science*, 22(5), pp. 1-9, 2018.