

ỨNG DỤNG CHỈ SỐ CHỌN LỌC KIỂU HÌNH TRONG CHỌN GIỐNG LÚA NĂNG SUẤT CAO

Nguyễn Thúy Kiều Tiên¹, Châu Thanh Nhã^{2,*}, Nguyễn Khắc Thắng¹,
Võ Thanh Toàn¹, Tạ Hồng Lĩnh³, Trần Ngọc Thạch¹,
Shoba Venkatanagappa⁴, Võ Thị Trà My⁵

TÓM TẮT

Chọn tạo giống lúa cao sản là góp phần vào mục tiêu an ninh lương thực trên toàn thế giới. Năng suất (NS) và các tính trạng liên quan đến NS rất khó dự đoán và cần phải qua những bước phân tích và khảo nghiệm thực tế để đánh giá chính xác hơn. Nghiên cứu sử dụng SI trên 27 dòng lúa ưu tú được chia sẻ từ IRRI - ASEAN RiceNet. Kết quả cho thấy, tất cả dòng lúa có sự khác biệt lớn về mặt di truyền. H_{bs} ² được ghi nhận cho các tính trạng từ 23 - 93%. NS có mối tương quan thuận và ý nghĩa với tỷ lệ thụ phấn (TLTP). Phân nhóm hệ số di truyền chia thành 6 nhóm chính cho 8 tính trạng. Hệ số Path cho thấy, các tính trạng ảnh hưởng theo chiều hướng thuận và trực tiếp đến NS dao động từ 0,10 - 0,31. Phân tích SI tuyển chọn được 2 dòng lúa ưu tú có SI cao nhất 4,03 (SV1058) và 7,62 (SV1951), với NS trung bình 5,88 và 5,62 tấn/ha. Hai dòng này có thời gian sinh trưởng (TGST) thuộc nhóm A1 và chống chịu tương đối với sâu, bệnh hại chính trong điều kiện đánh giá thực tế trên đồng ruộng và có PACP chấp nhận được. Đây được xem nguồn vật liệu mới có thể dùng để làm vật liệu lai hoặc tiếp tục đánh giá thêm vụ kế tiếp và vùng sinh thái trước khi phóng thích.

Từ khóa: ASEAN RiceNet, chỉ số chọn lọc kiểu hình (SI), hệ số Path, IRRI.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong bối cảnh thị trường xuất khẩu gạo ngày càng cạnh tranh khốc liệt, đòi hỏi các nhà khoa học phải tiếp tục chọn ra những giống lúa mới có đặc tính vượt trội để bổ sung vào cơ cấu sản xuất. Trong đó, yêu cầu đối với cây lúa là phải gia tăng năng suất nhanh hơn để đáp ứng xu hướng dân số thế giới tăng vào năm 2050 [1]. Việc cải thiện năng suất lúa hiện nay là một trong những thách thức cho nhà chọn giống, vì liên quan đến các rào cản về mặt di truyền của tính trạng liên quan năng suất và đặc biệt thách thức biến đổi khí hậu. Tỷ lệ gia tăng năng suất lúa trên thế giới nói chung ~1%/năm, được xem là không đủ để thích ứng với

các thách thức trên [2]. Mục tiêu chung của các nhà chọn giống lúa phải cho ra đời được các giống lúa mới ưu tú hơn nữa với năng suất là mục tiêu trọng tâm [3].

Năng suất được điều hoà bởi nhiều tính trạng liên quan, phần lớn là các tính trạng số lượng được kiểm soát bởi nhiều gen khác nhau và chịu ảnh hưởng mạnh bởi các yếu tố môi trường [4]. Thông tin hữu ích về khác biệt và đóng góp kiểu hình của các tính trạng thường không đủ để nhà chọn giống đưa ra quyết định chính xác. Hơn nữa, các tính trạng có hệ số di truyền thấp làm chậm gia tăng năng suất [5]. Nhà chọn giống phải hướng đến việc quan sát và chọn lọc nhiều tính trạng trong cùng một thời điểm, để tìm ra các giống lúa mới ưu tú, ổn định và đặc biệt phải rút ngắn chu kỳ chọn giống. Vì vậy, chỉ số chọn lọc kiểu hình (SI) được xem là phù hợp nhất. SI được giới thiệu trên cây trồng [6] và động vật [7] để thực hiện dự đoán di truyền có lợi của tính trạng mục tiêu dựa trên một nhóm các tính trạng khác nhau. Trong phân

¹ Viện Lúa đồng bằng sông Cửu Long

² Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

³ Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

⁴ Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế

⁵ Viện Nghiên cứu Nông nghiệp Lộc Trời

*Email: chauthanhnhha26@gmail.com

tích SI, sau khi thực hiện phép tính giữa vector SI với ma trận kiểu gen và kiểu hình để có tiêu chí lựa chọn điểm theo chỉ số lựa chọn được xếp hạng. Do đó, dựa trên SI có thể giúp nhà chọn giống quyết định trong việc tuyển chọn giống lúa mang tiềm năng nhất.

Mục tiêu của nghiên cứu xác định mối liên hệ qua lại giữa năng suất và các tính trạng liên quan; tuyển chọn các dòng lúa dựa trên SI và hiệu quả tương đối trong việc cải thiện năng suất.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu và thiết kế thí nghiệm

Vật liệu cho nghiên cứu nằm trong chương trình chọn giống lúa năng suất của Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế (IRRI - ASEAN RiceNet). Bộ gồm 27 dòng lúa ưu tú nhập nội từ IRRI và 5 giống lúa đối chứng của Viện Lúa đồng bằng sông Cửu Long (ĐBSCL) (OM) được đánh giá trong vụ đông xuân (ĐX) 2021 - 2022 tại Viện Lúa ĐBSCL (Bảng 1). Thí nghiệm được bố trí theo kiểu khối hoàn toàn ngẫu nhiên với 2 lần lặp lại. Diện tích mỗi khối là 10 m², khoảng cách cây 15 x 20 cm. Cây mạ sau 2 tuần tuổi được cấy sang ruộng và công thức phân bón được sử dụng cho vụ ĐX là 100 kg/ha N - 40 kg/ha K₂O - 30 kg/ha K₂O. Quản lý sâu, bệnh hại chính theo quy trình canh tác của Viện Lúa ĐBSCL.

Bảng 1. Danh sách 27 dòng lúa ưu tú nhập nội từ IRRI- ASEAN RiceNet và 5 giống lúa OM (CLIRRI) được đánh giá trong vụ ĐX 2021 - 2022

STT	Tên giống/dòng	Nguồn	STT	Tên giống/dòng	Nguồn
1	SV0360B	IRRI	17	SV1084	IRRI
2	SV0847	IRRI	18	SV1086	IRRI
3	SV0874	IRRI	19	SV1087	IRRI
4	SV0885	IRRI	20	SV1088	IRRI
5	SV0891	IRRI	21	SV1092	IRRI
6	SV0915	IRRI	22	SV1943	IRRI
7	SV0917	IRRI	23	SV1951	IRRI
8	SV0921	IRRI	24	SV0349	IRRI
9	SV1057	IRRI	25	IRRI 154	IRRI
10	SV1058	IRRI	26	IRRI 156	IRRI
11	SV1066	IRRI	27	IRRI 186	IRRI
12	SV1069	IRRI	28	OM11 (KRN)	Viện Lúa ĐBSCL
13	SV1074	IRRI	29	OM429 (KDO)	Viện Lúa ĐBSCL
14	SV1075	IRRI	30	OM468 (KBL)	Viện Lúa ĐBSCL
15	SV1076	IRRI	31	OM4900 (A2)	Viện Lúa ĐBSCL
16	SV1077	IRRI	32	OM5451 (A1)	Viện Lúa ĐBSCL

Ghi chú: KRN: kháng rầy nâu; KDO: kháng đạo ôn; KBL: kháng bạc lá; A1: nhóm lúa ngắn ngày (90-105 ngày); A2: nhóm lúa TGST trung bình (106-120 ngày).

2.2. Đánh giá kiểu hình

Dữ liệu các tính trạng gồm 8 tính trạng nông học như: Thời gian sinh trưởng lúc trỗ 85% (TGST85) sau khi gieo, chiều cao cây (CC), số chồi/bụi (SC), chiều dài bông (DB), số hạt chắc/bông (HCB), số hạt lép/bông (HLB), tỉ lệ thụ phấn (TLTP), năng suất (NS), 2 tính trạng hình thái (đánh giá dạng hình (PACP), đổ ngã (ĐN) và 3 tính trạng sâu, bệnh hại chính (đạo ôn, bạc lá, rầy nâu). Quy trình và tiêu chuẩn đánh giá các tính trạng nông học, hình thái và sâu, bệnh thực hiện theo tiêu chuẩn của IRRI [8] như sau: TGST85: Số ngày được tính từ khi gieo mạ đến ngày trỗ bông được 85% (ít nhất 85% số bụi/khối đã trỗ); CC: Năm bụi/khối được xác định ngẫu nhiên để xác định chiều cao từ mặt đất đến đỉnh bông cao nhất (không bao gồm đuôi hạt lúa) và ở giai đoạn lúa trưởng thành $\geq 80\%$; SC: Năm bụi/khối được chọn ngẫu nhiên để xác định số bông/bụi trên khối; DB: Năm bông/khối được chọn ngẫu nhiên để xác định DB tính từ gốc đến đỉnh bông; HCB: Năm bông/khối được chọn ngẫu nhiên và hạt chắc được xác định bằng cách dùng ngón tay ấn lên hạt và ghi nhận hạt lúa có hạt bên trong. HCB và HLB được thực hiện theo đúng phương pháp lấy chỉ tiêu SES 2013 của IRRI; HLB: Năm bông/khối được chọn ngẫu nhiên và hạt lép/bông được xác định bằng cách dùng ngón tay ấn lên hạt và ghi nhận hạt lúa không có hạt; TL1000 hạt: Sau khi hạt được thu hoạch và phơi khô với độ ẩm (MC) hạt lúa đạt $\sim 14\%$, sau đó đếm 1.000 hạt và xác định khối lượng bằng cân điện tử; TLTP: Hạt chắc và lép/bông cũng được xác định và quy đổi thành tỉ lệ phần trăm; NS: Diện tích được thu hoạch $\sim 5,52 \text{ m}^2$ (khoảng 184 bụi/khối được), phơi khô, làm sạch và độ ẩm đạt $\sim 14\%$. NS trên mỗi khối được quy đổi thành tấn/ha theo công thức sau:

$$NS \text{ (tấn/ha)} = \frac{NS/\text{khối} \times 10.000 \text{ m}^2 \times (100 - \frac{MC}{86})}{5,52 \text{ m}^2 \times 1.000 \text{ m}^2}$$

Đối với 2 tính trạng hình thái được đánh giá như sau: DH: Đánh giá tổng quan dòng/khối về dạng hình được chấp nhận chủ yếu theo các mục tiêu của nhà chọn giống, của nông dân địa phương và theo thị hiếu thị trường tiêu dùng. DH được

chấp nhận được phản ánh thông qua việc phân cấp 1, 3, 5, 7 và 9. ĐN: Xác định dựa trên phần trăm số bụi/khối bị nghiêng 45° hay với góc $>45^\circ$ từ mặt đất. Cấp ĐN được chia thành cấp từ 1 - 10.

Đối với 3 tính trạng sâu, bệnh được đánh giá như sau: Rầy nâu được đánh giá 15 ngày sau khi cấy. Đánh giá bệnh dựa trên dấu hiệu lá lúa bị vàng (một phần rõ rệt, tình trạng cây lúa còi cọc và nghiêm trọng là cây lúa héo khô đến chết). Cấp nhiễm rầy nâu được phân chia thành 1, 3, 5, 7 và 9. Bệnh đạo ôn được đánh giá ở giai đoạn lúa đẻ nhánh: Dựa trên vết bệnh thường bắt đầu ở gần đầu lá hoặc mép lá hoặc cả hai và kéo dài xuống mép ngoài. Vết bệnh mới xuất hiện có màu xanh nhạt đến xanh xám, về sau chuyển sang màu vàng xám hoặc chết. Cấp nhiễm bệnh đạo ôn được phân chia thành 1, 3, 5, 7 và 9. Bệnh bạc lá được đánh giá ở giai đoạn lúa đẻ nhánh: Vết bệnh thường bắt đầu ở gần đầu lá hoặc mép lá hoặc cả hai và kéo dài xuống mép ngoài. Vết bệnh mới xuất hiện có màu xanh nhạt đến xanh xám, sau chuyển màu vàng. Cấp nhiễm bệnh bạc lá được phân chia thành 1, 3, 5, 7 và 9.

2.3. Phân tích dữ liệu

Sử dụng phương pháp BLUP (best linear unbiased prediction) để tạo mô hình tuyến tính dựa trên các yếu tố ngẫu nhiên nhằm ước lượng giá trị trung bình và các thành phần phương sai thông qua gói phân tích Inti/R [9]. Phân tích hệ số tương quan và phân nhóm di truyền được phân tích dựa trên các gói phân tích Corplot/R [10] và Dendextend/R [11]. Phân tích hệ số di truyền theo nghĩa rộng (H^2_{bs}) được tính theo công thức: $H^2_{bs} = \sigma^2_G / (\sigma^2_G + \sigma^2_P/r)$. Trong đó: σ^2_G là phương sai kiểu gen; σ^2_P là phương sai kiểu hình; r là số lần lặp lại. Các bước tính toán H^2_{bs} được thực hiện trong gói phân tích Inti/R. Phân tích ANOVA một chiều và mô tả các số liệu thống kê cho các tính trạng được thực hiện dưới sự hỗ trợ gói phân tích Agricolae/R [12].

Phân tích hệ số Path dựa trên hệ số tương quan kiểu hình, ảnh hưởng trực tiếp và gián tiếp của các tính trạng được chọn để hướng đến tính trạng mục tiêu là năng suất được tính dựa trên gói phân tích Lavaan/R [13]. Phân tích này xác định

tính trạng NS như là một biến độc lập và 7/8 tính trạng nông học còn lại là các biến phụ thuộc trong các phép tính. Công thức hồi quy cho phép tính này có dạng sau: $NS \sim TGST85 + CC + SCB + HCB + HLB + TLTP + TL1000$. Trong đó: Dấu “ $\sim$ ” là toán tử hồi quy. Các phép tính thống kê như giá trị p ($p \leq 0,05$) và số dư bình phương trung bình gốc được chuẩn hoá (SRMSR) được chú ý ở mức chấp nhận được nhỏ hơn 10%. Hai chỉ số này có thể được xem là chỉ số phù hợp tốt nhất. Thêm vào đó, một mô hình cấu trúc tuyến tính (SEM) được xây dựng để minh họa các mối quan hệ qua lại giữa các biến số tồn tại. Biểu đồ cho thấy, mối liên hệ giữa NS và các tính trạng liên quan (vì NS là tính trạng kinh tế quan trọng mà nghiên cứu hướng đến) và giữa các tính trạng còn lại với nhau để tìm các mối quan hệ đồng hay nghịch biến để có cái nhìn toàn diện hơn.

Để thu được chỉ số chọn lọc kiểu hình (SD), ma trận phương sai – đồng phương sai cho kiểu gen và kiểu hình của 8 tính trạng nông học được thực hiện trong các phép tính. Xử lý kinh tế của tính trạng được ký hiệu bằng 1 hay -1 được sử dụng để xác định hoạt động việc cải thiện di truyền theo mong muốn. Trong đó, 1 và -1 thể hiện cho khuynh hướng gia tăng/giảm của các tính trạng. Ngoài ra, việc ký hiệu có thể được thay thế bởi hệ số di truyền của từng tính trạng. Cường độ chọn lọc các dòng được chọn ở mức 5% và việc xếp hạng các dòng được chọn thực hiện như một chức năng của các giá trị chỉ số chọn lọc được dự đoán. Các ước lượng về cải thiện di truyền được thể hiện bằng phần trăm cải thiện di truyền thu được từ tính trạng năng suất, được giả định năng suất lớn nhất là 100% và được sử dụng để so sánh hiệu quả tương đối của các chỉ số lựa chọn khác. Các phép tính được đề cập trên được thực hiện thông qua gói phân tích Selection.index/R [14].

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Sự khác nhau giữa tính trạng và hệ số di truyền theo nghĩa rộng của các tính trạng

Từ kết quả phân tích ANOVA cho thấy, 6/8 tính trạng nông học có sự khác biệt có ý nghĩa về mặt di truyền giữa các dòng ở mức xác suất $p < 0,1 - 5\%$, ngoại trừ tính trạng SC và DB (Bảng 2).

TGST85 được ghi nhận từ 79 - 114 ngày, trung bình là 102,35 ngày. CC dao động từ 80,7 - 117 cm và trung bình là 103,2 cm. SC từ 8 - 13,33, trung bình là 11,32 chồi/bụi. Tất cả các giống được đánh giá có DB lớn hơn 20 cm (21,17 - 28,17 cm) và trung bình 24,33 cm. HCB và HLB được ghi nhận theo thứ tự là 110,16 - 178,66 hạt/bông (trung bình là 141,62 hạt/bông) và 6,66 - 53,16 hạt/bông (trung bình là 29,38 hạt/bông). TLTP dao động từ 70,75 - 96,65 và trung bình là 83% lớn hơn mức chấp nhận 80%. NS của các dòng được ghi nhận thấp nhất là 3,29 tấn/ha và cao nhất là 6,51 tấn/ha. Các kết quả này cho thấy, các dòng ưu tú IRRI có sự khác biệt về NS và các thành phần liên quan đến NS. Thêm vào đó, độ lệch chuẩn (SD) và sai số chuẩn (SE) ghi nhận theo thứ tự từ 0,68 - 18,12% và 0,16 - 2,31%. Kết quả này cho thấy, rằng sự thay đổi của các tính trạng trong thu thập ít bị phân tán.

Kết quả phân tích độ lệch và độ nhọn của các tính trạng cho thấy, tần suất đóng góp TGST85, CC, SC và NS bị lệch sang trái (-) và tập trung nhiều hơn về giá trị trung bình với độ nhọn dương, ngoài trừ SC với độ nhọn âm nên đạt đỉnh thấp hơn đóng góp bình thường. Trong khi đó, tần suất đóng góp của DB, HCB, HLB và TLTP bị lệch sang phải (+), ít tập trung nhiều hơn về giá trị trung bình với độ nhọn âm và đạt đỉnh thấp hơn đóng góp bình thường, ngoài trừ HCB. Điều này có thể giải thích các tính trạng năng suất và thành phần liên quan đến năng suất là do nhiều gen kiểm soát ngoài gen chính.

Hệ số biến thiên (CV) thấp hơn 25% được quan sát cho các tính trạng TGST85, CC, SC, HCB, TLTP và NS. Ngược lại, CV của DB và HLB được quan sát cao nhất trên 30%, điều này cho thấy, hai tính trạng dễ bị phân tán và lệch so với giá trị trung bình. Hệ số di truyền theo nghĩa rộng (H^2_{bs}) của 8 tính trạng được ước lượng trong vụ ĐX (Bảng 2). TGST85 và CC có hệ số di truyền cao lớn hơn 70%, DB, HCB, HLB, TLTP và NS có hệ số di truyền từ thấp đến trung bình (50 - 65%), ngược lại SC có hệ số di truyền thấp nhất 23%. Tính trạng TGST85, CC và CC có hệ số di truyền từ trung bình đến cao (65%, 72% và 92%). Điều này cho thấy, việc tuyển chọn ba tính trạng này sẽ phù hợp trong

vụ ĐX [3] [15]. Riêng các tính trạng còn lại nên mẫu và tăng số lần lặp lại có thể sẽ cải thiện hệ số được xem xét trong vụ kế tiếp, tăng diện tích lấy di truyền.

Bảng 2. Mô tả thống kê, phân tích ANOVA, hệ số di truyền theo nghĩa rộng cho 8 tính trạng nông học

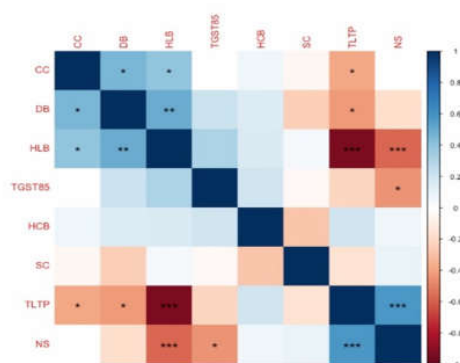
Tính trạng	Trung bình	Giá trị nhỏ nhất	Giá trị lớn nhất	Độ lệch chuẩn (SD)	Sai số chuẩn (SE)	Độ lệch	Độ nhọn	Hệ số di truyền ($H^2_{b\alpha}$)	CV (%)	Khác biệt kiểu gen
TGST85	102,35	79	114	6,93	0,88	-1,69	4,07	93	6,66	***
CC	103,2	80,7	117	6,68	0,85	-0,88	1,62	72	6,36	***
SC	11,32	8	13,33	1,28	0,16	-0,6	-0,24	23	11,08	ns
DB	24,33	21,17	28,17	1,5	0,19	0,2	-0,29	57	33,3	ns
HCB	141,62	110,16	178,66	18,12	2,31	0,14	0,59	59	12,81	*
HLB	29,38	6,66	53,16	11,14	1,41	0,16	-0,55	50	30,1	**
TLTP	83	70,75	96,65	5,57	0,71	0,16	-0,46	53	6,61	*
NS	5,03	3,29	6,51	0,67	0,09	-0,26	0,2	65	13,12	***

Ghi chú: *: có ý nghĩa thống kê ở mức 5%; **: có ý nghĩa ở mức 1%; ***: có ý nghĩa thống kê ở mức 0,1%; ns: không ý nghĩa

3.2. Phân tích hệ số tương quan Pearson và phân nhóm di truyền

Phân tích hệ số tương quan Pearson giữa 8 tính trạng cho 32 giống/dòng lúa được thể hiện trong trên bản đồ nhiệt (Hình 1). Hệ số tương quan thuận ($r > 0,6$) và có ý nghĩa từ $P < 0,1 - 5\%$ trên CC - DB, CC - HLB và NS - TLTP. Kết quả này đề nghị có thể xem là mục tiêu đồng thời trong tuyển chọn ở các thế hệ sớm. Ngược lại, TLTP - CC, TLTP - DB, TLTP - HLB, NS - HLB và NS -

TGST85 cho thấy, mối tương quan nghịch ($r < -0,6$) và có ý nghĩa từ $p < 0,1 - 5\%$. Đánh giá này cho thấy, nhà chọn giống phải đặc biệt chú ý khi muốn tăng năng suất mà vẫn giữ được các đặc tính mong muốn. Ngoài ra, cũng cần chú ý và quan sát thêm một vài mối tương quan thuận và nghịch nhưng chưa thể hiện được sự ý nghĩa ở ít nhất ở $p < 5\%$ của các tính trạng quan trọng như: TLTP - SC, TLTP - TGST85, NS - HCB và NS - SC.

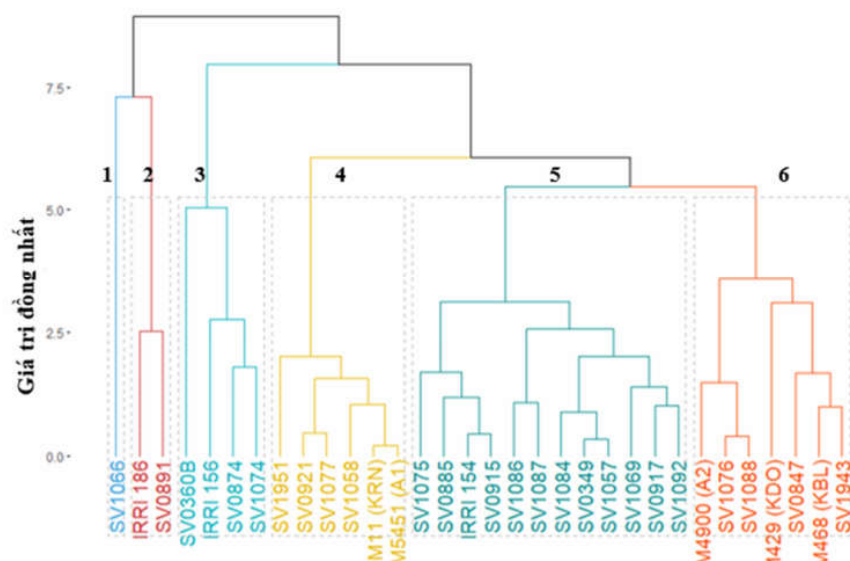


Hình 1. Hệ số tương quan Pearson của các 8 tính trạng nông học được đánh giá

Ghi chú: *: có ý nghĩa thống kê ở mức 5%; **: có ý nghĩa ở mức 1%; ***: có ý nghĩa thống kê ở mức 0,1%; ns: không ý nghĩa. Màu xanh dương tượng trưng cho tương quan dương và màu đỏ tượng trưng cho tương quan nghịch.

Kết quả phân nhóm di truyền phân chia 32 giống/dòng lúa ưu tú và 8 tính trạng thành 6 phân nhóm chính trong vụ ĐX (Hình 2). Dựa trên 3 giống lúa đối chứng IRRI và 5 giống lúa OM cho thấy có sự hiện diện của 8 giống đối chứng trên 5/6 nhóm chính. Dòng SV1066 (nhóm 1) đi theo tách biệt với nhóm còn lại nhưng có liên hệ di truyền gần với giống đối chứng IRRI 186 (nhóm

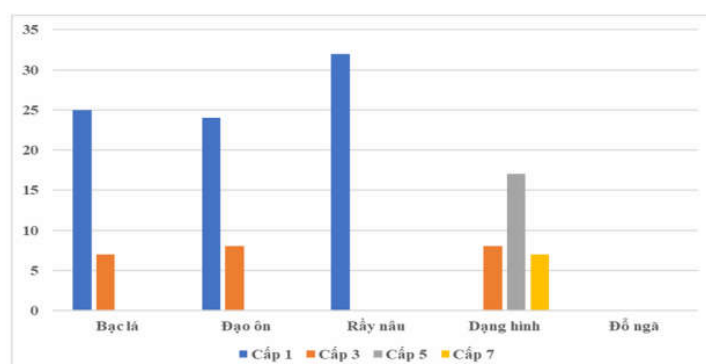
2), có thể dòng lúa này mang các tính trạng ưu tú khác hơn so với đối chứng. Phân tích này sẽ trợ giúp cho nhà chọn giống tuyển chọn được các dòng lúa ưu tú có đặc tính tương tự giống đối chứng và thích nghi với điều kiện sinh thái vùng, có thể dùng để quan sát tiếp hay dùng làm vật liệu lai trong các chương trình chọn giống lúa khác.



Hình 2. Phân nhóm di truyền 8 tính trạng nông học trên bộ 27 dòng lúa được đánh giá và 5 giống đối chứng

Theo quy trình canh tác thí nghiệm không sử dụng thuốc bảo vệ thực vật, kết quả cho thấy rằng tất cả các giống/dòng lúa đánh giá được ghi nhận chống chịu tương đối bệnh đạo ôn, bệnh bạc lá và rầy nâu (Hình 3). Chống chịu với bệnh đạo ôn cấp

1 chiếm 75% (24/32) và cấp 3 chiếm 25% (8/32); chống chịu bệnh bạc lá cấp 1 chiếm 78,1% (25/32) và cấp 3 chiếm 21,9% (7/32); chống chịu với rầy nâu cấp 1 chiếm 100% (32/32).



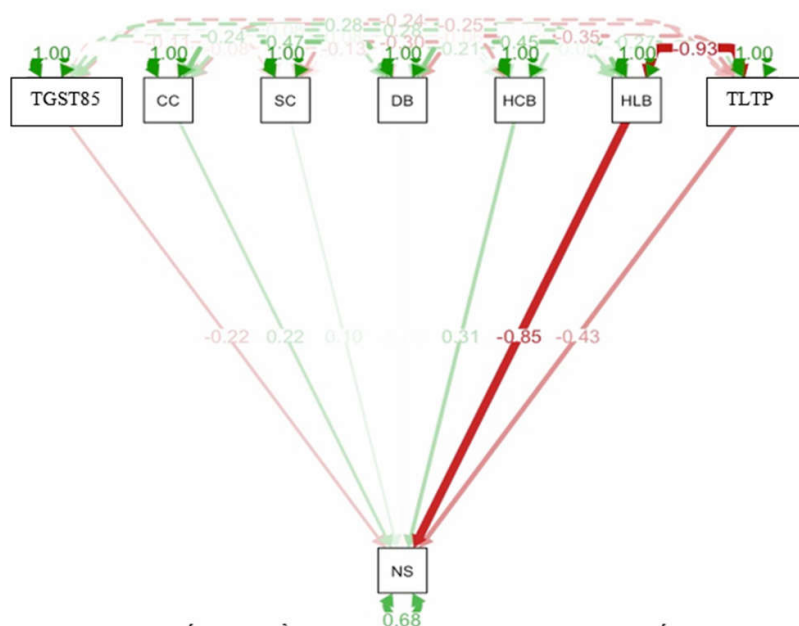
Hình 3. Ghi nhận tình hình rầy nâu, bệnh đạo ôn, bệnh bạc lá, đánh giá dạng hình và đổ ngã của 32 giống/dòng lúa ưu tú

Đánh giá tổng quan PACP của 32 giống/dòng lúa ở giai đoạn chín ~80% cho thấy phần lớn các dòng lúa có dạng hình được chấp nhận: Cấp 3 (8/32) và cấp 5 (17/32) (Hình 3). Bên cạnh đó, dạng hình cấp 7 (7/32) cho thấy các dòng này vẫn còn phân ly. Thí nghiệm còn đánh giá khả năng ĐN ở giai đoạn chín ~80% cho thấy tất cả các dòng không ĐN (Hình 3). Các kết quả đánh giá cho thấy, các dòng thể hiện tính thích nghi tốt trong vụ ĐX, vì đây là vụ có điều kiện thời tiết thuận lợi và là vụ mùa chính cho cây lúa ở ĐBSCL.

3.3. Phân tích hệ số Path

Phân tích hệ số Path trong nghiên cứu này nhằm mục đích xác định các ảnh hưởng trực tiếp và gián tiếp của các tính trạng khác nhau đến năng suất (Hình 4). Kết quả phân tích cho thấy, tất cả 7 tính trạng đều ảnh hưởng trực tiếp đến năng suất trong vụ ĐX. Giá trị ý nghĩa $p = 0,04$ ($p \leq 0,05$) và

số dư bình phương trung bình $SRMSR = 0,08$ ($< 0,1$) trong phân tích này phù hợp cho sự đánh giá các yếu tố độc lập và phụ thuộc. Trong đó, hệ số Path của CC, SC và HCB cho thấy ảnh hưởng thuận và trực tiếp đến NS ở mức 0,1 – 0,31. Ngược lại, TGST85, TLTP và HLB cho thấy ảnh hưởng nghịch và gián tiếp đến NS với hệ số Path theo thứ tự là -0,22, -0,43 và -0,85. Còn DB, kết quả cho thấy gần như không ảnh hưởng nhiều đến NS. Điều này sẽ giúp nhà chọn giống có cái nhìn tốt hơn về mối quan hệ giữa các tính trạng đánh giá và giúp xác định được vai trò các tính trạng khác nhau trong quá trình hình thành NS. Ngoài ra, xác định được ảnh hưởng trực tiếp hay gián tiếp của các tính trạng có thể liên quan đến đặc tính di truyền riêng của từng dòng lúa. Kết quả phân tích hệ số Path có thể được sử dụng để xây dựng tiêu chuẩn chọn tạo giống lúa năng suất cao.



Hình 4. Phân tích hệ số Path để xác định các ảnh hưởng trực tiếp và gián tiếp của 7 tính trạng nông học đến năng suất lúa. Màu xanh cho biết ảnh hưởng thuận (+), màu đỏ ảnh hưởng nghịch (-) và kích thước mũi tên cho biết độ lớn của ảnh hưởng

3.4. Chỉ số chọn lọc kiểu hình (SI)

Việc tuyển chọn dựa trên chỉ năng suất có thể dẫn đến việc bỏ sót một vài đặc tính quan trọng khác. Do đó, nhà chọn giống lúa hiện nay cần phải

chọn lọc trên nhiều tính trạng trong cùng một thời điểm và kết hợp với nhiều tính trạng khác nhau như: Phẩm chất, kháng sâu bệnh, thời gian sinh trưởng phù hợp và ứng phó thông minh với điều kiện thời tiết bất lợi. SI cao nhất sẽ giúp xác định

các giống lúa mang nhiều hứa hẹn nhất và rút ngắn được chu kỳ tuyển chọn. Do đó, SI dựa trên đánh giá kiểu hình được sử dụng giải quyết các vấn đề vừa nêu và có thể tính toán dựa trên nhiều tính trạng đánh giá nhằm mang lại hiệu quả kinh tế cao nhất [6]. Dựa trên kết quả phân tích SI cho thấy năng suất sử dụng thông tin từ 7 tính trạng nông học (TGST85, CC, SC, DB, HCB, HLB, TLTP) đã tuyển chọn ra được tổng 5 dòng lúa ưu tú được xếp hạng từ 1 tới 5, với cường độ chọn lọc ở mức 5% (Bảng 3). Trong đó, SI dao động từ thấp nhất 0,39% đến cao nhất 7,62% cùng với mức hiệu quả tương đối từ 4,88 - 94,76%. NS thực thu (BLUP) các dòng lúa ưu tú được chọn dao động từ thấp nhất 5,62 - 5,88 tấn/ha khi so sánh với đối

chứng IRRI (3,78 - 5,17 tấn/ha) và OM (4,89 - 5,86 tấn/ha). Trong đó, hai dòng ưu tú SV1951 và SV1058 cho năng suất cao nhất theo thứ tự SI = 7,62 (5,88 tấn/ha, phần trăm hiệu quả 94,76%) và SI = 4,03 (5,62 tấn/ha, phần trăm hiệu quả 50,13%), thuộc nhóm có TGST A1 và chống chịu tương đối rầy nâu theo kết quả phân nhóm di truyền. Kết quả cho thấy, SI có thể hỗ trợ giúp nhà chọn giống đưa ra quyết định trong việc chọn lựa thông qua sử dụng thông tin của nhiều tính trạng được đánh giá để làm cải thiện năng suất. Ngoài ra, để giúp cho việc chọn lọc và cải thiện các tính trạng chính xác hơn nên kết hợp kết quả SI với kết quả đánh giá bằng chỉ thị phân tử.

Bảng 3. Năm dòng lúa ưu tú được chọn từ SI được tính từ 8 tính trạng nông học với cường độ chọn lọc 5% và NS thực thu

STT	Tên giống	Chỉ số chọn lọc (SI) (%)	Hiệu quả tương đối (%)	NS thực thu (BLUP) (tấn/ha)	Xếp hạng
1	SV1951	7,62	94,76	5,88	1
2	SV1088	0,40	5,09	5,55	4
3	SV1077	0,39	4,88	5,57	5
4	SV1058	4,03	50,13	5,86	2
5	SV1086	0,89	11,13	5,62	3
	IRRI 154	-	-	4,88	-
	IRRI 156	-	-	5,17	-
	IRRI 186	-	-	3,78	-
	OM11 (KRN)	-	-	5,87	-
	OM429 (KDO)	-	-	5,43	-
	OM468 (KBL)	-	-	5,07	-
	OM4900 (A2)	-	-	4,89	-
	OM5451 (A1)	-	-	5,86	-

4. KẾT LUẬN

Qua kết quả đánh giá cho thấy có sự khác biệt ý nghĩa về mặt di truyền giữa các dòng lúa. Phân tích thống kê cho các tính trạng đơn lẻ và kết hợp nhiều tính trạng đã giúp nhà chọn giống tuyển chọn được hai dòng lúa ưu tú nhất là SV1951 và SV1058, với SI cao và các đặc tính nông học nổi trội như NS và TLTP cao trong vụ ĐX. Tuy nhiên, việc chỉ sử dụng các phân tích thống kê dựa trên kiểu hình là chủ yếu, có thể dễ bị nhiễu do tác động mạnh của các yếu tố môi trường ngoài. Vì vậy, các tính trạng nông học cần được quan sát và đánh giá thêm trong vụ kế tiếp để có cái nhìn bao quát hơn, tăng diện tích lấy mẫu và số lần lặp lại để nhằm giảm độ biến động trong phân tích. Đồng thời sử dụng kết hợp với các chỉ thị phân tử để thẩm định lại các dòng này một cách chắc chắn hơn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Foley JA, Ramankutty N, Brauman KA, Cassidy ES, Gerber JS, Johnston M, Mueller ND, O'Connell C, Ray DK, West PC. (2011). Solutions for a cultivated planet. *Nature* 478, 337–342.
2. Ray DK, Mueller ND, West PC, Foley JA. (2013) Yield Trends Are Insufficient to Double Global Crop Production by 2050. *PLoS ONE* 8(6): e66428. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066428>.
3. Collard BCY, Gregorio GB, Thomson MJ, Islam MR, Vergara GV, Laborte AG., Nissila E, Kretschmar T, Cobb JN. (2019). Transforming rice breeding: re- designing the irrigated breeding pipeline at the International Rice Research Institute (IRRI). *Crop Breed Genet. Genomics* 1, 1-19.
4. Li R, Li M, Ashraf U, Liu S, Zhang J. (2019). Exploring the relationships between yield and yield-related traits for rice varieties released in China from 1978 to 2017. *Front. Plant Sci.* 10, 543.
5. Atlin G. (2003). Improving drought tolerance by selecting for yield. In: *Breeding rice for drought-prone environments*. International Rice Research Institute, Los Banos, Philippines, p. 14.
6. Smith HF. (1936). A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.* 7, 240–250.
7. Hazel LN. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28, 476-490.
8. Standard Evaluation System for Rice (SES). (2013). International Rice Research Institute (IRRI). <http://www.knowledgebank.irri.org/images/docs/rice-standard-evaluation-system.pdf> (Ngày truy cập: 02-3-2022)
9. Lozano-Isla, F. (2023). inti: Tools and Statistical Procedures in Plant Science. The R Project for Statistical Computing. <https://CRAN.R-project.org/package=inti> (Ngày truy cập: 20-4-2023).
10. Wei T, Simko V. (2021). R package 'corrplot': Visualization of a Correlation Matrix. (Version 0.92). The R Project for Statistical Computing. <https://github.com/taiyun/corrplot> (Ngày truy cập: 10-2-2023).
11. Galili T. (2023). Introduction to dendextend. *Bioinformatics*. <https://cran.r-project.org/web/packages/dendextend/vignettes/dendextend.html> (Ngày truy cập: 05-3-2023).
12. Mendiburu F, and Yaseen M. (2020). agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. The R Project for Statistical Computing. <https://myaseen208.github.io/agricolae/> <https://cran.r-project.org/package=agricolae> (Ngày truy cập: 10-12-2022)
13. Rosseel Y. (2012). "lavaan: An R Package for Structural Equation Modeling." *Journal of Statistical Software*, 48(2), 1–36. doi:10.18637/jss.v048.i02.
14. Goyani Z. (2022). Data Analysis with selection.index. The R Project for Statistical Computing. <https://cran.rproject.org/web/packages/selection.index/vignettes/Examples.html> (Ngày truy cập: 15-5-2023).
15. Ata-Ul-Karim ST, Begum H, Lopena V, Borromeo T, Virk P, Hernandez JE, Gregorio GB, Collard BCY, Kato Y. (2022). Genotypic variation of yield-related traits in an irrigated rice breeding program for tropical Asia. *Crop and Environment*. Volume 1, Issue 3, September 2022, Pages 173-181. <https://doi.org/10.1016/j.crope.2022.08.004>.

**UTILIZING PHENOTYPIC SELECTION INDICES FOR SELECTING
HIGH-YIELDING RICE VARIETIES**

**Nguyen Thuy Kieu Tien¹, Chau Thanh Nha², Nguyen Khac Thang¹,
Vo Thanh Toan¹, Ta Hong Linh³, Tran Ngoc Thach¹,
Shoba Venkatanagappa⁴, Vo Thi Tra My⁵**

¹ *Cuu Long delta Rice Research Institute (CLRR)*

² *College of Agriculture, Can Tho University (CTU)*

³ *Vietnam Academy of Agricultural Sciences (VAAS)*

⁴ *International Rice Research Institute (IRRI)*

⁵ *Loc Troi Agricultural Research Institute (LTARI)*

Summary

The selection of elite rice varieties with high yields is a mandatory criterion to ensure food security. Accurately assessing and predicting yield and yield-related traits in the development and release of new rice varieties is a challenging process that involves rigorous analytical and experimental procedures. In this study, the phenotypic selection index is employed to analyze a set of 27 elite rice lines obtained from the IRRI-ASEAN RiceNet project. The results revealed significant genetic variations among all the examined rice varieties. The H_{bs}^2 exhibited a wide range of values, spanning from 23% to 93% across the varieties. The correlation coefficient analysis reveals a positive and significant relationship between spikelet fertility and grain yield. The cluster analysis demonstrates the division of the eight traits into six distinct major groups. The path analysis revealed that the traits influencing the positive and direct effect on grain yield exhibited values ranging from 0.10 to 0.31. Based on the SI, the study selected two elite lines, 4.03 (SV1058) and 7.62 (SV1951), with average yields of 5.88 and 5.62 tons/ha, respectively. The two chosen lines displayed relatively high tolerance for significant pests and diseases. They exhibited a short time duration to flowering of 85% (the A1 group), which was well-received in terms of their phenotypic characteristics. This valuable material can contribute to being a new source for crossbreeding new rice varieties, evaluating future ecological regions, and eventually releasing improved rice varieties.

Keywords: *ASEAN RiceNet, IRRI, Path analysis, phenotypic selection index (SI).*

Người phản biện: GS.TS. Bùi Chí Bửu

Ngày nhận bài: 25/5/2023

Ngày thông qua phản biện: 22/6/2023

Ngày duyệt đăng: 21/7/2023