

XÁC ĐỊNH SỰ KHÁC BIỆT DI TRUYỀN GIỮA CAM SÀNH BỐ HẠ VÀ CÁC GIỐNG CAM QUÝT KHÁC KHU VỰC PHÍA BẮC VIỆT NAM

Nguyễn Tiến Dũng², Tống Hoàng Huyền¹, Nguyễn Văn Duy²,
Lã Văn Hiến², Bùi Tri Thức², Khoàng Lù Phạ²,
Bùi Quang Đăng³, Ngô Xuân Bình².

TÓM TẮT

Mười chỉ thị RAPD và 3 chỉ thị ISSR được sử dụng để phân tích đa dạng di truyền của 32 mẫu giống cam quýt thu thập ở khu vực miền Bắc Việt Nam, trong đó có 04 mẫu cam sành Bồ Hạ. Kết quả phân tích cho thấy, các mẫu giống cam quýt có sự đa hình cao về mặt di truyền và được chia thành 2 nhóm chính, nhóm I và II, trong đó nhóm II gồm 4 nhóm phụ IA1, IA2, IB1 và 1 B2. Cam sành Bồ Hạ thuộc nhóm phụ phát sinh riêng biệt so với cam sành Hàm Yên, cam sành Hà Giang. Hệ số khác biệt di truyền giữa nhóm phụ phát sinh cam sành Bồ Hạ và nhóm phụ phát sinh cam sành Hàm Yên, cam sành Hà Giang là 0,25 (hệ số tương đồng di truyền là 0,75). Kết quả nghiên cứu cho thấy, giống cam sành Bồ Hạ có nguồn gốc phát sinh và đặc điểm di truyền khác biệt so với giống cam sành Hàm Yên và cam sành Hà Giang và các giống cam quýt khác, là cơ sở khoa học phục vụ tái cơ cấu cây trồng và phát triển giống cam sành Bồ Hạ khu vực miền núi phía Bắc Việt Nam.

Từ khóa: Cam sành Bồ Hạ, RAPD, ISSR, đa dạng di truyền

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây có múi nói chung (*Citrus* spp.) là một trong những loại cây ăn quả được trồng phổ biến ở Việt Nam và trên Thế giới, với tổng sản lượng toàn cầu năm 2019 đạt khoảng 158,9 triệu tấn (FAOSTAT, 2020). Ở nước ta, theo Cục Trồng trọt, Bộ Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn, diện tích trồng cây có múi năm 2019 đạt tới trên 256,8 nghìn ha trong đó diện tích trồng cam là 54,5 nghìn ha, sản lượng đạt 488 nghìn tấn. Với giá trị dinh dưỡng cao và giá thành hợp lý, cam, quýt là sự lựa chọn của nhiều người. Hiện nay, rất nhiều loại cam, quýt xuất hiện trên thị trường Việt Nam cũng như thế giới do quá trình lai tạo của con người nhằm phục vụ các yêu cầu mà chúng ta đề ra.

Giống cam sành Bồ Hạ (Yên Thế - Bắc Giang) có lịch sử trồng lâu đời gắn với sự có mặt của người Pháp thế kỷ 19 và được trồng, phát triển tốt tại vùng Yên Thế, Bắc Giang với diện tích trước năm 1980 lên đến hơn 1.000 ha. Cam sành Bồ Hạ đã từng là sản phẩm hàng hóa có thương hiệu nổi tiếng trong và ngoài nước. Tuy nhiên, sau giai đoạn những năm 1980, do sâu, bệnh hại tàn phá, thương hiệu cam nổi tiếng này dần bị mất đi. Trên cơ sở điều tra và đã xác định được một số cây cam sành Bồ Hạ còn sót lại ở vùng trồng Yên Thế - Bắc

Giang, để bảo tồn, khai thác phát triển nguồn gen cam sành Bồ Hạ, bên cạnh việc chọn lọc lưu giữ giống sạch bệnh, rất cần thiết phải xác định mức độ liên quan di truyền giữa cam sành Bồ Hạ với các giống cam sành Hàm Yên và các giống cam quýt khác đang được trồng ở Việt Nam. Nội dung của bài báo trình bày kết quả nghiên cứu “Phân tích đa dạng di truyền xác định sự khác biệt di truyền giữa cam sành Bồ Hạ và các giống cam quýt khác khu vực phía Bắc Việt Nam”, kết quả nghiên cứu là cơ sở khoa học phục vụ tái cơ cấu cây trồng và phát triển giống cam sành Bồ Hạ khu vực miền núi phía Bắc Việt Nam.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu nghiên cứu là 32 mẫu cam quýt gồm 4 mẫu cam sành Bồ Hạ, 1 mẫu cam chanh Bồ Hạ, 11 mẫu cam sành Hàm Yên và một số mẫu giống cam quýt khác đang được trồng tại khu vực miền Bắc Việt Nam (Bảng 1).

- Các môi sử dụng nghiên cứu được thiết kế dựa trên nghiên cứu của tác giả Oliveira và cộng tác viên (2010), thông tin của môi được trình bày trong bảng 2.

¹ Nghiên cứu sinh, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

² Trường Đại học Nông Lâm Thái Nguyên

³ Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

* Tác giả liên hệ: E-mail: tonghuyencaqbg@gmail.com

Bảng 1. Danh sách các mẫu giống cam quýt được sử dụng trong nghiên cứu

TT	Tên mẫu	Ký hiệu	Nơi thu thập	TT	Tên mẫu	Ký hiệu	Nơi thu thập
1	Cam sành Bồ Hạ số 1	CS1	Bắc Giang	17	Cam chín muộn V2	V2-1	TTNC & PTCCM
2	Cam sành Bồ Hạ số 2	CS2		18	Cam chín sớm	CS	
3	Cam sành Bồ Hạ số 3	CS4		19	Cam Canh	C2	
4	Cam sành Bồ Hạ số 4	CS5		20	Cam sành Hà Giang	HG	
5	Cam chanh Bồ Hạ	CBH		21	Cam ruột đỏ	Cr	
6	Quýt sen	QS	ĐHNL	22	Cam sành Hàm Yên S _o 1	HY1	TTCAQHY
7	Cam V2	V2		23	Cam sành Hàm Yên S _o 2	HY2	
8	Cháp	CH		24	Cam sành Hàm Yên S _o 3	HY3	
9	Cam Vinh	CV		25	Cam sành Hàm Yên S _o 4	HY4	
10	Cam chanh	CC		26	Cam sành Hàm Yên S _o 9	HY9	
11	Cam chín sớm, ít hạt	BH	TTNC & PTCCM	27	Cam sành Hàm Yên S _o 12	HY12	
12	Quýt ngọt	QN		28	Cam sành Hàm Yên S _o 13	HY13	
13	Quýt Ôn Châu	QO		29	Cam sành Hàm Yên S _o 14	HY14	
14	Cam Xã Đoài Cao Phong	CP		30	Cam sành Hàm Yên S _o 17	HY17	
15	Cam Xã Đoài Nghệ An	NA		31	Cam sành Hàm Yên S _o 19	HY19	
16	Cam chín sớm C36	C36		32	Cam sành Hàm Yên S _o 20	HY20	

Ghi chú: ĐHNL: Trường Đại học Nông Lâm; TTNC&PTCCM: Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển cây có múi - Viện nghiên cứu Rau quả, Bộ Nông nghiệp & PTNT; TTCAQHY: Trung tâm Cây ăn quả huyện Hàm Yên, Tuyên Quang.

Bảng 2. Trình tự các môi RAPD và ISSR sử dụng trong nghiên cứu

TT	Kí hiệu môi	Loại chỉ thị	Trình tự (5' - 3')	Giá trị Tm (°C)
1	ISSR-T1	ISSR	(GT) ₆ CC	43,7
2	ISSR-T2		(CT) ₆ TG	40,8
3	ISSR-T3		(AC) ₆ CG	43,7
4	OPT-01	RAPD	GGGCCACTCA	34,0
5	OPA-04		AATCGGGCTG	32,0
6	OPO-04		AAGTCCGCTC	32,0
7	OPA-08		GTGACGTAGG	32,0
8	OPC-08		TGGACCGGTG	34,0
9	OPM-13		(GGT) ₂ CAAG	32,0
10	OPG-16		AGCG(TCC) ₂	34,0
11	OPG-17		ACGACC(GA) ₂	32,0
12	OPB-18		C(CA) ₂ GCAGT	32,0
13	OPQ-18		GGGCCACTCA	34,0

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Phân tích đa dạng di truyền một số mẫu giống cam quýt địa phương ở Việt Nam bằng chỉ thị RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) và ISSR (Inter - Simple Sequence Repeat).

- Tách chiết DNA tổng số: DNA tổng số của các mẫu lá cam, quýt được tách dựa trên phương pháp của Doyle and Doyle (1990) có biến đổi nhỏ để phù hợp với phòng thí nghiệm. Sản phẩm tách chiết DNA tổng số được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1,0%.

- Phản ứng RAPD, ISSR được tiến hành với các môi ngẫu nhiên theo phương pháp của Malik (Malik *et al.*, 2012). Thành phần của mỗi phản ứng PCR bao gồm như sau: 5,0 μ L 10X PCR buffer; 3,0 μ L $MgCl_2$ (25 mM); 3,5 μ L dNTPs (2,5 mM); 2,0 μ L primer (10 μ M); 0,4 μ L Taq DNA Polymerase (5U/ μ L); 5,0 μ L DNA khuôn và 31,1 μ L H_2O khử ion. Điều kiện chu trình nhiệt của phản ứng gồm 1 chu kỳ biến tính ban đầu ở 94°C trong 5 phút, 40 chu kỳ khuếch đại gồm các bước biến tính ở 94°C trong 30 giây, gắn mỗi ở 35 - 40°C trong 30 giây tùy mỗi và kéo dài mỗi ở 72°C trong 1,0 phút; 1 chu kỳ kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 3 phút. Bảo quản mẫu ở 4°C. Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 2,5%.

- Phân tích đa hình: Các sản phẩm PCR trên gel agarose được coi là đồng hình nếu xuất hiện cùng phân đoạn DNA (băng DNA) ở tất cả các mẫu, sản phẩm PCR xuất hiện riêng biệt ở các mẫu (xuất

hiện ở mẫu này nhưng không xuất hiện ở mẫu khác) được gọi là băng dị hình. Phân tích đa dạng di truyền trên sơ đồ hình cây và xác định khoảng cách di truyền của các giống được thiết lập bằng phần mềm NTSYSpc 2.1.

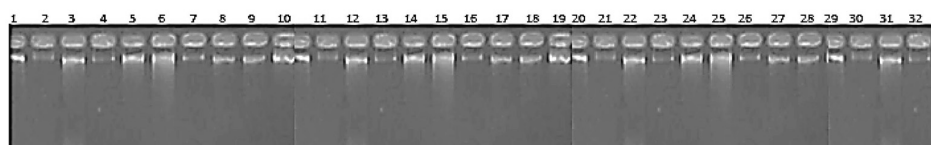
2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện trong thời gian từ năm 2020 đến năm 2021 tại Phòng thí nghiệm, Khoa Công nghệ sinh học và Công nghệ thực phẩm, trường Đại học Nông Lâm, Đại học Thái Nguyên.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Tách chiết DNA tổng số từ mẫu lá nghiên cứu

Ba mươi hai mẫu cam quýt thu thập được tách chiết DNA tổng số từ lá non, kết quả điện di kiểm tra sản phẩm tách chiết trên gel agarose 1,0% được thể hiện trong hình 1.



Hình 1. Kết quả điện di kiểm tra DNA tổng số của các mẫu cam quýt thu thập

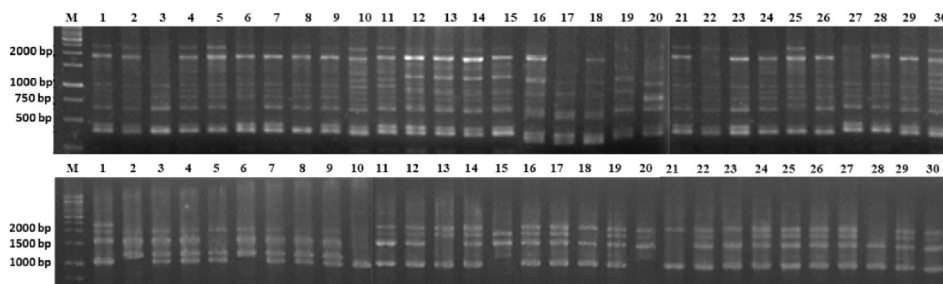
Ghi chú: Đường chạy từ 1 - 32 lần lượt là các mẫu nghiên cứu theo thứ tự như ở bảng 1.

Kết quả điện di kiểm tra sản phẩm tách chiết DNA tổng số trong hình 1 cho thấy, cả 32 mẫu phân tích đều cho 1 băng DNA sáng, rõ, không đứt gãy, kết quả phân tích nồng độ DNA tổng số cho thấy nồng độ DNA của các mẫu dao động từ 27,5 - 35,5 ng/ μ L, tỷ số OD_{260}/OD_{280} dao động trong khoảng 1,85 - 1,95. Như vậy, có thể kết luận đã tách chiết thành công DNA tổng số từ các mẫu cam quýt thu thập, DNA tổng số đủ hàm lượng và độ tinh sạch để thực hiện các nghiên cứu về phân tích đa dạng di truyền

bằng chỉ thị phân tử.

3.2. Kết quả phân tích đa hình sản phẩm PCR với các môi RAPD và ISSR

Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng 13 chỉ thị phân tử DNA trong đó có 10 chỉ thị RAPD và 3 chỉ thị ISSR để đánh giá đa dạng di truyền các mẫu cam quýt thu thập. Kết quả điện di kiểm tra sản phẩm PCR được minh họa ở hình 2 và kết quả điện di thu được được tổng hợp ở bảng 3.



Hình 2. Điện di kiểm tra sản phẩm PCR với môi (RAPD) OPA-08 (trên) và môi ISSR-T1 (dưới)

Ghi chú: M: Thang chuẩn DNA, đường chạy từ 1 - 30: là các mẫu nghiên cứu.

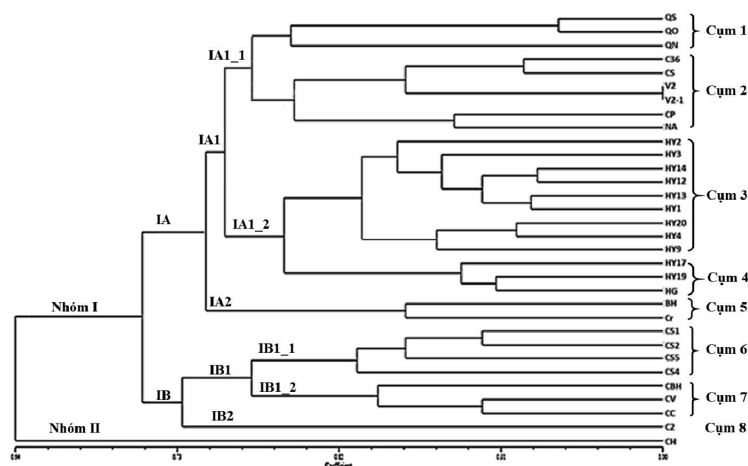
Bảng 3. Tỷ lệ sự phân đoạn đa hình sử dụng các chỉ thị phân tử RADP và ISSR

STT	Tên môi	Tổng số phân đoạn được khuếch đại	Số phân đoạn đa hình	Tỷ lệ (%) phân đoạn đa hình
1	OPA-08	11	11	100
2	OPB-18	14	14	100
3	OPC-08	12	12	100
4	OPG-16	13	13	100
5	OPG-17	12	12	100
6	OPM-13	12	12	100
7	OPA-04	13	13	100
8	OPO-04	12	12	100
9	OPQ-18	10	10	100
10	OPT-01	10	10	100
11	ISSR-T1	5	5	100
12	ISSR-T2	6	6	100
13	ISSR-T3	9	9	100
Tổng		139	139	100

Kết quả phân tích từng cặp môi tại bảng 3 cho thấy, cả 13 chỉ thị phân tử sử dụng đều cho kết quả đa hình 100%. Không xuất hiện các phân đoạn đồng hình ở toàn bộ 32 mẫu phân tích. Kết quả phân tích cũng cho thấy, các chỉ thị RAPD cho tổng số phân đoạn đa hình dao động từ 10 phân đoạn (mỗi OPQ-18 và OPT-01) đến 14 phân đoạn (mỗi OPB-18), các chỉ thị ISSR cho số phân đoạn đa hình dao động từ 5 - 9 phân đoạn.

Trong nghiên cứu của Malik và cộng tác viên (2012) sử dụng cùng chỉ thị RAPD này trên các giống cam ngọt của Ấn Độ cho thấy, số tổng số

bảng sản phẩm hình thành dao động từ 4 - 8, tỷ lệ băng đa hình dao động từ 0% đến 66,66%. Trong nghiên cứu trên 12 giống cam ngọt khác nhau lại cho số băng dao động từ 5 - 12 và tỷ lệ băng đa hình dao động từ 33,33% đến 100% (Sankar *et al.*, 2014). Vũ Văn Hiếu và cộng tác viên (2015) sử dụng các chỉ thị ISSR-T1, T2 và T3 phân tích đa dạng di truyền các mẫu giống cam sành tại Hà Giang lại cho tổng số DNA thu được là 286 băng trong tổng số 20 mẫu cam phân tích (trung bình là 14 băng/mẫu). Như vậy, có thể thấy rằng, sử dụng cùng bộ chỉ thị DNA trên các mẫu cam quýt khác nhau đều thể hiện tính đa hình cao.



Hình 3. Sơ đồ hình cây về mối quan hệ di truyền của 32 mẫu giống cam quýt nghiên cứu (coefficient: hệ số tương đồng di truyền)

Sơ đồ hình cây cho thấy, quan hệ di truyền được phân thành 2 nhóm chính (nhóm I và nhóm II), mẫu cam sành Bồ Hạ thuộc nhóm I cụm 6, nhóm cam sành Hàm Yên và Tuyên Quang thuộc nhóm I cụm 3 và 4.

Từ kết quả phân tích đa hình sử dụng các 10 chỉ thị phân tử RADP và 3 chỉ thị phân tử ISSR, sử dụng phần mềm NTSYSpc 2.1 để xây dựng sơ đồ hình cây phân nhóm di truyền và khoảng cách di truyền, sơ đồ hình cây thể hiện các nhóm di truyền của 32 mẫu cam, quýt được thể hiện trong hình 3. Sơ đồ mô tả quan hệ di truyền của 32 mẫu giống cam quýt tại hình 3 cho thấy, hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu cam nghiên cứu dao động trong khoảng từ 0,64 - 1,00; chứng tỏ rằng các mẫu cam có sự đa hình cao về mặt di truyền. 32 mẫu nghiên cứu được chia làm 2 nhóm chính là nhóm I và nhóm II. Nhóm II: Là mẫu cây chấp (CH), mẫu này nằm riêng biệt so với các mẫu còn lại. Khoảng cách di truyền với nhóm I là 0,36. Nhóm I: gồm 31 mẫu được chia làm 2 nhóm phụ: Nhóm phụ IA và nhóm phụ IB. Nhóm phụ IA gồm 23 mẫu cam, quýt được chia tiếp thành 2 cụm IA1-1 và IA1-2 có sự sai khác di truyền là 0,26 (hệ số tương đồng di truyền của 2 cụm là 0,74). Cụm IA1-1 bao gồm cụm 1 và cụm 2. Trong cụm 1 có 3 giống quýt gồm QS, QO và QN và cụm 2 gồm 6 mẫu cam C36, CS, V2, V2-1, CP và NA. Mẫu V2 và V2-1 có hệ số di truyền là 1,0 chứng tỏ 2 mẫu này tương đồng 100%. Mẫu cam C36 và cam sành CS có hệ số tương đồng di truyền là 0,93. Mẫu cam CP, NA có hệ số tương đồng di truyền là 0,88. Toàn bộ 11 mẫu cam sành Hàm Yên và 1 mẫu cam sành Hà Giang nằm trong cụm 3 và cụm 1 thuộc cụm IA1-2. Cụm IA2 gồm 2 mẫu cam chín sớm BH và cam ruột đỏ (Cr) với hệ số tương đồng di truyền của 2 mẫu này là 0,85. Đây là mẫu cam không hạt hoặc ít hạt. Nhóm phụ IB: bao gồm 8 mẫu cam được chia thành 2 cụm (cụm IB1 và cụm IB2) có sự sai khác di truyền là 0,27 (hệ số tương đồng di truyền của 2 nhóm phụ là 0,73). Cụm IB1 được chia thành 2 cụm IB1-1 và IB1-2 gồm có 7 mẫu, trong đó 4 cam sành Bồ Hạ CS1, CS2 và CS4, CS5 thuộc một cụm riêng (cụm 6) và 3 mẫu gồm cam chanh Bồ Hạ CBH, cam Vinh CV, cam chanh CC thuộc cụm 7. Trong cụm 6, hai mẫu cam sành Bồ Hạ CS1 và CS2 và 2 mẫu cam CV và CC có hệ số tương đồng di truyền là 0,90, mẫu cam sành Bồ Hạ CS5 có hệ số tương đồng với 2 mẫu CS1 và CS2 là 0,84. Mẫu cam chanh Bồ Hạ CBH có hệ số tương đồng di truyền với mẫu cam Vinh CV

và cam chanh CC là 0,83. Cụm IB2 chỉ có 1 mẫu duy nhất là cam Canh C2.

Từ kết quả trên cho thấy, cam sành Bồ Hạ và cam sành Hàm Yên, cam sành Hà Giang thuộc 2 nhóm phát sinh khác nhau với hệ số tương đồng di truyền là 0,75. Trong nghiên cứu đánh giá đa dạng di truyền của 36 mẫu giống cam địa phương Việt Nam bằng chỉ thị SSR của Lê Thị Thu Trang và cộng tác viên (2021) cũng đã xác định được cam sành Bồ Hạ là phân nhóm tách riêng với so với các giống cam còn lại của Việt Nam.

IV. KẾT LUẬN

Tổng số 32 mẫu giống cam quýt nghiên cứu có sự đa hình cao về mặt di truyền và được chia thành 2 nhóm chính gồm: nhóm I và nhóm II. Nhóm II gồm 4 nhóm phụ 1A1, 1A2, 1B1 và 1B2. Trong đó, cam sành Bồ Hạ nhóm phụ phát sinh riêng khác biệt với cam sành Hàm Yên và cam sành Hà Giang. Nhóm phụ phát sinh cam sành Bồ Hạ có sự sai khác di truyền với nhóm phụ phát sinh cam sành Hàm Yên và cam sành Hà Giang là 0,25 (hệ số tương đồng di truyền của 2 nhóm phụ là 0,75). Kết quả nghiên cứu là cơ sở khoa học phục vụ bảo tồn và phát triển giống cam sành Bồ Hạ khu vực miền núi phía Bắc Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- FAOSTAT, 2020. Ngày truy cập 20/3/2022, địa chỉ: <http://www.fao.org/faostat/en/#data>.
- Vũ Văn Hiếu, Nông Thị Huệ, Nguyễn Thị Oanh, Ninh Thị Thảo, Vũ Quang Sáng và Nguyễn Thị Phương Thảo, 2015. Phân tích đa dạng di truyền của các mẫu giống cam sành tại Hà Giang bằng chỉ thị RAPD và ISSR. *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, 13(6): 867-875.
- Lê Thị Thu Trang, Khuất Hữu Trung, Đàm Thị Thu Hà, Kiều Thị Dung, Lê Tuấn Nghĩa, Hoàng Trọng Cảnh, 2021. Đánh giá đa dạng di truyền một số giống cam địa phương ở Việt Nam bằng chỉ thị SSR. *Tạp chí Nông nghiệp & PTNT* - kỳ 2: 107-112.
- Doyle J.J. and Doyle J.L., 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- Malik S.K., Rohini M.R., Kumar S., Ravish Choudhary R., Pal D. and Rekha Chaudhury, 2012. Assessment of genetic diversity in sweet orange [*Citrus sinensis* (L.) Osbeck] cultivars of Indian using morphological and RAPD markers. *Agricultural Research*, 1(4): 317-324.
- Oliveira E.C., Amaral Júnior A.T., Gonçalves L.S.A., Pena G.F., Freitas Júnior S.P., Ribeiro R.M.,

Pereira M.G., 2010. Optimizing the efficiency of the touchdown technique for detecting inter-simple sequence repeat markers in corn (*Zea mays*). *Genetic and Molecular Research*, 9(2): 835-842.

Sankar T.G., Gopi V., Deepa B. and Gopal K., 2014. Genetic diversity analysis of sweet orange (*Citrus sinensis* Osbeck) varieties/clones through RAPD markers. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 3(4): 75-84.

Identification of genetic dissimilarity between "Bo Ha" orange variety and other citrus varieties in Northern Vietnam

Nguyen Tien Dung, Tong Hoang Huyen, Nguyen Văn Duy,
La Van Hien, Bui Tri Thuc, Khoang Lu Pha,
Bui Quang Dang, Ngo Xuan Binh

Abstract

Ten RAPD and 3 ISSR markers were used to analyze the genetic diversity of 32 citrus accessions collected in Northern Vietnam, including 04 accessions of Bo Ha king mandarin. The analysis results showed that the citrus cultivars with high genetic polymorphism and were divided into 2 main groups: group I and II, in which group II consisted of 4 subgroups IA1, 1A2, 1B1 and 1B2. Bo Ha king mandarin belongs to a subgroup that arises separately from Ham Yen and Bo Ha king mandarin. Genetic dissimilarity coefficient between the subgroup of Bo Ha king mandarin and the subgroups of Ham Yen and Bo Ha king mandarin is 0.25 (genetic similarity coefficient is 0.75). The study results showed that Bo Ha king mandarin variety has a phylogenetic origin and different genetic characteristics compared to Ham Yen king mandarin and Bo Ha king mandarin and other citrus cultivar, which is a scientific basis for crop restructuring and development of Bo Ha king mandarin cultivar in Northern mountainous region of Vietnam.

Keywords: Bo Ha king mandarin variety, RAPD, ISSR, genetic diversity

Ngày nhận bài: 23/3/2022

Người phản biện: PGS.TS. Khuất Hữu Trung

Ngày phản biện: 30/3/2022

Ngày duyệt đăng: 28/4/2022

KẾT QUẢ ĐÁNH GIÁ MỘT SỐ DÒNG/GIỐNG LÚA GẠO MÀU TẠI TỈNH NAM ĐỊNH

Nguyễn Thị Hoa^{1*}, Phạm Hùng Cường¹,
Trần Văn Quang², Hoàng Thị Nga¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu tiến hành đánh giá các tính trạng hình thái nông học và chất lượng của 10 dòng/giống lúa gạo màu. Thí nghiệm được bố trí theo khối hoàn toàn ngẫu nhiên (RCBD) với 3 lần nhắc tại xã Hải Đường, huyện Hải Hậu, tỉnh Nam Định. Kết quả đã tuyển chọn được dòng lúa NCT.30 (ký hiệu 151) và giống Cẩm Tuyền (ký hiệu 444) đáp ứng các mục tiêu đề ra. Dòng NCT.30 có thời gian sinh trưởng (TGST) 123 ngày ở vụ Xuân và 109 ngày ở vụ Mùa, năng suất thực thu (NSTT) ở vụ Xuân là 45,11 tạ/ha, vụ Mùa là 44,24 tạ/ha. Khối lượng 1.000 hạt 27,5g, hàm lượng protein 10,1%, amylose 7,3%, độ bền thể gel 86 mm, anthocyanin 360mg/100 g. Giống Cẩm Tuyền có TGST 130 ngày trong vụ Xuân và 110 ngày trong vụ Mùa, NSTT ở vụ Xuân là 43,77 tạ/ha, vụ Mùa là 41,28 tạ/ha. Khối lượng 1.000 hạt là 22,5 g, hàm lượng protein 9,0%, amylose 8,6%, độ bền thể gel 76 mm, anthocyanin 280 mg/100 g. Các dòng/giống được chọn đều đạt tỷ lệ gạo nguyên cao (80%), màu sắc gạo lật đen, có nhiệt độ hóa hồ trung bình thấp, chất lượng cơm mềm ngon, thơm.

Từ khóa: Lúa gạo màu, đánh giá, năng suất, chất lượng

¹ Trung tâm Tài nguyên thực vật;

² Học viện Nông nghiệp Việt Nam

* Tác giả liên hệ: E-mail: nguyenhua.hd87@gmail.com