

Chọn tạo dòng lúa F2 mang gen Pi-ta kháng bệnh đạo ôn và có khối lượng 1000 hạt cao

Phạm Ân Tình, Nguyễn Thanh Dự, Nguyễn Văn Toàn, Tống Thị Thùy Trang,
Nguyễn Phạm Ngọc Diệp, Trần In Đô, Nguyễn Lộc Hiền, Huỳnh Kỳ*

Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ

Selection of F2 rice lines incorporating the Pi-ta gene for resistance to leaf blight and improved 1000-grain weight

Pham An Tinh, Nguyen Thanh Du, Nguyen Van Toan, Tong Thi Thuy Trang,
Nguyen Pham Ngoc Diep, Tran In Do, Nguyen Loc Hien, Huynh Ky*

College of Agriculture, Can Tho University

*Corresponding author: hky@ctu.edu.vn

<https://doi.org/10.55250/jo.vnuf.14.4.2025.031-037>

TÓM TẮT

Lúa là cây lương thực quan trọng toàn cầu, để đáp ứng nhu cầu an ninh lương thực trong tương lai thì việc nâng cao năng suất và đảm bảo nguồn cung bền vững là vô cùng cần thiết. Tuy nhiên, bệnh đạo ôn xuất hiện trong thời gian gần đây đã ảnh hưởng nghiêm trọng đến năng suất và chất lượng. Trong nghiên cứu, giống lúa MTL859 và OM7347 được chọn để làm vật liệu lai tạo với mục tiêu chọn ra dòng lúa vừa mang kiểu gen kháng đạo ôn và có khối lượng 1000 hạt cao thông qua chỉ thị phân tử. Kết quả đánh giá kiểu gen vật liệu khởi đầu về kiểu gen và kiểu hình cho thấy giống OM7347 có khả năng kháng bệnh đạo ôn và mang kiểu gen Pi-ta kháng đạo ôn, trong khi MTL859 mang kiểu gen và có khối lượng 1000 hạt cao. Kết quả đánh giá quần thể phân ly F2 có khối lượng 1000 hạt trung bình là 27,33 g. Trong đó, 159 cá thể chiếm 96,95% quần thể có khối lượng 1000 hạt cao hơn giống OM7347. Thông qua đánh giá dựa trên kiểu gen và kiểu hình chọn được 19 cá thể có các đặc tính mong muốn và tiến hành đánh giá kiểu gen kháng đạo ôn và khối lượng 1000 hạt. Kết quả chọn được 15 cá thể mang cả hai kiểu gen về khả năng kháng đạo ôn và khối lượng 1000 hạt cao ở thế hệ F2. Kết quả này là tiền đề cho công tác chọn tạo tiếp theo.

ABSTRACT

Rice is a crucial global staple, and to address future food security needs, it is imperative to enhance productivity and ensure a sustainable supply. Nonetheless, the recent emergence of blast disease has significantly impacted both yield and quality. The research involved selecting the rice cultivars MTL859 and OM7347 as breeding materials to identify rice lines with both the blast-resistant genotype and a high 1000-grain weight via molecular markers. The genotyping assessment of the first materials indicates that the OM7347 variety exhibits resistance to blast disease and possesses the Pi-ta genotype, whereas MTL859 has a high 1000-grain weight. The examination of the F2 segregating population revealed an average 1000-grain weight of 27.33 g. Of the total, 159 individuals, representing 96.95% of the population, had a 1000-grain weight surpassing that of the OM7347 variety. Nineteen individuals exhibiting favorable features were selected based on selection efficiency, and their genotypes for blast resistance and 1000-grain weight were evaluated. The results identified 15 individuals possessing both genotypes for blast resistance and elevated 1000-grain weight in the F2 generation. This outcome serves as a basis for subsequent breeding efforts.

Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 21/02/2025

Ngày phản biện: 02/04/2025

Ngày quyết định đăng: 30/05/2025

Từ khóa:

Đạo ôn, lúa, năng suất, Pi-ta.

Keywords:

Blast disease, *Oryza sativa* L,

Pi-ta, Yield.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh đạo ôn gây ảnh hưởng nghiêm trọng đến sản xuất lúa, làm giảm trực tiếp đến năng suất và chất lượng hạt gạo, đồng thời tăng chi phí canh tác. Khi dịch bệnh bùng phát, năng suất lúa có thể giảm từ 10-50%, thậm chí lên đến 80% trong điều kiện thuận lợi khi nấm phát triển [1]. Lúa khi bị nhiễm đạo ôn sẽ dẫn đến hạt lép, nhỏ, không đạt tiêu chuẩn, gây thiệt hại kinh tế lớn, đặc biệt tại các quốc gia phụ thuộc nhiều vào sản xuất lúa. Ngoài ra, người nông dân phải tăng cường sử dụng thuốc bảo vệ thực vật và áp dụng biện pháp phòng ngừa, làm gia tăng chi phí sản xuất. Các nghiên cứu trong và ngoài nước về chọn tạo giống lúa kháng bệnh đạo ôn đã đạt được nhiều tiến bộ nhờ ứng dụng các gen kháng như *Pi-ta*, *Pi9*, và *Pi54* thông qua lai tạo truyền thống, chỉ thị phân tử (MAS) và công nghệ chỉnh sửa gen [2, 3]. Thông qua việc ứng dụng công nghệ sinh học và kỹ thuật di truyền. Trung Quốc đã phát triển các giống lúa mang gen *Pi9* và *Pi54*, nhờ áp dụng phương pháp lai tạo truyền thống kết hợp với chỉ thị phân tử (MAS) để cải thiện hiệu quả và tính ổn định tính kháng đạo ôn của các giống lúa [4]. Ấn Độ tập trung khai thác các gen kháng từ giống lúa dại (*Oryza rufipogon*) và ứng dụng công nghệ chỉnh sửa gen CRISPR/Cas9 để tạo ra

các giống lúa không chỉ kháng bệnh và tăng năng suất [5].

Một trong những yếu tố cấu thành năng suất là việc tăng khối lượng 1000 hạt đóng góp rất lớn cho việc tăng năng suất. Nhiều nghiên cứu chọn tạo giống lúa có khối lượng 1000 hạt cao đã đạt nhiều thành tựu nhờ kết hợp giữa phương pháp lai tạo truyền thống, chỉ thị phân tử (MAS) và công nghệ chỉnh sửa gen. Ở Việt Nam, giống OM4900 được phát triển với hạt dài, lớn và năng suất cao nhờ tích hợp gen cải tiến [6]. Trên thế giới, giống IR64 được cải thiện với các gen GS3 và GW5 để tăng kích thước và trọng lượng hạt, trong khi Ấn Độ phát triển giống Samba Mahsuri bằng MAS, vừa nâng cao khối lượng hạt vừa giữ chất lượng gạo thơm ngon [7]. Do đó, đề tài thực hiện với mục tiêu chọn tạo dòng lúa F2 mang kiểu gen kháng đạo ôn và khối lượng 1000 hạt cao phục vụ công tác chọn giống trong tương lai.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Thí nghiệm được thực hiện trên tổ hợp lai MTL859/OM7347 được nhận từ Ngân hàng gen, Khoa Di truyền và Chọn giống cây trồng, Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ (Bảng 1).

Bảng 1. Danh sách giống lúa bố mẹ

TT	Giống	Cây mẹ	Cây bố
1	MTL859	IR86385-159-2-1-B	Jasmine85
2	OM7347	KhaoDawMali	BL

Nhận diện con lai từ tổ hợp MTL859/OM7347 và các dòng lúa có mang gen kháng bệnh đạo ôn

và gen quy định khối lượng 1000 hạt bằng chỉ thị phân tử.

Bảng 2. Danh sách primer nhận diện kiểu gen kháng đạo ôn và khối lượng 1000 hạt cao

Primer	Trình tự primer (5' đến 3')	Kích thước (bp)
Primer nhận diện gen <i>Pita</i> [8]		
<i>Pita</i> -I-F	CTCTGCCGTGGCTTCTATCTTTACTTG	230 – 201 -382
<i>Pita</i> -I-R	ATCAAGTCAGGTTGAAGATGCATGGA	
<i>Pita</i> -O-F	ATGGTTGATATACAATGGGTGGATTGG	
<i>Pita</i> -O-R	CCCAGAAAATATAGGACCTCCCATTA	
Primer nhận diện gen <i>TGW6</i> [9]		
CAPs6-1-F	CCACAGCCACAACGAGAAT	590 – 372 - 217
CAPs6-1-R	ACCGTTCGGGTAGGTTATGT	

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp đánh giá vật liệu bố mẹ

Đánh giá khả năng mang gen kháng bệnh đạo ôn

Giống MTL859 và OM7347 được đánh giá khả năng kháng bệnh đạo ôn trong điều kiện nhà lưới. Mỗi giống gồm 10 chậu và mỗi chậu trồng một cây lúa. Nguồn nấm *Pyricularia oryzae* được nuôi cấy trong môi trường PDA khoảng 15 ngày trước khi tiến hành thí nghiệm. Các khuẩn lạc nấm ở dạng huyền phù, sau đó pha loãng và đếm trên buồng đếm hồng cầu, xác định mật độ ở khoảng 3×10^6 cfu/mL trong Tween 20 ở nồng độ 0,2%. Lúa sau khi được gieo 30 ngày thì đánh dấu 5 lá trên mỗi cây. Tiến hành lây nhiễm nấm *Pyricularia oryzae* với mật độ 3×10^6 cfu/mL trong Tween 20 ở nồng độ 0,2%, bằng cách phun qua lá (3 ml/cây). Sau khi chủng bệnh các chậu lúa được đặt trong điều kiện phòng trong 48 giờ. Thí nghiệm được tiến hành trong nhà lưới, mỗi chậu trồng 3 cây để thực hiện đánh giá trên 30 chậu [10]. Chỉ tiêu bệnh đạo ôn được ghi nhận ở thời điểm 7, 14 và 21 ngày sau khi chủng bệnh. Tại mỗi thời điểm quan sát, trên 5 lá đã đánh dấu, chiều dài, chiều rộng của từng lá, số lượng vết đạo ôn, chiều dài và chiều rộng của từng vết bệnh được đo và xác định bằng cấp bệnh [11].

Đánh giá khối lượng 1000 hạt

Khi số hạt trên bông chín trên 85% tiến hành thu hoạch. Hạt giống sẽ được sấy ở nhiệt độ 50°C trong 24 giờ sau đó cân khối lượng và đo ẩm độ 1000 hạt của từng giống với 10 lần lặp lại. Khối lượng 1000 hạt sẽ được quy về khối lượng ở ẩm độ 14% bằng công thức:

$$W_a * (100 - 14) = W_b * (100 - H_b)$$

Trong đó:

W_a: là khối lượng ở ẩm độ cần tính;

H_a: là ẩm độ cần tính (14%);

H_b: là ẩm độ đo được lúc cân;

W_b: là khối lượng ban đầu.

2.2.2 Phương pháp đánh giá kiểu gen

Ly trích DNA theo phương pháp CTAB [12]

Nhận diện gen kháng đạo ôn [8]

Nhận diện gen kháng đạo ôn thông qua phương pháp PCR bằng 4 đoạn primer Pita-O-

F, Pita-O-R, Pita-I-F, Pita-I-R (Bảng 2). Nhiệt độ và thời gian thích hợp theo chu kỳ như sau: biến tính DNA trong 5 phút ở 94°C, 30 giây ở 94°C tháo xoắn DNA tách thành 2 mạch đơn, nhiệt độ gắn mồi ở 55°C trong 30 giây, kéo dài chuỗi trong 30 giây ở 72°C, 5 phút ở 72°C giai đoạn tổng hợp mạch mới và sản phẩm được trữ ở 10°C trong 60 phút.

Nhận diện gen quy định khối lượng 1000 hạt [9].

Nhận diện gen quy định khối lượng 1000 hạt thông qua phương pháp PCR bằng 2 đoạn primer CAPs6-1-F và CAPs6-1-R (Bảng 2). Điều chỉnh nhiệt độ và thời gian thích hợp theo chu kỳ như sau: bắt đầu biến tính DNA trong 5 phút ở 94°C, 30 giây ở 94°C tháo xoắn DNA tách thành 2 mạch đơn, nhiệt độ gắn mồi ở 58°C trong 30 giây, kéo dài chuỗi trong 30 giây ở 72°C, 5 phút ở 72°C giai đoạn tổng hợp mạch mới và sản phẩm được trữ ở 100°C trong 60 phút. Sản phẩm PCR từ primer CAPs6-1 sẽ được cắt bằng enzyme BssHII. Một phản ứng với enzyme BssHII có thể tích là 10 µL. Tương ứng là 5 µL sản phẩm PCR, 1 µL (10 x buffer R), BssHII (10 U/µL) 0,25 µL, ddH₂O 3,75 µL. Sau khi trộn, và ủ lại ở nhiệt độ 37°C từ 5-8 giờ. Sản phẩm PCR trên gel agarose 2% và ghi nhận kết quả.

2.3. Phương pháp xử lý số liệu

Phân tích dữ liệu thông qua: Microsoft Office Excel 2013, 0 phần mềm SPSS để phân tích thống kê, R-studio:

(<https://Rstudio.com/products/Rstudio/download/>).

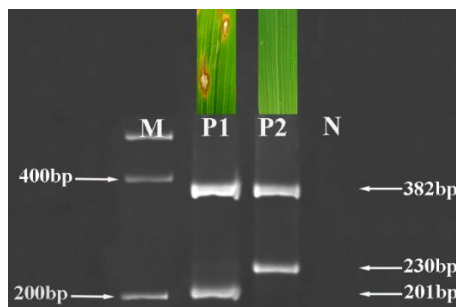
3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh giá kiểu gen và kiểu hình của vật liệu bố mẹ

Đặc tính kháng bệnh đạo ôn của giống MTL859 và OM7347 được đánh giá bằng phương pháp chuẩn nấm đạo ôn (*Pyricularia oryzae*) nhân tạo, kết quả đã ghi nhận giống MTL859 nhiễm bệnh ở mức cấp 5, trong khi giống OM7347 nhiễm bệnh ở mức cấp 1. Bên cạnh đó, kết quả nhận diện gen *Pi-ta* nhận thấy các giống khuếch đại được bằng hình có kích thước bằng hình 382 bp và 201 bp thì mang

kiểu gen mẫn cảm với bệnh đạo ôn. Trong khi đó các giống có kích thước băng hình 382 bp và 230 bp thì mang gen Pi-ta quy định tính kháng bệnh đạo ôn [8]. Như vậy, giống MTL859 khuếch đại bằng hình có kích thước 201 bp và

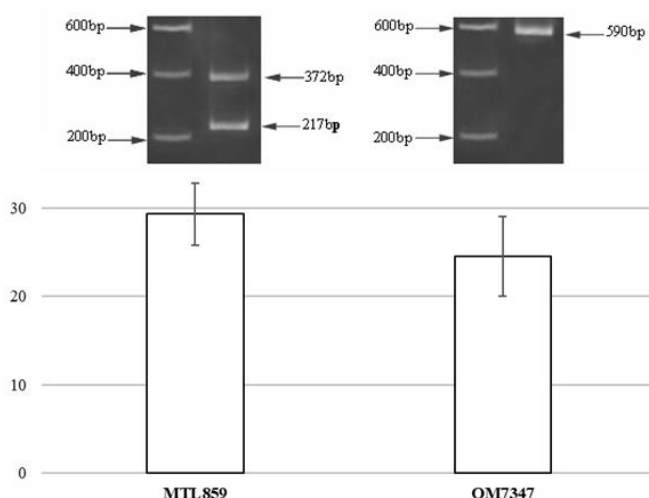
382 bp mang kiểu gen mẫn cảm với bệnh đạo ôn, giống OM7347 có kích thước băng hình là 230 bp và 382 bp mang kiểu gen kháng bệnh đạo ôn. Kết quả đánh giá giữa kiểu hình và kiểu gen phù hợp.



Hình 1. Kết quả đánh giá khả năng kháng bệnh đạo ôn của giống lúa bố mẹ
(M: thang chuẩn DNA (1kb.); P1: MTL859; P2: OM7347; N: mẫu âm)

Kết quả đánh giá khối lượng 1000 hạt của giống lúa làm bố và mẹ của tổ hợp MTL859/OM7347 trong điều kiện nhà lưới, cho thấy khối lượng 1000 hạt trung bình của MTL859 là 30,56 g và của OM7347 là 23,40 g. Đồng thời cá thể có mang gen *TGW6* qui định tính trạng khối lượng 1000 hạt của 2 giống lúa cũng được phân tích. Gen *TGW6* được tìm thấy ở cả nhóm lúa *Indica Kasalath* và *Japonica Nipponhare*. Nipponhare mang gen *TGW6* mã hóa protein thủy phân indole-3-acetic acid (IAA)-glucose thành IAA và glucose. Alen tương ứng ở họ Kasalath làm mất 1-bp gây mất chức năng, do đó làm tăng chiều dài và trọng lượng hạt [13]. Kết quả cho thấy giống MTL859 khuếch đại bằng hình 217 bp và 372 bp, giống

OM7347 khuếch đại bằng hình 590 bp. Các giống lúa có băng hình 217 bp và 372 bp thì mang gen *TGW6* qui định khối lượng 1000 hạt ở dạng đồng hợp tử [9]. Nếu sản phẩm PCR không được cắt bởi enzyme thì chỉ khuếch đại bằng hình 590 bp thì không mang kiểu gen qui định khối lượng 1000 ở mức cao. Trường hợp mang băng hình 590 bp, 217 bp và 372 bp thì kiểu gen ở dạng dị hợp tử. Như vậy kết quả đánh giá kiểu gen *TGW6* của 2 giống lúa làm bố mẹ của tổ hợp lai MTL859/OM7347 cho thấy giống MTL859 mang kiểu gen qui định khối lượng 1000 hạt cao, điều này hoàn toàn phù hợp với kết quả đánh giá kiểu hình về tính trạng khối lượng 1000 hạt của 2 giống lúa thể hiện ở Hình 2.



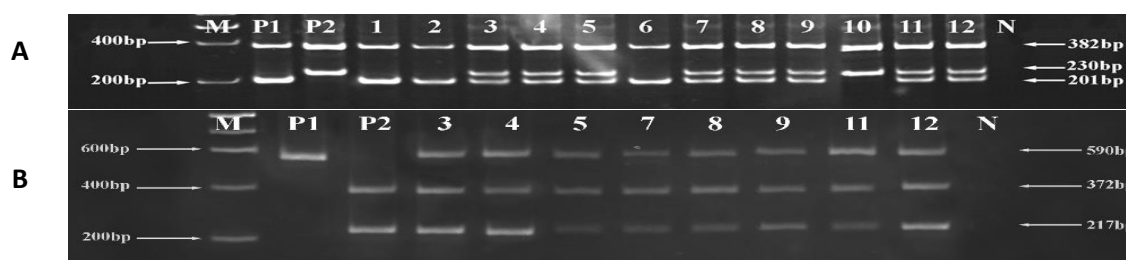
Hình 2. Kết quả khối lượng 1000 hạt của giống lúa bố mẹ

Như vậy kết quả đánh giá kiểu gen *TGW6* của 2 giống lúa làm bố mẹ của tổ hợp lai

MTL859/OM7347 cho thấy giống MTL859 mang kiểu gen qui định khối lượng 1000 hạt cao, điều này hoàn toàn phù hợp với kết quả đánh giá kiểu hình về tính trạng khối lượng 1000 hạt của 2 giống lúa. Như vậy cả hai chỉ thị phân tử Pita và TGW6 đều cho kết quả PCR đa hình nên chúng có thể sử dụng để nhận diện gen mục tiêu và cá thể con lai F1 trong nghiên cứu này.

3.3. Lai tạo, nhận diện dòng lai và đánh giá dòng lai F1

Kết quả điện di sản phẩm PCR của chỉ thị



Hình 3. Kết quả điện di sản phẩm PCR nhận diện của gen (A) Pi-ta và (B) TGW6 (M: ladder 1kb plus; P1: MTL859, P2: OM7347; 1-12: số thứ tự các dòng F1)

Sử dụng chỉ thị phân tử CAPs6-1 đã nhận diện được 8 dòng đều khuếch đại bằng hình có kích thước 217 bp, 372 bp và 590 bp tại các giếng lần lượt là 3, 4, 5, 7, 8, 9, 11, và 12. Trường hợp xuất hiện kích thước bằng hình là 590 bp, 217 bp và 372 bp thì kiểu gen ở dạng dị hợp tử. Như vậy 8 dòng lúa F1 đều mang gen TGW6 ở dạng dị hợp tử. Việc ứng dụng MAS cho phương pháp lai tạo truyền thống giúp tăng hiệu quả chọn lọc, về lý thuyết giúp nhận diện một cách nhanh và chính xác kiểu gen mong muốn từ đó giảm được thời gian lai tạo [16].

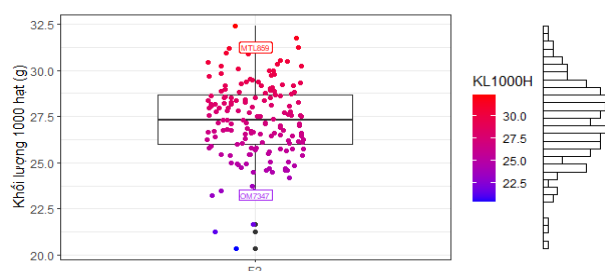
3.4. Chọn dòng phân ly thế hệ F2

Khối lượng 1000 hạt

Số liệu thống kê từ khối lượng 1000 hạt của

phân tử TPAP-Pita, đã nhận diện được 8 trong tổng số 12 cá thể của tổ hợp lai MTL859/OM7347 dị hợp tử bao gồm mẫu 3, 4, 5, 7, 8, 9, 11 và 12. Các cá thể dị hợp tử đều xuất hiện 3 băng hình có kích thước là 382 bp, 230 bp và 201 bp. Tính kháng ổn định đối với bệnh đạo ôn được điều khiển do hai nhóm gen: gen chính và gen số lượng [4]. Hơn nữa, tính kháng đạo ôn ở cây lúa có hơn 31 locus trên 12 NST có liên quan đến tính kháng bệnh đạo ôn [14, 15].

quần thể F2 cho thấy, khối lượng 1000 hạt của các cá thể trong quần thể dao động từ 20,35 g đến 32,41 g với trung vị của quần thể là 27,33 g. Trong khi đó khối lượng 1000 hạt của MTL859 và OM7347 lần lượt là 31,25 g và 23,24 g. Điều này cho thấy phần lớn các cá thể trong quần thể có khối lượng 1000 hạt lớn hơn so với OM7347 với 159 cá thể chiếm 96,95% so với toàn quần thể, bên cạnh đó có 2 cá thể có khối lượng 1000 hạt cao hơn cả bố và mẹ. Như vậy đến thế hệ F2 này chúng ta có thể thấy rõ tính trạng khối lượng 1000 hạt của các cá thể đã được cải thiện đáng kể so với giống làm bố OM7347.



Hình 4. Khối lượng 1000 hạt của quần thể F2 từ tổ hợp lai MTL859/OM7347

Qua kết quả đánh giá một số chỉ tiêu nông học của quần thể F2 đã tuyển chọn 19 cá thể có

các đặc tính nông học tốt và có tiềm năng về năng suất. Các cá thể này tiếp tục được đánh

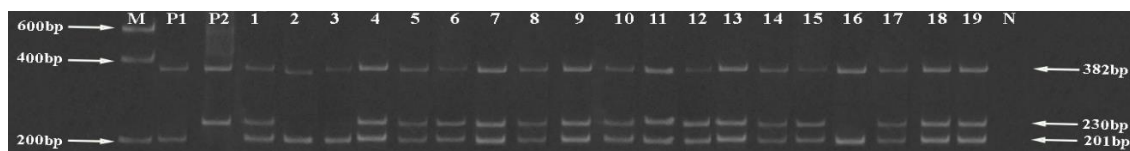
giá kiểu gen để nhận diện gen *Pi-ta* và gen *TGW6*.

Bảng 3. Danh sách 19 cá thể F2 được tuyển chọn dựa vào đánh giá đặc tính nông học

TT	Tên cá thể	STT	Tên cá thể
1	TNN17-5-4	11	TNN17-8-38
2	TNN17-7-12	12	TNN17-8-42
3	TNN17-7-21	13	TNN17-8-43
4	TNN17-7-37	14	TNN17-8-44
5	TNN17-8-13	15	TNN17-8-48
6	TNN17-8-26	16	TNN17-9-23
7	TNN17-8-27	17	TNN17-9-29
8	TNN17-8-28	18	TNN17-12-13
9	TNN17-8-36	19	TNN17-12-16
10	TNN17-8-37		

Kết quả điện di sản phẩm PCR nhận diện gen *Pi-ta* của 19 cá thể F2 cho thấy (Hình 5) các cá thể tại vị trí giếng số 2, 3 và 16 khuếch đại bằng hình tương tự giống MTL859 (P1) có kích thước băng 201 bp và 382 bp. Trong khi đó các cá thể còn lại khuếch đại bằng hình 382 bp, 230 bp và 201 bp. Các giống mang kích thước băng hình 382 bp và 201 bp thì mang kiểu gen mẫn cảm

với bệnh đạo ôn trên lúa. Trong khi đó các giống có kích thước là 382 bp và 230 bp thì mang gen *Pi-ta* quy định khả năng kháng bệnh đạo ôn trên lúa. Trong trường hợp xuất hiện cả 3 băng hình thì mang gen *Pi-ta* ở dạng dị hợp. Như vậy kết quả nhận diện gen *Pi-ta* kháng đạo ôn trên 19 cá thể lúa cho thấy có 16 cá thể mang gen *Pi-ta* ở dạng dị hợp tử.



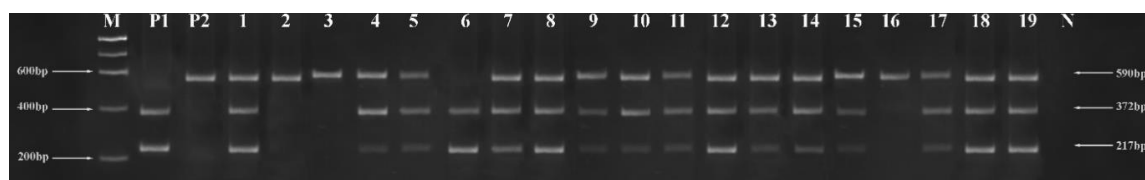
Hình 5. Kết quả điện di sản phẩm PCR nhận diện gen *Pi-ta* trên 19 dòng lúa F2

(P1: MTL859; P2: OM7347; M: thang chuẩn; N: mẫu âm)

*Nhận diện gen *TGW6* ở các dòng lúa thế hệ F2*

Qua kết quả phân tích gen *TGW6* quy định tính trạng khối lượng 1000 hạt trên 19 cá thể F2 cho thấy tại vị trí giếng số 6 khuếch đại bằng hình tương tự với giống MTL859 (P1) có kích thước 372 bp và 217 bp. Trong khi đó cá thể tại vị trí giếng số 2, 3, và 16 khuếch đại bằng hình tương tự với giống OM7347 (P2) có kích thước 590bp, các cá thể còn lại có kích thước bằng hình 590 bp, 372bp và 217 bp. Các giống lúa có băng hình 217 bp và 372 bp thì mang gen *TGW6*

quy định khối lượng 1000 hạt ở dạng đồng hợp tử. Nếu sản phẩm PCR không được cắt bởi enzyme thì chỉ khuếch đại bằng hình 590 bp thì mang kiểu gen không quy định khối lượng 1000 hạt cao. Trường hợp mang băng hình 590 bp, 217 bp và 372 bp thì kiểu gen ở dạng dị hợp tử [9]. Như vậy, kết quả nhận diện kiểu gen quy định tính trạng về khối lượng 1000 hạt trên 19 cá thể F2 cho thấy có 16 cá thể mang gen *TGW6* trong đó có 1 cá thể mang gen ở dạng đồng hợp tử và 15 cá thể mang gen ở dạng dị hợp tử.



Hình 6. Kết quả điện di sản phẩm PCR nhận diện gen TGW6 trên 19 dòng lúa F2
(P1:MTL859; P2: OM7347; M: thang chuẩn; N: mẫu âm)

4. KẾT LUẬN

Qua đánh giá một số đặc tính nông học và kiểu gen của quần thể F2 từ tổ hợp lai MTL859/OM7347 đã tuyển chọn được 15 dòng lúa dị hợp tử mang kiểu gen *Pi-ta* quy định tính kháng đạo ôn và có khối lượng 1000 hạt cao và 1 dòng dị hợp tử mang gen *Pi-ta* kháng đạo ôn và đồng hợp tử trội mang gen TGW6 mang gen khối lượng 1000 hạt. Cần tiếp tục đánh giá thể hệ tiếp theo để chọn được dòng tối ưu về khả năng kháng bệnh và có khối lượng 1000 hạt cao.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1]. Lê Hữu Hải, Phạm Văn Kim, Phạm Văn Dư, Trần Thị Thu Thủy & Dương Ngọc Thành (2006). Ảnh hưởng của bệnh đạo ôn đến năng suất và chất lượng xay xát của lúa gạo ở hai mật độ sạ và các lượng phân đạm. Tuyển tập công trình nghiên cứu khoa học Khoa nông nghiệp và sinh học ứng dụng, quyển 2: Bảo vệ thực vật – Khoa học cây trồng – Di truyền giống Nông nghiệp. Trường Đại học Cần Thơ. 77-82.

[2]. Y. Jia, E. Zhou, S. Lee & T. Bianco (2016). Coevolutionary dynamics of rice blast resistance gene *Pi-ta* and *Magnaporthe oryzae* avirulence gene AVR-Pita 1. *Phytopathology*.106(7): 676-683.

[3]. G. Liu, G. Lu, L. Zeng & G.-L. Wang (2002). Two broad-spectrum blast resistance genes, *Pi9* (t) and *Pi2* (t), are physically linked on rice chromosome 6. *Molecular Genetics and Genomics*. 267: 472-480.

[4]. L. X. Wang (1994). Adaptive fuzzy systems and control: design and stability analysis. Prentice-Hall, Inc.

[5]. Ranjith K. Ellur, Apurva Khanna, Ashutosh Yadav, Sandeep Pathania, H. Rajashekara, Vikas K. Singh, S. Gopala Krishnan, Prolay K. Bhowmick, M. Nagarajan, K.K. Vinod, G. Prakash, Kalyan K. Mondal, Nagendra K. Singh, K. Vinod Prabhu & Ashok K. Singh (2016). Improvement of Basmati rice varieties for resistance to blast and bacterial blight diseases using marker assisted backcross breeding. *Plant Science*. 242: 330-341.

[6]. Nguyễn Thành Hối, Mai Vũ Duy, Lê Vĩnh Thúc & Lê Thị Đông Nhi (2014). Ảnh hưởng của các nguồn đạm đến sinh trưởng và năng suất hai giống lúa OM4900 và MTL612. *Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ*. 112-117.

[7]. R. M. Sundaram, B. Naveenkumar, S. K. Biradar, S. M. Balachandran, B. Mishra, M. IlyasAhmed, B. C.

Viraktamath, M. S. Ramesha & N. P. Sarma (2008). Identification of informative SSR markers capable of distinguishing hybrid rice parental lines and their utilization in seed purity assessment. *Euphytica*. 163: 215-224.

[8]. T Mao, M Zhu, S Ahmad, G Ye, Z Sheng, S Hu, G Jiao, L Xie, S Tang, X Wei, P Hu & G Shao (2021). Superior japonica rice variety YJ144 with improved rice blast resistance, yield, and quality achieved using molecular design and multiple breeding strategies. *Molecular Breeding*. 41: 1-18.

[9]. Wang Jun, Yang Jie, Xu Xiang, Zhu JinYan, Fan FangJun, Li WenQi, Wang FangQuan & Zhong WeiGong (2014). Development and application of a functional marker for grain weight gene TGW6 in rice. *Chinese Journal of Rice Science*. 28(5): 473-478. DOI: 10.3969/j.issn.1001-7216.2014.05.004

[10]. R. Elamawi & R. A. EL-Shafey (2013). Inhibition effects of silver nanoparticles against rice blast disease caused by *Magnaporthe grisea*. *Egyptian Journal of Agricultural Research*. 91(4): 1271-1283.

[11]. H. Pinnschmidt, P. Teng & J. Bonman (1993). A new assessment key for leaf blast IRRN. 18(1): 45-46.

[12]. J. J. Doyle (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. 12: 13-15.

[13]. Ken Ishimaru, Naoki Hirotsu, Yuka Madoka, Naomi Murakami, Nao Hara, Haruko Onodera, Takayuki Kashiwagi, Kazuhiro Ujiie, Bun-ichi Shimizu, Atsuko Onishi, Hisashi Miyagawa & Etsuko Katoh (2013). Loss of function of the IAA-glucose hydrolase gene TGW6 enhances rice grain weight and increases yield. *Nature genetics*. 45(6): 707-711.

[14]. X. Ning, W. Yunyu & L. Aihong (2020). Strategy for use of rice blast resistance genes in rice molecular breeding. *Rice Science*. 27(4): 263-277.

[15]. S. Tanksley & J. Nelson (1996). Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theoretical and Applied Genetics*. 92: 191-203.

[16]. T. R. Sharma, M. S. Madhav, B. K. Singh, P. Shanker, T. K. Jana, V. Dalal, A. Pandit A. Singh, K. Gaikwad, H. C. Upreti & N. K. Sing (2005). High-resolution mapping, cloning and molecular characterization of the *Pi-k* h gene of rice, which confers resistance to *Magnaporthe grisea*. *Molecular Genetics and Genomics*. 274: 569-578.