

MỘT SỐ KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU XÁC ĐỊNH CÁC QTLs VÀ GEN MỚI LIÊN QUAN ĐẾN SỰ PHÁT TRIỂN BỘ RỄ TRONG MỘT TẬP ĐOÀN GIỐNG LÚA VIỆT NAM

Đỗ Năng Vịnh¹, Hà Thị Thúy¹, Phùng Thị Phương Nhung¹, Mai Đức Chung¹, Hoàng Thị Giang¹, Nguyễn Thị Huệ¹, Nguyễn Thị Thơm¹, Nguyễn Diệu Thu¹, Nguyễn Lê Khanh¹, Đinh Văn Lâm, Trương Thị Minh Huệ¹, Brigitte Courtois³ và Pascal Gantet².

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp

² Viện Nghiên cứu vì sự phát triển IRD - Pháp

³ Trung tâm Nghiên cứu Nông nghiệp vì sự phát triển CIRAD- Pháp

TÓM TẮT

Nhóm nghiên cứu đã sử dụng phương pháp GWAS (Genome-wide association study) đối với các tính trạng phát sinh bộ rễ lúa trong tập đoàn 182 giống lúa bản địa Việt Nam. Với tổng số 50 000 chỉ thị GBS đã được sử dụng, thu được tổng số 25 971 marker cho chỉ số đa hình (PIC) biến động từ 1% đến 50%. Kết quả thống kê di truyền liên kết đối với các tính trạng phát sinh bộ rễ, xác định được 66 markers cho toàn bộ tập đoàn nghiên cứu có sự sai khác ý nghĩa ở mức $P\text{-value} \leq 1E-04$, tương đương với số QTLs đã được xác định. Các marker liên kết với các tính trạng ở mức ý nghĩa cao nhất được ghi nhận là: với độ sâu của rễ (DEPTH) trên nhiễm sắc thể số 1(q17; $P=2,67e-07$) và marker liên kết với số lượng rễ chính (NCR) trên nhiễm sắc thể 11 (q45; $P=6,59e-07$) trong toàn bộ tập đoàn nghiên cứu.

Từ khóa: phương pháp GWAS, rễ lúa, DArT markers, QTLs

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bộ rễ giữ vai trò quan trọng trong việc kháng lại hạn hán của cây trồng. Ngoài việc hút nước, hấp thụ dinh dưỡng khoáng từ đất, một bộ rễ phát triển nhanh, lan tỏa rộng sẽ góp phần giúp cây trồng phát triển tốt hơn trong điều kiện bất lợi của môi trường đất và nước (de Dorlodot và cộng sự, 2007). Phần lớn các công tác cải tạo giống cây trồng trong thời gian qua tập trung vào nghiên cứu để làm tăng năng suất sinh khối và tăng sản lượng, trong khi đó mối liên hệ giữa bộ rễ và năng suất thường bị bỏ qua do bộ rễ phát triển dưới lòng đất, khó quan sát và thực hiện nghiên cứu. Nghiên cứu cải tiến bộ rễ gần đây đã được chú trọng và đưa vào các chương trình cải tiến giống cây trồng và được coi là một trong những con đường quan trọng để tạo ra các giống mới trước những thách thức phải đối mặt với những hậu quả của biến đổi khí hậu toàn cầu (Herder và cộng sự., 2010). Do vậy, những hiểu biết sâu rộng về các gen chủ chốt, các QTLs tham gia vào sự phát triển của bộ rễ sẽ giúp các nhà chọn tạo giống có thể chọn lọc được các giống lúa có bộ rễ cải tiến bằng cách sử dụng các chỉ thị phân tử (Marker Assisted Selection: MAS) hoặc sử dụng các công nghệ di truyền. Nhiều nghiên cứu phát hiện các QTLs liên quan đến

sự phát triển bộ rễ được công bố đã cho thấy sự đúng đắn và tiềm năng của hướng tiếp cận này (Courtois và cộng sự, 2009).

Việc xác định vị trí chính xác của QTL thường khó khăn do hạn chế về mặt số lượng của các thể hệ tái tổ hợp trong các quần thể bản đồ bố mẹ truyền thống. Phương pháp GWAS xuất hiện với việc sử dụng những quần thể có tỉ lệ tái tổ hợp cao như những quần thể tự nhiên trong đó các tái tổ hợp đã diễn ra từ 8000 đến 10000 năm trước đây đã giúp khắc phục vấn đề này. Nhiều nghiên cứu sử dụng phương pháp này trên các cây ngũ cốc thành công đã chứng minh ưu điểm và khả năng ứng dụng rộng rãi của phương pháp này trong các nghiên cứu di truyền. Trong những năm gần đây, với các tiến bộ trong kỹ thuật gen, sự phát triển của kỹ thuật giải trình tự NGS cùng với việc bộ genome ở lúa đã được giải trình tự hoàn toàn đã thúc đẩy sự gia tăng các nghiên cứu thống kê di truyền liên kết ở lúa. Phương pháp GWAS trở thành phương pháp được nhiều nhà nghiên cứu di truyền, nghiên cứu chức năng gen ở lúa đặc biệt quan tâm nhằm xác định và khai thác các gen quan trọng, liên quan đến sự thay đổi của các tính trạng số lượng phức tạp. Từ đó mang lại lợi ích to lớn, có tính ứng dụng cao trong nghiên cứu chọn tạo giống cây trồng

nói riêng và trong phát triển ngành nông nghiệp nói chung.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Một tập đoàn gồm 182 giống lúa được thu thập từ nhiều địa phương khác nhau của Việt Nam được lưu giữ trong Ngân hàng gen thực vật tại Trung tâm Tài nguyên Thực vật (PRC) và 03 giống lúa đối chứng (IR64, Azucena, Nipponbare).

Một bộ dữ liệu Microarray được cung cấp bởi Viện Nghiên cứu Phát triển (IRD) - Pháp và Trung tâm Nghiên cứu Nông nghiệp vì sự phát triển (CIRAD) - Pháp.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Tách chiết ADN tổng số: ADN được chiết tách từ lá của cây lúa 06 tuần tuổi (1 cây/1 mẫu giống) bằng phương pháp CTAB của Murray và Thompson năm 1980.

Dữ liệu kiểu gen được phân tích bằng phương pháp giải trình tự (Genotyping by Sequencing - GBS). Phương pháp GBS được xây dựng bởi công ty Diversity Arrays Technology Pty Ltd (Úc) là sự kết hợp giữa DArT và công nghệ giải trình tự NGS (next-generation sequencing) được gọi tắt là DArTseq™, bằng cách sử dụng các enzyme giới hạn PstI/TaqI để làm giảm sự phức tạp của genome, kết hợp với công nghệ đọc trình tự ngắn Illumina, phương pháp này cũng được miêu tả trong một công bố của Courtois và cộng sự (Courtois và cộng sự., 2013).

Đánh giá cấu trúc bộ rễ của tập đoàn giống lúa nghiên cứu sử dụng phương pháp ống rễ của IRRI (có cải tiến). Thí nghiệm được bố trí theo kiểu Alpha-latin, 3 lần lặp lại, mỗi lần lặp lại gồm 2 ô lớn (100 mẫu giống), mỗi ô lớn chứa 5 ô nhỏ, trong mỗi ô nhỏ có chứa 20 mẫu giống. Đo đếm 11 chỉ tiêu: Chiều cao cây - LLGHT, Chiều dài rễ - MRL, Độ sâu của rễ - DEPTH, Số lượng rễ bất định - NCR, Số nhánh - TIL, Đường kính rễ bất định - THK, Trọng lượng khô của đoạn rễ từ 00 - 20 cm - DW0020, Trọng lượng khô của đoạn rễ từ 20 - 40 cm - DW2040, Trọng lượng khô của đoạn rễ từ 40 - 60 cm - DW4060, Trọng lượng khô

của đoạn rễ dài hơn 60cm - DWB60, Trọng lượng khô phần thân cây (phần trên mặt đất SDW), và 8 chỉ tiêu khác được tính toán dựa trên các chỉ tiêu đã đo đếm (PDW - Trọng lượng khô của toàn cây, RDW - Trọng lượng khô của phần rễ cây, DRW - Trọng lượng khô của phần rễ ăn sâu dưới 20 cm, SRP - Phần trăm khối lượng của phần rễ ăn nông (trên 20 cm), R-S - tỷ lệ khối lượng giữa hai phần rễ và thân cây), DRP - Phần trăm khối lượng của phần rễ ăn sâu (dưới 20 cm), NR-T - Số lượng rễ trung bình trên nhánh). Số liệu được thu thập và phân tích sử dụng các phần mềm thống kê Excel, XLStat và SAS 9.2.

Thống kê di truyền liên kết trên toàn genome (phương pháp GWAS) được tiến hành trên các dữ liệu kiểu gen, kiểu hình thu được sử dụng mô hình hỗn hợp (MLM) với sự hỗ trợ của phần mềm Tassel v.5.

Các QTLs có khả năng liên kết với tính trạng quan tâm được xác định dựa trên kết quả phân tích chỉ số mất cân bằng liên kết (LD - linkage disequilibrium). Các gen ứng cử viên có liên quan đến tính trạng nghiên cứu được xác định căn cứ vào bộ dữ liệu các gen trong toàn bộ genome của cây lúa đã được công bố trên website OrygenesDB (<http://orygenesdb.cirad.fr/tools.html>).

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả đánh giá đa dạng alen sử dụng phương pháp GBS

Với tổng số 50.000 chỉ thị GBS đã được sử dụng, sau phân tích kết quả thu được ban đầu, chúng tôi thu được tổng số 25.971 marker cho chỉ số đa hình (PIC) biến động từ 1% đến 50%, chỉ số đa hình trung bình là 32%. Một phân tích cấu trúc di truyền quần thể được thực hiện trên 1275 SNP marker, kết quả cho thấy tập đoàn 182 giống lúa Việt Nam chia thành hai nhóm rõ rệt gồm 114 mẫu giống thuộc loài phụ *indica*, 62 mẫu giống thuộc loài phụ *japonica*, 6 mẫu giống thuộc dạng trung gian giữa hai loài phụ trên.

Tiến hành phân tích mối quan hệ giữa 114 mẫu giống thuộc loài phụ *indica*, sử dụng 840 SNP marker đã xác định được có 6 nhóm phụ, được ký hiệu lần lượt từ I1 đến I6, kết quả này một lần nữa được xác định bằng phương

pháp phân tích thành phần chính (DACP) (Jombart và cộng sự, 2010).

Phân tích mối quan hệ di truyền giữa các mẫu giống thuộc loài phụ *japonica*, sử dụng 780 SNP marker, kết quả cho thấy 62 giống lúa *japonica* được chia thành 4 nhóm và một nhóm trung gian gồm 4 giống.

Sự khác biệt về di truyền giữa các nhóm giống trong loài phụ *indica* và *japonica* được xác định thông qua hệ số F_{ST} ở mức ý nghĩa cao, kết quả phân tích cho thấy chỉ số này ở nhóm giống *japonica* cao hơn ở nhóm giống *indica*. Chỉ số F_{ST} giữa các nhóm phụ thuộc nhóm giống *japonica* dao động từ 0,428 đến 0,692, trong khi ở nhóm giống *indica* là từ 0,264 đến 0,555 (Bảng 1)

Bảng 1: Hệ số F_{ST} giữa các nhóm phụ trong nhóm loài phụ *indica* và *japonica*

<i>Indica</i>	I1	I2	I3	I4	I5	I6
I1		0,001	0,003	0,001	0,001	0,001
I2	0,303		0,001	0,001	0,001	0,001
I3	0,406	0,453		0,001	0,001	0,001
I4	0,327	0,301	0,498		0,001	0,001
I5	0,374	0,405	0,555	0,381		0,001
I6	0,264	0,270	0,375	0,269	0,347	
<i>Japonica</i>	J1	J2	J3	J4		
J1		0,001	0,003	0,001		
J2	0,528		0,001	0,001		
J3	0,428	0,692		0,001		
J4	0,461	0,542	0,676			

3.2. Kết quả đánh giá đặc điểm cấu trúc bộ rễ

Bảng 2: Các thống kê cơ bản của các tính trạng nghiên cứu

Chỉ tiêu theo dõi	Số mẫu theo dõi	Giá trị Trung bình	Độ lệch chuẩn	Giá trị nhỏ nhất	Giá trị lớn nhất	CV (%)
LLGTH	194	94,5906	12,4049	64,6510	119,3488	13,1143
TIL	194	7,4290	3,8314	1,6882	20,6625	51,5736
DEPTH	194	68,9364	4,4747	46,7211	76,4515	6,4911
MRL	194	85,4930	6,2932	67,0645	98,9397	7,3611
LAT	194	4,2176	0,5749	2,6370	5,3014	13,6311
NCR	194	91,8053	30,0078	35,5805	179,7910	32,6863
THK	194	0,7700	0,1062	0,4825	1,0045	13,7960
SDW	194	5,6860	2,1280	1,3543	13,5336	37,4251
DW0020	194	0,8857	0,2784	0,3068	1,7928	31,4317
DW2040	194	0,4545	0,1738	0,1266	1,0862	38,2326
DW4060	194	0,2065	0,1009	0,0317	0,5467	48,8481
DWB60	194	0,0963	0,0608	0,0053	0,3624	63,0850
RDW	194	1,6430	0,5522	0,4623	3,1073	33,6100
DRW	194	0,3028	0,1463	0,0290	0,7754	48,3226
DRP	194	17,7990	4,6462	4,3028	29,5562	26,1035
R_S	194	30,6033	6,2824	17,1076	49,7449	20,5286

Bằng phương pháp trồng trong ống rỗng, nhóm nghiên cứu đã thực hiện đo đếm các chỉ tiêu liên quan đến sự phát triển bộ rễ và các phân tích thống kê cơ bản của tập đoàn các giống lúa nghiên cứu. Chỉ số CV (%) được tính để xem xét sự biến động của các giá trị thu được giữa các mẫu giống trong tập đoàn nghiên cứu. Kết quả ở bảng 2 cho thấy: Chỉ số CV(%) dao động từ 6,5% ở tính trạng độ ăn sâu của rễ (DEPTH) tới 63% ở khối lượng khô của đoạn rễ có độ dài trên 60 cm.

Chỉ số CV(%) cao là dấu hiệu cho thấy sự biểu hiện đa dạng về các chỉ tiêu liên quan

đến sự phát triển bộ rễ của các mẫu giống trong tập đoàn nghiên cứu, điều này có ý nghĩa rất quan trọng đối với một nghiên cứu di truyền liên kết.

Kết quả phân tích ANOVA (Bảng 3) cho thấy ảnh hưởng yếu tố giống lên các chỉ tiêu nghiên cứu là rất rõ rệt, các giống khác nhau có biểu hiện rất khác nhau về các chỉ tiêu theo dõi. Điều này phản ánh sự đa dạng về nguồn gen cũng như sự biểu hiện các tính trạng của các giống trong tập đoàn nghiên cứu.

Bảng 3. Kết quả phân tích ANOVA và hệ số di truyền (h^2) của các chỉ tiêu nghiên cứu

Trait	Rep	Block(Rep)	Variety	h^2
LLGHT	< 0,001	< 0,001	< 0,001	0,90
TIL	< 0,001	0,0009	< 0,001	0,80
SDW	0,0043	< 0,0001	< 0,0001	0,73
DEPTH	0,0254	0,0003	0,0002	0,35
MRL	0,1428	0,0277	0,0001	0,46
NCR	0,2270	< 0,0001	< 0,0001	0,84
THK	0,0071	0,0017	< 0,0001	0,84
DW0020	0,0546	< 0,0001	< 0,0001	0,74
DW2040	0,1605	< 0,0001	< 0,0001	0,68
DW4060	0,4307	< 0,001	< 0,0001	0,69
DWB60	0,0260	0,0047	< 0,0001	0,70
DRW	0,0863	0,0004	< 0,0001	0,75
RDW	0,0650	< 0,0001	< 0,0001	0,75
PDW	0,0364	< 0,0001	< 0,0001	0,73
DRP	0,0179	0,0045	< 0,0001	0,65
R_S	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	0,75

Hầu hết các chỉ tiêu theo dõi có hệ số di truyền ở mức cao (từ 0,65 đến 0,9) chỉ trừ hai chỉ tiêu về độ ăn sâu và chiều dài tối đa của rễ, hệ số di truyền của hai chỉ tiêu này chỉ đạt 0,35 và 0,46 tương ứng. Tác động của số lần lặp lại trên các chỉ tiêu nghiên cứu hầu hết là không có sai khác, tuy nhiên ở một số chỉ tiêu vẫn cho thấy có sự sai khác ở mức ý nghĩa, điều này chỉ ra rằng đã có các yếu tố không đồng nhất giữa các lần lặp lại, và việc thiết kế thí nghiệm giúp chúng ta hạn chế bớt tác động của các yếu tố không đồng nhất này.

3.3. Kết quả thống kê di truyền liên kết

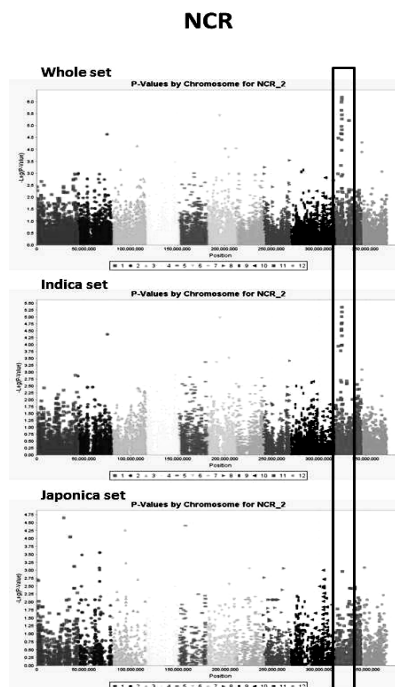
3.3.1. Xác định các QTLs liên kết với các tính trạng quan tâm

Thống kê di truyền liên kết đã được chúng tôi thực hiện dựa trên hai bộ dữ liệu về sự biến đổi cấu trúc bộ rễ và sự đa dạng kiểu gen của các giống lúa trong tập đoàn nghiên cứu sử dụng phần mềm Tassel V5.

Sử dụng mô hình phân tích MLM (sử dụng cả dữ liệu phân tích cấu trúc tập đoàn và ma trận quan hệ gần giữa các mẫu giống trong quần thể), nhóm nghiên cứu đã xây dựng một

bản đồ liên kết phù hợp, hạn chế tối đa tỉ lệ dương tính giả trong kết quả nghiên cứu.

Với kết quả thống kê di truyền liên kết, chúng tôi xác định được 66 markers cho toàn bộ tập đoàn nghiên cứu, 20 markers cho nhóm loài phụ *indica* và 26 markers cho nhóm loài phụ *japonica* có sự sai khác ý nghĩa ở mức P-value $\leq 1E-04$, tương đương với số QTLs đã được xác định. Số lượng QTL xác định được trong toàn bộ tập đoàn nghiên cứu nhiều hơn so với số lượng QTL xác định được trong từng nhóm loài phụ, điều này cũng phù hợp với các nghiên cứu đã công bố trước đó trong lĩnh vực này. Các marker liên kết với các tính trạng ở mức ý nghĩa cao nhất được ghi nhận là: với độ sâu của rễ (DEPTH) trên nhiễm sắc thể số 1 (q17; P=2,67e-07); marker liên kết với số lượng rễ chính (NCR) trên nhiễm sắc thể 11 (q45; P=6,59e-07) trong toàn bộ tập đoàn nghiên cứu; marker liên kết với đường kính rễ (THK) trên nhiễm sắc thể số 2 (q57; P=4,77e-07) trong các giống thuộc nhóm loài phụ *indica*; marker liên kết với số nhánh (TIL) trên nhiễm sắc thể số 1 (q4; P=2,28e-07) và marker liên kết với độ sâu của rễ (DEPTH) trên nhiễm sắc thể số 6 (q22; P=4,75e-07) trong nhóm các giống lúa thuộc loài phụ *japonica*. Tất cả các P-value này đều tương đương với giá trị q-value nhỏ hơn 0,05. “Manhattan plots” là đồ thị biểu diễn sự phân bố của các marker căn cứ vào vị trí của marker trên mỗi nhiễm sắc thể và mức ý nghĩa (P-value) của của các marker đó. Hình 1 là một ví dụ của “Manhattan Plots” ở tính trạng số lượng rễ (NCR) trong toàn bộ tập đoàn (whole set) cũng như trong các nhóm giống thuộc loài phụ *indica* (*indica* set) và *japonica* (*japonica* set). Sau khi tổng hợp và loại trừ các trường hợp trùng lặp giữa các QTLs chúng tôi ghi nhận 89 qtls đã được thiết lập đối với cả tập đoàn nghiên cứu, nhóm phụ *indica* và nhóm *japonica*. Bên cạnh đó, chúng tôi cũng xác định được 03 vùng có nhiều QTLs tập trung gần nhau trên cùng nhiễm sắc thể lần lượt được xác định là QTLs liên kết với tính trạng số lượng rễ lúa (NCR) trên NST số 11, QTLs liên kết với tính trạng đường kính rễ (THK) trên NST số 2, và QTLs liên quan đến tính trạng khối lượng khô của toàn bộ rễ lúa (RDW) trên NST số 6.



Hình 1: Manhattan Plots của tính trạng số lượng rễ chính (NCR) ở toàn bộ tập đoàn và hai nhóm loài phụ

“Manhattan Plots” trong hình 1 là một ví dụ minh họa cho vùng có các QTLs tập trung cao trên NST số 11, các QTLs này đều liên quan đến tính trạng số lượng rễ (NCR), điều này bước đầu khẳng định sự liên kết chặt chẽ của vùng nhiễm sắc thể này với tính trạng số lượng rễ lúa.

3.3.2. Xác định các gen ứng cử viên liên quan đến các tính trạng quan tâm

Sau khi xác định được các marker liên kết với các tính trạng quan tâm, căn cứ vào kết quả phân tích LD (linkage disequilibrium), các gen nằm trong khoảng +/-25kb tính từ vị trí marker (hoặc đoạn QTLs) là các gen ứng cử viên có liên quan đến tính trạng liên kết. Các gen này được xác định căn cứ vào bộ dữ liệu các gen trong toàn bộ genome của cây lúa đã được công bố trên website OrygenesDB (<http://orygenesdb.cirad.fr/tools.html>). Bằng phương pháp này với 88 QTLs, nhóm nghiên cứu xác định được 889 gen, trong đó có 407 gen đã xác định được chức năng.

Các gen liên kết với các QTLs này đã được so sánh với danh sách các gen có biểu hiện được biết đến trong sự hình thành và phát triển rễ chính ở lúa (crown root) đã được công

bổ trong các nghiên cứu của Takehisa và cộng sự (2012), Coudert và cộng sự (2014). Kết quả cho thấy có 11 gen có biểu hiện đặc biệt ở các phần khác nhau của rễ lúa như đỉnh rễ, các vùng đặc biệt của rễ bên và vùng thành thực khác. Tiến hành tìm kiếm các thông tin về chức năng sinh học của các ortholog của các gen này trên *Arabidopsis* đã được công bố, chúng tôi đã xác định thêm được 13 ứng viên rất đáng quan tâm. Như vậy, hiện tại qua quá trình so sánh và đối chiếu với các nguồn dữ liệu đã được công bố, chúng tôi đã xác định được có 24 gen đã được chứng minh có chức năng sinh học, hóa sinh liên quan đến sự phát triển ở các giai đoạn, các phần khác nhau của bộ rễ. Các gen còn lại đang được chúng tôi tiếp tục tiến hành nghiên cứu để hoàn thiện các hiểu biết về mối quan hệ của chúng với sự phát triển của bộ rễ ở lúa.

IV. KẾT LUẬN

- Thực hiện nghiên cứu GWAS trên một tập đoàn gồm 182 giống lúa Việt Nam và 03 giống lúa đối chứng, sau khi loại trừ sự trùng lặp, nhóm nghiên cứu đã xác định được 89 QTLs liên kết với các tính trạng quan tâm trong cả toàn bộ tập đoàn, trong nhóm phụ *indica* và *japonica*. Trong đó xác định được 03 vùng nhiễm sắc thể có nhiều QTLs tập trung liên kết với các tính trạng số lượng rễ (NCR), đường kính rễ (THK), khối lượng khô của bộ rễ (RDW) lần lượt trên NST số 11, NST số 2 và NST số 6.

- Căn cứ vào vị trí của các marker trên nhiễm sắc thể và kết quả phân tích LD (linkage disequilibrium), nhóm nghiên cứu đã xác định được tổng số 889 gen nằm trong khoảng +/-25 kb kể từ vị trí của marker, trong đó có 407 gen đã được xác định chức năng. So sánh với các kết quả đã công bố, chúng tôi xác định được có 24 gen đã có các công bố về nghiên cứu và chứng minh chức năng hóa sinh và sinh học liên quan đến các tính trạng về cấu trúc bộ rễ.

- Từ kết quả thu được cho thấy phương pháp GWAS là một phương pháp nghiên cứu di truyền hiện đại, nhiều tiềm năng, có ý nghĩa ứng dụng cao trong thực tế, đặc biệt là trong các nghiên cứu đặc điểm di truyền của các tính trạng số lượng phức tạp và trong các nghiên cứu gen chức năng.

LỜI CẢM ƠN:

Nhóm tác giả trân trọng cảm ơn Bộ Nông nghiệp và PTNT cấp kinh phí thực hiện đề tài "Nghiên cứu chức năng gen quy định phát triển bộ rễ lúa, phục vụ công tác chọn tạo giống lúa chịu hạn bằng công nghệ gen"; Cảm ơn các cán bộ của Phòng thí nghiệm chung Việt – Pháp, Phòng Thí nghiệm trọng điểm Công nghệ Tế bào thực vật, Viện Di truyền Nông nghiệp, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam đã tạo điều kiện thực hiện đề tài này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Courtois, B., Ahmadi, N., Khowaja, F., Price, A., Rami, J.-F., Frouin, J., Hamelin, C., and Ruiz, M., 2009. Rice root genetic architecture: meta-analysis from a drought QTL database. *Rice*, 2:115-128.
2. Coudert, Y., Le, V. A., Adam, H., Bès, M., Vignols, F., Jouannic, S., Guiderdoni, E., and Gantet, P. (2014). Identification of CROWN ROOTLESS1-regulated genes in rice reveals specific and conserved elements of postembryonic root formation. *New Phytol.* 206 (1):243-254.
3. De Dorlodot, S., Forster, B., Pages, L., Price, A., Tuberosa, R., and Draye, X., 2007. Root system architecture: opportunities and constraints for genetic improvement of crops. *Trends Plant Sci*, 12:474-481.
4. Herder, G.D., Van Isterdael, G., Beeckman, T., and De Smet, I., 2010. The roots of a new green revolution. *Trends in Plant Science*, 15:600-607.
5. Takehisa, H., Sato, Y., Igarashi, M., Abiko, T., Antonio, B. A., Kamatsuki, K., and Nagamura, Y. (2012). Genome wide transcriptome dissection of the rice root system: implications for developmental and physiological functions. *The Plant Journal* 69(1): 126-140.
6. Jombart, T., Devillard, S., and Balloux, F., 2010. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC genetics* 11, 94.
7. <http://orygenesdb.cirad.fr/tools.html>

ABSTRACT

Some results on new gene and QTL functions involved in rice root development

***Do Nang Vinh¹, Ha Thi Thuy¹, Phung Thi Phuong Nhung¹, Mai Duc Chung¹, Hoang Thi Giang¹,
Nguyen Thi Hue¹, Nguyen Thi Thom¹, Nguyen Dieu Thu¹, Nguyen Le Khanh¹, Dinh Van Lam¹,
Truong Thi Minh Hue¹, Brigitte Courtois³ and Pascal Gantet²***

¹ Agriculture Genetics Institute

² IRD, France

³ CIRAD, France

This study has used GWAS method (Genome-wide association study) for the characters related to rice roots development in a panel of 182 Vietnamese rice varieties. From 50,000 GBS markers, we obtained a total of 25,971 markers for the polymorphic information content (PIC) ranking from 1% to 50%. Statistical genetic results related to the rice root development has identified 66 markers for the whole group of rice varieties which has a significant difference at P-value $\leq 1E-04$, equivalent to the number of identified QTLs. The most significant markers were recorded for the following traits: the depth of root (DEPTH) on the Chromosome 1 (Q17; P = 2.67e-07) and the number of crown root (NCR) on the Chromosome 11 (Q45; P = 6.59e-07).

Keywords: *GWAS method, rice roots development, DArT markers, QTLs*

Địa chỉ liên hệ: Mai Đức Chung, 01679083304, MDCHUNGDUC@GMAIL.COM

Người phản biện: TS. Khuất Hữu Trung