

# TRÌNH TỰ GENOME CỦA CÂY MÔ HÌNH VÀ CẢI TIẾN GIỐNG CÂY TRỒNG Ở VIỆT NAM - Nghiên cứu tình huống cây lúa *Oryza sativa* L.

Bùi chí Bửu<sup>1</sup> và Nguyễn thị Lang<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Viện Khoa Học Kỹ thuật Nông nghiệp Miền nam

<sup>2</sup>Viện Lúa Đồng bằng Sông Cửu Long

## Tóm tắt

Các loài cây mô hình như lúa (*Oryza sativa* L.) hoặc *Arabidopsis thaliana* có đặc điểm di truyền giúp người ta dễ dàng hiểu được các loài khác. Việc sử dụng cây mô hình tiết kiệm thời gian, tiền bạc khi so sánh các dữ liệu thông tin di truyền giữa các loài mà chúng ta muốn nghiên cứu. Người ta luôn luôn nhấn mạnh việc kết hợp giữa chọn giống truyền thống và chọn giống hiện đại ở mức độ phân tử. Công nghệ sinh học chỉ là một công cụ mới, đặc lực để nhà chọn giống thực hiện thành công mục tiêu chọn giống của mình. Sự phát triển công cụ mới bao giờ cũng được thực hiện trên cây mô hình, rồi sau đó mới áp dụng trên diện rộng. Kỹ thuật đọc trình tự DNA (DNA sequencing) cũng vậy. Gần đây người ta đang hoàn thiện kỹ thuật “editing”, “*in silico* sequencing”, v.v... trên lúa, *Arabidopsis* với sự hỗ trợ đặc lực của tin sinh học trong quản lý nguồn dữ liệu khổng lồ. Việt Nam hoàn toàn có khả năng tiếp cận với những công nghệ hiện đại, nếu chúng ta có nguồn nhân lực tốt và những trang thiết bị cần thiết. Các tính trạng chống chịu sâu bệnh với gen kháng bền vững, các tính trạng chống chịu stress phi sinh học như khô hạn, vốn rất phức tạp khi đánh giá kiểu hình có thể tìm được giải pháp tốt, khi người ta biết sử dụng thông thạo kho ngân hàng dữ liệu trình tự các genome sinh vật của thế giới.

**Từ khóa:** cây mô hình, genome, kỹ thuật profiling, trình tự DNA.

## I. Dẫn nhập

Dân số thế giới sẽ tăng từ 7 tỷ người hiện nay lên đến 9 tỷ vào năm 2050. Câu hỏi đặt ra rằng: liệu chúng ta sẽ có đủ lương thực hay không? với tốc độ tăng trung bình 1 tỷ dân / 14 năm. Đầu năm 2011, khủng hoảng lương thực trở thành nỗi lo thực sự của toàn cầu. Giá lương thực thế giới tăng đến đỉnh điểm như nó đã tăng trong 2008. Giá lúa mì đã tăng 50%, giá ngô tăng 35%, giá bông vải tăng 40%, giá lúa gạo tăng 30% trong năm 2010 so với 2009 (Mohanty 2010). Đây là lúc, hàng trăm triệu dân trở lại tình trạng nghèo đói; sự khủng hoảng lương thực đã và đang làm rung chuyển các chính phủ trong nhiều nước đang phát triển, các nước xuất khẩu cấm hoặc hạn chế bán thực phẩm có hạt ra bên ngoài, thêm vào đó, hiện tượng mất đất nông nghiệp tại các nước đang buộc chúng ta phải suy nghĩ: “làm thế nào giúp được người nghèo tốt nhất”. Phiên họp trong năm 2009 của các nước G8 đã đặt lương thực bên cạnh khủng hoảng tài chính toàn cầu trong danh sách các hạng mục phải được ưu tiên thảo luận. Họ đã hứa hẹn sẽ đầu tư 20 tỷ USD cho nông nghiệp trong vòng 3 năm. Năm 2011, Chủ tịch đương nhiệm của các nước G20, Tổng Thống Pháp Nicolas Sarkozy, cho rằng lương thực phải là ưu tiên số một. Quỹ tài trợ “Bill and Melinda Gates”, quỹ từ thiện lớn nhất thế giới, đã tập trung vào mục tiêu sức khỏe và phát triển nói chung, tập trung về lương thực và thực phẩm của thế giới.

Trong Diễn đàn kinh tế thế giới vào đầu năm 2011, nhà chính sách Davos, và 17 công ty toàn cầu đã ra tuyên bố về những quyết định liên quan đến tầm nhìn nông nghiệp mới.

Thay đổi khí hậu đang diễn ra, thách thức càng lớn cho nhân loại về an ninh lương thực và đói nghèo. Năm 2009, thế giới chứng kiến sự kiện hơn 1 tỷ người đói do hạn hán, lũ lụt, và rơi vào tình cảnh nghèo khó, đặc biệt tại Nam Á và vùng cận sa mạc Sahara của Châu Phi. Trận lũ tàn khốc tại Pakistan 2010 đã được thế giới hết sức quan tâm theo dõi, với 2,36 triệu ha bị thiệt hại hoàn toàn, tổn thất 281,6 tỷ rubees (Buru 2010). Năm 2011, tình cảnh này vô cùng bi đát tại Somali với hình ảnh trẻ em chết do suy dinh dưỡng và đói. Đông Nam Á đang hứng chịu ảnh hưởng La Nina khốc liệt chưa từng có vào năm 2010-2011.

Người ta đã cố gắng đẩy nhanh kết quả nghiên cứu di truyền những cây trồng chủ lực, nhất là cây lúa, đáp ứng phần nào các giải pháp lương thực trước mắt và lâu dài. Những sự kiện di truyền cây lúa quan trọng gần đây có thể liệt kê là: (1) năm 2002 giải mã bộ gen cây lúa loại hình japonica và indica; (2) xây dựng bộ chỉ thị SNP và phân tích chức năng gen *elf4G* kháng bệnh virus “tungro”; (3) di truyền tiến hóa của pathogen và côn trùng gây hại chính được công bố; (4) đồng hóa gen chịu ngập *Sub-1* từ nguồn cho là giống Swarna của Ấn Độ, Bangladesh (khả năng chịu ngập 17 ngày); khai thác thành công gen *SalTol* điều khiển chịu mặn trên nhiễm sắc thể số 1.

Các loài được sử dụng là cây mô hình (model species) có những tính trạng di truyền, sinh sản hoặc các tính trạng quan trọng khác đã giúp cho người ta hiểu rõ hơn các loài khác (Phillips 2008, Okagaki và ctv. 2008). Bởi vì nó giúp cho chúng ta tiết kiệm thời gian, tiết kiệm chi phí nghiên cứu, nhờ so sánh các chuỗi trình tự tương đồng giữa các loài nghiên cứu. Thông tin của chuỗi trình tự bộ gen các loài cây mô hình đã được lưu trữ có hệ thống và chia sẻ cho tất cả mọi nơi trên thế giới. Tin sinh học ra đời và phát triển với tốc độ cực nhanh tạo rất nhiều thuận lợi cho các quốc gia đang phát triển như Việt Nam được hưởng thụ công bằng những thành tựu vĩ đại trong lĩnh vực genomics, proteomics.

## II. Bảo tồn tài nguyên di truyền là nội dung quan trọng

Ngân Hàng Gen thế giới đang lưu giữ 572.029 mẫu giống lúa trồng (*Oryza sativa* và *O. glaberrima*) và khoảng 23.000 mẫu lúa hoang, tại 6 ngân hàng gen lớn, tất cả nằm ở Châu Á (<http://rice.generationcp.org>). Đa dạng di truyền cây lúa sẽ có thể thỏa mãn được mục tiêu tạo giống thích ứng với biến đổi khí hậu thông qua chương trình “Gene Mining” (tìm mã gen). Các nước đều đặt nội dung bảo tồn như vậy như chiến lược phát triển cơ bản quốc gia cho công nghệ sinh học và cách mạng xanh tương lai.

Bản chất của công nghệ di truyền tập trung vào 3 nội dung: Ngân hàng gen (giống), công nghệ khả thi (chuyển nạp gen, marker chọn lọc cái biên theo hướng an toàn thí dụ *pmi*, promoter đa chức năng, v.v...), thực hiện các công nghệ ấy đối với các gen điều khiển những tính trạng mong muốn.

Công ước đa dạng sinh học đã được 126 quốc gia ký kết, trong đó có Việt Nam. Hiệp Ước Quốc tế về Tài nguyên di truyền thực vật cho Lương Thực và Nông Nghiệp (ITPGRFA) được ký ban hành vào năm 2001 và thực sự có hiệu lực vào ngày 29-6-2004. Đến 31-8-2010, có 125 quốc gia thành viên chấp nhận các điều khoản của Hiệp ước này. Thế giới hiện có 1.700 Ngân hàng gen, trong đó 11 Ngân hàng thuộc CGIAR với 650.000 mẫu giống được bảo quản ex-situ. Trung Tâm bảo quản ex-situ lớn nhất là Global Seed Vault ở Svalbard, Na Uy.

Việc tìm kiếm, phát hiện gen quý hiếm phục vụ cho an ninh lương thực và đề ra các giải pháp tốt đối với bệnh khiếm dưỡng được khuyến khích.

Đa dạng genome và nguồn gốc của genome được dựa trên cơ sở di truyền tiến hóa theo nghiên cứu của Đại Học Indiana, Hoa Kỳ (Lynch và ctv. 2010). Di truyền quần thể thúc đẩy sự phát triển hoặc làm mất đi genome của loài sinh vật nào đó trên trái đất, tùy thuộc vào: (1) số gen / loài sinh vật; (2) tính chất đa dạng của vùng điều tiết trong genome; (3) hiện tượng “intron proliferation” hay “spliceosomal” trong nhân; (4) hiện tượng transposon và retrotransposon. Qui mô của quần thể thường tương quan nghịch với kích thước của sinh vật. Số lượng intron trong một gen tiến dần đến giới hạn tại qui mô intron nhỏ nhất (Lynch và ctv. 2010).

Lĩnh vực di truyền quần thể đã công bố nhiều mô hình toán học mới giúp ích cho nghiên cứu di truyền của người, với công trình của GS Bruce Weir, ĐH North Carolina, USA, và của TS Lindahl, ĐH Dallas, Texas, USA (Bừu 2003).

### III. Genome cây mô hình *Oryza sativa* và *Arabidopsis thaliana*

Trình tự di truyền của genome cây lúa như một tiêu chuẩn vàng cho ngành genome học của các cây mẽ cốc, với 37.544 gen mã hóa protein (Sakai và ctv. 2011). Bản thảo bộ gen cây lúa đã được giải mã thành công vào năm 2002. Trình tự DNA chất lượng cao của genome cây lúa chiếm 95%, với độ lớn phân tử 389 Mb, phủ trên tất cả các vai nhiễm và 2 tâm động của 12 nhiễm sắc thể. Kurata và ctv. (1994), Sasaki và ctv. (1996) đã công bố đầu tiên quang di truyền có độ lớn 330 kb chứa 883 trình tự gen trên tạp chí Nature Genetics, được xem công trình đồ sộ nhất lúc bấy giờ, làm chuẩn cho các qui trình nghiên cứu trình tự sau này.

**Bảng 1:** Lịch sử nghiên cứu trình tự bộ gen cây lúa

Năm	Nội dung
1985	Xác định nội dung hợp tác trong ISRG 1985
1989-1999	Rockefeller Foundation tài trợ chương trình CNSH cây lúa
1988	Bản đồ di truyền với 135 RFLPs
1994	Bản đồ di truyền với 1385 RFLPs (ĐH Cornell và RGP Nhật)
2002	Bản đồ có 6591 ESTs trên cơ sở YAC contig
2002	Công bố bản thảo về giải mã trình tự genome cây lúa indica
2003	Tạo ra được thư viện cDNA có chiều dài phân tử đầy đủ với 28.000 cDNAs
2004	Hoàn tất việc giải mã trình tự genome cây lúa thông qua công trình của Nhật, IRRI, Trung Quốc + hai công ty lớn Monsanto và Syngenta
2008-2010	Dự án OMAP do Rod Wing dẫn đầu đã tiến hành viết lại chi tiết trình tự (DNA resequencing) trên các loài lúa hoang, để so với trình tự gốc

Viện Genome học Arizona, Mỹ, đã báo cáo kết quả của Dự án “Oryza Map Alignment” (OMAP) như một nguồn nghiên cứu genome mới trong chủng *Oryza*. OMAP mới được tiến hành 2 năm, nghiên cứu sự tiến hóa của bộ gen cây lúa, thúc đẩy đồng hóa các vị trí quan trọng trong bản đồ gen cây lúa, cụ thể thành lập được 12 thư viện BAC với khoảng 1000 Mb của chuỗi trình tự “BAC end”, xây dựng được ngân hàng dữ liệu

“SnaPshot” cho 12 thư viện. Trong đó, nhiễm sắc thể số 3 của cây lúa đã được chi tiết hóa nhiều nhất (Rod Wing 2005). Nhiễm sắc thể số 3 của cây lúa được chọn làm mục tiêu xem xét đầu tiên và có kết quả bước đầu, so sánh giữa *O. sativa* và *O. nivara* [Genome Research 15:1284 (2005)], so sánh giữa lúa và ngô [Plant Cell 17:343 (2005)]

Viện Lúa Quốc Tế (IRRI) đã xác định được những alen có ích trong cơ chế tự bảo vệ, phục vụ mục tiêu tạo giống lúa có gen kháng với phổ rộng đối với rầy nâu, bệnh đạo ôn, bạc lá, bệnh do virus. Đây là những thông tin rất cần thiết cho Việt Nam trong chiến lược tạo giống lúa kháng rầy nâu và bệnh vàng lùn. Có 11 gen tự vệ đã được đọc trình tự trong ngân hàng gen kháng bệnh đạo ôn. Những gen này biểu thị mức độ lý tưởng về SNP tại vùng upstream với qui mô 1 kb (Leung 2008, Leung và ctv. 2001).

Trung Tâm nghiên cứu quốc gia về công nghệ sinh học thực vật, New Delhi, Ấn Độ đã so sánh genome giữa cây lúa và lúa mì, như một công cụ để khám phá gen mục tiêu. Họ đã so sánh được 56.298 gen cây lúa với 39.813 “unigene contig” của lúa mì dưới dạng EST, phân lập được 7.241 gen đồng dạng giữa lúa và lúa mì (Singh và ctv. 2007).

Phần mềm chuyên dụng như *Fgenes* hay còn gọi là **SoftBerry** đã trở nên quen thuộc trong chú thích trình tự (<http://linux1.softberry.com/berry.phtml>). Nó đang được khuyến khích sử dụng để tìm kiếm gen mục tiêu, sau giai đoạn giải mã gen cây lúa thành công vang dội. Hiện có 69.002 loci đã được dự đoán, và 40.557 loci chồng lấp trên FL cDNA (trong đó, có 3892 vùng chồng lấp EST của cây lúa, và 3049 của cây một lá mầm khác).

Phương pháp tìm kiếm mỏ gen mục tiêu (allele mining) cũng được tập trung khai thác locus mới hoặc alen mới (Ebaka và Yano, Trung Tâm nghiên cứu tài nguyên genome cây lúa, Nhật) (<http://www.rgrc.dna.affrc.go.jp>)

Một consortium đã được hình thành từ 2002, đó là “Rice Functional Genomics Consortium”, đánh dấu một sự kiện mới trong lịch sử nghiên cứu di truyền cây lúa. Viện nghiên cứu về genome học của Mỹ (TIGR: The Institute of Genome Research) (<http://rice.tigr.org>) đã báo cáo việc thực hiện dự án “TIGR Rice Genome Annotation”. Họ công bố một kết quả khổng lồ về ngân hàng dữ liệu các chú thích trong genome cây lúa, ký hiệu “**TIGR Osa1 DB**”. Quỹ Khoa Học Quốc Gia của Mỹ đã tài trợ cho dự án này hoạt động. Việc xây dựng các mô hình gen trong Osa1 đã được thực hiện trên 3.898 BAC clone. Các phần mềm để dự đoán gen cần chú ý là: Fgenesh, GenMarkHm, GenScan, GenScan+, GlimmerM. Họ đã tạo ra những phân tử giả (pseudomolecules) trên 12 nhiễm sắc thể cây lúa, với đầy đủ các chú thích, các thông tin quan trọng cho các nhà khoa học. Họ đã chứng minh các sự kiện bằng cDNA và EST có chiều dài phân tử đầy đủ trong các mô phỏng của từng gen mục tiêu. Thông tin này có trên trang web <http://rice.tigr.org>, với mật độ 5,7 kb / gen nếu thực hiện theo trình tự thủ công và 6,2 kb / gen theo trình tự của TIGR (Bửu và Lang 2008).

Genome học (genomics) là một ngành học mới, một mô hình mới bao gồm các nội dung về chuỗi trình tự di truyền của genome, sự thể hiện gen, chức năng của mỗi gen, hoạt động có hệ thống của các gen tương tác với nhau, phân tích tính trạng phức tạp. Cây lúa là một genome có tính chất tham khảo cho các genome cây trồng khác, hiện được toàn thế giới tập trung nghiên cứu nhiều nhất như genome người và genome cây *Arabidopsis thaliana*. Nó mang tính chất “reference allele” (alen tham khảo), rồi từ tính chất alen tham khảo đến genome tham khảo, với sự kiện lịch sử rất phong phú về: mô tả các đột biến, bản đồ liên kết gen, di truyền tế bào cây lúa. Công trình của Ahn và Tanksley (ĐH Cornell) về bản đồ liên kết gen có tính chất so sánh vào năm 1993 là cột

mốc lịch sử. Từ 1999, cố Giáo Sư Mike Gale và ctv. thuộc Đại Học Cambridge, Anh quốc, đã đưa ra khái niệm “synteny” giữa genome cây lúa, kê, mía, cao lương, bắp, lúa mì, kiều mạch, bằng các vòng tròn đồng tâm biểu thị sự đồng dạng của gen mục tiêu (Gale và Devos 2002). Người ta đã thiết lập thành công bản đồ so sánh thống nhất trong genus *Oryza* với 11 loài lúa hoang trong dự án OMAP. Tính chất đa dạng được khẳng định từ nguồn tổ tiên. Có 22% gen thống nhất với tổ tiên của cây ngô hiện nay, nhưng người ta không tìm ra trên cây lúa.

#### **IV. Từ “genomics” đến “functional genomics”**

Dự án quốc tế về đọc trình tự bộ gen cây lúa được phát động từ tháng Hai 1998, với kế hoạch sẽ hoàn tất trong 10 năm (Wang và Leung 1999). Thực tế, genome cây lúa có khoảng 170 Mb của tổng số 430 Mb đã được hoàn thiện trong 5 năm đầu tiên. Đến 2002, nội dung theo kế hoạch đã được thực hiện xong. Tháng Giêng 2001, tập đoàn Syngenta công bố việc hoàn thành đọc chuỗi ký tự genome cây lúa, với khoảng 50.000 gen. Trung bình mỗi gen có khoảng 3.000 bp. Nhưng gen có chức năng là con số bao nhiêu, rất khó biết. Một ngành học mới ra đời: “genome học về chức năng”, với thuật ngữ quốc tế “functional genomics”.

Người ta lợi dụng hiện tượng mất đoạn của một gen nào đó do đột biến bằng phóng xạ hay hoá chất, trên nhiễm thể để xem xét chức năng của gen cây lúa - với thuật ngữ “deletion mutant” (Leung và ctv. 2001).

Một consortium quốc tế được tổ chức tại Nhật, đã hoạch định một dự án hoàn chỉnh chuỗi mã di truyền cây lúa trong năm 2004, với sự phân công rõ ràng cho từng quốc gia thành viên, mỗi nước nhận hoàn chỉnh trên 1 hoặc vài nhiễm thể trong 12 nhiễm thể của bộ gen cây lúa, đứng đầu là Tesuo Sasaki. Công nghệ tạo các “microarray” hay “gene chips” được phát triển rất nhanh với sự phát triển của chỉ thị SNP (single nucleotide polymorphism).

Việc hoàn thành tự điển genome học về chức năng đã diễn ra trong vòng 10 năm. Có 50.000 gen được biết, nhưng chức năng của mỗi gen thay đổi tùy theo giống lúa sử dụng, bởi vì nền tảng di truyền của mỗi giống lúa không giống nhau. Ngân hàng gen của IRRI hiện bảo quản 111.000 mẫu giống là một nguồn tài nguyên vô cùng quý giá cho loài người. Các thành viên của Rice Functional Genomics Consortium đã so sánh: “Giống như một bài thơ được cấu thành bởi các từ được sắp xếp một cách hợp lý và nghệ thuật, sự sắp xếp trật tự các gen với tính sáng tạo của thiên nhiên đã hình thành một sự đa dạng về chức năng. Một chương trình cải tiến giống lúa thành công đòi hỏi chúng ta biết cách sử dụng thật tốt tự điển genome học này”. Hiện nay, hệ thống mạng NCBI làm tăng thêm rất nhiều tiện ích cho việc so sánh trình tự gen, thông qua công cụ BLAST (basic local alignment search tool).

Trong genome học về chức năng, có hai công cụ chính: (1) phân tích sự thể hiện toàn bộ genome, (2) tạo ra sự đột phá gen một cách hệ thống (làm mất chức năng hoặc gắn thêm chức năng).

Phát triển trên cơ sở kỹ thuật “microarray”, với sự hợp tác của hai tập đoàn lớn Affymetrix và Syngenta, người ta đã sáng tạo hơn 20.000 probe phục vụ tìm kiếm và xác định khoảng 20.000 gen mục tiêu, với khả năng thương mại hóa rất triển vọng. Người ta còn nghiên cứu “gene profile” (phổ gen) với công nghệ mới có tên gọi là SAGE (viết tắt từ chữ “serial analysis of gene expression”), bao gồm 10.122 “tags” đã được phân tích, tương ứng với 5.921 gen mục tiêu (Biru 2002).

Kỹ thuật đột phá gen (gene disruption) được thực hiện trên 4 loại hình như sau:

- (1) Tạo ra bộ sưu tập các dòng đột biến mất đoạn do IRRI thực hiện. Trở ngại chính của hoạt động này là rất khó xác định gen do những hạn chế của nó về đánh giá kiểu hình, vì không có "tag".
- (2) Sử dụng retro-element "*Tos-17*" do nhóm của Hirochika tại Nhật, thông qua nuôi cấy mô. *Tos-17* thể hiện hoạt động chuyển vị rất tốt ở vùng có nhiều gen mục tiêu, và nó cũng được sử dụng để tạo đột biến xen đoạn (insertion). Thuận lợi của phương pháp này là chúng ta có thể trồng trên ruộng một cách dễ dàng, vì đó không phải là cây lúa chuyển nạp gen
- (3) Tạo các dòng đột biến xen đoạn từ nguồn chuyển nạp trực tiếp T-DNA, hoặc chuyển nạp yếu tố chuyển vị (transposon) của cây bắp. Thuận lợi của phương pháp này là tính ổn định của xen đoạn, số bản sao thấp, khả năng có cây trồng để đánh giá kiểu hình ngay lập tức. Trở ngại của phương pháp này là cây chuyển nạp gen, nên trồng khảo sát trên đồng ruộng gặp nhiều phiền toái hơn
- (4) Sưu tập các dòng đột biến cây lúa được đánh dấu bởi *Ac-Ds* của cây bắp. Thuận lợi của phương pháp này là số dòng được hạn chế lại rất ít để phục vụ cho việc hình thành bản đồ di truyền có ảnh hưởng xen đoạn, kể đến, đột biến có thể được đảo lại nhờ sự di chuyển của transposon ra khỏi vị trí xen đoạn của nó.

Thế giới kêu gọi sự hợp tác quốc tế mạnh mẽ hơn nữa về Chức Năng Genome Học sẽ diễn ra vào năm 2020. Nội dung được thảo luận với thuật ngữ “comparative genomics”. Người ta xem đó như phương pháp đầy tiềm năng giúp chúng ta hiểu được lịch sử tiến hóa loài và ứng dụng có hiệu quả trong cải tiến giống cây trồng.

Với sự phong phú của chỉ thị ESTs và SNPs; nhiều Viện nghiên cứu quốc tế đã hợp tác để xem xét thành phần “Genomewide SNP” trong du nhập gen mục tiêu từ lúa hoang vào lúa trồng. SNP là nền tảng của GWAS (genome-wide association). Người ta công bố ~160.000 SNP loci chất lượng cao bằng phương pháp “density oligo array” thông qua 20 mẫu giống lúa trồng. Có khoảng 200 kb “linkage disequilibrium” trong loài phụ indica và >500 kb trong japonica; đạt trung bình 597 SNP marker trên một đoạn dài phân tử 1 kb (McNally và ctv. 2009); dữ liệu như vậy sẽ rất tốt cho phần mềm Rice Annotation hoạt động (<http://www.oryzasnp.org>), rất hữu dụng cho kỹ thuật editing, kỹ thuật profiling, hình thành bản đồ *in-silico*. Công trình khoa học này mang tính chất lịch sử trong chức năng genome học, tìm kiếm chức năng các gen mục tiêu trong cải tiến giống chống chịu stress sinh học và phi sinh học từ nguồn vật liệu hoang dại và bản địa.

Tổng số SNP hiện được thống kê gần 2 triệu chỉ thị chất lượng cao (Xuehui Huang và ctv., tài liệu chưa in ấn). Ước khoảng 86.000 SNPs định vị trong vùng mã hóa (exon), với tỷ lệ SNP dị đồng : SNP tương đồng là 1:1 trong bộ gen cây mô hình *Oryza*. Ước khoảng 2,7% các gen của cây lúa cần phải được thay đổi nhờ chỉ thị SNPs trên những codon của dây đối mã (Huang và ctv., tài liệu chưa in ấn).

Ở Trung Quốc, thông qua phân tích microarray với chỉ thị SNP, “profile” biểu hiện gen *OsPP2C1* được ghi nhận và được xác định bằng real-time PCR. Hai tập hợp các dữ liệu như vậy rất trùng khớp nhau, điều ấy khẳng định rằng gen này là gen có tính chất nhạy cảm đối với nhiều stress (multi-stress sensitive gene) trong cây lúa (IAS 2011). Xem <http://www.academicjournals.org/AJB/abstracts/abs2011/20Jul/Jiang%20et%20al.htm>

## V. Thành tựu và Thách thức ở Việt Nam

### V-1. Thành tựu

Những hoạt động đầu tiên biểu thị rõ nhất trong bảo tồn quỹ gen và chọn tạo giống lúa. Chỉ thị phân tử AFLP, SSR đã được sử dụng phổ biến trong nghiên cứu đa dạng di truyền cây lúa (*Oryza sativa* L.) (Bửu và Lang 1999, 2002, 2010b; Thành và ctv. 1999), Dũng và Sano (1999) đã công bố đa dạng di truyền của hoạt động điều tiết gen waxy.

Dòng hóa gen mục tiêu nhờ BAC clone được thực hiện trên gen *Xa-21*, *Bph-10* (Lang và Bửu 2003). Gần đây, gen giả định điều khiển tính chống chịu hạn trên nhiễm sắc thể số 9 cũng được dòng hóa (Lang và ctv. 2010) trên cơ sở thành lập thư viện BAC của Viện Lúa ĐBSCL.

Chọn giống nhờ chỉ thị phân tử đã được ứng dụng kể từ 1995 với chỉ thị dựa trên PCR như RAPD, AFLP, STS, microsatellite nhằm xét nghiệm sự có mặt của gen mục tiêu trong bố mẹ và con lai đang phân ly. Kỹ thuật "fine mapping" là chìa khóa trong chiến lược chọn lọc một cách thận trọng các kiểu gen mong muốn chính xác. Viện Lúa ĐBSCL (CLRRI), Viện Di Truyền Nông Nghiệp (AGI), Viện Công nghệ Sinh Học Quốc Gia đã tập trung chiến lược này và thu hoạch thành công đối với gen kháng rầy nâu, (Lang và ctv. 2003, Oanh và ctv. 1999, Huyền và ctv. 1999), bệnh đạo ôn (Lang và Bửu 2002, Nghĩa và ctv. 1999, Quang và ctv. 1999, Huyền và ctv. 1999), bệnh bạc lá với gen *xa-5*, *xa-13*, *Xa-4*, *Xa-7*, *Xa-21* (Lan và ctv. 2003, Bửu và Lang 1998).

Gen điều khiển mùi thơm *fgr* được phát hiện nhờ microsatellite thông qua kỹ thuật "fine mapping" trên đoạn phân tử liên kết chặt với RG28 của nhiễm sắc thể số 8, và áp dụng MAS để chọn dòng lai có *fgr* (Bửu và Lang 2003). Giống OM6162, OM4900 được phát triển thành công ra sản xuất bằng phương tiện này.

Gen mục tiêu từ loài lúa hoang được du nhập thành công vào lúa trồng thông qua kỹ thuật cứu sống phôi mầm (embryo rescue). Thao tác trên nhiễm sắc thể được thực hiện thông qua kỹ thuật FISH (fluorescent *in-situ* hybridization) khi lai với lúa hoang. Giống dẫn xuất từ lúa hoang *Oryza rufipogon* có nguồn gốc từ đất phèn nặng ở Tràm Chim, Đồng Tháp Mười là AS996 (IR64 x *Oryza rufipogon*) đã được sử dụng làm vật liệu trong các chương trình lai (Bửu và Lang 2003)

Phân tích QTL (quantitative trait loci) các tính trạng số lượng như chống chịu khô hạn, mặn (Bửu và ctv. 2003), chống chịu thiếu lân (Lang và Bửu 2005), chống chịu độ độc nhôm (Bảy và ctv. 2003), chống chịu độ độc sắt (Lang và ctv. 2010b). Tương tác GxE được tính toán trong phân tích QTL các tính trạng chống chịu với stress phi sinh học, vẫn còn là thách thức lớn cho nhà chọn giống.

Các nghiên cứu chống chịu hạn trên cơ sở kiểu hình của rễ để xây dựng bản đồ QTL cũng được quan tâm (Thành và ctv. 1999, 2003, Liên và ctv. 2003)

Nghiên cứu tính trạng chống chịu mặn trên 6 kiểu hình: SD (ngày sống sót), chiều dài chồi, chiều dài rễ, khối lượng chồi, khối lượng rễ, hàm lượng K và Na, tỷ lệ Na/K đã được phát triển để hình thành bản đồ QTL, từ đó nhiễm sắc thể số 8 đã được ứng dụng để tìm gen mục tiêu tạo ra giống lúa chịu mặn ở ĐBSCL (Lang và ctv. 2001, 2003; Tuấn và ctv. 1999).

Nuôi cấy túi phấn đã được khai thác thành công để tạo ra dòng đồng hợp tử nhanh trong kỹ thuật vi nhân giống và duy trì được 80% ưu thế lai F<sub>1</sub> (Bồng và ctv. 2000; Lương và ctv. 1999; Vân và ctv. 1999, 2003; Linh và Nhi 2003).

Áp dụng nuôi cấy mô trong chọn giống lúa có khả năng chịu được nhiệt độ cao (Tâm và ctv. 1999, 2003), tạo ra giống lúa lai hai dòng (Minh và ctv. 1999).

Viện CNSH đã khai thác thành công biên dị số ma để tạo ra kiểu gen kháng vi nấm gây bệnh đạo ôn *Magnaporthe grisea* in-vitro (Bảy và ctv. 1999).

Gen *Xa-21* đã được chuyển nạp thành công vào giống lúa VL901 (Phuong và ctv. 1999), vào giống lúa IR64, KDM 105 (Bông và ctv. 1999).

Việc chuyển nạp gen mục tiêu vào cây lúa thông qua *Agrobacterium* đã được tiếp cận rất sớm. Chức năng của vị trí *cre/lox* – hệ thống tái tổ hợp đặc biệt để cắt rời một gen nào đó đã được ứng dụng để tạo “DNA sạch” (Cúc Hòa và ctv. 2000). Các gen *Xa-21*, *Bt*, *GNA*, *Chitinase*, *Beta carotenoid* đã được chuyển nạp thành công vào dạng hình indica genotypes (Cúc Hòa và ctv. 1999, 2003; Lộc và ctv. 2001). Chỉ thị chọn lọc (selectable marker) đã được cải tiến theo hướng an toàn sinh học, được áp dụng trong sự kiện tạo ra giống lúa vàng giàu vitamin A, đó là gen *pmi* với qui trình chọn lọc trên môi trường đường mannose, thông qua xét nghiệm huỳnh quang (Cúc Hòa và ctv. 2002, 2003).

Chính phủ đã ban hành Quyết Định 188/2005/QĐ-TTg về đẩy mạnh và phát triển ứng dụng công nghệ sinh học, và QĐ số 11 (ngày 12-1-2006) phê duyệt chương trình trọng điểm công nghệ sinh học trong lĩnh vực nông nghiệp và phát triển nông thôn đến năm 2020. Đó là những văn kiện quan trọng cho nghiên cứu và phát triển genome học và chức năng genome trong cải tiến giống cây trồng nông nghiệp. Cây lúa vẫn là cây mô hình đáng tin cậy nhất.

## V-2. Thách thức & khả năng nghiên cứu ở Việt Nam

- Phần lớn cơ chế chống chịu với thay đổi khí hậu hiện nay trên cơ sở sinh lý học của cây trồng đang được tập trung nghiên cứu với sự phối hợp giữa các nhà sinh lý, sinh hóa, di truyền, chọn giống. Nhưng đây là lĩnh vực rất khó, một số cơ chế chống chịu vẫn chưa được biết rõ, mặc dù người ta đã phân tích sự kiện ở mức độ sinh học phân tử. Việc cải tiến giống có năng suất cao kết hợp với khả năng chống chịu stress như vậy vẫn đang diễn biến rất chậm, vì những kiến thức cơ bản về di truyền và sinh lý thực vật còn hạn chế, kỹ thuật thanh lọc rất phức tạp và tốn kém. Cơ chế điều tiết áp suất thẩm thấu và quá trình nhận tín hiệu của stress do khô hạn, mặn, và lạnh tương đối giống nhau về nguyên tắc chung. Tuy nhiên, sự truyền tín hiệu và nguyên tố điều tiết *cis* của mỗi sự kiện rất khác nhau, trên từng môi trường ngoại cảnh khác nhau. Đó là điều lý thú trong tự nhiên.
- An ninh lương thực đặt ra trong điều kiện đất nông nghiệp hạn chế, nguồn nước ngọt khan hiếm, nhiễm mặn trầm trọng hơn, nhiệt độ nóng hơn. Bản đồ gen (QTL) sẽ là yêu cầu trước hết cho phân tích di truyền tính trạng chống chịu các stress phi sinh học, đồng thời nó cũng là tiêu chuẩn trong chọn giống cây trồng hiện đại. Thâm canh lâm gia tăng việc dùng hóa học làm mất cân bằng sinh học trên đồng ruộng, sâu bệnh diễn biến phức tạp hơn, dẫn đến hiện tượng phát triển kém bền vững.
- Dân số tăng, với sản lượng lương thực phải tăng gấp đôi vào 2050 so với 2000. Phẩm chất dinh dưỡng là chiến lược cần phải tiếp cận. Với khẩu phần ít, nhưng năng lượng cao, dinh dưỡng tốt sẽ là lời giải của tương lai.
- Việt Nam hoàn toàn có khả năng tiếp cận với genome học hiện đại, trên cơ sở hợp tác thật sự và được đầu tư đúng mức. Cái thiếu lớn nhất của Việt Nam hiện nay không phải là chiến lược mà là chính sách khuyến khích và thời biểu hành động (agenda). Các tính trạng chống chịu sâu bệnh với gen kháng bền vững, các tính trạng chống chịu stress phi sinh học như khô hạn, vốn rất phức tạp khi đánh giá kiểu hình, người



ta vẫn có thể tìm được giải pháp tốt, khi biết sử dụng thông thạo kho dữ liệu các chuỗi trình tự loài sinh vật của thế giới thông qua phương tiện tin sinh học.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Bay ND, DS Brar, BC Buu, NV Tao, PN Luong, HT Nguyen. 2003. Identification and mapping of the QTL for aluminum tolerance introgressed from wild resource, *Oryza rufipogon* Griff, into indica rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet* 106:583-593
- Bay PT, LT Muoi, NV Vien, ND Thanh. 1999. The variation in agro-biological traits and the level of blast resistance rice lines derived from calli resisted to culture filtrate of blast fungus. *Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 827-836*
- Bong BB, TT Cuc Hoa, P Christou, TK Hodges. 1999. Genetic improvement of rice varieties for the Mekong Delta of Vietnam: Biotechnology contribution. *In General meeting of the international program on rice biotechnology. September 20-24, Phuket, Thailand. P.30*
- Bong BB. 2000. Genetic improvement of rice varieties for The Mekong Delta of Vietnam: Current status and future approaches. *Rice Research and Development in Vietnam for the 21<sup>st</sup> Century. BB Bong (Ed.). Proc. of the Conf. On Rice Res. And Dev. In Vietnam for the 21<sup>st</sup> century – Aspects of Vietnam-India. Cantho, Sep. 18-19, 2000. CLRRI. Pp.123-134*
- Bùi chí Bửu, Nguyễn thị Lang. 2008. Giáo trình Di Truyền Phân Tử. Nhà Xuất Bản Nông nghiệp in lần thứ Ba, 629 trang.
- Buu BC and NT Lang. 2003. Genetic background of biotic stress tolerance of rice. *Nong Nghiep Publisher, Ho chi Minh City, Vietnam, 223 pp.*
- Bửu BC. 2010 a. Climate change and Vietnam Planning. Annual CORRA Meeting. Korea 11-12 October 2010. International Rice Research Institute, Los Banos, Philippines.
- Buu BC, NT Lang, NT Ngoc Hue. 2010 b. Rice germplasm conservation in Vietnam. *Vietnam Fifty Years of Rice Research and Development. MARD. Bong BB, NV Bo, BC Buu eds. Agric Pub. House, Hanoi: 167-178*
- Buu BC, NT Lang. 1998. Rice germplasm evaluation assisted by DNA marker for bacterial leaf blight. *Agricultural Biotechnology: Laboratory, Field, and Market. CISRO, Darwin, Australia. P. 69-70*
- Buu BC, NT Lang. 1999. DNA marker application to evaluate rice germplasm accessions. *Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1216-1225*
- Buu BC, NT Lang. 2003. Identification and fine mapping of SSR marker linked to *fgr* gene of rice. *Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 1164-1169*
- Bửu BC. 2002. Tương tác giữa ký sinh và ký chủ trong bệnh cây trên cơ sở sinh học phân tử. Sách chuyên khảo: Cơ Sở Di Truyền Tính kháng sâu hại cây trồng, Bùi chí Bửu Ed., Nhà xuất bản Nông Nghiệp: 11-52
- Buu BC. 2003. Report to Minister on 19<sup>th</sup> Int. Genetics Congress, Melbourne, Australia, July 6-11, 2003.
- Bửu BC. 2005. Hội nghị Quốc Tế về Di Truyền Cây Lúa lần thứ III. Manila, Philippines 20-24 tháng 11, 2005. Báo cáo Bộ NN và PTNT. 10 pp.
- Cuc Hoa TT, BB Bong. 2002. *Agrobacterium*-mediated transformation of rice embryonic suspension cells using phosphomannose isomerase gene, *pmi*, as a selectable marker. *OMonRice* 10: 1-6
- Cuc Hoa TT. 1999. *Agrobacterium*-mediated transformation of indica cultivars grown in Vietnam. *OMonRice* 7:60-66
- Cuc Hoa TT. 2000. Functional expression of the *cre/lox* site-specific recombination system in Arabidopsis and rice. *Rice Research and Development in Vietnam for the 21<sup>st</sup> Century. BB Bong (Ed.). Proc. of the Conf. On Rice Res. And Dev. In Vietnam for the 21<sup>st</sup> century – Aspects of Vietnam-India. Cantho, Sep. 18-19, 2000. CLRRI. Pp.135-147*
- Cuc Hoa, LT Binh, BB Bong. 2003. Standardization of mannose selection system and application for transformation of useful genes into rice by *Agrobacterium* method. *Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 761-765*
- Dung LV, Y Sano. 1999. Genetic diversity in the waxy gene regulation. *Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1274-1279*
- Gave MD, KM Devos. 1998. Plant comparative genetics after 10 years. *Science* 282:656-659

- Huyen LTN, NT Kim Dung, DT Hoa, VD Quang, TD Quy. 1999. Tagging genes controlling blast and brown plant hopper resistance in rice using AFLP techniques. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1444-1451
- IAS. 2011. Bản tin khoa học hàng tuần số 237: 1 đến 7-8-2011. Viện KHKTNNMN, on-line news <http://iasvn.org>
- Kurata N, Y Nagamura, K Yamamoto, Y Harushima, N Sue, J Wu, BA Antonio, A Shomura, T Shimizu, SY Lin, T Inoue, A Fukuda, T Shimano, Y Kuboki, T Toyama, Y Miyamoto, T Kirihara, K Hayasaka, A Miyao, L Monna, HS Zhong, Y Tamura, ZX Wang, T Momma, Y Umehara, M Yano, T Sasaki, Y Minobe. 1994. A 300 kilobase interval genetic map of rice including 883 expressed sequences. *Nature Genetics* 8:365-372
- Lan TB, VD Quang, LD Phuong, TD Quy, C Vera Cruz. 2003. Marker-assisted selection for bacterial blight resistance gene in rice. Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 1106-1110
- Lang NT and BC Buu. 2003. Genetic and physical maps of gene *Bph-10* controlling brown plant hopper resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *OMonRice* 11:35-41
- Lang NT, NCQ Binh, CT Nha, BC Buu. 2010 a. A candidate gene response to drought stress condition in rice (*Oryza sativa* L.). *OmonRice* 17: 105-113
- Lang NT, BC Buu, NV Viet and AM Ismail. 2010 b. Strategies for Improving and Stabilizing Rice Productivity in the Coastal Zones of the Mekong Delta, Vietnam. ©CAB International 2010. *Tropical Deltas and Coastal Zones: Food Production, Communities and Environment at the Land-Water Interface* (eds Chu T.H et al.): 209-222.
- Lang NT, BC Buu. 2002. Marker-assisted selection on rice blast resistance. Bui chi Buu (Ed.): *Genetic Background of Pest and Disease Resistance*. Nong Nghiep Publisher. pp 183-195
- Lang NT, BC Buu. 2003. Genetic and physical maps of gene *Bph-10* controlling brown plant hopper resistance in rice (*Oryza sativa* L.). Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 1083-1087
- Lang NT, BC Bửu. 2005. Xây dựng bản đồ di truyền số lượng (QTL) cho gen chống chịu điều kiện thiếu lân trên cây lúa (*Oryza sativa* L.). Hội nghị khoa học toàn quốc 2005. Công nghệ sinh học trong nghiên cứu cơ bản, Hướng 8.2. Bộ Khoa Học và CN, Chương trình nghiên cứu cơ bản trong khoa học tự nhiên. Hà Nội. Tr. 174-180.
- Lang NT, S Masood, S Yanagihara, and BC Buu. 2003. Mapping QTLs for salt tolerance in rice. *In Advances in Rice Genetics*. GS Khuch, DS Brar, B. Hardy (Eds). IRRI, Philippines, 294-298.
- Leung H, C Wu, M Baraoidan, A Bordeos, M Ramos, S Madamba, P Cabauatan, C Vera Cruz, A Portugal, G Reyes, R Bruskiwich, G McLaren, R Lafitte, G Gregorio, J Bennett, D Brar, G Khush, P Schnable, G Wang, J Leach. 2001. Deletion mutants for functional genomics: progress in phenotyping, sequence assignment, and database development. *Rice Genetics IV*, IRRI. P 239-251
- Leung H. 2008. Stressed genomics-bringing relief to rice fields. *Curr Opin Plant Biol*. 2008 Apr;11(2): 201-208.
- Lien NTK, NV Hai, ND Thanh. 2003. The preliminary results on using SSR for screening drought resistance lines in upland rice. Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 898-901
- Linh LH, HH Nhi. 2003. Production and selection of TGMS rice lines using anther culture techniques. Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 902-906
- Loc NT, AMR Gatehouse, P Christou, JA Gatehouse. 2001. Minimal transgene cassettes generate transgenic rice plants which accumulate higher levels of insecticidal proteins. *OMonRice* 9: 22-29
- Luong PN, TD Quy, NV Dong, VD Quang. 1999. Using anther culture method for rice breeding. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 874-881
- Lynch M, LM Bobay, F Catania, JF Gout, M Rho. 2010. The Repatterning of Eukaryotic Genomes by Random Genetic Drift. *Annu Rev Genomics Hum Genet*. 2010 Sep 29. [Epub ahead of print] PMID: 21756106
- McNally KL, KL Childs, R Bohnert, RM Davidson, K Zhao, VJ Ulat, G Zeller, RM Clark, DR Hoen, TE Bureau, R Stokowski, DG Ballinger, KA Frazer, DR Cox, B Padhukasahasram, CD Bustamante, D Weigel, DJ Mackill, RM Bruskiwich, G Rättsch, CR Buell, H Leung, JE Leach. 2009. Genomewide SNP variation reveals relationships among landraces and modern varieties of rice. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2009 Jul 28;106(30):12273-8.

- Minh HT, VT Thuy, NN Nhan, NT Hoai, PT Thuy, NT Thanh. 1999. Utilization of tissue culture techniques on rice two-line hybrid breeding. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 882-887
- Mohanty S. 2010. Global View on Rice Market. Annual CORRA Meeting. Korea 11-12 October 2010. International Rice Research Institute, Los Banos, Philippines.
- Nghia LT, H Leung, VD Quang, TD Quy. 1999. Genetic diversity and correlation between RGA genotypes and blast phenotypes of rice varieties collected in Vietnam. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1248-1258
- Oanh LTL, M Mohan, S Nair. 1999. Use of RAPD and RFLP markers for tagging gene for BPH resistance in indica rice. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1259-1265
- Okagaki RJ, MS Jacobs, AO Stec, RG Kynast, E Buescher, HW Rines, MI Vales, O Riera-Lizarazu, M Schneerman, G Doyle, KL Friedman, RW Staub, DF Weber, TL Kamps, IF Amarillo, CD Chase, HW Bass, RL Phillips. 2008. Maize centromere mapping: a comparison of physical and genetic strategies. *J Hered.* 99(2):85-93.
- Phillips R. 2008. Can genome sequencing of model plants be helpful for crop improvement?. Plenary Session 2. The Fifth International Crop Science Congress & Exhibition, Jeju, Korea April 13-18, 2008. Abstract: p.1.
- Phuong PT, TN Hai, TD Quy, S Zhang, CM Fauquet, RN Beachy, LV Quyet, LT Anh Hong. 1999. *Xa-21* gene expression in rice transgenic variety VL901. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1280-1286
- Phuong TTB, NH Loc, NH Dong. 2003. Structural changes of drought tolerance in rice cell selected from gamma ray (<sup>60</sup>Co) treated callus culture. Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 944-948
- Quang VD, LT Nghia, H Leung, TD Quy. 1999. Molecular analysis of blast pathogen population in northern and central Vietnam. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1379-1390
- Sakai H, H Ikawa, T Tanaka, H Numa, H Minami, M Fujisawa, M Shibata, K Kurita, A Kikuta, M Hamada, H Kanamori, N Namiki, J Wu, T Itoh, T Matsumoto, T Sasaki. 2011. Distinct evolutionary patterns of *Oryza glaberrima* deciphered by genome sequencing and comparative analysis. *Plant J.* 2011 Jun;66(5):796-805.
- Sasaki T, M Yano, N Kurata, K Yamamoto. 1996. The Japanese Rice Genome Research Program. *Genome Research* 6: 661-666
- Singh NK, V Dalal, K Batra, BK Singh, G Chitra, A Singh, IA Ghazi, M Yadav, A Pandit, R Dixit, PK Singh, H Singh, KR Koundal, K Gaikwad, T Mohapatra, TR Sharma. 2007. Single-copy genes define a conserved order between rice and wheat for understanding differences caused by duplication, deletion, and transposition of genes. *Funct Integr Genomics.* 2007 Jan;7(1):17-35.
- Tam NT, DT Phong, LT Binh. 1999. Selection for high temperature tolerance of rice by using plant cell tissue culture. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 819-826
- Tam NT, NT Ty, LT Binh. 2003. Study on biochemical characteristics of high temperature tolerant calli-derived rice lines. Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 958-961
- Thanh ND, NT Kim Lien, NT Hanh. 2003. Localization of quantitative trait loci controlling drought resistance in rice. Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 810-814
- Thanh ND, NT Kim Lien, TQ Trong, QT Lien, LB Thuy. 1999. Preliminary results on development population for molecular mapping of root traits in upland rice. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1413-1420
- Thanh ND, PT Bay, LH Diep. 1999. Development and application of molecular markers in the study of molecular diversity in rice. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1205-1216
- Tuan VD, F Fukuta, M Yano, T Ban. 1999. Mapping of quantitative trait loci for salinity tolerance in rice. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 1226-1235

- Van NN, LT Binh, LT Muoi. 1999. Several morphological characteristics of various ploidy plants obtained from anther culture of rice. Proc. of National Biotechnology Conference 1999, Hanoi, December 9-10, 1999. Pages 837-845
- Van NN, LT Binh, LT Muoi. 2003. The aromatic line-VH1 obtained by anther culture. Proc. of National Biotechnology Conference 2003, Hanoi, December 16-17, 2003. Pages 837-839
- Wang GL, H Leung. 1999. Molecular biology of host-pathogen interactions in rice diseases. In: K Shimamoto (Ed.): Molecular Biology of Rice. Springer-Verlag Tokyo 1999, Japan. pp 201-232
- Wing RA, JS Ammiraju, M Luo, H Kim, Y Yu, D Kudrna, JL Goicoechea, W Wang, W Nelson, K Rao, D Brar, DJ Mackill, B Han, C Soderlund, L Stein, P SanMiguel, S Jackson. 2005. The *Oryza* map alignment project: the golden path to unlocking the genetic potential of wild rice species. Plant Mol Biol. 59(1):53-62.

## ENGLISH ABSTRACT

### **MODEL PLANT GENOME SEQUENCING & CROP BREEDING IN VIETNAM - A case study of *Oryza sativa* L.**

Bui chi Buu and Nguyen thi Lang

Model species have genetic, reproductive, or trait-related characteristics that facilitate the understanding of other species. Rice (*Oryza sativa* L.) has been considered a model species as well as *Arabidopsis thaliana*. The use of model species saves time and is cost-effective as compared to develop similar information across all species of interest. Rice, the world's most important food crop, is the primary staple for the poorest people. All efforts to overcome poverty must include a rice component. Increased productivity through plant tolerance of flooding, drought, and salinity will help reduce poverty and provide farmers with option. New ideas are really tested with model species. Sequencing costs have decreased by three orders of magnitude over the past decade allowing species with larger genomes to become model species with novel approaches of "editing", "*in silico* sequencing", v.v... in rice genome. To further understand intra-specific variation and facilitate genetic improvement of rice, a comparative genomics approach will be necessary to make a more integrated and detailed map that collects all kinds of genetic variations. The significantly differential transcriptional activity genes were also detected between two subspecies (indica and japonica). Knowledge of the full genome sequence is clearly just the beginning and work now will turn to elucidating all of the genes and the hard work of defining their function. In Vietnam, elucidation of the association between nucleotide changes and phenotypic changes has been a big challenge in the molecular genetics and breeding of rice. The efforts have revealed new opportunities to accelerate both the genetic dissection of complex traits and the integration of genomics with rice breeding.