

Đánh giá sự khác biệt kiểu hình và thông số di truyền trên các giống/dòng lúa màu để cải thiện chất lượng hạt gạo chức năng

Huỳnh Như Điền, Huỳnh Kỳ, Nguyễn Lộc Hiền, Phạm Thị Bé Tư, Chung Trương Quốc Khang, Châu Thanh Nhã*

Trường Nông nghiệp, Đại học Cần Thơ, khu 2, đường 3/2, phường Ninh Kiều, TP Cần Thơ, Việt Nam

Ngày nhận bài 26/5/2024; ngày chuyển phân biện 28/5/2024; ngày nhận phân biện 8/6/2024; ngày chấp nhận đăng 18/6/2024

Tóm tắt:

Lúa màu được xem là loại gạo đặc sản, có chứa hoạt tính chống oxy hóa mạnh và có lợi cho sức khỏe con người. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm đánh giá các tính trạng nông học, chất lượng và chất chống oxy hóa trên 45 giống/dòng lúa màu và chỉ số khoảng cách kiểu gen - kiểu hình đa tính trạng (MGIDI) để tuyển chọn ra giống/dòng lúa màu tiềm năng nhất. Kết quả cho thấy, các tính trạng có sự khác biệt lớn về kiểu hình và di truyền. Hàm lượng anthocyanin dao động 5,3-315,3 mg/g. Hệ số di truyền theo nghĩa rộng (H^2_{bs}) dao động từ 44 đến 87% cho các tính trạng. Phân tích thành phần chính 1 (PCA1) đóng góp 22,5% vào tổng biến thể trong khi PCA2 đóng góp 14,3%. Bảy giống/dòng lúa màu ưu tú được chọn dựa trên chỉ số MGIDI gồm: Nếp đỏ, Phước ly, Sóc nâu 2, Lứt tím 2, Blầu sáng, Lứt tím 1 và NT Đắc Hà. Các giống/dòng lúa màu được chọn này sẽ là nguồn vật liệu quý cho việc lai tạo lúa chức năng trong tương lai, nhằm mục đích phát triển các giống có giá trị dinh dưỡng cao, góp phần nâng cao sức khỏe cho người tiêu dùng.

Từ khóa: anthocyanin, kiểu gen - kiểu hình đa tính trạng, lúa màu.

Chỉ số phân loại: 1.6, 4.6

Evaluation of phenotypic variation and genetic parameters in coloured rice varieties/lines to improve functional grain quality

Nhu Dien Huynh, Ky Huynh, Loc Hien Nguyen, Thi Be Tu Pham, Truong Quoc Khang Chung, Thanh Nha Chau*

College of Agriculture, Can Tho University, Campus 2, 3/2 Street, Ninh Kieu Ward, Can Tho City, Vietnam

Received 26 May 2024; revised 8 June 2024; accepted 18 June 2024

Abstract:

Coloured rice is considered a specialty rice variety, has significant antioxidant properties, and beneficial effects for human health. This study was conducted to evaluate the agronomic traits, quality, and antioxidant capacity on 45 coloured rice varieties/lines and the multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI) to select the most potential coloured rice varieties/lines. The results showed substantial genetic and phenotypic variation. The anthocyanin content varied widely, spanning from 5.3 to 315.3 mg/g. The broad-sense heritability (H^2_{bs}) coefficient ranged from 44 to 87% for the traits. The first principal component analysis (PCA1) contributed 22.5% of the total variance, while the second principal component (PCA2) contributed 14.3%. Based on the MGIDI, seven elite coloured rice varieties/lines including Nep do, Phuoc Ly, Soc nau 2, Lut tim 2, Blau Sang, Lut tim 1, and NT Dak Ha were chosen. Therefore, these selected coloured rice lines/varieties will be a valuable resource for future functional rice breeding programmes aimed at developing nutrient-rich varieties that contribute to improved consumer health.

Keywords: anthocyanin, coloured rice, multi-trait genotype-ideotype distance index.

Classification numbers: 1.6, 4.6

*Tác giả liên hệ: Email: ctnha@ctu.edu.vn

1. Đặt vấn đề

Cây lúa (*Oryza sativa* L.) là một trong năm loại ngũ cốc chính cung cấp năng lượng và dinh dưỡng quan trọng cho phần lớn dân số châu Á [1]. Ở Việt Nam, gạo trắng được tiêu thụ chủ yếu trong khẩu phần ăn hằng ngày, nhưng lại có giá trị dinh dưỡng và các chất chống oxy hóa thấp hơn so với việc sử dụng gạo lứt hoặc gạo màu. Hiện nay, người dân nói chung đã nhận thức rõ hơn về lợi ích sức khỏe và giá trị dinh dưỡng của gạo lứt hoặc gạo màu mang lại. Do đó, nhu cầu về gạo màu và các sản phẩm của nó phục vụ cho các ngành công nghiệp thực phẩm, y tế và mỹ phẩm đã tăng lên, tạo cơ hội xuất khẩu cho các nước trồng lúa lớn ở châu Á [2].

Anthocyanin đã được tìm thấy ở nhiều bộ phận khác nhau trên cây lúa, góp phần tạo ra màu sắc hấp dẫn, đặc biệt là màu sắc của hạt gạo [3]. Màu sắc hạt có màu từ nâu, đỏ, tím và đen do thành phần và nồng độ sắc tố khác nhau [4]. Sắc tố tăng lên cùng với sự phát triển của hạt và những thay đổi được quan sát thấy ở các giai đoạn phát triển khác nhau [5]. Các sắc tố khác nhau là kết quả của sự kết hợp một số hợp chất trong lớp vỏ ngoài hạt (pericarp) hoặc lớp vỏ cám (aleurone). Sắc tố anthocyanin giúp giảm mức cholesterol trên người, có lợi cho việc phòng ngừa bệnh tiểu đường và ung thư do hoạt động ức chế men aldose reductase [6]. Sự tích lũy anthocyanin trong hạt lúa rất khác nhau giữa các giống/dòng lúa hay nơi canh tác [7]. Hầu hết các giống lúa mùa truyền thống, lúa rẫy vùng cao và các giống lúa hoang đều có chứa sắc tố màu, những giống lúa này chiếm tỷ lệ đáng kể trong ngân hàng gen lúa. Ngoài ra, các giống lúa với hạt gạo màu đỏ, tím, đen, nâu và vàng, vẫn được trồng ở một số khu vực tại Việt Nam vì giá trị dinh dưỡng và được tính của chúng, hoặc có thể là do tập quán văn hóa truyền thống canh tác lúa ở mỗi vùng miền. Một số nghiên cứu cho thấy, hàm lượng các hợp chất chống oxy hóa, vitamin và khoáng chất cao gấp 3 đến 4 lần so với các giống lúa hiện đại [8]. Các giống lúa truyền thống thường sở hữu các vùng gen quý về giá trị dinh dưỡng và khoáng chất có lợi, do đó, việc đưa chương trình cải tiến các giống lúa đặc sản nhằm hướng đến nền nông nghiệp xanh, an toàn và bền vững là nhu cầu cấp thiết.

Các phương pháp thăm dò đa biến như phân tích thành phần chính (PCA), phân tích phân biệt tuyến tính (LDA) đã được sử dụng rộng rãi để giảm khoảng cách và xấp xỉ trực quan hai chiều, liên quan đến các nghiệm thức và tính trạng số lượng trên thực vật [9]. Mặc dù những cách tiếp cận này dễ dàng cung cấp cái nhìn tổng quan về mối quan hệ giữa các tính trạng phức tạp, nhưng việc xếp hạng các phương pháp nghiệm thức xử lý dựa trên giá trị tính trạng phức tạp vẫn là một thách thức không nhỏ trong chọn giống cây trồng. Để khắc phục nhược điểm này, chỉ số khoảng cách MGIDI đã được đề xuất và thiết kế để chọn lọc kiểu gen trong chọn giống cây trồng, dựa trên thông tin của nhiều tính trạng số lượng và đã được sử dụng thành công để chọn kiểu gen tốt [10]. Phân tích mối quan hệ giữa các tính trạng số lượng là rất quan trọng để đánh giá tính khả thi của việc chọn lọc chung hai hoặc nhiều tính trạng, ảnh hưởng của việc chọn lọc các tính trạng thứ cấp đến mức tăng di truyền cho tính trạng chính.

Một bộ giống/dòng lúa đa dạng về màu được lưu trữ từ ngân hàng gen, Trường Đại học Cần Thơ được đánh giá. Mục tiêu chính là sử dụng chỉ số MGIDI để khai thác thông tin của nhiều tính trạng nông học, sinh hoá và chất lượng nhằm xác định lựa chọn các giống/dòng lúa màu tiềm năng phục vụ cho chương trình chọn tạo giống lúa chức năng.

2. Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1. Vật liệu

Vật liệu cho nghiên cứu nằm trong chương trình chọn giống/dòng lúa màu chức năng của Trường Nông nghiệp, Trường Đại học Cần Thơ. Bộ gồm 43 giống/dòng lúa và 2 đối chứng (IR64 - gạo không màu và lúa tím Long An - gạo màu) từ ngân hàng gen, Trường Đại học Cần Thơ, được đánh giá trong vụ đông xuân 2022-2023 tại Cần Thơ (bảng 1). Thí nghiệm được bố trí theo kiểu khối hoàn toàn ngẫu nhiên với 3 lần lặp lại. Diện tích mỗi khối là 10 m², khoảng cách cây 20x20 cm. Cây mạ sau 2 tuần tuổi được cấy sang ruộng và công thức phân bón được sử dụng cho vụ đông xuân là 100 kg/ha N - 40 kg/ha K₂O - 30 kg/ha K₂O. Kỹ thuật canh tác và quản lý sâu bệnh hại chính cho thí nghiệm đánh giá ngoài đồng được thực hiện theo quy trình canh tác các giống lúa [11].

Bảng 1. Danh sách 45 giống/dòng lúa màu và đối chứng được đánh giá trong vụ đông xuân 2022-2023.

STT	Giống/dòng	Nhóm	STT	Giống/dòng	Nhóm
1	Blầu sáng	LR	24	Lứt tím 3	CS
2	Nếp cẩm	LR	25	Lứt tím 4	CS
3	Pèo du dây	LR	26	Lứt tím 6	CS
4	Plầu sáng râu	LR	27	Lứt tím 10	CS
5	Xiền pán	LR	28	Lứt tím 11	CS
6	NT Đắc Hà	LR	29	Lứt đỏ VL 1	CS
7	NT Tu Mơ Rông	LR	30	Lứt đỏ VL 2	CS
8	NT Sa Thầy	LR	31	Lứt đỏ VL 3	CS
9	NT Đắc Gle	LR	32	Lứt đỏ VL 4	CS
10	Nàng co đỏ	LM	33	Jasmine 85	CS
11	Nàng co dọt	LM	34	KorKhor57	CS
12	Ngự	LM	35	NV24	CS
13	Phước ly	LM	36	TC26	CS
14	Sóc	LM	37	Nếp tím thơm	CS
15	Sóc sâu 2	LM	38	SH38	CS
16	Sóng đôi	LM	39	SH44	CS
17	Nhỏ đỏ	LM	40	SH47	CS
18	Mắc cu 1	LM	41	HNOE	CS
19	Núi voi dạng 1	CS	42	Nếp đỏ	CS
20	Lứt đỏ 1	CS	43	Ngọc đỏ hương dứa	CS
21	Lứt đỏ 2	CS	44	Lúa tím Long An (Đ/C màu)	CS
22	Lứt tím 1	CS	45	IR64 (Đ/C không màu)	CS
23	Lứt tím 2	CS			

Đ/C: đối chứng; LR: lúa rẫy; LM: lúa màu; CS: lúa cao sản.

2.2. Đánh giá kiểu hình

Dữ liệu các tính trạng: 14 tính trạng nông học gồm chiều dài thìa lá (CDTL), đường kính lóng (DKL), chiều dài lá (CDL), chiều rộng lá (CRL), chiều cao cây (CCC), chiều dài bông (CDB), số bông/bụi (SBB), tổng số hạt (TSH), số hạt chắc (SHC), số hạt lép (SHL), khối lượng 1000 hạt (KL1000), khối lượng gam/bụi (KLGB), chiều dài hạt gạo (CDH), chiều rộng hạt (CRH); 2 tính trạng chất lượng hạt gồm hàm lượng amylose và độ bền gel (DBG); 4 tính trạng dinh dưỡng hạt gồm hàm lượng anthocyanin, flavonoid, phenolic và ABTS. Quy trình và tiêu chuẩn đánh giá các tính trạng nông học, hình thái và sâu, bệnh thực hiện theo tiêu chuẩn của Viện Nghiên cứu lúa quốc tế (IRRI) [12] như sau:

- CDTL: Ghi nhận số đo thực tế tính bằng cm và được đo từ gốc thìa lá đến đỉnh thìa.

- DKL: Ghi nhận số đo thực tế bằng cm và được đo vị trí ngay giữa của lóng thứ 3 tính từ gốc thân lúa.

- CDL: Ghi nhận số đo thực tế tính bằng cm của lá ngay dưới lá cờ, ở giai đoạn phát triển thứ 6 của cây lúa. Năm khóm/khối được xác định ngẫu nhiên.

- CRL: Ghi nhận số đo thực tế tính bằng cm của phần rộng nhất của phiến lá ngay bên dưới lá cờ, ở giai đoạn phát triển thứ 6 của cây lúa. 5 khóm/khối được xác định ngẫu nhiên.

- CCC: Xác định từ mặt đất đến đỉnh bông cao nhất, ở giai đoạn lúa trưởng thành $\geq 80\%$. Năm khóm/khối được xác định ngẫu nhiên.

- CDB: 5 bông/khối được chọn ngẫu nhiên để xác định chiều dài bông tính từ gốc đến đỉnh bông.

- SBB: 5 khóm/khối được chọn ngẫu nhiên để xác định số bông/khóm.

- TSH: 5 bông/tổng số hạt đếm được trên năm bông và tính trung bình.

- SHC: Hạt chắc/bông được xác bằng cách dùng ngón tay ấn lên hạt và ghi nhận có hạt hoàn chỉnh. 5 bông/khối được chọn ngẫu nhiên.

- SHL: Hạt lép/bông được xác bằng cách dùng ngón tay ấn lên hạt và ghi nhận không có hạt. 5 bông/khối được chọn ngẫu nhiên.

- KL1000: Sau khi hạt được thu hoạch và phơi khô với độ ẩm (MC) khoảng 14%, đếm 1.000 hạt và dùng cân điện tử để xác định khối lượng.

- KLGB: Sau khi hạt được thu hoạch và phơi khô, cân khối lượng hạt của một bụi lúa, đo ẩm độ. Sau đó quy về ẩm độ chuẩn 14%.

- CDH: Ghi nhận đo thực tế của chiều rộng hạt tính bằng mm là khoảng cách giữa 2 đỉnh của hạt. 10 hạt được xác định trên mỗi lần lặp lại.

- CRH: Ghi nhận đo thực tế của chiều rộng hạt tính bằng mm là khoảng cách giữa và vùng tại điểm rộng nhất của hạt. 10 hạt được xác định trên mỗi lần lặp lại.

- Phân tích hàm lượng amylose: Được xác định dựa trên phương pháp sinh hóa [13]. Amylose được phân tích trên máy quang phổ theo phương pháp của G. Graham (2002) [14]. Thang điểm đánh giá hàm lượng amylose thực hiện theo IRRI [12].

- Đánh giá DBG: Thực hiện theo phương pháp của G.B. Cagampang và cs (1973) [15], các mẫu gạo được tách vỏ trấu, sau đó nghiền mịn và đo ẩm độ hạt gạo. Đọc và ghi nhận kết quả bằng cách để ống nghiệm nằm ngang trên bề mặt phẳng của giấy kẻ ô ly, sau 60 phút thì đo chiều dài thể gel, đơn vị mm. Đánh giá kết quả độ bền thể gel theo thang điểm của IRRI [14].

- Phân tích hàm lượng anthocyanin: Thực hiện theo A. Ghasemzadeh và cs (2018) [16] và có hiệu chỉnh. Mẫu bột của 45 giống/dòng được chiết xuất bằng cách cân 50 mg với 5 ml methanol chứa 1% HCl (99:1), để qua đêm ở nhiệt độ là 4°C. Hỗn hợp được ly tâm và phần nổi trên mặt được thu thập để phân tích hàm lượng anthocyanin.

- Phân tích hàm lượng flavonoid: Thực hiện theo H.I. Jun và cs (2012) [17]. Mẫu bột của giống gạo lứt được chiết xuất bằng cách cân 90 mg với 1,8 ml ethanol 85%. Hỗn hợp được ly tâm 1.000 vòng/phút trong 15 phút, phần nổi trên mặt được thu thập và trữ ở -20°C để phân tích hàm lượng polyphenol, flavonoid tổng số và các khả năng kháng oxy hóa.

- Phân tích hàm lượng phenolic: Thực hiện theo H.I. Jun và cs (2012) [17]. Mẫu bột của giống gạo lứt được chiết xuất bằng cách cân 90 mg với 1,8 ml ethanol 85%. Hỗn hợp được ly tâm 1.000 vòng/phút trong 15 phút, phần nổi trên mặt được thu thập và trữ ở -20°C để làm phân tích hàm lượng polyphenol, flavonoid tổng số và các khả năng kháng oxy hóa. Định lượng hàm lượng polyphenol tổng số (TPC) bằng thuốc thử Folin-Ciocalteu, theo quy trình được mô tả bởi A.C. Mella và cs (2014) [18] có hiệu chỉnh.

- Phân tích hàm lượng ABTS: Thực hiện theo H.I. Jun và cs (2012) [17]. Mẫu bột của giống gạo lứt được chiết xuất bằng cách cân 90 mg với 1,8 ml ethanol 85%. Hỗn hợp được ly tâm 1.000 vòng/phút trong 15 phút, phần nổi trên mặt được thu thập và trữ ở -20°C để làm phân tích hàm lượng polyphenol, flavonoid tổng số và khả năng kháng oxy hóa. Khả năng bắt gốc tự do ABTS⁺ được xác định theo phương pháp của R. Re và cs (1999) [19], N. Nenadis và cs (2004) [20] có hiệu chỉnh.

2.3. Phân tích dữ liệu

Tóm tắt các thông số thống kê cơ bản, phân tích ANOVA một chiều và hệ số di truyền theo nghĩa rộng (H^2_{bs}) cho 20 tính trạng đánh giá được tính dựa trên gói phân tích [21]. Biểu đồ hộp cho 20 tính trạng được xây dựng dựa trên gói phân tích [22]. Trong đó, mô hình phân tích phương sai (ANOVA) thí nghiệm một nhân tố xây dựng theo khối ngẫu nhiên đủ theo công thức sau:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + \omega_{ij}$$

trong đó: Y_{ij} là quan sát thứ j ở lần xử lý thứ i ; j là số lần quan sát; i là số giống/dòng; μ là giá trị ảnh hưởng chung cho toàn thí nghiệm; β_j là ảnh hưởng của nghiệm thứ j ; ω_{ij} là lỗi ngẫu nhiên xuất hiện trong quan sát thứ j ở lần xử lý thứ i .

Hệ số di truyền theo nghĩa rộng (H^2_{bs}) cho mỗi tính trạng được tính theo công thức sau:

$$H^2_{bs} = \frac{\delta_a^2}{\delta_b^2} \text{ và } \delta_b^2 = \delta_a^2 + \frac{\delta_c^2}{r}$$

trong đó: δ_a^2 là phương sai do kiểu gen, δ_b^2 là phương sai do kiểu hình, δ_c^2 là phương sai do môi trường và r là số lần lặp lại.

Bảng độ nhiệt thể hiện phân nhóm di truyền 20 tính trạng của các giống/dòng sử dụng phương pháp Ward để phân nhóm các giống/dòng và tính trạng đánh giá thông qua gói phân tích [23]. Phân nhóm được thực hiện theo thứ bậc nhất định, cho phép xác định các cấu trúc phân nhóm mạnh hay yếu, giúp giảm thiểu tổng phương sai trong nhóm. Đồng thời, phân nhóm di truyền giúp nhận biết sự đa dạng di truyền cao hay thấp trong số các giống/dòng lúa đánh giá.

Phân tích PCA được thực hiện dựa trên chức năng của hai phương thức tính toán bổ sung chính như: `prcomp()` và `princomp()` nhằm giảm tính hai chiều của dữ liệu để phương sai ít bị ảnh hưởng [24]. Mục đích chính của phân tích PCA là giảm kích thước của nguồn dữ liệu lớn, tăng khả năng giải thích nhưng đồng thời giảm thiểu mất thông tin. Phân tích PCA được sử dụng để trích xuất thông tin quan trọng từ nguồn dữ liệu đa biến và hiển thị thông tin này dưới dạng một tập hợp các biến mới. Các biến mới này tương ứng với sự kết hợp tuyến tính so với các biến ban đầu.

Chỉ số chọn lọc khoảng cách giữa MGIDI dựa trên dữ liệu của 20 tính trạng đánh giá và thông qua hai bước tính toán: phân tích nhân tố [25, 26] và chỉ số khoảng cách MGIDI [10]. Chỉ số MGIDI dùng để phân tích các thí nghiệm thực vật với thông tin về nhiều tính trạng, xác định các phương pháp xử lý mang lại hiệu quả thuận lợi cho hầu hết các tính trạng đang được nghiên cứu, đã được sử dụng thành công để chọn lọc các giống/dòng ưu việt. Cường độ chọn lọc các giống/dòng lúa màu được đánh giá ở mức ý nghĩa 10%. Xếp hạng các giống/dòng lúa màu được thực hiện như một chức năng của các giá trị chỉ số chọn lọc được ước đoán. Phép tính các hệ số biến thiên kiểu gen (CVg) và giá trị số dư (CVr) cũng được tính toán, cung cấp trong kết quả khi phân tích chỉ số MGIDI.

Tất cả các gói phân tích dữ liệu nêu trên được xử lý và phân tích trên nền tảng ngôn ngữ R [27].

3. Kết quả và bàn luận

3.1. Khác biệt kiểu hình của 20 tính trạng trong bộ lúa màu

Kết quả đánh giá cho thấy, sự khác biệt di truyền ý nghĩa ($p < 0,1\%$) của các tính trạng giữa các giống/dòng lúa màu được đánh giá (hình 1, bảng 2). Phần lớn các tính trạng cho thấy tần suất phân phối bình thường, nhưng một vài tính trạng cho thấy tần suất phân phối bị sai lệch so với trung bình chung như: CRL, amylose, DBG và hàm lượng anthocyanin cho thấy có độ sai lệch lớn (hình 1). Các tính trạng dao động và trung bình được ghi nhận cho 20 tính trạng như sau: CDTL (0,5-3; 1,76 cm), DKL (0,2-1; 0,54 cm), CDL (21,5-81; 57,1 cm), CRL (0,6-2,3; 1,59 cm), CCC (71,5-166; 115,76 cm), CDB (16,6-35,7; 25,85 cm), SBB

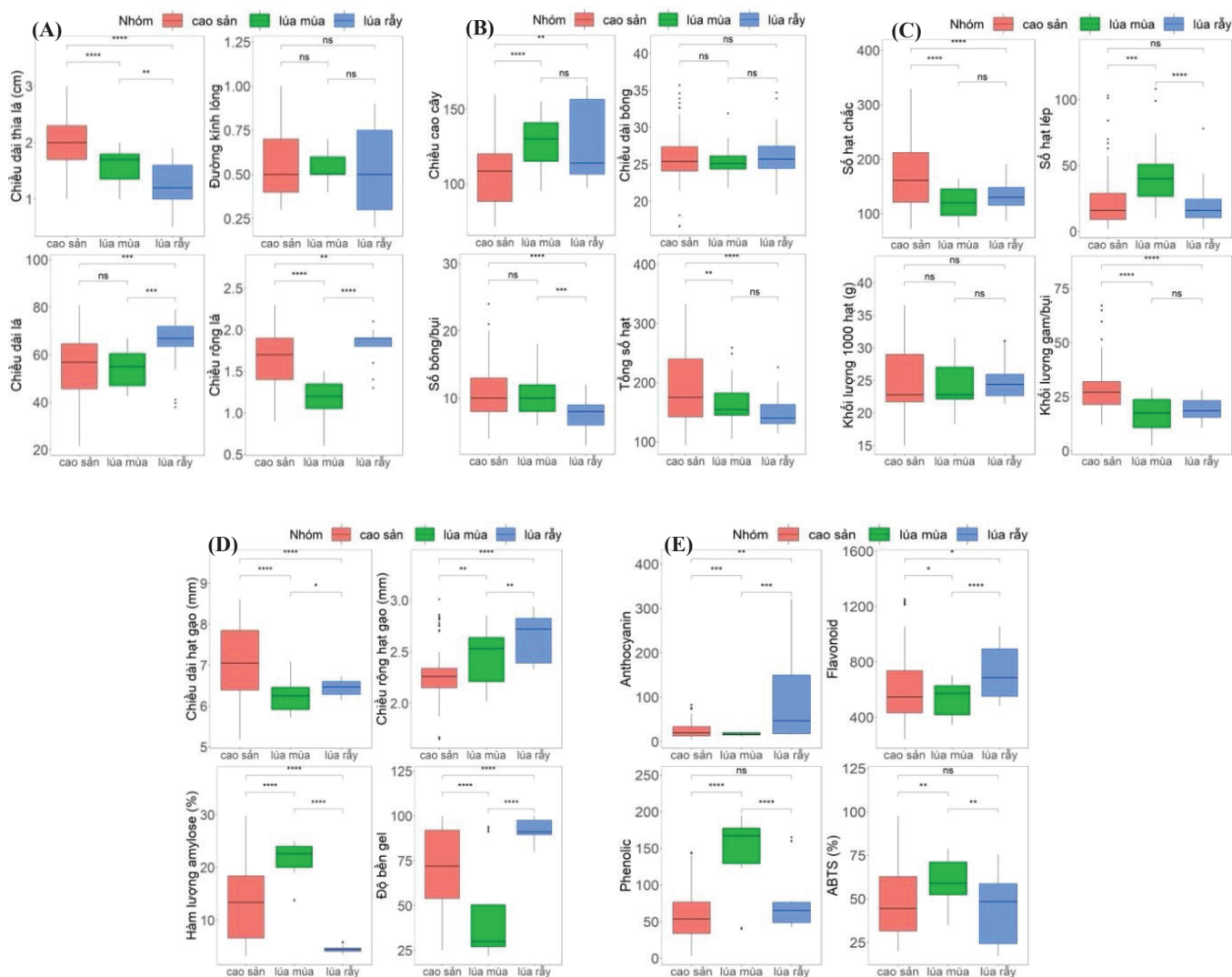
(3-24; 9,93 bông), TSS (93-333; 178,1 hạt), SHC (72-329; 151,51 hạt), SHL (2-108; 26,57 hạt), KL1000 (15-36,5; 24,74 g), KLGB (2,49-67,1; 23,89 g), CDH (5,19-8,61; 6,78 cm), CRH (1,65-3,01; 2,4 cm), hàm lượng amylose (3,23-29,8; 13,09%), DBG (22-100; 70,32 mm), anthocyanin (5,3-315,3; 39,29 mg/g), flavonoid (242-1252; 623,02 mg GAE/ml), phenolic (3,4-194,3; 77,67 mg GAE/ml) và ABTS (17,3-97,7; 51,31%). Có 3/20 tính trạng không có khác biệt giữa lúa mùa, rẫy và cao sản, gồm DKL, KL1000 và CDB. Có 7/20 tính trạng cho thấy sự khác biệt ý nghĩa giữa 2/3 nhóm (lúa mùa, rẫy và cao sản). Điều này chứng tỏ yếu tố môi trường có tác động đến các giống/dòng lúa màu.

Hệ số biến thiên (CVr và CVg) dao động trong khoảng 1,04-44,63 và 11,4-157,35% theo thứ tự (bảng 2). Đối với CVr, cao nhất là SHL, điều này cho biết độ chính xác thí nghiệm tốt. Ngược lại, đối với CVr, thấp nhất quan sát trên CDH, điều này cho thấy độ chính xác thí nghiệm bị giảm đi. Đối với CVg, tìm thấy cao nhất trên anthocyanin, cho biết khác biệt di truyền lớn. Ngược lại, CVg thấp nhất trên CDH, cho thấy ít có sự khác biệt di truyền. Hệ số di truyền theo nghĩa rộng (H^2_{bs}) của 20 tính trạng được

Bảng 2. Hệ số di truyền (H^2_{bs}), các thành phần phương sai ước tính và các thông số di truyền cho 20 tính trạng nông học được đánh giá ở 45 giống/dòng lúa màu.

Tính trạng	H^2_{bs} (%)	CVr (%)	CVg (%)	P-value	
CDTL	0,71	14,74	26,61	10,76	***
DKL	0,46	13,43	26,89	12,88	***
CDL	0,46	5,83	20,82	36,63	***
CRL	0,82	9,26	20,58	15,88	***
CCC	0,66	4,02	19,61	69,04	***
CDB	0,51	4,03	11,67	26,7	***
SBB	0,47	24,21	30,2	5,69	***
TSH	0,41	11,65	27,82	18,32	***
SHC	0,53	13,5	31,6	17,41	***
SHL	0,51	44,63	72,81	9,06	***
KL1000	0,61	2,49	18,16	163,3	***
KLGB	0,65	14,02	41,16	27,37	***
CDH	0,52	1,04	11,4	362	***
CRH	0,56	2,53	12,42	70,59	***
Amylose	0,87	2,6	59,47	1578	***
DBG	0,76	3,49	36,42	325	***
Anthocyanin	0,7	2,35	157,35	13412	***
Flavonoid	0,47	2,89	39,70	571,2	***
Phenolic	0,84	2,53	67,87	2081	***
ABTS	0,44	1,11	42,1	4266	***

Ghi chú: * có ý nghĩa thống kê ở mức 5%; ** có ý nghĩa ở mức 1%; *** có ý nghĩa thống kê ở mức 0,1%. ns: không ý nghĩa. H^2_{bs} : hệ số di truyền theo nghĩa rộng. CVg: hệ số biến thiên kiểu gen; CVr: hệ số biến thiên giá trị dư.



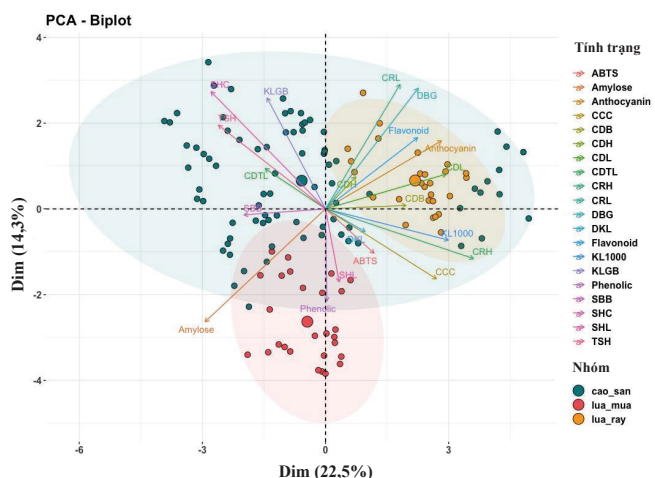
Hình 1. Biểu đồ hộp của 20 tính trạng đánh giá trong bộ 45 giống/dòng lúa màu và đối chứng. (A) Chiều dài thìa lá, đường kính lóng, chiều dài lá và chiều rộng lá; **(B)** Chiều cao cây, chiều dài bông, số bông/bụi và tổng số hạt; **(C)** Số hạt chắc, số hạt lép, khối lượng 1000 hạt và khối lượng gam/bụi; **(D)** Chiều dài hạt gạo, chiều rộng hạt gạo, hàm lượng amylose và độ bền gel; **(E)** Anthocyanin, flavonoid, phenolic và ABTS.

ước lượng dao động 0,44-0,87 trong vụ (bảng 2). CRL, amylose và phenolic có $H^2_{bs} > 0,8$ cho thấy, về lợi ích chọn lọc có thể đạt được đối với những tính trạng này. CDTL, CCC, CDB, SBB, SHC, SHL, KL1000, KLGB, CDH, CRH, anthocyanin có H^2_{bs} dao động 0,5-0,79. DKL, CDL, flavonoid, ABTS có H^2_{bs} thấp (<0,5) cho thấy, việc tuyển chọn tính trạng có H^2_{bs} từ trung bình đến cao sẽ phù hợp trong dự đoán. Riêng các tính trạng có H^2_{bs} thấp (<0,5) cần được xem xét đánh giá trong vụ tiếp theo, đặc biệt, cần tăng diện tích lấy mẫu và tăng số lần lặp lại để nghiên cứu cải thiện các tính trạng tốt hơn.

3.2. Phân tích các thành phần ảnh hưởng chính (PCA)

Hai thành phần chính đầu tiên (PCA1 và PCA2) chiếm 36,8% trên tổng số khác biệt di truyền (hình 2), giải thích cho sự phân bố và sự đa dạng tự nhiên cho giống/dòng và biến số. PCA1

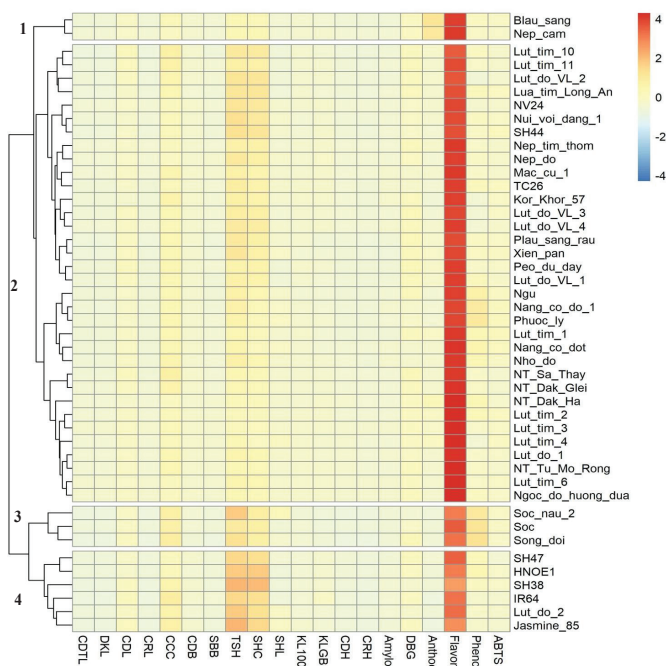
đóng góp 22,5% tổng biến thể trong khi PCA2 đóng góp 14,3%. PCA1, CRL, DBG, CDH, CDL, CDB, KL1000, CRH, CCC, SHL, DKL, flavonoid, anthocyanin, phenolic và ABTS cho thấy hướng tải trọng dương trong số các đặc điểm nông học được phân tích, còn KLGB, SHC, TSH, CDTL, SBB và amylose thể hiện hướng tải trọng âm. Đối với PCA2, CDTL, TSH, SHC, KLGB, CDH, CRL, DBG, CDL, CDB, anthocyanin và flavonoid hướng tải trọng dương, ngược lại, SBB, KL1000, CRH, CCC, DKL, SHL, ABTS, phenolic và amylose theo hướng tải trọng âm. Kết quả này cho thấy, đã xác định được một số tính trạng chịu trách nhiệm cho sự biến đổi kiểu gen quan sát được trong bộ 45 giống/dòng, từ đó xác định các tính trạng có tác động lớn nhất đến kiểu hình của các giống/dòng, cung cấp thông tin hữu ích cho việc lựa chọn giống/dòng trong các chương trình chọn giống lúa hướng đến dinh dưỡng và khoáng chất.



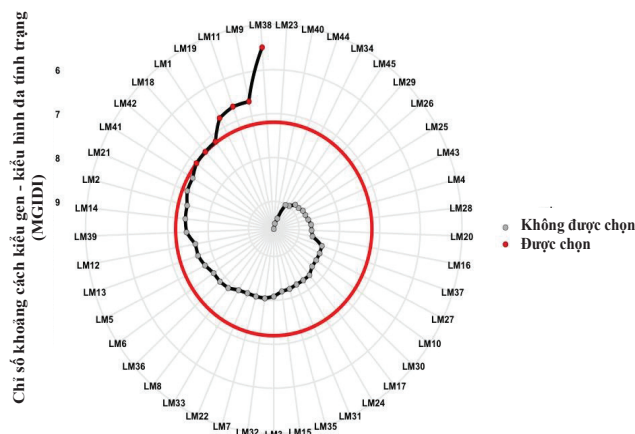
Hình 2. Phân tích thành phần chính (PCA) cho 45 giống/dòng lúa màu và đối chứng. Biểu đồ chấm điểm của PCA1 và PCA2 với khoảng tin cậy 95% bị che mờ.

3.3. Phân nhóm di truyền

Kết quả phân nhóm di truyền của 45 giống/dòng lúa màu và 20 tính trạng thành 4 phân nhóm chính trong vụ (hình 3), thể hiện được sự đa dạng di truyền bên trong bộ lúa màu. Nhóm I gồm 2/45 giống/dòng; nhóm II gồm 34/45 nằm cùng phân nhóm với giống đối chứng màu Lúa tím Long An, nhóm III gồm 3/45 giống/dòng, và nhóm IV gồm 6/45 giống/dòng nằm cùng phân nhóm với giống đối chứng không màu IR64. Kết quả này có thể sẽ trợ giúp cho nhà chọn giống nhận biết được



Hình 3. Bảng độ nhiệt thể hiện phân nhóm di truyền của 20 tính trạng trên bộ 45 giống/dòng lúa màu và đối chứng. Màu đỏ tượng trưng cho các giống/dòng có nhiều hơn trong mẫu trong ứng. Màu xanh lá cây tượng trưng cho các giống/dòng ít phong phú hơn.



Hình 4. Kết quả tập 7 giống/dòng lúa màu triển vọng được tuyển chọn bằng phương pháp chọn lọc đa biến kiểu gen - kiểu hình đa tính trạng với cường độ chọn lọc 10%. Chấm tròn màu đỏ và xám cho thấy cá thể được chọn và không được chọn.

các giống/dòng lúa màu ưu tú, có đặc tính di truyền tương tự và cũng là các thông tin quan trọng giúp xây dựng chiến lược phát triển dòng lúa màu tiềm năng giúp cải thiện chất lượng bữa ăn hằng ngày.

3.4. Chỉ số chọn lọc kiểu gen - kiểu hình đa tính trạng trên bộ 45 giống/dòng lúa màu

Việc sử dụng chỉ số chọn lọc tuyến tính được sử dụng để chọn tạo giống lúa có kiểu gen - kiểu hình đa tính trạng vẫn còn hạn chế [28]. Do đó, việc tính toán chỉ số khoảng cách kiểu gen - kiểu hình đa tính trạng (MGIDI) được sử dụng để chọn kiểu gen trong các chương trình chọn giống cây trồng dựa trên nhiều tính trạng [29]. Kết quả nghiên cứu đã tuyển chọn được 7 dòng lúa ưu tú (Nếp đỏ, Phước ly, Sóc nâu 2, Lứt tím 2, Blầu sáng, Lứt tím 1 và NT Đắc Hà) với hàm lượng anthocyanin (12-276,8 mg/g) được xếp hạng từ 1 tới 7, cường độ chọn lọc ở mức 10% (bảng 3, hình 4). Trong đó, chỉ số MGIDI dao động từ 5,48 đến cao nhất 7,19 cùng với mức xếp hạng từ 1 đến 7.

Bảng 3. Chỉ số khoảng cách kiểu gen - kiểu hình đa tính trạng của các giống/dòng lúa màu được chọn, với cường độ chọn lọc 10%.

STT	Giống/dòng	MGIDI	Anthocyanin (mg/g)	Xếp hạng
LM38	Nếp đỏ	5,48	14,7	1
LM9	Phước ly	6,66	1	2
LM11	Sóc nâu 2	6,66	12,3	3
LM19	Lứt tím 2	6,76	74,9	4
LM1	Blầu sáng	7,16	276,8	5
LM18	Lứt tím 1	7,18	61,8	6
LM42	NT Đắc Hà	7,19	149,1	7
	Lúa tím Long An (Đ/C màu)	-	23,6	-
	IR64 (Đ/C không màu)	-	5,4	-

4. Kết luận

Nghiên cứu này cung cấp các giống/dòng lúa màu dựa trên các tính trạng nông học, sinh hóa và chất lượng bằng cách sử dụng chỉ số chọn lọc MGIDI trong bộ đa dạng lúa màu. Các giống/dòng lúa màu có giá trị dinh dưỡng cao hơn so với các giống lúa không có sắc tố, vì chúng chứa hàm lượng vi chất dinh dưỡng và các hợp chất chống oxy hóa cao. Kết quả cho thấy, gạo màu có chứa các khoáng chất chống oxy hóa cao. Bảy giống/dòng lúa màu có giá trị dinh dưỡng và chất chống oxy hóa cao được xác định trong nghiên cứu này có thể được sử dụng để phát triển các giống lúa năng suất cao và chức năng.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] J.M. Awika (2011), "Advances in cereal science: Implications to food processing and health promotion", *American Chemical Society*, **1089**, pp.131-147, DOI: 10.1021/bk-2011-1089.
- [2] K. Petroni, R. Pilu, C. Tonelli (2014), "Anthocyanins in corn: A wealth of genes for human health", *Planta*, **240(5)**, pp.901-911, DOI: 10.1007/s00425-014-2131-1.
- [3] S.J. Han, S.N. Ryu, S. Kang (2004), "A new 2-arylbenzofuran with antioxidant activity from the black colored rice (*Oryza sativa* L.) bran", *Chem. Pharm. Bull.*, **52**, pp.1365-1366, DOI: 10.1248/cpb.52.1365.
- [4] Y. Savitha, V. Singh (2011), "Status of dietary fiber contents in pigmented and non-pigmented rice varieties before and after parboiling", *J. LWT-Food Sci.*, **44**, pp.2180-2184, DOI: 10.1016/j.lwt.2011.06.004.
- [5] E. Mackon, G.C. Mackon, Y. Ma, et al. (2021), "Recent insights into anthocyanin pigmentation, synthesis, trafficking, and regulatory mechanisms in rice (*Oryza sativa* L.) caryopsis", *Biomolecules*, **11**, DOI: 10.3390/biom11030394.
- [6] R. Yawadio, S. Tanimori, N. Morita (2007), "Identification of phenolic compounds isolated from pigmented rices and their aldose reductase inhibitory activities", *Food Chem.*, **101(4)**, pp.1616-1625, DOI: 10.1016/j.foodchem.2006.04.016.
- [7] G.P. Caro (2013), "Phytochemical profile of a Japanese black purpler rice", *Food Chem.*, **141(3)**, pp.2821-2827, DOI: 10.1016/j.foodchem.2013.05.100.
- [8] K. Pathak, S.W. Rahman, S. Bhagawati, et al. (2017), "Assessment of nutritive and antioxidant properties of some indigenous pigmented hill rice (*Oryza sativa* L.) cultivars of Assam", *Indian J. Agric. Res.*, **51**, pp.214-220, DOI: 10.18805/ijare.v51i03.7909.
- [9] M. Aamer, M.R. Anwar, G. Mustafa, et al. (2018), "Principal component analysis (PCA) of some morphological and quality traits in sugarcane (*Saccharum officinarum* L.)", *J. Nat. Sci. Res.*, **8(14)**, pp.22-26.
- [10] T. Olivoto, M. Nardino (2021), "MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments", *Bioinformatics*, **37(10)**, pp.1383-1389, DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa981.
- [11] Ministry of Agriculture and Rural Development (2011), *QC/N 01-55:2011/BNNPTNT - National Technical Regulation on Testing for Value of Cultivation and Use of Rice Varieties* (in Vietnamese).
- [12] Standard Evaluation System for Rice (2013), *International Rice Research Institute (IRRI)*, <http://www.knowledgebank.irri.org/images/docs/rice-standard-evaluation-system.pdf>, accessed 2 May 2024.
- [13] B.O. Juliano (1971), "A simplified assay for milled-rice amylose", *Cereal Science Today*, **16**, pp.334-340.
- [14] R. Graham (2002), *A Proposal for IRRI to Establish a Grain Quality and Nutrition Research Center*, International Rice Research Institute.
- [15] G.B. Cagampang, C.M. Perez, B.O. Juliano (1973), "A gel consistency test for eating quality of rice", *Journal of The Science of Food and Agriculture*, **24**, pp.1589-1594, DOI: 10.1002/jsfa.2740241214.
- [16] A. Ghasemzadeh, M.T. Karbalaii, H.Z.E. Jaafar, et al. (2018), "Phytochemical constituents, antioxidant activity, and antiproliferative properties of black, red, and brown rice bran", *Chemistry Central Journal*, **12**, DOI: 10.1186/s13065-018-0382-9.
- [17] H.I. Jun, G.S. Song, E.I.Y. El, et al. (2012), "Antioxidant activities and phenolic compounds of pigmented rice bran extracts", *J. Food Sci.*, **77(7)**, pp.759-764, DOI: 10.1111/j.1750-3841.2012.02763.
- [18] A.C. Mella, A.P. Neira, P.A. Gálvez, et al. (2014), "Phenolic composition and mouthfeel characteristics resulting from blending Chilean red wines", *J. Sci. Food Agric.*, **94(4)**, pp.666-676, DOI: 10.1002/jsfa.6303.
- [19] R. Re, N. Pellegrini, A. Proteggente, et al. (1999), "Antioxidant activity applying an improved ABTS radical cation decolorization assay", *Free Radic. Biol. Med.*, **26(9-10)**, pp.1231-1237, DOI: 10.1016/s0891-5849(98)00315-3.
- [20] N. Nenadis, L.F. Wang, M. Tsimidou, et al. (2004), "Estimation of scavenging activity of phenolic compounds using the ABTS assay", *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, **52(15)**, pp.4669-4674, DOI: 10.1021/jf0400056.
- [21] F. Mendiburu, M. Yaseen (2020), *Agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research*, <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>, accessed 10 May 2024.
- [22] H. Wickham (2016), *Ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*, Springer-Verlag New York, ISBN 978-3-319-24277-4, <https://ggplot2.tidyverse.org>, accessed 20 March 2024.
- [23] T. Galili (2023), *Introduction to Dendextend*, <https://cran.r-project.org/web/packages/dendextend/vignettes/dendextend.html>, accessed 15 March 2024.
- [24] D.T. Harvey, B.A. Hanson (2022), *A Comparison of Functions for PCA*, https://cran.rproject.org/web/packages/LearnPCA/vignettes/Vig_07_Functions_PCA, accessed 10 March 2024.
- [25] H.F. Kaiser (1958), "The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis", *Psychometrika*, **23(3)**, pp.187-200, DOI: 10.1007/BF02289233.
- [26] K.A. Yeomans, P.A. Golder (1982), "The guttmann-kaiser criterion as a predictor of the number of common factors", *The Statistician*, **31(3)**, pp.221-229, DOI: 10.2307/2987988.
- [27] R.C. Team (2021), *R: A Language and Environment for Statistical Computing*, <https://www.R-project.org>, accessed 1 February 2024.
- [28] J.J.C. Rojas, J. Crossa (2022), "The statistical theory of linear selection indices from phenotypic to genomic selection", *Crop Sci.*, **62(2)**, pp.537-563, DOI: 10.1002/csc2.20676.
- [29] T. Olivoto, M.I. Diel, D. Schmidt, et al. (2022), "MGIDI: A powerful tool to analyze plant multivariate data", *Plant Methods*, **18**, DOI: 10.1186/s13007-022-00952-5.