

Đặc điểm nông học và đa dạng di truyền của các dòng ngô ngọt ôn đới và nhiệt đới tự phối S4 mới phát triển

Nguyễn Trung Đức^{1*}, Nguyễn Thị Nguyệt Anh¹, Phạm Quang Tuấn¹, Vũ Văn Liét²

¹Viện Nghiên cứu và Phát triển cây trồng, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

²Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

Ngày nhận bài 29/11/2022; ngày chuyển phản biện 2/12/2022; ngày nhận phản biện 26/12/2022; ngày chấp nhận đăng 29/12/2022

Tóm tắt:

Nghiên cứu được tiến hành nhằm đánh giá đặc điểm nông học và đa dạng di truyền bằng phương pháp phân tích tương quan, phân tích thành phần chính và phân tích cụm trên 20 tính trạng nông học của 16 dòng ngô ngọt nhiệt đới (NG01-NGO16) và 4 dòng ôn đới (NGO17-NGO20) tự phối đời S4 (phát triển từ các giống nhập nội có nguồn gốc Thái Lan, Trung Quốc, Nhật Bản, Mỹ) với 3 dòng thuần đối chứng là SW1 (ngọt, vàng), D181 (ngọt, trắng) và UV10 (ngọt, tím). Thí nghiệm được bố trí theo kiểu khối đầy đủ hoàn toàn ngẫu nhiên với 3 lần nhắc lại tại Hà Nội trong vụ thu đông 2022, với 20 tính trạng nông học được chia thành 4 nhóm, gồm 5 tính trạng sinh trưởng, 7 tính trạng đặc điểm hình thái, 7 tính trạng năng suất và 1 tính trạng chất lượng. Kết quả phân tích tương quan cho thấy năng suất cá thể có tương quan thuận ở mức $p < 0,01$ với số hạt/hàng là 0,61, số hàng hạt/bấp 0,57 và tương quan thuận ở mức $p < 0,05$ với đường kính 0,47 và chiều dài bắp 0,45. 20 tính trạng được giảm chiều thành 3 thành phần chính đóng góp 66,8% biến đổi kiểu hình. Trong đó, các tính trạng thời gian sinh trưởng, chiều cao cây, chiều cao đóng bắp, góc lá, số hàng hạt/bấp, số hạt/hàng, khối lượng 1000 hạt, năng suất cá thể và tổng lượng chất rắn hòa tan có thể sử dụng để đánh giá sự khác biệt của các dòng ngô ngọt. Phân tích cụm dựa vào thành phần chính trên 20 tính trạng nông học đã phân 20 dòng ngô thành 3 nhóm chính. Nghiên cứu cung cấp thông tin hữu ích về đa dạng di truyền dựa trên kiểu hình và bổ sung nguồn gen ngô ngọt có giá trị cho chương trình chọn giống ngô thực phẩm cao cấp tại Việt Nam.

Từ khóa: đa dạng kiểu hình, ngô ngọt, phân tích cụm, phân tích thành phần chính, tương quan.

Chỉ số phân loại: 4.1

Đặt vấn đề

Ngô ngọt (*Zea mays* L. var. *Rugosa* Bonaf.) là một trong những loại rau có giá trị kinh tế cao, được tiêu thụ phổ biến ở Mỹ, Trung Quốc, Thái Lan, Nhật Bản [1, 2]. Tại Việt Nam, giống ngô ngọt ngày càng được trồng phổ biến và mang lại giá trị kinh tế cao [3, 4]. Ngô ngọt có nguồn gốc ôn đới với phổ di truyền hẹp, được phát triển từ các gen lặn như *shrunken2* (*sh2*), *brittle1* (*bt*), *sugary1* (*su1*), *sugary enhancer* (*se*) điều khiển quá trình chuyển hóa đường sang tinh bột [5]. Các giống ngô ngọt chọn tạo ở khí hậu ôn đới mặc dù có chất lượng cao, ngăn ngày nhưng gần như khó phát triển được ở các vùng nhiệt đới do phải đối phó với thời tiết ngày ngắn, ánh sáng hạn chế vào mùa đông, nhiệt độ, độ ẩm cao và nhiều loại sâu bệnh hại [6]. Giới hạn về nguồn gen là những thách thức lớn khi nghiên cứu phát triển các giống ngô ngọt mới, thích ứng với điều kiện khí hậu nhiệt đới ẩm gió mùa tại Việt Nam. Mục tiêu của chọn giống ngô ngọt là kết hợp nhiều tính trạng mong muốn khác nhau trong một giống duy nhất. Những tính trạng như vậy bao gồm năng suất cao hơn, khả năng kháng thuốc trừ sâu, thuốc diệt cỏ, sâu bệnh, chịu được nóng và hạn hán, ngăn ngày, đặc điểm nông học tốt hơn, giá trị dinh dưỡng cao hơn, độ đồng đều trong thời gian nảy mầm, chiều cao cây, tốc độ sinh trưởng, độ chín và kích thước bắp. Để đạt mục tiêu này thì nguồn gen đóng vai trò cốt lõi [7]. Sự đa dạng di truyền là cơ sở để phát triển các dòng bố mẹ hoặc ứng dụng trong các nghiên cứu cải tiến quần thể sẵn có. Do vậy, công tác thu thập, nghiên cứu duy trì, phát triển các nguồn vật liệu ngô

ngọt mới đóng vai trò quan trọng, tạo ra vật liệu khởi đầu phục vụ cho các chương trình chọn giống và phải được tiến hành thường xuyên, liên tục.

Nguồn gen có thể là vô giá nhưng cũng có thể không có giá trị nếu không được khai thác, sử dụng phục vụ mục đích tạo giống hoặc nghiên cứu cơ bản. Đánh giá đặc điểm nông học, tìm hiểu hệ số di truyền các tính trạng quan trọng và mối quan hệ giữa các dòng ngô ngọt xác định tiềm năng di truyền là bước cốt lõi của tất cả các chương trình chọn giống ngô ngọt ưu thế lai [1, 8]. Các phương pháp phân tích tương quan, phân tích thành phần chính và phân tích cụm đã được sử dụng có hiệu quả trong nghiên cứu đa dạng di truyền trên ngô để xác định sự liên hệ giữa các tính trạng, phân nhóm các tính trạng có đóng góp quan trọng xác định biến đổi kiểu hình và phân nhóm đa dạng di truyền nguồn gen, dòng, giống ngô. A. Shelton và W. Tracy (2013) [9] đã áp dụng phương pháp phân tích tương quan trên 15 tổ hợp lai ngô ngọt Mỹ cho thấy, năng suất có tương quan thuận và chặt với chiều cao cây, đường kính bắp, độ ẩm hạt cũng như tổng số bắp/ha. Không chỉ dùng để xác định các tính trạng kiểu hình quan trọng, phương pháp phân tích thành phần chính còn được sử dụng để phân tích dữ liệu kiểu gen SNP trên cây ngô ngọt [10, 2, 11]. B. Mehta và cs (2017) [12] và A. Mahato và cs (2018) [13] đã áp dụng phương pháp phân tích cụm để phân nhóm các dòng ngô ngọt tại Ấn Độ. Như vậy, kết hợp cả 3 phương pháp trên sẽ cho kết quả tối ưu khi tìm hiểu tiềm năng di truyền của các quần thể ngô ngọt mới.

*Tác giả liên hệ: Email: ntduc@vnua.edu.vn

Agronomic performance and genetic diversity of newly developed S4 temperate and tropical sweet corn lines

Trung Duc Nguyen^{1*}, Thi Nguyet Anh Nguyen¹,
Quang Tuan Pham¹, Van Liet Vu²

¹Institute of Crops Research and Development,
Vietnam National University of Agriculture

²Faculty of Agronomy, Vietnam National University of Agriculture

Received 29 November 2022; accepted 29 December 2022

Abstract:

This study aims to evaluate agronomic traits and genetic diversity through correlation analysis, principal component analysis, and cluster analysis on 20 agronomic traits of 16 S4 tropical sweet corn lines (NG01-NG016) and 4 S4 temperate lines (NG017-NG020) developed from varieties imported from Thailand, China, Japan, and the USA along with 3 inbred check lines viz., SW1 (sweet, yellow), D181 (sweet, white) and UV10 (sweet, purple). The field experiment was arranged in a randomised complete block design with 3 replicates in Hanoi, in the autumn-winter crop 2022 to evaluate twenty agronomic traits, divided into 4 groups viz., 5 growth traits, 7 morphological traits, 7 yield traits, and 1 quality trait. Correlation analysis showed that the single plant yield was positively correlated at $p < 0.01$ with the number of kernels per row 0.61, the number of kernel rows per ear 0.57, and positively correlated at $p < 0.05$ with ear diameter 0.47 and ear length 0.45. Twenty traits were dimensionally reduced to 3 main principal components contributing 66.8% of total phenotypic variation in which growth duration, plant height, ear height, leaf angle, number of kernels row per ear, number of kernels per row, 1000-grain weight, single plant yield and total soluble solids can be used to evaluate the differences of sweet corn lines. Cluster analysis based on principal components on 20 agronomic traits classified 20 sweetcorn lines into 3 main groups. This study provided useful information on phenotypic diversity and valuable sweetcorn genetic resources for breeding programs on speciality corn in Vietnam.

Keywords: cluster analysis, correlation, phenotypic diversity, principal component analysis, sweet corn.

Classification number: 4.1

Nghiên cứu ngô thực phẩm, ngô ngọt chất lượng cao đã được Học viện Nông nghiệp Việt Nam đặc biệt quan tâm, chú trọng trong thập kỷ qua. Nguồn gen ngô ngọt đa dạng, được thu thập nhiều nơi với màu sắc khác nhau đã được phát triển [4, 14]. Nhằm bổ sung và làm phong phú thêm tập đoàn nguồn gen ngô ngọt tại Việt Nam, nghiên cứu này tìm hiểu đặc điểm nông học, hệ số tương quan của các tính trạng năng suất, chất lượng và đa dạng di truyền dựa trên kiểu hình của 20 dòng ngô ngọt tự phối có kiểu gen, màu sắc và nguồn gốc khác nhau. Kết quả nghiên cứu cung cấp thông tin quan trọng cho chiến lược lưu trữ, bảo tồn nguồn gen và cải tiến quần thể phục vụ chương trình chọn tạo ngô thực phẩm chất lượng cao tại Việt Nam.

Vật liệu và phương pháp nghiên cứu

Vật liệu

Thí nghiệm gồm 20 dòng ngô ngọt tự phối đời S4 từ các giống nhập nội Thái Lan, Trung Quốc, Nhật Bản, Mỹ (ký hiệu từ NGO01 đến NGO20). Đối chứng là dòng thuần SW1 (ngọt, vàng), D181 (ngọt, trắng) và UV10 (ngọt, tím) được chọn tạo bởi Viện Nghiên cứu và Phát triển cây trồng (NC&PTCT), Học viện Nông nghiệp Việt Nam [4, 15]. Các dòng ngô ngọt đời S4 này thuộc 2 nhóm

Bảng 1. Thông tin các dòng ngô ngọt nghiên cứu.

Ký hiệu dòng	Giống gốc	Nguồn gốc	Phả hệ	Đời tự phối	Dạng hạt/màu sắc hạt
<i>Dòng tự phối</i>					
NGO01	Super Gold Thailand	Thái Lan	TL1-1.2.1.1	4	Ngọt, vàng
NGO02	Hi-brix 53	Thái Lan	TL2-5.2.1.2	4	Ngọt, vàng
NGO03	Hi-brix 58	Thái Lan	TL3-1.1.1.1	4	Ngọt, vàng
NGO04	Hi-brix 59	Thái Lan	TL4-1.3.2.2	4	Ngọt, vàng
NGO05	Hana 01836	Thái Lan	TL5-4.1.1.2	4	Ngọt, vàng
NGO06	SC2952	Thái Lan	TL6-5.2.2.1	4	Ngọt, vàng
NGO07	GoldenCob	Thái Lan	TL7-5.4.4.5	4	Ngọt, vàng
NGO08	Honey 10	Thái Lan	TL8-1.1.1.2	4	Ngọt, vàng
NGO09	SW1011	Thái Lan	TL9-1.4.2.1	4	Ngọt, vàng
NGO10	Siam Ruby Queen	Thái Lan	TL10-2.4.5.2	4	Ngọt, tím
NGO11	Hybrid Super Sweet Corn 1	Trung Quốc	TQ1-1.1.1.1	4	Ngọt, vàng
NGO12	Hybrid Super Sweet Corn 3	Trung Quốc	TQ2-2.2.2.2	4	Ngọt, vàng
NGO13	ZhongXianTian No.3	Trung Quốc	TQ3-5.2.1.2	4	Ngọt, vàng
NGO14	Great Jean	Trung Quốc	TQ4-3.2.2.1	4	Ngọt, vàng
NGO15	Super Gem	Trung Quốc	TQ5-3.4.1.1	4	Ngọt, vàng
NGO16	Snow Jean	Trung Quốc	TQ6-3.4.1.1	4	Ngọt, trắng
NGO17	Gold Rush (Yellow)	Nhật Bản	NB1-2.5.5.4	4	Ngọt, vàng
NGO18	Gold Rush (White)	Nhật Bản	NB2-1.2.2.1	4	Ngọt, trắng
NGO19	Silver Queen	Mỹ	M1-4.2.1.1	4	Ngọt, trắng
NGO20	Sweet Corn F1	Mỹ	M2-2.2.1.2	4	Ngọt, vàng
<i>Dòng thuần đối chứng</i>					
SW1	Viện NC&PTCT chọn tạo		Dòng thuần		Ngọt, vàng
D181	Viện NC&PTCT chọn tạo		Dòng thuần		Ngọt, trắng
UV10	Viện NC&PTCT chọn tạo		Dòng thuần		Ngọt, tím

chính gồm 16 dòng ngô ngọt nhiệt đới (NGO01-NGO16) và 4 dòng ôn đới (NGO17-NGO20). Dựa trên màu sắc hạt, 20 dòng ngô ngọt được chia thành 3 nhóm chính, gồm nhóm ngô ngọt, vàng (NGO01, NGO02, NGO03, NGO04, NGO05, NGO06, NGO07, NGO08, NGO09, NGO11, NGO12, NGO13, NGO14, NGO15, NGO17 và NGO20), ngọt, trắng (NGO16, NGO18, NGO19) và ngọt, tím (NGO10) (bảng 1). Cơ sở dữ liệu nguồn gen ngô ngọt đã cập nhật tại website: <https://csdlnguongen.vnua.edu.vn/?cat=23>.

Phương pháp nghiên cứu

Thí nghiệm đồng ruộng được bố trí theo kiểu khối đầy đủ hoàn toàn ngẫu nhiên, diện tích ô thí nghiệm 30 m², tiến hành trong vụ thu đông năm 2022 tại khu thí nghiệm đồng ruộng của Học viện Nông nghiệp Việt Nam. Mật độ trồng 6,7 cây/m², tương ứng với khoảng cách hàng cách hàng 60 cm, cây cách cây 25 cm. Bón phân, chăm sóc thí nghiệm, phòng trừ sâu bệnh hại theo Tiêu chuẩn Việt Nam TCVN 13381-2:2021. Tổng số 30 cá thể đại diện cho mỗi dòng được duy trì bằng phương pháp tự phối sử dụng bao cách ly để tránh lẫn tạp phấn. 20 chỉ tiêu nông học theo dõi trong nghiên cứu này được chia thành 4 nhóm, trong đó gồm 5 chỉ tiêu sinh trưởng (1-5), 7 chỉ tiêu đặc điểm hình thái (6-12), 7 chỉ tiêu năng suất (13-19) và 1 chỉ tiêu chất lượng (20) (bảng 2).

Bảng 2. Các tính trạng nông học theo dõi.

TT	Nhóm	Tên tính trạng	Ký hiệu	Đơn vị
1		Thời gian từ gieo đến tung phấn	TP	Ngày
2		Thời gian từ gieo đến phun râu	PR	Ngày
3	Sinh trưởng	Thời gian thu bắp tươi	TBT	Ngày
4		Thời gian sinh trưởng	TGST	Ngày
5		Chênh lệch tung phấn và phun râu	ASI	Ngày
6		Chiều cao cây	CCC	cm
7		Chiều cao đống bắp	CDB	cm
8		Tỷ lệ chiều cao đống bắp/chiều cao cây	CDB/CCC	cm
9	Hình thái	Đường kính gốc	DKG	cm
10		Chiều dài cờ	CDC	cm
11		Số nhánh cờ cấp 1	SNCC1	Nhánh/cờ
12		Góc lá	GOCLA	Độ
13		Chiều dài bắp	ChDB	cm
14		Khả năng kết hạt	KNKH	%
15		Đường kính bắp	DKB	cm
16	Năng suất	Số hàng hạt/bắp	HHB	Hàng hạt/bắp
17		Số hạt/hàng	HH	Hạt/hàng
18		Khối lượng 1000 hạt	KL1000	g
19		Năng suất cá thể	NSCT	g
20	Chất lượng	Hàm lượng chất rắn hòa tan	TSS	%Brix

Phương pháp phân tích số liệu

Số liệu được tổng hợp bằng phần mềm Microsoft Excel, phân tích bằng phương pháp phân tích phương sai trên phần mềm Statistix 10. Thống kê mô tả và phân tích tương quan sử dụng gói “metan”, phân tích thành phần chính và phân tích cụm

dựa trên thành phần chính (Hierarchical clustering on principal components) sử dụng gói “FactoMineR” và “factoextra” trên phần mềm R.4.1.3 [16].

Kết quả và bàn luận

Thống kê mô tả các tính trạng nông học của các dòng ngô ngọt tự phối

Bảng 3 trình bày kết quả phân tích phương sai và thống kê mô tả về 20 tính trạng số lượng của 20 dòng ngô ngọt tự phối. Phân tích phương sai cho thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p \leq 0,01$) ở tất cả các tính trạng nghiên cứu (bảng 3). Thời gian tung phấn dao động 39,0-61,0 ngày, trung bình là 53,6±5,8 ngày, thời gian phun râu 38,0-65,0 ngày, trung bình là 55,7±6,2 ngày. Theo nghiên cứu của và B. Liu và cs (2021) [17], P.C. Silva và cs (2022) [18], chênh lệch tung phấn và phun râu ảnh hưởng trực tiếp tới khả năng kết hạt và năng suất hạt, vì vậy nó được cho là một tính trạng quan trọng trong chọn giống ngô, đặc biệt trong việc phát triển các giống ngô chịu hạn [19]. Chênh lệch tung phấn và phun râu của các dòng ngô ngọt tự phối khoảng 1-4 ngày, trung bình là 2,1±1,0 ngày; thời gian thu bắp tươi là 58,0-85,0 ngày, trung bình 75,4±6,6 ngày; thời gian thu bắp tươi 58,0-85,0 ngày, trung bình 75,4±6,6 ngày; thời gian sinh trưởng 65,0-92,0 ngày, trung bình đạt 82,4±6,6 ngày, bắp khô có thể thu được sau khoảng 7 ngày

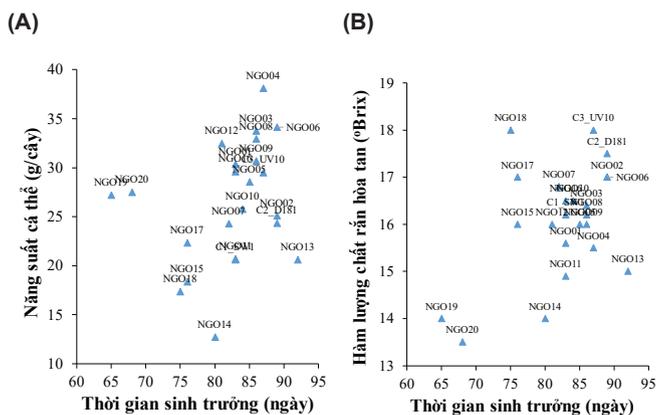
Bảng 3. Thống kê mô tả các tính trạng nông học của các dòng ngô ngọt tự phối.

Tính trạng	Giá trị lớn nhất	Giá trị trung bình	Giá trị nhỏ nhất	Hệ số biến động (%)	Độ lệch chuẩn	Sai số chuẩn	P
TP	61,0	53,6	39,0	10,8	5,8	1,2	**
PR	65,0	55,7	38,0	11,1	6,2	1,3	**
TBT	85,0	75,4	58,0	8,8	6,6	1,4	**
TGST	92,0	82,4	65,0	8,1	6,6	1,4	**
ASI	4,0	2,1	-1,0	47,6	1,0	0,2	**
CCC	195,5	162,4	118,7	13,3	21,7	4,5	**
CDB	82,0	61,3	24,0	28,1	17,2	3,6	**
CDB/CCC	44,5	37,1	20,2	19,5	7,2	1,5	**
DKG	3,4	3,0	2,5	8,5	0,3	0,1	**
CDC	45,0	36,4	29,0	11,1	4,1	0,8	**
SNCC1	18,0	10,0	4,0	33,1	3,3	0,7	**
GOCLA	85,0	56,7	38,5	23,6	13,4	2,8	**
ChDB	17,3	14,3	13,0	7,5	1,1	0,2	**
KNKH	100,0	97,8	85,4	4,4	4,3	0,9	**
DKB	4,2	3,8	3,6	5,0	0,2	0,0	**
HHB	16,0	12,2	10,0	17,1	2,1	0,4	**
HH	35,0	26,2	18,0	17,1	4,5	0,9	**
KL1000	226,9	139,5	101,0	17,7	24,7	5,1	**
NSCT	38,1	26,4	12,7	23,6	6,2	1,3	**
TSS	18,0	16,1	13,5	7,4	1,2	0,2	**

Ghi chú: *: biểu thị có ý nghĩa thống kê ở mức $p < 0,05$; **: biểu thị có ý nghĩa thống kê ở mức $p < 0,01$.

từ khi thu bắp tươi. Dòng NGO19 (65,0 ngày) có thời gian thu hoạch sớm nhất, chỉ 24 ngày sau tung phần (hình 1). Chiều cao cây dao động 118,7-195,5 cm, trung bình 162,4±21,7 cm. Chiều cao đống bắp dao động 24,0-82,0 cm, trung bình 61,3±17,2 cm. Góc lá (GOCLA) là tính trạng hình thái quan trọng trong mô hình kiểu cây lý tưởng. Góc lá hẹp giúp cây tiếp nhận ánh sáng và quang hợp tốt hơn, qua đó có thể tăng mật độ trồng và năng suất trên một đơn vị diện tích. GOCLA của các dòng ngô ngọt dao động 38,5-85,0°. Năng suất cá thể của các dòng ngô ngọt tự phối dao động 12,7-38,1 g/cây, trung bình đạt 26,4±6,2 g/cây.

Hàm lượng chất rắn hòa tan của các dòng ngô ngọt tự phối dao động 13,5-18,0°Brix, trung bình 16,1±1,2°Brix. Các dòng NGO19, NGO20, NGO14 có hàm lượng chất rắn hòa tan thấp nhất, các dòng NGO17, NGO18 có hàm lượng chất rắn hòa tan cao nhất (hình 1). Các dòng ngô ngọt có thời gian sinh trưởng cực ngắn ngày (NGO19, NGO20) nhìn chung có năng suất cá thể ở mức trung bình 25-30 g và chất lượng thấp nhất (13,5-14,0°Brix) so với các vật liệu còn lại và ngắn hơn hẳn so với 3 dòng đối chứng khoảng 20 ngày.

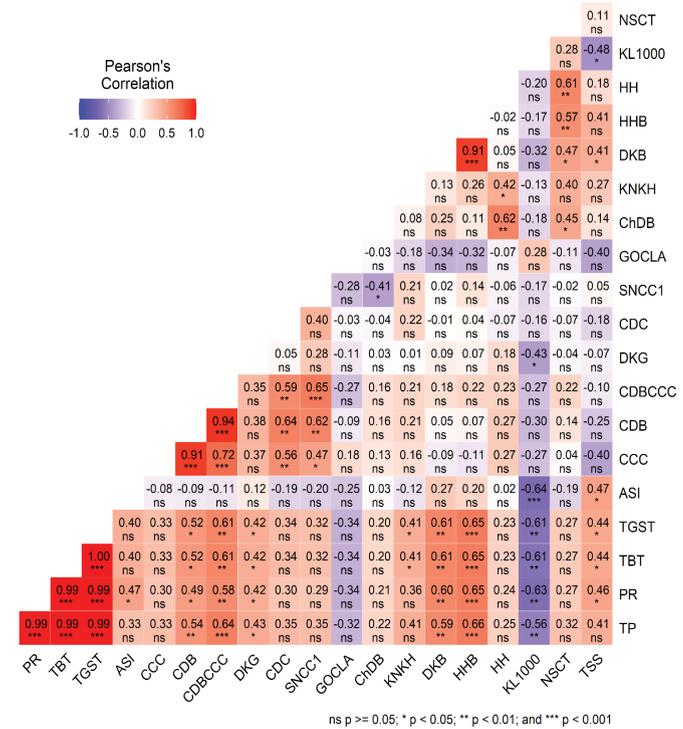


Hình 1. Biểu đồ biểu thị thời gian sinh trưởng với năng suất cá thể (A) và hàm lượng chất rắn hòa tan (B) của các dòng ngô ngọt tự phối.

Tương quan giữa các tính trạng nông học của các dòng ngô ngọt

Hệ số tương quan hỗ trợ xác định mức độ mối quan hệ giữa hai tính trạng riêng biệt cũng như mức độ mà các tính trạng này biến đổi lẫn nhau, từ đó có định hướng chọn lọc phù hợp để có kiểu hình cây lý tưởng nhất [20]. Kết quả phân tích tương quan cho thấy, năng suất cá thể có tương quan thuận ở mức $p < 0,01$ với số hạt/hàng (0,61**), số hạt hàng hạt/bắp (0,57**); tương quan thuận ở mức $p < 0,05$ với đường kính bắp (0,47*) và chiều dài bắp (0,45*) (hình 2). Kết quả tương quan phù hợp với công bố trước đó [4]. Nghiên cứu của E. Ilker (2011) [20] cho thấy, số hàng trên bắp và chiều dài bắp có thể được sử dụng để chọn lọc cải tiến năng suất trong các chương trình chọn giống ngô ngọt. Trong nghiên cứu này, hệ số tương quan thuận nhưng không chặt giữa năng suất và các yếu tố cấu thành năng suất cho thấy, trong chọn lọc dòng ngô ngọt, ngoài áp dụng các phương pháp chọn lọc đa biến, phương pháp chọn lọc độc lập cũng có thể áp dụng. Hệ số tương quan nhìn

chung chưa chặt giữa năng suất cá thể với chiều dài bắp và đường kính bắp ở thế hệ tự phối S4 này có thể do sự chọn lọc chủ quan dựa trên một hoặc một vài tính trạng mục tiêu đơn lẻ và từ con mắt của nhà chọn giống. Kết quả tương quan này có thể gợi ý cách thức phát triển dòng ngô ngọt mới, khác hẳn so với cách phát triển dòng ngô nếp và ngô tẻ. Tuy nhiên cần có sự kiểm chứng về ưu thế lai, khả năng kết hợp chung và kết hợp riêng ở các nghiên cứu tiếp theo để chứng minh.



Hình 2. Biểu đồ nhiệt biểu thị tương quan giữa các tính trạng nông học theo dõi. ns: biểu thị không có sự sai khác có ý nghĩa thống kê; *: biểu thị có ý nghĩa thống kê ở mức $p < 0,05$; **: biểu thị có ý nghĩa thống kê ở mức $p < 0,01$; ***: biểu thị có ý nghĩa thống kê ở mức $p < 0,001$.

Phân tích thành phần chính các tính trạng nông học của các dòng ngô ngọt

Đánh giá kiểu hình là một phương pháp quan trọng để chọn lọc các dòng ngô ngọt tự phối. Theo dõi tất cả các tính trạng kiểu hình trên một quần thể cây trồng lớn là một thách thức đối với các nhà chọn giống. Phân tích thành phần chính là một phương pháp học máy không giám sát, phân tích đa biến hiệu quả để trích xuất thông tin quan trọng từ dữ liệu kiểu hình có tương quan cao trong khi vẫn giữ lại thông tin ban đầu, giúp có được thông tin quan trọng từ tập dữ liệu, từ đó rút ra kết quả quan trọng trong công tác nghiên cứu nông nghiệp [21, 22]. Trong nghiên cứu này, phân tích thành phần chính được áp dụng để giảm chiều các tính trạng nông học thành các thành phần chính (PC). Các tính trạng góp phần lớn trong các thành phần chính của trục thành phần chính 1 và thành phần chính 2 được coi là các tính trạng hữu ích để phân nhóm 20 dòng ngô ngọt tự phối.

Phương pháp phân tích tương quan, phân tích thành phần chính và phân tích cụm có hiệu quả trong việc xác định mối liên hệ giữa các tính trạng, giảm chiều dữ liệu để xác định các tính trạng có ý nghĩa trong việc phân loại, chọn lọc và phân nhóm hiệu quả các dòng ngô ngọt mới. Hệ số tương quan thuận nhưng không chặt giữa năng suất và các yếu tố cấu thành năng suất cho thấy để đạt mục tiêu chọn lọc dòng ưu tú, ngoài áp dụng các phương pháp chọn lọc đa biến, phương pháp chọn lọc độc lập cũng có thể áp dụng. Kết quả phân cụm dựa trên thành phần chính đã phân nhóm các dòng ngô ngọt tự phối S4 thành 3 nhóm chính không chỉ theo nguồn gốc địa lý mà còn do quá trình chọn lọc bởi nhà chọn giống.

Nghiên cứu này cung cấp thông tin hữu ích về đa dạng di truyền dựa trên kiểu hình của các dòng ngô ôn đới, nhiệt đới tự phối S4, tạo dựng nguồn vật liệu quan trọng và là nguồn gen quý cho các chương trình chọn tạo, cải tiến giống ngô thực phẩm chất lượng cao tại Việt Nam.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này thuộc nhiệm vụ “Lưu giữ và bảo quản nguồn gen nông nghiệp nhập nội phục vụ công tác nghiên cứu và đào tạo” năm 2022 do Học viện Nông nghiệp Việt Nam chủ trì. Nhóm tác giả trân trọng cảm ơn Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn đã hỗ trợ kinh phí thực hiện nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1] P. Revilla, C.M. Anibas, W.F. Tracy (2021), “Sweet corn research around the world 2015-2020”, *Agronomy*, **11**(3), DOI: 10.3390/agronomy11030534.

[2] V. Ruanjaichon, K. Khammona, B. Thunnom, et al. (2021), “Identification of gene associated with sweetness in corn (*Zea mays* L.) by genome-wide association study (GWAS) and development of a functional SNP marker for predicting sweet corn”, *Plants*, **10**(6), DOI: 10.3390/plants10061239.

[3] Nguyễn Thị Nhài, Đặng Ngọc Hạ, Nguyễn Văn Diện và cs (2020), “Kết quả nghiên cứu chọn tạo và khảo nghiệm giống ngô đường lai ĐL89”, *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, **4**(113), tr.10-15.

[4] Nguyễn Trung Đức, Phạm Quang Tuấn, Nguyễn Thị Nguyệt Anh, Vũ Văn Liết (2020), “Nghiên cứu tuyển chọn một số dòng ngô ngọt phục vụ chọn tạo giống ngô trái cây dựa trên kiểu hình và chỉ thị phân tử”, *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, **18**(12), tr.1102-1113.

[5] W.F. Tracy, S.L. Shuler, H.D. Swenson (2019), “The use of endosperm genes for sweet corn improvement”, *Plant Breeding Reviews*, **43**, pp.215-241.

[6] J.L. Brewbaker, I. Martin (2015), “Breeding tropical vegetable corns”, *Plant Breeding Reviews*, **39**, pp.125-198.

[7] P. Langridge, R. Waugh (2019), “Harnessing the potential of germplasm collections”, *Nature Genetics*, **51**(2), pp.200-201.

[8] J. Zystro, T.E. Peters, K.M. Miller, W.F. Tracy (2021), “Inbred and hybrid sweet corn genotype performance in diverse organic environments”, *Crop Science*, **61**(4), pp.2280-2293.

[9] A. Shelton, W. Tracy (2013), “Genetic variation and phenotypic response of 15 sweet corn (*Zea mays* L.) hybrids to population density”, *Sustainability*, **5**(6), pp.2442-2456.

[10] M. Baseggio, M., Murray, M.M. Lundback, et al. (2019), “Genome-wide association and genomic prediction models of tocochromanol in fresh sweet corn kernels”, *Plant Genome*, **12**(1), DOI: 10.3835/plantgenome2018.06.0038.

[11] Y. Hu, V. Colantonio, B.S. Müller, et al. (2021), “Genome assembly and population genomic analysis provide insights into the evolution of modern sweet corn”, *Nature Communications*, **12**(1), pp.1-13.

[12] B. Mehta, F. Hossain, V. Muthusamy, et al. (2017), “Microsatellite-based genetic diversity analyses of sugary1-, shrunken2- and double mutant-sweet corn inbreds for their utilization in breeding programme”, *Physiol Mol Biol Plants*, **23**(2), pp.411-420.

[13] A. Mahato, J.P. Shahi, P.K. Singh, M. Kumar (2018), “Genetic diversity of sweet corn inbreds using agro-morphological traits and microsatellite markers”, *3 Biotech.*, **8**(8), DOI: 10.1007/s13205-018-1353-5.

[14] Trần Thị Thanh Hà, Vũ Văn Liết, Vũ Thị Bích Hạnh, Nguyễn Văn Hà, Dương Thị Loan, Hoàng Thị Thùy (2020), “Chọn lọc và đánh giá khả năng kết hợp của một số dòng ngô ngọt”, *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, **18**(12), tr.1067-1076.

[15] Phạm Quang Tuấn, Nguyễn Trung Đức, Nguyễn Thị Nguyệt Anh, Vũ Thị Xuân Bình, Vũ Văn Liết (2022), “Phát triển và chọn lọc các dòng ngô trái cây giàu anthocyanin”, *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, **20**(7), tr.853-862.

[16] R. Development Core Team (2022), R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, <https://cran.r-project.org/bin/windows/base>, accessed March 10, 2022.

[17] B. Liu, B. Zhang, Z. Yang, et al. (2021), “Manipulating ZmEXPA4 expression ameliorates the drought-induced prolonged anthesis and silking interval in maize”, *The Plant Cell*, **33**(6), pp.2058-2071.

[18] P.C. Silva, A.C. Sánchez, M.A. Opazo, et al. (2022), “Grain yield, anthesis-silking interval, and phenotypic plasticity in response to changing environments: Evaluation in temperate maize hybrids”, *Field Crops Research*, **285**, DOI: 10.1016/j.fcr.2022.108583.

[19] G.O. Edmeades, J. Bolanos, A. Elings, et al. (2000), “The role and regulation of the anthesis-silking interval in maize”, *Physiology and Modeling Kernel Set in Maize*, **29**, pp.43-73.

[20] E. Ilker (2011), “Correlation and path coefficient analyses in sweet corn”, *Turkish Journal of Field Crops*, **16**(2), pp.105-107.

[21] M. Greenacre, P.J.F. Groenen, T. Hastie, et al. (2022), “Principal component analysis”, *Nature Reviews Methods Primers*, **2**(1), DOI: 10.1038/s43586-022-00184-w.

[22] Nguyễn Hữu Du (2014), “Phương pháp phân tích thành phần chính và phân tích chùm trong xử lý số liệu thống kê nhiều chiều”, *Tạp chí Khoa học và Phát triển*, **12**(5), pp.762-768.

[23] W.R. Ko, H.J. Choi, K.J. Sa, et al. (2015), “Analysis of morphological characteristics among super sweet corn inbred lines”, *Korean Journal of Crop Science*, **60**(2), pp.190-196.

[24] F. Husson, J. Josse, J. Pages (2010), “Principal component methods-hierarchical clustering-partitional clustering: Why would we need to choose for visualizing data?”, *Applied Mathematics Department*, 17pp, http://factominer.free.fr/more/HCPC_husson_josse.pdf, accessed November 25, 2022.