

CHỌN LỌC CÁC DÒNG NGÔ NGỌT MANG GEN SIÊU NGỌT *sh2* BẰNG KIỂU HÌNH VÀ CHỈ THỊ PHÂN TỬ

Nguyễn Văn Hà^{1*}, Vũ Thị Bích Hạnh¹,
Trần Thị Thanh Hà¹, Đỗ Nguyệt Anh², Nguyễn Quốc Trung²

TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm xác định các dòng mang gen siêu ngọt *sh2* phục vụ công tác chọn tạo giống ngô ngọt chất lượng cao cho thị trường thực phẩm Việt Nam. Khảo sát xác định gen *sh2* trên năm dòng thuần và đối chứng bằng bốn chỉ thị umc2276, umc1320, bnlg1257, umc1273. Kết quả cho thấy, chỉ thị umc1273 là phù hợp nhất để xác định gen *sh2* trên các dòng ngô ngọt. Ứng dụng chỉ thị này khảo sát trên 20 dòng ngô ngọt tự phối đời 6 đã chọn được 9 dòng mang gen đồng hợp tử lặn *sh2sh2* bao gồm: S3, S4, S5, S10, S11, S14, S16, S17, S21. Đánh giá đa dạng di truyền của 20 dòng ngô ngọt tự phối đời 6 có nguồn gốc từ Trung Quốc, Đài Loan, Ấn Độ, Mỹ, Philippin dựa trên kiểu hình trong điều kiện vụ xuân năm 2023 bằng phần mềm NTSYS, kết quả cho thấy: 20 dòng ngô ngọt được chia làm 13 nhóm, một nhóm có 3 dòng, 1 nhóm có hai dòng và 11 nhóm có một dòng ở mức sai khác nhau 38%. Sử dụng chương trình thống kê sinh học thường quy với các tính trạng kiểu hình đã chọn được 6 dòng ưu tú: S16, S10, S5, S17, S14, S11. Các dòng ngô ngọt này thuộc nhóm ngắn ngày từ 81 - 92 ngày, chiều cao cây trung bình từ $137,6 \pm 2$ đến $162,8 \pm 3$ cm, độ dày vỏ hạt trung bình từ 50,81 - 58,57 μ m, năng suất hạt khô đạt từ 588,1 - 663,6 kg/ha, độ Brix đạt trên 18%. Các dòng này có thể sử dụng trong việc chọn tạo giống ngô ngọt chất lượng cao.

Từ khóa: Chọn lọc dòng tự phối, ngô ngọt, triển vọng.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ngô ngọt được sử dụng như một loại rau giàu dinh dưỡng và rộng rãi tại các nước châu Âu, châu Mỹ [1]. Theo thống kê của Bộ Nông nghiệp Mỹ, sản lượng ngô ngọt chế biến năm 2015 đạt 2,5 triệu tấn với giá trị cây trồng là 255,5 triệu USD [2]. Các giống ngô ngọt chủ yếu được chọn tạo bằng các phương pháp chọn tạo giống ngô truyền thống. Năm 2021, bộ gen ngô ngọt đã được giải trình tự tại Mỹ và Thái Lan. Kết quả phân tích bộ gen quần thể đã xác định được các vùng của bộ gen đang được chọn lọc và các gen ứng viên liên quan đến các tính trạng của ngô ngọt [3], [4]. Đồng thời rất nhiều nghiên cứu về quá trình chuyển hóa đường, tổng hợp protein dự trữ và chuyển hóa axit amin ở ngô ngọt được công bố

trong năm 2022 - 2023 [5], [6], [7]. Hàm lượng đường ở các giống ngô ngọt đột biến đơn gen cao gấp 8 lần so với các giống hoang dã [8]. Các giống ngô ngọt bổ sung loại gen *sh2* hoặc mang gen đột biến *sh2* cho đường cao và duy trì trong thời gian dài sau thu hoạch [9]. Đây là cơ sở khoa học quan trọng trong công tác chọn tạo giống ngô ngọt.

Nghiên cứu ngô ngọt ở Việt Nam còn hạn chế, tuy nhiên đã có một số nghiên cứu về đánh giá vật liệu; chọn tạo dòng, giống ngô ngọt và đánh giá các tổ hợp triển vọng [10], [11], [12], [13], [14], [15]. Các nghiên cứu này là cơ sở khoa học vững chắc để tiếp cận hướng chọn tạo giống ngô siêu ngọt cho sản xuất hiện nay.

Để chọn tạo thành công giống ngô siêu ngọt cần phải có nguồn vật liệu tốt. Yêu cầu đặc biệt quan trọng là chọn tạo dòng bố mẹ có khả năng kết hợp cao. Vì vậy, nhiệm vụ tạo lập, phát triển và duy trì các dòng thuần phục vụ chọn tạo giống ngô ngọt là rất cần thiết. Với mục tiêu sàng lọc và phát triển các nguồn vật liệu ngô ngọt phục vụ chọn tạo

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

² Khoa Công nghệ sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

* Email: nvha@vnua.edu.vn

giống ngô ngọt chất lượng cao, đề tài đã tiến hành chọn lọc các dòng tự phối có các đặc điểm vỏ mỏng, độ ngọt cao, có khả năng kết hợp, chống chịu tốt với điều kiện môi trường dựa trên kiểu hình và chỉ thị phân tử. Đây là một hướng đi mới, tiềm năng cho việc phát triển các giống ngô siêu ngọt chất lượng cao và phù hợp với thị hiếu tiêu dùng hiện nay.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu gồm 19 dòng ngô ngọt tự phối đời 6 được tạo ra từ các vật liệu ngô ngọt có nguồn gốc khác nhau. Dòng thử *sh2N2340* (Ngân hàng giống ngô của Mỹ - Maize genetics stock centre) có một số đặc điểm: Màu sắc hạt vàng, dạng hạt nhăn nheo, thời gian sinh trưởng 91 ngày, năng suất hạt khô 442,1 kg/ha. Dòng ngô nếp D26.2 có nguồn gốc Việt Nam có một số đặc điểm màu hạt trắng, dạng hạt nếp, thời gian sinh trưởng 90 ngày, năng suất hạt khô 1.986,5 kg/ha (Bảng1).

Bảng 1. Tên dòng, phả hệ và nguồn gốc của các dòng tự phối ngô ngọt đời S6

STT	Tên dòng	Phả hệ dòng	Nguồn gốc dòng
1	S3	WS217.2.i	Trung Quốc
2	S4	WS20.10.i	Đài Loan
3	S5	WS856.5.i	Đài Loan
4	S6	WS.3.5.i	Ấn Độ
5	S9	WS320.5.i	Trung Quốc
6	S10	WS105.2.i	Đài Loan
7	S11	WS20.6.i	Trung Quốc
8	S12	WS99.4.i	Mỹ
9	S14	WS320.3.i	Mỹ
10	S15	WS320.2.i	Ấn Độ
11	S16	WS20.2.i	Trung Quốc
12	S17	WS917.4.i	Philippin
13	S20	WS27.2.i	Philippin

14	S21	WS20.1.i	Đài Loan
15	S23	WS99.1.i	Đài Loan
16	S28	WS856.1.i	Trung Quốc
17	S33	WS188.2.i	Hàn Quốc
18	S35	WS856.3.i	Trung Quốc
19	S40	WS602.4.i	Ấn Độ
20	D26.2	Đối chứng (-)	Việt Nam
21	sh2N2340	Đối chứng (+)	Mỹ

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Mười chín dòng ngô ngọt tự phối đời S6 và hai dòng đối chứng được gieo trong khay bầu (giá thể đất mùn hữu cơ). Sau 10 ngày tiến hành cắt lá non và tách chiết ADN. Sử dụng chỉ thị phân tử SSR với markers umc1273 nằm cách locus *sh2* 3cM để xác định sự có mặt của gen *sh2*. Tách chiết ADN theo quy trình tách chiết từ lá bằng CTAB rút gọn [16].

Thí nghiệm được bố trí theo khối ngẫu nhiên đầy đủ (RCBD), diện tích ô thí nghiệm 10 m² (4 m x 2,5 m) với 2 lần nhắc lại. Mật độ trồng 5,7 vạn cây/ha tương ứng với khoảng cách hàng 70 cm, cây cách cây 25 cm. Thí nghiệm được tiến hành trong vụ xuân năm 2023 tại khu thí nghiệm đồng ruộng Viện Nghiên cứu và Phát triển cây trồng, Học viện Nông nghiệp Việt Nam. Phân bón cho đất phù sa không được bồi đắp hàng năm với tổng mức bón N: P: K tương đương 150: 80: 80 chia thành 3 lần bón áp dụng theo TCVN 13381-2:2021 cho cây ngô đường (ngô ngọt) [17]. Chỉ số đo độ ngọt Brix được đo ở giai đoạn chín sữa theo phương pháp của Kleinhenz và cs (2012) [18]. Độ dày vỏ hạt được đo bằng vi trắc kế Model 150-01-0 theo phương pháp của Choe (2010) [19].

Phương pháp chọn lọc dòng ưu tú theo phương pháp của Hazel L. N. (1943) [20], chọn lọc không ưu tiên với 10 tính trạng mục tiêu. Mô hình toán học như sau:

$$I = \sqrt{\sum_{i=1}^k A_i (x_i - M_i)^2}$$

Trong đó, I là chỉ số chọn lọc, A_i là cường độ chọn, x_i là tính trạng chọn, M_i là mục tiêu chọn. Dựa vào công thức suy luận ra I = 0 khi tính trạng chọn x_i = đúng bằng mục tiêu bạn đề ra (M) điều này rất khó xảy ra. Nhưng có nghĩa là chỉ số chọn lọc càng tiến gần đến 0 thì dòng càng gần mục tiêu đặt ra.

2.3. Phương pháp xử lý số liệu

Số liệu được tổng hợp trên phần mềm Excel, phân tích phương sai (ANOVA) xử lý thống kê bằng Microsoft Excel 2010 và IRRISTAT 5.0. ver dựa trên kiểu hình. Phân tích đa dạng di truyền sử dụng phần mềm NTSYSpC ver. 2.10. Chọn lọc dòng ưu tú bằng chương trình chỉ số chọn lọc bằng chương trình di truyền số lượng của Nguyễn Đình Hiền và cs (1995) [21].

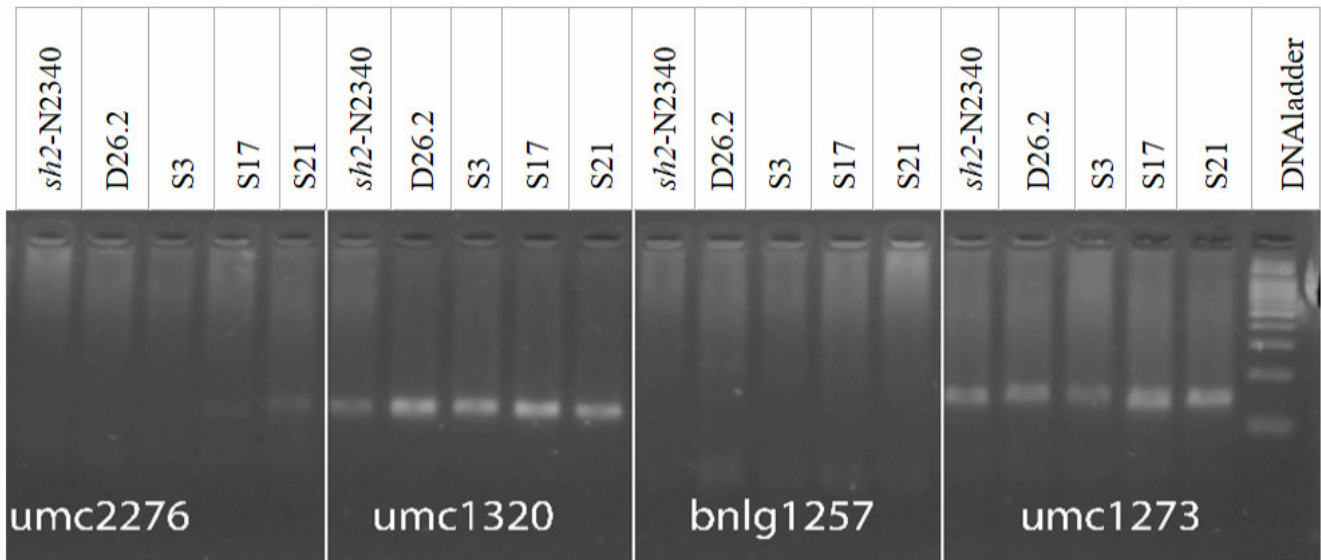
3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả xác định chỉ thị phát hiện gen *sh2*

Kết quả khảo sát chỉ thị xác định gen *sh2* trên bốn chỉ thị umc2276, umc1320, bnlg1257, umc1273

với 5 mẫu ADN (theo thứ tự từ trái qua phải) *sh2*-N2340, D26.2, S3, S17, S21 (Hình 1) cho thấy, chỉ thị umc1320 và umc1273 cho băng vạch rõ nét ở tất cả các mẫu hai chỉ thị umc2276 và bnlgl257 không nhận được băng đặc hiệu và không có kết quả trên gel điện di. Trong kết quả xác định gen *sh2* của chỉ thị umc1320 và umc1273 cho thấy, có

sự khác biệt giữa các băng ADN, trong đó chỉ thị umc1273 thể hiện được sự khác biệt rõ nét hơn so với chỉ thị umc1320 giữa mẫu *sh2*-N2340 (đối chứng dương) và mẫu D26.2 (đối chứng âm). Khoảng cách locus *sh2* với chỉ thị umc1273 là 3cM, đủ để có thể ứng dụng trong xác định gen *sh2*.

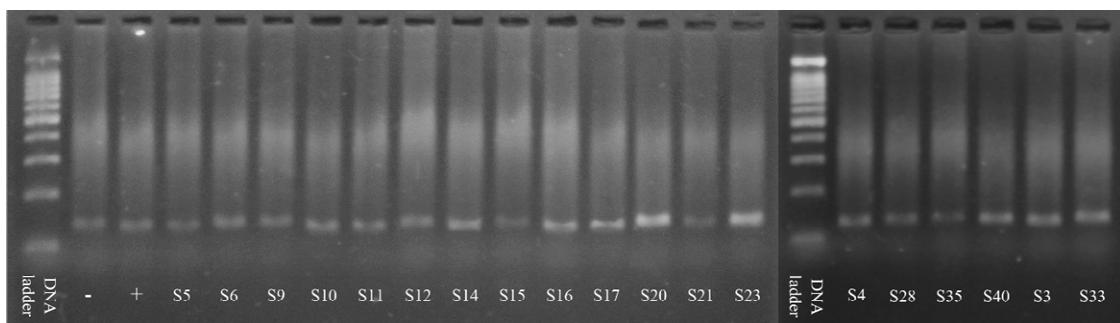


Hình 1. Kết quả khảo sát xác định chỉ thị gen *sh2* umc2276, umc1320, bnlgl257, umc1273 với 5 mẫu ADN

3.2. Kết quả xác định gen *sh2* ở các dòng ngô ngọt

Sử dụng chỉ thị umc1273 khảo sát trên 21 cá thể đại diện của 21 dòng ngô ngọt đã chọn được 9 dòng mang gen đồng hợp tử lặn *sh2sh2* bao gồm: S3, S4, S5, S10, S11, S14, S16, S17, S21 và 10 dòng ngô S6, S9, S12, S15, S20, S23, S28, S35, S40, S33 mang gen SH2SH2 (Hình 2) nằm cách locus SH2 3cM để xác định sự có mặt của gen *sh2* ở 21 dòng ngô.

Kết quả điện di sản phẩm PCR sử dụng mỗi umc1273 xác định gen *sh2* ở 21 cá thể đại diện của 21 dòng ngô ngọt. Trong đó, dòng ngô nếp D26.2 là đối chứng âm và dòng thử *sh2*-N2340 dòng thử chuẩn của ngân hàng gen của Mỹ là đối chứng dương. Kết quả xác định có 9 dòng mang gen đồng hợp tử lặn *sh2sh2* bao gồm: S3, S4, S5, S10, S11, S14, S16, S17, S21 và 10 dòng ngô gồm: S6, S9, S12, S15, S20, S23, S28, S35, S40, S33 mang gen SH2SH2. Không có mẫu nào cho 2 băng vạch tương ứng với kết quả dị hợp tử (Hình 2).



Hình 2. Hình ảnh điện di xác định gen *sh2* trong 21 dòng ngô ngọt bằng chỉ thị umc1273

3.3. Kết quả đánh giá một số đặc điểm nông sinh học của các dòng ngô ngọt

Trong vụ xuân năm 2023 các dòng có thời gian từ gieo đến tung phần là 48 - 60 ngày. Chênh lệch tung phần - phun râu (ASI) là đặc điểm có ý nghĩa nâng cao năng suất hạt dòng bố mẹ trong sản xuất hạt lai, thời gian chênh lệch dao động từ 1 - 3 ngày, trong đó 5 dòng có thời gian chênh lệch 1 ngày là S3, S4, S11, S20, S23. Thời gian từ gieo đến chín của các dòng từ 81 - 94 ngày, thích

hợp cho chọn giống ngô ngọt ngắn ngày. Trong 20 dòng ngô ngọt có 12 dòng có màu hạt trắng, 8 dòng có màu hạt vàng. Các dòng có chiều cao cây dao động từ $137,6 \pm 2$ đến $162,8 \pm 3$ cm, có 13 dòng có chiều cao cây trên 150 cm. Chiều cao đóng bắp dao động từ $28,4 \pm 2$ đến $76,4 \pm 2$ cm. Độ dày vỏ hạt của các dòng từ 42,18 - 59,36 μm . Độ Brix của các dòng đạt từ 16,02 - 18,86%, đây là độ ngọt tốt cho chọn giống ngô siêu ngọt hiện nay.

Bảng 2. Kết quả đánh giá các giai đoạn sinh trưởng và một số đặc điểm nông sinh học của các dòng ngô ngọt vụ xuân năm 2023 tại huyện Gia Lâm, thành phố Hà Nội

STT	Tên dòng	TP (ngày)	PR (ngày)	ASI (ngày)	TGST (ngày)	MSH	CCC (cm)	CCDB (cm)	Độ dày vỏ (μm)	Độ Brix (%)
1	S3	50	51	1	83	Trắng	$137,6 \pm 2$	$28,4 \pm 2$	42,1	18,8
2	S4	52	53	1	85	Trắng	$152,5 \pm 2$	$41,3 \pm 2$	45,1	18,4
3	S5	54	56	2	86	Trắng	$152,4 \pm 2$	$38,7 \pm 2$	55,8	18,6
4	S6	48	50	2	81	Vàng	$138,3 \pm 3$	$36,9 \pm 2$	51,3	18,1
5	S9	56	58	2	88	Vàng	$152,4 \pm 4$	$50,7 \pm 3$	58,3	18,1
6	S10	55	57	2	87	Trắng	$149,9 \pm 2$	$76,4 \pm 3$	53,2	18,1
7	S11	57	58	1	87	Trắng	$154,8 \pm 2$	$42,3 \pm 2$	58,5	18,0
8	S12	55	57	2	87	Trắng	$143,8 \pm 2$	$51,6 \pm 3$	52,5	18,0
9	S14	53	55	2	84	Trắng	$161,6 \pm 2$	$31,14 \pm 2$	50,8	18,1
10	S15	52	54	2	92	Vàng	$149,9 \pm 3$	$67,4 \pm 2$	53,2	18,1
11	S16	56	58	2	87	Trắng	$155,6 \pm 2$	$55,4 \pm 2$	57,9	18,1
12	S17	57	59	2	90	Trắng	$162,8 \pm 2$	$41,8 \pm 2$	57,9	18,2

13	S20	51	52	1	84	Trắng	147,4 ± 3	35,7 ± 3	56,6	18,0
14	S21	55	57	2	89	Vàng	162,5 ± 3	37,3 ± 4	58,7	16,0
15	S23	60	61	1	92	Vàng	161,6 ± 2	31,4 ± 2	50,8	18,1
16	S28	57	59	2	87	Vàng	154,3 ± 3	43,9 ± 3	58,4	18,0
17	S33	51	53	3	87	Vàng	155,6 ± 2	55,4 ± 3	57,9	18,1
18	S35	59	62	3	94	Trắng	162,8 ± 3	41,8 ± 3	57,9	18,2
19	S40	53	55	2	84	Trắng	137,7 ± 3	38,2 ± 3	54,4	18,0
20	<i>sh2</i> N2340	60	63	3	91	Vàng	155,6 ± 2	50,6 ± 2	59,3	17,2
<i>CV%</i>		-	-	-	-		<i>6,7</i>	<i>7,1</i>	<i>5,1</i>	<i>8,4</i>
<i>LSD0,05</i>		-	-	-	-		<i>4,72</i>	<i>3,82</i>	<i>2,78</i>	<i>0,15</i>

Ghi chú: TP - Tung phần, PR - Phun râu, ASI - Chênh lệch tung phần phun râu, TGST - Thời gian sinh trưởng, MSH - Màu sắc hạt, CCC - Chiều cao cây, CCDB - Chiều cao đóng bắp.

Chiều dài bắp của các dòng dao động từ 8,6 - 12,8 cm. Năm dòng có đường kính bắp trên 3,5 cm là S11, S14, S16, S23 và S33, các dòng còn lại có đường kính bắp dưới 3,5 cm. Số hạt/hàng từ 17,4 - 25,8 hạt, khối lượng 1.000 hạt từ 74,7 - 101,5 g.

Dòng có năng suất hạt khô tương đương đối chứng là S20, có 16 dòng cho năng suất hạt khô cao hơn đối chứng ở mức ý nghĩa 0,05, các dòng còn lại có năng suất thấp hơn đối chứng ở mức có ý nghĩa 0,05 (Bảng 3).

Bảng 3. Các yếu tố cấu thành năng suất và năng suất của các dòng ngô ngọt vụ xuân năm 2023 tại huyện Gia Lâm, thành phố Hà Nội

TT	Tên dòng	CDB (cm)	ĐKB (cm)	SHH	SH/H	CDĐC (cm)	P1.000 hạt (g)	NS hạt khô (kg/ha)
1	S3	11,1	3,4	12 - 14	21,1	1,1	90,7	628,1**
2	S4	11,1	2,8	12 - 14	22,5	1,1	101,5	635,2**
3	S5	12,6	2,2	12 - 14	25,5	1,5	94,3	663,6**

KHOA HỌC CÔNG NGHỆ

4	S6	11,3	3,1	10 - 12	23,0	2,2	76,2	426,1*
5	S9	10,2	2,7	12 - 14	20,7	2,1	76,7	450,1**
6	S10	12,8	3,4	12 - 14	25,8	1,8	83,7	588,1**
7	S11	10,7	3,5	12 - 14	21,7	1,2	89,7	598,6**
8	S12	12,2	3,1	14 - 16	24,7	1,6	75,7	671,6*
9	S14	11,2	3,7	12 - 14	22,7	1,5	86,3	641,1**
10	S15	12,8	3,4	12 - 14	25,8	3,1	83,7	588,1**
11	S16	11,8	3,5	14 - 16	23,9	1,6	98,7	652,4**
12	S17	11,3	3,2	12 - 14	22,8	1,5	87,9	604,7**
13	S20	8,6	3,1	10 - 12	17,4	2,1	86,2	342,2ns
14	S21	11,5	2,6	12 - 14	23,3	1,4	74,7	548,3**
15	S23	11,2	3,7	14 - 16	22,7	1,8	86,3	641,1**
16	S28	10,7	2,8	12 - 14	21,7	1,7	82,7	539,9**
17	S33	11,8	3,5	12 - 14	23,9	2,0	98,7	652,4**
18	S35	11,3	3,2	12 - 14	22,8	1,8	87,9	604,7**
19	S40	12,1	3,2	12 - 14	24,5	1,9	93,5	634,1**
20	<i>sh2</i> N2340	10,2	2,8	8 - 10	20,6	2,3	81,3	442,1
<i>CV%</i>		<i>5,3</i>	<i>6,1</i>	-	<i>6,5</i>	<i>7,3</i>	<i>5,8</i>	<i>6,7</i>
<i>LSD0,05</i>		<i>1,22</i>	<i>0,29</i>	-	<i>3,38</i>	<i>0,18</i>	<i>3,26</i>	<i>5,23</i>

Ghi chú: CDB - chiều dài bắp, ĐKB - đường kính bắp, SHH - số hàng hạt, SH/H - số hạt/hàng, CDC - chiều dài đuôi chuột, P1.000 hạt - khối lượng 1.000 hạt, NS hạt khô - năng suất hạt khô, * - thấp hơn, ** - cao hơn, nc - không sai khác so với đối chứng ở mức có ý nghĩa 0,05

			
Dòng ngô nếp D26.2	Dòng thử <i>sh2</i> N2340	Dòng mang gen <i>sh2</i> S10	Dòng mang gen <i>su1</i>

Hình 3. Hình ảnh bắp dòng mang gen *sh2* và các dòng không mang gen *sh2*

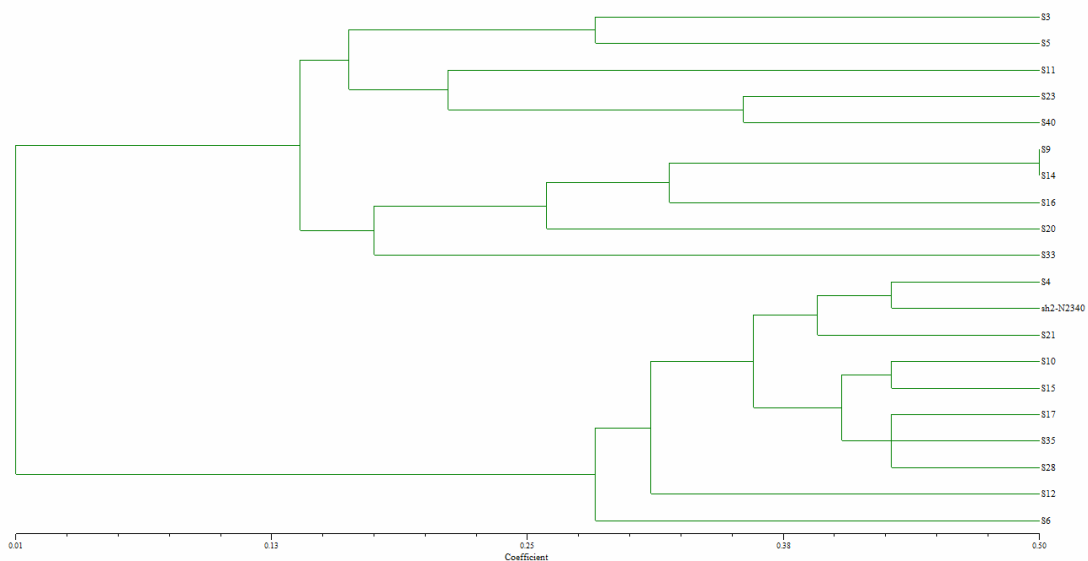
Trong nghiên cứu này đánh giá mức độ đa dạng di truyền của 20 dòng ngô ngọt dựa trên kiểu hình với các chỉ tiêu: Thời gian sinh trưởng, chiều cao cây, chiều cao đóng bắp, độ dày vỏ hạt, độ Brix, chiều dài bắp, đường kính bắp, số hạt/hàng, khối lượng 1.000 hạt và năng suất hạt khô. Kết quả cho thấy, các dòng ngô ngọt chia làm nhiều nhóm, thể hiện sự đa dạng về mặt di truyền. Kết quả này phù hợp với kết quả nghiên cứu của Trần Thị Thanh Hà và cs (2020) [11].

- Nếu sự khác nhau 0,01 (1%) thì 20 dòng được chia thành 2 nhóm lớn: Nhóm 1 gồm 10 dòng: S3, S5, S11, S23, S40, S9, S14, S16, S20, S33. Nhóm 2 gồm 10 dòng: S4, *sh2*N2340, S21, S10, S15, S17, S35, S28, S12, S6.

- Nếu sự sai khác 0,13 (13%) chia thành 3 nhóm: Nhóm 1 gồm 5 dòng: S3, S5, S11, S23, S40; nhóm 2 gồm 5 dòng: S9, S14, S16, S20, S33; nhóm 3 gồm 10 dòng: S4, *sh2*N2340, S21, S10, S15, S17, S35, S28, S12, S6.

- Nếu sự sai khác 0,25 (25%) chia thành 6 nhóm: Nhóm 1 gồm 5 dòng, nhóm 2 có 1 dòng, nhóm 3 có hai dòng, nhóm 4 có 4 dòng, nhóm có 5 dòng và nhóm 6 gồm 10 dòng.

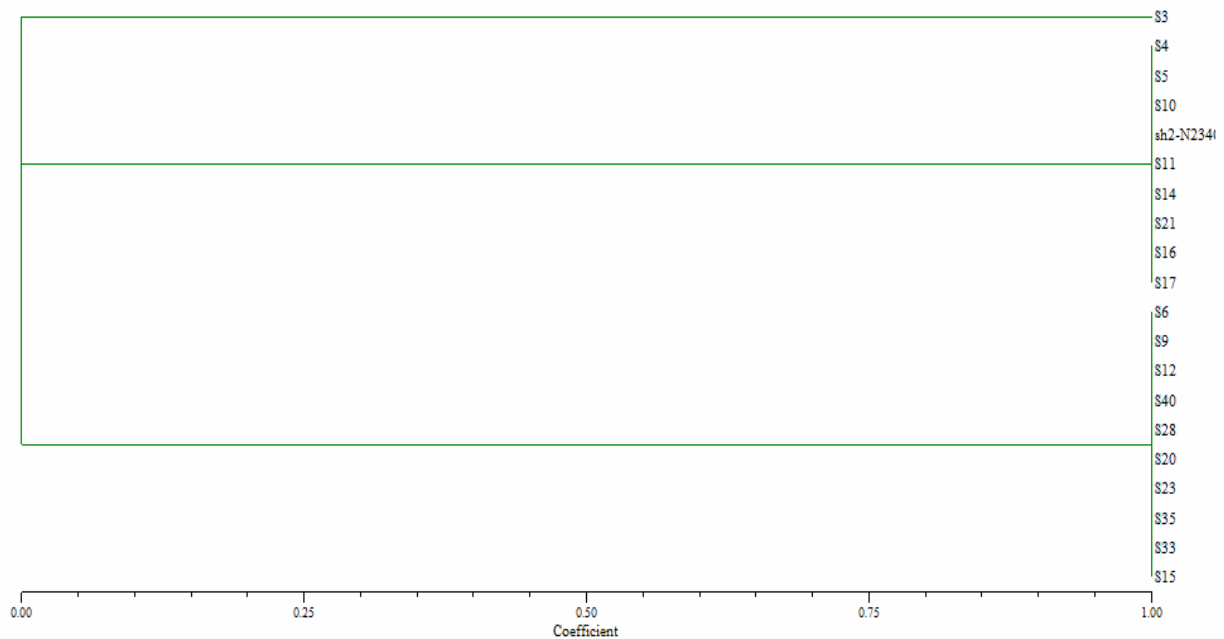
- Nếu sự sai khác 0,38 (38%) chia thành 13 nhóm: 1 nhóm có 2 dòng, 1 nhóm có 3 dòng, 1 nhóm có 5 dòng, các nhóm khác mỗi nhóm có 1 dòng.



Hình 4. Phân nhóm đa dạng di truyền các dòng ngô ngọt dựa trên kiểu hình

Đánh giá mức độ đa dạng di truyền của 20 dòng ngô ngọt dựa trên kiểu gen với sự có mặt của gen *sh2* cho thấy: Sự sai khác từ 0 đến <1 (0 -

<100%) các dòng chia làm 3 nhóm: Nhóm 1 có 1 dòng (S3), nhóm 2 có 9 dòng và nhóm 3 có 10 dòng.



Hình 5. Phân nhóm đa dạng di truyền các dòng ngô ngọt dựa trên kiểu gen

Chỉ số chọn lọc là phương tiện nâng cao khả năng chọn những kiểu gen ưu tú của nhà chọn giống dựa trên cơ sở của nhiều tính trạng. Nghiên cứu này áp dụng chương trình chỉ số chọn lọc để phân tích 20 dòng ngô ngọt tự phối có nguồn gốc khác nhau dựa trên 10 tính trạng, trong đó cường độ chọn lọc các tính trạng mục tiêu là TGST (10), CCC (9),

CCDB (8), độ dày vỏ (3), độ Brix (1), CDB (4), ĐKB (6), SH/H (5), P1.000 hạt (7), NS hạt khô (2). Từ những kết quả phân tích đánh giá chi tiết 20 dòng ngô ngọt tự phối dựa trên kết quả phân tích chỉ số chọn lọc đã chọn được 6 dòng ưu tú (S16, S10, S5, S17, S14, S11) với chỉ số chọn lọc biến thiên từ 35,47 - 40,05. Kết quả được thể hiện ở bảng 4.

Bảng 4. Giá trị các dòng ngô ngọt được chọn

KH Dòng	Chỉ số	TGST (ngày)	CCC (cm)	CCDB (cm)	Độ dày vỏ (µm)	Độ Brix (%)	CDB (cm)	ĐKB (cm)	SH/H	P1.000 hạt (g)	NS hạt khô (kg/ha)
S16	35,47	87,00	155,6	55,4	57,9	18,1	11,8	3,5	23,9	98,7	652,3
S10	37,10	87,00	149,9	76,4	53,2	18,1	12,8	3,4	25,8	83,7	588,0
S5	37,59	86,00	152,4	38,7	55,8	18,6	12,6	3,2	25,5	94,3	663,6
S17	38,85	90,00	162,8	41,8	57,9	18,2	11,3	3,2	22,8	87,9	604,7

S14	39,83	92,00	161,6	31,4	50,8	18,1	11,2	3,7	22,7	86,3	641,1
S11	40,05	87,00	154,8	42,3	58,5	18,0	10,7	3,5	21,7	89,7	598,6
Mục tiêu	-	10,00	9,00	8,00	3,00	1,00	4,00	6,00	5,00	7,00	2,00
Hệ số	-	2,00	3,00	4,00	10,00	15,00	9,00	6,00	8,00	7,00	14,00
Giá trị	-	112,80	220,50	119,10	68,80	18,70	15,30	5,10	33,20	145,00	767,30

Ghi chú: TGST - Thời gian sinh trưởng, CCC - Chiều cao cây, CCDB - Chiều cao đóng bắp, CDB - chiều dài bắp, ĐKB - đường kính bắp, SH/H - số hạt/hàng, P1.000 hạt - khối lượng 1.000 hạt, NS hạt khô - năng suất hạt khô, nc - không sai khác so với đối chứng ở mức có ý nghĩa 0,05

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã chỉ ra được chỉ thị umc1273 là tối ưu để phát hiện gen *sh2* tương ứng. Khảo sát trên 20 dòng ngô ngọt tự phối đời 6 bằng chỉ thị umc1273 đã chọn được 9 dòng mang gen đồng hợp tử lặn *sh2sh2* bao gồm: S3, S4, S5, S10, S11, S14, S16, S17, S21.

Đánh giá mức độ đa dạng di truyền của các dòng ngô ngọt dựa trên kiểu hình, 20 dòng ngô ngọt được chia làm 13 nhóm: Một nhóm có 3 dòng, một nhóm có 2 dòng và 11 nhóm có một dòng ở mức sai khác nhau 38%. Sử dụng chương trình chọn lọc dựa trên khoảng cách O - clit với các tính trạng kiểu hình, chọn được 6 dòng ưu tú gồm: S16, S10, S5, S17, S14, S11. Đây là các dòng ngô ngọt ưu tú phục vụ cho chương trình chọn giống ngô ngọt chất lượng cao.

LỜI CẢM ƠN

Kết quả nghiên cứu này là một phần của đề tài khoa học và công nghệ cấp Bộ Nông nghiệp và PTNT. “Nghiên cứu phát triển các dòng ngô siêu ngọt” do Học viện Nông nghiệp Việt Nam chủ trì. Nhóm tác giả trân trọng cảm ơn Bộ Nông nghiệp và PTNT đã cấp kinh phí thực hiện nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Popalia, C. & Kumar, N. (2021). Effect of temperature and processing time on physico-chemical characteristics in hot water blanching of sweet corn kernels. *J. Inst. Eng. (India) Ser. A*, 102, 163 - 173.
2. USDA (U.S. Department of Agriculture) (2021). National Agricultural Statistics service: Quick Stats Tools; USDA: Washington, DC, USA.
3. Hu Y., Colantonio V., Müller B. S., Leach K. A., Nanni A., Finegan C., Wang B., Baseggio M., Newton C. J. & Juhl E. M. (2021). *Genome assembly and population genomic analysis provide insights into the evolution of modern sweet corn*. Nature Communications. 12(1): 1 - 13.
4. Ruanjaichon V., Khammona K., Thunnon B., Suriharn K., Kerdsri C., Aesomnuk W., Yongsuwan A., Chaomueang N., Thammapichai P., Arikrit S., Wanchana S. & Toojinda T. (2021). *Identification of gene associated with sweetness in corn (Zeamays L.) by genome-wide association study (GWAS) and development of a functional SNP marker for predicting sweet corn. plants (Basel)*. 10(6).
5. Chen, B., Feng, S., Hou, J., Zhu, Y., Bao, F., Han, H., ... & Zhao, F. (2022). Genome-wide

transcriptome analysis revealing the genes related to sugar metabolism in kernels of sweet corn. *Metabolites*, 12(12), 1254.

6. Anirban, A., Hayward, A., Hong, H. T., Masouleh, A. K., Henry, R. J. & O'Hare, T. J. (2023). *Breaking the tight genetic linkage between the a1 and sh2 genes led to the development of anthocyanin-rich purple-pericarp super-sweetcorn*. Scientific Reports, 13(1), 1050.

7. Han, X., Zhou, B. & Xu, W. (2023). Transcriptome analysis revealed *sh2* gene mutation leads reduced zein protein accumulation in maize endosperm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(6), 1663 - 1676.

8. Kleinhenz, M. D. (2003). Sweet corn variety trials in Ohio: recent top performers and suggestions for future evaluations. *Hort Technology*, 13(4), 711 - 718.

9. Brijesh Mehta, Firoz Hossain, Vignesh Muthusamy, Aanchal Baveja, Rajkumar Zunjare, Shailendra K. Jha, Hari S. Gupta (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*, Received: 5 August 2016 /Revised: 2 March 2017 /Accepted: 15 March 2017.

10. Nguyễn Thị Nhài, Đỗ Ngọc Hạ, Nguyễn Văn Diện, Đỗ Văn Dũng (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): 10 - 15.

11. Trần Thị Thanh Hà, Vũ Văn Liết, Vũ Thị Bích Hạnh, Nguyễn Văn Hà, Dương Thị Loan, Hoàng Thị Thuỳ (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): 1067 - 1076.

12. Vũ Văn Liết, Vũ Thị Bích Hạnh, Phạm Quang Tuấn, Trần Thị Thanh Hà, Nguyễn Văn Hà, Dương Thị Loan, Nguyễn Thị Nguyệt Anh, Nguyễn Trung Đức (2021). *Nghiên cứu ngô thực phẩm và ngô thức ăn xanh ở Việt Nam: thành tựu*

và chiến lược phát triển cho tương lai. Kỷ yếu Hội thảo quốc tế: “Giải pháp khai thác bền vững nguồn gen ngô và ứng dụng công nghệ mới trong phát triển giống ngô thực phẩm và thức ăn xanh thích ứng với biến đổi khí hậu”. Nxb Học viện Nông nghiệp Việt Nam. ISBN:978-604-924-657-9.

13. 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): 853 - 862.

14. Nguyễn Thị Nguyệt Anh, Nguyễn Trung Đức, Vũ Văn Liết và Phạm Quang Tuấn (2022). Ưu thế lai và khả năng kết hợp về năng suất và chất lượng giữa các dòng ngô nếp tím và ngô ngọt. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, 20(5): 563 - 575.

15. Nguyễn Trung Đức, Nguyễn Quốc Trung, Phạm Quang Tuấn, Nguyễn Thị Nguyệt Anh, Phạm Thúy Hằng, Phạm Xuân Hội, Vũ Văn Liết (2023). Xác định chỉ thị phân tử ssr liên kết với gen *sh2* và *su1* trên các dòng ngô ngọt tự phối. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, 21(2): 149 - 160

16. Doyle, J. (1991). *DNA protocols for plants. In Molecular techniques in taxonomy*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg. pp. 283 - 293.

17. Tiêu chuẩn Việt Nam TCVN 13381-2; 2021 giống cây trồng nông nghiệp - Khảo nghiệm giá trị canh tác và giá trị sử dụng - Phần 2: Giống ngô.

18. Kleinhenz, M. D. & Bumgarner, N. R. (2012). Using Brix as an indicator of vegetable quality. *Linking measured values to crop management. Fact Sheet. Agriculture and Natural Resources. The Ohio State University, Columbus, OH*.

19. Choe E. (2010). *Marker assisted selection and breeding for desirable thinner pericarp thickness and ear traits in fresh market waxy corn germplasm*. Doctoral thesis in the Graduate College of the University of Illinois.

20. Hazel, L. N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6), 476 - 49

21. Nguyễn Đình Hiền, Trần Hồng Uy, Ngô Hữu Tình (1995). *Phương pháp phân tích số liệu trong luân giao (Diallel cross)*. Tuyển tập kết quả nghiên cứu chọn lọc và lai tạo giống ngô. Nxb Nông nghiệp, Hà Nội.

SELECTING SWEET CORN LINES CARRYING THE SUPER SWEET *sh2* GENE BASED ON PHENOTYPES AND MOLECULAR MARKERS

Nguyen Van Ha¹, Vu Thi Bich Hanh¹,

Tran Thi Thanh Ha¹, Do Nguyet Anh², Nguyen Quoc Trung²

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

²*Faculty of Biotechnology, Vietnam National University of Agriculture*

Summary

This study aimed to identify the lines carrying the super sweet *sh2* gene to serve the selection and creation of high-quality sweet corn varieties for the Vietnamese fresh eating market. Four markers viz., umc2276, umc1320, bnlgl257 and umc1273 were used to screen *sh2* gene on five sweet corn inbred lines along with a check line. The results showed that the umc1273 is an optimum marker to identify the *sh2* gene in sweet corn lines. Using this marker screen on 20 inbred sweet corn lines selfing at 6 generations had identified 9 lines carrying the *sh2sh2* recessive homozygous gene viz., S3, S4, S5, S10, S11, S14, S16, S17, S21. Genetic diversity analysis of 20 6th generation inbred sweet corn lines originating from China, Taiwan, India, America and the Philippines based on phenotypes under Spring 2023 crop conditions using NTSYS software showed that 20 sweet corn lines were divided into 13 groups, one group had 3 lines, 01 group had two lines and 11 groups had one line at a difference of 38%. Using a routine biostatistics program with phenotypic traits, 6 elite lines were selected S16, S10, S5, S17, S14, S11. These sweet corn lines belong to the short-term group (from 81 - 92 days), average plant height is from 137.6 ± 2 to 162.8 ± 3 cm, average seed coat thickness (50.81 - 58.57 μ m), dry grain yield reached (from 588.05 - 663.62 kg/ha), Brix level reached over 18%. These lines can be used in high-quality sweet corn breeding programs.

Keywords: *Selection, inbred line, sweet corn, elite.*

Người phản biện: TS. Lương Văn Vàng

Ngày nhận bài: 30/9/2023

Ngày thông qua phản biện: 16/12/2023

Ngày duyệt đăng: 19/12/2023