ĐÁNH GIÁ MÙI THƠM VÀ GEN KIỂM SOÁT MÙI THƠM CỦA CÁC GIỐNG LÚA THƠM ĐỊA PHƯƠNG VÀ CẢI TIẾN

Evaluation of Aroma and Aromatic Controling Gene in Indigenous and Improved Rice Varieties

Trần Tấn Phương[1], Hồ Quang Cua[1], Nguyễn Thị Trâm[2], Trần Duy Quý[3], Lê Thị Kim Nhung[1], Lê Thị Xã

[1]Sở Nông nghiệp và PTNT tỉnh Sóc Trăng,
[2]Trường Đại học Nông nghiệp Hà Nội,
[3]Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam,
Địa chỉ email tác giả liên hệ: *trantanphuong2005@gmail.com*
Ngày gửi đăng: 24.03.2010; Ngày chấp nhận: 12.04.2010

TÓM TẮT

Hương thơm của lúa gạo là một đặc tính quí, nghiên cứu đánh giá và tìm hiểu gen kiểm soát mùi thơm của các giống lúa thơm địa phương và lúa thơm cải tiến đặt cơ sở cho công tác cải tiến các giống lúa chất lượng cao. Nghiên cứu được thực hiện đối với 19 giống lúa thơm địa phương, 15 giống cải tiến, 3 giống nhập nội và 2 giống không thơm. Thí nghiệm bố trí tại Sóc Trăng, vụ đông xuân 2008 - 2009. Kết quả đánh giá cảm quan mùi thơm lá có thể xếp các giống Hương cốm, ST5, TT1, Jasmine 85 trong cùng một nhóm thơm, nhưng hương vị của từng giống khác nhau, giống Hương cốm thơm đậm nhất và giảm dần theo tuần tự là Jasmine 85, TT1, ST5. Giống Hoa sữa thuộc nhóm thơm nhẹ, CK96 không thơm. Kết quả nghiên cứu đặc điểm di truyền thông qua đánh giá con lai F1, F2 của các tổ hợp lai thuận nghịch giữa 5 giống thơm với giống CK96 xác nhận rằng mùi thơm của các giống lúa này do gen lặn kiểm soát. Dùng kỹ thuật phân tử để phát hiện gen thơm của 15 giống lúa thơm cải tiến, 2 giống thơm có xuất xứ địa lý tại Chợ Đào (Nam bộ), Hải Hậu (Bắc bộ) và 3 giống lúa thơm nhập nội Hoa sữa, Jasmine 85, KDM 105 cho thấy tất cả chúng đều mang gen kiểm soát tính thơm BADH2. Cũng với kỹ thuật phân tử đã phát hiện được gen kiểm soát tính thơm BADH2 có trong 15 giống lúa Tám thuộc loài phụ *Japonica.*

Từ khóa: Đặc điểm di truyền, gen lặn, gen kiểm soát tính thơm BADH2, lúa thơm địa phương, lúa thơm cải tiến.

SUMMARY

Aroma in rice is a valuable property. Therefore, studying aroma and aroma controlling genes in indigenous and improved aromatic rice varieties would provide basic for improvement of high-quality varieties. Our study was carried out on 19 indigenous aromatic, 15 improved aromatic, 3 introduced aromatic and 2 non-aromatic varieties. The study was implemented at Soc Trang in the Spring-Winter 2008-2009 crop. By organoleptic evaluation of aroma in leaves, Huong Com, ST5, TT1, Jasmine 85 can be graded in the same group of aromatic rank, but their aromatic flavor was slightly different; Huong Com is the most aromatic followed by Jasmine 85, TT1, ST5 in descending order; Hoa Sua belongs to slightly aromatic group, CK96 is non-aromatic. Genetic analyses of F1 and F2 progenies of reciprocal cross between 5 aromatic varieties with non-aromatic variety CK96 revealed that aroma of these varieties is controlled by a recessive gene. Using molecular technology to detect aromatic genes of 15

improved aromatic, 2 aromatic indigenous varieties originated from Cho Dao (South Vietnam) and Hai Hau (North Vietnam) and 3 introduced Hoa Sua, Jasmine 85 and KDM 105 showed that all of them have aromatic controlling gene BADH2. Aromatic controlling gene BADH2 was also detected in 15 Tam varieties (*Oryza sativa* subsp. *Japonica*)..

Key words: BADH2, fgr, genetic characteristics, indigenous, improved aromatic rice, recessive gene.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hương thơm của lúa gạo là một đặc tính quí bởi nó không chỉ là yếu tố quyết định giá trị thương mại mà còn là một yếu tố nhận dạng quan trọng đối với chỉ dẫn địa lý của địa phương và của cả quốc gia. Rất nhiều loại gạo thơm khác nhau có nguồn gốc từ Khao Dawk Mali 105 (KDM 105) và Basmati 370 được tiêu thụ trên thị trường quốc tế mà hương vị của hai loại gạo này có thể được người tiêu dùng phân biệt rõ ràng, mặc dù thành phần tạo mùi thơm chủ yếu của chúng đều là chất 2-acetyl-1-pyrroline (2-AP). Ở Việt Nam, lúa thơm bản địa được trồng chủ yếu ở miền Bắc và miền Nam. Miền Nam có các giống lúa thơm nổi tiếng như Nàng thơm chợ Đào, Nàng hương, Tàu hương; miền Bắc có các giống lúa Tám thơm, Tám xoan, Di hương, Dự, Nếp cái hoa vàng... Đây là nguồn tài nguyên lúa hết sức quí giá cần được bảo tồn, khai thác để phát huy tiềm năng và lợi thế của gạo Việt Nam. Gen kiểm soát mùi thơm của lúa được nhiều tác giả trên thế giới và trong nước nghiên cứu trong thời gian rất dài và nêu ra những kết luận khác nhau. Một số tác giả cho biết tính thơm được kiểm soát bởi bốn gen (Dhulappanavar, 1976), ba gen (Nagaraju, và cs., 1975), hai gen (Nguyễn Minh Công và cs., 2007), hoặc một gen lặn (Sood và Siddiq, 1978; Nguyễn Thị Lang và Bùi Chí Bửu, 2008).

Sự biểu hiện mùi thơm của giống lúa thơm đã được nghiên cứu kỹ trong thời gian dài từ năm 1938 đến nay bằng các kỹ thuật khác nhau để phát hiện, đánh giá. Các kỹ thuật này bao gồm: Cắt lá ở giai đoạn mạ cho vào chai thuỷ tinh đun nóng 40 - 50^{0}C trong 5 phút rồi ngửi và cho điểm (Nagaraju, và cs., 1975) hoặc cho lá vào dung dịch KOH 1,7% trong 10 - 15 phút rồi ngửi và cho điểm (Sood và Siddiq, 1978) hay cho 20 - 30 hạt gạo mới đã xát trắng vào ống nghiệm chứa 20 ml nước cất, đun sôi 10 phút, để nguội, rồi ngửi và cho điểm (Jenning và cs., 1979).

Để có thể định lượng được mức độ thơm, một số tác giả đề xuất phân nhóm đánh giá mùi thơm, gồm: thơm đậm: 7 điểm, thơm: 5 điểm, thơm nhẹ: 3 điểm, không thơm: 1 điểm (Jennings và cs., 1979; Nguyễn Thị Lang và Bùi Chí Bửu, 2004). Lá lúa và gạo lức được sử dụng để đánh giá mùi thơm, theo Nguyễn Thị Lang và cs. (2005) thì kết quả đánh giá trên lá và hạt không chênh lệch nhau nhiều.

Kỹ thuật sinh học phân tử được coi là một phương pháp hữu hiệu để kiểm tra sự có mặt của gen kiểm soát mùi thơm trong các giống lúa. Ahn và cs. (1992) đã xác định chỉ thị RG28 nằm trên nhiễm sắc thể (NST) số 8 liên kết với gen kiểm soát mùi thơm ở khoảng cách 4,5cM. Tuy nhiên, phương pháp này khá phức tạp và tốn kém nên một số tác giả khác đã nghiên cứu tìm cách đơn giản hóa phương pháp xác định gen thơm. Tại Hội nghị Quốc gia chọn tạo giống lúa năm 2004, Nguyễn Thị Lang và Bùi Chí Bửu (2004, 2008) công bố có thể sử dụng mồi RG28F-R và RM223 để phát hiện sớm các cá thể trong quần thể phân ly F2 mang gen thơm *fgr*. Khi nghiên cứu về sự mất đoạn 8bp và 3 điểm đơn hình trong exon thứ 7 của gen thơm *fgr* mã hóa betain aldehyde dehydrogenase 2 (BADH2) nằm trên NST số 8 làm enzyme này không hoạt động (Bradbury và cs., 2005). Chen và cs. (2008) cho biết, hoạt động của BADH2 tạo nên những tiền vật chất cần thiết

để tổng hợp 2-AP. Cũng nghiên cứu về gen BADH2, Kovach và cs. (2009) đã công bố kết quả nghiên cứu trên 242 giống lúa cổ truyền thu thập từ 38 nước trên thế giới và phát hiện có 10 alen khác nhau của gen BADH2. Nghiên cứu về gen kiểm soát mùi thơm của lúa bản địa Việt Nam hy vọng sẽ giúp ích cho công tác nghiên cứu cải tiến chất lượng gạo của các giống lúa.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

- 17 giống lúa Tám do Trung tâm Tài nguyên Thực vật cung cấp,

- 2 giống: Nàng thơm Chợ đào (xuất xứ Nam bộ), Tám thơm Hải hậu (xuất xứ Bắc bộ)

- 3 giống lúa thơm nhập nội: Jasmine 85, Khao Dawk Mali 105, Hoa Sữa,

- 2 giống lúa cao sản không thơm CK96, VNĐ 95-20,

- 15 giống lúa thơm cải tiến

2.2. Phương pháp

2.2.1 Bố trí thí nghiệm

Các giống gieo cấy ở huyện Kế Sách, tỉnh Sóc Trăng, vụ đông xuân năm 2008 -2009, bố trí trồng tuần tự các giống không lặp lại.

2.2.2. Phương pháp thử mùi thơm bằng cảm quan

- Theo phương pháp của Sood và Siddiq, (1978): Sau khi gieo 45 ngày, thu 2 gam lá lúa cắt nhỏ cho vào ống nghiệm, rót 5 ml KOH 1,7% vào ống, đậy kín nắp, để 15 phút ở nhiệt độ phòng. Mở nắp ống ở nơi thoáng gió để ngửi và cho điểm (tổ chức đội 5 người chuyên ngửi mùi thơm).

- Thang điểm đánh giá theo Nguyễn Thị Lang và Bùi Chí Bửu (2004) phân hạng mùi thơm theo bốn mức: thơm đậm điểm 7, thơm điểm 5, thơm nhẹ điểm 3, không thơm điểm 1.

2.2.3. Phân tích PCR

Phân tích thực hiện tại Phòng Thí nghiệm công nghệ gen thực vật (Viện Nghiên cứu và Phát triển công nghệ sinh học, Trường Đại học Cần Thơ).

DNA trong lá lúa ở thời kỳ mạ 45 ngày tuổi được lấy mẫu để ly trích theo phương pháp Roges và Bendich (1988): Thu mẫu lá lúa rửa sạch, khử trùng bằng cồn 70^0, rồi thực hiện các bước tách chiết, nhân... Sản phẩm DNA sau khi khuếch đại được phân tích bằng điện di trên gel agarose 2% trong đệm TBE. PCR marker (Novagen) đã được sử dụng để ước lượng kích thước đoạn sản phẩm PCR.

2.2.4. Phân tích di truyền

- Đánh giá mùi thơm trên lá (45 ngày sau gieo) tất cả các cây F1 của các tổ hợp lai thuận nghịch giữa 5 giống thơm và giống không thơm CK96. Để tìm hiểu đặc điểm di truyền của gen kiểm soát tính thơm ở các giống lúa trên đây, chúng tôi tiến hành lai thuận nghịch giữa 5 giống lúa thơm với giống CK96. Hạt F_1 của các tổ hợp được gieo riêng thành từng ô. Sau khi gieo 45 ngày, thu mẫu lá của từng cây để đánh giá sự biểu hiện mùi thơm trên lá. Kết quả đánh giá 3 lần lặp lại đều không phát hiện được cá thể thơm ở tất cả các tổ hợp lai. Kết quả trên cho phép kết luận rằng gen kiểm soát mùi thơm là lặn nên không biểu hiện ở thế hệ F_1.

Hạt trên cây F1 được thu riêng để gieo sang vụ sau, mỗi tổ hợp gieo 1.000 cá thể. Sau khi gieo 45 ngày, thu mẫu lá tất cả các cây F_2 của các tổ hợp lai thuận nghịch để đánh giá cảm quan, cho điểm mùi thơm. Đánh giá mùi thơm trên lá tất cả các cây F2 của các tổ hợp lai trên, thống kê sự sai khác giữa tần suất thực nghiệm và tần suất lý thuyết về mùi thơm được kiểm định theo phép thử Khi bình phương (χ^2).

- Phân tích DNA thông qua mồi phân tử với trình tự dưới đây và xác định sự hiện diện gen thơm BAD2.

Các đoạn mồi được sử dụng trong phân tích lúa thơm (Bradbury và cs., 2005)

Tên mồi	Trình tự mồi
Mồi ngoài 1 (ESP)	5' TTGTTTGGAGCTTGCTGATG 3'
Mồi trong cho lúa thơm (IFAP)	5'CATAGGAGCAGCTGAAATATATACC 3'
Mồi trong cho lúa không thơm (INSP)	5' CTGGTAAAAAGATTATGGCTTCA 3'
Mồi ngoài 2 (EAP)	5' AGTGCTTTACAAAGTCCCGC 3'

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh giá mùi thơm trên lá của các giống sử dụng làm bố mẹ

Các nghiên cứu trước xác nhận rằng mùi thơm ở lúa do hỗn hợp một số chất dễ bay hơi tạo nên, trong đó chất 2-acetyl-1-pyrroline đóng vai trò chính. Chất này có ở lá, chồi, vỏ trấu, vỏ cám và gạo trắng mà không có trong rễ (Yoshihashi và cs., 2002). Nghiên cứu này lấy mẫu lá của 6 giống lúa sử dụng làm bố mẹ: ST5, Hương cốm, Jasmine 85, Tám thơm Hải Hậu (TT1), Hoa sữa và CK96 để kiểm tra độ thơm. Kết quả trình bày ở bảng 1 cho thấy: Các giống lúa có mùi thơm khác nhau: ST5 thơm mùi lá dứa, Hương cốm thơm mùi bắp nổ, Jasmine 85 mùi thơm dứa, TT1 thơm mùi bắp nổ, Hoa sữa thơm nhẹ mùi bắp nấu. Điểm đánh giá mùi thơm trung bình của bốn giống: Hương cốm, Jasmine 85, TT1, ST5 xấp xỉ nhau từ 4,20 - 4,82 điểm, được xếp cùng nhóm thơm, trong đó giống lúa Hương cốm có điểm thơm cao nhất (4,82 điểm), tiếp theo là Jasmine 85 (4,66 điểm), TT1 (4,41 điểm), ST5 (4,2 điểm), giống Hoa sữa có điểm thơm trung bình thấp nhất là 2,7 điểm, thuộc nhóm thơm nhẹ, CK96 không thơm.

3.2. Phân tích đặc điểm di truyền tính thơm của con lai F_1 và F_2

Kết quả đánh giá trong bảng 2 cho nhận xét: Số cây thơm đậm xuất hiện rất ít (2 - 8 cây) trong các tổ hợp lai, có 3 tổ hợp không tìm được cây nào. Cộng tất cả cây thơm đậm, thơm và thơm nhẹ thấy rằng, số cây có mùi thơm trên lá dao động từ 143 - 150 cây, số cây không thơm từ 436 - 442 cây, tỷ lệ cây thơm so với cây không thơm diễn biến từ 1: 2,91 - 1:3,09 đều xấp xỉ với tỷ lệ phân ly lý thuyết trong lai đơn theo định luật di truyền của Mendel là 1:3. Kết quả kiểm định theo phép thử Khi bình phương (χ^2) đối với sự phân ly tính trạng thực nghiệm và lý thuyết là đáng tin cậy với mức xác suất = 70 - 90%. Tỷ lệ này chứng tỏ có một gen lặn kiểm soát mùi thơm của các giống lúa thơm nghiên cứu.

Bảng 1. Kết quả đánh giá mùi thơm trên lá của các giống lúa bố mẹ

Tên giống	Mô tả mùi thơm	Điểm đánh giá trung bình của 5 người 3 lần			
		Lần 1	Lần 2	Lần 3	Trung bình
ST5	Mùi lá dứa	4,25 ± 0,09	4,13 ± 0,15	4,23 ± 0,06	4,20 ± 0,03
Hương cốm	Mùi bắp nổ	4,75 ± 0,08	4,85 ± 0,06	4,85 ± 0,22	4,82 ± 0,07
Jasmine	Mùi lá dứa	4,69 ± 0,03	4,68 ± 0,15	4,61 ± 0,18	4,66 ± 0,05
Tám thơm Hải Hậu TT1	Mùi bắp nổ	4,45 ± 0,08	4,34 ± 0,08	4,44 ± 0,17	4,41 ± 0,04
Hoa sữa	Mùi bắp nấu	2,71 ± 0,20	2,73 ± 0,25	2,67 ± 0,14	2,70 ± 0,06
CK96	Không mùi	1	1	1	1

Bảng 2. Tần suất phân ly ở thế hệ F2 của các tổ hợp lai thuận nghịch

Tổ hợp lai	Số cá thể thơm trên lá trong quần thể F_2				Cá thể không thơm	Tỷ lệ cây thơm/không thơm	Tỷ lệ lý thuyết	χ^2	P thực nghiệm
	Đậm	Thơm	Nhẹ	Tổng					
ST5/CK_{96}	8	32	104	144	441	1 : 3,06	1: 3	0,05	0,90-0,80
HC/CK_{96}	8	27	115	150	437	1 : 2,91	1: 3	0,10	0,80-0,70
Jas/CK_{96}	3	36	110	149	436	1 : 2,93	1: 3	0,07	0,80-0,70
TT1/CK_{96}	6	38	99	143	442	1 : 3,09	1: 3	0,10	0,80-0,70
HS/CK_{96}	-	7	136	143	442	1 : 3,09	1: 3	0,10	0,80-0,70
CK_{96}/ST5	2	21	126	149	436	1 : 2,93	1: 3	0,07	0,80-0,70
CK_{96}/HC	-	50	93	143	442	1 : 3,09	1: 3	0,10	0,80-0,70
CK_{96}/Jas	4	32	112	148	437	1 : 2,95	1: 3	0,03	0,90-0,80
CK_{96}/TT1	2	35	111	148	437	1 : 3,95	1: 3	0,03	0,90-0,80
CK_{96}/HS	-	-	144	144	441	1 : 3,06	1: 3	0,05	0,90-0,80

3.3. Đánh giá tính trạng mùi thơm thông qua mồi phân tử

Bradbury và cs. (2005) đã phát hiện trên nhiễm sắc thể số 8 gen BADH2 mất chức năng do quá trình chọn lọc tự nhiên và đột biến thành gen kiểm soát mùi thơm. Tác giả đã sử dụng kỹ thuật ASA (Allele specific amplification) với phản ứng PCR để phân biệt gen thơm đồng hợp tử và dị hợp tử. Sử dụng hai mồi ngoài (EAP, ESP) khuếch đại một đoạn 577 bp ở lúa thơm, 585 bp ở lúa không thơm và hai mồi trong (IFAP, INSP) khuếch đại tạo ra một đoạn 257 bp cho lúa thơm, 355 bp cho lúa không thơm để làm chỉ thị phân tử. Phương pháp này cho phép xác định nhanh chóng, chính xác và có thể áp dụng trong việc đánh giá sớm để chọn tạo giống lúa thơm (Đỗ Thị Thu Hương và cs., 2008). Vì vậy, nghiên cứu này đã sử dụng bốn đoạn mồi này để đánh giá gen kiểm soát mùi thơm của các giống lúa. Trong 17 giống lúa Tám được đánh giá có 15 giống thơm và 2 giống không thơm (Bảng 3). Kết quả này phù hợp với công bố của Trần Danh Sửu (2008) xác định tính thơm bằng phương pháp cảm quan. Sản phẩm PCR qua phân tích điện di trên agarose gel cho nhận xét, các giống lúa Tám có mùi thơm thuộc loài phụ *japonica* đều có 2 băng do mồi trong IFAP với kích thước phân tử 257 bp và mồi ngoài EAP cho sản phẩm với kích thước phân tử 577 bp. Riêng hai giống lúa không thơm thuộc loài phụ *indica* là Tám tròn Hải Dương (SĐK 219) và Tám ấp bẹ Ninh Bình (SĐK 274) thể hiện qua hai băng với kích thước phân tử là 585 bp do mồi ESP và 355 bp do mồi INSP khếch đại. Như vậy, kết quả phân tích PCR đã xác định 15 giống lúa Tám có mùi thơm thuộc loài phụ *japonica* mang một gen lặn BADH2 kiểm soát mùi thơm. Hai giống Nàng thơm Chợ Đào và TT1 cũng có biểu hiện tương tự trên các băng điện di như các giống lúa Tám kể trên.

Như vậy có thể kết luận rằng, các giống lúa nghiên cứu mang cùng gen lặn qui định tính thơm.

Bảng 3. Kết quả kiểm tra gen BAD2 bằng chỉ thị phân tử ở các giống lúa thơm địa phương

SĐK	Tên giống	Hiện diện gen thơm	SĐK	Tên giống	Hiện diện gen thơm
219	Tám tròn Hải Dương	-	5117	Tám Xuân Đài	+
233	Tám tức Tây Bắc	+	5119	Tám Xuân Hồng	+
268	Tám đen Hà Đông	+	5120	Tám Nghĩa Hồng	+
274	Tám ấp bẹ Ninh Bình	-	5121	Tám Con	+
314	Tám xoan Bắc Ninh	+	5122	Tám Nghĩa Lạc	+
316	Tám nghệ hạt đỏ	+	5124	Tám Hải Giang	+
5126	Tám ấp bẹ	+	6212	Tám cổ rụt	+
6216	Tám thơm	+	6240	Tám cao cây	+
6250	Tám tiêu	+		Nàng thơm Chợ Đào	+
				Tám thơm Hải Hậu TT1	+

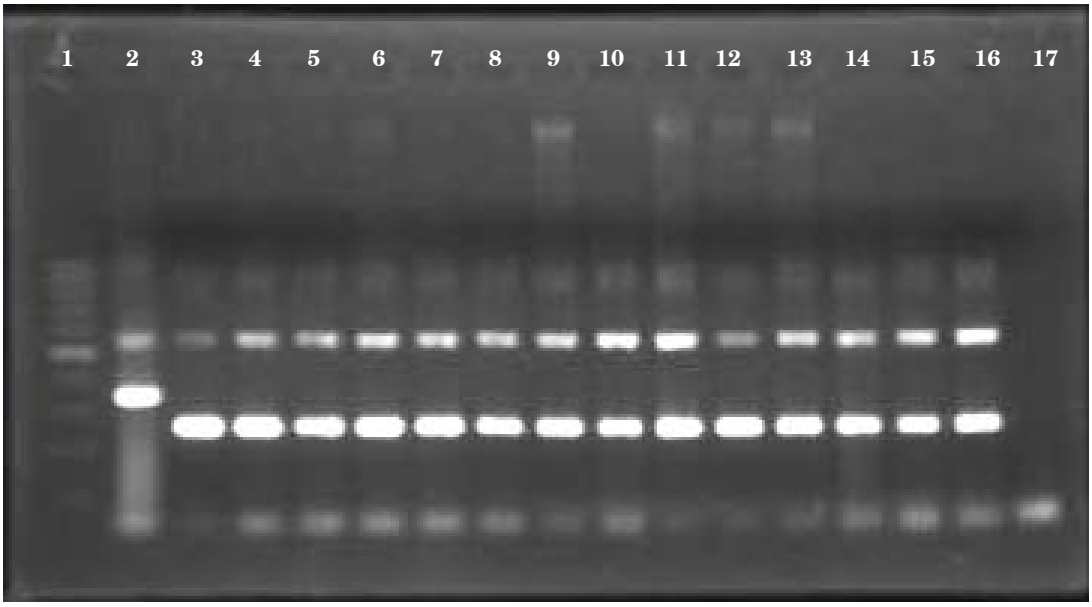
** Ghi chú: (+) Thơm đồng hợp tử (-) Không thơm*
SĐK: Số đăng ký của Trung tâm Tài nguyên thực vật

Bảng 4. Kết quả kiểm tra gen BAD2 bằng chỉ thị phân tử ở các giống lúa thơm cải tiến và nhập nội

Stt	Tên giống	Hiện diện gen thơm	Stt	Tên giống	Hiện diện gen thơm
1	ST5	+	11	ST18	+
2	ST6	+	12	ST19	+
3	ST8	+	13	ST20	+
4	ST10	+	14	ST3 Đỏ	+
5	ST12	+	15	Jasmine 85	+
6	ST13	+	16	KDM 105	+
7	ST14	+	17	Hoa Sữa	+
8	ST15	+	18	Hương Cốm	+
9	ST16	+	19	VNĐ 95-20 (đ/c)	-
10	ST17	+			

** Ghi chú: đ/c: đối chứng*

Một số giống lúa thơm cải tiến như Hương cốm, các giống lúa thơm Sóc Trăng đã được chọn lọc từ các tổ hợp lai đơn, lai nhiều bố mẹ hoặc từ quần thể đột biến tự nhiên, nhân tạo... Tuy nhiên, các giống bố mẹ khi lai chưa được đánh giá gen thơm bằng chỉ thị phân tử. Để có cơ sở cho chọn tạo giống trong tương lai, nghiên cứu này đã đánh giá tính thơm bằng 4 chỉ thị phân tử nêu trên. Kết quả phân tích sản phẩm PCR trên agarose gel của các giống lúa thơm Sóc Trăng và giống Hương Cốm (Bảng 4, Hình 1) cho nhận xét, các giống đều xuất hiện 2 băng: một băng do mồi trong IFAP khếch đại với kích thước phân tử 257 bp và một băng do mồi ngoài EAP khếch đại với kích thước phân tử 577 bp, chứng tỏ các giống có cùng một gen kiểm soát mùi thơm. Khi đánh giá bằng cảm quan, các giống này có mùi thơm khác nhau nên có khả năng còn một vài gen bổ sung nào đó tham gia kiểm soát độ thơm. Sự khác biệt này hiện đang được một số nhà khoa học nghiên cứu nhằm lý giải.



Hình 1. Kết quả phân tích sản phẩm PCR trên agarose

1: Thang chuẩn (100 bp ladder) *17: nước*
2: VNĐ 95-20 *3: ST5* *4: ST6* *5: ST10* *6: ST12*
7: ST13 *8: ST14* *9: ST15* *10: ST16* *11: ST17*
12: ST18 *13: ST19* *14: ST20* *15: ST3ĐỎ* *16: JASMINE 85*

4. KẾT LUẬN

Đánh giá bằng cảm quan mùi thơm trên lá có thể xếp các giống lúa Hương cốm, ST5, TT1, Jasmine 85 trong cùng một nhóm thơm, nhưng hương vị của từng giống có biểu hiện khác nhau chút ít, giống Hương cốm có độ thơm đậm nhất và giảm dần theo tuần tự là Jasmine 85, TT1, ST5; Giống Hoa sữa thuộc nhóm thơm nhẹ, CK96 không thơm.

Kết quả nghiên cứu đặc điểm di truyền thông qua đánh giá con lai F_1 và F_2 của các tổ hợp lai thuận nghịch giữa 5 giống thơm với giống CK96 không thơm xác nhận rằng mùi thơm của các giống lúa này đều do gen lặn kiểm soát.

Dùng kỹ thuật phân tử để phát hiện gen thơm của 13 giống lúa thơm cải tiến, 2 giống lúa thơm có xuất xứ địa lý tại Chợ Đào (Nam bộ), Hải Hậu (Bắc bộ) và 3 giống lúa thơm nhập nội Hoa sữa, Jasmine 85, KDM 105 cho thấy, tất cả chúng đều mang gen kiểm soát tính thơm BAD2, đồng thời đã phát hiện được gen kiểm soát tính thơm BADH2 có trong 15 giống lúa Tám thuộc loài phụ *Japonica* trong số 17 giống lúa Tám địa phương.

Lời cảm ơn

Tác giả xin bày tỏ lòng cảm ơn sâu sắc đến Viện Nghiên cứu lúa - Trường Đại học Nông nghiệp Hà Nội, Trung tâm Tài nguyên Thực vật đã cung cấp giống lúa để thực hiện nghiên cứu này; cảm ơn UBND tỉnh Sóc Trăng, Sở Nông nghiệp và PTNT tỉnh Sóc Trăng đã cấp kinh phí để thực hiện

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Ahn S.N., C.N. Bollich and S.D. Tanksley (1992). RFLP tagging of a gene for aroma in rice. *Theoretical and Applied Genetics*. 84(7), p. 825-828.

Bradbury L.M.T., R.J. Henry, Q. Jin, R.F. Reinke and D.L.E. Waters (2005b). A Perfect Marker for Fragrance Genotyping in Rice", Molecular Breeding, 16, pp. 279-283.

Chen S., Y. Yang, W. Shi, Q. Ji, F. He, Z. Zhang, Z. Cheng, X. Liu and M. Xu (2008). Badh2, Encoding Betaine Aldehyde Dehydrogenase, Inhibits the Biosynthesis of 2- Acetyl-1-Pyrroline, a Major Component in Rice Fragrance. *The Plant Cell*, 20, p. 1850-1861.

Dhulappanavar C.V. (1976). Inheritance of scent in rice. *Euphytica*, 25, p. 659-662.

Đỗ Thị Thu Hương, Nguyễn Văn Đồng, Phạm Quang duy, Lê Thị Thu Về, Đỗ Năng Vịnh (2008). Xác định nhanh chóng và chính xác gen kiểm soát tính trạng mùi thơm (fgr) ở lúa bằng tổ hợp mùi đặc hiệu. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*, 8, tr. 3-5.

Jennings P.R., W.R. Coffman and H.E. Kauffman (1979). Rice Improvement. IRRI, Los baños, Philippines, p. 120.

Kovach M.J., M.N. Calingacion, M.A. Fitzgerald and S.R. McCouch (2009). The origin and evolution of fragrance in rice (*Oryza sativa* L.). Proceedings of the National Academy of Sciences, 106(34), p. 14444-14449.

Lorieux M., M. Petrov, N. Huang, E. Guiderdoni and A. Ghesquiere (1996). Aroma in rice: Genetic analysis of a quantitative trait. *Theoretical and Applied Genetics*, 93, p. 1145-1151.

Nagaraju M., D. Choudhary and M.J.B. Rao (1975). A simple technique to identify scent in rice and inheritance pattern of scent. *Current Sci*., 44, p. 599.

Nguyễn Minh Công và Nguyễn Tiến Thăng (2007). Sự di truyền đột biến mùi thơm phát sinh từ giống lúa tẻ thơm đặc sản miền Bắc Tám Xuân Đài. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*, 10, tr. 21-22, 14.

Nguyen Thi Lang and Bui Chi Buu (2008). Development of PCR-based markers for aroma (fgr) gene in rice (*Oryza sativa* L.). Omonrice, 16, p. 16-23.

Nguyễn Thị Lang và Bùi Chí Bửu (2004). Xác định gen fgr điều khiển tính trạng mùi thơm bằng phương pháp Fine Mapping và microsatellites. Hội nghị quốc gia chọn tạo giống lúa, Viện Lúa ĐBSCL, tr. 187-194.

Nguyễn Thị Lang, Bùi Thị Dương Khuyều, Nguyễn Tiến Huyền, Vũ Hiếu Đông, Bùi Chí Bửu (2005). Đánh giá tài nguyên di truyền của lúa đặc sản địa phương vùng ĐBSCL bằng marker vi vệ tinh (microsatellite). *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn,* kỳ 1-tháng 9/2006, tr. 15-18,22.

Sood B.C. and E.A. Siddiq (1978). A rapid technique for scent determination in rice. *Indian J. Genet. Plant Breed*., 38, p. 268-271.

Trần Danh Sửu (2008). Đánh giá đa dạng di truyền tài nguyên lúa Tám đặc sản miền Bắc Việt Nam. Luận văn tiến sĩ khoa học nông nghiệp.

Yoshihashi T., Nguyen Thi Thu Huong and H. Inatomi (2002). Precursors of 2-AP, a potent flavor compound of an aromatic rice variety. *J. Agric. and Food Chem*. 50, p. 2001-2004.