

ĐẶC ĐIỂM DI TRUYỀN LIÊN QUAN ĐẾN ĐẶC ĐIỂM HÌNH THÁI VÀ KÍCH THƯỚC HẠT GẠO MÀU

Phan Thị Hồng Nhung¹, Nguyễn Minh Xuân¹, Bùi Quang Tú¹,
Nguyễn Văn Lộc¹, Phạm Văn Cường¹, Nguyễn Thị Thúy Hạnh^{2*}

¹*Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*
²*Khoa Công nghệ sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

*Tác giả liên hệ: ntthanh.sh@vnua.edu.vn

Ngày nhận bài: 19.11.2025

Ngày chấp nhận đăng: 07.05.2026

TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm làm rõ nền tảng di truyền liên quan đến hình thái và kích thước hạt gạo, qua đó cung cấp cơ sở khoa học phục vụ công tác chọn tạo giống lúa chất lượng cao, phù hợp với nhu cầu thị trường. Phân tích tương quan trên toàn hệ gen (GWAS - Genome-wide Association Study) được thực hiện với các tính trạng hình thái và cấu trúc hạt của 102 nguồn gen gạo màu. Phân tích GWAS được tiến hành bằng phần mềm TASSEL, áp dụng mô hình MLM, sử dụng 60224 SNPs. Kết quả phân tích đã xác định được 31 vị trí di truyền tính trạng số lượng (QTL - quantitative trait locus) liên quan đến các tính trạng số lượng gồm chiều dài hạt thóc, chiều rộng hạt thóc, chiều dài hạt gạo, chiều rộng hạt gạo, độ dày hạt gạo, tỷ lệ chiều dài/rộng hạt thóc, tỷ lệ chiều dài/rộng hạt gạo, màu sắc vỏ trấu và màu sắc hạt gạo. Trong số 31 QTLs được xác định, có 8 QTLs trùng với các QTL/gen đã được công bố trước đó và 23 QTL mới. Kết quả này cung cấp thông tin trong nghiên cứu cấp độ phân tử và chọn tạo giống gạo màu tiếp theo.

Từ khóa: Gạo lứt, gạo màu, GWAS, GS5, QTL

Genetic Characteristics Associated with the Morphological Traits of Pigmented Pericarp Rice Grains

ABSTRACT

This study aimed to elucidate the genetic basis underlying rice grain morphology and size, thereby providing a scientific foundation for the breeding of high-quality rice varieties that meet market demands. A genome-wide association study (GWAS) was conducted for morphological and grain structural traits in 102 pigmented pericarp rice accessions. GWAS analysis was performed using the TASSEL software, applying a mixed linear model (MLM), using 60,224 SNPs. A total of 31 quantitative trait loci (QTLs) were identified associated with the following traits: grain length, grain width, decorticated grain length, decorticated grain width, decorticated grain thickness, grain length-to-width ratio, decorticated grain length-to-width ratio, lemma color, and decorticated color. Among these, 8 loci overlapped with previously reported QTLs/genes, while 23 QTLs were novel. These results provide valuable information for molecular studies and for subsequent breeding of colored rice varieties.

Keywords: Decorticated grain, colored rice, GWAS, GS5, QTL.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa là cây lương thực quan trọng cho hơn một nửa dân số trên thế giới. Ở Việt Nam, lúa gạo là nguồn lương thực chính (Tổng cục Thống kê, 2023). Trong những năm gần đây, Việt Nam luôn nằm trong nhóm 5 nước có sản lượng lúa gạo xuất khẩu cao nhất thế giới. Cấu trúc hạt lúa (thóc) gồm vỏ trấu, lớp aleuron, phôi hạt và

nội nhũ. Trong đó, nội nhũ (chiếm khoảng 70% khối lượng) là phần được sử dụng chính, thành phần dinh dưỡng gồm tinh bột, protein, các vitamin, khoáng chất, vi lượng, axit amin, chất chống oxy hóa,... Hiện nay, mặt hàng gạo lứt (gạo lứt, hạt thóc đã được tách bỏ vỏ trấu) đang thu hút người tiêu dùng, nhất là nhóm người bị bệnh tiểu đường, viêm khớp, tim mạch,... Chúng có thể có màu trắng, màu vàng, màu đỏ, màu

nâu, màu tím và màu đen; sự khác biệt màu sắc thường đi kèm khác biệt về thành phần flavonoids, anthocyanin, proanthocyanidin, các hợp chất chống oxy hóa, qua đó tạo nên giá trị dinh dưỡng và giá trị sử dụng đặc thù của từng giống (Zhu & cs., 2017; Brotman & cs., 2021; Tran & cs., 2024). Ngoài mục đích sử dụng làm lương thực, nhiều sản phẩm, phụ phẩm khác của lúa gạo đã và đang được sử dụng để sản xuất dầu gạo, thực phẩm chức năng và mỹ phẩm (Phạm Văn Cường & cs., 2021).

Nghiên cứu về đặc điểm di truyền của cây lúa (*Oryza sativa* L.) có vai trò quan trọng đối với công tác gìn giữ, chọn tạo và phát triển các giống mới. Trong đó, khảo sát và thiết lập cơ sở dữ liệu nguồn gen lúa được xác định là công việc thường xuyên nhằm tìm được các mẫu giống lúa có kiểu gen và tính trạng hữu ích, qua đó khai thác sự đa dạng di truyền và xác định những dòng triển vọng cho các chương trình chọn tạo giống lúa mới tùy theo mục đích sử dụng. Do những áp lực về an ninh lương thực toàn cầu, việc nghiên cứu chọn tạo giống lúa mới năng suất cao, chống chịu tốt, có thời gian sinh trưởng ngắn luôn là ưu tiên hàng đầu. Tuy nhiên, điều đó cũng làm biến mất các nguồn gen lúa địa phương quý, có chất lượng tốt và khả năng thích ứng cao với môi trường bất thuận của địa phương. Vì vậy, song song với việc chọn tạo các giống mới, việc duy trì nguồn gen lúa bản địa cũng rất cần thiết.

Tính trạng hình thái và kích thước hạt là các chỉ tiêu chất lượng quan trọng, mang tính đặc trưng của giống và chịu chi phối bởi nhiều gen cũng như tương tác giữa kiểu gen và môi trường. Việc lập bản đồ di truyền tính trạng số lượng (QTL - quantitative trait locus) trên quần thể lai các cặp bố mẹ đã cung cấp thông tin di truyền cho các tính trạng chất lượng hạt. Tuy nhiên, các QTL được tạo ra từ quần thể lai các cặp bố mẹ thường có một số hạn chế như chỉ phản ánh biến dị alen của hai dòng bố mẹ; số lần tái tổ hợp hạn chế nên độ phân giải định vị còn thấp và hiệu ứng QTL khó chuyển giao sang nền di truyền khác. Gần đây, phương pháp phân tích tương quan trên toàn hệ gen (GWAS - Genome-wide Association Study) cây lúa, bằng cách sử dụng vật liệu là quần thể các nguồn gen

tự nhiên, bản địa và đã được giải trình tự gen là hướng tiếp cận phù hợp, hiện đại và tiết kiệm chi phí so với phương pháp truyền thống. Ưu điểm của phương pháp này là khai thác được tái tổ hợp trong quần thể đa dạng, giúp tăng độ phân giải phát hiện vùng gen/biến dị liên kết với tính trạng. Nhiều nghiên cứu đã chứng minh hiệu quả của GWAS trong việc xác định đặc điểm di truyền liên quan đến các tính trạng khác nhau trên cây lúa (Phan & cs., 2023; Wang & cs., 2023; Pham & cs., 2024). Đối với gạo màu, nghiên cứu gần đây cho thấy thông tin di truyền của màu sắc hạt và các hợp chất liên quan là đa gen và phụ thuộc mạnh vào vật liệu nghiên cứu và cấu trúc quần thể. Nghiên cứu của Pham & cs. (2024) trên nguồn gen lúa đen bản địa của Việt Nam cho thấy tiềm năng lớn của nguồn gen địa phương và nhấn mạnh nhu cầu mở rộng phân tích sang các tính trạng hình thái và cấu trúc hạt gạo trong nhóm vật liệu gạo màu. Chúng tôi tiến hành xác định các đặc điểm kiểu hình của hạt lúa, gạo và phân tích GWAS các tính trạng này. Nghiên cứu này nhằm cung cấp thông tin di truyền và các vật liệu nghiên cứu theo hướng sản xuất thực phẩm chức năng, dầu cám gạo và các hướng sử dụng khác của cây lúa.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Tổng số 102 nguồn gen lúa có hạt gạo có màu (nâu, đỏ, đen, tím) được thu thập ở các vùng của Việt Nam và các nước trên thế giới, trong đó 16 nguồn gen lúa được thu thập và lưu trữ tại Trung tâm Tài nguyên di truyền thực vật và 86 nguồn gen lúa được Viện Nghiên cứu Lúa quốc tế IRRI thu thập từ các quốc gia, vùng lãnh thổ khác nhau.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Đánh giá kiểu hình

Thí nghiệm đồng ruộng được tiến hành tại khu thí nghiệm đồng ruộng Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam từ tháng 7 đến tháng 12 năm 2024, thu thập mẫu hạt thóc, hạt gạo và tiến hành đánh giá kiểu hình của hạt.

Nghiên cứu đánh giá hình thái và cấu trúc hạt lúa (thóc), hạt gạo được tiến hành quan sát trên kính hiển vi soi nổi Olympus SZ-61 có kết nối camera Olympus EP50 và máy tính để đo kích thước (chiều dài, chiều rộng của hạt thóc và hạt gạo lật (gạo lứt, hạt thóc được bóc bỏ vỏ trấu) và chụp ảnh mẫu. Màu sắc vỏ trấu, màu bổ sung vỏ trấu và màu sắc gạo lật được cho điểm theo mô tả QCVN 01-65:2011/BNNPTNT. Các thang điểm cho màu sắc vỏ trấu: 1 - vàng nhạt, 2 - vàng, 3 - nâu, 4 - đỏ đến tím nhạt, 5 - tím, 6 - đen. Thang điểm cho màu bổ sung vỏ trấu: 1 - không có, 2 - có rãnh vàng, 3 - có rãnh nâu, 4 - có đốm tím, 5 - có rãnh tím. Thang điểm cho màu sắc gạo lật: 1 - trắng, 2 - nâu nhạt, 3 - có đốm nâu, 4 - nâu sẫm, 5 - hơi đỏ, 6 - đỏ, 7 - có đốm tím, 8 - tím, 9 - tím sẫm hoặc đen.

Số liệu thu thập được về kiểu hình được vẽ hình thái và kích thước được phân tích kết hợp cùng số liệu kiểu gen để tiến hành phân tích tương tác với chỉ thị phân tử SNPs.

2.2.2. Thông tin về kiểu gen lúa

Tổng số 1,011,601 GWAS SNPs được tải về từ kho dữ liệu Rice SNP-Seek (<https://snp-seek.irri.org>). Sau khi loại bỏ đi các allele hiếm dưới 5% và loại bỏ tỷ lệ thiếu > 5%, thu được 588.792 SNPs để phân tích. Sau đó, theo khuyến nghị của nghiên cứu trước đó của Phan & cs. (2023), chúng tôi lựa chọn ngẫu nhiên 10% tổng số SNPs và thu được 60224 SNPs để sử dụng trong nghiên cứu này. Việc sàng lọc này được thực hiện bằng phần mềm PLINK với cú pháp: `plink --bfile pruned_v2.1 --keep List102G.txt --maf 0.05 --geno 0.95 --thin 0.1 --recode --out 1M102Gthin10`.

2.2.3. Phân tích GWAS

GWAS được thực hiện bằng phần mềm TASSEL (Trait Analysis by aSSociation, Evolution and Linkage, Bradbury & cs., 2007) theo mô hình Mixed Linear Model (MLM).

Giá trị giới hạn có ý nghĩa (significant threshold) được xác định $P < 0,001$. Khi các SNPs vượt trên giá trị giới hạn này và cùng nằm trong vùng có khoảng cách nhỏ hơn giá trị mất cân bằng liên kết $\pm 140\text{kb}$ theo Phan & cs. (2023) - thì được coi là một QTL. SNP có giá trị

P nhỏ và Marker R2 lớn nhất nhất được gọi là vị trí đỉnh của QTL.

2.2.4. Xử lý số liệu

Số liệu thu thập được phân tích, xử lý sử dụng ngôn ngữ R ver. 4.3.2. Tương quan giữa các tính trạng được vẽ bằng gói Performance Analytics, biểu đồ PCA được vẽ bằng gói ggplot2 và ggfortify trên ngôn ngữ R. Đồ thị Manhattan và QQ được bằng phần mềm TASSEL.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả đánh giá kiểu hình

Kết quả đánh giá kiểu hình về hình thái hạt lúa cho thấy quần thể gồm 102 nguồn gen lúa trong nghiên cứu rất đa dạng về hình dạng hạt, kích thước hạt thóc, màu sắc vỏ trấu, màu sắc bổ sung trên vỏ trấu, màu sắc gạo lật, hình dạng và kích thước hạt gạo (Hình 1). Hình dạng hạt gạo đa dạng, từ tròn, bán tròn, bán thon, thon và thon dài theo mô tả DUS (QCVN-01-65/2011). Các hạt thóc, hạt gạo có chiều dài từ ngắn đến trung bình; chiều rộng hạt từ hẹp đến rộng. Vỏ trấu của các nguồn gen có màu vàng nhạt, màu vàng, màu đỏ và màu đen, không có nguồn gen nào có vỏ trấu màu tím. Vỏ trấu không có màu bổ sung, hoặc có nguồn gen có rãnh màu vàng, có rãnh màu nâu. Màu hạt gạo lật có từ nâu nhạt, nâu sẫm, hơi đỏ, đỏ, tím sẫm hoặc đen. Như vậy, tập đoàn nguồn gen lúa có mức độ biến dị kiểu hình rất cao, đây là cơ sở quan trọng để tiếp tục phân tích di truyền nhằm xác định các vùng QTL/gen liên quan và khai thác hiệu quả nguồn vật liệu cho chọn giống.

Kết quả thu được cho các đặc điểm chiều dài, chiều rộng hạt thóc, hạt gạo lật, độ dày hạt gạo lật đều tuân theo hàm phân phối chuẩn (Hình 2). Đa số hạt thóc có chiều dài nằm trong khoảng từ 7 đến 11mm, một số ít nguồn gen có chiều dài dưới 6,5mm; một số ít nguồn gen có chiều dài hạt gạo trên 11,5mm. Đa số các hạt thóc có chiều rộng nằm trong khoảng từ 2,5 đến 3,6mm. Một số ít nguồn gen có chiều rộng hạt < 2mm, trong khi các nguồn gen có chiều dài hạt > 4mm. Độ dày hạt gạo của phần lớn nguồn gen nằm trong khoảng 1,45-1,95mm, chỉ có một số ít có độ dày hạt > 2mm.



Số 4



Số 20



Số 26



Số 39



Số 42



Số 48



Số 50



Số 56



Số 70



Số 71



Số 90



Số 105



Số 110



Số 120



Số 187



Số 202



Số 264



Số 272



Số 305



Số 306



Số 307



Số 352



Số 423



Số 429



Số 967



Số 975



Số 976



Số 988



Số 996



Số 1011



Số 1065



Số 1167



Số 1227



Số 1234



Số 1248



Số 1263



Số 1445



Số 1485



Số 1487



Số 1503



Số 1506



Số 1533



Số 1574



Số 1595



Số 1621



Số 1730



Số 1762



Số 1786

Đặc điểm di truyền liên quan đến đặc điểm hình thái và kích thước hạt gạo màu



Số 1799



Số 1890



Số 1910



Số 1922



Số 1927



Số 1932



Số 1971



Số 2004



Số 2021



Số 2025



Số 2043



Số 2056



Số 2078



Số 2116



Số 2153



Số 2166



Số 2167



Số 2186



Số 2230



Số 2281



Số 2283



Số 2284



Số 2286



Số 2339



Hình 1. Hình thái hạt thóc và hạt gạo lật của các nguồn gen lúa có gạo màu

Đa số nguồn gen có vỏ trấu màu vàng nhạt đến vàng (điểm 1), một số ít có màu đỏ nâu đến tím nhạt, hoặc đen. Đa số nguồn gen không có màu bổ sung trên vỏ trấu. Màu sắc hạt gạo lật của các nguồn gen thường là màu trắng đến nâu nhạt, một số ít có màu hơi đỏ đến đỏ, chỉ có một nguồn gen có hạt màu đen. Về màu sắc gạo lật, đa số hạt gạo lật có màu hơi đỏ (điểm 5). Rất ít hạt có các màu sắc còn lại.

Như vậy, quần thể nghiên cứu phù hợp để phân tích tương quan kiểu hình - kiểu gen và tăng độ tin cậy khi thực hiện phân tích GWAS. Đồng thời, sự phân hóa rõ về màu sắc vỏ trấu và gạo lật cho thấy tập đoàn vẫn bảo tồn được các alen hiếm, có giá trị cho phân tích di truyền và chọn giống chất lượng. Đây là điểm quan trọng trong chọn giống gạo màu, giá trị sử dụng không chỉ phụ thuộc vào sắc tố mà còn phụ thuộc vào hình dạng hạt (Ponce & cs., 2020, Phạm & cs., 2024).

** Phân tích hệ số tương quan các tính trạng*

Kết quả phân tích tương quan giữa các chỉ tiêu hình thái được thể hiện ở hình 3. Chiều dài hạt thóc tương quan chặt với chiều dài hạt gạo (0,72, $P < 0,001$), tỷ lệ chiều dài/chiều rộng hạt thóc và hạt gạo với hệ số lần lượt là 0,60 và 0,50 ($P < 0,001$). Chiều rộng hạt thóc tương quan chặt với chiều rộng hạt gạo lật (0,67, $P < 0,001$) và với độ dày hạt gạo lật (0,43, $P < 0,001$). Màu sắc hạt thóc hay màu sắc gạo lật không có sự tương

quan với các chỉ tiêu còn lại. Chiều rộng hạt thóc và chiều rộng hạt gạo lật có tương quan nghịch với chỉ tiêu tỷ lệ chiều dài/rộng. Đây là điều phù hợp do cách tính về tỷ lệ.

Kết quả phân tích thành phần chính (PCA - principal components analysis) cho các chỉ tiêu (không tính màu sắc hạt thóc và hạt gạo lật) đã giải thích được khoảng 77% tổng phương sai của dữ liệu ban đầu (Hình 4). Trong đó, PC1 giải thích 46,57%, PC2 giải thích được 31,23%. Biểu đồ cũng cho thấy các chỉ tiêu có tương quan thuận với nhau có mũi tên gần nhau (góc nhỏ) trên biểu đồ. Xét về việc phân bố các nguồn gen, các nguồn gen thuộc các loài phụ khác nhau (*indica*, *japonica*, *aus*, *aromatic* và trung gian - admixed) trải rộng lên khắp biểu đồ và không phân thành nhóm riêng biệt. Điều đó chỉ ra rằng các tính trạng hình thái hạt là tính trạng phức hợp, chịu chi phối bởi các yếu tố di truyền và thích hợp để tiếp tục phân tích liên kết trên toàn hệ gen.

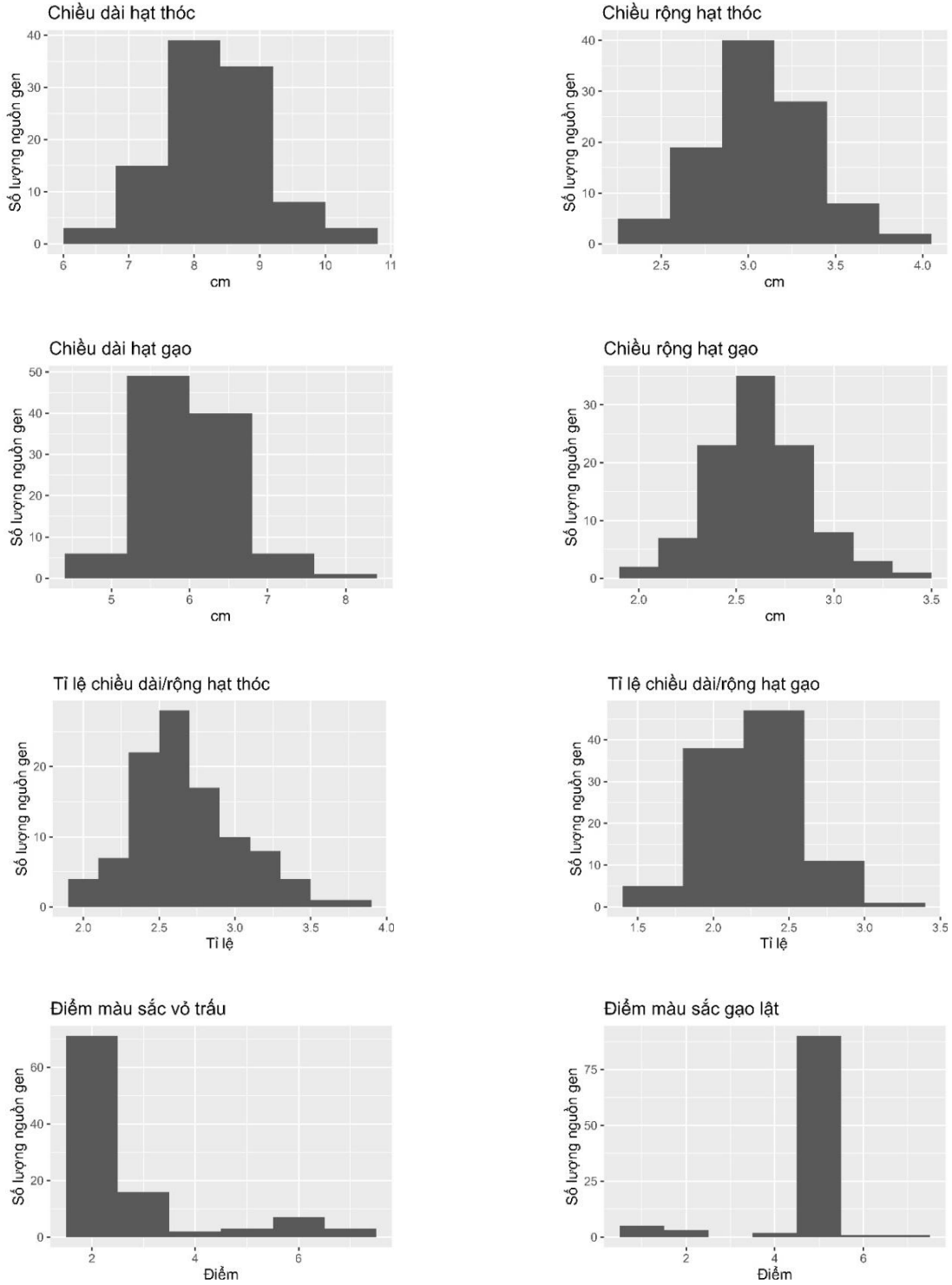
3.2. Kết quả xác định QTL

Các tính trạng liên quan đến hạt gạo như chiều dài hạt (grain length, GL), chiều rộng hạt (grain width, GW), tỷ lệ dài/rộng (GLWR), độ dày hạt, khối lượng 1.000 hạt (thousand grain weight, TGW), hay các màu sắc hạt đều là QTL phức tạp. Rất nhiều QTL điều khiển các tính trạng này đã được mô tả trên hầu hết cả 12

Đặc điểm di truyền liên quan đến đặc điểm hình thái và kích thước hạt gạo màu

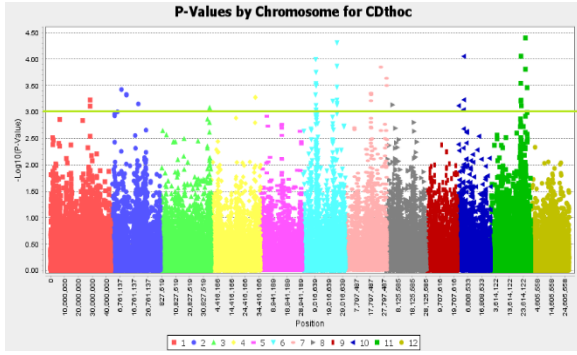
nhiễm sắc thể và đến nay đã có hàng trăm QTL và gen đã được phân lập/chứng minh chức năng (Jiang & cs., 2022). Kết quả GWAS trong nghiên cứu này cho thấy các SNP có ý nghĩa

nằm trải rộng trên hầu hết các nhiễm sắc thể (1,2,4,5,6,7,8,9,10,11,12). Điều này hoàn toàn phù hợp với bản chất đa gen và đa QTL của các tính trạng hình dạng/chất lượng hạt gạo.

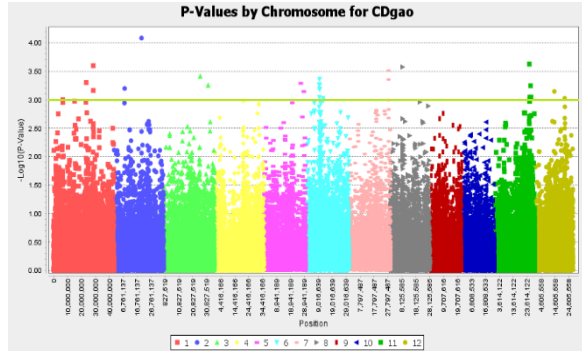


Hình 2. Biểu đồ tình trạng hình thái và cấu trúc hạt thóc và hạt gạo lật của các nguồn gen lúa thí nghiệm

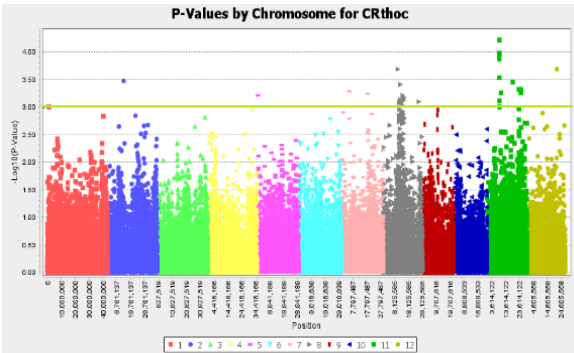
Đặc điểm di truyền liên quan đến đặc điểm hình thái và kích thước hạt gạo màu



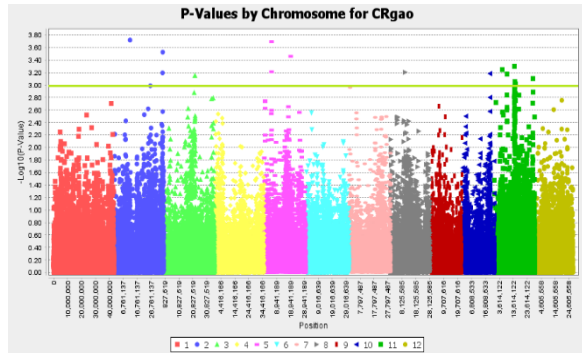
(A)



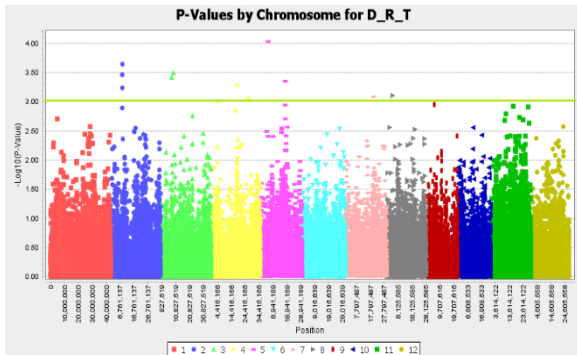
(B)



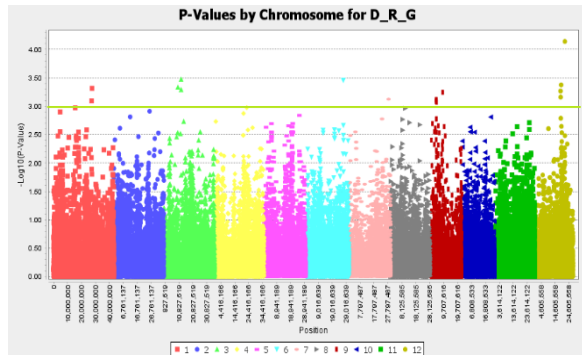
(C)



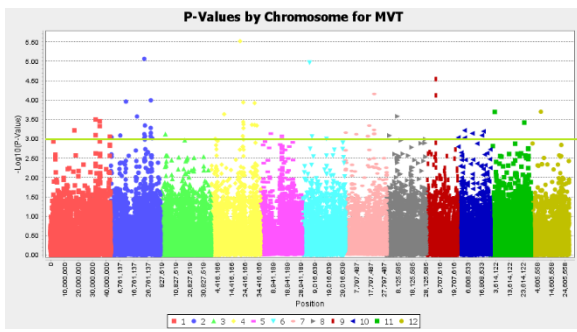
(D)



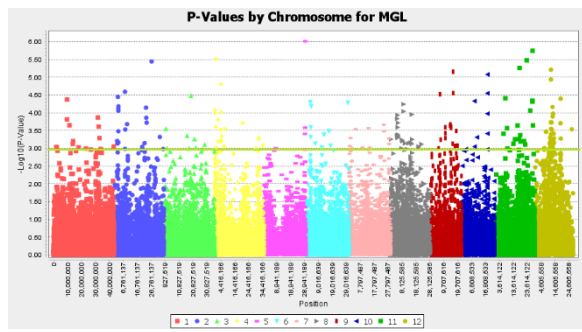
(E)



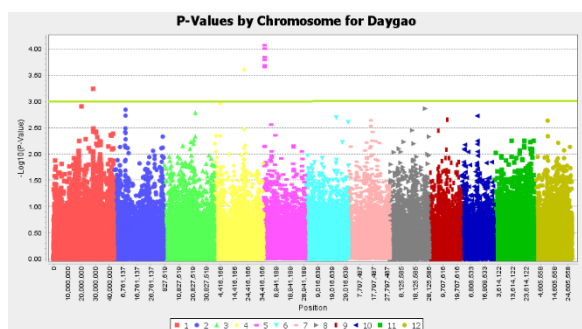
(F)



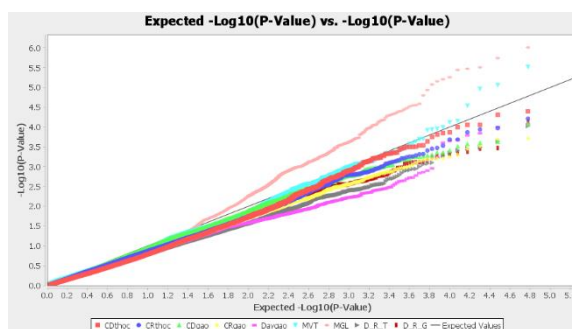
(G)



(H)



(I)



(J)

Ghi chú: (A): chiều dài hạt thóc, (B): chiều dài hạt gạo lật, (C): chiều rộng hạt thóc, (D): chiều rộng hạt gạo lật, (E): tỷ lệ chiều dài/rộng hạt thóc, (F): tỷ lệ chiều dài/rộng gạo lật, (G): màu sắc vỏ trấu, (H): màu sắc gạo lật, (I): độ dày hạt gạo, (J): QQ plot cho tất cả các chỉ tiêu. Đường ngang màu xanh lá cây ở các biểu đồ Manhattan biểu thị ngưỡng threshold $P < 0,001$.

Hình 5. Biểu đồ Manhattan và QQ trong phân tích GWAS các chỉ tiêu về hình thái và cấu trúc hạt thóc, hạt gạo lật trong thí nghiệm

Nghiên cứu này đã xác định được 31 QTL liên quan đến các tính trạng về hình thái và cấu trúc hạt gạo, hạt lúa (Bảng 1). Trong đó có 8 QTL trùng với các kết quả đã công bố trước đó, nhất là các vùng trùng với các cụm QTL/gen kinh điển liên quan đến chiều rộng, hình dạng, khối lượng hạt. Thật vậy, *qPR_GW5.1* và *qPR_GLWR5.1* trong nghiên cứu của chúng tôi trùng với vị trí của *qSW5 / GW5 / GSE5 / GS5* trên nhiễm sắc thể (NST) số 5. Cụm này đã được tinh giải và giải mã cơ chế (ví dụ đột biến mất đoạn trong GW5) và được xem là một trong những locus lớn nhất cho kích thước hạt ở lúa (Yang & cs., 2022; Jiang & cs., 2022). *qPR_GL10.1* trùng với vị trí đã công bố của cụm QTL lớn trên NST số 10 như *qGL10 / qGS10.1 / qGS10.2* (ảnh hưởng chiều dài, kích thước hạt). Đây là các locus hiệu ứng lớn, liên quan trực tiếp đến năng suất thông qua khối lượng 1.000 hạt (Singh & cs., 2015; Zhang & cs., 2020). *qPR_GLWR5.2* trùng với vị trí *qTGW5.3* đã được mô tả là ảnh hưởng đồng thời chiều dài hạt và khối lượng 1.000 hạt (Yaobin & cs., 2018). *qPR_GL11.1* trùng với vị trí *qGL11/qTGW11, qPGC11* cho chiều dài và khối lượng hạt (Yang & cs., 2022).

Khi bóc vỏ trấu (xay sát thô) ta nhìn thấy màu lớp vỏ cám/pericarp - đại diện màu sắc của gạo lật. Màu trắng, nâu, đỏ, tím/đen chủ yếu do

tích lũy proanthocyanidin và anthocyanin. Có hai gen kinh điển điều khiển màu sắc của hạt là gen *Rc* và gen *Rd*. Alen *Rc* hoạt động sẽ gây tích lũy proanthocyanidin làm cho vỏ cám đỏ/nâu; alen đột biến *rc* (thường có mất đoạn nhỏ) sẽ cho hạt gạo lật có màu trắng. Khi *Rc* và *Rd* đều “có chức năng”, hạt gạo lật đỏ sẫm hơn; nếu thiếu *Rd*, màu nhạt hơn dù *Rc* còn hoạt động (Zhu & cs., 2011; Furukawa & cs., 2007). Ngoài ra, các locus như *Kala4/S1* cũng góp phần tạo màu đen/tím ở lớp cám khi biểu hiện anthocyanin mạnh. Những QTL chúng tôi đã xác định không nằm ở vùng có gen *Rc, Rd* hay *Kala4/S1*. Nghiên cứu này chỉ thực hiện trên hạt thóc hoặc hạt gạo có màu sắc đặc thù, do vậy, chúng tôi đã xác định được nhiều QTL chưa từng được tìm thấy ở các quần thể rộng hơn với số lượng hạt gạo màu trắng chiếm đa số. Việc phát hiện các QTL mới này là kết quả phù hợp với bản chất di truyền phức tạp của tính trạng màu sắc hạt gạo màu. Bên cạnh các gen hiệu ứng lớn quyết định sự hiện diện sắc tố, mức độ đậm nhạt và màu còn có thể chịu ảnh hưởng của các gen điều hòa, gen biến đổi sau tổng hợp và các locus nên tham gia điều tiết dòng chuyển hóa flavonoid/anthocyanin. Trong quần thể hạt gạo màu, các alen nền này có thể biểu hiện rõ hơn do tương tác với các alen sắc tố chính, từ đó là xuất hiện các tín hiệu GWAS mới mà không quan sát thấy ở quần thể lúa có hạt màu trắng.

Đặc điểm di truyền liên quan đến đặc điểm hình thái và kích thước hạt gạo màu

Kết quả này gợi ý rằng kiến trúc di truyền của màu sắc gạo lật không chỉ do một vài gen chính chi phối và còn có sự đóng góp của nhiều locus hiệu ứng vừa và nhỏ, đặc biệt trong các nguồn gen bản địa có nền di truyền đa dạng. Điều này

đã được nhận định trong nghiên cứu của Pham & cs. (2024), các biến dị màu sắc và hàm lượng sắc tố ở gạo màu không chỉ do một locus chính quyết định mà còn chịu tác động của mạng lưới nhiều gen trong cùng con đường chuyển hóa.

Bảng 1. Danh sách các QTL liên quan đến các tính trạng hình thái và cấu trúc hạt lúa, hạt gạo lật

Tính trạng	QTL	NST	Vị trí đỉnh (Mbp)	Marker R ²	Kết quả đã công bố trước đó
Chiều dài hạt gạo lật	<i>qPR_GL1.1</i>	1	28,41	0,18	
	<i>qPR_GL6.2</i>	6	9,90	0,16	Gần <i>qGW6.1</i> ảnh hưởng chiều rộng hạt (Wang & cs., 2023)
	<i>qPR_GL7.1</i>	7	28,28	0,17	
	<i>qPR_GL11.3</i>	11	26,04	0,18	
Chiều dài hạt thóc	<i>qPR_GL6.1</i>	6	9,57	0,16	Gần <i>qGW6.1</i> ảnh hưởng chiều rộng hạt (Wang & cs., 2023)
	<i>qPR_GL6.3</i>	6	24,98	0,19	
	<i>qPR_GL10.1</i>	10	3,96	0,18	<i>qGL10 / qGS10.x</i> điều khiển chiều dài/kích thước hạt (Zhang & cs., 2020)
	<i>qPR_GL11.1</i>	11	21,96	0,22	<i>qGL11/qTGW11, qPGC11</i> cho chiều dài và khối lượng hạt (Yang & cs., 2022)
Chiều rộng hạt gạo lật	<i>qPR_GL11.2</i>	11	25,15	0,19	
	<i>qPR_GW5.1</i>	5	5,34	0,15	<i>qSW5/GW5/GS5/GSE5</i> cho chiều rộng hạt, khối lượng 1.000 hạt và hình dạng hạt (Jiang & cs., 2022; Yang & cs., 2022)
Chiều rộng hạt thóc	<i>qPR_GW11.2</i>	11	14,72	0,16	
	<i>qPR_GW8.1</i>	8	12,36	0,14	
Tỷ lệ chiều dài/rộng hạt thóc	<i>qPR_GW11.1</i>	11	9,07	0,21	
	<i>qPR_GLWR2.1</i>	2	8,43	0,18	
	<i>qPR_GLWR5.1</i>	5	5,39	0,22	<i>qSW5/GW5/GS5/GSE5</i> cho chiều rộng hạt, khối lượng 1.000 hạt và hình dạng hạt (Jiang & cs., 2022; Yang & cs., 2022)
Độ dày hạt gạo lật	<i>qPR_GLWR5.2</i>	5	17,67	0,17	<i>qTGW5.3</i> cho chiều dài hạt và khối lượng hạt (Yaobin & cs., 2018)
	<i>qPR_GT5.1</i>	5	0,82	0,17	
Màu sắc gạo lật	<i>qPR_dHC2.1</i>	2	3,25	0,21	
	<i>qPR_dHC4.1</i>	4	0,85	0,33	
	<i>qPR_dHC5.1</i>	5	29,49	0,32	
	<i>qPR_dHC8.1</i>	8	5,18	0,18	
	<i>qPR_dHC9.1</i>	9	10,81	0,18	<i>qPGWC-9 / qDEC-9 / qPGC9</i> liên quan bạc bụng và chất lượng gạo (Yang & cs., 2022)
	<i>qPR_dHC9.2</i>	9	16,53	0,23	
	<i>qPR_dHC10.1</i>	10	18,26	0,22	
	<i>qPR_dHC11.1</i>	11	27,48	0,30	
	<i>qPdRHC12.1</i>	12	11,62	0,29	
Màu sắc vỏ trấu	<i>qPR_dHC12.2</i>	12	12,74	0,21	
	<i>qPR_HC2.1</i>	2	24,15	0,26	
	<i>qPR_HC4.1</i>	4	20,7	0,29	
	<i>qPR_HC7.1</i>	7	20,56	0,21	
	<i>qPR_HC9.1</i>	9	6,86	0,30	

Nhìn chung, các kết quả GWAS trong tập đoàn gạo màu không chỉ xác nhận lại một số vùng gen đã biết mà còn bổ sung các QTL tiềm năng mới, phản ánh đầy đủ hơn thông tin di truyền đa gen của tính trạng hình thái và màu sắc hạt. Các QTL được phát hiện trong nghiên cứu này có tiềm năng làm chỉ thị phân tử phục vụ công tác chọn giống bằng chỉ thị phân tử. Đây là cơ sở quan trọng cho định hướng chọn tạo giống lúa chất lượng cao và giá trị sử dụng đặc thù, đáp ứng nhu cầu tiêu dùng nội địa và xuất khẩu. Tuy nhiên, do các tính trạng hình thái hạt và màu sắc có thể chịu ảnh hưởng của môi trường và tương tác giữa kiểu gen \times môi trường, các QTL/gen tiềm năng cần được kiểm chứng trước khi triển khai rộng.

4. KẾT LUẬN

Qua phân tích GWAS cho các chỉ tiêu về hình dạng, kích thước hạt lúa có màu, chúng tôi đã xác định được 31 QTL. Trong đó, có 8 QTL trùng vị trí với các QTL liên quan đến đặc điểm hình thái, kích thước và khối lượng hạt rất nổi tiếng như *GW5/qSW5/GS5* (NST5) và *qGL11/qTGW11*, *qPGC11* (NST11), cũng như các vùng điểm nóng QTL về chiều dài và khối lượng hạt trên NST 6 và 10. Điều này có thấy có tin cậy của phân tích trong nghiên cứu này. Có 23 QTL mới được xác định, chưa khớp rõ với các QTL đã công bố cũng cho thấy đây là những ứng viên rất đáng quan tâm cho việc phát hiện QTL/gen mới đặc thù cho tập đoàn vật liệu của bạn và cho lai tạo cải tiến năng suất/chất lượng gạo trong tương lai.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu được tài trợ bởi Học viện Nông nghiệp Việt Nam, tên đề tài “Phân tích đa dạng di truyền đặc điểm nông sinh học và cấu trúc hạt của nguồn gen cây lúa” (mã số SV2024-04-17) và Công ty Cổ phần xúc tiến đầu tư thương mại Việt Nam. Chúng tôi xin chân thành cảm ơn Giáo sư Pierre Bertin (Đại học Công giáo Louvain, Vương quốc Bỉ) và Trung tâm tài nguyên Thực vật đã chia sẻ nguồn vật liệu cho nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Bradbury P.J., Zhang Z., Kroon D.E., Casstevens T.M., Ramdoss Y. & Buckler E.S. (2007) TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*. 23(19): 2633-5. doi: 10.1093/bioinformatics/btm308. Epub 2007 Jun 22. PMID: 17586829.
- Brotman Y., Llorente-Wiegand C., Oyong G., Badoni S., Misra G., Anacleto R., Parween S., Pasion E., Tiozon Jr., R.N., Anonuevo J.J., deGuzman M.K., Alseekh S., Mbanjo E.G.N., Boyd L.A., Fernie A.R. & Sreenivasulu N. (2021). The genetics underlying metabolic signatures in a brown rice diversity panel and their vital role in human nutrition. *The Plant Journal*. 106(2): 507-525. <https://doi.org/10.1111/tbj.15182>
- FAO (2023). Food and Agriculture data. Truy cập từ <https://www.fao.org/faostat/en/#data>, ngày 12/11/2025
- Furukawa T., Maekawa M., Oki T., Suda I., Iida S., Shimada H., Takamura I., & Kadowaki K. (2007). The *Rc* and *Rd* genes are involved in proanthocyanidin synthesis in rice pericarp. *Plant J*. 49(1): 91-102. doi: 10.1111/j.1365-313X.2006.02958.x.
- Jiang L., Zhong H., Jiang X., Zhang J., Huang R., Liao F., Deng Y., Liu Q., Huang Y., Wang H. & Tao Y. (2022). Identification and pleiotropic effect analysis of *GSE5* on rice chalkiness and grain shape. *Frontiers in Plant Science*, 12, p.814928. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.814928>
- Pham C.H., Do T.D., Nguyen H.T.L., Hoang N.T., Tran T.D., Vu M.T.T., Doi H.H., Bui T.G.T., & Henry R.J. (2024). Genome-wide association mapping of genes for anthocyanin and flavonoid contents in Vietnamese landraces of black rice. *Euphytica* 220, 11. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03268-0>
- Phạm Văn Cường, Nguyễn Quốc Trung, Đinh Mai Thùy Linh, Bùi Hồng Nhung, Trần Thị Hiền, Tăng Thị Hạnh, & Nguyễn Văn Hoan. (2021). Kết quả chọn tạo giống lúa triển vọng DCG93 có năng suất cao, phôi to và vỏ lụa dày phục vụ chế biến dầu cám gạo ở Việt Nam. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển nông thôn*. 11:10-19. ISSN.1859-4581.
- Phan N.T.H., Pham C.V., Tang H.T., Nguyen L.V. & Bertin P. (2023). Integration of genome-wide association studies reveal loci associated with salt tolerance score of rice at the seedling stage. *Journal of Applied Genetics*, 64(4): 603-614. <https://doi.org/10.1007/s13353-023-00775-7>
- Ponce K., Zhang Y., Guo L., Leng Y. & Ye G. (2020). Genome-Wide Association Study of Grain Size Traits in Indica Rice Multiparent Advanced Generation Intercross (MAGIC) Population.

- Frontiers in Plant Science. Vol. 11. <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2020.00395>
- Singh N., Majumder S., Singh O.N., Vikram P., Singh A.K. & Singh S. (2015). A large-effect QTL for grain weight in rice on chromosome 10. *Australian Journal of Crop Science*. 9(5): 372-377.
- Tổng cục Thống kê (2023). Sản xuất nông, lâm nghiệp và thủy sản năm 2023. Truy cập từ <https://www.nso.gov.vn/du-lieu-va-so-lieu-thong-ke/2024/01/san-xuat-nong-lam-nghiep-va-thuy-san-nam-2023-ket-qua-dat-duoc-va-kho-khan-thach-thuc-dan-xen/> ngày 15/11/2025
- Tran V.Q., Nguyen V.L., Nguyen Q.T, Tran T.H., Le V.H. & Ngo, T. H.T. (2024). Genetic diversity and genetic analysis for pigmented pericarps in rice (*Oryza sativa* L.). *Vegetos*. 37(6): 2413-2422. <https://doi.org/10.1007/s42535-023-00721-2>
- Wang N., Chen H., Qian Y., Liang Z., Zheng G., Xiang J., Feng T., Li M., Zeng W., Bao Y. & Liu E. (2023). Genome-wide association study of rice grain shape and chalkiness in a worldwide collection of Xian accessions. *Plants*. 12(3): 419. <https://doi.org/10.3390/plants12030419>
- Yang W., Hao Q., Liang J., Tan Q., Luan X., Lin S., Zhu H., Bu S., Liu Z., Liu G., Wang S., Zhang G. Fine Mapping of Two Major Quantitative Trait Loci for Rice Chalkiness With High Temperature-Enhanced Additive Effects. (2022). *Frontiers in Plant Science*. 13: 957863. doi: 10.3389/fpls.2022.957863.
- Yaobin Q., Peng C., Yichen C., Yue F., Derun H., Tingxu H., Xianjun S. & Jiezheng Y. (2018). QTL-Seq identified a major QTL for grain length and weight in rice using near isogenic F2 population. *Rice Science*. 25(3): 121-131. <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2018.04.001>
- Zhang T., Wang S., Sun S., Zhang Y., Li J., You J., Su T., Chen W., Ling Y., He G., Zhao F. (2020). Analysis of QTL for Grain Size in a Rice Chromosome Segment Substitution Line Z1392 with Long Grains and Fine Mapping of qGL-6. *Rice (N Y)*. 13(1): 40. doi: 10.1186/s12284-020-00399-z.
- Zhu B.F., Si L., Wang Z., Zhou Y., Zhu J., Shangguan Y., Lu D., Fan D., Li C., Lin H., Qian Q., Sang T., Zhou B., Minobe Y., & Han B. (2011). Genetic control of a transition from black to straw-white seed hull in rice domestication. *Plant Physiol*. 155(3): 1301-11. doi: 10.1104/pp.110.168500.
- Zhu Q., Yu S., Zeng D., Liu H., Wang H., Yang Z., Xie X., Shen R., Tan J., Li H., Zhao X., Zhang Q., Chen Y., Guo J., Chen L., & Liu Y.-G. (2017). Development of “Purple Endosperm Rice” by Engineering Anthocyanin Biosynthesis in the Endosperm with a High-Efficiency Transgene Stacking System. *Molecular Plant*. 10(7): 918-929. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2017.05.008>.