

Evaluating the genetic potential of *Hevea* genetic resources originating from the state of Rondonia in Brazil conserved in Vietnam

Truong V. Vu^{1,3}, Dinh D. Huynh¹, Thao T. Nguyen¹, Thanh Tran¹, Minh D. Tran¹, An B. Tran¹, Vincent Le Guen², & Biet V. Huynh^{3*}

¹Rubber Research Institute of Vietnam, Ho Chi Minh City, Vietnam

²French Agricultural Research Centre for International Development, Montpellier, France

³Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam

ARTICLE INFO

Research Paper

Received: August 11, 2021

Revised: January 23, 2022

Accepted: February 22, 2022

Keywords

Conservation

Hevea

Genetic diversity

Genetic potential

Genetic variability

*Corresponding author

Huynh Van Biet

Email: hvbiet@hcmuaf.edu.vn

ABSTRACT

This study aimed to evaluate the genetic potential of *Hevea* genetic resources originating from the state of Rondonia in Brazil which have been conserved in Vietnam for effective and sustainable use. Based on 15 SSR markers, the level of high genetic diversity in all 14 groups of varieties from the state of Rondonia (Brazil) included in the assessment of agronomic characteristics in field trials with the average number of alleles (Na) ranged from 12 to 12.9, and the average expected heterozygosity (He) was 0.77; the genetic variance mainly occurred within accessions with 74% of the total genetic variability. Besides, the wild genetic resources from the state of Rondonia (Brazil) exhibited vigorous growth, but the variation was low (17%), while the latex productivity was low but the variation was high (90%). Rondonia population with the best growth and latex yield of accessions was independent of the number of the groups; the best vigorous growth and latex yield accessions derived from three groups including RO/A/7, RO/C/9, and RO/JP/3; the best vigorous growth accessions belonged to RO/C/8 group.

Cited as: Vu, T. V., Huynh, D. D., Nguyen, T. T., Tran, T., Tran, M. D., Tran, A. B., Le Guen, V., & Huynh, B. V. (2022). Evaluating the genetic potential of *Hevea* genetic resources originating from the state of Rondonia in Brazil conserved in Vietnam *The Journal of Agriculture and Development* 21(1), 17-27.

Đánh giá tiềm năng di truyền của nguồn gen cây cao su có nguồn gốc từ bang Rondonia của Brazil đang bảo tồn ở Việt Nam

Vũ Văn Trường^{1,3}, Huỳnh Đức Định¹, Nguyễn Thị Thảo¹, Trần Thanh¹, Trần Đình Minh¹,
Trần Bình An¹, Le Guen Vincent² & Huỳnh Văn Biết^{3*}

¹Viện Nghiên Cứu Cao Su Việt Nam, TP. Hồ Chí Minh

²Trung Tâm Hợp Tác Quốc Tế Nghiên Cứu Phát Triển Nông Nghiệp Pháp (CIRAD), Montpellier, Pháp

³Trường Đại Học Nông Lâm TP.HCM, TP. Hồ Chí Minh

THÔNG TIN BÀI BÁO

Bài báo khoa học

Ngày nhận: 11/08/2021

Ngày chỉnh sửa: 23/01/2022

Ngày chấp nhận: 22/02/2022

Từ khóa

Bảo tồn

Biến lượng di truyền

Cây cao su

Đa dạng di truyền

Tiềm năng di truyền

*Tác giả liên hệ

Huỳnh Văn Biết

Email: hvbiet@hcmuaf.edu.vn

TÓM TẮT

Nghiên cứu nhằm đánh giá tiềm năng di truyền của nguồn gen cây cao su có nguồn gốc từ bang Rondonia của Brazil đang bảo tồn ở Việt Nam để sử dụng hiệu quả và bền vững. Dựa vào 15 chỉ thị SSRs đã xác định mức độ đa dạng di truyền cao ở tất cả các nhóm giống từ bang Rondonia (Brazil) được đưa vào đánh giá đặc tính nông học trên các thí nghiệm đồng ruộng, số allele trung bình (Na) đạt 12 - 12,9 allele và dị hợp tử kỳ vọng (He) đạt 0,77; biến lượng di truyền là do nội tại của các mẫu giống chiếm 74% trong tổng biến lượng. Bên cạnh đó, nguồn gen cây cao su hoang dại từ bang Rondonia (Brazil) có sinh trưởng khỏe nhưng biến thiên thấp (17%), trong khi năng suất mủ thấp nhưng biến thiên rất cao (90%). Số lượng mẫu giống xuất sắc nhất được chọn lọc không phụ thuộc vào số lượng mẫu của các nhóm giống; những mẫu giống vừa có sinh trưởng khỏe và năng suất mủ cao nhất tập trung ở ba nhóm giống RO/A/7, RO/C/9 và RO/JP/3; mẫu giống sinh trưởng khỏe cũng có ở nhóm giống RO/C/8.

1. Đặt Vấn Đề

Cây cao su có nguồn gốc từ lưu vực sông Amazon (Nam Mỹ), chi *Hevea* thuộc họ Euphorbiaceae gồm 11 loài đều là nhị bội ($2n = 36$) và có khả năng giao phần liên loài (Ong, 1979). Trong đó, *H. brasiliensis* là loài quan trọng nhất cho sản xuất và cung cấp hơn 98% sản lượng mủ (Priyadarshan & Goncalves, 2003). Sản lượng cao su trên thế giới đã tăng gấp 2,3 lần trong hai thập kỷ gần đây, từ 5,8 triệu tấn vào năm 1994 lên 13,5 triệu tấn vào năm 2016 (Tran & ctv., 2018). Sản lượng mủ gia tăng nhanh chóng là do tăng diện tích và tăng năng suất, nhưng giống vẫn là yếu tố chính.

Ở các nước trồng cao su, chọn tạo giống chủ yếu tập trung trên nguồn gen đã được chọn lọc, nhưng cũng dựa vào đa dạng di truyền trong bộ

sưu tập quỹ gen. Cơ sở di truyền ban đầu để chọn tạo giống chỉ với số lượng mẫu rất hạn chế từ 22 cây được Wickham sưu tập tại Brazil năm 1876 (Webster & Baulkwill, 1989), Để mở rộng vốn di truyền, từ 1945 - 1982, có 10 bộ sưu tập từ rừng Amazon được chuyển đến các nước trồng cao su; trong đó, nổi bật nhất là bộ sưu tập quỹ gen vào năm 1981 do Hiệp hội Nghiên cứu và Phát triển Cao su quốc tế (IRRDB) thu thập từ các bang của Brazil (Onokpise, 2004). Do nguồn gen Amazon hoang dại có năng suất mủ thấp nên khó đưa vào sản xuất trực tiếp mà thông qua chương trình lai tạo với kỳ vọng tạo ra ưu thế lai mới tiến bộ hơn (Ramli & ctv., 2004).

Nhận thấy tầm quan trọng của quỹ gen trong công tác cải tiến giống cao su, Việt Nam đã nhập hơn 3.000 mẫu giống từ nguồn gen IRRDB'81; hầu hết các mẫu giống đã được đánh giá đặc tính

nông học, những mẫu giống nổi trội đã đưa vào trồng cao su gỗ - mủ và tạo ra nhiều thể hệ lai mới tiến bộ hơn (Vu & ctv., 2021); về di truyền từng bước được đánh giá bằng các chỉ thị phân tử (Lai & ctv., 2009; Vu & ctv., 2020). Nghiên cứu nhằm đánh giá tiềm năng di truyền của nguồn gen cây cao su có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam để sử dụng hiệu quả và bền vững.

2. Vật Liệu và Phương Pháp Nghiên Cứu

2.1. Các chỉ thị SSRs

Ứng dụng 15 chỉ thị SSRs để đánh giá đa dạng di truyền cho các mẫu giống cao su trong nghiên cứu, các chỉ thị SSRs này đã sử dụng thành công đối với các nguồn gen cây cao su của Việt Nam trước đó (Vu & ctv., 2020; Vu & ctv., 2021).

2.2. Vật liệu giống

Những mẫu giống cao su có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam được đánh giá tình trạng nông học trên hệ thống khảo nghiệm ở dạng quy mô nhỏ (*Arboretum*, *SG*). Đánh giá về chỉ tiêu sinh trưởng gồm 821 mẫu giống và năng suất mủ gồm 616 mẫu giống, các mẫu giống có trên 8 thí nghiệm tại Lai Khê (Lai Hưng, Bàu Bàng, Bình Dương). Chi tiết số lượng mẫu giống theo nguồn gốc sưu tập được trình bày ở Bảng 1.

2.3. Phương pháp nghiên cứu

2.3.1. Phân tích thông số di truyền của các nhóm giống cao su dựa vào chỉ thị SSRs

Các thông số di truyền được phân tích bằng phần mềm GENALEX 6.5 (Peakall & Smouse, 2012) gồm số allele trung bình (N_a), dị hợp tử quan sát và kỳ vọng (H_o và H_e), chỉ số cố định (F) và số allele cá thể; phân tích phương sai phân tử (AMOVA) để xác định biến lượng di truyền xảy ra bên trong mẫu giống, giữa các mẫu và giữa các nhóm giống cao su.

2.3.2. Phương pháp thu thập, phân tích số liệu sinh trưởng và năng suất mủ

a. Phương pháp thu thập số liệu

Do số lượng mẫu giống từ bang Rondonia (Brazil) là khá lớn, nên các chỉ tiêu nông học

chỉ đánh giá trên thí nghiệm dạng quy mô nhỏ. Các thí nghiệm được bố trí theo kiểu khối đầy đủ ngẫu nhiên, mỗi ô giống có từ 1 - 3 cây với 2 - 5 lần lặp lại, các mẫu giống được so sánh với đối chứng GT 1 là dòng vô tính của nguồn gen Wickham. Tuy nhiên, thực tế sản xuất có sự khác biệt rất lớn về khả năng nhân giống, tỷ lệ ghép sống và qui hoạch diện tích thí nghiệm hàng năm; do đó, những mẫu giống từ bang Rondonia phải đánh giá trên nhiều thí nghiệm và kéo dài qua nhiều năm (Bảng 2).

Đánh giá về mối quan hệ giữa đa dạng di truyền với đặc tính sinh trưởng và năng suất mủ của các mẫu giống tiềm năng có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil). Dữ liệu được đúc kết qua nhiều năm trên các thí nghiệm (Bảng 2), mẫu giống trên các thí nghiệm được đánh giá theo quy trình chung và số liệu được lưu trữ tại Viện Nghiên cứu Cao su Việt Nam.

Sinh trưởng (vòng thân, cm): Sinh trưởng đánh giá bằng chu vi thân (vòng thân) cho tất cả các mẫu giống trên thí nghiệm trong suốt quá trình theo dõi, sinh trưởng được đo vào tháng 4 hàng năm ở vị trí cố định cách mặt đất 100 cm bằng thước dây.

Năng suất mủ khô (g/c/c): Mẫu giống trên các thí nghiệm đều được cạo mủ theo chế độ 2/S d3 (1/2 vòng thân, 3 ngày cạo một lần); từ năm cạo thứ 3 trở đi có sử dụng chất kích thích mủ Ethrel (2,5%) được áp dụng 4 lần/năm. Năng suất mủ được thu thập định kỳ 1 lần/tháng trên từng cây; mủ được đánh đông trong chén hứng mủ bằng acid acetic 3 - 4%, sau đó được rửa sạch và hong khô cho đến khi khô hoàn toàn (30 ngày), cân trọng lượng mủ khô từng cây; năng suất mủ được tính trung bình trên từng ô giống và các năm cạo.

b. Phương pháp phân tích số liệu

Sử dụng phương pháp kiểm tra dạng phân bố chuẩn bằng trắc nghiệm λ^2 cho toàn bộ dữ liệu sinh trưởng và năng suất mủ của các mẫu. Các bước phân tích gồm xác định khoảng biến thiên của các mẫu giống và chia thành các tổ; tính giới hạn trên, dưới và trị số giữa tổ, tính tần số quan sát (f_i) của các tổ; giá trị trung bình, phương sai của mẫu, xác suất của tổ và trị số λ^2 ; so sánh trị số tính λ^2 và trị số λ trong bảng ứng với độ tự do ($df = \text{số tổ} - 3$) ở mức ý nghĩa = 0,05.

Bảng 1. Số lượng mẫu của mỗi nhóm giống cao su có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil) được đánh giá về sinh trưởng và năng suất mủ

Nhóm giống	Vùng sưu tập (Bang/Quận)	Số lượng mẫu giống	
		Sinh trưởng	Năng suất mủ
RO	Rondonia	7	7
RO/A/7	Rondonia/Ariquemes	128	101
RO/C/8	Rondonia/Calama	75	48
RO/C/9	Rondonia/Calama	93	71
RO/CM	Rondonia/Costa Marques	25	12
RO/CM/10	Rondonia/Costa Marques	76	54
RO/CM/11	Rondonia/Costa Marques	54	36
RO/CM/12	Rondonia/Costa Marques	31	24
RO/J/5	Rondonia/Jaru	51	40
RO/J/6	Rondonia/Jaru	45	38
RO/JP/3	Rondonia/Ji-Parana	95	84
RO/OP/4	Rondonia/Ouro Preto	22	18
RO/PB/1	Rondonia/Pimenta Bueno	49	42
RO/PB/2	Rondonia/Pimenta Bueno	70	41
Tổng số		821	616

Bảng 2. Số lượng mẫu giống của nguồn gen từ bang Rondonia được đánh giá trên các thí nghiệm tại Lai Khê

Thí nghiệm	Năm trồng	Số năm theo dõi	Diện tích (ha)	Mật độ (cây/ha)	Số cây/ô cơ sở	Số lần lặp	Số mẫu giống	
							Tổng số	Mẫu giống Rondonia
SGLK85	1985	15	15,8	571	1	5	1.536	452
SGLK91	1991	15	1,4	571	1	5	133	51
SGLK94	1994	15	5,0	571	3	2	328	71
SGLK96	1996	15	2,1	571	3	2	225	40
SGLK03	2003	15	3,0	571	3	2	190	53
SGLK04	2004	15	2,0	571	3	2	190	52
SGLK05	2005	15	3,0	571	3	2	265	62
SGLK06	2003	15	2,0	571	3	2	196	40

Lai Khê thuộc xã Lai Hưng, huyện Bàu Bàng, tỉnh Bình Dương.

3. Kết Quả và Thảo Luận

3.1. Đánh giá sự đa dạng và biến lượng di truyền của nguồn gen cây cao su có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil) dựa vào 15 chỉ thị SSRs

Đa dạng di truyền của các bộ sưu tập quỹ gen cây cao su là điều kiện tiên quyết cho các chương trình cải tiến giống, là cơ sở để mở rộng vốn di truyền và để bảo tồn nguồn gen một cách bền vững. Chỉ thị SSRs đã ứng dụng thành công và rất hiệu quả với mức độ chính xác cao trong việc đánh giá đa dạng di truyền cho các nguồn gen cây cao su ở Việt Nam (Vu & ctv., 2020; Vu & ctv., 2021).

Ứng dụng 15 chỉ thị SSRs để đánh giá đa dạng di truyền cho 14 nhóm giống được sưu tập từ các vùng thuộc bang Rondonia (Brazil) và những mẫu giống đã được đánh giá đặc tính nông học trên 8 thí nghiệm ở dạng quy mô nhỏ; trong đó, 821 mẫu giống về chỉ tiêu sinh trưởng và 616 mẫu giống về năng suất mủ. Đối với bộ mẫu về sinh trưởng, kết quả ở Bảng 3 đã cho thấy tất cả 14 nhóm giống đều có chỉ số cố định (F) là hệ số dương với sự dao động rất lớn từ 0,03 đến 0,24 và trung bình đạt 0,15. Do đó, các nhóm giống đều có dị hợp tử kỳ vọng (He) lớn hơn dị hợp tử quan sát (Ho), điều này đã cho thấy rằng mẫu giống trong các nhóm giống từ các bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam vẫn còn nguyên sơ mà chưa khai thác thông qua lai tạo giống. Mức độ đa dạng di truyền cao được xác định từ các thông số di truyền quần thể, các nhóm giống có số lượng allele trung bình (Na) đạt từ 6,7 allele đến 18,5 allele và trung bình đạt 12,9 allele; bên cạnh đó, dị hợp tử kỳ vọng (He) đạt từ 0,71 đến 0,85 với trung bình đạt 0,77. Ngoài ra, hầu hết các nhóm giống đều có sự hiện diện allele cá thể với trung bình đạt 7,2 allele, nhưng số lượng allele phong phú nhất ở nhóm giống RO/A/7 (17 allele) và RO/C/8 (18 allele).

Mức độ đa dạng di truyền của bộ mẫu giống được đánh giá chỉ tiêu năng suất mủ, kết quả thể hiện ở Bảng 4 cũng cho thấy gần như tất cả các thông số di truyền của các nhóm giống cao su từ bang Rondonia đều có sự tương đồng như được phân tích trên bộ mẫu giống về chỉ tiêu sinh trưởng. Tuy nhiên, trong bộ mẫu giống về năng suất mủ có số lượng allele trung bình (Na) thấp hơn, trung bình đạt 12,0 allele và dao động từ 6,7 allele đến 17,1 allele; cũng như số lượng allele cá thể trung bình đạt 6,9 allele và phong phú nhất

thuộc về hai nhóm giống là RO/A/7 và RO/C/8.

So sánh về mức độ đa dạng di truyền của nguồn gen từ bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam với kết quả phân tích trên các nguồn gen cao su hoang dại dựa vào chỉ thị SSRs trước đó. Souza & ctv. (2015) đã phân tích 1.117 mẫu giống từ nhiều nguồn gen Amazon sưu tập tại Brazil bằng 13 chỉ thị SSRs, đa dạng di truyền cao ở các nguồn gen với số allele trung bình (Na) đạt 14,5 allele, dị hợp tử kỳ vọng (He = 0,76) và biến lượng di truyền bên trong các mẫu giống chiếm 73%; các nguồn gen Amazon hoang dại đa dạng di truyền hơn nguồn gen đã được chọn tạo và allele cá thể xuất hiện ở nguồn gen Amazon, nhưng không xuất hiện ở nguồn gen Wickham. Le Guen & ctv. (2009) sử dụng 15 chỉ thị SSRs để phân tích 220 mẫu giống từ 14 quần thể Amazon, mức độ đa dạng di truyền cao ở các quần thể với số allele trung bình là 7,5 allele, dị hợp tử kỳ vọng (He = 0,74). Trước đó, nghiên cứu di truyền trên nguồn gen IRRDB'81 ở Việt Nam bằng chỉ thị RAPD đã cho thấy biến lượng di truyền là do nội tại của các mẫu giống chiếm 86% và giữa các nhóm giống là 14% trong tổng biến lượng (Lai & ctv., 2009).

Như vậy, so sánh với những kết quả từ nhiều nguồn gen cây cao su khác nhau trước đó đã có thể khẳng định nguồn gen cây cao su từ bang Rondonia (Brazil) bảo tồn ở Việt Nam được đánh giá trên các thí nghiệm là rất đa dạng di truyền, biến lượng di truyền chủ yếu là do nội tại của các mẫu giống và giữa các nhóm giống là rất khác biệt di truyền (Bảng 5 và Bảng 6).

3.2. Đặc điểm sinh trưởng và năng suất mủ của các mẫu giống cao su có nguồn gốc từ bang Rondonia (Brazil)

Sinh trưởng và năng suất mủ là hai chỉ tiêu quan trọng trong chọn tạo giống cao su. Những mẫu giống từ bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam được đưa vào đánh giá các chỉ tiêu nông học trên hệ thống khảo nghiệm giống qui mô nhỏ (*Arboretum*, SG) nhằm chọn lọc mẫu giống ưu tú cho mục tiêu sản xuất cao su gỗ, gỗ - mủ và sử dụng trong lai tạo giống. Do nhiều yếu tố ngoại cảnh tác động đến cây cao su và số lượng mẫu trên mỗi thí nghiệm rất lớn, do đó sinh trưởng và năng suất mủ của các mẫu giống được kiểm tra theo phương pháp phân bố chuẩn bằng trắc nghiệm λ^2 . Từ đó để hiểu rõ hơn về qui luật phân bố của các mẫu giống trong quần thể và để

Bảng 3. Đa dạng di truyền của 14 nhóm giống cao su trong số 821 mẫu giống được đánh giá sinh trưởng dựa vào 15 chỉ thị SSRs

Nhóm giống	Số allele trung bình (Na)	Dị hợp tử quan sát (Ho)	Dị hợp tử quan sát (He)	Chỉ số cố định (F)	Số allele cá thể
RO	6,7	0,64	0,75	0,17	0
RO/A/7	15,7	0,63	0,79	0,20	17
RO/C/8	18,5	0,72	0,85	0,14	18
RO/C/9	14,9	0,59	0,76	0,22	6
RO/CM	12,9	0,61	0,81	0,23	9
RO/CM/10	14,0	0,68	0,77	0,12	4
RO/CM/11	13,9	0,72	0,73	0,03	6
RO/CM/12	10,6	0,66	0,71	0,06	1
RO/J/5	13,9	0,66	0,80	0,17	9
RO/J/6	12,1	0,71	0,79	0,10	6
RO/JP/3	14,9	0,65	0,79	0,19	7
RO/OP/4	10,5	0,60	0,79	0,24	2
RO/PB/1	10,7	0,64	0,74	0,13	2
RO/PB/2	11,5	0,61	0,72	0,14	7
Trung bình	12,9	0,65	0,77	0,15	7,2

Bảng 4. Đa dạng di truyền của 14 nhóm giống cao su trong số 616 mẫu giống được đánh giá năng suất mủ dựa vào 15 chỉ thị SSRs

Nhóm giống	Số allele trung bình (Na)	Dị hợp tử quan sát (Ho)	Dị hợp tử quan sát (He)	Chỉ số cố định (F)	Số allele cá thể
RO	6,7	0,64	0,75	0,17	0
RO/A/7	14,4	0,63	0,77	0,18	14
RO/C/8	17,1	0,72	0,85	0,14	16
RO/C/9	14,3	0,60	0,76	0,22	8
RO/CM	9,4	0,59	0,79	0,24	9
RO/CM/10	13,3	0,69	0,76	0,08	5
RO/CM/11	13,1	0,73	0,75	0,02	6
RO/CM/12	10,0	0,66	0,70	0,06	1
RO/J/5	13,2	0,66	0,80	0,18	8
RO/J/6	11,7	0,71	0,79	0,11	4
RO/JP/3	14,6	0,65	0,80	0,19	7
RO/OP/4	10,1	0,60	0,78	0,25	2
RO/PB/1	10,3	0,64	0,74	0,14	3
RO/PB/2	10,1	0,60	0,71	0,14	7
Trung bình	12,0	0,65	0,77	0,15	6,9

Bảng 5. Thành phần biến lượng di truyền dựa trên phân tích phương sai phân tử (AMOVA) của 821 mẫu từ 14 nhóm giống cao su được đánh giá về sinh trưởng

Nguồn biến dị	Độ tự do (df)	Tổng bình phương (SS)	Trung bình bình phương (MS)	Tỷ lệ biến dị (%)	Giá trị Fst
Giữa các nhóm giống	13	1.015,0	78,1	9	0,09***
Giữa các mẫu giống	807	5.670,4	7,0	17	0,19***
Nội tại của mẫu giống	821	3.948,0	4,8	74	0,26***
Tổng số	1.641	10.633,3		100	

***: Sự khác biệt di truyền với mức ý nghĩa $P \leq 0,001$.

Bảng 6. Thành phần biến lượng di truyền dựa trên phân tích phương sai phân tử (AMOVA) của 616 mẫu từ 14 nhóm giống cao su được đánh giá về sinh trưởng

Nguồn biến dị	Độ tự do (df)	Tổng bình phương (SS)	Trung bình bình phương (MS)	Tỷ lệ biến dị (%)	Giá trị Fst
Giữa các nhóm giống	13	789,1	60,7	9	0,10***
Giữa các mẫu giống	602	4.228,8	7,0	17	0,19***
Nội tại của mẫu giống	616	2.965,0	4,8	74	0,26***
Tổng số	1.231	7.982,9		100	

***: Sự khác biệt di truyền với mức ý nghĩa $P \leq 0,001$.

Bảng 7. Kiểm tra quy luật phân phân bố (λ^2) về sinh trưởng ở tuổi 15 của các mẫu giống cao su từ bang Rondonnia trên các thí nghiệm

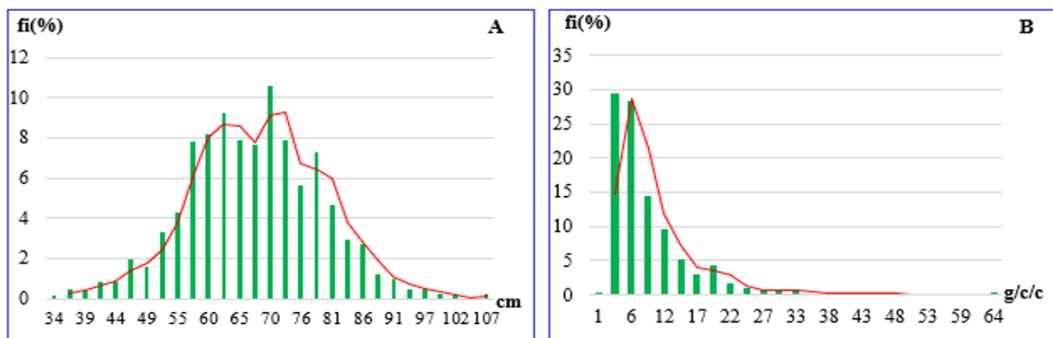
Thí nghiệm	Số mẫu giống	Vòng thân đo cách mặt đất (100 cm)			
		Trung bình (cm)	Độ lệch chuẩn (S)	Hệ số biến thiên (CV%)	Thử nghiệm (λ^2)
SGLK85	452	66,7	11,6	17,3	7,5 ^{ns}
SGLK91	51	56,1	12,0	21,3	3,3 ^{ns}
SGLK94	71	60,5	8,5	14,0	2,9 ^{ns}
SGLK96	40	62,1	8,7	14,0	1,2 ^{ns}
SGLK03	53	68,8	8,8	12,8	8,4*
SGLK04	52	70,5	11,3	16,0	1,2 ^{ns}
SGLK05	62	71,7	8,8	12,3	2,2 ^{ns}
SGLK06	40	69,0	8,8	12,8	0,6 ^{ns}
Tổng số	821	66,1	11,3	17,2	24,0 ^{ns}

Không khác biệt ý nghĩa $P > 0,05$ (ns); khác biệt ý nghĩa với xác suất $P \leq 0,05$ *.

Bảng 8. Kiểm tra quy luật phân bố (λ^2) về năng suất mủ của các mẫu giống cao su từ bang Rondonia trên các thí nghiệm

Thí nghiệm	Số mẫu giống	Năng suất mủ trung bình 4 năm (g/c/c)			
		Trung bình (cm)	Độ lệch chuẩn (S)	Hệ số biến thiên (CV%)	Trắc nghiệm (λ^2)
SGLK85	276	5,0	3,4	68,6	53,1***
SGLK91	35	7,3	9,0	123,9	8,0**
SGLK94	71	6,0	5,0	82,7	6,4**
SGLK96	33	8,8	5,6	64,2	2,4 ^{ns}
SGLK03	52	7,7	6,7	87,4	6,6**
SGLK04	48	16,1	10,4	64,7	4,5*
SGLK05	61	14,1	7,8	55,5	3,0 ^{ns}
SGLK06	40	12,4	7,4	59,7	6,5**

Không khác biệt ý nghĩa $P > 0,05$ (ns); khác biệt ý nghĩa với xác suất $P \leq 0,05^*$.

**Hình 1.** Quy luật phân bố theo tần suất các mẫu giống có nguồn gốc từ bang Rondonia. (A) phân bố sinh trưởng của 821 mẫu giống; (B) phân bố năng suất mủ của 616 mẫu giống.

dùng để xác định những mẫu giống theo giá trị ở mỗi cỡ mẫu tương ứng cho các quần thể.

Theo kết quả phân tích bằng trắc nghiệm (λ^2), sinh trưởng của các mẫu giống trên các thí nghiệm gần như đều có cùng quy luật phân bố với tần suất mẫu tập trung ở một đỉnh trung vị của đường phân bố và giữa các mẫu không khác biệt ý nghĩa ($P > 0,05$), mức độ biến thiên giữa các mẫu giống trên các thí nghiệm là rất thấp từ 12,3% đến 21,3%; do đó, giá trị bình quân là đại diện cho sinh trưởng của mẫu giống trên thí nghiệm với trung bình đạt từ 56 cm đến 72 cm và độ chênh lệch từ 8,5 cm đến 11,6 cm (Bảng 7). Tương tự, phân tích cho toàn bộ 821 mẫu giống trên 8 thí nghiệm cũng cho thấy đặc trưng về sinh trưởng của tất cả các mẫu giống cao su đều có tần suất mẫu tập trung ở một đỉnh trung vị của đường phân bố, giữa các mẫu giống không có sự khác biệt ý nghĩa ở mức tin cậy $P > 0,05$ và sự biến thiên giữa các mẫu giống là 17,2%, giá trị bình quân đạt 66,1 cm là đại diện cho sinh trưởng của mẫu giống ở tuổi 15 với mức độ chênh lệch 11,3 cm (Bảng 7 và Hình 1A). Kết quả phân

tích cũng đã xác định những mẫu giống có sinh trưởng khỏe nhất ở tuổi 15, tương ứng với 5% chọn lọc gồm 41 mẫu giống đạt từ 77 cm đến 107 cm, tương ứng từ 121% đến 196% so với dòng vô tính đối chứng GT 1.

Tương tự, phân tích về năng suất mủ bằng trắc nghiệm (λ^2), kết quả ở Bảng 8 đã cho thấy hầu hết mẫu giống trên các thí nghiệm đều có quy luật phân bố lệch hoàn toàn về một phía năng suất thấp với sự khác biệt ý nghĩa ở mức tin cậy 95% và sự biến thiên giữa các mẫu giống trên cùng thí nghiệm đạt từ 56% đến 124%. Tuy nhiên, mẫu giống trên nghiệm SGLK96 và SGLK05 không có sự khác biệt ý nghĩa, nhưng vẫn theo quy luật phân bố chung; do đó, giá trị bình quân không đại diện cho năng suất mủ của mẫu giống trên thí nghiệm, năng suất bình quân của các thí nghiệm đạt từ 5,0 đến 16,1 g/c/c với độ lệch từ 3,4 g đến 10,4 g/c/c. Kết quả phân tích 616 mẫu giống trên 8 thí nghiệm cũng cho thấy tất cả các mẫu giống đều theo quy luật phân bố với tần suất mẫu lệch hoàn toàn về một phía năng suất thấp và sự khác biệt là rất có ý nghĩa ($P \leq 0,001$); năng suất

trung bình đạt 7,9 g/c/c với chênh lệch 7,1 g và biến thiên đạt đến 89,8% (Bảng 8 và Hình 1B). Kết quả đã xác định được 31 mẫu giống có năng suất mùn cao (5% chọn lọc), trung bình năng suất 4 năm đạt 13 - 64 g/c/c, tương ứng đạt 53% - 161% so với đối chứng là GT 1; trong đó, 7 mẫu giống có năng suất mùn rất cao, bằng và vượt 61% so với dòng GT 1 nhưng chỉ chiếm 1% trong tổng số mẫu.

So sánh đặc tính nông học trên nguồn gen cây cao su từ bang Rondonia (Brazil) được đánh giá ở Việt Nam có sự tương đồng với kết quả từ các nước khác, hầu hết các mẫu giống cao su hoang dại đều có năng suất mùn là rất thấp. Năng suất mùn trung bình từ 3 đến 4 năm đạt 25% - 33% so với dòng GT 1 và RRIM 600 (Clement-Demange & ctv., 2002; RRIT, 2002); tại Malaysia năng suất mùn 8 năm của nguồn gen IRRDB'81 thấp hơn so với các dòng Wickham và nguồn gen từ bang Rondonia có năng suất mùn cao hơn (Ramli & ctv., 2004); năng suất mùn đạt 15% - 89% so với RRIM 600 tại Trung Quốc (Hu & ctv., 2005).

Ngoài ra, năng suất mùn của nguồn gen IRRDB'81 có biến thiên rất lớn đạt 81% tại châu Phi (Clement-Demange & ctv., 1997) và Việt Nam cũng ghi nhận biến thiên là do bản thân của các mẫu giống chiếm 83% - 96% (Lai, 2011). Đánh giá về sinh trưởng đã cho thấy nhiều mẫu giống có sinh trưởng rất khỏe và rất có giá trị để trồng lấy gỗ, nhưng biến thiên rất thấp; tại Việt Nam, sinh trưởng ở tuổi 14 - 17 của nguồn gen IRRDB'81 đạt 101% - 126% so với nguồn gen Wickham và sự biến thiên đạt 13% - 16%, nhiều mẫu giống có trữ lượng gỗ đạt 1 - 2 m³/cây (Vu & ctv., 2021); ở tuổi 13 - 16 tại Malaysia và Indonesia, nhiều mẫu giống có trữ lượng gỗ đạt 0,9 - 2,6 m³//cây (Aidi & ctv., 2002; Ramli & ctv., 2004).

Như vậy, nguồn gen cao su từ bang Rondonia (Brazil) có sinh trưởng khỏe, nhưng biến thiên khá thấp đạt 17%; trong khi, năng suất mùn thấp với trung bình 4 năm đạt 7,9 g/c/c, nhưng biến thiên rất cao đạt 90%. Nhiều mẫu giống ưu tú được chọn lọc sẽ bổ sung nguồn vật liệu mới cho công tác chọn tạo giống cao su ở Việt Nam.

3.3. Mối quan hệ di truyền về sinh trưởng và năng suất mùn của các mẫu giống tiềm năng từ bang Rondonia (Brazil)

Đánh giá về khả năng sinh trưởng của nguồn gen từ bang Rondonia (Brazil), kết quả ở Bảng 9 cho thấy những mẫu giống trên các thí nghiệm có

sinh trưởng khỏe nhất chủ yếu tập trung ở bốn nhóm giống là RO/A/7, RO/C/8, RO/CM/10 và RO/JP/3, chiếm tỷ lệ 12% - 24% trong số 5% mẫu được chọn lọc và số lượng mẫu giống tăng lên tương ứng theo tỷ lệ chọn lọc 10% (15% - 21%). Bên cạnh đó, các nhóm giống RO/M/10, RO/J/6 và RO/OP/4 có số mẫu được chọn lọc khá cao (9,8%) theo tỷ lệ chọn lọc 5%, nhưng số lượng mẫu không tăng lên tương ứng theo tỷ lệ chọn lọc 10%. Ngoài ra, nhóm giống RO/CM và RO/CM/11 gần như không hiện diện những mẫu giống có sinh trưởng khỏe nhất; hoặc một số nhóm giống có số lượng mẫu được chọn lọc không tương ứng với số mẫu được đánh giá như nhóm giống RO/J/5, RO/PB/1 và RO/PB/1.

Tương tự, kết quả ở Bảng 10 đã cho thấy những mẫu giống có năng suất mùn cao nhất đều tập trung ở ba nhóm giống RO/A/7, RO/C/9 và RO/JP/3 với tỷ lệ đạt 13% - 26% trong số 5% chọn lọc và số mẫu cũng tăng theo khi tăng tỷ lệ chọn lọc lên 10% (13% - 29%). Trái lại, nhóm giống RO/C/8 và RO/OP/4 có số mẫu khá cao (9,7%) theo tỷ lệ 5% chọn lọc, nhưng giảm mạnh khi tăng tỷ lệ chọn lọc lên 10% và nhóm giống RO/J/5 gần như không thay đổi theo tỷ lệ chọn lọc; đối với nhóm giống RO/J/6, RO/PB/1 và RO/PB/2 không xuất hiện những mẫu giống nổi trội về năng suất mùn mặc dù có số lượng mẫu rất lớn.

Như vậy, những mẫu giống của nguồn gen từ bang Rondonia có sinh trưởng khỏe và năng suất mùn cao nhất không phụ thuộc vào số lượng mẫu của các nhóm giống. Những mẫu giống vừa có sinh trưởng khỏe và năng suất mùn cao nhất thuộc về ba nhóm giống RO/A/7, RO/C/9 và RO/JP/3; những mẫu giống có sinh trưởng khỏe là nhóm giống RO/C/8.

4. Kết Luận

Nguồn gen cây cao su từ bang Rondonia (Brazil) đang bảo tồn ở Việt Nam và được đánh giá trên các thí nghiệm có đa dạng di truyền cao, số allele trung bình đạt 12 - 12,9 allele và dị hợp tử kỳ vọng (He) đạt 0,77; biến lượng di truyền là do nội tại của các mẫu giống chiếm 74% trong tổng biến lượng. Nguồn gen cây cao su hoang dại có sinh trưởng khỏe nhưng biến thiên thấp (17%), năng suất mùn thấp nhưng biến thiên rất cao (90%). Số lượng mẫu giống xuất sắc được chọn lọc không phụ thuộc vào số lượng mẫu của các nhóm giống; những mẫu giống vừa có sinh

Bảng 9. Số lượng mẫu của các nhóm giống cao su có sinh trưởng khỏe nhất ở tuổi 15 trên các thí nghiệm

Nhóm giống	Số mẫu giống	Theo tỷ lệ chọn lọc 5%		Theo tỷ lệ chọn lọc 10%	
		Số mẫu	Tỷ lệ trên số mẫu chọn lọc (%)	Số mẫu	Tỷ lệ trên số mẫu chọn lọc (%)
RO	7	0	0,0	1	1,2
RO/A/7	128	10	24,4	17	20,7
RO/C/8	75	8	19,5	14	17,1
RO/C/9	93	5	12,2	13	15,9
RO/CM	25	0	0,0	0	0,0
RO/CM/10	76	4	9,8	7	8,5
RO/CM/11	54	0	0,0	0	0,0
RO/CM/12	31	0	0,0	2	2,4
RO/J/5	51	1	2,4	2	2,4
RO/J/6	45	4	9,8	8	9,8
RO/JP/3	95	5	12,2	12	14,6
RO/OP/4	22	4	9,8	4	4,9
RO/PB/1	49	0	0,0	1	1,2
RO/PB/2	70	0	0,0	1	1,2
Tổng số	821	41	100	82	100

Bảng 10. Số lượng mẫu của các nhóm giống cao su có năng suất mủ trung bình 4 năm cao nhất trên các thí nghiệm

Nhóm giống	Số mẫu giống	Theo tỷ lệ chọn lọc 5%		Theo tỷ lệ chọn lọc 10%	
		Số mẫu	Tỷ lệ trên số mẫu chọn lọc (%)	Số mẫu	Tỷ lệ trên số mẫu chọn lọc (%)
RO	7	0	0,0	1	1,6
RO/A/7	101	4	12,9	8	12,9
RO/C/8	48	3	9,7	3	4,8
RO/C/9	71	5	16,1	14	22,6
RO/CM	12	0	0,0	0	0,0
RO/CM/10	54	1	3,2	1	1,6
RO/CM/11	36	2	6,5	2	3,2
RO/CM/12	24	2	6,5	2	3,2
RO/J/5	40	3	9,7	6	9,7
RO/J/6	38	0	0,0	1	1,6
RO/JP/3	84	8	25,8	18	29,0
RO/OP/4	18	3	9,7	3	4,8
RO/PB/1	42	0	0,0	2	3,2
RO/PB/2	41	0	0,0	1	1,6
Tổng số	616	31	100	62	100

trưởng khỏe và năng suất mủ cao tập trung ở ba nhóm giống RO/A/7, RO/C/9 và RO/JP/3; mẫu giống sinh trưởng khỏe cũng có ở nhóm giống RO/C/8.

Lời Cam Đoan

Chúng tôi cam đoan bài báo do nhóm tác giả thực hiện và không có mâu thuẫn nào giữa các tác giả.

Tài Liệu Tham Khảo (References)

- Aidi, D., Sekar, W., & Irwan, S. (2002). Report on the evaluation and utilization of the 1981 IRRDB *Hevea* germplasm in Indonesia. In *IRRDB Joint Workshop on Breeding, Agronomy and Socioeconomy, Malaysia and Indonesia*. Kuala Lumpur, Malaysia: IRRDB.
- Clément-Demange, A., Chapuset, T., & Seguin, M. (2002). In *IRRDB 1981 Hevea germplasm by Cirad (France) Year 2002. Presented at the IRRDB Workshop on Breeding, Agroforestry and Socioeconomy, Malaysia and Indonesia*. Kuala Lumpur, Malaysia: IRRDB.
- Clément-Demange, A., Legnate, H., Chapuset, T., Pinard F., & Seguin, M. (1997). In *IRRDB germplasm in Ivory Coast and French Guayna: status in 1997. IRRDB Symposium on Natural Rubber*. Ho Chi Minh City, Vietnam: IRRDB.
- Hu, Y., Zeng, X., Chen, H., Fang J., & Huang, H. (2005). A study report on the main charaters evaluation of new Amazon *Hevea* germplasm. *International Natural Rubber Conference* (50-54). Cochín, India: Rubber Research Institute of India.
- Lai, L. V. (2011). *Research on agronomic-genetic potential and the possibility of using genetic resources IRRDB'81 in improving rubber seedlings Hevea brasiliensis* (Unpublished doctoral dissertation). Nong Lam University, Ho Chi Minh City, Vietnam.
- Lai, L. V., Tran, T., Vu, C. T. Q., & Le, T. M. (2009). Genetic diversity of *Hevea* IRRDB'81 collection assessed by RAPD markers. *Molecular Biotechnology* 42, 292-298. <https://doi.org/10.1007/s12033-009-9159-7>.
- Le Guen, V., Doare, F., Weber, C., & Seguin, M. (2009). Genetic structure of Amazonian populations of *Hevea brasiliensis* is shaped by hydrographical network and isolation by distance. *Tree Genetics and Genomes* 5(4), 673-683. <http://doi.org/10.1007/s11295-009-0218-9>.
- Ong, S. H. (1979). *Cytotaxonomic investigation of the genus Hevea* (Unpublished doctoral dissertation). University of California, Berkeley, California, USA.
- Onokpise, O. U. (2004). Natural rubber, *Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg., germplasm collection in the Amazon basin, Brazil: a retrospective. *Economic Botany* 58(4), 544-555.
- Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). Genalex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Bioinformatics* 28(19), 2537-2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.
- Priyadarshan, P. M., & de S Goncalves, P. (2003). *Hevea* gene pool for breeding. *Genetic Resources and Crop Evolution* 50, 101-114. <https://doi.org/10.1023/A:1022972320696>.
- Ramli, O., Masahuling, B., Nasaruddin, M. M. A., & Zarawi, A. G. (2004). IRRDB 1981 expedition: harnessing genetic potential of *Hevea germplasm*. In *Proceeding of IRRDB Conference* (11-25). Kunming, China: IRRDB.
- Souza, L. M., Le Guen, V., Cerqueira-Silva, C. B. M., Silva, C. C., Mantello, C. C., Conson, A. R. O., Vianna, J. P. G., Zucchi, M. I., Scaloppi Junior, E. J., Fialho, J. dF., de Moraes, M. L. T., Goncalves, P. dS., & Souza, A. Pd. (2015). Genetic diversity strategy for the management and use of rubber genetic resources: more than 1,000 wild and cultivated accessions in a 100-genotype core collection. *PLoS One*10(7): e0134607. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134607>.
- Tran, H. T. T., To, P. X., Nguyen, Q. T., & Cao, C. T. (2018). *Vietnam Rubber industry report: current status and sustainable development solutions* (Research report). Vietnam Rubber Research Institute, Research Team, Ho Chi Minh City, Vietnam.
- Vu, T. V., Lai, L. V., Le, T. M., Huynh, D. D., Nguyen, T. T., Rivallan, R., Huynh, B. V., & Le Guen, V. (2020). Population genetic structure of a thousand rubber tree accessions from wild Rondonia populations preserved in Vietnam. *Genetic Resources and Crop Evolution* 67, 475-487. <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00843-0>.
- Vu, T. V., Tran, T., Nguyen, T. T., Tran, M. D., Huynh, D. D., Tran, A. B., & Huynh, T. T. M. (2021). *Summary of the project at the level of Vietnam Rubber Industry Group in the period of 2016 – 2020 "Conservation of genetic resources of rubber trees in Vietnam"* (Research report). Vietnam Rubber Research Institute, Ho Chi Minh City, Vietnam.
- Webster, C. C., & Baulkwill, W. J. (1989). *Rubber*. Essex, UK: Longman Scientific & Technical.