

P-MN07: DISSECTING THE GENETIC ELEMENTS THAT REGULATE THE PHOSPHATE USE EFFICIENCY IN A VIETNAMESE RICE COLLECTION: A GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY

Huong Thi Mai To, Khang Quoc Le, Nga T.P. Mai*

University of Science and Technology of Hanoi (USTH), Vietnam Academy of Science and Technology (VAST)

SUMMARY

Phosphorus is the one of the most important macro-elements for the growth, development as well as productivity of plants. However, the overusing of fertilizer negatively affects soil and water quality, and the run-out of natural phosphate rocks which promote the research activities to focus on the uptake of phosphate in plants in general as well as find out quantitative trait locus (QTLs) and genes responsible for phosphate use efficiency in plants particularly. In this project, Genome wide association studies (GWAS) was used to investigate the diversity in phosphate use efficiency in 157 Vietnamese rice accessions in order to find genes involved in this process. Rice plants were grown in sand columns and irrigated with Yoshida nutrient medium every three days during 6 weeks. The experiment was conducted with three repetitions and with randomized position for each plant. The natural ability of uptaking the phosphate was then quantified and evaluated. Using GWAS analysis, a total of 22 significant single nucleotide polymorphism (SNPs), 11 quantitative trait locus (QTLs) and 48 genes were found. These findings are very promising for creating new rice varieties which can naturally use phosphate effectively - a potential solution for food security.

Keywords: Rice, single nucleotide polymorphism, GWAS, phosphate uptake efficiency, quantitative trait locus.

ĐÁNH GIÁ KHẢ NĂNG TỰ NHIÊN TRONG HIỆU QUẢ SỬ DỤNG PHỐT PHÁT Ở CÁC GIỐNG LÚA BẢN ĐỊA CỦA VIỆT NAM

Hương Thị Mai Tô, Khang Quốc Lê, Nga T.P. Mai*

Trường Đại học Khoa học và Công nghệ Hà Nội, Viện Hàn Lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam (VAST)

TÓM TẮT

Phốt pho là một trong ba nguyên tố dinh dưỡng đa lượng quan trọng bậc nhất đối với quá trình sinh trưởng, phát triển và năng suất của cây trồng. Tuy nhiên, việc lạm dụng phân bón phốt phát (Pi) gây ảnh hưởng tiêu cực đến chất lượng đất, nước, đồng thời làm cạn kiệt nguồn cung cấp Pi ở các mô tự nhiên. Điều này đã thúc đẩy những nghiên cứu chuyên sâu cứu chuyên sâu về chu trình Pi nói chung và hiệu quả sử dụng tối đa nguồn Pi trong đất đối với cây lúa nói riêng và cây trồng nói chung. Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng phương pháp nghiên cứu di truyền liên kết toàn hệ gen (GWAS) để khảo sát sự đa dạng di truyền trong hiệu quả sử dụng Pi tự nhiên Pi của 157 giống lúa bản địa của Việt Nam. Cây lúa được trồng trong các ống cát trong điều kiện nhà lưới và được tưới môi trường dinh dưỡng Yoshida 3 ngày một lần trong vòng 6 tuần với ba lần lặp lại và bố trí ngẫu nhiên vị trí các cây. Sau đó, khả năng hấp thụ tự nhiên nguồn Pi của các giống lúa được đo đạc và đánh giá. Nghiên cứu GWAS đã tìm được 22 đa hình đơn nucleotide (SNPs), 11 lô cắt tính trạng số lượng (QTLs) và 48 gen ứng viên tiềm năng tham gia vào quá trình sử dụng tự nhiên nguồn Pi ở cây lúa. Việc tìm ra những QTL và gen này có ý nghĩa rất lớn trong việc tạo các giống lúa mới có khả năng sử dụng Pi hiệu quả - là giải pháp tiềm năng cho vấn đề an ninh lương thực.

Từ khóa: Cây lúa, đa hình đơn nucleotide, GWAS, hấp thụ phốt phát, lô cắt tính trạng số lượng.

* Author for correspondence: Tel: +84934568660; Email: mai-thi-phuong.nga@usth.edu.vn