

GHI NHẬN

HỘI NGHỊ QUỐC TẾ VỀ DI TRUYỀN CÂY LÚA LẦN THỨ V & GENOME HỌC VỀ CHỨC NĂNG CÂY LÚA LẦN THỨ III TẠI MANILA, PHILIPPINES, 20-24 THÁNG 11 NĂM 2005

Bùi chí Bửu
Viện Lúa Đồng Bằng Sông Cửu Long

Hội nghị Quốc tế về Di truyền cây lúa lần thứ V và Genome học chức năng cây lúa lần thứ III (Rice Functional Genomics) được tổ chức tại Manila, Philippines, 20-24 tháng 11 năm 2005, với 750 đại biểu tham dự. Hội nghị đã nhấn mạnh genome cây lúa trở thành genome để tham khảo cho nhiều cây trồng khác (reference genome). Bởi vì nó có số lượng phân tử DNA thấp nhất so với các loài mễ cốc chính.

Có 23 báo cáo trên hội trường chung mang tính chiến lược và định hướng, và 55 báo cáo tại 8 tiểu ban. Chương trình còn có 4 hội thảo khoa học về lúa ôn đới, sinh học cây lúa giai đoạn phát dục, sắp xếp trình tự trên bản đồ, và di truyền tính kháng sâu hại lúa. Ngoài ra, số báo cáo bằng poster là 378.

1. Nhận xét chung

Bản đồ gen cây lúa đã được giải mã thành công. Trình tự DNA chất lượng cao của genome cây lúa chiếm 95%, với độ lớn phân tử 389 Mb, phủ trên tất cả các vai nhiệm và 2 tâm động của 12 nhiễm sắc thể. Tổng số nguyên tố chuyển vị hiện được xác định là 37.544 nguyên tố, chúng liên quan đến các gen mã hóa protein quan trọng

Hội nghị di truyền lần này đã nhấn mạnh đặc biệt đến tính trạng chống chịu khô hạn của cây lúa. Bởi vì lúa là cây trồng tiêu tốn nhiều nước nhất trong điều kiện nông nghiệp toàn cầu sẽ phải thiếu nước nghiêm trọng.

2. Bản đồ gen cây lúa

Năm 1985: Hội nghị quốc tế về di truyền cây lúa lần thứ nhất đã xác định những nội dung hợp tác sẽ được kiểm điểm sau 5 năm, từ đó Hội Di truyền cây lúa sẽ đề ra những chiến lược và bước đi thích hợp cho chặng đường nghiên cứu tiếp theo. Năm 1989, Rockefeller Foundation chính thức tài trợ chương trình công nghệ sinh học cây lúa, cho đến 1999. Đây là giai đoạn có sự chuyển biến quan trọng trong nghiên cứu di truyền cây lúa. Năm 1988, bản đồ di truyền với 135 RFLPs làm cơ sở cho những nghiên cứu tiếp theo. Năm 1994, bản đồ di truyền với 1385 RFLP do ĐH Cornell, IRRI và RGP (Sasaki và ctv., Nhật) hợp tác xây dựng, trong đó 2259 nrESTs từ mô sẹo đã được công bố.

1996: bản đồ vật lý được xây dựng bằng vector YAC, trên nhiễm sắc thể số 6

1997: chương trình giải mã trình tự genome cây lúa japonica

2002: tạo nên bản đồ có 6591 ESTs trên cơ sở YAC contig. Trong năm này, người ta giải mã trình tự của các gen định vị trên nhiễm sắc thể số 1 và 4

2002: công bố bản thảo về giải mã trình tự genome cây lúa indica

2003: tạo ra được thư viện cDNA có chiều dài phân tử đầy đủ với 28.000 cDNAs

2004: hoàn tất việc giải mã trình tự genome cây lúa thông qua IRGSP (Nhật, IRRI, Trung Quốc + hai công ty lớn Monsanto và Syngenta)

Tổng số nguồn vật liệu mà chương trình IRGSP có được hiện nay: 3267 RFLP, 6591 EST dùng làm primer cho PCR, xây dựng được bản đồ vật lý trên cơ sở vectơ YAC phủ trên 78% genome.

Ngoài ra, IRGSP đã thực hiện được các bộ sưu tập sau đây (T. Sasaki, Nhật)

- Thư viện PAC, giống Nipponbare, enzyme phân cắt *Sau3A1*, 112kb, 71.040 clone
- Thư viện BAC, giống Nipponbare, enzyme phân cắt *Mbo1*, 124kb, 48.960 clone
- Thư viện BAC, giống Nipponbare, enzyme phân cắt *HindIII*, 130kb, 36.864 clone
- Thư viện BAC, giống Nipponbare, enzyme phân cắt *EcoRI*, 120kb, 55.296 clone
- Thư viện FOSMID, giống Nipponbare, 40kb
- Thư viện 10kb, giống Nipponbare, enzyme phân cắt *Sau3A1*
- Thư viện 19kb, giống Nipponbare, enzyme phân cắt *HaeIII*

Người ta bắt đầu giai đoạn hợp tác quốc tế mới thông qua nội dung chú thích trên chuỗi trình tự gen với thuật ngữ « **Rice Annotation Project 1** » (RAP1) từ năm 2004, bao gồm các nội dung: đặt tên và cho ký hiệu thống nhất trong ngân hàng dữ liệu, nghiên cứu genome học có tính chất so sánh với genome khác, ứng dụng thành tựu của genome học chức năng.

Các phần mềm chuyên dụng như *Fgenesh*, *Genscan*, *Glocate*, *BlatRice* đang được khuyến khích sử dụng để tìm kiếm gen mục tiêu, sau giai đoạn giải mã gen cây lúa thành công vang dội. Hiện có 69.002 loci đã được dự đoán, và 40.557 loci chồng lấp trên FL cDNA (trong đó, có 3892 vùng chồng lấp EST của cây lúa, và 3049 của cây một lá mầm khác).

Phương pháp tìm kiếm mỏ gen mục tiêu (**allele mining**) cũng được tập trung khai thác locus mới hoặc alen mới (Ebaka và Yano, Trung Tâm nghiên cứu tài nguyên genome cây lúa, Nhật) (<http://www.rgrc.dna.affrc.go.jp>)

Công trình đồ sộ khác của Kikuchi và ctv. ở Nhật được ghi nhận với bản đồ di truyền bao gồm hơn 580.000 EST từ những dòng cDNA có chiều dài phân tử đầy đủ trên nhóm japonica. Họ cập nhật hệ thống oligomicroarray của cây lúa, với 22-44 K phủ trên toàn bộ genome

Một dự án quốc nổi tiếng khác, đó là **OMAP** (Oryza Map Alignment Project) cũng được thảo luận trong hội nghị. Nhiệm sắc thể số 3 của cây lúa được chọn làm mục tiêu xem xét đầu tiên và có kết quả bước đầu, so sánh giữa *O. sativa* và *O. nivara* [Genome Research 15:1284 (2005)], so sánh giữa lúa và ngô [Plant Cell 17:343 (2005)]

Rod Wing (ĐH Arizona, USA) xem xét ở mức độ chi tiết hơn trên nhiễm sắc thể số 1, 3 và 10, nhằm xác định chức năng của gen trong genus *Oryza* bao gồm 2 loài lúa trồng và 22 loài hoang dại, đại diện cho 10 kiểu genome khác nhau (<http://www.OMAP.org>). OMAP được thực hiện trên cơ sở 12 thư viện BAC chất lượng cao, đặc trưng cho 10 kiểu genome của *Oryza*. Chuỗi trình tự “BAC end” có độ lớn phân tử 724Mb thuộc 10-12 thư viện BAC đã được sử dụng với ngân hàng dữ liệu “Snapshot fingerprint”. OMAP đã công bố 5 bản đồ vật lý của *O. nivara*[AA], *O. rufipogon* [AA], *O. glaberrima* [AA], *O. punctata* [BB], *O. brachyantha* [FF]. Việc sắp xếp trình tự của gen nằm trên đường thẳng như vậy sẽ tạo ra một array cực lớn với cách xếp đặt giống như genome của Nipponbare, cung cấp cho chúng ta hình ảnh khá hoàn chỉnh về sự tiến hóa của genus *Oryza*

Doh-Won Yun và ctv., Viện quốc gia về công nghệ sinh học, Hàn Quốc, công bố các hệ thống Ac/Ds đánh dấu gen trong cây lúa, với trên 65.000 dòng Ds, bao gồm 9.500 dòng đã được xác định chuỗi trình tự. Liên hệ <http://www.niab.go.kr>

N.K. Singh, Trung tâm nghiên cứu quốc gia công nghệ sinh học, Ấn Độ, thực hiện bản đồ so sánh giữa các gen của cây lúa và cây lúa mì.

Hiệp Hội Di Truyền Cây Lúa đã công bố tiêu chuẩn định danh và ký hiệu gen thống nhất từ năm 1986 do Kinoshita đề xuất. Hiện nay người ta cập nhật hóa thông tin sau sự kiện giải mã bộ gen cây lúa trên công cụ “**gramene**” theo địa chỉ <http://www.gramene.org>

3. Genome học về chức năng (Rice Functional Genomics)

Một consortium đã được hình thành từ 2002, đó là “Rice Functional Genomics Consortium”, đánh dấu một sự kiện mới trong hoạt động di truyền cây lúa. Mục tiêu nhằm đạt được sự phân biệt chức năng đối với tất cả các gen của cây lúa, thông qua vật liệu đột biến làm mất chức năng hay gắn thêm chức năng, “gene array” và phân tích sự thể hiện gen, sinh tin học (bioinformatics), xác minh chức năng của gen mục tiêu

Rod Wing và ctv. (ĐH Arizona) đã xem xét bản đồ gen cây lúa một cách chi tiết trên nhiễm sắc thể số 1, 3 và 10, nhằm xác định chức năng của gen trong genus *Oryza* bao gồm 2 loài lúa trồng và 22 loài hoang dại

Viện Nghiên cứu Genome học ở Bắc Kinh, Trung Quốc (BGI) đã phân tích hiện tượng chuyển mã của genome cây lúa bằng phương pháp “**tilling microarray**”. Nội dung giải thích chuỗi mã (annotation) của rất nhiều gen dự đoán đã được thực hiện. Kết quả này giúp cho chúng ta phân biệt của *Oryza sativa* với genome của các loài khác. BGI sử dụng các oligo thuộc dạng 36-mer, với khoảng cách dày đặc trên bản đồ, **trung bình 10bp**, để phát hiện các gen có mức độ tương đồng cao (HH) và các gen có mức độ tương đồng thấp (LH). Kết quả ghi nhận 35.970 các mô phỏng gen (81,9%) thể hiện tốt; và 5.464 vùng có tính chất liên kề giữa hai gen đã được xác định, thông qua thể hiện các phân tử transcript mới, trên cơ sở phân tích TARs (transcription active regions). Người ta phân tích TARs ở vùng liên kề giữa hai gen bằng phương pháp RT-PCR (<http://plantgenomics.biology.yale.edu/riceatlas>) để thành lập một **atlas** về hiện tượng chuyển mã trong tế bào cây lúa. Đây là công trình có qui mô cực kỳ đồ sộ của Trung Quốc được hội nghị chú ý đặc biệt. Có thể nói, đây là bản đồ transcription đầu tiên của genome cây lúa do BGI tạo nên, với hơn 58.000 oligo set, 2 slide array, và 35.000 “gene model” có tính chất đồng nhất.

Bà Carol Robin Buell và ctv. thuộc Viện nghiên cứu về genome học của Mỹ (TIGR: The Institute of Genome Research) (<http://rice.tigr.org>) đã báo cáo việc thực hiện dự án “TIGR Rice Genome Annotation”. Họ công bố một kết quả không lồ về ngân hàng dữ liệu các chú thích trong genome cây lúa, ký hiệu “**TIGR Osa 1 DB**”. Quỹ Khoa Học Quốc Gia của Mỹ đã tài trợ cho dự án này hoạt động. Việc xây dựng các mô hình gen trong Osa1 đã được thực hiện trên 3.898 BAC clone. Các phần mềm để dự đoán gen cần chú ý là: *Fgenesh*, *GenMarkHmm*, *GenScan*, *GenScan+*, *GlimmerM*. Họ đã tạo ra những phân tử giả (pseudomolecules) trên 12 nhiễm sắc thể cây lúa, với đầy đủ các chú thích, các thông tin quan trọng cho các nhà khoa học. Họ đã chứng minh các sự kiện bằng cDNA và EST có chiều dài phân tử đầy đủ trong các mô phỏng của từng gen mục tiêu. Chúng ta có thể tìm xem thông tin này trên trang web <http://rice.tigr.org>, với mật độ 5,7 kb / gen nếu thực hiện theo trình tự thủ công và 6,2 kb / gen theo trình tự của TIGR.

Jun Yu, BGI, Trung Quốc đã thực hiện dự án **lúa lai super**, tạo ra giống lúa LYP9 (PA64S / 93-11) với 15,5% gen có tính chất đồng dạng cao (HH) và 35,6% gen có tính chất đồng dạng thấp (LH). Trung bình số chuỗi trình tự đồng dạng (homologs) trên mỗi gen là 40. Người ta nghiên cứu cơ sở khoa học trên mức độ phân tử tính trạng ưu thế lai trên ngân hàng dữ liệu có tính chất “transcriptomic” và “proteomic” của phôi và mô tế bào trong các giai đoạn phát triển khác nhau. Nhiều marker di truyền và gen mục tiêu đã được công bố trong phần mềm BLAT với 19.079 nr-KOME cDNAs. Trình độ của Trung Quốc đã tiến bộ rất nhiều thông qua những công trình khoa học to lớn như thế này, do chính phủ Trung Quốc tài trợ hoàn toàn

Giáo sư Gynheung An, ĐH Pohang, Korea, đã tạo ra 47.932 dòng đánh dấu T-DNA trong nhóm japonica, sử dụng những vectơ đánh dấu hoạt tính chứa trình tự 35S, đóng vai trò “enhancer”. Họ đã phân lập các chuỗi trình tự nằm kề cận vùng được chèn vào bởi T-DNA, giúp cho việc sử dụng các dòng này dễ dàng hơn trong nghiên cứu chức năng của gen. Có 27.621 marker đánh dấu vùng kề cận FST (flanking sequence tags), bao gồm 12.505 marker được đưa vào vùng mục tiêu, và 15.116 marker ở vùng trung gian giữa các gen mục tiêu. Học đã xây dựng được bản đồ FST trên tất cả các nhiễm sắc thể. Sự chèn vào của T-DNA không phân bố đồng đều trên mỗi nhiễm sắc thể, nó khá tập trung trên vai nhiễm, rất hiếm ở tâm động. Nhiều vùng có tần suất chèn vào rất cao được gọi là “peak” hay “valley”. Ngân hàng dữ liệu về locus của gen, số địa điểm trên nhiễm sắc thể đều có thể được cho phép tham khảo trên trang web <http://www.postech.ac.kr/life/pfg/risd>

Nếu như trường phái của Hàn Quốc là T-DNA, thì trường phái của Nhật là *Tos-17*, mà người đã có công rất lớn trong nhiều năm qua, đó là TS Hirochika, NIAS, Japan. Nhóm tác giả này đã tiếp tục hoàn thiện hệ thống đột biến tạo ra chuẩn mực trong đánh dấu gen mục tiêu của cây lúa với *Tos-17*. Chức năng của gen được dự đoán bằng phân tích chuỗi trình tự các gen “knockout” bằng đột biến xen đoạn. Đây là phương pháp trực tiếp để xác định chức năng của gen. Học đã xây dựng được 50.000 dòng đột biến *Tos-17*, mang 250.000 đoạn phân tử chèn vào độc lập. Những đột biến mất đoạn đã được xét nghiệm PCR, kết quả cung cấp cho chúng ta rất nhiều thông tin mới về chức năng của gen mục tiêu nào đó.

Kurata (Viện nghiên cứu QG về di truyền, Nhật) phát triển các thể đột biến để nghiên cứu chức năng genome. Có 2300 mutant đã được sử dụng để phân tích TILLING.

Ken McNally (IRRI), thiết kế ra những marker phân tử mới dựa trên cơ sở đa hình từ một nucleotide bằng đột biến điểm (SNPs) cho genome cây lúa. SNPs rất phổ biến cho genome người, nhưng khá hạn chế trong genome cây lúa. Đây có thể được xem như sự kiện quan trọng trong công nghệ sinh học cây lúa. Công trình này là một hợp tác quốc tế giữa IRRI và Công ty Perlegen Sciences, Inc., thực hiện SNP cho cả genome bằng cách chạy sequencing của nhiều giống lúa khác nhau, thông qua lai DNA-DNA trên array mức độ cao, với những nucleotides. Họ thiết kế array, sử dụng công nghệ Affymetrix thế hệ mới để sáng tạo ra SNP. Ngân hàng dữ liệu của giống Nipponbare (japonica) và giống 93-11 (indica của BGI) cung cấp các chuỗi trình tự DNA cần thiết + chú thích (annotation). Kết quả được công bố trên tạp chí Nature 436:793-800 (2005), với mật độ mỗi SNP / 100 bp.

4. Di truyền tính chống chịu khô hạn và những stress phi sinh học

Khô hạn hiện là vấn đề then chốt trong sản xuất lúa gạo của thế giới với hơn 20 triệu ha đất canh tác lúa nước trời trong nguy cơ khát nước. Sự khác biệt về kiểu gen của tính trạng rễ mọc sâu, khả năng thụ tinh, sự nảy mầm hạt phần, hiện tượng trổ thoát cô bông, sự mở bao phần đã được John Bennett và ctv. (IRRI) quan tâm đặc biệt trong đánh giá kiểu hình, với hiện tượng đối trọng nhau giữa hàm lượng ABA do khô hạn kích thích với hàm lượng GA lúa lúa trổ bông. Phân tích ở mức độ proteomic và transcriptomic cho thấy: người ta có thể phân biệt sự thay đổi có tính chất một chiều hoặc hai chiều của hiện tượng thể hiện gen. Trong lúa mì và lúa mạch, người ta sử dụng phân tích sinh tổng hợp fructan để xem xét tính chống chịu khô hạn ở giai đoạn trổ bông; tuy nhiên cây lúa không tích tụ fructan trong thời kỳ này

Zhikang Li và ctv. (CAAS, IRRI) đã sử dụng 260 vật liệu (trong đó có OM1723 của Việt Nam) từ 15 quốc gia để thực hiện hồi giao với IR64 và Teqing. Họ thanh lọc tính chống chịu khô hạn của 215 quần thể BC₁F₁, và 4.677 dòng lai cận giao (IIs) để nghiên cứu sự biến thiên di truyền chưa được biết (CGV: cryptic genetic variation) của gen chống chịu khô hạn thông qua phân tích QTL.

Purwantomo và ctv. khai thác vai trò của các gen có tính chất “homeobox” để phát triển giống lúa chống chịu khô hạn.

Trong khi đó, nhóm nghiên cứu của CIRAD, Pháp, tập trung nghiên cứu đặc tính của rễ lúa thích nghi với sự phát triển (E Guiderdoni). Sự phát triển hệ thống rễ lúa tương thích với stress đã được nghiên cứu và so sánh với cây *Arabidopsis thaliana*. Một array biểu thị clone có qui mô 22 K đối với áp suất thẩm thấu và stress do mặn (SSH), một receptor đặc biệt và một oligo đóng vai trò chuyên mã đã được xác định. Họ phát hiện ra gen mục tiêu có liên quan đến rễ lúa trong điều kiện bị stress.

Giao Sư Ray Wu, ĐH Cornell, Mỹ, đã phát triển 3 dòng lúa chuyển gen: (1) gen tổng hợp proline p5cs, (2) gen choline oxidase COX, (3) dung hợp cả hai gen TPS và TPP trong tổng hợp trehalose

Gorantla và ctv. nghiên cứu phổ thể hiện các gen điều khiển tính chống chịu khô hạn với nhiều gen mục tiêu đã được phát hiện

Toojinda và ctv. thực hiện bản đồ QTL điều khiển tính trạng chống chịu khô hạn tại Thái Lan, với các tính trạng mục tiêu: năng suất hạt, sinh khối, chỉ số thu hoạch HI, số hạt chắc và lép, số hạt / bông, tỉ lệ bất thụ, trọng lượng 1000 hạt, số bông, số chồi, chiều cao, số ngày từ gieo đến trổ, v.v.. QTL định vị trên các nhiễm sắc thể 1, 2, 3, 4, 7, 8, 9 đã được phân tích, trên cơ sở quần thể DH của tổ hợp lai IR62266 / CT9993 tại 3 địa điểm khác nhau trong 3 năm liên tục. Đặc biệt chú ý **nhiễm sắc thể số 3 và số 5**, nó tập hợp nhiều QTL có liên quan đến tính chống chịu khô hạn

Mackill và ctv. (IRRI) công bố khả năng ứng dụng QTL trong chọn tạo giống lúa chống chịu stress phi sinh học, với khả năng thích nghi rộng, được gọi bằng thuật ngữ “megavarieties”. Kết quả nghiên cứu QTL được cụ thể hóa thông qua chiến lược chọn giống lúa bằng dấu chuẩn phân tử thông qua hồi giao. Chiến lược như vậy được gọi là MAB (marker-assisted backcrossing). Locus **Sub-1** bao gồm 2 yếu tố chuyên mã có tính giả định, liên quan đến tính trạng chống chịu ngập hoàn toàn đã được đưa vào giống Swarna (Ấn Độ) thành công. Chú trọng đặc biệt **Sub-1** trên nhiễm sắc thể số 8. Một số lượng lớn QTL liên quan đến tính chống chịu mặn, thiếu lân, độ độc nhôm, nhiệt độ lạnh có thể được khai thác. Những QTL liên quan đến chống chịu hạn có khả năng rất lớn trong chiến lược tạo giống lúa “mega”

Onish và Yano, Nhật Bản, đã công bố kết quả nghiên cứu gen điều khiển tính chất thích nghi của cây lúa, thông qua quá trình tiến hóa có tính chất “micro”, và tương tác GxE.

Công trình của Viện Lúa ĐBSCL đóng góp trong hội nghị là phân tích tính trạng chống chịu thiếu lân thông qua phân tích QTL genome cây lúa trên cơ sở quần thể hồi giao của tổ hợp lai OM2395 / AS996, tập trung chủ yếu QTL định vị trên nhiễm sắc thể số 12. Điều này trùng hợp với công trình nghiên cứu của Wissuma và ctv. (IRRI)

5. Di truyền tính kháng stress sinh học (sâu bệnh hại)

Tính kháng bền vững, phổ kháng rộng đối với bệnh hại là nội dung quan trọng được thảo luận trong hội nghị. Công trình của Jan E. Leach và ctv. thuộc ĐH Colorado, Mỹ, đề cập đến tính kháng số lượng có tiềm năng và đóng góp của tính kháng này vào nội dung kháng bền vững, phổ rộng. Tuy nhiên, cho đến nay cơ chế tính kháng và lộ trình hoạt động của gen số lượng vẫn chưa được biết rõ. Thông thường, đó là những gen đáp ứng lại cơ chế tự bảo vệ của cây, thí dụ như oxalate oxidase, chitinase, PR1, v.v.... Còn lại những gen khác vẫn chưa được biết rõ chức năng của chúng.

Đối với bệnh đạo ôn, Ralph A. Dean, ĐH North Carolina State, nghiên cứu toàn bộ genome của vi nấm *Magnaporthe grisea*, gen và bệnh lý học, hiện tượng synteny (gen tương đồng với gen của genome khác). Độ lớn của genome vi nấm này là 40Mb, có 7 nhiễm sắc thể. Năm 1998, người ta thành lập một consortium quốc tế với tên gọi là “International Rice Blast Genome” (IRBGC) để hợp tác nghiên cứu bệnh đạo ôn trên các vùng trồng lúa toàn thế giới. Số lượng gen có trong genome của vi nấm là 11.109 gen, phân bố theo tỉ lệ 1/3,5 kb, bao gồm 45% số gen có mã di truyền được xác định. Phân tích *Signalp-2.0* (PSORT) cho thấy, số

protein chưa được biết gắn với khu vực chitin là 1.258. Các DNA có tính chất lặp lại không phân bố ngẫu nhiên trong genome mà phân bố theo nhóm, không có hiện tượng synteny. Theo kết quả hợp tác quốc tế của consortium, người ta đã thiết lập được microarray chất lượng cao, có tính khả thi về mặt thương mại. Những phân tích “knockout” và thể hiện gen đối với gen mục tiêu đã cung cấp cho chúng ta nhiều kiến thức về biến dưỡng protein, sự điều chỉnh nitrogen của vi nấm trong quá trình phát sinh bệnh trên lúa.

Đối với côn trùng hại lúa, rầy nâu là đối tượng được nghiên cứu nhiều nhất, kể đến là sâu năn (muỗi gây lá hành), rầy xanh đuôi đen. Viện lúa ĐBSCL sử dụng STS và SSR marker đánh dấu gen *Bph-10* định vị trên nhiễm sắc thể 12, điều khiển tính kháng rầy nâu (BPH 2+3) và dòng hóa gen này trong hai vectơ BAC, trên vùng có độ dài mục tiêu là 105 kb, theo phương pháp “chromosome walking”. Đây là gen quan trọng được nhiều nhà khoa học của các nước ở Châu Á tập trung nghiên cứu. Nó có nguồn gốc từ quần thể lúa hoang *Oryza australiensis*.

Li-Rong Zeng và ctv. thuộc ĐH Ohio và IRRI đã công bố chức năng của protein SPL11 ngăn cản sự chết của tế bào và kích hoạt phản ứng tự bảo vệ của cây lúa khi bị tấn công bởi sâu bệnh hại

Zhongchao Yin và ctv., ĐH quốc gia Singapore, công bố gen *Xa-27* và lộ trình tương tác gen đối gen của cây lúa và vi khuẩn gây bệnh bạc lá lúa, theo cơ chế NLS (nuclear localization signal motif).

Shiping Wang, Phòng thí nghiệm trọng điểm quốc gia, Wuhan, Trung Quốc, nghiên cứu gen lặn *xa-13* theo phương pháp dòng hóa gen trên bản đồ (map-based cloning). Alen trội *Xa-13* cho thể hiện thông qua chiến lược nghiên cứu RNAi. Tiến hành chuyển nạp gen được dòng hóa vào cây lúa bình thường. Tất cả cây lúa biến đổi gen đều có hiện tượng ức chế thể hiện alen trội *Xa-13* và nó thể hiện tính kháng bệnh bạc lá. Các tác giả cũng ức chế gen lặn *xa-13* bằng RNAi, cây chuyển gen kháng bệnh hơn cây bình thường. Phân tích so sánh chuỗi trình tự gen cho thấy có sự khác biệt rất lớn giữa *xa-13* và *Xa-13* tại vùng “promoter”. Kết quả khẳng định rằng *Xa-13* là một regulator âm tính của tính kháng bệnh bạc lá.

Junhong Ma và ctv., ĐH Nông nghiệp miền Nam Trung Quốc, công bố bản đồ di truyền gen *Pi-15*, *Pi-36*, và *Pi-37* định vị trên nhiễm sắc thể số 9, 8 và 1, theo thứ tự, điều khiển tính kháng bệnh đạo ôn

Laurence Albar và ctv., INRA, Pháp, lập bản đồ QTL gen kháng bệnh siêu vi RYMV và dòng hóa các gen kháng. Dòng “eIF4G” được thiết kế ở trên vùng 1,7Mb, chứa đựng QTL điều khiển tính kháng bệnh, định vị trên nhiễm sắc thể 12.

Số báo cáo khoa học về stress sinh học lần này ít hơn so với các lần trước, và so với các báo cáo về stress phi sinh học.

6. Lúa hoang – Nguồn vật liệu di truyền chưa được khai thác đầy đủ và sự tiến hóa

Chưa có lần hội nghị nào, lúa hoang được nghiên cứu với nhiều kết quả phong phú và hấp dẫn như lần này.

Ken McNally (IRRI) tập trung đánh giá trên series “Latifoliae”. Theo phân loại mới, *Oryza officinalis* bao gồm hai nhóm bội thể 2n và 4n (thay vì chỉ có 2n như trước đây).

Bà Susan McCouch, ĐH Cornell, trình bày khá ấn tượng về phổ biến dị alen của lúa hoang, lúa bản địa và lúa cải tiến theo xu hướng nghèo hóa dân về đa dạng di truyền. Cấu trúc quần thể của lúa trồng *Oryza sativa* được nghiên cứu trên 235 mẫu giống lúa bản địa và 169 SSR + 4 chlorol marker. Trên cơ sở phân tích chuỗi trình tự DNA, nhóm tác giả kết luận lúa trồng có thể xuất hiện 400 nghìn năm trước đây. Sự đa dạng di truyền và sự phân bố của những rào cản có tính chất phát dục (reproductive barriers) đã được công bố trong hai công trình khoa học nổi tiếng (Genetics 160: 313-322, 2002 và Proc.Natl Aca. Sci.101:12404-12410). Nhóm tác giả đề xuất một chiến lược hội giao cải tiến để du nhập thành công gen mục

tiêu từ lúa hoang sang lúa trồng. Trên cơ sở đánh giá kiểu gen thông qua 18.000 SSR, họ đã thực hiện trên hầu hết các tính trạng nông học quan trọng liên quan đến năng suất và tính chống chịu. Năng suất cao có QTL chủ lực định vị trên nhiễm sắc thể số 1 và 2 (V64 x *O. rufipogon*), tổng số hạt / cây, định vị trên nhiễm sắc thể số 2 và 3 (công trình hợp tác của Trung Quốc, Hàn Quốc, Brazil, và ĐH Texas). Có 8 QTL liên quan đến trọng lượng hạt, quan trọng nhất là nhiễm sắc thể số 3, định vị trên tâm động, ký hiệu là **gw3.1**, với khoảng cách di truyền là 31.8cM (LOD=5,86-15,83). Kết quả này do 10 công trình khoa học nghiên cứu được công bố từ 1997 đến 2003. Gen ứng cử viên đã được dòng hóa tại vùng mục tiêu có độ lớn 94 kb (BAC ID: AC134886) (Genetics 168:2187-2195). Phân tích synteny giữa genome cây bắp và cây lúa cho thấy, vùng đồng dạng trên nhiễm sắc thể số 3 cây lúa tương ứng với nhiễm sắc thể số 1 của cây bắp nguyên thủy “Teosinte” về trọng lượng hạt (Heridity 85:191-195)

Qihui Zhu và Song Ge, CAS, Trung Quốc, tiến hành phân tích đa dạng “nuclotide” của *Oryza sativa*, so sánh với 18 quần thể *O. rufipogon* và 12 quần thể của *O. nivara*. Họ sử dụng phương pháp dòng hóa và sequencing 5 đoạn phân tử DNA của tất cả cá thể giống lúa trồng. Trên cơ sở kết quả “molecular clock” (khóa phân tử), tác giả đã dự đoán hai loài phụ *indica* và *japonica* có mặt 0,4 triệu năm trước đây.

Piegu và ctv., ĐH Perpignan, Pháp và IRRI, xác định vai trò của nguyên tố chuyển vị trong genome loài hoang dại *Oryza australiensis*. Đây là loài có kích thước genome lớn nhất 950 Mb so với lúa trồng là 430 Mb. Có một LTR retrotransposon được đặt tên là “Rire1” với số lượng bản sao rất lớn (30.000 copies). Họ dựa vào số liệu phân tích theo hướng tiến hóa của Rire1 trong *Oryza* để thiết lập các mô phỏng về tiến hóa trong genome cây lúa.

DS Brar (IRRI) và ctv, IRRI và Viện Lúa ĐBSCL, phân tích sự bắt cặp nhiễm sắc thể tương tự trong các dòng lai xa thuộc *Oryza* bằng phương pháp *in situ* huỳnh quang. Phân bào, phân nhiễm của bố mẹ và con lai được quan sát ở giai đoạn diakinesis và trung kỳ I. Có sự tiếp hợp đuôi với đuôi giữa nhiễm sắc thể thuộc genome A của *sativa* và C của *officinalis*. Tế bào diakinesis giữa *sativa* [A] và *brachyantha* [F] biểu hiện 3 nhiễm sắc thể lưỡng trị, và giữa *sativa* với *granulata* biểu hiện 2 nhiễm sắc thể lưỡng trị. Sự bắt cặp của các nhiễm sắc thể tương tự (homoeologous pairing) là điều kiện quyết định thành công cho lai xa.

Viện Lúa ĐBSCL còn tham gia trình bày kết quả nghiên cứu dòng chảy của gen (gene flow) từ lúa trồng (giả định là lúa biến đổi gen) sang lúa hoang và lúa cỏ.

7. Lúa lai

Ngoại trừ Trung Quốc, diện tích lúa lai hiện phát triển 1,5 triệu ha. Người ta dự kiến nó sẽ tăng lên 4 triệu ha vào năm 2010. Năng suất lúa lai hiện vượt cao hơn năng suất lúa thuần 15-20%. Năng suất hạt lai đạt trung bình 1 tấn / ha, biến động 0,5-4,0 tấn / ha. Cho đến nay, nguồn bắt dục đực tế bào chất chủ yếu là WA và các nguồn cung cấp TGMS. Hạn chế chính của lúa lai là phẩm chất gạo kém, năng suất hạt lai thấp, giá thành hạt giống còn cao. Các báo cáo khoa học tập trung cải tiến phẩm chất hạt, kháng sâu bệnh và chống chịu stress phi sinh học. Nhiều báo cáo đề cập đến ứng dụng công nghệ sinh học như nuôi cấy túi phấn, sử dụng marker phân tử, phân tích QTL kiểm soát hiện tượng “gene blocks” (gen bị khóa, không thể hiện) đối với ưu thế lai, tỉ lệ thụ phấn chéo. Bên cạnh đó, còn có những nghiên cứu về định tính các DNA trong ty thể bộ có liên quan đến đa dạng di truyền tế bào chất. Một số báo cáo về chuyển gen *Xa-21*, có phổ kháng rộng đối với bệnh bạc lá, gen BT kiểm soát sâu đục thân, gen chitinase kiểm soát bệnh đốm vằn. Công nghệ di truyền: tổng hợp “apomictic behavior” trong con lai dị hợp tử cũng được đề cập, mặc dù việc tìm kiếm hiện tượng “apomixis” không thành công trên cây lúa. Họ tập trung dòng hóa các gen điều khiển tính trạng này trên các loài khác, sử dụng biện pháp chuyển nạp gen để đưa nó vào lúa lai.

Ở Ấn Độ, hiện có 23 giống lúa lai chủ lực được thương mại hóa (Viraktamath, DRR, Hyderabad). Diện tích lúa lai phát triển 750.000 ha. Nguyên nhân thành công của lúa lai Ấn Độ phải kể đến sự đóng góp của 20 công ty tư nhân, với 6.000 ha nhân giống, cung cấp

12.100 tấn hạt F₁, lợi nhuận mang lại đạt 600-1000 USD /ha. Họ thông báo hiện nay, 95% hạt giống do công ty tư nhân sản xuất, với hơn 8.000 ruộng trình diễn.

Ở Philippines, diện tích lúa lai phát triển được 200.000 ha. Họ tổ chức 20 hợp tác xã sản xuất hạt giống đáp ứng 60% nhu cầu của cả nước. Bên cạnh đó, có những công ty rất lớn như Monsanto, HyRice cũng vào cuộc. Nhóm khoa học gia thảo luận trong tiêu ban này đồng thống nhất quan điểm: nếu không sản xuất thành công hạt giống lai (tư nhân hóa, xã hội hóa) thì việc phát triển lúa lai sẽ bị trở ngại rất lớn.

8. Phẩm chất dinh dưỡng

Xu thế chung của các nước trồng lúa cho chiến lược sắp tới là giải quyết dinh dưỡng cho người sử dụng lúa gạo là nguồn năng lượng cung cấp chính thức hàng ngày.

Công trình nghiên cứu của Apichai Vanavichit và ctv., ĐH Kasetsart, Thái Lan và JIRCAS, Nhật, về dòng hóa gen Os2AP, điều khiển tính trạng mùi thơm (2-acetyl-1-pyrroloine và gamma aminobutyric acid) trong cây lúa. Đây là gen có 15 exon, mã hóa 503 amino acid, tương đồng rất cao với betaine-aldehyde dehydrogenase.

Melissa Fitzgerald, IRRI, đề xuất nhiều phương án để tối đa hóa mức độ an toàn về dinh dưỡng cho người ăn cơm là nguồn lương thực chính. Tinh bột có 3 tiêu chuẩn: tiêu hóa nhanh, hoặc tiêu hóa chậm, hoặc không tiêu hóa. Di truyền của những tính trạng như vậy phải được nghiên cứu nhiều hơn

“Lúa vàng - Một thế hệ mới” là tựa đề do Rhian Howells và ctv. thuộc tổ chức Syngenta trình bày. Chiến lược “biofortification” phải được xem xét một cách đầy đủ về trách nhiệm của chính phủ ở các nước đang phát triển. Có 100-200 triệu trẻ em hiện đang bị thiếu vitamin A. Giống lúa giàu beta-caroten đã được tạo ra thành công ở Việt Nam, Thái Lan, Philippines, Ấn Độ, Trung Quốc,... thông qua phương pháp chuyển nạp gen mục tiêu của một loài vi sinh vật. Đó là một tiềm năng rất lớn vẫn còn đang chờ các quyết định của chính phủ. Hội nghị dự kiến đến cuối 2006 sẽ phát triển ở Trung Quốc và các nước còn lại trong dự án. Cùng thời gian tổ chức hội nghị di truyền, tiêu bang “HarvesPlus Rice Crop” và “Humanitarian Board” đã họp mặt tại IRRI, nhằm kiểm điểm công việc đang triển khai và hoạch định chương trình cho năm sau, tập trung nội dung lúa vàng và lúa giàu sắt, giàu dinh dưỡng vi lượng. Viện Lúa ĐBSCL là một thành viên.

Jianmin Wan và ctv., CAAS, Trung Quốc, công bố kết quả nghiên cứu phẩm chất hạt thông qua việc thiết lập bản đồ QTL. Có tất cả 143 QTL ảnh hưởng đến 19 tính trạng phẩm chất hạt. Trong đó có những tính trạng quan trọng như amylose, độ bạc bụng, hàm lượng protein, độ mềm cơm khi nấu chín

Lúa lai cũng được nghiên cứu rất chi tiết về cải tiến phẩm chất hạt. Sam Sun, ĐH Hồng Kông, nghiên cứu LRP, protein giàu leucine của đậu rồng, dòng hóa gen này và chuyển vào lúa lai, bên cạnh việc cải tiến hàm lượng amylose. Tác giả đã dòng hóa phân tử mRNA và thiết lập bộ sưu tập EST cho hạt lúa lai và thực hiện “profiling” biểu thị sự thể hiện của 44 gen điều khiển tính trạng tinh bột, protein, tổng hợp và biến dưỡng lysine trong quá trình hình thành hạt thóc của cây lúa.

KK Rasmussen và ctv., ĐH Nông Nghiệp Hoàng Gia, Đan Mạch, đã nghiên cứu ở mức độ “proteomic” về tính trạng phytic acid của hạt thóc. Tính trạng này đã làm cho 34% phụ nữ ở Việt Nam ở tuổi sinh sản mắc hội chứng anemia do thiếu sắt. Một đột biến gen LPA của Trung Quốc trên giống lúa trồng, điều khiển hàm lượng phytic acid thấp là sự kiện khoa học rất quan trọng trong vài năm gần đây. Tổng số 86 protein của hạt lúa được phân lập có kích thước đại phân tử: 6 kD – 103 kD. 80% trong số đó được xác định bởi ít nhất 2 “tryptic peptide hits”. 56% protein có 4 hoặc lớn hơn 4 “hits”. Protein OsTIP3 và LEA3 và nhiều enzyme có tính chất “proteolytic” + thể ức chế đều có mặt trong giai đoạn PSV, nhưng không có enzyme phân hủy phytate hiện diện trong tinh thể globoid của tinh bột.

Viện Lúa ĐBSCL tham gia hội nghị với công trình phát triển giống lúa giàu dinh dưỡng các nguyên tố vi lượng cần thiết thông qua chuyển gen và thông qua phương pháp truyền thống.

9. Chiến lược nghiên cứu và kết luận

Dân số toàn cầu từ 2,3 tỉ trong thập niên 1940 đã tăng 6,45 tỉ vào năm 2005. Tốc độ tăng trung bình 1 tỉ dân trong 14 năm. Hình ảnh như vậy đặt ra cho chúng ta một chiến lược phát triển cây lúa trong điều kiện tài nguyên tự nhiên ngày một cạn kiệt, đặc biệt tài nguyên nước, sự ô nhiễm môi trường và sự thay đổi khí hậu toàn cầu. Con đường của lịch sử phát triển ngành di truyền học khá dài, nếu tính từ thời Thomas Fairchild (1719) sáng tạo ra cây trồng lai tạo đầu tiên, cho đến thời kỳ Gregor Mendel (1866) tìm ra định luật di truyền, và cuộc cách mạng xanh sau Thế Chiến thứ II, rồi thế hệ Lúa Vàng ngày hôm nay, với biết bao sự kiện quan trọng về giải mã bộ gen cây lúa. Từ đó, chúng ta có thể tưởng tượng con đường sắp tới của loài người sẽ ra sao (Ronald L. Phillip, ĐH Minnesota, Chủ tịch của McKnight Foundation, USA)

Các phương tiện nghiên cứu ngày một hoàn thiện do sự cải tiến không ngừng về trình độ nghiên cứu, nhằm đạt được một trong bốn mục tiêu của thiên niên kỷ là giảm nghèo xuống còn một nửa dân số toàn cầu đến năm 2015.

Bản chất của công nghệ di truyền tập trung vào 3 nội dung: Ngân hàng gen (giống), công nghệ khả thi (chuyên nạp gen, marker chọn lọc cải biến theo hướng an toàn thí dụ *pmi*, promoter đa chức năng, v.v...), thực hiện các công nghệ ấy đối với các gen điều khiển những tính trạng mong muốn.

Năng suất cây trồng sẽ được cải tiến do 50% đóng góp của ngành di truyền và 50% đóng góp của quản lý tài nguyên thiên nhiên.

Genome học (genomics) là một ngành học mới, một mô hình mới (new paradigm) bao gồm các nội dung về mã di truyền của genome, sự thể hiện gen, chức năng của mỗi gen, hoạt động có hệ thống của các gen tương tác với nhau, phân tích tính trạng phức tạp. Cây lúa là một genome có tính chất tham khảo cho các genome cây trồng khác, hiện được toàn thế giới tập trung nghiên cứu nhiều nhất như genome người và genome cây *Arabidopsis thaliana*.

Nó mang tính chất “reference allele” (alen tham khảo), rồi từ tính chất alen tham khảo đến genome tham khảo, với sự kiện lịch sử rất phong phú về: mô tả các đột biến, bản đồ liên kết gen, di truyền tế bào cây lúa. Công trình của Ahn và Tanksley (ĐH Cornell) về bản đồ liên kết gen có tính chất so sánh vào năm 1993 là cột mốc lịch sử. Sau đó Devos và Gale (1999) đã đưa ra khái niệm “synteny” giữa genome cây lúa, kê, mía, cao lương, bắp, lúa mì, kiều mạch. Người ta đã thiết lập thành công bản đồ so sánh thống nhất trong genus *Oryza* với 11 loài lúa hoang trong dự án OMAP. Tính chất đa dạng được khẳng định từ nguồn tổ tiên. Có 22% gen thống nhất với tổ tiên của cây bắp hiện nay, nhưng người ta không tìm ra trên cây lúa. Wang và ctv. (2005) đã nghiên cứu trên nhiễm sắc thể 11 và 12, kết luận rằng hiện tượng tự tái bản các đoạn phân tử có từ 5 triệu năm trước đây.

Sự kiện thành lập consortium quốc tế về genome học chức năng của cây lúa (IRFGC) nhằm mục đích: phân biệt rõ chức năng của tất cả các gen cây lúa thông qua hợp tác quốc tế, phục vụ việc cải tiến giống lúa tốt hơn đối với các tính trạng nông học quan trọng, trong vòng 10 năm tới.

IRFGC có tất cả 17 phòng thí nghiệm và Viện nghiên cứu nổi tiếng tham gia: Hàn Quốc, Nhật, Đài Loan, Singapore, Ấn Độ, USA, Canada, Australia, Pháp, Hà Lan, CIAT, và IRRI.

Hướng nghiên cứu ưu tiên: (được thống nhất trong hội thảo IRFGC)

- (1) Nghiên cứu các gen và các hệ thống gen của lúa hoang và lúa trồng

- (2) Nghiên cứu các gen dẫn đến sự khác biệt giữa japonica với indica
- (3) Nghiên cứu các gen dẫn đến sự khác biệt giữa lúa với Arabidopsis

Tất cả đều dựa trên cơ sở vật liệu đột biến, phân tích “gene array” và thể hiện gen, sử dụng “bioinformatics và ngân hàng dữ liệu thống nhất, xác định chức năng của các gen.

Việc tiếp cận các “Mutant Stocks” được dễ dàng hơn khi IRFGC cho phép chúng ta chia sẻ thông tin trên mạng **IRIS** (<http://www.iris.irri.org>) bao gồm chương trình đối phó với các thách thức do stress, các tính trạng nông học có liên quan đến chống chịu stress

Bên cạnh đó, ngân hàng dữ liệu về “rice sequence flanking tag” để xác định các “gene knockouts” được phổ biến rộng rãi trên phần mềm **OryGenes DB** do Pereira và ctv. thiết kế (xem <http://orygenesdb.cirad.fr>). Lúa japonica và indica biểu thị tính chất đa hình trên 80.000 vị trí của genome, gấp 20 lần hơn so với hai ecotype của Arabidopsis. Đó là một thuận lợi rất lớn cho genome cây lúa.

Việc thiết lập SNP để bổ sung với marker SSR (microsatellite) được xem như hướng ưu tiên cho 5 năm tới (công trình này được thực hiện thông qua hợp tác giữa IRRI, Perlegen Sciences, Inc., và USDA)

Hướng ưu tiên cho bioinformatics: (1) khả năng phân biệt gen với những sequence khác; (2) so sánh các chuỗi trình tự giữa các loài với ngân hàng dữ liệu có sẵn; (3) phân tích “datapoints” có tính chất phức tạp và khối lượng cực kỳ to lớn; (4) tìm thấy các hợp phần của gen.

Hội nghị khuyến khích sử dụng ngân hàng dữ liệu GRAMENE. Bởi vì nó rất tiện dụng cho phân tích so sánh genome (đặc biệt họ Graminae, còn được biết với tên gọi mới là Poaceae), tạo điều kiện thuận lợi cho nghiên cứu tính đồng dạng giữa các loài, khả năng tham khảo 8.400 QTL.

Làm thế nào ứng dụng thành tựu của nội dung khám phá gen (Gene Discovery) vào công tác chọn tạo giống lúa? Hội nghị đề nghị tiến trình chia làm 3 bước: [1] xác định gen mục tiêu bằng các quần thể NIL, RIL, mutants,... rồi phân tích theo kiểu so sánh; [2] thực hiện phân tích xác định mồi alen (allele mining); [3] cải tiến giống lúa nhờ marker phân tử, nhờ chuyển nạp gen, nhằm tạo ra giống lúa có giá trị tăng dần lên - thuật ngữ “**value-added varieties**”.

Công tác chọn tạo giống lúa trong tương lai giống như công việc theo dõi dấu vết của những đoạn phân tử cực nhỏ trên mỗi nhiễm sắc thể của quần thể con lai đang phân ly, rồi tiến hành lựa chọn các tính trạng trên cơ sở đánh giá kiểu gen nhờ marker phân tử, kiểm tra lại kiểu hình trên các vùng sinh thái khác nhau.

Genomics có tính so sánh là nội dung quan trọng trong thời gian qua và trong tương lai với những ứng dụng cực kỳ nhanh chóng của nó. Từ công trình của Moore và ctv. (1995) đến công trình của Paterson và ctv. (2004) cho thấy: genome cây lúa không phải đơn giản, nó được xem là genome tổ tiên của các mồi cốc khác, với 62% transcriptome có tính chất lặp đoạn (duplicated). Lặp đoạn ở đây bao gồm sự mất gen và sự chuyên biệt hóa, thông qua nghiên cứu “Oxford Grid”

Lịch sử di truyền lúa hoang và bản đồ QTL lúa hoang cũng được đề cập. Bởi vì chúng ta tốn kém rất nhiều tiền của để bảo tồn tài nguyên di truyền, nhưng việc khai thác sử dụng nguồn tài nguyên này còn quá hạn chế. Hội nghị khuyến khích việc thích ứng hóa marker SSR từ genome lúa trồng sang genome lúa hoang.

Kỷ nguyên mới xem xét sự thành công của nông nghiệp như một bàn cân, đầu kia là khoa học và tri thức. Nhiệm vụ loài người làm sao giữ cho nó cân bằng.

Hội nghị nhắc lại câu nói của Albert Einstein: “Tôi chưa đủ tài của một nghệ sĩ để tự do vẽ vờ sự tưởng tượng của mình. Sự tưởng tượng quan trọng hơn kiến thức. Kiến thức có giới hạn. Tưởng tượng chạy vòng quanh thế giới này”

Chúng tôi không đủ thời gian tham dự hết tất cả nội dung được trình bày trong hội nghị, do vậy chắc chắn những ghi nhận này không đầy đủ. Nhưng điều rút ra được ghi nhận lại cho thấy trình độ giữa Châu Á và các nước phương Tây đã được rút ngắn rất nhiều. Trung Quốc, Nhật Bản, Hàn Quốc, Ấn Độ đã thể hiện trình độ rất cao trong nghiên cứu cơ bản về di truyền. Chúng ta còn phải phấn đấu rất nhiều, nhưng không có nghĩa mình không thể tiếp cận được với thành tựu của thế giới. Hướng nghiên cứu đã chuyển từ Genomics sang Functional Genomics rất rõ ràng. Hướng phát triển cây lúa biến đổi gen gặp nhiều khó khăn không phải do khoa học, mà chủ yếu do chính trị (sự tranh cãi của Tây Âu + sự do dự của các quốc gia trồng lúa trong lựa chọn giải pháp tối ưu).