

# MỘT SỐ CÔNG NGHỆ TRONG CHỌN GIỐNG NGŨ TRÊN THẾ GIỚI VÀ TRIỂN VỌNG TẠI VIỆT NAM

Nguyễn Xuân Thắng<sup>1</sup>, Lê Văn Hải<sup>1</sup>, Bùi Mạnh Minh<sup>1</sup>, Hoàng Kim Thoa<sup>1</sup>, Nguyễn Chí Thành<sup>1\*</sup>

## TÓM TẮT

Cây ngô (*Zea mays* L.) là cây trồng có vai trò quan trọng đối với an ninh lương thực, an ninh dinh dưỡng và phát triển kinh tế toàn cầu và ở Việt Nam. Trong những năm gần đây, nhiều công nghệ mới đã được ứng dụng trong chọn tạo giống ngô, bao gồm chọn giống phân tử, chọn lọc hệ gen, chỉnh sửa gen, chuyển gen, công nghệ phân tích sinh học phân tử, tin sinh học và trí tuệ nhân tạo. Nhằm thúc đẩy mạnh mẽ chương trình nghiên cứu và chọn tạo giống ngô ưu việt, yêu cầu đặt ra là cần có thêm các công trình nghiên cứu tổng hợp, phân tích và đánh giá một cách hệ thống, khách quan về hiệu quả và tiềm năng của những công nghệ đã và đang được triển khai thành công trên thế giới. Việc tổng hợp chi tiết các công trình khoa học đã được công bố sẽ góp phần xây dựng một cơ sở dữ liệu có độ tin cậy và giá trị khoa học cao. Nguồn tài liệu này sẽ là nền tảng quan trọng để các nhà khoa học, nhà quản lý và doanh nghiệp tại Việt Nam đánh giá triển vọng, tính khả thi về mặt kỹ thuật của việc ứng dụng các công nghệ tiên tiến này vào thực tiễn chọn tạo giống và sản xuất ngô trong điều kiện cụ thể ở nước ta hiện nay.

**Từ khóa:** Công nghệ, nghiên cứu, chọn giống, triển vọng, cây ngô

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây ngô (*Zea mays* L.) là cây trồng có vai trò quan trọng trong an ninh lương thực toàn cầu với 1.214,35 triệu tấn trong niên vụ 2024/2025 (USDA, 2025) và trong nền kinh tế thế giới với giá trị đạt khoảng 360 tỷ USD (Mordor Intelligence, 2025). Cây ngô được xem là mô hình để nghiên cứu áp dụng các công nghệ tiên tiến và mới nhất trong lĩnh vực thực vật (Butrón *et al.*, 2023), bao gồm công nghệ sinh học phân tử và trí tuệ nhân tạo, nhờ đó chỉ trong hai thập kỷ qua năng suất ngô trên thế giới đã tăng nhanh từ 4,88 tấn/ha (niên vụ 2004/2005) đến 6 tấn/ha (niên vụ 2024/2025), vượt qua năng suất lúa mì (3,57 tấn/ha) và lúa nước (4,73 tấn/ha) (USDA, 2025).

Ở Việt Nam, ngô là nguyên liệu chính của ngành sản xuất thức ăn chăn nuôi và công nghiệp chế biến với tổng nhu cầu lên tới 16 triệu tấn ở niên vụ 2023/2024 (USDA, 2025), trong khi đó sản xuất trong nước chỉ đạt khoảng 4,4 triệu tấn (Tổng cục Thống kê, 2025), dẫn tới năm 2024 Việt Nam đã nhập khẩu 12,5 triệu tấn hạt ngô với giá trị tương đương 3,04 tỷ USD (Tổng cục Hải quan Việt Nam, 2025). Nhằm hướng tới một nền sản xuất ngô bền vững, thích ứng với biến đổi khí hậu và phù hợp với các tiêu chuẩn quốc tế trong bối cảnh cạnh tranh toàn cầu, công nghệ, đổi mới sáng tạo và chuyển đổi số được xác định là các yếu tố then chốt có tính quyết định đến sự thành công của chương trình chọn giống ngô của Viện Nghiên cứu Ngô trong giai đoạn tới. Do đó, cần có các nghiên cứu tổng thể trên cơ sở phương pháp thu thập, tổng hợp và phân tích đánh giá thông tin đã được công bố về các tiến bộ công nghệ khoa học hiện nay đang áp dụng trong nghiên cứu chọn giống ngô, đó là chọn lọc hỗ trợ bằng chỉ thị phân tử (Marker assisted

selection - MAS), chọn lọc hệ gen (Genomic selection - GS), chỉnh sửa hệ gen (Genome editing), tin sinh học (Bioinformatics) và công nghệ trí tuệ nhân tạo (Artificial intelligence - AI) (Alpsalaz *et al.*, 2025), từ đó xác định được thách thức và cơ hội trong chọn giống ngô hiện nay. Kết quả nghiên cứu này là cơ sở để Viện Nghiên cứu Ngô tiếp cận, từng bước làm chủ và ứng dụng công nghệ khoa học vào nghiên cứu chọn giống ngô một cách hiệu quả và phù hợp với điều kiện thực tiễn ở Việt Nam.

## II. MỘT SỐ CÔNG NGHỆ TRONG NGHIÊN CỨU CHỌN GIỐNG NGŨ TRÊN THẾ GIỚI

Nền tảng của nghiên cứu chọn giống ngô lai là ứng dụng hiện tượng ưu thế lai, bao gồm các tương tác alen trên toàn bộ hệ gen, tương tác giữa các locus tính trạng số lượng (Quantitative Trait Locus - QTL) và tương tác giữa các hệ gen xảy ra khi hai bộ gen của bố mẹ kết hợp trong con lai F<sub>1</sub>. Hiện nay, so với các cây ngũ cốc khác, đặc biệt là lúa mì và lúa gạo, sự hiểu biết về cơ chế chức năng của nhiều gen ở cây ngô, đặc biệt là những gen liên quan đến ưu thế lai là chưa được làm rõ (Zhao-Bang Zeng *et al.*, 2025). Việc tích hợp các chỉ thị phân tử của toàn bộ hệ gen trong các chương trình chọn giống dựa trên nghiên cứu hệ gen được xem là một phương pháp khả thi để nâng cao hiệu quả công tác chọn giống ngô lai và là hướng đi có nhiều triển vọng (Gedil & Menkir, 2019).

Chọn lọc hệ gen (GS) đóng vai trò quan trọng trong chiến lược chọn giống dựa trên hệ gen vì không yêu cầu hiểu biết sâu rộng về chức năng gen hoặc đánh giá chính xác hiệu quả của từng chỉ thị phân tử (Voss-Fels *et al.*, 2019). Trong kỷ nguyên khoa học nghiên cứu hệ gen hiện nay, việc kết hợp các chiến lược và phương pháp khác nhau là hướng đi có tính khả thi cao để tăng năng

<sup>1</sup> Viện Nghiên cứu Ngô

\* Tác giả liên hệ, email: thanhchinguyennhn@gmail.com

suất ở cây ngô. Đó là sự kết hợp tổng thể của phân tích đánh giá kiểu gen, kiểu hình, chỉnh sửa gen, sinh học tổng hợp, tin sinh học và công nghệ trí tuệ nhân tạo (Gedil & Menkir, 2019). Việc tích hợp lĩnh vực về phân tích dữ liệu sinh học phân tử của ngô với nghiên cứu hệ gen, đánh giá phân tích kiểu hình, di truyền học biểu sinh (Epigenetics), phân tích quá trình phiên mã (nghiên cứu về các phân tử ARN trong một tế bào hoặc quần thể tế bào), nghiên cứu hệ protein và nghiên cứu về các chất chuyển hóa sẽ tạo thành nền tảng quan trọng cho các phương pháp học máy (machine learning) nhằm xây dựng các mô hình minh họa sự tương tác giữa các thành phần di truyền khác nhau (Liu *et al.*, 2025). Trong khuôn khổ của chương trình chọn giống ngô, các cách tiếp cận phải tối đa hóa việc kết hợp các alen có lợi vào một kiểu gen để đạt được mục tiêu tăng năng suất, nâng cao các đặc tính chất lượng, làm giảm công sức lai tạo trên đồng ruộng. Ở cây ngô, nhiều tính trạng cải tiến có thể đạt được thông qua hai hoặc ba chu kỳ chọn lọc lai tạo ở phạm vi quần thể quy mô nhỏ, do khai thác tối đa sự đa dạng di truyền đã có của nguồn vật liệu nghiên cứu.

Để chương trình nghiên cứu chọn giống ngô thành công, đáp ứng yêu cầu của sản xuất thực tiễn hiện nay, cần thiết phải sử dụng kết hợp và đồng thời nhiều phương pháp, kỹ thuật tiên tiến nhằm tăng tốc độ và hiệu quả của quá trình chọn giống. Trong bài báo này, chúng tôi đã thống kê một số phương pháp, công nghệ tiên tiến, đó là chọn lọc chỉ thị phân tử, chọn lọc hệ gen, chỉnh sửa gen, chuyển gen với phân tích dữ liệu sinh học phân tử, tin sinh học và công nghệ trí tuệ nhân tạo và đánh giá tiềm năng ứng dụng của các công nghệ này vào quy trình chọn giống ngô ở Việt Nam.

### 2.1. Ứng dụng chỉ thị phân tử trong nghiên cứu chọn giống ngô

Trong các chương trình nghiên cứu chọn giống ngô, mục tiêu chung là hướng tới các tính trạng hoặc đặc điểm mong muốn như năng suất, chất lượng hạt, khả năng chống chịu. Do đó, bên cạnh phương pháp chọn giống truyền thống dựa trên hiện tượng ưu thế lai, chọn giống phân tử và chọn lọc hỗ trợ bằng chỉ thị phân tử (MAS) được xem là một trong những phương pháp hiệu quả trong chọn giống ngô. Chọn giống ứng dụng chỉ thị phân tử có thể nâng cao năng suất ngô mà không cần mở rộng diện tích hoặc nguồn lực lớn như nhiều phương pháp công nghệ sinh học phân tử khác.

Hiện nay, một số phương pháp đang được áp dụng trong chọn giống ngô bằng chỉ thị phân tử như là xác định các tính trạng đơn gen hoặc đa gen trong tạo dòng hoặc lai tạo giữa các quần thể, kết hợp gen của các dòng hoặc họ hàng hoang dại của cây ngô vào nguồn vật liệu nghiên

cứu, tích lũy gen (gene pyramiding), chọn lọc chu kỳ hỗ trợ bởi chỉ thị phân tử (Marker assisted recurrent selection - MARS) và lai trở lại hỗ trợ bởi chỉ thị phân tử (Marker assisted backcross - MABC). Chọn lọc hỗ trợ bởi chỉ thị phân tử có vai trò quan trọng trong tăng cường các tính trạng di truyền ở cây ngô như nghiên cứu cơ chế di truyền về khả năng chịu hạn (Prasanna *et al.*, 2020), nâng cao khả năng sử dụng chất dinh dưỡng (Singh *et al.*, 2021) và khả năng chống chịu sâu bệnh (Chen *et al.*, 2024).

Ở Việt Nam, ứng dụng chỉ thị phân tử được xem là một trong những phương pháp đã được ứng dụng rộng rãi và nhiều thành tựu trong chọn tạo giống ngô chịu hạn (Nguyen Xuan Thang *et al.*, 2020), giống ngô chất lượng (Nguyễn Đức Trung và *cs.*, 2023; Nguyễn Văn Hà và *cs.*, 2024), giống ngô kháng bệnh (Vương Huy Minh và *cs.*, 2018). Từ đó cho thấy, bên cạnh các công nghệ đang được phát triển gần đây, ứng dụng chỉ thị phân tử là phương pháp có tính hiệu quả và khả thi cao trong điều kiện nghiên cứu chọn giống ngô ở Việt Nam, kết hợp với đánh giá chọn lọc kiểu hình trong nhà lưới và trên đồng ruộng thí nghiệm như ở Viện Nghiên cứu Ngô hiện nay.

### 2.2. Ứng dụng chọn lọc hệ gen trong nghiên cứu chọn giống ngô

Chọn lọc hệ gen (GS) là bước tiến tiếp theo của phương pháp chọn lọc hỗ trợ bởi chỉ thị phân tử (MAS), qua đó có thể nâng cao hiệu quả của quá trình chọn lọc và đẩy nhanh quá trình chọn giống thông qua việc sử dụng các chỉ thị phân tử trên toàn bộ hệ gen nhằm dự đoán tác động của các locus gen di truyền số lượng và giá trị chọn giống ước tính bằng di truyền (Gunundu *et al.*, 2023). Phương pháp chọn giống bằng chọn lọc hệ gen được Lande và Thompson (2000) đề xuất và sau đó được Meuwissen và cộng sự (2001) phát triển. Chọn lọc hệ gen có thể ước tính tiềm năng năng suất của từng cá thể một cách nhanh chóng và tiết kiệm chi phí, nhờ đó rút ngắn thời gian và chi phí của quá trình chọn giống. Trái ngược với phương pháp nghiên cứu liên kết toàn bộ hệ gen (GWAS) và phân tích liên kết gen, mục tiêu chính của chọn lọc hệ gen không phải là xác định chính xác các QTL cụ thể mà là đưa ra dự đoán về mức độ biểu hiện của thể hệ con lai dựa trên thông tin ADN được thu thập của bố mẹ, qua đó nhà chọn giống có thể dự đoán được giá trị chọn giống, bằng cách sử dụng dữ liệu của các chỉ thị phân tử (Escamilla *et al.*, 2025). Dự đoán này dựa trên các mô hình thống kê được phát triển bằng cách sử dụng dữ liệu kiểu gen và kiểu hình của quần thể mô hình, mà ở đó các chỉ thị phân tử được xem là yếu tố ngẫu nhiên. Phương pháp phân tích này là rất cần thiết vì số lượng chỉ thị phân tử thường lớn hơn nhiều so với

số lượng cá thể trong quần thể mô hình, nên việc ước tính tác động của từng chỉ thị riêng lẻ trở nên không thể thực hiện được do bậc tự do là nhân tố giới hạn trong phân tích thống kê (Bernardo & Yu, 2007).

Phương pháp chọn lọc hệ gen có thể đánh giá các tính trạng của cá thể bằng cách sử dụng các chỉ thị phân tử ngay ở giai đoạn đầu của chu kỳ của cây trồng (Alemu *et al.*, 2024) nên có nhiều ưu điểm so với phương pháp MAS truyền thống, đặc biệt chọn lọc hệ gen là không yêu cầu lập bản đồ QTL và phương pháp này dự đoán giá trị chọn giống bằng cách sử dụng bộ chỉ thị phân tử phân bố đều trên toàn bộ hệ gen (Jannink *et al.*, 2010). Phương pháp chọn lọc hệ gen có thể áp dụng ở giai đoạn sớm vì nó có thể dự đoán chính xác tác động của các QTL bằng cách sử dụng các chỉ thị phân tử ở mật độ cao và ước tính phương sai di truyền của các tính trạng mong muốn. So với phương pháp MAS vốn chỉ dựa vào một số lượng chỉ thị phân tử nhất định để lựa chọn tính trạng mong muốn, phương pháp chọn lọc hệ gen rút ngắn khoảng cách thế hệ, đẩy nhanh tiến bộ chọn giống (Sinha *et al.*, 2023), có hiệu quả vượt trội trong việc chọn lọc các tính trạng có hệ số di truyền thấp. Đối với phương pháp chọn lọc hệ gen, giá trị chọn giống được xem là tiêu chí chọn lọc, đó là tác động tổng thể của các hiệu ứng di truyền đa alen cho mỗi cá thể, cách tiếp cận này được biết đến với độ chính xác vượt trội vì nó đánh giá giá trị trung bình của thế hệ con, thay vì chỉ dựa vào giá trị kiểu hình của bố mẹ (Meuwissen *et al.*, 2001). Tuy nhiên, việc áp dụng phương pháp chọn lọc hệ gen là khó khăn trong điều kiện nguồn lực nghiên cứu có hạn vì độ chính xác và tính hiệu quả của phương pháp này liên quan tới quy mô và sự biến động của quần thể mô hình cũng như hệ số di truyền của tính trạng nghiên cứu, đồng thời việc phức tạp trong phân tích thống kê do có liên quan đến số lượng lớn các dữ liệu chỉ thị phân tử, trong đó số lượng chỉ thị vượt nhiều lần so với số lượng cá thể quan sát trực tiếp (Crossa *et al.*, 2017).

Ở cây ngô, phương pháp chọn lọc hệ gen đã giúp rút ngắn thời gian và nâng cao hiệu quả chọn giống so với phương pháp chọn lọc kiểu hình truyền thống, nhờ đó các chương trình nghiên cứu chọn giống ngô trên thế giới đã đạt được nhiều thành tựu với bộ giống ngô thương mại có nhiều đặc tính nông sinh học ưu tú (Gunundu *et al.*, 2023). Phương pháp chọn lọc hệ gen đã được áp dụng có hiệu quả để cải tiến các tính trạng khác nhau ở cây ngô như tỷ lệ hạt, năng suất hạt, độ ẩm của hạt, chiều dài bắp, đường kính bắp, số hàng hạt/bắp, số nhánh cờ, số hạt/hàng, khối lượng hạt, tổng số hạt/bắp và tỷ lệ hạt/bắp (Sun *et al.*, 2023). Từ thực tiễn cho thấy phương pháp chọn lọc hệ gen là một công cụ có giá trị để

cải tiến nhiều tính trạng quan trọng, có nhiều triển vọng trong việc nâng cao năng suất, chất lượng cây ngô trên thế giới và ở Việt Nam.

### 2.3. Ứng dụng công nghệ chỉnh sửa gen trong nghiên cứu chọn giống ngô

Chỉnh sửa gen là một trong các kỹ thuật di truyền liên quan đến việc thay đổi ADN trong các tế bào sống một cách có chủ ý thông qua việc chèn, xóa hoặc sửa đổi vật liệu di truyền. Chỉnh sửa gen là một phương pháp chính xác để sửa đổi trình tự nucleotide của bộ gen với mức độ đặc hiệu cao tới từng cặp bazơ riêng lẻ, bao gồm hệ thống các kỹ thuật và phương pháp được thiết kế để thực hiện các sửa đổi có chủ đích và chỉnh sửa di truyền đối với cấu tạo của một cá thể sinh vật. Nền tảng của công nghệ chỉnh sửa gen là dựa trên các nuclease đặc hiệu vị trí (sequence-specific nuclease - SSN), đây là các enzyme có khả năng tự điều chỉnh nhằm hướng tới các trình tự gen mục tiêu cụ thể. Bằng cách sử dụng các nuclease đã được sửa đổi này, có thể loại bỏ, chèn hoặc thay thế các trình tự gen cụ thể một cách chính xác, điều này chứng minh ưu điểm của đột biến định hướng so với các phương pháp đột biến ngẫu nhiên (Perez-Pinera *et al.*, 2012).

Các kỹ thuật chỉnh sửa hệ gen bao gồm các phương pháp như sử dụng enzyme cắt ADN meganuclease (là một loại enzyme có khả năng nhận biết và cắt một chuỗi ADN cụ thể, có kích thước khoảng 12 đến 40 cặp bazơ), enzyme chỉnh sửa gen ZFN (*Zinc Finger Nucleases*) là một loại enzyme được thiết kế để cắt ADN tại một vị trí cụ thể và enzyme TALENs (*Transcription Activator-Like Effector Nucleases*) là enzyme được thiết kế gồm một protein có khả năng nhận biết trình tự ADN cụ thể và một enzyme nuclease được liên kết với protein đó. Các phương pháp này đều sử dụng các hệ thống dựa trên công nghệ protein tái tổ hợp, có thể hiệu chỉnh được để có thể liên kết với đoạn ADN trong hệ gen một cách chính xác và cụ thể. Trong thời gian gần đây, phương pháp chỉnh sửa gen được áp dụng phổ biến nhất trong nghiên cứu là CRISPR-Cas9 (Clustered regularly interspaced short palindromic repeats - associated 9 nucleases) là các đoạn ADN lặp lại xen kẽ với các đoạn ADN spacer. Một hệ CRISPR-Cas9 tiêu chuẩn thường gồm 2 thành phần: enzyme Cas9 nuclease và RNA dẫn đường, nhằm mục tiêu hướng nuclease đến một trình tự ADN cụ thể (Sander & Joung, 2014).

Những hạn chế của phương pháp đột biến ngẫu nhiên đã thúc đẩy nghiên cứu công nghệ đột biến gen định hướng chính xác, nhờ đó tạo ra nhiều thành tựu lớn trong thập kỷ qua, nhờ đó đã làm tăng đáng kể độ chính xác của kỹ thuật chỉnh sửa gen (Pacesa *et al.*, 2024). Thế hệ đầu tiên của các phương pháp chỉnh sửa bộ gen mục tiêu, bao gồm

phương pháp ZFN và TALEN, đã đạt được một số thành công nhưng vẫn còn một số hạn chế (Chandrasegaran & Carroll, 2016). Ngược lại hệ thống CRISPR/Cas9 được xem là cuộc cách mạng trong lĩnh vực chỉnh sửa bộ gen nhờ thiết kế đơn giản, tính linh hoạt trong vận hành và tính hiệu quả về mặt chi phí (Ansori *et al.*, 2023).

Việc ứng dụng CRISPR/Cas9 trong nghiên cứu cây ngô đạt được nhiều thành tựu nhờ hiệu quả đột biến mục tiêu ở nguyên sinh chất là 13,1% đối với gen sinh tổng hợp axit phytic, *ZmIPK*, trong khi hệ thống TALEN chỉ đạt 9,1% (Liang *et al.*, 2014), đồng thời công nghệ chỉnh sửa gen CRISPR đã chứng minh tạo ra tần suất đột biến ở ngô cao hơn 10 - 20 lần so với tần suất quan sát được bằng kỹ thuật sử dụng enzyme meganucleases (Svitashev *et al.*, 2015). Gần đây, một hệ thống nghiên cứu có tên gọi là "ISU Maize CRISPR" đã được xây dựng nhằm nâng cao hiệu quả đột biến định hướng vị trí cụ thể ở cây ngô, hệ thống này sử dụng vectơ nhân dòng *Escherichia coli* và vectơ nhị phân *Agrobacterium*, cho phép kết hợp tới bốn RNA hướng dẫn đơn (sgRNA) để tạo ra đơn hoặc đa đột biến. Công nghệ này là bước phát triển quan trọng trong ứng dụng hệ thống CRISPR/Cas9 để chỉnh sửa gen đa diện về cải tiến năng suất, chất lượng và khả năng chống chịu ở cây ngô, đồng thời mở ra các hướng nghiên cứu đầy triển vọng (Jiang *et al.*, 2022).

Như vậy, công nghệ chỉnh sửa gen là dựa trên sự hiểu biết cấu trúc phân tử của gen mục tiêu và sử dụng các phương pháp chính xác có mục tiêu trên cơ sở kiến thức phân tử của gen cụ thể đó. Điều này cho phép công nghệ chỉnh sửa gen có thể chỉnh sửa gen có chủ đích và chính xác cao theo cách được kiểm soát. Một trong những mối quan tâm liên quan đến chỉnh sửa gen ở thực vật nói chung và ở cây ngô nói riêng là khả năng xảy ra các biến đổi di truyền không mong muốn phát sinh từ các đột biến ngoài mục tiêu (Pineda *et al.*, 2019). Những đột biến ngoài mục tiêu này đề cập đến những thay đổi không mong muốn trong trình tự ADN của bộ gen thực vật, xảy ra ở các vị trí khác ngoài vị trí mục tiêu ban đầu, có thể dẫn tới các tác động không thể dự đoán được đến các đặc điểm của cây ngô và gây ra các mối quan ngại về an toàn và môi trường. Như vậy, có thể thấy chỉnh sửa gen có thể có cả tác động tích cực và tiêu cực đối với các nghiên cứu cây ngô, đặc biệt là liên quan đến đa dạng sinh học, một mặt nó có khả năng góp phần làm giảm sự đa dạng sinh học của các loài ngô địa phương, mặt khác nó cũng có thể được sử dụng để tăng cường tính đa dạng và giải quyết các mối đe dọa mới nổi trong nền nông nghiệp hiện đại hiện nay.

Ở Việt Nam, các nhà khoa học đã nghiên cứu thành công ứng dụng công nghệ chỉnh sửa gen nhằm nâng cao năng suất, chất lượng và khả năng chống chịu ở cây ngô

(Nguyễn Hữu Kiên và *cs.*, 2025), do đó đây được xem là phương pháp có nhiều triển vọng và có tính khả thi cao trong nghiên cứu chọn giống ngô hiện nay ở nước ta. Tính hiệu quả của ứng dụng phương pháp này sẽ cao hơn khi có sự kết hợp giữa các nhà khoa học, các tổ chức nghiên cứu cơ bản và ứng dụng.

#### 2.4. Ứng dụng công nghệ chuyển gen trong nghiên cứu chọn giống ngô

Công nghệ chuyển gen thực vật (Plant genetic transformation) là tập hợp các kỹ thuật đưa một đoạn ADN ngoại lai vào hệ gen của thực vật thông qua vi khuẩn *A. tumefaciens*, từ đó giúp cây trồng biểu hiện một đặc tính mới mà trước đó không có. Ngày nay, giống cây trồng biến đổi gen (Genetically modified - GM) đã được sử dụng rộng rãi và được xem là một trong những thành tựu lớn nhất trong nông nghiệp với diện tích toàn cầu là 209,8 triệu ha. Các cây trồng chuyển gen phổ biến nhất hiện nay là đậu tương, ngô, bông và cải dầu, trong đó cây ngô chuyển gen có diện tích 68,4 triệu ha năm 2024 (Agbio Investor, 2025), chiếm 33,7% tổng diện tích trồng ngô toàn cầu.

Trong ba thập kỷ qua các giống ngô biến đổi gen với khả năng kháng thuốc diệt cỏ và côn trùng đã được đưa vào sử dụng có hiệu quả trên thế giới. Thế hệ giống ngô biến đổi gen đầu tiên thường chỉ có một gen duy nhất với cơ chế chính xác nhằm vào một bộ côn trùng cụ thể qua đó có thể tạo ra khả năng kháng côn trùng. Ở các thế hệ ngô biến đổi gen tiếp theo, thông qua phương pháp lai tạo đã tạo ra các giống ngô có thể kháng đồng thời thuốc diệt cỏ và côn trùng, cũng như kháng nhiều loài côn trùng, nhờ đó thiết lập được các cơ chế kháng nhiều bộ côn trùng khác nhau. Nghiên cứu các đặc tính liên quan đến các tính trạng di truyền số lượng như khả năng chống chịu phi sinh học, sử dụng chất dinh dưỡng hiệu quả và tăng năng suất là rất phức tạp và thực sự thách thức đối với các nhà khoa học do những tính trạng này được kiểm soát bởi đa gen và chịu ảnh hưởng của các yếu tố môi trường. Quá trình từ lúc nghiên cứu đến khi công nhận giống ngô biến đổi gen hiện nay kéo dài trung bình khoảng 11 - 13 năm, tùy thuộc vào tính trạng nghiên cứu và nguồn lực hiện có.

Với sự ra mắt của giống ngô biến đổi gen kháng côn trùng đầu tiên có thể tiếp cận được trên thị trường đã đánh dấu sự khởi đầu của một hành trình dẫn đến phê duyệt 307 sự kiện ngô biến đổi gen để sử dụng thương mại toàn cầu (ISAAA, 2025). Đến năm 2024, diện tích trồng ngô biến đổi gen trên toàn thế giới đã mở rộng lên 68,4 triệu ha, với diện tích lớn nhất là Hoa Kỳ (34,8 triệu ha); ở Việt Nam, ngô biến đổi gen chiếm khoảng 50% diện tích trồng ngô (Agbio Investor, 2025). Trong số các loại cây trồng, ngô có số lượng sự kiện biến đổi

gen được chấp thuận lớn nhất với 148 sự kiện trên 35 quốc gia. Hầu hết các sự kiện này tích hợp các tính trạng như kháng côn trùng, khả năng chịu thuốc diệt cỏ, ngoài ra còn có các sự kiện về các tính trạng như khả năng sinh sản, bất dục đực, tăng cường khả năng chịu hạn, sản xuất enzyme phytase, hàm lượng axit amin biến đổi và enzyme alpha-amylase, tăng cường quang hợp và sinh khối bắp. Những sự kiện chuyển gen này bao gồm tổng cộng 39 gen riêng lẻ, trong đó liên quan nhiều đến khả năng kháng côn trùng (18 gen) và khả năng chịu thuốc diệt cỏ (11 gen). Thế hệ giống ngô chuyển gen tiếp theo là sự kết hợp giữa các sự kiện mang protein ngoại lai có khả năng diệt côn trùng như sự kiện *Vpb4Da2*, *DvSnf7 RNA* và *IPDO72Aa*. Các protein này được thiết kế để kiểm soát các quần thể côn trùng đã phát triển khả năng kháng gen *Bt* (Yin *et al.*, 2020). Ngoài ra, các giống ngô chuyển gen triển vọng mới có năng suất hạt cao được phát triển bằng cách tăng cường hoạt tính của gen *zmm28* và *ZM-BG1H1* (Simmons *et al.*, 2020) và tăng cường khả năng chịu hạn, chống đổ rễ thông qua việc tăng cường biểu hiện của gen *ARGOS8* (Shi *et al.*, 2019).

## 2.5. Ứng dụng công nghệ phân tích dữ liệu sinh học phân tử trong nghiên cứu chọn giống ngô

Những tiến bộ trong lĩnh vực công nghệ sinh học và khoa học máy tính đã mở đường cho việc hình thành ngành khoa học phân tích dữ liệu sinh học phân tử (Omics technologies) trên quy mô lớn cho nhiều bộ thực vật, bao gồm các giống cây trồng và loài khác nhau (Li & Yan, 2020) việc áp dụng các kỹ thuật phân tích dữ liệu sinh học phân tử đã giúp các nhà khoa học nghiên cứu phát hiện gen, chức năng của gen, các loại ARN hoặc protein đặc hiệu có liên quan, các thuộc tính cấu trúc của phân tử và cách ảnh hưởng tới sự biểu hiện của các đặc điểm hình thái. Những gen được xác định này có thể được chỉnh sửa, kiểm soát hoặc chuyển gen nhằm tạo ra các giống cây trồng hoặc giống lai mới với các đặc điểm nông sinh học ưu việt. Phương pháp phân tích dữ liệu sinh học đa phân tử đã chứng minh được khả năng thành công trong việc nâng cao năng suất cây trồng và tăng cường khả năng chống chịu với các điều kiện bất thuận trong nông nghiệp. Các phương pháp sinh học phân tử bao gồm các công nghệ phân tích dữ liệu sinh học phân tử khác nhau như nghiên cứu phân tích hệ gen, nghiên cứu quá trình phiên mã, nghiên cứu protein và quá trình trao đổi chất, đã và đang đóng vai trò quan trọng trong việc thúc đẩy các lĩnh vực nghiên cứu này (Somegowda *et al.*, 2021).

Genomics - là lĩnh vực khoa học nghiên cứu về giải trình tự, đặc tính hóa và khám phá toàn diện về cấu tạo di truyền của thực vật, bao gồm thành phần, cấu trúc, chức năng và hệ thống phức tạp trong bộ gen (WHO, 2025). Các phương pháp mới trong chọn giống thực vật

đã trở nên khả thi nhờ những thành tựu trong lĩnh vực nghiên cứu bộ gen thực vật, giúp nâng cao và đẩy nhanh hiệu quả trên nhiều phương diện khác nhau của quá trình chọn giống cây trồng. Những tiến bộ này bao gồm các kỹ thuật như chọn lọc hỗ trợ bằng chỉ thị phân tử, tích lũy gen, lập bản đồ liên kết gen, chọn lọc kiểu gen và các phương pháp khác, Vinayan và cộng sự (2021) đã nghiên cứu và xác định chính xác được các vùng gen liên kết với các tính trạng về thức ăn chăn nuôi và một nghiên cứu dự đoán về các vùng bộ gen bằng cách sử dụng 1026 dòng DH và 276 dòng ưu tú làm bộ dự đoán từ phép lai giữa hai bố mẹ.

Để xác định mức độ biểu hiện của cả ARN mã hóa và không mã hóa xác định các tính trạng chống chịu các điều kiện bất thuận khác nhau, các nhà khoa học đã sử dụng phương pháp giải trình tự hệ gen biểu hiện (transcriptomics sequencing). Phương pháp này xác định và định lượng ARN trong một tế bào hoặc mô hoặc cơ thể tại một thời điểm xác định, qua đó xây dựng được dữ liệu về quá trình phiên mã, đồng thời kết hợp giải trình tự ARN với phân tích hệ thống mức độ biểu hiện của các gen nghiên cứu (SAGE) (Cramer *et al.*, 2011). Cấu trúc di truyền của các phiên mã có biểu hiện gen khác biệt trong các tế bào cụ thể đã được công bố trong một số nghiên cứu. Các quá trình phiên mã này có thể ảnh hưởng đến sự khác nhau về kiểu hình ở cây ngô như sinh trưởng, các yếu tố cấu thành năng suất, khả năng chịu sâu bệnh, khả năng thích nghi với điều kiện môi trường và các tính trạng chất lượng. Zhou và cộng sự (2020) đã sử dụng kỹ thuật phân tích phân ly khối (để xác định các chỉ thị di truyền có liên quan tới kiểu hình đột biến) kết hợp với phương pháp giải trình tự thế hệ mới (BSTA-bulked sergeant transcriptome analysis) để nghiên cứu cơ chế chịu hạn của cây ngô. Kebede và cộng sự (2018) đã nghiên cứu và phân tích toàn bộ các phân tử ARN đang được biểu hiện có trong tế bào của một số dòng ngô thuần, qua đó đã xác định được 4 gen trên nhiễm sắc thể 2 của cây ngô có vai trò quan trọng kiểm soát tính trạng kháng bệnh thối bắp *Gibberella*. Từ các kết quả nghiên cứu này cho thấy tầm quan trọng của phương pháp phân tích, xác định và định lượng ARN (transcriptomics) đối với nghiên cứu cây ngô, vì kỹ thuật này giúp phát hiện các nhân tố chính trong điều hòa hoạt động của gen để chống chịu với các điều kiện bất thuận phi sinh học và sinh học, làm rõ chức năng của gen và xác định các gen tiềm năng (gen đích), qua đó các nhà chọn giống có thể sử dụng các kết quả dữ liệu sinh học phân tử này để tạo ra các giống ngô cải tiến nhằm giải quyết các vấn đề về kinh tế, sinh thái và môi trường, đảm bảo an ninh lương thực hiện nay và trong tương lai (Wu *et al.*, 2020).

Proteomics - là lĩnh vực nghiên cứu về hệ protein có

trong một hệ thống sinh học, bao gồm thực vật và động vật, tại một thời điểm cụ thể (Cui *et al.*, 2022). Phân tích hệ protein phục vụ mục đích nhằm xác định số lượng và sự đa dạng của nhiều loại protein khác nhau, phân biệt sự khác nhau do sự biến đổi đa dạng sau quá trình dịch mã và làm sáng tỏ chức năng và vị trí của protein (Mustafa & Komatsu, 2021). Phân tích hệ protein giúp cho các nhà khoa học hiểu rõ hơn về sự đa dạng của các quá trình trao đổi chất, sự tương tác tiếp theo của các quá trình này và tác động lên các chu trình sinh tổng hợp điều hòa khác. Do đó, nghiên cứu phân tích hệ protein đã thu hút sự quan tâm lớn của các nhà khoa học nhằm đánh giá sự khác biệt về mặt sinh lý ở cấp độ protein ở cây ngô trong các điều kiện bất thuận khác nhau. Zhang và cộng sự (2015) đã tiến hành phân tích hệ protein của lá ngô nhằm đánh giá những thay đổi ở cấp độ protein ở cây ngô khi bị nhiễm sâu đục thân (*Ostrinia furnacalis*), kết quả nghiên cứu đã chỉ ra có 62 loại protein có khả năng liên quan tới cơ chế phản ứng phòng vệ ở cây ngô, đặc biệt là protein thioredoxin loại M và protein 1 (PR1) liên quan đến quá trình phát sinh bệnh, một tiền chất của lục lạp (loại protein được tổng hợp ở tế bào chất và được chuyển vào trong lục lạp để thực hiện các chức năng sinh học), ảnh hưởng đáng kể đến sự phát triển của ấu trùng và nhộng của sâu đục thân ngô. Wang và cộng sự (2019) đã thực hiện các phân tích so sánh protein ở các dòng ngô kháng và nhiễm bệnh gỉ sắt (*Puccinia polysora*), qua đó đã chứng minh rằng khả năng kháng ở các dòng ngô kháng bệnh là bị ức chế bởi một loại protein đặc thù có liên kết với màng tế bào (*ZmREM 1.3*). Dong và cộng sự (2020) đã thực hiện phân tích so sánh protein giữa các dòng ngô chịu hạn và mẫn cảm với hạn, qua đó cho thấy thực vật nói chung và cây ngô nói riêng đã phát triển hệ thống protein liên quan đến cơ chế phòng vệ (DAP) kết hợp với việc điều chỉnh giảm hàm lượng các loại protein không cần thiết như một phương thức giảm tác động của điều kiện bất thuận và tiết kiệm năng lượng, qua đó góp phần làm rõ hơn cơ chế chịu hạn ở cây ngô và nâng cao hiệu quả công tác nghiên cứu chọn giống ngô có khả năng chống chịu tốt, thích ứng với biến đổi khí hậu.

Trên cơ sở khoa học và tổng hợp dữ liệu nghiên cứu ở trên có thể thấy khả năng ứng dụng các kỹ thuật phân tích dữ liệu sinh học phân tử về chức năng của gen, các loại RNA hoặc protein đặc hiệu là phương pháp đầy triển vọng trong nghiên cứu chọn giống ngô chống chịu hoặc chất lượng cao ở Việt Nam nhằm đáp ứng yêu cầu của thực tiễn sản xuất hiện nay.

## 2.6. Ứng dụng công nghệ trí tuệ nhân tạo trong nghiên cứu chọn giống ngô

Trí tuệ nhân tạo (AI - Artificial Intelligence) là một lĩnh vực khoa học công nghệ máy tính nghiên cứu phát

triển các hệ thống có khả năng mô phỏng các nhiệm vụ và công việc đòi hỏi trí tuệ con người như sự học hỏi, nhận thức, giải quyết vấn đề, ra quyết định, khả năng sáng tạo và tính tự chủ (Abdin, 2024). Nhằm nâng cao độ chính xác và hiệu quả trong công tác chọn tạo giống ngô, các nhà chọn giống đã và đang sử dụng tích hợp công nghệ AI vào các chương trình nghiên cứu cây ngô nhằm tập trung vào mô hình dự đoán để lựa chọn các tính trạng quan tâm, tối ưu hóa các quy trình chọn lọc bộ gen và phát triển các công nghệ đơn bội kép.

Mô hình chọn lọc tính trạng có sự hỗ trợ của AI: Một trong những ứng dụng có ý nghĩa lớn nhất của AI trong chọn giống ngô là sử dụng các mô hình học máy để dự đoán các tính trạng phức tạp như năng suất, khả năng chịu hạn và khả năng kháng bệnh. Các phương pháp chọn giống truyền thống phụ thuộc rất nhiều vào chọn lọc kiểu hình, vốn mất nhiều thời gian và nguồn lực, các mô hình AI được xây dựng trên tập dữ liệu lớn về kiểu gen, kiểu hình và môi trường, có thể dự đoán các đặc điểm này với độ chính xác cao trước khi bắt đầu triển khai thí nghiệm trên đồng ruộng. Gần đây, các thuật toán học sâu như mạng nơ-ron tích chập (CNN) cho thấy có nhiều triển vọng trong phân tích dữ liệu bộ gen đa chiều; các mô hình này có thể xác định được các chỉ thị di truyền quan trọng liên quan đến các tính trạng mong muốn, cho phép nhà chọn giống tập trung vào các kiểu gen triển vọng nhất và nhờ đó có thể sử dụng các nguồn lực cho việc thử nghiệm thực địa đối với tổ hợp lai được dự đoán có giá trị chọn giống cao nhất (Lin *et al.*, 2024).

Tối ưu hóa quy trình chọn lọc genome bằng hỗ trợ AI: Chọn lọc genome được xem là phương pháp chuẩn trong chọn giống ngô hiện đại, sử dụng thông tin bộ gen để dự đoán giá trị chọn giống của các cá thể. AI tăng cường quá trình này bằng cách tối ưu hóa các quy trình chọn lọc bằng cách sử dụng mô hình Bayes và thuật toán học máy, các nhà chọn giống có thể dự đoán mức tăng trưởng di truyền chính xác và hiệu quả hơn. Các công cụ AI cụ thể như mô hình máy học véc-tơ hỗ trợ, thuật toán Random Forest, có thể xử lý các tương tác phức tạp giữa kiểu gen và môi trường ( $G \times E$ ). Những công cụ này cho phép dự đoán chính xác hơn về khả năng biểu hiện của con lai trong các môi trường đa dạng, điều này rất quan trọng để phát triển các giống cây trồng có tính thích nghi rộng rãi. Trên thực tế, các nhà chọn giống có thể tích hợp AI vào quy trình chọn lọc kiểu gen nhằm đơn giản hóa việc xác định các kiểu gen tốt, giúp chu kỳ chọn giống nhanh hơn và tăng hiệu quả di truyền.

Cải tiến công nghệ tạo dòng đơn bội kép bằng hỗ trợ AI: Công nghệ đơn bội kép (DH) là được sử dụng để nhanh chóng tạo ra dòng ngô thuần 100% đồng hợp tử

trong thời gian ngắn 2 - 3 vụ (Wang *et al.*, 2016). Trí tuệ nhân tạo (AI) đóng vai trò quan trọng trong việc nâng cao hiệu quả của quy trình này thông qua ứng dụng phân tích kiểu hình thông lượng cao, kết hợp với các thuật toán AI, cho phép các nhà chọn giống đánh giá các dòng DH với tốc độ và độ chính xác cao chưa từng có. Việc sử dụng phần mềm phân tích hình ảnh được hỗ trợ bởi AI có thể tự động đánh giá các đặc điểm hình thái của cây DH, qua đó giúp xác định nhanh các kiểu hình mong muốn; ngoài ra, AI có thể tối ưu hóa tỷ lệ hạt đơn bội trong tạo dòng DH bằng cây kích tạo đơn bội (inducers), các mô hình học máy có thể phân tích dữ liệu từ nhiều cây kích tạo đơn bội và điều kiện môi trường khác nhau để dự đoán tổ hợp lai nào có tỷ lệ hạt đơn bội cao nhất, qua đó giúp giảm chi phí và thời gian liên quan đến việc tạo dòng DH, đồng thời nâng cao hiệu quả của công tác chọn tạo giống ngô (Taylor *et al.*, 2019).

Tuy nhiên, hiệu quả sử dụng AI trong nghiên cứu chọn giống ngô phụ thuộc vào dữ liệu đầu vào, cần phải đa dạng và chính xác, bên cạnh đó nhà chọn giống cũng phải giải quyết được các vấn đề phức tạp của việc ứng dụng AI vào quá trình nghiên cứu chọn giống, bao gồm cơ sở dữ liệu và đào tạo chuyên gia sử dụng công cụ AI hiệu quả. Vì vậy, việc hợp tác chặt chẽ giữa nhà chọn giống, chuyên gia phân tích dữ liệu và nhà tin sinh học là rất cần thiết để vượt qua được những thách thức cũng như đạt được hiệu quả ứng dụng AI trong chọn giống ngô hiện nay ở Việt Nam.

### III. CÔNG NGHỆ CHỌN GIỐNG NGÔ VÀ TRIỂN VỌNG TẠI VIỆT NAM

Ở Việt Nam, phương pháp nghiên cứu đang được áp dụng trong chọn giống ngô là sự kết hợp giữa phương pháp chọn tạo giống truyền thống với ứng dụng công nghệ sinh học. Hiện nay, Viện Nghiên cứu Ngô và các nhà khoa học của Việt Nam đã tiếp cận và bước đầu làm chủ một số công nghệ trong nghiên cứu và chọn giống ngô, đó là: (i) Công nghệ tạo dòng ngô đơn bội kép bằng nuôi cấy bao phấn và cây kích tạo đơn bội (inducers), qua đó đã tạo ra được các dòng thuần mới đồng hợp tử 100%, rút ngắn được ½ thời gian tạo dòng thuần so với phương pháp truyền thống, góp phần nâng cao hiệu quả công tác chọn tạo giống ngô lai năng suất cao, chống chịu tốt, thích ứng với biến đổi khí hậu như giống ngô lai LVN145 (bằng ứng dụng công nghệ tạo dòng bằng nuôi cấy bao phấn) và giống ngô lai Thịnh Vượng 9999, VS89, S510 (bằng cây kích tạo đơn bội); (ii) Công nghệ chọn giống ngô lai bằng chỉ thị phân tử (SSRs, SNPs,...): trong nghiên cứu tính trạng chịu hạn ngay ở giai đoạn sớm của quá trình tạo dòng khi nguồn vật liệu còn rất lớn, giúp nhà khoa học giảm được công sức và chi phí, nâng cao hiệu quả của công tác chọn tạo và phát triển giống lai (Nguyen

Xuan Thang *et al.*, 2020); (iii) Công nghệ chuyển gen, chỉnh sửa gen trong tạo nguồn vật liệu ngô có các đặc tính nông sinh học quý (chịu hạn, nóng, mặn...), năng suất cao, chất lượng tốt (đặc biệt là ngô thực phẩm).

Từ thực tiễn trên có thể thấy, trong giai đoạn tới để tạo và phát triển thành công các giống ngô lai mới năng suất cao, chất lượng tốt, chống chịu điều kiện bất thuận và phù hợp điều kiện canh tác ngô nhờ nước trời (không có hệ thống tưới tiêu chủ động) ở Việt Nam, cần phải có các chương trình nghiên cứu chọn giống ngô ứng dụng phân tích dữ liệu sinh học phân tử và công nghệ trí tuệ nhân tạo. Đây có thể được xem là hướng đi rất triển vọng trong bối cảnh hội nhập toàn cầu sâu rộng và ảnh hưởng của biến đổi khí hậu ngày càng nghiêm trọng tới nền sản xuất ngô và an ninh lương thực của Việt Nam hiện nay.

Xuất phát từ thực tiễn sản xuất và lịch sử nghiên cứu phát triển cây ngô qua 55 năm, Viện Nghiên cứu Ngô xây dựng chương trình phát triển khoa học công nghệ của Viện tới năm 2030, trong đó xác định công nghệ khoa học, đặc biệt là ứng dụng công nghệ gen và trí tuệ nhân tạo, chuyển đổi số là nền tảng, trong đó tập trung vào các hướng nghiên cứu, gồm: (i) Ứng dụng công nghệ gen (chỉ thị phân tử SNPs, công nghệ chỉnh sửa gen) trong nghiên cứu tạo nguồn vật liệu mới có đặc điểm ưu việt (chống chịu, chất lượng...); (ii) Ứng dụng công nghệ tạo dòng thuần bằng cây kích tạo đơn bội kép theo hệ thống phân loại hạt đơn bội tự động có sự hỗ trợ của AI; (iii) Ứng dụng phân tích dữ liệu sinh học phân tử (omics technology) trong nghiên cứu các tính trạng (năng suất, chất lượng, chống chịu) ở cây ngô.

### III. KẾT LUẬN

Trên cơ sở tổng hợp và phân tích các công nghệ trong nghiên cứu chọn giống ngô, gồm ứng dụng hiện tượng ưu thế lai, chỉ thị phân tử, chọn lọc hệ gen, chỉnh sửa gen, chuyển gen, phân tích sinh học phân tử, qua đó đã định hướng nghiên cứu về chọn giống ngô là theo phương pháp nghiên cứu đa ngành có sự tích hợp nhiều lĩnh vực khác nhau về phân tích đánh giá kiểu gen và kiểu hình với sự hỗ trợ của tin sinh học và trí tuệ nhân tạo trong cải tiến các tính trạng ở cây ngô, đặc biệt là năng suất, chất lượng và khả năng chống chịu. Đây là cơ sở khoa học của chọn giống ngô có tính thích nghi và ổn định cao về năng suất, chống chịu tốt, đặc biệt là chịu hạn và sâu bệnh, nhằm đáp ứng yêu cầu của sản xuất thực tiễn hiện nay ở Việt Nam.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

Nguyễn Trung Đức, Nguyễn Quốc Trung, Phạm Quang Tuấn, Nguyễn Thị Nguyệt Anh, Phạm Thu Hằng, Phạm Xuân Hội, Vũ Văn Liệt, 2023. Xác định chỉ thị phân tử SSR liên kết với gen *sh2* và *su1* trên các dòng ngô ngọt tự phối. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, 21 (2): 149-160.

- Nguyễn Hữu Kiên, Nguyễn Thị Hiệp, Nguyễn Thị Ngọc Minh, Nguyễn Thị Liễu, Khuất Hữu Trung, Đỗ Tiến Phát, Đoàn Thị Bích Thảo, Nguyễn Lê Trang, 2025. Nghiên cứu chuyển cấu trúc CRISPR/CAS9 vào giống ngô K7 nhằm chỉnh sửa vùng promoter của gen *ZmCLE7*. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 1 (161): 32-41.
- Vương Huy Minh, Ngô Thị Thùy Linh, Hồ Thị Hương, Nguyễn Văn Cảnh, Lê Thị Bích Thủy, 2018. Chọn tạo các dòng ngô kháng bệnh mốc hồng bằng chỉ thị phân tử SSR. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 60 (7): 60-64.
- Tổng cục Hải quan Việt Nam, 2025. Năm 2024, Việt Nam đã chi 3,04 tỷ USD nhập khẩu ngô. Địa chỉ: <https://www.customs.gov.vn/index.jsp?pageId=3244&aid=209394&cid=5278> (Ngày truy cập: 15/03/2025).
- Tổng cục Thống kê, 2025. *Số liệu thống kê*. Địa chỉ: <https://www.gso.gov.vn/so-lieu-thong-ke/> (Ngày truy cập: 15/03/2025).
- Abdin A., 2024. The role of artificial intelligence in diagnostic medicine: A narrative review. *Open Access Library Journal*, 11: e12432. <https://doi.org/10.4236/oalib.1112432>.
- Agbio Investor, 2025. *Global GM crop area review*. Available from: <https://gm.agbioinvestor.com> (Accessed on 30 September 2025).
- Alemu A., A Strand J., Montesinos-Lopez O.A., Isidroy Sanchez J., Fernandez-Gonzalez J., Tadesse W., Vetukuri R.R., Carlsson A.S., Ceplitis A., Crossa J., Ortiz R., Chawade A., 2024. Genomic selection in plant breeding: Key factors shaping two decades of progress. *Molecular Plant*, 17: 552-578.
- Alpsalaz F., Özüpak Y., Aslan E., Uzel H., 2025. Classification of maize leaf diseases with deep learning: Performance evaluation of the proposed model and use of explicable artificial intelligence. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 262: 105412. doi: 10.1016/j.chemolab.2025.105412.
- Ansori A.N., Antonius Y., Susilo R.J., Hayaza S., Kharisma V.D., Parikesit A.A., Zainul R., Jakhmola V., Saklani T., Rebezov M., Ullah M.E., Maksimiuk N., Derkho M., Burkov P., 2023. Application of CRISPR-Cas9 genome editing technology in various fields: A review. *Narra Journal*, 3(2): e184. doi: 10.52225/narra.v3i2.184.
- Bernardo R. & Yu J., 2007. Prospects for genome-wide selection for quantitative traits in maize. *Crop Science*, 3: 1082-1090.
- Butrón A., Santiago R. & Gowda M., 2023. Editorial: Model organisms in plant science: Maize. *Front Plant Science*, 8 (14): 1147857, doi: 10.3389/fpls.2023.1147857. PMID: 36844039; PMCID: PMC9945335.
- Chandrasegaran S. & Carroll D., 2016. Origins of Programmable Nucleases for Genome Engineering. *Journal of Molecular Biology*, 428 (5): Pages 963-989. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2015.10.014>.
- Chen Q., Ying Q.H., Lei K.Z., Zhang J.M., Liu H.Z., 2024. The integration of genetic markers in maize breeding programs. *Bioscience Methods*, 15(5):226-236. doi: 10.5376/bm.2024.15.0023.
- Choudhary M., Choudhary J., Kumar P., Kumar P., Jat B.S., Singh V., Choudhary M., 2023. Conventional and molecular breeding for genetic improvement of maize (*Zea mays* L.). In: Raina A., Wani M.R., Laskar R.A., Tomlekova N., Khan S. (Eds). *Advanced Crop Improvement*, 1<sup>st</sup> edition. Springer, Switzerland, p.317-350. [https://doi.org/10.1007/978-3-031-26669-0\\_12](https://doi.org/10.1007/978-3-031-26669-0_12).
- Cramer G.R., Urano K., Delrot S., Pezzotti M., Shinozaki K., 2011. Effects of abiotic stress on plants: A systems biology perspective. *BMC Plant Biology*, 11: 163.
- Crossa J., Pérez-Rodríguez P., Cuevas J., Montesinos-López O., Jarquín D., de Los Campos G., Burguño J., González-Camacho J.M., Pérez-Elizalde S., Beyene Y., Dreisigacker S., Singh R., Zhang X., Gowda M., Roorkiwal M., Rutkoski J., Varshney R.K., 2017. Genomic selection in plant breeding: Methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science*, 22: 961-975.
- Cui M., Cheng C., Zhang L., 2022. High-throughput proteomics: A methodological mini-review. *Laboratory Investigation*, 102 (11): 1170-1181. <https://doi.org/10.1038/s41374-022-00830-7>.
- Dong A., Yang Y., Liu S., Zenda T., Liu X., Wang Y., Li J., Duan H., 2020. Comparative proteomics analysis of two maize hybrids revealed drought-stress tolerance mechanisms. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 34: 763-780.
- Escamilla D.M., Li D., Negus K.L., Kappelmann K.L., Kusmec A., Vanous A.E., Schnable P.S., Li X., Yu J., 2025. Genomic selection: Essence, applications, and prospects. *The Plant Genome*, 18 (2): e70053.
- Gedil M. & Menkir A., 2019. An integrated molecular and conventional breeding scheme for enhancing genetic gain in maize in Africa. *Frontiers in Plant Science*, 10: 1430. doi: 10.3389/fpls.2019.01430.
- Gunundu R., Shimelis H., Mashilo J., 2023. Genomic selection and enablers for agronomic traits in maize (*Zea mays*): A review. *Plant Breeding*, 142 (5): 573-593. <https://doi.org/10.1111/pbr.13127>.
- International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications (ISAAA), 2025. *GM Approval Database*. Available from: <https://www.isaaa.org/gmapprovaldatabase/default.asp> (Accessed on: 30 September 2025).
- Jannink J.L., Lorenz A.J., Iwata H., 2010. Genomic selection in plant breeding: From theory to practice. *Briefings in Functional Genomics*, 9: 166-177.
- Jiang Y., Sun K., An X., 2022. CRISPR/Cas System: Applications and Prospects for Maize Improvement. *ACS Agricultural Science & Technology*, 2 (2): 174-183. DOI: 10.1021/acsagscitech.1c00253.
- Kebede A.Z., Johnston A., Schneiderman D., Bosnich W., Harris L.J., 2018. Transcriptome profiling of two maize inbreds with distinct responses to *Gibberella* ear rot disease to identify candidate resistance genes. *BMC Genomics*, 19: 131.
- Lande R. & Thompson R., 2000. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics*, 124: 743-756. doi: 10.1093/genetics/124.3.743.
- Li Q. & Yan J., 2020. Sustainable agriculture in the era of omics: Knowledge-driven crop breeding. *Genome Biology*, 21: 154.
- Liang Z., Zhang K., Chen K., Gao C., 2014. Targeted mutagenesis in *Zea mays* using TALENs and the CRISPR/Cas system. *Journal of Genetics and Genomics*, 41: 63-68. DOI: 10.1016/j.jgg.2013.12.001.
- Lin H., Song X., Dai F., Zhang F., Xie Q., Chen H., 2024.

- Research on machine learning models for maize hardness prediction based on indentation test. *Agriculture*, 14 (2): 224. <https://doi.org/10.3390/agriculture14020224>.
- Liu H., Liu J., Zhai Z., Dai M., Tian F., Wu Y., Tang J., Lu Y., Wang H., Jackson D., Yang X., Qin F., Xu M., Fernie A.R., Zhang Z., Yan J., 2025. Maize 2035: A decadal vision for intelligent maize breeding. *Molecular Plant*, 18 (2): 313-332. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2025.01.012>.
- Meuwissen T.H., Hayes B.J., Goddard M., 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157: 1819-1829.
- Mordor Intelligence, 2025. Maize market size & share analysis - growth trends & forecasts (2025 - 2030). Available from: <https://www.mordorintelligence.com/industry-reports/maize-market> (Accessed on 5 July, 2025).
- Mustafa G. & Komatsu S., 2021. Plant proteomic research for improvement of food crops under stresses: A review. *Molecular Omics*, 17: 860-880.
- Pacesa M., Pelea O., Jinek M., 2024. Past, present, and future of CRISPR genome editing technologies. *Cell*, 187 (5): 1076-1100. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.01.042>.
- Perez-Pinera P., Ousterout D.G., Gersbach C.A., 2012. Advances in targeted genome editing. *Current Opinion in Chemical Biology*, 16 (3-4): 268-277. <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2012.06.007>.
- Pineda M., Lear A., Collins J.P., Kiani S., 2019. Safe CRISPR: Challenges and possible solutions. *Trends in Biotechnology*, 37: 389-401. DOI: 10.1016/j.tibtech.2018.09.010.
- Prasanna B.M., Palacios-Rojas N., Hossain F., Muthusamy V., Menkir A., Dhlwayo T., Ndhlela T., San Vicente F., Nair S.K., Vivek B.S., Zhang X., Olsen M., Fan X., 2020. Molecular breeding for nutritionally enriched maize: Status and prospects. *Frontiers in Genetics*, 10: 1392.
- Sander J.D. & Joung J.K., 2014. CRISPR/Cas systems for editing, regulating and targeting genomes. *Nature Biotechnology*, 32: 347-355.
- Shi J., Drummond B.J., Habben J.E., Brugire N., Weers B.P., Hakimi S.M., Lafitte H.R., Schussler J.R., Mo H., Beatty M., Zastrow-Hayes G., O'Neill D., 2019. Ectopic expression of ARGOS8 reveals a role for ethylene in root-lodging resistance in maize. *Plant Journal*, 97 (2): 378-390.
- Simmons C.R., Weers B.P., Reimann K.S., Abbitt S.E., Frank M.J., Wang W., 2020. Maize BIG GRAIN1 homolog overexpression increases maize GRAIN yield. *Plant Biotechnology Journal*, 18: 2304-2315. DOI: 10.1111/pbi.13392.
- Singh J., Sharma S., Kaur A., Vikal Y., Cheema A.K., Bains B.K., Kaur N., Gill G.K., Malhotra P.K., Kumar A., Sharma P., Muthusamy V., Kaur A., Chawla J.S., Hossain F., 2021. Marker assisted pyramiding of lycopene- $\epsilon$ -cyclase,  $\beta$ -carotene hydroxylase1 and opaque2 genes for development of biofortified maize hybrids. *Scientific Reports*, 11: 12642.
- Sinha D., Maurya A.K., Abdi G., Majeed M., Agarwal R., Mukherjee R., Ganguly S., Aziz R., Bhatia M., Majgaonkar A., Seal S., Das M., Banerjee S., Chowdhury S., Adeyemi S.B., Chen J.T., 2023. Integrated genomic selection for accelerating breeding programs of climate-smart cereals. *Genes*, 14 (7): 1484. doi: 10.3390/genes14071484. PMID: 37510388; PMCID: PMC10380062.
- Somegowda V.K., Rayaprolu L., Rathore A., Deshpande S.P., Gupta R., 2021. Genome-wide association studies (GWAS) for traits related to fodder quality and biofuel in sorghum: Progress and prospects. *Protein and Peptide Letters*, 28: 843-854.
- Sun G., Yu H., Wang P., LopezGuerrero M., Mural R.V., Mizero O.N., Grzybowski M., Song B., van Dijk K., Schachtman D.P., Zhang C., and Schnable J.C., 2023. A role for heritable transcriptomic variation in maize adaptation to temperate environments. *Genome Biology*, 24: 1-27.
- Svitashv S., Young J.K., Schwartz C., Gao H., Falco S.C., Cigan A.M., 2015. Targeted mutagenesis, precise gene editing, and site-specific gene insertion in maize using Cas9 and guide RNA. *Plant Physiology*, 169: 931-945. DOI: 10.1104/pp.15.00793.
- Taylor J., Chiou C., Bond L.J., 2019. A methodology for sorting haploid and diploid corn seed using terahertz time domain spectroscopy and machine learning. *AIP Conference. Proceeding*, 2102: 080001. Doi: <https://doi.org/10.1063/1.5099809>.
- Nguyen Xuan Thang, Bui Manh Cuong, Dang Ngoc Ha, Do Van Dung, Sudha Nair, Vinayan M.T., Gajanan Saykhedkar, Raman Babu, Doan Thi Bich Thao, Tran Quang Dieu, Nguyen Chi Thanh, Zaidi P.H., 2020. Studies on applying SNP markers to breeding drought-tolerant maize hybrids. *Vietnam Journal of Science, Technology and Engineering*, 62 (1): 55-61. <https://doi.org/10.31276/VJSTE>.
- Vinayan M.T., Seetharam K., Babu R., Zaidi P.H., Blummel M., Nair S.K., 2021. Genome wide association study and genomic prediction for Stover quality traits in tropical maize (*Zea mays* L.). *Scientific Reports*, 11: 686.
- Voss-Fels K.P., Cooper M., Hayes B.J., 2019. Accelerating crop genetic gains with genomic selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 132: 669-686.
- United States Department of Agriculture (USDA), 2025. World Agricultural Production. Available from: <https://www.fas.usda.gov/data/world-agricultural-production> (Accessed on 5 July 2025).
- Wang H., Liu J., Xu X., Huang Q., Chen S., Yang P., Chen S., Song Y., 2016. Fully-automated highthroughput NMR system for screening of haploid kernels of maize (Corn) by measurement of oil content. *PLoS ONE*, 11 (7): e0159444. doi:10.1371/journal.pone.0159444.
- Wang J., Lin Z., Zhang X., Liu H., Zhou L., Zhong S., Li Y., Zhu C., Lin Z., 2019. *knl1*, a major quantitative trait locus for kernel row number in maize. *New Phytologist*, 223: 1634-1646.
- World Health Organization (WHO), 2025. *Genomics*. Website: [https://www.who.int/health-topics/genomics#tab=tab\\_1](https://www.who.int/health-topics/genomics#tab=tab_1) (Accessed on 28 August 2025).
- Wu X., Wang B., Xie F., Zhang L., Gong J., Zhu W., Li X., Feng F., Huang J., 2020. QTL mapping and transcriptome analysis identify candidate genes regulating pericarp thickness in sweet corn. *BMC Plant Biology*, 20: 117.

Yin Y., Flasiniski S., Moar W., Bowen D., Chay C., Milligan J., 2020. A new *Bacillus thuringiensis* protein for Western corn rootworm control. *PLoS One*, 15: 1-16. DOI: 10.1371/journal.pone.0242791.

Zhang D., Zhang Z., Unver T., Zhang B., 2020. CRISPR/Cas: A powerful tool for gene function study and crop improvement. *Journal of Advanced Research*, 29: 207-221. Doi: 10.1016/j.jare.2020.10.003. PMID: 33842017; PMCID: PMC8020163.

Zhang Y.T., Zhang Y.L., Chen S.X., Yin G.H., Yang Z.Z., Lee S., Liu C.G., Zhao D.D., Ma Y.K., Song F.Q., Bennett J.W., Yang F.S., 2015. Proteomics of methyl jasmonate induced defense response in maize leaves against Asian corn borer. *BMC Genomics*, 16: 224.

Zhao-Bang Zeng, Gabriel De Siqueira Gesteira, Lujia Mo, Yingjie Xiao, Jianbing Yan, 2025. A theory of heterosis. *Genetics*, 230 (1): iyaf045, <https://doi.org/10.1093/genetics/iyaf045>.

Zhou K., Zeng X., Zhang B., Aslam M., Xin H., Liu W. and Zou H., 2020. Bulk segregant transcriptome analysis based differential expression of drought response genes in maize. *Pakistan Journal of Agricultural Sciences*, 57: 909-923

Zhu M., Tong L., Xu M., Zhong T., 2021. Correction to: Genetic dissection of maize disease resistance and its applications in molecular breeding. *Molecular Breeding*, 41 (9):58. doi:10.1007/s11032-021-01250-z. Erratum for: doi: 10.1007/s11032-021-01219-y. PMID: 37309396; PMCID: PMC10236028.

## Some maize breeding technologies worldwide and their prospects in Vietnam

Nguyen Xuan Thang, Le Van Hai, Bui Manh Minh, Hoang Kim Thoa, Nguyen Chi Thanh

### Abstract

Maize (*Zea mays* L.) is a crop that plays an important role in food security, nutritional security and economic development worldwide, including in Vietnam. In recent years, significant advances in science and technology have been achieved in maize breeding, particularly in molecular breeding, genomic selection, gene editing, gene transferring, omics technologies, bioinformatics and artificial intelligence. To further promote research and breeding programs for superior maize varieties, there is a growing need for comprehensive, objective, and systematic studies that analyze and evaluate the effectiveness and potential of these technologies that have been successfully implemented worldwide. A detailed compilation of published scientific studies will contribute to establishing a reliable and scientifically robust database. This resource will provide a solid foundation for scientists, policymakers, and businesses in Vietnam to identify the prospects and technical feasibility of applying these advanced technologies in practical maize breeding and seed production under Vietnam's current conditions.

**Keywords:** Technology, research, breeding, prospects, maize

Ngày nhận bài: 01/10/2025

Ngày phản biện: 10/11/2025

Người phản biện: PGS.TS. Lê Tuấn Nghĩa

Ngày duyệt đăng: 22/12/2025

## ĐÁNH GIÁ ĐA DẠNG DI TRUYỀN 400 NGUỒN NGÔ TÊ ĐỊA PHƯƠNG BẰNG CHỈ THỊ ADN VI VỆ TINH (SSR)

Đoàn Thị Bích Thảo<sup>1</sup>, Bùi Mạnh Minh<sup>1</sup>, Vương Huy Minh<sup>1</sup>, Bùi Văn Hiệu<sup>1</sup>,  
Phạm Thị Ngọc Yến<sup>1</sup>, Bùi Văn Mạnh<sup>1</sup>, Tạ Thị Thùy Dung<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

Nguồn gen ngô tẻ địa phương là tài nguyên di truyền quý báu, đóng vai trò quan trọng trong công tác bảo tồn đa dạng sinh học và phát triển nông nghiệp bền vững tại Việt Nam. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm đánh giá mức độ đa dạng di truyền của 400 mẫu ngô tẻ địa phương được thu thập từ nhiều vùng sinh thái khác nhau, sử dụng 40 cặp mỗi SSR (Simple Sequence Repeat). Trong số đó, 20 cặp mỗi thể hiện tính đa hình, tạo ra 96 alen với trung bình 4,8 alen/cặp mỗi. Chỉ số thông tin đa hình PIC (Polymorphic Information Content) dao động từ 0,22 đến 0,42, trung bình đạt 0,3, phản ánh mức độ đa dạng di truyền ở mức trung bình. Hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu dao động từ 0,01 đến 0,7. Kết quả phân tích phân nhóm bằng phương pháp Neighbor-Joining (NJ) cho thấy 400 mẫu được chia thành 8 nhóm chính. Các kết quả thu được cung cấp cơ sở khoa học quan trọng cho việc phân loại, bảo tồn và khai thác hiệu quả nguồn gen ngô bản địa, đồng thời hỗ trợ công tác chọn tạo giống có năng suất cao và khả năng thích nghi tốt trong điều kiện biến đổi khí hậu. Đây là một trong những nghiên cứu quy mô lớn đầu tiên về đa dạng di truyền ngô tẻ địa phương tại Việt Nam sử dụng chỉ thị SSR, góp phần bổ sung dữ liệu có giá trị cho ngân hàng gen quốc gia.

**Từ khóa:** Ngô tẻ địa phương, đa dạng di truyền, chỉ thị SSR, bảo tồn nguồn gen, chọn giống

<sup>1</sup> Viện Nghiên cứu Ngô

\* Tác giả liên hệ, email: thaobio@gmail.com