

Chọn tạo các dòng ngô kháng bệnh mốc hồng bằng chỉ thị phân tử SSR

Vương Huy Minh^{1*}, Ngô Thị Thùy Linh², Hồ Thị Hương²,
Nguyễn Văn Cảnh¹, Lê Thị Bích Thủy²

¹Viện Nghiên cứu ngô

²Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm KH&CN Việt Nam

Ngày nhận bài 2/4/2018; ngày chuyển phân biên 4/4/2018; ngày nhận phân biên 2/5/2018; ngày chấp nhận đăng 11/5/2018

Tóm tắt:

Bệnh mốc hồng là một trong những bệnh gây tổn thất lớn cho sản xuất ngô trên thế giới nói chung, Việt Nam nói riêng. Kết quả chọn giống kháng bệnh theo phương pháp truyền thống còn hạn chế do hiệu quả chuyển các gen kháng bệnh vào con lai còn khó khăn và tốn nhiều thời gian. Vì vậy, việc ứng dụng chỉ thị phân tử trong chọn tạo giống ngô kháng bệnh mốc hồng là phương pháp khả thi để kiểm soát dịch bệnh. Trong các nghiên cứu trước đây, qua phân tích SSR và đánh giá khả năng kháng bệnh của tập đoàn ngô đã xác định được sự liên kết của 6 chỉ thị SSR (Umc1025, Dupssr34, Nc030, SSR93, Umc1489 và Umc1511) với tính trạng kháng bệnh mốc hồng. Trong bài báo này, các tác giả sử dụng 6 chỉ thị để đánh giá trên quần thể phân ly F5 và quần thể lai ngược BC5 để chọn các dòng ngô triển vọng kháng bệnh mốc hồng. Kết quả chọn được 11 dòng có chỉ thị liên kết với tính trạng kháng bệnh mốc hồng, trong đó 3 dòng có 1 chỉ thị, 5 dòng có 2 chỉ thị, 1 dòng có 3 chỉ thị và 2 dòng có 4 chỉ thị liên kết; 8 dòng (F5.5, F5.12, F5.18, F5.22, BC5.8, BC5.9, BC5.21 và BC5.22) có ít nhất 2 chỉ thị liên kết với tính trạng kháng bệnh mốc hồng được lựa chọn cho chương trình lai tạo giống; các tổ hợp lai (THL) THL5, THL25, THL6 và THL12 có ít nhất 3 chỉ thị liên kết được lựa chọn cho các thử nghiệm trong sản xuất.

Từ khóa: Chỉ thị phân tử, kháng bệnh, mốc hồng, ngô, SSR.

Chỉ số phân loại: 4.6

Mở đầu

Bệnh mốc hồng là bệnh phổ biến ở tất cả các vùng trồng ngô của Việt Nam và nhiều nước trên thế giới, gây tổn thất đáng kể, gây độc cho người và gia súc. Việc tạo ra các giống ngô có năng suất cao, phẩm chất tốt, có khả năng chống chịu với các điều kiện khí hậu khắc nghiệt, sâu bệnh hại... đang được các nhà khoa học quan tâm.

Nhiều nhà chọn giống đã áp dụng phương pháp chọn lọc các dòng kháng bệnh từ quần thể ngô bị nhiễm bệnh tự nhiên ở một số vùng. Tuy nhiên, trên thực tế rất ít vùng bị nhiễm bệnh đồng đều, vì vậy việc chọn lọc kém hiệu quả và khó thành công [1]. Chính vì vậy, nhiều nhà chọn giống sử dụng phương pháp lấy nhiễm nhân tạo [2] để chọn giống ngô kháng bệnh mốc hồng và chủ yếu tập trung vào tính trạng hai loại nấm chính là *F. graminearum* hoặc *F. verticillioides* (*F. moniliforme* J. Sheld). Tuy nhiên, lấy nhiễm nhân tạo đòi hỏi nhiều thời gian và tốn kém. Phương pháp tạo ngô chuyển gen kháng bệnh mốc hồng cũng đã được khuyến

cáo, nhưng hiện nay chưa có được gen kháng để chuyển [1].

Sử dụng chỉ thị phân tử để xác định các QTL/gen và ứng dụng cho chọn giống kháng bệnh mốc hồng là một trong các phương pháp đầy triển vọng đã được đưa ra [3, 4]. Nhiều QTL đã được xác định, tuy nhiên một số QTL vẫn ảnh hưởng ít tới kiểu hình.

Trong bài báo này, chúng tôi trình bày kết quả phân tích quần thể phân ly F5 và quần thể lai trở lại BC5F1 với 6 chỉ thị liên kết chặt với tính trạng kháng bệnh mốc hồng đã nhận được từ các nghiên cứu trước [5-10]. Sau đó sử dụng các dòng được chọn để tạo THL và phối hợp với kết quả đánh giá nông sinh học để chọn các dòng/giống ngô lai có năng suất cao, có khả năng kháng bệnh mốc hồng.

Vật liệu và phương pháp

Vật liệu

Gồm 8 dòng ngô F5, 10 dòng ngô BC5 và 32 THL triển vọng (bảng 1 và 2).

*Tác giả liên hệ: Email: minhnmri@gmail.com

Selecting inbred maize lines for fusarium ear rot disease resistance using SSR markers

Huy Minh Vuong^{1*}, Thi Thuy Linh Ngo²,
Thi Huong Ho², Van Canh Nguyen¹, Thi Bich Thuy Le²

¹Maize Research Institute, VAAS

²Institute of Biotechnology, VAST

Received 2 April 2018; accepted 11 May 2018

Abstract:

Fusarium ear rot is considered as one of the major diseases leading to significant yield loss in maize in Vietnam and all over the world. Breeding maize varieties for resistance to ear rot caused by Fusarium with the traditional procedures is not really effective because of very time-consuming and great efforts in transferring resistant genes into promising hybrids. Therefore, applying molecular markers in breeding and developing maize varieties resistant to Fusarium would be more feasible. Up to now, through the application of SSR markers and evaluation of resistance among maize germplasm, 6 simple sequence repeat (SSR) markers (Umc1025, Dupssr34, Nc030, SSR93, Umc1489, and Umc1511) linked to Fusarium ear rot genes in maize plants have been identified. In this study, 6 SSR markers were used in F5 and BC5 maize populations to select promising inbred lines resistant to Fusarium ear rot. The result showed that 11 lines with SSR markers responsible for resistance to Fusarium ear rot were found, including 3 lines with 1 marker, 5 lines with 3 markers, and 2 lines with 4 markers. 8 lines (F5.5, F5.12, F5.18, F5.22, BC5.8, BC5.9, BC5.21, and BC5.22) with at least 2 markers were selected for a maize breeding program; hybrid combinations THL5, THL25, THL6 and THL12 of at least 3 markers linked with the resistance to Fusarium ear rot were selected for further development in production.

Keywords: Fusarium ear rot, maize, molecular marker, resistant, SSR.

Classification number: 4.6

Bảng 1. Các dòng phục vụ thí nghiệm.

TT	Tên dòng	TT	Tên dòng
1	F5.1	10	BC5.3
2	F5.2	11	BC5.4
3	F5.5	12	BC5.5
4	F5.10	13	BC5.8
5	F5.12	14	BC5.9
6	F5.13	15	BC5.15
7	F5.18	16	BC5.21
8	F5.22	17	BC5.22
9	BC5.1	18	BC5.25

Bảng 2. Các THL tham gia thí nghiệm.

TT	Ký hiệu trong thí nghiệm chỉ thị phân tử	Nguồn	TT	Ký hiệu trong thí nghiệm chỉ thị phân tử	Nguồn
1	THL1	H665 x H60C	17	THL17	BC4.15 x H07
2	THL2	F4.12 x H411	18	THL18	BC4.15 x H665
3	THL3	F4.12 x H171	19	THL19	BC4.25 x H665
4	THL4	F4.12 x H665	20	THL20	BC4.25 x H171
5	THL5	BC4.8 x H411	21	THL21	BC4.15 x H411
6	THL6	F4.22 x H665	22	THL22	BC4.4 x H411
7	THL7	BC4.21 x H411	23	THL23	BC4.4 x H665
8	THL8	F4.1 x H411	24	THL24	BC4.22 x H665
9	THL9	F4.2 x H665	25	THL25	BC4.8 x H171
10	THL10	F4.5 x H171	26	THL26	BC4.8 x H07
11	THL11	F4.13 x H665	27	THL27	F4.22 x H411
12	THL12	F4.18 x H171	28	THL28	BC4.22 x H411
13	THL13	BC4.1 x H665	29	THL29	BC4.22 x H171
14	THL14	BC4.3 x H171	30	THL30	BC4.21 x H07
15	THL15	BC4.3 x H665	31	THL31	BC4.21 x H171
16	THL16	BC4.15 x H171	32	THL32	BC4.22 x H665

Sáu cặp mỗi SSR đã được xác định trong nghiên cứu trước là có liên kết với tính trạng kháng bệnh mốc hồng được đặt mua từ Hãng Macrogen (bảng 3).

Bảng 3. Trình tự các môi SSR.

TT	Tên môi	Trình tự nucleotide của môi xuôi (5'-3')	Trình tự nucleotide của môi ngược (5'-3')
1	Umc1025	CTCTTCGATCTTTAAGAGAG	ACACGAGGCACTGGTACTAAC
2	Nc030	CCCCTTGCTTCTTCTCTCC	CGATTAGATTGGGGTGCG
3	Dupssr34	TCAGTGTCTTCATTGTAACGA	ATAACATCTTGCCAGCAAA
4	SSR93	CGCCGTACAGACTGCTATGA	CACATGCTACGACTGCGATG
5	Umc1489	TGTGACACCATCAATCAAAGGG	CAAAACCCAAATCATCACCACC
6	Umc1511	ACCAAATAGGAGAGAGGGTCT	CTCTCTGTGGTCTTTATTAACTC

Phương pháp

Tách ADN tổng số: ADN tổng số được tách từ các mẫu lá theo phương pháp của Saghai Maroof và cs (1984) có cải tiến cho phù hợp với việc tách chiết ADN tổng số của lá ngô.

Phương pháp PCR với các môi SSR: Được thực hiện trên máy PCR PTC-100 (MJ Research Inc, Mỹ); phản ứng được thực hiện theo chương trình: 94°C trong 5 phút, 40 chu kỳ lặp lại với 3 bước chính: (biến tính ADN khuôn 1 phút ở 94°C, gắn mỗi 30 giây ở nhiệt độ 52-56°C theo từng môi và kéo dài chuỗi ở 72°C trong 1 phút).

Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel polyacrylamide 5%.

Đánh giá đặc điểm nông sinh học theo Quy chuẩn Việt Nam QCVN 01- 56:2011/BNNPTNT [11].

Kết quả và thảo luận

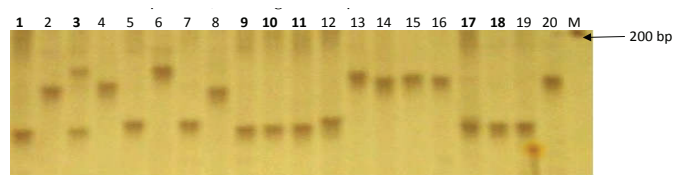
Phân tích 18 dòng ngô F5 với 6 chỉ thị SSR chọn lọc

Kết quả đánh giá phân tử (bảng 4) cho thấy, các dòng được đánh giá bằng 6 chỉ thị SSR liên kết với tính kháng bệnh mốc hồng là SSR93, Nc030, Dupssr34, Umc1489, Umc1511 và Umc1025. Kết quả đánh giá cho thấy, có 11 dòng có chỉ thị liên kết với tính kháng bệnh mốc hồng, trong đó có 3 dòng có 1 chỉ thị, 5 dòng có 2 chỉ thị, 1 dòng có 3 chỉ thị và 2 dòng có 4 chỉ thị liên kết. Như vậy có thể lựa chọn 8 dòng (F5.5, F5.12, F5.18, F5.22, BC5.8, BC5.9, BC5.21 và BC5.22) có ít nhất 2 chỉ thị liên kết với tính kháng bệnh mốc hồng. Có 5 dòng liên kết với chỉ thị SSR93, 5 dòng liên kết với chỉ thị Nc030, 2 dòng liên kết với chỉ thị Dupssr34, 2 dòng liên kết với chỉ thị Umc1489, 4 dòng liên kết với chỉ thị Umc1511 và 6 dòng liên kết với chỉ thị Umc1025.

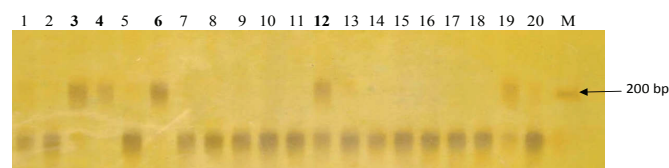
Bảng 4. Chỉ thị liên kết với tính kháng bệnh mốc hồng ở các dòng F5, BC5 (2017).

TT	Tên dòng	Chỉ thị liên kết với tính trạng kháng mốc hồng						Tổng
		SSR93	Nc030	Dupssr34	Umc1489	Umc1511	Umc1025	
1	F5.1	0	0	0	0	0	0	0
2	F5.2	0	0	0	0	0	0	0
3	F5.5	0	1	1	0	0	0	2
4	F5.10	0	0	0	0	0	0	0
5	F5.12	1	0	1	0	1	1	4
6	F5.13	0	0	0	0	0	0	0
7	F5.18	1	0	0	0	0	1	2
8	F5.22	1	1	0	0	1	0	3
9	BC5.1	0	0	0	0	0	1	1
10	BC5.3	0	0	0	0	0	0	0
11	BC5.4	0	0	0	1	0	0	1
12	BC5.5	1	0	0	0	0	0	1
13	BC5.8	0	1	0	1	0	0	2
14	BC5.9	0	0	0	0	1	1	2
15	BC5.15	0	0	0	0	0	0	0
16	BC5.21	0	1	0	0	0	1	2
17	BC5.22	1	1	0	0	1	1	4
18	BC5.25	0	0	0	0	0	0	0
Tổng		5	5	2	2	4	6	

Ghi chú: 1: Có chỉ thị liên kết; 0: Không có chỉ thị liên kết.



Hình 1. Ảnh điện di gel polyacrylamide sản phẩm PCR với cặp môi SSR93 của 18 dòng ngô triển vọng. M: Marker 100 bp (Biolabs); 19: H665 (đối chứng kháng); 20: H99 (đối chứng nhiễm).



Hình 2. Ảnh điện di gel polyacrylamide sản phẩm PCR với cặp môi Umc1025 của 18 dòng ngô triển vọng. M: Marker 100 bp (Biolabs); 19: H665 (đối chứng kháng); 20: H99 (đối chứng nhiễm).

Trên hình 1 và 2 có thể nhận thấy, các dòng 3, 4, 6, 12 có băng giống với cây kháng, các dòng này có thể có khả năng kháng bệnh mốc hồng.

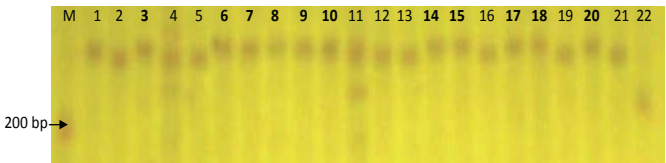
Phân tích 32 THL triển vọng với 6 chỉ thị SSR chọn lọc

Kết quả đánh giá cho thấy, trong số 32 THL chỉ có 6 THL không có chỉ thị liên kết, các THL còn lại đều có ít nhất 1 chỉ thị liên kết với tính kháng bệnh mốc hồng. Trong đó có 2 THL (5 và 25) có 3 chỉ thị liên kết, đặc biệt THL6 và THL12 có tới 4 chỉ thị liên kết. Trong 6 chỉ thị sử dụng thì SSR93 xác định được 11 dòng, Nc030 xác định được 12

dòng, Dupssr34 xác định được 2 dòng, Umc1489 liên kết với 6 dòng, Umc1511 liên kết với 6 dòng và Umc1025 xác định được 8 dòng (bảng 5).

Bảng 5. Kết quả đánh giá chỉ thị phân tử.

TT	THL	Chỉ thị liên kết với tính trạng kháng mốc hồng						Tổng
		SSR93	Ne030	Dupssr34	Umc1489	Umc1511	Umc1025	
1	THL1	1	1	0	0	0	0	2
2	THL2	0	0	0	1	0	0	1
3	THL3	0	1	0	0	0	0	1
4	THL4	1	0	0	1	0	0	2
5	THL5	1	1	0	0	1	0	3
6	THL6	1	1	0	0	1	1	4
7	THL7	1	0	0	0	0	1	2
8	THL8	0	0	0	0	1	1	2
9	THL9	0	0	0	0	0	0	0
10	THL10	0	0	0	1	0	0	1
11	THL11	0	1	0	0	0	1	2
12	THL12	1	1	1	0	0	1	4
13	THL13	1	1	0	0	0	0	2
14	THL14	0	0	0	0	1	0	1
15	THL15	1	0	0	0	0	0	1
16	THL16	0	0	0	0	0	1	1
17	THL17	0	0	0	0	0	0	0
18	THL18	1	0	0	1	0	0	2
19	THL19	0	1	0	0	0	1	2
20	THL20	0	1	0	0	0	0	1
21	THL21	0	0	0	0	1	1	2
22	THL22	0	0	0	0	0	0	0
23	THL23	0	0	0	0	0	0	0
24	THL24	0	1	0	0	1	0	2
25	THL25	0	1	1	1	0	0	3
26	THL26	1	0	0	0	0	0	1
27	THL27	1	0	0	0	0	0	1
28	THL28	0	0	0	0	0	0	0
29	THL29	0	1	0	0	0	0	1
30	THL30	0	0	0	0	0	0	0
31	THL31	0	0	0	1	0	0	1
32	THL32	0	0	0	0	0	0	0
Tổng		11	12	2	6	6	8	



Hình 3. Ảnh điện di gel polyacrylamide sản phẩm PCR với cặp mồi SSR93 của 20 dòng ngô triển vọng. M: Marker 100 bp (Biolabs); 21: H665 (đối chứng kháng); 22: H99 (đối chứng nhiễm); từ 3-22: THL1 đến THL20.

Kết quả hình 3 cho thấy, có 11 THL có chỉ thị liên kết với tính kháng bệnh mốc hồng (các THL có tên chữ đậm có băng giống với cây kháng), các THL này có thể có khả năng kháng bệnh mốc hồng.

Kết quả đánh giá các đặc điểm nông sinh học của 8 THL triển vọng

Từ kết quả các thí nghiệm trên, 8 THL gồm VN116 (THL1), H156 (THL6), H162 (THL4), H115 (THL27), H161 (THL2), H117 (THL7), H118 (THL28), H119 (THL29) được lựa chọn tham gia các thử nghiệm tại các vùng trồng ngô lớn (Thanh Hóa, Hòa Bình...) trong vụ hè thu 2017. Kết quả thử nghiệm cho thấy, các giống có thời gian sinh trưởng trung bình trong cả 2 vùng thử nghiệm (103-106 ngày) tương đương với các đối chứng PAC339 và NK4300; hầu hết các THL đều cao cây hơn PAC339, tương đương và cao hơn NK4300 (bảng 6).

Bảng 6. Thời gian sinh trưởng và hình thái cây.

TT	THL	TGST (ngày)		Chiều cao cây (cm)	
		Thanh Hóa	Hòa Bình	Thanh Hóa	Hòa Bình
1	VN116	105	103	242,50	250,50
2	H161	106	104	277,54	270,50
3	H162	105	103	252,28	225,25
4	H156	105	103	255,3	251,35
5	H115	104	102	245,2	240,45
6	H117	105	102	261,7	270,30
7	H118	105	105	270,6	264,65
8	H119	106	103	256,5	262,24
9	NK4300		104		245,46
10	PAC339	104		235,25	

Tại cả 2 điểm thử nghiệm, các giống đều chống đổ rất tốt; phần lớn các THL bị nhiễm bệnh đốm lá ở mức độ trung bình (điểm 2), chỉ có THL H156 và H118 bị nhiễm nặng hơn (điểm 3). Trong điều kiện tự nhiên, 7/9 THL không thấy xuất hiện dấu hiệu bệnh mốc hồng trên bắp và hạt, chỉ có THL H156, H118 và NK4300 có biểu hiện nấm mốc xuất hiện trên bắp và hạt ở mức độ thấp (bảng 7).

Bảng 7. Mức độ chống chịu đồng ruộng của các THL.

TT	THL	Đổ (điểm)		Bệnh đốm lá (điểm)		Mốc hồng trên bắp, hạt (điểm)	
		Hòa Bình	Thanh Hóa	Hòa Bình	Thanh Hóa	Hòa Bình	Thanh Hóa
1	VN116	1	1	2	2	1	1
2	H161	1	1	2	2	1	1
3	H162	1	1	2	2	1	1
4	H156	1	1	3	3	2	2
5	H115	1	1	2	2	1	1
6	H117	1	1	3	2	1	1
7	H118	1	1	3	3	2	2
8	H119	1	1	3	2	1	1
9	NK4300	1		3		2	
10	PAC339		1		2		2

Tại Hòa Bình, bắp của các THL có xu hướng dài hơn tại Thanh Hóa (17,2-19,4 cm so với 16,5-18,5 cm), tương đương với các đối chứng tại các điểm thử nghiệm; các THL có năng suất từ 85,25 đến 100,94 tạ/ha, cao hơn tại điểm thực nghiệm Thanh Hóa (72,6-92,6 tạ/ha). Trong cả 2 điểm thực nghiệm THL VN116 và H115 đều có năng suất cao nhất trong các giống thử nghiệm (bảng 8). Như vậy, qua thử nghiệm tại 2 điểm đã xác định được 6 THL là VN116, H162, H115, H161, H117, H119 có năng suất từ 82,46-95,67 tạ/ha có thể đưa vào chương trình khảo nghiệm để lựa chọn các giống ổn định nhất cho sản xuất tại các tỉnh phía Bắc, đặc biệt tại các vùng thường xuất hiện bệnh mốc hồng như Thanh Hoá, Sơn La, Hòa Bình...

Bảng 8. Năng suất của các THL tại 2 điểm thực nghiệm

TT	THL	Chiều dài bắp (cm)		Tỷ lệ hạt/bắp (%)		Năng suất (tạ/ha)		
		Hòa Bình	Thanh Hóa	Hòa Bình	Thanh Hóa	Hòa Bình	Thanh Hóa	Trung Bình
1	VN116	19,4	18,5	80,2	81,2	100,94	90,4	95,67
2	H161	18,6	17,6	79,8	77,8	93,32	81,4	87,36
3	H162	18,1	16,8	79,6	79,6	95,52	78,5	87,01
4	H156	17,2	16,5	77,2	78,1	85,25	72,6	78,93
5	H115	18,8	18,2	81,6	81,4	98,58	92,6	95,59
6	H117	17,3	16,8	79,4	78,5	85,52	79,4	82,46
7	H118	17,2	17,4	79,5	79,2	86,71	74,5	80,61
8	H119	18,5	17,3	79,7	79,4	92,33	78,6	85,47
9	NK4300	18,6		80,7		98,31		98,31
10	PAC339		17,5		80,5		82,3	82,30
	LSD _{0,05}					8,2	6,2	



Hình 4. Thử nghiệm các THL tại Hòa Bình (trái) và Thanh hóa (phải).

Kết luận

Đánh giá các dòng F5 và BC5F1 với các chỉ thị liên kết với tính kháng bệnh, lựa chọn được 8 dòng (F5.5, F5.12, F5.18, F5.22, BC5.8, BC5.9, BC5.21, BC5.22) và 8 THL

VN116 (H665 x H60C), H156 (F4.22 x H665), H162 (F4.12 x H665), H115 (F4.22 x H411), H161 (F4.12 x H411), H117 (BC4.21 x H411), H118 (BC4.22 x H411), H119 (BC4.22 x H171) có ít nhất 2 chỉ thị liên kết với tính kháng bệnh mốc hồng. Kết quả khảo sát, đánh giá 8 THL lựa chọn từ thí nghiệm phân tử đã xác định được 6 THL có năng suất cao hơn 80 tạ/ha là VN116, H162, H115, H161, H117 và H119 có thể đưa vào chương trình khảo nghiệm để lựa chọn các giống ổn định nhất cho sản xuất tại các tỉnh phía Bắc.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] A. Mesterhazy, et al. (2012), *Environmental interactions in phenotyping and resistance evaluation ways to neutralize them*, The global Fusarium initiative for international collaboration - strategic planning workshop held at CIMMYT.
- [2] M. Löffler, et al. (2010), "Population parameters for resistance to Fusarium graminearum and Fusarium verticillioides ear rot among large sets of early, mid-late and late maturing European maize (*Zea mays* L.) inbred lines", *Theor. Appl. Genet.*, **120**, pp.1053-1062.
- [3] M.D. Robertson, et al. (2005), "Insulin sensitivity effects of dietary resistance starch and effects on skeletal muscle and adipose tissue metabolism", *Am. J. Clin. Nutr.*, **82**, pp.559-567.
- [4] Robertson Hoyt (2007), *Genomic resources for analyzing Fusarium and aspergillus - Maize interaction*.
- [5] X. Chen, et al. (2012), "Fusarium graminearum exploits ethylene signalling to colonize dicotyledonous and monocotyledonous plant", *New phytol.*, **182**, pp.975-983.
- [6] J.Q. Ding, et al. (2008), "QTL mapping of resistance to Fusarium ear rot using a RIL Population in maize", *Mol. Breed.*, **22**, pp.395-403.
- [7] Noura Salah, et al. (2016), "Identification of new molecular markers linked to maize stalk rot disease resistance (Fusarium moniliforme) in maize", *Plant Omics Journal*, **9(1)**, pp.12-18.
- [8] L.A. Robertson Hoyt, et al. (2006), "QTL mapping for Fusarium ear rot and fumonisin contamination resistances in two maize population", *Crop Science*, **46**, pp.1734-1743.
- [9] L.A. Robertson Hoyt, et al. (2007), "Relationships among resistances to fusarium and aspergillus ear rot and contamination by fumonisin and aflatoxin in maize", *Phytopathology*, **97**, pp.311-317.
- [10] K. Xiang, et al. (2010), *Relationship among kernel drydown rates environmental factors and resistance to gibberella ear rot, fusarium ear rot and common smut of corn*, Joint annual meeting of the Canadian phytopathological society and the pacific division of the american phytopathological society.
- [11] Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn (2011), *Quy chuẩn kỹ thuật quốc gia về khảo nghiệm giá trị canh tác và sử dụng của giống ngô*.