

## Effect of substrate, NAA concentration and generation of cuttings in culturing *Petunia hybrida*

Nguyen Thi Dan Thi, Le Van Hoa

### Abstract

This study aims to find out substrate, concentration of NAA and generation of suitable cuttings to propagate *Petunia* by cuttings. The experiment was arranged in a completely randomized design, 1 factor in experiment 1 (cuttings) and 2 factors in experiment 2 (5 NAA concentrations and 4 generations of cuttings). Experimental results 1 showed that the cutting substrate with ½ wormwood + ½ vermicompost fertilizer was suitable for cuttings of Da Yen Thao tree because the number of roots (32.2 roots), rooting rate (70%) and high rate of gardening (71.7%) differed significantly from other substrates. When cuttings *Petunia* with NAA concentration of 1,500 ppm resulted in the number of roots (59.62 roots) root length (6.84 cm), rooting rate (75%) and rate of gardening (74.1%) high in all generations of cuttings. However, the cuttings of 4th generation flowered when they were still in the cuttings stage.

**Keywords:** NAA, substrate, *Petunia*, cuttings

Ngày nhận bài: 10/6/2019  
Ngày phản biện: 14/6/2019

Người phản biện: PGS. TS. Đặng Văn Đông  
Ngày duyệt đăng: 14/6/2019

## ĐỊNH DANH XẠ KHUẨN CÓ TRIỂN VỌNG TRONG PHÒNG TRỪ BỆNH ĐẠO ÔN HẠI LÚA TRÊN VÙNG ĐẤT NHIỄM MẶN

Đặng Nguyệt Quế<sup>1,2</sup>, Trần Thị Thu Thủy<sup>3</sup>, Lê Minh Tường<sup>4</sup>

### TÓM TẮT

Ba chủng xạ khuẩn S06-MBL, S09-MBL và S17-MBL được phân lập từ đất trồng lúa nhiễm mặn ở tỉnh Bạc Liêu. Đây là những chủng có khả năng đối kháng tốt với nấm *Pyricularia oryzae* gây bệnh đạo ôn trên lúa trong điều kiện phòng thí nghiệm. Nghiên cứu này nhằm định danh các chủng xạ khuẩn trên dựa vào các đặc điểm hình thái khuẩn lạc nuôi cấy trên các môi trường ISP và đặc tính sinh hóa của chúng. Ngoài ra, các chủng xạ khuẩn còn được định danh dựa trên trình tự gen vùng 16S-rRNA. Kết quả quan sát, so sánh các đặc điểm và hình dạng của cuống sinh bào tử, chuỗi bào tử, bề mặt bào tử, màu sắc hệ sợi cơ chất và khả năng tiết sắc tố melanin nhận thấy 3 chủng xạ khuẩn S06-MBL, S09-MBL và S17-MBL thuộc các nhóm loài khác nhau. Kết quả so sánh trình tự gene vùng 16S-rRNA với các mẫu trên ngân hàng gene (GenBank) cho thấy chủng S06-MBL tương đồng với loài *Streptomyces fradiae* tới 99%; chủng S09-MBL tương đồng với loài *Streptomyces bikiniensis* đạt mức 99% và chủng S17-MBL tương đồng với loài *Streptomyces lavendulae* ở mức 98%.

**Từ khóa:** Định danh, xạ khuẩn, 16S-rRNA, đặc điểm hình thái, đặc điểm sinh hóa

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hiện nay, bệnh đạo ôn do nấm *Pyricularia oryzae* gây ra là bệnh gây hại nhiều nhất cho năng suất lúa. Thiệt hại về năng suất do bệnh gây ra ước tính từ 10% - 30% (Ashkani *et al.*, 2015). Để bảo đảm an ninh lương thực cho đất nước và toàn thế giới, cần tìm ra biện pháp quản lý bệnh đạo ôn hiệu quả, an toàn và bền vững. Đặc biệt, trong điều kiện canh tác lúa khó khăn do ảnh hưởng của biến đổi khí hậu và nước biển dâng, việc quản lý bệnh đạo ôn hại lúa càng được quan tâm nhiều hơn. Nhiều biện

pháp quản lý bệnh đạo ôn đã được triển khai nghiên cứu, trong đó kiểm soát bằng biện pháp sinh học được xem là có hiệu quả về chi phí, an toàn và thân thiện với môi trường hơn so với sử dụng thuốc hóa học. Xạ khuẩn (*Streptomyces*) là một trong những tác nhân đối kháng đã được ứng dụng thành công trong phòng trừ một số bệnh hại chính trên lúa, như bệnh đạo ôn (Lê Minh Tường, 2015), bệnh cháy bìa lá lúa (Lê Minh Tường và Nguyễn Thị Mỹ Ngân, 2015). Kết quả nghiên cứu của Đặng Nguyệt Quế và cộng tác viên (2019) cho thấy, ba chủng xạ khuẩn

<sup>1</sup> Nghiên cứu sinh ngành Bảo vệ thực vật, Trường Đại học Cần Thơ

<sup>2</sup> Khoa Nông nghiệp, trường Đại học Bạc Liêu; <sup>3</sup> Hội Bệnh hại thực vật Việt Nam

<sup>4</sup> Khoa Nông nghiệp và Sinh học ứng dụng, Trường Đại học Cần Thơ

S06-MBL, S09-MBL và S17-MBL có khả năng tiết enzyme chitinase với hàm lượng 0,28 - 0,51 IU/ml ở thời điểm 7 NSTN cũng như đối kháng tốt với nấm *Pyricularia oryzae* gây bệnh đạo ôn trên lúa trong điều kiện phòng thí nghiệm. Do đó, nghiên cứu này được thực hiện nhằm định danh đến loài đối với 3 chủng xạ khuẩn S06-MBL, S09-MBL và S17-MBL bằng phương pháp truyền thống và sinh học phân tử. Từ đó làm cơ sở cho việc đánh giá khả năng quản lý bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Ba chủng xạ khuẩn S06-MBL, S09-MBL và S17-MBL có nguồn gốc từ đất trồng lúa nhiễm mặn, được phân lập và tuyển chọn tại Bộ môn Bảo vệ thực vật, Trường Đại học Cần Thơ. Cả 3 chủng xạ khuẩn này đều thể hiện khả năng đối kháng tốt với nấm *P. oryzae*; đồng thời có khả năng tiết enzyme chitinase với hàm lượng 0,28 - 0,51 IU/ml ở thời điểm 7 ngày sau thí nghiệm (Đặng Nguyệt Quế và *ctv.*, 2019).

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

#### 2.2.1. Đặc điểm hình thái của xạ khuẩn

a) *Quan sát màu sắc của hệ sợi khí sinh, hệ sợi cơ chất và sắc tố tan*

Thí nghiệm được tiến hành theo phương pháp của Shirling và Gottlieb (1966). Các chủng xạ khuẩn được nuôi cấy trên môi trường ISP (International Streptomyces Project) ở điều kiện nhiệt độ phòng. Chỉ tiêu ghi nhận là màu sắc hệ sợi cơ chất, hệ sợi khí sinh và sắc tố tan tiết ra ngoài môi trường nuôi cấy ở thời điểm 7, 14 và 21 NSTN. Ghi nhận các màu: vàng nâu, vàng nâu ánh đỏ hoặc da cam, vàng nâu ánh xanh da trời hoặc tím, vàng nâu lẫn xanh lá cây (Shirling và Gottlieb, 1966).

b) *Quan sát cuống sinh bào tử và hình dạng bề mặt bào tử*

Thí nghiệm được tiến hành theo phương pháp của Tresner và cộng tác viên (1961). Các chủng xạ khuẩn được nuôi cấy trên môi trường MS trong 5 ngày để nhân mật số. Chuỗi bào tử được quan sát dưới kính hiển vi quang học để xác định dạng chuỗi bào tử của xạ khuẩn như sau: dạng thẳng, dạng hình móc câu và dạng xoắn ốc... Hình dạng bào tử được quan sát dưới kính hiển vi điện tử để xác định các dạng bào tử như sau: dạng trơn, dạng gai, dạng khối u và dạng có lông...

#### 2.2.2. Đặc tính sinh hóa

a) *Khả năng tiết enzyme protease của các chủng xạ khuẩn*

Thí nghiệm được thực hiện theo phương pháp của Mitra và Chakrabartty (2005). Các chủng xạ khuẩn được nhân nuôi trên môi trường MS trong 5 ngày để nhân mật số. Xạ khuẩn được cấy thành 3 điểm, mỗi điểm là một khoanh giấy thấm (có đường kính 5 mm) có tấm huyền phù xạ khuẩn trên đĩa petri có chứa môi trường Skim milk agar. Sau đó, tiến hành đo bán kính vòng phân giải protein ở thời điểm 2, 4, 6 và 8 NSTN.

b) *Khả năng tiết enzyme lipase của các chủng xạ khuẩn*

Thí nghiệm được thực hiện theo phương pháp của Ertuğrul và cộng tác viên (2007). Các chủng xạ khuẩn được nhân nuôi trên môi trường MS trong 5 ngày để nhân mật số. Xạ khuẩn được cấy thành 3 điểm, mỗi điểm là một khoanh giấy thấm (có đường kính 5 mm) có tấm huyền phù xạ khuẩn trên đĩa petri có chứa môi trường Tween 80 agar. Sau đó, tiến hành đo bán kính vòng phân giải lipid ở thời điểm 3, 5 và 7 NSTN.

c) *Khả năng tiết enzyme amylase của các chủng xạ khuẩn*

Thí nghiệm được thực hiện theo phương pháp của Santos và cộng tác viên (2012). Xạ khuẩn được nhân nuôi trên môi trường MS trong 5 ngày để nhân mật số. Xạ khuẩn được cấy thành 3 điểm, mỗi điểm là một khoanh giấy thấm (có đường kính 5 mm) có tấm huyền phù xạ khuẩn trên đĩa petri có chứa môi trường tinh bột. Sau đó, tiến hành đo bán kính vòng phân giải tinh bột ở thời điểm 2, 4, 6 và 8 NSTN.

d) *Sự hình thành sắc tố melanin của các chủng xạ khuẩn có triển vọng*

Thí nghiệm được thực hiện theo phương pháp của Shirling và Gottlieb (1966). Xạ khuẩn được nuôi cấy trên môi trường ISP6 ở nhiệt độ phòng. Sau đó, quan sát màu của môi trường ở thời điểm 2 và 4 NSTN. Nếu sinh sắc tố melanin, màu của môi trường nuôi cấy sẽ chuyển từ màu vàng sang màu nâu cho đến màu đen.

#### 2.2.3. Định danh đến loài các chủng xạ khuẩn bằng phương pháp sinh học phân tử

Tách chiết DNA của 03 chủng xạ khuẩn được thực hiện theo phương pháp của Weisburg và cộng tác viên (1991). Cặp mồi được sử dụng để khuếch đại đoạn gen 16S-rRNA của các chủng xạ khuẩn trong nghiên cứu là: 1492R:

5'-TACGGTTACCTTGTTACGACT-3' và 27: 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTC-3'. Thành phần phản ứng PCR: hỗn hợp phản ứng PCR có thể tích 25 µl với thành phần hóa chất gồm: 13,35 µl nước; 2,5 µl buffer; MgCl<sub>2</sub> 2 µl; dNTP<sub>s</sub> 4 µl; DMNSO 0,5 µl; 0,25 µl Taq polymerase; 0,25 µl mỗi 27F; 0,25 µl mỗi 1492R và 2 µl DNA của xạ khuẩn. Phản ứng PCR với chu kì nhiệt bắt đầu bằng giai đoạn biến tính DNA ở 95°C trong 5 phút, tiếp theo là 30 chu kỳ lặp lại của giai đoạn biến tính ở 95°C trong 1 phút, giai đoạn bắt cặp ở 53°C trong 30 giây và giai đoạn kéo dài ở 72°C trong 90 giây. Tiếp theo là giai đoạn kéo dài trong 5 phút ở 72°C để chắc chắn rằng các sợi DNA đã được bổ sung hoàn toàn bởi dNTP<sub>s</sub>. Sau đó sản phẩm PCR sẽ được đưa vào bảo quản ở 10°C. Sản phẩm PCR được điện di trên agarose gel 1,5%. Tinh sạch sản phẩm PCR bằng bộ QIA quick PCR Purification Kit của QIAGEN. Mẫu phân tích được giải trình tự tại phòng thí nghiệm Bệnh cây, Khoa Nông nghiệp, trường Đại học Nông nghiệp và Công nghệ Tokyo, Nhật Bản (Giải trình tự trên hệ thống máy ABI 3130XL). Phân tích kết quả bằng phần mềm Sequencing Analysis 6.0 và so sánh với kết quả trên ngân hàng gen để xác định tên loài của xạ khuẩn.

### 2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 4 đến tháng 8 năm 2017 tại Phòng thí nghiệm Bệnh cây, Bộ môn Bảo vệ thực vật, Khoa Nông nghiệp và Sinh học ứng dụng, Trường Đại học Cần Thơ.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

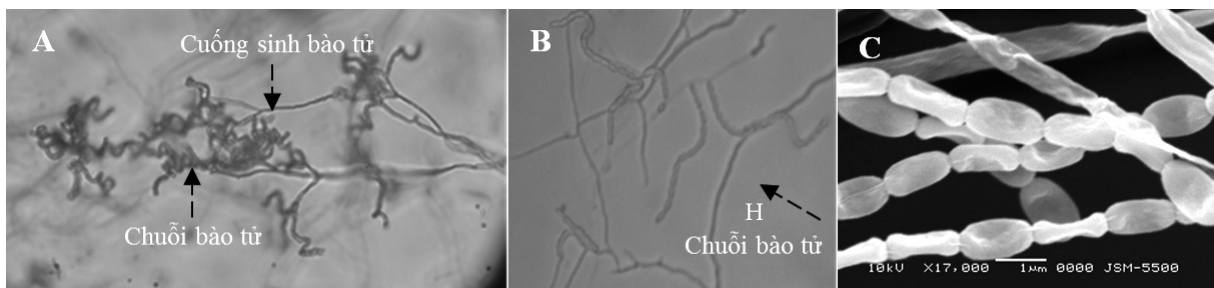
### 3.1. Định danh xạ khuẩn dựa vào đặc điểm hình thái và đặc điểm sinh hóa

Kết quả về đặc điểm nuôi cấy, đặc điểm hình thái và đặc điểm sinh lý của 3 chủng xạ khuẩn thí nghiệm được trình bày ở bảng 1, bảng 2, hình 1 và hình 2.

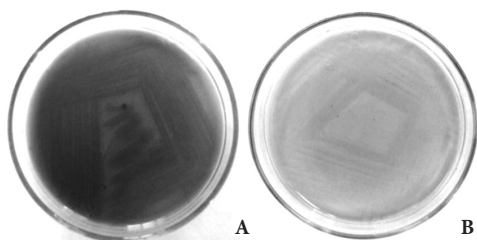
Chủng xạ khuẩn S06-MBL có chuỗi bào tử dạng thẳng (R), cuống sinh bào tử thuộc dạng lượn sóng (F) và có bề mặt bào tử trơn. Chủng S06-MBL không hình thành sắc tố tan trên các môi trường nuôi cấy và không có khả năng sinh melanin. Bên cạnh đó dựa vào các đặc điểm nhận dạng xạ khuẩn đã xác định được chủng xạ khuẩn S06-MBL thuộc Gram dương và có khả năng tiết các enzyme ngoại bào như protease, amylase và lipase (Bảng 1 và 2).

**Bảng 1.** Đặc điểm về hình thái và đặc điểm sinh lý - sinh hóa của ba chủng xạ khuẩn thí nghiệm

Đặc điểm	Chủng xạ khuẩn thí nghiệm		
	S06-MBL	S09-MBL	S17-MBL
Chuỗi bào tử	Thẳng (R)	Thẳng (R)	Móc câu (RA)
Cuống sinh bào tử	Lượn sóng (F)	Thẳng hơi gợn sóng (RF)	Thẳng hơi gợn sóng (RF)
Bề mặt bào tử	Dạng trơn	Dạng trơn	Dạng trơn
Màu sắc KTKS	Trắng	Trắng	Xám
Sắc tố tan	Không	Không	Không
Sắc tố melanin	Không	Vàng nâu	Không
Tiết enzyme	Protease, Amylase, Lipase, Cellulase	Protease, Amylase, Lipase, Cellulase	Protease, Amylase, Lipase, Cellulase
Gram	Dương	Dương	Dương



**Hình 1.** Hình dạng cuống sinh bào tử dạng thẳng (A), chuỗi bào tử dạng móc câu (A), chuỗi bào tử dạng thẳng (B), bề mặt bào tử dạng trơn (C)



**Hình 2.** Khả năng tạo sắc tố melanin (A) và không tạo sắc tố melanin (B) trên môi trường ISP6 của xạ khuẩn ở 4 NSKC

Chủng S09-MBL có chuỗi bào tử dạng thẳng (R), cuống sinh bào tử thuộc dạng thẳng hơi gợn sóng (RF), bề mặt bào tử trơn. Chủng S09-MBL không hình thành sắc tố tan trên các môi trường nuôi cấy và có khả năng sinh sắc tố melanin. Bên cạnh đó dựa vào các đặc điểm chung của xạ khuẩn đã được nghiên cứu trước đây xác định chủng xạ khuẩn S09-MBL thuộc Gram dương và có khả năng tiết các enzyme ngoại bào như protease, amylase và lipase (Bảng 1 và 2).

Chủng xạ khuẩn S17-MBL có chuỗi bào tử dạng móc câu (RA), cuống sinh bào tử dạng thẳng hơi gợn sóng (RF) và bề mặt bào tử có dạng trơn. Chủng S17-MBL không hình thành sắc tố tan trên các môi trường nuôi cấy và không có khả năng sinh melanin. Bên cạnh đó dựa vào các đặc điểm chung của xạ khuẩn đã nhận dạng và xác định chủng xạ khuẩn S17-MBL thuộc Gram dương và có khả năng tiết các enzyme ngoại bào như protease, amylase và lipase (Bảng 1 và 2).

**Bảng 2.** Khả năng tiết enzyme amylase, protease và lipase của các chủng xạ khuẩn

Chủng xạ khuẩn	Bán kính vòng phân giải cơ chất (mm) của 3 chủng xạ khuẩn ở 7 NSTN (*)		
	Amylase	Protease	Lipase
S17-MBL	8,8 ± 0,96	13,5 ± 0,58	9,8 ± 0,96
S09-MBL	10,8 ± 1,16	11,5 ± 0,57	11,2 ± 0,65
S06-MBL	9,5 ± 1,29	8,3 ± 0,50	10,8 ± 0,63

(\*) Số liệu là trung bình của ba lần lặp lại ± SD (độ lệch chuẩn).

**Bảng 3.** Kết quả xác định ba mẫu xạ khuẩn dựa trên trình tự vùng 16S-rDNA

Mẫu xạ khuẩn	Loài xác định	Kích thước trình tự (bp)	Mức độ tương đồng (%)	Mã số của chủng tương đồng trên GenBank
S06-MBL	<i>Streptomyces fradiae</i>	1462	99	AB184253.1
S09-MBL	<i>Streptomyces bikiniensis</i>	1476	99	NR_112436.1
S17-MBL	<i>Streptomyces lavendulae</i>	1515	98	DQ645958.1

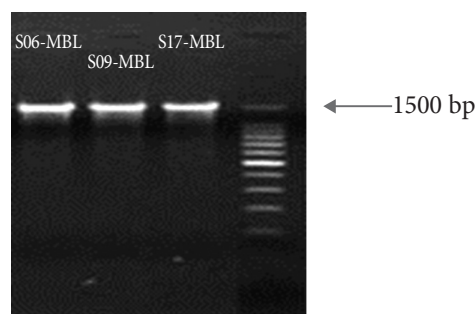
Theo kết quả nghiên cứu của Dương Thị Ngọc (2015) cho thấy 3 chủng xạ khuẩn có tên khoa học là *Streptomyces fradiae*, *Streptomyces bikiniensis* và

Từ kết quả so sánh các đặc điểm nuôi cấy, hình thái và sinh lý với khóa phân loại xạ khuẩn của International Streptomyces Project (Shirling and Gottlieb, 1972) có thể xếp 03 chủng xạ khuẩn: S06-MBL, S09-MBL và S17-MBL vào chi *Streptomyces*. Trong đó, chủng S06-MBL có thể là loài *Streptomyces fradiae*, chủng S09-MBL có thể là loài *Streptomyces bikiniensis* và chủng S17-MBL có thể là loài *Streptomyces lavendulae*.

Để xác định chính xác tên loài của các chủng xạ khuẩn trên cần kết hợp các đặc điểm phân loại theo phương pháp truyền thống với phương pháp sinh học phân tử.

### 3.2. Định danh các chủng xạ khuẩn bằng phương pháp sinh học phân tử

Sản phẩm PCR thu được của các chủng xạ khuẩn có kích thước khoảng 1500 bp (Hình 3), phù hợp với trọng lượng phân tử các chủng xạ khuẩn thuộc loài *Streptomyces*.



**Hình 3.** Sản phẩm PCR được khuếch đại với cặp mỗi thuộc vùng 16S-rRNA của 3 chủng xạ khuẩn S06-MBL, S09-MBL và S17-MBL

Dựa vào kết quả bảng 3 cho thấy các chủng xạ khuẩn thí nghiệm có mức độ tương đồng từ 98 - 99% khi so sánh với loài chuẩn dựa vào trình tự gen vùng 16S rRNA. Cụ thể là chủng S06-MBL có mức tương đồng với loài *Streptomyces fradiae* là 99%; chủng S09-MBL có mức tương đồng với loài *Streptomyces bikiniensis* là 99% và chủng S17-MBL có mức tương đồng với loài *Streptomyces lavendulae* là 98%.

*Streptomyces lavendulae* có khả năng phòng trị bệnh đạo ôn hại lúa canh tác trong vùng nước ngọt ở Đồng bằng sông Cửu Long. Bên cạnh đó, chủng xạ khuẩn



có tên khoa học là loài *Streptomyces bikiniensis* cũng có khả năng quản lý bệnh cháy bìa lá lúa do vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* gây ra ở ĐBSCL (Lê Minh Tường và ctv., 2015).

#### IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

##### 4.1. Kết luận

Ba chủng xạ khuẩn nghiên cứu thuộc loài *Streptomyces fradiae*, *Streptomyces bikiniensis* và *Streptomyces lavendulae*.

##### 4.2. Đề nghị

Đề nghị đánh giá khả năng phòng trị bệnh đạo ôn hại lúa của 3 chủng xạ khuẩn vừa định danh trên ở điều kiện ngoài đồng vùng đất nhiễm mặn.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Dương Thị Ngọc**, 2015. *Định danh các chủng xạ khuẩn có triển vọng trong quản lý một số bệnh hại lúa*. Luận văn tốt nghiệp thạc sĩ ngành Bảo vệ thực vật. Trường Đại học Cần Thơ.
- Lê Minh Tường**, 2015. Đánh giá khả năng phòng trị của xạ khuẩn đối với bệnh đạo ôn hại lúa. *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn*, 14: 47-56.
- Lê Minh Tường, Lý Văn Giang, Phạm Tuấn Vũ**, 2015. Định danh xạ khuẩn có triển vọng trong phòng trị bệnh cháy bìa lá hại lúa. *Tạp chí Khoa học - Trường Đại học Cần Thơ*, 41: 46-52.
- Lê Minh Tường, Nguyễn Thị Mỹ Ngân**, 2015. Khảo sát khả năng phòng trừ của xạ khuẩn đối với bệnh bạc lá hại lúa. *Tạp chí Bảo vệ thực vật*, 6: 39-46.
- Đặng Nguyệt Quế, Trần Thị Thu Thủy và Lê Minh Tường**, 2019. Khảo sát đặc tính của một số chủng xạ khuẩn đối với nấm *Pyricularia oryzae* gây bệnh đạo ôn trên lúa vùng đất nhiễm mặn. *Tạp chí Nông*

*ng nghiệp và Phát triển Nông thôn*, 19: 81-86.

- Ashkani, S., M.R.Yusop, M. Shabanimofrad, A.R. Harun, M. Sahebi and M.A. Latif**, 2015. Genetic analysis of resistance to rice blast: a study on the inheritance of resistance to the blast disease pathogen in an F3 population of rice. *Journal of Phytopathology*, 163: 300-309.
- Ertugrul, S., G. Dönmez and S. Takac**, 2007. Isolation of lipase producing Bacillus sp. from olive mill wastewater and improving its enzyme activity. *Journal of Hazardous Materials*, 149 (3): 720-724.
- Mitra, P. and P. Chakrabarty**, 2005. An extracellular protease with depilation activity from *Streptomyces nogalator*. *Journal of Scientific and Industrial Research*, 64 (12): 978.
- Santos, É.R.D., Z.N.S. Teles, N.M. Campos, D.A.J.D. Souza, A.S.D.R. Bispo and R.P.D. Nascimento**, 2012. Production of  $\alpha$ - amylase from *Streptomyces* sp. SLBA-08 strain using agro-industrial byproducts. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 55 (5): 793-800.
- Shirling, E.T. and D. Gottlieb**, 1966. Methods for characterization of *Streptomyces* species. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 16 (3): 313-340.
- Shirling, E.T. and Gottlieb, D.**, 1972. Cooperative description of type strains of *Streptomyces* V. Additional descriptions. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 22 (4): 265-394.
- Tresner, H., M.C. Davies and E.J. Backus**, 1961. Electron microscopy of *Streptomyces* spore morphology and its role in species differentiation. *International Journal of Bacteriology*, 81 (1): 70-80.
- Weisburg, W.G., S.M. Barns, D.A. Pelletier, and D.J. Lane**, 1991. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. *International Journal of Bacteriology*, 173 (2): 697-703.

### Identification of actinomycetes as promising biocontrol against rice blast disease in salt affected soils

Dang Nguyet Que, Tran Thi Thu Thuy, Le Minh Tuong

#### Abstract

Three actinomycetes strains of S06-MBL, S09-MBL and S17-MBL were isolated from salinity soil of rice fields in Bac Lieu province. These strains showed good antagonistic activity against *Pyricularia oryzae* fungi causing rice blast disease in *in vitro* condition. In this research, the actinomycetes strains were identified based on morphological characteristics of cultured colonies on the ISP mediums and their biochemical characteristics. In addition, the 16S-rRNA gene sequence was also used to identify the strains. The observations and comparisons results of characteristics and shapes of spore-bearing mycelium, spore chain, spore surface, substrate fiber colors and ability to produce melanin pigment found 3 strains of S06-MBL, S09-MBL and S17-MBL belonging to different species groups. Comparison of the 16S-rRNA gene sequences with existing patterns on Gene bank indicated that S06-MBL strain had 99% similarity to *Streptomyces fradiae*, S09-MBL strain had 99% similarity to *Streptomyces bikiniensis* and S17-MBL strain showed 98% similarity to *Streptomyces lavendulae*.

**Keywords:** Actinomycete, identification, 16S-rRNA, morphological characteristics, biochemical characteristics

Ngày nhận bài: 3/6/2019

Ngày phản biện: 11/6/2019

Người phản biện: TS. Nguyễn Đức Cường

Ngày duyệt đăng: 14/6/2019