

A study of the diversity of *Colletotrichum* sp. causing leaf spot disease in orchids
based on morphology and ITS sequence

Huynh Thi Hong Phan, Thach Ba Thien, Dang Thi Bao Quyen,
Nguyen Thi Ngoc Tuyen, Le Dinh Don, Bui Cach Tuyen

Abstract

Fungal pathogens are the leading cause of leaf spot symptoms on cultivated orchids in Vietnam, yet information on *Colletotrichum* diversity remains scarce. This study aimed to identify *Colletotrichum* complexes responsible for leaf spot disease on *Dendrobium* and *Aerides* orchids in Vietnam. From 2023 to 2025, symptomatic leaves, stems, and flowers were collected from orchid gardens and subjected to fungal isolation, morphological examination, and ITS sequence analysis. Three complexes of *Colletotrichum* were identified: (i) *C. dracaenophilum*, associated with small black spots, leaf tip blight, and brown lesions with yellow halos on *Dendrobium*; (ii) *C. gloeosporioides*, causing brown leaf spots on *Aerides* and *Mokara*; (iii) *C. orchidearum*, producing brown floral spots on *Dendrobium*. The results obtained from this study provide detailed descriptions of disease symptoms and morphological traits of the complexes. These findings contribute valuable sequence and taxonomic information for future research on *Colletotrichum* diversity and orchid pathology in Vietnam.

Keywords: *Aerides*, *Dendrobium*, *C. dracaenophilum*, *C. gloeosporioides*, *C. Orchidearu*

Ngày nhận bài: 06/5/2026

Người phản biện: TS. Phạm Đức Toàn, TS. Chu Đức Hà

Ngày duyệt đăng: 11/6/2026

Ngày phản biện: 07/5/2026

CẤU TRÚC QUẦN THỂ CỦA CÁC CHỦNG VI KHUẨN *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*
GÂY BỆNH BẠC LÁ LÚA TẠI HAI TỈNH ĐỒNG THÁP VÀ VĨNH LONG

Trần Thị Nam Lý^{1*}, Nguyễn Thị Xuân Mai¹, Nguyễn Đức Cường¹

TÓM TẮT

Bệnh bạc lá lúa do vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo) gây ra là một trong những bệnh gây thiệt hại nghiêm trọng đến năng suất và phẩm chất lúa gạo. Tính chống chịu vi khuẩn gây bệnh bạc lá được điều khiển bởi những gen chính trong từng giống và luôn thay đổi. Xác định cấu trúc quần thể của các chủng vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* được thực hiện trên bộ giống mang đơn gen kháng và giống chuẩn nhiễm trong điều kiện nhà lưới bằng phương pháp lây nhiễm nhân tạo với 30 chủng vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* thu thập tại hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long. Kết quả cho thấy đã xác định được 8 nhóm kiểu hình, trong đó hai nhóm II và III có kiểu hình thuộc hệ thống phân nhóm Việt Nam (5 nhóm kiểu hình), kiểu hình của các nhóm VI, VII, VIII đã được công bố trước đây trên các chủng vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* của vùng đồng bằng sông Cửu Long, ba nhóm IX, X, XI có kiểu hình khác. Các chủng vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* phần lớn có kiểu hình thuộc nhóm III, chiếm 46,67%. Ba gen *xa5*, *Xa7* và *Xa21* trong tổng số 12 gen kháng vẫn còn hiệu lực kháng với các chủng *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* thuộc hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long. Trong đó, gen kháng *xa5* có hiệu lực kháng cao 96,67%, gen *Xa7* còn hiệu lực kháng 80% và gen *Xa21* có hiệu lực kháng 56,67%.

Từ khóa: Bệnh bạc lá lúa, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, cấu trúc quần thể, gen kháng

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Lúa (*Oryza sativa* L.) là cây lương thực quan trọng nhất ở các quốc gia châu Á và châu Phi (Odongo *et al.*, 2021). Đặc biệt, có hơn 90% lượng lúa gạo được sản xuất và tiêu thụ tại khu vực châu Á đóng vai trò then chốt với 6 quốc gia (Trung Quốc, Ấn Độ, Indonesia, Bangladesh, Việt Nam và Nhật Bản) chiếm tới 80% tổng sản lượng và tiêu thụ lúa gạo toàn cầu (Abdullah *et al.*, 2007). Bệnh bạc lá lúa do vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* gây ra là một trong những bệnh hại lúa phổ biến. Vi khuẩn gây

bệnh này từng được xếp thứ 4 trong số 10 loài vi khuẩn thực vật nguy hiểm nhất trên thế giới (Mansfield *et al.*, 2012). Đây là bệnh gây hại nghiêm trọng trên lúa ở vùng đồng bằng sông Cửu Long (Phạm Văn Kim, 2015). Vi khuẩn Xoo gây bệnh cho cây lúa vào các giai đoạn từ làm đòng đến trổ bông, dẫn tới việc làm giảm khả năng quang hợp của lá, cây dễ bị nghẹn đòng, hạt lép nhiều và năng suất giảm đáng kể. Thiệt hại năng suất do bệnh bạc lá lúa ước tính từ 20% đến 30%, có thể lên tới 80% khi bệnh gây hại nghiêm trọng (tùy vào giống, giai đoạn

¹ Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long

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

cây trồng và điều kiện thời tiết) (Chaudhary *et al.*, 2012; Baliyan *et al.*, 2018).

Theo tác giả Fiyaz và cộng sự (2022), hiện nay đã có 46 gen kháng vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá, trong đó có 29 gen kháng trội (*Xa1*, *Xa3/Xa26*, *xa5*, *Xa10*, *xa13*, *Xa21*, *Xa23*, *xa25(t)*, *Xa27(t)*, *xa41 (t)*) và 17 gen kháng lặn gồm: *xa5*, *xa8*, *xa13*, *xa15*, *xa19*, *xa20*, *xa24*, *xa25(t)*, *xa26(t)*, *xa28(t)*, *xa31(t)*, *xa32(t)*, *xa34(t)*, *xa41(t)*, *xa42*, *xa44(t)* và *xa45(t)*. Một gen kháng trội chính *Xa21* được du nhập ban đầu từ giống lúa hoang mang lại khả năng kháng phổ rộng chống lại nhiều chủng vi khuẩn độc (Ronald *et al.*, 1992; Hajira *et al.*, 2016). Tính chống chịu vi khuẩn *Xoo* được điều khiển bởi những gen chính trong từng giống và việc biểu hiện tính chống chịu này luôn thay đổi (Mew *et al.*, 1981).

Theo báo cáo của Lưu Văn Quyết và cộng sự (2016), các gen *xa5*, *Xa7*, *Xa21* đều kháng với cả 3 nhóm nòi vi khuẩn tại miền Bắc Việt Nam. Bên cạnh đó, hai gen *xa5* và *Xa21* cũng cho hiệu quả chống lại các chủng vi khuẩn *Xoo* thu thập tại 6 trên tổng số 7 vùng sinh thái của Việt Nam (ngoại trừ vùng Tây Bắc) trong giai đoạn 2017 - 2019 (Huy Chung Nguyen *et al.*, 2023). Tại vùng đồng bằng sông Cửu Long, gen *xa5* có hiệu quả chống lại các chủng vi khuẩn cao nhất, tiếp theo là các gen *Xa7*, *Xa21* và *xa13* (Dinh *et al.*, 2008).

Từ sự thay đổi của nòi cũng như độc tính của vi khuẩn gây bệnh dẫn đến khả năng chống chịu vi khuẩn của các gen kháng bệnh bạc lá cũng thay đổi. Chính vì vậy, việc đánh giá phổ gây hại để xác định cấu trúc quần thể vi khuẩn *Xoo* tại 2 tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long nhằm hỗ trợ cho chiến lược chọn tạo giống kháng bệnh bạc lá tại vùng đồng bằng sông Cửu Long trong tương lai là hết sức cần thiết.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Nguồn giống: Bộ giống chỉ thị mang đơn gen kháng (12 giống) (Schepler-Luu *et al.*, 2025) và hai giống chuẩn nhiễm IR24 và TN1 được nhập nội từ Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế IRRI.

Mẫu bệnh bạc lá lúa được thu thập tại hai tỉnh Đồng Tháp (15 mẫu) và Vĩnh Long (15 mẫu).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Thu thập mẫu bệnh

Mẫu lá nhiễm bệnh bạc lá điển hình có triệu chứng bệnh còn tươi, mô bệnh có màu xanh xám kéo dài theo gân chính (Vũ Triệu Mân và cs., 2007) được thu thập tại hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long trong vụ Hè Thu và Thu Đông năm 2025.

2.2.2. Phân lập vi khuẩn

Mẫu lá có triệu chứng nhiễm bệnh điển hình còn tươi được rửa sạch, cắt vết bệnh ở phần tiếp giáp giữa phần mô khỏe và mô bệnh thành từng đoạn nhỏ có chiều dài 2 cm, khử trùng bằng cồn 70% trong 1 phút, rửa lại với nước cất đã khử trùng 3 lần. Thăm khô vết bệnh, cắt thành từng đoạn nhỏ và ngâm trong 10 mL nước cất trong 30 phút. Dùng que cấy dịch khuẩn lên đĩa Petri chứa môi trường Wakimoto (Karganilla *et al.*, 1973), quan sát và chọn đơn khuẩn lạc điển hình của vi khuẩn *Xoo* sau 48 - 72 giờ, tiếp tục cấy chuyển sang đĩa Petri chứa môi trường Wakimoto.

2.2.3. Đánh giá kiểu hình của các chủng vi khuẩn *Xoo*

Thí nghiệm được bố trí tuần tự không lặp lại với 12 giống mang đơn gen kháng vi khuẩn gây bệnh bạc lá lúa và 2 giống chuẩn nhiễm. Nguồn vi khuẩn *Xoo* sử dụng trong thí nghiệm phân lập từ các mẫu bệnh thu thập tại hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long được lây nhiễm nhân tạo đối với từng chủng trên các giống thuộc bộ chỉ thị mang đơn gen kháng. Các chủng vi khuẩn được nhân nuôi trên môi trường Wakimoto (Wakimoto & Yoshii, 1954), sau 48 giờ, thu được dịch huyền phù vi khuẩn. Tiến hành chủng bệnh nhân tạo khi cây lúa đạt 40 ngày tuổi bằng phương pháp cắt chóp lá của Kaufman (Kaufman *et al.*, 1973). Nồng độ tế bào vi khuẩn trong lây bệnh là 10^8 CFU/mL. Ghi nhận chỉ tiêu tại thời điểm 14 ngày sau chủng bệnh trên các lá được chủng bệnh nhân tạo theo thang đánh giá của IRRI (2013).

Phân nhóm kiểu hình theo hệ thống phân nhóm của Huy Chung Nguyen và cộng sự (2023).

Bảng 1. Thang phân nhóm kiểu hình của các chủng vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá Việt Nam

Tên giống	Gen kháng	Các kiểu hình của vi khuẩn <i>X. oryzae</i> pv. <i>oryzae</i> gây bệnh bạc lá				
		I	II	III	IV	V
IRBB1	<i>Xa1</i>	S	S	S	S	S
IRBB2	<i>Xa2</i>	S	S	S	S	S
IRBB3	<i>Xa3</i>	S	S	S	S	S
IRBB4	<i>Xa4</i>	S	S	S	S	S
IRBB5	<i>xa5</i>	S	R	R	R	S
IRBB7	<i>Xa7</i>	R	S	R	S	S
IRBB8	<i>xa8</i>	S	S	S	S	S
IRBB10	<i>Xa10</i>	S	S	S	S	S
IRBB11	<i>Xa11</i>	S	S	S	S	S
IRBB13	<i>xa13</i>	S	S	S	R	S
IRBB14	<i>Xa14</i>	S	S	S	S	S
IRBB21	<i>Xa21</i>	S	R	R	R	S

2.2.4. Phân tích số liệu

Số liệu sau khi thu thập được xử lý bằng Microsoft Excel và phân nhóm theo chương trình NTSYS2.1. Phân nhóm được thực hiện dựa vào số liệu diện tích vết bệnh để xây dựng ma trận tương đồng thông qua hệ số tương

quan Pearson. Trên cơ sở ma trận tương đồng, các chủng vi khuẩn được phân nhóm theo phương pháp UPGMA.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 5 năm 2025 đến tháng 3 năm 2026 tại Bộ môn Bảo vệ Thực vật, Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh giá kiểu hình của các chủng vi khuẩn Xoo gây bệnh bạc lá lúa

Phân lập được 30 chủng vi khuẩn Xoo gây bệnh bạc lá từ các mẫu bệnh thu thập tại các xã thuộc hai tỉnh Đồng Tháp (15 chủng) và Vĩnh Long (15 chủng). Đánh giá kiểu hình dựa trên phản ứng của các chủng Xoo được phân lập trên 12 gen kháng bệnh bạc lá thuộc bộ giống đơn gen. Kết quả ghi nhận được 8 nhóm kiểu hình khác nhau dựa trên đặc tính gây bệnh trên giống nhiễm

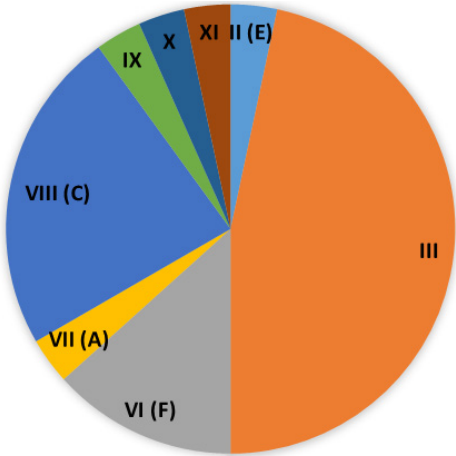
(Bảng 2). Theo hệ thống phân nhóm Xoo đã được công bố của Huy Chung Nguyen và cộng sự (2023), kết quả đánh giá kiểu hình có 2 nhóm II, III và không có các nhóm I, IV, V. Các nhóm VI, VII, VIII, IX, X và XI có kiểu hình khác với hệ thống phân nhóm của Huy Chung Nguyen và cộng sự (2023). Tuy nhiên, các nhóm VI, VII, VIII trong nghiên cứu này trùng với các nhóm F, A, C như công bố của Dinh và cộng sự (2008). Các nhóm còn lại (Nhóm IX: có các gen còn hiệu lực kháng xa5, Xa7 và Xa14; Nhóm X: các gen còn hiệu lực kháng Xa4, xa5, Xa7, xa8 và Xa21; Nhóm XI: các gen còn hiệu lực kháng xa5, Xa7, xa8, Xa10 và Xa21) chưa phát hiện kiểu hình trước đó. Trong tổng số 8 nhóm kiểu hình được ghi nhận, có hai nhóm X và XI có phổ gây bệnh hẹp, vẫn còn 5 gen có hiệu lực kháng. Các nhóm có phổ gây bệnh rộng hơn gồm: Nhóm III có 3 gen còn hiệu lực kháng (xa5, Xa7 và Xa21) và các nhóm II, VIII và IX có hai gen chủ lực (xa5, Xa21 hoặc xa5 và Xa7) còn hiệu lực kháng.

Bảng 2. Phân loại kiểu hình của các chủng vi khuẩn Xoo gây bệnh bạc lá lúa trên hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long

Tên giống	Gen kháng	Kiểu hình của vi khuẩn X. oryzae pv. oryzae gây bệnh bạc lá							
		II (E)	III	VI (F)	VII (A)	VIII (C)	IX	X	XI
IRBB1	Xa1	S	S	S	S	S	S	S	S
IRBB2	Xa2	S	S	S	S	S	S	S	S
IRBB3	Xa3	S	S	S	S	S	S	S	S
IRBB4	Xa4	S	S	S	S	S	S	R	S
IRBB5	xa5	R	R	R	S	R	R	R	R
IRBB7	Xa7	S	R	S	S	R	R	R	R
IRBB8	xa8	S	S	S	S	S	S	R	R
IRBB10	Xa10	S	S	S	S	S	S	S	R
IRBB11	Xa11	S	S	S	S	S	S	S	S
IRBB13	xa13	S	S	S	R	S	S	S	S
IRBB14	Xa14	S	S	S	S	S	R	S	S
IRBB21	Xa21	R	R	S	S	S	S	R	R
IR24	Xa18	S	S	S	S	S	S	S	S
TN1		S	S	S	S	S	S	S	S
Tổng		2	3	1	1	2	3	5	5
Tần suất xuất hiện (%)		3,33	46,67	13,33	3,33	23,33	3,33	3,33	3,33

Ghi chú: R: kháng; S: nhiễm.

Qua kết quả hình 1 nhận thấy, kiểu hình thuộc nhóm III có tần suất xuất hiện cao nhất (46,67%), nhóm VIII có tần suất xuất hiện 23,33% và nhóm VI có tần suất xuất hiện 13,33% trong tổng số 30 chủng vi khuẩn Xoo đã đánh giá. Các nhóm còn lại (II, VII, IX, X, XI) có tần suất xuất hiện thấp (3,33%). Theo Huy Chung Nguyen và cộng sự (2023), các chủng vi khuẩn thu thập tại vùng Tây Nam Bộ (vùng đồng bằng sông Cửu Long) phần lớn thuộc nhóm III, có tần suất xuất hiện 56,36%. Điều này cho thấy các chủng vi khuẩn Xoo thu thập năm 2025 có kết quả phân nhóm phần lớn tương tự với các chủng vi khuẩn thu thập năm 2017 - 2019. Tuy nhiên, theo Dinh và cộng sự (2008), kết quả của nghiên cứu này cũng đã xuất hiện những nhóm kiểu hình khác so với các chủng thu thập trước (nhóm IX, X, XI).



Hình 1. Tần suất xuất hiện của các kiểu hình vi khuẩn Xanthomonas oryzae pv. oryzae gây bệnh bạc lá lúa tại hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long

3.2. Đánh giá phổ gây bệnh của các chủng vi khuẩn *Xoo* phân lập dựa trên các dòng đẳng gen

Kết quả lấy nhiễm nhân tạo các chủng vi khuẩn *Xoo* phân lập dựa trên phản ứng với các gen của bộ giống mang đơn gen kháng gây bệnh bạc lá (Bảng 3) cho thấy, tất cả các chủng vi khuẩn *Xoo* đã phân lập có khả năng gây bệnh với các giống mang đơn gen kháng. Các chủng

vi khuẩn *Xoo* thu thập tại tỉnh Đồng Tháp có phổ gây bệnh rộng, các gen kháng phần lớn đã bị phá bỏ, ngoại trừ các gen kháng chủ lực (*xa5*, *Xa7*, *Xa21*). Bên cạnh đó, các chủng vi khuẩn *Xoo* được thu thập tại tỉnh Vĩnh Long có phổ gây bệnh hẹp hơn, ngoài các gen kháng chủ lực (*xa5*, *Xa7*, *Xa21*), một số gen kháng (*Xa4*, *xa8*, *Xa10* và *Xa14*) vẫn còn khả năng kháng với một số chủng *Xoo*.

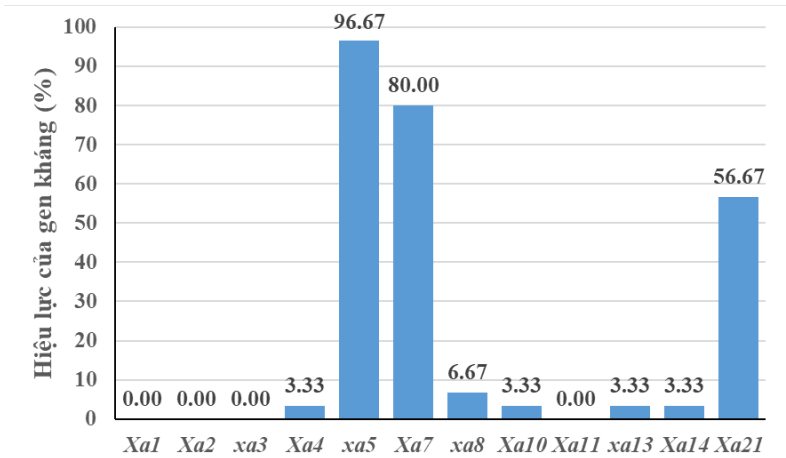
Bảng 3. Các gen kháng còn hiệu lực và các gen kháng bị phá vỡ đối với các chủng vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá tại hai tỉnh Đồng Tháp (15 chủng) và Vĩnh Long (15 chủng)

Tên giống	Gen kháng	Chủng vi khuẩn <i>Xoo</i>		Tổng số	Hiệu lực của các gen kháng (%) *
		Đồng Tháp	Vĩnh Long		
IRBB1	<i>Xa1</i>	0	0	0	0.00
IRBB2	<i>Xa2</i>	0	0	0	0.00
IRBB3	<i>Xa3</i>	0	0	0	0.00
IRBB4	<i>Xa4</i>	0	1	1	3.33
IRBB5	<i>xa5</i>	14	15	29	96.67
IRBB7	<i>Xa7</i>	10	14	24	80.00
IRBB8	<i>xa8</i>	0	2	2	6.67
IRBB10	<i>Xa10</i>	0	1	1	3.33
IRBB11	<i>Xa11</i>	0	0	0	0.00
IRBB13	<i>xa13</i>	1	0	1	3.33
IRBB14	<i>Xa14</i>	0	1	1	3.33
IRBB21	<i>Xa21</i>	4	13	17	56.67

Ghi chú: * Hiệu lực của các gen được tính bằng % của các chủng vi khuẩn *Xoo* bị kháng trên tổng số 30 chủng trong thí nghiệm.

Phản ứng trên 12 gen kháng thuộc các giống trong bộ chỉ thị mang đơn gen kháng của các chủng vi khuẩn *Xoo* phân lập cho thấy ba gen *xa5*, *Xa7* và *Xa21* vẫn còn có hiệu lực chống lại đối với phần lớn các chủng vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá thu thập tại các vùng trồng lúa thuộc hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long. Hai gen *xa5* và *Xa7* có hiệu quả kháng cao (96,97% và 80%), gen *Xa21* có hiệu quả kháng thấp hơn (56,67%) đối với các

chủng vi khuẩn *Xoo* phân lập (Hình 2). Theo Lưu Văn Quyết và cộng sự (2016), nghiên cứu các chủng vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá tại các tỉnh phía Bắc cũng cho thấy các gen kháng *xa5*, *Xa7* và *Xa21* có hiệu lực cao chống chịu với bệnh bạc lá. Điều này cho thấy kết quả nghiên cứu các chủng vi khuẩn *Xoo* tại hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long phù hợp với nghiên cứu tại các tỉnh phía Bắc.



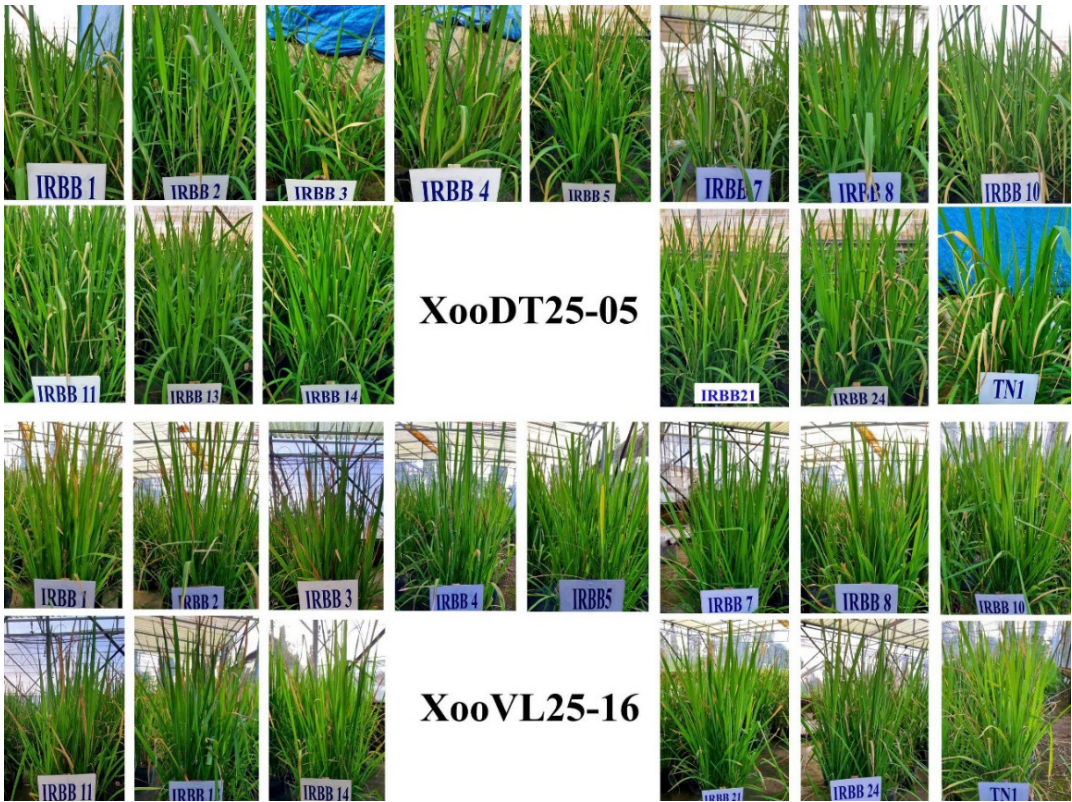
Hình 2. Hiệu quả của các gen kháng đối với các chủng vi khuẩn đã phân lập

Trong 30 chủng vi khuẩn *Xoo* phân lập được, các chủng vi khuẩn có phổ gây bệnh rộng nhất gồm: XooDT25-04, XooDT25-05, XooDT25-08, XooDT25-18, XooDT25-19. Mức độ gây hại trên lá của các chủng vi khuẩn này rất mạnh (Hình 3). Đây là các chủng phá vỡ phần lớn các gen kháng, chỉ còn lại một

gen còn hiệu lực kháng (*xa5* hoặc *xa13*). Hai chủng XooVL25-11 và XooVL25-16 có phổ gây bệnh hẹp nhất, mức độ gây hại trên lá thấp (Hình 3), vẫn còn nhiều gen kháng có hiệu lực (5 gen kháng) như: *xa5*, *Xa7*, *xa8*, *Xa21* và *Xa4* hoặc *Xa10*. Các chủng vi khuẩn *Xoo* còn lại phần lớn duy trì từ 2 đến 3 gen kháng hữu hiệu.

Bảng 4. Mối quan hệ giữa các dòng đẳng gen và các chủng vi khuẩn *Xoo* đã phân lập trên hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long

Tên chủng	Các dòng đơn gen														Tỷ lệ R/S
	IRBB1	IRBB2	IRBB3	IRBB4	IRBB5	IRBB7	IRBB8	IRBB10	IRBB11	IRBB13	IRBB14	IRBB21	IR24	TN1	
	Xa 1	Xa 2	Xa 3	Xa 4	xa 5	Xa 7	xa 8	Xa 10	Xa 11	xa 13	Xa 14	Xa 21	Xa18		
XooDT25-01	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	2
XooDT25-02	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooDT25-03	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooDT25-04	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	1
XooDT25-05	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	1
XooDT25-06	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	2
XooDT25-07	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	2
XooDT25-08	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	1
XooDT25-10	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooDT25-11	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	2
XooDT25-12	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	2
XooDT25-14	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	2
XooDT25-16	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooDT25-18	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	1
XooDT25-19	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	1
XooVL25-02	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-03	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	R	S	S	S	3
XooVL25-04	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-06	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-07	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-08	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-09	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-10	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-11	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	S	R	S	S	5
XooVL25-12	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	2
XooVL25-15	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-16	S	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	R	S	S	5
XooVL25-17	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-18	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	3
XooVL25-19	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	2
Tổng	0	0	0	1	29	24	2	1	0	1	1	17	-	-	



Hình 3. Mức độ nhiễm bệnh trên lá của hai chủng vi khuẩn *Xoo* có phổ gây bệnh rộng và hẹp trên bộ giống đơn gen kháng

3.3. Phân nhóm mức độ tương đồng của các chủng vi khuẩn *Xoo* đã phân lập đối với các dòng đăng gen

Các ghi nhận về diện tích vết bệnh trên lá tại thời điểm 14 ngày sau chủng bệnh được sử dụng để phân tích mức độ tương đồng giữa các chủng vi khuẩn *Xoo* phân lập bằng phần mềm NTSYS2.1. Trên cơ sở phản ứng của các giống mang đơn gen kháng với vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá được chia thành 2 nhóm chính như sau:

Nhóm 1: chỉ có chủng vi khuẩn *Xoo*DT25-05 là chủng vi khuẩn có biểu hiện phổ gây bệnh rộng, trong đó các gen kháng chủ lực vùng đồng bằng sông Cửu Long đều bị phá vỡ ngoại trừ gen *xa13*.

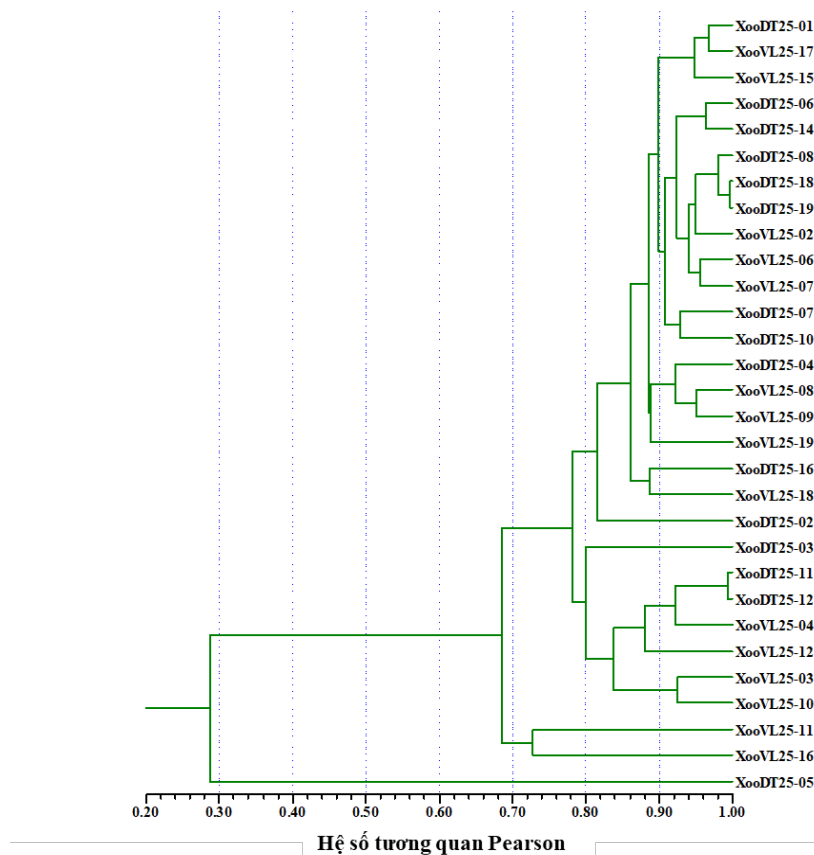
Nhóm 2: gồm tất cả các chủng vi khuẩn *Xoo* còn lại có cùng mức độ tương đồng. Nhóm này cũng được chia thành 2 nhóm phụ:

Nhóm phụ thứ nhất gồm 2 chủng *Xoo*VL25-11 và *Xoo*VL25-16, biểu hiện mức độ tương đồng với nhau. Hai chủng vi khuẩn này có phổ gây bệnh hẹp nên vẫn

ghi nhận nhiều gen kháng hữu hiệu (5 gen kháng hữu hiệu).

Nhóm phụ thứ hai gồm các chủng còn lại có biểu hiện mức độ tương đồng với nhau. Đây là nhóm chủng vi khuẩn *Xoo* có các gen *xa5*, *xa7*, *xa21* vẫn còn hiệu lực kháng.

Theo tác giả Nguyễn Thị Tho và cộng sự (2022), kết quả phân nhóm cấu trúc quần thể vi khuẩn *Xoo* vùng đồng bằng sông Hồng cũng được chia thành 4 nhóm, trong đó nhóm 1 (4 chủng vi khuẩn *Xoo*) có phổ gây bệnh rộng, có khả năng vượt qua hầu hết các gen kháng ngoại trừ gen *xa8*. Nhóm 4 (20 chủng vi khuẩn *Xoo*) có phổ gây bệnh hẹp, một số chủng thuộc nhóm này ít có khả năng gây nhiễm trên các dòng đơn gen kháng. Như vậy, các chủng vi khuẩn *Xoo* vùng đồng bằng sông Cửu Long cũng như vùng đồng bằng sông Hồng đều có những chủng vi khuẩn có phổ gây bệnh hẹp và phổ gây bệnh rộng.



Hình 4. Sự phân nhóm mức độ tương đồng giữa các chủng vi khuẩn *Xoo* phân lập với các dòng đăng gen

IV. KẾT LUẬN

Tổng số 30 chủng phân lập đã ghi nhận sự xuất hiện của 8 nhóm nội vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá lúa được thu thập tại hai tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long. Hai

nhóm II và III có kiểu hình thuộc hệ thống phân nhóm Việt Nam; các nhóm VI, VII, VIII thuộc các nhóm đã được công bố trước đây trên các chủng vi khuẩn *Xoo* của vùng đồng bằng sông Cửu Long; các nhóm còn lại (IX, X, XI) có kiểu hình khác. Trong đó, phần lớn các chủng

Xoo thuộc nhóm III chiếm 46,67%, nhóm VIII chiếm 23,33% và nhóm VI chiếm 13,33%.

Có 3 gen còn hiệu lực kháng cao với các chủng vi khuẩn Xoo gây bệnh bạc lá tại 2 tỉnh Đồng Tháp và Vĩnh Long, trong đó *xa5* có hiệu lực 96,67%, *Xa7* cho hiệu lực 80% và *Xa21* thể hiện hiệu lực 56,67% trong tổng số 12 đơn gen kháng.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Phạm Văn Kim, 2015. *Các bệnh hại lúa quan trọng ở đồng bằng sông Cửu Long*. Nhà xuất bản Nông nghiệp, 126 trang.

Vũ Triệu Mân, Ngô Bích Hảo, Lê Lương Tề, Nguyễn Kim Vân, Đỗ Tấn Dũng, Ngô Thị Xuyên, Nguyễn Ngọc Châu, 2007. *Giáo trình Bệnh cây chuyên khoa*. Nhà xuất bản Nông nghiệp, 233 trang.

Lưu Văn Quyết, Nguyễn Thị Mai Hương, Nguyễn Thị Minh, Nguyễn Thị Phương Nga, Đỗ Thị Hường, Trương Thị Thủy, 2016. Xác định gen kháng bệnh bạc lá hữu hiệu phục vụ chọn tạo giống lúa cho các tỉnh phía Bắc. Trong *Hội thảo Quốc gia về khoa học cây trồng lần thứ 2*, tổ chức ngày 11 - 12/08/2016 tại Thành phố Cần Thơ. Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam, Hà Nội, tr. 325-330.

Nguyễn Thị Tho, Nguyễn Huy Chung, Nguyễn Tiến Hưng, Lê Thị Phương Lan, Lâm Thị Nhung, Lê Thị Trang, Đinh Xuân Hoàn, 2022. Cấu trúc quần thể vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* gây bệnh bạc lá lúa ở vùng đồng bằng sông Hồng. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 133: 56-60.

Abdullah A.B., Ito S., Adhana K., 2007. *Estimate of Rice Consumption in Asian Countries and the World Towards 2050*. Scientific Research, pp. 16-31. <http://worldfood.apionet.or.jp/alias.pdf>

Baliyan N., Malik R., Rani R., Mehta K., Vashisth U., Dhillon S., Boora K.S., 2018. Integrating marker-assisted background analysis with foreground selection for pyramiding bacterial blight resistance genes into Basmati rice. *Comptes Rendus Biologies*, 341 (1): 1-8.

Chaudhary S.U., Iqbal J., Hussain M., 2012. Effectiveness of different fungicides and antibiotics against bacterial leaf blight in rice. *Journal of Agricultural Research*, 50 (1): 109.

Fiyaz R.A., Shivani D., Chaithanya K., Mounika K., Chiranjeevi M., Laha G.S., Viraktamath B.C., Rao L.S., Sundaram R.M., 2022. Genetic improvement of rice for bacterial blight resistance: present status and future prospects. *Rice Science*, 29 (2): 118-132.

Hajira S.K., Sundaram R.M., Laha G.S., Yugander A., Balachandran S.M., Viraktamath B.C., Sujatha K., Balachiranjeevi C.H., Pranathi K., Anila M., Bhaskar S., Abhilash V., Mahadevaswamy H.K., Kousik M., Dilip Kumar T., Harika G., Rekha G., 2016. A single-

tube, functional marker-based multiplex PCR assay for simultaneous detection of major bacterial blight resistance genes *xa21*, *xa13* and *xa5* in rice. *Rice Science*, 23 (3): 144-151.

Hoang Dinh Dinh, Nghi Ky Oanh, Nguyen Duc Toan, Pham Van Du, Le Cam Loan, 2008. Pathotype profile of *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae* isolates from the rice ecosystem in Cuu Long River Delta. *Omonrice*, 16: 34-40.

Huy Chung Nguyen, Thi Tho Nguyen, Thi Nhung Lam, Thi Trang Le, Phuong Lan Le, Tien Hung Nguyen, Xuan Hoan Dinh, 2023. Pathogenicity structure of the *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* population causing rice bacterial blight in Vietnam. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 56 (3): 256-268. DOI: 10.1080/03235408.2023.2184230.

IRRI, 2013. *Standard Evaluation System (SES) for rice*, 5th ed. Manila, Philippines: International Rice Research Institute, pp. 21.

Kaufman H.E., Reddy A.P.K., Hsien S.P.Y., Merca S.D., 1973. An improved technique for evaluating resistance of rice varieties to *Xanthomonas oryzae*. *Plant Disease Reporter*, 57: 537-541.

Karganilla A.D., Páiz-Natural M. and Ou S.H., 1973. A competitive study of culture media for *Xanthomonas oryzae*. *Philippine Agricultural Scientist*, 57: 141-152.

Mansfield J., Genin S., Magori S., Citovsky V., Sriariyanum M., Ronald P., Dow M., Verdier V., Beer S.V., Machado M.A., Toth I., Salmond G., Foster G.D., 2012. Top 10 plant pathogenic bacteria in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*, 13 (6): 614-629.

Mew T.W., Vera Cruz C.M., Reyes R.C., 1981. Characterization of resistance in rice to bacterial blight. *Annals of the Phytopathological Society of Japan*, 47: 58-67.

Odongo P.J., Onaga G., Ricardo O., Natsuaki K.T., Alicai T., Geuten K., 2021. Insights into natural genetic resistance to rice yellow Mottle virus and implications on breeding for durable resistance. *Frontiers in Plant Science*, 12: 671-355.

Ronald P.C., Albano B., Tabien R., Abenes L., Wu K.S., McCouch S., Tanksley S.D., 1992. Genetic and physical analysis of the rice bacterial blight resistance locus, *Xa21*. *Molecular and General Genetics*, 236: 113-120.

Van Schepler-Luu, Mary Jeanie Telebanco-Yanoria, Casiana M. Vera Cruz., 2025. History of IRRI-JIRCAS Bacterial Blight and Blast Near-Isogenic Lines: Cornerstones of Global Rice Pathology. *International Rice Research Institute*. pp 1-18.

Wakimoto S. & Yoshii H., 1954. Seasonal change of resistance of rice plants against leaf-blight disease. *Science Bulletin of the Faculty of Agriculture Kyushu University*, 14 (4): 475-477.

Population structure of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates causing bacterial leaf blight of rice in Dong Thap and Vinh Long provinces

Tran Thi Nam Ly, Nguyen Thi Xuan Mai, Nguyen Duc Cuong

Abstract

Bacterial blight of rice, caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo), is one of the most destructive diseases affecting rice yield and quality. Resistance to bacterial blight pathogens is controlled by major genes within each variety, and the expression of this resistance is subject to change over time. Virulence assessment of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates was conducted on a set of single-gene resistant lines and susceptible check varieties under greenhouse conditions, using artificial inoculation methods with 30 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates collected from two provinces, Dong Thap and Vinh Long. The results showed that 8 pathotype groups were identified, among which groups II and III corresponded to the Vietnamese pathotyping system (which comprises 5 phenotypic groups in total). Pathotypes from groups VI, VII and VIII had been previously reported for *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates from the Mekong Delta region. Groups IX, X and XI represent previously unreported pathotype groups. The majority of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates exhibited pathotypes belonging to group III, accounting for 46.67%. Among the 12 resistance genes, *xa5*, *Xa7* and *Xa21* still confer resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates from Dong Thap and Vinh Long provinces. Specifically, the resistance gene *xa5* demonstrated high efficacy at 96.67%, followed by *Xa7* with 80% efficacy and *Xa21* with 56.67% efficacy.

Keywords: Bacterial blight, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, population structure, resistance gene

Ngày nhận bài: 06/5/2026

Người phản biện: PGS.TS. Nguyễn Văn Việt, PGS.TS. Đỗ Tiến Phát

Ngày duyệt đăng: 11/6/2026

Ngày phản biện: 07/5/2026

ĐIỀU TRA MỐI QUAN HỆ GIỮA CÁC YẾU TỐ CANH TÁC VÀ TÌNH HÌNH BỆNH HẠI TRÊN CÂY TIÊU (*Piper nigrum* L.) TẠI ĐỒNG NAI

Võ Thị Ngọc Hà¹, Trần Công Khánh², Hà Minh Nhật¹, Nguyễn Hoài Ninh¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu được thực hiện nhằm đánh giá ảnh hưởng của các yếu tố canh tác đến các bệnh hại chính trên lá cây tiêu tại Đồng Nai, điều tra hiện trạng canh tác tiêu thông qua phỏng vấn nông hộ và theo dõi diễn biến bệnh thán thư, đốm rong trên vườn tiêu canh tác theo phương thức truyền thống và phương thức hữu cơ. Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 01/2025 đến tháng 02/2026 tại các xã Phú Nghĩa, Bù Đăng, Lộc Ninh và Thiện Hưng của tỉnh Đồng Nai. Kết quả cho thấy, trên cây tiêu các bệnh chết nhanh, chết chậm, thán thư và đốm rong xuất hiện phổ biến; trong đó, yếu tố phân đạm có ảnh hưởng rõ rệt đến các bệnh hại trên lá tiêu; bón nhiều phân đạm có tỷ lệ bệnh cao hơn. Các vườn tiêu 10 - 20 năm tuổi và trồng nhiều giống hoặc xen canh có xu hướng các bệnh hại xuất hiện, gây hại thấp hơn và cho năng suất ổn định hơn. Bệnh thán thư và đốm rong xuất hiện từ đầu mùa mưa, tăng mạnh vào cuối mùa mưa - đầu mùa khô và duy trì đến thu hoạch. Canh tác tiêu theo phương thức hữu cơ có tỷ lệ và chỉ số bệnh thán thư và đốm rong thấp hơn so với phương thức truyền thống. Trồng nhiều giống tiêu hoặc xen canh với các cây trồng khác góp phần làm giảm tỷ lệ các bệnh hại chính và ổn định năng suất.

Từ khóa: Cây tiêu, biện pháp canh tác, bệnh hại, bệnh thán thư, bệnh đốm rong

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong tổng số 426.151 ha đất nông nghiệp, tỉnh Bình Phước cũ có diện tích đất trồng tiêu là 15.001 ha, đóng vai trò quan trọng trong sản xuất tiêu của cả nước. Tuy nhiên, theo Báo cáo khảo sát của Hiệp hội Hồ tiêu năm 2021, sản lượng tiêu ở Bình Phước năm 2020 giảm trên 50% so với năm 2017, nguyên nhân được ghi nhận là do giá tiêu xuống thấp, nông dân hạn chế đầu tư chăm sóc các vườn tiêu, diện tích tiêu chết do bệnh hại và già cỗi (Hiệp hội Hồ tiêu và cây gia vị Việt Nam, 2021). Các

bệnh có nguồn gốc từ đất như *Phytophthora* và tuyến trùng là nguyên nhân chính gây thiệt hại đến năng suất và chất lượng tiêu, ảnh hưởng lớn đến hiệu quả sản xuất (Jibat & Asfaw, 2023). Nghiên cứu tại các hệ thống canh tác cây tiêu và cà phê cho thấy kỹ thuật canh tác, quản lý dinh dưỡng và thực hành canh tác có liên quan chặt chẽ đến sự phổ biến của các tác nhân gây bệnh ở cây tiêu (Nguyễn Văn An và cs., 2021), đòi hỏi quản lý dinh dưỡng và bệnh tích hợp để duy trì sản xuất bền vững (Long et al., 2026). Hiệu quả của các giải pháp kiểm soát

¹ Đại học Nông Lâm Thành phố Hồ Chí Minh; ² Đại học Khoa học Tự nhiên, ĐHQG TP. HCM

*Tác giả liên hệ, email: ha.vothingoc@hcmuaf.edu.vn