

XÁC ĐỊNH PHƯƠNG THỨC LAN TRUYỀN CỦA SRI LANKAN CASSAVA MOSAIC VIRUS (SLCMV) GÂY BỆNH KHẢM LÁ SẴN Ở VIỆT NAM

Trịnh Xuân Hoạt^{1*}, Nguyễn Chí Hiếu², Ngô Quang Huy¹, Nguyễn Đức Huy³

¹*Viện Bảo vệ thực vật*

²*Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Thái Nguyên*

³*Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

*Tác giả liên hệ: trinhxuanhoatppi@gmail.com

Ngày nhận bài: 30.09.2020

Ngày chấp nhận đăng: 05.01.2021

TÓM TẮT

Nghiên cứu này được thực hiện nhằm đánh giá phương thức lan truyền của Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) gây bệnh khảm lá sắn ở Việt Nam. Loài bọ phấn trắng *Bemisia tabaci* được nhân nuôi trong lồng lưới cách ly côn trùng trong vòng 8 tuần để tạo quần thể bọ phấn trắng không mang SLCMV phục vụ thí nghiệm lây nhiễm nhân tạo. Số lượng cá thể bọ phấn trắng thả lên cây sắn con sạch bệnh là 5, 10 và 20 con/cây; và thời gian chích truyền là 2, 6, 12 và 24 h. Mỗi công thức thí nghiệm được tiến hành với 10 cây được lặp lại 3 lần. Để xác định phương thức lan truyền qua hom giống, hom giống từ cây biểu hiện triệu chứng bệnh và hom giống từ các cây không biểu hiện triệu chứng bệnh của các giống KM94, HL-S11 và KM419 thu tại Đồng Nai được trồng rong chậu vại trong điều kiện nhà lưới cách ly bọ phấn trắng và xác định tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng và thời gian ủ bệnh. Kết quả cho thấy, khi lây nhiễm với số lượng bọ phấn trắng và thời gian chích truyền khác nhau thì tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng bệnh virus khảm lá sắn dao động từ 25,0-90,0%. Thời gian ủ bệnh trung bình từ 20 đến 25 ngày. Sau 20-30 ngày trồng các giống KM94, HL-S11 và KM419 mọc từ hom bị nhiễm bệnh đã triệu chứng đặc trưng của bệnh vi rút khảm lá. Trong khi đó, tại công thức sử dụng hom giống sạch bệnh, không ghi nhận sự xuất hiện của triệu chứng bệnh. Tất cả các cây thí nghiệm đều được lấy mẫu, chiết suất DNA và chạy PCR bằng cặp primer SLCMV-A-F1/SLCMV-A-R2 và phân tích trình tự gen. Kết quả đã khẳng định tất cả các cây biểu hiện triệu chứng sau khi lây nhiễm đều mang loài SLCMV. Nghiên cứu này đã cung cấp thông tin quan trọng về phương thức lan truyền bệnh virus khảm lá sắn tại Việt Nam thông qua hom giống và bọ phấn trắng (*B. tabaci*) phục vụ công tác quản lý bệnh hiệu quả tại Việt Nam.

Từ khóa: *Bemisia tabaci*, Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV), *Manihot esculenta* Crantz.

Identification of Transmission Manners of Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) causing Cassava Mosaic Disease in Vietnam

ABSTRACT

This study was conducted to determine the transmission manners of Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) causing cassava mosaic disease (CMD). The pupa of whitefly (*Bemisia tabaci*) was collected from the field and and let to develop to adults on the disease-free cassava plants in the pots. The disease-free adult whiteflies were isolated in a cage for two months to obtain a non-viruliferous colony of whiteflies for the inoculation experiment. The number of whiteflies introduced in disease-free cassava was 5, 10 and 20 and the feeding period (inoculation) on disease-free cassava was 2, 6, 12 and 24 hrs. This was replicated for three times and 10 plant/replication. To identify the transmission manner via cuttings, cuttings from symptomatic and asymptomatic plants of KM94, HL-S11 and KM419 planted in Dong Nai province were grown in insect resistant cages and calculate the number of diseased plants. The results indicated that viruliferous *B. tabaci* adults transmitted SLCMV with various degrees of efficiency depending on the number of adults used to transmit and feeding duration. The disease incidence ranged from 25.0-90.0%. Symptoms started from the top leaves. The latent period ranged from 20 to 25 days. After 20-30 days of planting the CMD-infected KM94, HL-S11 and KM419 varieties, it began to show typical symptoms of CMD with leaf curl, wrinkling, mosaic and inconsistent with disease rate of 100%; meanwhile, in the control treatment that using healthy cuttings from the same varieties showed no symptoms. All the tested plants were subjected to PCR analysis using primer pair SLCMV-A-F1/SLCMV-A-R2, direct sequencing and DNA analysis. The all symptomatic plants were

positive with SLCMV. The study has provided essential information on the transmission of SLCMV via either planting materials or the whitefly vector that will help to understand the spread of SLCMV in the field and facilitate the prediction of virus epidemics in Viet Nam.

Keywords: Sri Lankan cassava mosaic virus, SLCMV, *Manihot esculenta*, *Bemisia tabaci*, transmission.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Sắn (*Manihot esculenta* Crantz) là loại cây trồng có củ quan trọng đứng thứ 3 sau lúa và ngô về nguồn cung cấp hàm lượng carbohydrate cao, và là nguồn nguyên liệu thô phục vụ các ngành công nghiệp chế biến. Cây sắn ngày càng có vị trí quan trọng mang lại hiệu quả kinh tế cao. Cả nước có khoảng 600.000ha sắn; trong đó, Tây Ninh được xem là thủ phủ của cây sắn, là tỉnh luôn dẫn đầu trong cả nước về năng suất và sản lượng. Những năm gần đây, một số đối tượng sâu, bệnh hại mới xuất hiện trên sắn và gây thiệt hại đáng kể cho ngành sản xuất và chế biến sắn của Việt Nam bao gồm bệnh chổi rồng sắn (Elizabeth & cs., 2013), bệnh thán thư (Mai Văn Quân & cs., 2014), bệnh cháy lá vi khuẩn (Ngô Quang Huy & cs., 2019), rệp sáp bột hồng (Nguyễn Thị Thủy & cs., 2019) và gần đây nhất là bệnh virus khảm lá (Uke & cs., 2018).

Bệnh virus khảm lá sắn được xem là bệnh virus thực vật nguy hiểm nhất trên thế giới. Bệnh ở châu Phi và Ấn Độ được gây ra bởi một trong ba chủng virus thuộc họ *Germinividae* bao gồm: African cassava mosaic virus (ACVM), East African cassava mosaic virus (EACMV) và Indian cassava mosaic virus (ICMV) (Bock & Harrison, 1985). Bệnh lần đầu tiên được ghi nhận tại Tanzania và sau đó được ghi nhận tại Ấn Độ, Sri Lanka, các đảo thuộc Ấn Độ Dương và hầu hết các nước Châu Phi (Harrison & cs., 1987). Năm 2015, bệnh được ghi nhận tại Campuchia và loài *Sri Lankan cassava mosaic virus* (SLCMV) được xác định là nguyên nhân gây bệnh (Wang & cs., 2016). Bài học rút ra từ dịch bệnh virus khảm lá sắn tại châu Phi, hom giống bị nhiễm bệnh là nguồn lây nhiễm đầu tiên, thì bọ phấn trắng góp phần làm lây lan bệnh thứ cấp (Legg & cs., 2011; 2014). Kết quả điều tra đồng ruộng tại Ấn Độ và Việt Nam cho thấy hom giống bị nhiễm bệnh là nguyên nhân chính làm lây lan bệnh trên đồng ruộng, và phương thức lan truyền bệnh qua bọ phấn trắng là ít phổ biến hơn (Jose & cs., 2011; Minato & cs.,

2019). Gần đây, sự xuất hiện của SLCMV tại Trung Quốc là do quá trình nhập hom giống đã bị nhiễm bệnh từ Campuchia (Wang & cs., 2019).

Tại Việt Nam, bệnh virus khảm lá sắn được phát hiện đầu tiên tại tỉnh Tây Ninh vào tháng 6/2017 và SLCMV cũng được xác định là nguyên nhân gây bệnh (Uke & cs., 2018). Đến nay, bệnh đã xuất hiện và gây thiệt hại lớn cho sản xuất sắn của Tây Ninh nói riêng và nhiều tỉnh trồng sắn trong cả nước nói chung. Để có cơ sở xây dựng các giải pháp phòng chống bệnh hiệu quả và bền vững, cần xác định phương thức lan truyền bệnh tại Việt Nam. Trong bài báo này, chúng tôi tiến hành xác định phương thức lan truyền bệnh virus khảm lá sắn qua loài bọ phấn trắng *B. tabaci* và qua hom giống.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Chuẩn bị nguồn hom giống và nhân nuôi bọ phấn trắng sạch bệnh phục vụ nghiên cứu

Hom không bị nhiễm bệnh của các giống KM94, HL-S11 và KM419 được thu từ Đồng Nai nơi chưa bị nhiễm bệnh virus khảm lá sắn, trồng trong nhà lưới cách ly côn trùng tại Chi cục Trồng trọt và Bảo vệ thực vật tỉnh Tây Ninh trong vòng 1 năm để tạo nguồn hom giống sạch bệnh phục vụ các thí nghiệm trong nghiên cứu này.

Áp dụng kỹ thuật PCR để xác định sự có mặt của SLCMV trong các loại hom giống sử dụng. DNA tổng số được chiết suất từ mẫu lá sắn bằng phương pháp CTAB và được khuếch đại bằng kỹ thuật PCR sử dụng cặp primer SLCMV-A-F1 (5'-CCATGAATCGGAAGCCCA-3')/SLCMV-A-R2 (5'-TGAGAAACCCACGATTCAGAATTC-3'). Phản ứng PCR được tiến hành ở điều kiện 94°C trong 4 phút; và 30 chu kỳ với điều kiện nhiệt độ 94°C trong 30 giây, 55°C trong 30 giây và 72°C trong 30 giây. Sản phẩm PCR được giải mã trực tiếp cả hai chiều sử dụng cả 2 primer đã sử dụng trong phản ứng PCR

(Uke & cs., 2018). Kết quả giải mã trình tự gen được so sánh với Ngân hàng Gen (GenBank) bằng phần mềm trực tuyến BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Cây phả hệ được xây dựng bằng phương pháp Neighbor-Joining trong phần mềm MEGA6.0 (Kumar & cs., 2016) sử dụng các gen cùng loại của các loài virus gây bệnh virus khảm lá tại Sri Lanka, Ấn Độ và một số loại bệnh virus khảm lá trên cây trồng khác.

Tiến hành thu nhộng giả của loài bọ phấn trắng *B. tabaci* (đã được xác định là chủng Asia II 1) gây hại trên sắn ở ngoài đồng ruộng tại Tây Ninh. Nhân nuôi bọ phấn trắng trên cây sắn con sạch bệnh trong lồng lưới cách ly côn trùng kích thước 45 × 45 × 45cm. Khi trưởng thành bọ phấn trắng vũ hóa, chuyển sang cây sắn sạch bệnh để chúng đẻ trứng. Cách ly bọ phấn trắng trưởng thành trong lồng cách ly côn trùng trong vòng 8 tuần để hình thành quần thể bọ phấn trắng không mang SLCMV trước khi thực hiện thí nghiệm lây nhiễm nhân tạo (Maruthi & cs., 2005; Njoroge & cs., 2017).

2.2. Xác định khả năng lan truyền loài virus SLCMV của bọ phấn trắng (*B. tabaci*)

Trưởng thành bọ phấn trắng 3-4 ngày tuổi được sử dụng trong thí nghiệm lây nhiễm. Bọ phấn trắng sạch bệnh cho chích nạp trên lá cây sắn có biểu hiện triệu chứng virus khảm lá sắn trong vòng 72 giờ trong kẹp lây nhiễm (Hình 1), trước khi chuyển sang lồng lưới chống côn trùng kích thước 45 × 45 × 45cm có chứa cây sắn con sạch bệnh đã được chuẩn bị ở mục 2.1. Số lượng cá thể bọ phấn trắng thả lên cây sắn con sạch bệnh là 5, 10 và 20 con/cây; và thời gian chích truyền là 2, 6, 12 và 24h. Mỗi công thức thí nghiệm được tiến hành với 10 cây được lặp lại 3 lần. Sau khi kết thúc thời gian chích truyền, gom bọ phấn trắng lại và phun thuốc bảo vệ thực có chứa hoạt chất imidacloprid để giết bọ phấn trắng (Maruthi & cs., 2005; Njoroge & cs., 2017). Hàng ngày, theo dõi và ghi nhận sự xuất hiện của triệu chứng bệnh; sau khi bệnh biểu hiện tiến hành thu lá, tách DNA kiểm tra sự có mặt của SLCMV trong lá cây sắn sau khi được lây nhiễm bằng kỹ thuật PCR như mô tả ở mục 2.1.

2.3. Xác định phương thức lan truyền bệnh qua hom giống

Thí nghiệm được thực hiện tại nhà lưới tại Chi cục Trồng trọt và Bảo vệ thực vật Tây Ninh với các giống KM94, HL-S11 và KM419. Sử dụng 150 hom giống bị nhiễm bệnh thu từ các cây sắn có biểu hiện triệu chứng bệnh và 150 hom giống khỏe từ các cây không biểu hiện triệu chứng bệnh tại Đồng Nai nơi chưa bị nhiễm bệnh. Giâm hom trong chậu vại trong điều kiện nhà lưới cách ly bọ phấn trắng. Theo dõi tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng bệnh trong vòng 3 tháng (Maruthi & cs., 2005).

2.4. Phương pháp xử lý thống kê

Số liệu thí nghiệm được phân tích phương sai ANOVA bằng các phần mềm Excell và SAS.

3. KẾT QUẢ

3.1. Khả năng truyền loài virus SLCMV của bọ phấn trắng (*B. tabaci*)

Thí nghiệm lây nhiễm virus khảm lá sắn bằng bọ phấn được bố trí trong thời gian từ cuối tháng 4/2018 đến cuối tháng 8/2018, đây là thời điểm nhiệt độ và thời gian thích hợp cho sự sinh trưởng và phát triển của cây sắn và bọ phấn trắng ở điều kiện khí hậu tỉnh Tây Ninh. Khi lây nhiễm với số lượng bọ phấn trắng và thời gian chích truyền khác nhau thì tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng bệnh virus khảm lá sắn dao động từ 25,0-90,0%. Tỷ lệ bệnh cao nhất đạt 90,0% ở công thức thí nghiệm số lượng 20 cá thể bọ phấn trắng/cây và chích truyền trong vòng 24h. Khi sử dụng 5-10 cá thể bọ phấn trắng/cây với khoảng thời gian chích hút là 24h thì tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng bệnh tương đương với công thức sử dụng 20 cá thể bọ phấn trắng/cây nhưng thời gian chích hút là 12h. Tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng thấp nhất khi sử dụng 5-10 cá thể bọ phấn trắng/cây và thời gian truyền bệnh là 2 giờ. Như vậy, số lượng bọ phấn trắng càng cao và thời gian chích truyền càng dài thì tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng càng cao. Các cây biểu hiện triệu chứng từ ngọn chủ yếu ở cấp 2 trong thang 5 cấp (Hahn & cs., 1980). Thời gian ủ bệnh trung bình từ 20 đến 25 ngày (Bảng 1; Hình 2).

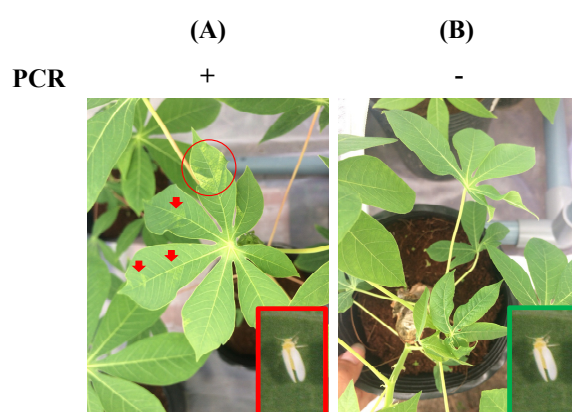


Hình 1. Phương pháp sử dụng kẹp lây nhiễm trong thí nghiệm lây nhiễm nhân tạo xác định loài bọ phấn trắng truyền bệnh virus khảm lá sắn

Bảng 1. Mối tương quan giữa thời gian truyền bệnh, số lượng bọ phấn trắng và tỷ lệ bệnh virus khảm lá sắn (Tây Ninh, 2018)

Thời gian chích truyền (h)	Số lượng bọ phấn trắng/cây sắn (con)	Tỷ lệ bệnh trung bình (%)
2	5	25,0 ^f
	10	30,0 ^f
	20	36,7 ^{ef}
6	5	43,3 ^{de}
	10	50,0 ^d
	20	66,7 ^c
12	5	63,3 ^c
	10	70,0 ^c
	20	80,0 ^b
24	5	80,0 ^b
	10	80,0 ^b
	20	90,0 ^a

Ghi chú: Các giá trị trung bình trên cùng một cột có chữ cái khác nhau thì khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức 5%.



Ghi chú: (A) Cây sắn sạch bệnh được lây nhiễm bởi bọ phấn trắng nhiễm virus SLCMV, đã biểu hiện triệu chứng điển hình của bệnh (hình mũi tên và vòng tròn màu đỏ) và có phản ứng dương tính với PCR. (B) Cây sắn khỏe được lây nhiễm bằng bọ phấn trắng không nhiễm SLCMV, không biểu hiện triệu chứng bệnh, có phản ứng âm tính với PCR.

Hình 2. Xác định phương thức lan truyền bệnh qua loài bọ phấn trắng *B. tabaci*

Tiến hành thu lá sắn biểu hiện bệnh, tách DNA tổng số và tiến hành phản ứng PCR để kiểm tra sự có mặt của SLCMV trong các cây thí nghiệm được lây nhiễm nhân tạo (Hình 3). Các sản phẩm PCR được tinh sạch và giải trình tự cả 2 chiều bằng cả 2 primer sử dụng trong phản ứng PCR. Trình tự của các sản phẩm đã được so sánh với Ngân hàng gen và khẳng định có độ tương đồng 100% với trình tự của SLCMV gây bệnh virus khảm lá sắn tại Việt Nam. Từ kết quả so sánh triệu chứng của các cây khi được lây nhiễm bằng bọ phấn trắng mang SLCMV là hoàn toàn giống với triệu chứng của bệnh biểu hiện trên đồng ruộng và so sánh trình tự gen của SLCMV trước và sau khi lây nhiễm nhân tạo đã khẳng định loài bọ phấn trắng *B. tabaci* là môi giới truyền bệnh virus khảm lá sắn tại Việt Nam.

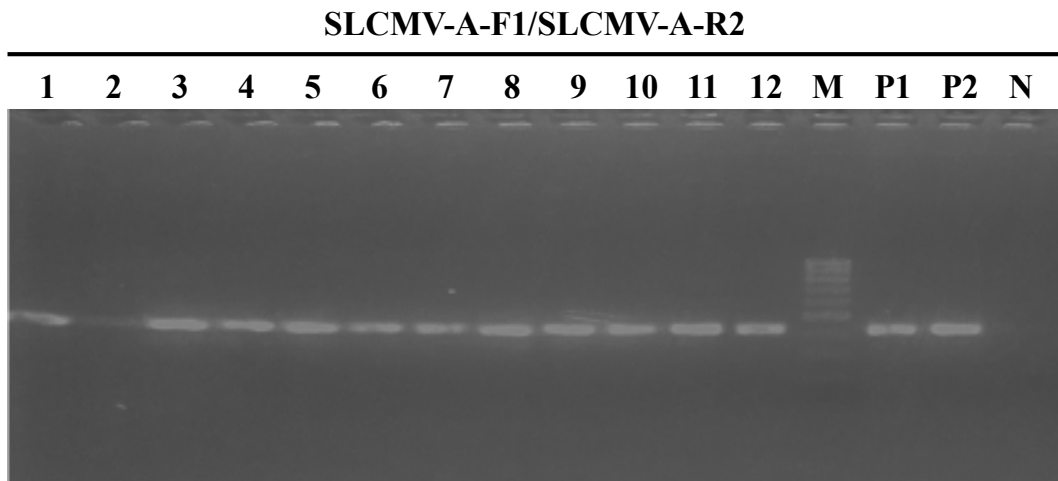
3.2. Phương thức lan truyền qua hom giống sắn

Trong điều kiện thí nghiệm, 20-30 ngày sau khi trồng các giống KM94, HL-S11 và KM419 mọc từ hom bị nhiễm bệnh đã biểu hiện triệu chứng lá xoắn, biến dạng nhân nhúm và khảm.

Tất cả các chồi và lá mới mọc ra đều biểu hiện triệu chứng. Trong khi đó, tại công thức sử dụng hom giống sạch bệnh, không ghi nhận sự xuất hiện của triệu chứng bệnh (Bảng 2, Hình 5). Tất cả các cây thí nghiệm đều được lấy mẫu, chiết suất DNA và chạy PCR bằng cặp primer SLCMV-A-F1/SLCMV-A-R2 và phân tích trình tự gen. Kết quả đã khẳng định tất cả các cây biểu hiện triệu chứng sau khi lây nhiễm đều mang loài SLCMV (Hình 6).

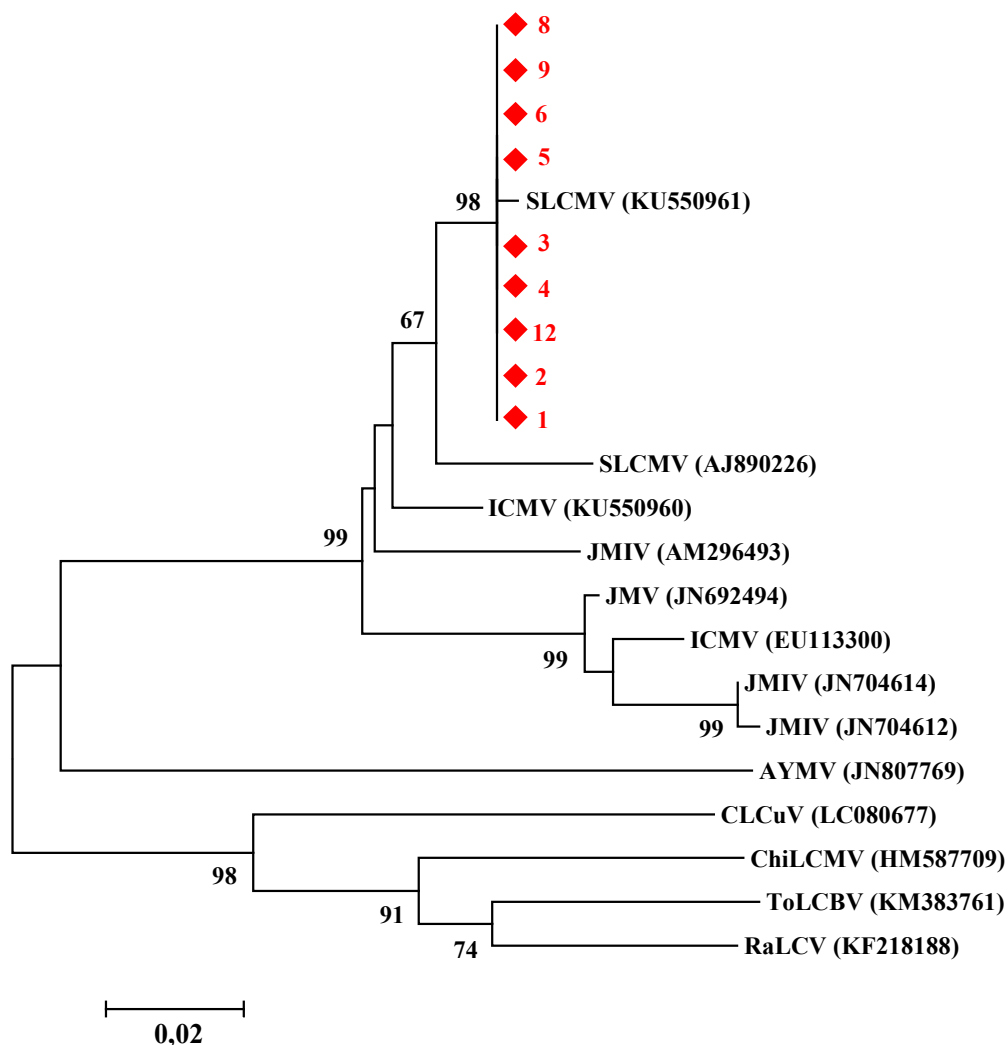
4. THẢO LUẬN

Trong nghiên cứu này, bệnh virus khảm lá sắn được lan truyền qua hom giống và chủng bọ phấn trắng Asia II 1. Bọ phấn trắng cần 2 giờ để chích truyền vi rút, khi tăng thời gian chích truyền và tăng số lượng cá thể bọ phấn trắng thì tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng bệnh cũng tăng. Như vậy, có sự tương quan chặt giữa thời gian chích truyền, số lượng bọ phấn trắng với tỷ lệ bệnh. Điều này cũng tương đồng với quan sát và điều tra đồng ruộng ở những nơi mật độ bọ phấn trắng cao thường có tỷ lệ bệnh và mức độ bệnh cao hơn (quan sát đồng ruộng).



Ghi chú: (A). Hình ảnh điện di sản phẩm PCR. Số thứ tự 1-12 là các mẫu đại diện cho các công thức lây nhiễm với thời gian truyền bệnh (2, 6, 12 và 24 giờ) và số lượng bọ phấn trắng/cây sắn khác nhau (5, 10 và 20), tương ứng. M. 100bp DNA marker. P1 và P2 là đối chứng dương sử dụng DNA chiết suất từ mẫu lá sắn biểu hiện triệu chứng bệnh virus khảm lá sắn (đã được xác định từ trước). N. Đối chứng âm (công thức sử dụng bọ phấn trắng không mang mầm bệnh và thời gian truyền bệnh trong 24 giờ).

Hình 3. Kết quả PCR nhân gen CP của SLCMV kiểm tra sự có mặt của virus trong các cây biểu hiện triệu chứng sau lây nhiễm bằng bọ phấn trắng

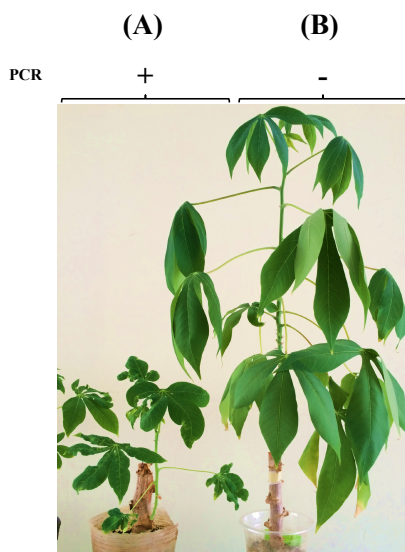


Ghi chú: Cây phả hệ xác định vị trí phân loại của mẫu đại diện chủng SLCMV chiết suất từ cây sắn sau khi lây nhiễm nhân tạo (mẫu số 12) có mức độ gần với mẫu đối chứng P1 đã được xác định từ trước; Cây phả hệ được xây dựng bằng phương pháp Neighbor-Joining trong phần mềm MEGA6.0 sử dụng các gen cùng loại của một số begomovirus gây bệnh virus khảm lá sắn và một số bệnh begomovirus khác

Hình 4. Cây phả hệ xác định vị trí phân loại của một số mẫu đại diện của các thí nghiệm lây nhiễm nhân tạo bằng bộ phần trắng

Bảng 2. Khả năng lan truyền bệnh virus khảm lá sắn qua hom giống (Tây Ninh, 2018)

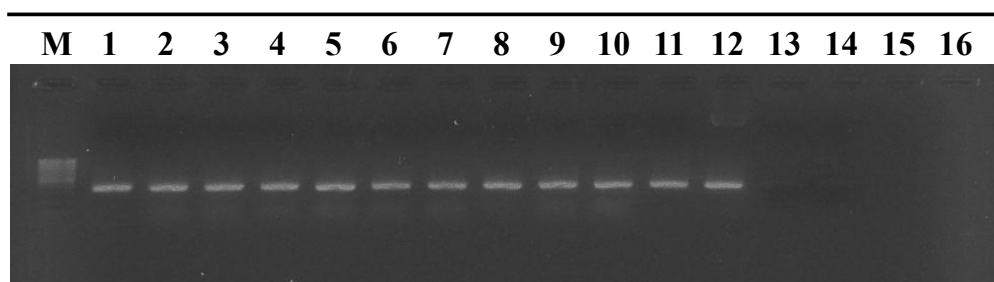
Loại hom giống	Tổng số cây thí nghiệm (cây)	Số cây biểu hiện triệu chứng	
		Số cây (cây)	Tỷ lệ (%)
KM94 nhiễm bệnh	150	150	100
KM94 khỏe	150	0	0
KM419 nhiễm bệnh	150	150	100
KM419 khỏe	150	0	0
HL-S11 nhiễm bệnh	150	150	100
HL-S11 khỏe	150	0	0



Ghi chú: (A) Cây sắn mọc lên từ hom giống nhiễm bệnh biểu hiện triệu chứng điển hình của bệnh vi rút khảm lá sắn. (B) Cây mọc lên từ hom giống khỏe phát triển bình thường và không biểu hiện triệu chứng của bệnh vi rút khảm lá sắn.

Hình 5. Xác định phương thức lan truyền bệnh qua hom giống

SLCMV-A-F1/SLCMV-A-R2



Ghi chú: M. 100 bp DNA marker. Giếng 1-12 là đại diện của các mẫu cây sắn có biểu hiện triệu chứng điển hình của bệnh virus khảm lá sắn mọc từ hom giống bị nhiễm bệnh; trong đó, từ 1-4 từ hom giống KM94, từ 5-8 là từ hom giống KM419, và từ 9-12 là hom giống HL-S11. Giếng 13, 14 và 15 là đại diện của 3 cây không biểu hiện triệu chứng mọc từ hom giống khỏe của các giống KM94, KM419 và HL-S11, tương ứng. Giếng 16 là đối chứng âm (không có DNA).

Hình 6. Hình ảnh điện di kết quả phản ứng PCR xác định sự có mặt của SLCMV trong lá cây sắn mọc từ các loại hom giống sử dụng trong thí nghiệm xác định phương thức lan truyền bệnh qua hom giống

Kết quả nghiên cứu của Njoroge & cs. (2017) đã sử dụng 3 loài bộ phận trắng khác nhau *Bemisia tabaci*, *Trialeuroides vaporariorum* và *Aleurodicus dispersus* và đã khẳng định chỉ có loài *B. tabaci* có khả năng truyền bệnh virus khảm lá sắn theo phương thức bên vũng tuần hoàn tại Kenya (Njoroge & cs., 2017). Bộ phận trắng cần tối thiểu 6h để

chích truyền vi rút. Không có sự tương quan chặt chẽ giữa thời gian chích truyền virus và số lượng bộ phận trắng với tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng (Njoroge & cs., 2017). Ngược lại, nghiên cứu của Maruthi & cs. (2005) đã chứng minh có sự tương quan chặt chẽ giữa tỷ lệ bệnh virus khảm lá sắn và số lượng cá thể bộ phận trắng *B. tabaci*. Tại châu Phi, nơi loài virus gây bệnh

khảm là sắn và chủng bọ phấn trắng khác so với Châu Á, phức hợp loài bọ phấn trắng dường như đóng vai trò quan trọng trong quá trình hình thành dịch bệnh virus khảm lá sắn (Legg & cs., 2002, 2011, 2014). Tuy nhiên, tại châu Á, bọ phấn trắng lại đóng vai trò thứ cấp trong việc hình thành dịch bệnh virus khảm khá sắn. Kết quả điều tra đồng ruộng tại Ấn Độ và Việt Nam cho thấy tỷ lệ cây bị nhiễm bệnh do bọ phấn trắng truyền chỉ chiếm 9,0-37,5% và 20,6%, tương ứng (Jose & cs., 2011; Minato & cs., 2019). Nghiên cứu mới đây tại Trung Quốc của Chi & cs (2019) cũng khẳng định chỉ có chủng bọ phấn trắng Asia II 1 có nguồn gốc bản địa mới có khả năng truyền SLCMV, còn hai chủng bọ phấn trắng ngoại lai MEAM1 và MED có khả năng truyền SLCMV nhưng với hiệu quả rất thấp (Chi & cs., 2019). Có sự khác nhau về vai trò của bọ phấn trắng trong việc hình thành dịch bệnh virus khảm lá sắn tại châu Phi và châu Á có thể là do có sự khác nhau về khả năng truyền các loài virus khác nhau của các chủng bọ phấn bản địa hoặc do sự khác nhau về mật độ quần thể bọ phấn trắng trong khu vực xảy ra dịch bệnh (Chi & cs., 2019).

Đặc điểm sinh học và khả năng truyền bệnh của bọ phấn trắng giữa vùng sinh thái khác nhau là khác nhau; mức độ chích nọc virus và sự bền vững của virus trong cơ thể bọ phấn trắng có thể khác nhau. Đây cũng cơ sở quan trọng phục vụ công tác quản lý bệnh hiệu quả thông qua việc quản lý và tiêu diệt nguồn virus ở trong cơ thể bọ phấn trắng. Đặc điểm sinh học của bọ phấn trắng là dựa hoàn toàn vào kết cấu của lá và mức độ dinh dưỡng ở trong mạch phloem của cây ký chủ (Backus & cs., 2007). Mức độ tồn tại của virus trong mô lá cây ký chủ có ảnh hưởng đến khả năng hút của bọ phấn trắng trên những loài cây ký chủ nhất định (Fereres & Moreno, 2009). Khi nồng độ virus tăng trong mô lá cây ký chủ, loài *B. tabaci* sẽ hút nhiều virus hơn, di chuyển và truyền bệnh cho các cây ký chủ cùng loại ở xung quanh nhưng ít bị nhiễm bệnh hơn (Backus & cs., 2007; Czosnek & Rubinstein, 1997; Shah & cs., 2015). Thực tế trên điều kiện đồng ruộng cũng cho thấy, tỷ lệ bệnh virus khảm lá sắn tăng lên

ở những nơi có mức độ phổ biến của loài *B. tabaci* (Martin & cs., 2000; Njoroge & cs., 2016).

Trong sản xuất, sản trồng chủ yếu bằng hom giống; nên biện pháp kiểm soát được nguồn hom giống sạch bệnh ban đầu là một trong những giải pháp quan trọng tránh làm lây lan bệnh trên đồng ruộng. Ngoài ra, phương thức lan truyền qua bọ phấn trắng sẽ là cơ sở để xây dựng chiến lược phòng chống bệnh hiệu quả hơn vì dịch bệnh có thể được hình thành từ một nguồn lây nhiễm nhỏ dưới sự hỗ trợ của môi giới truyền bệnh là bọ phấn trắng. Do đó, cần có biện pháp phòng trừ bọ phấn trắng đặc biệt trong giai đoạn cây con; cũng như không vận chuyển, mua bán hom giống từ vùng bị nhiễm bệnh sang vùng chưa nhiễm bệnh để hạn chế tối đa sự lan truyền của bệnh trên đồng ruộng và từ vùng này sang vùng khác.

5. KẾT LUẬN

Bệnh virus khảm lá sắn (SLCMV) được lan truyền qua hom giống đã nhiễm bệnh và loài bọ phấn trắng (*B. tabaci*) theo phương thức bền vững tuần hoàn. Tỷ lệ bệnh virus khảm lá sắn có tương quan tỷ lệ thuận với số lượng bọ phấn trắng.

LỜI CẢM ƠN

Công trình này là kết quả của đề tài cấp tỉnh Tây Ninh “Nghiên cứu các giải pháp khoa học công nghệ quản lý tổng hợp hiệu quả và bền vững bệnh virus khảm lá sắn tại Tây Ninh” và dự án SATREPS “The project for development and dissemination of sustainable production system based on invasive pest management of cassava in Vietnam, Cambodia and Thailand”. Nhóm tác giả trân trọng cảm ơn Chi cục Trồng trọt và Bảo vệ thực vật đã hỗ trợ và hợp tác trong quá trình thực hiện nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Backus E.A., Cline A.R., Ellerseick M.R. & Serrano M. S. (2007). *Lygus hesperus* (Hemiptera: Miridae) feeding on cotton: New methods and parameters for analysis of nonsequential electrical penetration graph data. *Annals of the Entomological Society of America*. 100: 296-310.

- Bock K.R. & Harrison B.D. (1985). African cassava mosaic virus. AAB Descriptions of Plant Viruses. 297.
- Chi Y., Pan L.L., Bouvaine S., Lieu Y.Q., Liu S.S., Seal S. & Wang X.W. (2019). Differential transmission of *Sri Lankan cassava mosaic virus* by three cryptic species of the whitefly *Bemisia tabaci* complex. *Virology*. 540: 141-149.
- Czosnek H. & Rubinstein G. (1997). Long-term association of tomato yellow leaf curl virus with its whitefly vector *Bemisia tabaci*: Effect on the insect transmission capacity, longevity and fecundity. *Journal of General Virology*. 78: 2683-2689.
- Elizabeth A., Manuel P. J., Fernando M. J., Bertaccini A., Thanh N. D., Hoat T. X. (2013). Detection and identification of “*Candidatus* Phytoplasma asteris”-related phytoplasmas associated with a witches’ broom disease of cassava in Vietnam. *Phytopathogenic Mollicutes*. 3(2): 77-81.
- Fereres A. & Moreno A. (2009). Behavioural aspects influencing plant virus transmission by homopteran insects. *Virus Research*. 141: 158-168.
- Hahn S.K., Terry E.R. & Leuschner K. (1980). Breeding cassava for resistance to cassava mosaic disease. *Euphytica*. 29: 673-683.
- Harrison B.D., Lennon A.M., Massalski P.R., Robinson D.J. & Thomas J.E. (1987). Geographical variation in geminivirus isolates associated with cassava mosaic disease. Report of the Scottish Crop Research Institute for 1986, 179-180.
- Jose A., Makeskumar T. & Edison S. (2011). Survey of cassava mosaic disease in Kerala. *Journal of Root Crops*. 37: 41-47.
- Kumar S., Stecher G. & Tamura K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*. 33: 1870-1874.
- Legg J.P., French R., Rogan D., Okao-Okuja G. & Brown J. K. (2002). A distinct, invasive *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodidae) genotype cluster is associated with the epidemic of severe cassava mosaic virus disease in Uganda. *Molecular Ecology*. 11: 1219-1229.
- Legg J.P., Jeremiah S.C., Obiero H.M., Maruthi M.N., Ndyetabula I., Okao-Okuja G., Bouwmeester H., Bigirimana S., Tata-Hangy W., Gashakai G., Mkamiloj G., Alicai T. & Lava Kumar P. (2011). Comparing the regional epidemiology of the cassava mosaic and cassava brown streak virus pandemics in Africa. *Virus Research*. 159: 161-170.
- Legg J.P., Shirima R., Tajebe L.S., Guastella D., Boniface S., Jeremiah S., Nsami E., Chikoti P. & Rapisarda C. (2014). Biology and management of *Bemisia* whitefly vectors of cassava virus pandemics in Africa. *Pest Management Science*. 70(10): 1446-1453.
- Mai Văn Quân, Nguyễn Đức Thành, Vũ Duy Hiện, Ngô Gia Bôn, Nguyễn Gia Huy & Trịnh Xuân Hoat (2014). Xác định bệnh thán thư hại sắn tại phía Nam Việt Nam. *Tạp chí Bảo vệ thực vật*. 3: 32-36.
- Martin J.H., Mifsud D., & Rapisarda C. (2000). The whiteflies (Hemiptera: Aleyrodidae) of Europe and Mediterranean Basin. *Bulletin of Entomological Research*. 90: 407-448.
- Maruthi M.N., Hillocks R.J., Mtunda K., Raya M.D., Muhanna M., Kiozia H. & Thresh J.M. (2005). Transmission of Cassava brown streak virus by *Bemisia tabaci*. *Journal of Phytopathology*. 153: 307-312.
- Minato N., Sok S., Chen S., Delaquis E., Phirun I. Vi Xuan Le, Dharani D. Burra, Jonathan C. Newby, Kris A.G. Wyckhuys, Stef de Haan (2019). Surveillance for *Sri Lankan cassava mosaic virus* (SLCMV) in Cambodia and Vietnam one year after its initial detection in a single plantation in 2015. *PLoS One* 14, e212780. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212780>.
- Ngo Quang Huy, Mai Van Quan, Le Quang Man, Duong Thi Nguyen & Trinh Xuan Hoat (2019). Identification of cassava bacterial blight-causing *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* based on rpoD and gyrB genes. *Vietnam Journal of Science, Technology and Engineering*. 61(1): 30-35.
- Nguyễn Thị Thùy, Phạm Duy Trọng, Phạm Văn Sơn, Đặng Thị Lan Anh, Nguyễn Thị Mai Lương & Hà Thị Kim Thoa (2019). Một số đặc điểm sinh vật học của rệp sáp bột hồng *Phenacoccus manihoti* Matile-Ferrero (Homoptera: Pseudococcidae) hại cây sắn tại Phú Yên. *Tạp chí Bảo vệ thực vật*. 3: 37-41.
- Njoroge M.K., Kilalo D.C., Miano D.W. & Mutisya D.L. (2016). Whiteflies species distribution and abundance on cassava in different agro-ecological zones of Kenya. *Journal of Entomology and Zoology Studies*. 4: 258-262.
- Njoroge M.K., Mutisya D.L., Miano D.W. & Kilalo D.C. (2017). Whitefly species efficiency in transmitting cassava mosaic and brown streak virus diseases. *Cogent Biology*. 3: 1311499. <https://doi.org/10.1080/23312025.2017.1311499>.
- Shah M.M., Zhang S. & Liu T. (2015). Whitefly, host plant and parasitoid: A review on their interactions. *Asian Journal of Applied Science and Engineering*. 4: 47-60.
- Uke A., Hoat T.X., Quan M.V., Liem N.V., Ugaki M. & Natsuaki K.T. (2018). First Report of Sri Lankan cassava mosaic virus Infecting Cassava in Vietnam. *Plant Disease*. 102(12). 2669. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-18-0805-PDN>.
- Wang H.L., Cui X.Y., Wang X.W., Liu S.S., Zhang Z.H. & Zhou X.P. (2016). First report of Sri Lankan cassava mosaic virus infecting cassava in Cambodia. *Plant Disease*. 100(5): 1029-1029. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-15-1228-PDN>