Đánh giá tính kháng bệnh đạo ôn của một số mẫu giống lúa nhập nội từ Viện Nghiên cứu lúa Quốc tế (IRRI) tại Việt Nam

Trần Đức Trung[1*], Tạ Hồng Lĩnh[1], Bùi Quang Đăng[1], Lê Hùng Lĩnh[2], Nguyễn Thúy Kiều Tiên[3]

[1]Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

[2]Viện Di truyền Nông nghiệp Việt Nam

[3]Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long

Ngày nhận bài 17/7/2018; ngày chuyển phản biện 20/7/2018; ngày nhận phản biện 29/8/2018; ngày chấp nhận đăng 4/9/2018

Tóm tắt:

Khai thác tiềm năng tính kháng của cây lúa là một trong những phương án hiệu quả trong quản lý đạo ôn, bệnh hại nguy hiểm do nấm *Magnaporthe oryzae* gây ra. Tuy nhiên, tính kháng đạo ôn có xu hướng không bền vững, thường bị phá vỡ dưới áp lực bệnh trong điều kiện đồng ruộng do sự biến đổi rất nhanh chóng về di truyền và độc tính của các nòi nấm đạo ôn. Vì vậy việc đánh giá, xác định các nguồn gen lúa thể hiện tính kháng hiệu quả với các nòi nấm đạo ôn phục vụ chọn tạo giống kháng phù hợp cho từng vùng sinh thái được xác định là công tác thường xuyên. Trong nghiên cứu này, 40 mẫu giống lúa triển vọng kháng đạo ôn tại Phillipine đã được sàng lọc phản ứng bệnh gây ra bởi 12 nòi nấm *M. oryzae* đặc trưng cho các vùng sinh thái trong cả nước. Mặc dù toàn bộ các mẫu giống nhiễm với các nòi nấm đạo ôn phía Nam nhưng đối với phía Bắc đã xác định được 20 mẫu giống kháng tốt với 10/10 nòi nấm đạo ôn. Đây là nguồn vật liệu quý phục vụ cho công tác chọn tạo giống lúa kháng đạo ôn bền vững ở Việt Nam.

Từ khóa: **bản đồ nhiệt, đánh giá bệnh, IRRI, *Magnaporthe oryzae*, PCA.**

Chỉ số phân loại: **4.1**

Đặt vấn đề

Lúa (*Oryza sativa* L.) là loài đa dạng nhất trong nhóm cây lương thực quan trọng, với hàng vạn mẫu giống (bao gồm các giống bản địa, giống sản xuất và họ hàng hoang dại) được trồng và thu thập ở nhiều vùng địa lý khác nhau trên thế giới. Tuy nhiên, do tính mẫn cảm với môi trường, lúa đồng thời cũng là loại cây trồng chịu tác động và bị thiệt hại nhiều nhất bởi các yếu tố bất thuận sinh học (sâu bệnh hại) và phi sinh học (hạn, mặn, ngập úng).

Trong số hơn 70 bệnh hại khác nhau gây ra bởi côn trùng, nấm, vi khuẩn hay virus trên cây lúa, đạo ôn được xác định là bệnh hại chính có sức tàn phá lớn và phổ phân bố rộng ở hầu khắp các vùng trồng lúa trên thế giới [1]. Đạo ôn do nấm *Magnaporthe oryzae* xâm nhiễm trên cây lúa ở các giai đoạn sinh trưởng khác nhau và gây ra hai dạng bệnh chính là đạo ôn lá và đạo ôn cổ bông. Tùy theo giai đoạn sinh trưởng, mức độ nhiễm bệnh của giống lúa và điều kiện thời tiết, đạo ôn có thể gây hại một phần hoặc toàn bộ diện tích bị lây nhiễm [2, 3]. Giảm thiểu sự bùng phát và những tổn thất do dịch bệnh là mục tiêu trọng tâm của chiến lược quản lý đạo ôn bền vững, trong đó sử dụng thuốc bảo vệ thực vật và tận dụng tính kháng của cây chủ là những phương án phổ biến hiện nay. Trong khi sử dụng thuốc bảo vệ thực vật làm tăng giá thành sản xuất và ảnh hưởng tiêu cực đến môi trường, áp dụng gen kháng (gen R) trong phát triển các giống lúa kháng bệnh đạo ôn đã được chứng minh là biện pháp quản lý dịch bệnh có hiệu quả kinh tế và bảo vệ môi trường bền vững. Đến nay, đã có khoảng 100 gen/QTLs quy định tính kháng đạo ôn được xác định và áp dụng trong các chương trình chọn tạo giống lúa kháng đạo ôn [4]. Tuy nhiên, do khả năng tiến hóa nhanh chóng của nấm *M. oryzae*, độc tính của các chủng nấm đạo ôn biến đổi rất nhanh dẫn đến tính kháng đạo ôn của các giống lúa mang một hay một vài gen kháng có phổ kháng hẹp dễ dàng bị suy giảm, thậm chí bị phá vỡ chỉ sau một thời gian ngắn [5]. Chính vì vậy, đánh giá tính kháng bệnh của các mẫu giống lúa ở các vùng địa lý khác nhau nhằm xác định các gen kháng mới là công tác thường xuyên nhằm đảm bảo thành công cho các chương trình chọn tạo giống lúa kháng đạo ôn [6].

Chỉ thị phân tử là công cụ hữu hiệu trong nghiên cứu xác định các gen/QTLs kháng đạo ôn đã biết ở các mẫu giống

Tác giả liên hệ: Email: ductrung83@gmail.com

Phenotypic screening of IRRI's rice accessions for resistance to blast disease in Vietnam

Duc Trung Tran[1*], Hong Linh Ta[1], Quang Dang Bui[1], Hung Linh Le[2], Thuy Kieu Tien Nguyen[3]

[1]*Vietnam Academy of Agricultural Sciences*
[2]*Agricultural Genetics Institute*
[3]*Cuulong Delta Rice Research Institute*

Received 17 July 2018; accepted 4 September 2018

Abstract:

Utilization of host-resistance is assumed as an effective option in rice blast management. However, blast resistance tends to be unreliable because it often fails or breaks down under field stress due to rapid adaptation of diverse toxicity and high mutation-rate of blast fungus. Therefore, large scale screening of rice germplasm originating from different regions for disease reaction has been maintained ceaselessly in order to identify suitable blast-resistance materials for rice breeding. In the present study, 40 potential rice accessions which showed blast resistance in Philippines were evaluated for disease reaction against 12 *M. oryzae* isolates specific for different regions in Vietnam. Although all of studied accessions were susceptible with Southern blast fungi, 20 accessions were shown highly resistant reaction against 10/10 isolated blast fungi originated from Northern part of Vietnam.

Keywords: **blast evaluation, heatmap, IRRI, *Magnaporthe oryzae*, PCA.**

Classification number: **4.1**

lúa. Mặc dù vậy, chỉ riêng dữ liệu kiểu gen là không đủ tin cậy để đánh giá chính xác tính kháng của một mẫu giống và sử dụng trong chọn tạo giống lúa [7]. Trong thực tế, đánh giá phản ứng bệnh (tính kháng đạo ôn) trên đồng ruộng hoặc trong điều kiện thí nghiệm đã được áp dụng rộng rãi, qua đó giúp xác định chính xác mức độ kháng bệnh của các mẫu giống lúa trong điều kiện áp lực bệnh của các chủng nấm đạo ôn có độc tính đặc trưng theo vùng địa lý mà chỉ thị phân tử không thể xác định được. Ngoài ra, giá thành thấp, quy trình đơn giản, không đòi hỏi trang thiết bị và kỹ thuật đặc thù cũng là những ưu điểm của phương pháp dựa trên đánh giá hình thái này [8, 9].

Tình hình dịch bệnh phức tạp trong thời gian qua phần nào do ảnh hưởng của biến đổi khí hậu và sự suy giảm tính kháng của bộ giống lúa chủ lực được đánh giá là thách thức lớn đối với việc duy trì sản xuất bền vững và hiệu quả của ngành lúa gạo Việt Nam. Nhằm đối phó với nguy cơ này, công tác khảo sát tìm kiếm nguồn gen kháng đạo ôn từ các giống lúa bản địa và đặc biệt là các giống lúa du nhập từ nước ngoài đã và đang được triển khai hiệu quả để mở rộng và sử dụng nền gen kháng cho chương trình chọn tạo giống lúa kháng đạo ôn ở nước ta [10, 11]. Trong nghiên cứu này, bộ mẫu giống lúa kháng đạo ôn được cung cấp bởi Viện Nghiên cứu lúa Quốc tế (IRRI) đã được đánh giá phản ứng bệnh với các chủng nấm *M. oryzae* đặc trưng của Việt Nam trong điều kiện thí nghiệm. Kết quả của nghiên cứu sẽ cung cấp những thông tin và nguồn vật liệu kháng đạo ôn triển vọng mới cho công tác chọn tạo giống lúa kháng đạo ôn ở Việt Nam.

Đối tượng và phương pháp

Vật liệu nghiên cứu và thiết kế triển khai thí nghiệm

40 mẫu giống lúa kháng đạo ôn của IRRI, 9 giống lúa Việt Nam (bao gồm các giống lúa phổ biến trong sản xuất, giống lúa địa phương) và giống LTH đối chứng chuẩn nhiễm đạo ôn đã được sử dụng trong nghiên cứu này. Các thí nghiệm đánh giá phản ứng bệnh đạo ôn được thiết kế ngẫu nhiên hoàn toàn và triển khai trong điều kiện nhà lưới và phòng thí nghiệm tại các đơn vị nghiên cứu của Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam trong vụ xuân năm 2017.

Nguồn bệnh nấm đạo ôn

Tổng số 12 nòi nấm *M. oryzae* được thu thập từ các tỉnh/thành phố và đánh giá mang độc tính đặc trưng cho từng địa phương đã được sử dụng cho nghiên cứu này [12]. Các bào tử đính nấm đạo ôn được nuôi nhân trên môi trường thạch yến mạch theo phương pháp của Vasudevan và cộng sự [13]. Bào tử nấm thu được được pha loãng trong nước cất bổ sung Tween-20 0,05% tới mật độ đạt 3-8×10^4 bào tử/ml (kiểm tra bằng buồng đếm hemocytometer) để tiến hành lây nhiễm.

Lây nhiễm nhân tạo và đánh giá phản ứng bệnh

Hạt giống nảy mầm của các mẫu giống lúa được trồng trên khay nhựa và chăm sóc đến giai đoạn 4-5 lá (khoảng 3 tuần tuổi) để đánh giá phản ứng bệnh. Các khay mạ sau khi được phun đều dung dịch bào tử nấm đạo ôn bằng bình tích áp được chuyển vào buồng tối trong điều kiện nhiệt độ 25°C, độ ẩm 100% trong 24 giờ để bào tử nảy mầm. Sau đó các khay mạ được được chuyển sang điều kiện ánh sáng thường, nhiệt độ 25°C và độ ẩm 70%.

Đối với mỗi mẫu giống, phản ứng bệnh đối với từng nòi nấm đạo ôn được đánh giá ngẫu nhiên trên 3 cây mạ sau 7

ngày lây nhiễm dựa trên thang điểm tiêu chuẩn SES của IRRI [14]. Theo đó điểm 0 là kháng cao, điểm 1-2 là kháng, điểm 3-4 là kháng vừa, điểm 5-6 là nhiễm nhẹ, điểm 7-8 là nhiễm và điểm 9 là nhiễm nặng. Ngoài ra, mức kháng chung với các nòi nấm đạo ôn của mỗi mẫu giống lúa cũng được đánh giá thông qua tần số kháng bệnh (resistance frequency - RF). Căn cứ tỷ lệ số nòi nấm đạo ôn mà một mẫu giống lúa kháng được (điểm đánh giá 0-2) trên tổng số 12 nòi nấm, mức kháng chung của mẫu giống lúa đó được xác định là cao (RF>85%), vừa (RF=50-85%) và thấp (RF<50%) đối với quần thể nấm đạo ôn sử dụng [15]. Mức độ độc tính VF (virulence frequency) của từng nòi nấm đạo ôn được xác định dựa trên tỷ lệ giữa số mẫu giống tương hợp (điểm đánh giá 3-9) trên tổng số mẫu giống đánh giá [16].

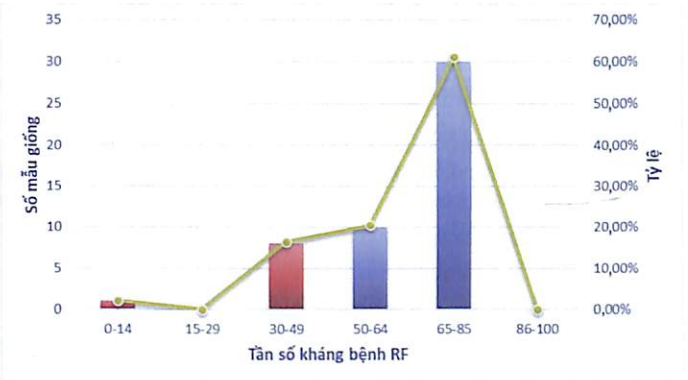
Phân tích số liệu

Số liệu kết quả đánh giá phản ứng bệnh của mỗi mẫu giống lúa với từng nòi nấm đạo ôn, phân tích thành phần chính PCA được xử lý bằng phần mềm SPSS v.23. Ma trận tương quan (sử dụng hệ số Euclidean) tính kháng đạo ôn giữa các mẫu giống lúa và giữa các nòi nấm đạo ôn và phân tích phân nhóm (sử dụng thuật toán UPGMA) được thực hiện trên phần mềm NTSYS v.2.02. Cây phân nhóm tích hợp bản đồ nhiệt mức kháng đạo ôn của các mẫu giống lúa và quần thể nấm đạo ôn được xây dựng trên iTOL v.4 [17].

Kết quả

Phản ứng bệnh đạo ôn của các mẫu giống lúa nghiên cứu

Tính kháng đạo ôn của 50 mẫu giống lúa nghiên cứu bao gồm 40 mẫu giống lúa từ IRRI, 9 mẫu giống lúa Việt Nam và giống chuẩn nhiễm LTH đối với quần thể 12 nòi nấm đạo ôn đại diện cho các vùng ở Việt Nam được thể hiện ở bản đồ nhiệt hình 3. Hầu hết các mẫu giống lúa IRRI đáp ứng tốt với 10 nòi nấm đạo ôn phía Bắc (bao gồm Quảng Bình) với tỷ lệ kháng (điểm ≤2) dao động từ 40,0% (IR14D194, IR14D195 và IR15D1082) đến 100% (3 mẫu giống IR14D120, IR14D132 và IR14D181). Chỉ có 5 mẫu giống (IR14D189, IR14D194, IR14D195, IR15D104 và IR15D1082) kháng với ít hơn 7 nòi nấm (tương ứng tỷ lệ kháng thấp hơn 70,0%) và 2 mẫu giống nhiễm đối với một số nòi nấm đạo ôn phía Bắc là IR14D116 (nhiễm với nòi nấm Điện Biên) và IR14D194 (nhiễm với nòi nấm Ninh Bình). Đáng chú ý, toàn bộ các mẫu giống IRRI không có khả năng kháng với các nòi đạo ôn phía Nam khi lần lượt có tới 33/40 và 26/40 số mẫu giống nhiễm và nhiễm nặng (số còn lại nhiễm nhẹ) với các nòi đạo ôn Đồng Tháp và Cần Thơ. Tính chung trên quần thể nấm đạo ôn thử nghiệm, có 35/40 (chiếm 87,5%) mẫu giống lúa IRRI có mức kháng chung RF ở mức vừa và cao, số còn lại thuộc nhóm có tính kháng chung thấp (hình 1, bảng 1).



Hình 1. Phân bố tần số kháng bệnh của 40 mẫu giống lúa IRRI và 9 giống lúa Việt Nam.

Bảng 1. Mức kháng chung của các nhóm mẫu giống lúa đối với các nòi nấm thử nghiệm.

Nhóm giống	Số lượng	Số mẫu giống của mỗi tần số kháng bệnh RF						RF trung bình
		<50%	Tỷ lệ (%)	50%-85%	Tỷ lệ (%)	>85%	Tỷ lệ (%)	
Kháng đạo ôn nhập nội từ IRRI	40	5	12,5	35	87,5	0	0	65,83
Giống cải tiến Việt Nam	6	1	16,66	5	83,34	0	0	61,095
Giống địa phương Việt Nam	3	3	100,0	0	0	0	0	22,22
Tổng	49	9	18,36	40	81,64	0	0	

Nhóm mẫu giống lúa cải tiến ở Việt Nam (PC6, Gia Lộc 105, AN26_1, OM6976, OM4218 và OM10041) thể hiện tính kháng tốt với các nòi nấm phía Bắc với tỷ lệ kháng từ 60% (AN26_1) đến 90% (Gia Lộc 105 và OM4218). Đối với các nòi nấm phía Nam, các giống này thể hiện tính kháng kém hơn khi chỉ có AN26_1 và OM10041 kháng nhẹ, trong khi các giống còn lại nhiễm nhẹ và nhiễm. Cá biệt giống OM4218 nhiễm nặng với cả hai nòi nấm Đồng Tháp và Cần Thơ, và thuộc nhóm có mức kháng chung thấp (hình 1, bảng 1).

Ba mẫu giống lúa địa phương thuộc nhóm có mức kháng chung thấp đối với quần thể nấm đạo ôn thử nghiệm (hình 1, bảng 1). Trong khi Nếp cái hoa vàng nhiễm đến nhiễm nặng với toàn bộ 12 nòi nấm nghiên cứu và giống Khẩu mu moong kháng với 4/12 nòi nấm, giống Một bụi đỏ lùn kháng với 4/12 nòi nấm và đặc biệt kháng nhẹ với các nòi nấm phía Nam.

Độc tính của quần thể nấm đạo ôn trên bộ mẫu giống lúa nghiên cứu

Mức độ độc tính VF của 12 nòi nấm đạo ôn trên bộ mẫu giống lúa nghiên cứu dao động từ 6,12% (Hà Nội) đến 100% (Đồng Tháp và Cần Thơ). Các nòi nấm thu thập từ các tỉnh phía Bắc có độc tính thấp, ngoại trừ hai nòi từ Điện Biên có độc tính cao (VF tương ứng là 36,7 và 57,1%). Nòi

nấm từ Quảng Bình có độc tính cao (VF=61,2%). Các nòi nấm phía Nam từ Đồng Tháp và Cần Thơ có độc tính cao nhất, khi gây bệnh trên 100% bộ mẫu giống nghiên cứu (bản đồ nhiệt, hình 3).

Hệ số tương quan Pearson giữa 12 nòi nấm đạo ôn được xác định dựa trên độc tính đối với bộ mẫu giống lúa nghiên cứu. Tương quan đồng biến được ghi nhận giữa hầu hết các nòi nấm với ý nghĩa thống kê cao ($p \leq 0,01$). Hai nòi nấm Đồng Tháp và Cần Thơ (tương quan 0,757; $p \leq 0,01$) có hệ số tương quan thấp với các nòi nấm còn lại, cá biệt có tương quan nghịch biến với một số nòi như Sơn La, Bắc Kạn 01, Bắc Kạn 02 (bảng 2). Phân nhóm UPGMA phân chia 12 nòi nấm đạo ôn thành hai nhóm có độc tính cao (Đồng Tháp và Cần Thơ) và độc tính thấp (các nòi nấm còn lại) đối với bộ mẫu giống lúa nghiên cứu (hình 3).

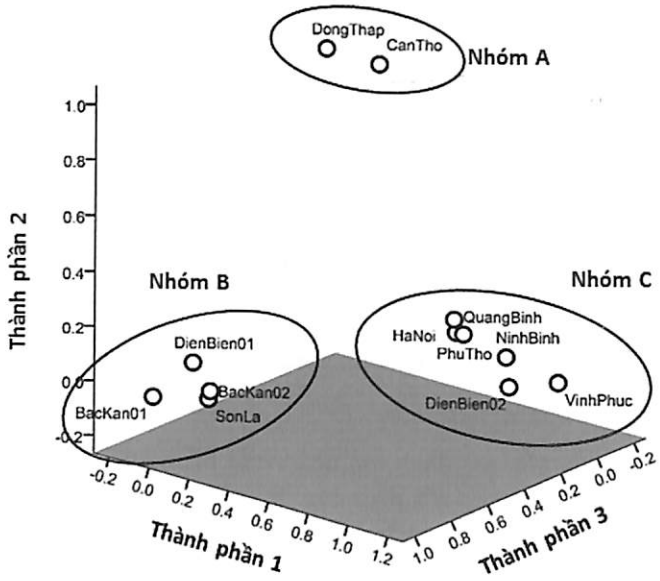
Bảng 2. Hệ số tương đồng Pearson giữa 12 nòi nấm đạo ôn dựa trên độc tính đối với bộ mẫu giống nghiên cứu.

Nòi nấm đạo ôn	ĐB_01	ĐB_02	SL	BK_01	BK_02	PT	HN	NB	VP	QB	ĐT	CT
ĐB_01	1.000											
ĐB_02	0.453**	1.000										
SL	0.639**	0.450**	1.000									
BK_01	0.668**	0.342**	0.733**	1.000								
BK_02	0.657**	0.497**	0.872**	0.755**	1.000							
PT	0.557**	0.501**	0.629**	0.527**	0.627**	1.000						
HN	0.511**	0.542**	0.559**	0.514**	0.610**	0.845**	1.000					
NB	0.538**	0.566**	0.542**	0.501**	0.571**	0.923**	0.747**	1.000				
VP	0.502**	0.656**	0.543**	0.415**	0.553**	0.823**	0.813**	0.840**	1.000			
QB	0.215^{ns}	0.398**	0.449**	0.381**	0.428**	0.557**	0.473**	0.501**	0.475**	1.000		
ĐT	0.045^{ns}	0.097^{ns}	-0.064^{ns}	-0.112^{ns}	-0.032^{ns}	0.237*	0.244*	0.181^{ns}	0.119^{ns}	0.168^{ns}	1.000	
CT	0.003^{ns}	0.139^{ns}	-0.024^{ns}	-0.082^{ns}	0.007^{ns}	0.306*	0.359**	0.255*	0.213^{ns}	0.208^{ns}	0.757**	1.000

Ghi chú: ĐB: Điện Biên, SL: Sơn La, BK: Bắc Kạn, PT: Phú Thọ, HN: Hà Nội, NB: Ninh Bình, VP: Vĩnh Phúc, QB: Quảng Bình, ĐT: Đồng Tháp, CT: Cần Thơ.

* Khác biệt có ý nghĩa thống kê tại $p \leq 0,05$; ** Khác biệt có ý nghĩa thống kê tại $p \leq 0,01$; ^{ns} Không có ý nghĩa thống kê.

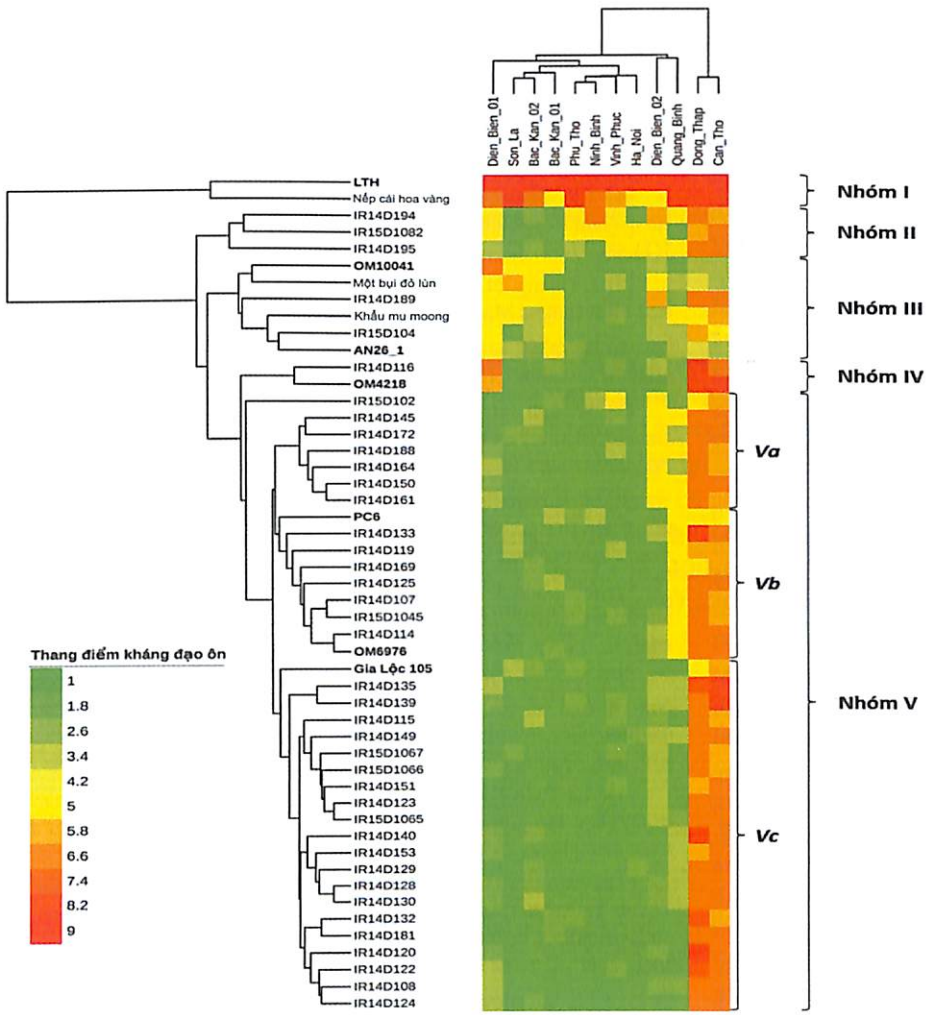
Phân tích thành phần chính PCA cho thấy ba thành phần chính đầu tiên giải thích đến 77,41% tổng phương sai của các biến tính toán (độc tính của 12 nòi nấm đạo ôn) với giá trị tương ứng của từng thành phần chính theo thứ tự là 52,63, 17,13 và 7,65%. Kết quả này xác nhận phân nhóm UPGMA các nòi nấm nghiên cứu; theo đó bên cạnh nhóm A (bao gồm các nòi nấm Đồng Tháp và Cần Thơ có độc tố cao), các nòi nấm còn lại được phân thành nhóm B (bao gồm các nòi Điện Biên 01, Bắc Kạn 01, Bắc Kạn 02 và Sơn La) và nhóm C (bao gồm các nòi Điện Biên 02, Phú Thọ, Vĩnh Phúc, Hà Nội, Ninh Bình và Quảng Bình) (hình 2).



Hình 2. Phân bố 3 chiều thành phần chính PCA cho thấy quan hệ giữa 12 nòi nấm đạo ôn dựa trên độc tính đối với bộ mẫu giống lúa nghiên cứu.

Phân nhóm bộ mẫu giống lúa dựa trên tính kháng đạo ôn

Tính kháng bệnh đạo ôn phân nhóm 49 mẫu giống lúa nghiên cứu và giống đối chứng chuẩn nhiễm LTH thành 5 nhóm tương ứng với mức độ kháng bệnh và phân bố địa lý của 12 nòi nấm *M. oryzae*. Nhóm I (bao gồm Nếp cái hoa vàng và giống nhiễm chuẩn LTH) nhiễm với tất cả 12 nòi nấm đạo ôn. Nhóm II (bao gồm 3 giống IR14D194, IR15D1082 và IR14D195) kháng với các nòi nấm thuộc nhóm B nhưng nhiễm nhẹ đến nhiễm đối với các nòi nấm còn lại. Nhóm III (bao gồm 6 giống OM10041, Một bụi đỏ lùn, IR14D189, Khẩu mu moong, IR15D104 và AN26_1) nhiễm nhẹ đến nhiễm với các nòi nấm nhóm A và B nhưng kháng tốt các nòi nấm nhóm C. Nhóm IV (bao gồm hai giống IR14D116 và OM4218) nhiễm với nòi Điện Biên 01 và nhóm A nhưng kháng đối với các nòi còn lại của nhóm B và C. Nhóm V (bao gồm các mẫu giống còn lại) có đặc điểm chung là nhiễm đến nhiễm nặng đối với các nòi đạo ôn nhóm A. Nhóm V được phân chia tiếp thành 3 phân nhóm dựa trên tính kháng đối với hai nòi Điện Biên 02 và Quảng Bình, bao gồm: phân nhóm Va (bao gồm 7 mẫu giống lúa IRRI) nhiễm nhẹ với hai nòi trên; phân nhóm Vb (bao gồm các giống PC6, OM9676 và 7 mẫu giống lúa IRRI) chỉ nhiễm nhẹ với nòi Quảng Bình và phân nhóm Vc (bao gồm giống Gia Lộc 105 và 20 mẫu giống lúa IRRI) kháng đối với cả hai nòi Điện Biên 02 và Quảng Bình (hình 3).



Hình 3. Phân nhóm 50 mẫu giống lúa nghiên cứu và 12 nòi nấm *M. oryzae* dựa trên bản đồ nhiệt đánh giá phản ứng bệnh đạo ôn trong điều kiện thí nghiệm.

Bàn luận

Đạo ôn là bệnh hại nghiêm trọng ở lúa với tần suất bùng phát cao và gây thiệt hại lớn. Tại Việt Nam bệnh đạo ôn đã gây hại hầu hết các vụ lúa trong năm, nhất là ở các tỉnh phía Nam. Cải thiện tính kháng của các giống lúa được xem là phương án hiệu quả và bền vững để quản lý bệnh đạo ôn [4]. Tuy nhiên, sự đa dạng các nòi nấm *M. oryzae* kéo theo phổ độc tính rộng, có tính đặc hiệu khác nhau theo vùng địa lý là thách thức lớn, gây khó khăn cho công tác chọn tạo giống lúa kháng bệnh đạo ôn. Thực tế cho thấy, tính kháng đạo ôn của các giống lúa thường bị phá vỡ sau một thời gian đưa vào sản xuất do các nòi nấm đạo ôn tiến hóa và có độc tính vượt qua phổ kháng ban đầu được quy định bởi một hoặc hai gen kháng [5]. Chính vì vậy, công tác đánh giá xác định nguồn vật liệu kháng với các nòi nấm đạo ôn có ý nghĩa quan trọng, tạo tiền đề chọn tạo giống lúa kháng bệnh đạo ôn bền vững cho từng vùng sinh thái. Trong nghiên cứu này, 40 mẫu giống lúa kháng đạo ôn nhập nội từ IRRI đã được kiểm chứng phản ứng bệnh với các nòi nấm *M. oryzea* của Việt Nam và đánh giá mức độ kháng so với một số giống lúa cải tiến và địa phương của Việt Nam.

Độc tính vượt trội của các nòi nấm M. oryzea phía Nam

Qua đánh giá độc tính trên bộ mẫu giống nghiên cứu, 12 nòi nấm đạo ôn được phân nhóm rất rõ theo vùng địa lý. Các nòi Đồng Tháp và Cần Thơ thuộc nhóm A có độc tính mạnh nhất, gây bệnh (điểm ≥5) trên toàn bộ 40 mẫu giống lúa từ IRRI và 6/9 mẫu giống lúa Việt Nam. Chỉ có các giống AN26_1 và OM10041 và Một bụi đỏ lùn là kháng nhẹ với hai nòi nấm này (điểm 3 và 4). Trong khi đó hầu hết mẫu giống lúa IRRI và Việt Nam kháng với các nòi nấm phía Bắc thuộc nhóm B và C với mức độ độc tính VF từ 6,12% (nòi Hà Nội) đến 61,2% (nòi Quảng Bình). Đáng chú ý, nòi nấm Điện Biên 02 (VF=57,1%) và Quảng Bình có độc tính cao hơn các nòi còn lại trong nhóm.

Nghiên cứu hệ gen cho thấy hoạt động của các gen lặp có vai trò rất lớn trong việc thay đổi cấu trúc và chức năng của các gen độc tính và yếu tố quy định tính đặc hiệu ký chủ của nấm *M. oryzae* [18, 19]. Đây chính là nguyên nhân dẫn đến sự khác biệt về độc tính, phổ đặc hiệu giữa các nòi nấm đạo ôn vốn rất đa dạng theo các vùng địa lý [12, 20] và lý giải xu hướng độc tính tăng dần của 12 nòi nấm *M. oryzae* nghiên cứu theo vùng sinh thái từ Bắc vào Nam. Bên cạnh đó, phổ độc tính cũng phản ánh đúng sự khác biệt về nhóm gen kháng đạo ôn hiệu lực giữa hai khu vực phía Bắc và phía Nam theo những nghiên cứu của Nguyễn Thị Minh Nguyệt và cộng sự [12] và Võ Thị Thu Ngân và cộng sự [21].

Phân nhóm bộ mẫu giống lúa IRRI theo tính kháng với các nòi nấm đạo ôn Việt Nam

Tính kháng đối với bộ 12 nòi nấm nghiên cứu thể hiện rất rõ tính thích ứng vùng sinh thái của các giống lúa Việt Nam. Được chọn tạo và phổ biến trong sản xuất ở khu vực phía Bắc, các giống PC6 và Gia Lộc 105 thể hiện tính kháng rất tốt với các nòi nấm phía Bắc nhưng lại nhiễm bệnh với các nòi nấm phía Nam. Trong khi đó các giống AN26_1 và OM10041 phổ biến ở các tỉnh phía Nam nhiễm nhẹ với các nòi nấm vùng Tây Bắc nhưng kháng tốt với nòi nấm Quảng Bình và đặc biệt là các nòi nấm Đồng Tháp và Cần Thơ. Các giống này là chỉ dẫu tốt, giúp xác định các mẫu giống lúa có tính kháng phù hợp với đạo ôn ở từng vùng sinh thái nước ta thông qua phân tích phân nhóm.

Không có mẫu giống lúa IRRI nào kháng toàn diện với các nòi nấm đạo ôn Việt Nam. Thay vào đó 40 mẫu giống được phân thành 5 nhóm chính tương ứng với khả năng kháng với các nòi nấm đạo ôn ở từng vùng sinh thái Việt Nam. Trong khi các mẫu giống lúa thuộc nhóm II và III có tính kháng đạo ôn cục bộ với các nòi nấm đạo ôn vùng Tây Bắc (nhóm B) hoặc các tỉnh đồng bằng phía Bắc (nhóm C), các mẫu giống lúa thuộc nhóm IV và V thể hiện tính kháng phổ rộng hơn với các nòi đạo ôn phía Bắc (nhóm B và C). Tuy nhiên không một mẫu giống lúa IRRI nào thể hiện tính kháng với hai nòi nấm phía Nam (nhóm A) (hình 3). Kết quả này cho thấy các mẫu giống lúa IRRI thiếu các gen kháng hiệu lực với các nòi nấm phía Nam, tuy nhiên có thể sử dụng làm vật liệu phù hợp cho công tác chọn giống cải thiện tính kháng đạo ôn cho các tỉnh phía Bắc.

Đánh giá phản ứng bệnh là cách tiếp cận đơn giản và hiệu quả nhằm sàng lọc tính kháng đạo ôn của các mẫu giống nghiên cứu. Phương pháp đánh giá kiểu gen phải dựa trên các gen/QTLs kháng đã biết và chỉ xác định được sự có mặt của các gen/QTLs thông qua các chỉ thị liên kết mà không trực tiếp phản ánh phản ứng của mẫu giống nghiên cứu với nguồn bệnh. Bên cạnh đó, tính kháng bệnh hại nói chung và bệnh đạo ôn nói riêng chỉ hiệu quả khi kết hợp hai hoặc nhiều gen kháng khác nhau. Như vậy, việc sử dụng các chỉ thị phân tử liên kết với các gen/QTLs đã biết là không đủ tin cậy để đánh giá khả năng kháng bệnh trên thực tế [4]. Chính vì vậy, sàng lọc kiểu hình rõ ràng sẽ giúp các nhà nghiên cứu chọn lọc các nguồn gen có khả năng kháng bệnh tốt nhất với nguồn bệnh thực tế để tiếp tục đánh giá và sử dụng cho công tác chọn tạo giống. Nghiên cứu này đã cung cấp dữ liệu đầy đủ về tính kháng đạo ôn của 40 mẫu giống lúa IRRI và phân nhóm tương ứng với độc tính của 12 nòi nấm đạo ôn Việt Nam. Đây sẽ là cơ sở để xác định các vật liệu phù hợp nhất cho công tác chọn giống lúa kháng đạo ôn ở từng vùng sinh thái Việt Nam.

Kết luận

Các nòi nấm đạo ôn Việt Nam có sự đa dạng di truyền rất lớn, thể hiện qua mức độ độc tính biến thiên theo từng vùng sinh thái. Các nòi nấm khu vực đồng bằng phía Bắc có độc tính thấp, các nòi nấm miền núi phía Bắc có độc tính trung bình, các nòi nấm phía Nam có độc tính cao trên bộ mẫu giống lúa nghiên cứu. Như vậy cần xác định các nguồn vật liệu cho gen kháng phù hợp cho công tác chọn tạo giống lúa kháng đạo ôn ở từng vùng sinh thái.

Bộ mẫu giống lúa IRRI nhiễm với bệnh đạo ôn do các nòi nấm *M. oryzae* phía Nam gây ra. Trong khi đó đa số mẫu giống lúa IRRI kháng tốt với các nòi nấm đạo ôn phía Bắc và có thể được sử dụng làm vật liệu phát triển giống lúa kháng đạo ôn cho khu vực này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1] S. Ashkani, et al. (2015), "Molecular breeding strategy and challenges towards improvement of Blast Disease Resistance in Rice Crop", *Front Plant Sci.*, **6**, p.886.

[2] J. Ma, et al. (2015), "Pi64, Encoding a Novel CC-NBS-LRR Protein, Confers Resistance to Leaf and Neck Blast in Rice", *Mol. Plant Microbe. Interact.*, **28(5)**, pp.558-568.

[3] A.K. Singh, et al. (2015), "Molecular Screening of Blast Resistance Genes in Rice using SSR Markers", *Plant Pathol. J.*, **31(1)**, pp.12-24.

[4] T.R. Sharma, et al. (2012), "Rice Blast Management Through Host-Plant Resistance: Retrospect and Prospects", *Agricultural Research*, **1(1)**, pp.37-52.

[5] J. Huang, et al. (2014), "Rapid evolution of avirulence genes in rice blast fungus Magnaporthe oryzae", *BMC Genet*, **15**, pp.45.

[6] B. Valent and C.H. Khang (2010), "Recent advances in rice blast effector research", *Curr. Opin. Plant Biol.*, **13(4)**, pp.434-441.

[7] W. Liu, et al. (2016), "Evaluation of Genetic Diversity and Development of a Core Collection of Wild Rice (Oryza rufipogon Griff.) Populations in China", *Plos One*, **10(12)**, pp.145990.

[8] M. Tuhina-Khatun, et al. (2015), "Reactions and diversity analysis of upland rice genotypes against blast disease of rice (Oryza sativa L.)", *Australasian Plant Pathology*, **44(4)**, pp.405-412.

[9] M. Jena, et al. (2015), "Evaluation of rice genotypes for rice brown plant hopper resistance through phenotypic reaction and genotypic analysis", *Crop Protection*, **78**, pp.119-126.

[10] Nguyễn Thị Minh Nguyệt (2002), *Khảo sát và ứng dụng chỉ thị phân tử liên kết với tính kháng đạo ôn trong đánh giá các giống lúa bố mẹ phục vụ công tác chọn tạo giống kháng bền vững*, Luận văn thạc sỹ sinh học, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Hà Nội.

[11] Lã Tuấn Nghĩa (2011), "Ứng dụng phương pháp chỉ thị phân tử trong chọn tạo giống lúa kháng đạo ôn", *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn*, **2+3**, tr.11-16.

[12] Nguyễn Thị Minh Nguyệt, Hoàng Hoa Long và Nguyễn Thị Thanh Thủy (2015), "Thu thập đánh giá và phân loại nòi nấm bệnh đạo ôn (Pyricularia oryzae Cavara) ở các tỉnh Trung du và miền núi phía Bắc Việt Nam", *Tạp chí Nông nghiệp và Phát triển Nông thôn*, **9**, tr.20-26.

[13] K. Vasudevan, et al. (2014), "Large scale germplasm screening for identification of novel rice blast resistance sources", *Front Plant Sci.*, **5**, pp.505.

[14] IRRI (2002), *Standard Evaluation System for Rice (SES)*, Philippines.

[15] Y. Wu, et al. (2017), "Characterization and evaluation of rice blast resistance of Chinese indica hybrid rice parental lines", *The Crop Journal*, **5(6)**, pp.509-517.

[16] M.C. Filippi and A.S. Prabhu (2001), "Phenotypic virulence analysis of Pyricularia grisea isolates from Brazilian upland rice cultivars", *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, **36**, pp.27-35.

[17] I. Letunic and P. Bork (2016), "Interactive tree of life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees", *Nucleic Acids Research*, **44(W1)**, pp.242-245.

[18] M. Gowda, et al. (2015), "Genome analysis of rice-blast fungus Magnaporthe oryzae field isolates from southern India", *Genom Data*, **5**, pp.284-291.

[19] C. Chen, et al. (2013), "Genome comparison of two Magnaporthe oryzae field isolates reveals genome variations and potential virulence effectors", *BMC Genomics*, **14**, pp.887.

[20] Nguyễn Thị Thu Thủy và Trương Thị Hồng Hải (2016), "Nghiên cứu đa dạng di truyền và đánh giá tính độc của các chủng nấm gây bệnh đạo ôn ở Nam Trung Bộ", *Tạp chí Bảo vệ Thực vật*, **1**, tr.7-12.

[21] Võ Thị Thu Ngân, Nguyễn Thị Phong Lan và Trần Ngọc Thạch (2018), "Hiệu lực gen kháng bệnh đạo ôn trên lúa tại Đồng bằng sông Cửu Long", *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, **3(88)**, tr.17-21.