

NGHIÊN CỨU XÁC ĐỊNH HIỆU LỰC CỦA CÁC GIEN KHÁNG ĐỐI VỚI CÁC CHỦNG (ISOLATE) NẤM ĐẠO ÔN THU THẬP Ở CÁC TỈNH PHÍA BẮC MIỀN TRUNG VIỆT NAM

Nguyễn Thị Thu Thủy¹, Trương Thị Hồng Hải¹,
Trần Thị Triều Hà¹, Lê Thị Minh Thu², Nguyễn Thị Lê Na³

TÓM TẮT

Mục đích của nghiên cứu này là xác định sự tương tác giữa 26 dòng lúa chứa 26 gen kháng *Pia*, *Pii*, *Pik-s*, *Pik*, *Pik-p*, *Pik-h*, *Piz*, *Pi2(t)*, *Piz-t*, *Pi4(t)*, *Pib*, *Pit*, *Pish*, *Pi1*, *Pi3*, *Pi5(t)*, *Pi7(t)*, *Pi9*, *Pi12(t)*, *Pi19*, *Pik-m*, *Pi20*, *Pita2*, *Pita*, *Pi11(t)* và *Piz5* với 25 chủng nấm gây bệnh đạo ôn được phân lập từ các vùng trồng lúa của 5 tỉnh Bắc Trung bộ (Nghệ An, Hà Tĩnh, Quảng Bình, Quảng Trị, Thừa Thiên - Huế) trong điều kiện lây nhiễm nhân tạo. Kết quả nghiên cứu cho thấy: Tỷ lệ kháng của các dòng lúa với 25 chủng nấm là khác nhau, dao động từ 28% đến 100%. Giống LTH (chuẩn nhiễm) nhiễm nặng với tất cả 25 chủng phân lập. Trong 26 gen kháng đánh giá, 10 gen có tỷ lệ kháng cao đối với tất cả các chủng nấm lây nhiễm, đó là các gen kháng *Pi1*, *Pik*, *Piz*, *Pik-p*, *Pi7(t)*, *Pik-m*, *Pik-h*, *Pi4(t)*, *Pi9* và *Pita* với tỷ lệ kháng tương ứng là: 100%, 96%, 92%, 92%, 92%, 84%, 80%, 80% và 80%. Những phát hiện này cho thấy rằng các gen *Pi1*, *Pik*, *Piz*, *Pik-p*, *Pi7(t)*, *Pik-m*, *Pik-h*, *Pi4(t)*, *Pi9* và *Pita* có hiệu quả cao trong kháng bệnh đạo ôn ở Bắc Trung bộ. Kết quả nghiên cứu này là cơ sở khoa học để xây dựng một chiến lược phát triển giống kháng bệnh đạo ôn lâu bền tại vùng nghiên cứu.

Từ khóa: Lúa, *Pyricularia oryzae*, dòng đơn gen, gen kháng.

1. MỞ ĐẦU

Bệnh đạo ôn ở lúa do nấm *Pyricularia oryzae* gây ra, là một trong những nguyên nhân làm giảm năng suất lúa gạo nghiêm trọng nhất ở tất cả các vùng trồng lúa trên thế giới (Ou, 1985; Lê Minh Trường và cs, 2010). Thiệt hại do bệnh này gây ra làm giảm năng suất lúa trung bình 1 – 50% tùy thuộc vào các yếu tố liên quan khác, những nơi thiệt hại nặng có thể làm giảm năng suất đến 80% (Scheuermann et al., 2012).

Ở Việt Nam, bệnh đạo ôn đã gây hại ở cả 8 vùng sinh thái nông nghiệp (Nguyễn Thị Lang và cs, 2009). Diện tích lúa nhiễm bệnh năm 2014 là 341.600 ha, trong đó hơn 11 ngàn ha nhiễm nặng, 31 ha mất trắng (Bộ Nông nghiệp và Phát triển nông thôn, 2015). Để quản lý bệnh đạo ôn, nhiều nghiên cứu đã cho thấy sử dụng các giống lúa kháng bệnh là một hướng phát triển mang lại hiệu quả kinh tế cao, không ảnh hưởng xấu đến con người, sinh vật có ích và môi trường (Lueng và cs, 1993; Lê Lương Tê, 1998). Tuy nhiên, việc sử dụng giống kháng để quản lý bệnh đạo ôn ngày càng gặp nhiều khó khăn vì sự

hình thành các chủng gây bệnh mới. Hơn nữa, đối với nấm đạo ôn trong quá trình phát sinh gây hại, các chủng có độc tính thấp (avirulence) thường có xu hướng chuyển thành các chủng có độc tính cao (virulence) (Lau và Ellingboe, 1993). Sự thay đổi đó đã làm cho chiến lược chọn tạo giống kháng bệnh tại một vùng nhất định gặp rất nhiều khó khăn. Ở các vùng nhiễm bệnh nặng, hầu hết các giống kháng bệnh chỉ có hiệu lực trong vòng 2-3 năm (Bonman và cs, 1992). Hiện nay, ở nước ta nhiều giống lúa kháng bệnh triển vọng đã và đang bị nhiễm lại rất nhanh (Phạm Văn Dư và Lê Cẩm Loan, 2006). Điều này cho thấy sự không bền vững của tính kháng bệnh đạo ôn ở các giống lúa. Vì vậy, việc xác định các gen kháng bệnh còn hiệu lực và đánh giá tính độc của các chủng nấm góp phần quan trọng vào việc quản lý bệnh đạo ôn thông qua chọn tạo giống kháng bệnh bền vững. Trong nghiên cứu này, tiến hành nhận dạng các gen kháng bệnh đạo ôn còn hiệu quả ở các vùng trồng lúa Bắc Trung bộ, dựa trên cơ sở đó tuyển chọn gen kháng phục vụ cho công tác chọn tạo giống kháng bệnh sau này.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Vật liệu nghiên cứu là tập đoàn 26 dòng lúa đơn gen chứa 26 gen kháng bệnh đạo ôn khác nhau do Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế (IRRI) cung cấp và

¹ Khoa Nông học, Trường Đại học Nông Lâm Huế

² Chi cục Bảo vệ thực vật tỉnh Nghệ An

³ Chi cục Bảo vệ thực vật tỉnh Quảng Bình

giống LTH (giống chuẩn nhiệm) làm giống đối chứng (Bảng 1).

Bảng 1. Danh sách các dòng, giống lúa tham gia thí nghiệm

TT	Dòng, giống lúa thí nghiệm	Gien kháng	TT	dòng, giống lúa thí nghiệm	Gien kháng
1	IRBLa-A	<i>Pia</i>	15	IRBL3-CP4	<i>Pi3</i>
2	IRBLi-F5	<i>Pii</i>	16	IRBL5-M	<i>Pi5(t)</i>
3	IRBLks-F5	<i>Pik-s</i>	17	IRBL7-M	<i>Pi7(t)</i>
4	IRBLk-ka	<i>Pik</i>	18	IRBL9-W	<i>Pi9</i>
5	IRBLkp-K60	<i>Pik-p</i>	19	IRBL12-M	<i>Pi12(t)</i>
6	IRBLkh-K3	<i>Pik-h</i>	20	IRBL19-A	<i>Pi19</i>
7	IRBLz-Fu	<i>Piz</i>	21	IRBLkm-Ts	<i>Pik-m</i>
8	IRBLz5-CA	<i>Pi2(t)</i>	22	IRBL20-IR24	<i>Pi20</i>
9	IRBLzt-T	<i>Piz-t</i>	23	IRBLta2-Pi	<i>Pita2</i>
10	IRBLta-K1	<i>Pi4(t)</i>	24	IRBLta-CP1	<i>Pita</i>
11	IRBLb-B	<i>Pib</i>	25	IRBL11-Zh	<i>Pi11(t)</i>
12	IRBLt-K59	<i>Pit</i>	26	IRBLz5-CA	<i>Piz5</i>
13	IRBLsh-S	<i>Pish</i>	27	Lijiangxintuanheigu (LTH)	
14	IRBL1-CL	<i>Pi1</i>			

25 chủng nấm bệnh đạo ôn (isolate) sử dụng trong lây nhiễm nhân tạo, được nuôi cấy và phân lập đơn bào tử từ các giống lúa nhiễm bệnh trồng ở 5 tỉnh Bắc Trung bộ (Bảng 2).

Bảng 2. Địa điểm thu thập các chủng nấm đạo ôn

STT	Isolate	Nơi thu thập	Trên giống lúa
1	NA120	Yên Thành, Nghệ An	Xi23
2	NA135	Nghi Lộc, Nghệ An	AC15
3	NA180	Diễn Châu, Nghệ An	IR17494
4	NA237	Nam Đàn, Nghệ An	BC15
5	NA382	Vinh, Nghệ An	TL6
6	HT67	Cẩm Xuyên, Hà Tĩnh	BTE1
7	HT102	Đức Thọ, Hà Tĩnh	Xi23
8	HT156	Thạch Hà, Hà Tĩnh	KD18
9	HT263	Kỳ Anh, Hà Tĩnh	Xi21
10	HT281	Kỳ Anh, Hà Tĩnh	BTE1
11	QB82	Quảng Trạch, Quảng Bình	IR353-66
12	QB126	Quảng Trạch, Quảng Bình	P6
13	QB172	Bố Trạch, Quảng Bình	Xi21
14	QB219	Đông Hới, Quảng Bình	IR28

15	QB283	Lệ Thủy, Quảng Bình	AC5
16	QT27	Vinh Linh, Quảng Trị	IR38
17	QT143	Gio Linh, Quảng Trị	HC95
18	QT195	Gio Linh, Quảng Trị	P6
19	QT273	Cam Lộ, Quảng Trị	IR35366
20	QT281	Triệu Phong, Quảng Trị	VN10
21	TTH52	Quảng Điền, Thừa Thiên - Huế	HT1
22	TTH134	Phong Điền, Thừa Thiên - Huế	Xi23
23	TTH182	Hương Trà, Thừa Thiên - Huế	IR17494
24	TTH217	Nam Đông, Thừa Thiên - Huế	KD18
25	TTH283	Phú Vang, Thừa Thiên - Huế	TH5

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp thu mẫu

Các mẫu lá và cổ bông mang triệu chứng điển hình của bệnh đạo ôn sẽ được thu thập từ các ruộng lúa bị nhiễm bệnh ở 5 tỉnh Nghệ An, Hà Tĩnh, Quảng Bình, Quảng Trị và Thừa Thiên - Huế. Mỗi tỉnh chọn 4 huyện có diện tích trồng lúa lớn và thường bị nhiễm đạo ôn, mỗi huyện chọn 4 xã để thu mẫu bệnh. Mỗi xã thu 3 mẫu bệnh trên các ruộng khác nhau. Các chủng đạo ôn thu được từ lá được lưu giữ trong phong bì giấy có ghi rõ địa điểm thu thập, giống lúa.

2.2.2. Phương pháp phân lập nấm bệnh

Phương pháp phân lập được cải tiến từ phương pháp của IRRI (1996). Cắt mẫu bệnh ra thành từng mảnh nhỏ khoảng 2-3 mm², khử trùng và loại trừ các nấm tạp bằng dung dịch hypoclorit natri 3% trong 1 phút và rửa sạch mẫu bằng nước cất vô trùng, mẫu bệnh được nuôi cấy trong môi trường PDA (200 g khoai tây, 20 g glucoza, 17 g aga trong 1 lít nước) được ủ ở 25°C trong 3 ngày. Sau đó cấy chuyển khuẩn ty nấm bệnh sang môi trường aga-bột gạo (10 g bột gạo, 20 g aga, 2,5 g nấm men trong 1 lít nước). Khi sợi nấm phát triển khoảng 7-10 ngày, dùng lame (lá kim loại) cạo bỏ bột khuẩn ty mọc trên bề mặt môi trường và để dưới ánh đèn neon liên tục trong 2 ngày để sinh bào tử. Cạo lấy một ít bào tử và cấy chuyển sang môi trường nước thạch (water agar) 4%. Dùng que thủy tinh nhỏ thực hiện bắt một bào tử dưới kính hiển vi và cấy sang môi trường PDA. Sau 3 ngày cấy, cấy chuyển bào tử sang môi trường PDA mới và lưu giữ phục vụ cho thí nghiệm sau này.

2.2.3. Phương pháp lây nhiễm nhân tạo

- Chọn 25 chủng nấm đại diện được phân lập từ các vùng khác nhau, trên các giống lúa khác nhau để

thực hiện thí nghiệm lây nhiễm. Các chủng nấm được nuôi cấy trên môi trường aga-bột gạo khoảng 7 ngày ở nhiệt độ 28°C để thu bào tử. Bào tử được thu bằng nước cất vô trùng có bổ sung thêm gelatin (1%) để tăng khả năng bám dính các bào tử trên lá. Nồng độ dung dịch bào tử được sử dụng để lây nhiễm là 10⁵ bào tử/ml.

- Bố trí thí nghiệm:

+ 26 dòng lúa đơn gen và 1 giống chuẩn nhiễm được trồng trong các chậu nhựa với kích thước 20 x 20 cm và bố trí theo khối hoàn toàn ngẫu nhiên (RCBD) với 3 lần nhắc lại.



Hình 1. Hình ảnh lây nhiễm đạo ôn trên các dòng lúa thí nghiệm

+ Lây nhiễm bằng phương pháp phun: Cây con ở 4 tuần tuổi của các dòng đơn gen được trồng trong các chậu nhựa, sử dụng bình phun có áp lực khoảng 3 atm/cm² để phun cho lúa. Đặt các chậu nhựa trong nhà lưới, phun giữ ẩm thường xuyên trong khoảng 16-24 h và giữ nhiệt độ khoảng 24-26°C trong 6 ngày. Triệu chứng bệnh sẽ được kiểm tra sau 7 ngày lây nhiễm, dựa trên thang điểm đánh giá của Kato (1993):

Cấp 0: Không có vết bệnh, kháng cao (HR);

Cấp 1: Vết bệnh là một chấm nhỏ bằng đầu kim, kháng (R);

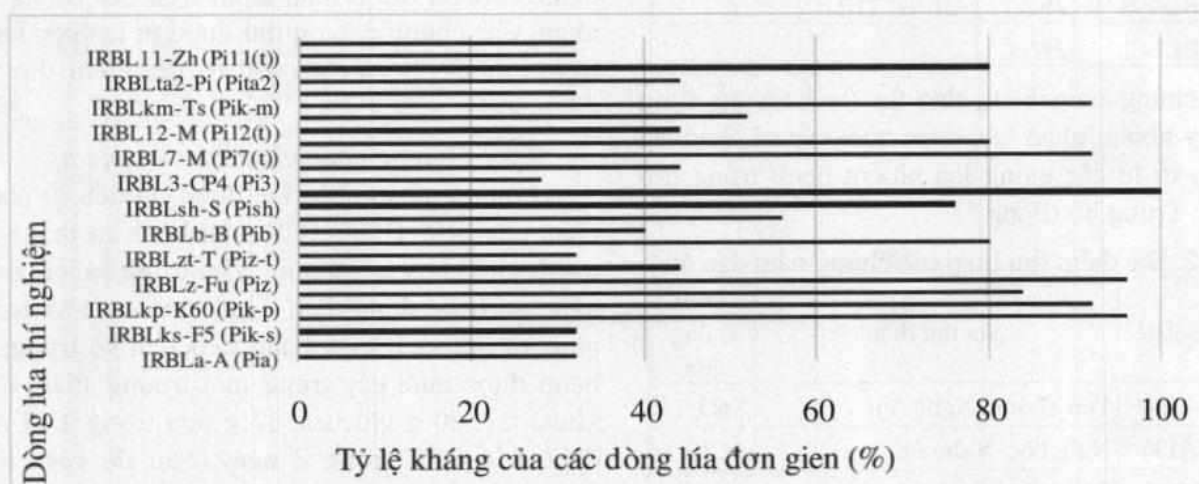
Cấp 2: Vết bệnh to hơn màu nâu nhạt đến nâu tối, kháng (R);

Cấp 3: Vết bệnh to hơn và có màu xám ở giữa, nhiễm (S);

Cấp 4: Vết bệnh đặc trưng hình thoi, nhiễm nặng (HS).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đánh giá hiệu quả của các gen kháng bệnh đạo ôn



Hình 2. Tỷ lệ kháng của các dòng lúa đơn gen với các chủng nấm lây nhiễm

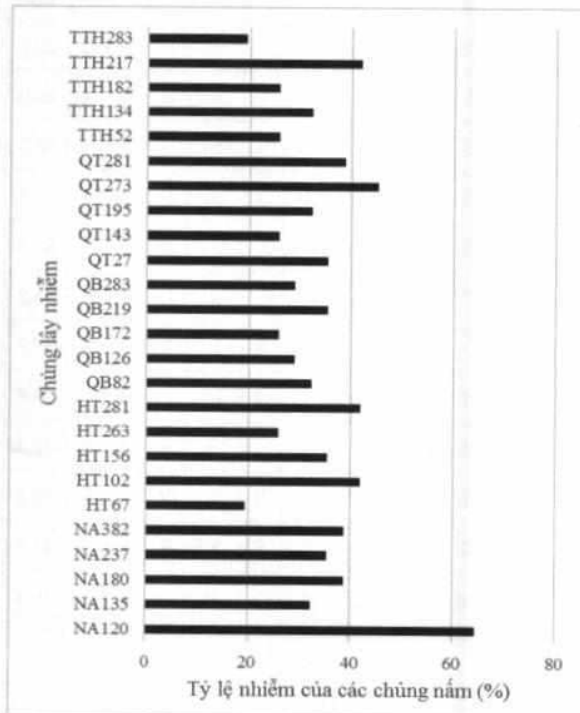
Để đánh giá tính kháng bệnh của từng gen khác nhau đã tiến hành lây nhiễm nhân tạo 25 chủng nấm phân lập tại 5 tỉnh Bắc Trung bộ lên 26 dòng mang gen kháng bệnh đạo ôn. Kết quả lây nhiễm và đánh giá được trình bày ở hình 2. Kết quả cho thấy: Các gen kháng khác nhau thì khả năng kháng các chủng nấm cũng khác nhau. Tất cả các dòng lúa thí nghiệm đều có khả năng kháng với ít nhất một chủng nấm lây nhiễm, riêng giống LTH (giống chuẩn nhiễm) bị nhiễm nặng với tất cả các chủng lây nhiễm. Trong số 26 gen kháng đánh giá, 10 gen kháng có tỷ lệ kháng cao đối với các chủng nấm trong thí nghiệm, đó là

các gen: *Pi1*, *Pik*, *Piz*, *Pik-p*, *Pi7(t)*, *Pik-m*, *Pik-h*, *Pi4(t)*, *Pi9* và *Pita* với tỷ lệ kháng tương ứng là: 100%, 96%, 92%, 92%, 92%, 84%, 80%, 80% và 80% (Hình 2). Kết quả này cho thấy rằng các gen *Pi1*, *Pik*, *Piz*, *Pik-p*, *Pi7(t)*, *Pik-m*, *Pik-h*, *Pi4(t)*, *Pi9* và *Pita* có hiệu quả cao trong kháng bệnh đạo ôn ở Bắc Trung bộ. Hơn nữa, trong mỗi địa phương, có ít nhất một gen có khả năng kháng được hầu hết các chủng lây nhiễm như: *Pi1* kháng được tất cả 5 chủng phân lập ở Nghệ An; *Pik*, *Pik-p*, *Piz*, *Pi1*, *Pi7(t)* và *Pik-m* kháng được tất cả 5 chủng phân lập ở Hà Tĩnh; *Pik*, *Pik-p*, *Piz*, *Pi-h*, *Pi1*, *Pi7(t)*, *Pik-m* và *Pita* kháng được tất cả các

chủng phân lập ở Quảng Bình; *Pik*, *Pik-p*, *Piz*, *Pik-h*, *Pi1*, *Pi7(t)* và *Pik-m* kháng được tất cả các chủng phân lập ở Quảng Trị và Thừa Thiên - Huế (Bảng 3).

3.2. Độc tính của các chủng nấm gây bệnh đạo ôn

Các chủng nấm có mức độ nhiễm trên các dòng lúa mang gen kháng rất khác nhau phụ thuộc vào xuất xứ của vùng sinh thái cũng như trên các kí chủ (giống lúa) khác nhau. Tỷ lệ nhiễm của 25 chủng nấm trên các dòng lúa mang gen kháng dao động từ 19,4% (isolate HT67) đến 64,5% (isolate NA120). Trong 25 chủng nấm lây nhiễm, các chủng phân lập ở Nghệ An có độc tính rất cao (tỷ lệ nhiễm ở mức 35,5 -64,5%), trong đó chủng NA120 phân lập trên giống Xi23 tại Yên Thành có độc tính cao nhất. Các chủng nấm được phân lập ở Quảng Trị thể hiện tính độc cao đối với các dòng lúa thí nghiệm (tỷ lệ nhiễm dao động 25,8-45,2%), trong đó chủng QT273 phân lập trên giống IR35366 tại Cam Lộ, Quảng Trị biểu hiện độc tính cao nhất. Các chủng nấm phân lập tại Quảng Bình và Hà Tĩnh có độc tính trung bình với tỷ lệ nhiễm trung bình tương ứng là 30,3% và 32,9%. Các chủng nấm phân lập từ các vùng trồng lúa của tỉnh Thừa Thiên - Huế có tính độc thấp nhất với tỷ lệ nhiễm trung bình là 29,0% (Hình 3).



Hình 3. Tỷ lệ nhiễm của các chủng nấm với tập đoàn dòng lúa mang đơn gen kháng

3.3. Tương tác giữa tính kháng của các dòng lúa với tính độc của các chủng nấm

Mối quan hệ giữa chủng nấm và các dòng lúa mang đơn gen kháng được trình bày ở bảng 3 cho thấy, các chủng nấm phân lập ở các tỉnh khác nhau thể hiện độc tính, mức độ gây hại khác nhau, đồng thời các dòng lúa thể hiện tính kháng rất khác nhau với từng chủng nấm. Kết quả chỉ ra rằng dòng lúa mang gen *Piz5* nhiễm nặng với tất cả các chủng nấm phân lập tại Nghệ An, điều này chứng tỏ rằng gen *Piz5* hoàn toàn mất hiệu lực trong việc hạn chế bệnh đạo ôn tại Nghệ An. 7 dòng lúa chứa các gen *Pia*, *Pii*, *Pik-s*, *Piz-t*, *Pi3*, *Pi5(t)* và *Pi9* nhiễm với hầu hết các chủng lây nhiễm (nhiễm 4 trên 5 chủng), 6 dòng lúa chứa các gen kháng *Pik-h*, *Pi2(t)*, *Pib*, *Pit*, *Pi20* và *Pi11(t)* nhiễm với 2 trên 5 chủng thí nghiệm. Các gen còn lại có khả năng kháng cao với các chủng nấm phân lập tại Nghệ An. Hầu hết các gen có biểu hiện kháng cao khi lây nhiễm với các chủng nấm phân lập tại Hà Tĩnh, riêng 4 dòng lúa chứa các gen *Pii*, *Piz-t*, *Pi3* và *Pi11(t)* biểu hiện nhiễm với các chủng nấm thí nghiệm. Điều này chứng tỏ các gen kháng *Pii*, *Piz-t*, *Pi3* và *Pi11(t)* đã mất hiệu lực trong phòng trừ bệnh đạo ôn tại Hà Tĩnh. Đối với các chủng nấm phân lập tại Quảng Bình, chúng tôi nhận thấy có 11 dòng lúa mang các gen *Pia*, *Pii*, *Pik-s*, *Pi2(t)*, *Pib*, *Pi3*, *Pi12(t)*, *Pi19*, *Pi20*, *Pita2* và *Piz5* nhiễm với 2 trên 5 chủng nấm thí nghiệm, chỉ có duy nhất 1 dòng lúa mang gen kháng *Pi11(t)* nhiễm với hầu hết các chủng nấm thí nghiệm (4 trên 5 chủng). Các gen còn lại biểu hiện kháng với hầu hết các chủng nấm phân lập tại Quảng Bình. Khi lây nhiễm với các chủng nấm được phân lập tại Quảng Trị, 6 dòng chứa các gen *Pia*, *Pii*, *Pik-s*, *Piz-t*, *Pi3* và *Pi20* nhiễm với 4 trên 5 chủng, kết quả này chỉ ra rằng 6 gen kháng này đã mất hiệu lực kháng bệnh đạo ôn tại Quảng Trị. Trong khi đó, các dòng lúa biểu hiện tính kháng cao nhất đối với các chủng nấm được phân lập tại Thừa Thiên - Huế. Chỉ có 1 dòng chứa gen kháng *Pi20* nhiễm với hầu hết các chủng nấm lây nhiễm (nhiễm 4 trên 5 chủng), 9 dòng mang các gen *Pia*, *Piz(t)*, *Pib*, *Pi3*, *Pi5(t)*, *Pi12(t)*, *Pita2*, *Pi11(t)* và *Piz5* nhiễm với 2 trên 5 chủng. Các gen còn lại biểu hiện khả năng kháng cao với các chủng phân lập tại Thừa Thiên - Huế.

KHOA HỌC CÔNG NGHỆ

Bảng 3. Phản ứng kháng bệnh của các dòng mang gen kháng đối với các isolate

TT	Isolate	Pia	Pii	Pik-s	Pik	Pik-p	Pik-h	Piz	Piz-t	Pi4	Pib	Pit	Pish	Pi1	Pi3	Pi5	Pi7	Pi9	Pi1	Pi19	Pik-m	Pi20	Pita2	Pita	Pi11	Pi5	Tỷ lệ nhiễm của các chủng nấm	LTH	
1	NA120	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	S	S	R	S	S	S	S	S	R	R	R	S	S	S	S	64,5	HS	
2	NA135	S	R	S	R	R	S	R	S	S	R	S	S	R	R	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	S	35,5	HS
3	NA180	S	S	S	R	R	R	R	S	R	R	S	R	R	S	S	R	R	S	R	S	R	S	R	S	S	38,7	HS	
4	NA237	S	S	S	R	R	R	R	S	S	R	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	S	R	S	R	S	35,5	HS
5	NA382	R	S	R	R	S	S	R	S	R	R	S	R	R	R	S	S	R	R	R	S	S	S	R	R	S	S	38,7	HS
6	HT67	R	S	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	R	19,4	HS
7	HT102	S	R	S	R	R	R	R	S	R	S	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	R	S	S	41,9	HS	
8	HT156	S	S	R	R	R	R	R	S	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	S	S	R	S	S	35,5	HS
9	HT263	R	S	S	R	R	R	R	S	R	S	R	S	R	R	S	R	R	R	S	S	R	R	R	R	R	R	25,8	HS
10	HT281	S	S	S	R	R	S	R	R	S	R	S	R	R	R	S	S	R	R	S	R	R	S	S	R	S	S	41,9	HS
11	QB82	S	S	S	R	R	R	R	S	R	S	S	R	R	R	S	R	R	R	R	S	R	R	S	R	S	R	32,3	HS
12	QB126	R	S	R	R	R	R	R	S	S	R	R	S	S	R	R	R	S	R	S	R	S	R	R	R	R	S	29,0	HS
13	QB172	S	R	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	S	R	R	S	S	25,8	HS	
14	QB219	R	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	S	R	R	S	S	R	S	S	R	S	S	35,5	HS	
15	QB283	S	R	R	R	R	R	R	S	R	S	R	S	R	S	S	R	R	S	R	R	R	S	R	S	R	29,0	HS	
16	QT27	S	S	S	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	35,5	HS	
17	QT143	R	S	R	R	R	R	R	S	R	R	S	S	R	R	S	S	R	R	S	R	R	S	R	R	R	25,8	HS	
18	QT195	S	S	S	R	R	R	R	S	R	R	S	R	R	S	R	R	R	S	S	R	R	S	R	R	S	32,3	HS	
19	QT273	S	R	S	R	R	R	R	S	S	R	S	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	R	S	45,2	HS	
20	QT281	S	S	S	R	R	R	R	S	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	S	S	R	S	S	R	S	38,7	HS	
21	TTH52	R	R	S	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	S	R	S	R	R	R	S	R	R	S	S	25,8	HS	
22	TTH134	S	R	S	R	R	R	R	S	R	R	S	R	R	S	R	R	R	S	S	R	S	S	S	R	R	32,3	HS	
23	TTH182	R	R	R	R	R	R	R	S	R	S	R	S	R	S	S	R	R	S	R	R	R	S	R	S	R	25,8	HS	
24	TTH217	S	R	S	R	R	R	R	S	S	R	S	R	R	R	S	S	R	R	S	S	R	S	S	R	S	41,9	HS	
25	TTH283	S	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	S	19,4	HS
	Tỷ lệ kháng của các dòng đơn gen (%)	32	32	32	96	92	84	96	44	32	80	40	56	76	100	28	44	92	80	44	52	92	32	44	80	32	32		

4. KẾT LUẬN

- Trong số 26 gen kháng đánh giá, có 10 gen kháng có hiệu quả cao trong kháng bệnh đạo ôn ở các tỉnh phía Bắc miền Trung, đó là các gen kháng *Pi1, Pik, Piz, Pik-p, Pi7(t), Pik-m, Pik-h, Pi4(t), Pi9* và *Pita* với tỷ lệ kháng tương ứng là: 100%, 96%, 92 %, 92%, 92%, 84%, 80%, 80% và 80%.

- Trong 25 chủng nấm lây nhiễm, các chủng nấm phân lập ở Nghệ An có độc tính rất cao, trong đó chủng NA120 phân lập trên giống Xi23 tại Yên Thành thể hiện tính độc cao nhất. Tiếp đến, các chủng phân lập tại Quảng Trị biểu hiện độc tính cao, các chủng phân lập ở 2 tỉnh Hà Tĩnh và Quảng Bình có độc tính trung bình. Các chủng nấm phân lập ở Thừa Thiên - Huế biểu hiện tính độc thấp nhất.

LỜI CẢM ƠN

Chúng tôi xin gửi lời cảm ơn sâu sắc đến Quỹ Phát triển Khoa học và Công nghệ Quốc gia (NAFOSTED) đã tài trợ kinh phí cho đề tài nghiên cứu cơ bản có mã số 106-NN.02-2014.12, đồng thời chúng tôi chân thành cảm ơn Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế (IRRI) đã cung cấp bộ giống kháng bệnh đạo ôn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Bonman, J. M., Khush, G. S. and Nelson, R. J. (1992). Breeding rice for resistance to pests. Ann. Rev. Phytopathology 30:507-528.

2. Vazquez C., Ramos-Parra M., Vitela-Mendoza I, Garcia-Vazquez Z., Quintero-Martinez M. T. (2007). Relationships between stable fly infestation with some physical facility characteristics and sanitation practices in several dairy farms in the State of Aguascalientes, Mexico. Vet. Parasitol. 149 (3-4):246-250. doi: S0304-4017(07)00427-X [pii]10.1016/j.vetpar.2007.08.020.

3. Garris, A. J., Tai, T. H., Coburn, J., Kresovich, S. and McCouch, S. (2005). Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. Genetics 169:1631-1638.

4. Kato (1993). Plant diseases 77. P: 1211 - 1216.

5. Lau, G. W. and Ellingboe, A. H. (1993). Genetic analysis of mutations to increased virulence in *Magnaporthe grisea*. Phytopathology 83:1093-1096.

6. Lê Lương Tề (1998). Bệnh đạo ôn hại lúa. Nhà xuất bản Nông nghiệp Hà Nội.

7. Lu, B. R. and Snow, A. A. (2005). Gene flow from genetically modified rice and its environmental consequences. Bioscience 55: 669-678.

8. Lueng, H., Nelson, R. and Leach, J. E. (1993). Population structure of plant pathogenic fungi and bacteria. Advances in plant pathology 10:160-199.

9. Ou, S. H. (1985). Rice diseases. 2nd ed, Commonwealth Agric. Bureaux, Central Sales, Farnham Royal, Slough, UK. P. 380.

10. Phạm Văn Dư và Lê Cẩm Loan (2006). Sự thay đổi tính kháng bệnh đạo ôn trên lúa theo thời gian và không gian. Hội thảo quốc gia bệnh cây và sinh học phân tử. Công nghệ sinh học ứng dụng trong bảo vệ thực vật và sử dụng chất kích thích tính kháng bệnh lưu dẫn trên lúa và rau. Lần thứ 5- Đại học Nông nghiệp I-Hà Nội. Nhà xuất bản Nông nghiệp. Trang 70-74.

11. Scheuermann, K. K., Raimondi, J. V., Marschalek, R., Andrade, A., and Wickert, E. (2012). *Magnaporthe oryzae* Genetic Diversity and Its outcomes on the Search for Durable Resistance. Agriculture and Biological Sciences. The Molecular Basis of Plant Genetic Diversity book edited by Mahmut Caliskan, ISBN 978-953.

12. Tiêu chuẩn đánh giá giống lúa IRRI năm 1996. Tài liệu dịch tiếng Việt.

STUDY ON DETERMINATION EFFECT OF RESISTANCE GENES AGAINST BLAST
ISOLATES COLLECTED FROM NORTH CENTRAL VIETNAM

Nguyen Thi Thu Thuy¹, Truong Thi Hong Hai¹,

Tran Thi Trieu Ha¹, Le Thi Minh Thu², Nguyen Thi Le Na³

¹Agronomy Faculty, Hue University of Agriculture and Forestry

²Nghe An plant protection sub-Departement

³Quang Binh plant protection sub-Departement

Summary

Purpose of present study is to define the interaction between 26 monogenic lines carrying at least one major *R* gene *Pia*, *Pii*, *Pik-s*, *Pik*, *Pik-p*, *Pik-h*, *Piz*, *Pi2(t)*, *Piz-t*, *Pi4(t)*, *Pib*, *Pit*, *Pish*, *Pi1*, *Pi3*, *Pi5(t)*, *Pi7(t)*, *Pi9*, *Pi12(t)*, *Pi19*, *Pik-m*, *Pi20*, *Pita2*, *Pita*, *Pi11(t)* and *Piz5* with 25 blast isolates collected from rice production areas in Nghe An, Ha Tinh, Quang Binh, Quang Tri and Thua Thien - Hue under pathogenicity assays. The result showed that the percentage of virulent reactions of monogenic lines to 25 isolates with values ranging from 28% to 100%. LTH was susceptible to all 25 isolates. Among 26 monogenic lines, 10 monogenic lines carrying *Pi1*, *Pik*, *Piz*, *Pik-p*, *Pi7(t)*, *Pik-m*, *Pik-h*, *Pi4(t)*, *Pi9*, and *Pita* were highly resistant, with the frequency of resistant reactions 100%, 96%, 92%, 92%, 92%, 84%, 80%, 80% và 80% respectively. These findings suggest that *Pi1*, *Pik*, *Piz*, *Pik-p*, *Pi7(t)*, *Pik-m*, *Pik-h*, *Pi4(t)*, *Pi9* and *Pita* may be important *R* genes for preventing blast disease in center of Vietnam. Based on these data, a useful strategy for managing rice blast disease by stacking pyramiding blast *R* genes against pathogenic *P. oryzae* isolates at hotspot in the Centre of Vietnam was proposed.

Keywords: *Rice*, *Pyricularia oryzae*, *monogenic lines*, *resistance genes*.

Người phản biện: PGS.TS. Lê Tuấn Nghĩa

Ngày nhận bài: 31/12/2015

Ngày thông qua phản biện: 01/02/2016

Ngày duyệt đăng: 16/02/2016