

## MỘT SỐ NGHIÊN CỨU VỀ XÁC ĐỊNH BIOTYPE CỦA BỘ PHẢN TRẮNG THUỐC LÁ *Bemisia tabaci* TRUYỀN BỆNH VI-RÚT KHẢM LÁ SẴN TẠI VIỆT NAM

### Some Studies on Tobacco Whitefly Species (*Bemisia tabaci*) Transmitting Cassava Mosaic Virus Disease in Viet Nam

Trịnh Xuân Hoạt<sup>1#</sup>, Dương Thị Nguyên<sup>2#</sup>, Lê Quang Mẫn<sup>1</sup>

Ngày nhận bài: 23.11.2020

Ngày chấp nhận: 27.1.2021

#### Abstract

In recent years, the cassava mosaic disease, caused by *Sri Lankan cassava mosaic virus* (SLCMV), is considered as the most serious threat to cassava cultivation in Vietnam. It has been identified that SLCMV is transmitted by cuttings and the tobacco whitefly (*Bemisia tabaci*). Whiteflies are some of the world's most devastating agricultural pests and plant-virus disease vectors. Elucidation of which biotype of *B. tabaci* is responsibility for transmission of SLCMV in Vietnam is the basis for development of sustainable management strategies of SLCMV. Using the partial mitochondrial cytochrome oxidase 1 (COI) gene with primer pair 2195Bt (5'-TGRTTTTTGGTCATCCRGAAGT-3') and CO12/Bt-sh2 (5'-TTTACTGCACTTTCTGCC-3'), we report here the discovery of biotype Asia II 1 of *B. tabaci* was able to transmit SLCMV. It also was indicated that using yellow sticky traps in the cassava fields in uninfected areas is an useful method for early detection and prediction the pread of SLCMV by the Asia II 1 of *B. tabaci* from the infected areas to un-infected areas.

**Keywords:** *Bemisia tabaci* Asia II 1, *Sri Lankan cassava mosaic virus*, *Manihot esculenta* Crantz.

#### 1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Sắn (*Manihot esculenta* Crantz), thường được trồng để lấy tinh bột, là nguồn thực phẩm chính cho gần một tỷ dân số ở 105 quốc gia. Cây sắn 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 cơ bản (<http://www.fao.org/newsroom/en/news/2008/1000899/index.html>). Nhờ khả năng chống chịu tốt với các điều kiện ngoại cảnh bất lợi như hạn hán và đất bạc màu, cây sắn hiện đang được trồng rộng rãi ở các vùng nhiệt đới Châu Phi, Châu Á và Châu Mỹ Latinh, trở thành một trong những cây trồng quan trọng nhất trên thế giới (El-Sharkawy, 2004; Jarvis *et al.*, 2012). Quan trọng hơn, dưới tác động của biến đổi khí hậu, cây sắn có thể sẽ ngày càng trở nên quan trọng như một loại lương thực chính (Jarvis *et al.*, 2012). Tuy nhiên, trong

những thập kỷ gần đây, bệnh vi rút khảm sắn (CMDs) đã nổi lên như một mối đe dọa nghiêm trọng đối với sản xuất sắn.

Bệnh được ghi nhận đầu tiên ở Tanzania và sau đó bệnh xuất hiện ở Ấn Độ, Sri Lanka, các đảo thuộc Ấn Độ Dương và hầu hết các nước Châu Phi (Harrison *et al.*, 1987), Đông Nam Á trong đó có Việt Nam (Uke *et al.*, 2018; Wang *et al.*, 2016, 2019). Trước tốc độ phát triển và lan rộng của bệnh ngày một gia tăng, việc xác định chính xác tác nhân truyền bệnh là việc làm cấp thiết nhằm hạn chế sự lan truyền của bệnh từ vùng này sang vùng khác. Trong khi thiệt hại về sản lượng đáng kể đã được ghi nhận do bùng phát CMD, sự lây lan vẫn tiếp tục được chứng minh bằng sự xuất hiện của CMD gần đây ở Campuchia, Việt Nam và Trung Quốc (Navas-Castillo *et al.*, 2011; Rey and Vanderschuren, 2017; Uke *et al.*, 2018; Wang *et al.*, 2016, 2019). Trước mối đe dọa do CMDs gây ra, rất cần các nỗ lực nghiên cứu để xác định các loài véc tơ và giúp duy trì sản xuất sắn ở những vùng bị ảnh hưởng và thường là những vùng kém phát triển nhất.

Bộ phản trắng *Bemisia tabaci* là loài đa thực, chúng gây hại trên 700 cây ký chủ thực vật khá

1. Viện Bảo vệ thực vật

2. Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Thái Nguyên  
#equal contributors

\*Corresponding author: trinxuanhoatppri@gmail.com

nhau trong đó có cây sắn (Legg *et al.*, 2002; Dinsdale *et al.*, 2010). Ngoài ra, chúng còn là môi giới truyền trên 200 loại vi rút gây bệnh thực vật, gây thiệt hại kinh tế nghiêm trọng cho nhiều loại cây trồng trên toàn thế giới (Legg *et al.*, 2002; Seal *et al.*, 2006). Cho đến nay, *Bemisia tabaci* có tới 39 biotype khác nhau, các biotype này rất giống nhau về hình thái, nhưng lại khá khác nhau về di truyền phân tử cũng như khả năng sinh sản, khả năng truyền các loại virus cho cây trồng hay mức độ gây hại (Qin *et al.*, 2016) (Xu *et al.*, 2011), (Xu *et al.*, 2011), (Horowitz and Ishaaya, 2014), (Maruthi *et al.*, 2002). Chỉ tính riêng biotype 'Middle East-Asia Minor 1' (MEAM1), thiệt hại kinh tế hàng năm ước tính khoảng 714 triệu USD (Mascarin *et al.*, 2013). Trên cây sắn, *Bemisia tabaci* được ghi nhận có 2 biotype khác nhau là SSA1 và SSA2, các biotype này lan truyền véc tơ truyền bệnh vi rút cực kỳ nguy hiểm (bệnh vi rút khảm sắn (CMBs) và bệnh vi rút sọc nâu (CBSI)) (Mugerwa *et al.*, 2012).

Sự đa dạng di truyền hay các biotype của *B. tabaci* được xác định bằng vùng 16S rDNA, cytochrome oxidase 1 trong ty thể (mtCO1) và trình tự vùng ITS1 bởi các tác giả De Barro (2005) Dinsdale *et al.* (2010). Trong đó, đoạn gen mtCO1 đã được sử dụng để thiết lập sự phân bố địa lý (Legg *et al.*, 2002; Dinsdale *et al.*, 2010). Khuếch đại vùng mtCO1 mục tiêu thường sử dụng bộ mồi (MT10/C1-J-2195 và MT12/TL2-N-3014) (Sinmon *et al.*, 1994).

## 2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1 Thu thập bộ phận trắng (*B. tabaci*) gây hại trên ruộng sắn

Trường thành *B. tabaci* được thu thập trên cây sắn tại các tỉnh Tây Ninh, Đồng Nai, Quảng Ngãi và Hòa Bình bằng ống hút côn trùng và giữ trong ống eppendorf 1,5 ml chứa cồn 90°. Mẫu được duy trì ở điều kiện nhiệt độ thường trong quá trình thu mẫu và giữ ở điều kiện -20°C tại phòng thí nghiệm cho đến khi chiết suất DNA.

### 2.2 Xác định biotype của *B. tabaci*

Kỹ thuật chiết suất DNA của *B. tabaci* được thực hiện theo phương pháp của Mugerwa *et al.* (2018). Cho từng cá thể trưởng thành *B. tabaci* vào ống eppendorf 1,5 ml. Nhúng ống vào dung

dịch ni tơ lỏng hoặc cho vào tủ âm -80°C trước khi tiến hành nghiền mẫu bằng dụng cụ nghiền chuyên dụng. Cho 4 µL dung dịch 50 mM NaOH và nghiền kỹ, rửa que nghiền bằng 4 µL 50 mM NaOH. Đậy chặt nắp và ủ mẫu ở điều kiện nhiệt độ 95°C trong 5 phút để bất hoạt DNases. Cho thêm 8 µL dung dịch 1 M Tris-HCl, pH 8. Sử dụng 5 µL cho phản ứng PCR. Sử dụng cặp primer 2195Bt (5'-TGRTTTTTGGTCATCCRGAAGT-3') và CO12/Bt-sh2 (5'-TTTACTGCACCTTCTGCC-3') (Mugerwa *et al.*, 2018). Phản ứng PCR được tiến hành ở điều kiện 94°C trong 2 phút; và 35 chu kỳ với điều kiện nhiệt độ 94°C trong 20 giây, 52°C trong 30 giây và 72°C trong 1 phút; 72°C trong 10 phút và giữ mẫu ở điều kiện 4°C. Phản ứng PCR được thực hiện bằng máy Mastercycler Pro (Eppendorf, Germany). Phản ứng PCR được thực hiện trong 25 µl phản ứng chứa 0,4 µM mỗi primer, 0,2 µM mỗi dNTP, 1,25 U i-Taq DNA polymerase (iNtRON Biotechnology, Korea) và 1X Taq polymerase buffer. 5 µL từ mỗi phản ứng được điện di bằng 1% (w/v) agarose gel bằng dung dịch 1X TAE nhuộm bằng Redsafe Nucleic Acid Staining Solution (iNtRON Biotechnology, Korea) và kiểm tra hình ảnh bằng hệ thống GelDoc-It® 310 Imaging System (United Kingdom). Sản phẩm PCR có kích thước khoảng 867 bp được tinh sạch bằng DNA Purification Kit (QIAGEN, Singapore) và được giải trình tự trực tiếp cả 2 chiều bằng 2 primer 2195Bt và CO12/Bt-sh2 bằng hệ thống ABI3100 DNA tại Công ty Bioneer, Korea. 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 MEGA7.0 (Kumar *et al.*, 2016) sử dụng các gen cùng loại của các chủng vi rút gây bệnh khảm lá vi rút tại Sri Lanka, Ấn Độ, và một số loại bệnh vi rút khảm lá trên cây trồng khác.

### 2.3 Xác định sự có mặt của chủng SLCMV trong cơ thể trưởng thành *B. tabaci*

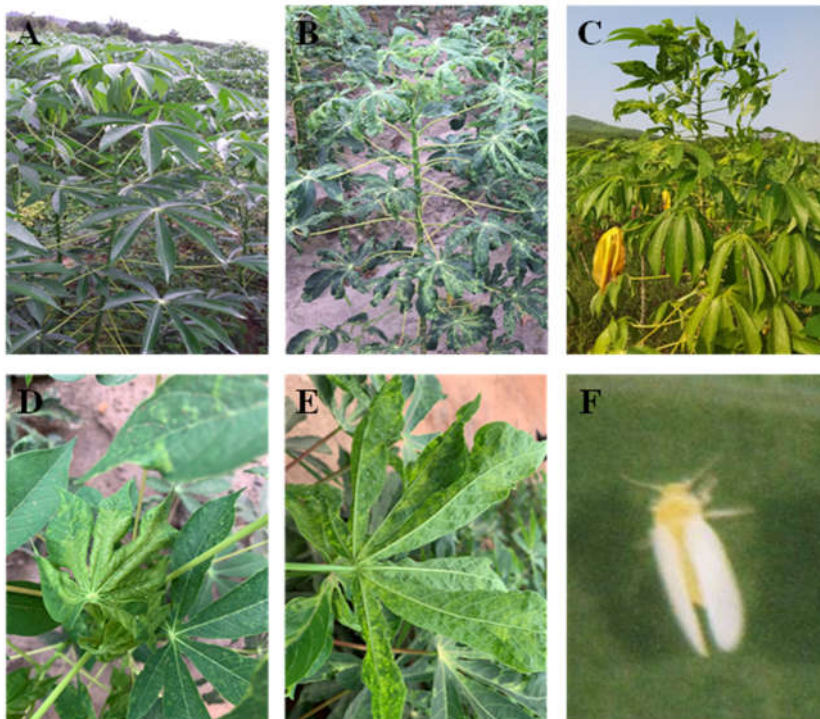
Tiến hành treo bẫy dính màu vàng trên ruộng sắn bị nhiễm bệnh tại Tây Ninh để thu hút trưởng thành bay đến và dính vào bẫy. Ngay sau khi có

trưởng thành *B. tabaci* dính trên bẫy, bẫy dính màu vàng được bọc bằng 1 lớp polyethylene và duy trì bẫy dính màu vàng trên đồng ruộng trong vòng 9 ngày và tiến hành thu mẫu trưởng thành hàng ngày. Tiến hành lấy mẫu từng cá thể *B. tabaci* cho vào ống eppendorf đã chứa sẵn cồn 90° để bảo quản mẫu, phục vụ các bước nghiên cứu tiếp theo. Tại phòng thí nghiệm, nhúng ống chứa *B. tabaci* vào dung dịch ni tơ lỏng hoặc cho vào tủ âm -80°C trước khi tiến hành nghiền mẫu bằng que nghiền chuyên dụng. Cho 4 µL dung dịch 50 mM NaOH và nghiền kỹ, rửa que nghiền bằng 4 µL 50 mM NaOH. Đậy chặt nắp và ủ mẫu ở điều kiện nhiệt độ 95°C trong 5 phút để bất hoạt DNase. Cho thêm 8 µL dung dịch 1 M Tris-HCl, pH 8. Sử dụng 5 µL cho phản ứng PCR. Phản ứng PCR được tiến hành với cặp primer SLCMV-A-F1/SLCMV-A-R2. Điều kiện phản ứng PCR bao gồm 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 primer SLCMV-A-F1/SLCMV-A-R2 (Uke *et al.*, 2018).

### 3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### 3.1 Tập tính, gây hại của *B. tabaci* trên cây sắn

Trưởng thành thường bay với khoảng cách ngắn 1-3m trong tán lá cây, bay theo phương nằm ngang, đôi khi có kiểu bay theo vòng xoắn. Khi trưởng thành khi gặp ánh sáng trực xạ chúng liền lẩn tránh hoặc bay sang những lá khác, nơi có ánh sáng tán xạ. Trong quá trình chích hút dịch cây, *B. tabaci* truyền vi rút cho cây thông qua tuyến nước bọt. Có thể phân biệt cây sắn bị nhiễm bệnh do *B. tabaci* truyền bệnh trong quá trình sinh trưởng của cây và nhiễm bệnh từ hom giống thông qua triệu chứng trên cây (Hình 1B). Nếu hom giống không nhiễm bệnh, cây bị nhiễm bệnh do *B. tabaci* truyền vi rút trong quá trình sinh trưởng phát triển thì chỉ những lá ở phía ngọn mới biểu hiện triệu chứng, các lá già và bánh tẻ phía dưới không biểu hiện triệu chứng (Hình 1C). Nếu hom giống bị nhiễm bệnh thì tất cả các lá trên cây đều bị khảm, biến dạng, quần queo. Trong khi đó, cây sắn khỏe sẽ không biểu hiện bất kỳ triệu chứng nào (Hình 1A).



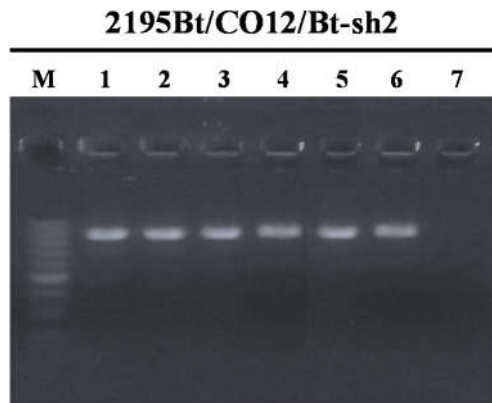
**Hình 1.** Đặc điểm phân biệt triệu chứng bệnh vi rút khảm lá sắn

Ghi chú: (A) Cây khỏe. (B) Cây biểu hiện triệu chứng do trồng từ hom giống đã bị nhiễm bệnh. (C) Cây biểu hiện triệu chứng bệnh do bọ phấn truyền. (D-F) Đặc điểm phân bố và hình ảnh trưởng thành *B. tabaci*.

**3.2 Xác định biotype của *B. tabaci* truyền SLCMV tại Việt Nam**

Để xác định biotype của *B. tabaci* truyền SLCMV trên cây sắn tại Việt Nam, cặp primer 2195Bt và CO12/Bt-sh2 đã được sử dụng để

khuếch đại sản phẩm với kích thước khoảng 867 bp thuộc 4 mẫu DNA chiết suất từ các cá thể trưởng thành *B. tabaci* thu tại Tây Ninh, Đồng Nai, Quảng Ngãi và Hòa Bình (Hình 2).



**Hình 2.** Kết quả PCR nhân gen COI của trưởng thành *B. tabaci* có kích thước khoảng 867bp với các mẫu *B. tabaci* thu thập từ Tây Ninh (giếng 1 (*B. tabaci* TN1)), Đồng Nai (giếng 2 (*B. tabaci* DN), Quảng Ngãi (giếng 3 (*B. tabaci* QNg) và Hòa Bình (giếng 4-6 (*B. tabaci* VT1-HB, *B. tabaci* VT2-HB và *B. tabaci* HS-HB, tương ứng). Mẫu đối chứng âm (giếng 7).

Qua giải mã và so sánh trình tự đoạn gen mtCOI bằng phần mềm Clustal Omega (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>) đã cho thấy các mẫu trưởng thành *B. tabaci* thu từ

các tỉnh khác nhau trong nghiên cứu này có độ đồng nhất 100%. Nghĩa là tất cả các mẫu thu được từ các tỉnh khác nhau trên cây sắn cùng thuộc 1 biotype.

**Bảng 1.** Danh sách đoạn gen mtCOI của *B. tabaci* sử dụng xây dựng cây phả hệ

Mã số	Cây ký chủ	Quốc gia	Biotype
EU192047	Cà chua ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	Trung Quốc	Asia II 1
HM137326	Sắn ( <i>Manihot esculenta</i> )	Trung Quốc	Asia II 1
HM590139	Cà tím ( <i>Solanum melongena</i> )	Ấn Độ	Asia II 1
AJ510057	Đậu xanh ( <i>Vigna radiata</i> )	Pakistan	Asia II 1
AJ867557	Khoai lang ( <i>Ipomoea batatas</i> )s	Trung Quốc	Asia II 1
AY686088	Cây bông Nam Mỹ ( <i>Gossypium hirsutum</i> )	Trung Quốc	Asia II 2
AF418666	Sắn ( <i>Manihot esculenta</i> )	Ấn Độ	Asia II 5
AJ748390	Đậu đũa ( <i>Vigna unguiculata</i> )	Bangladesh	Asia II 5
HM137338	Rau muống ( <i>Ipomoea aquatica</i> )	Trung Quốc	Asia II 6
HQ916813	Khoai lang ( <i>Ipomoea batatas</i> )	Trung Quốc	Asia II 6
DQ174523	Cây Cô tông ( <i>Codiaeum variegatum</i> )	Trung Quốc	Asia II 7
GQ139492	-	-	Asia II 7
HM137339	Rau muống ( <i>Ipomoea aquatica</i> )	Trung Quốc	Asia II 10
HM137313	Rau muống ( <i>Ipomoea aquatica</i> )	Trung Quốc	Asia II 9
HM137345	Rau muống ( <i>Ipomoea aquatica</i> )	Trung Quốc	Asia II 9
AY686083	Bí rợ ( <i>Cucurbita moschata</i> )	Trung Quốc	Asia II 4
DQ309075	Bông ( <i>Gossypium herbaceum</i> )	Trung Quốc	Asia II 3
EU192045	Bông ( <i>Gossypium herbaceum</i> )	Trung Quốc	Asia II 3
HM590146	Bông ( <i>Gossypium herbaceum</i> )	Trung Quốc	Asia II 11
AJ748357	<i>Acanthospermum hispidum</i>	Ấn Độ	Asia II 8

Mã số	Cây ký chủ	Quốc gia	Biotype
GQ281733	Cà tím ( <i>Solanum melongena</i> )	Ấn Độ	Asia II 8
HQ268813	Đậu cô ve ( <i>Phaseolus vulgaris</i> )	Ấn Độ	MEAM 1
KJ787661	Đậu cô ve ( <i>Phaseolus vulgaris</i> )	Ấn Độ	MEAM 1
AY903536	Thài lài lông ( <i>C. benghalensis</i> )	Nam Phi	IO
HQ622855	-	-	IO
AJ550177	Cà tím ( <i>Solanum melongena</i> )	Reunion	MEAM 2
AB297897	Khoai tây ( <i>Solanum tuberosum</i> )	Syria	MED
AM691064	Cà chua ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	Pháp	MED
AB440786	Sài đất hai hoa ( <i>Wedelia biflora</i> )	Nhật Bản	Japan 1
AB440792	Sài đất hai hoa ( <i>Wedelia biflora</i> )	Nhật Bản	Asia III
DQ174527	Sương sáo ( <i>Mesona chinensis</i> )	Đài Loan	Asia III
AJ510066	Thục quỳ ( <i>Althaea rosea</i> )	Pakistan	Asia I
KF790677	-	Ấn Độ	Asia I
AJ748382	Bí ( <i>Trichosanthes dioica</i> )	Bangladesh	China 3
EU192050	Đậu tương ( <i>Glycine max</i> )	Trung Quốc	China 3
GU086325	-	Indonesia	Australia/ Indonesia
AY686072	Cà chua ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	Trung Quốc	China 2
HQ916820	Bông ổi ( <i>Lantana camara</i> )	Trung Quốc	China 2
AY686089	Phù dung ( <i>Hibiscus mutabilis</i> )	Trung Quốc	China 1
GQ139495	-	Trung Quốc	China 1
AY057128	-	-	New World 1
JF754907	Cà chua ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	Hoa Kỳ	New World 1
JF901837	-	-	New World 2
JF901844	-	-	New World 2
AB308111	Cà chua ( <i>Solanum lycopersicum</i> )	Nhật Bản	JpL
DQ130054	Sắn ( <i>Manihot esculenta</i> )	Congo	SAS1
AF344247	Sắn ( <i>Manihot esculenta</i> )	Cameroon	SAS4
AY827604	Sắn ( <i>Manihot esculenta</i> )	Mali	SAS2
EU760745	-	Cameroon	SAS2
GU220055	-	-	Nhóm ngoài

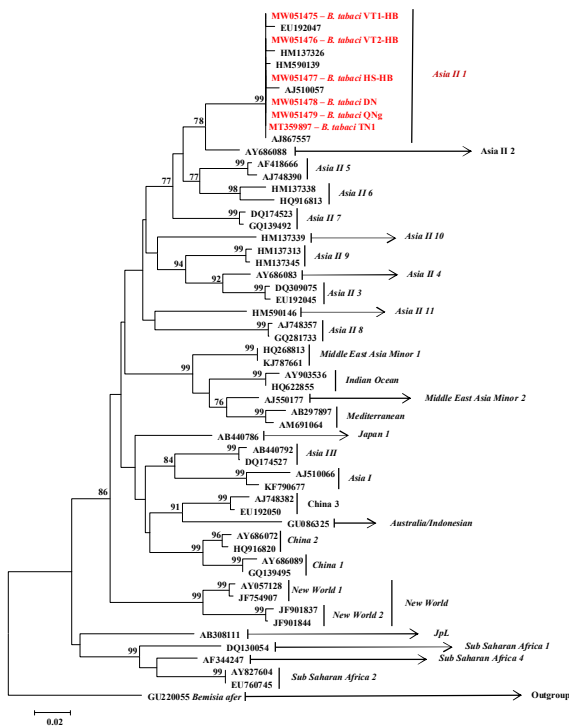
Cây phả hệ được xây dựng dựa trên 56 trình tự mtCOI. Cây phả hệ được chia thành 2 nhóm chính: (i) nhóm Sub-Saharan Africa, (ii) New World, Australia-Asia và Middle East Asia Minor. Phần gốc của cây phả hệ bao gồm SSA1, SSA2, SSA4 và JpL được xem là nhóm gây hại chủ yếu trên một số loại cây trồng nông nghiệp quan trọng như sắn, đậu, khoai lang (Legg et al., 2002; Mugerwa et al., 2012). Nhóm chính thứ 2 được chia thành 4 nhóm phụ. Nhóm phụ New World bao gồm New World 1 và New World 2. Nhóm phụ Australia-Asia bao gồm China 1, China2, China 3, Australia/Indonesia, Asia 1, Asia III và Japan 1. Nhóm phụ Middle East Asia Minor bao gồm Mediterranean, Middle East Asia

Minor 1, Middle East Asia Minor 2, Indian Ocean. Nhóm phụ Asia bao gồm Asia II 1, Asia II 2, Asia II 3, Asia II 4, Asia II 5, Asia II 6, Asia II 7, Asia II 8, Asia II 9, Asia II 10 và Asia II 11. Loài *B. tabaci* gây hại trên cây sắn thu thập tại Việt Nam (*B. tabaci* VT1-HB, *B. tabaci* VT2-HB, *B. tabaci* HS-HB, *B. tabaci* DN, *B. tabaci* Qng và *B. tabaci* TN1) được xếp vào nhóm Asia II 1 cùng với *B. tabaci* từ một số nước khác có mã số Ngân hàng gen EU192047 (hại trên cà chua tại Trung Quốc), HM137326 (hại sắn tại Trung Quốc), HM590139 (gây hại trên cây cà tím tại Ấn Độ), AJ510057 9 (hại đậu xanh tại Pakistan) và AJ867557 (hại khoai lang tại Trung Quốc) (Hình 3).



Tại Việt Nam, nghiên cứu trước đây đã thu thập *B. tabaci* trên 32 loại cây ký chủ tại 49 tỉnh khác nhau (Mugerwa *et al.*, 2012). Trong đó, đã xác định được các biotype Asia 1, Asia II 1, Asia II 6, MEAM1, MED của *B. tabaci* là những biotype gây hại phổ biến. Tuy nhiên, trong 32 loại ký chủ nói trên không có cây sắn. Như vậy, nghiên cứu này đã bổ sung cây sắn vào trong phổ ký chủ của biotype Asia II 1 của *B. tabaci* tại Việt Nam. Trong thời gian tới, cần có những nghiên cứu về khả năng lan truyền SLCMV từ cây sắn sang các loại cây trồng khác là ký chủ của loài *B. tabaci* Asia II 1 nêu ở trên.

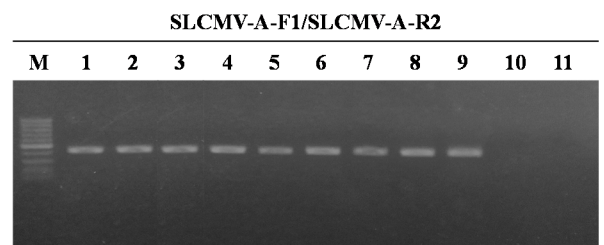
Thời so sánh chúng với trình tự đoạn gen của SLCMV đã cho thấy, trình tự gen khuếch đại từ cơ thể *B. tabaci* hoàn toàn trùng với trình tự gen của SLCMV. Như vậy, bằng kỹ thuật nói trên, có thể phát hiện SLCMV trong cơ thể trưởng thành *B. tabaci*, kể cả khi *B. tabaci* dính trên bẫy dính màu vàng từ 2 đến 9 ngày ở điều kiện ngoài đồng ruộng (Hình 4 và 5). Từ kết quả này, cho thấy có thể treo bẫy dính màu vàng trên ruộng sắn ở những khu vực chưa bị nhiễm bệnh. Hàng tuần, tiến hành thu mẫu trưởng thành *B. tabaci* vào bẫy để phát hiện sớm sự có mặt của SLCMV trong cơ thể *B. tabaci*.



**Hình 3.** Cây phả hệ phân tích các biotype của *B. tabaci* bằng phương pháp Neighbor Joining với giá trị bootstrap 1000 lần. Giá trị tại các nốt là giá trị % bootstrap

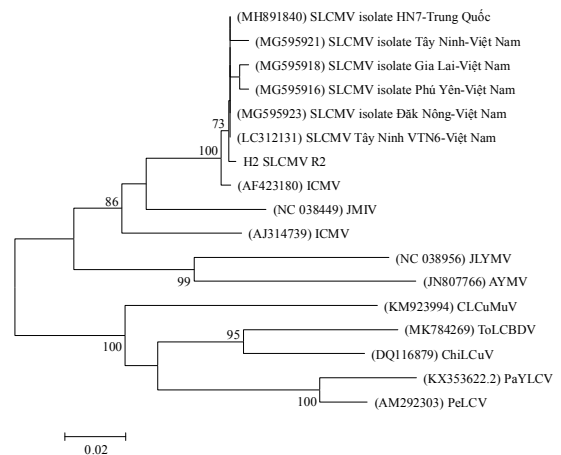
**3.3 Xác định khả năng phát hiện SLCMV trong cơ thể trưởng thành *B. tabaci* dính trên bẫy dính màu vàng**

Bằng kỹ thuật PCR, sử dụng cặp primer đặc hiệu SLCMV-A-F1/SLCMV-A-R2 và giải trình tự DNA của các cá thể trưởng thành *B. tabaci* đồng



**Hình 4.** Kết quả PCR nhân gen mã hóa lớp vỏ protein trên DNA-A phát hiện virus SLCMV trong cơ thể

*B. tabaci*. M. 100bp DNA marker. Các giếng 1-8: Mẫu *B. tabaci* thu sau 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 và 9 ngày lưu trên đồng ruộng. Giếng 9: mẫu đối chứng dương. Giếng 10: mẫu đối chứng âm (*B. tabaci* không mang mầm bệnh). Giếng 11: đối chứng âm (không có DNA).



**Hình 5.** Cây phả hệ xác định SLCMV trong cơ thể *B. tabaci* dính vào bẫy dính màu vàng treo trên đồng ruộng

#### 4. KẾT LUẬN

Biotype Asia II 1 của loài *B. tabaci* là biotype truyền SLCMV gây bệnh vi rút khảm lá sần tại Việt Nam. Hom giống khỏe, bị nhiễm bệnh trong quá trình sinh trưởng thì chỉ những lá non trên ngọn cây mới biểu hiện triệu chứng của bệnh. Nhưng nếu hom giống bị bệnh thì tất cả các lá trên cây đều biểu hiện triệu chứng bệnh.

Có thể treo bẫy dính màu vàng trên ruộng sắn ở những khu vực chưa bị nhiễm bệnh để thu bắt trưởng thành *B. tabaci* và phát hiện sự có mặt của SLCMV trong cơ thể *B. tabaci*, phục vụ cho công tác dự tính dự báo mật độ *B. tabaci* và phát hiện sớm SLCMV trên đồng ruộng.

#### Lời cảm ơn

Công trình này là kết quả của 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 chân thành cảm ơn TS. Ayaka Uke (Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, 5-1-5 Kashiwanoha, Kashiwa City, Chiba 277-8562, Japan) đã tư vấn một số kỹ thuật sử dụng trong nghiên cứu.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- De Barro, P.J., 2005. Genetic structure of the whitefly *Bemisia tabaci* in the Asia-Pacific region revealed using microsatellite markers. *Mol. Ecol.* 14, 3695-3718.
- Dinsdale, A., Cook, L., Riginos, C., Buckley, Y.M. and De Barro, P., 2010. Refined global analysis of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) mitochondrial cytochrome oxidase 1 to identify species level genetic boundaries. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 103, 196-208.
- El-Sharkawy, M.A., 2004. Cassava biology and physiology. *Plant Mol. Biol.* 56, 481-501.
- Horowitz, A. R. and Ishaaya, I., 2014. Dynamics of biotypes B and Q of the whitefly *Bemisia tabaci* and its impact on insecticide resistance. *Pest Manag. Sci.* 70, 1568-1572.
- Jarvis, A., Ramirez-Villegas, J., Campo, B.V.H. and Navarro-Racines, C., 2012. Is cassava the answer to African climate change adaptation? *Trop. Plant. Biol.* 5, 9-29.
- Kumar S., Stecher G. and Tamura K., 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol. Biol. Evol.* 33, 1870-1874.
- Legg, J.P., French, R., Rogan, D., Okao-Okuja, G. and Brown, J.K., 2002. A distinct *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodidae) genotype cluster is associated with the epidemic of severe cassava mosaic virus disease in Uganda. *Mol. Ecol.* 11, 1219-1229.
- Maruthi, M.N., Colvin, J., Seal, S., Gibson, G. and Cooper, J., 2002. Co-adaptation between cassava mosaic geminiviruses and their local vector populations. *Virus Res.* 86, 71-85.
- Mascarin, G.M., Kobori, N.N., Quintela, E.D. and Delalibera, I., 2013. The virulence of entomopathogenic fungi against *Bemisia tabaci* biotype B (Hemiptera: Aleyrodidae) and their conidial production using solid substrate fermentation. *Biol. Control* 66, 209-218.
- Mugerwa, H., Rey, M.E.C, Alicai, T., Ateka, E., Atuncha, H., Ndunguru, J. and Sseruwagi, P., 2012. Genetic diversity and geographic distribution of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) genotypes associated with cassava in EastAfrica. *Ecol. Evol.* 2, 2749-2762.
- Mugerwa, H., Seal S., Wang, H-L, Patel, M.V., Kabaalu R., Omongo C.A., Alicai T., Tairo, F., Ndunguru, J., Sseruwagi P. and Colvin J., 2018. African ancestry of New World, *Bemisia tabaci*-whitefly species. *Scientific Reports*. DOI:10.1038/s41598-018-20956-3
- Navas-Castillo, J., Fiallo-Olive, E. and Sanchez-Campos, S., 2011. Emerging virus diseases transmitted by whiteflies. *Annu. Rev. Phytopathol.* 49, 219-248.
- Qin, L., Pan, L.-L. & Liu, S.-S., 2016. Further insight into reproductive incompatibility between putative cryptic species of the *Bemisia tabaci* whitefly complex. *Insect Sci.* 23, 215-224.
- Rey, C. and Vanderschuren, H., 2017. Cassava mosaic and brown streak diseases: current perspectives and beyond. *Annu. Rev. Virol.* 4, 429-452.
- Shatters, R.G., Powell, C.A., Boykin, L.M., Liansheng, H.E. and Kenzie, C.L.M.C., 2009. Improved DNA barcoding method for *Bemisia tabaci* and related

Aleyrodidae: development of universal *Bemisia tabaci* biotype-specific mitochondrial cytochrome c oxidase I polymerase chain reaction primers. *Mol. Entomol.* 102, 750-758.

16. Seal, S.E., VandenBosch, F. and Jeger, M.J., 2006. Factors influencing begomovirus evolution and their increasing global significance: implications for sustainable control. *CRC. Crit. Rev. Plant Sci.* 25, 23-46.

17. Simon, C., Frati F., Beckenbach A., Crespi B., Liu H. and Flook P. , 1994. Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 87, 651-701.

18. Uke A., Hoat T.X., Quan M.V., Liem N.V., Ugaki M. and Natsuaki K.T., 2018. First Report of Sri Lankan cassava mosaic virus Infecting Cassava

in Vietnam. *Plant Dis.* <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-18-0805-PDN>.

19. Wang H.L., Cui X.Y., Wang X.W., Liu S.S., Zhang Z.H. and Zhou X.P. (2016). First report of Sri Lankan cassava mosaic virus infecting cassava in Cambodia. *Plant Dis.* 100: 1029-1029.

20. Wang, D., Yao, X.M., Huang, J.X., Shi, T. and Wang, G.F., 2019. First report of Sri Lankan cassava mosaic virus infected cassava in China. *Plant Dis.* <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-18-1590-PDN>.

21. Xu, J., Lin, K.K. and Liu, S.S. , 2011. Performance on different host plants of an alien and an indigenous *Bemisia tabaci* from China. *J. Appl. Entomol.* 135, 771-779.

**Phản biện:** TS. Lê Thị Tuyết Nhung

## HIỆU LỰC CỦA MỘT SỐ LOẠI THUỐC TRỪ NHỆN ĐỐI VỚI NHỆN GIÉ *Steneotarsonemus spinki* Smiley HẠI LÚA Ở THỪA THIÊN HUẾ

### Efficacy of Some Acaricides Controlling Panicle rice Mite *Steneotarsonemus spinki* Smiley in Thua Thien Hue Province

Trần Thị Hoàng Đông, Trương Đức Linh

Trường Đại học Nông Lâm, Đại học Huế

Tác giả liên hệ: tranthihoangdong@hualf.edu.vn, ĐT: 0983905241.

Ngày nhận bài: 05.11.2020

Ngày chấp nhận: 30.11.2020

#### Abstract

A study was conducted to determine acaricides product and spraying time obtained the highest efficacy to control Panicle Rice Mite (PRM), *Steneotarsonemus spinki* Smiley in 2020 in Thua Thien Hue province. The testing Experiment was set up in entomology laboratory and greenhouse, Agronomy faculty, College of Agriculture and Forestry, Hue University. Laboratory, testing the efficacy of 6 acaricides (Kinalux 25EC, Miktox 2.0EC, Calicydan 260EC, Comite 73EC, Brightin 4.0EC, Nilmite 550SC) with recommended dose in laboratory, result showed that Comite 73EC was the highest efficacy 82.68% (1 day after treated) and maintain to 5 days after treated with 60.83%. In greenhouse, experiment to determine spraying time of Comite 73EC and result indicated that the 2 times spraying treatment on 10 and 25 days after infection (finish tillering and booting stage) reached highest efficacy 60.83% and highest rice yield was 29.87 grams/pot.

**Keywords:** Efficacy, Panicle Rice Mite, Acaricides, Thua Thien Hue province.

#### 1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Nhện gié, *Steneotarsonemus spinki* Smiley là một trong những loài sâu hại lúa chính trên

thế giới, thuộc họ Tarsonemidae, lớp nhện (Acarina). Ngoài gây hại trực tiếp là chích hút làm cho cây lúa bị thối bẹ, nghẹn đồng, vết