

NGHIÊN CỨU QUẢN LÝ BỀN VỮNG BỆNH ĐẠO ÔN HẠI LÚA VÙNG ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG

SUSTAINABLE MANAGEMENT OF RICE BLAST DISEASE IN MEKONG DELTA

**Nguyễn Thị Phong Lan, Võ Thị Thu Ngân, Trần Thị Nam Lý, Lương Hữu Tâm,
Trần Hà Anh, Trần Phước Lộc, Võ Thị Dạ Thảo, Trần Thị Kiều,
Nguyễn Thị Xuân Mai, Nguyễn Hồng Sơn**

Viện Lúa Đồng bằng sông Cửu Long

TÓM TẮT

Bệnh đạo ôn do nấm *Pyricularia grisea* Sacc. gây ra là một trong những dịch hại quan trọng ở hầu hết các vùng trồng lúa trên thế giới và ngày càng trở nên khó kiểm soát hơn do ảnh hưởng của thâm canh trong sản xuất nông nghiệp. Đề định hướng quản lý bền vững bệnh đạo ôn cho vùng ĐBSCL, Viện Lúa đã triển khai nghiên cứu xác định độc tính nguồn nấm gây bệnh và các biện pháp quản lý tổng hợp hiệu quả. Kết quả xác định độc tính của 1800 mẫu nấm *P. grisea* đơn bào tử được của 9 tỉnh (Long An, Tiền Giang, Đồng Tháp, Vĩnh Long, Cần Thơ, Trà Vinh, An Giang, Sóc Trăng và Bạc Liêu) được đánh giá độc tính, kết quả ghi nhận có 41 nòi hiện diện phổ biến, Cần Thơ là địa phương có số nòi cao nhất (18 nòi), kế đến là Đồng Tháp (17 nòi), Tiền Giang (15 nòi), Trà Vinh (14 nòi), Long An, An Giang (13 nòi), Vĩnh Long, Sóc Trăng (10 nòi) và thấp nhất là Bạc Liêu (8 nòi). Nòi 102.4 là nòi phổ biến nhất ở các tỉnh với mức độ hiện diện cao ở các tỉnh, biến động từ 10- 45%; nòi có độc tính cao nhất là 107.4 có thể tấn công được các gen kháng *Pik-s*, *Pihs*, *Pi-a*, *Pi-l*, *Pi-ta*, và *Pi-t* trên bộ chuẩn nòi Kiyosawa. Một số gen kháng còn hiệu lực cao ở ĐBSCL là *Pik-s* (IRBLks-S), *Pik-p*, *Pik-h*, *Pi9(t)* (IRBL9-W), *Pish* (IRBLsh-S), *Pii*, *Piz*, *Piz-5*, *Pita* (IRBLta-K1) có thể sử dụng trong các chương trình lai tạo giống kháng bệnh cho vùng ĐBSCL. Bên cạnh nguồn gen kháng, kết quả nghiên cứu cũng xác định các kỹ thuật canh tác như áp dụng mật độ sạ, mức phân đạm hợp lý cho các vùng canh tác khác nhau; xác định được 3 chủng xạ khuẩn *Streptomyces viriabilis strain 28*, *Streptomyces fulvissimus strain 30* 1 và 1 chủng vi khuẩn *Bacillus amyloliquefacien strain 26* có khả năng phòng trừ bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng. Mô hình ứng dụng quy trình quản lý bền vững bệnh đạo ôn giúp giảm 82,45% tỷ lệ bệnh, 89,9% chỉ số bệnh đạo ôn lá và 79,55% tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông. Mô hình triển khai diện rộng (6ha) đã giúp tiết kiệm chi phí, tăng hiệu quả đầu tư 39,12%.

ABSTRACT

Rice blast disease is one of the major diseases causing yield loss of rice production in Vietnam. Understanding clearly the structure and variation of rice blast fungus is necessary and useful in management of rice blast disease. The genetic diversity of *Pyricularia grisea* was studied in Mekong Delta, 1800 monoculture of *P. grisea* isolates were collected and classified into 41 races by using Kiyosawa differential cultivars, race 102.4 was predominant in nine provinces while races 107.4 showed highest virulent. Reactions of some monogenic lines and their donors showed nine resistance genes *Pik-s* (IRBLks-S), *Pik-p*, *Pik-h*, *Pi9(t)*(IRBL9-W), *Pish* (IRBLsh-S), *Pii*, *Piz*, *Piz-5*, *Pita* (IRBLta-K1) that can be useful in gene pyramiding breeding program for blast resistance. These results also indicated that *Streptomyces viriabilis strain 28*, *Streptomyces fulvissimus strain 30* and *Bacillus amyloliquefacien strain 26* have good potential as microbial control agents for rice blast disease.

A pilot field application of sustainable rice blast management on the base of pesticides residue and inputs were conducted in Can Tho during dry season 2014-2015. The results were found to be effective for controlling rice blast (reducing 80% disease incidence) and reduced amounts of rice seeds, fertilizer, pesticides and cost as compared with control field. On economic efficiency, it helped to increase income and profit for rice production (39,12%). Therefore, sustainable rice blast disease management is more important for environmental concern, as well as for better financial returns to farmers.

ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh đạo ôn do nấm *Pyricularia grisea* Saac (giai đoạn sinh sản hữu tính là *Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr) gây hại trên lúa được ghi nhận ở hầu hết các vùng trồng lúa trên thế giới và ngày càng trở nên khó kiểm soát hơn do ảnh hưởng của quá trình thâm canh trong sản xuất nông nghiệp. Ở Đồng Bằng Sông Cửu Long (ĐBSCL) hiện nay bệnh đạo ôn thường xuất hiện và gây hại nặng ở tất cả các vụ lúa trong năm. Đã có nhiều nghiên cứu về chọn tạo giống kháng bệnh đạo ôn và phương pháp quản lý giống lúa trong sản xuất để đối phó với bệnh đạo ôn. Tuy nhiên, thực trạng cho thấy nhiều giống lúa được đưa vào cơ cấu sản xuất chỉ sau một thời gian ngắn đều trở nên bị nhiễm bệnh và đa số các giống lúa trong sản xuất không kháng ổn định với bệnh đạo ôn. Ở vùng ĐBSCL, trong những năm gần đây, bệnh có nguy cơ bùng phát trên diện rộng đối với hầu hết các giống ngắn ngày đang phổ biến trong sản xuất như IR50404, OM1490, Jasmine85, OM4218,... Để xây dựng chiến lược quản lý hiệu quả bệnh đạo ôn thân thiện với môi trường cần thiết phải hiểu rõ mối quan hệ ký sinh- ký chủ trong sự đa dạng của quần thể nòi sinh lý nấm gây bệnh hiện nay, làm cơ sở khoa học cho công tác quản lý bền vững bệnh đạo ôn trên lúa vùng Đồng bằng sông Cửu Long.

VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Thu thập, phân lập và xác định độc tính quần thể *P. grisea* thu thập ở ĐBSCL

Mẫu lá lúa nhiễm bệnh đạo ôn đã được thu thập từ 9 tỉnh vùng ĐBSCL bao gồm Long An, Tiền Giang, Đồng Tháp, Vĩnh Long, Cần Thơ, Trà Vinh, An Giang, Sóc Trăng và Bạc Liêu trong các vụ Đông-Xuân 2012-2013, Hè-Thu 2013, mỗi tỉnh thu 200 mẫu lá lúa bệnh. Mẫu bệnh được phân lập theo phương pháp của IRRI (1997).

Đánh giá độc tính của nguồn nấm gây bệnh đạo ôn với 12 giống lúa trong bộ chuẩn nòi Nhật theo phương pháp Kiyosawa (1984).

Xác định hiệu lực gen kháng bệnh đạo ôn ở ĐBSCL dựa vào phản ứng của nguồn nấm với bộ giống mang đơn gen kháng của IRRI. Bộ giống đơn gen trên nền di truyền giống LTH gồm 31 dòng mang 24 gen kháng : *Pia*, *Pii*, *Pik-s*, *Pik*, *Pik-p*, *Pik-h*, *Piz*, *Piz-5*, *Piz-t*, *Pita*, *Pib*, *Pit*, *Pish*, *Pi1*, *Pi3*, *Pi5(t)*, *Pi7(t)*, *Pi9(t)*, *Pi12(t)*, *Pi19(t)*, *Pik-m*, *Pi20(t)*, *Pita-2*, *Pi11(t)* (Tsunematsu và ctv, 2000).

Chỉ tiêu theo dõi: Phản ứng kháng-nhiễm của các giống được đánh giá ở 7 ngày sau lây bệnh theo thang điểm IRRI (SES, 1996). Số liệu được phân tích bằng phần mềm NTSYSpc version 2.10 của Applied Biostatistic Inc., USA (Rohf, 2000) để phân nhóm nòi qua phương pháp phân tích nhóm UPGMA (phân tích các nhóm phân tử không cùng trọng lượng) và chương trình SAHN xây dựng giản đồ nhánh và hệ số tương đồng di truyền.

Nghiên cứu sử dụng vi sinh vật phòng trừ bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng

Thí nghiệm sử dụng vi sinh vật phòng trừ bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng thực hiện trong vụ Đông Xuân 2013-2014 trên giống nhiễm OM7347, các chủng vi sinh vật bao

gồm: 4 chủng vi khuẩn (VK15, VK124, VK325, VK26) và 4 chủng xạ khuẩn (XK302, XK28, XK30, XK133), đây là các chủng có hiệu quả phòng trị bệnh đạo ôn tốt trong điều kiện nhà lưới. Thí nghiệm được bố trí kiểu khối hoàn toàn ngẫu nhiên, 3 lần lặp lại, 10 nghiệm thức tương ứng với 8 chủng vi sinh vật (T1-T8) và 2 nghiệm thức đối chứng (T9- Đối chứng - phun thuốc Beam75WP, T10 Đối chứng - không phun thuốc). Các chủng vi sinh vật xử lý phòng trị bệnh đạo ôn lá được phun 2 lần cách nhau 7 ngày khi bệnh xuất hiện trên ruộng đạt mức 5%; xử lý phòng trị bệnh đạo ôn cổ bông được phun 2 lần 7 ngày trước và sau trổ.

Chỉ tiêu theo dõi: tỷ lệ bệnh và chỉ số bệnh đạo ôn; năng suất và các yếu tố cấu thành năng suất.

Mô hình ứng dụng quy trình quản lý tổng hợp bệnh đạo ôn

Mô hình ứng dụng quy trình quản lý tổng hợp bệnh đạo ôn được thực hiện trên 3 ha trong vụ Đông Xuân 2014-2015 tại xã Tân Thạnh, huyện Thới Lai, TP. Cần Thơ. Mô hình kết hợp sử dụng giống lúa OM5451 có khả năng chống chịu tốt bệnh đạo ôn với các kỹ thuật canh tác hợp lý (mật độ sạ, lượng phân đạm, quản lý nước, cỏ dại,...), ứng dụng phòng trừ sinh học với nguồn xạ khuẩn *Streptomyces viriabilis* strain 28; Đối chứng sử dụng giống lúa IR50404 và phòng trừ bệnh bằng thuốc hóa học Beam 75WP.

Chỉ tiêu theo dõi: tỷ lệ bệnh, chỉ số bệnh đạo ôn, năng suất và hiệu quả đầu tư.

Phương pháp đánh giá bệnh đạo ôn : theo phương pháp của IRRI (SES, 1996)

- **Tỷ lệ bệnh** : TLB (%) = Số lá bị bệnh/ Tổng số lá điều tra x 100
- **Chỉ số bệnh** : CSB (%) = $(9n_9 + 7n_7 + 5n_5 + 3n_3 + n_1)/9N \times 100$

Trong đó:

N : Tổng số lá điều tra.

n_1 : Số lá bị bệnh ở cấp 1 (lá có diện tích bị bệnh dưới 1%).

n_3 : Số lá bị bệnh ở cấp 3 (lá có diện tích bị bệnh dưới 5%).

n_5 : Số lá bị bệnh ở cấp 5 (lá có diện tích bị bệnh dưới 25%).

n_7 : Số lá bị bệnh ở cấp 7 (lá có diện tích bị bệnh dưới 50%).

n_9 : Số lá bị bệnh ở cấp 9 (lá có diện tích bị bệnh trên 50%).

- **Hiệu quả giảm bệnh HQGB (%)** = $(TLB_{DC} - TLB_{NT})/TLB_{DC} * 100$
- **AUDPC** (Area Under Disease Progressive Curve) được tính theo công thức của Shanner và Finney (1997) như sau:

$$AUDPC = \sum_{i=1}^n [(Y_{i+1} + Y_i) / 2] [X_{i+1} - X_i]$$

Y_i = % diện tích lá bị bệnh ở i^{th} lần đánh giá

X_i = số ngày ở i^{th} lần đánh giá

n = tổng số lần đánh giá

Số liệu thí nghiệm được xử lý bằng Excel, sử dụng phần mềm SAS 9.2 để phân tích phương sai ANOVA và kiểm định Duncan để so sánh sự khác biệt giữa các trung bình nghiệm thức.

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Biến động độc tính quần thể nấm *P. grisea* gây bệnh đạo ôn trên lúa vùng Đồng bằng sông Cửu Long

Bảng 1. Biến động số lượng và mã số nòi nấm *P. grisea* gây bệnh đạo ôn tại ĐBSCL từ năm 1999 đến 2013.

(Viện Lúa ĐBSCL, 2014)

| Địa điểm | Mã nòi | | |
|------------|---|---|---|
| | Năm 1999 | Năm 2007 | Năm 2013 |
| Long An | 3 nòi: 002.4, 006.4, 102.4 | 5 nòi: 000.0, 000.4, 002.0, 004.0, 102.4 | 13 nòi: 107.4, 102.4, 007.4, 000.0, 001.4, 002.4, 102.0, 101.0, 001.0, 110.0, 111.4, 003.4, 011.4 |
| Tiền Giang | 4 nòi: 002.4, 102.4, 106.4, 002.0 | 3 nòi: 000.0, 000.1, 000.4 | 15 nòi: 102.7, 102.4, 000.4, 107.4, 001.4, 002.0, 002.4, 002.6, 003.0, 003.2, 003.4, 005.4, 006.0, 000.0. |
| Đồng Tháp | 4 nòi: 002.4, 006.4, 102.4, 106.4 | 2 nòi: 000.0, 000.4 | 17 nòi: 102.4, 006.4, 006.0, 107.4, 003.4, 000.4, 106.4, 001.4, 002.4, 100.4, 100.6, 105.4, 002.0, 002.6, 003.0, 105.0, 000.0 |
| Vĩnh Long | 1 nòi: 002.4 | 4 nòi: 000.0, 000.4, 100.0, 112.4 | 10 nòi: 100.4, 102.4, 002.4, 100.0, 000.0, 106.0, 003.5, 007.4, 003.4, 001.5 |
| Cần Thơ | 2 nòi: 002.4, 006.4 | 7 nòi: 102.4, 000.0, 000.1, 000.4, 002.0, 002.4, 100.0 | 18 nòi: 107.4, 007.4, 102.4, 002.4, 001.4, 101.4, 106.4, 002.0, 000.0, 006.4, 100.0, 104.4, 004.4, 100.6, 102.2, 001.0, 003.6, 012.4 |
| Trà Vinh | 4 nòi: 002.4, 006.4, 106.4, 002.0 | | 14 nòi: 102.4, 107.4, 003.4, 006.0, 100.4, 000.4, 001.4, 002.4, 103.4, 000.0, 002.6, 006.4, 100.6, 102.0 |
| An Giang | 2 nòi: 002.4, 006.4 | 2 nòi: 000.0, 000.4 | 13 nòi: 102.4, 106.4, 006.4, 107.4, 021.4, 000.4, 003.4, 006.0, 100.0, 103.4, 002.4, 000.0, 106.6 |
| Sóc Trăng | 1 nòi: 006.4 | 2 nòi: 000.0, 000.4 | 10 nòi: 006.4, 000.4, 102.4, 102.0, 003.4, 001.4, 000.0, 100.4, 103.4, 102.0 |
| Bạc Liêu | 5 nòi: 002.4, 006.4, 102.4, 106.4, 002.0 | 4 nòi: 000.0, 000.4, 002.0, 102.4 | 8 nòi: 102.4, 000.0, 000.4, 106.4, 100.4, 102.0, 003.7, 002.4 |

*Noda và ctv, 1999; ** Du và ctv, 2007.

Dựa vào phản ứng với bộ giống chuẩn nòi Kiyosawa cho thấy có sự đa dạng về phân bố nòi nấm giữa các địa phương về số lượng cũng như độc tính. Tổng số có 41 nòi hiện diện, số nòi có biến động giữa các địa phương, Cần Thơ là địa phương có số nòi cao nhất (18 nòi), kế đến là Đồng Tháp (17 nòi), Tiền Giang (15 nòi), Trà Vinh (14 nòi), Long An, An Giang

(13 nòi), Vĩnh Long, Sóc trăng (10 nòi) và thấp nhất là Bạc Liêu (8 nòi) (Bảng 1). Phân tích biến động phân bố nòi nấm *P. grisea* hiện diện tại ĐBSCL cho thấy có sự thay đổi về số lượng nòi cũng như độc tính của các nòi phổ biến. Nòi 102.4 là nòi phổ biến nhất ở các tỉnh với mức độ hiện diện cao ở các tỉnh, biến động từ 10- 45%. Nòi phổ biến có độc tính cao nhất là 107.4 có thể tấn công được 5 giống chuẩn kháng như Shin2 (*Pik-s*, *Pihs*), Aichi Asahi (*Pi-a*), Ishikari shiroke (*Pi-l*), Yashiromochi (*Pi-ta*), và K59 (*Pi-t*).

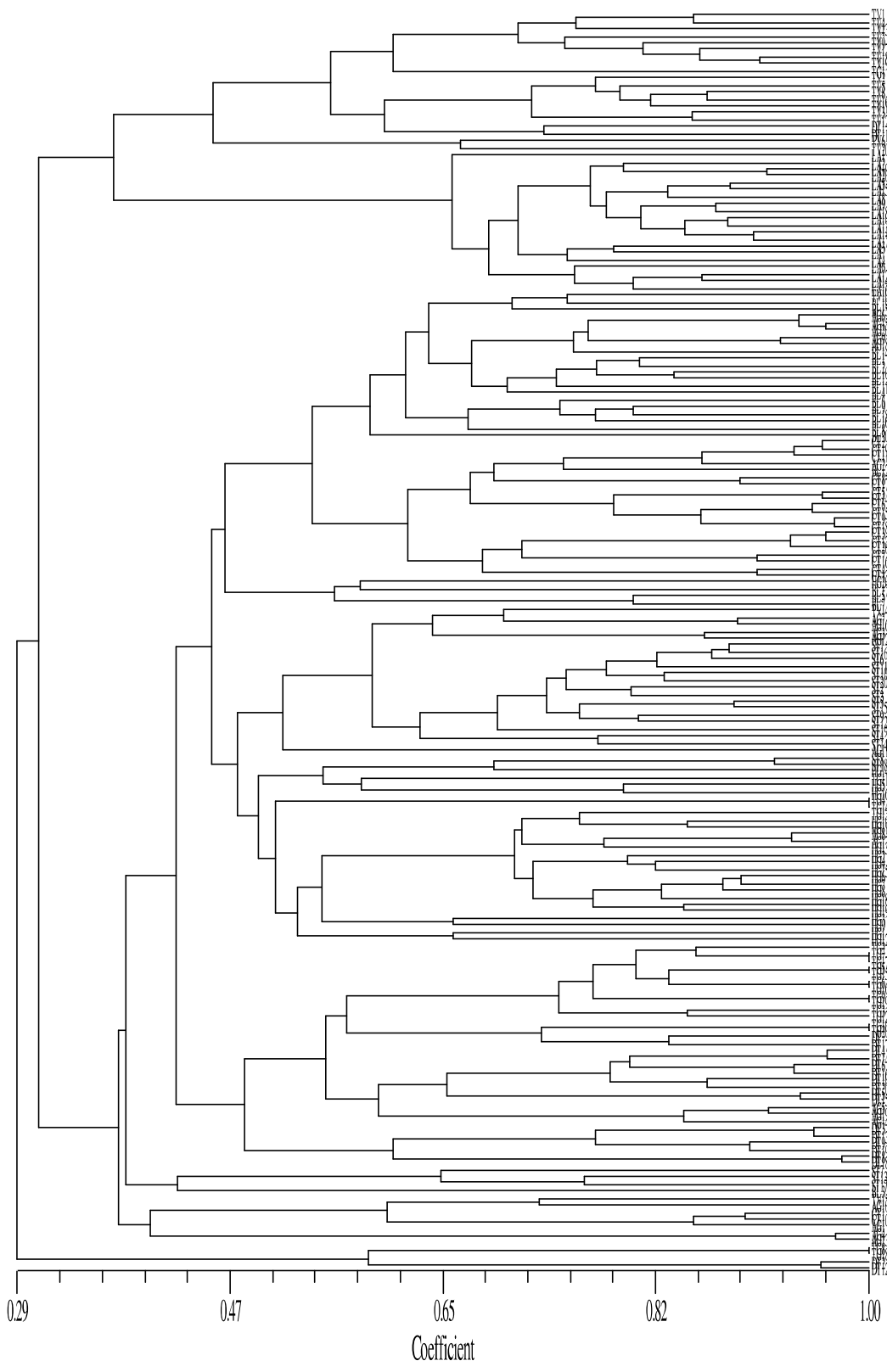
So với các kết quả nghiên cứu trước đây cho thấy có sự thay đổi về số lượng cũng như độc tính các nòi nấm gây bệnh đạo ôn tại vùng ĐBSCL. Năm 1999, Noda và ctv ghi nhận có 4 nòi phổ biến (002.4, 106.4, 002.0 và 102.4); kết quả ghi nhận năm 2007, Du và ctv cho thấy có 9 nòi phổ biến (000.0, 000.4, 000.1, 002.4, 004.0, 112.4, 002.0, 100.0 và 102.4) và hiện nay có đến 14 nòi phổ biến (107.4, 102.4, 106.4, 102.7, 100.4, 007.4, 006.4, 006.0, 003.4, 002.4, 000.4, 000.0, 102.0, 105.4, 004.4). Các nòi phổ biến này tấn công các gen kháng như *Pi t*, *Pik-s*, *Pish*, *Pia*, *Pi19(t)*, *Pi-i*, *Pi-ks*, *Pita* (Bảng 3).

Nguồn gen kháng với nấm *P. grisea* còn hiệu lực ở ĐBSCL

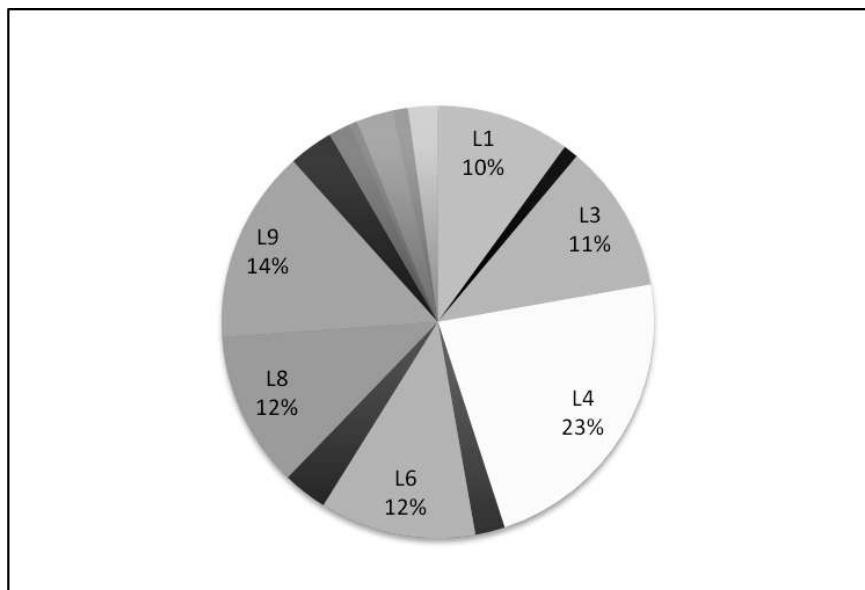
Kết quả lây nhiễm nhân tạo các isolates nấm trên bộ giống chỉ thị mang 24 đơn gen kháng: IRBL1a-A(*Pia*), IRBL1a-C(*Pia*), IRBLi-F5(*Pii*), IRBLks-F5(*Pik-s*), IRBLks-S(*Pik-s*), IRBLk-Ka(*Pik*), IRBLk-Ka(*Pik*), IRBLkh-K3(*Pik-h*), IRBLz-Fu(*Piz*), IRBLz5-CA(*Piz-5*), IRBLzt-T(*Piz-t*), IRBLta-K1(*Pita*), IRBLta-CT2(*Pita*), IRBLb-B(*Pib*), IRBLt-K59(*Pit*), IRBLsh-S(*Pish*), IRBLsh-B(*Pish*), IRBL1-CL(*Pil*), IRBL3-CP4(*Pi3*), IRBL5-M(*Pi5(t)*), IRBL7-M(*Pi7(t)*), IRBL9-W(*Pi9(t)*), IRBL12-M(*Pi12(t)*), IRBL19-A(*Pi19(t)*), IRBLkm-Ts(*Pik-m*), IRBL20-IR24(*Pi20(t)*), IRBLta2-Pi (*Pita-2*), IRBLta2-Re (*Pita-2*), IRBLta-CP1(*Pita*), IRBL11-Zh(*Pi 11(t)*), IRBLz5-CA(R)(*Piz-5*) cho thấy khả năng tấn công các đơn gene kháng của các isolates nấm rất cao, có trên 50% isolate nấm tấn công 64,5% các giống chỉ thị mang đơn gen kháng. Phân tích đa dạng di truyền của 180 isolate nấm *P. grisea* ở ĐBSCL ghi nhận ở mức độ tương đồng 50% có 15 nhóm nòi (linage) gây bệnh đạo ôn bao gồm L1 đến L15 (Hình 1), trong đó nhóm nòi L4 phổ biến nhất gồm 41 isolates nấm, chiếm tỷ lệ 22,78%, bốn nhóm nòi L3, L6, L8, L9 chiếm tỷ lệ trung bình, biến động từ 11,1-14,44%; các nhóm nòi còn lại phân bố với tỷ lệ thấp, biến động từ 0,56 -3,33% (Hình 2).

Kết quả phân tích phản ứng trên bộ đơn gen của nguồn nấm đại diện vùng ĐBSCL cho thấy tỷ lệ các isolates thuộc nhóm L4 tấn công các gen kháng biến động từ 0% đến 100%, bao gồm các gen kháng như *Pia*, *Pik-s*(IRBLks-F5), *Piz-t*, *Pib*, *Pit*, *Pish* (IRBLsh-B), *Pi5(t)*, *Pi12(t)*, *Pi19(t)*, *Pita* (IRBLta-CT2), *Pita-2*, *Pi11(t)*, *Pi(t)*, *Pi7(t)*, *Pil*, *Pik-m*, *Pi3* (Hình 3).

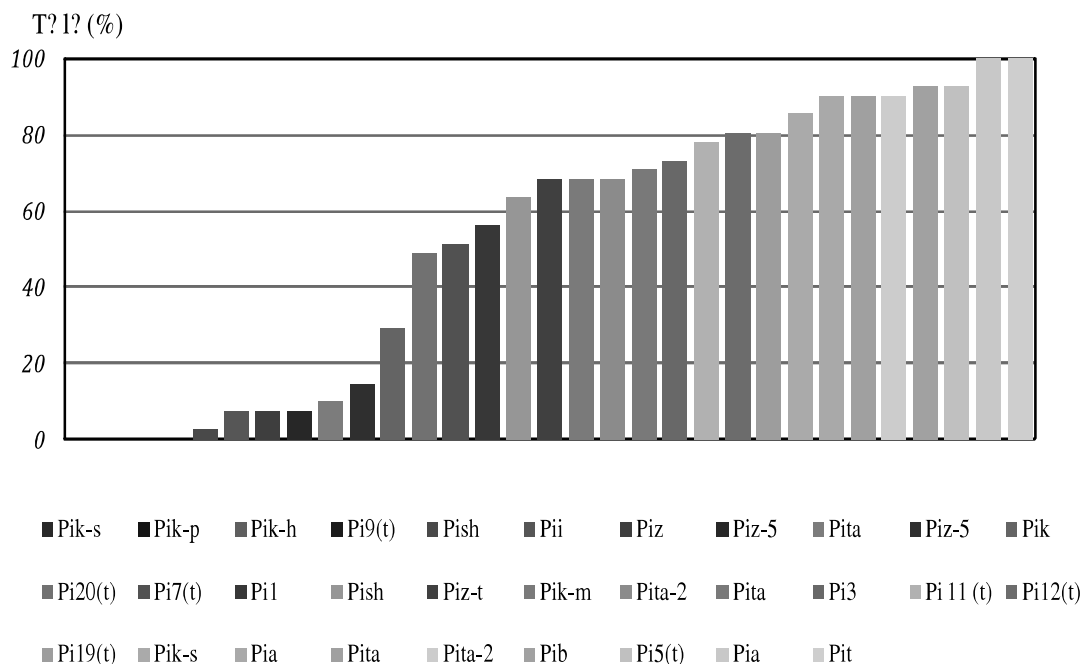
Một số gen kháng còn hiệu lực cao ở ĐBSCL là *Pik-s* (IRBLks-S), *Pik-p*, *Pik-h*, *Pi9(t)*(IRBL9-W), *Pish* (IRBLsh-S), *Pii*, *Piz*, *Piz-5*, *Pita* (IRBLta-K1) có thể sử dụng trong các chương trình lai tạo giống kháng bệnh cho vùng ĐBSCL.



Hình 1. Giản đồ biểu thị mối liên hệ di truyền giữa các nhóm nòi nấm *P. grisea* gây bệnh đạo ôn phổ biến ở ĐBSCL



Hình 2. Phân bố các isolate trong các nhóm nấm *P. grisea* gây bệnh đạo ôn ở ĐBSCL.



Hình 3. Tỷ lệ các isolate nấm *P. grisea* phổ biến thuộc nhóm L4 vô hiệu hóa các đơn gen kháng bệnh đạo ôn tại vùng ĐBSCL

Xác định hiệu quả xử lý vi sinh vật phòng trừ bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng

Hiệu quả xử lý vi sinh vật đối với tỷ lệ bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng

Kết quả ghi nhận ở giai đoạn 35- 65 NSS tỷ lệ bệnh ở các nghiệm thức có xử lý vi sinh vật (T1-T8) tương đương nghiệm thức Đối chứng phun thuốc hóa học (T9) và thấp hơn nghiệm thức T10 (ĐC-không phun) và khác biệt có ý nghĩa thống kê.

Trong các nghiệm thức có xử lý vi sinh vật, các nghiệm thức T4, T6 và T7 được xử lý lần lượt với VK26, XK28 và XK30 cho hiệu quả phòng trị cao, tỷ lệ bệnh giảm có ý nghĩa khi phân tích thống kê và hiệu quả cao tương đương nghiệm thức T9- (ĐC-HH). AUDPC cho thấy diễn biến bệnh đạo ôn ở nghiệm thức T4 thấp nhất (703) kế đến là T6 (723) và T7 (750) khác biệt có ý nghĩa so với các nghiệm thức khác và T10 cao nhất (1253). Hiệu quả giảm bệnh biến động từ 19,33 đến 43,88%, các nghiệm thức T4, T6 và T7 xử lý với các chủng vi sinh vật tương ứng là chủng VK26, XK28 và XK30 có hiệu quả giảm bệnh cao tương đương xử lý thuốc hóa học (Bảng 2).

Bảng 2. Ảnh hưởng của xử lý vi sinh vật đến tỷ lệ bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng.
(Viện lúa ĐBSCL, vụ ĐX 13-14)

| Nghiệm thức | Tỷ lệ bệnh(%) | | | | | AUDPC | HQGB (%) |
|----------------|---------------|----------|-----------|-----------|-----------|--------|-------------|
| | 25NSS | 35NSS | 45NSS | 55NSS | 65NSS | | |
| T1 | 10,44 a | 21,11 bc | 27,33 bc | 26,89 abc | 18,00 a | 895 bc | 28,55 |
| T2 | 12,44 a | 22,67 bc | 24,44 bcd | 30,00 ab | 14,00 abc | 903 b | 27,93 |
| T3 | 11,56 a | 22,89 bc | 26,00 bcd | 30,89 a | 16,67 a | 938 b | 25,09 |
| T4 | 12,22 a | 18,89 cd | 19,56 cd | 20,44 cd | 10,67 c | 703 cd | 43,88 |
| T5 | 11,78 a | 24,89 b | 25,11 bcd | 29,56 ab | 18,00 a | 944 b | 24,65 |
| T6 | 12,89 a | 19,56 cd | 19,33 cd | 20,22 cd | 13,56 abc | 723 cd | 42,29 |
| T7 | 12,44 a | 19,33 cd | 19,78 cd | 22,89 bcd | 13,56 abc | 750 cd | 40,16 |
| T8 | 13,33 a | 25,56 b | 28,22 b | 32,89 a | 15,56 ab | 1011 b | 19,33 |
| T9 | 11,78 a | 16,22 d | 18,44 d | 18,89 d | 11,11 bc | 1253 a | 48,14 |
| T10 | 12,67 a | 36,89 a | 43,78 a | 29,11 ab | 18,44 a | 650 d | - |
| <i>P</i> | * | * | * | * | * | * | |
| <i>CV (%)</i> | 14,0 | 11,0 | 12,4 | 14,1 | 17,1 | 7,4 | |

Ghi chú; Các trung bình trong cùng một cột được theo sau bởi những chữ cái giống nhau thì khác biệt không có ý nghĩa ở mức 5% trong phép thử Duncan.

Hiệu quả xử lý vi sinh vật đối với chỉ số bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng

Kết quả thí nghiệm cho thấy chỉ số bệnh ở các nghiệm thức cũng thể hiện sự khác biệt rõ ở giai đoạn từ 35- 65NSS; nghiệm thức T10 (Đối chứng) luôn có chỉ số bệnh cao nhất ở các lần quan sát và khác biệt có ý nghĩa thống kê so với các nghiệm thức có xử lý vi sinh vật (T1-T8). Ở giai đoạn 35-65NSS nghiệm thức từ T4 và T6 có chỉ số bệnh thấp nhất; các nghiệm thức T1, T2, T3, T5, T7, T8 và T9 khác biệt có ý nghĩa so với nghiệm thức T10. các nghiệm thức có xử lý PTSH đều có khả năng giảm chỉ số bệnh tương đương T9 (Đối chứng xử lý thuốc hóa học). AUDPC ở nghiệm thức T4 thấp nhất (358) kế đến là T6 (381) và nghiệm thức T10 có chỉ số AUDPC cao nhất (907) và có sự khác biệt có ý nghĩa so với các nghiệm thức còn lại (Bảng 3). Hiệu quả giảm bệnh cao ở các nghiệm thức có xử lý vi sinh vật cho thấy khả năng khống chế sự phát triển của bệnh đạo ôn trên ruộng lúa của các chủng vi sinh vật xử lý (Bảng 3).

Bảng 3. Ảnh hưởng của xử lý vi sinh vật đến chỉ số bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng
(Viện lúa ĐBSCL, vụ ĐX 13-14)

| Nghiem thuc | Chi số bệnh (%) | | | | | AUDPC | HQGB (%) |
|----------------|-----------------|-----------|---------|-----------|----------|---------|-------------|
| | 25NSS | 35NSS | 45NSS | 55NSS | 65NSS | | |
| T1 | 4,42 a | 11,33 bcd | 15,85 b | 18,69 b | 12,62 ab | 543 b | 40,06 |
| T2 | 5,73 a | 12,35 bcd | 13,01 b | 14,69 b-c | 6,35 c | 460 bcd | 49,22 |
| T3 | 5,19 a | 13,48 bcd | 15,11 b | 15,93 bcd | 7,80 c | 510 bc | 43,79 |
| T4 | 6,07 a | 9,68 d | 10,54 b | 9,73 e | 5,75 c | 358 d | 60,48 |
| T5 | 5,21 a | 13,90 bc | 13,83 b | 16,42 bcd | 8,94 bc | 512 bc | 43,56 |
| T6 | 6,02 a | 10,32 cd | 10,47 b | 10,77 de | 7,09 c | 381 cd | 58,01 |
| T7 | 5,73 a | 10,67 bcd | 10,99 b | 11,80 cde | 6,77 c | 397 bcd | 56,25 |
| T8 | 6,67 a | 14,37 b | 15,53 b | 17,21 bc | 7,85 c | 543 b | 40,09 |
| T9 | 5,70 a | 11,04 bcd | 12,81 b | 11,58 cde | 7,58 c | 420 bcd | 53,64 |
| T10 | 6,64 a | 24,44 a | 28,91 a | 25,58 a | 16,99 a | 907 a | - |
| <i>P</i> | * | * | * | * | * | * | |
| <i>CV (%)</i> | 21,6 | 16,0 | 21,6 | 16 | 21,3 | 7,8 | |

Ghi chú: Các trung bình trong cùng một cột được theo sau bởi những chữ cái giống nhau thì khác biệt không có ý nghĩa ở mức 5% trong phép thử Duncan.

Hiệu quả xử lý vi sinh vật đối với tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông và tỷ lệ hạt lem ở điều kiện ngoài đồng

Bảng 4. Ảnh hưởng của xử lý vi sinh vật đến tỷ lệ đạo ôn cổ bông và tỷ lệ hạt lem ở điều kiện ngoài đồng.

(Viện lúa ĐBSCL, vụ ĐX 13-14)

| Nghiem thuc | Tỷ lệ đạo ôn cổ bông (%) | Tỷ lệ hạt lem (%) |
|----------------|--------------------------|-------------------|
| T1 | 17,33 bc | 25,79 b |
| T2 | 17,33 bc | 28,93 b |
| T3 | 20,00 b | 28,06 b |
| T4 | 17,33 bc | 28,47 b |
| T5 | 20,67 b | 26,82 b |
| T6 | 15,33 c | 27,56 b |
| T7 | 18,00 bc | 27,16 b |
| T8 | 20,67 b | 29,67 b |
| T9 | 10,67 d | 27,72 b |
| T10 | 26,67 a | 38,71 a |
| <i>P</i> | * | * |
| <i>CV (%)</i> | 9,8 | 12,0 |

Ghi chú: Các trung bình trong cùng một cột được theo sau bởi những chữ cái giống nhau thì khác biệt không có ý nghĩa ở mức 5% trong phép thử Duncan.

Các nghiệm thức có xử lý vi sinh vật đều có tỷ lệ đạo ôn cổ bông thấp, biến động từ 15,33% - 20,67%. Tỷ lệ đạo ôn cổ bông ở nghiệm thức T9 là thấp nhất (10,67%) và ở nghiệm thức T10 cao nhất (26,67%). Trong các nghiệm thức xử lý vi sinh vật, nghiệm thức T6 có tỷ lệ đạo ôn cổ bông thấp nhất (15,33%), kế đến là T1, T2, T4 và T7 (Bảng 4).

Phân tích số liệu hạt lem cho thấy các nghiệm thức xử lý vi sinh vật có tỷ lệ hạt lem thấp tương đương nghiệm thức T9, xử lý thuốc hóa học (Bảng 4).

Hiệu quả xử lý vi sinh vật đối với thành phần năng suất và năng suất lúa vụ Đông Xuân 2013- 2014

Kết quả ghi nhận các thành phần năng suất cho thấy số bông/m², số hạt chắc trên bông và tỷ lệ lép có sự khác biệt giữa các nghiệm thức có xử lý vi sinh vật (T1-T8) và thuốc hóa học (T9) so với nghiệm thức Đối chứng (T10). Điều này có thể do tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông ở nghiệm thức T10 cao nhất nên ảnh hưởng đến các thành phần năng suất.

Nghiệm thức T4 và T7 đạt năng suất cao tương đương T9; T1, T2, T3 và T5 cũng đạt năng suất cao khác biệt T10 (Bảng 5).

Xử lý nguồn vi khuẩn VK26 và xạ khuẩn XK28, XK30 cho hiệu quả cao và ổn định trong phòng trị bệnh đạo ôn, giúp giảm tỷ lệ bệnh, chỉ số bệnh, giảm tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông, giảm tỷ lệ hạt lem, tăng năng suất ở điều kiện ngoài đồng.

Các chủng vi sinh vật cho hiệu quả cao ở điều kiện ngoài đồng được định danh bao gồm VK26: *Bacillus amyloliquefacien strain 26*; XK28: *Streptomyces viriabilis strain 28*; XK30: *Streptomyces fulvissimus strain 30*.

Bảng 5. Ảnh hưởng của xử lý vi sinh vật phòng trị bệnh đạo ôn đến năng suất và thành phần năng suất

(Viện lúa ĐBSCL, vụ ĐX 13-14)

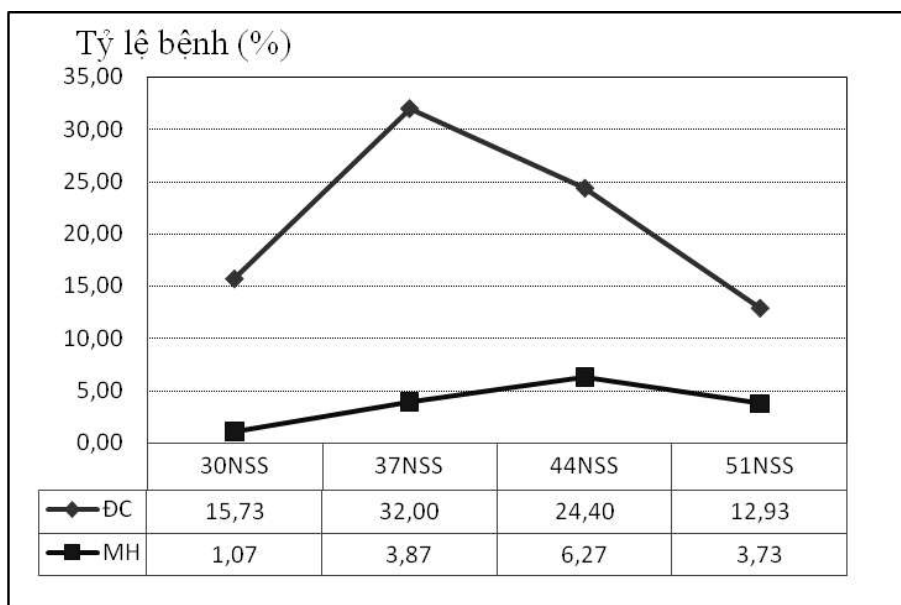
| Nghiệm thức | Số bông /m ² | Hạt chắc /bông | Tỷ lệ lép (%) | P 1.000 hạt (g) | NS (T/ha) |
|-------------|-------------------------|----------------|---------------|-----------------|-----------|
| T1 | 374 bc | 92,75 ab | 24,93 b | 26,99 a | 4,56 b |
| T2 | 383 abc | 95,31 ab | 24,28 b | 27,29 a | 4,69 b |
| T3 | 358 bc | 94,73 ab | 27,48 b | 27,10 a | 4,56 b |
| T4 | 387 a | 96,41 ab | 26,21 b | 27,16 a | 6,73 a |
| T5 | 371 bc | 95,23 ab | 25,03 b | 27,11 a | 4,53 b |
| T6 | 349 bc | 92,39 ab | 23,69 b | 26,97 a | 4,50 bc |
| T7 | 387 a | 96,16 ab | 24,59 b | 27,49 a | 6,75 a |
| T8 | 348 c | 92,20 ab | 26,98 b | 26,99 a | 4,42 bc |
| T9 | 388 a | 98,64 a | 23,80 b | 27,22 a | 6,98 a |
| T10 | 297 d | 79,48 c | 33,78 a | 26,97 a | 3,91 c |
| <i>P</i> | * | * | * | * | * |
| CV (%) | 5,2 | 4,2 | 10,4 | 1,2 | 6,4 |

Ghi chú: Các trung bình trong cùng một cột được theo sau bởi những chữ cái giống nhau thì khác biệt không có ý nghĩa ở mức 5% trong phép thử Duncan.

Mô hình ứng dụng quy trình quản lý tổng hợp bệnh đạo ôn

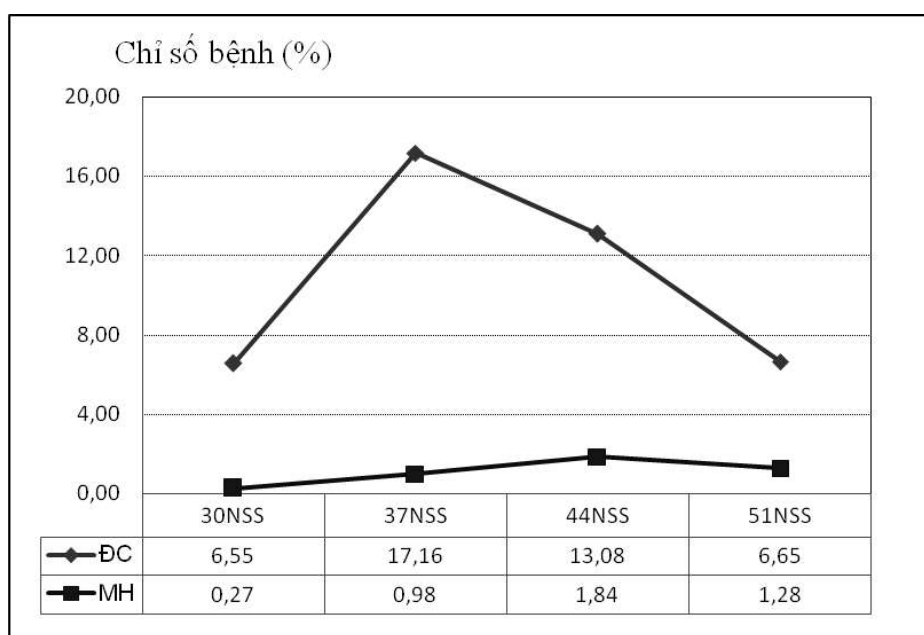
Trên ruộng thực hiện Mô hình cây lúa phát triển tốt, lá xanh, dạng cây gọn, thân cây cứng, nở bụi khá. Giống OM5451 chống chịu bệnh đạo ôn khá, kết hợp với sạ thưa, bón phân cân đối nên tỷ lệ bệnh thấp hơn so với ruộng đối chứng.

Diễn biến bệnh đạo ôn



Hình 4. Diễn biến tỷ lệ bệnh đạo ôn trên ruộng Mô hình và Đối chứng

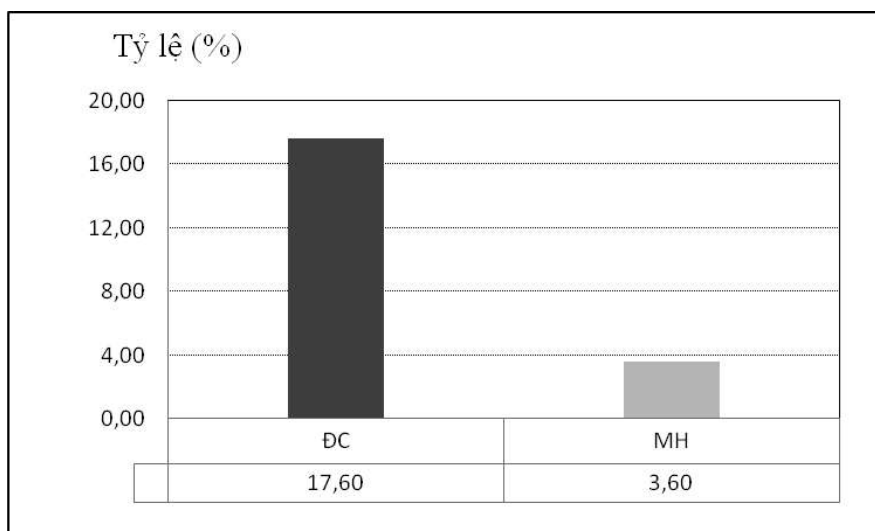
Kết quả ghi nhận trên ruộng Đối chứng bệnh đạo ôn xuất hiện sớm và gây hại nặng hơn ruộng Mô hình. Tỷ lệ bệnh đạo ôn biến động từ 15,37%- 24,4% trên ruộng Đối chứng trong khi trên ruộng Mô hình tỷ lệ bệnh đạo ôn rất thấp, biến động từ 1,07 - 6,27% (Hình 4).



Hình 5. Diễn biến chỉ số bệnh đạo ôn trên ruộng Mô hình và Đối chứng

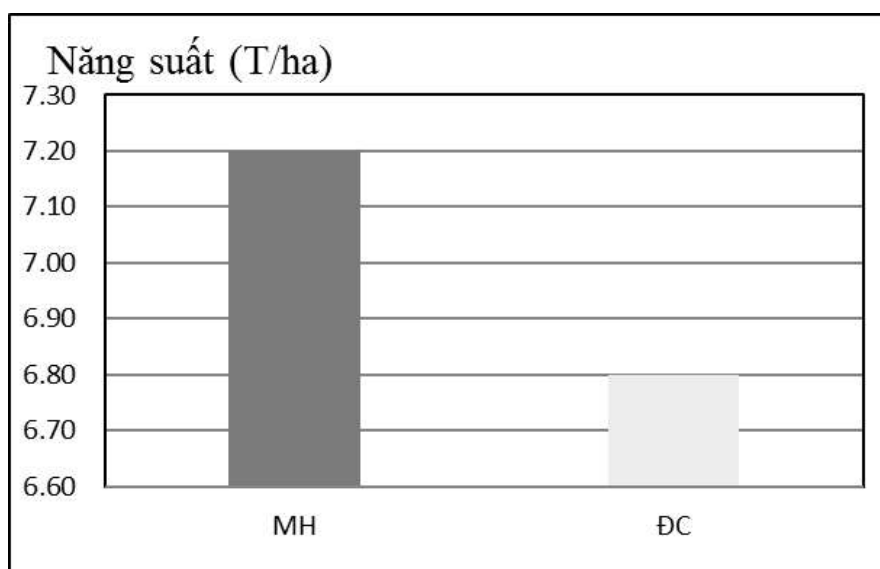
Tương tự chỉ số bệnh đạo ôn trên ruộng Đồi chuông rất cao so với ruộng Mô hình, chỉ số bệnh biến động từ 6,55 đến 17,66% trong khi trên ruộng Mô hình chỉ số bệnh biến động từ 0,27 đến 1,84% (Hình 5).

Ruộng Đồi chuông đã có phun 3 đợt thuốc trị bệnh đạo ôn lá và 2 đợt phun thuốc ở giai đoạn 7 ngày trước và sau khi trổ; ruộng Mô hình có phun chế phẩm sinh học chứa nguồn xạ khuẩn *Streptomyces viridilis strain 28* trừ đạo ôn lá ở giai đoạn 18 và 25NSS và phun ở giai đoạn 7 ngày trước và sau khi trổ trừ đạo ôn cổ bông, tuy nhiên do ruộng Đồi chuông trồng giống IR50404 là giống nhiễm nên tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông trên ruộng Đồi chuông cao hơn ruộng Mô hình (Hình 6). Áp dụng Quy trình quản lý tổng hợp bệnh đạo ôn giúp giảm 82,45% tỷ lệ bệnh, 89,9% chỉ số bệnh đạo ôn lá và 79,55% tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông so với ruộng Đồi chuông.



Hình 6. Tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông trên ruộng Mô hình và Đồi chuông

Năng suất thực tế



Hình 7. Năng suất thực tế trên ruộng Mô hình và Đồi chuông

Năng suất thực tế ghi nhận được trên ruộng Mô hình là 7,2T/ha trong khi ruộng Đồi chứng là 6,8 T/ha, do trên ruộng Đồi chứng trồng giống IR50404 có tiềm năng năng suất cao và cũng được quản lý bệnh đạo ôn tốt nên năng suất thấp hơn Mô hình 6%.

Hiệu quả đầu tư

Kết quả tính toán chi phí đầu tư cho thấy Mô hình triển khai đã giúp tiết kiệm chi phí đầu tư 1.329.733đ/ha do đó tăng hiệu quả đầu tư 39,12% (Bảng 6).

Giảm số lượng giống gieo sạ không đơn thuần chỉ là một con số mà nó còn thể hiện mối quan hệ biện chứng giữa các quần thể lúa trên đồng ruộng. Nếu sạ thưa, cây lúa sẽ hấp thụ ánh sáng tốt hơn, hạn chế dịch bệnh phát triển.

Ứng dụng quy trình quản lý tổng hợp bệnh đạo ôn giúp giảm sử dụng thuốc hóa học, giảm ô nhiễm do dư lượng thuốc trong sản xuất nông nghiệp, an toàn cho người sản xuất và hệ sinh thái.

Việc lạm dụng quá nhiều thuốc BVTV không những gây nguy hại tới hệ sinh thái môi trường đồng ruộng, hệ động thực vật mà còn ảnh hưởng trực tiếp tới sức khỏe con người. Vì vậy trong nền sản xuất hiện đại hướng đến sự phát triển bền vững, người nông dân cần giảm lượng thuốc BVTV sử dụng.

Bảng 6. Tính toán chi phí trên ruộng Mô hình so với Đồi chứng

| Chi phí | Mô hình | Đồi chứng | Chênh lệch |
|----------------------|----------------|------------------|-------------------|
| Giống (đ/ha) | 1.500.000 | 1.800.000 | -300.000 |
| Phân bón (đ/ha) | 4.083.600 | 4.160.000 | -76.400 |
| Thuốc BVTV (đ/ha) | 3.888.667 | 4.400.000 | -511.333 |
| Công lao động (đ/ha) | 8.908.000 | 9.350.000 | -442.000 |
| Tổng chi | 18.380.267 | 19.710.000 | -1.329.733 |
| NS(T/ha) | 7,2 | 6,8 | 0,40 |
| Tổng thu | 28.800.000 | 27.200.000 | 1.600.000 |
| Lợi nhuận (đ/ha) | 10.419.733 | 7.490.000 | 2.929.733 |
| HQ tăng so ĐC (%) | 39,12% | | |

KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

Độc tính của nguồn nấm *P. grisea* gây bệnh đạo ôn trên lúa có biến động giữa các tỉnh vùng Đồng bằng sông Cửu Long.

Một số gen kháng còn hiệu lực cao ở ĐBSCL là *Pik-s* (IRBLks-S), *Pik-p*, *Pik-h*, *Pi9(t)*(IRBL9-W), *Pish* (IRBLsh-S), *Pii*, *Piz*, *Piz-5*, *Pita* (IRBLta-K1) có thể sử dụng trong các chương trình lai tạo giống kháng bệnh cho vùng ĐBSCL.

Các chủng vi sinh vật cho hiệu quả cao trong phòng trừ bệnh đạo ôn ở điều kiện ngoài đồng bao gồm *Bacillus amyloliquefacien strain 26*, *Streptomyces viriabilis strain 28*, *Streptomyces fulvissimus strain 30* là nguồn tác nhân tiềm năng nguồn vi sinh vật bản địa quý cần được nhân rộng trong sản xuất.

Mô hình ứng dụng quy trình phòng trừ tổng hợp bệnh đạo ôn hại lúa giúp giảm 82,45% tỷ lệ bệnh, 89,9% chỉ số bệnh đạo ôn lá và 79,55% tỷ lệ bệnh đạo ôn cổ bông. Mô

hình triển khai diện rộng đã giúp tiết kiệm chi phí, tăng hiệu quả đầu tư 39,12% trong vụ Đông Xuân 2014-2015 tại Cần Thơ.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Du. P. V., Loan L. C. and Sang N. D., 2007. *Blast research in the Mekong river delta of Vietnam. A differential system for blast resistance for stable rice production environment*. Japan international research center for agricultural sciences (Jircas), Tsukuba, Japan. JIRCAS working report No. 53: 53-63
- IRRI. 1996. *Standard evaluation system for rice*. International Rice Research Institute. P. O. Box 933, 1099 Manila, Philippines.
- Kiyosawa S., 1976. *Pathogenic variation of Pyricularia oryzae and their use in genetic and breeding studies*. Sabrao journal 8(1): 53-67.
- Noda T., Hayashi N., Du P. V., Dinh H. D., and L. V. E. 1999. *Distribution of pathogenic races of rice blast fungus in Vietnam*. Ann. Phytopathol. Soc. Jpn. 65: 526-530.
- Rohlf F. J., 2000. NTSYSpc. *Numerical taxonomy and multivariate analysis system*.
Version 2.10m. Department of ecology and evolution, State University of New York.
- Tsunematsu H., Yanori M. J. T., Ebron L. A., Hayashi N., Ando I., Kato H., Imbe T. and Khush G. S., 2000. *Development of monogenic lines of rice for blast resistance*. Breeding Science 50: 229-234.