

TỔNG QUAN VỀ BỆNH ĐÓM VẦN TRÊN CÂY LÚA NHỮNG CÔNG BỐ KHOA HỌC NĂM 2025-2026

Bùi Chí Bửu
23/8/2026

Bệnh đốm vằn do nấm hoại sinh *Rhizoctonia oryzae* gây ra, là một bệnh nấm có ý nghĩa kinh tế quan trọng trong sản xuất lúa ở Châu Á.

Mehta và cs. (2026) công bố bài viết tổng quan trên tạp chí Plant Pathology rất đáng chú ý. Tại Ấn Độ, bệnh này đang nổi lên như một thách thức tại các vùng trồng lúa trọng điểm. Bài tổng quan nhấn mạnh vào các nội dung gồm sự phân bố bệnh, tương tác giữa vật chủ và mầm bệnh, thiệt hại về năng suất, đa dạng di truyền, cấu trúc quần thể, độc lực, dịch tễ học và tính kháng của vật chủ. Quản lý bệnh này có sự đóng góp của kỹ thuật canh tác, đặc biệt là bón phân, sử dụng thuốc trừ nấm, các tác nhân kiểm soát sinh học và việc sử dụng các giống lúa kháng bệnh. Giống kháng bệnh đốm vằn cũng là thách thức trong nhiều thập niên gần đây. Thông qua việc tích hợp các nghiên cứu tiên tiến, từ hệ gen học (genomics) của cây lúa, chọn tạo giống nhờ chỉ thị phân tử, kỹ thuật di truyền hệ gen học vi sinh vật (microbiome engineering), đến giám sát kỹ thuật số (digital surveillance), người ta có thể xây dựng một quy trình quản lý bệnh toàn diện và bền vững (Mehta và cs. 2026).



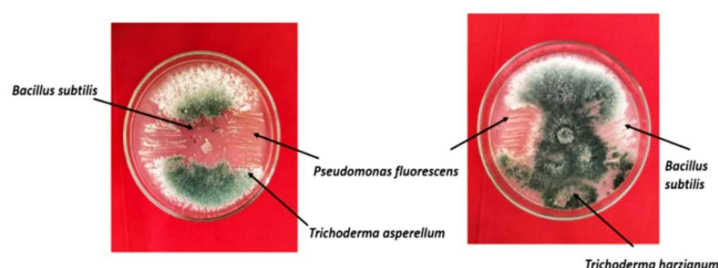
Hình 1: Triệu chứng bệnh đốm vằn trên lá và bẹ lá (IRRI).

Adke và cs. (2026) đã sử dụng các kỹ thuật thống kê không gian tiên tiến (advanced geostatistical techniques) để đánh giá sự phân bố không gian của bệnh khô vằn tại bang Karnataka của Ấn Độ qua hai vụ lúa liên tiếp (vụ kharif năm 2021 và 2022). Tổng cộng có 110 điểm lấy mẫu đã được khảo sát, bao phủ 14 huyện trồng lúa trọng điểm. Mức độ nghiêm trọng của bệnh được ghi nhận và phân tích bằng các phương pháp thống kê không gian, bao gồm nội suy trọng số nghịch đảo khoảng cách (IDW), Kriging chỉ thị (IK), thống kê Moran's I và hàm Ripley's K. Kết quả cho thấy sự phân bố tập trung rõ rệt của bệnh khô vằn trong không gian, với các điểm nóng có mức độ nghiêm trọng cao (chỉ số PDI > 40%) được ghi nhận tại các huyện Davanagere, Shimoga, Mandya và Haveri. Ngược lại, các điểm lạnh có mức độ nghiêm trọng thấp (PDI < 15%) được ghi nhận tại Belgaum, Uttara Kannada và Dharwad. Phân tích Moran's I xác nhận sự tự tương quan không gian dương mạnh mẽ tại các khu vực có tỷ lệ bệnh cao, trong khi hàm Ripley's K cho thấy sự tập trung đáng kể của bệnh khô vằn, đặc biệt là ở khoảng cách ngắn, gợi ý về khả năng lây lan cục bộ. Đánh giá rủi ro xác suất cho thấy Mandya, Raichur và Koppal là các khu vực có nguy cơ cao cần được can thiệp khẩn cấp, trong khi khu vực phía bắc Karnataka ghi nhận mức độ nhiễm

bệnh thấp hơn. Nghiên cứu này cung cấp những hiểu biết quan trọng về dịch tễ học và sự phân bố không gian của bệnh đốm vằn, giống lúa nào kháng và nhiễm bệnh, tạo cơ sở cho việc xây dựng các chiến lược quản lý dịch bệnh phù hợp với từng địa phương (Adke và cs. 2026).

Tian và cs. (2026) đã phát triển mô hình SEIR-RICEDIS (mô hình SEIR dành cho bệnh hại lúa) bằng cách kết hợp khung dịch tễ học SEIR với ba mô đun tác động chính gồm nhiệt độ, lượng mưa và giá trị đỉnh hàng năm của tỷ lệ bệnh. Mô hình được thiết lập tham số và đánh giá dựa trên dữ liệu khảo sát thực địa giai đoạn 2010-2015, dữ liệu quan trắc khí tượng và dữ liệu viễn thám vệ tinh tại khu vực Đồng bằng trung và hạ lưu sông Dương Tử, Trung Quốc. Các tham số của mô hình được tối ưu hóa bằng thuật toán di truyền. Ở cả hai quy mô kiểm chứng, mô hình đạt hệ số R^2 từ 0,63 đến 0,72 và sai số tính theo căn số (RMSE) từ 6,68 đến 10,36 trong việc dự báo tỷ lệ mắc bệnh. Các khuyến nghị phòng trừ dịch bệnh được đưa ra dựa trên chỉ số diện tích tương đối dưới đường cong diễn tiến bệnh (rAUDPC) theo từng giai đoạn đã đạt độ chính xác từ 80% đến 84%. Mô hình SEIR-RICEDIS đã mô phỏng hiệu quả động thái dịch bệnh đốm vằn xét về cả không gian và thời gian. Mô hình này cung cấp một khuôn khổ quản lý bệnh vững chắc, dựa trên cơ chế sinh học, dự báo dịch bệnh ở quy mô vùng, qua đó hỗ trợ quá trình ra quyết định trong việc kiểm soát dịch bệnh (Tian và cs. 2026).

Bệnh đốm vằn là mối đe dọa lớn đối với sản xuất lúa Basmati của Ấn Độ. Verma và cs. (2026) đã nghiên cứu hiệu quả của chế phẩm chứa hỗn hợp vi sinh vật bao gồm *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma asperellum* và *Pseudomonas fluorescens*. Khả năng tương thích giữa các chủng vi sinh vật đã được xác nhận qua các thử nghiệm trước đó. Việc xử lý hạt giống bằng hỗn hợp vi sinh vật đã làm giảm đáng kể tỷ lệ nhiễm bệnh (54,08%), mức độ nghiêm trọng của bệnh (69,99%), chiều dài vết bệnh (53,36%) và số lượng chồi bị nhiễm bệnh (47,30%) so với đối chứng. Các mức giảm này tương đương với nghiệm thức thuốc trừ nấm hóa học Carbendazim. Ngoài ra, việc xử lý bằng vi sinh vật còn tăng cường hoạt tính của các enzyme quan trọng liên quan đến cơ chế phòng vệ của cây. Sự gia tăng đáng kể được ghi nhận trong hoạt tính của các enzyme phenylalanine ammonia-lyase, peroxidase, polyphenol oxidase và hàm lượng phenolic tổng số.



Hình 2: Vi sinh vật đối kháng với nấm gây bệnh đốm vằn (Verma và cs. 2026).

Kết quả phân tích tương quan cho thấy tỷ lệ bệnh đốm vằn có tương quan thuận chặt chẽ với chiều dài vết bệnh ($r = +0,97$), mức độ trầm trọng của bệnh ($r = +0,98$) và số chồi bị nhiễm bệnh ($r = +0,95$); ngược lại, tương quan nghịch với năng suất ($r = -0,99$), khối lượng tươi của cây lúa ($r = -0,97$). Hoạt tính của các enzyme phòng vệ tương quan nghịch ở mức trung bình với tỷ lệ bệnh (PAL: $r = -0,57$; TPC: $r = -0,58$; PO: $r = -0,56$; PPO: $r = -0,57$). Hoạt tính enzyme càng cao, mức độ nhiễm bệnh càng giảm trên giống lúa Basmati (Verma và cs. 2026).

Biswal và cs. (2026) nhận định sử dụng giống lúa kháng bệnh là chiến lược rất hiệu quả để quản lý bệnh đốm vằn. Họ đã tiến hành đánh giá 43 nguồn vật liệu gen lúa trong giai đoạn 2022-2024 tại Ranadevi, Odisha, Ấn Độ. Quá trình đánh giá được thực hiện trong điều kiện đồng ruộng tự nhiên kết hợp với lây nhiễm mầm bệnh nhân tạo. Việc phân loại các kiểu gen được thực hiện dựa trên chỉ số bệnh (PDI), diện tích dưới đường cong diễn tiến bệnh (AUDPC) và nhóm kiểu gen (GC). Các mô hình dự báo bệnh được thiết lập dựa trên mô hình Gompertz, mô hình RF (Random Forest) và mô hình ANN (Artificial Neural Network). Giống lúa Swarna Subhagya, CR 1017 và NLR 33892 biểu hiện khả năng kháng bệnh ổn định hoặc kháng trung bình qua các vụ lúa với giá trị AUDPC thấp (<400). Các giống lúa phổ biến (15 giống) trong đó có IR 64, MTU 1010 và CR Dhan 308 biểu hiện tính miễn cảm cao với bệnh với có giá trị AUDPC trên 1500 và điểm GC là 5. Diễn biến bệnh thích nghi tốt tùy theo nhóm giống lúa kháng bệnh khác nhau ($R^2 = 0,9747 - 0,9963$) trong mô hình Gompertz. Độ chính xác kiểm tra là 76,92% theo kết quả mô hình RF, 81% theo mô hình ANN (Biswal và cs. 2026).

Arpitha và cs. (2026) tiến hành nghiên cứu giống lúa kháng bệnh đốm vằn trong vụ mùa kharif (tháng 7-11) năm 2023 và 2024 tại Karnataka, Ấn Độ. Tổng cộng 240 giống lúa bản địa đã được thanh lọc khả năng kháng bệnh khô vằn trong điều kiện đồng ruộng kết hợp với lây nhiễm bệnh nhân tạo. Nguồn nấm *R. solani* được nhân sinh khối trên hạt cao lương. Mầm bệnh được sử dụng để lây nhiễm vào giai đoạn đẻ nhánh (30 ngày sau khi cấy). Đánh giá mức độ bệnh được thực hiện theo hệ thống đánh giá tiêu chuẩn (SES) của IRRI (2013). Chỉ số bệnh PDI của cả hai vụ biến thiên từ 5,43% đến 61,11%. Giá trị AUDPC biến thiên từ 176,28 đến 334,41. Các dòng giống lúa được phân thành 5 nhóm gồm kháng, kháng trung bình, nhiễm trung bình, nhiễm và nhiễm nặng. Không có dòng giống lúa nào trong số 240 giống bản địa được sàng lọc qua hai vụ thể hiện phản ứng miễn dịch (điểm 0). Tuy nhiên, có 7 kiểu gen thể hiện phản ứng kháng (điểm 1). Có 72 kiểu gen đạt điểm 5 được xếp vào nhóm nhiễm trung bình, 70 kiểu gen đạt điểm 7 được xếp vào nhóm nhiễm và 31 kiểu gen đạt điểm 9 được xác định là nhiễm nặng (Arpitha và cs. 2026).

Yuan và cs. (2026) ghi nhận tiểu đơn vị β của SnRK1, cụ thể là SnRK1 β 1A, đóng vai trò tạo ra tính miễn cảm phổ rộng đối với các bệnh nấm trên cây lúa, bao gồm bệnh đốm vằn. Nhiều loài nấm gây bệnh trên lúa đã tiến hóa hội tụ để tạo ra một loại protein có đặc tính giống effector mang tên Gas2, protein này tương tác với SnRK1 β 1A nhằm ngăn chặn quá trình phân giải qua trung gian ubiquitin và thúc đẩy sự di chuyển của SnRK1 β 1A vào nhân tế bào. Sự biểu hiện của gen *SnRK1 β 1A* tăng mạnh khi cây lúa bị nấm tấn công, qua đó thúc đẩy tính miễn cảm với bệnh bằng cách ức chế SnRK1 α 1 - một tiểu đơn vị α của SnRK1, vốn được biết đến với vai trò điều hòa tích cực khả năng kháng bệnh phổ rộng ở lúa. Đáng chú ý là các dòng lúa bị bất hoạt gen *SnRK1 β 1A* thể hiện khả năng kháng một số bệnh do nấm mà không làm ảnh hưởng đến sự sinh trưởng hay năng suất khi canh tác ngoài đồng ruộng trong điều kiện bình thường. Nghiên cứu này chứng minh rằng có thể đạt được khả năng kháng bệnh phổ rộng ở cây trồng thông qua việc bất hoạt các gen quy định tính miễn cảm (những gen được kích hoạt khi nhiễm bệnh) mà sản phẩm protein của chúng là đích tác động của các effector được bảo tồn ở nhiều loài mầm bệnh khác nhau (Yuan và cs. 2026).

Li và cs. (2026) phân tích hệ phiên mã của giống lúa Shennong 9816 khi cho lây nhiễm nhân tạo với chủng *R. solani* AG1-IA. Họ đã xác định được 4.542 gen biểu hiện khác biệt (*DEG*; $p < 0,05$, $|\log_2FC| \geq 1$). Họ tiếp tục thực hiện phương pháp phân tích GO (Gene Ontology) và KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) đối với các gen *DEGs* này. Có sự phong phú rất đáng kể ở các nhóm chức năng phosphoryl hóa protein, tương tác

cây chủ với ký sinh và phản ứng siêu nhạy cảm. Các gen mã hóa protein gắn canxi 45 (CML45), gen mã hóa protein gắn canxi 36 (CML36), gen mã hóa CPK35, gen mã hóa kinase liên kết thành tế bào 2 (WAK2), MSL, gen mã hóa protein gắn Ca^{2+} và gen mã hóa WRKY70 đều được ghi nhận tăng biểu hiện. Sự biểu hiện mạnh mẽ của gen *OsCML45* và gen *OsCML36* có liên quan đến khả năng kháng được sự xâm nhiễm của nấm *R. solani* trong cây lúa. Hơn nữa, các cây lúa biểu hiện mạnh mẽ gen *OsCML45* và *OsCML36* còn cho thấy có sự cải thiện về các đặc tính sinh lý cây lúa. Như vậy gen *OsCML45* và *OsCML36* là các gen điều hòa tiềm năng trong phản ứng của cây lúa đối với bệnh đốm vằn (Li và cs. 2026).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Adke Raghunandana *et al.* 2026. Spatial distribution and identification of potential risk regions of rice sheath blight in Kartanaka, India. *Tropical Plant Pathology*; 28 April 2026; 51(24).
- Arpitha HB *et al.* 2026. Identification of Resistant Sources against Sheath Blight of Rice Caused by *Rhizoctonia solani* Kuhn. *International Journal of Bio-resource and Stress Management*; March 18 2026.
- Biswal Avinash *et al.* 2025. Estimation of Disease Severity and Screening of Sheath Blight Resistant Cultivar among Indigenous Rice Genotypes. *Int J. of Basic and Applied Sci.*, 14 (6) (2025) 188-221.
- Li Xinchun *et al.* 2026. Identification of *OsCML45* and *OsCML36* as Candidate Regulators of Rice Resistance to Sheath Blight Caused by *Rhizoctonia solani*. *J Agric Food Chem.*; 2026 Apr 29;74(16):12775-12786. doi: 10.1021/acs.jafc.6c00147.
- Mehta Emritpal *et al.* 2026. Sheath Rot Reconsidered: Understanding Pathogen Complexity for Eco-Friendly Disease Management and Sustainable Rice Health. *Plant Pathology*; 18 May 2026. <https://doi.org/10.1111/ppa.70176>.
- Tian Yangyang *et al.* 2026. A mechanistic model integrating multi-source data for operational prediction of rice sheath blight at regional scale. *Pest Management Science*; August 1 2026; <https://doi.org/10.1002/ps.71147>.
- Verma Mansi *et al.* 2026. Exploiting the potential of microbial consortia against sheath blight in Basmati rice caused by *Rhizoctonia solani*. *Int. Microbiology*; May 28 2026; <https://doi.org/10.1007/s10123-026-00842-z>.
- Yuan Guixin *et al.* 2026. Inactivating SnRK1 β 1A promotes broad-spectrum disease resistance in rice. *Nature*; 2026 May; 653(8114):474-482. doi: 10.1038/s41586-026-10273-5.