

scale “7” and the group of scale “9” in the Winter-Spring crop season. In general, planthoppers’ density was relatively low except for the group of scale “9” of BPH in the Winter-Spring crop season. The BPH population appeared at the flowering stage, and the density reached a peak at the doughy stage. Meanwhile, the peak of WBPH’s density could be at the panicle formation stage or ripening stage, or both (not only one peak) with the density of WBPH lower than that of BPH.

Keywords: Brown planthopper, white-backed planthopper, population dynamic, popular varieties

Ngày nhận bài: 04/8/2021

Ngày phản biện: 16/10/2021

Người phản biện: PGS. TS. Nguyễn Đức Tùng

Ngày duyệt đăng: 24/12/2021

CẤU TRÚC QUẦN THỂ VI KHUẨN *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* GÂY BỆNH BẠC LÁ LÚA Ở VÙNG ĐỒNG BẰNG SÔNG HỒNG

Nguyễn Thị Tho¹*, Nguyễn Huy Chung¹,
Nguyễn Tiến Hưng¹, Lê Thị Phương Lan¹, Lâm Thị Nhung¹,
Lê Thị Trang¹, Đinh Xuân Hoàn¹

TÓM TẮT

Bệnh bạc lá lúa do vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* gây ra và gây hại nặng trên hầu khắp các vùng trồng lúa. Khả năng gây bệnh trên bộ giống chỉ thị của các mẫu vi khuẩn *Xoo* thu thập tại vùng đồng bằng sông Hồng biến động rất lớn, và rất khác so với bộ nòi tiêu chuẩn của IRRI. Dựa vào khả năng gây bệnh trên 28 giống chỉ thị, 47 isolate vi khuẩn *Xoo* thu thập từ các tỉnh thuộc vùng đồng bằng sông Hồng được chia làm 4 nhóm. Các gen đơn *xa5*, *xa13*, *Xa21* và hầu hết các dòng mang đa gen, trừ tổ hợp *Xa4* + *xa13* có khả năng kháng cao với phần lớn các isolate *Xoo* đã thu thập.

Từ khóa: Bệnh bạc lá lúa, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, cấu trúc quần thể, khả năng gây bệnh, đồng bằng sông Hồng

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây lúa (*Oryza sativa* L.) là một trong những cây lương thực chính của thế giới, với diện tích năm 2019 đạt 162 triệu hecta, cho sản lượng ước đạt hơn 755 triệu tấn (FAO, 2020). Một trong những thách thức chính của sản xuất nông nghiệp là tạo ra giống cây trồng kháng các loại bệnh hại chính gây thiệt hại nặng về năng suất (Dinh *et al.*, 2020). Trong số các loại bệnh hại lúa, bệnh bạc lá lúa do vi khuẩn *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) gây ra là loại bệnh hại phổ biến ở hầu khắp các vùng trồng lúa trên thế giới, lây lan mạnh và gây thiệt hại nghiêm trọng về năng suất lúa (Pradhan *et al.*, 2020). Bệnh bạc lá được báo cáo lần đầu tiên năm 1884 tại Nhật Bản (Bhaskar *et al.*, 1960), có thể gây thiệt hại năng suất lên đến 50% tùy thuộc vào giống lúa, giai đoạn

sinh trưởng, vùng sinh thái và môi trường (Liu *et al.*, 2014). Tại Việt Nam, bệnh cũng gây hại nặng tại tất cả các vùng trồng lúa. Với các tỉnh miền Bắc trước đây bệnh bạc lá lúa thường gây hại vụ Mùa nhưng gần đây bệnh có xu hướng gây hại cả vụ Xuân. Những thay đổi về điều kiện thời tiết, cơ cấu giống, điều kiện canh tác... có thể là nguyên nhân dẫn đến những thay đổi về thành phần nòi và cấu trúc quần thể vi khuẩn gây bệnh. Cải thiện nền tảng di truyền kết hợp năng suất cao, chất lượng tốt với khả năng kháng bệnh là biện pháp kinh tế nhất, hiệu quả nhất và bền vững nhất về mặt sinh thái để kiểm soát nhiều loại bệnh hại cây trồng (Dinh *et al.*, 2020). Tuy nhiên, các gen kháng thường bị vượt qua bởi sự xuất hiện của các nòi, chủng vi sinh vật gây bệnh mới. Mức độ đa dạng di truyền của quần thể vi khuẩn *Xoo* có vai trò quyết định đến khả

¹ Viện Bảo vệ thực vật

* Tác giả chính: Email: ntho57.ppri@gmail.com

năng và tốc độ hình thành các chủng/nòi mới, do đó ảnh hưởng lớn đến tính bền vững của các gen kháng bệnh được sử dụng trong các chương trình chọn tạo giống lúa. Trong nghiên cứu này, cấu trúc quần thể vi khuẩn *Xoo* tại đồng bằng sông Hồng được phân tích để tạo cơ sở dữ liệu cho việc hoạch định các chiến lược chọn tạo giống lúa kháng bệnh bạc lá.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

47 isolate vi khuẩn *Xoo* gây bệnh bạc lá lúa thu thập tại 10 tỉnh thuộc vùng Đồng bằng sông Hồng gồm: Bắc Ninh, Hà Nam, Hà Nội, Hải Dương, Hải Phòng, Hưng Yên, Nam Định, Thái Bình, Vĩnh Phúc, Ninh Bình.

28 giống chỉ thị mang gen kháng bạc lá lúa từ IRRI bao gồm các dòng đơn và đa gen.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Thu thập mẫu bệnh: Mẫu lá bệnh điển hình được thu thập tại các vùng trồng lúa tại đồng bằng sông Hồng, lưu giữ trong túi đựng mẫu, ghi rõ thời gian, địa điểm thu thập, giống bị nhiễm.

- Phân lập vi khuẩn: Mẫu lá bệnh điển hình có triệu chứng bệnh còn tươi được rửa sạch. Chọn phần tiếp giáp giữa mô khỏe và mô bệnh, cắt vết bệnh thành miếng nhỏ có chiều dài 1 - 2 cm sau đó khử trùng trong cồn 70% trong 10 giây, rửa sạch 3 lần bằng nước cất khử trùng. Mẫu bệnh sau khi rửa sạch được ngâm 2 giờ trong 10 mL nước cất khử trùng để vi khuẩn từ trong lá bệnh khếch tán ra nước cất. Dịch khuẩn thu được sẽ được pha loãng với nước cất vô trùng theo tỷ lệ thể tích 1/10. Dùng que cấy cấy dịch khuẩn lên môi trường Wakimoto. Sau 48 - 72 giờ, chọn đơn khuẩn lạc có hình dạng và màu sắc điển hình cấy truyền ra đĩa môi trường mới.

- Phương pháp đánh giá tính kháng bệnh và xác định thành phần nòi vi khuẩn bạc lá lúa: Sử dụng các isolate vi khuẩn bạc lá lúa đã được phân lập tiến hành lây bệnh nhân tạo riêng rẽ từng isolate trên các giống chỉ thị mang gen kháng. Lây bệnh nhân tạo được tiến hành theo phương pháp cắt kéo ở vị trí cách đầu lá từ 1 cm đến 2 cm, giai đoạn lúa đứng cái, làm đòng. Nồng độ tế bào vi khuẩn trong lây bệnh 10^8 CFU/mL. đánh giá sau 21 ngày. Thang điểm đánh giá phân nòi theo Mishra và cộng tác viên (2013) có chỉnh sửa (Bảng 1).

Bảng 1. Thang điểm đánh giá phân nòi vi khuẩn bạc lá

Chiều dài vết bệnh (cm)	Phản ứng
< 8	Kháng
8 - 12	Kháng trung bình
>12	Nhiễm

Sự tương đồng về khả năng gây bệnh của các isolate vi khuẩn trên bộ chỉ thị mang đơn gen kháng được sử dụng làm số liệu đầu vào cho việc phân nhóm các nòi vi khuẩn đã thu thập. Trước khi phân tích, phản ứng kháng (R) được thay bằng số "1", phản ứng kháng trung bình (MR) được thay bằng số "5", và phản ứng nhiễm (S) được thay bằng số "9". Việc phân nhóm được tiến hành theo phương pháp phân tích các cụm phân cấp Ward (Ward hierarchical analysis) bằng phần mềm R 4.1.0. Khoảng cách giữa các nòi được tính theo phương pháp "euclidean" trong khi việc phân nhóm thực hiện theo phương pháp "ward.D2". Sơ đồ phân nhóm được tạo bằng gói dendextend tích hợp trong phần mềm R 4.1.0.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 01 năm 2019 đến tháng 10 năm 2020 tại Viện Bảo vệ thực vật.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Xác định độc tính của các isolate vi khuẩn đã thu thập

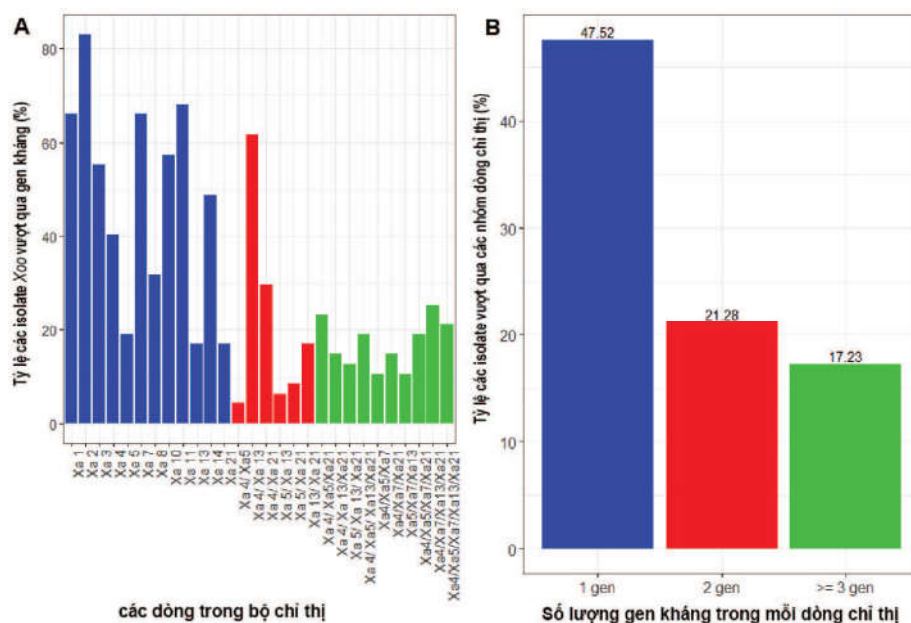
Trong số 47 isolate vi khuẩn *Xoo*, có 56,2% các isolate có khả năng vượt qua các dòng đơn gen kháng, 17% các isolate có khả năng vượt qua các dòng mang tổ hợp 3 - 5 gen kháng. Các isolate vi khuẩn *Xoo* thu thập tại vùng đồng bằng sông Hồng có khả năng gây nhiễm tương đối cao trên hầu hết các dòng mang đơn gen kháng, trừ các gen *xa5*, *xa13*, và *Xa21* còn duy trì khả năng kháng tương đối tốt (dưới 20% các isolate vượt qua các gen này).

Có 26,8% các isolate vượt qua các dòng mang 2 gen kháng. Sự kết hợp 2 gen kháng giúp tăng cường khả năng kháng lại các isolate của vi khuẩn *Xoo* ở vùng đồng bằng sông Hồng. Trong số các tổ hợp 2 gen kháng, tổ hợp của gen *xa5* với một gen kháng khác (*Xa4*, *xa13*, hoặc *Xa21*) cho khả năng kháng cao nhất (chỉ 4 - 9% các isolate có khả năng vượt qua các tổ hợp gen này). Trong khi đó, sự kết hợp gen *Xa4* với gen *xa13* hoặc *Xa21* không

những không giúp tăng cường tính kháng, mà còn làm giảm hiệu lực kháng của cả 2 gen kháng này. Kết quả này phù hợp với nghiên cứu trước đây được tiến hành đối với quần thể vi khuẩn *Xoo* ở các tỉnh miền Bắc Việt Nam (Luu Van Quyet *et al.*, 2016). Nghiên cứu trước đây cho thấy các tổ hợp *Xa4* + *xa13* và *Xa4* + *Xa21* giúp tăng cường khả năng kháng với các isolate *Xoo* ở Malaysia (Devi *et al.*, 2010) và Hàn Quốc (Jeung *et al.*, 2006). Giả thiết rằng, allele lặn *xa13* có thể bị át chế do allele trội *Xa13* có trong dòng mang gen *Xa4* khi lai tạo. Các gen *Xa4* và *Xa21* lần lượt mã hóa protein WAK (phân bố trên màng tế bào) (Hu *et al.*, 2017) và protein LRR (phân bố trong tế bào chất) (Pruitt *et al.*, 2015) với các cơ chế hình thành tính kháng khác nhau. Các loại protein này kích hoạt các tầng bảo vệ khác nhau của tế bào, do đó, về lý thuyết, sự kết hợp *Xa4* và *Xa21* có thể mang lại hiệu quả cao.

Cần có các nghiên cứu sâu hơn với số lượng isolate nhiều hơn để đánh giá chính xác hơn hiệu quả của tổ hợp gen *Xa4* + *Xa21*.

Trong khi đó, sự kết hợp từ 3 gen kháng trở lên giúp cải thiện đáng kể khả năng kháng bệnh bạc lá của tất cả các dòng, trung bình khoảng 17% số isolate có thể gây nhiễm trên các dòng đa gen này (Hình 1). Sự kết hợp của 3 hoặc nhiều gen kháng đã được nghiên cứu và chứng minh là có hiệu quả cao trong việc tạo nên tính kháng phổ rộng với nhiều nòi vi khuẩn *Xoo*. Sự kết hợp của các gen với cơ chế hình thành tính kháng khác nhau như *xa13* + *xa5* + *Xa21* đã được ứng dụng rộng rãi trong chọn tạo giống cho nhiều vùng ở Ấn Độ (Chen *et al.*, 2006; Laha *et al.*, 2014; Pradhan *et al.*, 2015; Sundaram *et al.*, 2008), tổ hợp *Xa4* + *xa5* + *Xa21* cho hiệu quả kháng cao ở Hàn Quốc (Suh *et al.*, 2013).

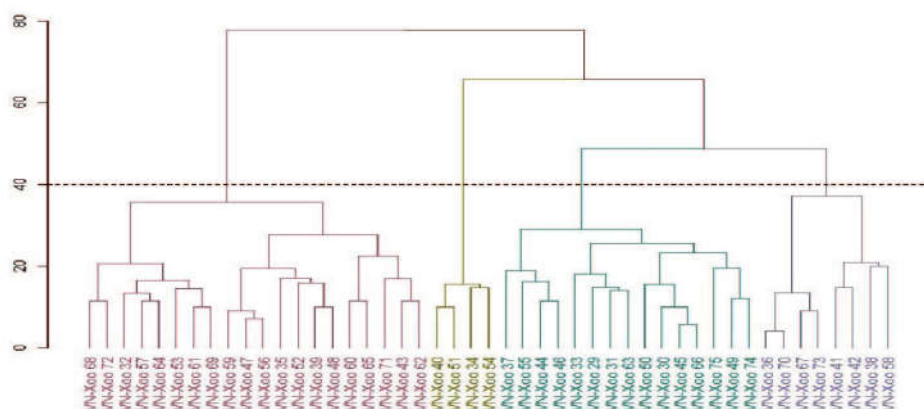


Hình 1. Tỷ lệ các isolate có khả năng vượt qua các dòng mang gen hoặc tổ hợp gen kháng (A) và tổng hợp các nhóm dòng mang số lượng gen kháng khác nhau (B)

3.2. Cấu trúc quần thể vi khuẩn *Xoo* vùng đồng bằng sông Hồng

Dựa vào khả năng gây bệnh trên bộ giống chỉ thị, các isolate vi khuẩn *Xoo* đã thu thập được chia thành 04 nhóm có độc tính giảm dần (Hình 2). Nhóm 1 gồm 04 isolate có khả năng vượt qua được hầu hết các gen kháng, ngoại trừ đơn gen *Xa8*. Nhóm 2 gồm 08 isolate. So với nhóm 1, các isolate trong nhóm này vượt qua ít gen kháng hơn, toàn bộ các

dòng đơn gen và phần lớn các dòng đa gen có khả năng kháng các isolate thuộc nhóm này. Nhóm 3 gồm 15 isolate có khả năng vượt qua toàn bộ các dòng đơn gen. Nhóm 4 gồm 20 isolate có độc tính thấp. Một số isolate thuộc nhóm này ít có khả năng gây nhiễm trên các đơn gen kháng và một số các isolate không có khả năng gây nhiễm trên bất cứ gen kháng nào.



Hình 2. Phân nhóm nòi vi khuẩn *Xoo* vùng đồng bằng sông Hồng

Khi so sánh khả năng gây bệnh của các isolate *Xoo* đã thu thập trên bộ giống chỉ thị với 11 nòi tiêu chuẩn tại Philippin theo phân loại của Viện Nghiên cứu Lúa quốc tế (IRRI, 2002) cho thấy, chỉ một số

ít các isolate có khả năng gây bệnh tương đồng với chủng 4, 9a. Khả năng gây bệnh trên bộ giống chỉ thị của các isolate còn lại không có sự tương đồng với các chủng 1, 2, 3B, 3C, 5, 6, 7, 8, và 10.

Bảng 2. Sự phân bố nòi vi khuẩn *Xoo* tại một số tỉnh vùng đồng bằng sông Hồng

STT	Tỉnh	Nhóm nòi 1	Nhóm nòi 2	Nhóm nòi 3	Nhóm nòi 4	Tổng
1	Hà Nam	-	1	3	2	6
2	Hà Nội	1	1	-	1	3
3	Hải Dương	1	1	1	2	5
4	Hải Phòng	-	2	1	2	5
5	Hưng Yên	-	-	4	1	5
6	Nam Định	1	1	3	6	11
7	Thái Bình	1	2	1	5	9
8	Vĩnh Phúc	-	-	-	1	1
9	Bắc Ninh	-	-	1	-	1
10	Ninh Bình	-	-	1	-	1
Tổng cộng		4	8	15	20	47

Trong 10 tỉnh vùng đồng bằng sông Hồng, có 2 tỉnh ghi nhận sự xuất hiện của cả 4 nhóm nòi là Nam Định và Thái Bình, 3 tỉnh ghi nhận sự xuất hiện của 3 nhóm nòi là Hà Nam, Hà Nội, và Hải Phòng. Tại các tỉnh Hưng Yên, Vĩnh Phúc, Bắc Ninh, và Ninh Bình, chỉ ghi nhận các isolate thuộc nhóm nòi 1 và 2.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Có 56,2% các isolate có khả năng vượt qua các dòng đơn gen kháng, có 26,8% các isolate vượt qua các dòng mang 2 gen kháng, 17% các isolate có khả năng vượt qua các dòng mang tổ hợp 3 - 5 gen kháng.

Một số các isolate có khả năng gây bệnh tương

đồng với chủng 4 và 9a, không phát hiện sự tương đồng về khả năng gây bệnh của các isolate còn lại với các chủng 1, 2, 3B, 3C, 5, 6, 7, 8, 10 theo phân loại của IRRI. Các đơn gen kháng *xa5*, *xa13* và *Xa21* có khả năng kháng cao các isolate vi khuẩn *Xoo* tại vùng đồng bằng sông Hồng.

Đã ghi nhận sự xuất hiện của 4 nhóm nòi tại Đồng bằng sông Hồng.

4.2. Đề nghị

Nghiên cứu đa dạng di truyền của quần thể vi khuẩn *Xoo* tại vùng Đồng bằng sông Hồng với số lượng isolate lớn hơn. Đồng thời, tiếp tục đánh giá khả năng kháng bệnh bạc lá của dòng chỉ thị mang tổ hợp gen *Xa4* + *Xa21*.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Bhaskar, D., Kulkarni N., Chavan V., 1960. Bacterial blight of Paddy. *Poona Agricultural College Magazine*, 51 (1): 36 - 46.
- Chen, X., Shang J., Chen D., Lei C., Zou Y., Zhai W., Liu G., Xu J., Ling Z., Cao G., 2006. AB-lectin receptor kinase gene conferring rice blast resistance. *The Plant Journal*, 46 (5): 794-804.
- Devi, G.L., Zehr U., Freeman W., 2010. Understanding the bacterial blight pathogen-combining pathotyping and molecular marker studies. *International Journal of Plant Pathology*, 1 (2): 58-68.
- Dinh, H.X., Singh D., Periyannan S., Park R.F., Pourkheirandish M., 2020. Molecular genetics of leaf rust resistance in wheat and barley. *Theoretical Applied Genetics*, 133 (7): 2035-2050.
- FAO, 2020. Crops. In: FAOSTAT (ed) 2017 - 2020. Available from: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>.
- Hu, K., Cao J., Zhang J., Xia F., Ke Y., Zhang H., Xie W., Liu H., Cui Y., Cao Y., 2017. Improvement of multiple agronomic traits by a disease resistance gene via cell wall reinforcement. *Nature Plants*, 3 (3): 1-9.
- IRRI, 2002. Stress and disease tolerance.
- Jeung, J., Heu S., Shin M., Vera Cruz C., Jena K., 2006. Dynamics of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* populations in Korea and their relationship to known bacterial blight resistance genes. *Phytopathology*, 96 (8): 867-875.
- Laha, G., Viraktamath B., Balachandran S., Neeraja C., Sheshu Madhav M., Mangrauthia S., Bhadana V., Sundaram R., 2014. Development of durable bacterial blight resistant lines of Samba Mahsuri possessing *Xa33*, *Xa21*, *xa13* and *xa5*. *Society for Scientific Development in Agriculture and Technology*, 1224-1227.
- Liu, W., Liu J., Triplett L., Leach J.E., Wang G.L., 2014. Novel insights into rice innate immunity against bacterial and fungal pathogens. *Annual Review of Phytopathology*, 52 213-241.
- Luu Van Quyet, Nguyen Thi Mai Huong, Nguyen Thi Minh, Nguyen Thi Phuong Nga, Do Thi Huong, Truong Thi Thuy, 2016. Identifying bacterial blight resistance genes in rice breeding in the Northern Vietnam. *The proceeding of 2nd National Conference on Plant Science*: 325-330.
- Mishra, D., Vishnupriya M.R., Anil M.G., Konda K., Raj Y., Sonti R.V., 2013. Pathotype and genetic diversity amongst Indian isolates of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *PloS one*, 8(11): e81996.
- Pradhan, S., Barik S., Nayak D., Pradhan A., Pandit E., Nayak P., Das S., Pathak H., 2020. Genetics, Molecular Mechanisms and Deployment of Bacterial Blight Resistance Genes in Rice. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 39(4): 360-385.
- Pradhan, S.K., Nayak D.K., Mohanty S., Behera L., Barik S.R., Pandit E., Lenka S., Anandan A., 2015. Pyramiding of three bacterial blight resistance genes for broad-spectrum resistance in deepwater rice variety, Jalmagna. *Rice*, 8(1): 1-14.
- Pruitt, R.N., Schwessinger B., Joe A., Thomas N., Liu F., Albert M., Robinson M. R., Chan L.J.G., Luu D.D., Chen H., 2015. The rice immune receptor XA21 recognizes a tyrosine-sulfated protein from a Gram-negative bacterium. *Science advances*, 1 (6): e1500245.
- Suh, J.-P., Jeung J.-U., Noh T.-H., Cho Y.-C., Park S.-H., Park H.-S., Shin M.-S., Kim C.-K., Jena K.K., 2013. Development of breeding lines with three pyramided resistance genes that confer broad-spectrum bacterial blight resistance and their molecular analysis in rice. *Rice*, 6 (1): 1-11.
- Sundaram, R.M., Vishnupriya M.R., Biradar S.K., Laha G.S., Reddy G.A., Rani N.S., Sarma N.P., Sonti R.V., 2008. Marker assisted introgression of bacterial blight resistance in Samba Mahsuri, an elite indica rice variety. *Euphytica*, 160(3): 411-422.

Population structure of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* causing rice leaf blight disease in the Red River Delta

Thi Tho Nguyen, Huy Chung Nguyen, Tien Hung Nguyen,
Thi Phuong Lan Le, Thi Nhung Lam,
Thi Trang Le, Xuan Hoan Dinh

Abstract

Rice leaf blight caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* has been reported to cause severe damage in most rice-growing regions. The pathogenicity on the different indicator rice collection of *Xoo* isolates collected from the Red River Delta region was highly varied, and was very different from the standard *Xoo* races classified by IRRI. Based on the pathogenicity of 28 indicator rice varieties, 47 *Xoo* isolates collected from the various provinces of the Red River Delta were divided into 4 groups. The single genes *xa5*, *xa13*, *Xa21*, and the majority of the polygenic lines except for the *Xa4* + *xa13* combination were highly resistant to most collected isolates.

Keywords: Rice bacterial blight, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, population structure, pathogenicity, Red River Delta

Ngày nhận bài: 04/8/2021

Ngày phản biện: 08/10/2021

Người phản biện: PGS.TS. Nguyễn Văn Viết

Ngày duyệt đăng: 24/12/2021

NGHIÊN CỨU SỬ DỤNG BÃ BÙN MÍA LÀM GIÁ THỂ TRỒNG CẢI XANH

Trần Văn Sơn^{1*}, Nguyễn Chuyên Thuận¹,
Nguyễn Thị Lệ Hằng¹, Hoàng Thị Hạnh¹

TÓM TẮT

Mục tiêu nghiên cứu là xác định tỷ lệ phối trộn giữa bã bùn mía với các vật liệu khác để tạo giá thể có một số chỉ tiêu chất lượng thích hợp cho rau cải bẹ xanh sinh trưởng và phát triển tốt. Thí nghiệm được bố trí kiểu khối đầy đủ ngẫu nhiên (RCBD), 3 lần lặp lại với 6 công thức (CT): 5 CT phối trộn bã bùn, đất, xơ dừa và tro trấu với các tỷ lệ khác nhau và đối chứng là giá thể TN.1. Kết quả ghi nhận được, CT5 (bã bùn : đất : xơ dừa : tro trấu theo tỉ lệ tương ứng 8 : 2 : 1 : 1) ở cả 2 thí nghiệm cho kết quả tương đương với đối chứng TN.1 và nổi bật hơn các công thức còn lại về năng suất và các chỉ tiêu chất lượng. Chiều cao cây ghi nhận được ở 2 thí nghiệm lần lượt là 27,1 cm và 28,1 cm; số lá đạt 9,1 lá/cây và 9,3 lá/cây; năng suất kinh tế đạt 2,1 kg/m² và 2,4 kg/m²; chi phí sản xuất giá thể thấp nhất là 2.102 đồng/kg.

Từ khóa: Cải bẹ xanh (*Brassica juncea* L.), giá thể, bã bùn

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hiện nay, diện tích đất trồng trọt dần bị thu hẹp do quá trình đô thị hóa và cùng với nền kinh tế phát triển thì mức sống của con người ngày được nâng cao. Nhu cầu trồng các loại rau an toàn trong chậu vừa có thể ăn tươi với diện tích nhỏ ở những khu dân cư hay đô thị đang được rất nhiều người quan tâm. Rau trồng tại nhà không những mang đến sự yên tâm trong bữa ăn mà còn mang đến sự thư giãn sau những giờ làm việc căng thẳng. Cây cải bẹ xanh (*Brassica juncea* L.) là một nguồn rau xanh phổ biến được ưa chuộng trong bữa ăn hằng ngày. Rau cải là loại cây dễ trồng, không kén đất, có thể sinh trưởng và phát triển, cho năng suất cao ở các loại giá thể khác nhau. Do đó, chất lượng của giá thể rất quan trọng do phải cung cấp đầy đủ các nguyên tố dinh dưỡng đảm bảo cho cây sinh trưởng và phát triển tốt. Tận dụng những phụ phẩm nông nghiệp để nghiên cứu và tạo ra các loại giá thể ngày một tốt hơn là rất cần thiết, đặc biệt là tỷ lệ phối trộn giá thể cho tỷ lệ nảy mầm và năng suất cây rau đạt hiệu quả (Võ Hoàng Anh Thy và Phạm Thị Mỹ Trâm, 2017; Lý Hương Thanh và *ctv.*, 2016). Trong các loại nguyên liệu, bã bùn là một trong những phụ phẩm của ngành công nghiệp mía đường. Trên thế giới đã có rất nhiều nghiên cứu về việc phối trộn bã bùn mía với các vật liệu khác, tạo ra các giá thể phù hợp với nhiều loại cây rau màu ở giai đoạn vườn ươm trồng với giá thể xơ dừa và bã bùn mía có chất lượng rẻ và tỷ lệ sống của cây cao (Maldonado *et*

al., 2005); bã bùn mía kết hợp với đất và rơm rạ ở tỷ lệ khác nhau để xác định tác động của vi khuẩn *Micorhizae* đến sự phát triển của cây hoa Thu Hải Đường (*Begonia* spp.) (Moreno-Alvero *et al.*, 2011). Giá thể gồm có tro trấu, đất cát, phân bò được trộn theo tỉ lệ thể tích 1 : 1 : 1 cho các thông số tốt nhất về sinh trưởng và ươm cây (Dhatt and Kaler, 2009).

Để tận dụng những phụ phẩm nông nghiệp sẵn có, việc nghiên cứu một loại giá thể có chứa đầy đủ dinh dưỡng đảm bảo cho cây rau cải bẹ xanh đạt năng suất cao là rất cần thiết và có ý nghĩa thực tế.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Giống: Cải bẹ xanh vàng do Công ty TNHH - TM Trang Nông phân phối.
- Khay ươm 49 lỗ (5 × 5 cm) và khay nhựa 65 × 42 × 17 cm.
- Giá thể: Bã bùn mía có nguồn gốc từ nhà máy đường của Công ty TNHH MK Sugar Việt Nam; xơ dừa và tro trấu mua trên thị trường; đất xám bạc màu tại Viện Nghiên cứu Mía đường.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Bố trí thí nghiệm

Bố trí theo kiểu khối đầy đủ ngẫu nhiên (RCBD), 3 lần lặp lại với 6 công thức, trong đó có công thức đối chứng. Mỗi lần lặp gồm 4 khay PE kích thước 65 × 42 × 17 cm. Tổng cộng 72 khay.

¹ Viện Nghiên cứu Mía đường

* Tác giả chính: E-mail: ranson270293@gmail.com