

XÁC ĐỊNH CÁC LOÀI NẤM GÂY BỆNH TRÊN CÂY LÚA (*ORYZA SATIVA*) TẠI TỈNH KIÊN GIANG

Vũ Thị Tuyết Nhung^{1,2*}, Lê Quỳnh Loan¹, Huỳnh Thị Diệp¹, Phạm Anh Vũ^{1,2},
Trần Thị Mỹ Ngọc¹, Trần Trung Kiên¹, Nguyễn Hoàng Dũng¹

¹ Viện Sinh học Nhiệt đới, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

² Học viện Khoa học và Công nghệ, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, chúng tôi thu thập các mẫu bệnh có các triệu chứng khác nhau trên cây lúa tại tỉnh Kiên Giang nhằm định danh các loài nấm gây bệnh dựa trên đặc điểm hình thái và phương pháp sinh học phân tử. Từ 100 mẫu lúa bệnh thu thập được, chúng tôi phân lập được 8 chủng nấm bao gồm: KG 3.1.3, KG 5.3.3.2, KG 10.1.1, KG 11.1.3, KG 23.3.2, KG 1.2.1, KG 35.1.4, KG 35.3.1. Phân tích trình tự gen ITS cho kết quả: chủng KG 3.1.3 là loài *Fusarium proliferatum* có mức độ tương đồng gen là 98,95%; chủng KG 5.3.3.2 là loài *Neurospora intermedia* có mức độ tương đồng là 100%; chủng KG 10.1.1 là loài *Mucor irregularis* có độ tương đồng là 100%; chủng KG 11.1.3 là loài *Penicillium citrinum* có độ tương đồng là 100%; chủng KG 23.3.2 là loài *Lasiodiplodia theobromae* có độ tương đồng là 100%; chủng KG 1.2.1 là loài *Aspergillus oryzae* có độ tương đồng là 99,65%; chủng KG 35.1.4 là loài *Penicillium oxalicum* có độ tương đồng là 100% và chủng KG 35.3.1 là loài *Aspergillus aculeatus* có độ tương đồng là 100%. Từ kết quả trên cho thấy hiện tượng bệnh trên lúa tại tỉnh Kiên Giang do nhiều loài nấm gây ra và biểu hiện trên toàn bộ cây lúa từ rễ, thân, lá, hạt.

Từ khóa: Cây lúa, định danh, ITS, Kiên Giang, nấm bệnh.

MỞ ĐẦU

Lúa (*Oryza sativa*) là loài cây lương thực có sản lượng đứng hàng thứ ba trên thế giới sau ngô, lúa mì, đứng thứ hai trên thế giới về diện tích gieo trồng chỉ sau lúa mì. Lúa được trồng ở 112 nước, là lương thực của hơn 54% dân số thế giới. Việt Nam là quốc gia xuất khẩu gạo lớn trên thế giới, trọng điểm tập trung ở Đồng bằng sông Cửu Long. Với địa thế là tỉnh nằm ở đầu nguồn sông Cửu Long, hệ thống thủy nông và chú trọng áp dụng các phương pháp canh tác lúa tiên tiến, tỉnh Kiên Giang với sản lượng lúa chiếm 10,10% sản lượng cả nước, 17,90% sản lượng lúa ĐBSCL và Kiên Giang đang có diện tích trồng lúa chất lượng cao tăng dần theo từng vụ (Nguyễn Thị Trúc Phương, 2016).

Tuy nhiên, cùng với sự gia tăng năng suất và diện tích cây trồng thì tình hình dịch bệnh ngày càng lây lan nhanh và khó kiểm soát, gây thiệt hại nghiêm trọng cho ngành sản xuất lúa tại tỉnh Kiên Giang. Các tác nhân gây bệnh trên cây lúa đã được nghiên cứu như chủng *Rhizoctonia solani* Kühn gây bệnh đốm vằn, chủng nấm *Magnaporthe oryzae* gây bệnh đạo ôn (Harmon *et al.*, 2003; Ou, 1972), bệnh lem lép hạt do các loài nấm *Bipolaris oryzae*, *Fusarium sp.*, *Curvularia lunata*, *Sarocladium oryzae*... (Ou, 1972; Nor *et al.*, 2015). Triệu chứng ban đầu của các bệnh trên lúa thường khá giống nhau, vì vậy việc xác nhận tác nhân gây bệnh thường rất mất thời gian và khó khăn, bệnh phổ biến nhất là các bệnh đạo ôn, bệnh đốm vằn. Các bệnh này xuất hiện gây hại ở hầu hết các vùng trồng lúa của cả nước, bệnh gây hại nghiêm trọng trên lá và cổ bông. Cho nên trong nghiên cứu này, chúng tôi xác định thực các loài nấm gây bệnh trên cây lúa (*Oryza sativa*) tại tỉnh Kiên Giang được tiến hành phân lập, định danh nhằm xác bổ sung thông tin về nhiều loại nấm khác nhau gây bệnh trên cây lúa.

NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

Nguyên liệu

Thu 100 mẫu lúa có các vết bệnh đặc trưng tại vị trí: lá, thân, bông và cổ bông trên 8 giống lúa được gieo cấy phổ biến ở các huyện: Giồng Riềng, Châu Thành, Gò Quao, U minh Thượng, Tân Hiệp, Hòn Đất, thành phố Rạch Giá thuộc tỉnh Kiên Giang.

Phân lập và làm thuần nấm

Mẫu bệnh được cắt thành đoạn nhỏ, sau đó rửa bằng nước cất vô trùng 3 - 4 lần. Dùng bông thấm cồn 70° rửa nhẹ trên bề mặt mẫu trong 2 - 3 giây. Mẫu được cấy vào đĩa thạch môi trường PDA (bổ sung kháng sinh chloramphenicol). Các đĩa phân lập được ủ ở nhiệt độ phòng trong 5 ngày để nấm phát triển, kích thích sự hình thành bào tử nấm. Theo dõi sự phát triển của hệ sợi nấm trên môi trường và tiến hành cấy chuyển để làm thuần. Kiểm tra tính thuần và giữ giống trong môi trường PDA thạch nghiêng ở 4°C (Harmon *et al.*, 2003).

Tách chiết DNA từ nấm

Mẫu nấm được nuôi tăng sinh trên môi trường PDA lỏng ở 28°C đến khi có bào tử. Sau đó, cho khoảng 50 mg tán nấm đã tăng sinh vào Eppendorf 1,5 mL, thêm 0,8 mL đệm CTAB (Doyle, Doyle, 1987) vortex mạnh và ủ ở 60°C/60 phút, ly tâm thu dịch. Để loại bỏ protein thêm 600 µL Phenol:Chloroform:Isoamyl alcohol (25:24:1) ly tâm thu pha dịch trên cùng. Tiếp tục rửa DNA bằng Isopropanol (1:1). Tủa DNA được rửa 2 lần bằng ethanol 70% và hòa trong 50 µL nước (nuclease free) hoặc TE buffer trộn đều và bảo quản ở -20°C (Trần Nhân Dũng, 2011).

Thực hiện phản ứng PCR

Phản ứng PCR đã được thực hiện với cặp mồi ITS. Mỗi phản ứng PCR có tổng thể tích 25 µL chứa 12,5 µL Mytaq Mix 2X, 9,5µl nước MiliQ, 1 µL mồi ITS 1F, 1µL mồi ITS 4R và 1 µL DNA (Kachroo *et al.*, 1994). Các mồi đều được chuẩn bị ở nồng độ 10 µM. Các phản ứng PCR được thực hiện trên máy PCR PTC-100 (MJ Research Inc.)

Sản phẩm PCR điện di trên gel agarose 1% được chuẩn bị bằng đệm TAE 1X và chứa 0,5 mg/mL ethidium bromide, ở điện thế 100V trong 30 - 40 phút. Bản gel được kiểm tra dưới ánh sáng tử ngoại (UV) và được chụp hình lại.

Phân tích số liệu

Các trình tự ITS của mẫu nghiên cứu được so sánh với trình tự trong ngân hàng gen bằng công cụ tìm kiếm BLAST. Trình tự ITS của mẫu nghiên cứu cùng với trình tự ITS lấy từ Genbank của các loài có mức độ tương đồng cao nhất trong kết quả tìm kiếm bằng BLAST, được sắp xếp lại (Alignment) bằng chương trình Clustal v1.8 trong Bioedit.

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Kết quả phân lập và quan sát hình thái các dòng nấm

Dựa vào các triệu chứng bệnh đặc trưng ở lúa, thu thập được 100 mẫu bệnh trên các giống lúa Jasmine, Đài thơm, 5451, Lài thơm, Long Hồ 8, NPT, 4900, Nhật.

Bảng 1. Mẫu lá lúa bị nhiễm bệnh thu tại đồng ruộng

STT	Địa điểm	Số lượng	Mô tả triệu chứng
1	Huyện Giồng Riềng	16	Vết bệnh là các đốm nhỏ hình tròn, màu nâu vàng ở rìa, ở giữa có màu trắng xám.
2	Huyện Châu Thành	14	Vết bệnh dài, hình thoi, rìa màu nâu đậm.
3	Huyện Gò Quao	10	Vết bệnh nhỏ, dài, ở rìa có màu nâu, tâm có màu trắng xám.
4	Thị trấn Minh Lương	1	Vết bệnh là các đốm tròn hoặc dài hình thoi, xuất hiện nhiều, rìa màu nâu, tâm có màu trắng xám.
5	Đường ven phía Nam	3	Vết bệnh dài, hình thoi, rìa màu nâu đậm.
6	Huyện U Minh Thượng	3	Vết bệnh dài, hình thoi, rìa màu nâu đậm.
7	Huyện Tân Hiệp	5	Vết bệnh là các đốm tròn hoặc dài hình thoi, xuất hiện nhiều, rìa màu nâu, tâm có màu trắng xám.
8	Huyện An Bình	3	Vết bệnh dài, hình thoi, rìa màu nâu đậm.
9	Huyện Hòn Đất	33	Vết bệnh là các đốm tròn hoặc dài hình thoi, xuất hiện nhiều, rìa màu nâu, tâm có màu trắng xám.
10	Huyện Rạch Giá	12	Vết bệnh là các đốm tròn hoặc dài hình thoi, xuất hiện nhiều, rìa màu nâu, tâm có màu trắng xám.

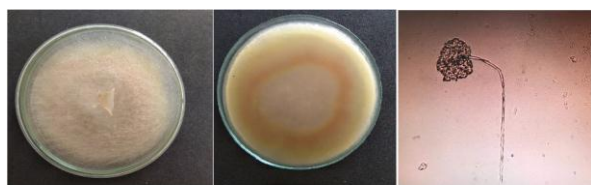
Từ kết quả thu được 100 mẫu bệnh đã phân lập và làm thuần được 8 nhóm nấm bệnh dựa vào màu sắc và quan sát hình thái. Đặc điểm khuẩn ty và bào tử của các dòng nấm được mô tả ở bảng 2. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử của các dòng nấm phân lập được ký hiệu KG 3.1.3; KG 5.3.3.2; KG 10.1.1; KG 11.1.3; KG 23.3.2; KG 1.2.1; KG 35.1.4 và KG 35.3.1 được trình bày lần lượt trong các Hình 1; 2; 3; 4; 5; 6; 7; 8 (a: mặt phải, b: mặt trái, c: hình thái bào tử).

Kết quả định danh các dòng nấm bằng phương pháp sinh học phân tử

Kết quả phân ứng PCR

Sản phẩm PCR có hàm lượng cao và cho 1 band sắc nét. Kích thước ước lượng vào khoảng 500-600 bp so với thang chuẩn DNA. Điều này phù hợp với các nghiên cứu trước khi sử dụng cặp mồi chung ITS1 và ITS4 để

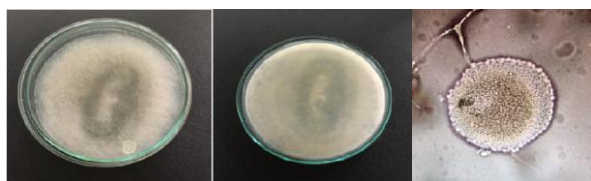
khuếch đại gene ITS1, 5.8S và ITS2 trên các dòng nấm là khoảng 500-600 bp. Dựa vào nghiên cứu của Korabecna (2007), trình tự và độ dài vùng ITS của từng loài rất khác nhau, kết hợp với phổ điện di thể hiện kích thước đoạn ITS của các chi nấm có sự khác biệt rất rõ ràng. Vì vậy, có thể kết luận rằng các mẫu lúa bị nhiễm nhiều loài nấm khác nhau.



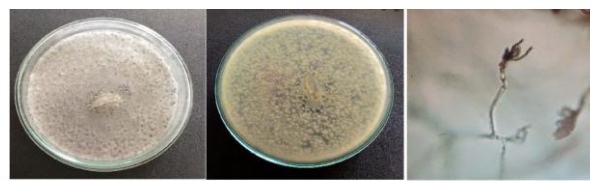
Hình 1. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 3.1.3



Hình 2. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 5.3.3.2



Hình 3. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 10.1.1



Hình 4. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 11.1.3



Hình 5. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 23.3.2



Hình 6. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 1.2.1



Hình 7. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 35.1.4



Hình 8. Hình thái nấm trên môi trường PDA và hình thái bào tử KG 35.3.1

Kết quả giải trình tự gene ITS

Sau khi gửi sản phẩm đã PCR để giải trình tự DNA tại công ty CNSH Nam Khoa thì kết quả được gửi về và được xử lý bằng các phần mềm chuyên dụng như phần mềm DNASTar Lasergene 14.0 và Ngân hàng Gen <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>.

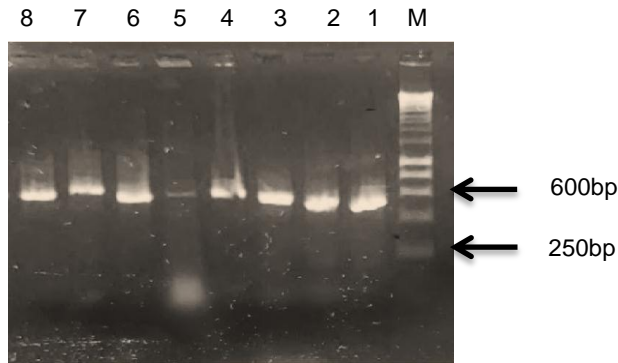
Chủng nấm KG 35.1.4 có mối quan hệ gần nhất với loài *Penicillium oxalicum* GU078430.1 mức độ tương đồng là 98.95%, *Penicillium oxalicum* MN795755.1 có độ tương đồng 98.62%. Chủng nấm KG 11.1.3 có mối quan hệ gần nhất với loài *Penicillium citrinum* MN396716.1, *Penicillium citrinum* MN398977.1 có mức độ tương đồng là 100%. Dựa vào kết quả đặc điểm hình thái học thì chủng KG 11.1.3 và chủng KG 11.1.3 thuộc chi *Penicillium* được tìm thấy trên các loại cây ngũ cốc và đất (Houbraken *et al.*, 2010), là tác nhân gây bệnh trên ngô và dưa chuột (Sabuquillo *et al.*, 2006). Nó có thể được sử dụng như một tác nhân kiểm soát sinh học chống lại mầm bệnh hoặc sâu bệnh có liên quan đến nông nghiệp (De Cal *et al.*, 1997).

Chủng nấm KG 35.3.1 có mối quan hệ gần nhất với loài *Aspergillus aculeatus* MH634496.1 có mức độ tương đồng là 100%, *Aspergillus sp.* AB734794.1, *Aspergillus niger* FJ037755.1 có mức độ tương đồng là 99.82%. Chủng nấm KG 1.2.1 có mối quan hệ gần nhất với loài *Aspergillus oryzae* MK503967.1 có mức độ tương đồng là 99.83%, *Aspergillus oryzae* MT558944.1 có mức độ tương đồng là 99.63%. Dựa vào kết quả đặc điểm hình thái học thì chủng KG 35.3.1 và chủng KG 1.2.1 thuộc chi *Aspergillus sp.* là tác nhân gây hại trên cây thực vật được phân lập từ thực vật và đất thổi rửa (Baba *et al.*, 2015).

Chủng nấm KG 3.1.3 có mối quan hệ gần nhất với loài *Fusarium proliferatum* MN567668.1 có mức độ tương đồng là 100%, *Fusarium proliferatum* MN272281.1 có mức độ tương đồng là 100%. Dựa vào kết quả đặc điểm hình thái học thì chủng KG 3.1.3 là loài *Fusarium proliferatum* là tác nhân gây ra bệnh thối rễ trên các cây thực vật như lúa, ngô, đậu tương (Gams, Nirenberg, 1989).

Bảng 2. Đặc điểm hình thái của các dòng nấm phân lập được từ lúa

Dòng nấm	Đặc điểm khuẩn ty	Đặc điểm bào tử
KG 3.1.3	Khuẩn lạc màu trắng tròn, giữa tâm có màu vàng nhạt, tơ nấm mỏng mọc sát mặt môi trường.	Bào tử hình cầu, bào tử đính hình cầu, kết thành từng chuỗi, cuống bào tử đính trong suốt, bong đính giá dạng hình cầu.
KG 5.3.3.2	Khuẩn lạc tròn, sợi tơ nấm mỏng tơ mọc thẳng, màu vàng.	Bào tử đính hình cầu, kết thành chuỗi, cuống bào tử đính bong và trong suốt, đính giá dạng hình cầu
KG 10.1.1	Khuẩn lạc màu trắng đến vàng, phân nhánh, phát triển bao phủ bên ngoài cơ chất, tạo một lớp mốc trắng, chứa nhiều nhân, không có vách ngăn.	Túi bào tử là hyaline, vách trơn, kết thành từng chuỗi, cuống bào tử đính trong suốt.
KG 11.1.3	Khuẩn lạc tròn, hạt trắng, dày, mọc sát mặt môi trường bìa màu vàng nhạt, khuẩn lạc có các rãnh nhỏ.	Bào tử đính kết chuỗi dài đính vào đầu sợi nấm bằng đầu bào tử đính phân nhánh.
KG 23.3.2	Khuẩn lạc màu xám nâu đến màu đen, trên bề mặt phủ một lớp sợi nấm mịn và dày như lông tơ, mặt đáy có màu đen đến đen sạm.	Túi bào tử thường đơn hoặc thích hợp, kết hợp thành khối. Cuống bào tử đính trong suốt, đơn bào. Bào tử khi trưởng thành có vách ngăn ở giữa, có nhiều sọc dài theo chiều dọc.
KG 1.2.1	Khuẩn lạc màu vàng nhạt sau chuyển sang màu xanh lục, phần mép hệ sợi màu trắng, có dạng bột rời, xung quanh rìa có giọt tiết màu trắng đục, trong.	Bào tử có dạng hình cầu, toả tia, tạo thành các cột với những chuỗi bào tử rất dài. Bong đính hình cầu, mang thể bình xếp thành tia sát nhau trên toàn bộ mặt bong.
KG 35.1.4	Khuẩn lạc màu trắng ngà, mặt dạng nhung, mặt dưới không màu, nấm sát môi trường thạch. Không tiết sắc tố.	Giá bào tử trần mang cuống thể bình và thể bình, bào tử hình cầu, có màu xanh lục.
KG 35.3.1	Khuẩn lạc màu nâu đen, hệ sợi màu trắng, mặt dạng xốp, phân nhánh. Mặt dưới màu trắng, không tiết sắc tố.	Bề mặt cuống nhẵn, không màu, có màu nâu gần sát bong. Bào tử có dạng hình cầu, màu nâu nhạt.



Hình 9. Phổ điện di của đoạn ITS được khuếch đại của 8 dòng nấm

M: thang chuẩn, 1: KG 3.1.3; 2: KG 5.3.3.2; 3: KG 10.1.1; 4: KG 11.1.3; 5: KG 23.3.2; 6: KG 1.2.1; 7: KG 35.1.4 và 8: KG 35.3.1

Chủng nấm KG 10.1.1 có mối quan hệ gần nhất với loài *Mucor irregularis* MN081613.1 có mức độ tương đồng là 100%, *Mucor irregularis* MN081612.1 có mức độ tương đồng là 100%, *Mucor irregularis* MH766398.1 có mức độ tương đồng là 100%. Dựa vào kết quả đặc điểm hình thái học thì chủng KG 10.1.1 là loài *Mucor irregularis*, một loài nấm sống trên xác bã thực vật (bánh mì, thức ăn nấu sẵn) hay xác bã động vật, ngoài ra chúng còn gây ra một số bệnh trên thực vật bậc cao và động vật (Lu *et al.*, 2013).

Chủng nấm KG 23.3.2 có mối quan hệ gần nhất với loài *Lasiodiplodia theobromae* MT012833.1, *Lasiodiplodia theobromae* LC468781.1, *Lasiodiplodia theobromae* LC468780.1 có mức độ tương đồng là 100%. Dựa vào kết quả đặc điểm hình thái thì chủng KG 23.3.2 là loài *Lasiodiplodia theobromae*, một mầm bệnh thực vật với phạm

vi ký chủ rất rộng. Nó gây ra thối rữa và chết ở hầu hết các loài mà nó lây nhiễm. Đây là một bệnh nấm sau thu hoạch phổ biến của cây có múi được gọi là thối thân (Rodríguez-Gálvez *et al.*, 2014).

Chủng nấm KG 5.3.3.2 có mối quan hệ gần nhất với loài *Neurospora intermedia* KT844678.1, *Neurospora intermedia* KT844677.1, *Neurospora intermedia* KT844676.1 có mức độ tương đồng là 100%. Dựa vào kết quả đặc điểm hình thái thì chủng KG 5.3.3.2 là loài *Neurospora intermedia*, một loại nấm mốc (Dodge, 1932), là vi sinh vật công nghiệp được sử dụng rộng rãi, đóng góp cho nền kinh tế toàn cầu thông qua việc sản xuất rất nhiều sản phẩm quan trọng như kháng sinh, enzyme, axit hữu cơ, thực phẩm cho người / động vật hoặc dược phẩm (Liao *et al.*, 2007).

Bảng 3. So sánh trình tự gene của các dòng nấm phân lập trên NCBI

Dòng nấm	Loài so sánh trên Genbank	Tương đồng (%)
KG 35.1.4	<i>Penicillium oxalicum</i>	98.95%
KG 35.3.1	<i>Aspergillus aculeatus</i>	100%
KG 3.1.3	<i>Fusarium proliferatum</i>	100%
KG 11.1.3	<i>Penicillium citrinum</i>	100%
KG 1.2.1	<i>Aspergillus oryzae</i>	99.82%
KG 10.1.1	<i>Mucor irregularis</i>	100%
KG 23.3.2	<i>Lasiodiplodia theobromae</i>	100%
KG 5.3.3.2	<i>Neurospora intermedia</i>	100%

Từ bảng 3 cho thấy 8 dòng nấm được giải trình tự đoạn gene ITS và được so sánh với ngân hàng gene trên NCBI, đã nhận diện được các dòng nấm gây hại ở mức độ loài là 2 dòng nấm thuộc chi *Penicillium*, 2 dòng nấm thuộc chi *Aspergillus*, 1 dòng nấm thuộc chi *Fusarium*, 1 dòng nấm thuộc chi *Lasiodiplodia*, 1 dòng nấm thuộc chi *Mucor*, 1 dòng nấm thuộc chi *Neurospor*.

KẾT LUẬN

Từ 100 mẫu lúa gồm lá, thân, hạt và cỏ bông thu thập tại tỉnh Kiên Giang đã phân lập được 8 nhóm nấm. Định danh bằng phương pháp giải trình tự đoạn gene bằng cặp mỗi ITS1/4 kết hợp với đặc điểm hình thái đã khẳng định được 8 dòng nấm hoại sinh hoặc gây bệnh trên cây lúa tại Kiên Giang bao gồm: *Penicillium oxalicum*, *Fusarium proliferatum*, *Neurospora intermedia*, *Aspergillus aculeatus*, *Penicillium citrinum*, *Lasiodiplodia theobromae*, *Aspergillus oryzae*, *Mucor irregularis*.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Baba Y, Sumitani J, Tani S, Kawaguchi T (2015). Characterization of *Aspergillus aculeatus* β -glucosidase 1 accelerating cellulose hydrolysis with *Trichoderma* cellulase system. *AMB Express* 5:3.
- De Cal A, Pascual S, Melgarejo P (1997) Involvement of resistance induction by *Penicillium oxalicum* in the biocontrol of tomato wilt. *Plant Pathol* 46:72-79.
- Doyle JJ, Doyle JL (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull* 19: 11-15.
- Dodge BO (1932). Crossing hermaphroditic races of *Neurospora*. *Mycol* 24(1): 7-13.
- Rodríguez-Gálvez E, Maldonado E, Alves a (2014). Identification and pathogenicity of *Lasiodiplodia theobromae* causing dieback of table grapes in Peru. *European J Plant Pathol* 141(3): 477-489.
- Gams W, Nirenberg HI (1989) A contribution to the generic definition of *Fusarium*. *Mycotaxon* 35: 407-416.
- Harmon PF, Dunkle LD, Latin R (2003) A rapid PCR based method for the detection of *Magnaporthe oryzae* from infected perennial ryegrass. *Plant Disease* 87(9): 1072-1076.
- Houbraken JAMP, Frisvad JC, Samson RA (2010). Taxonomy of *Penicillium citrinum* and related species. *Fungal Diversity* 44: 117-133.
- Kachroo P, Leong SA, Chattoo BB (1994) Pot2, an inverted repeat transposon from the rice blast fungus *Magnaporthe grisea*. *Mol Gen Genet* 245: 339-348.
- Korabecna M (2007) The variability in the fungal ribosomal DNA (ITS1, ITS2, and 5.8 S rRNA Gene): Its biological meaning and application in medical mycology. *Communicating*.
- Liao W, Liu Y, Frear C, Chen S (2007). A new approach of pellet formation of a filamentous fungus-*Rhizopus oryzae*. *Bioresour Technol* 98: 3415-23.

Lu XL, Najafzadeh MJ, Dolatabadi S, et al (2013). Taxonomy and epidemiology of *Mucor irregularis*, agent of chronic cutaneous mucormycosis. *Persoonia* 30: 48-56.

Nguyễn Thị Trúc Phương (2016), Giải pháp tài chính thúc đẩy xuất khẩu gạo vùng Đồng bằng sông Cửu Long. *Tạp chí tài chính* 1: 79-81.

Nor AK, Madihah MZA, Shahrizim Z, Mohd TY and Nur AIMZ (2015) Morphological and molecular characterization of *Curvularia* and related species associated with leaf spot disease of rice in Peninsular Malaysia, *Rendiconti Lincei. Scienze Fisiche e Naturali*.

Ou SH (1972) Rice disease. Commonwealth mycological institute. England, 368 pages.

Sabuquillo P, Cal AD, Melgarejo P (2006). Biocontrol of tomato wilt by *Penicillium oxalicum* formulations in different crop conditions. *Biol Control* 37(3): 256-265.

Trần Nhân Dũng (2011). *Sổ tay Thực hành sinh học phân tử*. Nhà xuất bản Đại học Cần Thơ, 175 trang.

IDENTIFICATION OF THE FUNGUS CAUSING RICE IN ORYZA SATIVA KIEN GIANG PROVINCE

**Vu Thi Tuyet Nhung^{1,2*}, Le Quynh Loan¹, Huynh Thi Diep¹, Pham Anh Vu^{1,2},
Tran Thi My Ngoc, Tran Trung Kien¹, Nguyen Hoang Dung¹**

¹ Institute of Tropical Biology, Vietnam Academy of Science and Technology

² Graduate University of Science and Technology, Vietnam Academy of Science and Technology

SUMMARY

In this study, we collected samples of diseases with different symptoms in rice plants in Kien Giang province to identify pathogenic fungi based on morphological characteristics and molecular biology methods. From 100 samples of diseased rice collected, we isolated 8 strains of fungi, including: KG 3.1.3, KG 5.3.3.2, KG 10.1.1, KG 11.1.3, KG 23.3.2, KG 1.2.1, KG 35.1.4, KG 35.3.1. ITS gene sequence analysis showed results: strain KG 3.1.3 is *Fusarium proliferatum* with 98.95% genetic similarities; strain KG 5.3.23 is *Neurospora intermedia* which has 100% similarities; strain KG 10.1.1 is *Mucor irregularis* species with 100% homologue; strain KG 11.1.3 is *Penicillium citrinum* species with 100% hom similarities; strain KG 23.3.2 is a species of *Lasiodiplodia theobromae* with 100% similarities; strain KG 1.2.1 is *Aspergillus oryzae* with the similarity of 99.65%; strain KG 35.1.4 is *Penicillium oxalicum* with 100% homogeneity and KG 35.3.1 is *Aspergillus aculeatus* has 100% hom similarities. From the above results, it shows that the diseased in rice in Kien Giang province is caused by many fungi and manifests on the whole rice plant from roots, stems, leaves and seeds.

Keywords: Fungi disease, identify, ITS, Kien Giang, rice.

* Author for correspondence: Tel: +84982925298; Email: tuyetnhung161095@gmail.com