

PHÂN TÍCH DI TRUYỀN SRI LANKAN CASSAVA MOSAIC VIRUS TRÊN CÂY Sắn BỊ BỆNH KHẢM LÁ TẠI MIỀN TRUNG VIỆT NAM

Nguyễn Lê Quý Bảo, Trương Thị Hồng Hải, Hồ Ngọc Hân*

Viện Công nghệ sinh học, Đại học Huế, Thừa Thiên Huế, Việt Nam

TÓM TẮT

Bệnh khảm lá sắn đã lây lan rộng ở Việt Nam, ảnh hưởng nghiêm trọng đến ngành công nghiệp sắn. Dịch khảm lá sắn ở Việt Nam do một loại begomovirus, Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) gây ra. Phần lớn dữ liệu di truyền về SLCMV ở Việt Nam được thu thập ở vùng Đông Nam Bộ, trong khi dữ liệu di truyền của SLCMV ở hai vùng trồng sắn trọng điểm khác: Bắc Trung Bộ và duyên hải Nam Trung Bộ nhìn chung vẫn còn thiếu. Nhằm hiểu rõ hơn về đặc tính di truyền của các chủng SLCMV gây bệnh khảm lá sắn ở miền Trung Việt Nam, chúng tôi đã thu thập mẫu sắn có biểu hiện bệnh khảm lá sắn tại hai tỉnh miền Trung: Thừa Thiên Huế và Bình Định. Sử dụng phương pháp PCR với các mồi đặc hiệu, DNA-A và DNA-B của SLCMV được phát hiện trên các mẫu sắn có biểu hiện bệnh. Giải trình tự bộ gen của SLCMV bằng phương pháp giải trình tự Sanger cho thấy các chủng SLCMV phân lập ở Thừa Thiên Huế (QTho01, mã GenBank PP437578 và PP421166) và Bình Định (BDinh01, mã GenBank PP446165 và PP446164) có mã di truyền giống đến hơn 99% so với các chủng SLCMV phân lập ở khu vực Đông Nam Á. Những kết quả này đóng góp vào cơ sở dữ liệu di truyền của begomovirus ở Việt Nam, cũng như hỗ trợ các nghiên cứu về phát hiện và chẩn đoán SLCMV bằng công cụ sinh học phân tử, giúp kiểm soát dịch bệnh.

Từ khóa: Begomovirus, Bình Định, khảm lá sắn, Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV), Thừa Thiên Huế.

MỞ ĐẦU

Sắn (*Manihot esculenta* Crantz) là một cây trồng quan trọng của Việt Nam. Xuất khẩu sắn và các sản phẩm từ sắn đạt hơn 1 tỷ đô trong 10 tháng đầu năm 2023, và dự kiến đạt 2 tỷ đô vào năm 2030 (Bộ NN&PTNT, 2024). Các vùng trồng sắn chủ lực bao gồm Bắc Trung bộ và duyên hải Nam Trung bộ, Tây Nguyên, Trung du miền núi phía Bắc và Đông Nam Bộ. Một số giống sắn cao sản chủ lực ở Việt Nam bao gồm KM94, KM140, KM149, KM419, SM937, KM98-1 và KM98-7. Đây là các giống sắn cho năng suất củ tươi và hàm lượng tinh bột cao (28-31%). Việt Nam đứng thứ hai trên thế giới về sản lượng sắn xuất khẩu, trong đó hơn 90% được xuất sang thị trường Trung Quốc.

Tại Việt Nam, bệnh khảm lá sắn được phát hiện đầu tiên năm 2017 ở huyện Tân Châu, Tây Ninh (Uke *et al.*, 2018) với 102 ha nhiễm bệnh. Đầu năm 2018, bệnh lan ra Bình Dương và một số tỉnh thành lân cận. Đến 2022, dịch bệnh khảm lá sắn đã lan ra 26 tỉnh thành, ảnh hưởng đến khoảng 15% diện tích trồng sắn của Việt Nam và làm sụt giảm hơn 15% năng suất sắn tươi, hàm lượng tinh bột giảm 22-38% (Uke *et al.*, 2022). Trên giống sắn chủ lực KM94, bệnh khảm lá sắn làm năng suất giảm 13-19% và hàm lượng tinh bột giảm đến 19% (Trịnh Xuân Hoạt *et al.*, 2021a). Các nghiên cứu di truyền cho thấy dịch khảm lá sắn ở Việt Nam gây ra bởi Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV), một trong hai loại virus chính gây bệnh khảm lá sắn ở châu Á. Phương thức lây truyền của SLCMV bao gồm việc sử dụng hom giống nhiễm bệnh và lây truyền thông qua môi giới bọ phấn trắng mang SLCMV (Trịnh Xuân Hoạt *et al.*, 2021b). Hiện nay, biện pháp chủ yếu để kiểm soát bệnh là sử dụng hom giống sạch bệnh, phát triển và nhân nhanh các giống kháng bệnh. Ngoài ra, các biện pháp quản lý dịch bệnh tổng hợp cũng đang được nghiên cứu.

SLCMV có bản chất di truyền gồm hai phân tử DNA vòng sợi đơn: DNA-A và DNA-B, mỗi phân tử dài khoảng 2,7 kb. DNA-A mã hóa 6 protein quan trọng. Sáu gen này được sắp xếp theo hai chiều ngược nhau: AV1, AV2, AC1, AC2, AC3 và AC4. Gen AV1 mã hóa protein cấu trúc, là thành phần chính của vỏ protein của virus (Stanley & Gay, 1983). Gen AV2 mã hóa protein chưa rõ chức năng nhưng có vẻ cần thiết cho việc ức chế hệ miễn dịch của cây (Luna *et al.*, 2012). Gen AC1 (Rep) mã hóa protein có vai trò quan trọng trong quá trình nhân đôi DNA của virus (Lazarowitz *et al.*, 1992). AC2 (TrAP) giúp kích hoạt sự phiên mã của các gen biểu hiện muộn của virus. AC3 (REn) tương tác với các protein chu kỳ tế bào trong cây và hỗ trợ hoạt động của AC1. AC4 có rất nhiều chức năng, bao gồm ức chế hệ miễn dịch của tế bào, điều chỉnh chu kỳ tế bào, vận chuyển của virus bên trong tế bào và liên quan đến biểu hiện triệu chứng bệnh (Fondong, 2022). DNA-B chỉ mang 2 gen, sắp xếp theo 2 chiều ngược nhau: BV1 và BC1. Protein BV1 giúp vận chuyển bộ gen virus vào và ra khỏi nhân tế bào (Zhou *et al.*, 2007). Mặt khác, BC1 giúp vận chuyển bộ gen của virus giữa các tế bào ký chủ (Zhou *et al.*, 2011).

So với Thái Lan và Campuchia, cơ sở dữ liệu di truyền của SLCMV ở Việt Nam còn hạn chế. Bộ gen đầy đủ của SLCMV ở Việt Nam đã được phân tích ở một số tỉnh như Tây Ninh, Củ Chi, Ninh Thuận (Nguyễn Thanh Việt *et*

et al., 2020; Trịnh Xuân Hoạt *et al.*, 2021a) và Nghệ An (Nguyễn Văn Liêm *et al.*, 2022). Nhằm hiểu rõ hơn về đặc tính di truyền của SLCMV ở các vùng trồng sản trọng điểm của Việt Nam, chúng tôi đã phân lập và giải trình tự của SLCMV trên cây sắn biểu hiện bệnh khảm lá sắn ở hai tỉnh miền Trung Việt Nam: Thừa Thiên Huế và Bình Định. Nghiên cứu này góp phần xây dựng bộ cơ sở dữ liệu di truyền của SLCMV ở Việt Nam, tiến tới kiểm soát tốt hơn dịch bệnh trên cây sắn. Việc xây dựng bộ cơ sở dữ liệu di truyền của SLCMV ở các vùng địa lý khác nhau cũng giúp theo dõi tốc độ tiến hóa của virus, cũng như khả năng virus tái tổ hợp với các begomovirus khác, tạo ra các loại virus mới với khả năng gây hại cho nhiều loại cây trồng khác (Tiendrébéogo *et al.*, 2012).

NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Nguyên liệu

Mẫu lá sắn KM94 biểu hiện bệnh khảm lá sắn được thu thập tại xã Quảng Thọ, huyện Quảng Điền, tỉnh Thừa Thiên Huế và xã Mỹ Chánh, huyện Phù Mỹ, tỉnh Bình Định, Việt Nam từ khoảng tháng 3 đến tháng 5 năm 2023. Các biểu hiện bệnh bao gồm lá bị khảm, vàng, biến dạng, lá nhỏ (Hình 1) và cây còi cọc.

Phương pháp nghiên cứu

Phương pháp tách chiết DNA tổng số

DNA tổng số được tách từ lá sắn bị nhiễm SLCMV theo phương pháp CTAB của Doyle và Doyle (1987). Cụ thể, 1 g lá (từ 1 cây sắn có biểu hiện bệnh) được cắt thành từng mảnh nhỏ và nghiền với 500 μ L đệm chiết CTAB (2% CTAB, 1,4 M NaCl, 20 mM EDTA và 100 mM Tris-HCl, pH 8,0). Mẫu DNA được tinh sạch bằng cách chiết 2 lần với cùng thể tích hỗn hợp chloroform : isoamylalcohol (24:1) và DNA được kết tủa bằng 2/3 thể tích isopropanol ở -20°C . Kết tủa DNA được ly tâm 13.000 vòng/phút trong 10 phút và rửa hai lần với ethanol (70%). Sau đó, kết tủa được hòa tan trong 100 μ L đệm TE (10 mM Tris-HCl, 1 mM Na_2EDTA , pH 7,5). Nồng độ và độ tinh sạch của DNA tổng số được xác định bằng phương pháp quang phổ (NanoDrop ND-1000, Thermo, Hoa Kỳ).

Phương pháp khuếch đại và giải trình tự bộ gen SLCMV

Bộ gen SLCMV được khuếch đại bởi sáu cặp mồi (Bảng 1, Uke *et al.*, 2018). PCR (20 μ L) bao gồm 1x đệm Phusion HF; 20 ng DNA tổng số; 200 μ M dNTPs; 0,5 μ M mồi xuôi/ngược; 0,4 đơn vị Phusion High-Fidelity DNA polymerase. Phản ứng được thực hiện trong máy luân nhiệt: 98°C - 30 s; 35 chu kỳ lặp lại (98°C - 5 s, 58°C - 15 s và 72°C - 45 s); 72°C - 5 phút (SimpliAmpTM, ThermoFisher, Hoa Kỳ). Sản phẩm PCR được phân tích bằng phương pháp điện di (gel agarose 1,5% w/v) trong đệm TBE 0,5X, nhuộm bằng dung dịch ethidium bromide (Biobasic, Canada) và chụp bằng hệ thống chụp gel Vilber, Bio print CX4 (Pháp). DNA được giải trình tự bằng phương pháp Sanger và mã di truyền của DNA-A và DNA-B được lắp ghép bằng phần mềm Cap3 (Huang & Madan, 1999) và SnapGene (Dotmatics, Hoa Kỳ). Trình tự DNA sau khi hoàn thiện được so sánh với các trình tự DNA của SLCMV trên cơ sở dữ liệu GenBank, sử dụng công cụ BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) và MEGA11.

Bảng 1. Các cặp mồi đặc hiệu để khuếch đại DNA-A và DNA-B của SLCMV (Uke *et al.*, 2018)

Sản phẩm PCR	Mồi xuôi	Trình tự (5'-3')	Mồi ngược	Trình tự (5'-3')
A1 (1177 bp)	SLCMV_A_F1	CCATGAATCGGAAGCCCA	SLCMV_A_R1	ATGCGACCTTCATCTCCCTC
A2 (1171 bp)	SLCMV_A_F2	CTGAGCTGCAGTGATGAGTTCC	SLCMV_A_R2	TGAGAAACCCACGATTCAGAATTC
A3 (1049 bp)	SLCMV_A_F3	TTGTGATGTAGGACTTGACGTC	SLCMV_A_R3	TCAGAGATGCACATGACCTTACC
B1 (1114 bp)	SLCMV_B_F1	GGAGATCGTATAATGCCGGTAAG	SLCMV_B_R1	GAGAGGGACATTGATTTCTGGT
B2 (1184 bp)	SLCMV_B_F2	CCTCGCTTTAACGGCCCAT	SLCMV_B_R2	CAAGAAATGTGTGCGACTATCCAG
B3 (1040 bp)	SLCMV_B_F3	GATGACTCTGGTTAAGCCCTCTAGTAGTA	SLCMV_B_R3	CGGTCCAATTGATCCTCCGATA

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Dấu hiệu bệnh khảm lá sắn trên sắn KM94 ở Thừa Thiên Huế và Bình Định

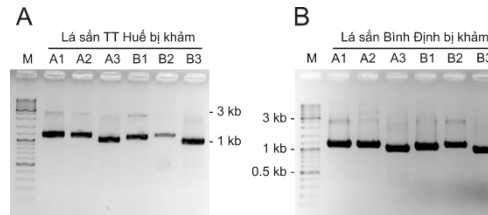
Khảo sát sơ bộ tại ruộng sắn ở huyện Quảng Điền (Thừa Thiên Huế) và huyện Phù Mỹ (Bình Định) cho thấy phần lớn cây sắn (3-5 tuần tuổi) tại ruộng khảo sát có các biểu hiện của bệnh khảm lá sắn. Các biểu hiện này bao gồm lá khảm vàng, lá nhỏ, bị xoắn, biến dạng, tương tự với các triệu chứng bệnh khảm lá sắn được phát hiện ở Tây Ninh và Nghệ An (Uke *et al.*, 2018; Nguyễn Thanh Việt *et al.*, 2020; Nguyễn Văn Liêm *et al.*, 2022).



Hình 1. Mẫu sản nhiễm bệnh khảm lá tại (A, B) Thừa Thiên Huế và (C) Bình Định, miền Trung Việt Nam

Phát hiện DNA của SLCMV bằng phương pháp PCR

Mã di truyền của SLCMV bao gồm 2 phân tử DNA vòng sợi đơn: DNA-A và DNA-B, mỗi phân tử dài hơn 2700 nucleotide. Khi DNA tổng số được tách chiết từ lá sản có biểu hiện bệnh khảm, các phản ứng PCR với mỗi đặc hiệu đều tạo ra các băng DNA với chiều dài tương ứng với DNA-A và DNA-B của SLCMV (Hình 2, Bảng 1). Do đó, DNA của SLCMV hiện diện trên các cây sản nhiễm bệnh ở Thừa Thiên Huế và Bình Định.



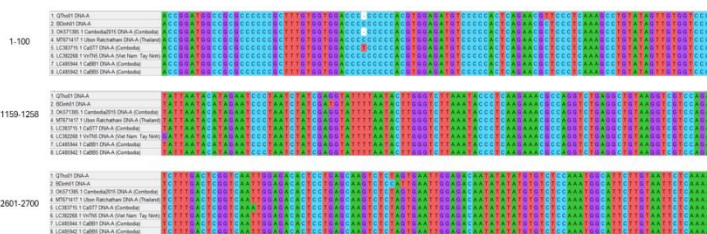
Hình 2. Sự hiện diện của SLCMV trên mẫu lá sản biểu hiện bệnh tại (A) Thừa Thiên Huế (TT Huế) và (B) Bình Định được kiểm tra bằng phương pháp PCR. A1, A2, A3, B1, B2, B3: sản phẩm PCR đặc hiệu (Bảng 1); M: thang DNA

Trình tự DNA-A của SLCMV trên sản ở Thừa Thiên Huế và Bình Định

DNA-A của SLCMV từ Quảng Điền, Thừa Thiên Huế (isolate QTho01, GenBank PP437578) và Phù Mỹ, Bình Định (isolate BĐinh01, GenBank PP446165) có kích thước lần lượt là 2.757 và 2.758 nucleotide. Hai phân tử DNA-A này được dự đoán chứa sáu vùng đọc mở tương ứng với các gen AV1 (29,8 kDa), AV2 (13,5 kDa), AC1 (38,9 kDa) AC2 (15,0 kDa), AC3 (15,9 kDa) và AC4 (10,7 kDa), tương tự như DNA-A từ các chủng SLCMV khác. Trình tự DNA-A của hai chủng SLCMV isolate QTho01 và BĐinh01 có mức độ giống nhau đến 99,49% (Bảng 2). DNA-A của SLCMV isolate QTho01 có mức độ giống nhau hơn 99,7% so với nhiều chủng SLCMV ở Campuchia, Thái Lan và Việt Nam (Bảng 2), trong đó cao nhất là 99,85 (isolate Cambodia2015). Các chủng SLCMV có độ giống nhau cao với QTho01 cũng thể hiện độ giống nhau cao với BĐinh01 ($\geq 99,6\%$, Bảng 2). Kết quả này tương đồng với sự giống hàng trình tự, khi sự khác biệt về nucleotide giữa DNA-A từ QTho01 và BĐinh01 so với các chủng trong khu vực là không nhiều (Hình 3).

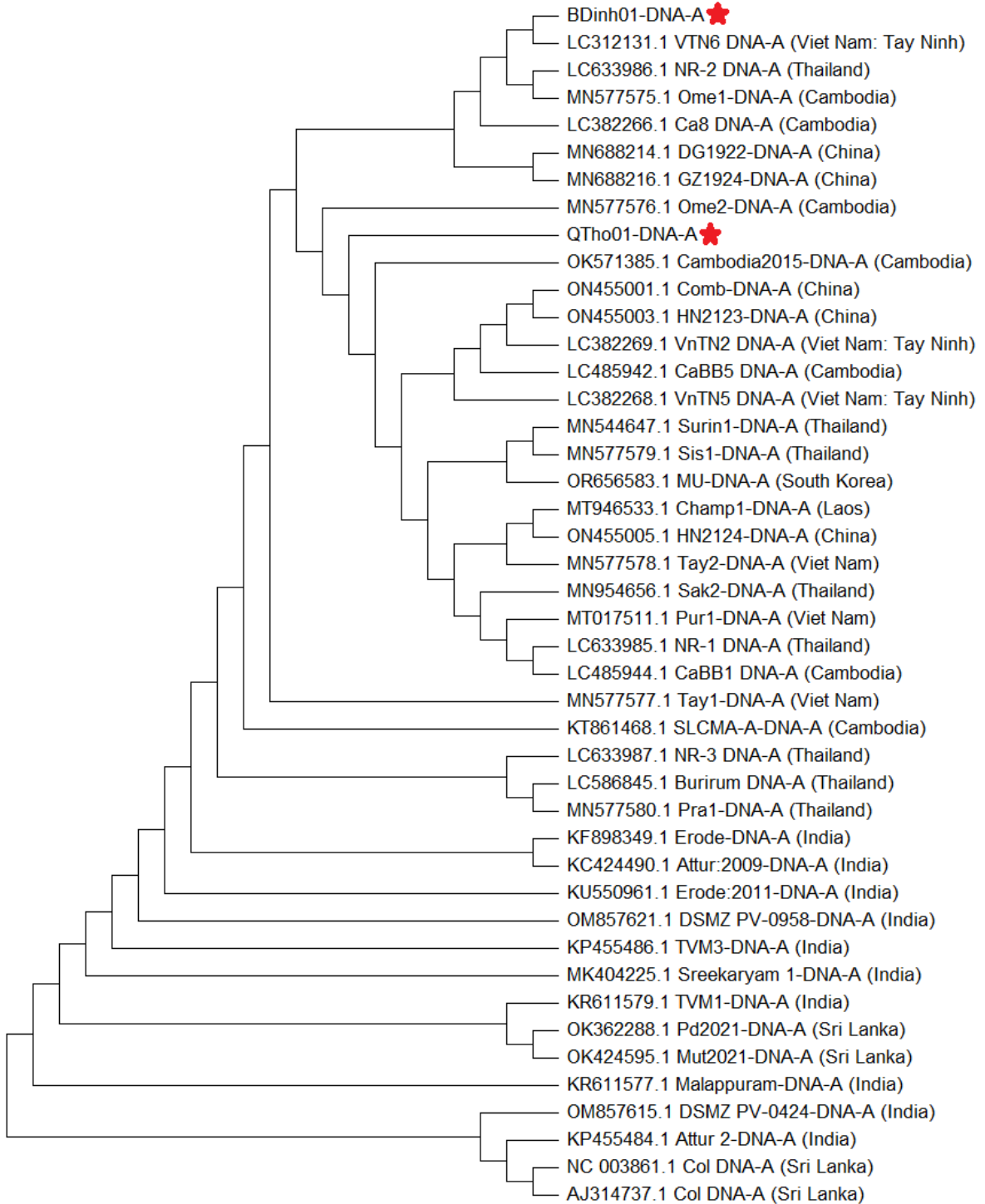
Bảng 2. Độ giống nhau giữa DNA-A của SLCMV isolate QTho01, BĐinh01 và các chủng SLCMV trong khu vực.

STT	SLCMV (GenBank accession)	Nước	Độ giống nhau với DNA-A của SLCMV (%)	
			Isolate QTho01 (PP437578)	Isolate BĐinh01 (PP446165)
1	Cambodia2015 (OK571385)	Campuchia	99,85	99,64
2	Ubon Ratchathani (MT671417)	Thái Lan	99,82	99,67
3	CaST7 (LC383715)	Campuchia	99,78	99,60
4	VnTN5 (LC382268)	Việt Nam	99,78	99,64
5	CaBB1 (LC485944)	Campuchia	99,78	99,64
6	CaBB5 (LC485942)	Campuchia	99,78	99,64
7	QTho01 (PP437578)	Việt Nam	100	99,49



Hình 3. Sự khác biệt giữa trình tự nucleotide của DNA-A QTho01 và BĐinh01 với một số chủng SLCMV trong khu vực Đông Nam Á

Cây phát sinh loài được xây dựng bằng cách so sánh trình tự nucleotide hoàn chỉnh của DNA-A từ các chủng SLCMV (Hình 4). Chủng SLCMV QTho01 và BDinh01 được phân cụm gần với các chủng từ Campuchia, Thái Lan và Trung Quốc, thể hiện nguồn gốc chung của các chủng virus này. Các chủng SLCMV từ Ấn Độ, Sri Lanka và Hàn Quốc nằm ở những nhánh khác, phản ánh sự khác biệt về di truyền của SLCMV ở các khu vực này với các chủng ở miền Trung Việt Nam.



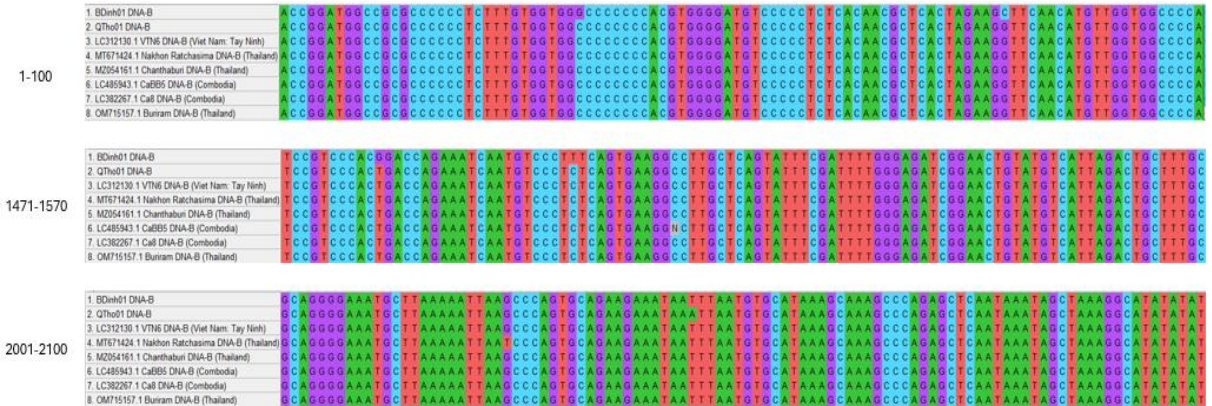
Hình 4. Cây phát sinh loài được xây dựng bằng phương pháp so sánh trình tự DNA-A hoàn chỉnh của một số chủng SLCMV bao gồm QTho01 và BDinh01

Trình tự DNA-B của SLCMV trên sắn ở Thừa Thiên Huế và Bình Định

DNA-B của SLCMV từ Quảng Điền, Thừa Thiên Huế (isolate QTho01, GenBank PP421166) và Phù Mỹ, Bình Định (isolate BĐinh01, GenBank PP446164) có cùng kích thước: 2.737 nucleotide. Hai phân tử DNA-B được dự đoán chứa hai vùng đọc mở, tương ứng với các gen *BV1* (29,9 kDa) và *BC1* (32,5 kDa). Trình tự DNA-B của SLCMV isolate QTho01 và BĐinh01 có mức độ giống nhau đến 99,67% (Bảng 3). Tương tự như DNA-A, DNA-B của SLCMV isolate QTho01 có mức độ giống nhau hơn 99,8% so với nhiều chủng SLCMV ở Campuchia, Thái Lan và Việt Nam (Bảng 3), trong đó cao nhất là 99,85 (isolate CaBB5). Các chủng SLCMV có độ giống nhau cao với QTho01 cũng thể hiện độ giống nhau cao với isolate BĐinh01 (≥ 99,7%, Bảng 3). Kết quả này tương đồng với sự giống hàng trình tự, khi sự khác biệt về nucleotide giữa DNA-B từ QTho01 và BĐinh01 so với các chủng trong khu vực là không nhiều (Hình 5).

Bảng 3. Độ giống nhau giữa DNA-B của SLCMV isolate QTho01, BĐinh01 và các chủng SLCMV trong khu vực

STT	SLCMV (GenBank accession)	Nước	Độ giống nhau với DNA-B của SLCMV (%)	
			Isolate QTho01 (PP421166)	Isolate BĐinh01 (PP446164)
1	CaBB5 (LC485943)	Campuchia	99,85	99,74
2	VTN6 (LC312130)	Việt Nam	99,85	99,74
3	Buriram (OM715157)	Thái Lan	99,85	99,74
4	Ca8 (LC382267)	Campuchia	99,82	99,71
5	Chanthaburi (MZ054161)	Thái Lan	99,82	99,71
6	Nakhon Ratchasima (MT671424)	Thái Lan	99,82	99,71
7	QTho01 (PP421166)	Việt Nam	100	99,67



Hình 5. Sự khác biệt giữa trình tự nucleotide của DNA-B QTho01 và BĐinh01 với một số chủng SLCMV trong khu vực Đông Nam Á

KẾT LUẬN

Kết quả PCR và giải trình tự đã phát hiện DNA-A và DNA-B của SLCMV trên mẫu sắn bị bệnh khảm lá tại xã Quảng Thọ, huyện Quảng Điền, tỉnh Thừa Thiên Huế và xã Mỹ Chánh, huyện Phù Mỹ, tỉnh Bình Định. Mã di truyền của SLCMV ở hai xã này có độ giống nhau cao với mã di truyền của các chủng SLCMV trong khu vực Đông Nam Á. Nghiên cứu này cung cấp thêm dữ liệu di truyền của các chủng SLCMV được phát hiện tại miền Trung Việt Nam, phục vụ công tác chẩn đoán và phòng trừ dịch khảm lá sắn.

Lời cảm ơn: Nghiên cứu này được tài trợ bởi Quỹ Phát triển khoa học và công nghệ Quốc gia (NAFOSTED) trong đề tài mã số 106.02-2023.89. Nhóm tác giả cảm ơn Nhóm nghiên cứu tiêu biểu Đại học Huế (NCTB.DHH.2024.03) đã hỗ trợ phí đăng bài.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Bộ NN&PTNT (2024) Quyết định Phê duyệt Đề án “Phát triển bền vững ngành hàng sắn đến năm 2030, tầm nhìn đến năm 2050”.
 Doyle JJ, Doyle JL (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull*, 19: 11-15.
 Fondong V N (2022). Chapter 19 - The diverse roles of the multifunctional C4/AC4 protein in geminivirus infection. In "Geminivirus : Detection, Diagnosis and Management" (R. K. Gaur, P. Sharma and H. Czosnek, eds.), 309-322. Academic Press.
 Huang X & Madan A (1999). CAP3: A DNA sequence assembly program. *Genome research*, 9(9): 868-877.

- Lazarowitz S G, Wu L C, Rogers S G, and Elmer J S (1992). Sequence-specific interaction with the viral AL1 protein identifies a geminivirus DNA replication origin. *Plant Cell* 4: 799-809.
- Luna A P, Morilla G, Voinnet O, and Bejarano E R (2012). Functional Analysis of Gene-Silencing Suppressors from Tomato Yellow Leaf Curl Disease Viruses. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 25: 1294-1306.
- Nguyễn Thanh Việt, Trần Kiên Cường, Nguyễn Thị Nhã, Thân Văn Thái (2020) Xác định đặc điểm di truyền học của Sri Lankan cassava mosaic virus gây bệnh khảm lá sắn tại Việt Nam. *Tạp chí Khoa học & Công nghệ* Số 9: 28-32.
- Nguyen Van Liem, Trinh Xuan Hoat, Le Quang Man, Nguyen Manh Hung, Ngo Quang Huy, Le Thi Hang, Mai Van Quan, Dao Thi Phuong Linh, Duong Thi Nguyen, Le Thi Kieu Oanh, Luu Thi Xuyen, Nguyen Viet Hung, Ayaka Uke, Pham Hong Hien, Tran Dinh Ha, Chetan Keswani & Thi Thu Hien Phan (2022). Molecular identification of Sri Lankan cassava mosaic virus causing mosaic disease of cassava in Nghe An province, Vietnam. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*.
- Stanley J. and Gay MR (1983) Nucleotide sequence of Cassava latent virus DNA. *Nature*, 301: 260–262.
- Tiendrébéogo F, Lefeuvre P, Hoareau M, Harimalala M A, Bruyn A D, Villemot J, Traore V S E, Konate G, Traore A S, Barro, N, Reynaud B, Traore O, Lett JM (2012). Evolution of African cassava mosaic virus by recombination between bipartite and monopartite begomoviruses. *Virology Journal* 9: 67.
- Trịnh Xuân Hoạt, Ngô Quang Huy, Nguyễn Mạnh Hùng, Lê Thị Hằng (2021a). MỘT SỐ KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VỀ GIẢI PHÁP SỬ DỤNG HỒM GIỐNG TRONG PHÒNG CHỐNG BỆNH KHẢM LÁ SẮN TẠI VIỆT NAM. *Tạp chí Bảo vệ thực vật*, 3: 44-52.
- Trịnh Xuân Hoạt, Nguyễn Chí Hiểu, Ngô Quang Huy, Nguyễn Đức Huy (2021b). Xác định phương thức lan truyền của Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) gây bệnh khảm lá sắn ở Việt Nam. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, 19(2): 206-214.
- Uke A, Hoat T X, Quan M V, Liem N V, Ugaki M, & Natsuaki K T (2018). First report of Sri Lankan cassava mosaic virus infecting cassava in Vietnam. *Plant Disease*, 102(12): 2669.
- Uke A, Tokunaga H, Utsumi Y, Vu N A, Nhan P T, Srean P, Hy N H, Ham L H, Lopez-Lavalle L A B, Ishitani M, Hung, N., Tuan, L. N., Van Hong, N., Huy, N. Q., Hoat, T. X., Takasu, K., Seki, M., and Ugaki, M. (2022). Cassava mosaic disease and its management in Southeast Asia. *Plant Mol Biol* 109: 301-311.
- Zhou Y C, Garrido-Ramirez E R, Sudarshana M R, Yendluri S, & Gilbertson R L (2007). The N-terminus of the begomovirus nuclear shuttle protein (BV1) determines virulence or avirulence in *Phaseolus vulgaris*. *Molecular plant-microbe interactions*, 20(12): 1523-1534.
- Zhou Y, Rojas M R, Park M R., Seo Y S, Lucas W J, & Gilbertson R L (2011). Histone H3 interacts and colocalizes with the nuclear shuttle protein and the movement protein of a geminivirus. *Journal of virology*, 85(22): 11821-11832.

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF SRI LANKAN CASSAVA MOSAIC VIRUS IN CASSAVA PLANTS IN CENTRAL VIETNAM

Nguyen Le Quy Bao, Truong Thi Hong Hai, Ho Ngoc Han*

Institute of Biotechnology, Hue University, Thua Thien Hue, Vietnam.

SUMMARY

Cassava mosaic disease has spread across Vietnam and is a major threat to the cassava industry. The disease outbreak in Vietnam is caused by Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV), a begomovirus first detected in Sri Lankan in 2002. Genetic data on SLCMV in Vietnam is primarily limited to the Eastern South Vietnam region, whereas SLCMV genetic data in Northern Central Vietnam and the coastal Southern Central Vietnam, two major cassava growing areas, remain lacking. To further understand the genetic features of SLCMV in central Vietnam, we collected symptomatic cassava samples in two provinces in central Vietnam: Thua Thien Hue and Binh Dinh. Using PCR with specific primers, we confirmed the presence of DNA-A and DNA-B of SLCMV in symptomatic leaves. SLCMV genome sequencing, using Sanger sequencing method, revealed that SLCMV isolates from Thua Thien Hue (QTho01, GenBank accession PP437578 and PP421166) and Binh Dinh (BDinh01, GenBank accession PP446165 and PP446164) had high percent identity (more than 99%) to those of other isolates in South East Asia. These results help build the genetic database of begomovirus in Vietnam, and support future works focusing on the early detection and diagnosis of SLCMV in cassava farms, in order to control viral spread.

Keywords: Begomovirus, Binh Dinh, cassava mosaic disease, Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV), Thua Thien Hue.

* Author for correspondence: Tel: +84-834328899; Email: hongochan@hueuni.edu.vn