

HIỆN TRẠNG VÀ TÁC ĐỘNG CỦA MỘT SỐ YẾU TỐ DỊCH TỄ ĐẾN BỆNH KHẢM LÁ SẮN (*Begomovirus stanleyi*) TẠI VIỆT NAM

Trần Văn Chiến^{1,2}, Lê Thị Lan Hương²,
Nguyễn Hoàng Trung Anh², Nguyễn Minh Trang², Trịnh Xuân Hoạt³, Hà Việt Cường^{1*}

¹Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

²Trung tâm Kiểm dịch thực vật sau nhập khẩu I, Cục Trồng trọt và Bảo vệ thực vật

³Viện Bảo vệ thực vật

*Tác giả liên hệ: hvcuongnh@vnua.edu.vn

Ngày nhận bài: 23.04.2025

Ngày chấp nhận đăng: 14.08.2025

TÓM TẮT

Bệnh khảm lá là bệnh nguy hiểm nhất trên sắn ở khắp thế giới, do ít nhất 11 virus thuộc chi *Begomovirus* gây ra. Tại Việt Nam, bệnh khảm lá sắn được ghi nhận lần đầu tiên tại Tây Ninh năm 2017 và nhanh chóng lây lan khắp cả nước. Mục tiêu của nghiên cứu này nhằm đánh giá hiện trạng bệnh khảm lá tại các vùng trồng sắn trọng điểm, xác định được yếu tố dịch tễ ảnh hưởng đến bệnh và khẳng định nguyên nhân gây bệnh. Điều tra đồng ruộng trong năm 2022 cho thấy, bệnh khảm lá xuất hiện tại 10/12 tỉnh điều tra với mức độ phổ biến bệnh trung bình 70,4%. Tỷ lệ bệnh (TLB), chỉ số bệnh (CSB) và mật độ bọ phấn (*Bemisia tabaci*) trưởng thành trung bình lần lượt là 75,4%; 2,80 và 2,51 con/cây. Phân tích thống kê cho thấy (i) giống sắn có ảnh hưởng đến TLB, CSB và mật độ bọ phấn, (ii) tuổi cây cũng ảnh hưởng đến CSB, (iii) cây trồng từ hom nhiễm có CSB cao hơn cây bị nhiễm bằng bọ phấn, (iv) mật độ bọ phấn trưởng thành ảnh hưởng nhẹ đến TLB nhưng không ảnh hưởng đến CSB. Kết quả kiểm tra 507 mẫu lá sắn thu thập bằng PCR và phân tích trình tự 15 mẫu virus đã khẳng định virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Begomovirus stanleyi*) là virus duy nhất gây bệnh khảm lá sắn tại Việt Nam cho đến thời điểm điều tra.

Từ khóa: Bệnh khảm lá sắn, *Begomovirus stanleyi*, *Bemisia tabaci*, điều tra dịch tễ, định danh phân tử.

Status And Impact of Epidemiological Factors on Cassava Mosaic Disease (*Begomovirus stanleyi*) in Vietnam

ABSTRACT

Cassava mosaic disease is the most serious disease affecting cassava worldwide and its is caused by at least 11 viruses belonging to the genus *Begomovirus*. In Vietnam, cassava mosaic disease was first reported in Tay Ninh province in 2017 and rapidly spread throughout the country. The objectives of this study were to assess the status of cassava mosaic disease in major cassava-growing regions, identify epidemiological factors influencing the disease, and confirm its causal agent. Field surveys conducted in 2022 showed that cassava mosaic disease was present in 10 out of 12 surveyed provinces, with an average disease prevalence of 70.4%. The average disease incidence (DI), disease severity index (DSI), and adult whitefly (*Bemisia tabaci*) density were 75.4%, 2.80, and 2.51 individuals per plant, respectively. Statistical analyses revealed that: (i) cassava variety determined DI, DSI, and whitefly density; (ii) plant age influenced DSI; (iii) plants propagated from infected cuttings had higher DSI than those infected via whiteflies; (iv) adult whitefly density had a slight effect on DI but no effect on DSI. PCR testing of 507 cassava leaf samples and sequencing of 15 virus isolates confirmed that Sri Lankan cassava mosaic virus (*Begomovirus stanleyi*) was the sole causal agent of cassava mosaic disease in Vietnam at the time of investigation.

Keywords: Cassava mosaic disease, *Begomovirus stanleyi*, *Bemisia tabaci*, epidemiological survey, molecular identification.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây sắn (*Manihot esculenta*) là cây lương

thực quan trọng thứ ba sau lúa và ngô tại Việt Nam (Nguyen & cs., 2021). Hiện nay, diện tích trồng sắn cả nước là khoảng 524,000ha được

trồng tập trung tại 5 vùng sinh thái nông nghiệp bao gồm Trung du miền núi phía Bắc, Bắc Trung bộ, Nam Trung bộ, Tây Nguyên và Đông Nam bộ (FAOSTAT, 2021; Đỗ Hương, 2022).

Bệnh khảm lá sắn là bệnh nguy hiểm nhất trên sắn khắp thế giới. Bệnh do ít nhất 11 virus thuộc chi *Begomovirus* (họ Germinividae) gây ra và có thể làm giảm năng suất củ tươi từ 20% đến 95% (Bisimwa & cs., 2015; Legg & cs., 2015). Cho tới trước năm 2015, tại châu Á, bệnh khảm lá sắn chỉ xuất hiện tại Tiểu lục địa Ấn Độ và do 2 begomovirus gây ra là virus khảm lá sắn Sri Lanka và virus khảm lá sắn Ấn Độ (tên virus tiếng Anh và tên virus viết tắt lần lượt là Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) và Indian cassava mosaic virus (ICMV)) (Saunders & cs., 2002; Dutt & cs., 2005). Năm 2015, bệnh khảm lá sắn được phát hiện thấy tại Campuchia và virus gây bệnh được xác định là SLCMV (Wang & cs., 2016). SLCMV thuộc loài *Begomovirus stanleyi* (danh pháp tên loài trước năm 2023 là *Sri Lankan cassava mosaic virus*). Virus nhanh chóng lây lan sang Việt Nam, được phát hiện đầu tiên tại tỉnh Tây Ninh năm 2017 (Uke & cs., 2018) và tiếp tục lan rộng khắp các vùng trồng sắn cả nước. Giống như các begomovirus gây bệnh khảm lá sắn khác, SLCMV không truyền qua hạt giống và tiếp xúc cơ học, nhưng truyền qua hom giống và bọ phấn (*Bemisia tabaci*) theo kiểu bền vững tuần hoàn (Legg & cs., 2015; Uke & cs., 2022).

Tại Việt Nam, chưa có nghiên cứu về dịch tễ bệnh khảm lá sắn một cách hệ thống cũng như xác định thành phần các begomovirus gây bệnh khảm lá tính đến thời điểm điều tra. Do vậy, các mục tiêu chính của nghiên cứu này là đánh giá hiện trạng bệnh khảm lá sắn tại các vùng trồng sắn trọng điểm, xác định được yếu tố dịch tễ ảnh hưởng đến bệnh và khẳng định nguyên nhân gây bệnh. Kết quả thu được sẽ cung cấp dữ liệu khoa học nhằm quản lý hiệu quả bệnh.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Điểm điều tra và chỉ tiêu đánh giá

Điều tra bệnh khảm lá được thực hiện từ tháng 5 năm 2022 đến tháng 9 năm 2022 tại 6 vùng sinh thái nông nghiệp với 12 tỉnh trồng

sắn trọng điểm của cả nước (Yên Bái, Hòa Bình, Sơn La, Vĩnh Phúc, Thanh Hóa, Quảng Ngãi, Phú Yên, Gia Lai, Đắk Lắk, Tây Ninh, Bình Dương và Đồng Nai). Tại mỗi tỉnh, huyện trồng sắn trọng điểm được chọn để điều tra. Tại mỗi huyện, 20 ruộng sắn ở giai đoạn sau khi trồng từ 3-6 tháng được điều tra, mỗi ruộng cách nhau tối thiểu 5km theo đường liên huyện hoặc liên xã. Tại mỗi ruộng, 30 cây sắn phân bố đều theo hai đường chéo góc được điều tra (Sseruwagi & cs., 2004).

Mức độ phổ biến của bệnh khảm lá được tính bằng tỷ lệ phần trăm số ruộng sắn có biểu hiện bệnh trên tổng số ruộng điều tra. Tỷ lệ bệnh (TLB) được tính bằng tỷ lệ phần trăm số cây có triệu chứng trên tổng số cây điều tra. Chỉ số bệnh (CSB) là cấp bệnh trung bình của các cây có triệu chứng, được đánh giá dựa trên thang phân cấp từ 1 đến 5 theo Hahn & cs. (1980). Cụ thể: cấp 1 - cây không có triệu chứng bệnh; cấp 2 - lá hơi đốm vàng và có biến dạng nhẹ ở phần gốc của hầu hết các lá, trong khi phần còn lại của lá và các lá chết vẫn giữ màu xanh bình thường; cấp 3 - triệu chứng khảm xuất hiện rõ rệt trên phần lớn các lá, kèm theo hiện tượng biến dạng và co rút ở khoảng một phần ba (1/3) phần gốc của các lá chết; cấp 4 - mức độ bệnh nặng hơn, với triệu chứng khảm và biến dạng lan rộng đến khoảng hai phần ba (2/3) diện tích các lá chết, đồng thời kích thước lá bị giảm đáng kể; cấp 5 - mức độ nghiêm trọng nhất, khi triệu chứng khảm và biến dạng xuất hiện trên bốn phần năm (4/5) hoặc nhiều hơn diện tích lá chết, các lá chết bị xoắn vặn và toàn bộ lá bị biến dạng.

Mật độ bọ phấn trưởng thành được xác định bằng số lượng cá thể xuất hiện trên 5 lá non phía trên cùng của cây, nơi chúng thường tập trung (Sseruwagi & cs., 2004). Hai phương thức lan truyền của bệnh khảm lá trên đồng ruộng được phân biệt dựa vào đặc điểm biểu hiện triệu chứng. Cụ thể, bệnh lan truyền qua hom giống nhằm làm cho toàn bộ lá trên cây đều biểu hiện triệu chứng điển hình; trong khi đó, nếu bệnh lan truyền qua bọ phấn, chỉ các lá phía trên ngọn cây mới xuất hiện triệu chứng đặc trưng (Sseruwagi & cs., 2004).

Bảng 1. Môi PCR sử dụng trong nghiên cứu

Môi	Trình tự (5'-3')	Mục đích	Nhiệt độ gắn môi (°C)	Kích thước (bp)	Tham khảo
F2	TGTGAAGGCCCATGTAAGGT	Phát hiện DNA-A của SLCMV	53	528	Uke & cs. (2019)
R3	CGTAGCGTATACAGGRTTAGA				
SLCMV-B-F1	GCTTTGCAGTTGACAGCTTG	Phát hiện DNA-B của SLCMV	60	410	Trần Văn Chiến & cs. (2023)
SLCMV-B-R1	ATGCAGCGTATCTTCGTTCC				

2.2. Thu thập mẫu bệnh

Tại mỗi ruộng sản bị bệnh, 3 lá sản biểu hiện triệu chứng điển hình trên 3 cây sản khác nhau được thu thập. Lá thứ 3 tính từ chồi ngọn của cây sản được chọn để thu mẫu (Minato & cs., 2019).

2.3. Định danh phân tử virus

Phản ứng PCR được thực hiện với hai cặp môi phát hiện DNA-A và DNA-B của SLCMV (Bảng 1). Sản phẩm PCR tinh sạch được giải trình tự trực tiếp bằng môi PCR. Phân tích phả hệ theo phương pháp Neighbor-Joining được thực hiện bằng phần mềm MEGA 11 (Tamura & cs., 2021).

2.4. Phân tích thống kê

Các yếu tố ảnh hưởng đến TLB được đánh giá bằng các thử nghiệm phi tham số χ^2 (Pearson và Likelihood ratio), phân tích tương quan.

Các yếu tố ảnh hưởng đến CSB, mật độ bọ phấn được đánh giá bằng thử nghiệm phi tham số (Kruskal-Wallis test), phân tích tương quan. Ảnh hưởng của nguồn nhiễm đến CSB, của hiện trạng cây đến mật độ bọ phấn được phân tích bằng các thử nghiệm phi tham số (Mann-Whitney U test và Kolmogorov-Smirnov test). Các phân tích thống kê được thực hiện bằng phần mềm SPSS.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Hiện trạng bệnh khảm lá sản

Hiện trạng của bệnh khảm lá sản tại 12 tỉnh thuộc 6 vùng sinh thái nông nghiệp được tổng hợp tại bảng 2. Trong số 12 tỉnh điều tra,

bệnh chưa được quan sát thấy tại hai tỉnh Sơn La và Vĩnh Phúc. Tại hai tỉnh này, nông dân sử dụng hom giống của cây để lại từ vụ trước, không sử dụng hom giống sản từ các tỉnh khác vận chuyển về. Tại Hòa Bình và Yên Bái, bệnh đã xuất hiện với mức độ phổ biến lần lượt là 35% và 30%. Ở các tỉnh còn lại, mức độ phổ biến bệnh rất cao từ 90-100%. Mức độ phổ biến trung bình của bệnh khảm lá sản tại Việt Nam cho đến thời điểm điều tra khá cao, đạt 70,4% (Bảng 2).

Kết quả điều tra cho thấy có tất cả 10 giống sản chính đang được trồng tại các vùng sản xuất sản trọng điểm của Việt Nam (Bảng 2). Giống KM94 được trồng phổ biến nhất tại 10/12 tỉnh điều tra, tiếp theo là giống KM419 được trồng tại 9/12 tỉnh. Giống HL-S11 miễn cảm với bệnh khảm lá được khuyến cáo hạn chế sử dụng nhưng vẫn được trồng tại 7 tỉnh do giống này cho năng suất và hàm lượng tinh bột cao. Giống HN5 là giống sản kháng bệnh khảm lá do Viện Di truyền Nông nghiệp lai tạo, bước đầu đã được trồng tại một số tỉnh.

TLB giảm dần từ Nam ra Bắc. Các tỉnh phía Nam có TLB rất cao 97,3-100%. Trong khi đó, TLB tại hai tỉnh phía Bắc là Hòa Bình và Yên Bái chỉ 14,8% và 16,5%.

CSB thấp nhất là 2,57 tại Quảng Ngãi và cao nhất là 3,28 tại Yên Bái. CSB khảm lá sản trung bình tại nước ta là 2,80, thấp hơn so với các nước châu Phi. CSB cao nhất tại các nước Châu Phi có thể lên đến 3,9 (đảo Comoros); 3,4 (Ghana) và 3,3 (Burkina Faso) (Torkpo & cs., 2018; Soro & cs., 2021; Shirima & cs., 2022).

Nguồn lây nhiễm bệnh khảm lá sản tại các tỉnh chủ yếu là do hom giống nhiễm bệnh. TLB do hom giống rất cao từ 72,0-98,8%. Tại Hòa Bình và Yên Bái, nguồn bệnh cũng được xác

định là do trồng hom giống nhiễm bệnh (Hình 1). Như vậy, việc vận chuyển và sử dụng hom sắn nhiễm bệnh nguyên nhân quan trọng giúp bệnh khảm lá phát tán nhanh chóng. Kết luận này phù hợp với nhiều nghiên cứu về phương thức phát tán, lây lan của bệnh khảm lá sắn tại nhiều quốc gia trên thế giới (Muengula-Manyi & cs., 2012; Legg & cs., 2015; Minato & cs., 2019; Okelola & cs., 2021; Houngue & cs., 2022).

Bên cạnh hom giống nhiễm bệnh thì bộ phận là phương thức lan truyền bệnh khảm lá hiệu quả (Uke & cs., 2022; Hareesh & cs., 2023). Mật độ bộ phận trưởng thành cao nhất được ghi nhận tại tỉnh Thanh Hóa, đạt 6,88 con/cây và thấp nhất tại tỉnh Sơn La chỉ đạt 1,03 con/cây. Mật độ bộ phận tại các tỉnh còn lại cũng ở mức thấp, dao động từ 1,28-3,50 con/cây. Mật độ bộ phận trưởng thành trung bình trên sắn tại Việt Nam là 2,51 con/cây, tương đương với mật độ bộ phận gây hại trên sắn tại một số nước như Thái Lan (Saokham & cs., 2021), cộng hòa Công Gô (Muengula-Manyi & cs., 2012), Burkina Faso (Soro & cs., 2021). Như vậy,

các tỉnh chưa ghi nhận sự xuất hiện của bệnh khảm lá sắn và có mật độ bộ phận ở mức thấp như Sơn La có thể được xây dựng thành các vùng sản xuất hom sắn sạch bệnh cung cấp cho các vùng trồng sắn cả nước.

3.2. Ảnh hưởng của một số yếu tố đến mức độ nhiễm bệnh khảm lá trên đồng ruộng

3.2.1. Ảnh hưởng của giống sắn đến tỷ lệ bệnh

Ảnh hưởng của giống sắn đến TLB khảm lá trên đồng ruộng được đánh giá dựa trên số liệu thu thập tại 8 tỉnh có áp lực bệnh cao (Bảng 2) gồm Thanh Hóa, Quảng Ngãi, Phú Yên, Đắk Lắk, Gia Lai, Tây Ninh, Bình Dương và Đồng Nai.

Phân tích thống kê χ^2 bằng 2 phương pháp (Bảng 3) cho thấy giống sắn có ảnh hưởng tới TLB khảm lá sắn trên đồng ruộng. Trong số 8 giống đánh giá, giống HN5 hoàn toàn không nhiễm, tất cả 7 giống còn lại đều nhiễm bệnh ở các mức độ khác nhau nhưng với TLB cao > 80%.

Bảng 2. Hiện trạng bệnh khảm lá sắn tại Việt Nam

Vùng sinh thái nông nghiệp	Tỉnh điều tra	Giống sắn trồng	Mức độ phổ biến (%)	TLB (%) ¹	Mật độ bộ phận (con/cây) (TB $\pm$ SD) ³	CSB (TB $\pm$ SD) ³	TLB (%) theo phương thức lan truyền	
							Hom nhiễm	Bộ phận
Trung du miền núi phía Bắc	Sơn La	KM94, KM419, HN5, Lá tre	0	0	1,03 $\pm$ 1,03	-	-	-
	Hòa Bình	KM94, KM419, Sắn xanh, Lá tre	35	14,8	2,11 $\pm$ 2,21	2,74 $\pm$ 0,49	78,7	21,3
	Yên Bái	KM94, Lá tre, BK900	30	16,5	2,48 $\pm$ 1,93	3,28 $\pm$ 0,90	73,7	26,3
Đồng bằng sông Hồng	Vĩnh Phúc	KM94, Lá tre, Sắn xanh	0	0	1,98 $\pm$ 1,61	-	-	-
Bắc Trung bộ	Thanh Hóa	KM94, KM419, HL-S11, KM140	90	84,3	6,88 $\pm$ 4,60	2,84 $\pm$ 0,57	89,9	10,1
Nam Trung bộ	Quảng Ngãi	KM94, KM419, HL-S11, HN5, Tai đỏ	90	84,8	2,40 $\pm$ 1,80	2,57 $\pm$ 0,58	91,6	8,4
	Phú Yên	KM94, KM419, HL-S11	100	93,5	3,50 $\pm$ 2,82	2,72 $\pm$ 0,57	93,8	6,2
Tây Nguyên	Gia Lai	Lá tre, KM419, HL-S11, KM140	100	98,5	2,11 $\pm$ 1,92	2,80 $\pm$ 0,56	97,5	2,5
	Đắk Lắk	KM94, KM419, HL-S11	100	64,3	1,28 $\pm$ 1,11	2,95 $\pm$ 0,65	72,0	28,0
Đông Nam bộ	Tây Ninh	KM7, KM419, KM140	100	100	2,86 $\pm$ 2,47	2,75 $\pm$ 0,71	98,8	1,2
	Đồng Nai	KM7, KM94, KM140, HL-S11	100	97,3	1,92 $\pm$ 1,53	2,93 $\pm$ 0,57	96,8	3,2
	Bình Dương	KM7, KM94, KM140, HL-S11, KM419	100	99,3	1,53 $\pm$ 1,25	2,78 $\pm$ 0,53	96,5	3,5
Trung bình			70,4	75,4	2,51 $\pm$ 2,67	2,80 $\pm$ 0,61	88,9	11,1

Ghi chú: ^{1, 2}: TLB được tính lần lượt theo tổng số cây điều tra và tổng số cây bị bệnh tại 10 tỉnh có bệnh khảm lá; ³: TB: Trung bình; SD (Standard Deviation): Độ lệch chuẩn.



Hình 1. Triệu chứng trên cây sắn nhiễm bệnh từ hom giống (a) và do bộ phận truyền virus (b)

Bảng 3. Ảnh hưởng của giống sắn đến tỷ lệ bệnh tại 8 tỉnh Bắc Trung Bộ, Nam Trung bộ, Tây Nguyên và Đông Nam bộ

Giống sắn	Số cây quan sát	Số cây bệnh	TLB ¹ (%)	Khoảng tin cậy (95%)	χ^2 test ($\alpha = 0,05$)
HL-S11	1380	1260	91,3 ^c	89,7-92,7	Pearson: P <0,001
HN5	60	0	0,0 ^e	0-6,0	
KM140	750	735	98,0 ^b	96,7-98,8	
KM419	870	778	89,4 ^c	87,2-91,3	
KM7	540	540	100,0 ^a	99,3-100	Likelihood-ratio: P <0,001
KM94	1020	860	84,3 ^d	82,0-86,4	
Lá Tre	60	57	95,0 ^{bcd}	86,3-98,3	
Tai Đỏ	120	103	85,8 ^{cd}	78,5-91,0	

Ghi chú: ¹: Các TLB có cùng chữ cái không khác nhau ở mức ý nghĩa $\alpha = 0,05$. Xếp hạng các TLB được thực hiện bằng so sánh từng cặp dùng z-test với hiệu chỉnh Bonferroni.

3.2.2. Ảnh hưởng của giống sắn đến chỉ số bệnh

CSB là chỉ tiêu quan trọng để đánh giá mức độ gây hại của bệnh đến năng suất và chất lượng cây, và do đó là chỉ tiêu quan trọng để đánh giá tính kháng. Phân tích thống kê (Bảng 4) cho thấy giống có ảnh hưởng đến CSB. CSB cao nhất được quan sát thấy trên giống KM140 và BK900 lần lượt là 3,46 và 3,06. Nhóm giống tiếp theo gồm KM419 (2,86), HL-S11 (2,83), lá

tre (2,68) và KM94 (2,64). CSB thấp nhất ghi nhận trên giống tai đỏ (2,23).

Dựa theo CSB, tất cả các giống sắn (Bảng 4) đều có thể được xếp vào nhóm nhiễm (có CSB từ 2-3) (Amoakon & cs., 2023). Theo Thresh & cs. (1994), chỉ khi CSB > 3,5 (điều kiện dinh dưỡng kém) và > 4 (điều kiện dinh dưỡng tốt) thì bệnh khảm lá mới ảnh hưởng đáng kể đến năng suất củ. Kết quả nghiên cứu ý trong điều kiện đồng ruộng, với CSB từ 2-3, năng suất củ có lẽ bị ảnh hưởng không đáng kể.

Bảng 4. Ảnh hưởng của giống sắn đến chỉ số bệnh

Giống sắn	Số cây đánh giá	CSB ¹		Kruskal-Wallis test ($\alpha = 0,05$)
		Trung bình ²	Khoảng tin cậy (95%)	
BK900	76	3,46 ^a	3,25-3,67	P (2-tailed) < 0,001
HL-S11	1260	2,83 ^{bcd}	2,80-2,86	
KM140	735	3,06 ^a	3,02-3,10	
KM419	848	2,86 ^{bd}	2,82-2,90	
KM7	540	2,56 ^{def}	2,51-2,61	
KM94	860	2,64 ^{efg}	2,60-2,68	
Lá tre	94	2,68 ^{cde}	2,58-2,79	
Sắn xanh	5	2,80 ^{abodefg}	2,24-3,36	
Tai đỏ	103	2,23 ^g	2,15-2,32	
Tổng số	4521			

Ghi chú: ¹: Chỉ đánh giá các cây có cấp bệnh từ 2 đến 5 trong thang phân cấp; ²: Các số có cùng chữ cái không khác nhau ở mức ý nghĩa $\alpha = 0,05$; Xếp hạng các giá trị trung bình được thực hiện bằng so sánh từng cặp theo phương pháp Dunn-Bonferroni.

Bảng 5. Ảnh hưởng của tuổi cây đến chỉ số bệnh

Tuổi cây ¹	Số cây đánh giá	CSB ²		Kruskal-Wallis test ($\alpha = 0,05$)
		Trung bình ³	Khoảng tin cậy (95%)	
3 tháng	1294	2,84 ^a	2,81-2,88	P (2-tailed) < 0,001
3,5 tháng	537	2,86 ^a	2,81-2,91	
4 tháng	1586	2,80 ^{ab}	2,77-2,83	
4,5 tháng	615	2,74 ^{bc}	2,69-2,79	
5 tháng	489	2,68 ^c	2,63-2,74	
Tổng số	4521			

Ghi chú: ¹: Tuổi cây được tính từ thời gian trồng hom giống đến thời điểm điều tra; ²: Chỉ đánh giá các cây có cấp bệnh từ 2 đến 5 trong thang phân cấp; ³: Các số có cùng chữ cái không khác nhau ở mức ý nghĩa $\alpha = 0,05$; Xếp hạng các giá trị trung bình được thực hiện bằng so sánh từng cặp theo phương pháp Dunn-Bonferroni.

Bảng 6. Ảnh hưởng của nguồn nhiễm đến chỉ số bệnh

Nguồn nhiễm	Số cây đánh giá	CSB ¹		Thử nghiệm phi tham số ($\alpha = 0,05$)
		Trung bình	Khoảng tin cậy (95%)	
Giống nhiễm	4183	2,80	2,78-2,82	Mann-Whitney U test: P (2-tailed) = 0,007
Bọ phấn truyền	338	2,74	2,66-2,81	Kolmogorov-Smirnov: P (2-tailed) = 0,021
Tổng số	4521			

Ghi chú: ¹: Chỉ đánh giá các cây có cấp bệnh từ 2 đến 5 trong thang phân cấp.

3.2.3. Ảnh hưởng của tuổi cây đến chỉ số bệnh

Phân tích thống kê (Bảng 5) cho thấy tuổi cây cũng ảnh hưởng đến CSB. CSB cao nhất

2,80-2,86 được quan sát thấy trên các cây ở giai đoạn 3-4 tháng sau khi trồng. Khi cây sắn ở giai đoạn 4,5-5 tháng, triệu chứng bệnh có xu hướng nhẹ hơn với CSB giảm xuống 2,68-2,74. Kết quả này tương tự với quan sát gần đây tại Thái Lan

khi cây sắn ở giai đoạn 1-3 tháng sau khi trồng có biểu hiện triệu chứng khảm lá dữ dội hơn so với cây sắn giai đoạn 5-7 tháng (Saokham & cs., 2021). Kết quả nghiên cứu tại châu Phi cũng chỉ ra rằng cây sắn nhiễm bệnh khảm lá ở giai đoạn cây con biểu hiện triệu chứng bệnh dữ dội hơn và làm giảm năng suất cao hơn từ 77,5%-97,3% (Bisimwa & cs., 2015). Do vậy, áp dụng các biện pháp nhằm hạn chế cây sắn nhiễm bệnh ở giai đoạn đầu sau khi trồng sẽ góp phần quan trọng nhằm giảm thiệt hại do bệnh đến năng suất củ tươi.

3.2.4. Ảnh hưởng của nguồn nhiễm đến chỉ số bệnh

Quan sát triệu chứng trên đồng ruộng có thể xác định được nguồn nhiễm bệnh do giống hoặc do bộ phận (Sseruwagi & cs., 2004). Phân tích thống kê phi tham số không ghép cặp cho thấy loại nguồn nhiễm có ảnh hưởng đến CSB (Bảng 6). CSB trên cây sắn trồng từ hom giống nhiễm là 2,80, lớn hơn có ý nghĩa thống kê CSB trên cây sắn nhiễm bằng bộ phận 2,74.

3.3. Ảnh hưởng của giống sắn đến mật độ bộ phận trưởng thành

Phân tích thống kê (Bảng 7) cho thấy giống sắn có ảnh hưởng đến mật độ bộ phận trưởng thành. Mật độ bộ phận trưởng thành trung bình trên giống sắn HL-S11 cao nhất lên đến

4,16 con/cây. Tiếp theo là các giống BK900 và tai đỏ với mật độ bộ phận trưởng thành trung bình lần lượt là 3,64 và 3,23 con/cây. Giống KM94 và lá tre có mật độ bộ phận trưởng thành thấp nhất trong tất cả các giống sắn đánh giá, lần lượt là 1,23 và 1,49 con/cây. Đáng chú ý, giống HN5 có mật độ bộ phận trưởng thành 2,55 con/cây cao, tương đương với hai giống nhiễm KM140 (2,96 con/cây) và giống sắn xanh (2,77 con/cây). Kết quả này cho thấy giống HN5 kháng virus gây bệnh chứ không phải kháng bộ phận.

3.4. Ảnh hưởng của cây bệnh đến mật độ bộ phận trắng trưởng thành

Phân tích thống kê (Bảng 8) cho thấy sự khác biệt rõ rệt giữa mật độ bộ phận trưởng thành trên cây sắn không có triệu chứng và cây sắn có triệu chứng khảm lá. Cụ thể, mật độ bộ phận trắng trưởng thành trung bình trên cây không có triệu chứng (cấp 1) là 1,90 con/cây, trong khi mật độ này trên cây có triệu chứng (cấp 2-5) cao hơn đáng kể, trung bình 2,87 con/cây.

Quan sát trong nghiên cứu này cũng phù hợp với các kết quả nghiên cứu trước đây, trong đó cây sắn bị bệnh khảm lá thúc đẩy phát triển quần thể bộ phận tốt hơn cây khỏe, có thể do cây bệnh cung cấp dinh dưỡng cho bộ phận tốt hơn (Colvin & cs., 2006; Legg, 2010). Ngoài ra, do cây bệnh hấp dẫn bộ phận cũng gợi ý vai trò quan trọng của bộ phận trong việc lây lan bệnh khảm lá sắn.

Bảng 7. Ảnh hưởng của giống sắn đến mật độ bộ phận trưởng thành

Giống	Số cây đánh giá	Mật độ bộ phận trưởng thành (con/cây)		Kruskal-Wallis test ($\alpha = 0,05$)
		Trung bình ¹	Khoảng tin cậy (95%)	
BK900	270	3,64 ^{bc}	3,41-3,87	P (2-tailed) < 0,001
HL-S11	1380	4,16 ^{ace}	3,95-4,36	
HN5	150	2,55 ^{defg}	2,23-2,86	
KM140	750	2,96 ^{def}	2,76-3,15	
KM419	1230	2,38 ^{fg}	2,24-2,52	
KM7	540	2,23 ^{fg}	2,06-2,41	
KM94	1860	1,23 ^h	1,17-1,28	
Lá tre	450	1,49 ^h	1,36-1,62	
Sắn xanh	450	2,77 ^{acdef}	2,61-2,93	
Tai đỏ	120	3,23 ^{bce}	2,94-3,52	
Tổng số	7200			

Ghi chú: ¹: Các số có cùng chữ cái không khác nhau ở mức ý nghĩa $\alpha = 0,05$. Xếp hạng các giá trị trung bình được thực hiện bằng bảng so sánh từng cặp theo phương pháp Dunn-Bonferroni.

Bảng 8. Ảnh hưởng của cây bệnh đến mật độ bọ phấn trưởng thành

Cây	Số cây đánh giá ¹	Mật độ bọ phấn trưởng thành (con/cây)		Thử nghiệm phi tham số ($\alpha = 0,05$)
		Trung bình	Khoảng tin cậy (95%)	
Không triệu chứng (cấp 1)	407	1,90	1,68-2,13	Mann-Whitney U test: P (2-tailed) < 0,001
Cây có triệu chứng (cấp 2-5)	4.333	2,87	2,78-2,96	Kolmogorov-Smirnov: P (2-tailed) < 0,001
Tổng số	4.740			

Ghi chú: ¹: Số cây đánh giá = 4.740 tại các 8 tỉnh có áp lực bệnh cao (Bình Dương, Đồng Nai, Tây Ninh, Đắk Lắk, Gia Lai, Phú Yên, Quảng Ngãi, Thanh Hóa), trên tất cả các giống (trừ giống HN5 vì là giống kháng).

Bảng 9. Ảnh hưởng của mật độ bọ phấn trưởng thành đến tỷ lệ bệnh và chỉ số bệnh

Loại ảnh hưởng	Số cây phân tích	Loại phân tích	Kết quả phân tích
Ảnh hưởng của mật độ bọ phấn đến TLB	700 ¹	Tương quan (Point-Biserial Correlation = Pearson's correlation)	R = 0,116 P = 0,002 (2-tailed)
Ảnh hưởng của mật độ bọ phấn trắng trưởng thành đến CSB	337 ²	Tương quan phân hạng (Spearman's Rank test)	R = 0,013 P = 0,812 (2-tailed)

Ghi chú: ¹: Số cây đánh giá tại 8 tỉnh có áp lực bệnh cao (Bình Dương, Đồng Nai, Tây Ninh, Đắk Lắk, Gia Lai, Phú Yên, Quảng Ngãi, Thanh Hóa), biểu hiện triệu chứng do nhiễm bằng bọ phấn hoặc không biểu hiện triệu chứng, trên tất cả các giống (trừ giống HN5 vì là giống kháng); ²: Số cây đánh giá tại tất cả các tỉnh, biểu hiện triệu chứng do nhiễm bằng bọ phấn, trên tất cả các giống (trừ giống sắn xanh vì chỉ có 1 mẫu).

3.5. Ảnh hưởng của mật độ bọ phấn trưởng thành đến tỷ lệ bệnh và chỉ số bệnh

Phân tích tương quan Pearson cho thấy mật độ bọ phấn trưởng thành có mối liên hệ yếu nhưng có ý nghĩa thống kê với TLB (R = 0,116, P = 0,002, Bảng 9). Kết quả này cho thấy mật độ bọ phấn trưởng thành chỉ ảnh hưởng nhẹ đến TLB.

Phân tích tương quan phân hạng Spearman cho thấy không có mối quan hệ giữa mật độ bọ phấn trưởng thành và CSB (hệ số tương quan R = 0,013, P = 0,812, Bảng 9).

Nguồn lây nhiễm bệnh khảm lá sắn tại nước ta trong nghiên cứu được xác định chủ yếu do vận chuyển và sử dụng hom giống nhiễm bệnh. Cây sắn trồng từ hom nhiễm virus sẽ biểu hiện triệu chứng bệnh ngay sau khi cây mọc lên do hàm lượng virus nhân lên đủ lớn để gây ra triệu chứng (Trịnh Xuân Hoạt & cs., 2021). Hậu quả, mật độ bọ phấn trên cây không ảnh hưởng đến CSB của cây nhiễm bệnh. Tuy nhiên, bọ phấn vẫn đóng vai trò quan trọng trong việc lan truyền bệnh, đặc biệt tại những vùng trồng mới có sự xuất hiện của bệnh (Uke & cs., 2022; Hareesh & cs., 2023)

3.6. Định danh phân tử virus

Các kết quả nghiên cứu gần đây mới chỉ ghi nhận sự xuất hiện của SLCMV tại các nước trồng sắn trong khu vực Đông Nam Á, trong đó có Việt Nam (Siriwan & cs., 2020; Uke & cs., 2022). Nhằm khẳng định nguyên nhân gây bệnh khảm lá sắn trong điều tra đồng ruộng, tổng số 507 mẫu sắn bị bệnh khảm lá thu tại 10 tỉnh thuộc 5 vùng sinh thái đã được kiểm tra bằng PCR. Kết quả cho thấy, tất cả các mẫu sắn kiểm tra đều phản ứng dương tính với cả hai cặp môi phát hiện DNA-A và DNA-B của SLCMV (Bảng 10).

Vì cặp môi F2/R3 phát hiện DNA-A của SLCMV cũng có thể phát hiện DNA-A của ICMV (Uke & cs., 2019) và DNA-B của hai virus này khá bảo thủ (Saunders & cs., 2002) nên để chắc chắn virus phát hiện được là SLCMV, sản phẩm PCR được nhân bằng cặp môi F2/R3 của 15 mẫu virus đại diện từ 10 tỉnh đã được giải trình tự. Trình tự dài 421bp của 15 mẫu đã được gửi trên GenBank với mã truy cập từ PP346875 đến PP346889 (Bảng 11).

Ngoại trừ 3 mẫu VN-GiaLai-3, VN-QuangNgai-7 và VN-BinhDuong-1, trình tự của 12 mẫu đồng nhất 100% với nhau. Ba mẫu kể trên chỉ khác 1 nucleotide so với 12 mẫu còn lại. Kết quả tìm kiếm BLAST cho thấy 15 mẫu có mức đồng nhất trình tự cao nhất (99,3-100%) với trình tự tương ứng của các mẫu SLCMV trên GenBank.

Phân tích phả hệ dựa trên trình tự thu được của 15 mẫu virus cũng cho thấy chúng phân nhóm chặt (giá trị thống kê bootstrap 100%) trong cụm chứa các đại diện SLCMV thuộc khu

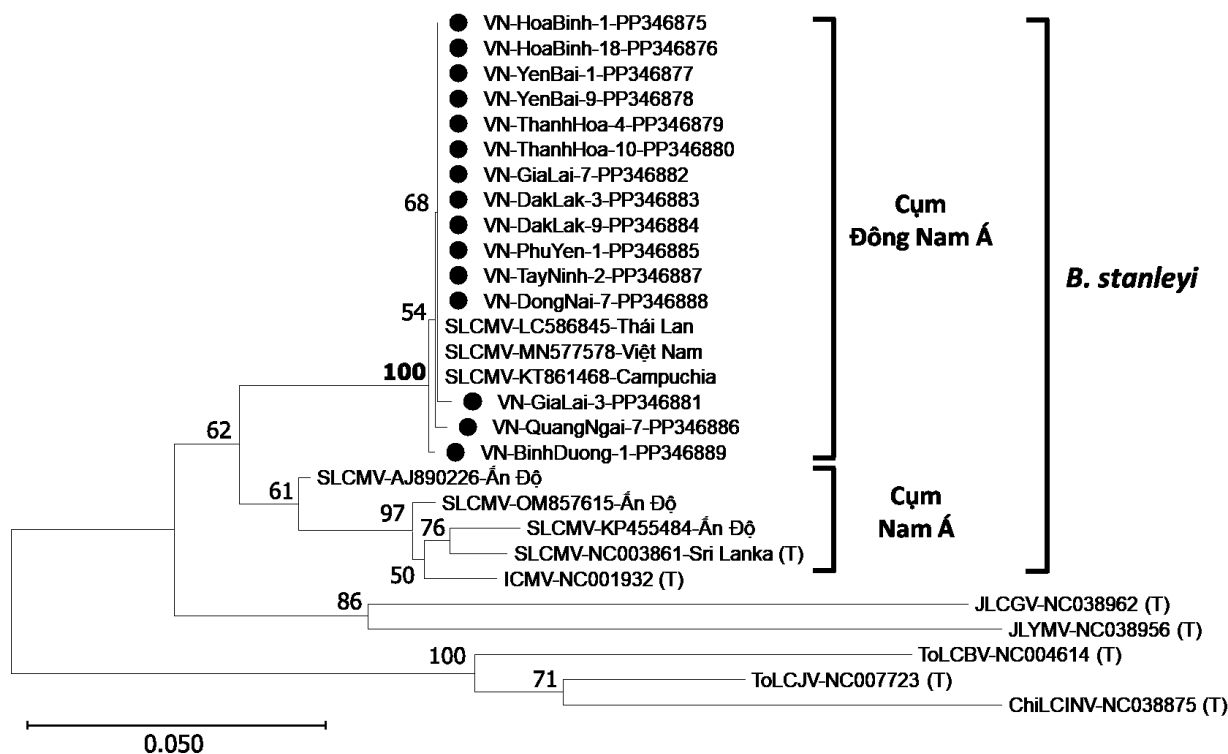
vực Đông Nam Á gồm Thái Lan, Campuchia và Việt Nam (Hình 2) và tách biệt với các đại diện SLCMV có nguồn gốc từ khu vực Nam Á gồm Ấn Độ và Sri Lanka. Mặc dù trình tự của 15 mẫu nằm trong vùng gen AV1 mã hóa protein vỏ có mức độ bảo thủ cao đối với begomovirus thì kết quả phân tích này cũng cho thấy quần thể SLCMV có thể tách thành 2 nhóm là Đông Nam Á và Nam Á, phù hợp với các phân tích dựa trên gen AC1 (mã hóa protein Rep) của SLCMV (Minato & cs., 2019) và dựa trên toàn bộ trình tự DNA-A (Leiva & cs., 2023).

Bảng 10. Kiểm tra các mẫu lá sản bệnh bằng PCR

Vùng sinh thái	Tỉnh	Số mẫu kiểm tra	Số mẫu dương tính với SLCMV	
			Cặp mỗi phát hiện DNA-A	Cặp mỗi phát hiện DNA-B
Trung du miền núi phía Bắc	Yên Bái	18	18	18
	Hòa Bình	21	21	21
Bắc Trung Bộ	Thanh Hóa	54	54	54
Nam Trung Bộ	Quảng Ngãi	54	54	54
	Phú Yên	60	60	60
Tây Nguyên	Gia Lai	60	60	60
	Đắk Lắk	60	60	60
Đông Nam Bộ	Tây Ninh	60	60	60
	Đồng Nai	60	60	60
	Bình Dương	60	60	60
Tổng số		507	507	507

Bảng 11. Các mẫu virus được giải trình tự từ sản phẩm PCR được nhân bằng cặp mồi F2/R3

Mẫu	Địa điểm (huyện-tỉnh)	Giống	Thời gian thu thập	Mã GenBank
VN-HoaBinh-1	Lạc Sơn - Hòa Bình	KM419	16/5/2022	PP346875
VN-HoaBinh-18	Lạc Sơn - Hòa Bình	Sắn xanh	16/5/2022	PP346876
VN-YenBai-1	Văn Yên - Yên Bái	Lá tre	31/5/2022	PP346877
VN-YenBai-9	Văn Yên - Yên Bái	BK-900	31/5/2022	PP346878
VN-ThanhHoa-4	Như Xuân - Thanh Hóa	HLS11	24/7/2022	PP346879
VN-ThanhHoa-10	Như Xuân - Thanh Hóa	KM94	24/7/2022	PP346880
VN-GiaLai-3	Krông Pa - Gia Lai	HLS11	3/8/2022	PP346881
VN-GiaLai-7	Krông Pa - Gia Lai	KM419	3/8/2022	PP346882
VN-DakLak-3	Krông Bông - Đắk Lắk	HLS11	5/8/2022	PP346883
VN-DakLak-9	Krông Bông - Đắk Lắk	KM419	5/8/2022	PP346884
VN-PhuYen-1	Sông Hinh - Phú Yên	KM94	8/6/2022	PP346885
VN-QuangNgai-7	Tư Nghĩa - Quảng Ngãi	Tai đỏ (Gòn)	5/6/2022	PP346886
VN-TayNinh-2	Tân Biên - Tây Ninh	KM7	20/5/2022	PP346887
VN-DongNai-7	Long Thành - Đồng Nai	KM140	12/8/2022	PP346888
VN-BinhDuong-1	Bắc Tân Uyên - Bình Dương	KM7	14/8/2022	PP346889



Ghi chú: Số ở trên mỗi nốt là giá trị thống kê bootstrap (% , 1.000 lần lặp, chỉ hiển thị các giá trị > 50%). Thanh tỷ lệ trình bày khoảng cách di truyền, được xác định bằng phương pháp Tamura-Nei. Ký tự T trong ngoặc kép là mẫu đại diện loài. Các mẫu virus trong nghiên cứu này được đánh dấu bằng hình tròn đen. Tên virus viết tắt: ICMV (Indian cassava mosaic virus, *B. manihotisindianense*), JLCGV (Jatropha leaf curl Gujarat virus, *B. jatropha Gujaratense*), JLYMV (Jatropha leaf yellow mosaic virus, *B. jatrophaflavi*), ToLCJV (Tomato leaf curl Joydebpur virus, *B. solanumjoydebpurense*), ToLCBV (Tomato leaf curl Bangladesh virus, *B. solanumbangladeshense*) và ChiLCINV (Chilli leaf curl India virus, *B. capsindiaense*).

Hình 2. Cây phả hệ dựa trên trình tự sản phẩm PCR của các mẫu virus được nhân bằng cặp mồi F2/R3 với trình tự tương ứng của SLCMV và các begomovirus gần gũi được xác định từ tìm kiếm BLAST

Dựa trên kiểm tra PCR và phân tích trình tự, virus gây bệnh khảm lá sắn tại Việt Nam cho tới nay vẫn là SLCMV, phù hợp với công bố mới nhất về thành phần begomovirus gây bệnh khảm lá sắn tại khu vực Đông Nam Á, Nam Á và Đông Á (Leiva & cs., 2023; Hareesh & cs., 2023).

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã xác định bệnh khảm lá sắn hiện diện tại 10/12 tỉnh điều tra ở Việt Nam, với mức độ phổ biến trung bình 70,4% và TLB trung bình 75,4%. Các yếu tố ảnh hưởng chính đến bệnh bao gồm giống sắn, tuổi cây, nguồn nhiễm, mật độ bọ phấn trưởng thành. Mật độ bọ phấn ảnh hưởng nhẹ đến TLB nhưng không ảnh

hưởng đến CSB. Định danh phân tử xác nhận virus khảm lá sắn Sri Lanka (*B. stanleyi*) là tác nhân duy nhất gây bệnh khảm lá sắn tại Việt Nam tính đến thời điểm điều tra. Kết quả nghiên cứu nhấn mạnh vai trò quan trọng của việc sử dụng hom giống sạch bệnh, phát triển giống kháng và quản lý bọ phấn để kiểm soát dịch bệnh, đồng thời đề xuất xây dựng vùng sản xuất hom sạch tại các khu vực ít áp lực bệnh như Sơn La.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Amoakon W.J., Combala M., Pita J.S., Mutuku J.M., N'zué B., Otron D.H., Yéo E.F., Kouassi N.K. & Sié R. (2023). Phenotypic screening and molecular

- characterization of cassava mosaic disease resistance in Côte d'Ivoire cassava germplasm. *Frontiers in Sustainable Food Systems*. 6: 1052437.
- Bisimwa E., Walangululu J. & Bragard C. (2015). Cassava Mosaic Disease Yield Loss Assessment under Various Altitude Agro-ecosystems in the Sud-Kivu Region, Democratic Republic of Congo. *Tropicultura*. 33(2): 101-110.
- Colvin J., Omongo C., Govindappa M., Stevenson P.C., Maruthi M., Gibson G., Seal S. & Muniyappa V. (2006). Host-plant viral infection effects on arthropod-vector population growth, development and behaviour: management and epidemiological implications. *Advances in virus research*. 67: 419-452.
- Dutt N., Briddon R. & Dasgupta I. (2005). Identification of a second begomovirus, Sri Lankan cassava mosaic virus, causing cassava mosaic disease in India. *Archives of Virology*. 150: 2101-2108.
- Đỗ Hương (2022). Đề phát triển hơn nữa giá trị của sản. Truy cập từ <https://baochinhphu.vn/de-phat-trien-hon-nua-gia-tri-cua-san-102220408163219476.htm>. ngày 22/10/2024
- FAOSTAT (2021). FAOSTAT statistical database. Retrieved from <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. on Oct 20, 2024.
- Hahn S., Terry E. & Leuschner K. (1980). Breeding cassava for resistance to cassava mosaic disease. *Euphytica*. 29: 673-683.
- Hareesh P.S., Resmi T.R., Sheela M.N. & Makesh Kumar T. (2023). Cassava mosaic disease in South and Southeast Asia: current status and prospects. *Frontiers in Sustainable Food Systems*. 7: 1086660.
- Houngue J.A., Houédjissin S.S., Ahanhanzo C., Pita J.S., Houndénoukon M.S.E. & Zandjanakou-Tachin M. (2022). Cassava mosaic disease (CMD) in Benin: Incidence, severity and its whitefly abundance from field surveys in 2020. *Crop Protection*. 158: 106007.
- Legg J.P. (2010). Epidemiology of a whitefly-transmitted cassava mosaic geminivirus pandemic in Africa. *Bemisia: Bionomics and management of a global pest*. pp. 233-257.
- Legg J.P., Kumar P.L., Makesh Kumar T., Tripathi L., Ferguson M., Kanju E., Ntawuruhunga P. & Cuellar W. (2015). Cassava virus diseases: biology, epidemiology, and management. Trong: *Advances in virus research*. Elsevier. pp. 85-142.
- Leiva A.M., Lopez D., Dominguez V. & Cuellar W. (2023). Genetic diversity of Sri Lankan Cassava Mosaic virus (SLCMV) in Southeast Asia-preliminary analysis. CGIAR.
- Minato N., Sok S., Chen S., Delaquis E., Phirun I., Le V.X., Burra D.D., Newby J.C., Wyckhuys K.A. & De Haan S. (2019). Surveillance for Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) in Cambodia and Vietnam one year after its initial detection in a single plantation in 2015. *Plos one*. 14(2): e0212780.
- Muengula-Manyi M., Nkongolo K.K., Bragard C., Tshilenge-Djim P., Winter S. & Kalonji-Mbuyi A. (2012). Incidence, severity and gravity of cassava mosaic disease in savannah agro-ecological region of DR-Congo: analysis of agro-environmental factors. *American Journal of Plant Sciences*. 3(4): 512-519.
- Nguyen N.C., Baba T., Nomura H. & Ito K. (2021). The Current Status of Cassava Producers and Healthy Cassava Seed Production and Distribution Trial in Vietnam. *Environmental and Rural Development*. 12-2: 215-222.
- Okelola T.A., Asala S.W., Oyerinde A.A. & Folarin O.O. (2021). Incidence and distribution of African Cassava Mosaic Virus in the Guinea Savannah Vegetation zone of Nigeria. *Journal of Plant Science*. 9: 1-8.
- Saokham K., Hemniam N., Roekwan S., Hunsawattanukul S., Thawinampan J. & Siriwan W. (2021). Survey and molecular detection of Sri Lankan cassava mosaic virus in Thailand. *PloS one*. 16(10): e0252846.
- Saunders K., Salim N., Mali V.R., Malathi V.G., Briddon R., Markham P.G. & Stanley J. (2002). Characterisation of Sri Lankan cassava mosaic virus and Indian cassava mosaic virus: evidence for acquisition of a DNA B component by a monopartite begomovirus. *Virology*. 293(1): 63-74.
- Shirima R.R., Wosula E.N., Hamza A.A., Mohammed N.A., Mouigni H., Nouhou S., Mchinda N.M., Ceasar G., Amour M. & Njukwe E. (2022). Epidemiological Analysis of Cassava Mosaic and Brown Streak Diseases, and Bemisia tabaci in the Comoros Islands. *Viruses*. 14(10): 2165.
- Siriwan W., Jimenez J., Hemniam N., Saokham K., Lopez-Alvarez D., Leiva A.M., Martinez A., Mwanzia L., Lopez-Lavalle L.A.B. & Cuellar W.J. (2020). Surveillance and diagnostics of the emergent Sri Lankan cassava mosaic virus (Fam. Geminiviridae) in Southeast Asia. *Virus research*. 285: 197959.
- Soro M., Tiendrébéogo F., Pita J.S., Traoré E.T., Somé K., Tibiri E.B., Néya J.B., Mutuku J.M., Simporé J. & Koné D. (2021). Epidemiological assessment of cassava mosaic disease in Burkina Faso. *Plant Pathology*. 70(9): 2207-2216.
- Sseruwagi P., Sserubombwe W., Legg J.P., Ndunguru J. & Thresh J. (2004). Methods of surveying the

- incidence and severity of cassava mosaic disease and whitefly vector populations on cassava in Africa: a review. *Virus research*. 100(1): 129-142.
- Tamura K., Stecher G. & Kumar S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*. 38(7): 3022-3027.
- Thresh J., Fargette D. & Otim-Nape G.W. (1994). Effects of African cassava mosaic geminivirus on the yield of cassava. *TROPICAL SCIENCE-LONDON*. 34: 26-26.
- Torkpo S., Gafni Y., Danquah E. & Offei S. (2018). Incidence and severity of cassava mosaic disease in farmer's fields in Ghana. *Ghana Journal of Agricultural Science*. 53: 61-71.
- Trần Văn Chiến, Nguyễn Thị Khánh Huyền, Lê Thị Lan Hương, Trịnh Xuân Hoạt & Hà Viết Cường (2023). Cây cọc rào (*Jatropha curcas*) là ký chủ tự nhiên của virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Sri Lankan cassava mosaic virus*) tại Việt Nam. *Hội thảo Quốc gia Bệnh hại thực vật Việt Nam lần thứ 22*. tr. 32-44.
- Trịnh Xuân Hoạt, Ngô Quang Huy, Nguyễn Mạnh Hùng & Lê Thị Hằng (2021). Một số kết quả nghiên cứu về giải pháp sử dụng hom giống trong phòng chống bệnh khảm lá sắn tại Việt Nam. *Tạp chí Bảo vệ thực vật*. 3: 44-52.
- Uke A., Hoat T.X., Quan M., Liem N., 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., Khin S., Kitaura K., Ugaki M. & Natsuaki K.T. (2019). Combination of an image-posting system and molecular diagnosis for detecting Sri Lankan cassava mosaic virus. *Tropical Plant Pathology*. 44: 238-243.
- 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. (2022). Cassava mosaic disease and its management in Southeast Asia. *Plant Molecular Biology*. 109(3): 301-311.
- Wang H.-L., Cui X.-Y., Wang X.-W., Liu S., Zhang Z. & Zhou X. (2016). First report of Sri Lankan cassava mosaic virus infecting cassava in Cambodia. *Plant Disease*. 100(5): 1029-1029.