

BỘ PHẦN (*Bemisia tabaci* Gennadius) TRÊN SẴN TẠI VIỆT NAM: LOÀI ẨN VÀ ĐẶC ĐIỂM TRUYỀN VIRUS KHẢM LÁ SẴN SRI LANKA (*Begomovirus stanleyi*)

Trần Văn Chiến^{1,2}, Nguyễn Thanh Sang³, Bùi Quốc Việt³,
Nguyễn Đan Trường³, Võ Trung Kiên³, Trịnh Xuân Hoạt⁴, 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

³Khoa Nông học, Đại học Nông Lâm Thành phố Hồ Chí Minh

⁴Viện Bảo vệ thực vật

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

Ngày nhận bài: 24.11.2025

Ngày chấp nhận đăng: 01.02.2026

TÓM TẮT

Nghiên cứu này nhằm xác định loài ẩn và đặc điểm truyền virus khảm lá sắn Sri Lanka (SLCMV) (*Begomovirus stanleyi*) của bộ phận (*Bemisia tabaci*) hại sắn tại Việt Nam. Phương pháp nghiên cứu bao gồm phân tích trình tự gen mã hóa tiểu phần I của cytochrome c oxidase trên ty thể (mtCOI) của 47 mẫu bộ phận thu thập trên cây sắn tại 10 tỉnh và các thí nghiệm đánh giá khả năng truyền virus của bộ phận. Kết quả nghiên cứu cho thấy toàn bộ mẫu bộ phận đều thuộc loài ẩn Asiall-1; quần thể Asiall-1 trên sắn ở Việt Nam và khu vực châu Á, chủ yếu ở Đông Nam Á, có kích thước quần thể hiệu quả nhỏ, đa dạng di truyền thấp và haplotype H2 chiếm ưu thế. Thời gian chích nạp và chích truyền SLCMV tối thiểu lần lượt là 1 giờ và 15 phút; bộ phận cái truyền virus hiệu quả hơn bộ phận đực; virus có thể truyền qua giao phối, trong khi tuổi bộ phận ảnh hưởng không rõ rệt đến khả năng truyền virus. Kết luận, nghiên cứu cung cấp cơ sở khoa học cho việc xây dựng các biện pháp quản lý hiệu quả bệnh khảm lá sắn ở Việt Nam.

Từ khóa: Asiall-1, haplotype, mtCOI, hiệu quả truyền, Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV).

Whitefly (*Bemisia tabaci* Gennadius) on Cassava in Vietnam: Cryptic Species and Transmission Characteristics of Sri Lankan Cassava Mosaic Virus (*Begomovirus stanleyi*)

ABSTRACT

This study aimed to identify the cryptic species of the whitefly (*Bemisia tabaci*) infesting cassava in Vietnam and to characterize its transmission of Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) (*Begomovirus stanleyi*). The study employed mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (mtCOI) gene sequence analysis of 47 whitefly samples collected from cassava plants in 10 provinces, together with experiments assessing the virus transmission ability of whiteflies. The results showed that all whitefly samples belonged to the cryptic species Asiall-1. The Asiall-1 population on cassava in Vietnam and across Asia, mainly in Southeast Asia, exhibited a small effective population size, low genetic diversity, and dominance of haplotype H2. The minimum acquisition access period and inoculation access period for SLCMV were 1 hour and 15 minutes, respectively. Female whiteflies transmitted the virus more efficiently than males; the virus was transmittable through mating between adult whiteflies, whereas whitefly age had no clear effect on transmission efficiency. In conclusion, this study provides a scientific basis for the development of effective management strategies for cassava mosaic disease in Vietnam.

Keywords: Asiall-1, haplotype, mtCOI, transmission efficacy, SLCMV.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh khảm lá là một trong những bệnh nguy hiểm nhất trên cây sắn, có thể làm giảm

năng suất tới 95% tại nhiều vùng trồng sắn chính ở châu Phi và châu Á (Uke & cs., 2022). Tại châu Á, bệnh chủ yếu do Sri Lanka cassava mosaic virus (SLCMV) (*Begomovirus stanleyi*)

Bọ phấn (*Bemisia tabaci* Gennadius) trên sắn tại Việt Nam: Loài ẩn và đặc điểm truyền virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Begomovirus stanleyi*)

gây ra (Legg & cs., 2015). Kể từ khi xuất hiện lần đầu ở Campuchia vào năm 2015, SLCMV đã nhanh chóng lan sang Việt Nam, Thái Lan, Lào và miền Nam Trung Quốc, trở thành mối đe dọa nghiêm trọng cho ngành sản xuất sắn (Wang & cs., 2016; Siriwan & cs., 2020).

Bọ phấn (*Bemisia tabaci* Gennadius) là vector duy nhất truyền SLCMV theo kiểu bền vững tuần hoàn (Chi & cs., 2020). *B. tabaci* là một phức hợp loài gồm hơn 50 loài ẩn (cryptic species) không thể phân biệt bằng hình thái nhưng khác biệt về khả năng truyền virus và nhiều đặc điểm sinh học khác (Chandra & cs., 2025). Ở Đông Nam Á, loài ẩn AsiaII-1 được xác định là vector chính trên sắn và có hiệu quả truyền SLCMV cao hơn các loài ẩn khác (Chi & cs., 2020).

Các nghiên cứu gần đây về di truyền quần thể AsiaII-1 trên nhiều loại cây trồng khắp châu Á cho thấy loài ẩn này rất đa dạng, gồm hàng trăm kiểu gen ti thể (haplotype mtCOI) khác nhau (Ramesh & cs., 2025). Cho tới nay, mới chỉ có một nghiên cứu về cấu trúc di truyền của quần thể *B. tabaci* trên sắn tại châu Á (Leiva & cs., 2022), trong đó các tác giả đã phát hiện thấy hai loài ẩn AsiaII-1 và AsiaII-6 liên quan tới cây sắn tại Lào. Tại Việt Nam, chưa có nghiên cứu toàn diện về thành phần loài ẩn cũng như cấu trúc di truyền của quần thể *B. tabaci* trên sắn. Đặc điểm truyền SLCMV qua bọ phấn mới chỉ bước đầu được thực hiện tại Việt Nam (Trịnh Xuân Hoạt & cs., 2021).

Do vậy, nghiên cứu này nhằm hai mục tiêu chính: (1) Xác định loài ẩn và cấu trúc di truyền quần thể *B. tabaci* hại sắn tại Việt Nam và (2) làm sáng tỏ thêm các đặc điểm truyền SLCMV của *B. tabaci* trên sắn. Kết quả nghiên cứu sẽ cung cấp cơ sở khoa học cho việc xây dựng các biện pháp quản lý hiệu quả bệnh khảm lá sắn.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thu thập bọ phấn

Bọ phấn trưởng thành trên cây sắn được thu thập tại 10 tỉnh (sau sáp nhập) trồng sắn trọng điểm thuộc 6 vùng sinh thái nông nghiệp

của Việt Nam năm 2018 và 2022 (Bảng 1). Bọ phấn thu thập được bảo quản trong cồn 99% và giữ ở nhiệt độ -20°C.

2.2. Chuẩn bị quần thể bọ phấn, cây sắn nhiễm bệnh và cây sắn khỏe cho thí nghiệm lây nhiễm nhân tạo

Hom sắn khỏe (giống HL-S11) và hom sắn bệnh được thu thập lần lượt từ Trung tâm Nghiên cứu thực nghiệm Nông nghiệp Hưng Lộc (Đồng Nai) và xã Tân Biên (Tây Ninh). Hom sắn khỏe và hom sắn bệnh sau khi thu thập (đã được kiểm tra PCR bằng môi đặc hiệu SLCMV) được cắt thành những đoạn nhỏ khoảng 7cm, sau đó được trồng trong chậu nhựa và được giữ trong lồng lưới chống côn trùng trong nhà lưới.

Bọ phấn trưởng thành được thu thập trên các ruộng sắn không nhiễm bệnh khảm lá tại Trung tâm Nghiên cứu thực nghiệm Nông nghiệp Hưng Lộc. Bọ phấn sau đó được thả lên cây sắn khỏe đặt trong các lồng lưới chống côn trùng để thiết lập quần thể. Cây sắn khỏe được thay thế hàng tháng. Trước các thí nghiệm lây nhiễm, bọ phấn được kiểm tra PCR bằng môi đặc hiệu SLCMV.

2.3. Phản ứng PCR phát hiện SLCMV

DNA tổng số từ sắn được chuẩn bị theo Doyle & Doyle (1987). DNA từ bọ phấn được chuẩn bị bằng cách nghiền bọ phấn với 5µl NaOH 0,5M và dịch nghiền được trung hòa với 100µl đệm Tris 0,1M pH8. Phản ứng PCR phát hiện SLCMV được thực hiện với cặp môi F2 (TGTGAAGGCCCATGTAAGGT) và R3 (CGTAGCGTATACAGGRTTAGA) (Uke & cs., 2019).

2.4. Định danh phân tử xác định loài ẩn của bọ phấn

DNA từ cá thể bọ phấn trưởng thành được chuẩn bị như mục 2.3. Gen mtCOI của bọ phấn được nhân bằng PCR và giải trình tự trực tiếp bằng cặp môi F (TGRTTYTTTGGTCATCCVG AAGT) và R (TTACTGCACTTTCTGCCACAT TAG) (Wang & cs., 2016). Phân tích phả hệ theo phương pháp Neighbor-Joining được thực hiện bằng phần mềm MEGA11 (Tamura & cs., 2021).

2.5. Phân tích di truyền quần thể bộ phận

Bộ dữ liệu mtCOI bộ phận được xây dựng từ các trình tự của nghiên cứu này và các trình tự AsiaII-1 trên sẵn từ GenBank (cập nhật đến tháng 11/2025). Các trình tự được chọn lọc để giữ lại những trình tự có đầy đủ thông tin ký chủ (sẵn), mức đồng nhất trình tự $\geq 96,5\%$ so với chuẩn Asia II-1, có độ dài tối đa và không chứa các mã mờ (Chandra & cs., 2025). Các chỉ số đa dạng di truyền, kiểm định trung tính và phân hóa quần thể được tính toán bằng phần mềm DnaSP 6 (Rozas & cs., 2017). Mạng lưới haplotype được xây dựng theo phương pháp Templeton-Crandall-Sing (TCS) bằng phần mềm PopArt (Clement & cs., 2002).

2.6. Đánh giá đặc điểm truyền qua bộ phận của SLCMV

Các thí nghiệm lây nhiễm nhân tạo được thực hiện tại phòng thí nghiệm thuộc Khoa Nông học, Trường Đại học Nông Lâm Thành phố Hồ Chí Minh.

Đánh giá thời gian chích nạp và chích truyền virus. Bộ phận trưởng thành sạch virus sau vũ hóa 24 giờ được bỏ đói 2 giờ trước khi thực hiện các thí nghiệm. Đối với đánh giá thời gian chích nạp, bộ phận bị bỏ đói được cho chích nạp trên cây sắn bệnh với các ngưỡng thời gian 5, 15, 30 phút; 1, 6, 12 và 24 giờ, sau đó được cho chích truyền 48 giờ trên cây sắn khỏe 3-5 lá. Ngược lại, để đánh giá thời gian chích truyền, bộ phận trưởng thành sạch virus được cho chích nạp 48 giờ trên cây sắn bệnh, sau đó bỏ đói 2 giờ và chích truyền trên cây sắn khỏe với các ngưỡng thời gian tương tự. Mỗi công thức được lặp lại 3 lần, mỗi lần 5 cây, 30 con/cây. Các cây thí nghiệm được đánh giá triệu chứng và kiểm tra SLCMV bằng PCR sau 2 tháng.

Đánh giá ảnh hưởng của tuổi bộ phận đến khả năng truyền virus. Bộ phận trưởng thành sạch sau khi vũ hóa 1, 3, 5 và 12 ngày được cho chích nạp trong 48 giờ trên cây sắn bệnh. Tiếp theo, bộ phận mang virus được cho chích truyền 48 giờ trên cây sắn khỏe 3-5 lá. Mỗi công thức được lặp lại 3 lần, mỗi lần 5 cây,

30 con/cây. Các cây thí nghiệm được đánh giá như trên.

Đánh giá ảnh hưởng của giới tính bộ phận đến khả năng truyền virus. Bộ phận trưởng thành đực và cái sạch virus sau vũ hóa 24 giờ được thu thập riêng rẽ và cho chích nạp trong 48 giờ và tiếp theo được cho chích truyền 48 giờ trên cây sắn khỏe 3-5 lá. Mỗi công thức giới tính được lặp lại 3 lần, mỗi lần 5 cây, 30 con/cây. Các cây thí nghiệm được đánh giá như trên. Hiệu quả truyền virus ở mức cá thể bộ phận được xác định bằng công thức:

$$p^* = 1 - (1 - R/N)^{1/i}$$

Trong đó p^* là hiệu quả truyền virus ở mức cá thể, R là số cây nhiễm virus (PCR dương tính), N là số cây thí nghiệm và i là số bộ phận lây nhiễm/cây (Gibbs & Gower, 1960).

Đánh giá khả năng truyền virus qua giao phối. Bộ phận đực hoặc cái trưởng thành sạch virus sau vũ hóa 24 giờ được cho chích nạp 48 giờ trên cây sắn bệnh. Từng cá thể đực hoặc cái mang virus được chuyển vào lồng kẹp có sẵn một trưởng thành cái hoặc đực không nhiễm (3 ngày tuổi) và kẹp lên lá cây cà tím giai đoạn 5-7 lá để giao phối trong 48 giờ. Kết thúc thời gian giao phối, từng trưởng thành đực và cái được thu riêng và kiểm tra SLCMV bằng PCR. Thí nghiệm được lặp lại 3 lần, mỗi lần 15 cá thể.

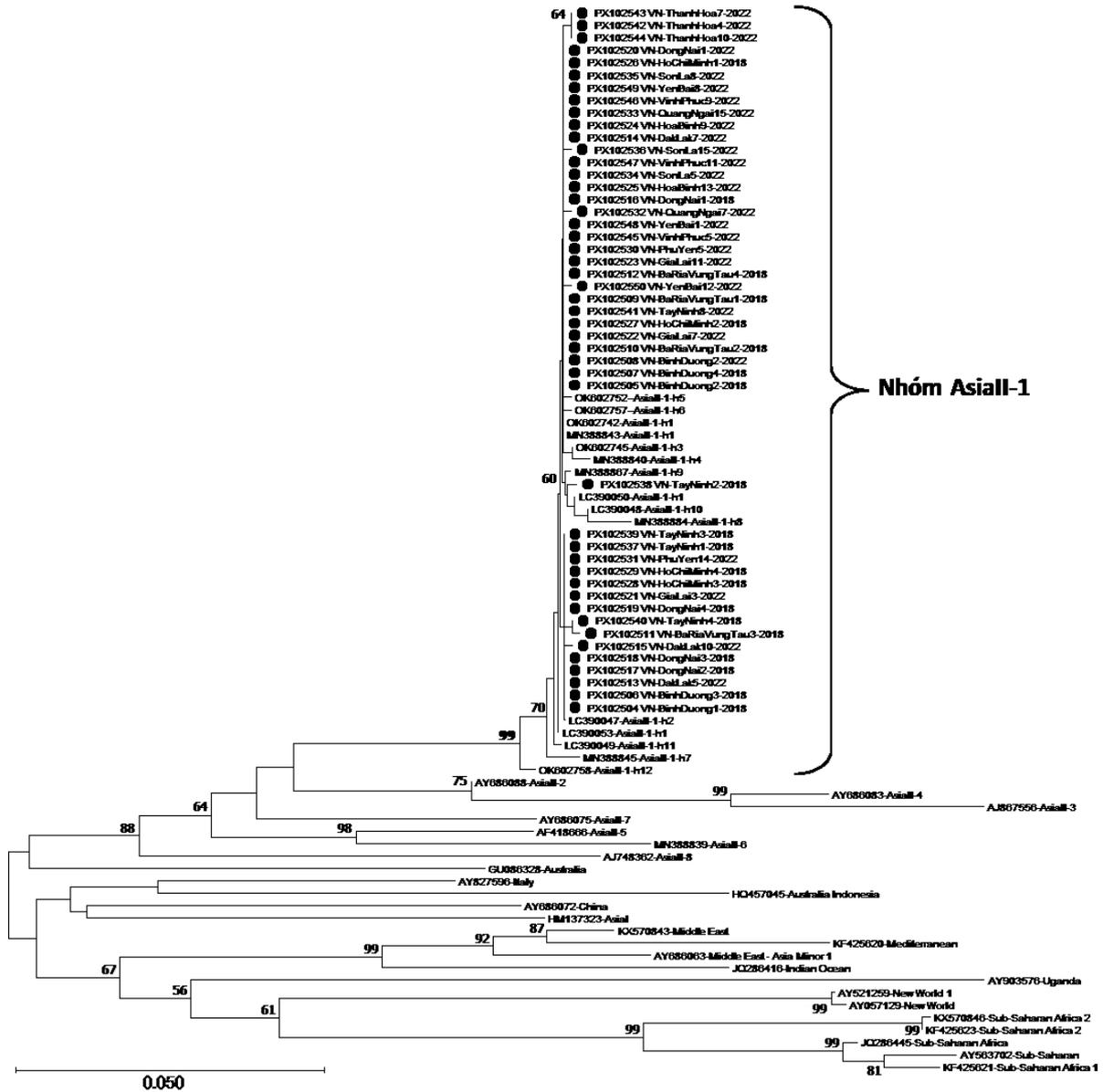
2.7. Phân tích thống kê

Ảnh hưởng của các yếu tố thí nghiệm lên tỷ lệ cây nhiễm virus, tỷ lệ cây biểu hiện triệu chứng hoặc tỷ lệ bộ phận mang virus được phân tích bằng các kiểm định trên bảng chéo (Crosstabs). Đối với các biến phân nhóm mang tính thứ tự, kiểm định Chi-square cho xu hướng (Linear-by-Linear Association hay còn gọi là Mantel-Haenszel test) được sử dụng để đánh giá mối quan hệ tuyến tính. Để đánh giá sự khác biệt giữa các nhóm, Fisher's Exact Test (đối với bảng 2×2) hoặc Fisher-Freeman-Halton Exact Test (đối với các bảng lớn hơn 2×2) được sử dụng. Các phân tích được thực hiện bằng phần mềm SPSS phiên bản 27.

Bộ phận (*Bemisia tabaci* Gennadius) trên sắn tại Việt Nam: Loài ẩn và đặc điểm truyền virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Begomovirus stanleyi*)

Bảng 1. Xác định loài ẩn *B. tabaci* thu thập trên sắn tại Việt Nam

Tên mẫu	Tỉnh (sau sáp nhập)	Ngày thu thập	Loài ẩn	Mã Genbank
VN-BinhDuong1-2018	Tp. Hồ Chí Minh	17/11/2018	Asiall-1	PX102504
VN-BinhDuong2-2018	Tp. Hồ Chí Minh	17/11/2018	Asiall-1	PX102505
VN-BinhDuong3-2018	Tp. Hồ Chí Minh	17/11/2018	Asiall-1	PX102506
VN-BinhDuong4-2018	Tp. Hồ Chí Minh	17/11/2018	Asiall-1	PX102507
VN-BinhDuong2-2022	Tp. Hồ Chí Minh	14/8/2022	Asiall-1	PX102508
VN-BaRiaVungTau1-2018	Tp. Hồ Chí Minh	22/11/2018	Asiall-1	PX102509
VN-BaRiaVungTau2-2018	Tp. Hồ Chí Minh	22/11/2018	Asiall-1	PX102510
VN-BaRiaVungTau3-2018	Tp. Hồ Chí Minh	22/11/2018	Asiall-1	PX102511
VN-BaRiaVungTau4-2018	Tp. Hồ Chí Minh	22/11/2018	Asiall-1	PX102512
VN-DakLak5-2022	Đắk Lắk	05/8/2022	Asiall-1	PX102513
VN-DakLak7-2022	Đắk Lắk	05/8/2022	Asiall-1	PX102514
VN-DakLak10-2022	Đắk Lắk	05/8/2022	Asiall-1	PX102515
VN-DongNai1-2018	Đồng Nai	19/11/2018	Asiall-1	PX102516
VN-DongNai2-2018	Đồng Nai	19/11/2018	Asiall-1	PX102517
VN-DongNai3-2018	Đồng Nai	19/11/2018	Asiall-1	PX102518
VN-DongNai4-2018	Đồng Nai	19/11/2018	Asiall-1	PX102519
VN-DongNai1-2022	Đồng Nai	12/8/2022	Asiall-1	PX102520
VN-GiaLai3-2022	Gia Lai	03/8/2022	Asiall-1	PX102521
VN-GiaLai7-2022	Gia Lai	03/8/2022	Asiall-1	PX102522
VN-GiaLai11-2022	Gia Lai	03/8/2022	Asiall-1	PX102523
VN-HoaBinh9-2022	Phú Thọ	16/5/2022	Asiall-1	PX102524
VN-HoaBinh13-2022	Phú Thọ	16/5/2022	Asiall-1	PX102525
VN-HoChiMinh1-2018	Tp. Hồ Chí Minh	23/11/2018	Asiall-1	PX102526
VN-HoChiMinh2-2018	Tp. Hồ Chí Minh	23/11/2018	Asiall-1	PX102527
VN-HoChiMinh3-2018	Tp. Hồ Chí Minh	23/11/2018	Asiall-1	PX102528
VN-HoChiMinh4-2018	Tp. Hồ Chí Minh	23/11/2018	Asiall-1	PX102529
VN-PhuYen5-2022	Đắk Lắk	08/6/2022	Asiall-1	PX102530
VN-PhuYen14-2022	Đắk Lắk	09/6/2022	Asiall-1	PX102531
VN-QuangNgai7-2022	Quảng Ngãi	05/6/2022	Asiall-1	PX102532
VN-QuangNgai15-2022	Quảng Ngãi	06/6/2022	Asiall-1	PX102533
VN-SonLa5-2022	Sơn La	06/9/2022	Asiall-1	PX102534
VN-SonLa8-2022	Sơn La	06/9/2022	Asiall-1	PX102535
VN-SonLa15-2022	Sơn La	07/9/2022	Asiall-1	PX102536
VN-TayNinh1-2018	Tây Ninh	20/11/2018	Asiall-1	PX102537
VN-TayNinh2-2018	Tây Ninh	20/11/2018	Asiall-1	PX102538
VN-TayNinh3-2018	Tây Ninh	20/11/2018	Asiall-1	PX102539
VN-TayNinh4-2018	Tây Ninh	20/11/2018	Asiall-1	PX102540
VN-TayNinh8-2022	Tây Ninh	20/5/2022	Asiall-1	PX102541
VN-ThanhHoa4-2022	Thanh Hóa	24/7/2022	Asiall-1	PX102542
VN-ThanhHoa7-2022	Thanh Hóa	24/7/2022	Asiall-1	PX102543
VN-ThanhHoa10-2022	Thanh Hóa	24/7/2022	Asiall-1	PX102544
VN-VinhPhuc5-2022	Phú Thọ	08/7/2022	Asiall-1	PX102545
VN-VinhPhuc9-2022	Phú Thọ	08/7/2022	Asiall-1	PX102546
VN-VinhPhuc11-2022	Phú Thọ	08/7/2022	Asiall-1	PX102547
VN-YenBai1-2022	Lào Cai	31/5/2022	Asiall-1	PX102548
VN-YenBai8-2022	Lào Cai	31/5/2022	Asiall-1	PX102549
VN-YenBai12-2022	Lào Cai	01/6/2022	Asiall-1	PX102550



Ghi chú: Số tại các nốt là giá trị thống kê bootstrap > 50% (1.000 lần lặp); Thanh bar trình bày khoảng cách di truyền.

Hình 1. Cây phả hệ dựa trên trình tự gen mtCOI của 47 mẫu bọ phần thu thập trên sán (chấm đen) với đại diện các loài ỉn theo Leiva & cs. (2022)

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Xác định loài ỉn của *B. tabaci* trên sán tại Việt Nam

Tổng số 47 trình tự gen mtCOI của bọ phần thu trên cây sán tại 10 tỉnh (sau sáp nhập) của Việt Nam đã được giải trình tự. Trình tự dài 786bp của 47 mẫu đã được gửi lên GenBank với

mã truy cập từ PX102504 đến PX102550 (Bảng 1). Kết quả tìm kiếm BLAST cho thấy 47 mẫu có mức đồng nhất trình tự cao nhất (99-100%) với các trình tự tương ứng loài ỉn AsiaII-1 trên GenBank. Phân tích phả hệ dựa trên trình tự thu được của 47 mẫu với đại diện các loài ỉn khác cho thấy chúng phân nhóm chặt (giá trị thống kê bootstrap 96%) trong cụm chứa các mẫu AsiaII-1 trên sán tại Thái Lan, Campuchia

Bọ phấn (*Bemisia tabaci* Gennadius) trên sắn tại Việt Nam: Loài ẩn và đặc điểm truyền virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Begomovirus stanleyi*)

và Việt Nam và tách biệt với các đại diện loài ẩn khác của *B. tabaci* (Hình 1).

3.2. Phân tích cấu trúc di truyền của quần thể AsiaII-1 trên sắn tại Việt Nam

3.2.1. Cấu trúc di truyền quần thể AsiaII-1 trên sắn

Tổng số 152 trình tự mtCOI bao gồm 47 trình tự trong nghiên cứu này và 105 trình tự AsiaII-1 trên sắn từ GenBank đã được sử dụng để phân tích cấu trúc di truyền. Đáng chú ý, không có mẫu AsiaII-1 được công bố trên sắn tại các châu lục khác, kể cả khu vực Nam Á. Tất cả các mẫu GenBank đều có nguồn gốc từ Thái Lan, Lào, Việt Nam và Trung Quốc. Bộ dữ liệu phân tích được tinh chỉnh với các trình tự có cùng độ dài 633 nucleotide, không chứa mã mờ và đột biến mất/thêm nucleotide (Bảng 2).

Kết quả phân tích cho thấy quần thể AsiaII-1 trên sắn ở châu Á có mức đa dạng di truyền thấp và mang dấu hiệu của kích thước quần thể hiệu quả nhỏ. Phân tích 152 mẫu cho thấy đa dạng haplotype ở mức trung bình ($Hd = 0,602$) còn đa dạng nucleotide ở mức rất thấp ($Pi = 0,00167$) (Bảng 2). Mặc dù có tới 30 haplotype được phát hiện (Hình 2) nhưng phân bố mất cân bằng rõ rệt: haplotype H2 chiếm ưu thế tuyệt đối (61,8%, 94/152 mẫu), còn lại chủ yếu là các haplotype hiếm, trong đó có tới 24 haplotype đơn (singleton) tức chỉ có một mẫu duy nhất (Hình 3). Đáng chú ý, haplotype H2 trong nghiên cứu này tương ứng với haplotype H1 phổ biến trên cây sắn ở Lào theo Leiva & cs. (2022), cho thấy sự thống nhất của haplotype chiếm ưu thế trong khu vực.

Các chỉ số kiểm định trung tính đều âm mạnh và có ý nghĩa thống kê (Bảng 2), phản ánh sự dư thừa biến dị hiếm, phù hợp với kích thước quần thể hiệu quả nhỏ và lệch khỏi trạng thái cân bằng di truyền.

Mạng lưới haplotype có cấu trúc dạng ngôi sao điển hình, với haplotype H2 đóng vai trò trung tâm và liên kết trực tiếp với nhiều haplotype hiếm thông qua rất ít bước đột biến (Hình 3), phản ánh dấu hiệu gia tăng số lượng

cá thể tương đối trong bối cảnh kích thước quần thể hiệu quả nhỏ.

Mức độ phân hóa di truyền giữa các quần thể rất thấp. Các giá trị F_{st} giữa Việt Nam - Lào (0,037), Việt Nam - Thái Lan (0,113) và Lào - Thái Lan (0,047) đều nhỏ hơn 0,15 (Bảng 3). Khoảng cách di truyền Da cũng rất nhỏ (0,00005-0,00022). Kết quả này cho thấy sự giao lưu gen (gen flow) giữa các quần thể AsiaII-1 trên sắn xuyên biên giới diễn ra mạnh mẽ.

3.2.2. Cấu trúc di truyền quần thể AsiaII-1 trên sắn tại Việt Nam

Quần thể AsiaII-1 trên cây sắn ở Việt Nam ($n = 54$) có cấu trúc di truyền tương tự xu hướng chung của khu vực, với 13 haplotype được ghi nhận. Đa dạng haplotype ở mức trung bình ($Hd = 0,706$) trong khi đa dạng nucleotide rất thấp ($Pi = 0,00164$) (Bảng 2). Các kiểm định trung tính đều âm (Bảng 2), cho thấy phổ biến dị lệch khỏi trạng thái cân bằng, phù hợp với quần thể có kích thước quần thể hiệu quả nhỏ.

Mạng lưới haplotype dạng hình sao với haplotype H2 chiếm ưu thế và phân bố rộng tại 8/10 tỉnh khảo sát (Hình 4). Haplotype H6 khác H2 bởi một đột biến và tập trung chủ yếu ở các tỉnh phía Nam. Phần lớn (9/13) các haplotype là haplotype đơn, phản ánh cấu trúc di truyền của quần thể có kích thước quần thể hiệu quả nhỏ.

3.2.3. So sánh với các nghiên cứu về quần thể AsiaII-1 trong khu vực

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi tương đồng với nghiên cứu gần đây tại Lào của Leiva & cs. (2022), trong đó AsiaII-1 là loài ẩn phổ biến trên cây sắn với mức đa dạng haplotype tương đương. Giá trị F_{st} rất thấp giữa Việt Nam và Lào (0,037) khẳng định sự liên kết di truyền chặt chẽ giữa hai quần thể. Các tác giả cũng cho rằng sắn không phải ký chủ chính của AsiaII-1, ít nhất ở Đông Nam Á.

Nghiên cứu gần đây hơn của Ramesh & cs. (2025) trên 676 mẫu AsiaII-1 từ tất cả ký chủ ở châu Á đã phát hiện tới 241 haplotype. Các tác giả khẳng định ký chủ và biệt lập địa lý là lực tiến hóa chính đối với loài ẩn này.

Bảng 2. Chỉ số đa dạng di truyền và kiểm định trung tính của quần thể AsiaII-1 trên sắn ở châu Á dựa trên gen mtCOI

Chỉ tiêu đánh giá	Chỉ số	Ký hiệu	Tổng số	Việt Nam	Thái Lan	Lào	Trung Quốc
Đa dạng di truyền	Số mẫu (= số trình tự mtCOI)	n	152	54	59	37	2
	Số vị trí phân tích (nucleotide)		633	633	633	633	633
	Số vị trí đa hình	S	38	11	20	10	2
	Tổng số đột biến eta	η	40	11	21	10	2
	Số lượng haplotype	Hap	30	13	13	6	2
	Chỉ số đa dạng haplotype	Hd	0,602	0,706	0,553	0,417	1
	Chỉ số đa dạng nucleotide	Pi (π)	0,00167	0,00164	0,00176	0,00115	KXD
	Chỉ số đa dạng theta dựa trên tổng số đột biến eta	θ_{η}	0,01129	0,00381	0,00714	0,00378	KXD
Kiểm định trung tính	Thống kê D của Tajima	Tajima's D	-2,5495 (P < 0,001)	-1,6403 (P ~ 0,1)	-2,3573 (P < 0,01)	-2,1103 (P < 0,05)	KXD
	Thống kê D* của Fu & Li	Fu & Li's D*	-6,9603 (P < 0,01)	-4,7232 (P < 0,01)	-4,9146 (P < 0,01)	-4,0734 (P < 0,01)	KXD
	Thống kê F* của Fu & Li	Fu & Li's F*	-5,9909 (P < 0,01)	-4,3672 (P < 0,01)	-4,5146 (P < 0,01)	-3,9073 (P < 0,01)	KXD
	Thống kê Fs của Fu	Fu's Fs	-37,486	-9,426	-8,477	-2,372	KXD

Ghi chú: Các trình tự GenBank: Việt Nam (7 mẫu: LC390047-LC390050, MT359897, MW051476-MW051477); Thái Lan (59 mẫu: MN388840-MN388841, MN388843, MN388845, MN388847, MN388849-MN388850, MN388852, MN388854-MN388857, MN388860-MN388863, MN388866-MN388869, MN388871-MN388874, MN388876-MN388882, MN388884, OM570556-OM570557, OM570575, OM570599, OM570614, OM572505-OM572507, OM604754, OM617998-OM617999, OM618018, OM618105, OM618107, OM618117, OM618131, OM618133, OM621868, OM621872, ON008180, ON010534-ON010540); Lào (37 mẫu: OK602742-OK602747, OK602752, OK602754-OK602758, OK602765-OK602766, OK602768-OK602775, OK602780, OK602782, OK602785-OK602794, OK602797-OK602798, OK602800); Trung Quốc (2 mẫu: HM137326, MH886414); KXD: Không xác định.

Bảng 3. Phân hóa di truyền giữa các quần thể AsiaII-1 trên sắn ở Đông Nam Á

Chỉ số	Ký hiệu	Cặp quần thể		
		Việt Nam và Lào	Việt Nam và Thái Lan	Lào và Thái Lan
Đa dạng haplotype trung bình trong cặp quần thể	Hs	0,5902	0,62617	0,50135
Số khác biệt nucleotide trung bình trong cặp quần thể	Ks	0,91004	1,07684	0,96508
Số khác biệt nucleotide trung bình giữa hai quần thể	Kxy	0,91542	1,21155	0,9661
Chỉ số phân hóa di truyền (Nei 1973)	Gst	0,03106	0,03983	0,0142
Chỉ số phân hóa di truyền (Lynch & Crease)	Nst	0,0374	0,11273	0,04709
Chỉ số cố định (Fixation Index)	Fst	0,0374	0,11263	0,04706
Khoảng cách di truyền trung bình giữa hai quần thể	Dxy	0,00145	0,00191	0,00153
Khoảng cách di truyền thuần túy giữa hai quần thể	Da	0,00005	0,00022	0,00007

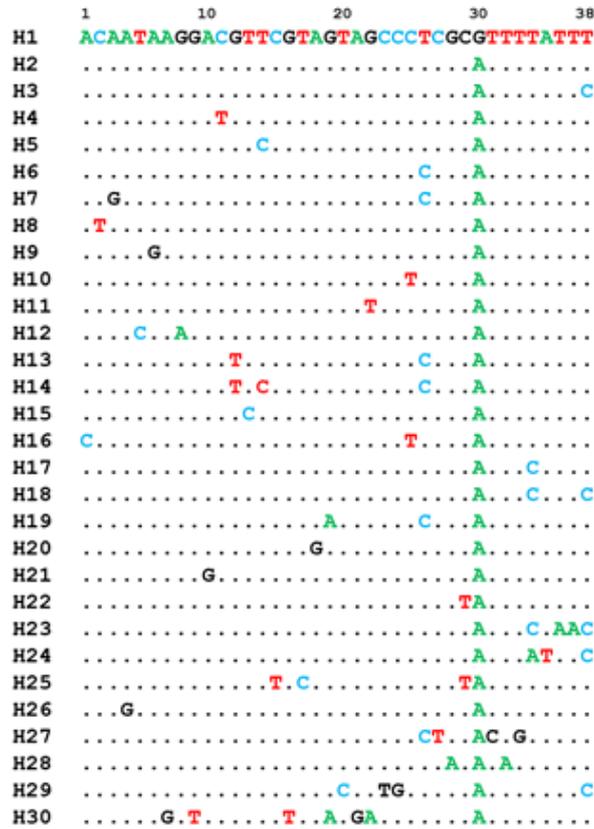
Cây sắn không phải là cây trồng mới và AsiaII-1 đã được ghi nhận phổ biến trên nhiều loài cây trồng khác nhau ở châu Á, bao gồm cả

Việt Nam (Götz & Winter, 2016). Kết quả nghiên cứu của chúng tôi phù hợp với khẳng định của Ramesh & cs. (2025) về vai trò quan

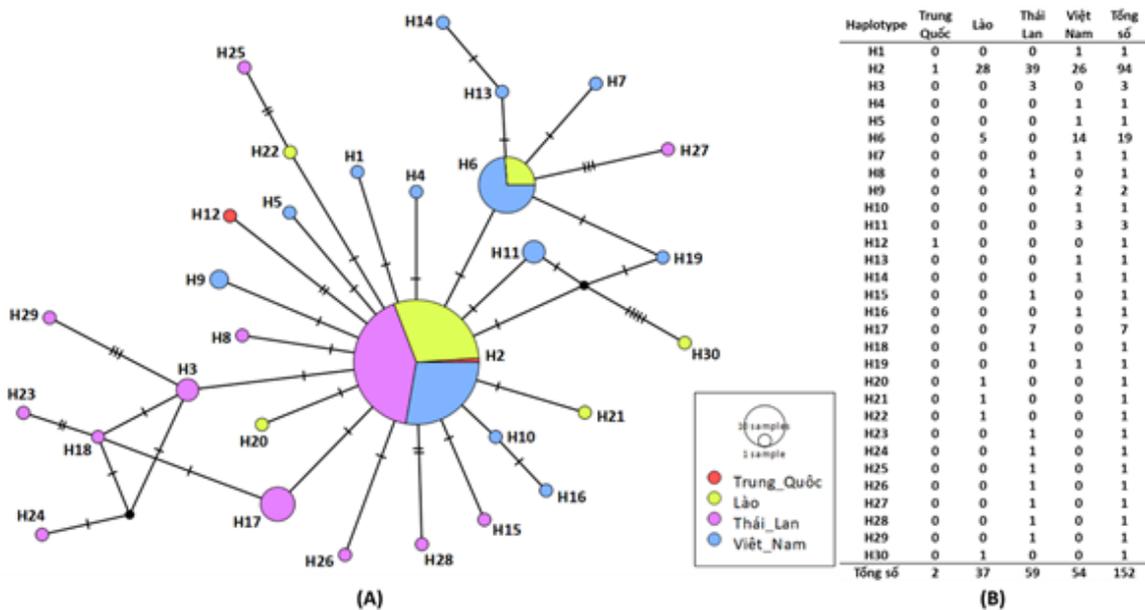
Bọ phấn (*Bemisia tabaci* Gennadius) trên sắn tại Việt Nam: Loài ẩn và đặc điểm truyền virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Begomovirus stanleyi*)

trọng của ký chủ trong định hình cấu trúc di truyền của quần thể AsiaII-1. Tuy nhiên, trái với quan điểm của Leiva & cs. (2022), chúng tôi

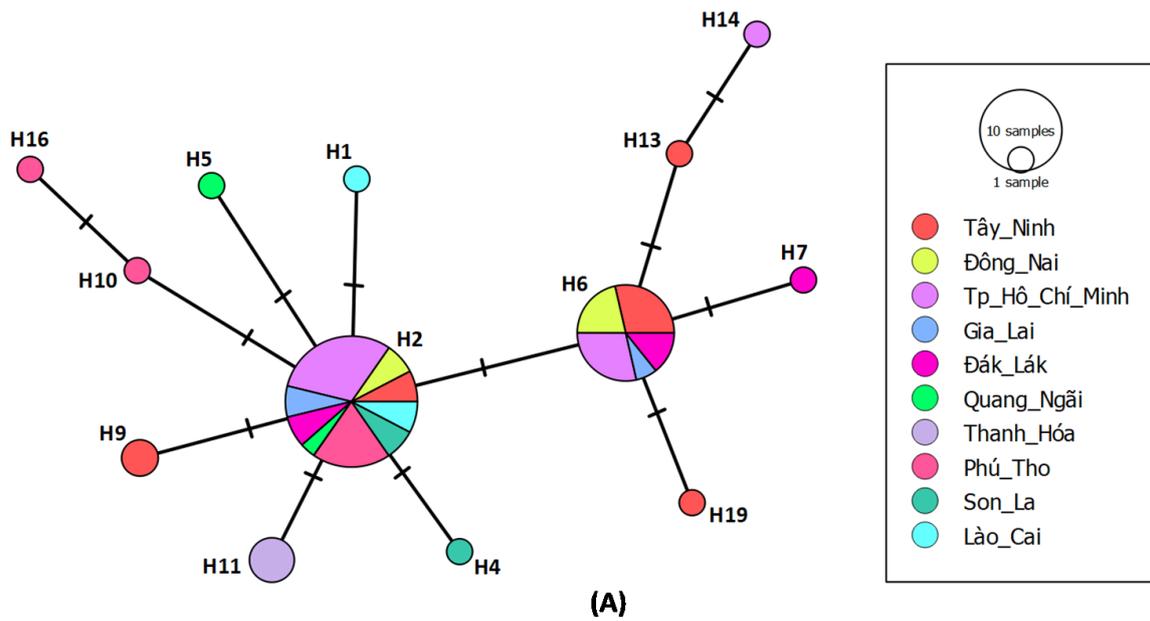
cho rằng dù không phải là ký chủ ưa thích, cây sắn vẫn phù hợp để duy trì một số haplotype của AsiaII-1 như H2 và có thể H6.



Hình 2. Các vị trí đa hình của các haplotype mtCOI trong quần thể AsiaII-1 trên sắn



Hình 3. Mạng lưới (A) và tần suất phân bố (B) haplotype mtCOI của quần thể AsiaII-1 trên sắn tại châu Á



Haplotype	Tây Ninh	Đồng Nai	Tp Hồ Chí Minh	Gia Lai	Đắk Lắk	Quảng Ngãi	Thanh Hóa	Phú Thọ	Sơn La	Lào Cai	Tổng số
H1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
H2	2	2	8	2	2	1	0	5	2	2	26
H4	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
H5	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
H6	4	3	4	1	2	0	0	0	0	0	14
H7	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
H9	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
H10	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
H11	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	3
H13	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H14	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
H16	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
H19	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Tổng số	10	5	13	3	5	2	3	7	3	3	54

Hình 4. Mạng lưới (A) và tần suất phân bố (B) haplotype mtCOI của quần thể AsiaII-1 trên sản tại Việt Nam

Bảng 4. Ảnh hưởng của thời gian chích nạp của bộ phận đến hiệu quả truyền SLCMV

Thời gian	Số cây với PCR+	Hiệu quả truyền virus (%)*	Khoảng tin cậy (95%)
5 phút	0	0,0 ^b	0,0-20,4
15 phút	0	0,0 ^b	0,0-20,4
30 phút	0	0,0 ^b	0,0-20,4
1 giờ	2	13,3 ^{ab}	3,7-37,9
6 giờ	4	26,7 ^{ab}	10,9-52,0
12 giờ	7	46,7 ^{ab}	24,8-69,9
24 giờ	10	66,7 ^a	41,7-84,8
P (Linear-by-Linear Association)		< 0,001	
P (Fisher-Freeman-Halton Exact Test)		< 0,001	

Ghi chú: *: Các số có cùng chữ cái không khác nhau ở mức ý nghĩa $\alpha = 0,05$.

Bọ phấn (*Bemisia tabaci* Gennadius) trên sắn tại Việt Nam: Loài ẩn và đặc điểm truyền virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Begomovirus stanleyi*)

3.3. Đặc điểm truyền SLCMV trên sắn của bọ phấn

3.3.1. Ảnh hưởng của thời gian chích nạp của bọ phấn đến hiệu quả truyền SLCMV

Kết quả thí nghiệm và các kiểm định thống kê (Bảng 4) cho thấy thời gian chích nạp ảnh hưởng rõ rệt đến hiệu quả truyền SLCMV trên sắn. Cụ thể, không có sự nhiễm bệnh nào xảy ra ở các thời gian chích nạp ≤ 30 phút. Hiệu quả truyền virus bắt đầu xuất hiện ở thời gian chích nạp 1 giờ (13,3%) và tăng liên tục, đạt mức cao nhất 66,7% ở 24 giờ.

Kết quả nghiên cứu này phù hợp với các nghiên cứu về xác định thời gian chích nạp tối thiểu của bọ phấn đối với các begomovirus khác là từ 10 phút đến 1 giờ (Rosen & cs., 2015).

3.3.2. Ảnh hưởng của thời gian chích truyền của bọ phấn đến hiệu quả truyền SLCMV

Kết quả thí nghiệm và các kiểm định thống kê (Bảng 5) cho thấy thời gian chích truyền ảnh hưởng rõ rệt đến hiệu quả truyền SLCMV trên

sắn. Hiệu quả truyền virus bắt đầu xuất hiện ở thời gian chích truyền 15 phút (6,7%) và tăng liên tục, đạt mức cao nhất 60,0% ở 24 giờ.

Thời gian chích truyền tối thiểu của bọ phấn đối với SLCMV trong nghiên cứu này tương tự với thời gian chích truyền tối thiểu của bọ phấn đối với các begomovirus khác và thường ngắn hơn thời gian chích nạp tối thiểu (Rosen & cs., 2015; Czosnek & cs., 2017).

3.3.3. Ảnh hưởng của giới tính bọ phấn đến hiệu quả truyền SLCMV

Kết quả thí nghiệm và phân tích thống kê (Bảng 6) cho thấy giới tính của bọ phấn có ảnh hưởng đến hiệu quả truyền SLCMV trên sắn. Khi quy đổi về mức cá thể dựa trên dữ liệu mẫu gộp, hiệu quả truyền virus ước tính cho bọ phấn cái là 5,2%, cao hơn đáng kể so với 2,1% ở bọ phấn đực. Thời gian tiềm dục của cây nhiễm cũng ngắn hơn ở nhóm cái (7-20 ngày) so với nhóm đực (15-29 ngày), cho thấy khả năng truyền virus xảy ra sớm hơn.

Bảng 5. Ảnh hưởng của thời gian chích truyền của bọ phấn đến hiệu quả truyền SLCMV

Thời gian	Số cây có PCR+	Hiệu quả truyền virus (%)*	Khoảng tin cậy (95%)
5 phút	0	0,0 ^c	0,0-20,4
15 phút	1	6,7 ^{bc}	1,2-29,8
30 phút	1	6,7 ^{bc}	1,2-29,8
1 giờ	3	20 ^{abc}	7,0-45,2
6 giờ	5	33,3 ^{abc}	15,2-58,3
12 giờ	8	53,3 ^{ab}	30,1-75,2
24 giờ	9	60,0 ^a	35,7-80,2
P (Linear-by-Linear Association)		< 0,001	
P (Fisher-Freeman-Halton Exact Test)		< 0,001	

Ghi chú: *: Các số có cùng chữ cái không khác nhau ở mức ý nghĩa $\alpha = 0,05$.

Bảng 6. Ảnh hưởng của giới tính bọ phấn đến hiệu quả truyền SLCMV

Giới tính	Số cây với PCR+	Tỷ lệ cây nhiễm (%)	Thời gian tiềm dục (ngày)	Hiệu quả truyền virus của cá thể bọ phấn (%)	Khoảng tin cậy (95%)
Đực	7	46,7	15-29	2,1	1,1-3,8
Cái	12	80,0	7-20	5,2	3,6-7,8
P (Fisher's Exact Test)				0,012	

Ghi chú: *: Thống kê được tính ở mức cá thể dương tính với PCR được suy ra từ hiệu quả truyền cá thể (bọ phấn đực 9/450; bọ phấn cái 24/450).

Bảng 7. Khả năng truyền SLCMV thông qua giao phối của bộ phận

Thí nghiệm	Số cá thể có PCR+ sau giao phối	Hiệu quả truyền virus qua giao phối (%)	Khoảng tin cậy (95%)
Đực mang virus × Cái khỏe	17	37,8	25,1-52,4
Cái mang virus × Đực khỏe	10	22,2	12,5-36,3
P (Fisher's Exact Test)		0,167	

Bảng 8. Ảnh hưởng của tuổi bộ phận đến khả năng truyền SLCMV

Tuổi bộ phận (ngày)	Số cây có PCR +	Hiệu quả truyền virus (%)	Khoảng tin cậy (95%)
3	9	60,0	35,7-80,2
5	8	53,3	30,1-75,3
7	5	33,3	15,2-58,3
14	3	20,0	7,0-45,2
P (Linear-by-Linear Association)		0,019	
P (Fisher-Freeman-Halton Exact Test)		0,113	

Nhiều nghiên cứu cho thấy giới tính của bộ phận *B. tabaci* có ảnh hưởng đến hiệu quả truyền begomovirus. Nhìn chung, bộ phận trưởng thành cái truyền virus hiệu quả hơn so với trưởng thành đực. Nguyên nhân có thể do sự khác biệt về kích thước cơ thể, hành vi chích hút lấy thức ăn và hệ vi sinh vật nội sinh (Guo & cs., 2014; Ning & cs., 2015; Czosnek & cs., 2017).

3.3.4. Xác định khả năng truyền SLCMV qua giao phối của bộ phận

Kết quả thí nghiệm (Bảng 7) cho thấy SLCMV có thể truyền qua giao phối giữa bộ phận đực và cái. Khi bộ phận đực mang virus giao phối với bộ phận cái khỏe, 17/45 (37,8%) cá thể cái dương tính với SLCMV; ngược lại, khi bộ phận cái mang virus giao phối với bộ phận đực khỏe, 10/45 (22,2%) cá thể đực dương tính. Phân tích Exact test ($P > 0,05$) cho thấy khả năng truyền tồn tại nhưng không có sự khác biệt đáng kể giữa các hướng truyền.

Các nghiên cứu trước đây cũng ghi nhận nhiều begomovirus truyền qua giao phối của bộ phận, với hiệu quả phụ thuộc vào loại virus và giới tính cá thể mang virus, thường cao hơn khi bộ phận đực truyền sang cái khỏe. Cơ chế được cho là liên quan đến trao đổi tế bào sinh dục hoặc dịch cơ thể chứa virus trong giao phối, giúp

virus xâm nhập vào máu (haemolymph) của bộ phận (Czosnek & cs., 2017).

3.3.5. Ảnh hưởng của tuổi bộ phận đến khả năng truyền SLCMV

Kết quả thí nghiệm (Bảng 8) cho thấy hiệu quả truyền virus giảm dần theo tuổi của bộ phận: 60,0% (3 ngày), 53,3% (5 ngày), 33,3% (7 ngày) và 20,0% (14 ngày). Kiểm định xu hướng tuyến tính (Linear-by-Linear Association) xác nhận đây là một xu hướng giảm có ý nghĩa thống kê ($P = 0,019$). Trong khi đó, kiểm định Exact Test có $P > 0,05$. Kết quả này gợi ý rằng tuổi bộ phận ảnh hưởng theo xu hướng tuyến tính giảm, nhưng chưa tạo khác biệt rõ ràng giữa từng nhóm tuổi cụ thể

4. KẾT LUẬN

Phân tích trình tự gen mtCOI của 47 mẫu *B. tabaci* trên cây sắn tại Việt Nam cho thấy tất cả các mẫu thuộc loài ản AsiaII-1 với 13 haplotype. Quần thể AsiaII-1 trên sắn tại Việt Nam và châu Á có kích thước quần thể hiệu quả nhỏ, đa dạng di truyền thấp, với haplotype H2 chiếm ưu thế. Cây sắn đóng vai trò như bộ lọc sinh thái, góp phần duy trì ưu thế tương đối của haplotype H2 trong quần thể AsiaII-1. Nghiên cứu đặc điểm truyền SLCMV của bộ phận cho

Bọ phấn (*Bemisia tabaci* Gennadius) trên sắn tại Việt Nam: Loài ẩn và đặc điểm truyền virus khảm lá sắn Sri Lanka (*Begomovirus stanleyi*)

thấy thời gian chích nạp ≥ 1 giờ, thời gian chích truyền ≥ 15 phút. Bọ phấn cái truyền SLCMV hiệu quả hơn bọ phấn đực và virus có thể được truyền qua giao phối.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Chandra A., Gk S., Bandi S.M., Parihar A.K., Gupta D.S., Akram M., Hazra K.K. & Dixit G.P. (2025). *Bemisia tabaci* (Gennadius): From Complex Species to a Species-Complex. Journal of Natural Science and Exploration. 1(1): 1-12.
- Chi Y., Pan L.-L., Bouvaine S., Fan Y.-Y., Liu Y.-Q., Liu S.-S., Seal S. & Wang X.-W. (2020). Differential transmission of Sri Lankan cassava mosaic virus by three cryptic species of the whitefly *Bemisia tabaci* complex. Virology. 540: 141-149.
- Clement M., Snell Q., Walke P., Posada D. & Crandall K. (2002). TCS: estimating gene genealogies. Parallel and distributed processing symposium, international. IEEE Computer Society. p. 7.
- Czosnek H., Hariton-Shalev A., Sobol I., Gorovits R. & Ghanim M. (2017). The incredible journey of begomoviruses in their whitefly vector. Viruses. 9(10): 273.
- Doyle J.J. & Doyle J.L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical bulletin. 19: 11-15.
- Gibbs A. & Gower J. (1960). The use of a multiple-transfer method in plant virus transmission studies—some statistical points arising in the analysis of results. Annals of applied biology. 48(1): 75-83.
- Götz M. & Winter S. (2016). Diversity of *Bemisia tabaci* in Thailand and Vietnam and indications of species replacement. Journal of Asia-Pacific Entomology. 19(2): 537-543.
- Guo H., Qu Y., Liu X., Zhong W. & Fang J. (2014). Female-biased symbionts and tomato yellow leaf curl virus infections in *Bemisia tabaci*. PLoS One. 9(1): e84538.
- 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., Chittarath K., Lopez-Alvarez D., Vongphachanh P., Gomez M.I., Sengsay S., Wang X.-W., Rodriguez R., Newby J. & Cuellar W.J. (2022). Mitochondrial genetic diversity of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) associated with cassava in Lao PDR. Insects. 13(10): 861.
- Ning W., Shi X., Liu B., Pan H., Wei W., Zeng Y., Sun X., Xie W., Wang S. & Wu Q. (2015). Transmission of Tomato yellow leaf curl virus by *Bemisia tabaci* as affected by whitefly sex and biotype. Scientific Reports. 5(1): 10744.
- Ramesh K.B., Mahendra C., Gouda M.R., Salim R. & Subramanian S. (2025). Genetic structure and haplotype analysis of predominant genetic group of *Bemisia tabaci* AsiaII-1 from Asia and India. Scientific Reports. 15(1): 11672.
- Rosen R., Kanakala S., Kliot A., Pakkianathan B.C., Farich B.A., Santana-Magal N., Elimelech M., Kontsedalov S., Lebedev G. & Cilia M. (2015). Persistent, circulative transmission of begomoviruses by whitefly vectors. Current Opinion in Virology. 15: 1-8.
- Rozas J., Ferrer-Mata A., Sánchez-Delbarrio J.C., Guirao-Rico S., Librado P., Ramos-Onsins S.E. & Sánchez-Gracia A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. Molecular biology and evolution. 34(12): 3299-3302.
- 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.
- Tamura K., Stecher G. & Kumar S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. Molecular biology and evolution. 38(7): 3022-3027.
- Trịnh Xuân Hoạt, Nguyễn Chí Hiếu, Ngô Quang Huy & Nguyễn Đức Huy (2021). 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: 206-214.
- 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: 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.