

Tuyển chọn chủng xạ khuẩn có hoạt tính cao về khả năng kháng nấm
Fusarium sp. từ đất trồng ngô tại tỉnh Phú Thọ

Trần Văn Chí*, Bùi Đình Lãm

Trường Đại học Nông Lâm Thái Nguyên

Selection of actinomycetes species with high activity against *Fusarium* sp.
from maize-cultivated soil in Phu Tho province

Tran Van Chi*, Bui Dinh Lam

Thai Nguyen University of Agriculture and Forestry

*Corresponding author: tranvanchi@tuaf.edu.vn

<https://doi.org/10.55250/jo.vnuf.15.3.2026.003-010>

TÓM TẮT

Nghiên cứu này tập trung phân lập và tuyển chọn các chủng xạ khuẩn có hoạt tính kháng nấm *Fusarium* sp. từ đất trồng ngô tại ba xã thuộc tỉnh Phú Thọ. Từ 15 mẫu đất thu thập, đã phân lập được 10 chủng xạ khuẩn với mức độ kháng nấm khác nhau. Trong đó, chủng KNF-15 cho đường kính vòng kháng lớn nhất (23,3 mm) và được ký hiệu là KNF-15. Trong các loại môi trường được khảo sát, KNF-15 sinh trưởng tốt nhất trên môi trường YIM 301. Bên cạnh đó, chủng tuyển chọn này thể hiện khả năng sử dụng hiệu quả saccharose hoặc glucose làm nguồn cacbon, với dải pH và nhiệt độ thích hợp lần lượt là từ 6,0–7,0 và từ 25–30°C; phạm vi chịu đựng pH từ 4,0–10 và nhiệt độ từ 20–40°C. Phân tích trình tự gen 16S rRNA (1.441 bp) xác định KNF-15 có mức tương đồng cao nhất (99,58%) với *Streptomyces virginiae* NRRL ISP-5094T và được định danh là *Streptomyces virginiae* KNF-15. Kết quả này cung cấp nguồn xạ khuẩn triển vọng phục vụ phát triển chế phẩm sinh học kháng nấm *Fusarium*, góp phần phòng trừ bệnh hại ngô theo hướng an toàn và bền vững.

Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 09/12/2025

Ngày phản biện: 13/01/2026

Ngày quyết định đăng: 16/02/2026

Từ khóa:

Đất trồng ngô, *Fusarium* sp.,
kháng nấm, xạ khuẩn.

Keywords:

Actinomycetes, antifungal,

Fusarium sp., maize-cultivated soil.

ABSTRACT

This study focused on isolating and selecting actinomycetes strains with activity against *Fusarium* sp. from maize-cultivated soils in three communes of Phu Tho province, Vietnam. From 15 collected soil samples, ten actinomycetes strains exhibiting varying antifungal capacities were obtained. Among them, KNF-15 exhibited the largest inhibition zone (23.3 mm) and is designated KNF-15. In some of the environments surveyed, KNF-15 grew optimally on YIM 301 medium. In addition, this selected strain showed the ability to efficiently utilize saccharose or glucose as carbon source, with suitable pH and temperature ranges from 6.0–7.0 and from 25–30°C; the strain tolerated pH values from 4.0 to 10.0 and temperatures from 20°C to 40°C. Analysis of the 16S rRNA gene sequence (1,441 bp) showed the highest similarity (99.58%) to *Streptomyces virginiae* NRRL ISP-5094T, leading to its identification as *Streptomyces virginiae* KNF-15. These findings provide a promising actinomycete resource for the development of biocontrol agents against *Fusarium* spp., contributing to sustainable and environmentally safe maize disease management.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong nhiều năm qua, chương trình nghiên cứu lai tạo giống ngô mới ở Việt Nam đã đạt được những kết quả nhất định. Rất nhiều giống tốt được đưa vào phục vụ sản xuất và đã đóng

góp đáng kể cho sản lượng ngô trong nước [1]. Tuy nhiên, mỗi năm Việt Nam vẫn cần nhập khẩu từ 12-14 tấn ngô hạt để đáp ứng nhu cầu làm thức ăn chăn nuôi [2]. Bên cạnh đó, việc thâm canh và tăng vụ đã làm gia tăng tình trạng

sâu bệnh hại, gây ảnh hưởng đáng kể đến năng suất ngô và thu nhập kinh tế của người nông dân [3]. Đến nay, việc phòng trừ bệnh hại chủ yếu là biện pháp hóa học, việc sử dụng thuốc hóa học liên tục sẽ dẫn đến mầm bệnh hình thành tính kháng, phát sinh loài mới [4]. Đồng thời thuốc hóa học thường không có khả năng tiêu diệt được bào tử nấm gây bệnh, mà còn ảnh hưởng nghiêm trọng đến vi sinh vật có ích, côn trùng có lợi, làm mất cân bằng sinh thái, để lại nhiều hậu quả lâu dài cho sản xuất và môi trường [5]. Trong số các tác nhân gây bệnh, bệnh do nấm *Fusarium* là những trở ngại đáng kể nhất vì rất khó kiểm soát, đặc biệt là các bệnh do nấm *Fusarium oxysporum* gây ra. Chúng tồn tại trong đất, xâm nhập vào cây qua rễ [6] và gây cho cây những bệnh điển hình như thối rễ [7, 8], thối thân [9], héo rũ [10-12]. Riêng đối với cây ngô, *Fusarium* sp. có thể gây ra đồng thời các bệnh thối bắp, thối thân, thối lá và thối rễ [13], làm ảnh hưởng nghiêm trọng đến năng suất [8]. Ngoài ra, ngô bị bệnh gây ra bởi *Fusarium* sp. khi được sử dụng làm thực phẩm hoặc thức ăn chăn nuôi còn bị nhiễm độc tố nấm [14]. Việc kiểm soát mầm bệnh này gặp khó khăn khi mà các phương pháp sử dụng tác nhân vật lý và hóa học thường không đạt được yêu cầu do ảnh hưởng xấu đến môi trường [6] cũng như sức khỏe con người [3]. Trong khi đó, đấu tranh sinh học là nền tảng của chương trình quản lý dịch hại tổng hợp với việc sử dụng chế phẩm sinh học là bước phát triển nông nghiệp chiến lược và bền vững. Xạ khuẩn là nhóm có nhiều tiềm năng nhất vì có thể sinh chất kháng sinh cao, có khả năng kháng nấm mạnh [15], hoặc tiết ra các chất chuyển hóa thứ cấp khác có độc tính [16] với mức độ hoạt động bề mặt mạnh mẽ [17]. Nhiều chủng xạ khuẩn có tỷ lệ đối kháng nấm bệnh lên đến 60%, chúng được coi là các tác nhân kiểm soát sinh học hiệu quả trong sản xuất nông nghiệp [18]. Để tạo ra những chế phẩm vi sinh có chức năng kháng nấm hiệu quả, góp phần xây dựng và phát triển ngành nông nghiệp an toàn và bền vững, việc tuyển chọn chủng xạ khuẩn có hoạt lực kháng nấm cao là rất cần thiết.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Các chủng xạ khuẩn được phân lập từ đất trồng ngô tại 3 xã thuộc tỉnh Phú Thọ; chủng nấm kiểm định *Fusarium oxysporum* KACC 41083 được cung cấp bởi ngân hàng chủng giống Hàn Quốc (KACC: Korean Agricultural Culture Collection).

2.2. Hóa chất, môi trường

Môi trường Gause I: 20,0 g tinh bột tan; 1,0 g KNO₃; 0,5 g NaCl; 0,5 g MgSO₄.7H₂O; 0,5 g K₂HPO₄; 10,0 mg FeSO₄.7H₂O; 20,0 g agar; 1.000 mL nước cất; pH = 7,3±0,2. *Môi trường PDA*: 200,0 g bột khoai tây; 20,0 g dextrose; 20,0 g agar; 1.000 mL nước cất, pH = 5,6 ± 0,2; *Môi trường ISP2*: 4,0 g cao nấm men; 10,0 g cao mạch nha; 4,0 g dextrose; 20,0 g agar; 1.000 mL nước cất; pH = 7,3± 0,2. *Môi trường ISP4*: 10,0 g tinh bột tan; 1,0 g K₂HPO₄; 1,0 g MgSO₄.7H₂O; 1,0 g NaCl; 1,0 g (NH₄)₂SO₄; 1,0 g CaCO₃; 20,0 g agar; 1.000 mL nước cất; pH = 7,3±0,2. *Môi trường YIM 301*: 24,0 g tinh bột tan; 3,0 g cao thịt; 5,0 g cao nấm men; 1,0 g glucose; 4,0 g CaCO₃; 1.000 mL nước cất; pH = 7,0± 0,2.

2.3. Phương pháp nghiên cứu

2.3.1. Phương pháp thu thập mẫu

Thu mẫu đất theo TCVN 7538-6:2010 [19]. Mẫu đất được thu tại các ruộng trồng ngô ở giai đoạn chín sinh lý, gạt bỏ phần tầng dư thực vật, lấy phần đất thịt vùng rễ ở độ sâu khoảng 5-10 cm. Tổng số 15 mẫu, được thu thập tại 3 xã của tỉnh Phú Thọ, gồm: Vĩnh Tường, Vĩnh Hưng và Vĩnh An. Tại mỗi xã thu 5 mẫu đất.

2.3.2. Phương pháp phân lập xạ khuẩn

Pha loãng 1 g mẫu đất trong 100 mL nước cất, lắc đều trong 15 phút, để lắng. Hút 100 µL dịch trong và cấy trải trên môi trường thạch đĩa Gause I [20]. Các đĩa thạch sau khi cấy trải được nuôi ở 30°C trong 7 ngày. Khuẩn lạc xuất hiện được cấy ria trên môi trường thạch đĩa Gause I cho đến khi thu được khuẩn lạc thuần khiết.

2.3.3. Phương pháp tuyển chọn xạ khuẩn có hoạt tính kháng nấm

Các chủng mới phân lập được cấy chấm điểm trên môi trường thạch đĩa Gause I đã được cấy trải nấm kiểm định *Fusarium oxysporum* KACC 41083. Khả năng kháng nấm của các chủng xạ khuẩn được xác định sau 7

ngày nuôi cấy ở 30°C thông qua đường kính vòng kháng nấm [20].

2.3.4. Phương pháp xác định đặc điểm nuôi cấy chủng tuyển chọn (môi trường, nhiệt độ, pH, khả năng đồng hóa 1 số nguồn cacbon)

Chủng tuyển chọn được nuôi cấy đồng thời trên môi trường PDA, Gause I, ISP2, ISP4 và YIM 301 để xác định khuẩn ty cơ chất, khuẩn ty khí sinh, sắc tố tan, khả năng sinh trưởng, khả năng đồng hóa nguồn cacbon (Fructose, Myo-inositol, Rhamnose, Saccharose, Lactose, Mannitol và Raffinose) được tiến hành theo mô tả của Shirling và Gottlieb (1966) [21]. Đánh giá ảnh hưởng của nhiệt độ (20 – 40°C, bước nhảy 5°C) và pH (từ 4 – 10, bước nhảy 0,5) của môi trường đến khả năng sinh trưởng của chủng [22].

2.3.5. Phương pháp định danh xạ khuẩn tuyển chọn

Chủng tuyển chọn được nuôi trong môi trường phù hợp (đã được khảo sát ở trên) ở dạng dịch thể trong 72 giờ, nuôi lắc ở 150 vòng/phút. Thu sinh khối tế bằng ly tâm ở 6000 vòng/phút trong 10 phút và tách chiết DNA tổng số theo phương pháp của Sambrook và Russell (2001) [23]. Trình tự gen 16S rRNA của

chủng tuyển chọn được khuếch đại bằng cặp mồi 27F và 1492R với thành phần và điều kiện phản ứng PCR theo mô tả của Klindworth và cộng sự (2013) [24]. Sản phẩm PCR được giải trình tự tại công ty Macrogen (Seoul, Hàn Quốc). Trình tự gen 16S rRNA của chủng tuyển chọn được so sánh với dữ liệu loài chuẩn công bố trên EzBioCloud [25], với giới hạn phân loại về mức độ tương đồng trình tự gen 16S rRNA theo mô tả của Browne và cộng sự (2016) [26]. Sơ đồ phả hệ của chủng được xây dựng thông qua phần mềm MEGA v7.0 [27].

2.3.6. Xử lý số liệu

Tất cả các thí nghiệm được lặp lại 3 lần. Số liệu được phân tích thống kê bằng phần mềm JASP 0.19.3 để đánh giá sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa các thí nghiệm.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

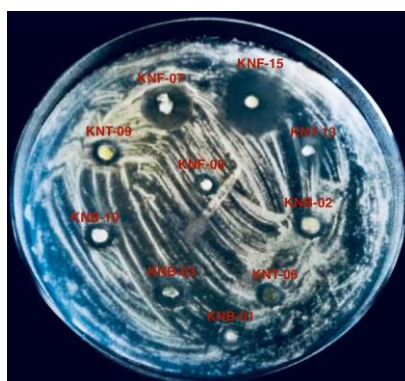
3.1. Phân lập và tuyển chọn chủng xạ khuẩn kháng nấm *F. oxysporum* KACC 41083

Từ 15 mẫu đất trồng ngô thu tại xã Vĩnh An, Vĩnh Hưng và Vĩnh Tường đã phân lập được 10 chủng xạ khuẩn đều thể hiện khả năng kháng nấm *Fusarium oxysporum* KACC 41083, với đường kính vòng kháng nấm bệnh khác nhau (Bảng 1 và Hình 1).

Bảng 1. Các chủng xạ khuẩn kháng *Fusarium oxysporum* KACC 41083 mới phân lập

TT	Ký hiệu	Đường kính vòng kháng nấm (mm)	TT	Ký hiệu	Đường kính vòng kháng nấm (mm)
1	KNF-03	12,6 ^c ± 0,6	6	KNB-08	9,5 ^e ± 0,5
2	KNF-07	18,2 ^b ± 0,9	7	KNB-10	11,4 ^d ± 0,6
3	KNF-15	23,3 ^a ± 0,5	8	KNT-06	6,0 ^h ± 0,3
4	KNB-01	8,7 ^f ± 0,1	9	KNT-09	7,2 ^g ± 0,4
5	KNB-02	10,1 ^e ± 0,2	10	KNT-13	5,4 ^h ± 0,3

Ghi chú: Các chữ cái khác nhau biểu thị sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa các chủng P < 0,05.



Hình 1. Các chủng mới phân lập được nuôi cấy trên môi trường Gause I và thể hiện tính kháng nấm *Fusarium oxysporum* KACC 41083

Theo đó, KNF-15 thể hiện đường kính vòng kháng nấm *Fusarium oxysporum* KACC 41083 cao nhất (23,3 mm), xếp thứ hai là KNF-07 (đạt 18,2 mm), các chủng còn lại có đường kính vòng kháng nấm kiểm định dao động từ 5,4 – 12,6 mm. Chủng KNF-15 thể hiện khả năng kháng nấm tương đương với kết quả được công bố bởi Đặng Thị Thùy Dương và cộng sự (2021) [18], khi nghiên cứu khả năng đối kháng nấm *Fusarium oxysporum* của chủng *Streptomyces griseorubens* LD-X11 và *Streptomyces iakyrus* LM-X8 với đường kính vòng kháng lần lượt là 23 mm và 22,5 mm. Kết quả này cao hơn so với công bố của Nguyễn Viết Hưng và cộng sự (2020) [28], khi nghiên cứu khả năng kháng nấm *Fusarium oxysporum* của *Streptomyces*

pratensis P5-1 (MK652886) với đường kính vòng kháng 13,5 mm. Như vậy, trong số 10 chủng mới được phân lập trong nghiên cứu này, KNF-15 thể hiện hoạt tính kháng nấm *Fusarium oxysporum* mạnh nhất. Theo Đặng Thị Thùy Dương và cộng sự (2021) [18] xạ khuẩn thể hiện vòng kháng nấm có đường kính > 20,0 mm được xếp vào nhóm có hoạt tính mạnh, nên chủng này sẽ được chọn để thực hiện các nghiên cứu tiếp theo.

3.2. Đặc điểm nuôi cấy của chủng tuyển chọn
3.2.1. Ảnh hưởng của loại môi trường nuôi cấy đến sinh trưởng của chủng tuyển chọn

Chủng KNF-15 được nuôi cấy trên 5 loại môi trường khác nhau và cho đặc điểm sinh trưởng thể hiện tại Bảng 2.

Bảng 2. Đặc điểm nuôi cấy chủng KNF-15

Môi trường	Sinh trưởng	Màu sắc khuẩn ty		Sắc tố tan
		Khí sinh	Cơ chất	
PDA	++	Xám	Nâu	Vàng cam
Gause I	++	Xám	Nâu	Vàng cam
ISP 2	++	Vàng nhạt	Vàng	Vàng nhạt
ISP 4	++	Xám	Nâu	Vàng cam
YIM 301	+++	Vàng chanh	Vàng	Vàng nhạt

Ghi chú: ++: Trung bình; +++: Tốt.

Kết quả Bảng 2 cho thấy, đặc điểm nuôi cấy của chủng KNF-15 thay đổi theo loại môi trường sử dụng, trong khi sắc tố tan thể hiện ở các loại môi trường đều có màu vàng thì màu sắc của khuẩn ty khí sinh và khuẩn ty cơ chất khá đa dạng, từ màu nâu, xám đến vàng. Theo khóa phân loại sơ bộ Bergey được công bố bởi Tresner và Backus (1963) [29], với những đặc điểm nuôi cấy của KNF-15 được miêu tả ở Bảng 2 cho thấy, chủng này có những tính chất chung của xạ khuẩn và được xếp vào chi *Streptomyces*. Khả năng sinh trưởng của chủng KNF-15 tốt nhất khi nuôi trong môi trường YIM 301. Điều này cho thấy, có sự khác biệt với công bố của Đỗ Thị Hiền và cộng sự (2019) [30] khi lựa chọn được môi trường Gause I là phù hợp nhất để nuôi cấy chủng xạ khuẩn P5-1. Tuy nhiên, kết quả này lại tương đồng với công bố của Nguyễn Thị Thanh Mai và cộng sự (2024) [31] khi khảo sát khả năng sinh trưởng và tạo vòng kháng

nấm của chủng xạ khuẩn *Streptomyces* sp. VNUA116 trên 15 loại môi trường khác nhau, trong đó môi trường YIM 301 là tốt nhất. Công bố của Y. Jiang và cộng sự (2016) [32] cũng cho thấy, YIM 301 là môi trường tiềm năng cho ứng dụng nuôi cấy xạ khuẩn.

3.2.2. Ảnh hưởng của nguồn cacbon đến sinh trưởng của chủng tuyển chọn

Nguồn dinh dưỡng cacbon giúp tế bào thu nhận năng lượng thông qua việc thực hiện quá trình tổng hợp và trao đổi Hydratcacbon. Đối với xạ khuẩn, nguồn cacbon khác nhau cũng ảnh hưởng đến sinh trưởng của chúng [33]. Chủng tuyển chọn được cấy trong môi trường YIM 301, tinh bột được thay thế lần lượt bằng 8 nguồn cacbon khác nhau, bao gồm: Glucose, Fructose, Myo-inositol, Rhamnose, Saccharose, Lactose, Mannitol, Raffinose. Sự ảnh hưởng của các nguồn dinh dưỡng cacbon này đến sự sinh trưởng của chủng KNF-15 được thể hiện tại Bảng 3.

Bảng 3. Khả năng đồng hóa các nguồn cacbon của chủng KNF-15

Nguồn dinh dưỡng cacbon	Khả năng sinh trưởng	Nguồn dinh dưỡng cacbon	Khả năng sinh trưởng
Glucose	+++	Saccharose	+++
Fructose	++	Lactose	++
Myo-inositol	+	Mannitol	++
Rhamnose	+	Raffinose	+

Ghi chú: +: Yếu; ++: Trung bình; +++: Tốt.

Kết quả Bảng 3 cho thấy, chủng KNF-15 có thể đồng hóa tất cả các nguồn cacbon được khảo sát, tuy nhiên mức độ ảnh hưởng đến sinh trưởng của chủng là khác nhau. Myo-inositol, Rhamnose và Raffinose là các nguồn cacbon tạo ra năng lực sinh trưởng yếu; Fructose, Lactose và Mannitol giúp tạo ra năng lực sinh trưởng trung bình; sinh trưởng tốt nhất khi nuôi trên môi trường có Glucose và Saccharose. Điều này rất có ý nghĩa trong sản xuất, có thể sử dụng các thành phần môi trường thay thế để tiết kiệm chi phí nguyên liệu. Một số công bố về khảo sát khả năng sử dụng các nguồn đường khác nhau của xạ khuẩn có thể kể đến, như công bố của Phạm Hồng Hiến và cộng sự (2022) [33] khi nghiên cứu ảnh hưởng của các nguồn cacbon đến sinh trưởng của chủng xạ khuẩn XK3.1 và Tra, kết quả cho thấy Dextrin tốt nhất cho sự sinh trưởng của 2 chủng nghiên cứu. Trong khi đó, Glucose, Saccharose và Lactose chỉ cho năng lực sinh trưởng trung bình, thậm chí đối với Fructose các chủng nghiên cứu còn không

có khả năng đồng hóa. Công bố của Phạm Thị Huệ và cộng sự (2020) [34], khi nghiên cứu sinh trưởng của các chủng xạ khuẩn VTCC40895 và CTCC41724 với các nguồn đường Glucose, Fructose, Lactose, Raffinose và Manitol cho kết quả về sự ảnh hưởng của các nguồn đường này đến sinh trưởng của 2 chủng hoàn toàn trái ngược nhau. Trong khi với các nguồn đường trên giúp chủng VTCC41724 sinh trưởng tốt và rất tốt thì chủng VTCC40895 lại sinh trưởng yếu. Điều này cho thấy sự đa dạng về khả năng đồng hoá các nguồn cacbon trong môi trường nuôi cấy của các chủng xạ khuẩn [33]. Xét về giá thành và sự tiện lợi cho lên men sản xuất sau này, môi trường YIM 301 sẽ được cải biến sử dụng nguồn cacbon là Saccharose.

3.2.3. Ảnh hưởng của pH môi trường và nhiệt độ nuôi đến sinh trưởng của KNF-15

Việc khảo sát pH ban đầu và nhiệt độ nuôi cấy chủng tuyển chọn nhằm cung cấp thông tin về điều kiện lên men sau này, kết quả khảo sát được thể hiện tại Bảng 4.

Bảng 4. pH môi trường và nhiệt độ nuôi thích hợp cho sự sinh trưởng của KNF-15

Yếu tố khảo sát	Khả năng sinh trưởng	
	Khoảng thích hợp	Khoảng chịu đựng
pH	6-7	4-10
Nhiệt độ (°C)	25-30	20-40

Kết quả Bảng 4 cho thấy, chủng KNF-15 có giá trị cực hạn pH từ 4,0 – 10,0 và nhiệt độ từ 20 – 40°C. Khả năng tăng sinh của chủng tốt nhất khi nuôi trong môi trường có pH trong khoảng 6,0 – 7,0 và nhiệt độ từ 25 – 30°C. Kết quả này khá phù hợp với giá trị pH và nhiệt độ tối ưu của chủng *Streptomyces* sp. VNUA27 được công bố bởi Đinh Trường Sơn và cộng sự

(2022) [35] và tương đồng với công bố của Phạm Thị Huệ và cộng sự (2020) [34] về đặc điểm nuôi cấy của 2 chủng xạ khuẩn thuộc chi *Streptomyces* (VTCC 40895 và VTCC 41724).

3.3. Định danh chủng tuyển chọn

Trình tự gen 16S rRNA của chủng KNF-15 có kích thước 1.441 bp, có sự tương đồng cao nhất (99,58%) với *Streptomyces virginiae* NRRL ISP-

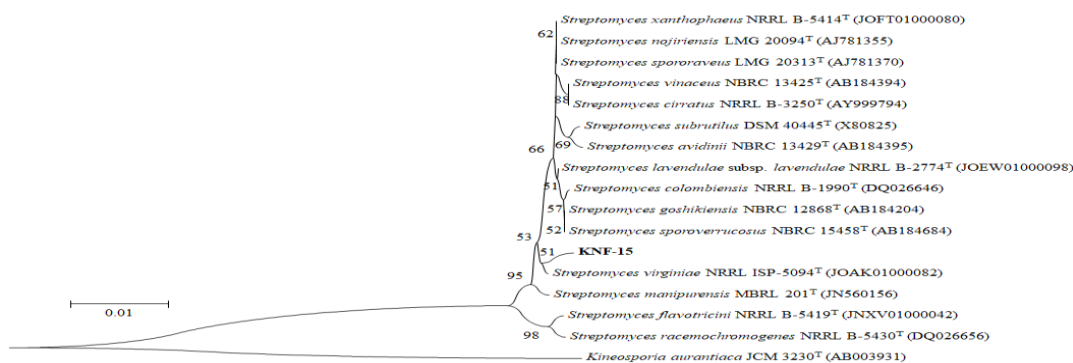
5094^T (JOAK01000082) (Bảng 5). Kết quả so sánh trình tự 16S rRNA cho thấy, chủng KNF-15 được phân loại thuộc chi *Streptomyces* và được đặt tên là *Streptomyces virginiae* KNF-15.

Sơ đồ phả hệ dựa vào trình tự gen 16S rRNA với các chủng chuẩn gần nhất cho thấy chủng KNF-15 cùng nhánh với *Streptomyces virginiae*

NRRL ISP-5094^T (JOAK01000082) và được sắp xếp cùng nhóm với các thành viên của chi *Streptomyces* (Hình 2). Từ dữ liệu so sánh trình tự gen 16S rRNA và sơ đồ phả hệ, có thể khẳng định: chủng KNF-15 được phân loại thuộc chi *Streptomyces*, với tên gọi là *Streptomyces virginiae* KNF-15.

Bảng 5. Kết quả so sánh trình tự 16S rRNA của chủng KNF-15 với các loài gần nhất

Loài gần nhất	Mức độ tương đồng (%)	Số nucleotide khác biệt
<i>Streptomyces virginiae</i> NRRL ISP-5094 ^T (JOAK01000082)	99,58	6/1441
<i>Streptomyces xanthophaeus</i> NRRL B-5414 ^T (JOFT01000080)	99,44	8/1441
<i>Streptomyces cirratus</i> NRRL B-3250 ^T (AY999794)	99,44	8/1441
<i>Streptomycesnojiriensis</i> LMG 20094 ^T (AJ781355)	99,44	8/1441
<i>Streptomyces spororaveus</i> LMG 20313 ^T (AJ781370)	99,44	8/1441
<i>Streptomyces vinaceus</i> NBRC 13425 ^T (AB184394)	99,44	8/1437
<i>Streptomyces lavendulae</i> subsp. <i>lavendulae</i> NRRL B-2774 ^T	99,38	9/1441
<i>Streptomyces manipurensis</i> MBRL 201 ^T (JN560156)	99,38	9/1440
<i>Streptomyces sporoverrucosus</i> NBRC 15458 ^T (AB184684)	99,30	10/1435
<i>Streptomyces goshikiensis</i> NBRC 12868 ^T (AB184204)	99,30	10/1430
<i>Streptomyces colombiensis</i> NRRL B-1990 ^T (DQ026646)	99,24	11/1441
<i>Streptomyces avidinii</i> NBRC 13429 ^T (AB184395)	99,17	12/1441
<i>Streptomyces subbrutillus</i> DSM 40445 ^T (X80825)	99,17	12/1440
<i>Streptomyces racemochromogenes</i> NRRL B-5430 ^T (DQ026656)	98,82	17/1441
<i>Streptomyces polychromogenes</i> NBRC 13072 ^T (AB184292)	98,82	17/1437
<i>Streptomyces flavotricini</i> NRRL B-5419 ^T (JNXV01000042)	98,75	18/1441



Hình 2. Sơ đồ phả hệ của chủng KNF-15 với các chủng chuẩn thuộc loài gần nhất

4. KẾT LUẬN

Tuyển chọn được chủng KNF-15 cho đường kính vòng kháng nấm kiểm định lớn nhất (đạt 23,3 mm). Trong số 5 loại môi trường khảo sát, chủng KNF-15 sinh trưởng tốt nhất trong môi trường YIM 301 với saccharose là nguồn cacbon phù hợp và nuôi ở dải pH và nhiệt độ tối ưu lần lượt

là 6,0 – 7,0 và 25 – 30°C. Trình tự gen 16S rRNA của chủng KNF-15 có mức độ tương đồng cao nhất với *Streptomyces virginiae* NRRL ISP-5094^T (JOAK01000082) và theo sơ đồ phân loại được xếp vào chi *Streptomyces*, do vậy chủng tuyển chọn được đặt tên là *Streptomyces virginiae* KNF-15.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

[1]. Mai Xuân Triệu, Nguyễn Tiến Trường, Bùi Văn Hiệu, Vũ Duy Tuấn, Mai Thị Tuyết & Đỗ Việt Tiệp (2016). Kết quả nghiên cứu chọn tạo và sản xuất thử giống ngô lai cho vùng thâm canh. Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam. 4(65): 3-9.

[2]. Lê Quý Tường, Lê Quang Hòa & Hoàng Thị Thanh Quỳnh (2020). Nghiên cứu khả năng sinh trưởng, phát triển và năng suất của các giống ngô lai nhập nội tại Hà Nội. Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam. 5(114): 3-7.

[3]. Lê Minh Tường & Đỗ Thanh Tuyền (2016). Hiệu quả phòng trị của xạ khuẩn đối với bệnh đốm vằn trên bắp. Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ. 3: 62-69.

[4]. Backman P. A., M. Wilson & J. F. Murphy (1997). Bacteria for biological control of plant disease. In: Rechcigl N. A. and J. E. Rechcigl, Environmentally Safe Approaches to Crop Diseases Control. Lewis Publishers, Baco Raton, Florida: 95-109.

[5]. Phuong Anh Nguyen, Caroline Strub, Angélique Fontana & Sabine Schorr-Galindo (2017). Crop molds and mycotoxins: Alternative management using biocontrol. Biological Control. 104: 10-27.

[6]. T. Arie (2019). Fusarium diseases of cultivated plants, control, diagnosis, and molecular and genetic studies. Journal of Pesticide Science. 44(4): 275-281.

[7]. M. M. D. Arias, L. F. Leandro & G. P. Munkvold (2013). Aggressiveness of Fusarium species and impact of root infection on growth and yield of soybeans. Phytopathology. 103: 822-832.

[8]. K. F. Chang, S. F. Hwang, R. L. Conner, H. U. Ahmed, Q. Zhou, G. D. Turnbull, S. E. Strelkov, D. L. McLaren & B. D. Gossen (2015). First report of Fusarium proliferatum causing root rot in soybean (*Glycine max* L.) in Canada. Crop Prot. 67: 52-58.

[9]. H. Kaur, C. Mohan, Y. Vikal & M. Singh (2014). Pathogenic and molecular characterization of Fusarium moniliforme shield, the incitant of Fusarium maize stalk rot in the Punjab State of India. Maydica. 59: 290-297.

[10]. R. C. Ploetz (2006). Fusarium wilt of banana is caused by several pathogens referred to as Fusarium oxysporum f. sp. cubense. Phytopathology. 96: 653-656.

[11]. Ma L.J., Shea T., Young S., Zeng Q. & Kistler H.C. (2014). Genome sequence of Fusarium oxysporum f. sp. melonis strain NRRL 26406, a fungus causing wilt disease on melon. Genome Announc. 2(4): e00730-14
DOI: 10.1128/genomeA.00730-14.

[12]. Cohen R., Orgil G., Burger Y., Saar U., Elkabetz M., Tadmor Y., Edelstein M., Belausov E., Maymon M. & Freeman S. (2015). Differences in the responses of melon accessions to fusarium root and stem rot and their

colonization by Fusarium oxysporum f. sp. radiscucumerinum. Plant. Pathol. 64: 655-663.

[13]. Q. Yang, P. Balint-Kurti & M. L. Xu (2017). Quantitative disease resistance: Dissection and adoption in maize. Mol. Plant. 10: 402-413.

[14]. Elisabeth Oldenburg, Frank Höppner, Frank Ellner & Joachim Weinert (2017). Fusarium diseases of maize associated with mycotoxin contamination of agricultural products intended to be used for food and feed. *Mycotoxin Research*, 33: 167-182.
DOI: 10.1007/s12550-017-0277-y.

[15]. Lê Thị Hiền, Đinh Văn Lợi, Vũ Thị Vân & Nguyễn Văn Giang (2014). Phân lập và tuyển chọn các chủng xạ khuẩn (*Streptomyces* spp.) đối kháng nấm bệnh cây. Tạp chí Khoa học và Phát triển. 12(5): 656-664.

[16]. Schrey S.D. & Tarkka M.T. (2008). Friends and foes: Streptomyces as modulators of plant disease and symbiosis. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 94(1): 11-19.

[17]. Hibbing M.E., Fuqua C., Parsek M.R. & Peterson S.B. (2010). Bacterial competition: surviving and thriving in the microbial jungle. *Nature reviews. Microbiology*. 8(1): 15-25.

[18]. Đặng Thị Thùy Dương, Hoa Thị Minh Tú, Trịnh Thị Hoa, Phan Thị Tuyết Minh, Nguyễn Thế Trang, Lê Thị Minh Thành, Lê Thị Thanh Xuân, Lê Thị Thanh Thủy & Nguyễn Phương Huệ (2021). Tuyển chọn chủng xạ khuẩn có khả năng đối kháng nấm fusarium oxysporum gây bệnh thối củ ở cây hoa Lily. Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam. 10(131): 73-79.

[19]. TCVN 7538-6:2010 (2010). Phần 6: Hướng dẫn về thu thập, xử lý và bảo quản mẫu đất ở điều kiện hiếu khí để đánh giá các quá trình hoạt động, sinh khối và tính đa dạng của vi sinh vật trong phòng thí nghiệm.

[20]. Pan J., Geng X., Cai Y., Yu Y., Hou Y., Liu Y., Ya C. & Liu Q. (2024). Identification, fermentation optimization, and biocontrol efficacy of actinomycete YG-5 for the prevention of Alternaria leaf spot disease in star anise. *Scientific Reports*, 14(1): 18621
DOI: 10.1038/s41598-024-69733-5.

[21]. E. B. Shirling & D. Gottlieb (1966). Methods for characterization of Streptomyces species. *International Journal of Systematic Bacteriology*. 16: 313-340.

[22]. Nguyen T. M. & Kim J. (2015). Description of Streptomyces fabae sp. nov., a producer of antibiotics against microbial pathogens, isolated from soybean (*Glycine max*) rhizosphere soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 65(11): 4151-4156.

[23]. J. Sambrook & D. W. Russell (2001). Molecular Cloning (A Laboratory Manual, 3rd Ed. In Cold Spring Harbor Laboratory Press). New York.

- [24]. A. Klindworth, E. Pruesse & T. Schweer (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and nextgeneration sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Research*. 41(1): 1-11.
- [25]. Chun J., Lee J. H., Jung Y., Kim M., Kim S., Kim B. K. & Lim Y. W. (2007). EzTaxon: a web-based tool for the identification of prokaryotes based on 16S ribosomal RNA gene sequences. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 57(10): 2259-2261.
- [26]. H. P. Browne, S. C. Forster & B. O. Anonye (2016). Culturing of “unculturable” human microbiota reveals novel taxa and extensive sporulation. *Nature*. 533: 543-546.
- [27]. Kumar S., Stecher G. & T. K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*. 33(7): 1870-1974.
- [28]. Nguyễn Việt Hưng, Đỗ Thị Hiền & N. M. Tuấn (2020). Tuyển chọn và định danh chủng xạ khuẩn có hoạt tính kháng nấm gây bệnh thực vật. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Đại học Thái Nguyên*. 225(08): 448-453.
- [29]. H. D. Tresner & E. J. Buckus (1963). System of color wheels for *Streptomyces* taxonomy. *Applied microbiology*. 11: 335-338.
- [30]. Đỗ Thị Hiền, Đỗ Bích Huệ, Nguyễn Mạnh Tuấn & Nguyễn Xuân Vũ (2019). Phân lập và tuyển chọn chủng xạ khuẩn sinh kháng sinh ức chế sinh trưởng vi khuẩn Gram dương. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Đại học Thái Nguyên*. 197(04): 127-133.
- [31]. Nguyễn Thị Thanh Mai, Nguyễn Thị Thu, Bùi Xuân Tứ, Trần Văn Tuấn, Phạm Hồng Hiển & Nguyễn Xuân Cảnh (2024). Xác định điều kiện lên men thích hợp cho chủng xạ khuẩn *Streptomyces* sp. VNUA166 nhằm tăng khả năng kháng nấm *Fusarium oxysporum* f.sp.cubense gây bệnh héo rũ trên cây chuối. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*. 66(6): 26-33. DOI: 10.31276/VJST.66(6).26-33.
- [32]. Yi Jiang, Qinyuan Li, Xiu Chen & Chenglin Jiang (2016). Isolation and cultivation methods of Actinobacteria. *Actinobacteria - Basics and Biotechnological Applications*. IntechOpen. DOI: 10.5772/61457.
- [33]. Phạm Hồng Hiển, Đặng Thành Đạt, Nguyễn Huy Thuần, Trần Bảo Trâm & Nguyễn Văn Giang (2022). Nghiên cứu khả năng sử dụng chủng *Streptomyces* XK3.1 và Tra trong phòng trừ *Fusarium oxysporum* và *Corynespora cassiicola*. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*. 5(138): 61-68.
- [34]. Phạm Thị Huệ, Đinh Thị Ngọc Mai, Nguyễn Thị Vân, Nguyễn Hồng Minh & Nguyễn Kim Nữ Thảo (2020). Nghiên cứu hoạt tính kháng một số vi khuẩn gây bệnh thực vật của các chủng xạ khuẩn phân lập ở Việt Nam. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*. 5(114): 60-67.
- [35]. Đinh Trường Sơn, Nguyễn Thị Thanh Mai, Nguyễn Thị Thu, Nguyễn Thanh Hải, Trần Thị Đào, Ngô Thị Vân Anh & Nguyễn Xuân Cảnh (2022). Nghiên cứu đặc tính đối kháng với nấm *Fusarium oxysporum* gây bệnh trên chuối của chủng xạ khuẩn *Streptomyces* sp. VNUA27. *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*. 20(8): 1042-1053.