

Ứng dụng metagenomics trong nghiên cứu vi sinh vật vùng rễ có khả năng kháng bệnh cho cây trồng

Trần Thị Ngọc Linh¹, Nguyễn Kiều Bằng Tâm^{1,*}, Lương Hữu Thành²



Use your smartphone to scan this QR code and download this article

¹Khoa Môi trường, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Hà Nội, 334 Nguyễn Trãi, Thanh Xuân, Hà Nội

²Viện Môi trường Nông nghiệp, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam, Bộ Nông nghiệp và Môi trường, đường Sa Đới, phường Đại Mỗ, Hà Nội

Liên hệ

Nguyễn Kiều Bằng Tâm, Khoa Môi trường, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Hà Nội, 334 Nguyễn Trãi, Thanh Xuân, Hà Nội

Email: tamnkb@hus.edu.vn

Lịch sử

- Ngày nhận: 04-03-2026
- Ngày sửa đổi: 21-05-2026
- Ngày chấp nhận: 28-05-2026
- Ngày đăng: 04-09-2026

DOI : <https://doi.org/10.32508/vnuhcmj-ees.v10i2.891>



Check for updates

Bản quyền

© Tạp chí ĐHQG Tp.HCM. Đây là bài báo công bố mở được phát hành theo các điều khoản của the Creative Commons Attribution 4.0 International license.

TÓM TẮT

Vi sinh vật vùng rễ (rhizosphere microbiome) đóng vai trò thiết yếu trong việc duy trì sức khỏe cây trồng, tham gia vào các quá trình sinh học như cố định nitơ, hòa tan phosphat, sản xuất hormone và đặc biệt là bảo vệ cây khỏi tác nhân gây bệnh. Trong bối cảnh biến đổi khí hậu và hạn chế sử dụng thuốc bảo vệ thực vật hóa học, kỹ thuật metagenomic được xem như một công cụ mạnh mẽ cho phép phân tích toàn diện cộng đồng vi sinh vật mà không cần nuôi cấy. Kỹ thuật này không chỉ giúp xác định thành phần vi sinh vật mà còn dự đoán chức năng gen, từ đó làm sáng tỏ cơ chế kháng bệnh và tương tác cây - vi sinh vật ở mức phân tử. Bài tổng quan này hệ thống hóa các nghiên cứu tập trung vào cơ chế kháng bệnh của vi sinh vật vùng rễ, bao gồm cạnh tranh dinh dưỡng, sản xuất kháng sinh và enzyme, cũng như kích hoạt miễn dịch cảm ứng. Đồng thời, bài viết tổng hợp các ứng dụng thực tiễn của metagenomic trên nhiều loại cây trồng như lúa, ngô, cà chua và cây công nghiệp (cà phê, hồ tiêu), với minh chứng từ cả nghiên cứu quốc tế và Việt Nam. Điểm mới của bài tổng quan là sự tích hợp dữ liệu metagenomic hiện đại với các nghiên cứu trên thế giới và trong nước, phân tích xu hướng nghiên cứu mới như multi-omics, trí tuệ nhân tạo góp phần không chỉ mở rộng hiểu biết khoa học về hệ vi sinh vật vùng rễ mà còn đặt nền móng cho việc phát triển các giải pháp sinh học bền vững trong quản lý bệnh hại cây trồng.

Từ khoá: Metagenomic, Vi sinh vật vùng rễ, Kháng bệnh cây trồng, Đa omics, Nông nghiệp bền vững.

GIỚI THIỆU

Vi sinh vật vùng rễ (rhizosphere microbiome) là một trong những hệ sinh thái vi sinh vật phức tạp và năng động nhất trong tự nhiên. Vùng rễ được định nghĩa là khu vực đất chịu ảnh hưởng trực tiếp từ rễ cây, nơi diễn ra sự trao đổi chất liên tục giữa cây trồng và cộng đồng vi sinh vật^{1,2}. Các vi sinh vật này bao gồm vi khuẩn, nấm, xạ khuẩn và đôi khi cả vi khuẩn cổ. Chúng tham gia vào nhiều quá trình sinh học quan trọng như cố định nitơ, hòa tan phosphat, sản xuất hormone thực vật và đặc biệt là bảo vệ cây khỏi tác nhân gây bệnh. Các nghiên cứu gần đây đã chứng minh rằng cộng đồng vi sinh vật vùng rễ có thể đóng vai trò như “lá chắn sinh học” bảo vệ cây trồng, đồng thời cải thiện năng suất và chất lượng nông sản. Trong nhiều thập kỷ, nghiên cứu về vi sinh vật vùng rễ chủ yếu dựa vào phương pháp nuôi cấy truyền thống. Tuy nhiên, hạn chế lớn của phương pháp này là chỉ phân tích được một tỷ lệ rất nhỏ (ước tính <1%) vi sinh vật có khả năng nuôi cấy trong phòng thí nghiệm³. Điều này dẫn đến cái nhìn chưa đầy đủ về đa dạng sinh học và chức năng của hệ vi sinh vật vùng rễ.

Sự ra đời của kỹ thuật metagenomic đã tạo ra bước ngoặt trong nghiên cứu hệ vi sinh vật, nó cho phép

phân tích trực tiếp DNA tổng số từ mẫu môi trường, mở ra khả năng khám phá toàn diện cộng đồng vi sinh vật mà không cần nuôi cấy. Kỹ thuật này không chỉ giúp xác định thành phần vi sinh vật mà còn dự đoán chức năng gen, từ đó làm sáng tỏ cơ chế kháng bệnh và tương tác cây - vi sinh vật ở mức phân tử.

Ở Việt Nam, kỹ thuật metagenomic mới được ứng dụng trong khoảng một thập kỷ gần đây, tập trung vào các cây công nghiệp và cây trồng chủ lực như cà phê, hồ tiêu, lúa. Các nghiên cứu bước đầu đã cho thấy tiềm năng lớn trong việc khai thác dữ liệu metagenomic để phát triển chế phẩm vi sinh phục vụ sản xuất nông nghiệp bền vững⁴.

KỸ THUẬT METAGENOMIC

Metagenomic được định nghĩa là phương pháp phân tích trực tiếp DNA tổng số từ mẫu môi trường nhằm khảo sát toàn bộ cộng đồng vi sinh vật mà không cần nuôi cấy. Kỹ thuật này đã trở thành công cụ nền tảng trong nghiên cứu hệ vi sinh vật vùng rễ, bởi cho phép nhận diện cả những loài vi sinh vật hiếm hoặc chưa thể nuôi cấy trong điều kiện phòng thí nghiệm^{5,6}.

Hiện nay, nghiên cứu metagenomic chủ yếu sử dụng hai hướng tiếp cận để thu nhận và phân tích dữ liệu trình tự gồm: (i) giải trình tự amplicon các gen chỉ

Trích dẫn bài báo này: Linh T T N, Tâm N K B, L H T. **Ứng dụng metagenomics trong nghiên cứu vi sinh vật vùng rễ có khả năng kháng bệnh cho cây trồng.** VNUHCM J. Environ. Earth Sci. 2026; 10(2): 1401-1414.

thị và (ii) giải trình tự shotgun metagenomic. Đối với phương pháp giải trình tự amplicon, các vùng gen chỉ thị đặc hiệu như 16S rRNA (đối với vi khuẩn và vi khuẩn cổ), ITS (đối với nấm) hoặc 18S rRNA (đối với sinh vật nhân thực vi mô) được khuếch đại bằng PCR trước khi giải trình tự nhằm xác định thành phần phân loại của quần xã vi sinh vật. Phương pháp này có ưu điểm về chi phí thấp, quy trình phân tích tương đối đơn giản và phù hợp cho khảo sát đa dạng vi sinh vật trên số lượng mẫu lớn. Tuy nhiên, do chỉ tập trung vào các marker gene đặc hiệu, giải trình tự amplicon chủ yếu cung cấp thông tin phân loại học và chỉ có thể dự đoán chức năng gián tiếp thông qua các pipeline suy diễn như PICRUSt hoặc Tax4Fun⁷⁻¹⁰.

Khác với giải trình tự amplicon, shotgun metagenomic giải trình tự toàn bộ DNA có trong mẫu môi trường, cho phép phân tích đồng thời vi khuẩn, nấm, xạ khuẩn, vi khuẩn cổ và virus. Dữ liệu shotgun metagenomic hiện được xử lý theo hai pipeline chính gồm read-based analysis và assembly-based analysis. Trong đó, read-based analysis thực hiện phân loại taxon và chú thích chức năng trực tiếp trên các reads sau giải trình tự, phù hợp cho phân tích nhanh cấu trúc và chức năng của cộng đồng vi sinh vật. Ngược lại, assembly-based analysis tiến hành lắp ráp reads thành contigs hoặc metagenome-assembled genomes (MAGs), cho phép tái dựng genome, phát hiện cụm gen chức năng, gen kháng kháng sinh và phân tích sâu hơn ở mức genome. Nhờ đó, shotgun metagenomic không chỉ mô tả cấu trúc quần xã vi sinh vật mà còn hỗ trợ phân tích chức năng sinh học, chẳng hạn nhận diện các gen liên quan đến cố định nitơ, hòa tan phosphat, sản xuất siderophore, enzyme kháng nấm hoặc các hợp chất chuyển hóa thứ cấp có vai trò trong cơ chế kháng bệnh cây trồng^{11,12}.

Mendes, Garbeva và Raaijmakers (2013) chỉ ra rằng vi sinh vật vùng rễ chứa nhiều nhóm có khả năng tiết enzyme kháng nấm và tham gia vào chu trình dinh dưỡng, đóng vai trò quan trọng trong việc bảo vệ cây trồng. Tương tự, Xu và cộng sự (2018) chứng minh rằng shotgun metagenomic có thể phát hiện các gen chức năng liên quan đến cố định nitơ và tương tác cộng sinh trong hệ vi sinh vật rễ cây lúa miến, đặc biệt dưới điều kiện khô hạn. Những bằng chứng này cho thấy shotgun metagenomic là phương pháp nền tảng để hiểu sâu hơn về cả cấu trúc và chức năng của cộng đồng vi sinh vật vùng rễ^{13,14}.

Quy trình phân tích của kỹ thuật metagenomic thường bao gồm các bước: (i) thu thập mẫu đất vùng rễ hoặc mô rễ, (ii) tách chiết DNA tổng số bằng các bộ kit chuyên dụng, (iii) giải trình tự trên các nền tảng hiện đại như Illumina, PacBio hoặc Nanopore, và (iv)

xử lý dữ liệu bằng các pipeline tin sinh học như QI-ME2, MG-RAST, Kraken hoặc MetaPhlAn. Kết quả phân tích sau đó được sử dụng để xây dựng hồ sơ phân loại và chức năng của cộng đồng vi sinh vật¹⁵⁻¹⁸.

Mặc dù kỹ thuật metagenomic mang lại nhiều ưu điểm, chẳng hạn như khả năng phân tích toàn diện và phát hiện vi sinh vật chưa nuôi cấy được, kỹ thuật này vẫn tồn tại một số hạn chế như chi phí giải trình tự và phân tích dữ liệu còn cao, đồng thời yêu cầu năng lực tin sinh học mạnh để xử lý khối lượng dữ liệu lớn. Ngoài ra, việc dự đoán chức năng gen từ dữ liệu DNA có thể chưa phản ánh chính xác hoạt động sinh học thực tế, do đó cần được bổ sung bằng transcriptomics (phân tích biểu hiện gen/nghiên cứu phiên mã) hoặc proteomics (phân tích proteome/nghiên cứu protein toàn bộ)²⁰⁻²³.

Trong nghiên cứu vi sinh vật vùng rễ, kỹ thuật metagenomic đã chứng minh giá trị thực tiễn. Các nghiên cứu trên lúa, ngô và cà chua đã phát hiện nhiều nhóm vi sinh vật có khả năng kháng bệnh, đồng thời xác định các gen liên quan đến sản xuất siderophore và enzyme phân giải thành tế bào nấm. Tại Việt Nam, Tran và cộng sự (2022) đã áp dụng kỹ thuật metagenomic để phân tích hệ vi sinh nội sinh của cà phê *Coffea canephora*, qua đó phát hiện sự hiện diện của nhiều nhóm vi khuẩn có khả năng cố định nitơ và sản xuất enzyme, góp phần nâng cao sức khỏe cây trồng⁴. Như vậy, kỹ thuật metagenomic không chỉ là công cụ nghiên cứu cơ bản mà còn cung cấp nền tảng, dữ liệu đa dạng để xác định các vi sinh vật có lợi, từ đó triển khai nghiên cứu tiềm năng kháng bệnh cây trồng thể hiện qua cơ chế cụ thể như sản xuất kháng sinh hoặc kích hoạt miễn dịch cảm ứng (Induced Systemic Resistance - ISR)... của các vi sinh vật có lợi này, mà đây cũng là cơ sở cho các ứng dụng thực tiễn trong quản lý bệnh hại cây trồng. Việc kết hợp metagenomic với các kỹ thuật đa omics khác hứa hẹn sẽ mang lại cái nhìn toàn diện hơn về cơ chế kháng bệnh của vi sinh vật vùng rễ.

CƠ CHẾ KHÁNG BỆNH CỦA VI SINH VẬT VÙNG RỄ

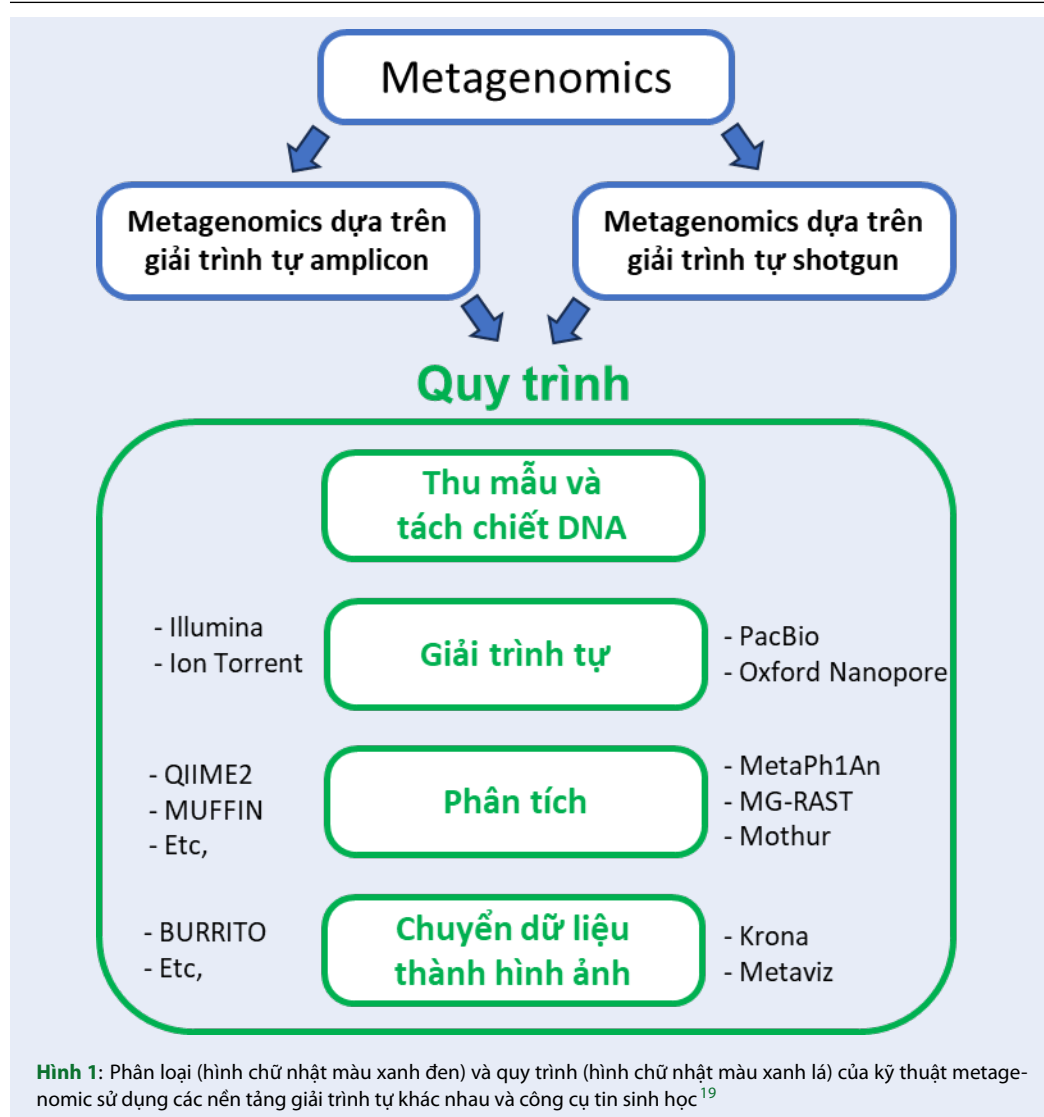
Các cơ chế kháng bệnh của vi sinh vật vùng rễ đã được mô tả trong nhiều nghiên cứu gần đây, bao gồm cạnh tranh dinh dưỡng, sản xuất hợp chất kháng sinh và enzyme phân giải, cũng như ISR. Những cơ chế này không tồn tại độc lập mà thường phối hợp với nhau, tạo nên một mạng lưới bảo vệ đa tầng, góp phần duy trì sức khỏe cây trồng trong điều kiện tự nhiên²⁴⁻²⁶.

Cạnh tranh dinh dưỡng

Một trong những cơ chế cơ bản là khả năng cạnh tranh dinh dưỡng với mầm bệnh, nổi bật là cạnh tranh

Bảng 1: So sánh kỹ thuật giải trình tự amplicon và các pipeline phân tích shotgun metagenomic (read-based và assembly-based)			
Các yếu tố	Giải trình tự amplicon (16S rRNA/18S rRNA/ITS)	Shotgun metagenomics (Read-based)	Shotgun metagenomics (Assembly-based)
Nguyên lý phân tích	Giải trình tự các vùng gen chỉ thị đặc hiệu sau PCR	Phân tích trực tiếp các reads thu được từ shotgun sequencing	Lắp ráp reads thành contigs/MAGs trước khi phân tích
Sự tập nhiễm DNA vật chủ	Thấp; phụ thuộc hiệu quả PCR và chất lượng DNA	Cao; thay đổi theo loại mẫu; có thể giảm bằng tăng độ sâu sequencing và bước loại DNA vật chủ	Cao; ảnh hưởng mạnh đến chất lượng assembly và khả năng tái dựng genome
Chi phí giải trình tự và phân tích	Thấp, hiệu quả chi phí	Cao hơn khoảng 2-3 lần so với amplicon	Cao nhất do yêu cầu sequencing sâu và tính toán lớn
Yêu cầu tài nguyên tin sinh học	Thấp đến trung bình	Trung bình	Cao
Mức độ phân loại (taxonomic resolution)	Chủ yếu đến mức chi; có thể đạt mức loài khi dùng long-read hoặc vùng marker phù hợp	Đến mức loài, đôi khi mức chủng (strain-level) nếu dữ liệu đủ sâu	Đến mức loài/chủng; hỗ trợ tái dựng genome gần hoàn chỉnh
Phạm vi phân loại	Phụ thuộc marker sử dụng: 16S rRNA (vi khuẩn/vi khuẩn cổ), ITS (nấm), 18S rRNA (sinh vật nhân thực vi mô)	Phân tích toàn bộ cộng đồng vi sinh vật, bao gồm vi khuẩn, nấm, vi khuẩn cổ và virus	Phân tích toàn bộ cộng đồng vi sinh vật, bao gồm cả các vi sinh vật hiếm
Phân tích chức năng gen	Không trực tiếp; chỉ dự đoán chức năng thông qua pipeline suy diễn (PICRUSt, Tax4Fun...)	Có thể chú thích chức năng trực tiếp từ reads	Chú thích chức năng chính xác hơn nhờ contigs/MAGs
Phát hiện gen kháng kháng sinh (AMR genes)	Không phù hợp	Có thể phát hiện ở mức hiện diện gen	Hiệu quả cao; hỗ trợ xác định vị trí gen và cụm gene liên quan
Khả năng tái dựng genome/MAGs	Không	Hạn chế	Tốt; cho phép tái dựng MAGs và phân tích cấu trúc genome
Ưu điểm chính	Chi phí thấp, quy trình đơn giản, phù hợp khảo sát đa dạng vi sinh vật	Phân tích nhanh đồng thời thành phần và chức năng hệ vi sinh vật	Phân tích sâu cấu trúc genome, chức năng và tương tác vi sinh vật
Hạn chế chính	Hạn chế về chức năng sinh học và độ phân giải taxon	Khó tái dựng genome hoàn chỉnh	Yêu cầu dữ liệu lớn, tính toán phức tạp và chi phí cao

Ghi chú: MAGs = Metagenome-Assembled Genomes; AMR = Antimicrobial Resistance
(Nguồn: Amplicon Metagenomic Sequencing hay Shotgun Metagenomic Sequencing: Lựa chọn phương pháp tiếp cận phù hợp cho nghiên cứu hệ vi sinh vật - GENESMART CO., LTD).



sắt (Fe^{3+}). Sắt là yếu tố vi lượng thiết yếu nhưng thường tồn tại ở dạng khó tan trong đất. Các vi khuẩn vùng rễ, đặc biệt là nhóm PGPR (Plant Growth-Promoting Rhizobacteria) như *Pseudomonas fluorescens*, *Bacillus subtilis* và *Trichoderma* spp. có khả năng tiết ra siderophore - các hợp chất có ái lực cao với Fe^{3+} , giúp chúng giành lấy nguồn sắt và đồng thời làm mầm bệnh thiếu hụt sắt, từ đó bị ức chế sinh trưởng, hạn chế sự phát triển của các loài nấm và vi khuẩn gây hại^{27,28}. Ngoài ra, PGPR còn tham gia hòa tan phosphat và cố định nitơ, giúp cây trồng tăng cường hấp thu dinh dưỡng, đồng thời tạo môi trường bất lợi cho mầm bệnh²⁹. Trong nghiên cứu của Lê Văn Mạnh và cộng sự, cạnh tranh dinh dưỡng được thể hiện ở *Klebsiella variicola* BR12 từ rễ cam với khả năng cố định N, phân giải P/K và ức chế *Pseudomonas syringae* gây đốm lá thông qua siderophore³⁰. Trong hệ sinh thái

vùng rễ, nguồn dinh dưỡng chủ yếu đến từ dịch tiết rễ (root exudates) gồm đường, amino acid, acid hữu cơ và hợp chất phenolic. Đây là “nguồn năng lượng” quan trọng cho cả vi sinh vật có lợi và mầm bệnh. Các vi sinh vật vùng rễ có lợi (PGPR, nấm đối kháng) thường chiếm lĩnh nguồn carbon này nhanh chóng, khiến mầm bệnh khó tiếp cận và phát triển³¹. Ngoài sắt, vi sinh vật vùng rễ còn cạnh tranh các nguồn dinh dưỡng khác, nhiều chủng PGPR có khả năng hòa tan phosphat vô cơ, giúp cây hấp thu tốt hơn và giảm nguồn phosphat cho mầm bệnh³². Một số vi sinh vật cố định nitơ hoặc tiết enzyme phân giải hợp chất hữu cơ, tạo lợi thế dinh dưỡng cho cây và cộng đồng vi sinh vật có lợi^{33,34}. Bằng cách hình thành màng sinh học (biofilm) trên bề mặt rễ, vi sinh vật có lợi chiếm không gian vùng rễ và ngăn cản mầm bệnh tiếp cận mô rễ³⁵; Nhóm tác giả Kaundal và cộng sự³⁶

đã nghiên cứu các chủng vi khuẩn vùng rễ cây cà chua, chúng có khả năng hình thành biofilm trên bề mặt rễ nhằm giúp vi khuẩn có lợi chiếm lĩnh không gian vùng rễ, tạo lớp bảo vệ vật lý và sinh học, nhờ đó ngăn cản mầm bệnh tiếp cận mô rễ, đồng thời tăng khả năng hấp thu dinh dưỡng và cải thiện sinh trưởng cây cà chua. Một nghiên cứu khác của Roohallah Saberi Riseh và cộng sự cũng cho thấy *Pseudomonas* hình thành màng sinh học bảo vệ rễ cây lâu dài chống lại mầm bệnh³⁷.

Sản xuất kháng sinh và enzyme phân giải

Một cơ chế kháng bệnh quan trọng khác của vi sinh vật vùng rễ là sản xuất kháng sinh và enzyme phân giải. Đây là những hợp chất sinh học trực tiếp ức chế hoặc tiêu diệt mầm bệnh, đồng thời tạo lợi thế cho cộng đồng vi sinh vật có lợi trong vùng rễ.

Sản xuất kháng sinh tự nhiên

Nhiều chủng PGPR và nấm đối kháng có khả năng tiết ra kháng sinh tự nhiên, giúp kiểm soát sự phát triển của nấm và vi khuẩn gây bệnh. Các nghiên cứu thực nghiệm đã chứng minh hiệu

quả của cơ chế này, cụ thể *Pseudomonas fluorescens* sản xuất DAPG (2,4-diacetylphloroglucinol) giúp ức chế *Fusarium oxysporum* gây bệnh héo rũ trên cà chua^{13,38};

Bacillus subtilis cạnh tranh phosphat và tiết enzyme phosphatase, lipopeptide (iturin, fengycin, surfactin) và enzyme như chitinase có hiệu quả trong kiểm soát bệnh đạo ôn lúa³⁹; *Trichoderma harzianum* vừa cạnh tranh dinh dưỡng vừa tiết enzyme chitinase và glucanase phân giải thành tế bào nấm, kiểm soát bệnh héo rũ trên ngô⁴⁰; *Streptomyces* spp. tiết ra nhiều loại kháng sinh như streptomycin và actinomycin, góp phần kiểm soát bệnh hại rễ ở cây công nghiệp^{41,42}.

Sản xuất enzyme phân giải thành tế bào nấm

Bên cạnh kháng sinh, vi sinh vật vùng rễ đóng vai trò quan trọng trong kiểm soát sinh học nhờ khả năng tiết ra các enzyme thủy phân, trực tiếp tác động lên cấu trúc bảo vệ của mầm bệnh. Chitinase là enzyme phân giải chitin - thành phần chính của vách tế bào nấm - đã được chứng minh có hiệu quả trong việc hạn chế sự phát triển của các tác nhân gây bệnh héo rũ và thối rễ, đặc biệt khi được tiết ra bởi các chủng *Trichoderma harzianum*⁴⁰. Các nghiên cứu gần đây của El-Saadony và cộng sự⁴³ cũng khẳng định vai trò của vi sinh vật vùng rễ trong việc tiết enzyme như chitinase, protease và lipase, góp phần kiểm soát bệnh hại rễ một cách hiệu quả. Bên cạnh đó, β -1,3-glucanase có khả năng phá vỡ glucan trong vách tế bào nấm, giúp cây trồng tăng cường khả năng kháng lại các loài nấm gây bệnh⁴⁴. Ngoài ra, các enzyme protease và lipase tham

gia vào quá trình phân giải protein và lipid của màng tế bào nấm, từ đó làm giảm khả năng xâm nhập và gây hại của mầm bệnh, góp phần nâng cao hiệu quả phòng trừ bệnh hại theo hướng bền vững⁴⁵.

Sản xuất kháng sinh và enzyme không chỉ giúp kiểm soát mầm bệnh mà còn góp phần duy trì cân bằng sinh thái trong vùng rễ. Việc ứng dụng các chủng vi sinh vật có khả năng tiết kháng sinh và enzyme đã trở thành nền tảng cho phát triển chế phẩm sinh học thay thế thuốc bảo vệ thực vật hóa học, hướng tới nông nghiệp bền vững.

Kích hoạt miễn dịch cảm ứng (Induced Systemic Resistance - ISR)

Ngoài cạnh tranh dinh dưỡng và sản xuất kháng sinh/enzyme, một cơ chế quan trọng khác của vi sinh vật vùng rễ trong việc bảo vệ cây trồng là kích hoạt miễn dịch cảm ứng toàn thân (ISR). Đây là hiện tượng khi vi sinh vật có lợi ở vùng rễ kích thích hệ thống phòng vệ tự nhiên của cây, giúp cây tăng khả năng chống chịu với nhiều loại mầm bệnh khác nhau mà không cần tiếp xúc trực tiếp với chúng.

Cơ chế sinh học của ISR được hình thành thông qua nhiều tầng tín hiệu và đáp ứng phòng vệ của cây. Trước hết, các vi sinh vật vùng rễ như PGPR và nấm đối kháng tiết ra các tín hiệu hóa học bao gồm lipopeptide (surfactin, fengycin), siderophore, và các hợp chất dễ bay hơi (volatile organic compounds - VOCs). Những tín hiệu này đã được chứng minh có khả năng kích hoạt trạng thái “priming” và phản ứng ISR ở nhiều loài cây trồng⁴⁶. Khi được nhận diện, cây sẽ khởi động các con đường tín hiệu đặc trưng, trong đó ISR thường liên quan đến jasmonic acid (JA) và ethylene (ET), khác biệt với kháng tính thu được hệ thống (systemic acquired resistance - SAR) vốn chủ yếu dựa vào con đường salicylic acid (SA)⁴⁷.

Sự kích hoạt ISR dẫn đến biểu hiện gen phòng vệ, bao gồm các gen mã hóa proteins, chitinase, glucanase và enzyme chống oxy hóa “liên quan đến sinh bệnh” (pathogenesis related - PR). Những protein này đóng vai trò quan trọng trong việc tăng cường khả năng kháng bệnh của cây đối với nhiều loại mầm bệnh khác nhau⁴⁸⁻⁵⁰.

Pseudomonas fluorescens WCS417 đã được chứng minh có khả năng kích hoạt ISR ở *Arabidopsis* - một loài cây thân thảo nhỏ thuộc họ Cải (Brassicaceae) - thông qua con đường jasmonic acid (JA) và ethylene (ET), giúp cây chống lại các tác nhân gây bệnh như *Pseudomonas syringae* và *Alternaria brassicicola*⁵¹. Trên cây lúa, *Bacillus subtilis* và *Trichoderma* spp. đã cho thấy khả năng làm giảm tỷ lệ bệnh đạo ôn và bạc lá nhờ kích hoạt ISR^{52,53}. Kích thích miễn dịch của

vi sinh vật vùng rễ như *Azospirillum* được thể hiện qua việc tăng salicylic acid, giảm bệnh chết cây con do nấm *Rhizoctonia* ở ngô (bắp)⁵⁴.

ISR có ưu điểm là không tiêu tốn nhiều năng lượng của cây vì chỉ kích hoạt khi có tín hiệu từ vi sinh vật có lợi. Điều này khác với SAR, vốn thường đi kèm chi phí sinh trưởng cao. Nhờ ISR, cây có thể duy trì năng suất trong khi vẫn tăng cường khả năng chống chịu bệnh hại.

Trong thực tiễn, nhiều chế phẩm sinh học hiện nay được phát triển dựa trên khả năng kích hoạt ISR của PGPR và nấm đối kháng⁵⁵. Đây là hướng đi tiềm năng để thay thế một phần thuốc bảo vệ thực vật hóa học, đồng thời phù hợp với xu hướng nông nghiệp bền vững.

Các cơ chế kháng bệnh không hoạt động riêng lẻ mà thường phối hợp đa tầng, tạo nên một mạng lưới bảo vệ phức tạp, do vậy có thể tăng hiệu quả kiểm soát sinh học góp phần canh tác cây trồng bền vững⁵⁶, ví dụ *Pseudomonas fluorescens* sản xuất 2,4-diacetylphloroglucinol (DAPG) và pyrrolnitrin ức chế trực tiếp *Rhizoctonia solani* trên cà chua, giảm tỷ lệ bệnh >50% nhờ cạnh tranh sắt qua siderophores và hình thành biofilm rào cản vật lý trên rễ. *Bacillus amyloliquefaciens* tiết enzyme chitinase và surfactin kích hoạt ISR (induced systemic resistance) qua đường JA/ET, tăng PR-proteins chống *Fusarium oxysporum* ở lúa nước, với hiệu quả phòng trừ 49-50% in vitro. Nghiên cứu metagenome cho thấy sự gia tăng tương đối γ -Proteobacteria, có thể dự đoán kết quả bệnh 2 tuần trước triệu chứng, nhờ VOCs và cạnh tranh ổ sinh thái, chúng đã ngăn *Ralstonia solanacearum* xâm nhiễm cà chua⁵⁷.

Đáng chú ý, tính hiệu quả của các cơ chế này phụ thuộc vào loài cây trồng và điều kiện môi trường. Ví dụ, *Trichoderma* spp. thể hiện khả năng kiểm soát bệnh héo rũ mạnh mẽ ở ngô^{58,59}, trong khi *Pseudomonas* spp. lại đặc biệt hiệu quả đối với bệnh héo rũ do *Ralstonia solanacearum* ở cà chua⁶⁰.

4. Ứng dụng thực tiễn của kỹ thuật metagenomic trong nghiên cứu vi sinh vật vùng rễ

Nghiên cứu metagenome của vùng rễ (rhizosphere microbiome) giúp hiểu sâu về cơ chế tương tác giữa cây trồng và vi sinh vật, từ đó đánh giá tiềm năng sử dụng phân tích metagenome trong nghiên cứu và kiểm soát bệnh hại cây trồng. Bằng cách kết hợp các phương pháp phân tích amplicon và shotgun metagenomic, các nhà khoa học đã phát hiện ra sự đa dạng chức năng của vi sinh vật vùng rễ có vai trò trực tiếp trong việc tăng trưởng và khả năng chống chịu bệnh của cây trồng. Nghiên cứu của Tracanna và cộng sự⁶¹ đã phát hiện sự đa dạng lớn của “miền gắn AMP”

(phần protein giúp enzyme NRPS - enzyme tạo peptide không qua ribosome - nhận diện nguyên liệu) trong đất quanh rễ cây lúa mì. Mức đa dạng này ngang bằng với tất cả miền tương tự trong các bộ gen công khai. Nghiên cứu đã ghi nhận sự chống lấn đáng kể về cấu trúc giữa các hồ sơ miền adenylation của vi khuẩn vùng rễ có khả năng ức chế bệnh và đã đưa ra các giả thuyết mới về vai trò tiềm năng của siderophore trong việc ức chế bệnh do nấm *Fusarium culmorum*. Nhóm nghiên cứu đã tạo quy trình dom2BGC để phân loại và dự đoán chức năng các đoạn gen NRPS mà không cần thư viện gen phức tạp, mở rộng cho mọi miền liên quan đến cụm gen sản phẩm tự nhiên (BGC). Họ kiểm chứng bằng cách tái tạo cụm gen delftibactin (siderophore chống bệnh từ đất) từ dữ liệu amplicon và metagenomic shotgun. Kết hợp hai phương pháp giải trình tự này là công cụ mạnh để nghiên cứu đặc tính vi sinh vật vùng rễ và đề xuất ý tưởng mới về vai trò chất chuyển hóa vi khuẩn trong tương tác giữa vi khuẩn - cây hoặc vi khuẩn lẫn nhau.

Nghiên cứu của Okekpa và cộng sự (2021) đã sử dụng shotgun metagenomics để phân tích hệ vi sinh vật vùng rễ cây ngô, qua đó làm rõ các gen chức năng quan trọng hỗ trợ dinh dưỡng và kháng bệnh. Kết quả cho thấy sự hiện diện của nhiều gen cố định nitơ như *nifH*, *nifD*, *nifK*, giúp cung cấp nguồn nitơ tự nhiên cho cây; các gen hòa tan phosphat như *ppx*, *phoA*, *phn*, hỗ trợ cây hấp thu phospho hiệu quả hơn và các gen sản xuất siderophore như *ent*, *fep*, *iuc*, giúp vi sinh vật cạnh tranh sắt với tác nhân gây bệnh và tăng cường sức đề kháng cho cây ngô. Nhờ metagenomics, nghiên cứu đã chứng minh rằng hệ vi sinh vật vùng rễ không chỉ đóng vai trò trong chu trình dinh dưỡng mà còn trực tiếp tham gia vào cơ chế bảo vệ cây, mở ra tiềm năng ứng dụng vi sinh vật có lợi trong nông nghiệp bền vững⁶².

Kỹ thuật metagenomic áp dụng cho vùng rễ đã giúp xác định các vùng “đất ức chế bệnh” (disease-suppressive soils), nơi vi sinh vật vùng rễ đóng vai trò chính trong việc ngăn ngừa nhiễm nấm hại như *Fusarium* và *Rhizoctonia solani*. Ví dụ, nghiên cứu trên cây tiểu mạch cho thấy các hợp chất peptide không ribosom (NRPS) từ vi khuẩn vùng rễ được cho là cơ chế chính trong ức chế *Fusarium culmorum*, minh chứng cho khả năng phân tích metagenome trong phát hiện gen và đường dẫn chức năng liên quan đến bệnh hại. Đất ức chế bệnh là hệ sinh thái nơi vi sinh vật có lợi bảo vệ cây trồng khỏi mầm bệnh đất. Phân tích metagenomic bằng PhyloChip (một công cụ microarray phân tích đa dạng vi sinh vật dựa trên gen 16S rRNA) kết hợp xét nghiệm chức năng nuôi cấy đã xác định >30.000 loài vi khuẩn/cổ khuẩn từ các loại

đất khác nhau. Proteobacteria, Firmicutes và Actinobacteria là các nhóm đông nhất liên quan ức chế bệnh. Việc phân lập có mục tiêu và phân tích chức năng đã xác định các thành viên cụ thể của nhóm γ -Proteobacteria có hoạt tính chống lại *Rhizoctonia solani* cả trong điều kiện in vitro và in situ, làm rõ đa dạng vi sinh vùng rễ và cơ chế tương tác đa tầng trong đất ức chế bệnh tự nhiên⁶³.

Đề tài của PGS.TS. Lê Mai Hương và cộng sự triển khai trong giai đoạn 2014-2018 (mã số KQNC 2019-48-724) về “Nghiên cứu metagenome của vi sinh vật đất vùng rễ một số cây trồng ở Việt Nam gồm cây thuốc có củ (cây nghệ), cây công nghiệp (cà phê) nhằm tăng năng suất và chất lượng cây trồng” đã xác định 155 loài vi sinh vật vùng rễ cà phê từ dữ liệu metagenome, bao gồm *Streptomyces*, *Bacillus* kháng *Fusarium oxysporum*, *Rhizoctonia solani* và phát hiện gen chitinase mới có hoạt tính diệt tuyến trùng, nổi bật nhất là gen chitinase ChiA_2. Gen này dài khoảng 1167 nucleotide, mã hóa cho 389 acid amin, với trung tâm hoạt động đặc trưng FDGI-DIDWE giúp enzyme phân giải chitin - thành phần chính của vỏ tuyến trùng và nấm hại rễ. ChiA_2 có tín hiệu tiết ngoại bào, cho phép enzyme được vận chuyển ra ngoài để trực tiếp phá hủy cấu trúc bảo vệ của tuyến trùng. Khi biểu hiện trong *E. coli* tái tổ hợp, protein ChiA_2 cho thấy hoạt tính phân giải chitin mạnh mẽ, góp phần ức chế tuyến trùng và tăng cường khả năng kháng bệnh cho cây. Kết quả này khẳng định vai trò của metagenomics trong việc khai thác nguồn gen quý từ đất vùng rễ, mở ra tiềm năng ứng dụng chế phẩm sinh học diệt tuyến trùng nhằm nâng cao năng suất và chất lượng cây nghệ, cà phê cũng như nhiều cây trồng khác⁶⁴.

Trong nghiên cứu của mình, Chinedu C và cộng sự đã khảo sát cộng đồng vi khuẩn vùng rễ hồ tiêu ở các vườn khỏe mạnh và vườn bị bệnh tại hai tỉnh của Việt Nam để phát hiện các loài chỉ thị và loài “chủ chốt” phản ánh tình trạng sức khỏe cây. Mẫu đất vùng rễ được thu thập để phân tích 16S rRNA metabarcoding và các đặc tính lý - hóa. Cấu trúc cộng đồng vi khuẩn ở vườn khỏe mạnh khác biệt rõ rệt so với vườn bị bệnh. Các loài chỉ thị cho vườn bị bệnh gồm *Gemmatimonas*, *Conexibacter*, *Byrobacter*, trong khi vườn khỏe mạnh có *Solirubrobacter*, *Altererythrobacter* và *Crossiella*. *Gemmatimonas*, một loài có thể đối kháng sự phát triển cây, được xác định là loài chủ chốt trong các vườn bị bệnh ở cả hai tỉnh. Nghiên cứu này đã xác định các loài chỉ thị và loài chủ chốt có thể góp phần quản lý mầm bệnh vùng rễ hồ tiêu, đồng thời gợi ý rằng việc kiểm soát hợp lý dinh dưỡng đất có thể hạn chế sự hình thành cộng đồng vi khuẩn gây bệnh⁶⁵.

Metagenomics đã giúp làm rõ vai trò của vi khuẩn vùng rễ trong hiện tượng ức chế sinh học (allelopathy) của cây cam thảo bằng cách cho phép phân tích toàn diện cả thành phần và chức năng gen của cộng đồng vi sinh vật trong đất. Nhờ giải trình tự toàn bộ hệ gen, các nhà nghiên cứu phát hiện sự thay đổi cấu trúc quần thể vi khuẩn khi rễ cam thảo tiết ra hợp chất ức chế, đồng thời nhận diện các gen liên quan đến phân giải phenolic, flavonoid và chống stress oxy hóa. Điều này chứng minh rằng vi khuẩn vùng rễ không chỉ bị ảnh hưởng mà còn có khả năng giảm độc tính của các hợp chất allelopathic, tạo môi trường thuận lợi hơn cho cây khác phát triển. Qua đó, metagenomics mở ra hướng ứng dụng thực tiễn trong nông nghiệp sinh thái, như phát triển chế phẩm sinh học từ các nhóm vi khuẩn có lợi để kiểm soát tác động allelopathy⁶⁶.

Nghiên cứu của Nisrina, Effendi và Pancoro (2021) đã sử dụng phân tích metagenomic để làm rõ cơ chế đất có khả năng tự nhiên chống lại bệnh héo rũ chuối do *Fusarium oxysporum* f. sp. *Cubense* (đất suppressive), qua đó phát hiện loại đất này có sự đa dạng vi sinh vật cao hơn, đặc biệt giàu các vi khuẩn kích thích sinh trưởng thực vật như *Pseudomonas* và *Burkholderia*. Metagenomic cho phép nhận diện không chỉ thành phần vi sinh vật mà còn các gene chức năng liên quan trực tiếp đến khả năng kháng bệnh, bao gồm siderophore biosynthesis genes giúp cạnh tranh sắt với nấm bệnh, chitinase genes mã hóa enzyme phân hủy vách tế bào nấm, polyketide synthase (PKS) và non-ribosomal peptide synthetase (NRPS) genes liên quan đến tổng hợp kháng sinh tự nhiên, phenazine biosynthesis genes tạo hợp chất phenazine kháng nấm mạnh, cùng hydrogen cyanide synthase genes góp phần ức chế sự phát triển của nấm. Nhờ đó, nghiên cứu chứng minh rằng PGPR không chỉ hiện diện nhiều hơn trong đất suppressive mà còn sở hữu bộ gene chức năng phong phú, trực tiếp tham gia vào việc bảo vệ cây chuối, và metagenomic analysis đóng vai trò như một công cụ toàn diện giúp giải thích cơ chế đất kháng bệnh, mở ra hướng ứng dụng PGPR trong phát triển chế phẩm sinh học để quản lý bệnh héo rũ chuối một cách bền vững⁶⁷.

Bệnh sưng rễ (clubroot) do tác nhân *Plasmodiophora brassicae* gây ra là mối đe dọa nghiêm trọng đối với sản xuất cải thảo Trung Quốc, với khả năng tồn tại trong đất hơn 18 năm và gây tổn thất kinh tế lớn. Nghiên cứu của Liu. Y và cộng sự đã sử dụng giải trình tự metagenomics để phân tích hệ vi sinh vật vùng rễ ở các mức độ nhiễm bệnh khác nhau, nhằm làm rõ mối quan hệ giữa sức khỏe cây trồng, cộng đồng vi sinh vật và yếu tố môi trường đất. Kết quả cho thấy mức độ bệnh ảnh hưởng mạnh đến cấu trúc và chức

năng hệ vi sinh vật vùng rễ. Bốn chi vi khuẩn *Pseudomonas*, *Gemmatimonas*, *Sphingomonas* và *Nocardioideis* được xác định là có tiềm năng kiểm soát sinh học bệnh sưng rễ nhờ những cơ chế khác nhau. *Pseudomonas* nổi bật với khả năng tiết kháng sinh tự nhiên và siderophore, vừa ức chế trực tiếp *Plasmodiophora brassicae* vừa kích hoạt cơ chế kháng bệnh toàn thân của cây. *Gemmatimonas* tham gia duy trì cân bằng hệ vi sinh vật vùng rễ thông qua chu trình dinh dưỡng, giúp hạn chế sự phát triển của tác nhân gây bệnh. *Sphingomonas* có khả năng phân hủy hợp chất hữu cơ phức tạp và sản xuất enzyme kháng khuẩn, đồng thời hỗ trợ cây chống chịu stress môi trường. Cuối cùng, *Nocardioideis* góp phần cải thiện chất lượng đất bằng cách phân giải hợp chất khó phân hủy và điều chỉnh pH, từ đó làm giảm điều kiện thuận lợi cho bào tử nghỉ của tác nhân gây bệnh tồn tại lâu dài. Sự phối hợp của bốn chi này không chỉ giúp ức chế trực tiếp mầm bệnh mà còn tạo môi trường đất và hệ vi sinh vật khỏe mạnh, mở ra hướng phát triển chế phẩm sinh học kháng bệnh cho cải thảo⁶⁸.

Cây sắn là cây lương thực chủ lực ở vùng nhiệt đới, nhưng mối quan hệ giữa hệ vi sinh vật vùng rễ và khả năng kháng bệnh vẫn chưa được hiểu rõ. Nghiên cứu của Zhang. L và cộng sự đã phân tích hệ vi sinh vật vùng rễ của mười giống sắn bằng 16S rRNA và ITS, đồng thời sử dụng giải trình tự metagenome toàn bộ (shotgun metagenomics) để làm sáng tỏ cấu trúc và chức năng của cộng đồng vi sinh vật. Kết quả cho thấy cộng đồng vi sinh vật đặc trưng ở vùng rễ có liên hệ chặt chẽ với khả năng kháng bệnh, trong đó *Lactococcus* sp. nổi bật nhờ sản xuất nisin. Phân tích gen liên quan đến sinh tổng hợp nisin cùng với thí nghiệm in vitro và in vivo chứng minh nisin có khả năng ức chế *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* (Xam) và kích hoạt phản ứng miễn dịch ở sắn. Những phát hiện này cung cấp bằng chứng quan trọng về vai trò của hệ vi sinh vật vùng rễ, đặc biệt là *Lactococcus* sp., trong việc tăng cường khả năng kháng bệnh và mở ra hướng kiểm soát bệnh hại sắn bằng giải pháp sinh học⁶⁹.

Cả hai nghiên cứu trên đều nhấn mạnh vai trò của metagenomics trong việc khám phá hệ vi sinh vật vùng rễ liên quan đến khả năng kháng bệnh. Ở sắn, metagenomics giúp phát hiện *Lactococcus* sp. sản xuất nisin có khả năng ức chế tác nhân gây bệnh *Xanthomonas* và kích hoạt miễn dịch. Trong khi đó, ở cải thảo, phân tích metagenomics cho thấy bệnh sưng rễ làm thay đổi mạnh cộng đồng vi sinh vật vùng rễ và xác định bốn chi tiềm năng (*Pseudomonas*, *Gemmatimonas*, *Sphingomonas*, *Nocardioideis*) có khả năng kiểm soát sinh học. Điểm chung là cả hai nghiên cứu đều chứng minh hệ vi sinh vật vùng rễ không chỉ phản

ánh tình trạng bệnh mà còn trực tiếp tham gia vào cơ chế kháng bệnh, mở ra hướng ứng dụng metagenomics để thiết kế cộng đồng vi sinh vật kháng bệnh phục vụ nông nghiệp bền vững.

Metagenomics đã đóng vai trò quyết định trong việc khám phá cơ chế và chức năng của vi khuẩn vùng rễ (PGPR) đối với cây lạc và hệ sinh thái đất. Bằng cách giải trình tự toàn bộ DNA trong đất, các nhà khoa học không chỉ xác định được thành phần cộng đồng vi sinh vật mà còn phát hiện các gen chức năng quan trọng. Cụ thể, các gen *nifH*, *nifD*, *nifK* liên quan đến cố định nitơ, cùng với *amoA*, *glnA*, *gltB* tham gia đồng hóa nitơ, giúp tăng khả năng cung cấp dinh dưỡng cho cây; các gen *cellulase*, *xylanase*, *lignin peroxidase*, *protease*, *chitinase* tham gia phân giải hợp chất hữu cơ, cải thiện chu trình carbon và hoạt tính enzyme đất; và các gen *katG*, *sodA*, *groEL*, *dnaK* chịu trách nhiệm chống stress oxy hóa và môi trường, bảo vệ hệ vi sinh vật cũng như cây trồng trước điều kiện bất lợi. Nhờ metagenomics, nghiên cứu đã chứng minh rằng PGPR không chỉ cải thiện năng suất và hoạt tính enzyme đất mà còn tái cấu trúc hệ vi sinh vật vùng rễ theo hướng có lợi, qua đó làm rõ cơ chế phân tử hỗ trợ cây lạc phát triển và mở ra triển vọng ứng dụng PGPR như chế phẩm sinh học trong nông nghiệp bền vững⁷⁰.

Nghiên cứu của Xiang và cộng sự (2026) tập trung vào bệnh héo do vi khuẩn ở cây thuốc lá gây ra bởi *Ralstonia solanacearum*, một bệnh nguy hiểm làm suy giảm năng suất. Nhóm tác giả đã sử dụng giải trình tự metagenome toàn bộ (shotgun metagenomics) để phân tích hệ vi sinh vật vùng rễ ở cây khỏe mạnh và cây bị bệnh, qua đó làm rõ sự mất cân bằng (dysbiosis) của cộng đồng vi sinh vật. Kết quả cho thấy bệnh không làm sụp đổ hoàn toàn hệ vi sinh vật mà gây ra sự “xáo trộn chọn lọc”, với sự gia tăng của vi khuẩn cơ hội (*Stenotrophomonas*, *Pseudomonas*) và sự suy giảm của các loài có lợi (*Candidatus_Solibacter*, *Metarhizium*). Đồng thời, chức năng vi sinh vật chuyển dịch sang thích ứng stress và tăng cường độc lực, thể hiện qua sự phong phú của gen độc lực, kháng kháng sinh và enzyme phân giải carbohydrate. Phân tích mạng lưới tương tác cũng cho thấy cộng đồng vùng rễ cây khỏe mạnh có cấu trúc cạnh tranh chặt chẽ, trong khi bệnh làm giảm kết nối và biến đổi tương tác của *Ralstonia* từ đối kháng sang hợp tác. Nghiên cứu này nhấn mạnh rằng metagenomics là công cụ mạnh mẽ để hiểu cơ chế kháng bệnh của hệ vi sinh vật vùng rễ, đồng thời mở ra hướng ứng dụng vi sinh vật có lợi nhằm phục hồi cân bằng sinh thái và tăng cường khả năng kháng bệnh cho cây thuốc lá⁷¹.

Nghiên cứu của Kang và cộng sự (2023) đã làm rõ cách các dạng stress phospho khác nhau ảnh hưởng đến hệ vi sinh vật vùng rễ và khả năng kháng bệnh của cây trồng thông qua phân tích metagenomics. Bằng giải trình tự metagenome toàn bộ, nhóm tác giả phát hiện rằng bổ sung phospho không chỉ điều chỉnh thành phần vi sinh vật mà còn kích hoạt các gen kháng bệnh liên quan đến chuyển hóa phospho. Cụ thể, ở nghiệm thức KH_2PO_4 , cây ưu tiên sử dụng các gen vận chuyển phosphate (ugpA, ugpQ) để duy trì nồng độ P cao, qua đó tăng cường miễn dịch. Trong khi đó, ở nghiệm thức superphosphate, cây lại dựa vào các gen khoáng hóa P hữu cơ (phnH, phnF, phnW, phnG) để khai thác nguồn P hữu cơ trong đất, đồng thời nâng cao sức đề kháng trước *Fusarium oxysporum*. Nhờ metagenomics, nghiên cứu đã xác định rõ vai trò của các gen này trong việc kết nối stress dinh dưỡng với cơ chế kháng bệnh, mở ra hướng ứng dụng quản lý dinh dưỡng đất để kích hoạt hệ vi sinh vật vùng rễ và tăng cường sức đề kháng tự nhiên cho cây trồng⁷².

Metagenomic đã chứng minh giá trị ứng dụng rõ rệt trong lĩnh vực nông nghiệp, đặc biệt là trong quản lý bệnh hại cây trồng. Bằng cách giải mã cấu trúc và chức năng của cộng đồng vi sinh vật vùng rễ, các nhà khoa học có thể xác định những nhóm vi sinh vật có lợi, phát hiện gen liên quan đến khả năng kháng bệnh và từ đó phát triển các chế phẩm sinh học phục vụ sản xuất bền vững.

Để nhấn mạnh tính ứng dụng thực tiễn, nhiều nghiên cứu đã tập trung vào việc phát triển chế phẩm sinh học từ các chủng PGPR nhằm kiểm soát bệnh hại trên cây trồng. Trên cây lúa, các chế phẩm chứa *Pseudomonas fluorescens* và *Bacillus subtilis* đã được sản xuất dưới dạng bột talc, chứng minh hiệu quả trong việc giảm tỷ lệ bệnh bạc lá do *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* và đồng thời cải thiện sinh trưởng cây⁷³. Tương tự, các chế phẩm PGPR cũng đã được ứng dụng thành công trên cây cà chua, trong đó hỗn hợp *Pseudomonas putida* và các loài liên quan giúp kiểm soát bệnh héo rũ do *Ralstonia solanacearum* thông qua tiết siderophore và kích hoạt cơ chế induced systemic resistance (ISR)⁶⁰. Những kết quả này cho thấy tiềm năng lớn của việc phát triển chế phẩm sinh học từ PGPR trong quản lý bệnh hại cây trồng theo hướng bền vững.

Đối với các cây công nghiệp như cà phê, hồ tiêu và cao su, metagenomic đã cho thấy PGPR và *Trichoderma* spp. có khả năng giảm bệnh gỉ sắt trên cà phê, bệnh chết nhanh trên hồ tiêu và bệnh nấm hại rễ trên cao su. Các nghiên cứu thực địa tại Việt Nam đã chứng minh rằng việc bổ sung các chủng này vào đất trồng giúp cải thiện sức khỏe cây và giảm đáng kể tỷ lệ bệnh⁴. Đây là minh chứng rõ ràng cho tiềm

năng ứng dụng metagenomic trong việc phát triển chế phẩm vi sinh bản địa, phù hợp với điều kiện sinh thái và cây trồng đặc thù của từng vùng.

Một xu hướng mới nổi bật là việc tích hợp dữ liệu metagenomic với công nghệ trí tuệ nhân tạo (AI) để dự đoán sự xuất hiện của bệnh hại và thiết kế cộng đồng vi sinh vật tổng hợp phù hợp cho từng loại cây trồng. Các nghiên cứu gần đây đã cho thấy AI có thể phân tích dữ liệu lớn từ metagenomic để dự đoán chính xác sự thay đổi trong cấu trúc cộng đồng vi sinh vật dưới tác động của bệnh hại hoặc điều kiện môi trường bất lợi⁷⁴⁻⁷⁸. Điều này hứa hẹn sẽ thay thế một phần thuốc bảo vệ thực vật hóa học, giảm chi phí sản xuất và hạn chế tác động tiêu cực đến môi trường.

Như vậy, metagenomic không chỉ mang lại hiểu biết sâu sắc về cơ chế kháng bệnh của vi sinh vật vùng rễ mà còn mở ra nhiều ứng dụng thực tiễn trong quản lý bệnh hại cây trồng. Việc kết hợp dữ liệu metagenomic với các công nghệ hiện đại như AI và multi-omics sẽ là chìa khóa để chuyển hóa các kết quả nghiên cứu thành giải pháp đồng ruộng, góp phần xây dựng nền nông nghiệp bền vững.

XU HƯỚNG NGHIÊN CỨU MỚI TRONG METAGENOMIC VÀ VI SINH VẬT VÙNG RỄ

Trong giai đoạn gần đây, nghiên cứu vi sinh vật vùng rễ đã có bước tiến lớn nhờ metagenomic kết hợp với công nghệ hiện đại^{79,80}. Xu hướng nổi bật là multi-omics, tích hợp metagenomic với transcriptomics, proteomics và metabolomics để phân tích toàn diện hoạt động sinh học, làm sáng tỏ cơ chế kháng bệnh ở mức phân tử và thiết kế hệ vi sinh vật phù hợp cho từng cây trồng^{80,81}.

Bên cạnh đó, trí tuệ nhân tạo (AI) và học máy hỗ trợ xử lý dữ liệu metagenomic khổng lồ, giúp phân loại vi sinh vật, dự đoán chức năng gen, mô hình hóa tương tác cây - vi sinh vật, thậm chí dự đoán bệnh hại và thiết kế hệ vi sinh vật có lợi⁸²⁻⁸⁴.

Các định hướng mới cho thấy metagenomic đang chuyển từ khám phá cơ bản sang ứng dụng thực tiễn, với sự hỗ trợ từ multi-omics, AI và hệ vi sinh vật tổng hợp (synthetic microbiome). Việc xây dựng hệ vi sinh vật tổng hợp dựa trên dữ liệu metagenomic hứa hẹn thay thế một phần thuốc bảo vệ thực vật, tăng khả năng kháng bệnh, cải thiện dinh dưỡng và chống chịu stress^{85,86}.

Trong tương lai, thử nghiệm thực địa quy mô lớn cùng chính sách hỗ trợ sẽ quyết định tính khả thi và thương mại hóa các chế phẩm vi sinh, góp phần phát triển nông nghiệp bền vững^{87,88}. Tóm lại, sự kết hợp giữa metagenomic, multi-omics, AI và thiết kế hệ vi sinh

vật tổng hợp sẽ là chìa khóa cho nền nông nghiệp xanh, bền vững^{74,80,85}. Bài tổng quan hiện tại có một số điểm khác biệt và đóng góp mới so với các công trình tổng quan trước đây về metagenomic và vi sinh vật vùng rễ. Thứ nhất, bài viết không chỉ dừng lại ở việc mô tả các cơ chế kháng bệnh truyền thống của vi sinh vật vùng rễ như cạnh tranh dinh dưỡng, sản xuất kháng sinh hay kích hoạt miễn dịch cảm ứng, mà còn nhấn mạnh vai trò của metagenomic như một công cụ trung tâm để giải mã toàn diện các cơ chế này. Trong khi nhiều bài tổng quan trước đây chủ yếu tập trung vào khía cạnh sinh thái hoặc chức năng của vi sinh vật vùng rễ^{13,44}, bài viết này đã tích hợp dữ liệu từ các nghiên cứu metagenomic gần đây để minh chứng cho sự đa dạng và tiềm năng ứng dụng của cộng đồng vi sinh vật. Thứ hai, bài tổng quan này có phạm vi bao quát rộng hơn khi đồng thời phân tích các nghiên cứu quốc tế và nghiên cứu tại Việt Nam⁴, điều này đã giúp phản ánh tính đặc thù của hệ vi sinh vật vùng rễ trong điều kiện khí hậu nhiệt đới, đồng thời mở ra hướng ứng dụng thực tiễn cho nông nghiệp Việt Nam.

Thứ ba, bài viết đã nhấn mạnh các xu hướng nghiên cứu mới như multi-omics, trí tuệ nhân tạo (AI) và thiết kế cộng đồng vi sinh vật tổng hợp. Đây là những lĩnh vực đang nổi lên mạnh mẽ nhưng chưa được nhiều bài tổng quan trước đó phân tích một cách hệ thống. Việc chỉ ra vai trò của AI trong xử lý dữ liệu metagenomic và khả năng thiết kế synthetic microbiome để thay thế một phần thuốc bảo vệ thực vật hóa học là điểm nhấn quan trọng, thể hiện sự cập nhật và định hướng tương lai của nghiên cứu^{74,86}.

Cuối cùng, bài tổng quan này không chỉ dừng lại ở phân tích lý thuyết mà còn nhấn mạnh đến triển vọng ứng dụng thực tế. Việc đề xuất tích hợp dữ liệu metagenomic vào thử nghiệm đồng ruộng và thương mại hóa chế phẩm vi sinh là một bước tiến so với các bài tổng quan trước đây vốn thường chỉ tập trung vào khía cạnh phòng thí nghiệm. Điều này cho thấy bài viết đã định vị rõ ràng metagenomic như một công cụ không chỉ phục vụ nghiên cứu cơ bản mà còn có khả năng chuyển hóa thành giải pháp thực tiễn cho nông nghiệp bền vững.

Tóm lại, bài tổng quan là sự kết hợp phân tích nghiên cứu và ứng dụng metagenomic với phạm vi bao quát cả nghiên cứu quốc tế và Việt Nam, sự cập nhật các xu hướng nghiên cứu mới, và định hướng ứng dụng thực tiễn. Những đóng góp mới này giúp bài viết trở thành một tài liệu tham khảo hữu ích, bổ sung cho các tổng quan đã được công bố trước đó và mở ra triển vọng nghiên cứu trong tương lai.

KẾT LUẬN

Metagenomic đã và đang trở thành một công cụ không thể thiếu trong nghiên cứu vi sinh vật vùng rễ, mở ra những cơ hội mới để hiểu rõ hơn về cấu trúc, chức năng và vai trò của cộng đồng vi sinh vật trong việc bảo vệ cây trồng khỏi bệnh hại. Khác với các phương pháp nuôi cấy truyền thống vốn chỉ phân tích được một phần nhỏ hệ vi sinh vật, metagenomic cho phép tiếp cận toàn diện, từ đó phát hiện các vi sinh vật hiếm và chưa nuôi cấy được, đồng thời dự đoán chức năng gen liên quan đến khả năng kháng bệnh.

Các nghiên cứu đã chứng minh rằng metagenomic có thể xác định những nhóm vi sinh vật có lợi đồng thời làm sáng tỏ cơ chế kháng bệnh thông qua cạnh tranh dinh dưỡng, sản xuất kháng sinh và enzyme, cũng như kích hoạt miễn dịch cảm ứng. Những phát hiện này đã được ứng dụng thực tiễn trên nhiều loại cây trồng, từ lúa, ngô, cà chua cho đến các cây công nghiệp như cà phê và hồ tiêu, góp phần giảm tỷ lệ bệnh và nâng cao năng suất.

Điểm nổi bật của xu hướng nghiên cứu hiện nay là sự kết hợp metagenomic với các công nghệ hiện đại như multi-omics, trí tuệ nhân tạo và thiết kế cộng đồng vi sinh vật tổng hợp. Đây là những hướng đi hứa hẹn giúp chuyển hóa dữ liệu metagenomic thành giải pháp thực tiễn, giảm sự phụ thuộc vào thuốc bảo vệ thực vật hóa học và thúc đẩy nền nông nghiệp bền vững. Tuy nhiên, thách thức vẫn còn tồn tại, đặc biệt là việc đưa các kết quả nghiên cứu từ phòng thí nghiệm ra đồng ruộng. Do đó, cần có sự phối hợp chặt chẽ giữa các nhà khoa học, doanh nghiệp và chính sách hỗ trợ từ phía nhà nước để thúc đẩy thương mại hóa các sản phẩm dựa trên microbiome.

XUNG ĐỘT LỢI ÍCH

Nhóm tác giả cam đoan rằng không có xung đột lợi ích trong công bố bài báo “Ứng dụng metagenomics trong nghiên cứu vi sinh vật vùng rễ có khả năng kháng bệnh cho cây trồng”.

ĐÓNG GÓP CỦA TÁC GIẢ

Đóng góp của các Tác giả lần lượt như sau: Tác giả Trần Thị Ngọc Linh là người hình thành ý tưởng, tổng hợp tài liệu và soạn thảo sơ bộ bài viết; Nguyễn Kiều Băng Tâm là người hoàn thiện bài báo, thiết kế bố cục, logic của bài báo và giải đáp góp ý của phản biện; Lương Hữu Thành là người tham gia biên tập, chỉnh sửa nội dung khoa học phần kỹ thuật metagenomic và tham gia đóng góp phúc đáp phản biện về phần nội dung kỹ thuật này.

DANH MỤC VIẾT TẮT

Từ viết tắt	Diễn giải
MAGs	Metagenome-Assembled Genomes
AMR	Antimicrobial Resistance
ISR	Induced Systemic Resistance
PGPR	Plant Growth-Promoting Rhizobacteria
JA	Jasmonic acid
ET	Ethylene
DAPG	2,4-diacetylphloroglucinol
VOCs	các hợp chất dễ bay hơi
SAR	Systemic acquired resistance
SA	Salicylic acid
PR	Pathogenesis related
NRPS	Các hợp chất peptide không ribosom
PKS	Polyketide synthase
AI	Công nghệ trí tuệ nhân tạo
Fe ³⁺	Sắt
N	Nitơ
P	Phospho
K	Kali
Allelopathy	Ức chế sinh học
BGC	Sản phẩm tự nhiên

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Philippot L, Raaijmakers JM, Lemanceau P, Putten WHVD. Going back to the roots: The microbial ecology of the rhizosphere. *Nature Reviews Microbiology*. 2013;11(11):789–799.

2. Lundberg DS, Lebeis SL, Paredes SH, Yourstone S, Gehring J, Malfatti S. Defining the core Arabidopsis thaliana root microbiome. *Nature*. 2012;488(7409):86–90.

3. Stewart EJ. Growing unculturable bacteria. *Journal of Bacteriology*. 2012;194(16):4151–4160.

4. Tran DM. Taxonomic and functional profiles of Coffea canephora endophytic microbiome in the Central Highlands region, Vietnam revealed by 16S rRNA metagenomics. *Data in Brief*. 2022;43:108372–108372.

5. Rajguru B, Shri M, Bhatt VD. Exploring microbial diversity in the rhizosphere: A comprehensive review of metagenomic approaches and their applications. *Biotech*. 2024;14:224–224.

6. Nwachukwu BC, Babalola OO. Metagenomics: A tool for exploring key microbiome with the potentials for improving sustainable agriculture. *Frontiers in Sustainable Food Systems*. 2022;6:886987–886987.

7. Sharma S. 16S rRNA gene amplicon based metagenomic signatures of PGPR associated with rice under different agroclimatic conditions. *Frontiers in Microbiology*. 2019;10:2103–2103.

8. Kumar S. Next-generation sequencing of 16S ribosomal RNA gene amplicons. *Methods in Molecular Biology*. 2014;1096:167–179.

9. Tập Y, Học V, Nam. Ứng dụng phương pháp metagenomic trong phân tích gen 16S-rDNA. *Tạp chí Y học Việt Nam* 2023;.

10. Tims S. Comparative analysis of 16S rRNA gene and metagenome sequencing for profiling the human gut microbiome. *Microbiome*. 2021;9(116):1–12.

11. Lombardi L. Taxonomic and functional diversity of rhizosphere microbiome recruited by tomato, pepper, and maize from two composts assessed by shotgun metagenomics. *Frontiers in Microbiology*. 2022;12:798476–798476.

12. Shakya M. Unveiling the putative functional genes present in root-associated microbiome using shotgun metagenomics. *BMC Genomics*. 2021;22(310):1–13.

13. Mendes R, Garbeva P, Raaijmakers JM. The rhizosphere microbiome: Significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. *FEMS Microbiology Reviews*. 2013;37(5):634–663.

14. Xu L, Naylor D, Dong Z, Simmons T, Pierroz G, Hixson KK. Drought delays development of the sorghum root microbiome and enriches for monoderm bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2018;115(18):4284–4293.

15. Bolyen E, Rideout JR, Dillon MR, Bokulich NA, Abnet CC, Al-Ghalith GA. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*. 2019;37(8):852–857.

16. Meyer F, Bagchi S, Chaterji S, Gerlach W, Grama A, Harrison T.M. G-RAST version 4-lessons learned from a decade of low-budget ultra-high-throughput metagenome analysis. *Briefings in Bioinformatics*. 2019;20(4):1151–1159.

17. Wood DE, Lu J, Langmead B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2. *Genome Biology*. 2019;20:257–257.

18. Truong DT, Franzosa EA, Tickle TL, Scholz M, Weingart G, Pasolli E. MetaPhlAn2 for enhanced metagenomic taxonomic profiling. *Nature Methods*. 2015;12(10):902–903.

19. Nam NN, Do H, Trinh L, Lee KT, Y N. Metagenomics: An effective approach for exploring microbial diversity and functions. *Foods*. 2023;12(11):2140–2140.

20. Lema NK, Gameda MT, Woldeesemayat AA. Recent advances in metagenomic approaches, applications, and challenges. *Current Microbiology*. 2023;80:347–347.

21. Zhang Z, Zhang L, Zhang G, Zhao Z, Wang H, Ju F. Deduplication improves cost-efficiency and yields of de novo assembly and binning of shotgun metagenomes in microbiome research. *Microbiology Spectrum*. 2023;11(2):4282–4304.

22. Shakya M, Lo CC, Chain P. Advances and challenges in meta-transcriptomic analysis. *Frontiers in Genetics*. 2019;10:904–904.

23. Sanches P, Melo NCD, Porcari AM, Carvalho LMD. Integrating molecular perspectives: Strategies for comprehensive multi-omics integrative data analysis and machine learning applications in transcriptomics, proteomics, and metabolomics. *Biology*. 2024;13(11):848–848.

24. Li J, Wang C, Liang W, Liu S. Rhizosphere microbiome: The emerging barrier in plant-pathogen interactions. *Frontiers in Microbiology*. 2021;12(772420).

25. Devi NO, Debbarma M, Hajong M, Satyanarayana M, Thokchom S, Majumder D. Springer; 2023. Available from: https://doi.org/10.1007/978-981-19-8307-8_13.

26. Janvier C, Villeneuve F, Alabouvette C, Edel-Hermann V, Maitelle T, Steinberg C; 2007. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2006.07.001>.

27. Syed A, Elgorban AM, Bahkali AH, Eswaramoorthy R, Iqbal RK, Danish S. Metal-tolerant and siderophore producing Pseudomonas fluorescens and Trichoderma spp. improved the growth, biochemical features and yield attributes of chickpea by lowering Cd uptake. *Scientific Reports*. 2023;13:4471–4471.

28. Kaushal P, Pati M, Babalola A, O O. Unleashing rhizobacteria for sustainable soil remediation: PGPR roles in heavy metal tolerance, detoxification, and plant productivity. *Frontiers in Microbiology*. 2025;16:1662000–1662000.

29. Tkacz A, Poole PS. Engineering rhizobacteria for sustainable agriculture. *The ISME Journal*. 2021;15(4):949–964.

30. Quyên LVMP. Đánh giá đặc điểm hóa sinh, khả năng kháng bệnh và kích thích sinh trưởng của *Klebsiella variicola* BR12 được phân lập từ đất vùng rễ cam. Tạp chí điện tử Nông nghiệp và Môi trường. Hồ Mạnh Tường, Phạm Quang Huy, Nguyễn Thị Hồng Hà, Trần Thị Hoa. 2025;7.
31. Wankhade A, Wilkinson E, Britt DW, Kaundal A. A review of plant-microbe interactions in the rhizosphere and the role of root exudates in microbiome engineering. *Applied Sciences*. 2025;15(13):7127–7127.
32. Liu K, Deng F, Zeng F. Plant growth-promoting rhizobacteria improve drought tolerance of crops: A review. *Plant Growth Regulation*. 2025;105:567–581.
33. Chi Y, Ma X, Chu S. Nitrogen cycle induced by plant growth-promoting rhizobacteria drives “microbial partners” to enhance cadmium phytoremediation. *Microbiome*. 2025;13:113–113.
34. Hasan A, Tabassum B, Hashim M, Khan N. Role of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) as a plant growth enhancer for sustainable agriculture: A review. *Bacteria*. 2024;3:59–75.
35. Purtschert-Montenegro G, Cárcamo-Oyarce G, Pinto-Carbó M, Agnoli K, Bailly A, Eberl L. *Pseudomonas putida* mediates bacterial killing, biofilm invasion and biocontrol with a type IVB secretion system. *Nature Microbiology*. 2022;7:1632–1644.
36. Kaundal S, Rana N, Kumar Y, Alhewairini SS, Barasarathi J, Haron FF. Biofilmed multifarious rhizobacterial isolates of tomato rhizosphere of North-Western Himalayas promote plant growth in tomato. *Frontiers in Plant Science*. 2025;16:1610707–1610707.
37. Riseh RS, Fathi F, Vazvani G, Tarkka M, T M. Plant colonization by biocontrol bacteria and improved plant health: A review. *Frontiers in Bioscience-Landmark*. 2025;30(1):23223–23223.
38. Haas D, Dégago G. Biological control of soil-borne pathogens by fluorescent pseudomonads. *Nature Reviews Microbiology*. 2005;3(4):307–319.
39. Ongena M, Jacques P. *Bacillus* lipopeptides: Versatile weapons for plant disease biocontrol. *Trends in Microbiology*. 2008;16(3):115–125.
40. Harman GE, Howell CR, Viterbo A, Chet I, Lorito M. *Trichoderma* species-opportunistic, avirulent plant symbionts. *Nature Reviews Microbiology*. 2004;2(1):43–56.
41. Khan S, Srivastava S, Karnwal A, Malik T. *Streptomyces* as a promising biological control agents for plant pathogens. *Frontiers in Microbiology*. 2023;14:1285543–1285543.
42. Da AQ. The role of *Streptomyces* species in controlling plant diseases: A comprehensive review. *Australasian Plant Pathology*. 2024;53:1–14.
43. El-Saadony MT, Saad AM, Soliman SM, Salem HM, Ahmed AI, Mahmood M. Plant growth-promoting microorganisms as biocontrol agents of plant diseases: Mechanisms, challenges and future perspectives. *Frontiers in Plant Science*. 2022;13:923880–923880.
44. Vázquez-Garcidueñas S, Leal-Morales CA, Herrera-Estrella A. Analysis of the β -1,3-glucanolytic system of the biocontrol agent *Trichoderma harzianum*. *Applied and Environmental Microbiology*. 1998;64(4):1442–1446.
45. Riseh RS, Vatankhah M, Hassanisaadi M, Barka EA. Unveiling the role of hydrolytic enzymes from soil biocontrol bacteria in sustainable phytopathogen management. *Frontiers in Bioscience-Landmark*. 2024;29(3):105–105.
46. Rodríguez J, Tonelli ML, Figueredo MS, Ibáñez F, Fabra A. The lipopeptide surfactin triggers induced systemic resistance and priming state responses in *Arachis hypogaea* L. *European Journal of Plant Pathology*. 2018;152(4):845–851.
47. Pieterse C, Zamioudis C, Berendsen RL, Weller DM, Wees SV, Bakker P. Induced systemic resistance by beneficial microbes. *Annual Review of Phytopathology*. 2014;52:347–375.
48. Zhu H, Schneider R. Dual functionality of pathogenesis-related proteins: Defensive role in plants versus immunosuppressive role in pathogens. *Frontiers in Plant Science*. 2024;15:1368467–1368467.
49. Zahoor S, Naz R, Keyani R, Nosheen A, Alsuhailani AM. *Bacillus* spp. induce defense mechanism and elicit expression of PR-protein genes in tomato against *Rhizoctonia solani*. *Molecular Biology Reports*. 2025;52:738–738.
50. Santos D, Franco C, L O. Pathogenesis-related proteins (PRs) with enzyme activity activating plant defense responses. *Plants*. 2023;12(11):2226–2226.
51. Ent SVD, Verhagen B, Doorn RV, Bakker D, Verlaan MG, Pel M. MYB72 is required in early signaling steps of rhizobacteria-induced systemic resistance in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*. 2008;146(3):1293–1304.
52. Azad Y, A, Choochali H, A, Pahmadani M, S. Impact of *Bacillus subtilis* and *Trichoderma harzianum* on rice blast disease severity. *Plant Pathology Science*. 2025;14(1):42–53.
53. Shasmita S, Hota S, Mukherjee AK, Naik SK, Mohapatra PK; 2025. Available from: <https://doi.org/10.1007/s42976-025-00705-9>.
54. Đtk Tiên, Phong D, Lục PV, Nga N. Hiệu quả của vi khuẩn vùng rễ trong phòng trừ bệnh chết cây con trên cây bắp (*Zea mays* L.) do nấm *Rhizoctonia solani* Kuhn trong điều kiện in vitro và nhà lưới. *Tạp chí Khoa học Đại học Cần Thơ*. 2025;61(2):206–212.
55. Wees SV, Ent SVD, Pieterse C. Plant immune responses triggered by beneficial microbes. *Current Opinion in Plant Biology*. 2008;11(4):443–448.
56. Iqbal M. Microbial biocontrol agents and the rhizosphere microbiome: Integrating ecological function and climate resilience in sustainable agriculture. *Frontiers in Microbiology*. 2026;17:1771649–1771649.
57. Gu Y, Banerjee S, Dini-Andreote F. Small changes in rhizosphere microbiome composition predict disease outcomes earlier than pathogen density variations. *The ISME Journal*. 2022;16:2448–2456.
58. Degani O, Dor S. *Trichoderma* biological control to protect sensitive maize hybrids against late wilt disease in the field. *Journal of Fungi*. 2021;7(4):315–315.
59. Ahmed AA, Eid HT, Fatouh HM, Saleh RA, Ibrahim H. Evaluation of *Trichoderma* bio-control agents and pre-cultivation seed treatments for the control of *Cephalosporium maydis* causing late wilt in maize (*Zea mays* L.). *BMC Plant Biology*. 2025;25:801–801.
60. Shao Z, Gu S, Zhang X, Xue J, Yan T, Guo S. Siderophore interactions drive the ability of *Pseudomonas* spp. consortia to protect tomato against *Ralstonia solanacearum*. *Horticulture Research*. 2024;11(9):186–186.
61. Tracanna V, Ossowicki A, Petrus M, Overduin S, Terlouw BR, Lund G; 2021. Available from: <https://doi.org/10.1128/mSystems.01116-20>.
62. Okeke HO, Ifeanyichukwu AO, Okonkwo NC. The diverse functional genes of maize rhizosphere microbiota assessed using shotgun metagenomics. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 2021;101(8):3328–3337.
63. Mendes R, Kruijt M, Bruijn ID, Dekkers E, Voort MVD, Schneider J. Metagenomics of the rhizosphere microbiome to identify disease suppressive bacteria. *Book of Abstracts 10th International Congress of Plant Pathology*. vol. 43. Beijing, China; 2013.
64. Nghiên cứu metagenome của vi sinh vật đất vùng rễ một số cây trồng ở Việt Nam: Cây thuốc có củ (cây nghệ) cây công nghiệp (cà phê) nhằm tăng năng suất và chất lượng cây trồng. Cục Thông tin Khoa học và Công nghệ Quốc gia - NASTIS. 2019;.
65. Obieze CC, George P, Boyle B, Khasa DP. Black pepper rhizomicrobiome: Spectrum of plant health indicators, critical environmental factors and community compartmentation in Vietnam. *Applied Soil Ecology*. 2023;187.
66. Liu Y, Wang H, Qian X. Metagenomics insights into responses of rhizobacteria and their alleviation role in licorice allelopathy. *Microbiome*. 2023;11:109–109.
67. Nisrina L, Effendi Y, Pancoro A. Revealing the role of plant growth promoting rhizobacteria in suppressive soils against *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* based on metagenomic analysis. *Heliyon*. 2021;7(8):7636–7636.

68. Liu Y, Lai J, Sun X, Huang L, Sheng Y, Zhang Q; 2024. Available from: <https://doi.org/10.3390/microorganisms12071370>.
69. Zhang L, Zhang J, Wei Y, Hu W, Liu G, Zeng H, et al. Microbiome-wide association studies reveal correlations between the structure and metabolism of the rhizosphere microbiome and disease resistance in cassava. *Plant Biotechnology Journal*. 2021;.
70. Bigatton ED, Verdenelli RA, Haro RJ, Ayoub I, Barbero FM, Martín MP. Metagenomic analysis to assess the impact of plant growth-promoting rhizobacteria on peanut (*Arachis hypogaea* L.) crop production and soil enzymes and microbial diversity. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2024;72(40):22385–22397.
71. Xiang L, Wang X, Wen M, Wang X, Zhang Y, Tian W. Metagenomic insights into the rhizosphere microbiome dysbiosis associated with tobacco bacterial wilt. *Frontiers in Microbiology*. 2026;17:1809980–1809980.
72. Kang J, Qiu W, Zhang W, Liu J, Yang Z, Wu Z, et al. Understanding how various forms of phosphorus stress affect microbiome functions and boost plant disease resistance: Insights from metagenomic analysis. *Science of The Total Environment*. 2023;904:166899–166899.
73. Chithrashree U, Udayashankar AC, Nayaka SC, Reddy MS, Srinivas C. Plant growth-promoting rhizobacteria mediate induced systemic resistance in rice against bacterial leaf blight caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Biological Control*. 2011;59(2):114–122.
74. Zhang H, Han J, Ning K. Techniques for learning and transferring knowledge for microbiome-based classification and prediction: Review and assessment. *Briefings in Bioinformatics*. 2025;26(1):15–15.
75. Pace B, Rossi R, Kumar A. Artificial intelligence in soil microbiome analysis: A potential application in predicting and enhancing soil health-A review. *Discover Applied Sciences*. 2025;7.
76. Johnson M, Smith T, Lee H. Reference-free plant disease detection using machine learning and long-read metagenomic sequencing. *Applied and Environmental Microbiology*. 2023;89(6):260–283.
77. Rana R, Gupta S, Patel V. Springer; 2026.
78. Yousuf M, Khan A, Ali S. Metagenomic analysis for unveiling agricultural microbiome-2nd edition. *Agronomy*. 2025;15(6):1419–1419.
79. Kimotho RN, Maina S. Unraveling plant-microbe interactions: Can integrated omics approaches offer concrete answers. *Journal of Experimental Botany*. 2024;75(5):1289–1313.
80. Toju H, Peay KG, Yamamichi M, Narisawa K, Hiruma K, Naito K. Core microbiomes for sustainable agroecosystems. *Nature Plants*. 2018;4(5):247–257.
81. Arıkan M, Muth T. Integrated multi-omics analyses of microbial communities: A review of the current state and future directions. *Molecular Omics*. 2023;19(8):607–623.
82. Papoutsoglou EA, Faria C, Machado A. Machine learning approaches in microbiome research: Challenges and best practices. *Frontiers in Microbiology*. 2023;14:1261889–1261889.
83. Sun T, Zhang Y, Li J. Artificial intelligence in microbiome analysis: A review of applications in dermatology. *Frontiers in Microbiology*. 2023;14:1112010–1112010.
84. Kamath A, Patel D, Saraf M, Patel S. Rooted intelligence: Integrating AI, omics, and synthetic biology to engineer the plant microbiome. *Biotech*. 2025;16(3).
85. Sharma A, Bora P. Engineering synthetic microbial communities to restructure the phytobiome for plant health and productivity. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2025;41(7):228–228.
86. Tariq A, Guo S, Farhat F, Shen X. Engineering synthetic microbial communities: Diversity and applications in soil for plant resilience. *Agronomy*. 2025;15(3):513–513.
87. Copeland C, Schulze-Lefert P, Ma KW. Potential and challenges for application of microbiomes in agriculture. *The Plant Cell*. 2025;37(8):185–185.
88. Beattie GA, Bayliss KL, Jacobson DA, Broglie R, Burkett-Cadena M, Sessitsch A. From microbes to microbiomes: Applications for plant health and sustainable agriculture. *Phytopathology*. 2024;114(8):442–454.

Metagenomic Approaches to Rhizosphere Microbiome for Plant Disease Resistance

Tran Thi Ngoc Linh¹, Nguyen Kieu Bang Tam^{1,*}, Luong Huu Thanh²



Use your smartphone to scan this QR code and download this article

¹Faculty of Environmental Sciences, VNU University of Science, 334 Nguyen Trai Street, Thanh Xuan District, Hanoi, Vietnam

²Institute of Agricultural Environment, Vietnam Academy of Agricultural Sciences, Ministry of Agriculture and Environment, Sa Doi Road, Dai Mo Ward, Hanoi, Vietnam

Correspondence

Nguyen Kieu Bang Tam, Faculty of Environmental Sciences, VNU University of Science, 334 Nguyen Trai Street, Thanh Xuan District, Hanoi, Vietnam

Email: tamnkb@hus.edu.vn

History

- Received: 04-03-2026
- Revised: 21-05-2026
- Accepted: 28-05-2026
- Published Online: 04-09-2026

DOI : <https://doi.org/10.32508/vnuhcmj-ees.v10i2.891>



Copyright

© VNUHCM Journal. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International license.

ABSTRACT

The rhizosphere microbiome plays a pivotal role in plant health by contributing to nutrient cycling, growth promotion and protection against pathogens. Traditional culture-based methods have provided only a limited view of this complex ecosystem, as many microorganisms cannot be cultivated under laboratory conditions. Metagenomic has emerged as a powerful tool to overcome these limitations, enabling comprehensive analysis of microbial communities directly from environmental samples. This review synthesizes recent advances in metagenomic approaches applied to rhizosphere microbiomes, with a particular focus on mechanisms of plant disease resistance, including nutrient competition, antibiotic and enzyme production, and the induction of systemic resistance. Practical applications are highlighted across major crops such as rice, maize, tomato, and industrial plants including coffee and pepper, drawing on both international studies and pioneering research conducted in Vietnam.

A distinctive contribution of this review lies in its integration of global findings with local case studies, offering insights into tropical agroecosystems that have been underrepresented in previous reviews. Furthermore, emerging research trends are discussed, including multi-omics integration, artificial intelligence for big data analysis, and the design of synthetic microbial communities tailored to enhance plant resilience. By bridging fundamental knowledge with applied perspectives, this review underscores the transformative potential of metagenomic in developing sustainable, biologically based strategies for plant disease management.

Key words: Metagenomic, Rhizosphere microbiome, Plant disease resistance, Multi omics, Sustainable agriculture.

Cite this article : Ngoc Linh T T, Bang Tam N K, Huu Thanh L. **Metagenomic Approaches to Rhizosphere Microbiome for Plant Disease Resistance.** *VNUHCM J. Environ. Earth Sci.* 2026; 10(2): 1401-1414.