

khuẩn *A. tumefaciens* EHA101 mang vector *pZY101::RD29A::GmNAC004* đã thu được 63 cây đậu tương chuyển gen thể hệ T0 sống sót sau quá trình chọn lọc và ra đất. Sau khi sàng lọc bằng phun basta, thu được 44 cây sống sót với phun basta. Kết quả phân tích sinh học phân tử đã xác định được 8 dòng có kết quả PCR dương tính với gen đích ở thể hệ T0 với hiệu suất chuyển gen đạt 0,28%.

#### 4.2. Đề nghị

Tiếp tục thực hiện các thí nghiệm phân tích sinh học phân tử, chọn lọc dòng chuyển gen đồng hợp để tiến tới đánh giá khả năng chịu hạn ở các thể hệ tiếp theo của 8 dòng chuyển gen thu được.

#### LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được hỗ trợ kinh phí từ Chương trình Khoa học và Công nghệ Độc lập cấp Nhà nước của Bộ Khoa học và Công nghệ theo Hợp đồng số 03/2012/HĐ-ĐTĐL.

### Research of GMNAC004 gene transfer into DT22 soybean lines using *Agrobacterium*

Nguyen Van Dong, Nguyen Anh Vu,  
Le Thi Mai Huong, Nguyen Trung Anh

#### Abstract

Recent studies have confirmed that GmNAC004 is one of the genes in the NAC gene family that involves in drought tolerance in soybean. In this study, the GmNAC004 gene was used to transform 2870 half-seed explants of the DT22 soybean cultivar through *Agrobacterium tumefaciens* vector bearing *pZY101::RD29A::GmNAC004*. Molecular analysis showed that eight herbicide tolerant lines were also positive for PCR analysis. The results also confirmed that GmNAC004 gene was successfully transformed into Vietnamese soybean variety with a rate of 0.28%.

**Key words:** *Agrobacterium tumefaciens*, soybean (*Glycine max* (L.) Merr), transformation, *GmNAC004*

Ngày nhận bài: 14/3/2017

Người phản biện: TS. Phạm Thị Lý Thu

Ngày phản biện: 20/3/2017

Ngày duyệt đăng: 24/3/2017

### PHÁT HIỆN MỘT SỐ ĐỘT BIẾN ĐIỂM TRÊN VÙNG MÃ HÓA CỦA GEN BGIOGA024502 (Ghd7) Ở DÒNG LÚA ĐỘT BIẾN BẰNG CHÙM ION

Nguyễn Thị Hồng<sup>1</sup>, Võ Thị Minh Tuyền<sup>1</sup>,  
Yoshikazu Tanaka<sup>2</sup>, Lê Huy Hàm<sup>1</sup>

#### TÓM TẮT

Nhiều công bố chỉ ra rằng chùm ion (ion beam) là tác nhân tạo ra nhiều đột biến điểm có ý nghĩa trong chọn giống cây trồng. Thông qua BLAST cơ sở dữ liệu của gen BGIOGA024502 (Ghd7) đã được khai thác với trình tự đã được giải mã hoàn chỉnh. Dựa trên dữ liệu thu được, bốn mối đột biến được thiết kế nhằm khuếch đại gen BGIOGA024502 và giải trình tự vùng mã hóa của dòng đột biến. Tổng số 1548 trình tự mã hóa cho gen BGIOGA024502 (Ghd7) (774 trình tự của dòng đột biến và 774 trình tự của dòng gốc) đã được đọc trình tự theo phương pháp Sanger. Bốn đột biến điểm được xác định bao gồm, hai trình tự tại vị trí 332 và 336 trên vùng mã hóa 1 (exon1) và hai trình tự tại vị trí 72 và 253 trên vùng mã hóa 2 (exon2). Dựa trên các đột biến này, hai chỉ thị phân tử mới đã được phát triển nhằm nâng cao hiệu quả của chọn giống lúa đột biến.

**Từ khóa:** BGIOGA024502, Ghd7, bức xạ ion, đột biến điểm, giải trình tự, chọn giống đột biến

<sup>1</sup> Viện Di truyền Nông nghiệp, Phạm Văn Đồng, Bắc Từ Liêm, Hà Nội, Việt Nam

<sup>2</sup> Trung tâm Nghiên cứu Năng lượng Wakasa-wan, Fukui, Nhật Bản

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bức xạ ion được đánh giá là dạng bức xạ có hệ số truyền năng lượng cao, có khả năng tạo ra nhiều sự xáo trộn trong hệ gen (Yamaguchi H. *et al.*, 2009; Ishikawa S. *et al.*, 2012); gây ra nhiều đột biến trên cấu trúc ADN bao gồm cả đột biến lớn và đột biến điểm (Tanaka A. *et al.*, 2010); có tiềm năng trong việc tạo ra nhiều sự tái tổ hợp khác nhau, là cơ sở để tạo nên một giống cây trồng mới (Hirano T. *et al.*, 2015).

Gen BGIOGA024502 (Ghd7) quy định các tính trạng quan trọng trên lúa như: số gié/bông, số hạt trên bông, kích thước bông, kích thước hạt, chiều cao cây, ngày trổ bông, phản ứng với môi trường (Xue, 2008; Zhang, 2015; Nemoto, 2016). Một số nghiên cứu chỉ ra rằng, Ghd7 có năm trạng thái alen (Xue *et al.*, 2008) và rất nhiều đột biến SNP (Lu *et al.*, 2012) quy định nên các kiểu hình khác nhau. Trên cơ sở dữ liệu ([www.grammene.org](http://www.grammene.org)), gen BGIOGA024502 (Ghd7) được định vị trên nhiễm sắc thể số 7 (vị trí 9.172.628 đến 9.175.046), với tổng chiều dài 2418 bp, gồm 2 vùng mã hóa (exon1 - 444 bp; exon2 - 330 bp) và 1 vùng không mã hóa (intron - 1644 bp).

Dòng đột biến triển vọng mang một số đặc điểm khác biệt nổi bật so với dòng gốc như: kích thước hạt lớn hơn, hạt sáng màu, số hạt/bông nhiều hơn, cao cây hơn và dài ngày hơn... Vì vậy trong nghiên cứu này, thông qua phương pháp BLAST và giải trình tự tập trung tìm hiểu có xảy ra đột biến hay không trên gen BGIOGA024502 (Ghd7), gen quy định các tính trạng đặc trưng như đã nêu ở trên.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Vật liệu nghiên cứu

Mẫu ADN: 2 mẫu ADN tổng số của dòng lúa đột biến triển vọng và giống gốc, được tách chiết theo phương pháp DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN).

Các hóa chất thí nghiệm.

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

#### 2.2.1. Phương pháp PCR

- Gen quan tâm được khuếch đại theo thành phần và chu trình như sau:

+ Tổng thể tích phản ứng 20 µl bao gồm: 1 µl ADN tổng số (1ng/µl); 10 µl 2X Prime STAR MAX; 0,5 µl Mối xuôi (20pmol/µl); 0,5 µl Mối ngược (20pmol/µl); 8 µl H<sub>2</sub>O.

+ Chu trình phản ứng PCR: 98°C - 2 phút; 30 chu kỳ của: 98°C - 5 giây, 60°C - 5 giây, 72°C - 30 giây;

72°C - 5 phút; giữ mẫu ở 4°C.

- Sản phẩm PCR được kiểm tra trên gel agarose 1,5% đệm TAE 1X.

- Tinh sạch sản phẩm PCR: sử dụng PCR product purification Kit- QIAGEN.

#### 2.2.2. Phương pháp giải trình tự

Giải trình tự theo phương pháp Sanger gồm các bước:

- Phản ứng PCR: Tổng thể tích phản ứng 20 µl bao gồm: 1 µl ADN gen mục tiêu (1ng/µl); 4 µl SeqSaver Sequencing Pre-mix (Sigma); 4 µl Mối (20pmol/µl); 11 µl H<sub>2</sub>O. Chu trình phản ứng PCR: 94°C - 2 phút; 30 chu kỳ của: 98°C - 5 giây, 55°C - 5 giây, 72°C - 15 giây; 72°C - 7 phút; giữ mẫu ở 4°C.

- Tinh sạch phản ứng: Theo quy trình DyeEx 2.0 Spin Kit (QIAGEN).

- Đọc trình tự: Sử dụng BigDye Terminator Sequencing Standard Kit (ThermoFisher) và đọc kết quả bằng máy ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer.

#### 2.2.3. Phương pháp BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)

Ứng dụng để tìm kiếm, khai thác dữ liệu; so sánh, phát hiện sự sai khác giữa trình tự của dòng đột biến và dòng gốc.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. BLAST, thiết kế mối và khuếch đại gen BGIOGA024502 (Ghd7)

Sử dụng công cụ BLAST để khai thác cơ sở dữ liệu, đã tìm thấy các thông tin liên quan đến gen BGIOGA024502 (Ghd7), với trình tự đã được giải mã hoàn chỉnh. Dữ liệu về trình tự gen BGIOGA024502 (Ghd7) cũng như vị trí chọn để thiết kế mối nhằm khuếch đại và giải trình tự vùng gen quan tâm được thể hiện tại hình 1.

Bốn vị trí thiết kế mối (hai mối xuôi, hai mối ngược) được chọn như trong hình 1 nhằm đảm bảo hài hòa và tối ưu các yêu cầu về thiết kế mối. Thông tin chi tiết của bốn mối mới được thiết kế thể hiện tại bảng 1.

Các mối được thiết kế với chiều dài 25 nucleotit, tỷ lệ GC dao động từ 32 - 53%, nhiệt độ gắn mối từ 51,6 - 65,4°C. Mối Ghd7-2R có tỷ lệ GC thấp nhất (32%) kéo theo nhiệt độ gắn mối cũng thấp nhất do phải tránh vùng lặp (AT)<sub>23</sub> và không quá xa vùng mã hóa. Các mối còn lại đều đảm bảo các yêu cầu quan trọng được tối ưu hóa như tỷ lệ GC từ 40 - 60%; nhiệt độ gắn mối từ 55 - 65°C; chiều dài 18 - 30 nucleotit...



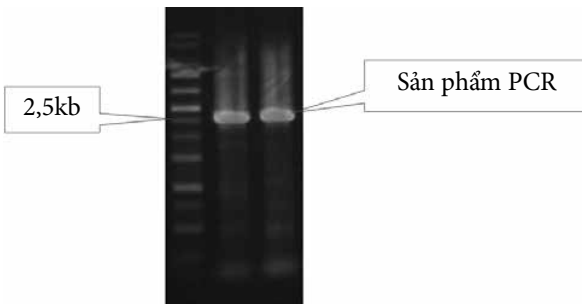
**Hình 1.** Khai thác trình tự gen BGIOGA024502 (Ghd7) trên cơ sở dữ liệu

*Chú thích:* Vùng bôi vàng - vùng mã hóa; ký tự màu đỏ - điểm thiết kế môi ([http://plants.ensembl.org/Oryza\\_indica/Transcript/Summary?db=core;g=BGIOGA024502;r=7:9172628-9175046;t=BGIOGA024502-TA](http://plants.ensembl.org/Oryza_indica/Transcript/Summary?db=core;g=BGIOGA024502;r=7:9172628-9175046;t=BGIOGA024502-TA))

**Bảng 1.** Thông tin mỗi mối thiết kế cho nghiên cứu gen BGIOGA024502 (Ghd7)

TT	Tên môi	Trình tự (5'-3')	Chiều dài (nu)	GC (%)	Tm (°C)
1	Ghd7-1F	AGCTCAAGTGACCTCACCTGCTATA	25	48	60,7
2	Ghd7-1R	GATCATGCCGGCCGGATCAGGATTA	25	53	65,4
3	Ghd7-2F	AGGGAGGTTACAATAACTGCATTT	25	40	57,2
4	Ghd7-2R	AGTGGTATATACGCACTGTAATTAT	25	32	51,6

Toàn bộ chiều dài gen BGIOGA024502 (Ghd7) được khuếch đại bằng cặp môi Ghd7-1F và Ghd7-2R, với chiều dài đoạn khuếch đại khoảng 2,5kb (Hình 2).



**Hình 2.** Sản phẩm khuếch đại gen BGIOGA024502 (Ghd7) trên gel agarose 1,5%

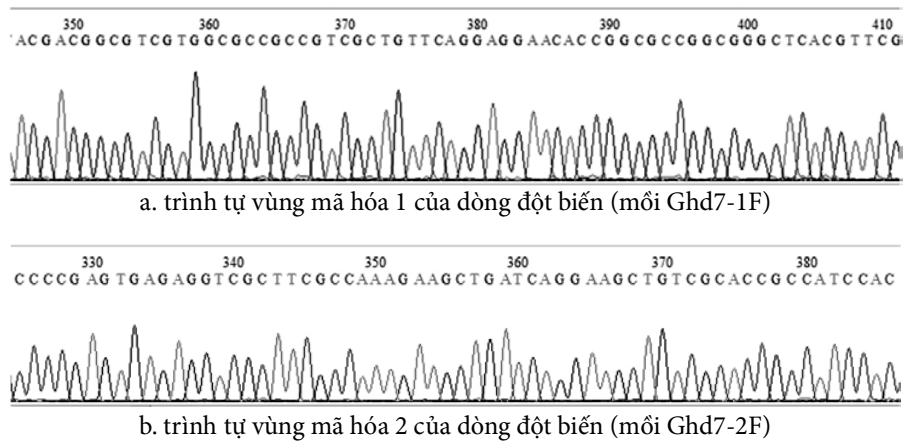
*Ghi chú:* Làn 1 - 1kb; làn 2 và 3 - sản phẩm PCR

Từ hình 2 ta có thể thấy cặp môi Ghd7-1F và Ghd7-2R chưa thực sự đặc hiệu vì còn xuất hiện

một số băng không mong muốn. Tuy nhiên, các sản phẩm không mong muốn xuất hiện không đáng kể (băng rất mờ), trong khi đó sản phẩm chính (gen mục tiêu) thì xuất hiện rất rõ với vạch băng dày trên gel agarose ở chiều dài khoảng 2,5 kb. Điều đó cho thấy sản phẩm PCR đủ chất lượng và số lượng để giải trình tự.

**3.2. Giải trình tự vùng mã hóa của gen BGIOGA024502 (Ghd7), BLAST và phát hiện đột biến**

Sản phẩm PCR khuếch đại gen Ghd7 của dòng gốc và dòng đối chứng được tinh sạch bằng DyeEx 2.0 Spin Kit của QIAGEN. Gen Ghd7 sau khi được tinh sạch sẽ được sử dụng làm “template” trong phản ứng “sequence PCR”. BigDye Terminator Sequencing Standard Kit của ThermoFisher được sử dụng để giải trình tự. Sản phẩm được chạy và đọc bằng máy ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer. Kết quả đọc trình tự được thể hiện trong hình 3.



**Hình 3.** Biểu đồ thể hiện kết quả giải trình tự vùng mã hóa của gen BGIOGA024502 (Ghd7) trên dòng đột biến

Kết quả đọc trình tự vùng mã hóa 1 bằng mỗi Ghd7-1F và vùng mã hóa 2 bằng mỗi Ghd7-2F (hình 3) cho thấy: Các trình tự được đọc rất rõ ràng, không có trình tự nào bị lỗi đọc (N); các đỉnh (peak) cao, gọn; đường nhiễu (baseline-noise) rất nhỏ, gần như bằng không. Toàn bộ hai vùng mã hóa đã được đọc hoàn chỉnh nhờ hai mỗi Ghd7-1F và Ghd7-2F nên không cần thiết đọc trình tự bằng hai mỗi ngược Ghd7-1R và Ghd7-2R.

**3.3. Phát hiện đột biến nhờ công cụ BLAST và phát triển chỉ thị ADN dựa trên đột biến thu được**

Trình tự hai vùng mã hóa của gen Ghd7 giữa dòng gốc và dòng đột biến được so sánh để phát hiện các đột biến thông qua công cụ BLAST. Kết quả được thể hiện trong bảng 2.

Số liệu trong bảng 2 cho thấy, trong tổng số 774 trình tự mã hóa của gen Ghd7 thì có 4 trình tự khác nhau giữa dòng gốc và dòng đột biến (chiếm tỷ lệ 0,51%) đã được phát hiện nhờ công cụ BLAST, bao gồm 2 sai khác ở vùng mã hóa 1 và hai sai khác ở vùng mã hóa 2. Các đột biến được thể hiện chi tiết trong hình 4, 5 và 6.

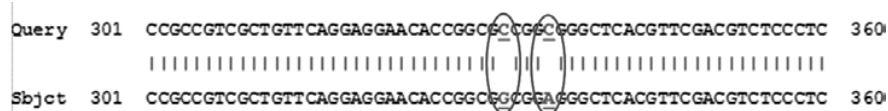
**Bảng 2.** Phân tích đột biến trên vùng mã hóa của gen BGIOGA024502 (Ghd7)

Vùng mã hóa	Số trình tự đọc	Số trình tự sai khác	Tỷ lệ sai khác (%)	Vị trí sai khác
Vùng mã hóa 1	444	2	0,45	362: G -> C 366: A -> C
Vùng mã hóa 2	330	2	0,61	73: A -> G 253: C -> G
Tổng	774	4	0,51	

Hình 4 cho thấy kết quả BLAST phát hiện đột biến trên vùng mã hóa 1. Ở vị trí 362 có sự thay thế G thành C; và ở vị trí 366 có sự thay thế A thành C.

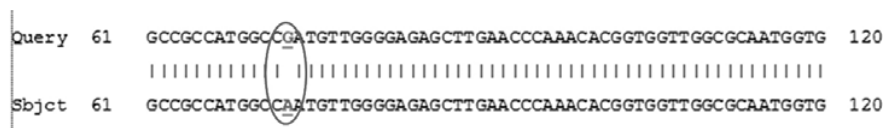
Hình 5 thể hiện kết quả BLAST phát hiện đột biến điểm xảy ra tại vị trí 73 trên vùng mã hóa 2 với sự thay thế nucleotit A thành G.

Hình 6 thể hiện kết quả BLAST phát hiện đột biến điểm xảy ra tại vị trí 253 trên vùng mã hóa 2 với sự thay thế nucleotit C thành G.

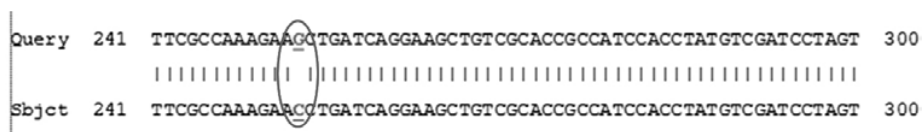


**Hình 4.** BLAST so sánh trình tự, phát hiện đột biến trên vùng mã hóa 1 của gen BGIOGA024502 (Ghd7)

Ghi chú: Hình 4, 5, 6: Query - trình tự dòng đột biến; Subject = trình tự của dòng gốc



**Hình 5.** BLAST so sánh trình tự, phát hiện đột biến trên vùng mã hóa 2 của gen BGIOGA024502 (Ghd7)



**Hình 6.** BLAST so sánh trình tự, phát hiện đột biến trên vùng mã hóa 2 của gen BGIOGA024502 (Ghd7)

Các thay đổi được phát hiện trên dòng đột biến so với dòng gốc đều là đột biến điểm, phù hợp với các công bố về đặc tính của các đột biến được tạo ra bằng bức xạ ion. Dựa trên các đột biến điểm này, hai chỉ thị ADN mới đã được phát triển nhằm chọn

lọc các đột biến tương tự, góp phần nâng cao hiệu quả của chọn giống đột biến đối liên quan đến gen Ghd7. Thông tin về hai chỉ thị ADN này được thể hiện trong bảng 3.

**Bảng 3.** Phát triển chỉ thị ADN mới dựa trên đột biến thu nhận được

TT	Đặc điểm mỗi				Chiều dài sản phẩm	Mục tiêu nhận biết
	Trình tự (5'- 3')	Chiều dài	Tm (°C)	GC (%)		
1	F: CCGGTGCACGAGTTCCAGTTCT R: CGAACGTGAGCCCC <u>G</u> CCG <u>G</u>	22 nu 18 nu	63,8 67,7	59,1 77,8	202bp	Trình tự C ở vị trí 362 và trình tự C ở vị trí 366
2	F: GAGATGGTGGCCGCCATGGCC <u>G</u> R: GTGCGACAGCTTCCTGATCAG <u>C</u>	22 nu 22 nu	71,1 63,0	72,7 59,1	223bp	Trình tự G ở vị trí 73 và trình tự G ở vị trí 253

Ghi chú: ký tự đậm, gạch chân - điểm đột biến

Hai chỉ thị (mỗi) mới có chiều dài 18 - 20 nucleotit; nhiệt độ gắn mỗi trong khoảng 63 - 71°C; thành phần GC từ 59,1 - 77,8% và sản phẩm khuếch đại mong muốn là 202 bp và 223 bp. Các đột biến được xác định tại những vị trí cố định, vì vậy việc thiết kế chỉ thị dựa trên chúng sẽ khó có thể đảm bảo tối ưu tất cả các yêu cầu đặt ra. Nhiệt độ gắn mỗi không tối ưu có thể được khắc phục bằng cách điều chỉnh chu trình PCR, hoặc giảm bớt chiều dài mỗi, tuy nhiên không nên ngắn hơn 18 nucleotit để đảm bảo tính đặc hiệu. Một điều kiện quan trọng khác là các trình tự nhận biết đột biến nên được đặt ở đầu 3' giúp tăng tính chính xác trong quá trình tìm và bắt cặp của mỗi.

#### IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

##### 4.1. Kết luận

Nhờ công cụ BLAST, đã tìm được cơ sở dữ liệu của gen BGIOGA024502 (Ghd7), với trình tự được giải mã hoàn chỉnh; từ đó thiết kế được bốn mỗi Ghd7-1F, Ghd7-1R Ghd7-2F, Ghd7-2R phục vụ cho các nghiên cứu tiếp theo.

Đã khuếch đại thành công gen BGIOGA024502 (Ghd7) của dòng đột biến và giống gốc nhờ cặp mỗi Ghd7-1F và Ghd7-2R; sản phẩm khuếch đại đảm bảo chất lượng và số lượng cho giải trình tự.

Đã giải trình tự hoàn chỉnh hai vùng mã hóa trên gen BGIOGA024502 (Ghd7) của dòng đột biến và giống gốc bằng mỗi Ghd7-1F và Ghd7-2F.

BLAST và phát hiện bốn đột biến điểm trên vùng mã hóa của gen BGIOGA024502 (Ghd7) bao gồm: đột biến thay thế G thành C tại vị trí 362 và đột biến thay thế A thành C tại vị trí 366 trên vùng mã hóa 1; đột biến thay thế A thành G tại vị trí 73 và đột biến thay thế C thành G tại vị trí 253 trên vùng mã hóa 2.

Dựa trên bốn đột biến điểm được phát hiện ở trên, hai chỉ thị ADN mới đã được phát triển nhằm nâng cao hiệu quả của chọn giống đột biến đối với gen BGIOGA024502 (Ghd7).

##### 4.2. Đề nghị

Tiếp tục đánh giá, phát triển dòng đột biến triển vọng thu nhận được.

Ứng dụng chỉ thị mới phát triển nhằm nâng cao hiệu quả của chọn giống đột biến liên quan đến gen BGIOGA024502 (Ghd7).

#### LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được thực hiện tại Trung tâm nghiên cứu Năng lượng Wakasa-wan, Fukui, Nhật Bản với sự tài trợ của Chương trình “Fukui International Human Resources Development Center For Atomic Energy (FIHRDC)/The Wakasa Wan Energy Research Center (WERC) FY 2016”.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Hirano T., Kazama Y., Ishii K., Ohbu S., Shirakawa Y., Abe T., 2015. Comprehensive identification of mutations induced by heavy-ion beam irradiation in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.*, 82(1): 93-104.
- Ishikawa S., Ishimaru Y., Igura M., Kuramata M., Abe T., Senoura T., Hase Y., Arai T., Nishizawa N. K., Nakanishi H., 2012. Ion-beam irradiation, gene identification, and marker-assisted breeding in the development of low-cadmium rice. *PNAS Early Edition*, ([www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1211132109](http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1211132109)).
- Nemoto Y., Nonoue Y., Yano M., Izawa T., 2016. Hd1, a CONSTANS ortholog in rice, functions as an Ehd1 repressor through interaction with monocot-specific CCT-domain protein Ghd7. *The plant Journal*, 86(3): 221-33.
- Tanaka A., Shikazono N. and Hase Y., 2010. Studies on Biological Effects of Ion Beams on Lethality, Molecular Nature of Mutation, Mutation Rate, and Spectrum of Mutation Phenotype for Mutation Breeding in Higher Plants. *J. Radiat. Res.*, 51: 223-233.
- Xue W., Xing Y., Weng X., Zhao Y., Tang W., Wang L., Zhou H., Yu S., Xu C., Li X. and Zhang Q., 2008. Natural variation in Ghd7 is an important regulator of heading date and yield potential in rice. *Nature Genetics*, 40: 761 – 767.
- Yamaguchi H., Hase Y., Tanaka A., Shikazono N., Degi K., Shimizu A., Morishita T., 2009. Mutagenic effects of ion beam irradiation on rice. *Breeding Science*, 59(2): 169-177.
- Zhang J., Zhou X., Yan W., Zhang Z., Lu L., Han Z., Zhao H., Liu H., Song P., Hu Y., Shen G., He Q., Guo S., Gao G., Wang G., Xing Y., 2015. Combinations of the Ghd7, Ghd8 and Hd1 genes largely define the ecogeographical adaptation and yield potential of cultivated rice. *New Phytologist*, 4:1056-66.

### Identification of point mutations in coding region of gene BGIOGA024502 (Ghd7) in mutant rice line by ion beam

Nguyen Thi Hong<sup>1</sup>, Vo Thi Minh Tuyen<sup>1</sup>,  
Yoshikazu Tanaka<sup>2</sup>, Le Huy Ham<sup>1</sup>

#### Abstract

It was reported that ion beams are considered effective for the induction of point mutation valuable for breeding. The database of gene BGIOGA024502 (Ghd7) was mined through BLAST and based on that four primers were designed to amplify and sequence the target region on gene BGIOGA024502 of the materials. A total of 1548 coding nucleotides (774 nucleotides of original type and 774 nucleotides of mutant type) was sequenced by Sanger method. Four point mutations were identified including two nucleotides at points 332 and 336 in exon 1 and two nucleotides at points 72 and 253 in exon 2. Based on these mutations, two new DNA markers were developed for improving efficiency of rice mutation breeding.

**Key words:** BGIOGA024502, Ghd7, ion beam, point mutation, sequencing, mutation breeding

Ngày nhận bài: 14/3/2017

Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu

Ngày phản biện: 19/3/2017

Ngày duyệt đăng: 24/3/2017

### PHÂN TÍCH *IN SILICO* HỌ GEN MÃ HÓA YẾU TỐ PHIÊN MÃ NUCLEAR FACTOR - YB TRÊN CAM NGỌT (*Citrus sinensis*)

Chu Đức Hà<sup>1</sup>, Nguyễn Thu Trang<sup>2</sup>,  
Đoàn Thị Hải Dương<sup>1</sup>, Vũ Thị Thu Hiền<sup>1</sup>,  
Nguyễn Văn Giang<sup>2</sup>, Phạm Thị Lý Thu<sup>1</sup>, Lê Tiến Dũng<sup>3</sup>

#### TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, họ gen mã hóa tiểu phần NF-YB (Nuclear factor-YB) đã được phân tích trên hệ gen cây cam ngọt (*Citrus sinensis*) bằng phương pháp tin sinh học. Kết quả đã xác định được 19 gen mã hóa cho họ NF-YB, *CsNF-YB*, trên hệ gen cam ngọt. Phân tích cấu trúc gen cho thấy họ *CsNF-YB* khác nhau về kích thước và số lượng exon/intron. Kích thước và trọng lượng của các phân tử *CsNF-YB* khá đa dạng. *CsNF-YB4*, -*YB9*, -*YB10*, -*YB11*, -*YB12*, -*YB13*, -*YB15* và -*YB19* có kích thước và trọng lượng ở mức trung bình nên chúng có thể dễ dàng xuyên qua

<sup>1</sup> Viện Di truyền Nông nghiệp; <sup>2</sup> Khoa Công nghệ Sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

<sup>3</sup> Công ty DEKALB Việt Nam