

SÀNG LỌC CHỈ THỊ PHÂN TỬ LIÊN KẾT GEN KHÁNG BỆNH ĐẠO ÔN PHỤC VỤ CHỌN GIỐNG DỰA VÀO CHỈ THỊ PHÂN TỬ (MAS) TẠI VIỆT NAM

Nguyễn Thị Nhài¹, Nguyễn Thị Thanh Thủy²

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, các chỉ thị phân tử được công bố liên kết với gen kháng bệnh đạo ôn trên nhiễm sắc thể số 11 đã được thu thập từ cơ sở dữ liệu Gramene, các bản đồ liên kết và các công trình quốc tế đã công bố trên thế giới. Những chỉ thị này được sàng lọc nhằm tìm kiếm các chỉ thị cho đa hình giữa hai giống lúa phổ biến tại Việt Nam (BC15 và Bắc Thơm 7) với 6 dòng NIL IRBL1-CL, IRBL7-M, IRBLk-Ku; IRBLkh-K3; IRBLkm-Ts; IRBLkp-K60 mang đơn gen kháng bệnh đạo ôn *Pi1*, *Pi7(t)*, *Pik*, *Pik-h*, *Pik-m* và *Pik-p* do IRRI cung cấp. Kết quả nghiên cứu đã xác định được ba chỉ thị RM1233, RM224 và RM7654B cho đa hình liên kết với gen kháng bệnh và có thể sử dụng cho việc chọn lọc các giống kháng bệnh nhờ chỉ thị phân tử (MAS).

Từ khóa: Lúa, bệnh đạo ôn, chỉ thị phân tử, gen kháng, nhiễm sắc thể số 11

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh đạo ôn do loại nấm ký sinh có tên khoa học là *Pyricularia oryzae* Cavara gây ra, là một trong những loại bệnh hại chính trên cây lúa ở Việt Nam cũng như trên toàn thế giới. Các công trình nghiên cứu đã cho thấy sử dụng các giống lúa kháng bệnh là cách hiệu quả nhất để kiểm soát bệnh đạo ôn. Cho đến nay đã có khoảng 100 gen kháng và 347 QTL được phát hiện trên hệ gen lúa (Sharma *et al.*, 2011). Các nghiên cứu cũng cho thấy một số nhiễm sắc thể (NST) tập trung khá nhiều gen kháng bệnh đạo ôn. Có tới 23 gen kháng được định vị trên NST số 11, trong đó locut *Pik* có 6 alen bao gồm *Pik*, *Pik-s*, *Pik-p*, *Pik-m*, *Pik-h*, *Pik-g* (Koide *et al.*, 2009). Các bộ giống lúa chỉ thị gồm các dòng NIL (Near Isogenic Lines- các dòng cận di truyền) mang đơn gen kháng bệnh đạo ôn trên nền giống lúa nhiễm chuẩn (LTH, CO39, US2) đã được phát triển phục vụ cho nghiên cứu nguồn gen kháng bệnh và chọn giống (Tsunematsu *et al.*, 2000, Kobayashi *et al.*, 2007, Telebanco *et al.*, 2010). Những bộ giống này đã được trao đổi và sử dụng hiệu quả giữa các nước tham gia mạng lưới “Nghiên cứu bệnh đạo ôn phục vụ sản xuất lúa gạo bền vững” do JIRCAS Nhật Bản phối hợp với Viện Nghiên cứu Lúa Quốc tế (IRRI) chủ trì. Hướng nghiên cứu của các quốc gia chủ yếu tập trung vào việc sử dụng những gen kháng phổ rộng, quy tụ nhiều gen kháng và cả các QTL vào cùng một giống bằng phương pháp chọn giống có sự trợ giúp của chỉ thị phân tử (Koide *et al.*, 2009).

Những khảo sát ban đầu cho thấy nhiều giống lúa đang được trồng phổ biến tại Việt Nam đều có hiện tượng nhiễm bệnh đạo ôn như BC15, Bắc thơm 7, Khang dân... Vì vậy việc cải tiến các

giống lúa trồng chủ lực theo hướng tăng cường tính kháng bệnh đạo ôn luôn được các nhà chọn giống trong nước quan tâm nghiên cứu. Chính vì vậy, nghiên cứu “Sàng lọc chỉ thị phân tử liên kết gen kháng bệnh đạo ôn phục vụ chọn tạo giống lúa kháng bệnh tại Việt Nam” sẽ tạo tiền đề cho việc ứng dụng chỉ thị phân tử trong chọn tạo giống lúa kháng bệnh đạo ôn hiệu quả tại Việt Nam.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Hai giống lúa thuần BC15 và Bắc thơm 7 (BT7).
- Sáu dòng NIL IRBL1-CL (S8), IRBL7-M (S9), IRBLk-Ku (S10), IRBLkh-K3 (S12), IRBLkm-Ts (S13) và IRBLkp-K60 (S14) mang đơn gen kháng đạo ôn tương ứng *Pi1*, *Pi7(t)*, *Pik*, *Pik-h*, *Pik-m* và *Pik-p* do IRRI cung cấp.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

ADN tổng số được tách nhanh theo phương pháp "NaOH extraction" của Wang (1993). Phản ứng PCR được tiến hành trên máy Veriti 96well Thermal cycler với tổng thể tích 15 μ l, gồm: 5 μ l ADN, 0,15 μ M mỗi, 0,2 mM dNTPs, 1X dịch đệm PCR, 2,5mM MgCl₂ và 0,25 đơn vị Taq TaKaRa. Điều kiện phản ứng: 95^oC - 7 phút; 35 chu kỳ (94^oC - 15 giây, 55^oC - 30 giây, 72^oC - 1 phút; 72^oC - 5 phút) và giữ mẫu ở 4^oC. Sản phẩm PCR được điện di bằng gel agarose 2,5% trong đệm TBE, nhuộm bằng EtBr và được soi dưới đèn UV. Số liệu được đọc và phân tích trên hình ảnh điện di các sản phẩm PCR để phát hiện những chỉ thị phân tử cho đa hình giữa các giống mang đơn gen kháng đạo ôn với những giống lúa thuần nghiên cứu.

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp; ² Bộ Nông nghiệp và PTNT

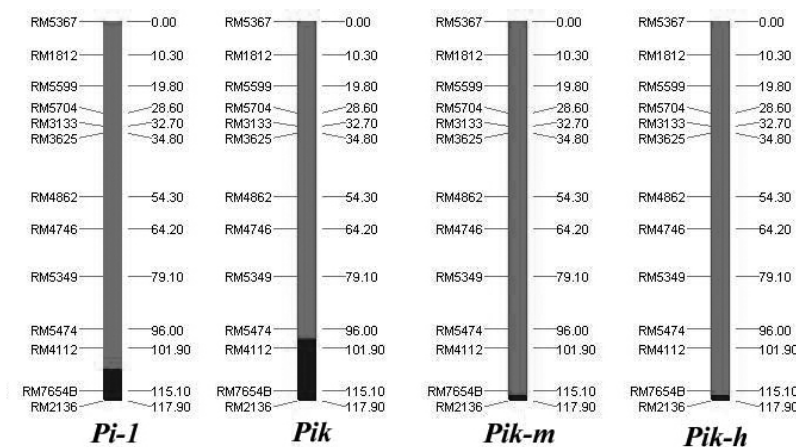
III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Thu thập thông tin về các gen kháng bệnh đạo ôn và các chỉ thị phân tử liên kết với các gen kháng

Để hiểu rõ hơn về các gen kháng trong nghiên cứu này và chỉ thị phân tử liên kết với chúng, đã tìm kiếm và tập hợp thông tin từ các tài liệu đã được công bố trên thế giới. Sáu gen kháng (*Pi1*, *Pi7(t)*, *Pik*), *Pik-h*, *Pik-m* và *Pik-p* đều được định vị trên NST số 11. Vị trí của 4 gen *Pi1*, *Pik*, *Pik-m* và *Pik-h* đã được Yanoria *et al.* (2011) nhận biết ở vùng đầu mút của nhiễm sắc thể số 11 với một số chỉ thị nằm

trên vùng locut chứa gen kháng (Hình 1).

Nghiên cứu của Koide *et al.* (2009) đã phát hiện hai gen *Pi1* và *Pi7(t)* nằm trên cùng 1 locut và có kiểu phản ứng bệnh tương tự nhau với các chủng nấm bệnh đạo ôn. Bốn gen kháng *Pik*, *Pik-m*, *Pik-h* và *Pik-p* cũng được nhận biết là alen với nhau và được định vị tại locut *Pik* (Koide *et al.*, 2009). Tại Việt Nam, ba gen kháng *Pi1*, *Pik-h* và *Pik-m* trên NST số 11 đều kháng tốt với các nòi nấm ở các tỉnh vùng trung du và miền núi phía Bắc, với tỷ lệ kháng được trên 90% nòi nấm đạo ôn nghiên cứu (Nguyễn Thị Minh Nguyệt và *ctv.*, 2015).



Hình 1. Bản đồ liên kết một số gen kháng đạo ôn trên NST số 11

Những chỉ thị SSR liên kết chặt với các gen kháng bệnh đạo ôn trên NST số 11 đã được công bố trên thế giới đã được thu thập thông tin và tổng hợp trong bảng 1. Tổng số có 9 chỉ thị (7 chỉ thị SSR và

2 chỉ thị SNP): RM144, RM206, RM224, RM1233, RM2136, RM4112, RM7654B, k6816 và k4731F2/R được công bố là liên kết với các gen kháng *Pi1*, *Pi7(t)*, *Pik*, *Pik-h*, *Pik-m* và *Pik-p* trên NST số 11.

Bảng 1. Danh sách các gen kháng bệnh đạo ôn và các chỉ thị SSR liên kết đã được công bố trên thế giới

Gen kháng	Chỉ thị	Khoảng cách (cM)	Nguồn tài liệu	Gen kháng	Chỉ thị	Khoảng cách (cM)	Nguồn tài liệu
<i>Pi1</i>	RM1233	0	Fuentes, 2007	<i>Pik-h</i>	RM206	0,7	Sharma, 2005
	RM224	0			RM144	4	Fjellstrom, 2004
	RM7654B	-	RM224		0		
	RM2136	-	Yanoria, 2011		RM1233	3,3	
<i>Pi7(t)</i>	RM1233	-	Koide, 2009	RM2136	-	Yanoria, 2011	
	k4731F2/R	-		<i>Pik-m</i>	k6816	0	Hayashi, 2006
<i>Pik</i>	RM224	0,2	Fjellstrom, 2004	<i>Pik-m</i>	RM2136	-	Yanoria, 2011
	RM1233	1,6		<i>Pik-p</i>	RM1233	-	Hayashi, 2006
	RM206	~5			Yanoria, 2011		
	RM2136	3,2					
	RM144	2,6					
	RM7654B	-					
	RM4112	12,6					

3.2. Xác định chỉ thị phân tử cho đa hình giữa các dòng NIL mang gen kháng bệnh đạo ôn với hai giống lúa BC15 và BT7

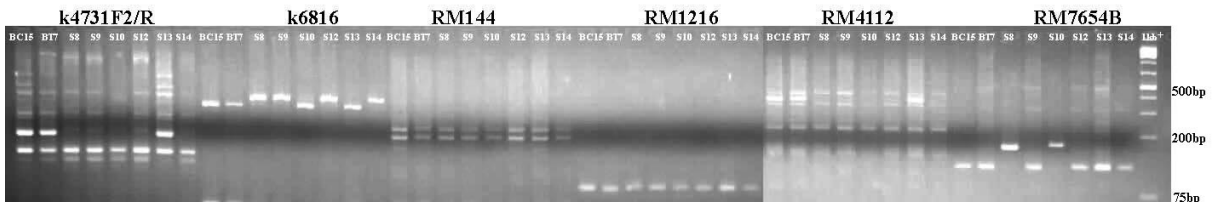
Để xác định được những chỉ thị phân tử cho đa hình phục vụ cho các thí nghiệm sàng lọc cá thể con lai mang các gen kháng đạo ôn trong các nghiên cứu tiếp theo, bộ 9 chỉ thị (Bảng 1) đã được sử dụng để phân tích đa hình ADN giữa 6 dòng NIL IRBL1-CL, IRBL7-M, IRBLk-Ku, IRBLkh-K3, IRBLkm-Ts và IRBLkp-K60 với 2 giống lúa BC15 và BT7. Kết quả điện di sản phẩm PCR của các dòng/giống lúa với các chỉ thị phân tử được thể hiện trên Hình 2 và Hình 3.

Kết quả cho thấy có 4 chỉ thị RM144, RM2136, RM4112 và k4731F2/R không cho băng ADN đa

hình để phân biệt giữa dòng NIL mang gen kháng và hai giống lúa BC15 và BT7. 5 chỉ thị còn lại cho đa hình giữa BC15 và BT7 với ít nhất 1 trong 6 dòng NIL, cụ thể: Chỉ thị RM206 cho đa hình giữa dòng NIL IRBL7-M với cả hai giống BC15 và BT7; Chỉ thị RM224 cho đa hình giữa 4 dòng NIL IRBL1-CL, IRBLk-Ku, IRBLkh-K3 và IRBLkp-K60 với cả hai giống BC15 và BT7; riêng dòng IRBL7-M chỉ thể hiện đa hình với BC15; Chỉ thị RM1233 cho đa hình giữa 2 dòng NIL IRBL1-CL và IRBL7-M với hai giống BC15 và BT7; Chỉ thị RM7654B cho đa hình giữa hai dòng NIL IRBL1-CL và IRBLk-Ku với cả hai giống BC15 và BT7; Chỉ thị k6816 cho đa hình giữa 4 dòng NIL IRBL1-CL, IRBL7-M, IRBLkh-K3 và IRBLkp-K60 với cả hai giống BC15 và BT7.



Hình 2. Kết quả khảo sát đa hình của các dòng/giống lúa với các chỉ thị RM1233, RM206, RM224, RM2136 trên gel agarose 2,5%



Hình 3. Kết quả khảo sát đa hình của các dòng/giống lúa với các chỉ thị k4731F2/R, k6816, RM144, RM4112 và RM7654B trên gel agarose 2,5%

Từ trái qua phải: BC15, BT7, S8, S9, S10, S12, S13, S14, Thang ADN chuẩn 1kb+

3.3. Kết quả sàng lọc các chỉ thị phân tử cho đa hình và liên kết chặt với các gen kháng bệnh đạo ôn phục vụ nghiên cứu cải tiến tính kháng bệnh đạo ôn cho các giống lúa BC15 và BT7

Bốn chỉ thị RM1233, RM224, RM7654B và RM2136 được công bố liên kết chặt với gen kháng *Pi1* (Bảng 1). Kết quả phân tích đa hình ở phần trên cho thấy ba chỉ thị RM1233, RM224 và RM7654B đều cho đa hình rõ giữa dòng IRBL1-CL mang gen kháng *Pi1* với hai giống lúa BC15 và BT7. Do đó, cả ba chỉ thị này đều có thể sử dụng hiệu quả trong thí nghiệm sàng lọc các cá thể con lai mang gen kháng *Pi1* trong các tổ hợp lai giữa dòng NIL mang gen kháng với giống BC15 và BT7.

Nghiên cứu của Koide *et al.* (2009) đã công bố gen kháng *Pi7(t)* liên kết chặt với hai chỉ thị RM1233 và k4731F2/R (Bảng 1). Kết quả phân tích đa hình ở phần trên chỉ thu được chỉ thị RM1233 cho đa hình rõ giữa dòng IRBL7-M với cả hai giống BC15 và BT7. Chỉ thị SNP k4731F2/R không cho đa hình giữa các dòng/giống vật liệu nghiên cứu. Do vậy, để sàng lọc các con lai mang gen kháng *Pi7(t)* trong các tổ hợp lai giữa dòng NIL mang gen kháng với giống BC15 và BT7 có thể dùng chỉ thị RM1233.

Kết quả khảo sát đa hình của 7 chỉ thị được công bố liên kết với gen *Pik* chỉ thu được hai chỉ thị RM224 và RM7654B cho đa hình rõ giữa dòng IRBLk-Ku với hai giống BC15 và BT7. Năm chỉ thị

còn lại không cho đa hình giữa các dòng/giống lúa. Do vậy, có thể sử dụng chỉ thị RM244 và RM7654B để sàng lọc chính xác các cá thể con lai mang gen kháng *Pik* trong các tổ hợp lai giữa dòng NIL mang gen kháng *Pik* với giống BC15 và BT7. Đặc biệt, với khoảng cách từ gen kháng tới chỉ thị RM224 chỉ có 0,2 cM thì chỉ thị RM224 sẽ cho hiệu quả sàng lọc chính xác nhất.

Năm chỉ thị RM206, RM144, RM224, RM1233 và RM2136 đều liên kết rất chặt với gen kháng *Pik-h* (Fjellstrom *et al.*, 2004, Sharma *et al.*, 2005, Yanoria *et al.*, 2011). Tuy nhiên, kết quả khảo sát đa hình trong nghiên cứu này chỉ nhận được duy nhất chỉ thị RM224 cho đa hình rõ giữa dòng IRBLk-K3 với hai giống BC15 và BT7. Do đó sử dụng chỉ thị RM224 sẽ xác định được chính xác các cá thể mang gen kháng *Pik-h* trong các tổ hợp lai giữa dòng NIL mang gen kháng *Pik-h* với các giống BC15 và BT7.

Hai chỉ thị k6816 và RM2136 được công bố là liên kết chặt với gen kháng *Pik-m* (Bảng 1), tuy nhiên kết quả phân tích với cả hai chỉ thị đều không cho đa hình giữa dòng IRBLk-Ts với hai giống BC15, BT7. Do vậy, cần phải có những nghiên cứu tiếp theo để tìm kiếm chỉ thị phân tử liên kết chặt và cho đa hình giữa các dòng mang gen kháng *Pik-m* với BC15 và BT7.

Đối với gen kháng *Pik-p*, Hayashi *et al.* (2006) đã công bố chỉ thị RM1233 liên kết chặt với gen kháng (Bảng 1). Kết quả phân tích giữa giữa dòng IRBLk-K60 với hai giống BC15 và BT7 bằng chỉ thị RM1233 đã cho kết quả đa hình rõ rệt. Do vậy, có thể sử dụng chỉ thị RM1233 để sàng lọc chính xác các cá thể con lai mang gen kháng *Pik-p* trong các tổ hợp lai giữa dòng NIL mang gen kháng với giống BC15 và BT7.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Nghiên cứu đã xác định được các chỉ thị phân tử liên kết và cho đa hình giữa sáu dòng NIL IRBL1-CL, IRBL7-M, IRBLk-Ku, IRBLk-K3, IRBLk-Ts và IRBLk-K60 mang đơn gen kháng bệnh đạo ôn *Pi1*, *Pi7(t)*, *Pik*, *Pik-h*, *Pik-m* và *Pik-p* với hai giống lúa BC15 và BT7. Các chỉ thị phân tử này có thể sử dụng hiệu quả trong chọn tạo và cải tiến tính kháng bệnh đạo ôn cho các giống lúa BC15 và BT7 tại Việt Nam: Chỉ thị RM1233 dùng để sàng lọc những cá thể mang gen kháng *Pi1*, *Pi7* và *Pik-p*; Chỉ thị RM244 dùng để sàng lọc những

cá thể mang gen kháng *Pi1*, *Pik* và *Pik-h*; Chỉ thị RM7654B dùng để sàng lọc những cá thể mang gen kháng *Pi1* và *Pik*.

4.2. Đề nghị

Tiếp tục sàng lọc các chỉ thị phân tử liên kết với những gen kháng bệnh đạo ôn hiệu quả ở Việt Nam để phục vụ cho công tác chọn tạo và cải tiến các giống lúa kháng bệnh đạo ôn bền vững.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin gửi lời cảm ơn sâu sắc đến PGS. TS. Yoshimichi Fukuta, TS. Yohei KOIDE (JI-RCAS, Nhật Bản), TS. Casiana Vera Cruz và TS. Telebanco-Yanoria M. J. (IRRI) đã cung cấp thông tin và nguồn vật liệu cho nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Nguyễn Thị Minh Nguyệt, Hoàng Hoa Long, Nguyễn Thị Thanh Thủy, 2015. Thu thập đánh giá và phân loại nòi nấm bệnh đạo ôn (*Pyricularia oryzae* Cavara) ở các tỉnh Trung du và miền núi phía Bắc Việt Nam. *Tạp chí Nông nghiệp và PTNT*, 9: 20-26.
- Fjellstrom, R., C.A. Bormans, A.M. McClung, M.A. Marchetti, A.R. Shank, and W.D. Park, 2004. Development of DNA markers suitable for marker assisted selection of three Pi genes conferring resistance to multiple *Pyricularia grisea* pathotypes. *Crop Sci.*, 44: 1790-1798.
- Fuentes, J.L., F.J. Correa-Victoria, F. Escobar, G. Prado, G. Ari-capa, M.C. Duque and J. Tohme, 2007. Identification of microsatellite markers linked to the blast resistance gene *Pi-1(t)* in rice. *Euphytica*, 160: 295-304.
- Hayashi, K., H. Yoshida, I. Ashikawa, 2006. Development of PCR-based allele-specific and InDel marker sets for nine rice blast resistance genes. *Theor. Appl. Genet.*, 113: 251-260.
- Kobayashi, N., M.J. Telebanco-Yanoria, H. Tsunematsu, H. Kato, T. Imbe, Y. Fukuta, 2007. Development of new sets of international standard differential varieties for blast resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *JARQ*, 41: 31-37.
- Koide, Y., N. Kobayashi, D. Xu and Y. Fukuta, 2009. REVIEW Resistance Genes and Selection DNA Markers for Blast Disease in Rice (*Oryza sativa* L.). *JARQ*, 43 (4): 255-280.
- Sharma, T.R., M.S. Madhav, B.K. Singh, P. Shanker, T.K. Jana, V. Dalal, A. Pandit, A. Singh, K. Gaikwad, H.C. Upreti, N.K. Singh, 2005. High-resolution mapping, cloning and molecular characterization of the Pi-kh gene of rice, which confers resistance

- to *Magnaporthe grisea*. *Mol. Genet. Genomics*, 274: 569-578.
- Telebanco-Yanoria, M.J., Koide, Y., Fukuta, Y., Imbe, T., Kato, H., Tsunematsu, H., Kobayashi, N.**, 2010. Development of near-isogenic lines of Japonica-type rice varieties Lijiangxintuanheigu as differential for blast resistance. *Breed. Sci.*, 60, 629e638.
- Tsunematsu, H., M.J.T. Yanoria, L.A. Ebron, N. Hayashi, I. Ando, H. Kato, T. Imbe and G.S. Khush**, 2000. Development of monogenic lines of rice for blast resistance. *Breed. Sci.*, 50: 229-234.
- Wang, H., Meiqing Qi and J.C. Adrian**, 1993. A simple method of preparing plant samples for PCR. *Nucleic Acids Research*, 21 (17): 4153-4154.
- Yanoria T.M.J., Y. Koide, Y. Fukuta, T. Imbe, H. Tsunematsu, H. Kato, L.A. Ebron, N.T.M. Nguyet, N. Kobayashi**, 2011. A set of near-isogenic lines of an Indica-type rice variety, CO39 for blast resistance genes as differential varieties. *Molecular Breeding*, 27 (3): 357-373.

Screening of molecular markers linked to blast disease resistance genes for marker assisted selection (MAS) in Vietnam

Nguyen Thi Nhai, Nguyen Thi Thanh Thuy

Abstract

In this study, molecular markers linked to blast disease resistance genes on chromosome 11 were collected from Gramene databases, linked maps and other publications. These markers were used for polymorphism screening between two popular rice varieties in Vietnam (BC15 and BT7) and six NIL of rice as IRBL1-CL, IRBL7-M, IRBLk-Ku; IRBLk-K3; IRBLkm-Ts; IRBLkp-K60 carrying blast resistance genes *Pi1*, *Pi7(t)*, *Pik*, *Pik-h*, *Pik-m*, *Pik-p* located on chromosome 11. The results indicated that three SSR markers RM1233, RM224 and RM7654B showed polymorphism and could be used for selection of resistance rice varieties to blast disease based on marker assisted selection (MAS).

Key words: Rice, blast disease, molecular marker, resistance genes, chromosome 11

Ngày nhận bài: 12/4/2016

Ngày phản biện: 19/4/2016

Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu

Ngày duyệt đăng: 26/4/2016

BIẾN NẠP GEN CHỊU HẠN *ZmDREB2A* VÀO MỘT SỐ NGUỒN VẬT LIỆU NGŨ VIỆT NAM THÔNG QUA VI KHUẨN *AGROBACTERIUM TUMERFACIENS*

Đoàn Thị Bích Thảo¹, Nguyễn Xuân Thăng¹,
Nguyễn Thị Thu Hoài¹, Tạ Thị Thủy Dung¹,
Lê Công Tùng¹, Bùi Mạnh Cường¹, Nông Văn Hải²

TÓM TẮT

DREB2A (dehydration responsive element binding protein 2A) là một yếu tố phiên mã quan trọng tham gia vào phản ứng chịu hạn của thực vật nhờ khả năng tương tác với các tiểu đơn vị của ADN polymerase cũng như khả năng gắn bám đặc hiệu các yếu tố điều hòa dạng cis là DRE/CRT. Nội dung bài này đề cập một số kết quả nghiên cứu về biến nạp gen chịu hạn *ZmDREB2A* trên 3 nguồn vật liệu ngô K1, K3, K7. Bằng phương pháp biến nạp vào phôi non nhờ vi khuẩn *Agrobacterium tumefaciens* đạt tỷ lệ từ 1.73 đến 3.45% cây chuyển gen. Các dòng cây chuyển gen đã được kiểm tra sự có mặt của gen bằng kỹ thuật PCR, đã xác định được tần số chuyển gen bền vững có sự khác biệt giữa các nguồn vật liệu dao động từ 0,60% (K3) đến 0,88% (K7). Đoạn gen *ZmDREB2A* được giải trình tự và so sánh trình tự đoạn gen đọc được từ cây chuyển gen với trình tự gốc cho thấy mức độ tương đồng đạt 99,78%.

Từ khóa: Ngô, gen *ZmDREB2A*, *Agrobacterium tumefaciens*, chịu hạn

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong thập kỷ qua, các nghiên cứu chuyển gen DREB2A đã được nhiều nhà khoa học trên thế giới thực hiện trên nhiều đối tượng, với mục đích và quy mô khác nhau. Các nghiên cứu chuyển gen *ZmDREB2A* vào cây mô hình *Arabidopsis* đều

mang lại kết quả nâng cao sức chịu hạn trên cây chuyển gen (Qin F, 2007).

Gen *ZmDREB2A* cũng đã được phân lập và nghiên cứu đặc tính chi tiết ở ngô. Không giống như gen DREB2A của *Arabidopsis*, gen *ZmDREB2A* tạo ra hai dạng phiên mã là *ZmDREB2A-L* và *ZmDRE-*

¹ Viện Nghiên cứu Ngô; ² Viện Nghiên cứu Hệ gen