VAAS Tạp chí KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ NÔNG NGHIỆP VIỆT NAM Số 02/(123)/2021

ISSN 1859 - 1558

Tạp chí

KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ NÔNG NGHIỆP VIỆT NAM

Journal of Vietnam Agricultural Science and Technology

VIỆN KHOA HỌC NÔNG NGHIỆP VIỆT NAM
Vietnam Academy of Agricultural Sciences

Số 02 (123) | 2021

THỂ LỆ VIẾT BÀI
ĐĂNG TRÊN TẠP CHÍ KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ NÔNG NGHIỆP VIỆT NAM

1. Quy định bài gửi đăng

1.1. Bài gửi đăng đánh máy vi tính trên khổ giấy A4, định dạng file Word, sử dụng font Times New Roman, cỡ chữ 12, (không quá 7 trang); căn trên, căn dưới 3 cm; lề trái, lề phải 3 cm; khoảng cách giữa các dòng (line spacing) multiple 1,3; khoảng cách giữa các đoạn (paragraph) 6 pt; lùi dòng đầu tiên của đoạn vào một TAB (1,27 cm).

1.2. Hình ảnh, hình vẽ, bảng trong bài (nếu có) phải đánh số thứ tự từ 1 trở đi (Bảng 1, Bảng 2, Bảng 3…; Hình 1, Hình 2, Hình 3…) và ghi chú đầy đủ.

2. Trình tự nội dung bài báo

TÊN BÀI BÁO (IN HOA, ĐẬM)

Họ và tên tác giả, tên đơn vị công tác (Không ghi học vị, học hàm, chức vụ)

TÓM TẮT (IN HOA, ĐẬM)

Tóm tắt kết quả viết liền mạch, không xuống dòng (Không quá 200 từ) và 3-7 từ khoá bằng tiếng Việt.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ (Tối đa 1/2 trang; **IN HOA, ĐẬM)**

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU (Ngắn gọn**; IN HOA, ĐẬM)**

2.1. Vật liệu nghiên cứu (in thường, đậm)

2.2. Phương pháp nghiên cứu (in thường, đậm)

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu (in thường, đậm)

...

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN (IN HOA, ĐẬM)

3.1. (In thường, đậm)

3.2. (In thường, đậm)

...

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ (IN HOA, ĐẬM)

4.1. Kết luận (In thường, đậm)

4.2. Đề nghị (In thường, đậm)

LỜI CẢM ƠN (Nếu có)

TÀI LIỆU THAM KHẢO

(Sắp xếp họ tên tác giả theo vần ABC, tiếng Việt trước, tiếng Anh sau và không quá 20 tài liệu)

Tên bài bằng tiếng Anh (In thường, đậm)

Tên tác giả bằng tiếng Anh

Abstract và **Key words**

3. Cách trích dẫn và danh mục tài liệu tham khảo

Cách trích dẫn và danh mục tài liệu tham khảo được thực hiện theo hệ thống trích dẫn Harvard (có điều chỉnh): http://libguides.bournemouth.ac.uk/bu-ref-harvard-journal-article.

Chi tiết liên hệ Ban Biên tập.

4. Tên khoa học

Tên khoa học phải được viết đầy đủ trong lần viết đầu tiên trong bài viết, lần tiếp theo có thể viết tắt; *in nghiêng*; không cần viết kèm tên tác giả.

5. Đơn vị đo lường

- Chiều dài, diện tích, thể tích: mm, cm, km, mm^2, cm^2, m^3, µL, mL, L,…
- Khối lượng: g, kg, ng, µg, mg, kg, t, Da, kDa,…
- Nồng độ: nM, µM, mM, M, %, µg/L, mg/L, g/L,..
- Đơn vị đo lường: viết tách số một khoảng (space bar) (ví dụ: 5 L, 5 kg, 5 ppm,…);% viết liền (ví dụ: 5%)

6. Lưu ý

Dưới bài viết ghi rõ địa chỉ, số điện thoại, E-mail liên lạc.

Bài viết không đạt yêu cầu, không đúng thời hạn thì không được đăng và không trả lại bản thảo.

Tác giả phải chịu hoàn toàn trách nhiệm về thông tin cung cấp cũng như các quy định về bản quyền.

Nhóm tác giả được tặng 02 cuốn tạp chí có bài được đăng.

Mọi liên hệ góp ý, gửi bài theo địa chỉ ghi tại trang 1.

TẠP CHÍ

KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ NÔNG NGHIỆP VIỆT NAM

Journal of Vietnam Agricultural Science and Technology

NĂM THỨ MƯỜI SÁU
SỐ 02 NĂM 2021

TÒA SOẠN - TRỊ SỰ

Ban Thông tin và Đào tạo
Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam
Vĩnh Quỳnh, Thanh Trì, Hà Nội
ĐT: 024.36490504; 0949940399
Email: tapchivaas@gmail.com
Website: https://vaas.vn

ISSN: 1859 - 1558

Giấy phép xuất bản
Số: 351/GP - BTTTT
Bộ Thông tin và Truyền thông
cấp ngày 11 tháng 8 năm 2020

MỤC LỤC

TẠP CHÍ

KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ NÔNG NGHIỆP VIỆT NAM

Journal of Vietnam Agricultural Science and Technology

NĂM THỨ MƯỜI SÁU
SỐ 02 NĂM 2021

TÒA SOẠN - TRỊ SỰ

Ban Thông tin và Đào tạo
Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam
Vĩnh Quỳnh, Thanh Trì, Hà Nội
ĐT: 024.36490504; 0949940399
Email: tapchivaas@gmail.com
Website: https://vaas.vn

ISSN: 1859 - 1558

Giấy phép xuất bản
Số: 351/GP - BTTTT
Bộ Thông tin và Truyền thông
cấp ngày 11 tháng 8 năm 2020

Identification of molecular markers linked to mosaic disease-resistant genes in cassava varieties in Southern Vietnam

Nguyen Thi Kim Thoa, Huynh Nguyen Minh Nghia,
Nguyen Thi Thanh Thao, Duong Hoa Xo, Nguyen Xuan Dung

Abstract

Cassava mosaic disease (CMD) is currently causing serious damage on cassava in Vietnam. CMD resistant genes have been investigated and applied to develop CMD resistant cassava varieties over the world but have not yet been applied in Vietnam. This study aimed to identify the present of the molecular markers linked to CMD resistant gene (SSRY106, NS158, NS169, NS198 and RME-1) in cassava varieties in Southern Vietnam by using PCR. PCR reaction was established to each marker before applying for identification. The results showed that the PCR reaction was established for identifying the markers. Of the 72 tested samples of cassava varieties, there were 21 samples with six markers, 32 samples with five markers, 19 samples with four markers and one samples with three markers. The tested cassava samples differed from the control (with CMD resistance) in three markers (NS158, NS169 and RME-1) suggesting that those markers may play an important role in CMD resistance of cassava varieties in Vietnam.

Keywords: Cassava (*Manihot esculenta* Crantz), cassava mosaic disease, molecular marker, CMD resistant gene

Ngày nhận bài: 02/02/2021
Ngày phản biện: 15/02/2021
Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu
Ngày duyệt đăng: 26/02/2021

PHÂN TÍCH TÍNH BẢO THỦ TRONG CẤU TRÚC VÀ KHAI THÁC DỮ LIỆU BIỂU HIỆN CỦA HỌ GEN MÃ HÓA TIỂU PHẦN YA CỦA NHÂN TỐ PHIÊN MÃ NF-Y Ở CÂY RAU DỀN

Lê Thị Ngọc Quỳnh[1], Chu Đức Hà[2]

TÓM TẮT

NF-Y đóng vai trò là nhân tố phiên mã quan trọng trong quá trình sinh lý và phát triển của thực vật. Tuy nhiên, thông tin về tiểu phần YA cấu trúc nên NF-Y ở cây rau dền (*Amaranthus hypochondriacus*) vẫn chưa được làm sáng tỏ. Kết quả đã xác định tổng số 6 thành viên trong họ YA ở *A. hypochondriacus*. Phân tích cấu trúc cho thấy họ YA có kích thước dao động từ 230 đến 337 axít amin, tương ứng với trọng lượng từ 25,3 đến 36,7 kDa. Giá trị điểm đẳng điện của YA ở rau dền nằm trong khoảng từ axít yếu (5,96) đến bazơ (9,67), có ái lực trung bình với nước từ -0,679 đến -0,938 và cư trú trong nhân tế bào. Sơ đồ hình cây cho thấy hầu hết YA có sự tương đồng về cấu trúc vùng bảo thủ, với ba vùng chức năng riêng biệt. Đánh giá mức độ biểu hiện chỉ ra 5 gen *AHYPO_014525-RA*, *AHYPO_002745-RA*, *AHYPO_003114-RA*, *AHYPO_002483-RA* và *AHYPO_009600-RA* có biểu hiện mạnh ở cả hoa, hạt trưởng thành và chồi. Các kết quả nghiên cứu góp phần định hướng được ứng viên tiềm năng cho các gen NF-YA trong sinh trưởng và phát triển ở cây rau dền.

Từ khóa: Rau dền, họ gen mã hóa tiểu phần YA, nhân tố phiên mã NF-Y, biểu hiện gen

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Yếu tố nhân - Y (Nuclear factor - Y, NF-Y) là một nhóm nhân tố phiên mã quan trọng tham gia điều hòa nhiều quá trình sinh lý và giúp cho cây trồng đáp ứng với các điều kiện bất lợi phi sinh học. Nhóm NF-Y có cấu trúc gồm ba tiểu phần riêng biệt, YA, YB và YC, và được mã hóa bởi họ đa gen. Trong đó, các thành viên trong họ gen YA và YB đã được chứng minh đóng vai trò thiết yếu trong cơ chế đáp ứng bất lợi phi sinh học ở loài thực vật một và hai lá mầm (Zanetti *et al*., 2017).

Đến nay, nhóm NF-Y đã được xác định và chú giải trên các đối tượng thực vật khác nhau, như MeNF-Y trên sắn (*Manihot esculenta*) (Chu Đức Hà và *ctv*., 2017), CaNF-Y ở đậu gà (*Cicer arietinum*) (Chu *et al*., 2018), CsNF-Y trên trà (*Camellia sinensis*) (Wang *et al*., 2019) và PpNF-Y trên đào (*Prunus persica*) (Li *et al*., 2019). Tuy nhiên, nghiên cứu về họ NF-Y trên rau dền (*Amaranthus hypochondriacus*), một loại cây rau chứa nhiều hợp chất thứ cấp quan trọng, hàm lượng protein trong hạt cao (Sunil *et al*., 2014)

[1] Bộ môn Công nghệ Sinh học, Khoa Hóa và Môi trường, Đại học Thủy lợi
[2] Khoa Công nghệ Nông nghiệp, Đại học Công nghệ, Đại học Quốc Gia Hà Nội

chưa được ghi nhận đầy đủ (Lê Thị Ngọc Quỳnh và Chu Đức Hà, 2020).

Trong nghiên cứu này, họ gen mã hóa tiểu phần YA được mô tả và phân tích trên hệ gen tham chiếu của *A. hypochondriacus*. Các phân tích đặc điểm cấu trúc gen, xây dựng sơ đồ hình cây, dữ liệu protein và đánh giá biểu hiện gen trong các mô, cơ quan đã được thực hiện sử dụng công cụ tin sinh học.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Dữ liệu hệ gen, hệ protein và hệ phiên mã của giống rau dền AhG2s (Sunil *et al*., 2014) được khai thác trên Phytozome (Goodstein *et al*., 2012).

Trình tự protein của các tiểu phần YA trên trà (Wang *et al*., 2019), đậu gà (Chu *et al*., 2018) và sắn (Chu Đức Hà và *ctv*., 2017) thu thập trong các nghiên cứu trước đây được khai thác làm trình tự truy vấn.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp sàng lọc YA: Trình tự protein của tiểu phần YA đã biết ở các loài được truy vấn bằng thuật toán BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) trên hệ tham chiếu của *A. hypochondriacus* (Sunil *et al*., 2014). Các kết quả có độ tin cậy cao (E-value ≤ 1e-10) được lựa chọn và sàng lọc trên Pfam (El-Gebali *et al*., 2019). Trình tự nucleotide, bao gồm gDNA (genome DNA seq), CDS (coding DNA seq) và trình tự protein của tiểu phần YA lần lượt được thu thập cho các phân tích tin sinh tiếp theo.

- Phương pháp phân tích đặc tính lý hóa của YA: Trình tự protein của các NF-YA ở *A. hypochondriacus* lần lượt được truy vấn trên ExPaSY Protparam theo các bước được mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu *et al*., 2018) để khai thác dữ liệu về kích thước (axít amin, aa), trọng lượng (kilo Dalton, kDa), điểm đẳng điện (pI), độ ưa nước trung bình (GRAVY) và độ bất ổn định. Vị trí phân bố nội bào của tiểu phần YA được dự đoán bằng CELLO2GO (Yu *el al*., 2014).

- Phương pháp xây dựng sơ đồ hình cây của YA: Thuật toán Neighbor-Joining được sử dụng để xây dựng sơ đồ hình cây giữa các NF-YA ở *A. hypochondriacus* trên MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) (Kumar *et al*., 2016) theo mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu *et al*., 2018). Giá trị bootstrap giữa các nhánh trên sơ đồ hình cây là 1.000. Cấu trúc vùng tương đồng của YA được phân tích bằng MEME.

- Phương pháp khai thác dữ liệu biểu hiện gen mã hóa NF-YA: Dữ liệu biểu hiện của gen mã hóa NF-YA được khai thác từ hệ phiên mã ở các loại mẫu mô (rễ, thân, lá, hoa, chồi, hạt non và hạt trưởng thành) trong điều kiện thường (Sunil *et al*., 2014) trên Phytozome (Goodstein *et al*., 2012). Số liệu biểu hiện gen, đơn vị là FPKM (Fragments per kilobase million), được chuẩn hóa về $\log_2$ để có dạng phân phối chuẩn, từ đó biểu diễn qua biểu đồ nhiệt (heatmap) bằng ngôn ngữ R.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện từ tháng 01 đến tháng 12/2020 tại Bộ môn Công nghệ Sinh học, Khoa Hóa và Môi trường, Đại học Thủy lợi.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Xác định và phân tích đặc tính cấu trúc của tiểu phần YA ở cây rau dền

Để tìm kiếm các thành viên trong họ YA ở rau dền, trình tự peptide của các phân tử YA đã ghi nhận ở trà (Wang *et al*., 2019), đậu gà (Chu *et al*., 2018) và sắn (Chu Đức Hà và *ctv*., 2017) được truy vấn trên hệ tham chiếu của *A. hypochondriacus* (Sunil *et al*., 2014). Kết quả đã xác định được tổng số 6 ứng viên YA trong hệ protein của *A. hypochondriacus* (Bảng 1). Như vậy, tiểu phần YA ở rau dền cũng là họ đa gen, tương tự như ở các loài thực vật khác, với số lượng tương đối đa dạng [8 (Chu *et al*., 2018), 10 (Wang *et al*., 2019) và 11 thành viên (Chu Đức Hà và *ctv*., 2017)].

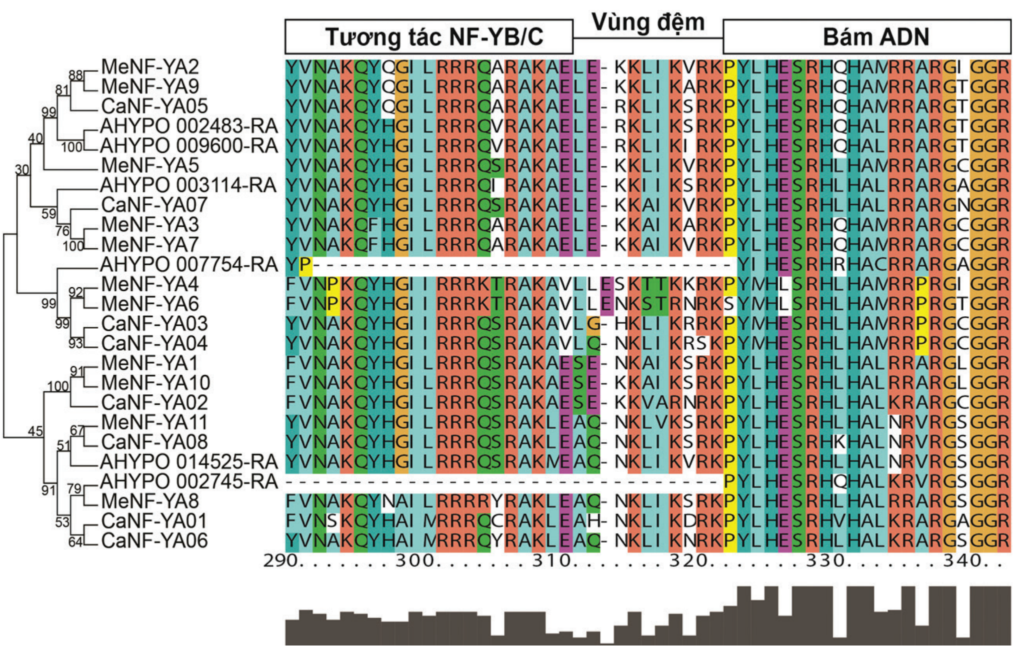
Bảng 1. Thông tin về tiểu phần YA ở cây rau dền

TT	Mã định danh	Kích thước	Trọng lượng	pI	GRAVY	Độ bất ổn định	Vị trí cư trú nội bào
1	AHYPO_002483-RA	303	33,05	6,71	-0,938	50,00	Nhân
2	AHYPO_002745-RA	230	25,30	5,96	-0,753	43,74	Nhân
3	AHYPO_003114-RA	337	36,71	9,67	-0,814	56,53	Nhân
4	AHYPO_007754-RA	273	30,41	6,83	-0,723	53,96	Nhân
5	AHYPO_009600-RA	294	31,79	6,34	-0,839	52,62	Nhân
6	AHYPO_014525-RA	294	32,29	8,66	-0,679	61,73	Nhân

Bên cạnh đó, nghiên cứu này đã tập trung phân tích một số đặc tính hóa lý cơ bản của tiểu phần YA ở rau dền. Kết quả cho thấy kích thước của tiểu phần YA dao động từ 230 (AHYPO_002745-RA) đến 337 aa (AHYPO_003114-RA), tương ứng với trọng lượng phân tử có giá trị từ 25,30 đến 36,71 kDa (Bảng 1). Giá trị pI của tiểu phần YA dao động từ khoảng axít yếu (5,96) đến bazơ (9,67) (Bảng 1). Bên cạnh đó, tiểu phần YA có ái lực với nước ở mức trung bình, do chỉ số GRAVY đều đạt giá trị âm, trong khi độ bất ổn định dao động từ 43,74 đến 61,73. Trong nghiên cứu trước đây, các phân tử CaNF-YA cũng được báo cáo có kích thước từ 206 (22,76 kDa) đến 339 aa (37,64 kDa), pI đạt 6,22 ÷ 9,86, độ bất ổn định cao (lớn hơn 43) và chỉ số GRAVY đạt giá trị âm (Chu *et al*., 2018). Ngoài ra, phân tích sự có mặt của các trình tự peptide tín hiệu đặc trưng bằng CELLO2GO (Yu *el al*., 2014) đã cho thấy tất cả tiểu phần YA đều phân bố trong nhân tế bào (Bảng 1), tương tự như ghi nhận trong nghiên cứu trước đây về YA ở *C. sinensis* (Wang *et al*., 2019) và các loài thực vật khác (Zanetti *et al*., 2017).

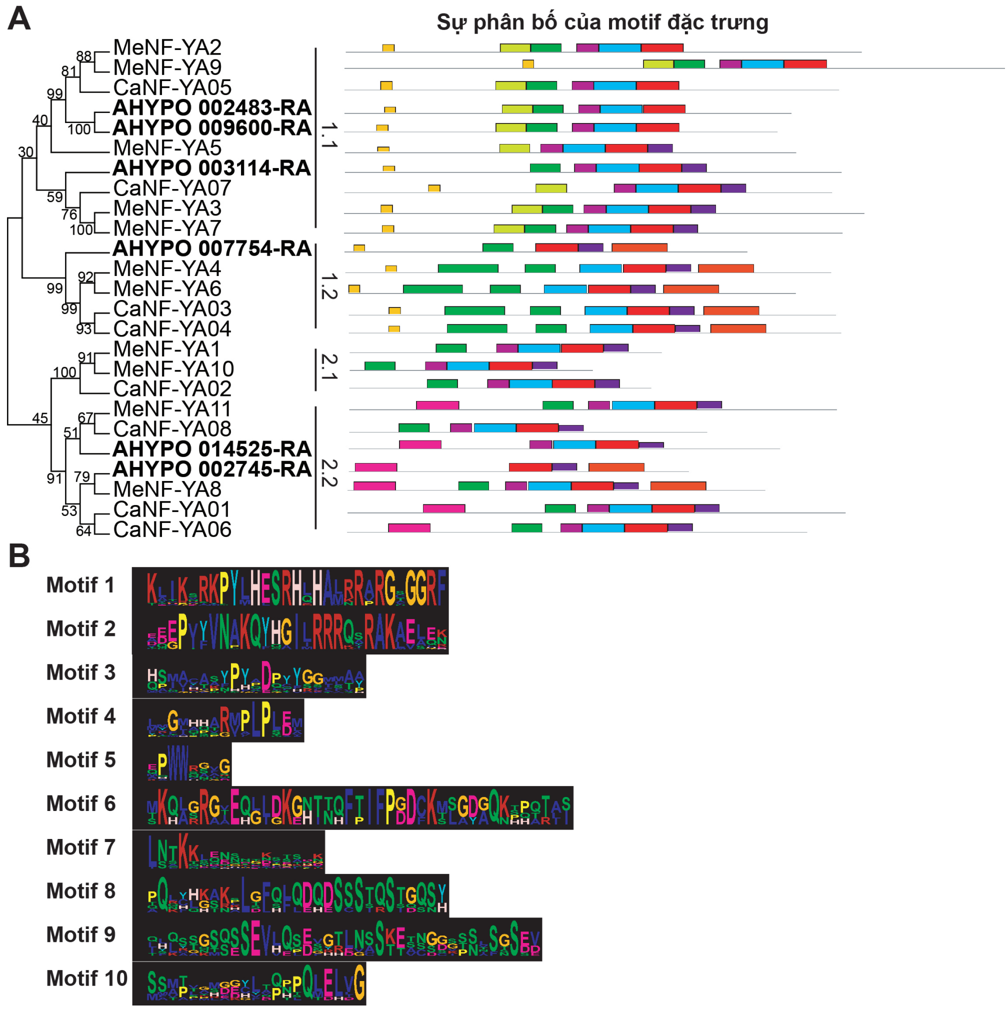
3.2. Xây dựng sơ đồ hình cây và phân tích motif của tiểu phần YA ở cây rau dền

Để nghiên cứu về cấu trúc bảo thủ của tiểu phần YA ở rau dền cũng như các loài thực vật khác, sơ đồ hình cây đã được xây dựng dựa trên trình tự peptide đầy đủ của YA ở rau dền, đậu gà (Chu *et al*., 2018) và sắn (Chu Đức Hà và *ctv*., 2017). Sơ đồ hình cây thiết lập bằng thuật toán Neighbor-Joining đã chỉ ra rằng tiểu phần YA chia làm hai nhánh, gồm bốn phân nhóm phụ (lớp 1.1, 1.2, 2.1 và 2.2) (Hình 2), tương tự như ghi nhận ở các loài thực vật khác (Zanetti *et al*., 2017) (Hình 1). Phân tích vùng bảo thủ cho thấy hầu hết tiểu phần YA ở rau dền đều gồm ba phân vùng đặc trưng, bao gồm domain tương tác NF-YB/C, vùng đệm và domain bám ADN. Hai thành viên, AHYPO_007754-RA và AHYPO_002745-RA được ghi nhận là không chứa domain tương tác NF-YB/C và vùng đệm (Hình 1). Có thể thấy rằng, tiểu phần YA ở thực vật tương đối bảo thủ với ba domain nhằm thực hiện chức năng tương tác với hai tiểu phần NF-YB/C và bám trên chuỗi ADN.



Hình 1. Sơ đồ hình cây và cấu trúc vùng bảo thủ của NF-YA ở rau dền

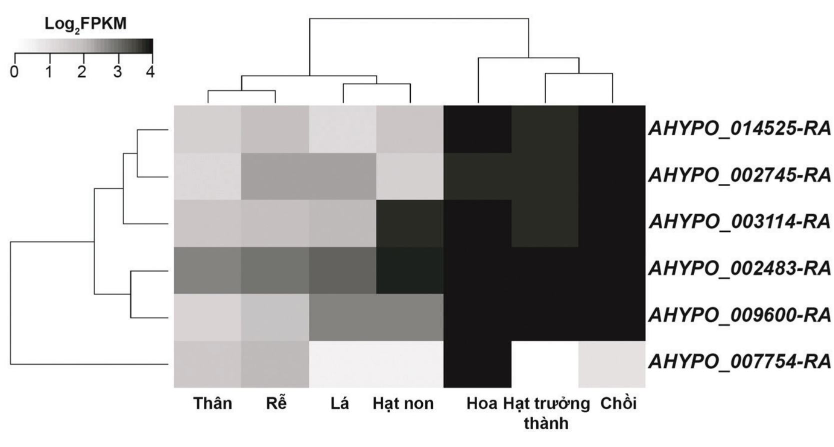
Tiếp theo, để tìm hiểu về mức độ đặc trưng của tiểu phần YA, sự phân bố của các motif trên trình tự peptide đã được khai thác bằng công cụ MEME. Kết quả cho thấy có các motif phân bố một cách khác biệt giữa các nhánh trên sơ đồ hình cây. Cụ thể, tiểu phần YA ở nhánh 1 đều có sự phân bố của motif 5 (Hình 2). Hầu hết tất cả các tiểu phần YA ở ba loài nghiên cứu đều chứa motif 2, ngoại trừ AHYPO_007754-RA ở cây rau dền (Hình 2). Motif 1 xuất hiện ở tất cả các trình tự protein (Hình 2), chứng tỏ đây là cấu trúc đặc trưng nhất và giữ vai trò thống nhất cho tiểu phần YA ở thực vật nói chung (Zanetti *et al*., 2017).



Hình 2. Sự phân bố của motif đặc trưng trên tiểu phần YA ở cây rau dền, đậu gà và sắn
A. Mức độ tương đồng về sắp xếp motif của tiểu phần YA dựa trên sơ đồ hình cây.
B. Trình tự axít amin của các motif

3.3. Đánh giá mức độ biểu hiện của họ gen mã hóa tiểu phần YA ở cây rau dền

Để dự đoán vai trò của các gen mã hóa NF-YA, mức độ phiên mã của các gen này đã được khai thác phân tích dữ liệu biểu hiện ở các mô, cơ quan trong điều kiện thường (Sunil *et al*., 2014). Số liệu được thể hiện qua biểu đồ nhiệt ở Hình 3.



Hình 3. Mức độ biểu hiện của họ gen mã hóa tiểu phần YA trong các mô cây rau dền ở điều kiện thường

Trong điều kiện thường, các gen mã hóa cho tiểu phần YA có xu hướng biểu hiện yếu ở mẫu mô thu được từ thân, rễ và lá (Hình 3). Ở hạt non, 2 gen *AHYPO_014525-RA* và *AHYPO_002483-RA* giữ mức độ biểu hiện chính cho cây. Đáng chú ý, ngoại trừ *AHYPO_07754-RA* có mức độ biểu hiện mạnh ở hoa, các gen khác đều cho mức độ phiên mã tăng cao ở cả hoa, hạt trưởng thành và chồi. Gen *AHYPO_002483-RA* có xu hướng biểu hiện mạnh hơn tất cả các gen mã hóa cho tiểu phần YA khác tại các cơ quan chính trên cây rau dền (Hình 3). Nghiên cứu trước đây cũng chỉ ra rằng các gen mã hóa NF-YA có mức độ biểu hiện khác nhau và đặc trưng ở ít nhất một mô, cơ quan trong điều kiện bình thường (Li *et al*., 2019). Các kết quả này có thể là dẫn liệu quan trọng định hướng cho nghiên cứu chức năng gen mã hóa tiểu phần YA tại các cơ quan chính, đặc biệt là ở hoa của cây rau dền.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Đã xác định được 6 thành viên của tiểu phần YA của họ nhân tố phiên mã NF-Y ở cây rau dền. Các protein này có kích thước và trọng lượng phân tử đa dạng, giá trị điểm đẳng điện dao động trong khoảng axít nhẹ - bazơ và có tính ưa nước.

Tiểu phần YA được xếp thành hai nhánh chính, với các motif đặc trưng cho từng nhánh. Các YA ở rau dền được đặc trưng bởi ba phân vùng bảo thủ liên quan đến khả năng bám ADN, tương tác với tiểu phần NF-YB/C và vùng đệm.

Các gen mã hóa tiểu phần YA có mức độ biểu hiện khác biệt nhau tại các mẫu mô trong điều kiện thường. Trong đó, gen *AHYPO_002483-RA* có biểu hiện ở tất cả các mô, cơ quan đều mạnh hơn các gen khác.

4.2. Đề nghị

Nghiên cứu này sẽ được tiếp tục nhằm tìm hiểu về cơ chế nhân rộng của họ gen mã hóa tiểu phần YA ở cây rau dền nhằm đưa ra giả thuyết về vai trò của những gen lặp liên quan đến tính chống chịu điều kiện bất lợi.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Chu Đức Hà, Đỗ Thị Thúy Tâm, Lê Xuân Đắc, Phạm Thị Lý Thu, 2017. Genome-wide idnetification and annotation of the Nuclear factor YA gene family in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). *Vietnam J Sci Technol,* 59(3): 39-43.

Lê Thị Ngọc Quỳnh, Chu Đức Hà, 2020. Nghiên cứu cấu trúc và đánh giá *in silico* biểu hiện của họ gen mã hóa tiểu phần nuclear factor-YB ở cây rau dền. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam,* 2(111): 31-35.

Chu, H.D., Nguyen, K.H., Watanabe, Y., Le, D.T., Pham, L.T., Mochida, K., Tran, L.P., 2018. Identification, structural characterization and gene expression analysis of members of the Nuclear factor-Y family in chickpea (*Cicer arietinum* L.) under dehydration and abscisic acid treatments. *Int J Mol Sci,* 19(11): 3290.

El-Gebali, S., Mistry, J., Bateman, A., Eddy, S.R., Luciani, A., Potter, S.C., Qureshi, M., Richardson, L., Salazar, G., Smart, A., Sonnhammer, E.L., Hirsh, L., Paladin, L., Piovesan, D., Tosatto, S.C., Finn, R.D., 2019. The Pfam protein families database in 2019. *Nucleic Acids Res*, 47(D1): D427-D432.

Goodstein, D.M., Shu, S., Howson, R., Neupane, R., Hayes, R.D., Fazo, J., Mitros, T., Dirks, W., Hellsten, U., Putnam, N., Rokhsar, D.S., 2012. Phytozome: A comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Res*, 40(D1): D1178-D1186.

Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K., 2016. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol Biol Evol*, 33(7): 1870-1874.

Li, M., Li, G., Liu, W., Dong, X., Zhang, A., 2019. Genome-wide analysis of the NF-Y gene family in peach (*Prunus persica* L.). *BMC Genomics,* 20(1): 1-15.

Sunil, M., Hariharan, A.K., Nayak, S., Gupta, S., Nambisan, S.R., Gupta, R.P., Panda, B., Choudhary, B., Srinivasan, S., 2014. The draft genome and transcriptome of *Amaranthus hypochondriacus*: A C_4 dicot producing high-lysine edible pseudo-cereal. *DNA Res*, 21(6): 585-602.

Wang, P., Zheng, Y., Guo, Y., Sun, Y., Yang, J., Ye, N., 2019. Identification, expression, and putative target gene analysis of nuclear factor-Y (NF-Y) transcription factors in tea plant (*Camellia sinensis*). *Planta*, 250(5): 1671-1686.

Yu, C.S., Cheng, C.W., Su, W.C., Chang, K.C., Huang, S.W., Hwang, J.K., Lu, C.H., 2014. CELLO2GO: A web server for protein subCELlular LOcalization prediction with functional gene ontology annotation. *PLoS ONE*, 9(6): e99368.

Zanetti, M.E., Rípodas, C., Niebel, A., 2017. Plant NF-Y transcription factors: Key players in plant-microbe interactions, root development and adaptation to stress. *Biochim Biophys Acta Gene Regul Mech*, 1860(5): 645-654.

Characterization of the conserved structure and expression analysis of the genes encoding YA subunits of the transcription factor Nuclear factor - Y in amaranth

Le Thi Ngoc Quynh, Chu Duc Ha

Abstract

Nuclear factor - Y (NF-Y) acts as an important growth regulator in the physiological process and development of plants. However, Nuclear factor-YA (NF-YA) subunit in amaranth (*Amaranthus hypochondriacus*) has not been clarified. The results determined a total of six members in the YA subunits in *A. hypochondriacus*. Structural analysis showed that the YA family has the size from 230 to 337 amino acids, corresponding to a molecular weight between 25.3 and 36.7 kDa. The isoelectric point of NF-YA in amaranth ranges from weakly acidic (5.96) to basic (9.67) value and has an average affinity for water from -0.679 to -0.938, and is mostly localized in the nucleus. The phylogenetic tree showed that YA subunit has a similar structure of conserved regions, with 3 distinct functional domains. Gene expression profile analysis showed that five genes *AHYPO_014525-RA*, *AHYPO_002745-RA*, *AHYPO_003114-RA*, *AHYPO_002483-RA* and *AHYPO_009600-RA* are strongly expressed in flowers, mature seeds and shoots. These results uncover potential candidates for the NF-YA genes in the growth and development of amaranth.

Keywords: Amaranth, gene encoding YA subunit, nuclear factor-YA, gene expression

Ngày nhận bài: 03/02/2021
Ngày phản biện: TS. Phạm Thị Lý Thu
Người phản biện: 15/02/2021
Ngày duyệt đăng: 26/02/2021

ẢNH HƯỞNG CỦA PHÂN CHUỒNG, VÔI VÀ PHÂN VÔ CƠ ĐẾN MỘT SỐ TÍNH CHẤT ĐẤT VƯỜN TRỒNG MÍT TẠI TỈNH VĨNH LONG

Võ Thanh Phong[1], Nguyễn Xuân Dũ[2],
Nguyễn Thế Vững[1], Lâm Thị Trúc Linh[1]

TÓM TẮT

Ảnh hưởng của phân bón đến các tính chất đất rất quan trọng trong canh tác nông nghiệp bền vững. Nghiên cứu nhằm đánh giá ảnh hưởng phân hữu cơ ủ, phân hữu cơ vi sinh, vôi, phân trung lượng và tương tác giữa chúng đến các tính chất đất. Thí nghiệm trên đất vườn trồng mít siêu sớm tại xã Phú Thịnh, huyện Tam Bình, tỉnh Vĩnh Long. Kết quả chỉ ra rằng: Dung trọng (1,15 - 1,27 g/cm^3) cho thấy đất vườn thí nghiệm bị nén dẽ. Bón vôi làm gia tăng pH (5,66) so với không bón vôi (4,67). Trong khi đó, bón phân bò ủ, hàm lượng chất hữu cơ trong đất đạt 5,71%, cao hơn có ý nghĩa so với không bón hữu cơ (4,40%). Bón vôi hay bón vôi kết hợp với phân bò ủ góp phần tăng lượng amôni trong đất (tương ứng với 7,08 mg/kg và 8,01 mg/kg). Bên cạnh đó, phân trung lượng và phân hữu cơ vi sinh có hàm lượng NH_4^+ trong đất (8,04 mg/kg và 8,24 mg/kg, theo thứ tự) cao hơn so với chỉ bón phân vô cơ. Hàm lượng canxi trao đổi trong đất trung bình của các nghiệm thức có bón vôi (18,5 meq/100 g) và bón phân trung lượng (17,7 meq/100 g) khác biệt có ý nghĩa so với không bón canxi (11,9 meq/100 g). Bón vôi kết hợp với phân hữu cơ có hiệu quả làm gia tăng pH, hàm lượng chất hữu cơ, lượng đạm hữu dụng và canxi trao đổi trong đất góp phần cải thiện chất lượng đất.

Từ khoá: Vườn mít, phân hữu cơ ủ, vôi, phân vô cơ, tính chất đất

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Việc bón quá mức phân hóa học, thuốc bảo vệ thực vật trên đất trồng cây ăn quả tuy góp phần tăng năng suất nhưng đã suy giảm độ phì nhiêu, giảm hàm lượng chất hữu cơ trong đất, phát sinh nhiều dịch hại và gây ô nhiễm môi trường. Thiếu chất hữu cơ và mất cân bằng dinh dưỡng trong đất dẫn đến chất lượng đất bị suy giảm, đất bị thoái hóa làm giảm năng suất, chất lượng nông phẩm (Hội Khoa học Đất Việt Nam, 2018). Quan trọng hơn, khi đất liếp bị suy thoái cũng là điều kiện thuận lợi cho nấm bệnh trong đất phát triển. Bệnh thối rễ, chảy mủ thân trên cây ăn quả trong đó có cây mít ngày càng trở nên nghiêm trọng.

[1] Trường Cao đẳng Vĩnh Long; [2] Trường Đại học Sài Gòn