NGHIÊN CỨU CƠ CHẾ TIẾN HÓA CỦA HỌ GENE MÃ HÓA TIỂU PHẦN NUCLEAR FACTOR-YA Ở CAM NGỌT (*Citrus sinensis*)

Chu Đức Hà[1], La Việt Hồng[2], Nguyễn Ngọc Huyền[1,2]

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, cơ chế tiến hóa và nhân rộng của họ gen mã hóa tiểu phần yếu tố nhân-YA (NF-YA) đã được phân tích trên hệ gen cam ngọt (*Citrus sinensis*). Trong số 6 gen *CsNF-YA*, 1 cặp gen lặp, *CsNF-YA3* và *CsNF-YA6* đã được xác định với mức tương đồng ở cấp độ nucleotit đạt 57,6%. Sự kiện gen lặp này xuất phát từ 2 nhiễm sắc thể chứng tỏ hiện tượng lặp gen trên các nhiễm sắc thể khác nhau có thể là nguyên nhân chính để giải thích cho sự nhân rộng của họ gen *CsNF-YA* ở cam ngọt. Tính toán giá trị Ka/Ks cho thấy chọn lọc tự nhiên đã kìm hãm đột biến điểm xảy ra trên cặp gen lặp nhằm giữ nguyên vẹn cấu trúc gen trong suốt 54,75 triệu năm trước. Phân tích cấu trúc protein đã xác định được 1 đoạn tương đồng chung nằm trong vùng chức năng của họ NF-YA ở thực vật, trong khi 4 đoạn tương đồng còn lại được dự đoán có thể đặc trưng cho họ NF-YA ở cam ngọt.

Từ khóa: Cam ngọt, *Citrus sinensis*, tiến hóa, Nuclear factor-YA, tin sinh học

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Yếu tố nhân Y (Nuclear factor Y, NF-Y) được biết đến là một nhóm nhân tố phiên mã phổ biến ở hầu hết sinh vật nhân chuẩn. Cấu trúc từ 3 tiểu phần riêng biệt, NF-YA, NF-YB và NF-YC, nhân tố NF-Y đã được chứng minh có thể tham gia vào rất nhiều quá trình sinh học trong tế bào, đặc biệt là liên quan đến cơ chế đáp ứng với điều kiện ngoại cảnh bất lợi ở thực vật (Laloum *et al.*, 2013). Vì vậy, nhân tố NF-Y và 3 tiểu phần của NF-Y được quan tâm và nghiên cứu trên các đối tượng cây trồng khác nhau, nhằm làm sáng tỏ về cơ chế chống chịu điều kiện bất lợi ở thực vật (Laloum *et al.*, 2013).

Trong nghiên cứu trước đây, 6 gen mã hóa cho tiểu phần NF-YA đã được xác định ở hệ gen của cam ngọt 'Valencia' (*Citrus sinensis*) (Chu Đức Hà và *ctv.,* 2016). Phân tích cấu trúc gen và đặc tính protein cho thấy NF-YA ở cam ngọt rất bảo thủ trong quá trình tiến hóa. Điều này đặt ra câu hỏi về cơ chế hình thành họ đa gen *CsNF-YA* diễn ra như thế nào? So sánh với các đối tượng cây trồng khác, họ gen *NF-YA* đã được lặp ở cam ngọt ra sao? Hơn nữa, quá trình tiến hóa đã thúc đẩy sự nhân rộng của các gen mã hóa tiểu phần NF-YA ở cam ngọt ra sao? Để giải đáp cho những nghi vấn trên, trong nghiên cứu này, trình tự gen của họ *CsNF-YA* đã được thu thập để phân tích sự kiện lặp gen. Sau đó, một số công cụ tin sinh học được sử dụng để dự đoán cơ chế tiến hóa của họ gen mã hóa tiểu phần NF-YA ở cam ngọt. Cuối cùng, trình tự axit amin của họ NF-YA được sử dụng để phân tích miền tương đồng. Kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những hiểu biết cơ bản về cơ chế tiến hóa của họ gen *NF-YA* ở cam ngọt, từ đó có thể gợi ý về vai trò của NF-YA liên quan đến tính chống chịu trên đối tượng cây ăn quả này.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Hệ gen và hệ protein của cam ngọt, loài mô hình 'Valencia' (Xu *et al.*, 2013) được mô tả trên công cụ Phytozome (Goodstein *et al.*, 2012).

Trình tự gen (nucleotit) và protein (axit amin) của 6 thành viên trong họ NF-YA ở cam ngọt (định dạng .fasta) được thu thập từ nghiên cứu trước đây (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2016).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp xác định gen lặp: Trình tự của 6 gen *CsNF-YA* (định dạng .fasta) được sử dụng để căn trình tự bằng công cụ ClustalX. Cặp gen lặp được xác định khi độ tương đồng (ở cấp độ nucleotit) giữa chúng lớn hơn 50% (Malviya *et al.*, 2016).

- Phương pháp xác định trị số thay thế đồng nghĩa (Ks) và trái nghĩa (Ka): Giá trị Ka và Ks được xác định bằng cách đưa trình tự nucleotit của cặp gen lặp truy vấn vào công cụ DNAsp (Librado and Rozas, 2009).

- Phương pháp xác định thời điểm lặp gen: Thời điểm xảy ra hiện tượng lặp gen trong quá trình tiến hóa được xác định theo công thức: $T = Ks/2\lambda$ (Malviya *et al.*, 2016). *Trong đó, T là thời gian xảy ra hiện tượng lặp gen (triệu năm), Ks là trị số thay thế đồng nghĩa, λ là giá trị ước lệ tỷ lệ tiến hóa của đột biến đồng nghĩa* (Galtier *et al.*, 1996).

- Phương pháp xác định đoạn tương đồng: Trình tự axit amin của các tiểu phần CsNF-YA (định dạng .fasta) được truy vấn trên công cụ MEME với các

[1] Viện Di truyền Nông nghiệp - Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam
[2] Đại học Sư phạm Hà Nội 2

thông số mặc định (Bailey *et al.*, 2009). Kết quả được mô hình hóa trên phần mềm Adobe Illustrator.

2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

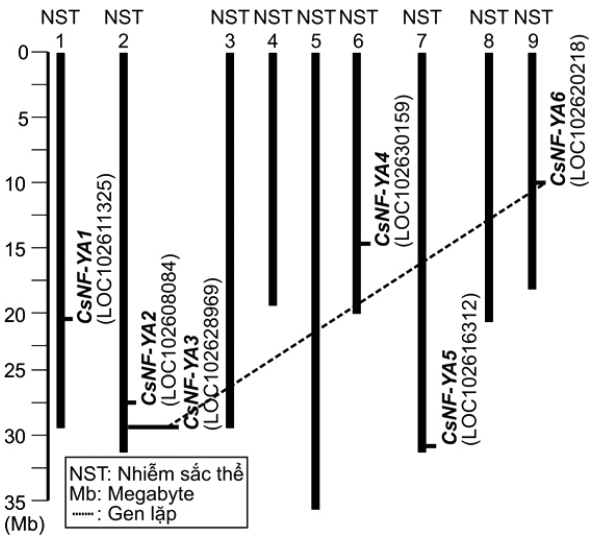
- Thời gian nghiên cứu: Từ tháng 1 đến tháng 9/2017.

- Địa điểm nghiên cứu: Bộ môn Sinh học phân tử - Viện Di truyền nông nghiệp.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tìm hiểu sự kiện lặp gen của họ *CsNF-YA* ở cam ngọt

Trình tự nucleotit của 6 gen mã hóa tiểu phần NF-YA ở cam ngọt được thu thập từ nghiên cứu trước đây (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2016). Căn trình tự bằng công cụ ClustalX cho thấy, *CsNF-YA3* (LOC102628969) nằm trên nhiễm sắc thể số 2 đã được xác định lặp với *CsNF-YA6* (LOC102620218) trên nhiễm sắc thể số 9 với mức độ tương đồng ở cấp độ nucleotit đạt 57,6% (Hình 1). Trước đó, phân tích đặc tính gen cũng cho thấy, *CsNF-YA3* và *CsNF-YA6* đều chia sẻ cấu trúc dạng phân mảnh với 5 exon và 4 intron xen kẽ nhau (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2016). Thêm vào đó, phân tích cây phân loại cũng cho thấy CsNF-YA3 và CsNF-YA6 cùng nằm trên 1 nhánh (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2016), điều này cũng khẳng định kết quả dự đoán hiện tượng lặp của cặp gen *CsNF-YA3* và *CsNF-YA6* (Hình 1).



Hình 1. Hiện tượng lặp gen xảy ra ở họ gen mã hóa tiểu phần NF-YA ở cam ngọt

Hiện tượng lặp gen ở họ *CsNF-YA* xảy ra trên 2 nhiễm sắc thể khác nhau, cho thấy đây có thể là kết quả của quá trình lặp phân đoạn trên các nhiễm sắc thể không tương đồng (segmental duplication) được hình thành do sự tái cấu trúc của bộ nhiễm sắc thể trong quá trình tiến hóa. Điều này đã đặt ra giả thuyết, liệu rằng hiện tượng lặp trên các nhiễm sắc thể khác nhau có phải là cơ chế chính liên quan đến sự nhân rộng của họ gen *NF-YA* ở cam ngọt, hay có lẽ ở thực vật hay không? Xem xét trên một số đối tượng cây trồng khác, 2 cặp gen *SbNF-YA* lặp trên các nhiễm sắc thể khác nhau đã được dự đoán ở lúa miến (*Sorghum bicolor*) (Malviya *et al.*, 2016). Gần đây, Yang và cộng tác viên (2017) đã xác định được 4 sự kiện lặp trên các nhiễm sắc thể khác nhau ở họ *OsNF-YA* trên lúa (*Oryza sativa*). Những kết quả này đã làm sáng tỏ rõ ràng cho giả thuyết trên, rằng họ gen *NF-YA* ở cam ngọt, cũng như ở thực vật có thể đã được nhân rộng trong hệ gen nhờ hiện tượng lặp gen trên các nhiễm sắc thể khác nhau. Để tìm hiểu rõ hơn, tác động của chọn lọc tự nhiên đến cơ chế nhân rộng của họ gen *CsNF-YA* đã tiếp tục được phân tích.

3.2. Kết quả dự đoán cơ chế nhân rộng của họ gen mã hóa NF-YA ở cam ngọt

Để tìm hiểu động cơ nhân rộng họ gen mã hóa NF-YA ở cam ngọt, trị số Ka và Ks đã được lựa chọn để đánh giá vai trò của quá trình chọn lọc tự nhiên đến sự kiện lặp gen. Trong nghiên cứu này, giá trị Ka/Ks của cặp gen lặp *CsNF-YA3*/*CsNF-YA6* đạt 0,7049, nhỏ hơn 1 (Bảng 1). Điều này chứng tỏ rằng số lượng đột biến điểm gây sai nghĩa, Ka (thay thế bộ ba mã hóa axit amin này thành axit amin khác) ít hơn số lượng đột biến điểm đồng nghĩa, Ks, (thay thế bộ ba mã hóa nhưng không thay đổi axit amin). Kết quả này cho thấy, chọn lọc tự nhiên đã kìm hãm hiện tượng đột biến điểm xảy ra trên cặp gen lặp, vốn làm thay đổi trình tự nucleotit của chúng để tạo ra những sai khác có ý nghĩa trong tiến hóa. Lý luận này rất có cơ sở, bởi lẽ, phân tích đặc tính của họ NF-YA ở cam ngọt gần đây đã cho thấy phân tử CsNF-YA3 và CsNF-YA6 có cấu trúc vùng bảo thủ rất đặc trưng và ít có sự sai khác điểm (Hà và *ctv.*, 2016). Hơn nữa, gen *CsNF-YA3* được cho là biểu hiện mạnh ở tất cả các cơ quan chính, trong khi *CsNF-YA6* được xác định có biểu hiện đặc thù ở callus (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2016). Những dẫn liệu này đã đưa ra kết luận rằng, chọn lọc tự nhiên đã bảo tồn sự nguyên vẹn của cặp gen lặp *CsNF-YA3* và *CsNF-YA6*, bởi lẽ 2 gen này có thể đóng vai trò rất quan trọng liên quan đến sinh trưởng, phát triển cũng như đáp ứng với điều kiện ngoại cảnh bất lợi của cây cam ngọt trong quá trình tiến hóa.

Bảng 1. Phân tích trị số Ka, Ks và thời điểm xảy ra hiện tượng lặp gen của họ *CsNF-YA* ở cam ngọt

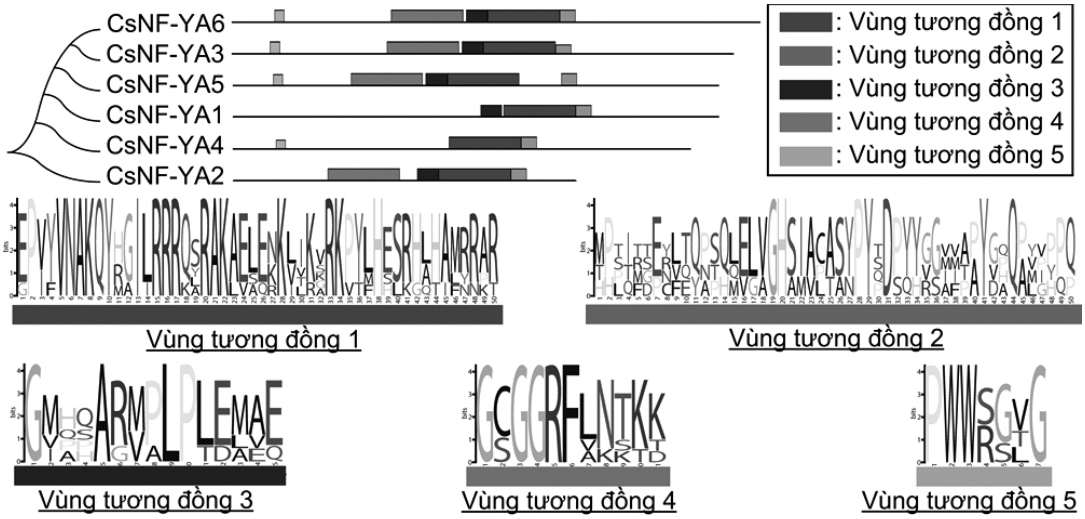
Cặp gen lặp	Ka	Ks	Ka/Ks	Thời điểm
CsNF-YA3/CsNF-YA6 (LOC102628969/ LOC102620218)	0,5017	0,7116	0,7049	54,75

Ghi chú: Giá trị Ka và Ks được thu thập từ công cụ DNAsp (Librado and Rozas, 2009). Thời điểm xảy ra hiện tượng lặp gen (triệu năm trước) được tính bằng công thức: T = Ks/2λ.

Một thông số khác cũng được quan tâm trong nghiên cứu này là thời điểm xảy ra hiện tượng lặp gen trong quá trình tiến hóa. Kết quả phân tích ở bảng 1 cho thấy, sự kiện lặp gen *CsNF-YA3* và *CsNF-YA6* được ước tính tương đối xảy ra cách đây khoảng 54,75 triệu năm. Một điểm cần chú ý là, *C. sinensis* đã tiến hóa và tách ra khỏi bộ Bông (Malvales) cách đây khoảng 85 triệu năm (Xu *et al.*, 2013). Những phân tích này cho thấy, 2 gen này vẫn giữ được chức năng của chúng sau khi lặp, tương tự như ghi nhận trước đây trên *SbNF-YA* ở *S. bicolor* (Malviya *et al.*, 2016).

3.3. Kết quả phân tích đoạn tương đồng giữa các tiểu phần NF-YA ở cam ngọt

Để phân tích đoạn tương đồng giữa các tiểu phần NF-YA ở cam ngọt, sự sắp xếp của trình tự bảo thủ được phân tích bằng công cụ MEME (Bailey *et al.*, 2009). Kết quả minh họa ở hình 2 cho thấy, vùng tương đồng 1 đều xuất hiện ở tất cả các thành viên của họ NF-YA ở cam ngọt. Hai thành viên, CsNF-YA6 và CsNF-YA3, xuất phát từ cặp gen lặp, được ghi nhận có sự bảo thù trong trật tự sắp xếp và phân bố của 5 đoạn tương đồng. Trong khi đó, 4 thành viên còn lại đều có sự thay đổi không đáng kể về số lượng và vị trí của các vùng tương đồng này (Hình 2). Điều dễ nhận thấy là ít có sự sai khác giữa các vùng tương đồng trên chuỗi polypeptit, chứng tỏ họ gen *CsNF-YA* đã bị kìm hãm sự sai khác sau khi lặp để bảo tồn đặc tính và chức năng của các gen này.



Hình 2. Phân tích vùng tương đồng giữa các tiểu phần NF-YA ở cam ngọt

Trước đó, Chu Đức Hà và cộng tác viên (2016) đã chỉ ra rằng, cấu trúc của các tiểu phần NF-YA ở cam ngọt rất đặc trưng bởi vùng tương tác với phức hợp NF-YB/NF-YC và vùng bám ADN. Cấu trúc bảo thủ này cũng đã lần lượt được ghi nhận trước đó ở họ NF-YA ở *S. bicolor* (Malviya *et al.*, 2016), *O. sativa* (Yang *et al.*, 2017). Trong nghiên cứu này, chỉ có đoạn tương đồng 1, phân bố ở tất cả các thành viên của họ NF-YA ở cam ngọt nằm trong 2 vùng bảo thủ trên (Hình 2). Các đoạn bảo thủ còn lại được dự đoán có thể là vị trí đặc trưng cho họ NF-YA ở cam ngọt. Tóm lại, kết quả của nghiên cứu này được xem là những dẫn liệu rất quan trọng về quá trình tiến hóa và cơ chế hình thành họ đa gen *CsNF-YA* ở cam ngọt.

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Đã xác định được 1 cặp gen lặp, *CsNF-YA3* và *CsNF-YA6* trong họ gen mã hóa tiểu phần NF-YA ở cam ngọt. Hiện tượng lặp gen trên các nhiễm sắc thể khác nhau có thể giải thích được cho cơ chế nhân rộng của họ gen *CsNF-YA* ở cam ngọt.

Giá trị Ka/Ks của cặp gen lặp ở họ *CsNF-YA* nhỏ hơn 1 chứng tỏ chọn lọc tự nhiên đã bảo tồn cấu trúc của 2 gen lặp. Thời điểm xảy ra sự kiện lặp gen được ước tính khoảng 54,75 triệu năm trước cho thấy chúng đã được duy trì chức năng quan trọng trong suốt quá trình tiến hóa.

Đã xác định được 1 đoạn tương đồng chung nằm trong vùng chức năng của họ NF-YA ở thực vật. Bốn đoạn tương đồng còn lại được dự đoán có thể là vùng trình tự đặc trưng cho họ NF-YA ở cam ngọt.

4.2. Đề nghị

Cần tiếp tục nghiên cứu chức năng gen để tìm hiểu mối liên hệ giữa cơ chế tiến hóa và vai trò của *CsNF-YA* liên quan đến tính chống chịu điều kiện ngoại cảnh bất lợi.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Chu Duc Ha, Le Quoc Oai, Nguyen Van Giang, Pham Thi Ly Thu, Le Hung Linh, 2016. Insight into the *Nuclear factor-YA* transcription factor family in sweet orange (*Citrus sinensis*). *J Vietnam Agri Sci Tech*, 1(2): 26-31.

Bailey, T. L., Boden, M., Buske, F. A., Frith, M., Grant, C. E., Clementi, L., 2009. MEME SUITE: Tools for motif discovery and searching. *Nucleic Acids Res*, 37(Web server Issue): W202-W208.

Galtier, N., Gouy, M., Gautier, C., 1996. SEAVIEW and PHYLO_WIN: Two graphic tools for sequence alignment and molecular phylogeny. *Comput Appl Biosci*, 12(6): 543-548.

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 (Database issue): D1178-D1186.

Laloum, T., De Mita, S., Gamas, P., Baudin, M., Niebel, A., 2013. CCAAT-box binding transcription factors in plants: Y so many? *Trends Plant Sci*, 18(3): 157-166.

Librado, P., Rozas, J., 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11): 1451-1452.

Malviya, N., Jaiswal, P., Yadav, D., 2016. Genome-wide characterization of Nuclear Factor Y (NF-Y) gene family of sorghum *Sorghum bicolor* (L.) Moench: A bioinformatics approach. *Physiol Mol Biol Plants*, 22(1): 33-49.

Xu, Q., Chen, L. L., Ruan, X., Chen, D., Zhu, A., Chen, C., Bertrand, D., Jiao, W. B., Hao, B. H., Lyon, M. P., Chen, J., Gao, S., Xing, F., Lan, H., Chang, J. W., Ge, X., Lei, Y., Hu, Q., Miao, Y., Wang, L., Xiao, S., Biswas, M. K., Zeng, W., Guo, F., Cao, H., Yang, X., Xu, X. W., Cheng, Y. J., Xu, J., Liu, J. H., Luo, O. J., Tang, Z., Guo, W. W., Kuang, H., Zhang, H. Y., Roose, M. L., Nagarajan, N., Deng, X. X., Ruan, Y., 2013. The draft genome of sweet orange (*Citrus sinensis*). *Nat Genet*, 45(1): 59-66.

Yang, W., Lu, Z., Xiong, Y., Yao, J., 2017. Genome-wide identification and co-expression network analysis of the *OsNF-Y* gene family in rice. *Crop J*, 5(1): 21-31.

Evolutionary analysis of genes encoding Nuclear factor -YA subunit in sweet orange (*Citrus sinensis*)

Chu Duc Ha, La Viet Hong, Nguyen Ngoc Huyen

Abstract

In this study, the mechanism of evolution and expansion of *Nuclear factor-YA (NF-YA)* gene family has been investigated in sweet orange (*Citrus sinensis*). Among 6 *CsNF-YA* genes previously published, 1 duplicated pair, *CsNF-YA3* and *CsNF-YA6*, has been found with 57.6% of the homologous sequence identity. The presence of these duplicated genes on different chromosomes clearly suggests that the segmental duplication could be associated with the expansion of the *NF-YA* gene family in sweet orange. The calculation of Ka/Ks ratio revealed the possibility of natural selection associated with the limitation of deleterious mutations during approximately 54.75 million years ago. Analyses of protein features also indicated that 1 conserved motif located in the functional region of planta NF-YA was found, while other 4 motifs were suggested to be the specific regions for NF-YA in sweet orange.

Keywords: Sweet orange, *Citrus sinensis*, evolution, Nuclear factor-YA, computational approach

Ngày nhận bài: 22/12/2017
Ngày phản biện: 25/12/2017
Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu
Ngày duyệt đăng: 15/1/2017

ẢNH HƯỞNG CỦA PHÂN HỮU CƠ VI SINH TỪ NGUỒN BÙN THẢI BIA, THỦY SẢN LÊN SINH TRƯỞNG VÀ NĂNG SUẤT CÂY ĐẬU BẮP

Nguyễn Thị Phương[1], Nguyễn Mỹ Hoa[2], Đỗ Thị Xuân[2]

TÓM TẮT

Để đánh giá hiệu quả của của phân hữu cơ vi sinh (HCVS) được sản xuất từ bùn thải bia và bùn thải thủy sản phối trộn với bã bùn mía lên năng suất đậu bắp (*Abelmoschus esculentus* Moench), thí nghiệm đồng ruộng được thực hiện trong 3 tháng tại xã Mỹ Hoà, huyện Bình Minh, tỉnh Vĩnh Long. Sáu nghiệm thức được bố trí dạng khối hoàn toàn ngẫu nhiên, gồm: NT1: Bón NPK theo nông dân (208 N - 105 P_2O_5 - 90 K_2O) (Đối chứng); NT2: Bón NPK theo khuyến cáo (NPK KC) (140 N - 90 P_2O_5 - 90K_2O); NT3: Bón NPK KC + 5 tấn/ha PHCVS bùn bia; NT4: Bón 2/3 NPK KC + 5 tấn/ha PHCVS bùn bia; NT5: Bón NPKKC + 5 tấn/ha PHCVS bùn thủy sản; và NT6: Bón 2/3 NPK KC + 5 tấn/ha PHCVS bùn thủy sản. Kết quả bón kết hợp 5 tấn/ha phân hữu cơ vi sinh từ bùn thải bia và bùn thải thủy sản với NPK KC (140 N - 90 P_2O_5 - 90 K_2O) cho thấy: Chiều dài quả 11,92 cm và 11,24 cm, đường kính quả 1,71 cm và 1,69 cm và năng suất quả 9,1 và 9,94 tấn/ha lần lượt so với chỉ bón NPK/ha theo nông dân (208 N - 105 P_2O_5 - 90 K_2O) là 9,37 cm, 1,52 cm và 5,62 tấn/ha.

Từ khóa: Đậu bắp, năng suất, phân hữu cơ vi sinh, bùn bia và bùn thủy sản

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ở Việt Nam lượng bùn thải từ nước thải nhà máy sản xuất bia đạt khoảng 6 triệu tấn/năm và lượng bùn thải từ thủy sản nhà máy chế biến thủy sản là 313.170 tấn/năm. Trong đó, một phần lượng bùn thải này được tái chế làm thức ăn cho gia cầm (Westendorf and Wohlt, 2002; Zerai *et al.*, 2008), làm phân hữu cơ (Kanagachandran and Jayaratne, 2006), làm giá thể nhân vi sinh vật có lợi để sản xuất chế phẩm sinh học phục vụ cho sản xuất nông nghiệp (Rebah *et al*., 2002). Phần lớn lượng bùn thải này được chất thành đống hoặc được thải ra môi trường với lượng lớn. Điều này đã làm mất diện tích đất, mất mỹ quan và lây truyền bệnh do việc để tồn đọng lượng lớn bùn thải có khả năng lưu tồn nhóm vi sinh vật gây bệnh và kim loại nặng trong bùn thải. Điều này ảnh hưởng đến chất lượng môi trường đất, nước và sức khỏe cộng đồng (Saviozzi *et al.*, 1994; Thomas and Rahman, 2006). Việc tái sử dụng nguồn bùn thải này làm phân hón hữu cơ vi sinh cho cây trồng giúp cải tạo đất, tăng năng suất cây trồng đồng thời làm giảm tình trạng ô nhiễm môi trường. Kết quả nghiên cứu của Nguyễn Thị Phương và cộng tác viên (2017a,b) cho thấy bùn thải bia và bùn thải thủy sản có thể được ủ phối trộn với bùn mía để sản xuất phân hữu cơ vi sinh đạt tiêu chuẩn theo TCN 526/2002/BNNPTNT. Vì thế, mục tiêu của nghiên cứu này nhằm đánh giá hiệu quả của phân hữu cơ vi sinh sản xuất từ bùn thải bia và thủy sản lên năng suất cây đậu bắp để đánh giá khả năng sử dụng các nguồn bùn thải này trong sản xuất nông nghiệp.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Nguồn phân HCVS từ bùn thải bia (BB) và bùn thủy sản (BTS): là kết quả của quá trình ủ của Lâm Ngọc Tuyết (2017). Thành phần dưỡng chất có trong đất thí nghiệm và phân HCVS được thể hiện trong bảng 1.

Bảng 1. Thành phần hóa học của mẫu đất, bùn thải và phân hữu cơ vi sinh từ bùn thải

	pH	EC (mS/ cm)	N_{ts} (%N)	P_{ts} (%P_2O_5)	K_{ts} (%K_2O)	OC (%)	*E.coli*	*Salmonella*	*Trichoderma*
Đất thí nghiệm	4,6(1)	0,14(1)	0,18	0,16	-	2,98	-	-	-
PHCVS - BTS	7,15(2)	1,65(2)	2,85	6,63	2,11	33,52	1,59	KPH	7,82 x 10^7
PHCVS - BB	7,71(2)	1,68(2)	2,83	5,60	2,10	39,4	KPH	KPH	7,14 x 10^7

Ghi chú: (1)tỉ lệ trích là 1:2,5, (2) tỉ lệ trích là 1:5;" - " là số liệu khuyết; KPH: không phát hiện. (Nguồn: Lâm Ngọc Tuyết, 2017).

- Hạt giống đậu bắp: Sử dụng giống đậu bắp cao sản VA.78.79.

[1] Trường Đại học Đồng Tháp; [2] Trường Đại học Cần Thơ