

Creation of F1 populations as prebreeding materials to characterize the role of QTL9 for yield-related traits in Vietnamese local rice collection

Vu Thi Nhien, Tạ Kim Nhung, Stefan Jouannic, Le Hung Linh, Pham Xuan Hoi, Tran Khanh Van, Tran Vu Hang, Pham Thi Mai, Le Thi Nhu, Khong Ngan Giang

Abstract

Grain yield is one of the most important indexes in rice breeding, which is controlled by quantitative trait loci (QTLs). Recombinant inbred line populations (RILs) have been widely used to discover QTLs in rice genome-wide, with hundreds of yield-related QTLs. In this research, F1 populations were created as prebreeding materials to develop RILs populations for validation of new QTL deriving from GWAS analysis for yield-related traits in Vietnamese local varieties. Four F1 populations were obtained from 4 crossings between 2 groups of rice displaying contrasted panicle structures, low branched versus high branched. Twelve SSR markers were tested for checking F1 lines, among them 7 SSR markers gave polymorphisms between parent lines. Therefore, 51 F1 lines selected by 7 SSR markers can be used as prebreeding materials to evaluate the role of the candidate QTL.

Keywords: QTL, F1 populations, RILs, DNA, SSR

Ngày nhận bài: 18/9/2018

Ngày phản biện: 22/9/2018

Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu

Ngày duyệt đăng: 15/10/2018

NGHIÊN CỨU CHUYỂN CẤU TRÚC GEN 35S::*GmNAC004* VÀO GIỐNG ĐẬU TƯƠNG ĐT22 THÔNG QUA CHỦNG KHUẨN *Agrobacterium tumefaciens* EHA101

Nguyễn Văn Đồng¹, Nguyễn Anh Vũ¹,
Lê Thị Mai Hương¹, Nguyễn Trung Anh¹

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, gen *GmNAC004* được sử dụng để biến nạp vào 3029 mẫu nửa lá mầm của giống đậu tương ĐT22 thông qua chủng khuẩn *A. tumefaciens* EHA101 mang vector *pZY101::35S::GmNAC004*. Kết quả biến nạp cho thấy, tỷ lệ mẫu tạo đa chồi đạt 69,56% và tỷ lệ mẫu sống sót sau chọn lọc đạt 3,84%. Phân tích cây đậu tương tái sinh sau quá trình chuyển gen đã thu được 18 dòng, vừa kháng thuốc trừ cỏ đồng thời cũng dương tính với phân tích PCR, đạt hiệu suất chuyển gen 0,59%, 18 dòng này đều có biểu hiện gen ở thế hệ T₁.

Từ khóa: *Agrobacterium tumefaciens*, chuyển gen, 35S::*GmNAC004*

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Các yếu tố phiên mã NAC (NAM, ATAF và CUC) đã được báo cáo là tăng cường khả năng chống chịu của cây trồng đối với các điều kiện bất thuận như hạn, mặn và lạnh (Tran *et al.*, 2010). Các nghiên cứu sâu về yếu tố NAC trên một số cây trồng đã đưa ra giả thuyết là ít nhất có 105 yếu tố phiên mã NAC ở cây *Arabidopsis*, 140 ở cây lúa, 205 ở cây đậu tương và 152 ở cây thuốc lá (Fang *et al.*, 2008; Mochida *et al.*, 2009; Ooka *et al.*, 2003; Rushton *et al.*, 2008).

Trong nhóm gen *GmNAC*, gen *GmNAC004* là một trong những gen điều khiển liên quan đến khả năng chịu hạn, mặn và lạnh có khả năng biểu hiện mạnh (Tran *et al.*, 2009). Lần đầu tiên, nghiên cứu về siêu

biểu hiện của 2 cấu trúc *pGreen-P35SGmNAC003* và *pGreen-P35S-GmNAC004* trên cây *Arabidopsis* được công bố (Truyen *et al.*, 2014). Các cây *Arabidopsis* biểu hiện gen *GmNAC004* cho thấy sự gia tăng số lượng và chiều dài rễ trong điều kiện không hạn và duy trì số lượng và chiều dài rễ dưới điều kiện hạn nhẹ so với cây đối chứng, trong khi cây biến đổi gen *GmNAC003* không cho thấy bất kỳ phản ứng nào.

Cho tới nay, tất cả các công trình biến nạp gen vào đậu tương mới chỉ thành công trên giống mô hình như G. max 'Jack', Williams. Do có sự khác biệt về nguồn gốc nên hầu hết các giống mô hình khó ra hoa kết quả tại Việt Nam. Nguyễn Văn Đồng và cộng tác viên (2017) đã nghiên cứu chuyển gen

¹ Phòng Thí nghiệm Trọng điểm Công nghệ Tế bào thực vật, Viện Di truyền Nông nghiệp

GmNAC004 vào giống đậu tương ĐT22 sử dụng promoter RD29A và xác định được 8 dòng có kết quả PCR dương tính với gen đích ở thế hệ T_0 với hiệu suất chuyển gen đạt 0,28%. RD29A được xác định là một promoter cảm ứng với các điều kiện môi trường bất lợi như hạn, mặn và lạnh, trong khi 35S là promoter cơ định tham gia điều khiển quá trình biểu hiện gen ở hầu hết các loại mô khác nhau trong nhiều giai đoạn phát triển của sinh vật. Promoter 35S là một promoter cấu trúc mạnh, gây ra mức độ cao trong sự biểu hiện gen ở thực vật và có khả năng kích hoạt sự hoạt động của các gen thực vật hoặc gen nội sinh.

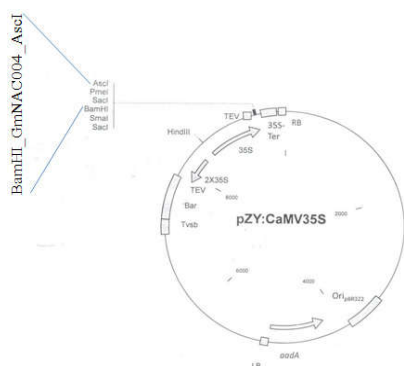
Nhằm tăng cường mức độ biểu hiện gen và nâng cao hiệu suất chuyển gen *GmNAC004* ở đậu tương, nghiên cứu chuyển cấu trúc promoter::gen 35S::*GmNAC004* vào giống đậu tương ĐT22 thông qua vi khuẩn *A. tumefaciens* EHA101 được tiến hành.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- Vật liệu thực vật: Giống đậu tương ĐT22 (Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển Đậu đỗ - Viện Cây lương thực và Cây thực phẩm chọn tạo).

- Vật liệu di truyền: Chủng vi khuẩn *A. tumefaciens* EHA101 mang vector *pZY101::35S:: chứa gen chịu hạn *GmNAC004* và gen chỉ thị chọn lọc thực vật *bar* - kháng glufosinate (Hình 1), hiện đang được lưu giữ tại Phòng Thí nghiệm Trọng điểm Công nghệ Tế bào thực vật (Nguyễn Văn Đồng và *ctv.*, 2012).*



Hình 1. Sơ đồ vector *pZY101::35S::GmNAC004*

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp biến nạp

Phương pháp tạo vật liệu vô trùng và phương pháp chuyển gen vào cây đậu tương theo quy trình của Zhang và cộng tác viên (2004) có cải tiến (Nguyễn Văn Đồng và *ctv.*, 2012).

2.2.2. Phân tích cây chuyển gen

- Sàng lọc cây chuyển gen T_0 và T_1 thông qua xử lý với thuốc trừ cỏ basta: Nhằm lựa chọn những dòng đậu tương đồng hợp tử cho các thí nghiệm đánh giá tiếp theo ngoài đồng ruộng, cây con T_0 và 30 - 35 cây T_1 của mỗi một dòng T_0 tương ứng sau khi trồng trong bầu đất được 2 tuần tuổi đã phát sinh 3 - 5 lá thật được sử dụng trong thí nghiệm phun basta (chứa 2% glufosinate). Nồng độ basta sử dụng để chọn lọc là 100 mg/l. Thí nghiệm phun basta được tiến hành lặp lại 2 lần, mỗi lần cách nhau 3 ngày. Những cây con sống sót sau 2 lần phun basta được tiếp tục chăm sóc làm vật liệu cho những phân tích đánh giá tiếp theo.

- Phân tích PCR: Tách chiết ADN tổng số theo phương pháp của Doyle và cộng tác viên (1987) có cải tiến. Tiến hành phân tích PCR với cặp mồi BAR-F78/ BAR-R506 đặc hiệu cho gen *bar* và cặp mồi 2X35S-F/ RB-R đặc hiệu cho gen *GmNAC004* (Bảng 1). Chương trình phản ứng chung của 3 cặp mồi là 95°C/5 phút, 95°C/30 giây, 57°C/30 giây, 72°C/90 giây, lặp lại trong 35 chu kỳ, 72°C/10 phút, kết thúc 4°C. Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1%.

Bảng 1. Trình tự các đoạn mồi sử dụng trong nghiên cứu

TT	Tên mồi	Trình tự mồi
1	BAR-R506	5'-CTGAAGTCCAGCTGCCAGA-3'
2	BAR-F78	5'-CCACTACATCGAGACCAGCA-3'
3	RB-R	CTTTTCTCTTAGGTTTACCCGCCA
4	2X35S-F	TGCTCCACCATGTTGACCTGCA

- Các chỉ tiêu theo dõi và đánh giá:

$$\text{Tỷ lệ mẫu đậu tương đa chồi} = \frac{\text{Số mẫu phát sinh đa chồi}}{\text{Tổng số mẫu lấy nhiễm}} \times 100$$

$$\text{Tỷ lệ sống sót sau chọn lọc} = \frac{\text{Số mẫu sống sót sau chọn lọc}}{\text{Số mẫu đưa vào chọn lọc}} \times 100$$

$$\text{Hiệu suất biến nạp ở thế hệ } T_0 (\%) = \frac{\text{Số cây dương tính với PCR}}{\text{Tổng số mẫu lấy nhiễm ban đầu}} \times 100$$

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Chuyển cấu trúc 35S::*GmNAC004* vào giống đậu tương ĐT22

Kết quả biến nạp cấu trúc 35S::*GmNAC004* vào 3029 mẫu nửa lá mầm cho thấy, tỉ lệ mẫu biến nạp tạo đa chồi đạt 69,56 %, tỉ lệ mẫu sống sót sau giai đoạn chọn lọc đạt 3,84 %, số cây chuyển gen thế hệ T_0 sống sót khi đưa ra môi trường tự nhiên thu

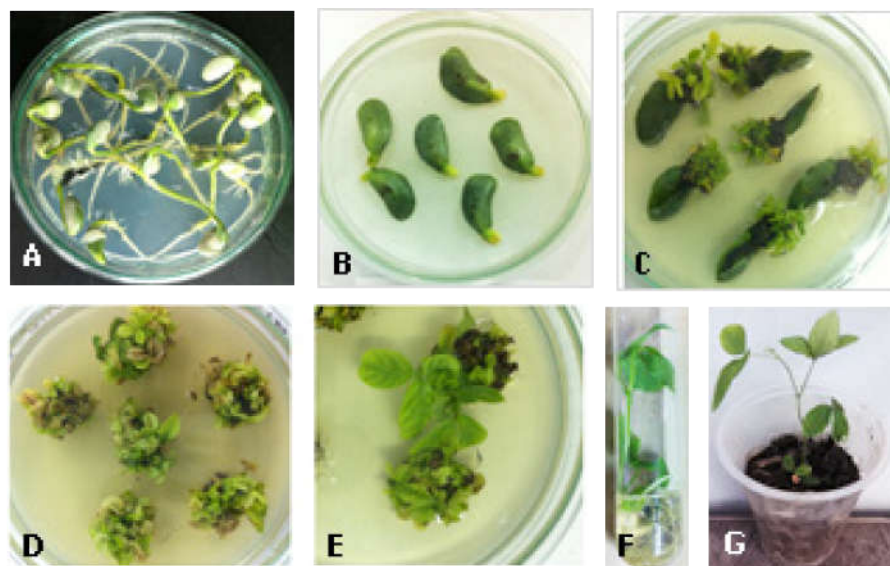
được là 57 cây. Như vậy, so với kết quả biến nạp cấu trúc gen *RD29A::GmNAC004* vào giống đậu tương ĐT22 của Nguyễn Văn Đông và cộng tác viên (2017), có tỷ lệ mẫu phát sinh đa chồi đạt 64%, tỷ lệ

mẫu phát sinh đa chồi của nghiên cứu này cao hơn. Kết quả biến nạp được thống kê chi tiết và đánh giá thông qua các chỉ tiêu quan tâm được trình bày tại bảng 2, hình 2.

Bảng 2. Kết quả biến nạp cấu trúc 35::*GmNAC004* vào giống đậu tương ĐT22

Thí nghiệm	Số lượng mẫu				Tỷ lệ mẫu đa chồi (%)	Tỷ lệ mẫu sống sót sau chọn lọc (%)	Số cây ra đất sống sót	Số cây sống sót sau khi phun basta
	CCM	SIM	SEM	RM				
1	300	200	115	9	66,67	4,50	8	2
2	250	190	160	9	76,00	4,74	7	3
3	300	230	220	11	76,67	4,78	10	5
4	300	277	265	10	95,33	3,61	10	2
5	240	180	143	7	75,00	3,89	3	0
6	300	290	145	13	96,67	4,48	10	4
7	250	150	135	2	60,00	1,33	1	0
8	119	28	20	2	23,53	7,14	0	0
9	350	190	110	2	54,29	1,05	0	0
10	230	120	113	8	52,17	6,67	4	1
11	390	252	190	8	64,62	3,17	4	1
Tổng số	3029	2107	1616	81	69,56	3,84	57	18

Ghi chú: CCM: Môi trường đồng nuôi cấy; SIM: Môi trường tạo đa chồi; SEM: Môi trường kéo dài chồi; RM: Môi trường ra rễ.



Hình 2. Quá trình chuyển cấu trúc gen 35S::*GmNAC004* vào giống đậu tương ĐT22 sử dụng vi khuẩn *A. tumefaciens* EHA101 mang vector *pZY101::35S::GmNAC004*

Ghi chú: (A): Nảy mầm hạt; (B): Đồng nuôi cấy; (C): Nhân chồi; (D, E): Kéo dài chồi (F): Tạo rễ; (G): Cây con ra đất.

Sau quá trình biến nạp, toàn bộ 57 cây chuyển gen T_0 được nhóm nghiên cứu chọn lọc tiếp với thuốc diệt cỏ basta nồng độ 100 mg/l và theo được đôi 6 ngày sau khi phun basta 2 lần. Kết quả phun basta

đã thu được 18 cây sống sót (Hình 3) được tiếp tục dùng làm vật liệu cho thí nghiệm phân tích, đánh giá sự có mặt của gen chuyển bằng phương pháp phân tích sinh học phân tử.



Hình 3. Kết quả chọn lọc bằng basta sau 6 ngày của các cây đậu tương chuyển cấu trúc gen 35S::GmNAC004 thế hệ T₀

Ghi chú: (A): Cây đậu tương ĐT22 không chuyển gen; (B, C): Cây chuyển gen T₀.

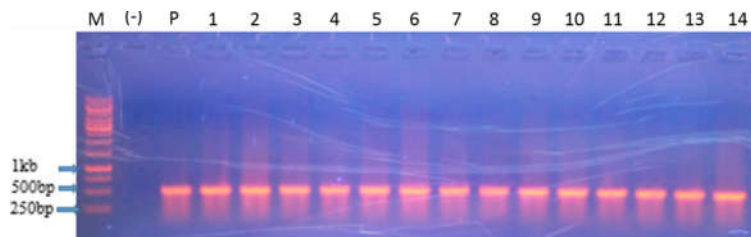
3.2. Phân tích sự có mặt của cấu trúc gen 35S::GmNAC004 trong genome của dòng đậu tương chuyển gen

Tiến hành thu mẫu lá của 18 cây con chuyển gen T₀ sống sót sau khi phun basta để tách chiết ADN tổng số phục vụ cho thí nghiệm phân tích PCR. Kết quả phân tích được trình bày trong bảng 3.

Phân tích PCR sự có mặt gen *bar* bằng cặp mồi BAR-F78/ BAR-R506, kết quả cho thấy: đối chứng âm và cây ĐT22 không cho băng, đối chứng dương cho băng nét và rõ ràng, các cây chuyển gen cho băng có kích thước bằng với kích thước plasmid. Tổng số 18 cây chuyển gen T₀ đều dương tính với gen *bar*. Kết quả điện di kiểm tra sản phẩm PCR gen *bar* được thể hiện đại diện như hình 4.

Bảng 3. Kết quả phân tích PCR các cây đậu tương chuyển cấu trúc gen 35S::GmNAC004 thế hệ T₀

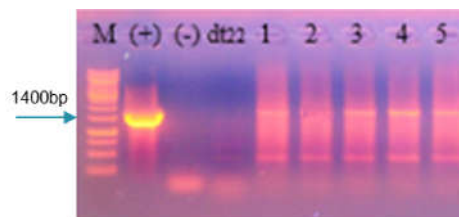
Số lượng mẫu biến nạp	Cây đậu tương chuyển gen T ₀ sống sót sau phun basta	Kết quả phân tích PCR dương tính		Hiệu suất chuyển gen (%)
		Gen <i>bar</i>	Gen 35S::GmNAC004	
3029	18	18	18	0,59



Hình 4. Kết quả điện di sản phẩm PCR sử dụng cặp mồi BAR-F78/ BAR-R506

Ghi chú: (M): Marker 1kb plus gen ruler; (-): H₂O; (P): Plasmid 35S::GmNAC004; (1-14): Cây chuyển gen 35S::GmNAC004 thế hệ T₀.

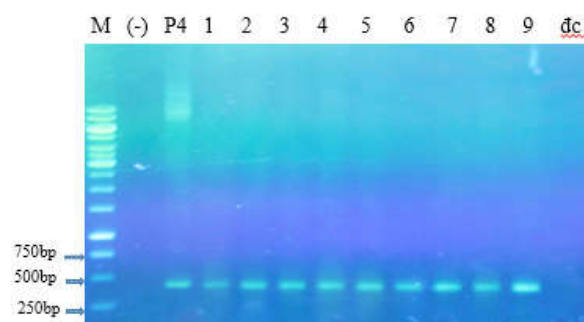
Tiếp tục phân tích PCR sự có mặt của gen *GmNAC004* bằng cặp mồi 2X35S-F/ RB-R trong 18 cây chuyển gen T₀ có kết quả PCR gen *bar* dương tính, kết quả 18 cây đều dương tính với gen quan tâm đạt hiệu suất chuyển gen 0,59 %. Các băng thu nhận được có kích thước bằng với kích thước đối chứng dương plasmid 35S::GmNAC004 (1400 bp). Đối chứng âm nước và ĐT22 không xuất hiện băng chứng tỏ phản ứng không bị nhiễm và cặp mồi sử dụng đặc hiệu không xuất hiện băng nội sinh. Kết quả điện di kiểm tra sản phẩm PCR gen *GmNAC004* được thể hiện đại diện như hình 5.



Hình 5. Kết quả điện di sản phẩm PCR sử dụng cặp mồi 2X35S-F/ RB-R

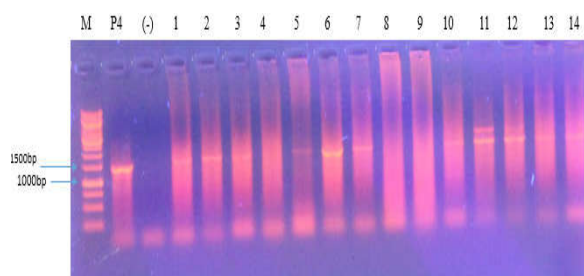
Ghi chú: (M): Marker 1kb plus gen ruler; (P): Plasmid 35S::GmNAC004; (-): H₂O; (đc): Cây ĐT22 không chuyển gen; (1-5): Cây chuyển gen 35S::GmNAC004 thế hệ T₀.

Nhóm nghiên cứu đã tiến hành gieo trồng hạt T_1 của 18 dòng T_0 dương tính PCR để sàng lọc bằng phương pháp phun thuốc diệt cỏ basta. Kết quả ban đầu cho thấy cả 18 dòng đều có sự phân ly về kiểu gen. Sau khi phân tích PCR cây sống sót sau khi phun basta, kết quả cho thấy 18 dòng đều có sự biểu hiện của gen chuyển ở thế hệ T_1 (Hình 6, 7).



Hình 6. Kết quả điện di sản phẩm PCR gen *bar* của các cây đậu tương chuyển cấu trúc gen 35S::GmNAC004 thế hệ T_1

Ghi chú: (M): Marker 1kb plus gen ruler; (-): H_2O ; (P4): Plasmid 35S/ GmNAC004; (1-9): Cây chuyển gen 35S::GmNAC004 thế hệ T_1 ; (đc): Cây không chuyển gen ĐT22.



Hình 7. Kết quả điện di sản phẩm PCR gen 35S::GmNAC004 của các cây đậu tương chuyển gen thế hệ T_1

Ghi chú: (M): Marker 1kb plus gen ruler; (P4): Plasmid 35S/ GmNAC004; (-): H_2O ; (1-6): Cây chuyển gen 35S::GmNAC004 thế hệ T_1 .

IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

4.1. Kết luận

Kết quả nghiên cứu biến nạp cấu trúc gen 35S::GmNAC004 vào giống đậu tương ĐT22 thông qua chủng khuẩn *A. tumefaciens* EHA101 mang vector *pZY101::25S::GmNAC004* đã thu được 57 cây đậu tương chuyển gen thế hệ T_0 sống sót sau quá trình chọn lọc và đưa ra môi trường tự nhiên. Sau khi sàng lọc bằng phun basta, thu được 18 cây sống

sót. Kết quả phân tích sinh học phân tử đã xác định được 18 dòng có kết quả PCR dương tính với gen đích ở thế hệ T_0 với hiệu suất chuyển gen đạt 0,59%, 18 dòng này đều có biểu hiện gen ở thế hệ T_1 .

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 thế hệ tiếp theo của 18 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.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Nguyễn Văn Đồng, Nguyễn Mai Hương và Nguyễn Hữu Kiên, 2012. Nghiên cứu quy trình biến nạp gen vào giống đậu tương ĐT22 thông qua *Agrobacterium tumefaciens*. *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Việt Nam*, 9 (39), tr. 119-124.
- Nguyễn Văn Đồng, Nguyễn Anh Vũ, Lê Thị Mai Hương, Nguyễn Trung Anh, 2017. Nghiên cứu chuyển gen *GmNAC004* vào giống đậu tương ĐT22 thông qua vi khuẩn *Agrobacterium*. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam*, 3 (76), tr. 13-17.
- Doyle J.J, Doyle J.L, 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19:11-15.
- Tran L. S., T. N. Quach, S. K. Guttikonda, D. L. Aldrich, R. Kumar, A. Neelakandan, B. Valliyodan and H. T. Nguyen, 2009. Molecular characterization of stress-inducible GmNAC genes in soybean. *Division of Plant Sciences. Mol Genet Genomics*, 281(6): 647-664.
- Tran L.S., Nishiyama R., Yamaguchi-Shinozaki K., Shinozaki K, 2010. Potential utilization of NAC transcription factors to enhance abiotic stress tolerance in plants by biotechnological approach. *GM Crops*, 1(1): 32-39.
- Truyen N. Quach, Lam-Son Phan Tran, Babu Valliyodan, Hanh TM. Nguyen, Rajesh Kumar, Anjanasree K. Neelakandan, Satish Kumar Guttikonda, Robert E. Sharp, Henry T. Nguyen, 2014. Functional Analysis of Water Stress-Responsive Soybean GmNAC003 and GmNAC004 Transcription Factors in Lateral Root Development in Arabidopsis, *PLOS ONE*, 9(1): e84886.

Research of 35S::GmNAC004 gene structure transfer into DT22 soybean variety using *A. tumefaciens* EHA101

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

Abstract

In this study, the full coding sequence of *GmNAC004* gene was amplified and cloned into pZY101 vector under the control of the 35S promoter. The 35S::GmNAC004 construct was transformed into DT22 soybean variety via *A. tumefaciens* EHA101. The results revealed that the rate of multiplication of shoots was 69.56% and the survival rate was 3.84% after selecting on shoot elongation medium with glufosinate. Additionally, the result showed that 18 transgenic lines were herbicide resistant. Taken together, all the transgenic lines were also positive with specific primer by PCR analysis.

Keywords: *Agrobacterium tumefaciens*, transformation, 35S::GmNAC004

Ngày nhận bài: 15/9/2018
Ngày phản biện: 21/9/2018

Người phản biện: PGS.TS. Nguyễn Thanh Hải
Ngày duyệt đăng: 15/10/2018

TẠO DÒNG VÀ BIỂU HIỆN ENZYME ENDOLYSIN TÁI TỔ HỢP TRONG *Escherichia coli* TỪ STAPHYLOCOCCAL BACTERIOPHAGES NA6

Nguyễn Thị Hồng Hải¹, Khuất Hữu Trung¹, Trần Đăng Khánh¹,
Lê Thị Hằng¹, Phạm Thị Lý Thu¹, Đặng Tất Thành²

TÓM TẮT

Endolysins (tên gọi khác là lysins) là các enzyme thủy phân có nguồn gốc từ thực khuẩn thể (bacteriophage) có tác dụng phá hủy peptidoglycan của thành tế bào vi khuẩn trong giai đoạn cuối chu trình sinh sản của thực khuẩn thể. Dòng thực khuẩn thể vi khuẩn *Staphylococcus* NA6 được phân lập từ mẫu sữa tươi nguyên liệu cho thấy khả năng ức chế vi khuẩn gây bệnh *Staphylococcus aureus* cao. Gen (*LysSA*) mã hóa enzyme endolysin của thực khuẩn thể NA6 được tạo dòng và tối ưu hóa mã bộ ba biểu hiện enzyme endolysin trong vi khuẩn *E.coli*. Sau đó toàn bộ đoạn DNA được chuyển vào vector biểu hiện pET21b(+) trong vi khuẩn *E. coli* BL21. Gen *LysSA* mã hóa protein endolysin (*LysSA*) có khối lượng phân tử được tính toán khoảng 50 kDa. Endolysin tái tổ hợp tách chiết được có hoạt tính kháng cao với vi khuẩn gây bệnh *S. aureus*.

Từ khóa: *Escherichia coli*, Endolysin, *Staphylococcus aureus*

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Staphylococcus aureus là tụ cầu khuẩn có khả năng sản sinh ra các độc tố gây nên sự ngộ độc thực phẩm, một trong những nguyên nhân phổ biến nhất gây ra bệnh viêm dạ dày, ruột trên toàn thế giới. *Staphylococcus aureus* cũng là tác nhân thường xuyên gây nhiễm trùng cận lâm sàng ở bò sữa và đặc biệt là bệnh viêm vú - bệnh gây tử vong và phổ biến nhất ở bò sữa. Vì vậy, sự có mặt của *S. aureus* là mối nguy cơ lớn cho sự an toàn và chất lượng của các loại sữa, phomai truyền thống.

Endolysin có nguồn gốc từ thực khuẩn thể có tác dụng phá hủy peptidoglycan của thành tế bào vi khuẩn trong giai đoạn cuối chu trình sinh sản của thực khuẩn thể. Các enzyme này làm giảm độ mạnh của thành tế bào dẫn đến dung giải tế bào và

giải phóng ra các thực khuẩn thể thế hệ tiếp theo. Vì vậy, khi có mặt endolysin chúng có thể phân hủy lớp peptidoglycan của thành tế bào của mọi vi sinh vật khi tiếp xúc, dẫn đến các vi sinh vật sẽ bị chết. Bên cạnh sự phân giải từ bên trong, các endolysin từ thực khuẩn thể của các vật chủ Gram dương vẫn có thể phân giải nhanh chóng vi khuẩn khi chúng ở ngoại bào (Loessner, 2005). Giống như chất kháng vi khuẩn tiềm năng, endolysin có phương thức hoạt động riêng biệt, có tính chuyên biệt cao, hoạt động chống lại các vi khuẩn kể cả các loại nhạy cảm với thuốc kháng sinh (Borysowski *et al.*, 2006). Ngoài ra, các endolysin tái tổ hợp được báo cáo là ức chế nhiều loại vi khuẩn gây bệnh và được khẳng định như một nguồn kháng vi sinh vật thay thế để điều trị các bệnh nhiễm khuẩn do vi khuẩn Gram dương gây ra (Loessner, 2005). Nhờ đó mà endolysin được

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp; ² Vụ Khoa học và Công nghệ, Bộ Công thương