

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).
- 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 Hong¹, Vo Thi Minh Tuyen¹,
Yoshikazu Tanaka², Le Huy Ham¹

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 Hà¹, Nguyễn Thu Trang²,
Đoàn Thị Hải Dương¹, Vũ Thị Thu Hiền¹,
Nguyễn Văn Giang², Phạm Thị Lý Thu¹, Lê Tiến Dũng³

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

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

³ Công ty DEKALB Việt Nam

màng. Giá trị pI và công cụ TargetP cho thấy họ NF-YB có thể cư trú ở nhiều vị trí để thực hiện chức năng trong tế bào. Cuối cùng, dựa vào dữ liệu RNA-Seq, hầu hết các gen *CsNF-YB* đều được tăng cường phiên mã tại ít nhất 1 mô hoặc cơ quan chính. Gen *CsNF-YB6* được tăng cường phiên mã ở lá, trong khi *CsNF-YB3* và *CsNF-YB7* có thể được tích lũy nhiều ở callus. Một số gen, như *CsNF-YB13*, *-YB19* và *-YB5* có mức độ biểu hiện rất mạnh ở cả 4 mô, cơ quan chính trên cây cam ngọt.

Từ khóa: Cam ngọt, *in silico*, Nuclear factor-YB, tin sinh học

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Quá trình sinh trưởng của thực vật chịu ảnh hưởng rất nhiều từ điều kiện ngoại cảnh bất lợi. Trải qua quá trình tiến hóa, thực vật đã phát triển một loạt cơ chế phức tạp nhằm điều hòa và đáp ứng với tác nhân môi trường. Về bản chất, các quá trình này dựa trên sự tham gia của hai nhóm protein chính, gọi là protein chức năng và protein điều hòa. Trong số đó, yếu tố phiên mã là một trong những nhóm protein điều hòa được quan tâm và nghiên cứu nhiều nhất trên các đối tượng cây trồng.

Nuclear factor Y (NF-Y), gồm NF-YA, NF-YB và NF-YC, là một trong những nhóm yếu tố phiên mã quan trọng và có mặt ở tất cả các loài thực vật. Một số nghiên cứu đã ghi nhận vai trò của NF-Y trong điều hòa các quá trình phát triển và đáp ứng với yếu tố bất lợi ở thực vật (Mu *et al.*, 2013). Gần đây, sự ứng dụng rộng rãi của tin sinh học đã cho phép nghiên cứu một cách đầy đủ về họ NF-Y ở một số cây trồng quan trọng như lúa (*Oryza sativa*) (Miyoshi *et al.*, 2003), đậu tương (*Glycine max*) (Quach *et al.*, 2015), cà chua (*Solanum lycopersicum*) (Li *et al.*, 2016) và nhiều loài thực vật khác. Tuy nhiên, chưa có công trình nào nghiên cứu về họ gen mã hóa NF-Y trên cây cam ngọt (*Citrus sinensis*), một loài cây ăn quả quan trọng hàng đầu, đã được giải mã trong thời gian gần đây (Xu *et al.*, 2013).

Trong nghiên cứu này, các gen mã hóa NF-YB đã được xác định trên hệ gen cam ngọt. Đặc điểm cấu trúc gen, đặc tính protein cũng được phân tích. Cuối cùng, mức độ biểu hiện của các gen mã hóa NF-YB được khai thác để đánh giá sự tích lũy của NF-YB ở một số mô và cơ quan chính trên cây cam ngọt. Kết quả của nghiên cứu này sẽ cung cấp những dẫn liệu quan trọng về đặc tính và vai trò của NF-YB ở cây cam ngọt.

II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Hệ gen của cam ngọt (Xu *et al.*, 2013) trên cơ sở dữ liệu Phytozome v11.0.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp xác định gen mã hóa NF-YB trên

hệ gen cam ngọt: Các thành viên của họ NF-YB được xác định bằng cách sử dụng thuật toán BlastP một trình tự protein đã biết có vùng bảo thủ *CBFD_NFYB_HMF* (Pfam, PF00808) vào hệ gen của cam ngọt (Xu *et al.*, 2013). Danh pháp và các thông tin về chú giải gen của họ NF-YB được thu thập thông qua cơ sở dữ liệu NCBI (Bioproject: PRJNA86123) (Xu *et al.*, 2013).

- Phương pháp phân tích cấu trúc gen: Kích thước của từng gen thành viên của họ NF-YB được xác định bằng phần mềm Blast2GO. Cấu trúc exon/intron được khai thác bằng công cụ GSDS 2.0 (Gene Structure Display Server) (Hu *et al.*, 2015).

- Phương pháp xác định đặc tính protein: Kích thước phân tử protein NF-YB ở cam ngọt được tính toán bằng phần mềm Blast2GO (Conesa *et al.*, 2005). Đặc tính cơ bản của protein, bao gồm trọng lượng phân tử (mW, molecular weight) và điểm đẳng điện (pI, isoelectric point) được xác định bằng công cụ ExPasy (Gasteiger *et al.*, 2003). Định khu của dưới tế bào được dự đoán bằng TargetP v1.1 (Emanuelsson *et al.*, 2007).

- Phương pháp đánh giá mức độ biểu hiện của gen mã hóa NF-YB: Các gen mã hóa NF-YB được Blast vào cơ sở dữ liệu của cam ngọt CAP 2.1 (*Citrus sinensis* Annotation Project) (Wang *et al.*, 2014) để tìm kiếm mức độ biểu hiện ở các mô/cơ quan thông qua dữ liệu RNA-Seq.

III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả xác định và chú giải họ gen mã hóa tiểu phần NF-YB ở hệ gen cam ngọt

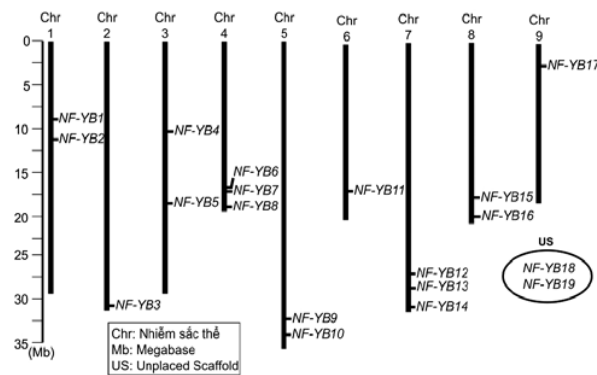
Sử dụng công cụ BlastP, tổng số 19 gen mã hóa các protein có vùng bảo thủ PF00808 - đặc trưng cho NF-YB đã được xác định trên hệ gen cam ngọt (Xu *et al.*, 2013). Sau đó, thông tin về chú giải của từng gen lần lượt được tìm kiếm trên ngân hàng NCBI chứa dữ liệu về giải mã cây cam ngọt (Bioproject: PRJNA86123) (Xu *et al.*, 2013). Kết quả cho thấy, tất cả các gen NF-YB đều có chú giải đầy đủ về mã định danh gen, mã định gen protein, mã locus và ký hiệu gen trên hệ thống hệ gen cam ngọt (Bảng 1).

Bảng 1. Thông tin về chú giải của họ gen mã hóa tiểu phần NF-YB ở cam ngọt

STT	Tên gen	Mã định danh gen	Mã định danh protein	Mã locus	Ký hiệu gen
1	CsNF-YB1	XM_006465864	XP_006465927	orange1.lg007852	LOC102628367
2	CsNF-YB2	XM_006465020	XP_006465083	orange1.lg047516	LOC102611608
3	CsNF-YB3	XM_015526636	XP_015382122	orange1.lg026469	LOC102610438
4	CsNF-YB4	XM_006472057	XP_006472120	orange1.lg045194	LOC102621848
5	CsNF-YB5	XM_015528554	XP_015384040	orange1.lg019814	LOC102609372
6	CsNF-YB6	XM_006474832	XP_006474895	orange1.lg036580	LOC102609097
7	CsNF-YB7	XM_006475051	XP_006475114	orange1.lg038325	LOC102619694
8	CsNF-YB8	XM_006493694	XP_006493757	orange1.lg024265	LOC102628121
9	CsNF-YB9	XM_006480045	XP_006480108	orange1.lg038014	LOC102623450
10	CsNF-YB10	XM_006477455	XP_006477518	orange1.lg047870	LOC102621567
11	CsNF-YB11	XM_006480533	XP_006480596	orange1.lg030647	LOC102624322
12	CsNF-YB12	XM_006484029	XP_006484092	orange1.lg038850	LOC102630464
13	CsNF-YB13	XM_006485877	XP_006485940	orange1.lg030547	LOC102625647
14	CsNF-YB14	XM_006493145	XP_006493208	orange1.lg026901	LOC102617055
15	CsNF-YB15	XM_006487827	XP_006487890	orange1.lg032293	LOC102618948
16	CsNF-YB16	XM_006488058	XP_006488121	orange1.lg028727	LOC102609428
17	CsNF-YB17	XM_006489046	XP_006489109	orange1.lg044287	LOC102624727
18	CsNF-YB18	XM_006493787	XP_006493850	orange1.lg027605	LOC102607711
19	CsNF-YB19	XM_006494197	XP_006494260	orange1.lg031594	LOC102621947

Tiếp theo, vị trí của 19 gen *NF-YB* ở cam ngọt khai thác trên NCBI được biểu thị ở hình 1 và bảng 2. Dựa trên thứ tự của các gen này, tên gen mã hóa tiểu phần NF-YB ở cam ngọt được đặt tên lần lượt từ *CsNF-YB1* đến *CsNF-YB19* tương ứng với 19 thành viên. Có thể thấy rằng, các gen được phân bố trên 9 nhiễm sắc thể với những tỉ lệ khác nhau. Trong đó, 2 gen *CsNF-YB18* và *-YB19* nằm trên các đoạn scaffold chưa được giải mã vào hệ gen của cam ngọt; vì vậy, hai gen này hy vọng có thể được chú giải trong bản nâng cấp tiếp theo của hệ gen cam ngọt.

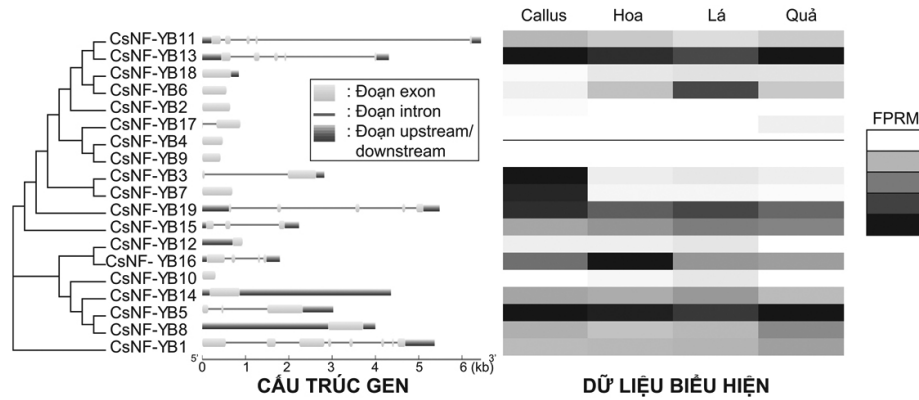
Gần đây, các gen mã hóa tiểu phần NF-YB cũng đã được giải mã trên một số cây trồng quan trọng. Trong số đó, 32 gen mã hóa NF-YB, *GmNF-YB*, đã được xác định trên bộ nhiễm sắc thể của đậu tương (Quach *et al.*, 2015). Nghiên cứu trên cây kê cũng đã tìm ra được 15 gen *NF-YB*, được đặt tên là *SiNF-YB*, trên hệ gen (Feng *et al.*, 2015). Có thể thấy rằng, các gen mã hóa NF-YB ở thực vật nói chung là 1 họ đa gen, số lượng gen thành viên rất đa dạng giữa loài này với loài khác. Sự khác nhau này, có lẽ được giải thích do sự sai khác về số lượng nhiễm sắc thể của mỗi loài và liên quan đến chức năng của NF-YB trong tế bào thực vật.



Hình 1. Sự phân bố của họ gen mã hóa tiểu phần NF-YB ở hệ gen cam ngọt. Chr - Nhiễm sắc thể, Mb - Megabase, US - Chưa được chú giải trên nhiễm sắc thể

3.2. Kết quả phân tích cấu trúc gen mã hóa và đặc tính protein của họ NF-YB ở cam ngọt

Cấu trúc của từng gen thành viên trong họ *CsNF-YB* được khai thác trên cơ sở GSDS (Hu *et al.*, 2015) bằng cách sử dụng chuỗi CDS làm trình tự truy vấn. Nhìn chung, cấu trúc gen của họ *CsNF-YB* ở cam ngọt rất đa dạng về kích thước và số lượng exon/intron. Điều này cho thấy họ gen mã hóa NF-YB khá biến động, dễ dàng bị biến đổi trong quá trình tiến hóa, có lẽ để thực hiện nhiều vai trò trong tế bào (Hình 2).



Hình 2. Cấu trúc gen mã hóa và dữ liệu biểu hiện của họ NF-YB ở cam ngọt

Đặc tính của phân tử NF-YB, bao gồm kích thước phân tử (amino acid), trọng lượng phân tử (kDa), điểm đẳng điện và vị trí cư trú trong tế bào được xác định thông qua công cụ Expasy (Gasteiger *et al.*, 2003) và TargetP (Emanuelsson *et al.*, 2007). Kích thước và trọng lượng của các phân tử CsNF-YB khá đa dạng (Bảng 2). Protein CsNF-YB12, mã hóa bởi gen XM_006484029 có kích thước nhỏ nhất, 78 amino acid với trọng lượng tương đối đạt 8,92 kDa, trong khi CsNF-YB1, định danh là XP_006465927 là phân tử lớn nhất, tương ứng với 587 amino acid, trọng lượng đạt 64,19 kDa. Mặt khác, CsNF-YB4, -YB9, -YB10, -YB11, -YB12, -YB13, -YB15 và -YB19 có kích thước và trọng lượng ở mức trung bình; vậy nên chúng có thể dễ dàng xuất/nhập qua các màng sinh học để được thực hiện chức năng trong tế bào.

Giá trị điểm đẳng điện của protein có liên quan đến vị trí của protein trong tế bào. Protein có tính acid thường được phân bố ở tế bào chất, trong khi ty thể và một số bào quan có màng thường chứa protein có tính base. Ở đây, một số protein NF-YB, đáng chú ý như CsNF-YB9, -YB11, -YB13, -YB15, -YB19 có tính acid, gợi ý rằng chúng được vận chuyển ra tế bào chất sau khi được tổng hợp trong nhân, trong khi CsNF-YB4, -YB10, -YB12 có pI khoảng base cho thấy rằng 3 phân tử này có thể được bám trên ty thể hoặc các hệ thống có màng. Để tăng cường độ tin cậy của phép dự đoán, định khu dưới tế bào của họ NF-YB được phân tích bằng công cụ TargetP (Emanuelsson *et al.*, 2007). Một số protein đã khai thác được vị trí, đáng chú ý như CsNF-YB1, -YB2, -YB7, -YB16 được dự đoán phân bố ở lục lạp; trong khi ty thể có thể chứa CsNF-YB3 và CsNF-YB10. Kết quả này được xem là dẫn liệu quan trọng trong những nghiên cứu chức năng gen tiếp theo.

Bảng 2. Đặc tính của protein NF-YB ở cam ngọt

STT	Tên protein	L (aa)	mW (kDa)	pI	TargetP
1	CsNF-YB1	587	64,19	9,7	C*
2	CsNF-YB2	214	24,09	5,8	C
3	CsNF-YB3	238	26,47	6,7	M*
4	CsNF-YB4	157	17,66	8,4	-
5	CsNF-YB5	335	37,27	9,2	-
6	CsNF-YB6	186	20,24	6,5	-
7	CsNF-YB7	231	25,36	6,1	C
8	CsNF-YB8	270	30,25	5,8	-
9	CsNF-YB9	140	15,64	5,6	-
10	CsNF-YB10	102	11,26	9,6	M*
11	CsNF-YB11	174	18,99	5,7	-
12	CsNF-YB12	78	8,92	8,0	-
13	CsNF-YB13	175	18,87	5,8	-
14	CsNF-YB14	231	24,97	5,1	-
15	CsNF-YB15	143	16,24	6,4	-
16	CsNF-YB16	205	22,93	8,8	C
17	CsNF-YB17	188	20,91	5,4	-
18	CsNF-YB18	221	24,10	6,3	-
19	CsNF-YB19	157	17,36	4,7	-

Ghi chú: L: Kích thước (amino acid), mW: Trọng lượng phân tử (kDa), pI: Điểm đẳng điện, C: Lục lạp, M: Ty thể, *: Độ tin cậy cao

3.3. Kết quả khai thác mức độ biểu hiện của các gen mã hóa NF-YB trong điều kiện thường

Mức độ biểu hiện của các gen CsNF-YB ở 4 mô, cơ quan chính được khai thác trên cơ sở dữ liệu RNA-Seq (tính bằng đơn vị RPKM - Reads per Kilobase per Million-mapped Reads) đã công bố gần đây (Wang *et al.*, 2014). Kết quả phân tích sau đó được thể hiện ở hình 2.

Thông qua giá trị RPKM đạt được, hầu hết các gen *CsNF-YB* đều được tăng cường phiên mã tại ít nhất 1 mô hoặc cơ quan chính. Ví dụ như gen *CsNF-YB6* được tăng cường phiên mã ở lá, trong khi *CsNF-YB3* và *CsNF-YB7* có thể được tích lũy nhiều ở callus. Đặc biệt, một số gen như *CsNF-YB13*, *CsNF-YB19* và *CsNF-YB5* có mức độ biểu hiện rất mạnh ở cả 4 mô, cơ quan chính trên cây cam ngọt, chứng tỏ rằng các gen này có thể tham gia vào nhiều quá trình trong tế bào, có lẽ cũng liên quan đến cơ chế đáp ứng điều kiện ngoại cảnh bất lợi ở cam ngọt.

IV. KẾT LUẬN

Đã xác định được 19 gen mã hóa cho tiểu phần NF-YB ở hệ gen cam ngọt. Hầu hết các gen này phân bố rải rác trên bộ nhiễm sắc thể của cam ngọt, ngoại trừ 2 gen *CsNF-YB18* và *CsNF-YB19* chưa được chú giải đầy đủ trên hệ tham chiếu hiện tại.

Cấu trúc gen của họ *CsNF-YB* rất đa dạng về chiều dài và sự sắp xếp exon/intron, trong khi kích thước và trọng lượng của *CsNF-YB* cũng biến thiên. Trong số đó, *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 xuất/nhập qua màng sinh học để được thực hiện chức năng trong tế bào. Giá trị pI và dự đoán TargetP cho thấy họ NF-YB có thể cư trú ở rất nhiều vị trí để thực hiện chức năng điều hòa trong tế bào.

Hầu hết các gen *CsNF-YB* đều được tăng cường phiên mã tại ít nhất 1 mô hoặc cơ quan chính. Gen *CsNF-YB6* được tăng cường phiên mã ở lá, trong khi *CsNF-YB3* và *CsNF-YB7* có thể được tích lũy nhiều ở callus. Một số gen như *CsNF-YB13*, *CsNF-YB19* và *CsNF-YB5* có mức độ biểu hiện rất mạnh ở cả 4 mô, cơ quan chính trên cây cam ngọt, chứng tỏ rằng các gen này có thể tham gia vào nhiều quá trình trong tế bào, có lẽ cũng liên quan đến cơ chế đáp ứng điều kiện ngoại cảnh bất lợi ở cây cam ngọt.

***In silico* analysis of the genes encoding transcription factor Nuclear factor -YB in the sweet orange (*Citrus sinensis*)**

Chu Duc Ha, Nguyen Thu Trang,
Doan Thi Hai Duong, Vu Thi Thu Hien,
Nguyen Van Giang, Pham Thi Ly Thu, Le Tien Dung

Abstract

In this study, gene family encoding NF-YB (Nuclear factor-YB) was identified in the sweet orange genome (*Citrus sinensis*) by using various bioinformatics approaches. As a result, 19 genes, named *CsNF-YB*, were annotated in the sweet orange genome. Our structural analyses showed a range of differences of the length and exon/intron organization between *CsNF-YB* genes. Next, the features of *CsNF-YB* subunits were investigated to be variable.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Emanuelsson, O., Brunak, S., von Heijne, G., Nielsen, H., 2007. Locating proteins in the cell using TargetP, SignalP and related tools. *Nat Protocols*, 2(4): 953-971.
- Gasteiger, E., Gattiker, A., Hoogland, C., Ivanyi, I., Appel, R.D., Bairoch, A., 2003. ExPASy: The proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis. *Nucleic Acids Res*, 31(13): 3784-3788.
- Hu, B., Jin, J., Guo, A.Y., Zhang, H., Luo, J., Gao, G., 2015. GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*, 31(8): 1296-1297.
- Li, S., Li, K., Ju, Z., Cao, D., Fu, D., Zhu, H., Zhu, B., Luo, Y., 2016. Genome-wide analysis of tomato NF-Y factors and their role in fruit ripening. *BMC Genomics*, 17:36.
- Miyoshi, K., Ito, Y., Serizawa, A., Kurata, N., 2003. OsHAP3 genes regulate chloroplast biogenesis in rice. *Plant J*, 36(4): 532-540.
- Mu, J., Tan, H., Hong, S., Liang, Y., Zuo, J., 2013. Arabidopsis transcription factor genes NF-YA1, 5, 6, and 9 play redundant roles in male gametogenesis, embryogenesis, and seed development. *Mol Plant*, 6(1): 188-201.
- Quach, T.N., Valliyodan, B., Joshi, T., Xu, D., Nguyen, H.T., 2015. Genome-wide expression analysis of soybean NF-Y genes reveals potential function in development and drought response. *Mol Genet Genomics*, 290(3): 1095-1115.
- Wang, J., Chen, D., Lei, Y., Chang, J.W., Hao, B.H., Xing, F., Li, S., Xu, Q., Deng, X.X., Chen, L.L., 2014. *Citrus sinensis* annotation project (CAP): a comprehensive database for sweet orange genome. *PloS one*, 9: e87723.
- Xu, Q., Chen, L.L., Ruan, X., Chen, D., Zhu, A., Chen, C., Bertrand, D., Jiao, W.B., Lei, Y., Hu, Q., Miao, Y., Wang, L., Xu, J., Liu, J.H., Guo, W.W., Zhang, H.Y., Nagarajan, N., Deng, X.X., Ruan, Y., 2013. The draft genome of sweet orange (*Citrus sinensis*). *Nat Genet*, 45(1): 59-66.

Among them, CsNF-YB4, -YB9, -YB10, -YB11, -YB12, -YB13, -YB15 and -YB19 had average sizes and molecular weights, suggesting that they could be easily passed through the membranes. The analysis of pI values and the TargetP prediction of NF-YB family suggested that these subunits might be distributed in many organelles to play their important roles in the cell. Finally, based on the available RNA-Seq data, most of CsNF-YB genes were strongly expressed in at least 1 major tissue/organ. CsNF-YB6 were up-regulated in leaf, while CsNF-YB3 and CsNF-YB7 were highly expressed in callus. Interestingly, some genes, including CsNF-YB13, -YB18 and -YB5 were specifically expressed in whole 4 major tissues/organs in sweet orange plant.

Key words: Sweet orange, *in silico*, Nuclear factor-YB, bioinformatics

Ngày nhận bài: 16/3/2017

Ngày phản biện: 20/3/2017

Người phản biện: TS. Trần Danh Sửu

Ngày duyệt đăng: 24/3/2017

KẾT QUẢ ĐÁNH GIÁ SINH TRƯỞNG PHÁT TRIỂN BỘ GIỐNG LÚA *JAPONICA* CHỊU LẠNH TẠI HUYỆN QUẾ PHONG, NGHỆ AN

Phạm Thị Hằng¹, Trịnh Thị Mỹ Hạnh¹,
Phạm Văn Tuấn¹, Đặng Trọng Lương¹

TÓM TẮT

Nghiên cứu tuyển chọn bộ giống lúa chịu lạnh (*Japonica*) phù hợp điều kiện khí hậu huyện Quế Phong, Nghệ An được thực hiện tại xã Mường Nọc vào vụ Mùa 2015 và vụ Xuân 2016. Kết quả nghiên cứu sinh trưởng và phát triển của 6 giống ở các thời vụ cho thấy: Hai giống J02 và QJ4 có triển vọng nhất, phù hợp với điều kiện ở địa phương. Cả 2 giống đều có khả năng chống chịu sâu bệnh tốt, năng suất thực tế và năng suất lý thuyết cao hơn các giống còn lại ở mức ý nghĩa $\alpha = 0,05$. Giống J02 đạt năng suất 80,32 tạ/ha ở vụ Mùa và 87,65 tạ/ha vụ Xuân, còn giống QJ4 đạt năng suất là 79,84 tạ/ha và 87,96 tạ/ha ở hai mùa vụ tương ứng. Kết quả phân tích một số chỉ tiêu chất lượng gạo cũng cho thấy hai giống này cũng cao hơn các giống khác về hàm lượng protein, độ ngon, độ dẻo, hàm lượng amylose 10,87% đến 11,62%, tỷ lệ gạo nguyên cao.

Từ khóa: Lúa *Japonica*, giống lúa J02, QJ4, năng suất, chất lượng, huyện Quế Phong, Nghệ An

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Việt Nam là một nước nông nghiệp với cây lương thực chủ yếu là lúa nước. Lịch sử phát triển của Việt Nam gắn liền với nền văn minh lúa nước. 100% dân số Việt Nam sử dụng lúa gạo là nguồn lương thực chính. Chính vì vậy, trong tái cơ cấu sản xuất ngành nông nghiệp thì tái cơ cấu sản xuất lúa gạo được đặt lên hàng đầu trong đó đặc biệt quan tâm đến những giống có chất lượng cao.

Trong những năm gần đây, bằng các nguồn nhập nội và lai tạo của nhiều tác giả trong nước đã chọn tạo được một số giống lúa thuộc loài phụ *Japonica* có khả năng chịu lạnh tốt, có tiềm năng, năng suất và chất lượng cao. Các giống lúa thuộc loài phụ *Japonica* thích hợp với vùng khí hậu ôn đới, cận nhiệt đới và có thể trồng ở những nơi có độ cao trên 1000m so với mực nước biển (Nguyễn Tuấn Phong, 2014). Việc phát triển lúa *Japonica* trở thành hàng hóa là một hướng mới trong định hướng phát triển nông nghiệp của một số địa phương trong đó có Nghệ An.

Quế Phong là một huyện miền núi của Nghệ An, nằm trong vùng kinh tế Tây Nghệ An. Nhiệt độ trung bình hàng năm ở đây thường thấp, dao động từ 22-24°C, đặc biệt mùa đông nhiệt độ xuống thấp đến 2 - 3°C (Cổng thông tin điện tử huyện Quế Phong, Nghệ An, 2011). Điều này ảnh hưởng lớn đến sản xuất nông nghiệp do mạ vụ xuân gặp rét, bị chết hoặc sinh trưởng phát triển kém làm năng suất giảm nghiêm trọng. Tại đây, lúa *Japonica* đã được trồng thử nghiệm từ năm 2011 và được đánh giá là giống có khả năng chịu lạnh khá, năng suất, chất lượng tốt, vượt trội so với những giống đang trồng ở địa phương.

Xuất phát từ những lý do trên, nghiên cứu đánh giá bộ giống lúa chịu lạnh (*Japonica*) được tiến hành nhằm tuyển chọn được giống lúa cho năng suất cao, chất lượng tốt phù hợp với điều kiện khí hậu của huyện Quế Phong - Nghệ An, từ đó xây dựng quy trình kỹ thuật canh tác cho địa phương.

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp