

O-GE04: VAI TRÒ CỦA HỌ GENE MÃ HÓA PROTEIN VẬN CHUYỂN SUCROSE LIÊN QUAN ĐẾN TÍNH CHỐNG CHỊU BẤT LỢI Ở LẠC (*Arachis hypogaea*)

Chu Đức Hà¹, Hoàng Thị Hải Yến^{1,2}, Lê Thị Ngọc Quỳnh³, Phạm Thị Ngọc Bích^{1,4}, Hoàng Minh Chính^{1,4}, La Việt Hồng², Phạm Phương Thu², Nguyễn Thị Minh Nguyệt¹, Lê Hùng Linh¹, Lê Huy Hàm^{1,5}, Nguyễn Quốc Trung⁴, Phạm Xuân Hội¹

¹ Viện Di truyền Nông nghiệp, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

² Khoa Sinh - Kỹ thuật Nông nghiệp, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội 2

³ Khoa Hóa và Môi trường, Trường Đại học Thủy lợi

⁴ Khoa Công nghệ Sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

⁵ Khoa Công nghệ Nông nghiệp, Trường Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội

TÓM TẮT

Trong nghiên cứu này, tổng số 15 sự kiện lặp (duplication event) đã được dự đoán trong họ gene *AhySWEET*. Tất cả các cặp gene lặp đều được xuất phát từ hiện tượng lặp đoạn xảy ra trên các nhiễm sắc thể (segmental duplication) trong genome của lạc. Tính toán trị số thay thế đồng nghĩa (Ks) và trái nghĩa (Ka) cho thấy chọn lọc tự nhiên đã kìm hãm các đột biến điểm xảy ra trong các cặp gene lặp. Tiếp theo, nghiên cứu đã chỉ ra rằng họ protein *AhySWEET* chủ yếu gồm bảy cấu trúc xoắn cuộn xuyên màng (*trans*- membrane helices) và được phân bố chủ yếu tại các cơ quan tiết (secretory pathway) trong tế bào. Khai thác dữ liệu biểu hiện đã chứng minh các cặp gene lặp cùng thể hiện xu hướng biểu hiện giống nhau tại mẫu rễ xử lý mặn. Cụ thể, các cặp gene *AhySWEET13/37* và *10/34* có mức độ phiên mã giảm, trong khi biểu hiện của hai gene *AhySWEET16/40* tăng ở rễ trong giai đoạn đầu của xử lý mặn. Nghiên cứu này sẽ được tiếp tục nhằm tìm hiểu vai trò của họ gene *AhySWEET* trong đáp ứng đa bất lợi ở lạc.

Từ khóa: Gene lặp, lạc, mặn, SWEET, vận chuyển đường.

ROLES OF GENES ENCODING SUCROSE TRANSPORTER IN THE STRESS RESPONSES IN PEANUT (*Arachis hypogaea*)

Chu Duc Ha¹, Hoang Thi Hai Yen^{1,2}, Le Thi Ngoc Quynh³, Pham Thi Ngoc Bich^{1,4}, Hoang Minh Chinh^{1,4}, La Viet Hong², Pham Phuong Thu², Nguyen Thi Minh Nguyet¹, Le Hung Linh¹, Le Huy Ham^{1,5}, Nguyen Quoc Trung⁴, Pham Xuan Hoi¹

¹ Agricultural Genetics Institute, Vietnam Academy of Agricultural Sciences

² Faculty of Biology - Agricultural engineering, Hanoi Pedagogical University 2

³ Faculty of Chemistry and Environment, Thuyloi University

⁴ Faculty of Biotechnology, Vietnam National University of Agriculture

⁵ Faculty of Agricultural technology, University of Engineering and Technology, Vietnam National University

SUMMARY

In this study, a total of 15 duplication events has been found and analyzed in the *AhySWEET* gene family in peanut. All duplicated genes were noted to occur from the segmental duplication events in the peanut's genome. The synonymous (Ks) and non-synonymous (Ka) mutation rate of these events indicated the strongly purifying selection occurring in the evolution of these *AhySWEET* gene families. Next, we also found that the most of *AhySWEET* proteins contained seven *trans*- membrane helices and were mapped on the secretory pathway. According to the transcriptome atlas, we found that the duplicated genes shared the similar expression patterns in roots under the salt stress treatments. Particularly, the expression of *AhySWEET13/37* and *10/34* were reduced, whereas, that for *AhySWEET16/40* were strongly increased in roots at the early stage of the treatments. Taken together, our study would provide the fundamental information for further functional characterization of *AhySWEET* genes of peanut in multi-stress response.

Keywords: Gene duplication, peanut, salt, SWEET, sucrose transporter.

* Author for correspondence: Tel: + 84 983 766 070; Email: hachu_amser@yahoo.com