

I. CÔNG NGHỆ GEN

P-GE01: 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, Đại học Sư phạm Hà Nội 2

³ Khoa Hóa và Môi trường, Đại học Thủy lợi

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

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

TÓM TẮT

Protein vận chuyển sucrose, SWEET (Sugars Will Eventually be Exported Transporter) là một trong những nhóm protein chức năng tham gia vào các quá trình quan trọng diễn ra ở thực vật. Nhóm protein SWEET đã được nghiên cứu trên rất nhiều đối tượng thực vật, tuy nhiên, chưa có báo cáo nào về họ SWEET ở cây lạc (*Arachis hypogaea*), một trong những cây họ Đậu quan trọng ở Việt Nam hiện nay. Trong nghiên cứu này, tổng số 43 thành viên của họ protein AhySWEET đã được ghi nhận trên dữ liệu của lạc. Họ gene *AhySWEET*, trong đó gồm 15 sự kiện lặp gene xuất phát từ hiện tượng lặp đoạn xảy ra trên các nhiễm sắc thể, phân bố rải rác trên genome của lạc. Các phân tích đặc tính cơ bản cho thấy họ AhySWEET chia sẻ những tính chất lý hóa (điểm đẳng điện, độ bất ổn định, độ ưa nước) và cấu trúc gene (exon/intron) tương tự như ở những loài thực vật khác. Đánh giá *in silico* dữ liệu biểu hiện đã chỉ ra các gene *AhySWEET* ứng viên có đáp ứng mạnh tại một số vị trí trong điều kiện thường và điều kiện bất lợi. Kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những dẫn liệu quan trọng về họ AhySWEET liên quan đến đáp ứng bất lợi, từ đó hướng đến việc nâng cao đặc tính chống chịu đa yếu tố ở cây lạc nói riêng và thực vật nói chung.

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 Nguyệt¹, 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 Technology, Hanoi Pedagogical University 2

³ Faculty of Chemistry and Environment, Thuy Loi University

⁴ Faculty of Biotechnology, Vietnam National University of Agriculture

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

SUMMARY

Sucrose transporter, 'SWEET' (namely Sugars Will Eventually be Exported Transporter) has been regarded as one of the functional proteins that play a key role in various biological processes in the plant. Up till now, SWEETs have been reported in many plant species, unfortunately, no information of SWEETs has been described in peanut (*Arachis hypogaea*). In the present study, a total of 43 members of AhySWEET family has been reported in the peanut genome. We found that these genes, including 15 segmental duplicated pairs, were distributed on the genome with an uneven ratio. Next, our *in silico* analyses revealed that the AhySWEET family share similar physical and chemical characterizations (such as theoretical pI, instability index, and grand average of hydropathicity) and gene structures (exon/intron organization) with other plant species. Our re-analysis also indicated that *AhySWEET* genes were induced in at last one organ/tissue in normal condition and abiotic stress(es). Taken together, our study could provide a solid foundation for the role of AhySWEET in the stress response, consequently, towards the improvement of stress tolerance in peanuts, perhaps in plants.

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

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