

# XÁC ĐỊNH VÀ PHÂN TÍCH CÁC GENE HSP70 Ở CÂY CỦ CẢI ĐƯỜNG (*Beta vulgaris* L.) BẰNG PHƯƠNG PHÁP TIN SINH HỌC

Lê Thị Mận, Trần Thị Mai Lan, Chu Thị Bích Ngọc,  
Nguyễn Thị Thanh Hương, Nguyễn Phương Quý, Cao Phi Bằng\*

Trường Đại học Hùng Vương

## TÓM TẮT

Ở thực vật, họ gene Hsp70 đóng vai trò quan trọng trong quá trình sinh trưởng, phát triển và phản ứng với các điều kiện bất lợi phi sinh học. Nghiên cứu này nhằm xác định và phân tích đặc điểm họ Hsp70 ở cây củ cải đường. Kết quả nghiên cứu cho thấy có 32 thành viên họ gene Hsp70 đã được xác định trong hệ gene của cây củ cải đường. Ngoại trừ 3 gene (*BvHsp70-11*, *BvHsp70-20* và *BvHsp70-24*), tất cả các *BvHsp70* còn lại đều là các gene phân mảnh với số lượng exon nằm trong khoảng từ 2 đến 14. Các *BvHsp70* mang các đặc điểm hóa lí đặc trưng đã được phát hiện ở các Hsp70 ở nhiều loài thực vật khác như phân lớn các *BvHsp70* có tính acid, ưa nước. Các *BvHsp70* được phát hiện có thể phân bố trong ti thể (*BvHsp70-28* và *BvHsp70-32*), lục lạp (*BvHsp70-19* và *BvHsp70-27*), lưới nội chất (*BvHsp70-23* và *BvHsp70-25*) và trong dịch bào (các *BvHsp70* còn lại). Dựa trên kết quả phân tích cây phát sinh chủng loại, các *BvHsp70* được xếp vào 5 nhóm, từ nhóm I đến nhóm V, trong đó nhóm V (phân bố trong dịch tế bào) có số lượng thành viên nhiều nhất. Những phát hiện này sẽ là cơ sở cho các nghiên cứu sâu hơn về tách dòng gene, phân tích biểu hiện, chức năng của các gene Hsp70 ở cây củ cải đường.

*Từ khóa:* Cây Củ cải đường, cấu trúc gene, cây phát sinh chủng loại, đặc điểm hóa-lí, Hsp70.

## MỞ ĐẦU

Củ cải đường (*Beta vulgaris* L.) là một nguồn thực phẩm giàu chất dinh dưỡng bao gồm vitamin, khoáng chất, chất xơ, protein và nhiều chất có hoạt tính sinh học, chủ yếu bao gồm betalain và các thành phần khác có hoạt tính chống oxy hóa như coumarin, carotenoid, sesquiterpenoids, triterpenes và flavonoid (Singh *et al.*, 2014; Mirmiran *et al.*, 2020). Củ cải đường và các sản phẩm của nó mang lại nhiều lợi ích cho sức khỏe và có thể giúp ngăn ngừa nhiều loại bệnh như phòng ngừa tiểu đường, bảo vệ gan, hạ huyết áp và làm lành vết thương (Domínguez *et al.*, 2017, 2018; Bangar *et al.*, 2022; Mirmiran *et al.*, 2020). Vì vậy, các nghiên cứu để nâng cao năng suất, chất lượng và khả năng chống chịu với các điều kiện môi trường bất lợi của cây Củ cải đường rất được chú trọng.

Các protein sốc nhiệt 70 kD (HSP70) đại diện cho một nhóm phân tử được phân bố rộng rãi trong tất cả các giới của sự sống, đóng vai trò sinh học quan trọng trong sự sinh trưởng, phát triển và khả năng chống stress của thực vật (Usman *et al.*, 2017, Chen *et al.*, 2019, Berka *et al.*, 2022, Xu *et al.*, 2024). Các Hsp70 có chức năng duy trì cấu trúc gấp nếp, ngăn cản sự kết tủa protein khi tế bào thực vật bị stress, do đó, các Hsp70 có vai trò rất quan trọng đối với tính chống chịu của thực vật (Usman *et al.*, 2017). Đến nay họ gene Hsp70 đã được xác định và phân tích ở nhiều loài thực vật khác nhau, chẳng hạn như *Arabidopsis thaliana* (18 gene) (Lin *et al.*, 2001), khoai tây (*Solanum tuberosum*) (20 gene) (Liu *et al.*, 2018), diêm mạch (*Chenopodium quinoa*) (16 gene) (Liu *et al.*, 2018), bắp cải (*Brassica oleracea* var. capitata) (52 gene) (Su *et al.*, 2019), đậu xanh (*Vigna radiata*) (32 gene) (Jasrotia *et al.*, 2019), bí đỏ (*Cucurbita moschata*) (21 gene) (Davoudi *et al.*, 2022). Tuy nhiên họ gene này chưa được nghiên cứu ở Củ cải đường.

Nghiên cứu này hướng tới mục tiêu xác định và phân tích đặc điểm các gene Hsp70 bằng phương pháp tin sinh học ở cây Củ cải đường. Kết quả nghiên cứu này sẽ là cơ sở cho các nghiên cứu chuyên sâu về tách dòng gene, phân tích chức năng của các gene trong họ HSP70 và chọn giống cây Củ cải đường trong đáp ứng các điều kiện bất lợi của môi trường.

## PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

**Cơ sở dữ liệu:** Hệ gene của cây Củ cải đường (*Beta vulgaris* L.) đã được giải trình tự (Dohm *et al.*, 2014, McGrath *et al.*, 2020) được đặt trên trang phytozome ([https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Bvulgarisssp\\_vulgaris\\_EL10\\_2\\_2](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Bvulgarisssp_vulgaris_EL10_2_2)).

**Phương pháp nghiên cứu:**

*Phương pháp xác định gene Hsp70 trong hệ gene cây củ cải đường:* Chương trình TBLASTN (Gertz *et al.*, 2006) được sử dụng để tìm kiếm các gene tương đồng trên toàn hệ gene của cây Củ cải đường, các protein Hsp70 của

## HỘI NGHỊ KHOA HỌC TOÀN QUỐC VỀ CÔNG NGHỆ SINH HỌC 2024

cây *Arabidopsis thaliana* (mã số Genbank: CAB85987, CAB85986, AAF14038, BAB02269, AAF18501, CAB45063, BAA97012, AAD15393, CAB37531, CAB89371, AAF88019, BAB08435, AAB70400, AAG51503, AAG52240, AAG52244, AAD30257) (Lin *et al.*, 2001; Sung *et al.*, 2001) được sử dụng làm khuôn dò.

*Phân tích in silico các đặc điểm lí, hóa lí thuyết của các protein:* Các đặc điểm vật lí, hóa học của các protein nghiên cứu được phân tích nhờ phần mềm của ExPASy (Expert Protein Analysis System; Gasteiger *et al.*, 2003).

Dự đoán vị trí phân bố dưới tế bào: Vị trí phân bố dưới tế bào của các Hsp70 của cây củ cải đường được xác định *in silico* bằng cách sử dụng công cụ Yloc (Briesemeister *et al.*, 2010).

*Phân tích in silico cấu trúc của các gene mã hóa Hsp70:* Cấu trúc intron-exon của các gene được xây dựng bằng công cụ Gene structure display server v2 (GSDS) (Hu *et al.*, 2015). gDNA và CDS được đưa vào máy chủ hiển thị cấu trúc gene (GSDS) để xây dựng cấu trúc exon/intron.

*Tạo cây phả hệ:* Các trình tự protein Hsp70 của các loài *Arabidopsis*, diêm mạch và củ cải đường được sắp hàng bằng cách dùng phần mềm MAFFT (Kato *et al.*, 2013). Cây phát sinh chủng loại được xây dựng bằng phần mềm MEGA 11 nhờ sử dụng phương pháp Maximum Likelihood và tuân theo các tham biến: mẫu Jones-Taylor-Thomton (JTT), dữ liệu được xử lí là tất cả các vị trí và phương pháp Bootstrap với 1000 lần lặp lại (Tamura *et al.* 2021).

### KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

#### Kết quả xác định của họ gene Hsp70 và đặc điểm hóa lí của các BvHsp70

Tổng số 32 gene của họ Hsp70 đã được xác định từ hệ gene của cây Củ cải đường (Bảng 1). Như vậy, số lượng thành viên của họ HSP70 ở cây củ cải đường bằng với họ gene này ở cây đậu xanh (*Vigna radiata*) (32 gene) (Jasrotia *et al.*, 2019), nhưng lớn hơn ở cây *A. thaliana* (18 gene) (Lin *et al.*, 2001), bí đỏ (*Cucurbita moschata*) (21 gene) (Davoudi *et al.*, 2022), cũng như cây sắn (*Manihot esculanta*) (22 gene) (Đông Thị Xiêm *et al.*, 2022). Số lượng gene Hsp70 ở cây củ cải đường cũng lớn hơn ở cây diêm mạch (16 gene theo nghiên cứu trước đây (Liu *et al.*, 2018), 24 gene theo nghiên cứu bổ sung của chúng tôi). Tuy nhiên, số lượng gene Hsp70 của cây củ cải đường ít hơn ở cây cải bắp (*Brassica oleracea* var. *capitata*) (52 gene) (Su *et al.*, 2019).

**Bảng 1. Đặc điểm cấu trúc, hóa lí của các gene trong họ Hsp70 trong hệ gene cây củ cải đường**

Gene	Locus	GS (bp)	PL (aa)	mW (kDa)	pl	GRAVY	SLC
BvHsp70-01	Bevul.1G090100	2921	599	66,14	6,19	-0,274	C
BvHsp70-02	Bevul.1G090200	3410	642	71,20	5,62	-0,308	C
BvHsp70-03	Bevul.1G090400	3165	624	69,30	6,10	-0,305	C
BvHsp70-04	Bevul.1G090500	2888	650	71,98	5,28	-0,278	C
BvHsp70-05	Bevul.1G090600	3197	631	69,83	5,11	-0,344	C
BvHsp70-06	Bevul.1G090700	2260	627	70,24	5,57	-0,415	C
BvHsp70-07	Bevul.1G090800	5770	442	50,58	6,60	-0,527	C
BvHsp70-08	Bevul.1G090900	2972	631	69,70	5,24	-0,334	C
BvHsp70-09	Bevul.1G091000	2717	627	69,96	6,51	-0,281	C
BvHsp70-10	Bevul.1G091100	2255	624	69,65	5,63	-0,375	C
BvHsp70-11	Bevul.1G091200	1713	570	64,52	7,92	-0,418	C
BvHsp70-12	Bevul.1G091300	5028	638	70,96	5,46	-0,332	C
BvHsp70-13	Bevul.1G091400	2639	602	66,78	7,51	-0,250	C
BvHsp70-14	Bevul.1G091500	3557	623	69,93	6,25	-0,290	C
BvHsp70-15	Bevul.1G091700	5270	641	71,18	5,60	-0,332	C
BvHsp70-16	Bevul.1G091800	2222	637	71,30	6,41	-0,345	C
BvHsp70-17	Bevul.1G092000	2405	579	64,72	5,45	-0,266	C
BvHsp70-18	Bevul.1G092400	4191	582	65,55	5,81	-0,398	C
BvHsp70-19	Bevul.1G202400	3832	700	75,41	5,14	-0,320	Cp
BvHsp70-20	Bevul.1G209700	1968	655	71,78	5,37	-0,423	C
BvHsp70-21	Bevul.2G099600	2859	651	71,30	5,13	-0,395	C
BvHsp70-22	Bevul.2G099800	2758	647	71,02	5,10	-0,427	C
BvHsp70-23	Bevul.3G034500	3517	665	73,34	4,98	-0,449	ER
BvHsp70-24	Bevul.3G138300	1716	571	62,07	5,28	0,056	C
BvHsp70-25	Bevul.4G205100	4079	664	73,77	5,15	-0,470	ER

## CÔNG NGHỆ GEN

BvHsp70-26	Bevul.5G261000	8357	894	99,20	5,17	-0,421	C
BvHsp70-27	Bevul.6G153600	3908	713	75,75	5,16	-0,302	Cp
BvHsp70-28	Bevul.6G225800	3672	679	72,79	5,43	-0,282	M
BvHsp70-29	Bevul.7G208800	3027	648	71,28	5,17	-0,474	C
BvHsp70-30	Bevul.8G056100	14003	737	82,24	5,31	-0,392	C
BvHsp70-31	Bevul.9G203400	4941	850	93,50	5,20	-0,413	C
BvHsp70-32	Bevul.9G216900	3359	678	72,59	5,53	-0,309	M

Chú thích: GS = Kích thước gene, PL = Chiều dài phân tử protein, MW = Khối lượng phân tử protein, pl = Điểm đẳng điện, GRAVY = Độ ưa nước trung bình, SCL = Vị trí phân bố dưới tế bào, bp: Base pair, aa = Amino acid, C = Dịch bào, ER = Lưới nội chất, M = Tế bào, Cp = Lục lạp.

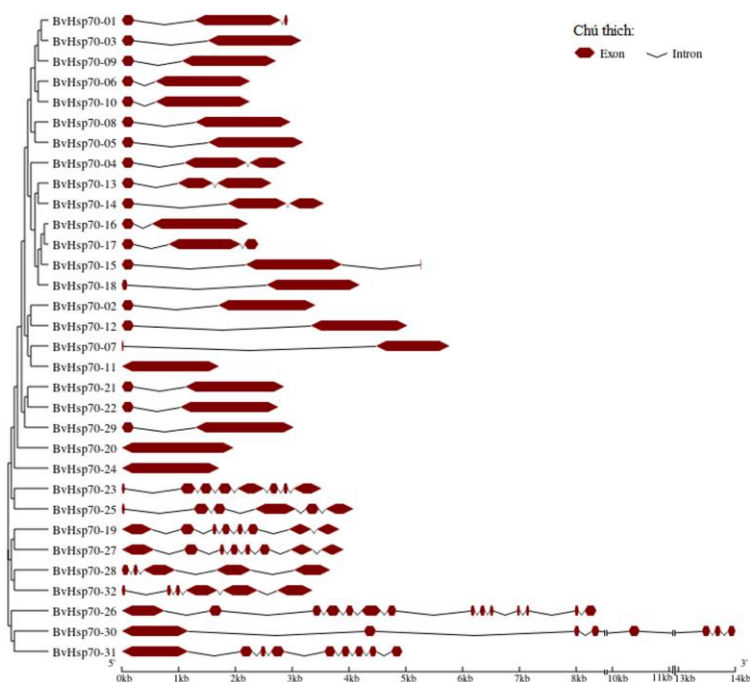
Kích thước các gene trong họ này dao động từ 1713 bp (*BvHsp70-11*) đến 14003 bp (*BvHsp70-30*). Các protein suy diễn có chiều dài trong khoảng từ 442 cho đến 894 aa, khối lượng phân tử dao động từ 50,58 đến 99,20 kDa. Chỉ số pl của các protein suy diễn từ các gene trong họ này nằm trong khoảng từ 4,98 tới 7,92, trong đó phần lớn protein có tính acid ngoại trừ *BvHsp70-11* (pl=7,92) và *BvHsp70-13* (pl=7,51). Chỉ số Gravy của 31 trên tổng số 32 protein thuộc họ này nhỏ hơn 0 (ngoại trừ *BvHsp70-24*), điều đó cho thấy rằng các phân tử này là protein ưa nước (Bảng 1). Các đặc điểm này khá tương đồng với các đặc điểm của Hsp70 của cây *A. thaliana* (Lin *et al.*, 2001), sắn (Đồng Thị Xiêm *et al.*, 2022), ca cao (La, 2022).

### Dự đoán vị trí phân bố dưới tế bào của các protein

Kết quả dự đoán vị trí phân bố dưới tế bào đã chỉ ra rằng *BvHsp70-19* và *BvHsp70-27* phân bố trong lục lạp, *BvHsp70-28* và *BvHsp70-32* phân bố trong ti thể, *BvHsp70-23* và *BvHsp70-25* phân bố trên màng lưới nội chất. Các phân tử Hsp70 còn lại được dự đoán phân bố trong dịch bào (Bảng 1). Kết quả nghiên cứu của chúng tôi tương đồng với các kết quả nghiên cứu trước đó ở cây ca cao (La, 2022), diêm mạch (Liu *et al.*, 2018).

### Đặc điểm cấu trúc gene của họ *BvHsp70* gene

Ngoại trừ 3 gene *BvHsp70-11*, *BvHsp70-20* và *BvHsp70-24* mã hóa liên tục, các *BvHsp70* còn lại đều là các gene phân mảnh, số exon của các gene *BvHsp70* phân mảnh này nằm trong khoảng từ 2 đến 14 (Hình 1). Có 14 trên tổng số 32 gene *BvHsp70* có 2 exon, 6 gene có 3 exon (*BvHsp70-01*, *BvHsp70-04*, *BvHsp70-13*, *BvHsp70-14*, *BvHsp70-15*, *BvHsp70-17*), 1 gene có 5 exon (*BvHsp70-28*), 2 gen có 6 exon (*BvHsp70-25*, *BvHsp70-32*), 4 gene có 8 exon (*BvHsp70-19*, *BvHsp70-23*, *BvHsp70-27*, *BvHsp70-30*), 1 gene thuộc họ này có 9 exon (*BvHsp70-31*), 14 exon (*BvHsp70-26*) (Hình 1).



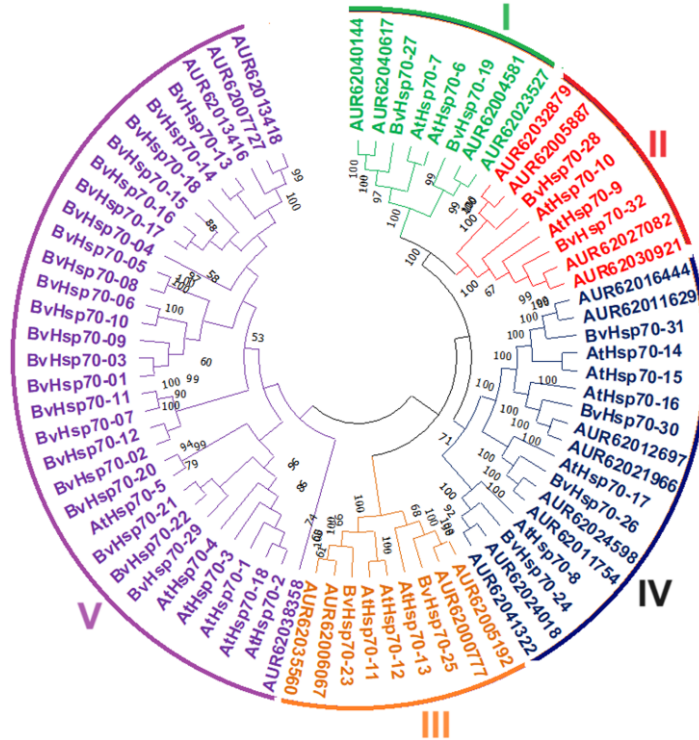
Hình 1. Cấu trúc gene của họ *BvHsp70* trong hệ gene cây củ cải đường

Hiện tượng cấu trúc exon đa dạng của các gene *BvHsp70* này cũng được ghi nhận trong các báo cáo trước đây của họ gene Hsp70 ở các loài thực vật khác như cây đậu tương (*Glycine max* L.) (Zhang, 2015), khoai tây

(*Solanum tuberosum*) (Liu *et al.*, 2018), bắp cải (*Brassica oleracea*) (Su *et al.*, 2019), ca cao (*Theobroma cacao*) (La, 2022), củ cải (*Raphanus sativus* L.) (Pan *et al.*, 2024).

**Phân tích phát sinh chủng loại họ Hsp70 ở cây Củ cải đường**

Để tìm hiểu mối quan hệ tiến hóa của các gene Hsp70, phân tích phát sinh chủng loại đã được tiến hành trên cơ sở các trình tự protein Hsp70 của cây Củ cải đường và cây *A. thaliana* (Hình 2).



**Hình 2. Sơ đồ cây phát sinh chủng loại được xây dựng từ các Hsp70 của cây củ cải đường (Bv), diêm mạch (Cq) và *A. thaliana* (At)**

Cây phát sinh chủng loại cho phép phân loại các Hsp70 thành 5 nhóm. Nhóm I bao gồm hai thành viên (BvHsp70-19 và BvHsp70-27), tương đồng với các Hsp70 phân bố ở lục thể của cây *A.thaliana*. Nhóm II gồm hai thành viên (BvHsp70-28 và BvHsp70-32), tương đồng với các Hsp70 phân bố ở ti thể của cây *A.thaliana*. Nhóm III cũng gồm hai thành viên (BvHsp70-23 và BvHsp70-25), tương đồng với các Hsp70 gắn với màng lưới nội chất của cây *A.thaliana*. Nhóm IV gồm bốn thành viên (BvHsp70-24, BvHsp70-26, BvHsp70-30, và BvHsp70-31), tương đồng với các Hsp110 của cây *A.thaliana*. Nhóm cuối cùng, nhóm V, gồm 22 thành viên, tương đồng với các Hsp70 phân bố trong dịch tế bào của cây *A. thaliana* (Hình 2). Sự sắp xếp các Hsp70 của cây củ cải đường vào 5 nhóm tương đồng với ở cây sắn và *A. thaliana* với 5 nhóm (Đồng Thị Xiêm *et al.*, 2022). Tuy nhiên, sự sắp xếp thành 5 nhóm này khác với ở cây củ cải (*R. sativus*) (Pan *et al.*, 2024), ở loài này, các Hsp70 được sắp xếp thành 6 nhóm. Ở cây diêm mạch, các Hsp70 cũng được sắp xếp thành 6 nhóm (I – VI) (Liu *et al.*, 2018), tuy nhiên trong nghiên cứu ở cây diêm mạch, chỉ có 16 Hsp70 được phát hiện nên số lượng Hsp70 ở nhóm phân bố trong dịch bào cần được hiệu đính. Rất đáng chú ý rằng, ở các nhóm I, II, III và IV, số lượng Hsp70 của cây củ cải đường ít hơn hai lần so với ở cây diêm mạch, nhưng ở nhóm V, số lượng Hsp70 của cây củ cải đường nhiều hơn 5,5 lần so với ở cây diêm mạch. Kết quả nghiên cứu này gợi ý rằng có một quá trình nhân gene Hsp70 nhóm V diễn ra mạnh mẽ ở cây củ cải đường.

**KẾT LUẬN**

Trong hệ gene của cây Củ cải đường có 32 thành viên của họ Hsp70 đã được xác định. Chiều dài các gene trong họ này dao động từ 1713 đến 14003 pb. Các protein suy diễn có chiều dài trong khoảng từ 442 đến 894 aa, khối lượng phân tử dao động từ 50,58 đến 99,20 kDa. Phần lớn các protein trong họ này có tính acid ngoại trừ 02 đại diện. Có 31 trên tổng số 32 protein thuộc họ này là protein ưa nước. Các gene này được xếp vào 5 nhóm trong đó nhóm V có số lượng thành viên nhiều nhất. Ngoại trừ 3 gene (*BvHsp70-11*, *BvHsp70-20* và *BvHsp70-24*) thì tất cả các *BvHsp70* còn lại đều là các gene phân mảnh, với số exon của các gene này nằm trong khoảng từ 2 đến 14. Phân tích *in silico* họ gene *Hsp70* ở cây củ cải đường có ý nghĩa lớn, là tiền đề cho việc tách dòng gene và phân tích chức năng của các gene trong họ Hsp70 ở loài cây này trong đáp ứng với các điều kiện stress.

**Lời cảm ơn:** Công trình này được hoàn thành với sự hỗ trợ kinh phí từ chương trình nghiên cứu khoa học cơ bản của Trường Đại học Hùng Vương (Đề tài mã số: 16/2022/HĐKH.HV16.2022).

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Bangar SP, Sharma N, Sanwal N, Lorenzo JM, Sahub JK (2022). Bioactive potential of beetroot (*Beta vulgaris*), *Food Res Int* 158, August 2022, 111556 <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111556>
- Berka M, Kopecká R, Berková V, Brzobohatý B, Černý M (2022). Regulation of heat shock proteins 70 and their role in plant immunity. *J Exp Bot*, 73(7): 1894-1909. doi:10.1093/jxb/erab549.
- Chen X, Shi L, Chen Y, Zhu L, Zhang D, Xiao S, Aharoni A, Shi J, Xu J (2019). Arabidopsis HSP70-16 is required for flower opening under normal or mild heat stress temperatures. *Plant, Cell* doi:<https://doi.org/10.1111/pce.13480>.
- Briesemeister S, Rahnenfuhrer J, Kohlbacher O (2010). YLoc--an interpretable web server for predicting subcellular localization. *Nucleic Acid Res*, 38(Web Server issue), W497-502. doi:10.1093/nar/gkq477
- Davoudi M, Chen J, Lou Q (2022). Genome-Wide Identification and Expression Analysis of Heat Shock Protein 70 (HSP70) Gene Family in Pumpkin (*Cucurbita moschata*) Rootstock under Drought Stress Suggested the Potential Role of these Chaperones in Stress Tolerance. *Int J Mol Sci*, 23(3): 1918. <https://doi.org/10.3390/ijms23031918>
- Dohm JC, Minoche AE, Holtgräwe D, Capella-Gutiérrez S, Zakrzewski F, Tafer H, Rupp O, Sörensen TR, Stracke R, Reinhardt R, Goesmann A, Schulz B, Stadler PF, Schmidt T, Gabaldón T, Lehrach H, Weisshaar B, Himmelbauer H (2014). The genome of the recently domesticated crop plant sugar beet (*Beta vulgaris*). *Nature*, 505: 546–549.
- Đông Thị Xiêm, Nguyễn Thị Oanh, Trần Thị Thanh Huyền, Trần Thị Mai Lan, Lê Thị Mận, Nông Thị Thu Huyền, Cao Phi Bằng (2022). Xác định và phân tích các gene mã hóa Hsp70 ở cây sắn (*Manihot esculanta*) bằng phương pháp tin sinh học, *Báo cáo khoa học về nghiên cứu và giảng dạy sinh học ở Việt Nam - Hội nghị khoa học quốc gia lần thứ 5*, 874-883 DOI: 10.15625/vap.2022.0098
- Domínguez R, Cuenca E, Maté-Muñoz J, García-Fernández P, Serra-Paya N, Estevan MC, Herreros PV, Garnacho-Castaño MV (2017). Effects of beetroot juice supplementation on cardiorespiratory endurance in athletes. *System Rev Nut*, 9(1): 43.
- Domínguez R, Maté-Muñoz JL, Cuenca E, García-Fernández P, Mata-Ordoñez F, Lozano-Estevan MC, et al (2018). Effects of beetroot juice supplementation on intermittent high-intensity exercise efforts. *J Int Soc Sports Nutr*, 15(1): 2.
- Gasteiger E, Gattiker A, Hoogland C, Ivanyi I, Appel RD (2003). ExpPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis. *Nucleic Acids Res*, 31: 3784-3788.
- Gertz EM, Yu YK, Agarwala R, Schaffer AA, Altschul SF (2006). Composition-based statistics and translated nucleotide searches: improving the TBLASTN module of BLAST. *BMC Biol*, 4: 41. doi:10.1186/1741-7007-4-41.
- Hu B, Jin J, Guo AY, Zhang H, Luo J, Gao G (2015). GSDS 2.0: An upgraded gene visualization server. *Bioinform*, 31(8): 1296-1297. doi:10.1093/bioinformatics/btu817.
- Jasrotia RS, Jaiswal S, Yadav PK, Raza M, Iqbal MA, Rai A, Kumar D (2019). Genome-Wide Analysis of HSP70 Family Protein in *Vigna radiata* and Coexpression Analysis Under Abiotic and Biotic Stress. *J Comput Biol*, 27(5): 738-754. doi:10.1089/cmb.2019.0166.
- Katoh K, Standley (2013). MAFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol Biol Evol*, 30: 772-800
- La VH (2022). Genome-Wide Identification and Analysis of Heat Shock Protein 70 Family in *Theobroma cacao*, *Pak J Biol Sci*, 25 (7): 608-618, 2022
- Lin BL, Wang JS, Liu HC, Chen RW, Meyer Y, Barakat A, Delseny M (2001). Genomic analysis of the Hsp70 superfamily in *Arabidopsis thaliana*. *Cell Stress Chaperones*, 6(3): 201-208. doi:10.1379/1466-1268(2001)0062.0.co;2.
- Liu J, Pang X, Cheng Y, Yin Y, Zhang Q, Su W, Hu B, Guo Q, Ha S, Zhang J, Wan H (2018). The Hsp70 gene family in *Solanum tuberosum*: Genome-wide identification, phylogeny, and expression patterns. *Sci Rep*, 8, 16628(2018). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-34878-7>.
- Liu J, Wang R, Liu W, Zhang H, Guo Y, Wen R (2018). Genome-Wide Characterization of Heat-Shock Protein 70s from *Chenopodium quinoa* and Expression Analyses of Cqhsps70s in Response to Drought Stress. *Genes (Basel)*, 9(2). doi:10.3390/genes9020035
- McGrath JM, Funk A, Galewski P, Ou S, Townsend B, Davenport K, Daligault H, Johnson S, Lee J, Hastie A, Darracq A, Willems G, Barnes S, Liachko I, Sullivan S, Koren S, Phillippy A, Wang J, Lu T, Pulman J, Childs K, Yocum A, Fermin D, Mutasa-Göttgenes E, Stevanato P, Taguchi K, Shu S, Naegele R, Dorn K. (2020). A contiguous de novo genome assembly of sugar beet EL10 (*Beta vulgaris* L.). *DNA Research*. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.09.15.298315>
- Mirmiran P, Houshialsadat Z, Gaeini Z, Bahadoran Z, Azizi F (2020). Functional properties of beetroot (*Beta vulgaris*) in management of cardio-metabolic diseases. *Nutrition & Metabolism*, 17,3. <https://doi.org/10.1186/s12986-019-0421-0>
- Pan X, Zheng Y, Lei K, Tao W, Zhou N (2024). Systematic analysis of Heat Shock Protein 70 (HSP70) gene family in radish and potential roles in stress tolerance. *BMC Plant Biol* 24, 2. <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04653-6>
- Singh B, Hathan BS (2014). Chemical composition, functional properties and processing of beetroot-a review. *Int J Sci Eng Res*, 5(1): 679-684.
- Su H, Xing M, Liu X, Fang Z, Yang L, Zhuang M, Zhang Y, Wang Y, Honghao Lv (2019). Genome-wide analysis of HSP70 family genes in cabbage (*Brassica oleracea* var. capitata) reveals their involvement in floral development. *BMC Genomics*, 20, 369. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5757-3>
- Sung D Y, Vierling E, Guy CL (2001). Comprehensive expression profile analysis of the Arabidopsis Hsp70 gene family. *Plant Physiol*, 126(2): 789-800. <https://doi.org/10.1104/pp.126.2.789>

Tamura K, Stecher G, Kumar S (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Mol Biol Evol*, 38(7): 3022-3027. doi:10.1093/molbev/msab120.

Xu T, Zhou H, Feng J, Guo M, Huang H, Yang P, Zhou J (2024). Involvement of HSP70 in BAG9-mediated thermotolerance in *Solanum lycopersicum*, *Plant Physiol Biochem*, Volume 207, <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2024.108353>

Usman MG, Rafii MY, Martini MY, Yusuff OA, Ismail MR, Miah G (2017). Molecular analysis of Hsp70 mechanisms in plants and their function in response to stress. *Biotechnol Genet Eng Rev*, 33(1): 26-39. doi:10.1080/02648725.2017.1340546.

Zhang L, Zhao HK, Dong QL, Zhang YY, Wang YM, Li HY, Xing GJ, Li QY, Dong YS (2015). Genome-wide analysis and expression profiling under heat and drought treatments of HSP70 gene family in soybean (*Glycine max* L.). *Front Plant Sci*, Vol. 6. 10.3389/fpls.2015.00773.

## IDENTIFYING AND ANALYZING HSP70 GENES IN SUGAR BEET (*Beta vulgaris* L.) BY USING BIOINFORMATICS METHODS

**Le Thi Man, Tran Thi Mai Lan, Chu Thi Bich Ngoc,  
Nguyen Thi Thanh Huong, Nguyen Phuong Quy, Cao Phi Bang\***

*Hung Vuong University*

### SUMMARY

The Hsp70 family plays an important role in plant growth, development, and response to adverse abiotic conditions. This study aims to identify and analyze the characteristics of the Hsp70 family in sugar beet. The results show that there are 32 genes of the Hsp70 gene family identified in the genome of sugar beet. Most *BvHsp70* genes are fragmented, with the number of exons ranging from 2 to 14, except for three genes, *BvHsp70-11*, *BvHsp70-20* and *BvHsp70-24*, respectively. The *BvHsp70*s possess characteristic physio-chemical properties that have been observed in Hsp70s in many other plant species, such as acidity and hydrophilicity. *BvHsp70*s were found to be distributed in mitochondria (*BvHsp70-28* and *BvHsp70-32*), chloroplasts (*BvHsp70-19* and *BvHsp70-27*), endoplasmic reticulum (*BvHsp70-23* and *BvHsp70-25*), and in the cytosol (the remaining *BvHsp70*s). Based on phylogenetic analysis, the *BvHsp70*s are classified into five groups, from Group I to Group V, with Group V (cytoplasm localized) having the highest number of members. These findings provide a basis for further studies on gene cloning, expression analysis, and the functions of Hsp70 genes in sugar beet.

**Keywords:** Sugar beet, gene structure, phylogenetic tree, physio-chemical properties, Hsp70.

---

\* Author for correspondence: Tel: 0904922412; Email: phibang.cao@hvu.edu.vn