

# NGHIÊN CỨU XÁC ĐỊNH, PHÂN TÍCH ĐẶC TÍNH VÀ ĐÁNH GIÁ BIỂU HIỆN CỦA NHÓM GENE MÃ HÓA JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE Ở CÂY SẮN (*Manihot esculenta*)

Phùng Trường Trinh<sup>1</sup>, Lê Đức Chiến<sup>1</sup>, Đào Thị Chúc<sup>1</sup>, Nguyễn Quốc Trung<sup>2</sup>, Tống Văn Hải<sup>2</sup>, Lê Thị Ngọc Quỳnh<sup>3</sup>, Đồng Huy Giới<sup>2</sup>, La Việt Hồng<sup>4</sup>, Chu Đức Hà<sup>1\*</sup>, Lê Huy Hàm<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Khoa Công nghệ Nông nghiệp, Trường Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội

<sup>2</sup>Khoa Công nghệ Sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

<sup>3</sup>Bộ môn Công nghệ Sinh học, Trường Đại học Thủy lợi

<sup>4</sup>Viện Nghiên cứu Khoa học và Ứng dụng, Trường Đại học Sư phạm Hà Nội 2

## TÓM TẮT

Jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT) là một trong những nhóm enzyme quan trọng tham gia vào các quá trình sinh học xảy ra ở cây trồng, đặc biệt liên quan đến đáp ứng stress sinh học. Nghiên cứu này được thực hiện nhằm làm rõ thông tin của nhóm JMT trên đối tượng cây sắn (*Manihot esculenta*), một trong những cây trồng quan trọng ở Việt Nam hiện nay. Theo đó, tổng số 23 thành viên của nhóm JMT đã được xác định trên dữ liệu của cây sắn. Bằng việc sử dụng các công cụ tin sinh học, hầu hết các thành viên của nhóm JMT đã được định danh thông tin về mã định danh. Kết quả phân tích trên công cụ ExPasy cho thấy, nhóm JMT ở cây sắn có tính chất lý hóa đa dạng, tương tự như nhóm JMT ở các loài thực vật khác. Đáng chú ý, nghiên cứu này đã khai thác dữ liệu biểu hiện của các gene mã hóa nhóm JMT trong điều kiện lây nhiễm nhân tạo bệnh sọc nâu virus trên mẫu lá sắn. Kết quả cho thấy các gene mã hóa nhóm JMT có mức độ biểu hiện thay đổi đa dạng ở mẫu lá lây nhiễm bệnh sọc nâu virus. Trong đó, tổng số 8 gene mã hóa các thành viên của nhóm JMT, bao gồm 4 gene tăng cường biểu hiện (fold-change  $\geq 2,00$ ) và 4 gene giảm biểu hiện (fold-change  $\leq -2,00$ ) đã được xác định. Tóm lại, kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những dẫn luận quan trọng trong việc đề xuất các ứng viên phục vụ phân tích chức năng gene ở nhóm JMT trên cây sắn.

*Từ khóa:* Sắn, jasmonic acid carboxyl methyltransferase, sọc nâu virus, tin sinh học.

## MỞ ĐẦU

Cây sắn (*Manihot esculenta*), còn gọi là khoai mì, là một loại cây trồng có nguồn gốc từ Nam Mỹ, đặc biệt là khu vực Brazil (Guira *et al.*, 2017). Từ lâu, cây sắn đã được du nhập và trồng rộng rãi ở nhiều vùng nhiệt đới và cận nhiệt đới trên thế giới, trong đó có Việt Nam (Malik *et al.*, 2020). Cây sắn được biết đến với khả năng chịu hạn tốt và dễ trồng trên nhiều loại đất khác nhau, kể cả đất nghèo dinh dưỡng (Okogbenin *et al.*, 2013). Về mặt dinh dưỡng, củ sắn là nguồn cung cấp tinh bột chính, chứa nhiều carbohydrate, cung cấp năng lượng quan trọng cho con người (Li *et al.*, 2017). Cây sắn đóng vai trò quan trọng trong đời sống kinh tế và xã hội của nhiều quốc gia. Ngoài việc làm thực phẩm cho con người, sắn còn được sử dụng làm thức ăn chăn nuôi và nguyên liệu cho ngành công nghiệp sản xuất bột ngọt, cồn sinh học và các sản phẩm hóa học khác. Nhờ vào những đặc điểm này, cây sắn đã trở thành một cây trồng đa dụng và quan trọng trong sản xuất nông nghiệp bền vững.

Trong quá trình sinh trưởng và phát triển của thực vật, jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT) được ghi nhận là một enzyme quan trọng trong quá trình sinh tổng hợp các chất điều hòa sinh trưởng ở thực vật, đặc biệt là jasmonic acid và các dẫn xuất của jasmonic acid (Seo *et al.*, 2001). Theo đó, JMT chịu trách nhiệm methyl hóa jasmonic acid, tạo thành methyl jasmonate, một hợp chất có vai trò thiết yếu trong nhiều quá trình sinh lý và đáp ứng sinh học của thực vật (Seo *et al.*, 2001; Qi *et al.*, 2016). Cấu trúc của JMT bao gồm một chuỗi polypeptide có trung tâm hoạt động (Methyltransf\_7, mã định danh Pfam: PF03492) gắn kết với S-adenosyl-L-methionine (Ogawa *et al.*, 2001), nguồn cung cấp nhóm methyl cho phản ứng methyl hóa (Seo *et al.*, 2001; Cheong, Choi, 2003). Enzyme này thực hiện việc chuyển nhóm methyl từ S-adenosyl-L-methionine đến jasmonic acid, tạo thành methyl jasmonate (Seo *et al.*, 2001; Cheong, Choi, 2003). Do vậy, thông qua sự có mặt của JMT, jasmonic acid và các dẫn xuất của jasmonic acid tham gia vào cơ chế phản ứng phòng vệ đối với các tác nhân gây bệnh như côn trùng, nấm và vi khuẩn, giúp tăng cường khả năng kháng bệnh của thực vật (Qi *et al.*, 2016). Gần đây, nhóm JMT đã được báo cáo trên một số đối tượng cây trồng, như lúa gạo (*Oryza sativa*) (Qi *et al.*, 2016), cà chua (*Solanum lycopersicum*) (Wei *et al.*, 2021), *Hedychium coronarium* (Yue *et al.*, 2024) và chè (*Camellia sinensis*) (Guo, Qiao, 2020). Tuy nhiên, chưa có thông tin được ghi nhận về nhóm JMT trên cây sắn, mặc dù dữ liệu của đối tượng cây trồng này đã được báo cáo gần đây (Bredeson *et al.*, 2016).

Nghiên cứu này được thực hiện nhằm xác định, phân tích đặc tính và đánh giá biểu hiện của nhóm JMT trên dữ liệu của cây sắn. Theo đó, các gene mã hóa cho nhóm JMT được sàng lọc và chú giải trong genome tham chiếu của cây sắn. Cuối cùng, mức độ biểu hiện của các gene mã hóa thành viên của nhóm JMT được phân tích dựa trên dữ liệu microarray.

## DỮ LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

### Dữ liệu nghiên cứu

Genome và proteome của giống sắn AM560-2 (Mã số NCBI RefSeq: GCF\_001659605.2) (Prochnik *et al.*, 2012; Bredeson *et al.*, 2016) được khai thác trên NCBI và Phytosome (Goodstein *et al.*, 2012).

Dữ liệu microarray phân tích trên mẫu lá sắn lây nhiễm bệnh sọc nâu virus (Mã số GEO NCBI: GSE56467) (Maruthi *et al.*, 2014) được thu thập trên GEO NCBI.

### Phương pháp nghiên cứu

**Sàng lọc và định danh:** Cấu trúc bảo tồn Methyltransf\_7 (mã định danh Pfam: PF03492), đặc trưng cho JMT ở thực vật (Ogawa *et al.*, 2001) trên dữ liệu Pfam (Mistry *et al.*, 2021) được khai thác để truy vấn trên proteome của cây sắn (Bredeson *et al.*, 2016) nhằm xác định các protein có cấu trúc tương đồng theo mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu *et al.*, 2024). Theo đó, tất cả các trình tự protein ( $\geq 100$  amino acid) được thu thập và sàng lọc với giá trị E-value  $\leq 1e-10$ . Các ứng viên sau đó được đối chiếu (BlastP) trên genome của cây sắn (Bredeson *et al.*, 2016) nhằm chú giải và định danh thông tin của nhóm JMT. Trình tự protein, gene mã hóa được thu thập cho các phân tích *in silico* tiếp theo.

**Phân tích tính chất lý hóa của protein:** Trình tự protein đầy đủ của các JMT được truy vấn trên ExPASy ProtParam (Gasteiger *et al.*, 2003) dựa theo mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu *et al.*, 2024). Các đặc tính cơ bản của protein, như kích thước (gốc amino acid), trọng lượng phân tử (kDa), điểm đẳng điện, độ bất ổn định, chỉ số béo và độ ưa nước được khai thác. Trong đó, giá trị điểm đẳng điện  $> 7$  (tính base),  $< 7$  (tính acid), trong khi độ bất ổn định  $> 40$  (không ổn định),  $< 40$  (ổn định) và độ ưa nước  $> 0$  (kị nước),  $< 0$  (ưa nước) (Gasteiger *et al.*, 2003).

**Khai thác dữ liệu biểu hiện gen:** Mức độ biểu hiện của các gene mã hóa nhóm GATA được phân tích thông qua cơ sở dữ liệu GEO NCBI (Barrett *et al.*, 2013) dựa theo mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu *et al.*, 2024). Theo đó, dữ liệu RNA-Seq từ mẫu lá sắn bị nhiễm bệnh sọc nâu virus (Mã số GEO NCBI: GSE56467) (Maruthi *et al.*, 2014) được sử dụng. Mức độ biểu hiện của các gene mã hóa JMT được tính toán bằng giá trị fold-change, dựa trên tỷ lệ giữa giá trị RPKM (Reads Per Kilobase per Million mapped reads) của gene tương ứng ở mẫu lá nhiễm virus và mẫu lá đối chứng. Gene *PP2A* được sử dụng làm gene tham chiếu trong phân tích dữ liệu RNA-Seq như mô tả trong nghiên cứu trước đây (Moreno *et al.*, 2011).

**Phân tích số liệu:** Mức độ biểu hiện của gene được quy ước dựa theo giá trị fold-change như mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu *et al.*, 2024). Theo đó, gene được quy ước là có đáp ứng với stress với  $|\text{fold-change}| \geq 2$  ( $p\text{-value} < 0.05$ ), với gene tăng cường biểu hiện ( $\text{fold-change} \geq 2,00$ ) và gene kìm hãm biểu hiện ( $\text{fold-change} \leq -2,00$ ).

## KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### Xác định và chú giải thông tin của nhóm JMT ở cây sắn

Để xác định nhóm JMT, cấu trúc bảo tồn Methyltransf\_7 (Ogawa *et al.*, 2001) trên Pfam (Mistry *et al.*, 2021) được truy vấn trên dữ liệu của cây sắn (Bredeson *et al.*, 2016). Kết quả sàng lọc (E-value  $\leq 1e-10$ ) cho thấy, tổng số 23 thành viên của nhóm JMT đã được ghi nhận trên cây sắn. Theo đó, thông tin định danh của nhóm JMT, bao gồm mã gene, mã protein và mã locus được xác định trên dữ liệu di truyền của cây sắn (Bảng 1). Trong đó, 3 gene, bao gồm *Manes.01G141701*, *Manes.10G070800* và *Manes.15G135800* chưa được chú giải về mã protein và mã locus.

Gần đây, nhóm JMT đã được báo cáo trên một số đối tượng cây trồng chính. Cụ thể, tổng số 24 thành viên của nhóm JMT đã được xác định trên loài thực vật mô hình 2 lá mầm *Arabidopsis*. Trong khi đó, nhóm JMT ở cây lúa gạo đã được báo cáo gồm 41 thành viên (Qi *et al.*, 2016). Ở loài *Populus tremula*, nhóm JMT chứa 28 thành viên, trong khi nhóm JMT ở *Salvia miltiorrhiza* gồm 30 thành viên. Ở loài *H. coronarium*, tổng số 12 thành viên của nhóm JMT đã được ghi nhận (Yue *et al.*, 2024). Như vậy, số lượng thành viên của nhóm JMT ở cây sắn (23), ít hơn ở *Arabidopsis* (24), *P. tremula* (28), *S. miltiorrhiza* (30) và lúa gạo (41), và nhiều hơn so với *H. coronarium* (12). Các nghiên cứu này cho thấy số lượng thành viên của nhóm JMT ở các loài thực vật tương đối đa dạng.

Bảng 1. Định danh nhóm JMT ở cây sắn

STT	Tên gene	Mã gene	Mã protein	Mã locus
1	<i>Manes.01G114200</i>	XP_021605389	XM_021749697	LOC110609869
2	<i>Manes.01G138400</i>	XP_021622782	XM_021767090	LOC110622544

**CÔNG NGHỆ GEN**

3	<i>Manes.01G138500</i>	XP_021621696	XM_021766004	LOC110621713
4	<i>Manes.01G138600</i>	XP_021624312	XM_021768620	LOC110623617
5	<i>Manes.01G141701</i>	OAY60821	-	-
6	<i>Manes.02G096900</i>	XP_021601892	XM_021746200	LOC110607126
7	<i>Manes.02G107100</i>	XP_021604376	XM_021748684	LOC110609241
8	<i>Manes.03G136100</i>	XP_021606188	XM_021750496	LOC110610534
9	<i>Manes.04G074231</i>	XP_043812210	XM_043956275	LOC110614162
10	<i>Manes.05G156400</i>	XP_021612254	XM_021756562	LOC110614876
11	<i>Manes.06G008900</i>	XP_021617130	XM_021761438	LOC110618288
12	<i>Manes.06G009000</i>	XP_021616954	XM_021761262	LOC110618177
13	<i>Manes.10G070800</i>	OAY39144	-	-
14	<i>Manes.10G070900</i>	XP_021624991	XM_021769299	LOC110624182
15	<i>Manes.13G061650</i>	XP_043805338	XM_043949403	LOC110629170
16	<i>Manes.15G066100</i>	XP_021594262	XM_021738570	OC110601438
17	<i>Manes.15G111600</i>	XP_021595968	XM_021740276	LOC110602697
18	<i>Manes.15G135700</i>	XP_021594332	XM_021738640	LOC110601490
19	<i>Manes.15G135800</i>	KAG8637562	-	-
20	<i>Manes.15G135900</i>	XP_021594238	XM_021738546	LOC110601425
21	<i>Manes.17G084900</i>	XP_021598742	XM_021743050	LOC110604759
22	<i>Manes.17G085100</i>	XP_043808378	XM_043952443	LOC110604925
23	<i>Manes.18G145282</i>	XP_043808821	XM_043952886	LOC110610538

**Phân tích đặc tính lý hóa của nhóm JMT ở cây sắn**

Để khai thác tính chất của nhóm JMT ở cây sắn, trình tự protein được phân tích trên ExPASy ProtParam (Gasteiger *et al.*, 2003) để tính toán kích thước, trọng lượng phân tử, điểm đẳng điện, độ bất ổn định, chỉ số béo và độ ưa nước. Kết quả được mô tả ở Bảng 2.

Kết quả phân tích cho thấy kích thước của nhóm JMT ở cây sắn dao động từ 332 (*Manes.10G070800*) - 393 (*Manes.15G111600*) gốc amino acid, tương ứng với trọng lượng phân tử đạt từ 37,56 - 44,95 kDa. Phân tích giá trị điểm đẳng điện cho thấy nhóm JMT ở cây sắn đều có tính acid (< 7), dao động từ 5,06 (*Manes.15G135800*) - 6,43 (*Manes.17G085100*). Trong khi đó, 2 (trên tổng số 23) thành viên của nhóm JMT ở cây sắn, bao gồm *Manes.01G114200* và *Manes.15G135900*, thể hiện tính ổn định (độ bất ổn định < 40), trong khi 21 (trên tổng số 23) thành viên còn lại của nhóm JMT ở cây sắn không có tính ổn định (độ bất ổn định > 40). Chỉ số béo của các thành viên trong nhóm JMT ở cây sắn dao động từ 75,47 (*Manes.17G085100*) - 99,21 (*Manes.01G114200*). Bên cạnh đó, phân tích độ ưa nước của các thành viên trong nhóm JMT ở cây sắn cho thấy các phân tử này đều có tính ưa nước, với giá trị độ ưa nước < 0, đạt từ -0,35 (*Manes.06G009000*) - -0,06 (*Manes.01G141701*).

**Bảng 2. Đặc tính lý hóa của nhóm JMT ở cây sắn**

STT	Tên protein	Kích thước	Trọng lượng	Điểm đẳng điện	Độ bất ổn định	Chỉ số béo	Độ ưa nước
1	<i>Manes.01G114200</i>	392	44,24	5,86	36,44	99,21	-0,11
2	<i>Manes.01G138400</i>	359	40,44	5,55	53,17	86,63	-0,16
3	<i>Manes.01G138500</i>	367	41,59	5,48	48,16	85,69	-0,15
4	<i>Manes.01G138600</i>	374	42,35	5,50	45,58	81,55	-0,17
5	<i>Manes.01G141701</i>	355	39,96	5,80	52,27	91,75	-0,06
6	<i>Manes.02G096900</i>	366	41,33	5,57	44,35	82,81	-0,19
7	<i>Manes.02G107100</i>	372	41,34	5,27	42,16	77,07	-0,24
8	<i>Manes.03G136100</i>	382	42,30	6,07	51,48	82,75	-0,23

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

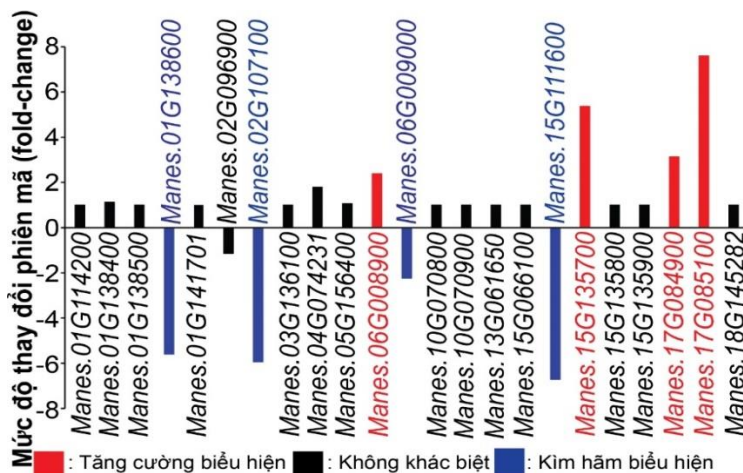
9	Manes.04G074231	361	41,04	5,77	50,84	86,76	-0,22
10	Manes.05G156400	365	40,76	5,21	54,21	80,08	-0,22
11	Manes.06G008900	356	39,69	5,21	45,38	79,27	-0,17
12	Manes.06G009000	359	40,41	5,80	43,66	80,36	-0,35
13	Manes.10G070800	332	37,56	5,14	41,23	79,28	-0,29
14	Manes.10G070900	372	41,83	5,65	42,52	86,24	-0,20
15	Manes.13G061650	364	41,19	5,57	44,93	92,12	-0,19
16	Manes.15G066100	385	42,31	5,69	48,40	87,14	-0,13
17	Manes.15G111600	393	44,02	6,10	45,03	79,75	-0,33
18	Manes.15G135700	364	40,48	5,97	50,16	82,06	-0,20
19	Manes.15G135800	392	44,95	5,06	48,93	91,53	-0,08
20	Manes.15G135900	359	40,74	5,63	38,51	82,81	-0,19
21	Manes.17G084900	353	39,76	5,13	41,15	86,97	-0,07
22	Manes.17G085100	380	42,74	6,43	50,20	75,47	-0,23
23	Manes.18G145282	366	41,21	5,17	50,35	82,92	-0,21

Ghi chú: Kích thước (gốc amino acid); Trọng lượng (kDa).

Trong các nghiên cứu trước đây, đặc tính của nhóm JMT ở một số đối tượng thực vật cũng đã được ghi nhận. Ví dụ, nhóm JMT ở loài *H. coronarium* có kích thước từ 366 - 387 gốc amino acid, tương ứng với trọng lượng phân tử đạt từ 38197,02 - 43220,25 Da (Yue *et al.*, 2024). Các thành viên của nhóm JMT ở *H. coronarium* cũng thể hiện tính acid, gửi giá trị điểm đẳng điện đạt từ 4,96 - 6,11 (Yue *et al.*, 2024). Tương tự, kích thước và trọng lượng phân tử của nhóm JMT ở loài *Neolamarckia cadamba* được ghi nhận từ 134 - 726 gốc amino acid và 15,20 - 82,60 kDa. Giá trị điểm đẳng điện của nhóm JMT ở *N. cadamba* đạt từ 4,71 (acid) - 8,58 (base). Ở cà chua, nhóm JMT có kích thước từ 127 - 410 gốc amino acid, trong khi trọng lượng phân tử được báo cáo có giá trị từ 14,37 - 45,38 kDa (Wei *et al.*, 2021). Các protein này có điểm đẳng điện từ 4,80 (tính acid) - 7,69 (tính base) (Wei *et al.*, 2021). Các kết quả này cho thấy, nhóm JMT ở các loài thực vật có tính chất lý hóa, về kích thước, trọng lượng phân tử, điểm đẳng điện, chỉ số béo, độ bất ổn định và độ ưa nước, tương đối đa dạng.

**Đánh giá biểu hiện của nhóm JMT ở mẫu lá lây nhiễm bệnh sọc nâu virus ở cây sắn**

Sọc nâu virus là một trong những bệnh nguy hiểm trên cây sắn (Tomlinson *et al.*, 2018). Các nghiên cứu trước đây đã ghi nhận về vai trò của nhóm JMT trong đáp ứng stress sinh học ở một số đối tượng cây trồng (Qi *et al.*, 2016). Theo đó, nghiên cứu này đã tiến hành tái phân tích dữ liệu RNA-Seq mà mức độ biểu hiện của các gene trong điều kiện lây nhiễm nhân tạo bệnh sọc nâu virus trên lá của cây sắn (Maruthi *et al.*, 2014). Kết quả phân tích giá trị fold-change của các gene mã hóa nhóm JMT được mô tả ở Hình 1.



Hình 1. Biểu hiện của các gene mã hóa nhóm JMT ở các mẫu lá lây nhiễm nhân tạo bệnh sọc nâu virus trên cây sắn

Nhìn chung, các gene mã hóa nhóm JMT có sự thay đổi mức độ phiên mã đa dạng khi tiến hành lây nhiễm bệnh sọc nâu virus trên mẫu lá của cây sắn. Cụ thể, 15 (trên tổng số 23) gene, bao gồm *Manes.01G114200*, *Manes.01G138400*, *Manes.01G138500*, *Manes.01G141701*, *Manes.02G096900*, *Manes.03G136100*, *Manes.04G074231*, *Manes.05G156400*, *Manes.10G070800*, *Manes.10G070900*, *Manes.13G061650*, *Manes.15G066100*, *Manes.15G135800*, *Manes.15G135900* và *Manes.18G145282*, không thể hiện sự đáp ứng có khác biệt ( $|\text{fold-change}| < 2$ ) ở mẫu lá khi lây nhiễm bệnh sọc nâu virus. Đáng chú ý, nghiên cứu đã chỉ ra 4 (trên tổng số 23) gene, bao gồm *Manes.01G138600*, *Manes.02G107100*, *Manes.06G009000* và *Manes.15G111600* kim hãm biểu hiện ( $\text{fold-change} < -2,00$ ) ở mẫu lá lây nhiễm bệnh, với giá trị  $\text{fold-change}$  đạt lần lượt là -5,59; -5,94; -2,24 và -6,71-fold. Trong khi đó, 4 (trên tổng số 23) gene, bao gồm *Manes.06G008900*, *Manes.15G135700*, *Manes.17G084900* và *Manes.17G085100*, thể hiện mức độ phiên mã được tăng cường ở mẫu lá lây nhiễm bệnh sọc nâu virus, với giá trị  $\text{fold-change}$  đạt lần lượt là 2,38; 5,36; 3,13 và 7,60-fold.

## KẾT LUẬN

Nghiên cứu này đã xác định và chú giải thông tin của nhóm jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT) trong cây sắn, phát hiện 23 thành viên của nhóm này, bao gồm thông tin về mã gene, mã protein và mã locus, với ba gene chưa được chú giải hoàn toàn. Phân tích đặc tính lý hóa của nhóm JMT cho thấy các protein có kích thước từ 332 đến 393 gốc amino acid, trọng lượng phân tử từ 37,56 đến 44,95 kDa, điểm đẳng điện từ 5,06 đến 6,43, và tính ưa nước. Phân tích dữ liệu RNA-Seq cho thấy mức độ biểu hiện của các gene mã hóa nhóm JMT thay đổi đa dạng khi cây sắn bị nhiễm bệnh sọc nâu virus, với 4 gene bị kim hãm và 4 gene khác tăng cường phiên mã. Điều này đề xuất cơ chế điều hòa âm tính và điều hòa dương tính của nhóm JMT trong đáp ứng sinh học của cây sắn đối với bệnh sọc nâu virus, cung cấp hiểu biết sâu hơn về cơ chế phản ứng của cây trước stress sinh học.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Barrett T, Wilhite SE, Ledoux P, Evangelista C, Kim IF, Tomashevsky M, Marshall KA, Phillippy KH, Sherman PM, Holko M, Yefanov A, Lee H, Zhang N, Robertson CL, Serova N, Davis S, Soboleva A (2013) NCBI GEO: archive for functional genomics data sets--update. *Nucleic Acids Res* 41: (Database issue) D991-995.
- Bredeson JV, Lyons JB, Prochnik SE, Wu GA, Ha CM, Edsinger-Gonzales E, Grimwood J, Schmutz J, Rabbi IY, Egesi C, Nauluvula P, Lebot V, Ndunguru J, Mkamilo G, Bart RS, Setter TL, Gleadow RM, Kulakow P, Ferguson ME, Rounsley S, Rokhsar DS (2016) Sequencing wild and cultivated cassava and related species reveals extensive interspecific hybridization and genetic diversity. *Nat Biotechnol* 34: (5) 562-570.
- Cheong JJ, Choi YD (2003) Methyl jasmonate as a vital substance in plants. *Trends Genet* 19: (7) 409-413.
- Chu HD, Yen TTH, Pham CT, Quynh LTN, Huyen TTT, Trung NQ, Gioi DH, Tien TV, Cao PB (2024) Identification of Two Enzymes for Trehalose Synthesis and Their Potential Function in Growth and Development in Peanut (*Arachis hypogaea*). *Journal of Tropical Life Science* 14: (1) 83-94.
- Gasteiger E, Gattiker A, Hoogland C, Ivanyi I, Appel RD, Bairoch A (2003) ExPASy: The proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis. *Nucleic Acids Res* 31: (13) 3784-3788.
- Goodstein DM, Shu S, Howson R, Neupane R, Hayes RD, Fazo J, Mitros T, Dirks W, Hellsten U, Putnam N, Rokhsar DS (2012) Phytozome: A comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Res* 40: (Database issue) D1178-D1186.
- Guirra F, Some K, Kabore D, Sawadogo-Lingani H, Traore Y, Savadogo A (2017) Origins, production, and utilization of cassava in Burkina Faso, a contribution of a neglected crop to household food security. *Food Sci Nutr* 5: (3) 415-423.
- Guo Y, Qiao D (2020) Genome-wide identification and expression analysis of SABATH methyltransferases in tea plant (*Camellia sinensis*): insights into their roles in plant defense responses. 15: (10) 1804684.
- Li S, Cui Y, Zhou Y, Luo Z, Liu J, Zhao M (2017) The industrial applications of cassava: current status, opportunities and prospects. *J Sci Food Agric* 97: (8) 2282-2290.
- Malik AI, Kongsil P, Nguyen VA, Ou W, Sholihin, Srean P, Sheela MN, Becerra Lopez-Lavalle LA, Utsumi Y, Lu C, Kittipadakul P, Nguyen HH, Ceballos H, Nguyen TH, Selvaraj Gomez M, Aiemnaka P, Labarta R, Chen S, Amawan S, Sok S, Youabee L, Seki M, Tokunaga H, Wang W, Li K, Nguyen HA, Nguyen VD, Ham LH, Ishitani M (2020) Cassava breeding and agronomy in Asia: 50 years of history and future directions. *Breed Sci* 70: (2) 145-166.
- Maruthi MN, Bouvaine S, Tufan HA, Mohammed IU, Hillocks RJ (2014) Transcriptional response of virus-infected cassava and identification of putative sources of resistance for cassava brown streak disease. *PLoS One* 9: (5) e96642.
- Mistry J, Chuguransky S, Williams L, Qureshi M, Salazar Gustavo A, Sonnhammer ELL, Tosatto SCE, Paladin L, Raj S, Richardson LJ, Finn RD, Bateman A (2021) Pfam: The protein families database in 2021. *Nucleic Acids Res* 49: (D1) D412-D419.
- Moreno I, Grousseau W, Vanderschuren H (2011) Reference genes for reliable potyvirus quantitation in cassava and analysis of Cassava brown streak virus load in host varieties. *J Virol Methods* 177: (1) 49-54.
- Ogawa M, Herai Y, Koizumi N, Kusano T, Sano H (2001) 7-Methylxanthine Methyltransferase of Coffee Plants: GENE ISOLATION AND ENZYMATIC PROPERTIES \*. *Journal of Biological Chemistry* 276: (11) 8213-8218.
- Okogbenin E, Setter TL, Ferguson M, Mutegi R, Ceballos H, Olanmi B, Fregene M (2013) Phenotypic approaches to drought in cassava: review. *Front Physiol* 4: 93.
- Prochnik S, Marri PR, Desany B, Rabinowicz PD, Kodira C, Mohiuddin M, Rodriguez F, Fauquet C, Tohme J, Harkins T, Rokhsar DS, Rounsley S (2012) The Cassava Genome: Current Progress, Future Directions. *Trop Plant Biol* 5: (1) 88-94.

- Qi J, Li J, Han X, Li R, Wu J, Yu H, Hu L, Xiao Y, Lu J, Lou Y (2016) Jasmonic acid carboxyl methyltransferase regulates development and herbivory-induced defense response in rice. *J Integr Plant Biol* 58: (6) 564-576.
- Seo HS, Song JT, Cheong JJ, Lee YH, Lee YW, Hwang I, Lee JS, Choi YD (2001) Jasmonic acid carboxyl methyltransferase: a key enzyme for jasmonate-regulated plant responses. *Proc Natl Acad Sci U S A* 98: (8) 4788-4793.
- Tomlinson KR, Bailey AM, Alicai T, Seal S, Foster GD (2018) Cassava brown streak disease: historical timeline, current knowledge and future prospects. *Mol Plant Pathol* 19: (5) 1282-1294.
- Wei X, Tao K, Zhang J, Lu S, Chen S, Liao J (2021) Identification of SABATH Family Members in *Solanum lycopersicum* and Their Expression Patterns Under Abiotic/Biotic Stresses. *Plant Molecular Biology Reporter* 39: (2) 403-418.
- Yue Y, Zhang X, Wang L, He J, Yang S, Li X, Yu Y, Yu R, Fan Y (2024) Identification and Characterization of Jasmonic Acid Methyltransferase Involved in the Formation of Floral Methyl Jasmonate in *Hedychium coronarium*. Vol. 13 ed. (eds.),

## IDENTIFICATION, CHARACTERIZATION AND EXPRESSION PROFILES OF GENES ENCODING JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE IN CASSAVA (*Manihot esculenta*)

Phung Truong Trinh<sup>1</sup>, Le Duc Chien<sup>1</sup>, Dao Thi Chuc<sup>1</sup>, Nguyen Quoc Trung<sup>2</sup>, Tong Van Hai<sup>2</sup>,  
Le Thi Ngoc Quynh<sup>3</sup>, Dong Huy Gioi<sup>2</sup>, La Viet Hong<sup>4</sup>, Chu Duc Ha<sup>1\*</sup>, Le Huy Ham<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Agricultural Technology, University of Engineering and Technology, Vietnam National University, Hanoi

<sup>2</sup>Faculty of Biotechnology, Vietnam National University of Agriculture

<sup>3</sup>Department of Biotechnology, Thuyloi University

<sup>4</sup>Institute of Scientific Research and Application, Hanoi Pedagogical University 2

### SUMMARY

Jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT) is one of the important enzyme groups involved in biological processes in plants, particularly related to the response to biotic stress. This study was conducted to clarify the information of the JMT group in cassava (*Manihot esculenta*), one of the important crops in Vietnam today. Accordingly, a total of 23 members of the JMT group were identified in cassava data. Using bioinformatics tools, most members of the JMT group have been annotated with annotated identifiers. Our results from the ExPasy tool showed that the JMT family in cassava has diverse physicochemical properties, similar to the JMT group in other plant species. Notably, this study exploited the expression data of genes encoding the JMT family under artificial infection conditions of cassava brown streak virus on cassava leaf samples. The results showed that the genes encoding the JMT group exhibited diverse expression levels in the cassava leaf samples infected with the brown streak virus. Among them, a total of 8 genes encoding the JMT group members, including 4 genes with induced expression (fold-change  $\geq 2.00$ ) and 4 genes with reduced expression (fold-change  $\leq -2.00$ ), were surveyed. Taken together, the results of this study have provided important insights for proposing candidates for functional gene analysis in the JMT group in cassava.

**Keywords:** Cassava, jasmonic acid carboxyl methyltransferase, cassava brown strike virus, bioinformatics.

---

\* Author for correspondence: Tel: 0983766070; Email: cd.ha@vnu.edu.vn