

BẢN TIN KHOA HỌC

Phân tích transcriptome vào giai đoạn phát triển trái sầu riêng (*Durio zibethinus* Murr.); giống D24

Nguồn: Nurul Arneida Husin, Sadequr Rahman, Rohini Karunakaran, Subhash Janardhan Bhoire. 2023. Transcriptome analysis during fruit developmental stages in durian (*Durio zibethinus* Murr.) var. D24. Genet Mol Biol.; 2023 Jan 6; 45(4):e20210379. doi:10.1590/1678-4685-GMB-2021-0379.



Sầu riêng (*Durio zibethinus* Murr.) rất nổi tiếng bởi hương thơm độc đáo của nó. Người ta tiến hành phân tích hệ thống transcriptome của trái sầu riêng để tìm kiếm những kiểu biểu hiện của các gen và để hiểu được chúng điều tiết ra làm sao. Có ba giai đoạn phát triển trái sầu riêng được liệt kê như sau: giai đoạn đầu vào 90 ngày sau khi thụ phấn DAP (post-anthesis DPA), giai đoạn trưởng

thành vào lúc 120 DPA, và giai đoạn chín trái vào lúc 127 DPA. Tiếp cận phương pháp Illumina HiSeq để áp dụng trong giải trình tự DNA. Cơ sở dữ liệu trình tự DNA được phân tích thông qua những công cụ “mapping aligners” khác nhau và những phương pháp thống kê thích ứng; đó là “CLC Genomic Workbench”, “HISAT2+DESeq2”, “Tophat+Cufflinks”, và “HISAT2+edgeR”. Kết quả cho thấy có 110 triệu “reads” rõ ràng được ghi nhận thành bản đồ di truyền trong hệ gen cây sầu riêng, đạt 19.976, 11.394, 17.833, và 24,351 số gen DEGs (differentially expressed genes) trong suốt thời gian 90-127 ngày sau khi thụ phấn. Nhiều gen DEGs được phân lập gắn liền với tiến trình trái sầu riêng chín. Kết quả phân tích dữ liệu cho thấy hầu hết các gen ấy có mức biểu hiện tăng khi trái chín bao gồm cơ chế biến dưỡng của những cofactors và vitamins, cơ chế biến dưỡng nucleotide và biến dưỡng carbohydrate. Những gen có mức độ biểu hiện đáng kể từ giai đoạn trái non đến chín chủ yếu gắn kết với biến dưỡng carbohydrate, amino acid, và biến dưỡng những cofactor và vitamin. Cơ sở dữ liệu transcriptome này sẽ là nền tảng kiến thức để hiểu rõ các gen đích chuyên biệt trong giai đoạn phát triển trái sầu riêng phục vụ cho cải tiến giống sau này.

Xem <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36622241/>

Theo dõi hệ gen tổng thể và định tính chỉ thị phân tử SSR cho cây điều và thiết kế cơ sở dữ liệu web-site của những microsatellites

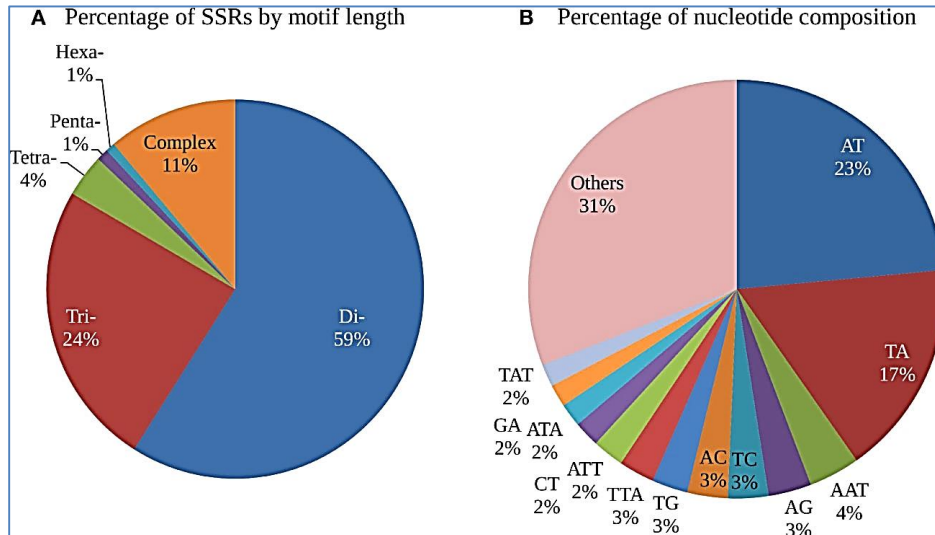
Nguồn: CMDDB Siddanna Savadi, B M Muralidhara, V Venkataravanappa, J D Adiga. 2023. Genome-wide survey and characterization of microsatellites in cashew and design of a web-based microsatellite database:

Cây điều là cây cho quả ăn được với nhân hạt điều, với phổ sử dụng nông sản rất rộng từ thực phẩm đến ứng dụng công nghiệp. Mặc dù nó có tầm quan trọng về kinh tế rộng lớn như vậy, việc định tính hệ gen tổng thể (genome-wide characterization) về chỉ thị phân tử SSR (simple sequence repeats) vẫn chưa đủ cho hệ gen cây điều.



Do vậy, người ta tiến hành nghiên cứu những microsatellites/SSRs một cách toàn diện trên hệ gen tổng thể và định tính chỉ thị phân tử ấy trong cây điều, phát triển các markers đa hình, xây dựng cơ sở dữ liệu “web-based microsatellite”. Có tất cả 54.526 SSRs được tìm thấy trong genome cây điều, với tần suất trung bình là 153 SSRs/Mb. Trong những chỉ thị “genome-wide SSRs” (2-6 bp size motifs), chỉ thị có “dinucleotide repeat motifs” chiếm con số vượt trội (68,98%) theo sau là motif “trinucleotides” (24,56%). Loại hình Class I của SSRs (≥ 20 bp) chiếm 45,10%, Class II (≥ 12 -<20 bp) chiếm 54,89% trên tổng số SSRs được tìm thấy. Bên cạnh đó, loại hình chỉ thị “AT-rich SSRs” có tần suất nhận diện cao nhất trong genome cây điều (84%) so với chỉ thị “GC-rich SSRs”. Minh chứng này gắn với chỉ thị “*in silico*-mined genome-wide SSRs” thông qua kết quả chạy PCR trong nhiều giống điều cho thấy có 59 markers đa hình, giá trị PIC (polymorphism information content) của những chỉ thị phân tử SSR ấy biến thiên từ 0,19 đến 0,84. Cơ sở dữ liệu có tên “web-based database” là “Cashew Microsatellite Database (CMDB),” được người ta thiết lập để tiếp cận với phương pháp “genome-wide SSRs” nhằm tìm kiếm gen đích theo nghiên cứu này cũng như nghiên cứu “transcriptome-based SSRs” (chỉ thị trên cơ sở transcriptome) từ kết quả nghiên cứu trước đây của tác giả thông qua một “interface” phục vụ nghiên cứu sử dụng rất thân thiện. Bên cạnh đó, **CMDB** cung cấp thông tin những chỉ thị SSRs được minh chứng qua thí nghiệm. **CMDB** cho phép truy xuất thông tin chỉ thị SSR với các phương án tìm kiếm tùy theo điều chỉnh của người sử dụng. Như vậy, việc định tính chỉ thị SSRs trên toàn hệ gen, những markers đa hình và cơ sở dữ liệu CMDB đã được phát triển, sẽ phục vụ những nguồn marker giá trị cho kỹ thuật “DNA fingerprinting”, định tính vật liệu bố mẹ, các nghiên cứu di truyền, và phục vụ chọn giống trên cơ sở phân tử giống điều cũng như các loài có liên hệ với chi *Anacardium* .

Xem <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37670858/>



Hình: Tần suất phân bố các chỉ thị SSR trong hệ gen cây điều. (A) Tần suất motif tính theo đơn vị chiều dài phân tử (K-mers); (B) Tần suất motifs theo thành phần nucleotide.

Di truyền tính trạng kiến trúc rễ cây bắp (RSA)

Nguồn: Zhigang Liu, Pengcheng Li, Wei Ren, Zhe Chen, Toluwase Olukayode, Guohua Mi, Lixing Yuan, Fanjun Chen & Qingchun Pan. 2023. Hybrid performance evaluation and genome-wide association analysis of root system architecture in a maize association population. *Theoretical and Applied Genetics* September 2023; vol. 136, Article number: 194



Kiến trúc di truyền của tính trạng **RSA** được nghiên cứu thông qua phân tích GWAS và phân tích hệ thống đồng thể hiện (coexpression networks) của tập đoàn giống bắp (maize association population).

Tính trạng RSA (root system architecture) là tính trạng rất cần thiết quy định hiệu quả hấp thu nước và dinh dưỡng của cây bắp. Tuy nhiên, kiến trúc di truyền của tính trạng RSA còn được biết rất ít bởi nhiều thách thức về định tính những tính trạng có liên quan đến

rễ bắp, người ta thiếu nhiều chỉ thị phân tử liên kết với chúng. Kết quả ở đây, người ta tạo nên bản đồ di truyền kiểu “association mapping” với tập đoàn giống bắp bao gồm 356 dòng cận giao được lai với dòng tester chung là Zheng58, và thực hiện “test crosses”; người ta

định giá kiểu hình của 12 tính trạng RSA tại 3 địa điểm. Tác giả ghi nhận một biến dị di truyền “**1.3 ~ sixfold**” đối với tính trạng RSA trong tập đoàn giống “association panel”. Tập đoàn giống bắp này có 4 “subpopulations”, đó là: dòng **non-stiff stalk** (NSS), **stiff stalk** (SS), **tropical/subtropical** (TST), và dòng hỗn hợp (mixed). Cặp lai **Zheng58 × TST** có số rễ crown (CRN: crown root number) cao hơn 2,1% và có số rễ brace (BRN) ít hơn 8.6% so với cặp lai Zheng58 × NSS và Zheng58 × SS, theo thứ tự. Sử dụng GWAS với 1,25 triệu chỉ thị SNPs và “correction” đối với kiến trúc quần thể, có 191 chỉ thị SNPs đa hình được xác định đối với những tính trạng rễ bắp. Chín mươi SNPs (47%) đa hình, biểu hiện ảnh hưởng allelic dương tính, và 101 chỉ thị SNPs (53%) biểu thị ảnh hưởng âm tính. Mỗi locus có thể giải thích được 0,39% đến 11,8% biến thiên kiểu hình. Khi tích hợp kết quả GWAS với kết quả so sánh “coexpression networks”, có 26 gen ứng cử viên đáng tin cậy được người ta phân lập. Gen *GRMZM2G377215*, thuộc họ gen *COBRA-like*, có ảnh hưởng đến sự tăng trưởng và phát triển rễ bắp. Gen *GRMZM2G468657* mã hóa **aspartic proteinase nepenthesin-1**, có liên quan đến sự phát triển rễ và phản ứng với thiếu N. Như vậy, kết quả đã cung cấp một tiên bộ mới trong nghiên cứu di truyền về kiến trúc của rễ bắp. Kết quả nghiên cứu này sẽ phục vụ cho mục tiêu cải tiến di truyền các tính trạng rễ của cây bắp trong chương trình chọn tạo giống mới.

Xem <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-023-04442-7>

Di truyền tính chống chịu lạnh của cây xoài (*Mangifera indica*)

Nguồn; Yajie Zhang, Yubo Li, Jing Yang, Xinli Yang, Shengbei Chen, Zhouli Xie, Mingjie Zhang, Yanlei Huang, Jinghong Zhang, Xing Huang. 2023. Genome-Wide Analysis and Expression of *Cyclic Nucleotide-Gated Ion Channel* (CNGC) Family Genes under Cold Stress in Mango (*Mangifera indica*). *Plants* (Basel); 2023 Jan 29; 12(3):592. doi: 10.3390/plants12030592.



Xoài (*Mangifera indica*) được mệnh danh là 'king of fruits'. Xoài được trồng phổ biến tại vùng nhiệt đới và cũng bị đe dọa bởi nhiệt độ lạnh khi thời tiết cực đoan. Gen **Cyclic nucleotide-gated ion channel (CNGC)** có chức năng quan trọng trong phát triển **calcium** và giúp cây phản ứng với lạnh. Tuy nhiên, có rất ít nghiên cứu về **CNGC** trong cây xoài, bất kể sự phản ứng của cây với stress lạnh. Trong nghiên cứu này, người ta phân lập được 43 gen **CNGC** trong hệ gen cây xoài biểu thị ở những mô đặc biệt. Năm gen **MiCNGCs** biểu hiện gen gấp 3 lần khi kích thích lạnh ở

vỏ trái xoài và lá xoài. Trong số các gen ấy, gen **MiCNGC9** và **MiCNGC13** điều tiết theo kiểu “up” rất có ý nghĩa khi nhiệt độ thấp hơn 6 °C, như vậy, chúng có chức năng đặc biệt khi bị stress lạnh. Hơn nữa, sự toàn vẹn của màng tế bào (integrity) đã bị tổn thương ở nhiệt độ 2 °C tại lá xoài, biểu hiện bởi hàm lượng malondialdehyde (MDA), và có tám gen **MiCNGCs** tương quan thuận với hàm lượng MDA. Tương quan cao giữa biểu hiện gen **MiCNGCs** và MDA gợi ra rằng **MiCNGCs** có thể điều tiết tính trạng toàn vẹn màng tế bào nhờ điều tiết hàm lượng MDA. Kết quả cung cấp một định hướng để định tính chức năng của các gen **CNGC** và sẽ phục vụ có lợi cho nghiên cứu tương lai về tính chống chịu lạnh của giống xoài, sự chuyển vị calcium trong xoài.

Xem <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36771676/>

Bảng: Những cặp mồi dùng trong qRT-PCR

Table 2

Primers used for qRT-PCR analysis.

Genes	Forward Primer	Reverse Primer	Product Size (bp)	Accession Number
<i>MiCNGC4</i>	TTTACTGCTTCTGGTGGGGT	AGGGAGCAAACGATGAGACA	236	XM_044646600.1
<i>MiCNGC9</i>	TCAGCTTCCTCGTTGACCTT	CTTCCCGCTTCCAACATCAG	226	XM_044649431.1
<i>MiCNGC13</i>	TCGGGCTTCAGGATTCTTGT	CCCAGTCCACCTCTTCATGT	196	XM_044650230.1
<i>MiCNGC17</i>	CTTCAAACGAGCACCTTCCC	TCCTCGTGTTCCTCAACCACT	246	XM_044608894.1
<i>MiCNGC19</i>	ACTTGGGAATGTCAGGAGCA	CCAACAACATGACCAGCCAA	193	XM_044610397.1
<i>MiCNGC22</i>	TCACATGGGCTCTAGATGGC	AAACAGAGTCATCCGGCAGA	175	XM_044612662.1
<i>MiCNGC31</i>	GACTTGGGCAGCTTGTTC	TGAATCCTTGCCTTCCGAGT	216	XM_044612575.1
<i>MiCNGC34</i>	CGCCGTTTTGACCAGTACAA	AGCATCTCGGTTACAGGGTC	248	XM_044615727.1
<i>MiCNGC36</i>	GCAAGACAGAGCAGTGGATG	TCCTCTAATGCCGATTCCGCT	232	XM_044615370.1
<i>MiCNGC38</i>	ATTCTCCCTCTCCCTCAGGT	TGTGCCGAAAATGTAGCCAG	183	XM_044616876.1
<i>MiActin</i>	CCACTGCTGAACGGGAAAT	GTGATGGCTGGAAGAGGAC	192	HQ585999.1