

- Landrigan, M., Morris, S.C. and McGlasson, B.W.**, 1996. Postharvest browning of rambutan a consequence of water loss. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Alexandria, 121 (4): 730-734.
- Salma, I.**, 1986. Rambutan (*Nephelium lappaceum* L.) clones and their classification. MARDI Report No. 107. Malaysian Agricultural Research and Development Institute, Selangor, Malaysia.

## Evaluation and selection of promising rambutan hybrids

Dao Thi Ngoan, Pham Thi Muoi,  
Mai Van Tri, Vo Huu Thoai

### Abstract

Study was conducted in 2020 to evaluate the promising rambutan sexual hybrids of 4 rambutan varieties from 7 - 9 years old (planted in 2011, 2012 and 2013): 'Java', 'Nhan', 'Dona' and 'Vo Vang'. Experiment was arranged in a one-way continuous method, each combination was planted on the same row with a planting distance of 3 × 3 m. Four promising hybrids coded RN61-2011, RJ20-2012, RJ35-2012 and VJ17-2013 characterized by healthy growth, less infection with pests and diseases, moderate fruit weight (average 27.70 - 30.70 g/fruit), long antennae (13.6 - 15.0 mm), thick fruit skin (2.08 - 3.00 mm), high percentage of crispy fruit pulp (51.32 - 53.40%), sweet taste, high brix degree (20.50 - 21.20%). Among the evaluated hybrids, RJ20-2012 has some quite different characteristics compared to the existing varieties in Vietnam such as yellow rind, pink and green fruit beard. The rest 3 hybrids RN61-2011, RJ35-2012 and VJ17-2013 were also accessed to be good in 2019.

**Keywords:** Rambutan, sexual hybrids, evaluation, selection

Ngày nhận bài: 12/7/2021  
Ngày phản biện: 21/7/2021

Người phản biện: GS.TS. Vũ Mạnh Hải  
Ngày duyệt đăng: 30/7/2021

## NGHIÊN CỨU NHÓM GEN QUY ĐỊNH PROTEIN VẬN CHUYỂN ĐƯỜNG SUCROSE Ở CÂY DIÊM MẠCH (*Chenopodium quinoa*) BẰNG CÔNG CỤ TIN SINH HỌC DỮ LIỆU LỚN

Phạm Phương Thu<sup>1</sup>, Trần Thị Phương Liên<sup>1</sup>, Tạ Hồng Linh<sup>2</sup>, Chu Đức Hà<sup>3</sup>,  
Nguyễn Thị Ngọc Ánh<sup>4</sup>, Bùi Thị Thu Hương<sup>4</sup>, Nguyễn Văn Lộc<sup>4</sup>,  
Lê Thị Ngọc Quỳnh<sup>5</sup>, Nguyễn Sông Thao<sup>6</sup>, Trần Thị Thanh Huyền<sup>6</sup>

### TÓM TẮT

Diêm mạch (*Chenopodium quinoa*) là một trong những đối tượng cây trồng có giá trị kinh tế cao và được trồng rộng rãi trên thế giới. Tuy nhiên, những hiểu biết về cơ chế thích nghi của cây diêm mạch vẫn còn hạn chế do thông tin di truyền của loài mới chỉ được ghi nhận gần đây. Trong nghiên cứu này, họ protein vận chuyển đường sucrose, SWEET (Sugar Will Eventually be Exported Transporter), đã được tìm hiểu ở cây diêm mạch thông qua các công cụ phân tích tin sinh học dữ liệu lớn. Kết quả đã xác định được 29 gen *CqSWEET* trong hệ gen của diêm mạch. Trong đó, phần lớn họ gen *CqSWEET* đều chứa năm hoặc sáu exon, tương tự như họ *SWEET* ở các loài thực vật khác. Đánh giá dữ liệu biểu hiện cho thấy các gen *CqSWEET* có biểu hiện đa dạng tại bộ phận chính trong cây. Đáng chú ý, *CqSWEET09* và *20* có biểu hiện đặc thù tại hoa và quả. Kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những dẫn liệu khoa học cho việc tìm hiểu về vai trò của họ *CqSWEET* liên quan đến tính chống chịu bất lợi ở cây diêm mạch.

**Từ khóa:** Cây diêm mạch (*Chenopodium quinoa*), dữ liệu lớn, SWEET, tin sinh học

<sup>1</sup> Đại học Sư phạm Hà Nội 2; <sup>2</sup> Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

<sup>3</sup> Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội; <sup>4</sup> Học viện Nông nghiệp Việt Nam;

<sup>5</sup> Đại học Thủy lợi; <sup>6</sup> Đại học Sư phạm Hà Nội

\* Tác giả chính

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Đáp ứng đa yếu tố ngoại cảnh bất lợi (stress phi sinh học và stress sinh học) là một trong những mục tiêu của các nhà chọn tạo giống hiện nay. Rất nhiều báo cáo đã ghi nhận phản ứng của cây trồng khi chịu tác động của yếu tố bất lợi thông qua cơ chế tích lũy đường sucrose tại vị trí tổn thương (Chandran, 2015). Quá trình vận chuyển đường sucrose diễn ra trong thực vật đến nay đã được biết đến với vai trò của nhóm SWEET (Sugar Will Eventually be Exported Transporter) (Chen, 2014). Vì vậy, nghiên cứu về nhóm SWEET có thể cung cấp những cơ sở khoa học quan trọng phục vụ cho công tác chọn tạo giống cây trồng chống chịu đa yếu tố bất lợi.

Đến nay, các nghiên cứu về họ SWEET luôn thu hút được sự quan tâm trên toàn thế giới. Cụ thể, họ SWEET đã được tìm hiểu trên một số đối tượng cây trồng quan trọng, như lúa gạo (*Oryza sativa*) (Yuan and Wang, 2013), đậu tương (*Glycine max*) (Patil *et al.*, 2015) sắn (*Manihot esculenta*) (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018a), đậu gà (*Cicer arietinum*) (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018b) và lúa mì (*Triticum aestivum*) (Gautam *et al.*, 2019). Tuy nhiên, chưa có nghiên cứu được ghi nhận về nhóm protein này trên cây diêm mạch (*Chenopodium quinoa*), một trong những đối tượng cây trồng mang lại giá trị kinh tế cao, có tiềm năng phát triển ở Việt Nam và mới được giải mã thông tin di truyền gần đây (Jarvis *et al.*, 2017).

Nghiên cứu này được thực hiện nhằm mô tả những đặc tính cơ bản của nhóm SWEET ở cây diêm mạch. Các thành viên của nhóm SWEET đã được xác định và chú giải trên dữ liệu di truyền của cây diêm mạch. Đặc điểm cấu trúc gen, trật tự sắp xếp exon/intron của các gen SWEET đã được phân tích. Cuối cùng, mức độ biểu hiện của các gen tại một số cơ quan/bộ phận trên cây diêm mạch đã được khai thác bằng công cụ phân tích dữ liệu lớn.

## II. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Dữ liệu nghiên cứu

Hệ gen, hệ protein, hệ phiên mã tham chiếu của giống diêm mạch *C. quinoa* Willd. (accession PI614886) ghi nhận trong nghiên cứu gần đây (Jarvis *et al.*, 2017) được khai thác trên cơ sở dữ liệu Phytozome (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>) và NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>).

Dữ liệu về nhóm OsSWEET ở lúa gạo (Yuan and Wang, 2013), GmSWEET ở đậu tương (Patil *et al.*, 2015), MeSWEET ở sắn (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018a), CaSWEET ở đậu gà (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018b) và TaSWEET ở lúa mì (Gautam *et al.*, 2019) được thu thập làm đối chứng để tìm kiếm CqSWEET ở diêm mạch.

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Phương pháp xác định nhóm SWEET trong dữ liệu của diêm mạch: Trình tự của OsSWEET (Yuan and Wang, 2013), GmSWEET (Patil *et al.*, 2015), MeSWEET (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018a), CaSWEET (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018b) và TaSWEET (Gautam *et al.*, 2019) được lựa chọn để sàng lọc trên hệ protein của diêm mạch (BioProject: PRJNA394242) (Jarvis *et al.*, 2017) bằng công cụ BlastP nhằm tìm kiếm tất cả các protein tương đồng. Các protein ứng viên được kiểm tra sự có mặt của vùng bảo thủ PF03083 đặc trưng cho SWEET ở thực vật (Chen, 2014) bằng Pfam (<https://pfam.xfam.org/>).

- Phương pháp định danh và chú giải nhóm SWEET trong hệ tham chiếu của diêm mạch: Các trình tự protein ứng viên được truy vấn trên giao diện NCBI để rà soát thông tin chú giải theo mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018a). Trong đó, một số thông tin về mã định danh, mã ARN, mã protein, mã gen, vị trí locus gen và trình tự đoạn mã hóa được khai thác cho các phân tích tiếp theo.

- Phương pháp phân tích cấu trúc gen SWEET ở diêm mạch: Trình tự đoạn mã hóa của gen SWEET ở diêm mạch được phân tích trên công cụ GSDS (<http://gsds.gao-lab.org/index.php>) để đưa ra cấu trúc gen (trật tự exon/intron). Các bước tiến hành được thực hiện theo mô tả trong nghiên cứu trước đây (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018b).

- Phương pháp xây dựng sơ đồ hình cây của nhóm SWEET ở diêm mạch: Trình tự của các protein SWEET ở diêm mạch được căn trình tự tương đồng và thiết lập sơ đồ hình cây bằng phần mềm MEGA (Kumar *et al.*, 2016). Trong đó, phương pháp căn trình tự được thực hiện theo thuật toán Neighbor-Joining với giá trị bootstrap 1.000, tương tự như trong nghiên cứu gần đây (Gautam *et al.*, 2019).

- Phương pháp khai thác dữ liệu biểu hiện của gen SWEET ở diêm mạch: Dữ liệu RNA-Seq của hai giống diêm mạch hoa trắng và hoa vàng (GSE139174) được khai thác từ GEO NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>). Trong đó, mức độ biểu hiện của gen SWEET tại mô hoa và quả

được phân tích theo giá trị FPKM (fragments per kilobase of exon model per million reads mapped) bằng thuật toán GEOMEAN và mô hình hóa bằng ngôn ngữ R (Liao *et al.*, 2019).

### 2.3. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

Nghiên cứu này được thực hiện từ tháng 2 năm 2020 đến tháng 4 năm 2021. Các phân tích được xử lý tại Đại học Sư phạm Hà Nội 2, Đại học Sư phạm Hà Nội, Học viện Nông nghiệp Việt Nam, Đại học Thủy lợi và Đại học Công nghệ.

## III. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 3.1. Xác định và định danh nhóm gen *CqSWEET* trong hệ gen của diêm mạch

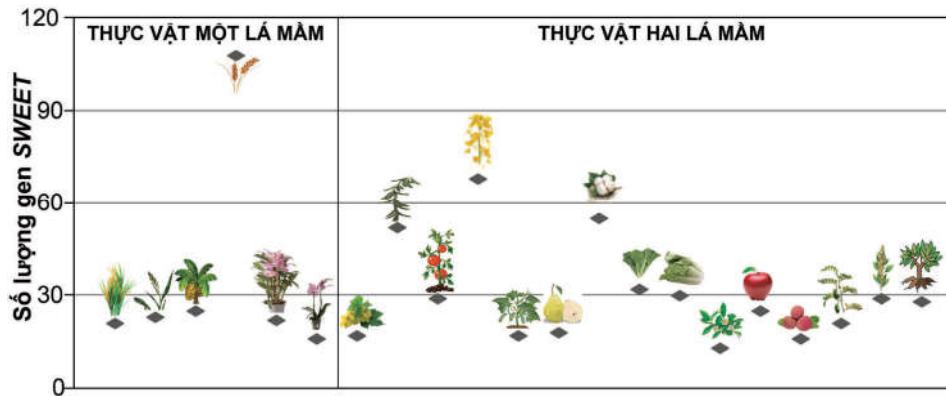
Để xác định nhóm SWEET trên dữ liệu của diêm mạch, công cụ BlastP và Pfam đã được sử dụng nhằm tìm kiếm tất cả các protein ứng viên trong hệ protein của diêm mạch có vùng bảo thủ PF03083, đặc trưng cho SWEET ở thực vật (Chen, 2014). Kết quả đã xác định được tổng số 29 protein SWEET (Bảng 1). Theo đó, các protein vận chuyển đường sucrose đã tìm thấy được đặt tên từ CqSWEET01 - CqSWEET29 với tiêu chí, 'Cq' viết tắt cho tên khoa học của loài (*C. quinoa*), 'SWEET' đại diện cho họ protein vận chuyển đường sucrose (Chen, 2014), số thứ tự được sắp xếp dựa vào vị trí locus gen (Bảng 1). Thông tin chú giải, gồm mã định danh, mã ARN, mã protein, mã gen và vị trí locus của gen *CqSWEET* được mô tả tại bảng 1.

**Bảng 1.** Thông tin về họ protein vận chuyển sucrose *CqSWEET* ở diêm mạch

TT	<i>CqSWEET</i>	Mã định danh	Mã ARN	Mã protein	Mã gen	Vị trí locus
1	CqSWEET01	AUR62028877-RA	XM_021867347.1	XP_021723039.1	110690498	LOC110690498
2	CqSWEET02	AUR62021497-RA	XM_021867966.1	XP_021723658.1	110691029	LOC110691029
3	CqSWEET03	AUR62013947-RA	XM_021871240.1	XP_021726932.1	110694081	LOC110694081
4	CqSWEET04	AUR62019341-RA	XM_021873337.1	XP_021729029.1	110696068	LOC110696068
5	CqSWEET05	AUR62034634-RA	XM_021875235.1	XP_021730927.1	110697836	LOC110697836
6	CqSWEET06	AUR62008229-RA	XM_021878451.1	XP_021734143.1	110700868	LOC110700868
7	CqSWEET07	AUR62034815-RA	XM_021881736.1	XP_021737428.1	110703936	LOC110703936
8	CqSWEET08	AUR62034816-RA	XM_021881739.1	XP_021737431.1	110703940	LOC110703940
9	CqSWEET09	AUR62022713-RA	XM_021884431.1	XP_021740123.1	110706483	LOC110706483
10	CqSWEET10	AUR62032012-RA	XM_021885509.1	XP_021741201.1	110707497	LOC110707497
11	CqSWEET11	AUR62005221-RA	XM_021886898.1	XP_021742590.1	110708701	LOC110708701
12	CqSWEET12	AUR62005295-RA	XM_021886992.1	XP_021742684.1	110708776	LOC110708776
13	CqSWEET13	AUR62036636-RA	XM_021888271.1	XP_021743963.1	110710007	LOC110710007
14	CqSWEET14	AUR62005678-RA	XM_021889978.1	XP_021745670.1	110711565	LOC110711565
15	CqSWEET15	AUR62004237-RA	XM_021892737.1	XP_021748429.1	110714244	LOC110714244
16	CqSWEET16	AUR62014003-RA	XM_021892738.1	XP_021748430.1	110714245	LOC110714245
17	CqSWEET17	AUR62013611-RA	XM_021900536.1	XP_021756228.1	110721400	LOC110721400
18	CqSWEET18	AUR62019880-RA	XM_021901835.1	XP_021757527.1	110722571	LOC110722571
19	CqSWEET19	AUR62019881-RA	XM_021902021.1	XP_021757713.1	110722735	LOC110722735
20	CqSWEET20	AUR62013480-RA	XM_021905254.1	XP_021760946.1	110725786	LOC110725786
21	CqSWEET21	AUR62006148-RA	XM_021908920.1	XP_021764612.1	110729202	LOC110729202
22	CqSWEET22	AUR62022657-RA	XM_021911499.1	XP_021767191.1	110731629	LOC110731629
23	CqSWEET23	AUR62007017-RA	XM_021912179.1	XP_021767871.1	110732264	LOC110732264
24	CqSWEET24	AUR62018089-RA	XM_021915140.1	XP_021770832.1	110735017	LOC110735017
25	CqSWEET25	AUR62000659-RA	XM_021917059.1	XP_021772751.1	110736758	LOC110736758
26	CqSWEET26	AUR62000743-RA	XM_021917150.1	XP_021772842.1	110736832	LOC110736832
27	CqSWEET27	AUR62019664-RA	XM_021918223.1	XP_021773915.1	110737873	LOC110737873
28	CqSWEET28	AUR62029550-RA	XM_021920122.1	XP_021775814.1	110739666	LOC110739666
29	CqSWEET29	AUR62029552-RA	XM_021920123.1	XP_021775815.1	110739667	LOC110739667

Trước đó, họ SWEET cũng đã được ghi nhận trên rất nhiều đối tượng cây trồng khác nhau. Trên một số cây một lá mầm, số lượng thành viên của họ SWEET dao động từ 16 (ở loài *Phalaenopsis equestris*) đến 108 (ở lúa mì) (Gautam *et al.*, 2019) (Hình 1). Trong khi đó, trên một số loại cây hai lá mầm, họ SWEET có số lượng thành viên tương đối đa dạng, từ ít, như ở *Camellia sinensis* (13), *Litchi chinensis* (16), *Cucumis sativus* (17) và *Pyrus*

*bretschneideri* (18), trung bình, như ở sắn (28) (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018a), *Brassica oleracea* (30) và *B. rapa* (32), đến nhiều, như ở đậu tương (52) (Patil *et al.*, 2015), *Gossypium hirsutum* (55) và *B. napus* (68) (Hình 1). Các kết quả này cho thấy họ SWEET ở các loài thực vật rất đa dạng, với số lượng thành viên phong phú, không phụ thuộc vào loài và hệ gen của loài. Để đi sâu hơn nữa, cấu trúc gen *CqSWEET* đã được tìm hiểu và đối chiếu với các loài khác.

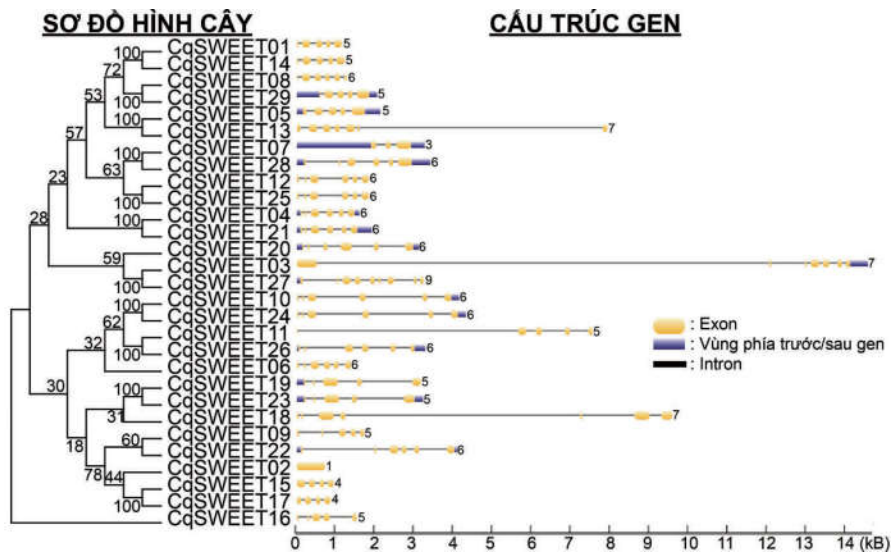


Hình 1. Số lượng gen SWEET ở các loài thực vật

### 3.2. Phân tích cấu trúc đặc trưng của nhóm gen *CqSWEET* của cây diêm mạch

Để tìm hiểu về cấu trúc của các gen *CqSWEET*, số lượng exon/intron đã được phân tích dựa trên sự hỗ trợ của GSDS. Kết quả cho thấy họ gen *CqSWEET* có cấu trúc tương đối đa dạng về kích thước và trật tự exon/intron (Hình 2). Cụ thể, số lượng exon của họ *CqSWEET* dao động từ một (*CqSWEET02*) đến

chín (*CqSWEET27*) (Hình 2). Đáng chú ý, phần lớn các gen *CqSWEET* đều có năm (8/29 gen) hoặc sáu exon (12/29 gen) (Hình 2). Kết quả này cũng được ghi nhận ở họ SWEET ở các loài thực vật khác, như lúa gạo (Yuan and Wang, 2013), đậu tương (Patil *et al.*, 2015) sắn (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018a), đậu gà (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018b) và lúa mì (Gautam *et al.*, 2019). Có thể thấy rằng, gen SWEET ở các loài thực vật nhìn chung đều chứa năm hoặc sáu exon.



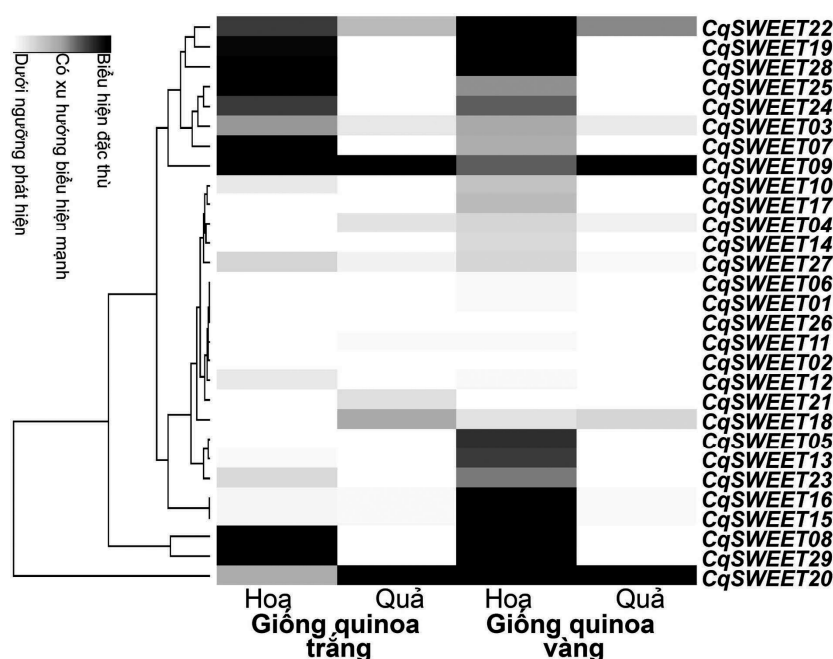
Hình 2. Trật tự exon/intron của họ gen *CqSWEET* ở cây diêm mạch

Bên cạnh đó, mối quan hệ giữa các CqSWEET cũng được thiết lập dựa vào sơ đồ hình cây Neighbor-Joining trên MEGA (Kumar *et al.*, 2016). Kết quả cho thấy họ CqSWEET được chia làm hai nhóm lớn, gồm bốn phân nhóm phụ (Hình 2). Điều này hoàn toàn tương đồng với những nghiên cứu trước đây khi các tác giả đều ghi nhận sự phân nhóm tương tự của họ SWEET ở các loài thực vật khác, như đậu tương (Patil *et al.*, 2015), sắn (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018a), đậu gà (Chu Đức Hà và *ctv.*, 2018b) và lúa mì (Gautam *et al.*, 2019). Trong đó, các protein CqSWEET xếp cùng trong một nhánh có sự tương đồng cao về cấu trúc (kích thước và số lượng exon) của gen mã hóa (Hình 2). Sự tương đồng về cấu trúc của một số gen CqSWEET đã đặt ra giả thuyết về chức năng của các gen này trong

quá trình tiến hóa của cây diêm mạch.

### 3.3. Đánh giá dữ liệu của nhóm gen CqSWEET của cây diêm mạch

Để tìm hiểu mức độ phiên mã của họ gen CqSWEET tại các mô, dữ liệu biểu hiện tại hoa và quả của hai giống diêm mạch hoa trắng và hoa vàng đã được khai thác từ GEO NCBI. Kết quả phân tích hệ phiên mã với dung lượng ~95,37 Gb đã cho thấy họ gen CqSWEET có biểu hiện rất đa dạng và đặc thù tại hoa và quả (Hình 3). Cụ thể, bảy gen, CqSWEET01, 02, 06, 11, 12, 21 và 26, có biểu hiện yếu hoặc dưới ngưỡng phát hiện tại cả hai mô, trong khi mức độ phiên mã của sáu gen, CqSWEET04, 10, 14, 17, 18 và 27 có xu hướng biểu hiện mạnh ở hoa và/hoặc quả (Hình 3).



Hình 3. Mức độ biểu hiện của họ gen CqSWEET trên cây diêm mạch

Đáng chú ý, một số gen CqSWEET có biểu hiện rất mạnh và đặc thù tại hoa và/hoặc quả ở cả hai giống quinoa (Hình 3). Trong đó, năm gen, CqSWEET08, 19, 22, 28 và 29 có biểu hiện đặc thù tại hoa, chứng tỏ nhóm gen này có thể tham gia vào các quá trình sinh lý xảy ra đặc trưng tại hoa (Hình 3). Đặc biệt, CqSWEET09 và 20, được tăng cường biểu hiện ở cả hoa và quả trong hai giống quinoa, chứng tỏ hai gen này có thể đóng vai trò quan trọng ở hoa và quả. Tóm lại, việc khai thác dữ liệu biểu hiện bằng công cụ tin sinh học dữ liệu lớn

đã cung cấp những giả thuyết khoa học quan trọng nhằm định hướng cho nghiên cứu chức năng gen CqSWEET ở cây diêm mạch.

## IV. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

### 4.1. Kết luận

Tổng số 29 thành viên của họ CqSWEET đã được xác định và chú giải trên đối tượng cây diêm mạch. Đối chiếu với nghiên cứu trước đây cho thấy họ SWEET ở các loài thực vật có số lượng thành viên đa dạng và không phụ thuộc vào loài.

Họ gen *CqSWEET* có cấu trúc tương đối đa dạng về kích thước. Đa số các gen *CqSWEET* đều chứa năm (8/29 gen) hoặc sáu exon (12/29 gen), tương tự như ở các loài thực vật khác. Sơ đồ hình cây cho thấy họ *CqSWEET* được chia làm hai nhóm, gồm bốn phân nhóm chính.

Họ gen *CqSWEET* có mức độ biểu hiện tương đối đa dạng tại mẫu hoa và quả trong điều kiện thường. Trong đó, *CqSWEET09* và *20* được ghi nhận là hai gen có biểu hiện đặc thù tại hoa và quả.

#### 4.2. Đề nghị

Nghiên cứu này sẽ được tiếp tục nhằm phân tích đặc tính cơ bản của protein *CqSWEET* và hiện tượng lập gen xảy ra trong họ *CqSWEET*, từ đó có thể cung cấp những dẫn liệu đáng tin cậy cho nghiên cứu chức năng gen bằng thực nghiệm.

#### LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tài trợ bởi trường Đại học Sư phạm Hà Nội 2 qua Đề tài có mã số HPU2.CS-2021.14

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

Chu Đức Hà, Phạm Thị Quỳnh, Phạm Thị Lý Thu, Nguyễn Văn Cường, Lê Tiến Dũng, 2018a. Xác định họ gen mã hóa protein vận chuyển SWEET trên cây sắn (*Manihot esculenta* Crantz). *Tạp chí Khoa học Đại học Sư phạm Hà Nội*, 63(3): 140-149.

Chu Đức Hà, Phùng Thị Vượng, Chu Thị Hồng, Phạm Thị Lý Thu, Phạm Phương Thu, Trần Thị Phương Liên, La Việt Hồng, 2018b. Định danh và phân tích cấu trúc của họ gen mã hóa protein vận chuyển đường sucrose ở cây đậu gà (*Cicer arietinum*). *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Đại học Thái Nguyên*, 194(01): 133-138.

Chandran, D., 2015. Co-option of developmentally

regulated plant SWEET transporters for pathogen nutrition and abiotic stress tolerance. *IUBMB Life*, 67(7): 461-471.

Chen, L., 2014. SWEET sugar transporters for phloem transport and pathogen nutrition. *New Phytology*, 201(4): 1150-1155.

Gautam, T., Saripalli, G., Gahlaut, V., Kumar, A., Sharma, P., Balyan, H., Gupta, P., 2019. Further studies on sugar transporter (SWEET) genes in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Molecular Biology Reports*, 46(2): 2327-2353.

Jarvis, D., Ho, Y., Lightfoot, D., Schmöckel, S., Li, B., Borm, T., Ohyanagi, H., Mineta, K., Michell, C., Saber, N., Kharbatia, N., Rupper, R., Sharp, A., Dally, N., Boughton, B., Woo, Y., Gao, G., Schijlen, E., Guo, X., Momin, A., Negrão, S., Gehring, C., Roessner, U., Jung, C., Murphy, K., Arold, S. T., Gojobori, T., Linden, C., Loo, E., Jellen, E., Maughan, P., Tester, M., 2017. The genome of *Chenopodium quinoa*. *Nature*, 542(7641): 307-312.

Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K., 2016. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870-1874.

Liao, Y., Smyth, G. K., Shi, W., 2019. The R package Rsubread is easier, faster, cheaper and better for alignment and quantification of RNA sequencing reads. *Nucleic Acids Research*, 47(8): e47.

Patil, G., Valliyodan, B., Deshmukh, R., Prince, S., Nicander, B., Zhao, M., Sonah, H., Song, L., Lin, L., Chaudhary, J., Liu, Y., Joshi, T., Xu, D., Nguyen, H. T., 2015. Soybean (*Glycine max*) SWEET gene family: insights through comparative genomics, transcriptome profiling and whole genome re-sequencing analysis. *BMC Genomics*, 16: 520.

Yuan, M., Wang, S., 2013. Rice MtN3/saliva/SWEET family genes and their homologs in cellular organisms. *Mol Plant*, 6(3): 665-674.

## Study on the sucrose transporter gene family in quinoa (*Chenopodium quinoa*) by the big data analytic computational approaches

Pham Phuong Thu, Tran Thi Phuong Lien, Ta Hong Linh, Chu Duc Ha, Nguyen Thi Ngoc Anh, Bui Thi Thu Huong, Nguyen Van Loc, Le Thi Ngoc Quynh, Nguyen Song Thao, Tran Thi Thanh Huyen

#### Abstract

Quinoa (*Chenopodium quinoa*) is regarded as one of the highly-valued crops that are cultivated widely in the world. However, the mechanism of the adaptation in the quinoa plant has been still lacking, even the genetic information of this species was recently published. In this study, the sucrose transporter, namely 'SWEET' (Sugar Will Eventually be Exported Transporter), has been identified in the quinoa genome by the big data computational analysis. As a result, a total of 29 *CqSWEET* genes has been reported in the quinoa genome. Among them, the majority of

*CqSWEET* genes contain five or six exons, as confirmed in other plant species. Our expression analysis indicated that the *CqSWEET* genes had differentially expressed in the major organs. Interestingly, *CqSWEET09* and *20* have been noted to exclusively express in both flowers and fruits. Taken together, our study could provide a solid foundation for further investigation of the function of the *CqSWEET* genes related to the mechanism of stress response in quinoa.

**Keywords:** *Chenopodium quinoa*, big data, SWEET, bioinformatics

Ngày nhận bài: 25/6/2021  
Ngày phản biện: 02/7/2021

Người phản biện: TS. Trần Đức Trung  
Ngày duyệt đăng: 30/7/2021

## ẢNH HƯỞNG CỦA MỘT SỐ YẾU TỐ MÔI TRƯỜNG ĐẾN KHẢ NĂNG NHÂN NHANH CHỒI CÂY HOÀNG TINH HOA ĐỎ (*Polygonatum kingianum*)

Nguyễn Thị Xuyên<sup>1</sup>, Đinh Trường Sơn<sup>2</sup>, Phan Thúy Hiền<sup>1</sup>,  
Đinh Thanh Giảng<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Hương<sup>1</sup>, Vũ Hoài Sâm<sup>1\*</sup>

### TÓM TẮT

Bài báo trình bày kết quả nghiên cứu về ảnh hưởng của một số yếu tố môi trường đến khả năng nhân nhanh chồi cây Hoàng tinh hoa đỏ - là vị thuốc quý được sử dụng phổ biến trong Y học cổ truyền phương Đông. Nghiên cứu đã xác định được ảnh hưởng của các chất điều hòa sinh trưởng, nồng độ đường sucrose, adenin bổ sung vào môi trường nuôi cấy để đạt hiệu quả cao trong giai đoạn nhân nhanh chồi. Kết quả nghiên cứu đã cho thấy, môi trường MS (1962) + 1,0 mg/L Kin + 0,2 mg/L  $\alpha$ -NAA + 40g/L đường sucrose + 5 mg/L adenine là môi trường thích hợp nhất để nhân nhanh chồi Hoàng tinh hoa đỏ *in vitro*. Tỷ lệ tạo cụm chồi đạt 100% với 6,2 chồi/mẫu, cụm chồi lớn và sinh trưởng tốt sau 6 tuần nuôi cấy.

**Từ khóa:** Hoàng tinh hoa đỏ, chất điều hòa sinh trưởng, kinetin, sucrose, adenin

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hoàng tinh hoa đỏ (*Polygonatum kingianum* Coll.et Hemsl), là loài cây thuốc quý được sử dụng phổ biến trong Y học cổ truyền với tên gọi “Thực hoàng”, thuộc dạng cây thân thảo sống lâu năm, có phân bố tự nhiên ở Myanmar, Thái Lan, Trung Quốc. Ở Việt Nam, Hoàng tinh hoa đỏ được phát hiện ở một số tỉnh miền núi, nơi có độ cao 1.300 - 1.600 m so với mực nước biển. Do môi trường sống bị thu hẹp và bị khai thác liên tục trong nhiều năm nên Hoàng tinh hoa đỏ đã được đưa vào Sách đỏ Việt Nam năm 2007 (Bộ Khoa học và Công nghệ, 2007). Gần đây, nhiều tác dụng chữa bệnh từ thân rễ Hoàng tinh hoa đỏ được phát hiện, đặc biệt là tác dụng ngăn chặn sự phát triển của bệnh tiểu đường (Lu *et al.*, 2016; Yan *et al.*, 2017). Nhiều sản phẩm thảo dược có nguồn gốc hoàng tinh hoa đỏ ra đời đã thúc đẩy nhu cầu dược liệu và phát triển diện tích trồng trọt. Các biện pháp nhân giống từ hạt và

từ hom (thân rễ) tỏ ra kém hiệu quả, do cây đậu quả thấp, khả năng nảy mầm của hạt kém, từ 1 hom (3 - 4 đốt) của cây trên 5 năm tuổi chỉ thu được một cây mới. Ứng dụng kỹ thuật nhân giống *in vitro* đối với Hoàng tinh hoa đỏ được xem là giải pháp tối ưu để sản xuất được nhiều cây giống trong thời gian ngắn. Một số kết quả nghiên cứu nhân giống *in vitro* cây Hoàng tinh hoa đỏ đã được công bố, tuy nhiên các kết quả đạt được mới chỉ là chồi dạng chồi sơ cấp (La Việt Hồng và *ctv.*, 2017), hay hệ số nhân còn thấp, hiệu quả chưa cao (Yang *et al.*, 2016; Hoàng Lê Thu Hà, 2017). Với mục đích nâng cao hệ số nhân chồi *in vitro* cây Hoàng tinh hoa đỏ, chúng tôi đã thực hiện: “Nghiên cứu ảnh hưởng của một số yếu tố môi trường nuôi cấy đến khả năng nhân nhanh chồi *in vitro* cây Hoàng tinh hoa đỏ” nhằm xác định được môi trường thích hợp cho giai đoạn nhân nhanh chồi góp phần nâng cao hiệu quả của quy trình nhân giống *in vitro* loài cây này.

<sup>1</sup> Viện Dược liệu, <sup>2</sup> Học viện Nông nghiệp Việt Nam

\* Tác giả chính