

PHÂN TÍCH CẤU TRÚC VÀ KHAI THÁC DỮ LIỆU BIỂU HIỆN CỦA HỌ GENE MÃ HÓA NHÂN TỐ PHIÊN MÃ TCP Ở CÂY BƯỞI (*Citrus grandis*)

Chu Đức Hà^{1*}, Nguyễn Thu Hương^{1,2}, Bùi Thị Thu Hương², La Việt Hồng³,
Lê Thị Ngọc Quỳnh⁴, Phạm Phương Thu³, Nguyễn Văn Lộc⁵

¹*Viện Di truyền Nông nghiệp, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*

²*Khoa Công nghệ sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

³*Khoa Sinh - Kỹ thuật Nông nghiệp, Đại học Sư phạm Hà Nội 2*

⁴*Khoa Hóa và Môi trường, Đại học Thủy lợi*

⁵*Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

*Tác giả liên hệ: hachu_amser@yahoo.com

Ngày nhận bài: 10.03.2020

Ngày chấp nhận đăng: 04.05.2020

TÓM TẮT

Nhân tố phiên mã TCP là nhóm protein điều hòa quan trọng, được chứng minh tham gia vào quá trình sinh trưởng và phát triển ở thực vật. Tuy nhiên, chưa có ghi nhận nào về nhóm TCP ở bưởi (*Citrus grandis*). Vì vậy, mục tiêu của nghiên cứu này nhằm xác định và làm rõ về các đặc tính cơ bản của nhóm TCP ở bưởi. Kết quả cho thấy, tổng số 21 gene mã hóa TCP đã được xác định trên hệ gene của bưởi. Thông qua các công cụ tin sinh học, các TCP ở bưởi có đặc tính lý hóa rất đa dạng, có tính ưa nước, tương tự như ở các loài thực vật khác. Hầu hết họ gene *CgTCP* chỉ chứa 1 exon. Nhóm TCP ở bưởi có thể được chia làm 3 nhóm đặc trưng cho thực vật, bao gồm nhóm PCF1, CIN và CYC/TB1. Khai thác dữ liệu phiên mã của cam ngọt (*C. sinensis*) cho thấy các gene tương đồng với *CgTCP02* được tăng cường biểu hiện ở lá, hoa và quả. Kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những thông tin cơ bản về nhóm TCP ở bưởi và bước đầu đánh giá mức độ biểu hiện của gene mã hóa TCP ở các cơ quan, từ đó định hướng cho các phân tích chức năng gene sau này.

Từ khóa: *Citrus grandis*, nhân tố phiên mã, TCP, cấu trúc, biểu hiện gene.

Structural Analysis and Data Mining of the Expression Profiles of Genes encoding TCP Transcription Factors in Pummelo (*Citrus grandis*)

ABSTRACT

TCP transcription factor is considered as the key regulatory proteins, which are demonstrated to involve in the growth and development of plants. However, the information of TCP in pummelo (*Citrus grandis*) has been still lacking. The aims of this study were to identify and characterize the basic features of TCPs in pummelo. As the results, a total of 21 genes encoding TCP have been identified in the pummelo's genome. Based on various bioinformatics tools, the physico-chemical properties of TCP family in pummelo have been found to be very variable, hydrophilic, as confirmed in other plants-species. The majority of *CgTCP* genes consist of only one exon. We have also found that TCP in pummelo could classify into 3 plant-specific groups, including PCF1, CIN and CYC/TB1. Of our interest, according to the transcriptome atlas of the sweet orange (*C. sinensis*), we demonstrated that the homologous gene of *CgTCP02* is strongly induced in leaf, flower and fruit. Taken together, our results could get insight into the TCP family in pummelo and initially evaluate the expression profiles of TCP-coding genes in the major organs, and thus, provide the candidate genes for further functional characterizations.

Keywords: *Citrus grandis*, transcription factor, TCP, structure, expression profile.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Quá trình sinh trưởng và phát triển của cây trồng được chi phối bởi các nhóm nhân tố phiên

mã (transcription factor - TF) thông qua cơ chế điều hòa sự biểu hiện của những gen chức năng (Danisman, 2016; Nicolas & Cubas, 2016). Trong số các TF đặc trưng ở thực vật, nhóm

TCP, cấu tạo từ các protein TB1 (Teosinte Branched 1), CYC (Cycloidea) và PCF1/PCF2 (Proliferating Cell Factor 1/2), được biết đến với nhiều vai trò trong điều hòa các chu trình trao đổi chất ở cây trồng (Manassero & cs., 2013; Nicolas & Cubas, 2016) và trong cơ chế đáp ứng bất lợi của môi trường (Danisman, 2016). Vì vậy, TCP là nhóm TF được quan tâm nghiên cứu nhiều trên thế giới nhằm làm rõ cơ chế và ứng dụng trong việc tăng cường tính chống chịu bất lợi ở cây trồng.

Đến nay, nhóm TF TCP đã được xác định và phân tích ở rất nhiều loài thực vật, như lúa gạo (*Oryza sativa*) (Yao & cs., 2007), cà chua (*Solanum lycopersicum*) (Parapunova & cs., 2014), cao lương (*Sorghum bicolor*) (Francis & cs., 2016), dưa hấu (*Citrullus lanatus*) (Shi & cs., 2016), ngô (*Zea mays*) (Chai & cs., 2017), cam ngọt (*Citrus sinensis*) (Chu Đức Hà, 2018), sắn (*Manihot esculenta*) (Lei & cs., 2017), đậu tương (*Glycine max*) (Feng & cs., 2018), đậu gà (*Cicer arietinum*) (Tran & cs., 2018) và sâm Hàn Quốc (*Panax ginseng*) (Chu Đức Hà, 2019). Tuy nhiên, chưa có ghi nhận nào về nhóm TF TCP trên cây bưởi (*Citrus grandis*), một trong những loài được giải mã vật chất di truyền gần đây (Wang & cs., 2017).

Trong nghiên cứu này, họ TF TCP được xác định trên cơ sở dữ liệu của bưởi. Mã định danh, vị trí phân bố, các đặc điểm cấu trúc và một số đặc tính cơ bản của TCP được phân tích và làm rõ. Quan trọng hơn cả, mức độ biểu hiện của các gene mã hóa TCP ở bưởi được tìm kiếm và đánh giá. Kết quả của nghiên cứu này cung cấp những thông tin cơ bản về họ TF TCP ở bưởi, từ đó góp phần làm rõ về cơ chế chống chịu bất lợi ở thực vật nói chung.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Hệ tham chiếu, bao gồm hệ gene, hệ protein của loài bưởi (BioProject: PRJNA318855) do Đại học Nông nghiệp Huazhong (Huazhong Agricultural University) cung cấp được khai thác trên cơ sở dữ liệu NCBI (Wang & cs., 2017).

Dữ liệu hệ phiên mã của loài cam ngọt do Đại học Nông nghiệp Huazhong cung cấp được khai thác trên cơ sở dữ liệu CAP (Xu & cs., 2013).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Xác định và định danh họ gene

Trình tự protein đầy đủ của CaTCP trên đậu gà (Tran & cs., 2018) được sử dụng làm trình tự truy vấn để tìm kiếm và sàng lọc các TCP tiềm năng trên hệ protein tham chiếu của bưởi (Wang & cs., 2017). Các kết quả được kiểm chứng sự có mặt của vùng bảo thủ đặc trưng cho TF TCP (Pfam domain: PF03634) (Manassero & cs., 2013) bằng Pfam (El-Gebali & cs., 2018). Các mã định danh, trình tự vùng mã hóa (CDS), vùng gene (gDNA) và đoạn dịch mã (protein) của các TCP trên bưởi được khai thác cho các phân tích tiếp theo.

2.2.2. Phân tích vị trí phân bố của gene

Vị trí phân bố của gene mã hóa TCP được xác định bằng cách truy vấn mã định danh gene trên Citrus Genome Database (Wang & cs., 2017). Dữ liệu về kích thước nhiễm sắc thể được tham khảo từ NCBI (BioProject: PRJNA318855) (Wang & cs., 2017). Bản đồ phân bố gene được biểu diễn bằng Adobe Illustrator.

2.2.3. Phân tích đặc tính cấu trúc gene và đặc tính lý hóa của protein

Trình tự CDS được truy vấn trên BioEDIT (Hall, 1999) để phân tích kích thước gene, tỷ lệ GC (%) theo các bước được mô tả trong nghiên cứu trước đây (Tran & cs., 2018). Cấu trúc gene (exon/intron) được xác định bằng GSDS 2.0 (Hu & cs., 2015). Đặc tính cơ bản của protein, bao gồm kích thước, khối lượng phân tử (kDa), giá trị điểm đẳng điện (pI), độ ưa nước trung bình (GRAVY) được làm rõ bằng ExpASY Protparam (Gasteiger & cs., 2003).

2.2.4. Xây dựng sơ đồ hình cây và phân tích vùng bảo thủ của protein

Trình tự protein của TF TCP được sử dụng để thiết lập sơ đồ hình cây trên MEGA (Kumar & cs., 2016) bằng thuật toán Neighbor-Joining (Tran & cs., 2018). Vùng bảo thủ của TF TCP

được làm rõ bằng cách căn trình tự tương đồng trên ClustalX (Larkin & cs., 2007).

2.2.5. Khai thác dữ liệu biểu hiện của gene

Mức độ biểu hiện của gene mã hóa TF TCP ở bưởi được đánh giá thông qua việc khai thác dữ liệu RNA-sequencing của gene tương đồng tương ứng trên *C. sinensis* tại CAP (Xu & cs., 2013). Trong đó, mức độ phiên mã của gene, tính bằng giá trị RPKM tại 4 cơ quan, callus, hoa, lá và quả (Xu & cs., 2013) được xử lý và minh họa bằng bản đồ nhiệt thông qua ngôn ngữ R.

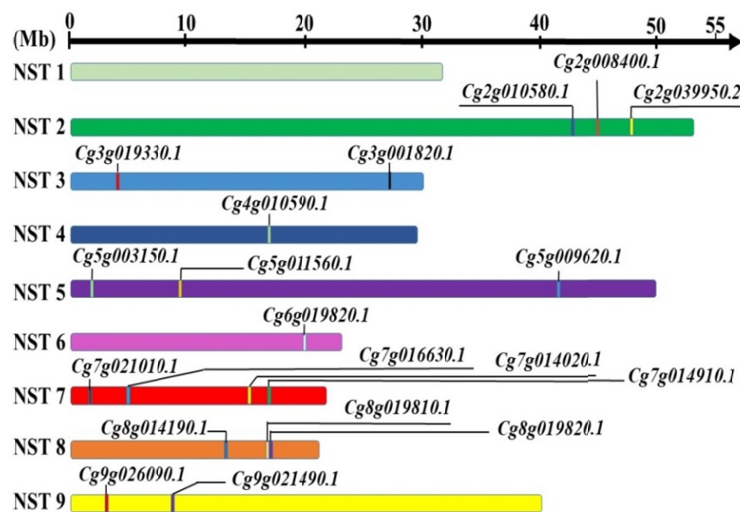
3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tìm kiếm và xác định nhóm nhân tố phiên mã TCP ở bưởi

Để tìm kiếm toàn bộ các TF TCP ở bưởi, trình tự CaTCP đã ghi nhận trước đây trên đối tượng *C. arietinum* (Tran & cs., 2018) được BlastP lần lượt vào hệ tham chiếu của bưởi (Wang & cs., 2017). Sàng lọc bằng sự có mặt của PF03634 (Manassero & cs., 2013) trên Pfam (El-Gebali & cs., 2018), tổng số 21 TF TCP đã được xác định trên cây bưởi (Hình 1, Bảng 1). Họ gene mã hóa TCP ở bưởi phân bố không đồng đều trên hệ gene của cây bưởi (Hình 1). Trong đó, nhiễm sắc thể số 7 chứa nhiều gene TCP nhất (4 gene), sau đó các nhiễm sắc thể số 2, 5 và 8 đều quy tụ 3 gene TCP, hai nhiễm sắc thể, số 3 và 9, được ghi nhận chứa 2 gene TCP, trong khi chỉ có 1 gene TCP phân bố trên nhiễm sắc thể số 4 và 6, không

có gene TCP nào được báo cáo trên nhiễm sắc thể số 1 (Hình 1). Đáng chú ý, 2 gene, *CgUng002160.1* và *CgUng002920.1* chưa được chú giải trên hệ gene của bưởi (Hình 1). Điều này được giải thích do hệ gene của bưởi mới chỉ được giải mã khoảng 302 Mb, tương ứng với 30.123 gene mã hóa protein và 42.886 transcript, ít hơn so với kích thước dự kiến là khoảng 344,8 Mb (Wang & cs., 2017). Như vậy, 21 thành viên của họ TF TCP được đặt tên theo thứ tự từ CgTCP01 đến CgTCP21 dựa theo vị trí phân bố của gene tương ứng trên hệ gene (Hình 1).

Có thể thấy rằng, họ TCP ở cây bưởi là một họ đa gen, tương tự như ở các loài thực vật khác. Cụ thể, 23 và 29 gene mã hóa TCP đã được xác định trên lúa gạo và ngô (Chai & cs., 2017, Yao & cs., 2007), trong khi 30 gene SITCP đã được báo cáo trên cà chua (Parapunova & cs., 2014). Ở cao lương, 20 thành viên của họ SbTCP đã được nghiên cứu (Francis & cs., 2016), trong khi số lượng gene TCP ở dưa hấu và sắn lần lượt là 27 và 38 gene (Lei & cs., 2017, Shi & cs., 2016). Gần đây, 16 và 54 gene TCP đã được báo cáo trên cam ngọt và đậu tương (Chu Đức Hà & cs., 2018; Feng & cs., 2018), trong khi ở đậu gà và sâm Hàn Quốc ghi nhận sự có mặt của 23 và 61 gene (Tran & cs., 2018; Chu Đức Hà & cs., 2019). Kết quả này cho thấy họ TCP ở thực vật rất đa dạng, số lượng gene thành viên không phụ thuộc vào kích thước hệ gene, số lượng nhiễm sắc thể của từng loài, tương tự như quan điểm trước đây (Tran & cs., 2018).



Hình 1. Kết quả xác định vị trí phân bố của TCP ở hệ gene cây bưởi

Bảng 1. Kết quả xác định và phân tích đặc tính của nhóm TCP ở bưởi

Tên gene	Mã định danh	GC (%)	CDS	mW	aa	mm	pI	II	GRAVY
<i>CgTCP01</i>	Cg2g010580.1	46,23	954	289,63	317	33,91	9,01	66,06	-0,70
<i>CgTCP02</i>	Cg2g008400.1	47,56	1005	306,54	334	36,34	6,53	53,45	-0,71
<i>CgTCP03</i>	Cg2g039950.2	48,14	1506	435,01	501	54,88	7,16	57,69	-0,94
<i>CgTCP04</i>	Cg3g019330.1	47,52	966	294,27	321	33,29	7,79	46,57	-0,46
<i>CgTCP05</i>	Cg3g001820.1	50,63	1740	531,16	579	61,56	6,72	59,96	-0,80
<i>CgTCP06</i>	Cg4g010590.1	47,23	1281	390,74	426	46,88	6,78	53,19	-0,83
<i>CgTCP07</i>	Cg5g003150.1	46,21	1281	390,97	426	46,44	7,11	60,23	-0,78
<i>CgTCP08</i>	Cg5g011560.1	41,35	1098	334,33	365	40,86	6,74	55,56	-0,75
<i>CgTCP09</i>	Cg5g009620.1	52,57	1107	337,81	368	39,32	6,72	53,64	-0,45
<i>CgTCP10</i>	Cg6g019820.1	40,51	669	203,70	222	25,60	9,35	46,74	-0,94
<i>CgTCP11</i>	Cg7g021010.1	46,84	1185	360,23	394	42,08	7,78	56,95	-0,58
<i>CgTCP12</i>	Cg7g016630.1	43,56	831	251,51	276	29,51	9,48	43,11	-0,53
<i>CgTCP13</i>	Cg7g014020.1	61,98	597	181,73	198	20,35	9,79	45,48	-0,34
<i>CgTCP14</i>	Cg7g014910.1	43,26	1410	429,84	469	52,48	7,60	55,23	-0,85
<i>CgTCP15</i>	Cg8g014190.1	41,48	1203	366,19	400	43,63	8,88	49,30	-0,58
<i>CgTCP16</i>	Cg8g019810.1	45,12	789	240,46	262	30,00	8,23	43,83	-0,57
<i>CgTCP17</i>	Cg8g019820.1	46,37	675	205,14	224	24,12	4,40	45,59	-0,81
<i>CgTCP18</i>	Cg9g026090.1	51,53	1011	309,02	336	35,84	8,61	60,79	-0,46
<i>CgTCP19</i>	Cg9g021490.1	41,05	726	221,20	241	27,77	9,31	46,06	-0,87
<i>CgTCP20</i>	CgUng002160.1	40,29	1107	336,03	368	42,35	6,35	48,89	-0,83
<i>CgTCP21</i>	CgUng002920.1	63,36	636	194,63	211	21,11	7,71	64,83	-0,34

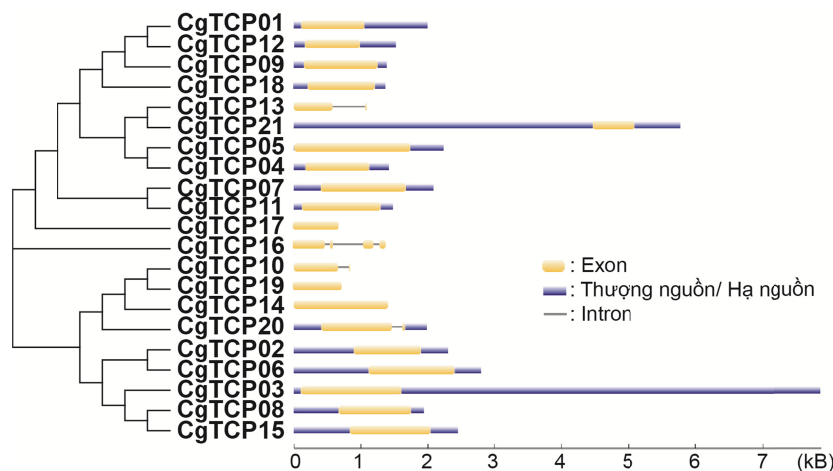
Ghi chú: GC: Tỷ lệ GC (%); CDS: Vùng gene mã hóa (nucleotide); mW: Trọng lượng của gene (kDa); aa: Kích thước protein (amino acid); mm: Khối lượng phân tử protein (kDa); pI: Điểm đẳng điện; II: Độ bất ổn định; GRAVY: Độ ưa nước trung bình.

3.2. Kết quả xác định đặc điểm cấu trúc của TCP ở bưởi

Trong nghiên cứu này, các đặc điểm cấu trúc của gene mã hóa và một số đặc tính cơ bản của TCP đã được làm rõ nhằm đưa ra những thông tin cần thiết về họ TF này ở bưởi nói riêng và ở thực vật nói chung. Đánh giá cấu trúc cho thấy các gene mã hóa *CgTCP* có kích thước từ 597 (*CgTCP13*) đến 1.740 bp (*CgTCP05*), tương ứng với khối lượng phân tử đạt khoảng 181,73 (*CgTCP13*) đến 531,16 kDa (*CgTCP05*) (Bảng 1, Hình 2). Trong khi đó, tỷ lệ GC của họ gene mã hóa TCP dao động từ 40,29 (*CgTCP20*) đến 63,36% (*CgTCP21*) (Bảng 1, Hình 2). Trước đó, thông tin về gene TCP cũng đã được ghi nhận trên cam ngọt, với kích thước vùng mã hóa từ

435 (*CsTCP14*) đến 1725 bp (*CsTCP16*), với tỷ lệ GC đạt từ 37,06 (*CsTCP5*) đến 52,66% (*CsTCP6*) (Chu Đức Hà & cs., 2018).

Phân tích cấu trúc bằng công cụ GSDS (Hu & cs., 2015) cho thấy hầu hết các thành viên trong họ *CgTCP* chỉ chứa 1 exon (Hình 2). Chỉ có 3 gene, *CgTCP10*, 13 và 20 gồm 2 exon/1 intron, trong khi gene *CgTCP16* có 4 exon/3 intron (Hình 2). Trước đó, cấu trúc của các họ *CaTCP* ở *C. arietinum* (Tran & cs., 2018), *CsTCP* ở cam ngọt (Chu Đức Hà & cs., 2018), và ở các loại cây trồng khác cũng được ghi nhận chủ yếu là 1 exon. Các kết quả này đã khẳng định rằng motif phổ biến nhất ở họ gene TCP ở bưởi nói riêng và thực vật nói chung chứa 1 exon duy nhất.



Hình 2. Kết quả phân tích cấu trúc họ gene mã hóa TCP ở bưởi

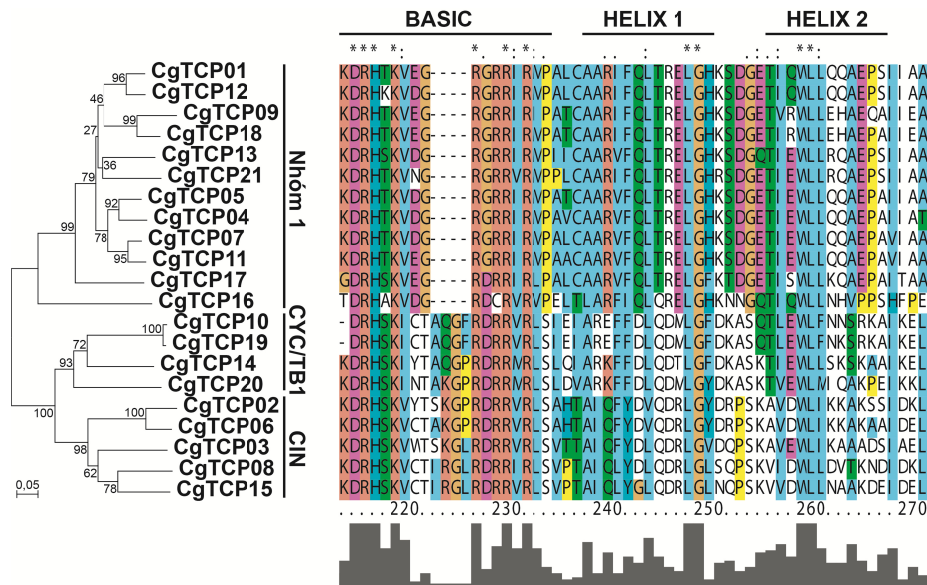
Tiếp theo, các đặc tính lý hóa của TF TCP ở bưởi được đánh giá và phân tích dựa trên công cụ ExPASy ProtParam (Gasteiger & cs., 2003). Kết quả ở bảng 1 cho thấy TF TCP ở bưởi có kích thước từ 198 (CgTCP13) đến 579 aa (CgTCP05), tương ứng với trọng lượng phân tử từ 20,35 đến 61,56kDa (Bảng 1). Các TF TCP ở bưởi có giá trị điểm đẳng điện từ dải acid (7 protein), trung tính (1 protein) và base (13 protein) (Bảng 1). Độ bất ổn định của TF TCP ở bưởi đều lớn hơn 40 cho thấy các phân tử này đều không ổn định cấu trúc trong điều kiện *in vitro*. Ngoài ra, độ ưa nước trung bình của TF TCP ở bưởi đều đạt giá trị âm, cho thấy họ TCP ở bưởi đều có tính ưa nước. Các kết quả này cũng đã được ghi nhận tương tự trên họ TF TCP ở các loài thực vật khác.

3.3. Kết quả xây dựng sơ đồ hình cây và phân tích cấu trúc bảo thủ của TF TCP ở bưởi

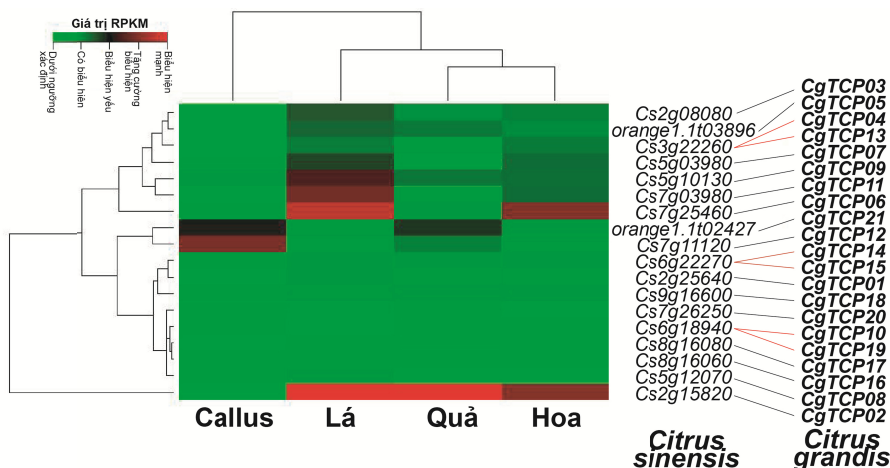
Nhằm xem xét mối tương quan giữa 21 thành viên trong họ TF TCP ở bưởi, sơ đồ hình cây giữa các CgTCP đã được xây dựng dựa trên trình tự protein đầy đủ. Kết quả cho thấy tất cả các thành viên của họ CgTCP đều có vùng bảo thủ bám DNA bHLH và có thể được chia làm 3 nhóm. Nhóm 1, hay còn gọi là PCF, chứa 12 thành viên CgTCP, nhóm CIN (bao gồm 5 thành viên CgTCP) và nhóm CYC/TB1 (chứa 4 thành viên) (Hình 2). Sự phân chia của các TF TCP

thành 3 nhóm cũng đã được báo cáo tương tự như ở các loài thực vật, như lúa gạo và ngô (Chai & cs., 2017, Yao & cs., 2007), cà chua (Parapunova & cs., 2014), cao lương (Francis & cs., 2016), cam ngọt (Chu Đức Hà & cs., 2018), đậu tương (Feng & cs., 2018), đậu gà (Tran & cs., 2018) và sâm Hàn Quốc (Chu Đức Hà & cs., 2019). Những kết quả này cho thấy sự tương đồng ở nhóm TF TCP giữa các loài cây trồng khác nhau cũng như sự đặc thù của chúng ở thực vật nói chung.

Tiếp theo, cấu trúc vùng bảo thủ của các TF TCP ở bưởi được căn trình tự bằng ClustalX (Larkin & cs., 2007) và sắp xếp thứ tự theo sơ đồ hình cây (Hình 3). Kết quả cấu trúc cho thấy vùng bảo thủ PF03634 ở PgTCP có kích thước khoảng 55 amino acid, gồm 3 miền riêng biệt helix-loop-helix (Hình 3). Trong nghiên cứu trước đây, chức năng của ba miền này đã được chứng minh là tham gia vào cơ chế bám trên DNA, tương tác protein-protein và cư trú protein trong nhân (Danisman & cs., 2013). Gần đây, vùng bảo thủ của các TF TCP ở một số loài cây trồng cũng được ghi nhận với kích thước dao động từ 55-59 amino acid với 3 phân vùng helix-loop-helix, tương tự như CgTCP ở bưởi. Tóm lại, các kết quả này cho thấy TF TCP ở thực vật nói chung có cấu trúc rất bảo thủ và được bảo tồn giữa các loài, điều này đặt ra giả thuyết về chức năng của các gene mã hóa chúng liên quan đến sinh trưởng và phát triển của thực vật.



Hình 3. Vùng bảo thủ và xây dựng sơ đồ hình cây của nhóm TCP ở bưởi



Hình 4. Phân tích CgTCP ở bưởi thông qua khai thác dữ liệu của gene tương đồng trên cam ngọt

3.4. Kết quả khai thác dữ liệu biểu hiện phiên mã của họ gene mã hóa TCP ở bưởi

Để xem xét chức năng của TF TCP ở bưởi, các gene CgTCP được đối chiếu trình tự tương đồng trên hệ tham chiếu của cam ngọt (*C. sinensis*) (Xu & cs., 2013), từ đó đánh giá biểu hiện của gene CgTCP thông qua khai thác dữ liệu hệ phiên mã của cam ngọt tương ứng. Trong đó, mức độ biểu hiện của CgTCP ở bưởi được đánh giá gián tiếp thông qua dữ liệu phiên mã của các trình tự tương đồng ở cam ngọt tại 4 cơ quan, callus, hoa, lá và quả (Xu & cs., 2013).

Kết quả cho thấy thông qua mức độ phiên mã của các gene tương đồng trên *C. sinensis*, phần lớn các gene tương đồng với CgTCP đều có biểu hiện yếu tại callus, ngoại trừ *Cs7g11120* (tương đồng với CgTCP12) và *orange1.1t02427* (tương đồng với CgTCP21) được tăng cường biểu hiện tại callus (Hình 4). Trong khi đó, đã xác định *Cs2g15820* (tương đồng với CgTCP02) là gene có biểu hiện mạnh nhất, được tăng cường phiên mã ở 3 cơ quan, lá, hoa và quả (Hình 4). Một gene khác là *Cs7g25460* (tương đồng với CgTCP06) cũng có biểu hiện mạnh ở lá và hoa, trong khi 2 gene, *Cs5g10130* (tương đồng với

CgTCP09) & *cs7g03980* (tương đồng với *CgTCP11*) có mức phiên mã tăng ở lá (Hình 4). Việc khai thác dữ liệu biểu hiện của các gene tương đồng ở *C. sinensis* (loài họ hàng gần gũi với *C. grandis*) đã chỉ ra rằng họ *CgTCP* có thể đóng vai trò quan trọng tại các 4 mẫu mô này. Các nghiên cứu trước đây đã chỉ ra rằng họ *TCP* có tham gia vào quá trình phân cành, phát triển ở lá và ở hoa (Francis & cs., 2016; Martín-Trillo & Cubas, 2010), đặc biệt là liên quan đến cơ chế đáp ứng bất lợi (Tran & cs., 2018). Cụ thể, dựa trên việc khai thác dữ liệu biểu hiện đã biết, các gene *CaTCP* được dự đoán có biểu hiện mạnh ở lá và rễ cây đậu gà (Tran & cs., 2018). Kiểm chứng bằng kỹ thuật qRT-PCR cho thấy các gene *CaTCP* có đáp ứng mạnh ở mẫu lá và rễ xử lý hạn (Tran & cs., 2018). Những ghi nhận này đều phù hợp với giả thuyết về chức năng của họ gene *CgTCP* dựa trên khả năng biểu hiện mạnh tại callus, lá, hoa và quả của các gene tương đồng trên *C. sinensis*.

4. KẾT LUẬN

Trong nghiên cứu này, 21 thành viên thuộc họ TF TCP đã được xác định ở bưởi. Các gene mã hóa TF TCP phân bố rải rác trên hệ gene, với cấu trúc phổ biến gồm 1 exon duy nhất. Các TF TCP ở bưởi rất đa dạng về kích thước, khối lượng phân tử, điểm đẳng điện và có tính ưa nước. Họ TF TCP ở bưởi có thể được chia làm 3 nhóm chính dựa trên sự tương đồng trong cấu trúc vùng bảo thủ. Khai thác dữ liệu biểu hiện đã chỉ ra rằng, các gene mã hóa TF TCP ở bưởi có mức độ phiên mã rất đa dạng ở callus, lá, hoa và quả, trong đó, gene *CgTCP02* có thể biểu hiện mạnh ở lá, hoa và quả.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được thực hiện từ kinh phí của đề tài nghiên cứu cơ bản mã số 08/HĐUT-KHCN do Đại học Sư phạm Hà Nội 2 tài trợ. Nhóm tác giả chân thành cảm ơn sự hỗ trợ của tập thể cán bộ nghiên cứu của Bộ môn Sinh học phân tử, Viện Di truyền Nông nghiệp và tập thể giảng viên của Khoa Công nghệ Sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Chai W., Jiang P., Huang G., Jiang H. & Li X. (2017). Identification and expression profiling analysis of TCP family genes involved in growth and development in maize. *Physiol Mol Biol Plants*. 23(4): 779-791.
- Chu Đức Hà, La Việt Hồng, Trần Thị Thu Hiền, Phạm Phương Thu, Trần Danh Sứ & Phạm Thị Lý Thu (2018). Nghiên cứu xác định và phân tích cấu trúc của họ gen mã hóa yếu tố phiên mã TCP ở cam ngọt (*Citrus sinensis*) bằng công cụ tin sinh học. Hội nghị Công nghệ Sinh học toàn quốc năm 2018. tr. 34-39.
- Chu Đức Hà, Nguyễn Thị Duyên, La Việt Hồng, Phạm Phương Thu, Trần Thị Phương Liên, Lê Hùng Lĩnh, Phạm Xuân Hội & Lê Tiến Dũng (2019). Phân tích đặc tính của nhân tố phiên mã TCP liên quan đến đáp ứng bất lợi ở sâm Hàn Quốc (*Panax ginseng*). Hội nghị Công nghệ Sinh học toàn quốc năm 2019. tr. 6-10.
- Danisman S. (2016). TCP transcription factors at the interface between environmental challenges and the plant's growth responses. *Frontier Plant Sci*. 7: 1930.
- Danisman S., van Dijk A.D., Bimbo A., van der Wal F., Hennig L., de Folter S., Angenent G.C. & Immink R.G. (2013). Analysis of functional redundancies within the Arabidopsis TCP transcription factor family. *J Exp Bot*. 64(18): 5673-5685.
- El-Gebali S., Mistry J., Bateman A., Eddy S.R., Luciani A., Potter S.C., Qureshi M., Richardson L.J., Salazar G. A., Smart A., Sonnhammer E.L.L., Hirsh L., Paladin L., Piovesan D., Tosatto S.C.E. & Finn R.D. (2018). The Pfam protein families database in 2019. *Nucleic Acids Res*. 47(Database issue): D427-D432.
- Feng Z.J., Xu S.C., Liu N., Zhang G.W., Hu Q.Z. & Gong Y.M. (2018). Soybean TCP transcription factors: Evolution, classification, protein interaction and stress and hormone responsiveness. *Plant Physiol Biochem*. 127: 129-142.
- Francis A., Dhaka N., Bakshi M., Jung K.H., Sharma M.K. & Sharma R. (2016). Comparative phylogenomic analysis provides insights into TCP gene functions in *Sorghum*. *Sci Rep*. 6: 38488.
- Gasteiger E., Gattiker A., Hoogland C., Ivanyi I., Appel R.D. & Bairoch A. (2003). ExPASy: The proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis. *Nucleic Acids Res*. 31(13): 3784-3788.
- Hall T.A. (1999). BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symp Ser*. 41: 95-98.

- Hu B., Jin J., Guo A. Y., Zhang H., Luo J. & Gao G. (2015). GSDS 2.0: An upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*. 31(8): 1296-1297.
- Kumar S., Stecher G. & Tamura K. (2016). MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol Biol Evol*. 33(7): 1870-1874.
- Larkin M.A., Blackshields G., Brown N.P., Chenna R., McGettigan P.A., McWilliam H., Valentin F., Wallace I. M., Wilm A., Lopez R., Thompson J.D., Gibson T.J. & Higgins D.G. (2007). Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*. 23(21): 2947-2948.
- Lei N., Yu X., Li S., Zeng C., Zou L., Liao W. & Peng M. (2017). Phylogeny and expression pattern analysis of TCP transcription factors in cassava seedlings exposed to cold and/or drought stress. *Sci Rep*. 7(1): 10016.
- Manassero N.G., Viola I.L., Welchen E. & Gonzalez D.H. (2013). TCP transcription factors: Architectures of plant form. *Biomol concepts*. 4(2): 111-127.
- Martín-Trillo M. & Cubas P. (2010). TCP genes: a family snapshot ten years later. *Trends Plant Sci*. 15(1): 31-39.
- Nicolas M. & Cubas P. (2016). TCP factors: new kids on the signaling block. *Curr Opin Plant Biol*. 33: 33-41.
- Parapunova V., Busscher M., Busscher-Lange J., Lammers M., Karlova R., Bovy A.G., Angenent G.C. & de Maagd R.A. (2014). Identification, cloning and characterization of the tomato TCP transcription factor family. *BMC Plant Biol*. 14: 157.
- Shi P., Guy K.M., Wu W., Fang B., Yang J., Zhang M. & Hu Z. (2016). Genome-wide identification and expression analysis of the CITCP transcription factors in *Citrullus lanatus*. *BMC Plant Biol*. 16: 85.
- Tran C.D., Chu H.D., Nguyen K.H., Watanabe Y., La H.V., Tran K.D. & Tran L.S.P. (2018). Genome-wide identification of the TCP transcription factor family in chickpea (*Cicer arietinum* L.) and their transcriptional responses to dehydration and exogenous abscisic acid treatments. *J Plant Growth Reg*. 37(4): 1286-1299.
- Wang X., Xu Y., Zhang S., Cao L., Huang Y., Cheng J., Wu G., Tian S., Chen C., Liu Y., Yu H., Yang X., Lan H., Wang N., Wang L., Xu J., Jiang X., Xie Z., Tan M., Larkin R.M., Chen L.L., Ma B. G., Ruan Y., Deng X. & Xu Q. (2017). Genomic analyses of primitive, wild and cultivated citrus provide insights into asexual reproduction. *Nat Genet*. 49(5): 765-772.
- Xu Q., Chen L.L., Ruan X., Chen D., Zhu A., Chen C., Bertrand D., Jiao W.B., Hao B.H., Lyon M.P., Chen J., Gao S., Xing F., Lan H., Chang J.W., Ge X., Lei Y., Hu Q., Miao Y., Wang L., Xiao S., Biswas M.K., Zeng W., Guo F., Cao H., Yang X., Xu X.W., Cheng Y.J., Xu J., Liu J.H., Luo O.J., Tang Z., Guo W.W., Kuang H., Zhang H.Y., Roose M.L., Nagarajan N., Deng X.X. & Ruan Y. (2013). The draft genome of sweet orange (*Citrus sinensis*). *Nat Genet*. 45(1): 59-66.
- Yao X., Ma H., Wang J. & Zhang D. (2007). Genome-wide comparative analysis and expression pattern of TCP gene families in *Arabidopsis thaliana* and *Oryza sativa*. *J Integr Plant Biol*. 49(6): 885-897.