

Nghiên cứu khả năng cảm ứng phytohormone và biểu hiện đặc thù của nhóm gene mã hóa enzyme trehalose-6-phosphate phosphatase ở cây Sắn (*Manihot esculenta*)

Phạm Mỹ Hạnh¹, Vũ Minh Trung¹, Trần Văn Tiến², Bùi Thị Thu Hương³,
Nguyễn Quốc Trung³, Hà Thị Quyên¹, Phạm Châu Thùy¹,
Lê Thị Ngọc Quỳnh⁴, Chu Đức Hà^{1*}

¹Trường Đại học Công nghệ - Đại học Quốc gia Hà Nội

²Học viện Hành chính Quốc gia

³Học viện Nông nghiệp Việt Nam

⁴Trường Đại học Thủy lợi

Study on the phytohormone responsiveness and tissue-specific expression of genes encoding trehalose-6-phosphate phosphatase in Cassava (*Manihot esculenta*)

Pham My Hanh¹, Vu Minh Trung¹, Tran Van Tien², Bui Thi Thu Huong³,
Nguyen Quoc Trung³, Ha Thi Quyen¹, Pham Chau Thuy¹,
Le Thi Ngoc Quynh⁴, Chu Duc Ha^{1*}

¹University of Engineering and Technology - Vietnam National University, Hanoi

²National Academy of Public Administration

³Vietnam National University of Agriculture

⁴Thuyloi University

*Corresponding author: cd.ha@vnu.edu.vn

<https://doi.org/10.55250/jo.vnu.12.4.2023.003-010>

TÓM TẮT

Trehalose-6-phosphate phosphatase (TPP) được ghi nhận là enzyme chính tham gia vào quá trình sinh tổng hợp trehalose. Nghiên cứu trước đây đã ghi nhận vai trò của nhóm TPP liên quan đến các quá trình sinh học diễn ra ở thực vật. Trong nghiên cứu này, tổng số 10 thành viên của nhóm TPP đã được báo cáo trong dữ liệu của cây sắn (*Manihot esculenta*). Thông tin chủ giải và vị trí phân bố trên nhiễm sắc thể của nhóm MeTPP đã được khai thác. Các gene thành viên MeTPP phân bố rải rác trên nhiễm sắc thể trong genome của cây sắn. Cụ thể, nhiễm sắc thể số 2, 6 và 14 chứa 2 gene MeTPP. Khảo sát vùng promoter của nhóm gene MeTPP đã phát hiện sự phân bố của các nhóm yếu tố điều hòa cis- cảm ứng phytohormone. Nghiên cứu đã xác định được promoter của 8 gene MeTPP chứa ít nhất một nhóm yếu tố điều hòa cis- cảm ứng với auxin, ethylene, abscisic acid, salicylic acid, jasmonic acid và gibberellin. Phân tích dữ liệu RNA-Seq cho thấy 7 gene MeTPP có biểu hiện ở ít nhất 1 mẫu. MeTPP09 được xác định là gene có biểu hiện đặc thù ở lá và gân lá, biểu hiện mạnh ở thân, tổ chức phát sinh phôi cấu tạo soma và mô phân sinh chóp rễ, trong khi MeTPP03 và 05 có xu hướng biểu hiện mạnh ở mô sẹo phôi hóa. Kết quả của nghiên cứu này đã cung cấp những thông tin cơ bản về nhóm enzyme TPP ở cây sắn để phân tích chức năng gene MeTPP liên quan đến tính chống chịu.

ABSTRACT

Trehalose-6-phosphate phosphatase (TPP) has been regarded as one major enzyme that is directly involved in the synthesis of trehalose. The function of TPP families has been demonstrated to be related to various biological processes in higher plant species. In this study, a total of 10 members of the TPP family have been identified in the assembly of cassava (*Manihot esculenta*). The annotation and chromosomal distribution of the MeTPP genes have been obtained. We found that the MeTPP genes are randomly localized in the chromosomes. Particularly, chromosome 2, 6 and 14 share the highest members (2) of the MeTPP family. Analysis of the 1000 bp sequences in the promoter regions of the MeTPP gene family showed a distribution of phytohormone-responsive cis-regulatory elements. Particularly, the promoter regions of 8 MeTPP genes contain at least one cis-regulatory elements that are responsive to auxin, ethylene, abscisic acid, salicylic acid, jasmonic acid and gibberellin. Of our interest, our RNA-Seq analysis indicated that 7 MeTPP genes are expressed in at least one major organ/tissue. Interestingly, MeTPP09 is specifically expressed in leaf, mid vein samples and highly expressed in stem, somatic organized embryogenic structure and root apical meristem samples, while two genes, like MeTPP03 and 05 are tended to highly expressed in friable embryogenic callus samples. The results of this study could provide comprehensive information of the TPP family in cassava for further functional characterization of the MeTPP genes related to stress tolerance.

Thông tin chung:

Ngày nhận bài: 04/05/2023

Ngày phản biện: 07/06/2023

Ngày quyết định đăng: 26/06/2023

Từ khóa:

biểu hiện, phytohormone, sắn, trehalose-6-phosphate phosphatase, yếu tố điều hòa cis-

Keywords:

Cassava, cis-regulatory element, expression, phosphatase, phytohormone, trehalose-6-phosphate.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Cây sắn (*Manihot esculenta*), $2n=36$, là một trong những đối tượng cây trồng chủ lực đóng một vai trò không thể thiếu trong nền sản xuất nông nghiệp ở Việt Nam [1]. Đạt giá trị xuất khẩu hơn 1 tỷ Đô la Mỹ, củ sắn chứa lượng tinh bột cao được sử dụng như một nguồn thực phẩm thiết yếu cho con người, cung cấp nguyên liệu cho chế biến thức ăn chăn nuôi và đóng vai trò quan trọng trong lĩnh vực năng lượng [2, 3]. Hơn nữa, sắn được chứng minh là đối tượng cây trồng tính chống chịu tốt, khả năng thích ứng cao [4], do đó, làm rõ về cơ chế đáp ứng bất lợi của cây sắn ở cấp độ phân tử được xem là chìa khóa để hướng đến canh tác sắn bền vững, nhất là trong bối cảnh một số địa phương đang chịu ảnh hưởng của biến đổi khí hậu.

Ở thực vật, trehalose, một dạng disaccharide hình thành từ hai phân tử đường glucose kết hợp với nhau thông qua liên kết $\alpha, \alpha-1, 1$ -glucosidic được chứng minh là duy trì áp suất thẩm thấu nội bào, từ đó đóng vai trò quan trọng trong cơ chế đáp ứng bất lợi, điển hình như bất lợi thẩm thấu gây ra bởi hạn hán và nồng độ muối cao [5, 6]. Ở thực vật, trehalose được sinh tổng hợp thông qua xúc tác của hai nhóm enzyme chính, bao gồm trehalose-6-phosphate synthase và trehalose-6-phosphate phosphatase (TPP). Trong đó, TPP xúc tác cho phản ứng dephosphoryl hóa từ tiền chất trehalose-6-phosphate tạo thành trehalose [7]. Chức năng của enzyme TPP đã được ghi nhận trong việc điều hòa hàm lượng trehalose để duy trì trạng thái cân bằng nội môi, từ đó thích ứng với sự thay đổi của điều kiện môi trường [5, 6]. Đến nay, nhóm TPP đã được ghi nhận trên một số đối tượng quan trọng, như *Arabidopsis thaliana* [8], lúa gạo (*Oryza sativa*) [9], ngô (*Zea mays*) [10], *Populus* spp. [11], lúa mì (*Triticum aestivum*) [12] và 4 loài *Gossypium* spp., bao gồm *G. raimondii*, *G. arboreum*, *G. hirsutum* và *G. barbadense* [13]. Dựa trên dữ liệu di truyền của cây sắn trước đây, tổng số 10 gene mã hóa nhóm TPP đã được báo cáo, với thông tin về sơ

đồ hình cây của nhóm [14]. Tuy nhiên, vùng promoter và mức độ biểu hiện của các gene mã hóa nhóm TPP ở cây sắn chưa được ghi nhận, nhất là khi dữ liệu về genome của cây sắn đã được công bố gần đây [15] cho phép đi sâu vào khai thác thông tin về các nhóm gene quan trọng.

Mục tiêu của nghiên cứu này nhằm sàng lọc và xác định nhóm TPP trong dữ liệu của cây sắn dựa trên cách tiếp cận tin sinh học dữ liệu lớn. Theo đó, thông tin về các thành viên của nhóm TPP đã được xác định và sàng lọc trong dữ liệu proteome của cây sắn. Sau đó, vùng promoter của các gene mã hóa nhóm TPP ở cây sắn được khai thác để phân tích sự có mặt của yếu tố điều hòa cis- cảm ứng phytohormone. Cuối cùng, dữ liệu phiên mã ở 4 mẫu mô và 7 mẫu cơ quan chính ở cây sắn được sử dụng để phân tích mức độ biểu hiện đặc thù của nhóm gene TPP.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

Dữ liệu genome, proteome của cây sắn được mô tả trong nghiên cứu trước đây của Bredeson và cộng sự [15] khai thác trên cơ sở dữ liệu Phytozome [16] và NCBI.

Dữ liệu transcriptome của cây sắn được mô tả trong nghiên cứu trước đây [17] khai thác trên cơ sở dữ liệu GEO NCBI [18] và Plant Regulomics [19].

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Phương pháp xác định và định danh: Các bước sàng lọc và xác định TPP ở cây sắn được tiến hành dựa theo mô tả trong nghiên cứu trước đây [9, 10, 12]. Cụ thể, vùng bảo thủ đặc trưng của enzyme TPP đặc thù ở thực vật [7] thu thập trên Pfam [20] được truy vấn trên proteome của cây sắn [15] đã giải mã genome trên cơ sở dữ liệu Phytozome [16] và NCBI. Tất cả tìm kiếm đạt độ tin cậy (với giá trị E-value $\leq 10^{-10}$) được tiếp tục đối chiếu (BlastP) trên NCBI để chú giải thông tin cho nhóm enzyme TPP, bao gồm mã định danh, vị trí phân bố trên genome, trình tự toàn vùng gene (genomic DNA sequence, gDNA) và trình tự đoạn mã hóa (coding DNA sequence, CDS).

Phương pháp thu thập vùng promoter: Vùng promoter của các gene mã hóa TPP ở cây sắn được thu thập dựa theo nghiên cứu trước đây của Niu và cộng sự [21]. Cụ thể, đoạn trình tự 1000 bp trước vị trí mã mở đầu ATG của các gene khai thác trên Phytozome [16] được khai thác cho phân tích yếu tố điều hòa *cis*-

Phương pháp phân tích yếu tố điều hòa cis-: Các yếu tố điều hòa *cis*- đáp ứng phytohormone được khai thác trên đoạn 1000 bp trên vùng promoter của gene mã hóa TPP ở sắn dựa theo mô tả trong nghiên cứu trước đây [22]. Cụ thể, GARE-motif (-AAACAGA- hoặc -TCTGTTG-) và P-box (-GCCTTTTGAGT-) liên quan đến cảm ứng gibberellin, TGA-element (-AACGAC-) và AuxRR-core liên quan đến cảm ứng auxin, ERE (ethylene-responsive element, -ATTTCAAA-) liên quan đến cảm ứng ethylene, TCA-element (-CAGAAAAGGA- hoặc -GAGAAGAATA-) liên quan đến cảm ứng salicylic acid, TGACG-motif (-TGACG-) và CGTCA-motif (-CGTCA-) liên quan đến cảm ứng jasmonic acid, và ABRE (ABA-responsive element, -CACGTG- hoặc -TACGTG-) liên quan đến cảm ứng abscisic acid [21-23].

Phương pháp phân tích dữ liệu RNA-Seq: Các dữ liệu RNA-Seq ở cây sắn được thu thập từ thư viện GEO NCBI [18] và Plant

Regulomics [19] dựa theo mô tả trong nghiên cứu trước đây. Cụ thể, dữ liệu biểu hiện GSE82279 được thu thập ở 4 mô, bao gồm mô sẹo phôi hóa (friable embryogenic callus, FEC), tổ chức phát sinh phôi cấu tạo soma (somatic organized embryogenic structures, OES), mô phân sinh chóp rễ (root apical meristem, RAM) và mô phân sinh đỉnh chồi (shoot apical meristem, SAM), và 7 cơ quan chính, bao gồm lá, gân lá, cuống lá, rễ sợi, củ, chồi bên và thân [17]. Mã định danh gene của nhóm TPP được sử dụng để khai thác mức độ biểu hiện, thể hiện bằng giá trị FPKM (fragments per kilobase of transcript per million reads mapped), sau đó được xử lý và biểu diễn bằng thuật toán R [24].

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Xác định và định danh thông tin của nhóm TPP ở cây sắn

Để xác định nhóm TPP ở cây sắn, vùng bảo thủ đặc trưng của enzyme TPP đặc thù ở thực vật [7] được sử dụng để sàng lọc trên proteome của cây sắn [15]. Kết quả đã xác định được tổng số 10 protein của nhóm TPP, đặt tên là MeTPP (Me viết tắt cho tên khoa học của cây sắn - *Manihot esculenta*, trong khi TPP viết tắt cho enzyme trehalose-6-phosphate phosphatase) trong cây sắn (Bảng 1, Hình 1).

Bảng 1. Thông tin chú giải của nhóm TPP ở cây sắn

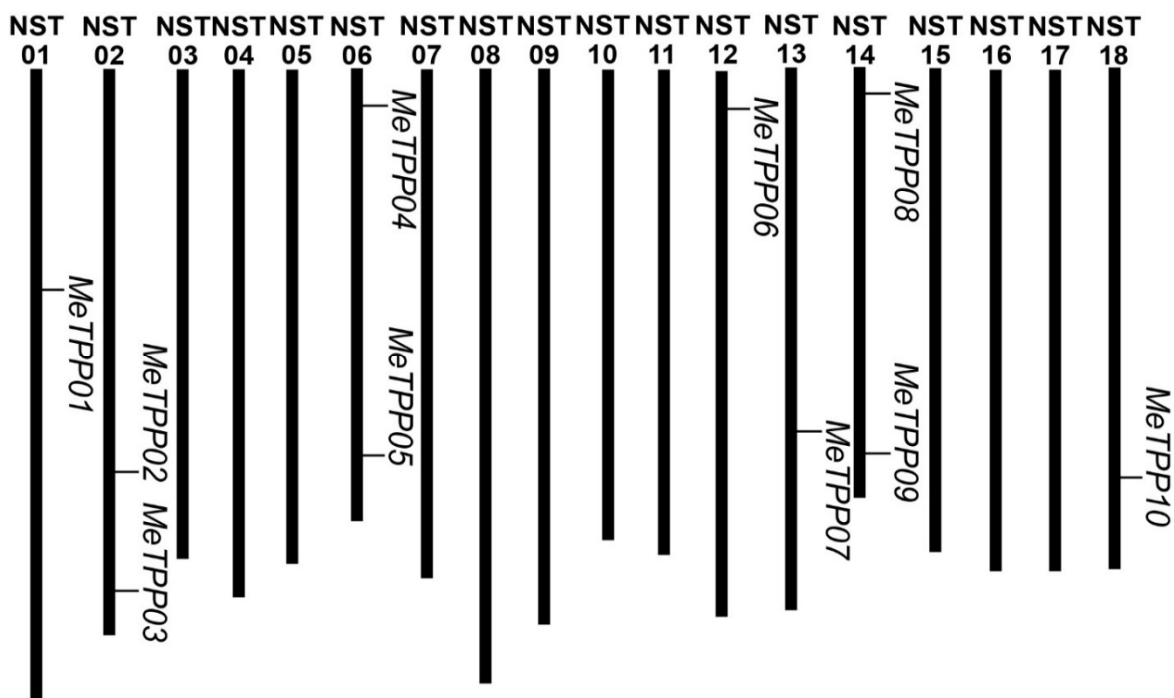
STT	Tên gene	Mã định danh gene	Mã định danh protein	Mã định danh RNA	Mã định danh locus
1	<i>MeTPP01</i>	<i>Manes.01G076700</i>	XP_021630311	XM_021774619.2	LOC110628116
2	<i>MeTPP02</i>	<i>Manes.02G154201</i>	XP_043809531	XM_043953596.1	LOC110608818
3	<i>MeTPP03</i>	<i>Manes.02G036000</i>	XP_043810406	XM_043954471.1	LOC110606906
4	<i>MeTPP04</i>	<i>Manes.06G158300</i>	XP_021616858	XM_021761166.2	LOC110618113
5	<i>MeTPP05</i>	<i>Manes.06G135400</i>	XP_021615039	XM_021759347.2	LOC110616848
6	<i>MeTPP06</i>	<i>Manes.12G136700</i>	XP_021629903	XM_021774211.2	LOC110627838
7	<i>MeTPP07</i>	<i>Manes.13G093200</i>	XP_021632312	XM_021776620.2	LOC110629586
8	<i>MeTPP08</i>	<i>Manes.14G007788</i>	XP_021592173	XM_021736481.2	LOC110599883
9	<i>MeTPP09</i>	<i>Manes.14G035300</i>	XP_021593020	XM_021737328.2	LOC110600460
10	<i>MeTPP10</i>	<i>Manes.18G068800</i>	XP_021600869	XM_021745177.2	LOC110606388

Đối chiếu thông tin cho thấy các gene *MeTPP* phân bố rải rác trên genome của cây sắn

(Hình 1). Cụ thể, nhiễm sắc thể số 2, 6 và 14 chứa 2 thành viên của nhóm gene *MeTPP*, lần

lượt bao gồm *MeTPP02* và *03*, *MeTPP04* và *05*, và *MeTPP08* và *09* (Hình 1). Trong khi đó, 4 thành viên thuộc nhóm gene *MeTPP*, bao gồm *MeTPP01*, *06*, *07* và *10* lần lượt được chú giải

trên nhiễm sắc thể số 1, 12, 13 và 18 (Hình 1). Các nhiễm sắc thể còn lại không ghi nhận sự có mặt của các gene *MeTPP* (Hình 1).



Hình 1. Vị trí phân bố của nhóm gene *MeTPP* ở genome của cây sắn

Trong nghiên cứu trước đây, nhóm enzyme TPP đã được báo cáo trên một số đối tượng thực vật quan trọng. Cụ thể, tổng số 10 thành viên của nhóm TPP đã được xác định trên *A. thaliana*, trong khi dữ liệu genome của lúa gạo chứa 12 gene mã hóa cho enzyme TPP [8, 9]. Ở loài *Populus spp.*, 10 gene *TPP* đã được báo cáo gần đây [11], trong khi nhóm TPP gồm 31 thành viên đã được sàng lọc trên cây lúa mì [12]. Ở chi *Gossypium*, tổng số 12, 17, 24 và 26 thành viên của nhóm *TPP* đã được ghi nhận trên 4 loài, lần lượt bao gồm *G. raimondii*, *G. arboreum*, *G. hirsutum* và *G. barbadense* [13]. Tóm lại, kết quả cho thấy nhóm TPP ở thực vật là họ đa gene, số lượng thành viên đa dạng giữa các loài.

3.2. Phân tích yếu tố điều hòa cis- cảm ứng phytohormone trên vùng promoter của nhóm TPP ở cây sắn

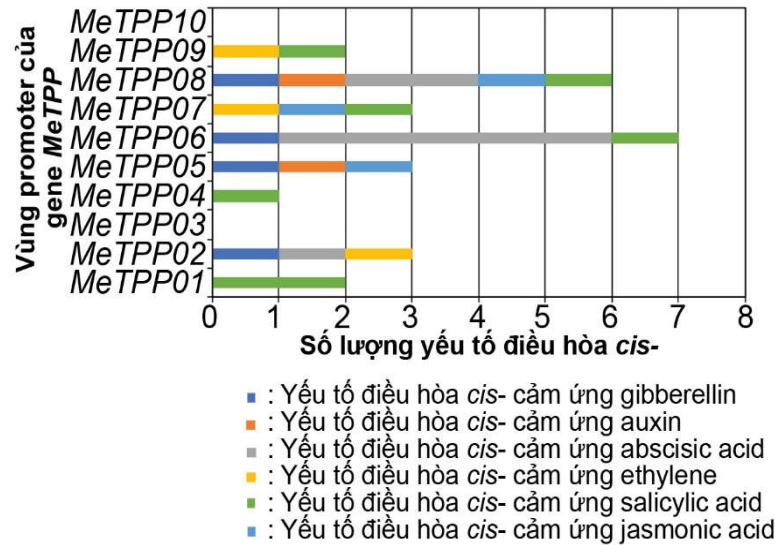
Để phân tích yếu tố điều hòa cis- trên vùng promoter của gene *MeTPP* ở cây sắn, đoạn

trình tự 1000 bp trên vùng promoter được khai thác để sàng lọc các đoạn trình tự lõi đặc trưng cho yếu tố điều hòa cis- đáp ứng phytohormone. Kết quả sàng lọc cho thấy các yếu tố điều hòa cis- đáp ứng các phytohormone phân bố rải rác trên vùng promoter của nhóm gene *MeTPP* ở cây sắn.

Cụ thể, hầu hết (8 trên tổng số 10) gene *MeTPP*, ngoại trừ *MeTPP03* và *10* đều có vùng promoter chứa ít nhất một nhóm yếu tố điều hòa cis- cảm ứng với phytohormone (Hình 2). Cụ thể, vùng promoter của 4 gene, bao gồm *MeTPP02*, *05*, *06* và *08* chứa GARE-motif và P-box liên quan đến cảm ứng gibberellin, trong khi 2 (*MeTPP05* và *08*) và 3 (*MeTPP02*, *07* và *09*) gene có vùng promoter chứa nhóm yếu tố điều hòa cis- cảm ứng lần lượt với auxin và ethylene (Hình 2). Tiếp theo, TCA-element, yếu tố điều hòa cis- cảm ứng salicylic acid được tìm thấy trên vùng promoter của 3 gene, bao gồm *MeTPP05*, *07* và *08* (Hình 2). Đáng chú ý, 6 trên

tổng số 10 gene *MeTPP* có vùng promoter chứa nhóm yếu tố điều hòa *cis*- (TGACG-motif và CGTCA-motif) cảm ứng với jasmonic acid,

trong khi yếu tố cảm ứng abscisic acid được tìm thấy trên vùng promoter của gene *MeTPP02*, *06* và *08* (Hình 2).



Hình 2. Sự phân bố của yếu tố điều hòa *cis*- cảm ứng phytohormone trên vùng promoter của nhóm gene *MeTPP* ở cây sắn

Nghiên cứu trước đây đã chứng minh rằng, sự có mặt của các nhóm yếu tố điều hòa *cis*- cảm ứng phytohormone trên vùng promoter là các vị trí đặc hiệu để phân tử protein bám và điều hòa phiên mã, do đó sự biểu hiện của gene mục tiêu được kiểm soát bởi con đường tín hiệu phụ thuộc phytohormone. Trong đó, abscisic acid được đánh giá là phytohormone chính liên quan đến cơ chế chống chịu hạn ở thực vật, các gene tham gia vào con đường tín hiệu phụ thuộc vào abscisic acid thường có biểu hiện đáp ứng với điều kiện xử lý hạn [25, 26]. Tương tự, các gene cảm ứng với tín hiệu jasmonic acid được chứng minh là liên quan đến đáp ứng bất lợi sinh học ở thực vật [27], trong khi tín hiệu ethylene và các phytohormone khác cũng được ghi nhận tham gia vào đáp ứng các bất lợi phi sinh học [28].

Sự phân bố của các yếu tố điều hòa *cis*- cảm ứng phytohormone cũng được ghi nhận trên vùng promoter của nhóm gene *TPP* ở các loài thực vật. Ví dụ, vùng promoter của 19 (trên tổng số 24) gene *TPP* ở *G. hirsutum* đều chứa yếu tố cảm ứng abscisic acid [13]. Các nhóm yếu tố

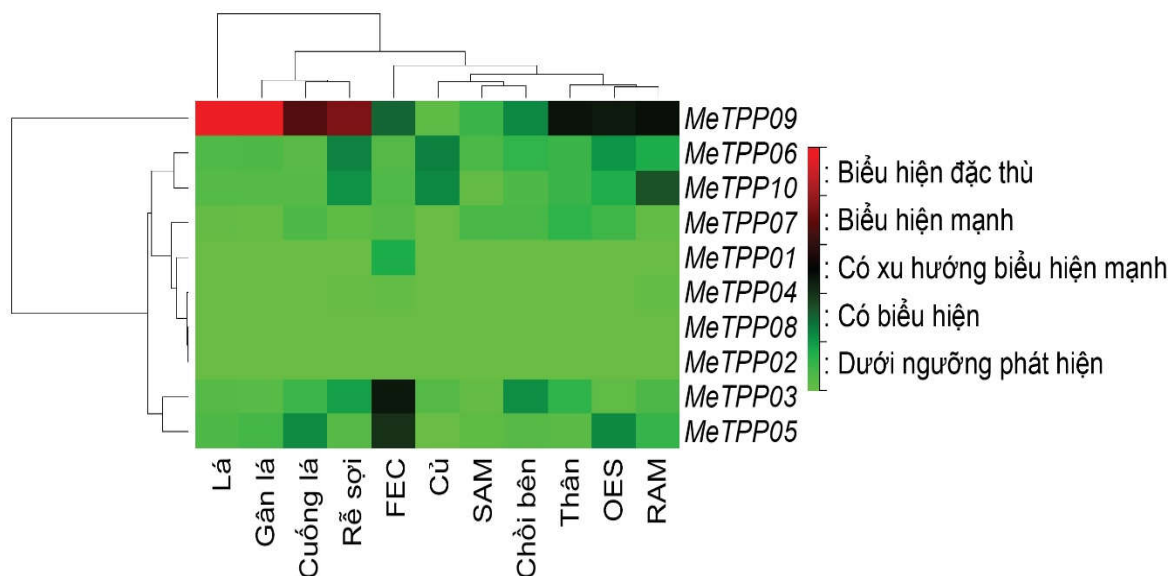
điều hòa *cis*- cảm ứng gibberellin, auxin, jasmonic acid và salicylic acid cũng được tìm thấy ngẫu nhiên trên vùng promoter của nhóm gene *TPP* ở *G. hirsutum* [13]. Hầu hết các yếu tố điều hòa *cis*- được tìm thấy trên đoạn trình tự 2kb trên vùng promoter của nhóm *TPP* ở *Populus spp.* bao gồm nhóm yếu tố cảm ứng abscisic acid và jasmonic acid [11]. Tóm lại, các phân tích này đã đặt ra giả thuyết rằng nhóm gene *TPP* ở các loài thực vật, cụ thể như ở sắn có thể tham gia vào cơ chế đáp ứng với điều hòa phytohormone.

3.3. Đánh giá mức độ biểu hiện của nhóm *TPP* trong giai đoạn sinh trưởng và phát triển của cây sắn

Để xem xét mức độ biểu hiện của nhóm gene *MeTPP* ở cây sắn, dữ liệu RNA-Seq tiến hành trên 4 mô và 7 cơ quan chính [17] đã được khai thác để phân tích. Kết quả phân tích được mô tả ở Hình 3. Theo đó, hầu hết (7 trên tổng số 10) các gene *MeTPP* có dữ liệu biểu hiện ở ít nhất 1 vị trí, trong khi 3 gene, bao gồm *MeTPP02*, *04* và *08* có mức độ biểu hiện dưới ngưỡng phát hiện (Hình 3). Hai gene, bao gồm *MeTPP03* và

05 có xu hướng biểu hiện mạnh ở mẫu FEC, trong khi *MeTPP10* cũng thể hiện xu hướng này ở mẫu RAM (Hình 3). Đáng chú ý, gene *MeTPP09* có biểu hiện mạnh ở cuống lá và rễ

sợi, và biểu hiện đặc thù ở lá và gân lá (Hình 3). Gene *MeTPP09* cũng có xu hướng biểu hiện mạnh ở 3 vị trí, bao gồm thân, OES và RAM (Hình 3).



Hình 3. Mức độ biểu hiện của nhóm gene *MeTPP* ở các mẫu mô cơ quan chính trên cây sắn

Trong nghiên cứu trước đây, vai trò của một số thành viên trong nhóm *TPP* đã được chứng minh có liên quan đến quá trình sinh trưởng và phát triển, đặc biệt là đáp ứng bất lợi ở các loài thực vật. Ví dụ, 4 gene thành viên thuộc nhóm *TPP* ở *G. hirsutum*, bao gồm *GhTPP5*, 7, 17 và 21 có biểu hiện mạnh ở rễ, trong khi 8 gene *TPP* khác, bao gồm *GhTPP6*, 11, 12, 13, 15, 18, 23 và 24 biểu hiện đặc thù ở bao phấn [13]. Ở *Populus*, gene *PtTPP9* có biểu hiện mạnh ở lá, thân và rễ, trong khi 3 gene khác ở nhóm *TPP*, bao gồm *PtTPP3*, 4 và 5 biểu hiện mạnh ở rễ [11]. Tương tự, các gene *TaTPP1-1A/B/D* ở lúa mỳ có biểu hiện mạnh ở thân cây non và bông non, trong khi *TaTPP2-2A* và *TaTPP4-2A/D* biểu hiện đặc thù ở lá cây non, thân cây non và hạt [12]. Các gene *TaTPP9-6A/D* biểu hiện mạnh ở lá non, rễ, bông và thân, trong khi các gene *TaTPP10-6A/D* được ghi nhận có biểu hiện mạnh ở thân cây non, lá, bông trưởng thành [12]. Những kết quả này cho thấy các gene *TPP* ở thực vật thường có biểu hiện đặc thù ở ít nhất một mẫu mô cơ quan chính để tham gia vào các quá trình trao đổi chất thông qua cơ chế điều hòa trehalose.

4. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã xác định tổng số 10 thành viên của nhóm *MeTPP* trong dữ liệu di truyền của cây sắn. Các gene *MeTPP* phân bố ngẫu nhiên trên genome của cây sắn.

Phân tích cho thấy 8 trên 10 gene *MeTPP* có vùng promoter chứa ít nhất một nhóm yếu tố điều hòa *cis*- cảm ứng với phytohormone. Ba gene, *MeTPP02*, 05 và 06 có vùng promoter chứa các yếu tố điều hòa *cis*- cảm ứng với 3 phytohormone. Gene *MeTPP08* có vùng promoter chứa nhóm yếu tố điều hòa *cis*- cảm ứng với auxin, abscisic acid, salicylic acid, jasmonic acid và gibberellin.

Khai thác dữ liệu biểu hiện cho thấy 7 trên tổng số 10 gene *MeTPP* có dữ liệu biểu hiện ở ít nhất 1 mẫu mô cơ quan chính trên cây sắn. Gene *MeTPP09* có biểu hiện đặc thù ở lá và gân lá, biểu hiện mạnh ở thân, OES và RAM, có xu hướng biểu hiện mạnh ở cuống lá và rễ sợi.

Lời cảm ơn

Công trình này được hỗ trợ bởi Trường Đại học Công nghệ thông qua Đề tài khoa học và công nghệ có mã số CN23.02.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1]. Malik A. I., Kongsil P., Nguyen Anh Vu, Ou W., Srean P., Sheela M. N., Becerra Lopez-Lavalle L. A., Utsumi Y., Lu C., Kittipadakul P., Ceballos H., Nguyen Thi Hoa, Selvaraj Gomez M., Aiemnaka P., Labarta R., Chen, S., Amawan S., Sok S., Youabee L., Seki M., Tokunaga H., Wang W., Li K., Nguyen Hai Anh, Nguyen Van Dong, Le Huy Ham & Ishitani M. (2020). Cassava breeding and agronomy in Asia: 50 years of history and future directions. *Breeding Science*. (2): 145-166.
- [2]. Morgan N. K. & Choct M. (2016). Cassava: Nutrient composition and nutritive value in poultry diets. *Animal Nutrition*. (4): 253-261.
- [3]. Nwose E. U., Onodu B. C., Anyasodor A. E., Sedowo M. O., Okuzor J. N. & Culas R. J. (2017). Ethnopharmacological values of cassava and its potential for diabetes and dyslipidemia management: Knowledge survey and critical review of report. *Journal of Intercultural Ethnopharmacology*. (3): 260-266.
- [4]. Gleadow R., Pegg A. & Blomstedt C. K. (2016). Resilience of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) to salinity: implications for food security in low-lying regions. *Journal of Experimental Botany*. (18): 5403-5413.
- [5]. Iordachescu M. & Imai R. (2008). Trehalose biosynthesis in response to abiotic stresses. *Journal of Integrative Plant Biology*. (10): 1223-1229.
- [6]. Grennan A. K. (2007). The role of trehalose biosynthesis in plants. *Plant Physiology*. (1): 3-5.
- [7]. Paul M. J., Gonzalez-Uriarte A., Griffiths C. A. & Hassani-Pak K. (2018). The role of trehalose 6-phosphate in crop yield and resilience. *Plant Physiology*. (1): 12-23.
- [8]. Vandesteene L., Lopez-Galvis L., Vanneste K., Feil R., Maere S., Lammens W., Rolland F., Lunn J. E., Avonce N., Beeckman T. & Van Dijck P. (2012). Expansive evolution of the trehalose-6-phosphate phosphatase gene family in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*. (2): 884-896.
- [9]. Rahman M. M., Eom J. S. & Jeon J. S. (2020). Genome-wide identification, expression profiling and promoter analysis of trehalose-6-phosphate phosphatase gene family in rice. *Journal of Plant Biology*. (1): 55-71.
- [10]. Acosta-Perez P., Camacho-Zamora B. D., Espinoza-Sanchez E. A., Gutierrez-Soto G., Zavala-Garcia F., Abraham-Juarez M. J. & Sinagawa-Garcia S. R. (2020). Characterization of trehalose-6-phosphate synthase and trehalose-6-phosphate phosphatase genes and analysis of its differential expression in maize (*Zea mays*) seedlings under drought stress. *Plants*. (3): 315.
- [11]. Gao Y., Yang X., Yang X., Zhao T., An X. & Chen Z. (2021). Characterization and expression pattern of the trehalose-6-phosphate synthase and trehalose-6-phosphate phosphatase gene families in *Populus*. *International Journal of Biological Macromolecules*. (187): 9-23.
- [12]. Du L., Li S., Ding L., Cheng X., Kang Z. & Mao H. (2022). Genome-wide analysis of trehalose-6-phosphate phosphatases (TPP) gene family in wheat indicates their roles in plant development and stress response. *BMC Plant Biology*. (1): 120.
- [13]. Wang W., Cui H., Xiao X., Wu B., Sun J., Zhang Y., Yang Q., Zhao Y., Liu G. & Qin T. (2022). Genome-wide identification of cotton (*Gossypium* spp.) trehalose-6-phosphate phosphatase (TPP) gene family members and the role of *GhTPP22* in the response to drought stress. *Plants*. (8): 1079.
- [14]. Han B., Fu L., Zhang D., He X., Chen Q., Peng M. & Zhang, J. (2016). Interspecies and intraspecies analysis of trehalose contents and the biosynthesis pathway gene family reveals crucial roles of trehalose in osmotic-stress tolerance in cassava. *International Journal of Molecular Sciences*. (17): 1077.
- [15]. Bredeson J. V., Lyons J. B., Prochnik S. E., Wu G. A., Ha C. M., Edsinger-Gonzales E., Grimwood J., Schmutz J., Rabbi I. Y., Egesi C., Nauluvula P., Lebot V., Ndunguru J., Mkamilo G., Bart R. S., Setter T. L., Gleadow R. M., Kulakow P., Ferguson M. E., Rounsley S. & Rokhsar D. S. (2016). Sequencing wild and cultivated cassava and related species reveals extensive interspecific hybridization and genetic diversity. *Nature Biotechnology*. (5): 562-570.
- [16]. Goodstein D. M., Shu S., Howson R., Neupane R., Hayes R. D., Fazo J., Mitros T., Dirks W., Hellsten U., Putnam N. & Rokhsar D. S. (2012). Phytozome: A comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Research*. (40): 1178-1186.
- [17]. Wilson M. C., Mutka A. M., Hummel A. W., Berry J., Chauhan R. D., Vijayaraghavan A., Taylor N. J., Voytas D. F., Chitwood D. H. & Bart R. S. (2017). Gene expression atlas for the food security crop cassava. *New Phytologist*. (4): 1632-1641.
- [18]. Barrett T., Wilhite S. E., Ledoux P., Evangelista C., Kim I. F., Tomashevsky M., Marshall K. A., Phillippy K. H., Sherman P. M., Holko M., Yefanov A., Lee H., Zhang N., Robertson C. L., Serova N., Davis S. & Soboleva A. (2013). NCBI GEO: archive for functional genomics data sets - update. *Nucleic Acids Research*. (41): 991-995.
- [19]. Ran X., Zhao F., Wang Y., Liu J., Zhuang Y., Ye L., Qi M., Cheng J. & Zhang Y. (2020). Plant Regulomics: a data-driven interface for retrieving upstream regulators from plant multi-omics data. *Plant Journal*. (1): 237-248.
- [20]. 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 Research*, (47): gky995.

[21]. Niu L., Chu Duc Ha, Tran Duy Cuong, Nguyen Huu Kien, Pham Xuan Hoi, Le Tien Dung, Li W., Wang W., Le Duc Thao & Tran Phan Lam Son (2020). The GATA gene family in chickpea: Structure analysis and transcriptional responses to abscisic acid and dehydration treatments revealed potential genes involved in drought adaptation. *Journal of Plant Growth Regulation*. (4): 1647-1660.

[22]. Chu Duc Ha, Nguyen Huu Kien, Watanabe Y., Le Tien Dung, Pham Thi Ly Thu, Mochida K. & Tran Phan Lam Son (2018). Identification, structural characterization and gene expression analysis of members of the Nuclear factor-Y family in chickpea (*Cicer arietinum* L.) under dehydration and abscisic acid treatments. *International Journal of Molecular Sciences*. (11): 3290.

[23]. Tran Duy Cuong, Chu Duc Ha, Nguyen Huu Kien, Watanabe Y., La Viet Hong, Tran Dang Khanh & Tran Phan Lam Son (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. *Journal of Plant Growth Regulation*. (4): 1286-1299.

[24]. 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*. (8): 47.

[25]. Vishwakarma K., Upadhyay N., Kumar N., Yadav G., Singh J., Mishra R. K., Kumar V., Verma R., Upadhyay R. G., Pandey M. & Sharma S. (2017). Abscisic acid signaling and abiotic stress tolerance in plants: A review on current knowledge and future prospects. *Frontiers in Plant Science*. (8): 161.

[26]. Verma V., Ravindran P. & Kumar P. P. (2016). Plant hormone-mediated regulation of stress responses. *BMC Plant Biology*. 16: 86.

[27]. Wang Y., Mostafa S., Zeng W. & Jin B. (2021). Function and mechanism of jasmonic acid in plant responses to abiotic and biotic stresses. *International Journal of Molecular Sciences*. (16): 8568.

[28]. Chen H., Bullock D. A., Alonso J. M. & Stepanova A. N. (2021). To fight or to grow: The balancing role of ethylene in plant abiotic stress responses. *Plants*. (1): 33.