

## ĐẶC ĐIỂM CỦA GEN MÃ HOÁ NHÂN TỐ PHIÊN MÃ NAC1 PHÂN LẬP TỪ MỘT SỐ GIỐNG NGÔ (*Zea mays* L.) VIỆT NAM

Nguyễn Vũ Thanh Thanh<sup>1\*</sup>, Bùi Thị Thu<sup>1</sup>,  
Phạm Thanh Tùng<sup>2</sup>, Lê Văn Sơn<sup>2</sup>, Chu Hoàng Mậu<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Trường Đại học Khoa học - ĐH Thái Nguyên; <sup>2</sup>Viện Công nghệ sinh học - VAST

### TÓM TẮT

Nhân tố phiên mã NAC là một họ protein có chức năng rất đa dạng, giữ vai trò quan trọng trong việc điều hòa sự sinh trưởng và phát triển của thực vật, điều chỉnh nội tiết tố và phản ứng với những áp lực khác nhau,... và đóng vai trò quan trọng trong con đường kháng lại các nhân tố bất lợi phi sinh học. Trong nghiên cứu này, chúng tôi đã khuếch đại, tách dòng và xác định trình tự nucleotide của gen *ZmNAC1* từ DNA hệ gen của bốn giống ngô Việt Nam (LVN4, VX, HN88, QB). Gen *ZmNAC1* của giống LVN4 và VX có kích thước 1035 bp, của giống HN88 và QB có kích thước 1041 bp, vùng mã hoá của các trình tự gen *ZmNAC1* có 939 bp mã hoá 312 amino acid. Trình tự amino acid của protein suy diễn NAC1 ở các giống ngô nghiên cứu có sự sai khác ở một số amino acid. Sự khác biệt trong trình tự gen *ZmNAC1* và trình tự amino acid suy diễn là cơ sở để tiếp tục nghiên cứu mối liên quan giữa sự thay đổi trong cấu trúc gen *ZmNAC1* với đặc tính chịu hạn ở cây ngô.

**Từ khoá:** chịu hạn, gen *ZmNAC1*, protein NAC1, ngô, nhân tố phiên mã

### MỞ ĐẦU

Các stress phi sinh học như hạn hán, độ mặn cao và sốc nhiệt đã kìm hãm sự sinh trưởng, phát triển và làm giảm năng suất của cây trồng. Có hai xu hướng tìm kiếm mối liên quan giữa gen và sản phẩm của gen với đặc tính chống chịu của cây trồng đối với các yếu tố bất lợi phi sinh học từ ngoại cảnh, đó là: (i) gen mà sản phẩm của nó liên quan trực tiếp đến tính chịu hạn, chịu nhiệt, chịu mặn và (ii) gen tổng hợp sản phẩm protein có vai trò điều khiển quá trình phiên mã của các gen chức năng. Nhân tố phiên mã NAC (bắt nguồn từ ba chữ NAM-no apical meristem, ATAF-*Arabidopsis* transcription activation factor, CUC-cup-shaped cotyledon) không chỉ có chức năng quan trọng trong sự phát triển của thực vật mà còn trong sự phản ứng với các stress phi sinh học và phản ứng với những tác động khác nhau từ ngoại cảnh [3, 5, 6]. Protein NAC đã được chứng minh có liên quan đến tính chống chịu stress phi sinh học [7]. Protein NAC có vai trò quan trọng trong phản ứng với các stress từ ngoại cảnh, tăng cường khả năng chống chịu các yếu tố bất lợi

sinh học và phi sinh học [5]. Gen *ZmNAC* ở cây ngô được cảm ứng mạnh mẽ bởi nhiệt độ thấp, độ mặn cao, khô hạn và ABA [6]. Các nghiên cứu vai trò của gen NAC còn xem xét ở khía cạnh nhận và truyền tín hiệu các yếu tố môi trường để thực hiện chức năng hoạt hóa quá trình phiên mã [2] và có thể được ứng dụng nhằm cải thiện tính chịu hạn của thực vật và cây ngô bằng kỹ thuật chuyển gen [6, 7]. Các thảo luận về mục tiêu sử dụng các protein NAC trong chiến lược cải tiến giống cây trồng thông qua sự can thiệp của công nghệ sinh học đang là vấn đề mang tính thời sự [8]. Hiện nay đã phân lập được 7 gen NAC từ ngô. Trong nghiên cứu này chúng tôi trình bày đặc điểm trình tự gen *ZmNAC1* phân lập từ bốn giống ngô Việt Nam với mục tiêu tạo nguyên liệu phục vụ chuyển gen nhằm cải thiện khả năng chịu hạn của cây ngô.

### VẬT LIỆU, PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

#### Vật liệu

Hạt của bốn giống ngô: LVN4, VX, HN88, QB, trong đó hai giống LVN4, VX- chịu hạn tốt và hai giống HN88, QB- chịu hạn kém (được đánh giá bằng phương pháp gây hạn nhân tạo theo Lê Trần Bình và cs, 1998) [1]. Trong đó, giống VX (Vị Xuyên-Hà Giang) và

\* Tel: 0912 664126, Email: thanhthanhhdhkhmt@gmail.com

giống QB (Quang Bình-Hà Giang) là 2 mẫu giống địa phương thu thập tại Hà Giang; giống HN88 do Công ty giống cây trồng TW1 nhập nội và tuyển chọn; giống LVN4 do Viện nghiên cứu ngô lai tạo.

### Phương pháp

Gieo hạt của các giống ngô ở trên và thu nhận lá non 5 ngày tuổi để tách chiết DNA tổng số bằng dung dịch đệm: 2% CTAB, 100mM Tris HCl, 1,4M NaCl, 20mM EDTA, 2% PVP, 0,01% 2-mercaptoethanol. Gen *ZmNAC1* được khuếch đại bằng PCR với cặp mồi:

*NACZm-F*

(5'GGGATCCATGGGTCTGCCGATGAGGA3')

*NACZm-R*

(5'GAGCTCTCAGAACTGTCCCAACCCG3')

được thiết kế dựa trên trình tự gen được công bố trên GenBank có mã số EU810024 [4].

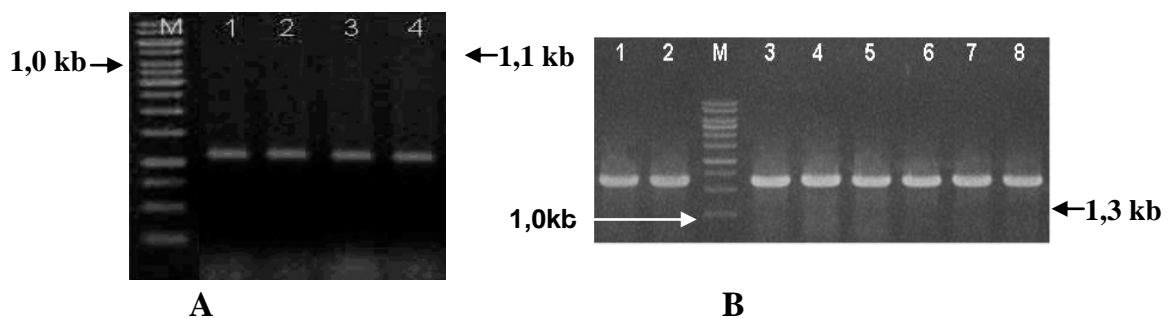
Thành phần phản ứng PCR nhân gen *ZmNAC1* trong thể tích 25 $\mu$ l, gồm: 12,5 $\mu$ l GoTaq® Green Master Mix 2X; 1,0 $\mu$ l NACZm-F (10pM/ $\mu$ l), 1,0 NACZm-R (10pM/ $\mu$ l); 1,0 $\mu$ l DNA tổng số; 9,5 $\mu$ l H<sub>2</sub>O. Tách dòng gen được thực hiện theo phương pháp của Sambrook và Russell (2001) [9]. Trình tự gen *ZmNAC1* được xác định trên thiết bị giải trình tự nucleotide tự động ABI PRISM@3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystem) tại Viện công nghệ sinh học. Phân tích các trình tự nucleotide và trình tự amino

acid bằng phần mềm Blast, BioEdit và DNASTAR.

### KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

#### Tách dòng và xác định trình tự nucleotide của gen *ZmNAC1* từ hệ gen cây ngô

Lá ngô non được sử dụng để tách chiết DNA tổng số. Kiểm tra hàm lượng và chất lượng DNA cho thấy DNA tổng số tách chiết được có hàm lượng và độ tinh sạch đảm bảo yêu cầu. Sử dụng DNA tổng số để nhân gen *ZmNAC1* bằng phản ứng PCR với cặp mồi đặc hiệu *NACZm-F/NACZm-R*, kết quả thu được đoạn DNA có kích thước ước tính khoảng 1,1kb (Hình 1A). Sản phẩm PCR được làm sạch bằng kỹ thuật thổi gel theo hướng dẫn trên KIT GeneJET Gel Extraction của hãng Thermo và được gắn vào vector tách dòng pBT. Vector tái tổ hợp mang gen *ZmNAC1* được biến nạp vào vi khuẩn *E.coli* DH5 $\alpha$  và được kiểm tra gen *ZmNAC1* có mặt trong các dòng khuẩn lạc bằng colony-PCR trực tiếp từ khuẩn lạc với cặp mồi M13. Kết quả cho thấy các dòng khuẩn lạc đều cho kết quả dương tính với phản ứng PCR và kích thước đoạn DNA được nhân bản có kích thước khoảng 1,3kb đúng với tính toán lý thuyết (Hình 1B). Các dòng khuẩn lạc sau khi được chọn lọc bằng phương pháp PCR trực tiếp từ khuẩn lạc, được nuôi trong môi trường LB lỏng để tách chiết plasmid phục vụ giải trình tự gen.



**Hình 1. A:** Hình ảnh điện di sản phẩm PCR nhân gen *ZmNAC1*

M: Thang DNA 1kb; 1, 2, 3, 4: Đoạn gen *ZmNAC1* được nhân bản từ DNA hệ gen của bốn mẫu ngô LVN4, VX, HN88, QB.

**B:** Hình ảnh điện di sản phẩm colony-PCR chọn dòng vi khuẩn tái tổ hợp

M: Thang DNA 1kb (Hãng Guangzhou Genesun Biotech); 1- 2: Sản phẩm colony-PCR chọn dòng từ khuẩn lạc chứa vector tái tổ hợp mang trình tự gen *NAC1* phân lập từ giống LVN4; 3-4: VX; 5-6: HN88; 7-8: QB.

	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....
	10	20	30	40	50
<b>ACF33136</b>	MGLPMRRERD	AEAELNLPPG	FRFHPTDDEL	VEHYLCRCAA	GQRLPVPIIA
<b>Pr-HN88</b>	MGLPMRRERD	AEAELNLPPG	FRFHPTDDEL	VEHYLCRCAA	GQRLPVPIIA
<b>Pr-LVN4</b>	MGLPMRRERD	AEAELNLPPG	FRFHPTDDEL	VEHYLCRCAA	GQRLPVPIIA
<b>Pr-QB</b>	MGLPMRRERD	AEAELNLPPG	FRFHPTDDEL	VEHYLCRCAA	GQRLPVPIIA
<b>Pr-VX</b>	MGLPMRRERD	AEAELNLPPG	FRFHPTDDEL	VEHYLCRCAA	GQRLPVPIIA
	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....
	60	70	80	90	100
<b>ACF33136</b>	EVDLYRFDPW	DLPERALFGA	REWYFFTPRD	RKYPNGSRPN	RAAGNGYWKA
<b>Pr-HN88</b>	EVDLYRFDPW	DLPERALFGA	REWYFFTPRD	RKYPNGSRPN	RAAGNGYWKA
<b>Pr-LVN4</b>	EVDLYRFDPW	DLPERALFGA	REWYFFTPRD	RKYPNGSRPN	RAAGNGYWKA
<b>Pr-QB</b>	EVDLYRFDPW	DLPERALFGA	REWYFFTPRD	RKYPNGSRPN	RAAGNGYWKA
<b>Pr-VX</b>	EVDLYRFDPW	DLPERALFGA	REWYFFTPRD	RKYPNGSRPN	RAAGNGYWKA
	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....
	110	120	130	140	150
<b>ACF33136</b>	TGADKPVAPR	GRTLGIKKAL	VFYAGKAPRG	VKTDWIMHEY	RLADAGRAAA
<b>Pr-HN88</b>	TGADKPVAPR	GRTLGIKKAL	VFYAGKAPRG	VKTDWIMHEY	RLADAGRAAA
<b>Pr-LVN4</b>	TGADKPVAPR	GRTLGIKKAL	VFYAGKAPRG	VKTDWIMHEY	RLADAGRAAA
<b>Pr-QB</b>	TGADKPVAPR	GRTLGIKKAL	VFYAGKAPRG	VKTDWIMHEY	RLADAGRAAA
<b>Pr-VX</b>	TGADKPVAPR	GRTLGIKKAL	VFYAGKAPRG	VKTDWIMHEY	RLADAGRAAA
	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....
	160	170	180	190	200
<b>ACF33136</b>	AKKGSRLDD	WVLCRLYNKK	NEWKMQLGK	<b>TAV</b> AGVGATK	EEAMDMATSH
<b>Pr-HN88</b>	AKKGSRLDD	WVLCRLYNKK	NEWKMQLGK	<b>TAV</b> AGVGATK	EEAMDMATSH
<b>Pr-LVN4</b>	AKKGSRLDD	WVLCRLYNKK	NEWKMQLGK	<b>AAV</b> AGVGATK	EEAMDMATSH
<b>Pr-QB</b>	AKKGSRLDD	WVLCRLYNKK	NEWKMQLGK	<b>TAV</b> AGVGATK	EEAMDMATSH
<b>Pr-VX</b>	AKKGSRLDD	WVLCRLYNKK	NEWKMQLGK	<b>AAV</b> AGVGATK	EEAMDMATSH
	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....
	210	220	230	240	250
<b>ACF33136</b>	THSHSQSHSH	SWGTRTPES	EIVDNDPFPE	LDSFPAFQDP	AMMMTPVKEE
<b>Pr-HN88</b>	THSHSQSHSH	SWGTRTPES	EIVDNDPFPE	LDSFPAFQDP	AMMMTPVKEE
<b>Pr-LVN4</b>	THSHSQSHSH	SWGTRTPES	EIVDNDPFPE	LDSFPAFQDP	AMMMTPVKEE
<b>Pr-QB</b>	THSHSQSHSH	SWGTRTPES	EIVDNDPFPE	LDSFPAFQDP	AMMMTPVKEE
<b>Pr-VX</b>	THSHSQSHSH	SWGTRTPES	EIVDNDPFPE	LDSFPAFQDP	AMMMTPVKEE
	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....	.... ....
	260	270	280	290	300
<b>ACF33136</b>	QVDGCSAKSG	NLFVDLSYDD	IQGMYSGLDM	LPPPGEDFYS	SLFASPRVKG
<b>Pr-HN88</b>	QVDGCSAKSG	NLFVDLSYDD	IQGMYSGLDM	LPPPGEDFYS	SLFASPRVKG
<b>Pr-LVN4</b>	QVDGCSAKSG	NLFVDLTYDD	IQGMYSGLDM	LPPPGEDFYS	SLFASPRVKG
<b>Pr-QB</b>	QVDGCSAKSG	NLFVDLSYDD	IQGMYSGLDM	LPPPGEDFYS	SLFASPRVKG
<b>Pr-VX</b>	QVDGCSAKSG	NLFVDLSYDD	IQGMYSGLDM	LPPPGEDFYS	SLFASPRVKG
	.... ....	..			
	310				
<b>ACF33136</b>	NQPAGAAGLG	QF			
<b>Pr-HN88</b>	NQPAGAAGLG	QF			
<b>Pr-LVN4</b>	NQPAGAAGLG	QF			
<b>Pr-QB</b>	NQPAGAAGLG	QF			
<b>Pr-VX</b>	NQPAGAAGLG	QF			

**Hình 2.** So sánh trình tự amino acid suy diễn của protein NAC1

(ACF33136: mã số của trình tự amino acid của protein NAC1 từ gen ZmNAC1 có mã số EU810024 trên GenBank; Pr-HN88, Pr-LVN4, Pr-QB, Pr-VX: Trình tự amino acid suy diễn của protein NAC1 từ gen ZmNAC1 phân lập từ 4 mẫu giống ngô Việt Nam )

Kết quả giải trình tự gen *ZmNAC1* của các mẫu nghiên cứu và so sánh với trình tự gen *ZmNAC1* có mã số EU810024 trên GenBank cho thấy trình tự gen *ZmNAC1* phân lập từ hai mẫu giống ngô LVN4, VX có kích thước 1035bp, gồm 2 exon và 1 intron; exon 1 dài 471 bp và exon 2 dài 468 bp; intron dài 96 bp (từ vị trí 472 đến 567). Gen *ZmNAC1* phân lập từ hai mẫu giống ngô HN88, QB và trình tự gen mã số EU810024 có kích thước 1041bp, cũng có 2 exon và 1 intron; exon 1 dài 471 bp và exon 2 dài 468 bp; intron dài 102 bp (từ vị trí 472 đến 573). So sánh 4 trình tự gen *ZmNAC1* với nhau và so với trình tự có mã số EU810024 trên GenBank bằng BLAST cho thấy các trình tự giống nhau từ 99% đến 100%. Kết quả này đã khẳng định các trình tự nucleotide mà chúng tôi phân lập được là gen *ZmNAC1* của cây ngô. Kết quả so sánh với trình tự gen *ZmNAC1* của mẫu HN88, QB và trình tự có mã số EU810024 trên GenBank cho thấy trình tự gen *ZmNAC1* của hai mẫu LVN4 và VX bị mất đi 6 nucleotide ở các vị trí 531, 603, 604, 605, 606, 607 và có sự thay thế nucleotide ở 5 vị trí là: 479, 480, 502, 505, 552 trong vùng intron.

Vùng mã hóa của gen *ZmNAC1* ở các mẫu LVN4, VX, HN88, QB và EU810024 đều có kích thước 939 bp, mã hoá cho 312 amino acid và kết quả so sánh trình tự amino acid suy diễn của gen *ZmNAC1* được thể hiện ở Hình 2.

So với giống HN88, QB và trình tự amino acid có mã số ACF33136, trình tự amino acid của NAC1 ở LVN4 và VX có sự sai khác ở một amino acid ở vị trí 181 (T (threonine) → A (alanine)), riêng ở mẫu LVN4 có thêm sự sai khác nữa ở vị trí 267 (S (serine) → T (threonine)). Giống ngô LVN4 và VX được đánh giá là hai giống chịu hạn tốt, còn hai giống HN88 và QB - chịu hạn kém; sự thay đổi amino acid trong protein NAC1 ở hai giống chịu hạn tốt (LVN4 và VX) so với hai giống chịu hạn kém (HN88 và QB) có liên quan như thế nào với đặc tính chịu hạn của cây ngô cần có những nghiên cứu tiếp theo.

**Sự đa dạng về trình tự nucleotide của gen *ZmNAC1* và trình tự amino acid của protein NAC1 ở cây ngô**

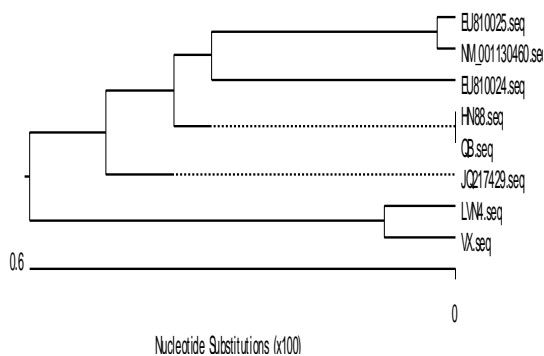
Chúng tôi chọn 4 trình tự gen *NAC1* có mã số EU810024, EU810025, JQ217429, NM001130460 để thiết lập bảng ma trận về hệ số tương đồng di truyền và hệ số sai khác; xây dựng sơ đồ hình cây giữa các giống ngô trên cơ sở trình tự gen *NAC1* (Bảng 1, Hình 3).

Bảng 1 cho thấy hệ số tương đồng di truyền giữa các cặp giống ngô dao động từ 98,6% đến 100%; còn hệ số sai khác trong trình tự gen từ 0% đến 1,5%. Sơ đồ hình cây dựa trên trình tự gen *ZmNAC1* ở hình 3 thể hiện hai giống ngô có khả năng chịu hạn tốt phân bố trong một nhóm với khoảng cách di truyền so với 6 giống của nhóm còn lại là 0,6%.

Phân tích dựa trên trình tự amino acid của protein NAC1 cho thấy hệ số tương đồng di truyền giữa các cặp giống ngô từ 99,4% đến 100%, hệ số sai khác từ 0,3% đến 0,6%. Phân tích mối quan hệ của 8 giống ngô dựa trên trình tự amino acid cho thấy giống ngô LVN4 phân bố trong một nhánh riêng và có khoảng cách di truyền so với 7 giống còn lại là 0,2%; giống VX có khoảng cách với 6 giống ước tính là 0,13%. Như vậy có thể sử dụng đoạn mã hoá của trình tự gen *ZmNAC1* của hai giống chịu hạn tốt LVN4 và VX làm nguyên liệu thiết kế vector chuyển gen trong chiến lược ứng dụng kỹ thuật chuyển gen nhằm nâng cao khả năng chịu hạn của cây ngô.

**Bảng 1.** Hệ số tương đồng di truyền và hệ số sai khác giữa các giống ngô dựa trên dữ liệu về trình tự gen *ZmNAC1*

		Percent Identity									
		1	2	3	4	5	6	7	8		
Divergence	1	■	99.4	99.4	99.6	100.0	98.6	98.7	99.6	1	EU810025.seq
	2	0.6	■	99.3	99.5	99.3	98.8	99.0	99.5	2	EU810024.seq
	3	0.6	0.7	■	100.0	99.4	99.4	99.6	100.0	3	JQ217429.seq
	4	0.4	0.5	0.0	■	99.6	98.9	99.1	100.0	4	HN88.seq
	5	0.0	0.7	0.6	0.4	■	98.9	99.1	99.6	5	NM_001130460.seq
	6	1.5	1.2	0.6	1.1	1.1	■	99.8	98.9	6	LVN4.seq
	7	1.3	1.0	0.4	0.9	0.9	0.2	■	99.1	7	VX.seq
	8	0.4	0.5	0.0	0.0	0.4	1.1	0.9	■	8	QB.seq
		1	2	3	4	5	6	7	8		



**Hình 3.** Sơ đồ hình cây biểu diễn mối quan hệ giữa các giống ngô dựa trên trình tự gen *ZmNAC1*

### KẾT LUẬN

Đã khuếch đại, tách dòng thành công và xác định trình tự nucleotide của gen *ZmNAC1* từ DNA hệ gen của bốn giống ngô Việt Nam (LVN4, VX, HN88, QB). Gen *ZmNAC1* có kích thước 1035bp (ở giống LVN4 và VX) và 1041bp (HN88 và QB), vùng mã hoá của các trình tự gen *ZmNAC1* có 939bp mã hoá 312 amino acid. Gen *ZmNAC1* có 2 exon và 1 intron.

Gen *ZmNAC1* của hai giống ngô LVN4 và VX xuất hiện 6 vị trí nucleotide so với các giống HN88, QB và trình tự *ZmNAC1* trên GenBank (EU810024).

Trình tự amino acid suy diễn của protein NAC1 ở hai giống ngô LVN4 và VX có sự sai khác ở một amino acid ở vị trí 181 so với mẫu QB và HN88, mẫu giống LVN4 có thêm sự sai khác ở vị trí 267 so với 3 mẫu nghiên cứu còn lại.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Lê Trần Bình, Lê Thị Muội, (1998), *Phân lập gen và chọn dòng chống chịu ngoại cảnh bất lợi ở cây lúa*. Nxb Đại học Quốc Gia Hà Nội.
2. Gollack D., Lüking I., Yang O., 2011, "Plant tolerance to drought and salinity: stress regulating transcription factors and their functional significance in the cellular transcriptional network", *Plant Cell Rep*, 30(8), 1383-1391.
3. Hao Y. J., Song Q. X., Chen H. W., Zou H. F., Wei W., Kang X. S., Ma B., Zhang W. K., Zhang J. S., Chen S. Y., (2010), "Plant NAC-type transcription factor proteins contain a NARD domain for repression of transcriptional activation", *Planta*, 232(5), 1033-1043.
4. Kumar M., Dalal M., Zaidi P. H., Chinnusamy V. and Bansal K.C., (2008), "Cloning and functional validation of abiotic stress inducible NAM, ATAF, and CUC (NAC) transcription factor from maize inbred lines differing in drought resistance". <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EU810024>.
5. Liu Z. J., Shao F. X., Tang G. Y., Shan L., Bi Y. P., (2009), "Cloning and characterization of a transcription factor *ZmNAC1* in maize (*Zea mays*)", *Yi Chuan*, 31(2), 199-205.
6. Lu M., Ying S., Zhang D. F., Shi Y. S., Song Y. C., Wang T. Y., Li Y., (2012), "A maize stress-responsive NAC transcription factor, *ZmSNAC1*, confers enhanced tolerance to dehydration in transgenic *Arabidopsis*", *Plant Cell Rep*, 31(9), 1701-1711.
7. Nakashima K., Takasaki H., Mizoi J., Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K., (2012), "NAC transcription factors in plant abiotic stress responses", *Biochim Biophys Acta*, 1819(2), 97-103.
8. Puranik S., Sahu P. P., Srivastava P. S., Prasad M., (2012), "NAC proteins: regulation and role in stress tolerance", *Trends Plant Sci*, 17(6), 369-381.
9. Sambrook J. and Russell D. W., (2001), *Molecular Cloning. A Laboratory Manual* 3<sup>rd</sup> ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY.

## SUMMARY

**CHARACTERISTICS OF GENE ENCODING TRANSCRIPTION FACTOR  
NAC1 ISOLATED FROM SOME VIETNAMESE MAIZE CULTIVARS**

**Nguyen Vu Thanh Thanh<sup>1\*</sup>, Bùi Thị Thu<sup>1</sup>,  
Pham Thanh Tung<sup>2</sup>, Le Van Son<sup>2</sup>, Chu Hoang Mau<sup>1</sup>**  
<sup>1</sup> College of Science - TNU, <sup>2</sup>Institute of Biotechnology –VAST

NAC transcription factors are a family of proteins with diverse functions. They are unique to plants and play an important role in regulating the growth and development of plants, in regulating hormones and response to various stresses, ... and may play important roles in biotic and abiotic resistance pathways. In this study we successfully amplified, cloned and identified nucleotide sequencing of *ZmNAC1* gene from DNA genome of four Vietnamese maize cultivars (LVN4, VX, HN88, QB). Sequence analysis showed that *ZmNAC1* gene of cultivars LVN4 and VX is 1035 bp in length, and *ZmNAC1* gene of cultivars HN884 and QB is 1041bp in length. The coding region of *ZmNAC1* gene is 939 bp in size, encoding for 312 amino acids. Amino acid sequence of the deductive NAC1 protein in all cultivars appeared difference on amino acid. The differences in *ZmNAC1* gene sequences are the basis for continuous study the relation between changes in the structure of *ZmNAC1* gene with drought tolerance of maize.

**Keywords:** *drought tolerance, ZmNAC1 gene, maize, NAC1 protein, transcription factors*

Ngày nhận bài: 2/4/2014; Ngày phân biên: 23/4/2014; Ngày duyệt đăng: 5/5/2014

**Phân biên khoa học:** TS. Hoàng Thị Thu Yến – Trường Đại học Khoa học - ĐHTN

---

\* Tel: 0912 664126, Email: thanhthanhdkhkt@gmail.com