

PHÂN LẬP VÀ XÁC ĐỊNH TRÌNH TỰ GIEN MÃ HÓA PRÔTÊIN VỎ CỦA VIRÚT Y Ở KHOAI TÂY TRỒNG TẠI THÁI NGUYÊN

NGUYỄN THỊ TÂM

Trường đại học Sư phạm, đại học Thái Nguyên

CHU HOÀNG MẬU

Đại học Thái Nguyên

NGUYỄN VŨ THANH THANH

Trường đại học Khoa học, đại học Thái Nguyên

Khoai tây (*Solanum tuberosum* L.) là cây lương thực được trồng rộng rãi trên thế giới. Virút X (*Potato virus X* - PVX), virút Y (*Potato virus Y* - PVY), virút gây xoắn lá (*Potato leaf roll virus* - PLRV), virút A (*Potato virus A* - PVA), virút M (*Potato virus M* - PVM), virút S (*Potato virus S* - PVS)... gây ra các bệnh xoắn lùn, khảm lá và cuộn lá là các virút gây bệnh trên khoai tây ở Việt Nam. Vì thế cây sinh trưởng chậm, số lượng và khối lượng củ bị giảm đáng kể, do vậy năng suất bị giảm rõ rệt. ở Việt Nam, bệnh virút có ở khắp các vùng trồng khoai tây, phổ biến gây hại nặng là virút X và Y [1, 2].

PVY là *Potyvirus* thuộc họ *Potyviridae* với hệ gen chứa ARN sợi đơn, kích thước khoảng 9,7kb. PVY gây bệnh nghiêm trọng trên khoai tây, thuốc lá, cà chua và một số cây trồng thuộc họ Cà. PVY có 5 nhóm khác nhau, đó là: PVY^O, PVY^N, PVY^{NTN}, PVY^{NWi} và PVY^C. PVY gồm các protein sau: P1, HC (Helper Component), P3, CI (Cylindrical Inclusion), Nia (Nuclear Inclusion A), Nib (Nuclear Inclusion B), CP (Coat Protein), 6K1, 6K2 [3].

Trong bài báo này, chúng tôi nghiên cứu phân lập và xác định trình tự gen mã hóa protein vỏ (CP-Coat Protein) của virút PVY ở khoai tây được trồng tại Thái Nguyên nhằm phục vụ cho việc tạo giống khoai tây chuyển gen kháng lại các virút đã công bố. Trình tự nucleotit vùng mã hóa của gen CP từ PVY của khoai tây trồng tại Thái Nguyên đều dài 801 nucleotit, mã hóa 267 axit amin. Trình tự nucleotit của gen CP và trình tự axit amin của protein CP từ PVY của khoai tây đã phân lập

đều tương đồng cao với trình tự đã công bố trên Ngân hàng gen NCBI.

I. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

1. Vật liệu

Hai mẫu lá khoai tây bị nhiễm bệnh thu từ huyện Phú Bình tỉnh Thái Nguyên được kí hiệu ThaiNguyen1 và ThaiNguyen2.

Các loại hóa chất, dụng cụ và thiết bị phục vụ cho thí nghiệm sinh học phân tử.

2. Phương pháp

ARN tổng số được tách chiết theo hướng dẫn sử dụng hóa chất Trizol Reagent của hãng Invitrogen (Mỹ).

Tổng hợp cADN theo bộ kit First stand cDNA synthesis của hãng Fermentas.

Nhân gen CP bằng kỹ thuật PCR. PCR được tiến hành với tổng thể tích phản ứng 25 μ l gồm: cADN (50 ng/ μ l) 3 μ l, môi (10 μ M) 2 μ l, dNTP (2,5 mM) 2 μ l, MgCl₂ (25 mM) 2,5 μ l, *Taq* polymeraza (5 unit/ μ l) 0,5 μ l, dung dịch đệm PCR (10X) 2,5 μ l, H₂O khử ion 12,5 μ l. Chu trình nhiệt bao gồm các bước sau: 94°C-3 phút; 94°C-1 phút, 52°C-50 giây, 72°C-1 phút 30 giây lặp lại 30 chu kỳ; 72°C - 10 phút và lưu giữ ở 4°C. Sản phẩm PCR nhân gen CP được kiểm tra bằng điện di trên gel agarosa 1%. Gen được làm sạch (thời gel) theo bộ Kit của hãng Bioneer và gắn vào vectơ pBT (phòng Công nghệ tế bào thực vật - Viện Công nghệ Sinh học cung cấp), sau đó được biến nạp vào tế bào khả biến *E. coli*

chủng DH5 α . Tách plasmid theo bộ Kit của hãng Bioneer. Trình tự nucleotit của gen CP được xác định trên máy đọc trình tự nucleotit tự động ABI PRISM@ 3100 Advant Genetic Analyzer của hãng Applied Biosystem. Kết quả đọc trình tự gen được xử lý bằng phần mềm DNASTar và BioEdit.

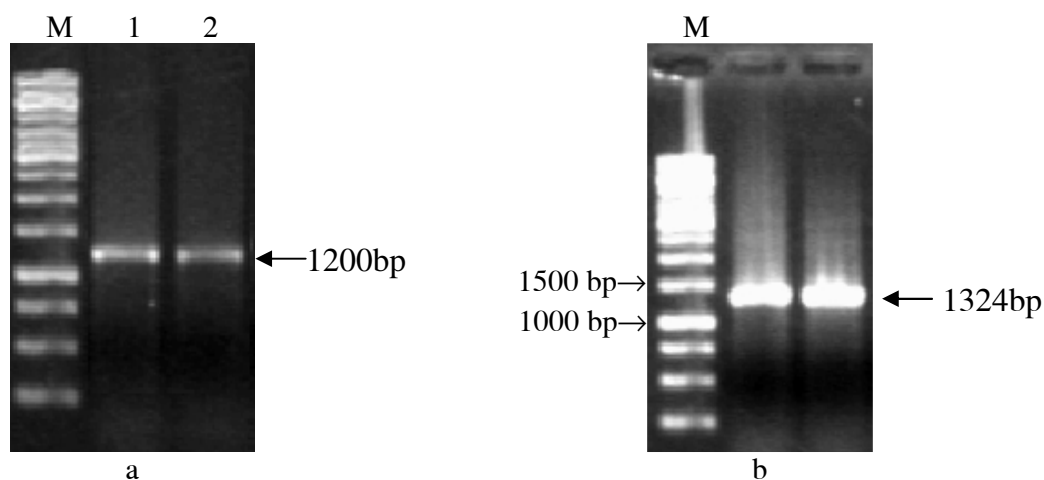
II. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

1. Kết quả nhân gen CP

Để phân lập gen CP, chúng tôi đã thu thập

mẫu lá khoai tây bị nhiễm virus từ huyện Phú Bình, tỉnh Thái Nguyên. Sau đó, chúng tôi tiến hành tách ARN tổng số từ mẫu lá nhiễm bệnh và tổng hợp cADN từ ARN tổng số.

Để phát hiện sự có mặt của gen CP ở hai mẫu khoai tây bị nhiễm bệnh, chúng tôi sử dụng cặp mồi đặc hiệu được cung cấp bởi Phòng Công nghệ tế bào thực vật-Viện Công nghệ sinh học để nhân gen CP. Đoạn gen CP được nhân lên bằng phương pháp PCR, kết quả nhân gen, clony-PCR được kiểm tra bằng cách điện di trên gel agarosa 1% và được thể hiện trên hình 1.



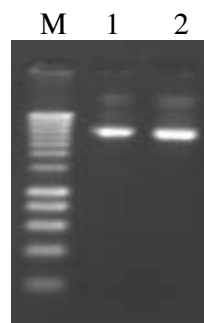
Hình 1. Kết quả PCR nhân gen CP và clony-PCR

Ghi chú: M. Chỉ thị phân tử 1kb; 1. Thai Nguyen1; 2. Thai Nguyen2.

Hình 1a cho thấy, đoạn gen được nhân lên có kích thước khoảng 1200 bp. Để xác định trình tự gen CP, chúng tôi tiến hành gắn sản phẩm PCR đã tinh sạch ở trên vào vectơ tách dòng, biến nạp vào vi khuẩn *E.coli* và chọn dòng gen.

Quá trình tách dòng được thực hiện bằng cách gắn sản phẩm PCR đã tinh sạch vào vectơ tách dòng pBT, biến nạp vào tế bào khả biến chủng *E. coli* DH5 α và được cấy trên đĩa petri có môi trường LB đặc bổ sung ampicillin 100 mg/ml, X-gal 40 mg/ml và IPTG 100 μ M. Ủ các đĩa petri đã cấy trên ở 37 $^{\circ}$ C trong 16 giờ, kết quả thu được cả khuẩn lạc xanh và trắng. Chọn khuẩn lạc trắng nuôi trong môi trường LB lỏng có bổ sung ampicillin 100 mg/ml qua đêm. Lấy khuẩn của mỗi mẫu chạy phản ứng clony PCR với cặp mồi pUC18 để xác định khuẩn lạc có plasmid mang gen mong muốn. Vì cặp mồi

pUC18 là cặp mồi được thiết kế chung cho các vectơ tạo dòng nên khi kiểm tra sản phẩm PCR vừa dòng hoá thì kích thước của các đoạn gen vừa nhân lên sẽ nhiều hơn khoảng 124 nucleotit so với nhân bằng cặp mồi đặc hiệu.



Hình 2. Kết quả điện di tách plasmid mang gen CP

Sản phẩm clony PCR từ những khuẩn lạc

trắng đều cho kết quả dương tính. Tiến hành chọn khuẩn lạc trắng tương ứng với 2 mẫu nghiên cứu có sản phẩm clony PCR ở trên nuôi trong môi trường LB lỏng sau đó tách plasmid theo bộ kit của hãng Bioneer. Sản phẩm ADN plasmid được điện di trên gel agarosa 1%, kết quả được thể hiện ở hình 2.

Kết quả điện di trên hình 2 cho thấy, sản phẩm tách plasmid sạch, đảm bảo chất lượng và số lượng để tiến hành đọc trình tự nucleotit của gen CP.

Để xác định chính xác trình tự nucleotit của gen CP đã tách dòng, chúng tôi tiến hành đọc trình tự nucleotit của gen CP trên máy đọc tự động ABI PRISM@ 3100 Avant Genetic Analyzer theo hai chiều xuôi và ngược. Kết quả

cho thấy, chiều dài gen CP ở 2 mẫu nghiên cứu đều có kích thước 1201 nucleotit. Khi so sánh 2 trình tự này trong BLAST của NCBI, kết quả cho biết đây là các trình tự gen mã hoá CP của virút PVY ở khoai tây. Chúng tôi kết luận đã nhân, tách dòng và đọc trình tự thành công đoạn gen mã hoá CP của virút PVY ở khoai tây.

2. So sánh trình tự gen vùng mã hóa axit amin của hai mẫu nghiên cứu và so sánh trình tự axit amin của protein CP ở một số trình tự đã đăng kí trên NCBI

Chúng tôi quan tâm tới trình tự vùng mã hóa của gen CP virút PVY ở hai mẫu nghiên cứu. Vùng mã hóa axit amin của gen CP virút PVY ở 2 mẫu ThaiNguyen1 và ThaiNguyen2 đều có chiều dài 801 nucleotit (hình 3).

	...	10	20	30	40	50
ThaiNguyen1	GCAAATGACA	CAATTGATGC	AGGAGAAAGC	AACAAGAAAG	ATGCAAAACC	
ThaiNguyen2	GCAAATGACA	CAATCGATGC	AGGAGGAAGC	AACAAGAAGG	ATGCAAAAACA	
	...	60	70	80	90	100
ThaiNguyen1	AGAGCAAGGC	AGCATCCAGT	CAAACCTGAA	CAAAGGAAAA	GATAAGGATG	
ThaiNguyen2	AGAGCAAGGC	AGCATCCAGC	CAAACCTGAA	CAAAGAAAAA	GATAAGGACG	
	...	110	120	130	140	150
ThaiNguyen1	TGAATGCTGG	TACATCTGGG	ACACATACTG	TGCCGAGAAT	CAAGGCTATC	
ThaiNguyen2	TGAATGCTGG	AACATCTGGG	ACACATACTG	TGCCGAGAAT	CAAGGCTATC	
	...	160	170	180	190	200
ThaiNguyen1	ACGTCCAAAA	TGAGAATGCC	CAAAGCAAG	GGAGCAACCG	TGCTAAATTT	
ThaiNguyen2	ACGTCCAAAA	TGAGAATGCC	CAAAGCAAG	GGAGCAACCG	TGCTAAATTT	
	...	210	220	230	240	250
ThaiNguyen1	AGAACACTTG	CTTGAGTACG	CTCCACAACA	AATTGATATT	TCAAATACTC	
ThaiNguyen2	AGAACACTTG	CTTGAGTACG	CTCCACAACA	AATTGATATT	TCAAATACTC	
	...	260	270	280	290	300
ThaiNguyen1	GGGCAACTCA	ATCACAGTTT	GATGCGTGGT	ATGAGGCAGT	GCGGATGGCA	
ThaiNguyen2	GGGCAACTCA	ATCACAGTTT	GATGCGTGGT	ATGAGGCAGT	GCGGATGGCA	
	...	310	320	330	340	350
ThaiNguyen1	TACGACATAG	GAGAACTGA	GATGCCAACT	GTGATGAATG	GGCTTATGGT	
ThaiNguyen2	TACGACATAG	GAGAACTGA	GATGCCAACT	GTGATGAATG	GGCTTATGGT	
	...	360	370	380	390	400
ThaiNguyen1	TTGGTGCATT	GAAAATGGAA	CCTCGCCAAA	TGTCAACGGA	GTTTGGGTTA	
ThaiNguyen2	TTGGTGCATT	GAAAATGGAA	CCTCGCCAAA	TGTCAACGGA	GTTTGGGTTA	
	...	410	420	430	440	450
ThaiNguyen1	TGATGGATGA	GAATGAACAA	GTTGAGTACC	CGTTGAAACC	AATCGTTGAG	
ThaiNguyen2	TGATGGATGA	GAATGAACAA	GTTGAGTACC	CGTTGAAACC	AATCGTTGAG	
	...	460	470	480	490	500
ThaiNguyen1	AATGCAAAC	CAACCCTTAG	GCAAATCATG	GCACATTTCT	CAGATGTTGC	

```

ThaiNguyen2  AATGCAAAAC CAACCCTTAG GCAAATCATG GCACATTTCT CAGATGTTGC
              ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|
              510      520      530      540      550
ThaiNguyen1  AGAAGCGTAT ATAGAAATGC GCAACAAAAA GGAACCATAT ATGCCACGAT
ThaiNguyen2  AGAAGCGTAT ATAGAAATGC GCAACAAAAA GGAACCATAT ATGCCACGAT
              ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|
              560      570      580      590      600
ThaiNguyen1  ATGGTTTAAT TCGAAATCTG CGGGATGTGG GTTTAGCGCG TTATGCCTTT
ThaiNguyen2  ATGGTTTAAT TCGAAATCTG CGGGATGTGG GTTTAGCGCG TTATGCCTTT
              ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|
              610      620      630      640      650
ThaiNguyen1  GACTTTTATG AAGTCACATC ACGAACACCA GTGAGGGCTA GGGAAGCGCA
ThaiNguyen2  GACTTTTATG AAGTCACATC ACGAACACCA GTGAGGGCTA GGGAAGCGCA
              ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|
              660      670      680      690      700
ThaiNguyen1  CATTCAAATG AAGGCCGAG CATTGAAATC AGCCCAACCT CGACTTTTCG
ThaiNguyen2  CATTCAAATG AAGGCCGAG CATTGAAATC AGCCCAACCT CGACTTTTCG
              ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|
              710      720      730      740      750
ThaiNguyen1  GGTTGGACGG TGGCATCAGT ACACAAGAGG AGAACACAGA GAGGCACACC
ThaiNguyen2  GGTTGGACGG TGGCATCAGT ACACAAGAGG AGAACACAGA GAGGCACACC
              ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|  ....|....|
              760      770      780      790      800
ThaiNguyen1  ACCGAGGATG TCTCTCCAAG TATGCATACT CTACTTGGAG TCAAGAACAT
ThaiNguyen2  ACCGAGGATG TCTCTCCAAG TATGCATACT CTACTTGGAG TCAAGAACAT
ThaiNguyen1  .
ThaiNguyen2  G

```

Hình 3. Trình tự nucleotit vùng mã hóa của gen CP virút PVY ở hai mẫu khoai tây nhiễm bệnh

Bảng 1

Vị trí sai khác trong trình tự nucleotit vùng mã hóa gen CP của 2 mẫu nghiên cứu

STT	Vị trí	ThaiNguyen1	ThaiNguyen2
1	15	T	C
2	26	A	G
3	39	A	G
4	50	C	A
5	70	T	C
6	86	G	A
7	99	T	C
8	111	T	A

Hai mẫu khoai tây nghiên cứu có sự sai khác về trình tự gen CP của virút PVY vùng mã hóa ở 8 vị trí 15, 26, 39, 50, 70, 86, 99, 111 (hình 3, bảng 1). Do vậy, trình tự gen của 2 mẫu này có độ tương đồng cao 99%.

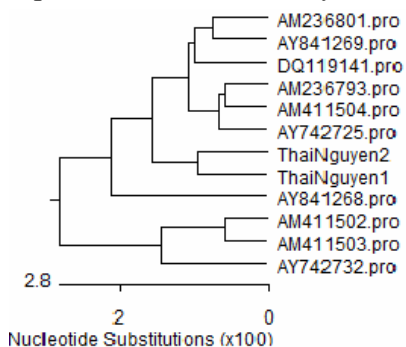
Chúng tôi tiến hành so sánh hai trình tự axit amin của protein CP của virút PVY đã phân lập từ Thái Nguyên với một số trình tự axit amin của protein CP của virút PVY được công bố trên

NCBI có mã số AM236801, AY841269, DQ119141, AM236793, AM411504, AY742725, ThaiNguyen1, ThaiNguyen2, AY841268, AM411502, AM411503, AY742732 [4-8]. Kết quả cho thấy, hai mẫu nghiên cứu có độ tương đồng cao (từ 92,1-98,9%) so với 10 mẫu trên Ngân hàng gen NCBI. Mẫu ThaiNguyen1 tương đồng cao nhất với mẫu có mã số AY742725 (97,8%) và thấp nhất với mã số AY742732 (92,5%). Kết quả được thể hiện ở bảng 2.

Hệ số tương đồng về trình tự axit amin của protein CP ở hai mẫu nghiên cứu với 10 mẫu trên Ngân hàng gen NCBI

Hệ số tương đồng															
Hệ số khác biệt		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		
	1		98,1	95,5	97,0	94,4	94,0	95,9	96,6	93,6	96,3	97,0	96,4	1	ThaiNguyen2
	2	1,9		96,6	97,4	93,3	92,9	97,0	97,8	92,5	95,5	97,4	97,6	2	ThaiNguyen1
	3	4,6	3,5		97,0	93,3	92,9	98,9	98,5	92,5	95,5	97,8	97,6	3	AM236793.pro
	4	3,1	2,7	3,1		94,4	94,0	97,4	98,1	92,9	95,5	98,5	97,6	4	AM236801.pro
	5	5,8	7,1	7,1	5,8		98,9	93,6	94,8	97,0	96,6	94,0	94,1	5	AM411502.pro
	6	6,3	7,5	7,5	6,3	1,1		93,3	94,4	97,4	96,3	93,6	93,7	6	AM411503.pro
	7	4,2	3,1	1,1	2,7	6,7	7,1		98,9	92,1	95,9	98,1	97,6	7	AM411504.pro
	8	3,5	2,3	1,5	1,9	5,4	5,8	1,1		93,3	97,0	98,5	98,0	8	AY742725.pro
	9	6,7	7,9	7,9	7,5	3,1	2,7	8,3	7,1		95,1	93,3	92,9	9	AY742732.pro
	10	3,8	4,6	4,6	4,6	3,5	3,8	4,2	3,1	5,0		95,9	95,7	10	AY841268.pro
	11	3,1	2,7	2,3	1,5	6,3	6,7	1,9	1,5	7,1	4,2		98,4	11	AY841269.pro
	12	3,6	2,4	2,4	2,4	6,2	6,6	2,4	2,0	7,5	4,5	1,6		12	DQ119141.pro
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		

Từ kết quả so sánh trình tự axit amin của protein CP ở virút PVY ở trên, chúng tôi thể hiện kết quả trên biểu đồ hình cây (hình 4).



Hình 4. Biểu đồ hình cây so sánh mức tương đồng của protein CP ở 2 mẫu nghiên cứu và 10 mẫu trên Ngân hàng gen NCBI

Hình 4 cho thấy, 12 mẫu so sánh chia thành 2 nhóm: nhóm I gồm 9 mẫu (AM236801, AY841269, DQ119141, AM236793, AM411504, AY742725, ThaiNguyen1, ThaiNguyen2, AY841268), nhóm II gồm 3 mẫu (AM411502, AM411503, AY742732). Trong nhóm I, mẫu ThaiNguyen1 và ThaiNguyen2 đứng trong cùng nhau một nhóm nhỏ và tương đồng cao (98,1%).

3. So sánh trình tự axit amin của protein CP ở hai mẫu nghiên cứu

Do trình tự nucleotit vùng mã hóa của gen CP ở 2 mẫu nghiên cứu có độ tương đồng cao nên trình tự axit amin của protein CP ở hai mẫu này cũng có độ tương đồng rất cao. Kết quả được thể hiện ở hình 5.

	10	20	30	40	50
ThaiNguyen1	ANDTIDAGES	NKKDAKPEQG	SIQSNLNKGG	DKDVNAGTSG	THTVPRIKAI
ThaiNguyen2	ANDTIDAGGS	NKKDAKQEQG	SIQPNLNKEK	DKDVNAGTSG	THTVPRIKAI

	60	70	80	90	100
ThaiNguyen1	TSKMRMPKSK	GATVLNLEHL	LEYAPQQIDI	SNTRATQSQF	DAWYEAVRMA
ThaiNguyen2	TSKMRMPKSK	GATVLNLEHL	LEYAPQQIDI	SNTRATQSQF	DAWYEAVRMA

	110	120	130	140	150
ThaiNguyen1	YDIGETEMPT	VMNGLMVWCI	ENGTSPNVNG	VWVMMDENEQ	VEYPLKPIVE
ThaiNguyen2	YDIGETEMPT	VMNGLMVWCI	ENGTSPNVNG	VWVMMDENEQ	VEYPLKPIVE

```

      .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      160          170          180          190          200
ThaiNguyen1 NAKPTLRQIM AHFSDVAEAY IEMRNKKEPY MPRYGLIRNL RDVGLARYAF
ThaiNguyen2 NAKPTLRQIM AHFSDVAEAY IEMRNKKEPY MPRYGLIRNL RDVGLARYAF
      .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      210          220          230          240          250
ThaiNguyen1 DFYEVTSRTP VRAREAHIQM KAAALKSAQP RLFGLDGGIS TQEENTERHT
ThaiNguyen2 DFYEVTSRTP VRAREAHIQM KAAALKSAQP RLFGLDGGIS TQEENTERHT
      .....|.....| .....|...
      260
ThaiNguyen1 TEDVSPSMHT LLGVKNM
ThaiNguyen2 TEDVSPSMHT LLGVKNM

```

Hình 5. So sánh trình tự axit amin của protein CP ở hai mẫu nghiên cứu

Bảng 3

Vị trí sai khác trong trình tự axit amin của protein CP ở hai mẫu nghiên cứu

STT	Vị trí	ThaiNguyen1	ThaiNguyen2
1	9	E	G
2	18	P	Q
3	24	S	P
4	29	G	E

Trình tự axit amin của protein CP ở 2 mẫu nghiên cứu chỉ sai khác nhau ở 4 vị trí là 9, 18, 24, 29 (hình 6, bảng 3).

Kết quả phân lập và xác định trình tự gen CP của virút PVY của hai mẫu khoai tây Thái Nguyên ở trên là cơ sở để chúng tôi có thể thiết kế vectơ chuyển gen kháng virút gây bệnh trên khoai tây trồng tại Thái Nguyên.

III. KẾT LUẬN

Chúng tôi đã nhân được gen CP bằng phản ứng PCR với cặp mồi đặc hiệu. Sản phẩm PCR được dòng hoá nhờ vectơ pBT. Đoạn mã hóa dài 801 nucleotit và mã hóa sản phẩm protein dài 267 axit amin. So sánh trình tự axit amin của protein CP ở 2 mẫu nghiên cứu với 10 mẫu trên Ngân hàng gen quốc tế NCBI cho thấy độ tương đồng cao (trên 92%).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Đường Hồng Dật**, 2005: Cây khoai tây và kỹ thuật thâm canh tăng năng suất, Nxb. Lao động - Xã hội.
2. **Trương Văn Hộ và cs.**, 1990: Điều tra về bảo quản khoai tây giống ở Đồng Bằng Bắc Bộ, Một số kết quả nghiên cứu khoa học cây khoai tây (1986-1990): 77-82. Nxb. Nông

nghiệp, Hà Nội.

3. **Misisiou A. et al.**, 2004: Molecular breeding, 14: 185-197.
4. **Nguyen H. M. et al.**, 2006: Accession AM411502, Potato virus Y partial gene for polyprotein, genomic RNA, isolate VNY-Thaibinh. [Http://www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov).
5. **Nguyen H. M., Chu H. H., Pham V. T., Le B. T.**, 2006: Accession AM411503, Potato virus Y partial gene for polyprotein, genomic RNA, isolate VNY-Namdingh. [Http://www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov).
6. **Nguyen H. M., Chu H. H., Pham V. T., Le B. T.**, 2006: Accession AM411504, Potato virus Y partial gene for polyprotein, genomic RNA, isolate VNY-Hanoi. [Http://www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov).
7. **Tian Y., Liu J., Zhu X., Li X., Valkonen J. P. T.**, 2008: Accession AM236793, Potato virus Y partial gene for polyprotein, coat protein region, genomic RNA, isolate Anhui2. [Http://www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov).
8. **Tian Y., Liu J., Zhu X., Li X., Valkonen J. P. T.**, 2008: Accession AM236801, Potato virus Y partial gene for polyprotein, coat protein region, genomic RNA, isolate Gansu5. [Http://www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov).

CLONING AND SEQUENCING OF THE GENES ENCODING COAT PROTEIN (CP) IN *POTATO VIRUS Y* FROM THAI NGUYEN PROVINCE

NGUYEN THI TAM, CHU HOANG MAU, NGUYEN VU THANH THANH

SUMMARY

Potato (*Solanum tuberosum* L.) is the most widely distributed crop in tropical and subtropical zones of the world. Among diseases potato viruses play major role in reducing the yield. PVX (*Potato virus X*), PVY (*Potato virus Y*), PLRV (*Potato leaf roll virus*), PVA (*Potato virus A*), PVM (*Potato virus M*), PVS (*Potato virus S*) are major viral diseases occurring in Vietnam.

PVY (*Potato virus Y*) is the type member of the genus *Potyvirus* of the family *Potyviridae*. The virus has a long filamentous particle containing one single-stranded, positive sense RNA genome of approximately 9.7 kb. PVY is an important pathogen infecting potato, tobacco, tomato and other solanaceous plant species. Different potato PVY isolates occur that can be categorized in 5 groups: PVY^O, PVY^N, PVY^{N^{TN}}, PVY^{N^{Wi}} and PVY^C.

In this paper we report cloning and sequencing of coat protein (CP) gene of PVY from Thai Nguyen potato. The CP gene of this isolate was found to be 801 nucleotides long, coding for 267 amino acids. Comparison amino acid of CP protein in potato from Thai Nguyen with ten sequences on NCBI showed that amino acid was 92.1-98.9% homology.

Ngày nhận bài: 21-7-2007