

## **ĐẶC ĐIỂM CỦA GIEN DREB1 PHÂN LẬP TỪ GIỐNG ĐẬU TƯƠNG ĐỊA PHƯƠNG (*GLYCINE MAX (L.) MERRILL*) XANH LƠ BA BẾ (BẮC KẠN)**

CHU HOÀNG MẬU

*Đại học Thái Nguyên*

**NGUYỄN VŨ THANH THANH, NGUYỄN THỊ MINH HỒNG**

*Trường Đại học Khoa học - Đại học Thái Nguyên*

HOÀNG VĂN MẠNH

*Viện Khoa học sự sống - Đại học Thái Nguyên*

Trong những năm gần đây, hạn hán xảy ra thường xuyên đã tác động xấu đến sự sinh trưởng, phát triển, làm giảm năng suất và sản lượng cây trồng trong đó có đậu tương. Đậu tương là loại cây trồng tương đối mẫn cảm với điều kiện ngoại cảnh và thuộc nhóm cây chịu hạn kém, vì thế chọn giống đậu tương chịu hạn và nghiên cứu biện pháp nâng cao khả năng chịu hạn của cây đậu tương là vấn đề được nhiều người quan tâm nghiên cứu. Đặc tính chịu hạn của cây đậu tương là tính trạng đa gien và cho đến nay người ta chưa xác định được một gien nào đó có vai trò chính chi phối tính chịu hạn của cây đậu tương. Nhóm gien mã hoá các protein DREB- nhân tố tham gia quá trình phiên mã được cho là có liên quan đến tính chịu hạn của thực vật. Wang và cs. (2006) đã mô tả mối quan hệ giữa yếu tố phiên mã DREB và DRE/CRT liên quan đến sự biểu hiện của nhóm gien chịu hạn [9]. Ở cây *Arabidopsis* trên cơ sở sự giống nhau của các miền DNA-binding, 145 nhân tố phiên mã đã được chia thành năm nhóm: AP2 (14 gien), RAV (6 gien), DREB (còn được gọi là CBF, 56 gien), ERF (còn được gọi là EREBP, 65 gien) và nhóm gien khác (4 gien) [6]. Li và cs. (2005) đã phân lập ba gien *DREB* (*GmDREBa*, *GmDREBb* và *GmDREBc*) từ cây đậu tương và cho rằng mỗi phân tử protein của các gien này chứa một miền AP2 gồm 64 axit amin và thực nghiệm đã chứng minh cả 3 protein này đều liên quan đến sự mất nước và đáp ứng sự mất nước của tế bào [5]. Các protein *GmDREBa* và *GmDREBb* trong lá đậu tương được tổng hợp bởi tác động của muối, hạn hán, và lạnh. Chen và cs (2007) đã phân lập gien

*GmDREB2* từ đậu tương và dựa trên sự giống nhau về miền AP2, gien *GmDREB2* xếp vào phân họ A5 trong nhóm gien *DREB*, với chức năng kích hoạt sự phiên mã của gien *GmDREB2* là cơ sở quan trọng và hữu ích cho việc cải tiến khả năng chịu hạn của cây [3]. Năm 2008, Tsui-Hung Phang và cs đã tổng kết phân họ *DREB* ở đậu tương bao gồm các gien biểu hiện không phụ thuộc vào ABA, đó là *GmDREBa*, *GmDREBb*, *GmDREBc*, *GmDREB1*, *GmDREB2*, *GmDREB3*, *GmDREB5*, *GmDREB6* và *GmDREB7* [8]. Stolf-Moreira và cs. (2010) đã xác định mức độ biểu hiện của nhân tố phiên mã *GmDREB1* và của các gien *Gmgols*, *Gmpip1b*, *Gmereb* và *Gmdefensin* của các kiểu gien đậu tương trong điều kiện hạn hán [7].

Nhóm DREB có trình tự cis: DRY và A/GCCGAC, hai nhóm nhân tố khởi đầu phiên mã *DREB1* và *DREB2* bám đặc hiệu vào trình tự DRY. Nhóm *DREB1* điều khiển tính chịu hạn, mặn và lạnh trong khi nhóm *DREB2* chỉ điều khiển tính chịu hạn. Năm 2009, nhóm tác giả Charlson và cs. đã nghiên cứu phân lập gien *DREB1* ở đậu tương từ ADN với mã số FJ965342 có kích thước 705 bp [1]. Năm 2004, Chen và cs. đã phân lập gien *DREB1* ở đậu tương từ mARN và đăng ký trên ngân hàng gien NCBI với mã số AY802779, chiều dài của gien vùng mã hóa axit amin cũng dài 705 bp [2]. Trong nghiên cứu này, chúng tôi trình bày kết quả khuếch đại gien *DREB1* bằng phản ứng PCR với cặp mồi được thiết kế đặc hiệu là *DREB1soyF/DREB1soyR* từ ADN hệ gien của giống đậu tương xanh lơ Ba Bể (Bắc Kạn), tách

dòng và xác định trình tự gien này, làm cơ sở tạo đột biến định hướng gien *DREB1* phục vụ chuyển gien nhằm nâng cao khả năng chịu hạn của cây đậu tương.

## I. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Sử dụng hạt của giống đậu tương địa phương xanh lơ Ba Bể (Bắc Kạn) (ký hiệu là XBB) do Viện nghiên cứu Ngô Đan Phượng cung cấp năm 2009 làm vật liệu nghiên cứu.

Tách chiết ADN tổng số theo Gawel và Jarret (1991) [4], nhân gien *DREB1* bằng kỹ thuật PCR với cặp mồi DREB1soyF/DREB1soyR được thiết kế dựa trên trình tự của hai gien mang mã số AY802779 và FJ965342 trên Ngân hàng Gien quốc tế (NCBI). Trình tự cặp mồi là:

DREB1soyF: 5'-GGA TCC ATG TTT ACC TTG AAT C-3';

DREB1soyR: 5'-GAA TTC TTA AAT TGA GAA ATT CCA-3'.

Sản phẩm PCR được điện di kiểm tra trên gel agarose 1,0% trong đệm TAE 1X với sự có mặt của marker chuẩn, nhuộm bản gel trong ethyldium bromide và soi dưới ánh đèn cực tím. Sản phẩm PCR được tinh sạch (thôi gel) bằng bộ kít AccuPrep PCR Purification (Bioneer-Hàn Quốc). Sản phẩm sau khi tinh sạch sẽ được gắn trực tiếp vào vector tách dòng pBT và sau đó biến nạp vào tế bào kh้า biến *E. coli* chủng DH5 $\alpha$ . Sau khi kiểm tra sản phẩm chọn dòng bằng phản ứng clony-PCR, plasmit được tách bằng bộ Kit AccuPrep Plasmid mini Extraction.

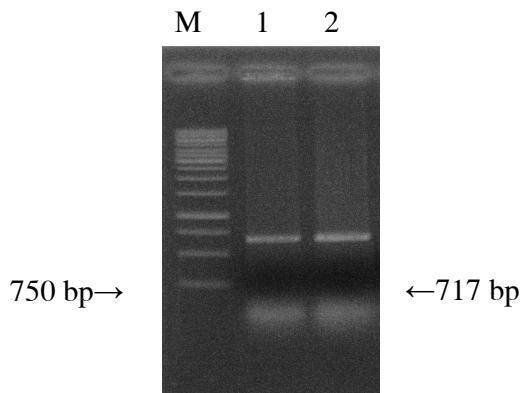
Trình tự nucleotit của gien *DREB1* được xác định trên máy đọc trình tự nucleotit tự động 3130 Genetic Analyzers - USA/Japan. Sử dụng bộ hóa chất chuẩn Big Dye terminator V3.15X Seq Buffer; POP - 7TM polymer for 3130/3130 xl Genetic Analyzers; Buffer (10x) with EDTA; Big Dye V3.1 Kit. Sử dụng bộ kít tinh sạch sản phẩm giải trình tự Big Dye terminator Kit.

## II. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

### 1. Kết quả nhân gien *DREB1* ở giống đậu tương địa phương XBB (Bắc Kạn)

Sử dụng ADN hệ gien làm khuôn để nhân gien *DREB1* bằng PCR với cặp mồi

DREB1soyF/ DREB1soyR, với các điều kiện khác nhau và nhận thấy rằng phản ứng PCR xảy ra tối ưu trong điều kiện nhiệt độ gắn mồi là 51°C. Sau 30 chu kỳ phản ứng, sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1,0%. Kết quả điện di ở hình 1 cho thấy, đã nhận được một đoạn ADN đặc hiệu có kích thước khoảng 717 bp, hàm lượng của sản phẩm đủ lớn để thực hiện cho các nghiên cứu tiếp theo. Độ dài của đoạn ADN vừa nhân được cũng phù hợp với lý thuyết khi chúng tôi thiết kế mồi.



**Hình 1.** Hình ảnh điện di sản phẩm nhân gien *DREB1*. M: marker 1 kb.

Trong khi thiết kế mồi đặc hiệu để nhân gien *DREB1* ở đậu tương, ngoài phần đặc hiệu chúng tôi có bổ sung 6 nucleotit ở cả 2 đầu của mồi xuôi và mồi ngược chứa điểm cắt của enzym giới hạn. Vì vậy, khi nhân gien *DREB1* ở giống đậu tương nghiên cứu, sản phẩm PCR sẽ dài khoảng 717 bp còn gien *DREB1* trên NCBI có kích thước 705 bp. Lượng ADN được nhân lên nhờ phản ứng PCR đủ để thực hiện các nghiên cứu tiếp theo.

### 2. Kết quả tách dòng gien *DREB1* ở giống đậu tương địa phương XBB (Bắc Kạn)

Sản phẩm PCR sau khi được tinh sạch được gắn vào vector tách dòng pBT nhờ enzym nối T4 ligaza. Hỗn hợp được ủ ở 22°C trong 1h cho phản ứng xảy ra hoàn toàn, sau đó được biến nạp vào tế bào kh้า biến *E. coli* chủng DH5 $\alpha$  và được cấy trại trên môi trường LB đặc (pepton, cao nấm men, NaCl, agarose) có bổ sung kháng sinh carbenicillin (50  $\mu$ g/ml), X-gal (40 mg/l) và IPTG (100  $\mu$ M). Ủ đĩa ở 37°C trong 16 giờ. Kết quả thu được có cả khuẩn lạc màu xanh và màu trắng (hình 2).

Chọn các khuẩn lạc tráng nuôi trong môi trường LB lỏng có kháng sinh carbenicillin với nồng độ 50 µg/ml, tốc độ lắc 200 vòng/phút ở 37°C qua đêm. Tế bào tái tổ hợp được thu lại bằng cách ly tâm và tách chiết plasmit tái tổ hợp. Sau đó kiểm tra sản phẩm ADN plasmit bằng enzym giới hạn *Bam*HI và điện di kiểm tra trên gel agarose 1%. Kết quả tách dòng gien DREB1 và cắt kiểm tra bằng enzym giới hạn *Bam*HI

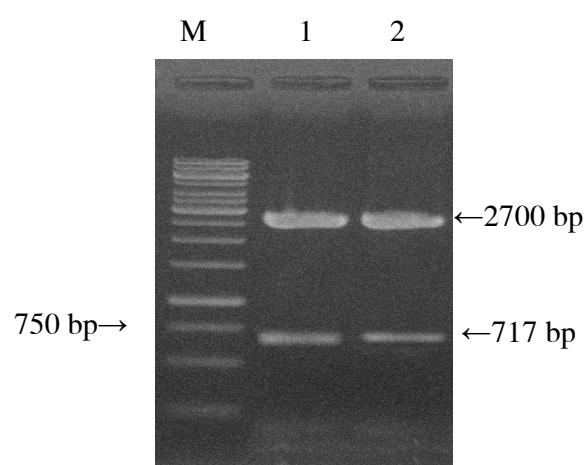


**Hình 2.** Đĩa nuôi cấy dòng tế bào khả biến *E. coli* chủng DH5 $\alpha$  chứa vector tái tổ hợp mang gen *DREB1*

### 3. Kết quả xác định và so sánh trình tự nucleotit của gien DREB1

Để xác định chính xác trình tự nucleotit của gen *DREB1* đã được tách dòng, chúng tôi tiến hành đọc trình tự nucleotit trên máy đọc trình tự nucleotit tự động ABI PRISM® 3100 Advant Gienetic Analyzer. Kết quả được xử lí bằng phần mềm BioEdit và so sánh trình tự này trong

được trình bày ở hình 3. Kết quả điện di ở hình 3 cho thấy, băng 2700 bp là băng của vector pBT, còn băng 717 bp là băng của gien *DREB1*. Sản phẩm tách plasmit sạch, đúng kích thước, đảm bảo chất lượng và số lượng phục vụ cho việc xác định trình tự nucleotit. Để khẳng định chính xác băng 717 bp là gien *DREB1* chúng tôi tiếp tục đọc trình tự gien này.



**Hình 3.** Kết quả điện di sản phẩm plasmid mang gen *DREB1* giống đậu tương XBB cắt bằng *Bam*HI. M: marker 1 kb.

BLAST của ngân hàng NCBI cho thấy, trình tự gien *DREB1* mà chúng tôi phân lập có độ tương đồng cao với trình tự gien *DREB1* trên NCBI.

Chúng tôi tiến hành so sánh trình tự nucleotit của gien *DREB1* phân lập từ giống đậu tương XBB với 2 trình tự nucleotit trên NCBI có mã số AY802779 và FJ965342. Mức độ tương đồng về trình tự nucleotit được thể hiện ở hình 4.

	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....									
	10	20	30	40	50					
AY802779	-----ATGT	TTACCTTGAA	TCATTCTTCT	GATTTGTACC	ATGTTTCCCC					
FJ965342	-----ATGT	TTACCTTGAA	TCATTCTTCT	GATTTGTACC	ATGTTTCCCC					
XBB	GGATCCATGT	TTACCTTGAA	TCATTCTTCT	GATTTGTACC	ATGTTTCCCC					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....									
	60	70	80	90	100					
AY802779	TGAGCTCTCA	TCTTCCTTGG	ACACATCCTC	GCCGGCTTCG	GAGGGCTCTC					
FJ965342	TGAGCTCTCA	TCTTCCTTGG	ACACATCCTC	GCCGGCTTCG	GAGGGCTCTC					
XBB	TGAGCTCTCA	TCTTCCTTGG	ACACATCCTC	GCCGGCTTCG	GAGGGCTCTC					
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....									
	110	120	130	140	150					
AY802779	GTGGCGTGGC	ATTTTCCGAC	GAGGAGGTGC	GGCTGGCGGT	GAGGCCACCCG					
FJ965342	GTGGCGTGGC	ATTTTCCGAC	GAGGAGGTGC	GGCTGGCGGT	GAGGCCACCCG					
XBB	GTGGCGTGGC	ATTTTCCGAC	GAGGAGGTGC	GGCTGGCGGT	GAGGCCACCCG					

		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		160            170            180            190            200		
AY802779		AAGAACGGG CAGGTCGAA GAAGTTCCGG GAGACCGGCC <b>ACCCGGTGT</b> A		
FJ965342		AAGAACGGG CAGGTCGAA GAAGTTCCGG GAGACCGGCC <b>ACCCGGTGT</b> A		
XBB		AAGAACGGG CAGGTCGAA GAAGTTCCGG GAGACCGGCC <b>GCCCCGGTGT</b> A		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		210            220            230            240            250		
AY802779		CCGGGGGGTG AGGAGGAGGA ACTCGGATAA GTGGGTGTGT GAGGTGAGGG		
FJ965342		CCGGGGGGTG AGGAGGAGGA ACTCGGATAA GTGGGTGTGT GAGGTGAGGG		
XBB		CCGGGGGGTG AGGAGGAGGA ACTCGGATAA GTGGGTGTGT GAGGTGAGGG		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		260            270            280            290            300		
AY802779		AGCCAACAA GAAGACCAGG ATTTGGCTGG GGACTTTCCC CACGCCGGAG		
FJ965342		AGCCAACAA GAAGACCAGG ATTTGGCTGG GGACTTTCCC CACGCCGGAG		
XBB		AGCCAACAA GAAGACCAGG ATTTGGCTGG GGACTTTCCC CACGCCGGAG		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		310            320            330            340            350		
AY802779		ATGGCGGCTC GGGCGCACGA CGTGGCGGC AATGGCCCTGA GGGGCCGGTA		
FJ965342		ATGGCGGCTC GGGCGCACGA CGTGGCGGC AATGGCCCTGA GGGGCCGGTA		
XBB		ATGGCGGCTC GGGCGCACGA CGTGGCGGC AATGGCCCTGA GGGGCCGGTA		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		360            370            380            390            400		
AY802779		TGCCTGTCTA AACTTTGCTG ACTCGGCCTG GCGGTTACCT GTTCCCGCCA		
FJ965342		TGCCTGTCTA AACTTTGCTG ACTCGGCCTG GCGGTTACCT GTTCCCGCCA		
XBB		TGCCTGTCTA AACTTTGCTG ACTCGGCCTG GCGGTTACCT GTTCCCGCCA		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		460            470            480            490            500		
AY802779		CGGCCGAGGC AAAGGATATA CAGAAGGCAG CAGCAGAAC TGCCCAGGCT		
FJ965342		CGGCCGAGGC AAAGGATATA CAGAAGGCAG CAGCAGAAC TGCCCAGGCT		
XBB		CGGCCGAGGC AAAGGATATA CAGAAGGCAG CAGCAGAAC TGCCCAGGCT		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		510            520            530            540            550		
AY802779		TTCAGACCAG ATCAAACCTT AAAAATGCT AATACAAGGC AGGAGTGTGT		
FJ965342		TTCAGACCAG ATCAAACCTT AAAAATGCT AATACAAGGC AGGAGTGTGT		
XBB		TTCAGACCAG ATCAAACCTT AAAAATGCT AATACAAGGC AGGAGTGTGT		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		560            570            580            590            600		
AY802779		GGAGGCAGGTG GCGGTGGCGG TGGCGGACAC <b>ACAAACGGCC</b> ACGGCACAAG		
FJ965342		GGAGGCAGGTG GCGGTGGCGG TGGCGGAGAC <b>ACAAACGGC</b> ACGGCACAAG		
XBB		GGAGGCAGGTG GCGGTGGCGG TGGCGGAGAC <b>ACAAACGGC</b> ACGGCACAAG		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		610            620            630            640            650		
AY802779		GGGTGTTTTA TATGGAGGAA GAAGAGCAGG TGTTGGATAT GCCTGAGTTG		
FJ965342		GGGTGTTTTA TATGGAGGAA GAAGAGCAGG TGTTGGATAT GCCTGAGTTG		
XBB		GGGTGTTTTA TATGGAGGAA GAAGAGCAGG TGTTGGATAT GCCTGAGTTG		
		..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		
		660            670            680            690            700		
AY802779		TGAAGATGCT GACTTGGATG CCCAAGATGC TGAGGTGTCA CTATGGAATT		
FJ965342		TGAAGATGCT GACTTGGATG CCCAAGATGC TGAGGTGTCA CTATGGAATT		
XBB		TGAAGATGCT GACTTGGATG CCCAAGATGC TGAGGTGTCA CTATGGAATT		
		..... ..... .....		
		710		
AY802779		TCTCAATTAA A-----		
FJ965342		TCTCAATTAA A-----		
XBB		TCTCAATTAA AGAATTC		

**Hình 4.** So sánh trình tự nucleotit của gen DREB1 ở giống đậu tương XBB với trình tự đã công bố AY802779, FJ965342 trên NCBI

## Bảng 1

Mức độ tương đồng trình tự nucleotit của  
giien *DREB1* ở giống đậu tương XBB với trình  
tự đã công bố AY802779, FJ965342

	AY802779	FJ965342	XBB
AY802779	100	99,7	97,6
FJ965342		100	97,9
XBB			100

Trình tự nucleotit của gien *DREB1* ở giống đậu tương XBB có mức độ tương đồng với trình

tự nucleotit của giống đã công bố với mã số AY802779, FJ965342 lần lượt là 97,6% và 97,9% (bảng 1). So sánh thấy có 5 vị trí sai khác về trình tự nucleotit của giống đậu tương XBB với AY802779, FJ965342 ở các vị trí 191, 528, 532, 540 và 610 (trừ 6 nucleotit ở đầu 5' và 6 nucleotit ở đầu 3' do khi thiết kế mỗi bối sung điểm cắt của enzim giới hạn).

So sánh trình tự axit amin trong protein của gen *DREB1* ở giống đậu tương XBB với giống đã công bố với mã số AY802779, FJ965342 cho kết quả được thể hiện ở hình 5.

**Hình 5.** So sánh trình tự axit amin trong protein của gien DREB1 ở giống đậu tương XBB và AY802779, FJ965342

Bảng 2

Mức độ tương đồng trình tự axit amin của protein DREB1 ở giống đậu tương XBB với trình tự đã công bố AY802779, FJ1965342

	AY802779	FJ965342	XBB
AY802779	100,0	99,5	96,6
FJ965342		100,0	97,0
XBB			100,0

Kết quả phân tích ở bảng 2 cho thấy, giữa

AY802779, FJ965342 có độ tương đồng về trình tự axit amin trong protein DREB1 từ 96,6% đến 97% với 4 vị trí sai khác là 64, 176, 178 và 204 (trừ 2 axit amin ở đầu và 2 axit amin cuối cùng mã hóa cho 6 nucleotit của enzym giới hạn khi thiết kế mỗi đã bổ sung).

### III. KẾT LUẬN

Đã khuếch đại, chọn dòng và đọc trình tự được gien *DREB1* của giống đậu tương XBB (Bắc Kan) với kích là 717 bp. Đô tương đồng

giữa trình tự gien *DREB1* của giống đậu tương XBB với trình tự nucleotit đã công bố với mã số AY802779, FJ965342 lần lượt là 97,6% và 97,9%. Độ tương đồng về trình tự amino acid trong protein DREB1 ở giống đậu tương XBB và 2 trình tự đã công bố AY802779, FJ965342 lần lượt là 96,6%, 97%.

**Lời cảm ơn:** Công trình được thực hiện với sự hỗ trợ kinh phí của đề tài thuộc Dự án TRIG.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Charlson D. V., Hu X., Okimoto B. và Purcell L. C.,** 2009: ACCESSION FJ965342, Glycine max cultivar Jackson drought responsive element binding. [Http://www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov).
2. **Chen Y., Chen P. and De Los Reyes B. G.,** 2004: Accession AY802779, Analysis of the expression of *DREB1* gene orthologs in cultivated and wild species of soybean. [Http://www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov).
3. **Chen M., Wang Q. Y., Cheng X. G., Xu Z. S., Li L. C., Ye X. G., Xia L. Q., Ma Y. Z.,** 2007: Biochem Biophys Res Commun., 353(2): 299-305.
4. **Gawel N. J., Jarret R. L.,** 1991: Gienomic DNA isolation. <Http://www.Weihenstephan.de/pbpz/bambra/html/dna.htm>
5. **Li X. P., Tian A. G., Luo G. Z., Gong Z. Z., Zhang J. S., Chen S. Y.,** 2005: Theor Appl Gienet., 110(8): 1355-1362.
6. **Liu Q., Sakuma Y., Abe H., Kasuga M., Miura S., Yamaguchi-Shinozaki K., Shinozaki K.,** 1998: Plant Cell, 10: 1391-1406.
7. **Stolf-Moreira R., Medri M. E., Neumaier N., Lemos N. G., Brogin R. L., Marcelino F. C., de Oliveira M. C., Farias J. R., Abdelnoor R. V., Nepomuceno A. L.,** 2010: Gienet Mol Res., 9(2): 858-67.
8. **Tsui-Hung P., Guihua S., Hon-Ming L.,** 2008: Journal of Integrative Plant Biology, 50(10): 1196-1212.
9. **Wang P. R., Deng X. J., Gao X. L., Chen J., Wan J., Jiang H., Xu Z. J.,** 2006: Yi Chuan, 28(3): 369-374.

#### CHARACTERISTICS OF *DREB1* GENE ISOLATED FROM LOCAL XANHLO-BA BE (BAC KAN) SOYBEAN (*GLYCINE MAX* (L.) MERRILL) CULTIVAR

CHU HOANG MAU, NGUYEN VU THANH THANH,  
NGUYEN THI MINH HONG, HOANG VAN MANH

#### SUMMARY

Abiotic stresses such as cold, drought and high salinity are common adverse environmental conditions that seriously influence plant growth and crop productivity worldwide. Some transcription factors (TFs) have been isolated and verified recently to play roles under abiotic stresses. Among them, the TF of DREB (Dehydration responsive element binding) can therefore regulate the expression of many stress-inducible genes in plants and play a critical role in improving abiotic stress tolerance of plants by interacting with specific cis-acting element named DRE/CRT, which is present in the promoter region of various abiotic stress-related genes. Li et al (2005) isolated three DREB homologue genes, *GmDREBa*, *GmDREBb* and *GmDREBc* from soybean and showed that each of the deduced proteins contains an AP2 domain of 64 amino acids. Chen et al (2007) isolated a novel *DREB* homologous gene, *GmDREB2* from soybean. Based on its similarity with AP2 domains, they classified *GmDREB2* into A-5 subgroup in *DREB* subfamily in *AP2/EREBP* family.

In this study, we present some results on amplification of *DREB1* gene from DNA isolated from soybean cultivar Xanhlo-Babe-Backan in Vietnam via PCR reaction using specific primers *DREB1soyF/DREB1soyR*, and cloning and sequencing this gene. This gene is 717 bp in length. The PCR products containing the *DREB1* fragments were cloned into pBT and sequenced.

**Keywords:** drought, gene, *DREB1*, soybean, PCR.

Ngày nhận bài: 14-10-2010