

Các họ gene mã hóa protein vận chuyển kim loại ở cây họ đậu (fabaceae): III. Các gene mã hóa zinc-iron permease (ZIP)

Cao Phi Bằng*



Use your smartphone to scan this QR code and download this article

TÓM TẮT

Ở thực vật, sắt (Fe^{2+}) và kẽm (Zn^{2+}) được vận chuyển nhờ các protein thuộc họ Zinc-Iron permease (ZIP: ZRT/ IRT-like Protein). Trong nghiên cứu này, các họ gene ZIP đã được xác định trong hệ gene của năm loài họ Đậu (Fabaceae). Ở mỗi loài, các ZIP thuộc về một họ đa gene bao gồm Đậu tương (*Glycine max*) (28 gene), Cỏ ba lá thập tự (*Medicago truncatula*) (16 gene), đậu gà (*Cicer arietinum*) (7 gene), đậu triều (*Cajanus cajan*) (12 gene) và đậu đại (*Lotus japonicus*) (15 gene). Các gene ZIP của cây họ đậu đều chứa từ 1 tới 12 intron. Các protein ZIP có chứa các motif giàu histidine bảo tồn đặc trưng. Đa phần các protein này có mang tám vùng xoắn xuyên màng và khu trú ở các màng sinh học. Phân tích cây phả hệ cho thấy các ZIP của cây họ Đậu được chia thành bốn nhóm lớn, với nhiều phân nhóm, trong đó chỉ có nhóm I có các đại diện của cả năm loài nghiên cứu. Có hiện tượng bùng phát gene ở nhóm I trong khi có hiện tượng mất gene ở một số nhóm khác. Các hiện tượng nhân gene ZIP sau quá trình biệt hóa loài trong họ Đậu là nguyên nhân chính dẫn tới hiện tượng bùng phát gene ở nhóm I. Kết quả phân tích sự biểu hiện gene cho thấy chỉ loài đậu đại có toàn bộ hệ gene ZIP biểu hiện ở tất cả các mô nghiên cứu. Mức độ biểu hiện của các gene trong họ ZIP không giống nhau ở các loại mô của cùng một loài cây nghiên cứu. Ngoài ra, một số gene ZIP có biểu hiện ưu thế ở một số mô khác nhau ở năm loài đậu được nghiên cứu.

Từ khoá: Zinc-Iron permease (ZIP), họ Đậu (Fabaceae), cây phả hệ, biểu hiện gene

MỞ ĐẦU

Sắt (Fe) và kẽm (Zn) là các nguyên tố vi lượng đối với thực vật. Thực vật cần sắt và kẽm như là các đồng tác nhân của nhiều enzyme quan trọng trong quang hợp và hô hấp. Do đó, các ion này ảnh hưởng tới trao đổi chất và phát triển thực vật¹. Tuy nhiên, ở nồng độ cao, các ion này sẽ gây độc tế bào do hoạt tính oxy hóa khử của chúng có thể làm sinh ra nhiều gốc oxy tự do hoặc do chúng gắn lên bề mặt protein theo cách không kiểm soát được^{1,2}. Do đó thực vật phải phát triển cơ chế cân bằng nội môi các ion này qua việc kiểm soát cân bằng giữa các quá trình hấp thụ, sử dụng và dự trữ các ion sắt và kẽm¹.

Sắt (Fe^{2+}) và kẽm (Zn^{2+}) thường được vận chuyển bởi các protein thuộc họ ZIP (ZRT/ IRT-like Protein). Các protein này được tìm thấy ở tất cả các sinh vật đại diện các bậc tiến hóa khác nhau từ vi khuẩn, nấm, thực vật và động vật có vú¹. Các ZIP tham gia vào quá trình hấp thụ và mang kim loại, duy trì cân bằng nội môi bằng cách vận chuyển chúng vào trong tế bào chất³. Các ZIP có khả năng vận chuyển không chỉ sắt và kẽm mà còn có khả năng vận chuyển cả các kim loại nặng như cadimi (Cd^{2+}) và mangan (Mn^{2+})^{4,5}. Về cấu trúc, nhìn chung các protein ZIP có khoảng từ 228 đến 717 amino acid với tám vùng xuyên màng

bảo tồn, trong đó có một đoạn trình tự tương đối khác nhau giữa vùng thứ 3 và vùng thứ 4, ở đó có trình tự bảo tồn giàu histidine là vùng gắn kim loại tiềm năng⁴.

AtIRT1 (Iron-regulate transporter 1) là gene ZIP đầu tiên được xác định⁶, mã hóa protein có chức năng vận chuyển sắt ở bề mặt rễ của cây *A.thaliana*⁷. Theo thời gian, họ gene ZIP đã bước đầu được nghiên cứu ở các loài *A.thaliana*^{4,8}, lúa (*Oryza sativa*), dương (*Populus trichocarpa*), nho (*Vitis vinifera*)⁹, ngô (*Zea mays*)¹⁰ và cả một số loài cây họ Đậu như cỏ thập tự ba lá (*M. truncatula*)¹¹ và đậu Cove (*Phaseolus vulgaris*)¹².

Nghiên cứu này cùng hướng với nghiên cứu về các gene mã hóa protein vận chuyển đồng và protein trao đổi ion ở các cây họ đậu trước đây^{13,14}. Trong nghiên cứu này, một số đặc điểm của họ gene mã hóa protein vận chuyển sắt và kẽm (Zinc-Iron Permease, ZIP) trong hệ gene của các cây họ đậu sẽ được phân tích *in silico*, gồm đậu tương, đậu đại, đậu triều, đậu gà, và Cỏ thập tự ba lá.

NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Trường Đại học Hùng Vương

Liên hệ

Cao Phi Bằng, Trường Đại học Hùng Vương

Email: phibang.cao@hvu.edu.vn

Lịch sử

- Ngày nhận: 18-1-2019
- Ngày chấp nhận: 12-11-2019
- Ngày đăng: 31-3-2020

DOI: 10.32508/stdjns.v4i1.690



Bản quyền

© ĐHQG Tp.HCM. Đây là bài báo công bố mở được phát hành theo các điều khoản của the Creative Commons Attribution 4.0 International license.



Trích dẫn bài báo này: Bằng C P. Các họ gene mã hóa protein vận chuyển kim loại ở cây họ đậu (fabaceae): III. Các gene mã hóa zinc-iron permease (ZIP). *Sci. Tech. Dev. J. - Nat. Sci.*; 4(1):387-400.

Cơ sở dữ liệu về các trình tự hệ gene của các cây họ Đậu

Chúng tôi sử dụng cơ sở dữ liệu hệ gene của các cây họ Đậu, gồm Đậu tương (*G. max*)¹⁵, Đậu Cove (*P. vulgaris*)¹⁶, Đậu gà (*C. arietinum*)¹⁷, Đậu triều (*C. cajan*)^{18,19} và Cỏ ba lá thập tự (*M. trulcatula*)^{20,21}, Đậu đại (*L. japonicus*)²².

Xác định và phân tích các gene ZIP ở hệ gene của các cây họ Đậu

Phương pháp tìm kiếm gene tương đồng trong nghiên cứu này dựa vào các gene ZIP của cây đậu Cove. Tổng số 23 gene ZIP được sử dụng làm trình tự truy vấn (query sequence)¹². Cây phả hệ, các đặc điểm lý hóa cũng như sự biểu hiện các gene ZIP được phân tích bằng phương pháp tin sinh học¹³. Mô hình cấu trúc không gian bậc hai của các protein được xây dựng nhờ Psipred²³.

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Xác định các gene mã hóa ZIP ở hệ gene của các cây họ Đậu

Các trình tự gene ZIP của cây đậu Cove¹² được sử dụng làm trình tự truy vấn để tìm kiếm các gene tương đồng trong hệ gene của các cây họ Đậu khác thông qua chương trình BLASTN. Tập hợp các gene mã hóa protein ZIP đã được xác định trong hệ gene của năm loài cây họ Đậu khác gồm đậu tương, đậu gà, đậu triều, đậu đại và cỏ thập tự ba lá. Tất cả các protein suy diễn của chúng đều có mang vùng bảo tồn ZIP (PF02535), được lưu trữ trên cơ sở dữ liệu Pfam (<https://pfam.xfam.org/>).

Họ gene ZIP ở các cây họ đậu là họ đa gene. Các cây họ đậu khác có số lượng các gene mã hóa ZIP khác nhau (**Bảng 1**). Trong đó, cây đậu gà chỉ có bảy gene ZIP, là loài có số gene ít nhất. Số lượng gene ZIP ở các loài đậu triều, đậu đại và đậu tương lần lượt là 12; 15; và 28. Ở cây cỏ thập tự ba lá, ngoài bảy gene đã được báo cáo^{11,12}, trong nghiên cứu này, chín gene mới đã được phát hiện và lần lượt được đặt tên từ MtrZIP8 tới MtrZIP16. Trong báo cáo của Migeon *et al.* (2010), họ gene ZIP ở một số loài thực vật khác cũng là họ đa gene, như *A. thaliana* (18 gene), dương (20 gene), lúa (16 gene), rêu và dương xỉ (cùng 9 gene)⁹. Cây ngô, một đại diện khác của nhóm cây một lá mầm, có chín gene mã hóa ZIP¹⁰.

Đặc điểm các gene ZIP của các cây họ Đậu

Bảng 1: Đặc điểm các gene ZIP và protein suy diễn ở các cây họ đậu

Loài	Gene	Nhóm	Tên locus	CDG (bp)	Int-ron	CDP (aa)	KLPT (kD)	pI	TM	Phân bố	
Đậu gà (<i>C. arietinum</i>)	CaZIP1	IA	Ca_23527	2471	2	368	39,86	6,48	7	Ch1	Nghiên cứu này
	CaZIP2	IA	Ca_12535	1682	3	348	38,21	8,42	8	Ch2	
	CaZIP3	IB	Ca_15968	1240	2	354	37,85	6,23	8	Ch2	
	CaZIP4	ID	Ca_14305	2402	1	332	35,26	6,04	8	Ch2	
	CaZIP5	IC	Ca_09166	2479	2	367	39,93	5,82	8	Ch4	
	CaZIP6	IC	Ca_01633	2253	1	407	43,78	5,96	8	Ch5	
	CaZIP7	IA	Ca_07626	2309	2	347	37,33	6,03	7	Ch5	
Đậu triều (<i>C. cajan</i>)	CcZIP1	IC	C.cajan_04710	4326	2	366	39,98	6,45	8	Ch02	Nghiên cứu này
	CcZIP2	IC	C.cajan_09287	1172	1	359	38,29	6,23	8	Ch06	
	CcZIP3	IB	C.cajan_26822	1487	2	268	29,02	6,94	4	Scaffold000112	
	CcZIP4	IA	C.cajan_35552	5230	4	329	36,13	6,75	7	Scaffold000139	
	CcZIP5	ID	C.cajan_31656	759	0	252	26,53	6,69	6	Scaffold125976	
	CcZIP6	ID	C.cajan_33570	2723	2	328	34,92	5,82	8	Scaffold132340	
	CcZIP7	IA	C.cajan_40078	1726	2	337	35,81	6,13	8	Scaffold132759	
	CcZIP8	IA	C.cajan_47587	3935	2	356	38,45	6,59	7	Scaffold134054	
	CcZIP9	IB	C.cajan_29763	1820	2	356	38,20	8,14	7	Scaffold134757	
	CcZIP10	IA	C.cajan_27143	2343	2	351	37,39	6,18	8	Scaffold135298	
	CcZIP11	IA	C.cajan_46675	1822	2	337	35,98	6,91	8	Scaffold135342	
	CcZIP12	IB	C.cajan_42212	3533	2	355	38,31	7,66	8	Scaffold137616	
Đậu tương (<i>G. max</i>)	GmZIP1	IB	Glyma.02G126000	1742	2	360	38,47	7,62	8	Ch02	Nghiên cứu này
	GmZIP2	IC	Glyma.04G051100	1321	2	289	30,86	6,64	7	Ch04	
	GmZIP3	III	Glyma.05G137400	8539	10	485	51,99	6,00	8	Ch05	
	GmZIP4	IC	Glyma.06G052000	1886	3	478	51,48	6,57	8	Ch06	
	GmZIP5	IB	Glyma.07G223200	2475	2	356	38,46	8,61	8	Ch07	

Continued on next page

Table 1 continued

	GmZIP6	III	Glyma.08G092700	7260	10	485	52,35	5,79	8	Ch08	
	GmZIP7	IA	Glyma.08G164400	2151	2	361	38,40	6,38	7	Ch08	
	GmZIP8	II	Glyma.08G328000	2509	2	349	37,56	6,06	8	Ch08	
	GmZIP9	IV	Glyma.09G271900	3915	4	598	62,18	7,19	13	Ch09	
	GmZIP10	IVA	Glyma.11G132500	3858	11	272	28,96	9,10	8	Ch11	
	GmZIP11	ID	Glyma.11G169300	2464	2	326	34,78	5,81	8	Ch11	
	GmZIP12	IVA	Glyma.12G056900	3594	10	240	25,40	9,33	6	Ch12	
	GmZIP13	IA	Glyma.13G004400	3354	2	347	37,63	7,72	8	Ch13	
	GmZIP14	II	Glyma.13G338200	1792	3	200	22,10	6,82	3	Ch13	
	GmZIP15	II	Glyma.13G338300	1568	1	350	37,99	8,43	8	Ch13	
	GmZIP16	IVA	Glyma.13G340900	3799	11	276	29,15	8,78	7	Ch13	
	GmZIP17	IC	Glyma.14G094900	2413	2	311	34,04	8,43	7	Ch14	
	GmZIP18	ID	Glyma.14G196200	2775	1	324	33,86	6,35	8	Ch14	
	GmZIP19	IVA	Glyma.15G033500	3687	11	276	29,24	7,95	7	Ch15	
	GmZIP20	II	Glyma.15G036200	1502	1	345	37,39	6,82	8	Ch15	
	GmZIP21	II	Glyma.15G036300	1529	1	342	36,68	8,18	8	Ch15	
	GmZIP22	IA	Glyma.15G262800	2266	2	359	38,24	6,14	7	Ch15	
	GmZIP23	IC	Glyma.17G228600	3150	2	393	43,13	5,73	8	Ch17	
	GmZIP24	ID	Glyma.18G060300	2083	2	328	35,04	5,96	8	Ch18	
	GmZIP25	II	Glyma.18G078600	2253	2	360	38,72	6,08	8	Ch18	
	GmZIP26	IV	Glyma.18G217100	3486	4	598	62,12	6,93	13	Ch18	
	GmZIP27	IB	Glyma.20G022500	2453	2	358	38,71	6,86	8	Ch20	
	GmZIP28	IA	Glyma.20G063100	3147	2	354	38,30	6,30	8	Ch20	
Đậu dại	LjZIP1	IC	Lj1g3v1785990.1	2182	2	372	39,30	6,23	8	Chr1	Nghiên cứu này
(<i>L. japonicus</i>)	LjZIP2	IA	Lj2g3v1014480.1	1445	2	345	37,20	6,05	8	Chr2	
	LjZIP3	IB	nd	1525	1	354	37,81	7,15	8	Chr2	
	LjZIP4	IA	Lj2g3v1536150.1	1638	2	350	37,81	6,05	7	Chr2	
	LjZIP5	IA	Lj2g3v1536210.1	1683	2	354	38,37	5,99	8	Chr2	

Continued on next page

Table 1 continued

	LjZIP6	IA	Lj3g3v0488360.1	2010	2	359	38,10	6,52	8	Chr3	
	LjZIP7	IA	Lj3g3v0948840.1	2010	2	359	38,10	6,52	8	Chr3	
	LjZIP8	IB	Lj4g3v1428550.1	2750	3	356	38,45	7,15	8	Chr4	
	LjZIP9	IB	nd	2519	3	347	37,70	6,91	8	Chr4	
	LjZIP10	IC	Lj5g3v0404890.1	5518	3	397	42,57	5,79	8	Chr5	
	LjZIP11	IA	Lj0g3v0167519.1	1217	2	338	35,98	6,04	7	Chr0	
	LjZIP12	IB	Lj0g3v0171379.1	2750	2	347	37,70	6,91	8	Chr0	
	LjZIP13	IA	Lj0g3v0200899.1	1750	1	353	38,15	6,30	7	Chr0	
	LjZIP14	IC	Lj0g3v0283259.1	8472	3	406	44,22	6,05	8	Chr0	
	LjZIP15	IA	Lj0g3v0336779.1	1683	2	354	38,37	5,99	8	Chr0	
Cỏ ba lá thập tự (<i>M. trulcatula</i>)	MtrZIP1	IA	Medtr2g064310	3186	2	358	38,51	6,49	7	Ch02	(11)
	MtrZIP2	IA	Medtr2g097580	1354	1	336	37,22	5,99	8	Ch02	
	MtrZIP3	IC	Medtr3g081580	2509	2	358	38,46	6,38	8	Ch03	
	MtrZIP4	IVA	Medtr3g082050	3713	3	377	40,85	5,89	7	Ch03	
	MtrZIP5	ID	Medtr1g016120	5618	1	374	39,83	5,91	8	Ch01	
	MtrZIP6	IA	Medtr4g083570	1549	2	350	37,72	6,45	8	Ch04	
	MtrZIP7	IV	Medtr3g058630	2439	2	350	37,57	5,44	8	Ch03	
	MtrZIP8	IB	Medtr2g098150	4606	12	276	29,38	8,76	8	Ch02	Nghiên cứu này
	MtrZIP9	II	Medtr3g081640	1765	2	361	38,89	6,42	7	Ch03	
	MtrZIP10	IA	Medtr3g081690	3981	4	366	39,85	5,45	7	Ch03	
	MtrZIP11	IA	Medtr3g104400	2710	1	365	38,74	5,98	8	Ch03	
	MtrZIP12	IC	Medtr4g065640	4896	12	365	39,40	9,68	7	Ch04	
	MtrZIP13	IB	Medtr5g071990	2495	1	318	33,94	5,68	8	Ch05	
	MtrZIP14	II	Medtr6g007687	2083	2	349	38,29	7,09	8	Ch06	
	MtrZIP15	IVA	Medtr7g074060	4123	4	599	62,28	7,59	13	Ch07	
	MtrZIP16	IA	Medtr8g105030	2488	4	396	43,05	5,90	8	Ch08	

CDG = chiều dài gene, CDP = chiều dài protein, KLPT = khối lượng protein, pI= điểm đẳng điện, Intron = số lượng intron, TM = số xoắn xuyên màng, Ch = nhiễm sắc thể.

Hầu hết các gene ZIP của cây họ Đậu đều là các gene phân đoạn với số lượng intron khác nhau, từ 1 tới 12 intron. Đa số các gene có hai hoặc ba intron. Kích thước các gene thuộc họ ZIP của cây họ đậu rất khác nhau. Gene *CcZIP5* ngắn nhất, có kích thước 759 nucleotide, trong khi gene *GmZIP3* dài nhất có 8539 nucleotide.

Khối lượng của các protein suy diễn khác nhau nhiều, protein *GmZIP14* nhỏ nhất có 200 amino acid, (22,1 kDa), protein *MtrZIP15* lớn nhất có 599 amino acid, (62,28 kDa). Trong tổng số 71 gene ZIP của các loài đậu triểu, đậu gà, đậu đại, đậu tương và cỏ ba lá được phát hiện trong nghiên cứu này, 54 gene (76% tổng số gene) mã hóa cho các protein có từ 300 tới 400 amino acid. Phần lớn các protein này có tính acid hoặc acid yếu với giá trị pI nhỏ hơn 7 (74% tổng số protein), chỉ 11 protein (14%) có pI lớn hơn 8. Các đặc điểm lý-hóa của các gene ZIP và protein suy diễn của các cây họ đậu trong nghiên cứu này tương đồng với các ZIP của cây ngô (kích thước protein suy diễn từ 359 tới 490 amino acid)¹⁰, của cây cỏ thập tự ba lá (protein có kích thước từ 350 tới 374 amino acid, có pI nhỏ hơn 7 và đều kỵ nước mạnh)²⁴. Tuy nhiên sự khác nhau lớn về kích thước của các protein suy diễn giữa các thành viên trong họ ZIP của cùng loài thực vật cũng đã được báo cáo ở các cây đậu Cove, cây *A. thaliana*, dương, lúa và một số cây khác^{9,12}.

Cấu hình không gian của các protein suy diễn ZIP của các cây họ đậu đều có nhiều vùng xoắn xuyên màng điển hình (Hình 1). 51 trong tổng số 71 trình tự ZIP được phát hiện trong nghiên cứu này có 8 vùng xoắn, giống với một số protein đã được báo cáo bao gồm cả 7 protein ZIP của cây cỏ thập tự ba lá²⁴. Một số protein khác có ít hoặc nhiều hơn 8 xoắn xuyên màng. Đặc điểm này cũng được quan sát ở cây ngô, trong tổng số 9 protein ZIP của loài này có tới 6 phân tử ZIP có 6 hoặc 7 xoắn, một phân tử có 9 xoắn và chỉ có hai phân tử có 8 xoắn¹⁰. Bên cạnh đó, hầu hết protein ZIP của các cây họ đậu cũng đều có motif giàu histidine có thể gắn với các ion kim loại.

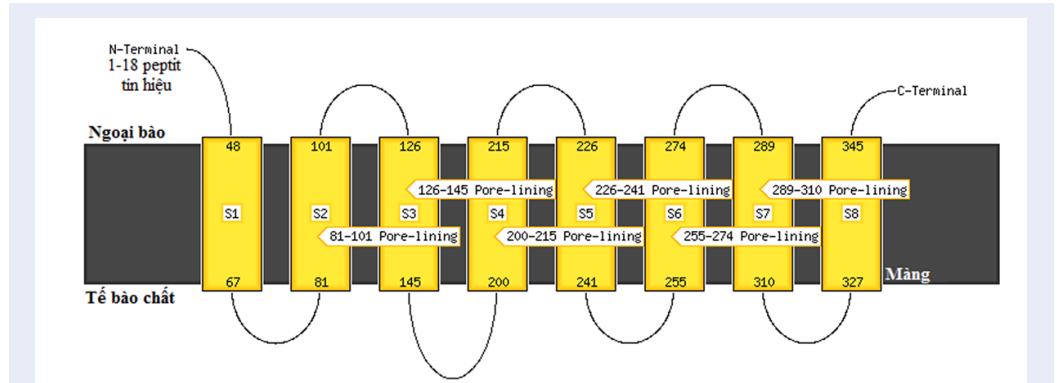
Phân tích cây phả hệ và sự tiến hóa của họ ZIP ở các cây họ Đậu

Cây phả hệ của các ZIP của các cây họ đậu được xây dựng nhờ phần mềm MEGA5. Trong cây phả hệ này, các protein ZIP của các loài *A. thaliana*, dương, lúa, dương xỉ, rêu, đậu tương, đậu gà, đậu triểu, đậu đại và cả của cây cỏ ba lá thập tự cũng như cây đậu Cove cũng được sử dụng (Hình 2). Dựa vào cây phả hệ với giá trị bootstraps lớn, có thể chia các ZIP của các thực vật nghiên cứu thành bốn nhóm lớn, nhóm I-IV. Trong đó, nhóm I có đại diện của tất các loài thực

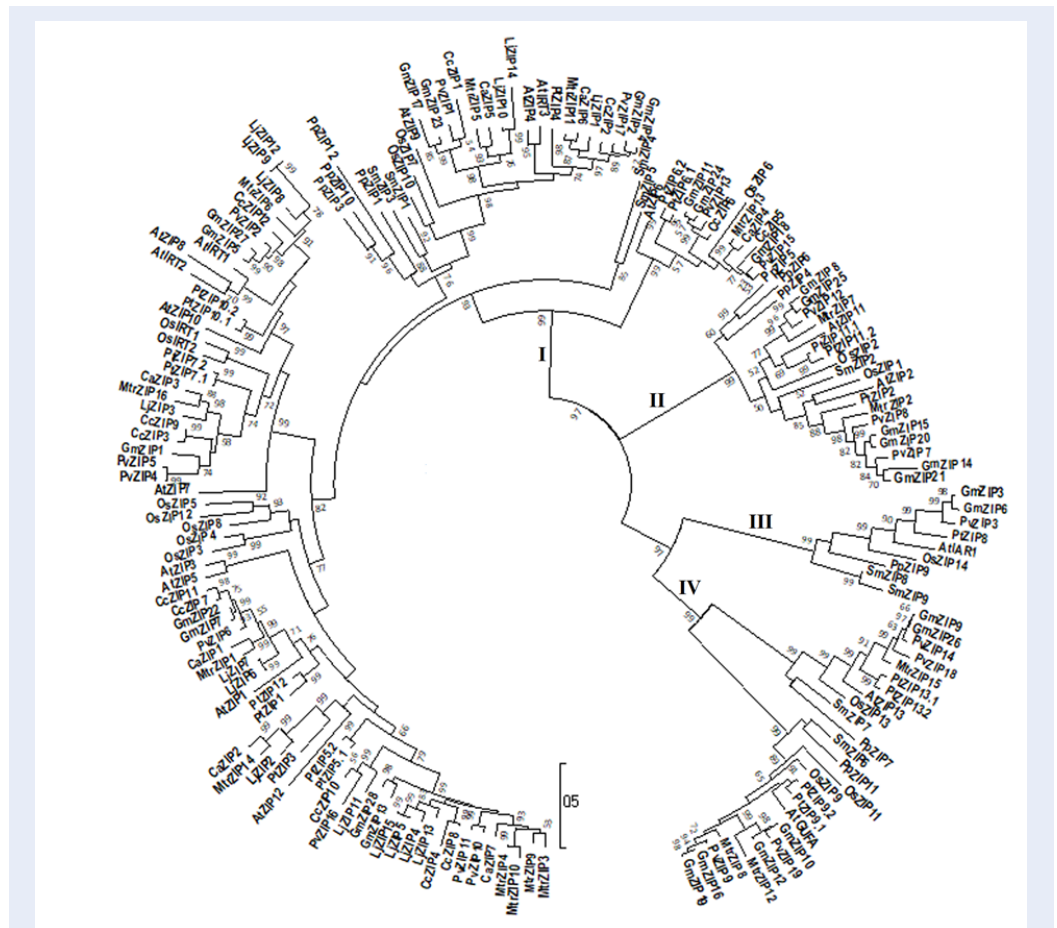
ật nghiên cứu từ bậc thấp (rêu, dương xỉ) đến thực vật hạt kín. Nhóm này được chia thành bốn phân nhóm (IA-ID) với tổng số 70 protein của các cây họ Đậu. Phân nhóm IA gồm các đại diện là các protein tương đồng với bốn protein ở cây *A. thaliana* (*AtZIP1*, *AtZIP3*, *AtZIP5* và *AtZIP12*). Số lượng các gene thuộc phân nhóm IA ở các loài cây họ đậu, đậu gà, đậu triểu, đậu tương, đậu đại, cỏ ba lá thập tự và đậu cove lần lượt là 3, 5, 6, 8, 3 và 4. Phân nhóm IB ở các loài trên có số lượng gene lần lượt bằng 1, 3, 3, 4, 2 và 3, các gene này phân bố trên cùng nhánh với các gene *AtIRT1*, *AtIRT2*, *AtZIP7*, *AtZIP8* và *AtZIP10*. Phân nhóm IC tập hợp các gene nằm trên cùng nhánh với *AtIRT3*, *AtZIP4* và *AtZIP9*. Số lượng các gene thuộc phân nhóm IC ở các loài cây họ đậu, đậu gà, đậu triểu, đậu tương, đậu đại, cỏ ba lá thập tự và đậu cove lần lượt là 2, 2, 4, 3, 2 và 2. Phân nhóm ID ở các loài cây họ đậu chủ yếu chỉ gồm một đến hai gene, nằm cùng nhánh với *AtZIP6*. Riêng cây đậu đại không có đại diện thuộc phân nhóm ID.

Các cây đậu gà, đậu triểu và đậu đại không có đại diện thuộc về các nhóm II, III và IV. Trong đó, nhóm II và nhóm IV có đại diện ở ba loài đậu tương, cỏ thập tự ba lá và đậu cove. Riêng nhóm III chỉ có một đại diện ở cây đậu cove và hai đại diện ở cây đậu tương.

Kết quả này gợi ý rằng có sự tiến hóa không giống nhau giữa các gene ZIP ở các loài cây họ đậu. Trong đó, có thể hiện tượng mất gene nhóm II, III và IV đã xảy ra ở các loài đậu gà, đậu triểu và đậu đại. Sự biến mất gene nhóm III còn xảy ra ở loài cây cỏ thập tự ba lá. Trong nhóm I, có hiện tượng bùng phát các gene phân nhóm IA ở cây đậu đại (chiếm tới 8 trong tổng số 15 gene). Phân tích cây phả hệ cũng cho phép xác định được nhiều sự kiện nhân gene xảy ra sau quá trình biệt hóa loài ở các cây họ đậu. Cây đậu tương có các hiện tượng nhân gene xảy ra ở tất cả các nhóm và phân nhóm, các hiện tượng nhân gene này thuộc kiểu nhân gene trên toàn hệ gene (WGD). Cây đậu cove có các hiện tượng nhân gene ở các phân nhóm IA (SD và WGD), IB (WGD) và nhóm IV (WGD). Các hiện tượng nhân gene phân nhóm IA (SD và WGD) và IB (WGD) cũng được quan sát ở cây đậu đại. Cây cỏ ba lá thập tự chỉ có các hiện tượng nhân gene (SD) ở phân nhóm IA (Bảng 2). Riêng ở cây đậu triểu, do mức độ lắp ráp hệ gene còn chưa hoàn chỉnh nên chưa xác định được kiểu nhân gene đối với các gene nhóm IA và IB. Ngược lại, không có hiện tượng nhân gene sau quá trình biệt hóa loài xảy ra ở cây đậu gà. Hiện tượng nhân gene ZIP sau quá trình biệt hóa loài của cây họ đậu tương tự như ở một số loài cây đã được nghiên cứu như *A. thaliana*, dương, nho và lúa⁹.



Hình 1: Cấu trúc bậc hai của MtrZIP14 với tám xoắn xuyên màng điển hình. Mô hình cấu trúc được xây dựng nhờ Psipred²³.



Hình 2: Cây phả hệ được xây dựng từ các ZIP của các cây họ Đậu, rêu (Pp), dương xỉ (Sm), *A. thaliana* (At), dương (Pt) và lúa (Os).

Bảng 2: Các sự kiện nhân gene ở cây họ Đậu sau quá trình biệt hóa loài

Loài	TD	SD	WGD
Đậu gà (<i>C. arietinum</i>)	-	-	-
Đậu triều (<i>C. cajan</i>)	nd	nd	nd
Đậu tương (<i>G. max</i>)	-	-	(GmZIP2 và GmZIP4) (GmZIP3 và GmZIP6) (GmZIP5 và GmZIP27) (GmZIP7 và GmZIP22) (GmZIP8 và GmZIP25) (GmZIP9 và GmZIP26) (GmZIP10 và GmZIP12) (GmZIP13 và GmZIP28) (GmZIP14 và GmZIP21) (GmZIP15 và GmZIP20) (GmZIP16 và GmZIP19) (GmZIP17 và GmZIP23)
Đậu đại (<i>L. japonicus</i>)	-	(LjZIP6 và LjZIP7)	(LjZIP4 và LjZIP13) (LjZIP5 và LjZIP15) (LjZIP9 và LjZIP12)
Cò ba lá thập tự (<i>M. truncatula</i>)	-	((MtrZIP3 và MtrZIP9) và (MtrZIP4 và MtrZIP10))	-

TD = nhân gene trước sau (nhân đôi đoạn ngân nhiễm sắc thể chứa gene, đoạn nhân lên nằm cạnh đoạn ban đầu), SD = lặp đoạn nhiễm sắc thể (đoạn nhân lên nằm xa đoạn ban đầu trên cùng nhiễm sắc thể), WGD = nhân đôi quy mô hệ gene (đoạn nhân lên chuyển sang nhiễm sắc thể khác), nd = không xác định, - = không có.

Sự biểu hiện của các ZIP của các cây họ Đậu

Sự biểu hiện của các gene mã hóa ZIP ở các cây họ Đậu được nghiên cứu hoặc qua phân tích ngân hàng mã phiên của các cây họ đậu được xây dựng bởi nhiều nhóm nghiên cứu. Trong đó bao gồm ngân hàng mã phiên RNA-seq được xây dựng từ 14 loại mô khác nhau ở cây đậu tương²⁵, dữ liệu Affymetrix GeneChip từ 64 thực nghiệm ở cây Cò ba lá thập tự²⁶, dữ liệu Affymetrix Lotus japonicus GeneChip từ các mô ở các giai đoạn phát triển của cây Đậu đại²⁷, dữ liệu RNA-seq của các mô sinh dưỡng, sinh sản, hạt của cây Đậu gà^{28,29} và ngân hàng Expressed sequence tags (EST) của cây Đậu triều³⁰.

Sự biểu hiện của các gene ZIP ở các loài khác nhau được giới thiệu **Bảng 3** (đậu tương), **Bảng 4** (cây cò ba lá thập tự), **Bảng 5** (đậu đại), **Bảng 6** (đậu gà).

Ở cây đậu tương, sản phẩm phiên mã của bốn gene *GmZIP12*, *GmZIP13*, *GmZIP14* và *GmZIP17* không được phát hiện trong tất cả các mô phân tích, các gene còn lại biểu hiện ở ít nhất một loại mô, trong đó 8/25 gene (*GmZIP3*, *GmZIP4*, *GmZIP9*, *GmZIP16*, *GmZIP25* và *GmZIP26*) biểu hiện ở tất cả các mô phân tích. Gene *GmZIP4* biểu hiện mạnh nhất ở lá, rễ, hoa, quả và hạt trong giai đoạn phát triển sớm khi so với các gene khác trong họ ZIP của cây đậu tương, đặc biệt trong mô rễ. Hai gene *GmZIP27* và *GmZIP4* biểu hiện trong nốt sần mạnh hơn các gene khác. Rễ

cũng là mô mà ở đó, một số gene ZIP biểu hiện mạnh hơn nhiều khi so với sự biểu hiện của chính gene đó ở các mô khác như *GmZIP5*, *GmZIP7*, *GmZIP15*, *GmZIP20*, *GmZIP22* và *GmZIP28*. Như vậy, ở đậu tương, rễ là nơi có sự biểu hiện đặc hiệu mô của nhiều gene ZIP.

Ở cây cò ba lá thập tự, có ba gene *MtrZIP8*, *MtrZIP9* và *MtrZIP14* không xác định được mức độ biểu hiện gene, các gene còn lại biểu hiện ở tất cả các mô. Trong đó, các gene *MtrZIP3* và gene *MtrZIP 7* biểu hiện mạnh hơn ở mô lá và vỏ quả so với ở các mô khác. Hai gene *MtrZIP2*, *MtrZIP6* và *MtrZIP15* biểu hiện ưu thế ở rễ hơn so với ở các mô khác. Gene *MtrZIP1* biểu hiện ưu thế ở mô hoa, gene *MtrZIP11* hiện diện ưu thế ở hạt. Riêng gene *MtrZIP16* biểu hiện yếu ở tất cả các mô. Hạt là mô mà hầu hết các gene biểu hiện thấp hơn ở các mô khác.

Tất cả 15 gene ZIP ở cây đậu đại đều biểu hiện ở tất cả các mô. Trong đó, gene *LjZIP 1* biểu hiện ưu thế so với các gene còn lại ở tất cả các mô, đặc biệt ở lá, rễ, nốt sần và hạt. Gene *LjZIP8* biểu hiện ưu thế ở rễ và nốt sần so với ở các mô còn lại. Như vậy, ở cây cò thập tự ba lá cũng như cây đậu đại cũng có hiện tượng biểu hiện ưu thế của một gene ZIP so với các gene khác cùng họ, đồng thời, cũng quan sát được hiện tượng biểu hiện ưu thế theo mô của một số gene.

Bảng 3: Sự biểu hiện của các gene ZIP của cây đậu tương (*G.max*) trong các mô nghiên cứu

Gene	YL	F	N	R	P(7*)	P(10*)	P(14*)	S(10*)	S(14*)	S(21*)	S(25*)	S(28*)	S(35*)	S(42*)
GmZIP1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2	1	1	0	1
GmZIP2	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GmZIP3	4	4	2	2	3	3	3	1	3	2	2	1	2	0
GmZIP4	14	13	83	217	14	10	3	5	23	38	14	7	6	5
GmZIP5	3	0	0	40	1	3	2	0	0	0	0	0	0	0
GmZIP6	7	11	3	7	9	8	5	4	5	9	5	4	10	4
GmZIP7	0	6	5	19	1	1	2	4	3	2	2	1	1	0
GmZIP8	1	3	5	8	2	0	1	0	3	2	1	1	2	2
GmZIP9	5	5	7	8	5	4	4	2	3	2	2	2	3	2
GmZIP10	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GmZIP11	0	1	5	3	1	0	1	3	7	6	3	3	3	1
GmZIP12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GmZIP13	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd
GmZIP14	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd
GmZIP15	0	0	6	46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GmZIP16	5	11	7	11	8	7	9	4	7	6	5	2	4	5
GmZIP17	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd
GmZIP18	0	1	42	1	2	3	1	3	13	10	7	6	7	6
GmZIP19	8	5	3	14	7	7	5	2	3	6	4	2	4	3
GmZIP20	0	0	24	59	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0
GmZIP21	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GmZIP22	0	0	16	25	2	0	1	3	6	5	1	1	1	0
GmZIP23	2	3	10	11	1	1	0	0	1	0	2	1	2	1
GmZIP24	0	3	7	4	0	0	0	6	10	8	7	5	4	3
GmZIP25	4	7	7	4	5	4	4	2	3	4	2	2	1	1
GmZIP26	5	5	25	11	4	5	7	2	4	4	4	3	7	2
GmZIP27	1	1	0	97	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
GmZIP28	0	0	36	29	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0

Chú thích: YL = lá non; F = hoa; P = vỏ quả; S = hạt; R = rễ; N = nốt sần; * = ngày sau thụ phấn; nd = không xác định

Ở cây đậu gà, một số gene ZIP có biểu hiện ở các mô sinh dưỡng. Ở lá, chỉ phát hiện được sự biểu hiện của gene *CaZIP4*. Đây cũng chính là gene biểu hiện ở cả chồi và rễ. Gene thứ hai biểu hiện ở rễ là *CaZIP7*. Ở chồi, sự biểu hiện của bốn gene đã được xác định là *CaZIP1*, *CaZIP4*, *CaZIP5* và *CaZIP6*. Ở chồi hoa, chỉ gene *CaZIP2* không biểu hiện, trong đó mạnh nhất là gene *CaZIP3*. Bốn gene biểu hiện ở chồi cũng đồng thời là các gene biểu hiện ở quả non.

Trong ngân hàng EST hiện có của cây đậu triều (*C. cajan*) (25,576 EST), chỉ có bốn EST tương ứng của gene *CcZIP1* được phát hiện (mã số GR471863.1, GR471370.1, GR471011.1, GR471374.1). Với các gene còn lại, không có EST nào được phát hiện. Do ngân hàng EST này tương đối nhỏ nên để tìm hiểu sự biểu hiện của các gene ZIP của cây đậu triều có lẽ cần có các thực nghiệm bổ sung trong tương lai.

Bảng 4: Sự biểu hiện của các gene ZIP của cây cỏ ba lá thập tự (*M. truncatula*) trong các mô nghiên cứu

Gene	L	Pe	VB	St	R	R*	N (4D)	N (10D)	N (14D)	N (28D)	F	S (10*)	S (12*)	S (16*)	S (20*)	S (24*)	S (36*)	
MtrZIP1	1045	2394	735	2593	1737	3469	1257	1546	1488	1128	3730	1990	428	641	376	123	155	56
MtrZIP2	107	374	188	281	11558	3183	1080	7094	8137	3294	408	2628	5	6	9	9	23	31
MtrZIP3	3597	5772	896	1682	1170	2037	937	721	824	356	390	2457	50	94	38	41	27	37
MtrZIP4	1259	2103	2088	2065	1263	7194	2164	1001	856	1104	2165	3029	152	163	281	1592	1219	1243
MtrZIP5	544	473	253	510	1601	1199	367	1534	1181	656	663	1297	1165	2437	1257	821	730	398
MtrZIP6	78	78	40	47	10679	15670	3714	8512	7040	5798	51	47	55	48	68	47	28	39
MtrZIP7	6638	3684	3021	2391	382	484	411	787	711	981	2867	7334	1831	3215	2518	535	480	852
MtrZIP8	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd
MtrZIP9	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd
MtrZIP10	1059	1681	1599	1508	654	2491	1033	516	381	534	1664	2303	63	69	175	1597	1455	1380
MtrZIP11	1980	1390	994	1321	1254	1470	685	2647	1202	690	890	2685	2983	4281	2773	2541	1854	3444
MtrZIP12	93	380	151	697	251	119	74	66	36	99	113	127	44	49	55	47	53	64
MtrZIP13	252	288	390	599	735	798	1013	860	846	1794	646	463	247	208	248	487	584	221
MtrZIP14	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd
MtrZIP15	1531	1855	1429	2044	5044	3410	2822	8964	7042	6221	2465	2237	2277	2629	2510	3060	3209	2079
MtrZIP16	20	26	14	20	25	23	13	17	21	24	19	61	19	36	31	24	11	30

L = lá; Pe = cuống lá; VB = chồi sinh dưỡng; St = thân; R = rễ; R* = rễ không nốt sần; N = nốt sần; F = hoa; P = vỏ quả; S = hạt; D = ngày; * = ngày sau thụ phấn; nd = không xác định

Bảng 5: Sự biểu hiện của các gene ZIP của cây đậu đại (*L. japonicus*) trong các mô nghiên cứu

Gene	L	Pe	St	R	N (0D)	N (21D)	F	P (10D)	P (14D)	P (20D)	S (10*)	S (12*)	S (14*)	S (16*)	S (20*)
LjZIP1	2283	879	1023	1965	3559	6429	946	972	1167	2204	359	499	538	676	1283
LjZIP2	23	37	42	70	77	495	132	103	132	24	282	310	336	326	67
LjZIP3	10	12	13	11	12	11	13	13	11	13	12	12	11	13	13
LjZIP4	21	17	15	303	153	18	15	26	44	16	47	58	78	87	34
LjZIP5	37	17	15	12	11	12	12	14	13	14	12	13	12	13	14
LjZIP6	107	134	271	72	141	49	273	127	142	106	97	95	113	109	62
LjZIP8	45	37	29	2595	3706	95	247	43	39	47	49	47	63	60	61
LjZIP9	26	30	27	22	26	25	26	25	26	26	26	26	30	26	29
LjZIP10	204	144	148	330	239	191	180	256	202	246	128	109	83	86	163
LjZIP11	9	9	8	8	9	10	9	11	10	11	11	11	11	10	10
LjZIP12	26	30	27	22	26	25	26	25	26	26	26	26	30	26	29
LjZIP13	1317	299	310	92	87	28	124	123	234	416	59	50	28	55	213
LjZIP14	204	144	148	330	239	191	180	256	202	246	128	109	83	86	163
LjZIP15	37	17	15	12	11	12	12	14	13	14	12	13	12	13	14

L = lá; Pe = chồi sinh dưỡng; St = thân; R = rễ; R* = rễ không nốt sần; N = nốt sần; F = hoa; P = vỏ quả; S = hạt; D = ngày; * = ngày sau thụ phấn; n d = không xác định

Bảng 6: Sự biểu hiện của các gene ZIP của cây đậu gà (*C. arietinum*) trong các mô nghiên cứu

Gene	B	L	R	FB	P
CaZIP1	5	0	0	39	4
CaZIP2	nd	nd	nd	nd	nd
CaZIP3	0	0	0	65	0
CaZIP4	2	16	94	9	26
CaZIP5	7	0	0	22	7
CaZIP6	2	0	0	13	15
CaZIP7	0	0	24	26	0

B = chồi; L = lá, R = rễ; N = nốt sần; FB = nụ hoa; P = vỏ quả; nd = không xác định

Nghiên cứu biểu hiện các ZIP ở một số thực vật đã được báo cáo như *A. thaliana*^{4,8}, lúa, dương, nho⁹, ngô¹⁰ và cả một số loài cây họ Đậu như cỏ thập tự ba lá¹¹ và đậu Cove¹².

Đáng chú ý, sự biểu hiện của hầu hết các gene ZIP đều đáp ứng với sự thiếu hụt Zn và Fe ở các loài thực vật đã nghiên cứu. Một số gene ZIP còn phản ứng với sự thiếu hụt Mn²⁴. Sự biểu hiện khác nhau của các gene ZIP ở các loại mô khác nhau, hoặc ở các thời kì sinh trưởng khác nhau cũng đã được chứng minh như ở cây ngô¹⁰, cây đậu cove¹².

KẾT LUẬN

Các gene mã hóa các protein vận chuyển sắt-kẽm đã xác định được trong hệ gene của các loài cây họ Đậu, trong đó có Đậu tương (28 gene), Cỏ ba lá thập tự (16 gene), đậu gà (7 gene) và đậu triều (12 gene) và đậu đại (15 gene). Các ZIP của cây họ đậu đều có chứa chứa intron (từ 1 tới 12 intron). Các protein ZIP suy diễn có pI dao động từ 5,45 đến 9,68 trong đó 59 trong tổng số 79 protein có pI nhỏ hơn 7. Các protein suy diễn có motif giàu histidine và đa phần có tám vùng xoắn xuyên màng. Cây phả hệ cho phép phân chia các ZIP của họ đậu thành bốn nhóm, nhóm I-IV. Trong đó, có hiện tượng bùng phát gene ở nhóm I cũng như có hiện tượng mất gene ở các nhóm khác. Ở cả năm loài cây họ đậu nghiên cứu, chúng tôi đều quan sát được hiện tượng biểu hiện khác nhau giữa các gene, đồng thời có hiện tượng biểu hiện ưu thế theo mô của nhiều gene.

DANH MỤC CÁC TỪ VIẾT TẮT

ZIP: Permease vận chuyển kẽm-sắt (Zinc-Iron permease)

ZRT: Protein vận chuyển được điều hòa bởi kẽm (Zn-regulated transporter)

IRT: Protein vận chuyển được điều hòa bởi sắt (Iron-regulate transporter)

RNA-seq: giải trình tự RNA (RNA-sequencing)

TD: nhân gene trước sau (tandem duplication)

SD: lặp đoạn nhiễm sắc thể (segmental duplication)

WGD: nhân đôi quy mô hệ gene (whole genome duplication)

pI: điểm đẳng điện (isoelectric point)

TM: xoắn xuyên màng (transmembrane helix)

Ch: nhiễm sắc thể (chromosome)

XUNG ĐỘT LỢI ÍCH

Nhóm tác giả cam đoan không có xung đột lợi ích trong công bố bài báo “Các họ gene mã hóa protein vận chuyển kim loại ở cây họ đậu (Fabaceae): III. Các gene mã hóa zinc-iron permease (zip)”.

ĐÓNG GÓP CỦA TÁC GIẢ

Cao Phi Bằng: thiết kế, thực hiện nghiên cứu và phân tích kết quả nghiên cứu, viết bản thảo bài báo.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Grotz N, Gueriot M. Molecular aspects of Cu, Fe and Zn homeostasis in plants. *Biochim Biophys Acta*. 2006;1763(7):595–608. PMID: 16857279. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.bbamcr.2006.05.014>.
- Haydon M, Cobbett C. Transporters of ligands for essential metal ions in plants. *New Phytol*. 2007;174(3):499–506. PMID: 17447906. Available from: <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2007.02051.x>.
- Colangelo E, Gueriot M. Put the metal to the petal: metal uptake and transport throughout plants. *Curr Opin Plant Biol*. 2006;9(3):322–330. PMID: 16616607. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2006.03.015>.
- Gueriot M. The ZIP family of metal transporters. *Biochim Biophys Acta*. 2000;1465(1-2):190–198. Available from: [https://doi.org/10.1016/S0005-2736\(00\)00138-3](https://doi.org/10.1016/S0005-2736(00)00138-3).
- Milner M, Seamon J, Craft E, Kochian L. Transport properties of members of the ZIP family in plants and their role in Zn and Mn homeostasis. *J Exp Bot*. 2013;64(1):369–381. PMID: 23264639. Available from: <https://doi.org/10.1093/jxb/ers315>.
- Eide D, Broderius M, Fett J, Gueriot M. A novel iron-regulated metal transporter from plants identified by functional expression in yeast. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1996;93(11):5624–5628. PMID: 8643627. Available from: <https://doi.org/10.1073/pnas.93.11.5624>.

7. Vert G, Grotz N, Dedaldechamp F, Gaymard F, Guerinot M, Briat J, et al. IRT1, an Arabidopsis transporter essential for iron uptake from the soil and for plant growth. *Plant Cell*. 2002;14(6):1223–1233. PMID: 12084823. Available from: <https://doi.org/10.1105/tpc.001388>.
8. Grotz N, Fox T, Connolly E, Park W, Guerinot M, Eide D. Identification of a family of zinc transporter genes from Arabidopsis that respond to zinc deficiency. *Proc Natl Acad Sci U S A*;951998:7220–7224. PMID: 9618566. Available from: <https://doi.org/10.1073/pnas.95.12.7220>.
9. Migeon A, Blaudez D, Wilkins O, Montanini B, Campbell M, Richaud P, et al. Genome-wide analysis of plant metal transporters, with an emphasis on poplar. *Cell Mol Life Sci*. 2010;67(22):3763–3784. PMID: 20623158. Available from: <https://doi.org/10.1007/s00018-010-0445-0>.
10. Li S, Zhou X, Huang Y, Zhu L, Zhang S, Zhao Y, et al. Identification and characterization of the zinc-regulated transporters, iron-regulated transporter-like protein (ZIP) gene family in maize. *BMC Plant Biol*. 2013;13:114. PMID: 23924433. Available from: <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-114>.
11. Stephens B, Cook D, Grusak M. Characterization of zinc transport by divalent metal transporters of the ZIP family from the model legume *Medicago truncatula*. *Biometals*. 2011;24(1):51–58. PMID: 20862522. Available from: <https://doi.org/10.1007/s10534-010-9373-6>.
12. Astudillo C, Fernandez AC, Blair MW, Cichy KA. The Phaseolus vulgaris ZIP gene family: identification, characterization, mapping, and gene expression. *Front Plant Sci*. 2013;4:286. PMID: 23908661. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2013.00286>.
13. Le TVA, Cao PB. Các họ gen mã hóa protein vận chuyển kim loại ở cây họ Đậu (Fabaceae): I. Các gen mã hóa protein vận chuyển đồng (Cu²⁺). *Tạp chí Công nghệ Sinh học*. 2018;13(3):895–905.
14. Cao PB, Le TVA. Các họ gen mã hóa protein vận chuyển kim loại ở cây họ đậu (Fabaceae) II. Các gen mã hóa protein trao đổi cation (CAX). *Tạp chí Khoa học và Phát triển Công nghệ, Chuyên san Khoa học Tự nhiên, Trường Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh*. 2017;3(T20-2017):26–36.
15. Schmutz J, Cannon SB, Schlueter J, Ma J, Mitros T, Nelson W, et al. Genome sequence of the palaeopolyploid soybean. *Nature*. 2010;463(7278):178–183. PMID: 20075913. Available from: <https://doi.org/10.1038/nature08670>.
16. Schmutz J, McClean PE, Mamidi S, Wu GA, Cannon SB, Grimwood J, et al. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nat Genet*. 2014;46(7):707–713. PMID: 24908249. Available from: <https://doi.org/10.1038/ng.3008>.
17. Jain M, Misra G, Patel RK, Priya P, Jhanwar S, Khan AW, et al. A draft genome sequence of the pulse crop chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Plant J*. 2013;74(5):715–729. PMID: 23489434. Available from: <https://doi.org/10.1111/tpj.12173>.
18. Singh NK, Gupta DK, Jayaswal PK, Mahato AK, Dutta S, Singh S, et al. The first draft of the pigeonpea genome sequence. *J Plant Biochem Biotechnol*;212012:98–112. PMID: 24431589. Available from: <https://doi.org/10.1007/s13562-011-0088-8>.
19. Varshney R, Chen W, Li Y, Bharti AK, Saxena RK, Schlueter JA, et al. Draft genome sequence of pigeonpea (*Cajanus cajan*), an orphan legume crop of resource-poor farmers. *Nat Biotech*. 2012;30(1):83–89. PMID: 22057054. Available from: <https://doi.org/10.1038/nbt.2022>.
20. Young ND, Debelle F, Oldroyd GED, Geurts R, Cannon SB, Udvardi MK, et al. The *Medicago* genome provides insight into the evolution of rhizobial symbioses. *Nature*. 2011;480(7378):520–524. PMID: 22089132. Available from: <https://doi.org/10.1038/nature10625>.
21. Krishnakumar V, Kim M, Rosen BD, Karamycheva S, Bidwell SL, Tang H, et al. MTGD: The *Medicago truncatula* genome database. *Plant Cell Physiol Japan: The Author 2014* Published by Oxford University Press on behalf of Japanese Society of Plant Physiologists For permissions, please email: journalspermissions@oupcom. 2015;56:e1. PMID: 25432968. Available from: <https://doi.org/10.1093/pcp/pcu179>.
22. Sato S, Nakamura Y, Kaneko T, Asamizu E, Kato T, Nakao M, et al. Genome Structure of the Legume, *Lotus japonicus*. *DNA Res*. 2008;15(4):227–239. PMID: 18511435. Available from: <https://doi.org/10.1093/dnares/dsn008>.
23. McGuffin LJ, Bryson K, Jones DT. The PSIPRED protein structure prediction server. *Bioinformatics*. 2000;16(4):404–405. PMID: 10869041. Available from: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/16.4.404>.
24. Lopez-Millan AF, Ellis DR, Grusak MA. Identification and characterization of several new members of the ZIP family of metal ion transporters in *Medicago truncatula*. *Plant Mol Biol*. 2004;54(4):583–596. PMID: 15316291. Available from: <https://doi.org/10.1023/B:PLAN.0000038271.96019.aa>.
25. Severin AJ, Woody JL, Bolon YT, Joseph B, Diers BW, Farmer AD, et al. RNA-Seq Atlas of Glycine max: a guide to the soybean transcriptome. *BMC Plant Biol*. 2010;10:160. PMID: 20687943. Available from: <https://doi.org/10.1186/1471-2229-10-160>.
26. He J, Benedito VA, Wang M, Murray JD, Zhao PX, Tang Y, et al. The *Medicago truncatula* gene expression atlas web server. *BMC Bioinformatics England*. 2009;10:441. PMID: 20028527. Available from: <https://doi.org/10.1186/1471-2229-10-441>.
27. Verdier J, Torres-Jerez I, Wang M, Andrianjaka A, Allen SN, He J, et al. Establishment of the *Lotus japonicus* Gene Expression Atlas (LjGEA) and its use to explore legume seed maturation. *Plant J*. 2013;74(2):351–362. PMID: 23452239. Available from: <https://doi.org/10.1111/tpj.12119>.
28. Singh VK, Jain M. Transcriptome profiling for discovery of genes involved in shoot apical meristem and flower development. *Genomics Data*. 2014;2(0):135–138. PMID: 26484084. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.gdata.2014.06.004>.
29. Pradhan S, Bandhiwal N, Shah N, Kant C, Gaur R, Bhatia S. Global transcriptome analysis of developing chickpea (*Cicer arietinum* L.) seeds. *Front Plant Sci*. 2014;5. PMID: 25566273. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00698>.
30. Raju NL, Gnanesh BN, Lekha P, Jayashree B, Pande S, Hiremath PJ, et al. The first set of EST resource for gene discovery and marker development in pigeonpea (*Cajanus cajan* L.). *BMC Plant Biol England*. 2010;10:45. PMID: 20222972. Available from: <https://doi.org/10.1186/1471-2229-10-45>.

Metal transporter encoding gene families in fabaceae: III. The zinc-iron permease (ZIP) gene family

Cao Phi Bằng*



Use your smartphone to scan this QR code and download this article

ABSTRACT

In plants, Zinc and Iron are transported through the membrane by proteins belonging to Zinc-Iron permease (ZIP: ZRT/IRT-like Protein). In this work, the ZIP gene families were identified in the genome of five legume species. The results demonstrated that the ZIPs were belonged to a multi-gene family in each species including soybean (28 genes), *Medicago truncalata* (16 genes), chick-pea (7 genes), pigeon pea (12 genes), and *Lotus japonicus* (15 genes). Each gene contained from one to twelve introns. ZIP proteins possessed conserved histidine-rich motif. Most of these proteins contained eight putative transmembrane domains and were predicted to be localized in plasma membranes. The phylogeny analysis showed that the legume ZIPs were classified into four main groups, each of which includes many subgroups. The group I contained the ZIP members of five examined plants. Moreover, the phylogeny showed gene gain events (expansion) in group I and gene loss events in other groups. The gene expansion in group I is likely to have arisen mainly from recent duplication events of ZIP genes in the examined legume plants, after specialisation. The expression analysis showed that all of ZIP genes were expressed in all of examined tissues in *L. japonicus*. The expression level of ZIP members was not similar in different tissues of the plant. Some ZIP genes were predominantly expressed in certain tissues for most of the legume species investigated.

Key words: Zinc-Iron permease (ZIP), Fabaceae, phylogeny, gene expression

Hung Vuong University

Correspondence

Cao Phi Bằng, Hung Vuong University

Email: phibang.cao@hvu.edu.vn

History

- Received: 18-1-2019
- Accepted: 12-11-2019
- Published: 31-3-2020

DOI : 10.32508/stdjns.v4i1.690



Copyright

© VNU-HCM Press. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International license.



Cite this article : Phi Bằng C. Metal transporter encoding gene families in fabaceae: III. The zinc-iron permease (ZIP) gene family. *Sci. Tech. Dev. J. - Nat. Sci.*; 4(1):387-400.