CHARACTERISTICS OF T1 GENERATION SOYBEAN LINES OVEREXPRESSING THE *GmDREB7* GENE

Nguyen Thu Giang[1,2], Nguyen Thi Hai Yen[3], Vu Thi Thu Thuy[1], Nguyen Huu Quan[1], Chu Hoang Mau[1*]
[1]TNU - University of Education, [2]TNU - University of Medicine and Pharmacy
[3]Pham Ngoc Thach University of Medicine, Ho Chi Minh City

ARTICLE INFO

Received: 18/7/2025
Revised: 14/8/2025
Published: 14/8/2025

KEYWORDS

Drought tolerant
Glycine max
GmDREB7
Genetic transformation
Salt tolerant

ABSTRACT

Soybean *(Glycine max* (L.) Merrill) is a crop of considerable economic importance. However, its productivity is increasingly threatened by soil salinization, driven by factors such as reduced rainfall, excessive application of chemical fertilizers, and rising sea levels. The *DREB* (Dehydration-Responsive Element Binding) transcription factor gene subfamily in soybean plays a pivotal role in regulating stress-responsive gene expression under adverse environmental conditions, including drought, cold, and salinity. In this study, transgenic soybean lines overexpressing the *GmDREB7* gene were evaluated under greenhouse conditions using salt stress (150–250 mM NaCl) and simulated drought treatments. Key parameters assessed included morphological traits, levels of proline, protein, and lipids, as well as physiological indices associated with stress tolerance. The results demonstrated significantly elevated proline accumulation in all transgenic lines relative to wild-type (WT) plants, with increases ranging from 136.59% to 267.03%, particularly notable in lines TG1-5 and TG1-10. While a minor reduction in plant height was observed in transgenic lines, no significant differences were found in pod number per plant, 100-seed weight, protein, and lipid contents compared to WT. The relative indices for drought and salinity tolerance were highest in TG1-5 and TG1-10, ranging from 11.717 to 20.992 and 17.919 to 18.260, respectively. These findings suggest that overexpression of *GmDREB7* enhances proline accumulation and confers improved tolerance to drought and salt stress, offering a promising approach for developing stress-resilient soybean cultivars through genetic engineering.

ĐẶC ĐIỂM CỦA MỘT SỐ DÒNG ĐẬU TƯƠNG THẾ HỆ TG1 MANG GENE *GmDREB7* ĐƯỢC TĂNG CƯỜNG BIỂU HIỆN

Nguyễn Thu Giang[1,2], Nguyễn Thị Hải Yến[3], Vũ Thị Thu Thủy[1], Nguyễn Hữu Quân[1], Chu Hoàng Mậu[1*]
[1]Trường Đại học Sư phạm - ĐH Thái Nguyên, [2]Trường Đại học Y Dược - ĐH Thái Nguyên
[3]Trường Đại học Y khoa Phạm Ngọc Thạch, Thành phố Hồ Chí Minh

THÔNG TIN BÀI BÁO

Ngày nhận bài: 18/7/2025
Ngày hoàn thiện: 14/8/2025
Ngày đăng: 14/8/2025

TỪ KHÓA

Chịu hạn
Glycine max
GmDREB7
Biến nạp di truyền
Chịu mặn

TÓM TẮT

Đậu tương (*Glycine max* (L.) Merrill) là cây trồng có tầm quan trọng kinh tế đáng kể. Tuy nhiên, năng suất của đậu tương ngày càng bị đe dọa bởi tình trạng đất bị nhiễm mặn, do lượng mưa giảm, bón phân hóa học quá mức và mực nước biển dâng cao. Phân họ gene *DREB* ở đậu tương đóng vai trò then chốt trong việc điều hòa biểu hiện gene phản ứng với yếu tố bất lợi từ ngoại cảnh như hạn hán, lạnh giá và mặn. Trong nghiên cứu này, các dòng đậu tương chuyển gene biểu hiện quá mức gene *GmDREB7* đã được đánh giá trong điều kiện nhà kính bằng cách sử dụng stress muối (150–250 mM NaCl) và xử lý hạn hán mô phỏng. Các thông số chính được đánh giá bao gồm các đặc điểm hình thái, hàm lượng proline, protein và lipid, cũng như các chỉ số sinh lý liên quan đến khả năng chống chịu các stress. Kết quả cho thấy sự tích lũy proline tăng đáng kể ở tất cả các dòng chuyển gene so với cây WT, với mức tăng từ 136,59% đến 267,03%, đặc biệt đáng chú ý ở các dòng TG1-5 và TG1-10. Chiều cao cây giảm nhẹ được quan sát thấy ở các dòng chuyển gene, không có sự khác biệt đáng kể nào được tìm thấy về số quả trên cây, trọng lượng 100 hạt, hàm lượng protein và lipid so với WT. Các chỉ số tương đối về khả năng chịu hạn và chịu mặn cao nhất ở TG1-5 và TG1-10, lần lượt dao động từ 11,717 đến 20,992 và 17,919 đến 18,260. Những phát hiện này cho thấy sự biểu hiện quá mức *GmDREB7* đã tăng sự tích lũy proline và mang lại khả năng chịu hạn và chịu mặn tốt hơn, mở ra một phương pháp đầy hứa hẹn để phát triển các giống đậu tương chống chịu được stress thông qua kỹ thuật di truyền.

DOI: https://doi.org/10.34238/tnu-jst.13248

* Corresponding author. *Email: chuhoangmau@tnu.edu.vn*

1. Giới thiệu

Các stress phi sinh học như độ mặn, hạn hán và nhiệt độ khắc nghiệt là những yếu tố môi trường bất lợi nghiêm trọng, gây ảnh hưởng tiêu cực đến năng suất và chất lượng nông sản. Theo ước tính, các loại stress này có thể làm giảm đến 50% năng suất trung bình của nhiều loại cây trồng chủ lực trên toàn cầu [1]. Đặc biệt, stress do muối và hạn hán gây ra những biến đổi sâu rộng ở cấp độ hình thái, sinh lý, sinh hóa và phân tử, từ đó cản trở quá trình sinh trưởng và phát triển của cây [2]. Để thích nghi với các điều kiện bất lợi, thực vật đã phát triển các cơ chế nhận biết và truyền tín hiệu stress, dẫn đến sự điều hòa biểu hiện của nhiều gene liên quan nhằm khởi động các đáp ứng sinh lý và trao đổi chất phù hợp. Trong số các yếu tố phiên mã điều hòa các gene phản ứng với stress, nhóm yếu tố phiên mã DREB (Dehydration-Responsive Element Binding) thuộc họ AP2/ERF đóng vai trò then chốt [3]. Các protein DREB nhận diện và liên kết với trình tự *cis* DRE/CRT (C-repeat/Dehydration Responsive Element) trong vùng promoter của các gene mục tiêu, từ đó kích hoạt phiên mã các gene liên quan đến khả năng chống chịu stress [4]. Nhiều nghiên cứu đã cho thấy việc biểu hiện quá mức các gene DREB trong cây trồng có thể cải thiện đáng kể khả năng chịu hạn, chịu mặn, chịu lạnh và các nhân tố bất lợi khác. Các gene mã hóa protein DREB đã được biến nạp thành công vào cây lúa, ngô, đậu tương, thuốc lá và một số cây trồng khác đã mang lại kết quả tích cực trong việc nâng cao sức sống và năng suất dưới điều kiện môi trường khắc nghiệt [5], [6].

Đậu tương [*Glycine max* (L.) Merrill] là một cây họ đậu có giá trị dinh dưỡng và kinh tế cao, là nguồn cung cấp protein, lipid và khoáng chất thiết yếu cho con người và vật nuôi. Ngoài ra, đậu tương còn có khả năng cố định đạm khí quyển nhờ vào quan hệ cộng sinh với vi khuẩn nốt sần ở rễ, góp phần cải thiện độ phì đất và giảm nhu cầu phân bón hóa học [7]. Với thành phần dinh dưỡng trong hạt gồm 30–40% protein, 18–21% lipid cùng nhiều vitamin và khoáng chất, đậu tương được sử dụng rộng rãi làm thực phẩm, thức ăn chăn nuôi và là nguồn nguyên liệu cho công nghiệp chế biến. Gene *GmDREB7* có ID: 100101894, nằm trên nhiễm sắc thể số 20 của cây đậu tương, mã hóa protein thuộc nhóm DREB. Gene này được Liu và cộng sự [8] phân lập và công bố trên cơ sở dữ liệu Ngân hàng gene từ năm 2007. Trong một nghiên cứu trước, việc biểu hiện quá mức *GmDREB7* ở cây đậu tương cho thấy tác động điều hòa giảm mức phiên mã của hai gene *RD29A* và *SODFe* liên quan đến stress phi sinh học ở cây thuốc lá, đã cho thấy vai trò của gene này trong các đáp ứng với điều kiện mặn [9]. Gần đây, *GmDREB7* đã được chuyển vào giống đậu tương ĐT26 nhằm tiếp tục khảo sát chức năng của nó dưới điều kiện bình thường cũng như khi chịu stress mặn do muối và stress hạn. Một trong những chỉ dấu sinh hóa quan trọng phản ánh sự phản ứng của cây với stress là sự tích lũy proline trong tế bào. Proline là chất thẩm thấu quan trọng có vai trò bảo vệ tế bào, tăng khả năng giữ nước và chống lại tổn thương các thành phần của tế bào do mất nước [10]. Nồng độ proline cao thường được xem là chỉ thị cho khả năng chống chịu stress mặn và hạn tốt ở thực vật.

Cấu trúc mang gene *GmDREB7* (pBI121_GmDREB7) đã được biến nạp vào giống ĐT26 thông qua phương pháp lây nhiễm *Agrobacterium tumefaciens* tái tổ hợp tại vị trí nách lá mầm. Quá trình biến nạp đã tạo ra 22 dòng cây thế hệ T0 (TG0) phát triển tốt trong điều kiện nhà lưới. Kết quả phân tích sinh học phân tử cho phép chọn ra bốn dòng TG0 có khả năng cho hạt là TG0-2, TG0-5, TG0-7 và TG0-10. Từ các dòng này, hạt được thu và tiếp tục gieo trồng trong nhà lưới để tạo ra thế hệ tiếp theo (TG1), tương ứng với bốn dòng chuyển gene: TG1-2, TG1-5, TG1-7 và TG1-10. Nghiên cứu này nhằm đánh giá đặc điểm hình thái, hóa sinh cũng như khả năng chịu hạn và chịu mặn của bốn dòng đậu tương chuyển gene TG1 mang gene *GmDREB7*. Kết quả thu được sẽ góp phần làm sáng tỏ vai trò của gene *GmDREB7* trong hệ gene đậu tương dưới điều kiện bất lợi của ngoại cảnh, đồng thời cung cấp cơ sở cho công tác cải thiện khả năng chịu hạn, chịu mặn của cây đậu tương bằng công nghệ sinh học.

2. Phương pháp nghiên cứu

2.1. Vật liệu

Cây đậu tương *in vitro* không chuyển gene (Wild type: WT) và các dòng chuyển gene *GmDREB7* ở thế hệ TG1 gồm TG1-2, TG1-5, TG1-7, TG1-10 là những vật liệu được sử dụng

trong nghiên cứu. Cây WT và các dòng chuyển gene có nguồn gốc giống đậu tương ĐT26 do Trung tâm Nghiên cứu và Phát triển đậu đỗ, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam cung cấp.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp xử lý dòng chuyển gene TG1 bằng stress muối

Thí nghiệm được tiến hành trong điều kiện nhà kính với nhiệt độ trung bình ban ngày ở mức 23 °C và ban đêm là 20 °C; chu kỳ chiếu sáng 16 giờ sáng/8 giờ tối. Tại giai đoạn phát triển ba lá (V3), các cây thuộc 4 dòng chuyển gene TG1 và các cây WT được xử lý mặn bằng dung dịch NaCl với thể tích 50 mL ở hai nồng độ: 150 mM và 250 mM. Việc xử lý stress mặn được thực hiện ba lần liên tiếp, mỗi lần cách nhau ba ngày. Trong đó, lần đầu tiên sử dụng dung dịch NaCl 150 mM và hai lần tiếp theo sử dụng dung dịch NaCl 250 mM. Xử lí stress hạn bằng cách không tưới nước trong 9 ngày. Đối với nhóm đối chứng, cả cây chuyển gene TG1 và WT được tưới bằng 50 mL nước theo cùng một lịch trình. Các mẫu được phân tích từ ngày thứ 10 sau khi xử lí stress.

2.2.2. Phương pháp phân tích hóa sinh

Hàm lượng protein hòa tan được xác định theo phương pháp Lowry, kết quả được biểu thị dưới dạng phần trăm khối lượng chất khô theo hướng dẫn của Nguyễn Văn Mùi [11].

Hàm lượng lipid trong mẫu được định lượng bằng phương pháp chiết Soxhlet, tính toán dựa trên chênh lệch khối lượng mẫu trước và sau quá trình chiết xuất, quy đổi về phần trăm theo khối lượng khô tuyệt đối.

Hàm lượng proline trong điều kiện bình thường và điều kiện stress mặn, hạn được xác định theo phương pháp của Bates và cộng sự [12]. Các mẫu lá được thu thập vào ngày thứ 10 sau khi xử lý để phân tích nồng độ proline, kết quả được biểu thị dưới dạng µmol/g khối lượng tươi.

2.2.3. Phương pháp xác định khả năng chịu hạn, chịu mặn

Khả năng chịu hạn và mặn được đánh giá dựa trên các chỉ tiêu sinh lý: tỷ lệ cây bị héo và tỷ lệ cây chết sau 5, 7 và 9 ngày xử lý; cùng với hàm lượng proline tại các thời điểm tương ứng (5, 7, 9 ngày). Từ các số liệu thu thập, các chỉ số chịu hạn và chịu mặn tương đối phản ánh khả năng chịu mặn và chịu hạn của các dòng chuyển gene và cây WT.

Chỉ số chịu hạn/chịu mặn tương đối = $(0,5*\sin \alpha)$ (ab+bc+cd+de+eg+gh+hi+ik+ka) (1)

Với $\alpha = 360^o/9$

2.2.4. Phân tích thống kê

Tất cả các số liệu thí nghiệm được xử lý thống kê bằng phần mềm SPSS. So sánh sự khác biệt giữa các nghiệm thức được thực hiện bằng phép kiểm định Duncan với mức ý nghĩa $p < 0,05$.

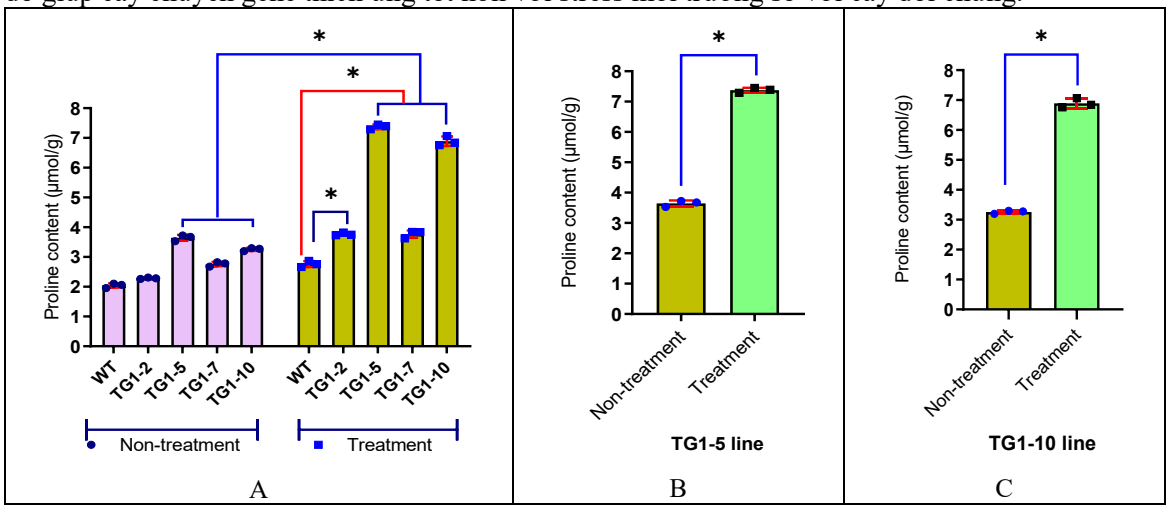
3. Kết quả và thảo luận

3.1. Phân tích hàm lượng proline của các dòng đậu tương chuyển gene

Proline là một amino acid có vai trò quan trọng trong điều hòa áp suất thẩm thấu tế bào trong điều kiện bất lợi như hạn, mặn. Với đặc tính ưa nước, proline giúp duy trì cân bằng nước nội bào, hạn chế sự xâm nhập của ion Na^+, đồng thời bảo vệ cấu trúc và chức năng của màng tế bào thông qua tương tác với protein và lipid màng, từ đó góp phần ổn định hệ thống tế bào dưới stress mặn [10]. Thí nghiệm xử lý stress muối được tiến hành trên các dòng đậu tương chuyển gene TG1 và cây đối chứng (WT) bằng NaCl với nồng độ từ 150 đến 250 mM. Hàm lượng proline (µmol/g lá tươi) được xác định ở bốn dòng chuyển gene (TG1-2, TG1-5, TG1-7, TG1-10) và cây WT; kết quả được thể hiện ở Hình 1.

Kết quả (Hình 1A) cho thấy cả các dòng chuyển gene *GmDREB7* và cây WT đều ghi nhận sự gia tăng đáng kể hàm lượng proline so với điều kiện không xử lý, với mức tăng dao động từ 135,29% đến 211,35%. Đáng chú ý, mức tăng proline ở các dòng chuyển gene cao hơn so với cây

WT, trong đó có những trường hợp tăng tới 267,03% (Hình 1B, 1C). Trong các dòng được khảo sát, TG1-5 và TG1-10 có hàm lượng proline cao nhất, lần lượt đạt 7,37 ± 0,05 µmol/g và 6,89 ± 0,09 µmol/g (P < 0,05). Hình 1B và 1C thể hiện rõ sự chênh lệch hàm lượng proline giữa điều kiện xử lý và không xử lý stress muối ở dòng TG1-5 và TG1-10. Cả hai dòng đều cho thấy sự gia tăng đáng kể lượng proline khi chịu stress mặn. Những kết quả trên cho thấy rằng việc biểu hiện quá mức gene *GmDREB7* có thể góp phần nâng cao khả năng tích lũy proline dưới điều kiện mặn, từ đó giúp cây chuyển gene thích ứng tốt hơn với stress môi trường so với cây đối chứng.



Hình 1. *Biểu đồ so sánh hàm lượng proline của dòng đậu tương chuyển gene thế hệ TG1 và cây WT*

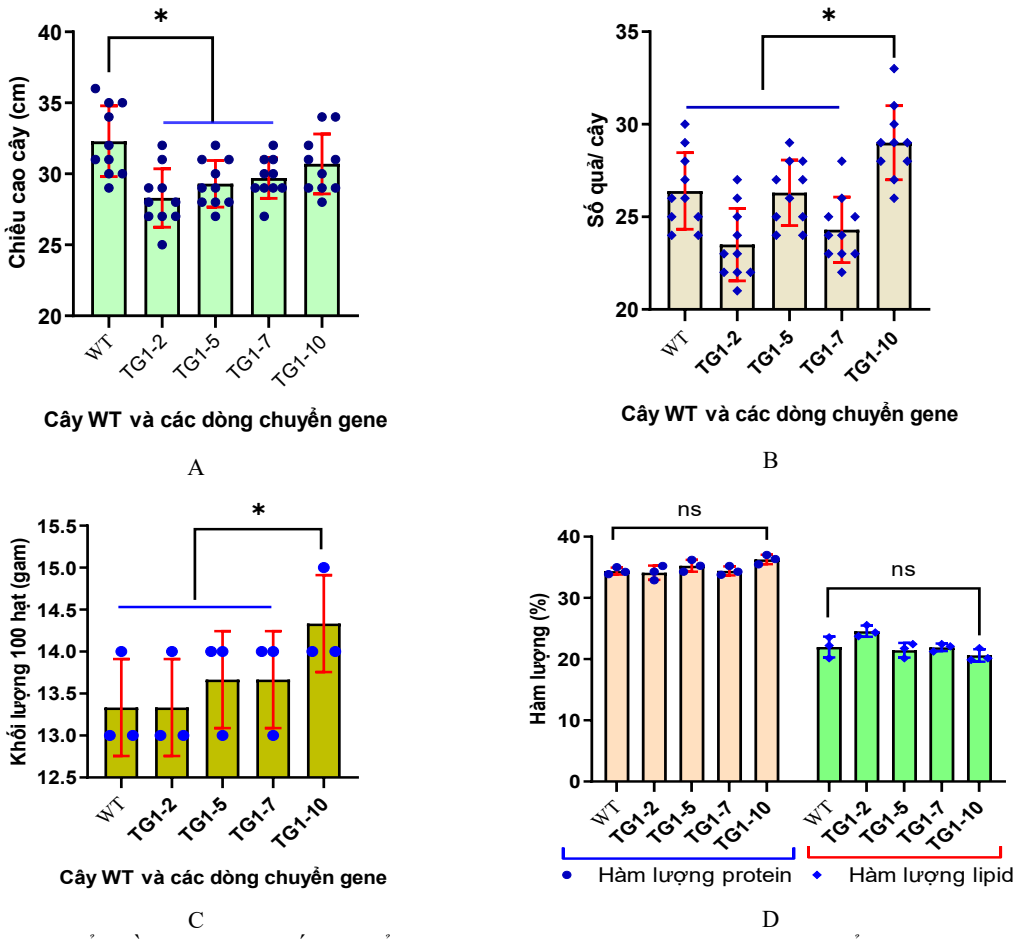
A: *Hàm lượng proline của dòng đậu tương chuyển gene và cây WT trong điều kiện không xử lý và xử lý stress muối (P < 0,05); B, C: Hàm lượng proline trong dòng đậu tương chuyển gene TG1-5 và TG1-10 ở điều kiện xử lý stress muối và điều kiện không xử lý (P < 0,05). WT: Cây không chuyển gene; TG1-2, TG1-5, TG1-7 và TG1-10: Dòng chuyển gene trong thế hệ TG1. Các ký hiệu * phía trên các cột của biểu đồ biểu thị sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ở mức P < 0,05. Các thanh biểu thị độ lệch chuẩn (SD). Các chấm trên cột biểu đồ biểu thị các giá trị thực nghiệm riêng lẻ*

3.2. Đặc điểm hình thái và hóa sinh hạt của một số dòng chuyển gene ở thế hệ TG1

Kết quả phân tích các đặc điểm hình thái, hóa sinh của các dòng đậu tương chuyển gene *GmDREB7* ở Hình 2 cho thấy có sự sai khác so với cây WT. Chiều cao cây của 4 dòng chuyển gene có xu hướng giảm so với cây WT. Cây WT đạt giá trị trung bình cao nhất (32,30 cm), trong khi các dòng chuyển gene có chiều cao dao động từ 28,20 cm đến 30,70 cm (P < 0,05) (Hình 2A). Các dòng TG1-2, TG1-5 và TG1-7 có số quả/cây và khối lượng 100 hạt không có sự sai khác so với WT, trừ dòng TG1-10 (với 29 quả), vượt trội so với WT (26,4 quả) (P < 0,05) (Hình 2B, C). Hàm lượng protein và lipid trong hạt của các dòng chuyển gene và WT không biểu hiện sự sai khác (P > 0,05) (Hình 2D).

3.3. Phân tích khả năng chịu hạn, chịu mặn của các dòng đậu tương chuyển gene

Kết quả trình bày ở Bảng 1 cho thấy các dòng chuyển gene (TG1-2, TG1-5, TG1-7, TG1-10) có khả năng chịu hạn và chịu mặn vượt trội so với các cây WT. Sau 5 ngày xử lý hạn, tỷ lệ cây héo và chết ở các dòng WT lần lượt là 25% và 5%. Trong khi đó, các dòng chuyển gene có tỷ lệ cây héo dao động từ 5% đến 20% và tỷ lệ chết từ 0% đến 5%, thấp hơn đáng kể so với WT. Đáng chú ý, dòng TG1-5 và TG1-10 không ghi nhận cây chết ở thời điểm này. Đến ngày thứ 9, dòng TG1-5 duy trì tỷ lệ cây chết ở mức thấp nhất (10%), trong khi WT đạt mức 25%. Tương tự như với hạn, dưới điều kiện stress mặn, tỷ lệ cây héo và chết của các dòng chuyển gene cũng thấp hơn WT. Sau 9 ngày xử lý, WT ghi nhận 35% cây héo và 25% cây chết, trong khi TG1-5 và TG1-10 có tỷ lệ cây chết thấp hơn đáng kể (15%), đã cho thấy khả năng thích ứng tốt hơn với điều kiện stress mặn.



Hình 2. *Biểu đồ so sánh một số đặc điểm hình thái và hóa sinh của các dòng chuyển gene và cây WT A: Chiều cao cây (cm); B: Số quả/cây; C: Khối lượng 100 hạt; D: Hàm lượng protein (% khối lượng khô) và lipid (% Khối lượng khô)*

Bảng 1. *So sánh khả năng chịu hạn, chịu mặn của các dòng chuyển gene và WT*

WT và các dòng chuyển gene	Tỉ lệ cây héo sau 5 ngày xử lí hạn, mặn (%)	Tỉ lệ cây chết sau 5 ngày xử lí hạn, mặn (%)	Tỉ lệ cây héo sau 7 ngày xử lí hạn, mặn (%)	Tỉ lệ cây chết sau 7 ngày xử lí hạn, mặn (%)	Tỉ lệ cây héo sau 9 ngày xử lí hạn, mặn (%)	Tỉ lệ cây chết sau 9 ngày xử lí hạn, mặn (%)	Hàm lượng proline ở điều kiện thường (µmol/g)	Hàm lượng proline sau 5 ngày xử lí hạn, mặn (µmol/g)	Hàm lượng proline sau 9 ngày xử lí hạn, mặn (µmol/g)	Chỉ số chịu hạn, chịu mặn tương đối
Khả năng chịu hạn										
WT	0,25	0,05	0,35	0,15	0,45	0,25	2,04	2,15	2,76	**3,797**
TG1-2	0,15	0,05	0,25	0,05	0,20	0,15	2,28	2,88	3,43	**5,606**
TG1-5	0,05	0	0,15	0	0,30	0,10	2,76	4,15	5,86	**11,717**
TG1-7	0,20	0,05	0,30	0,10	0,40	0,20	3,25	3,55	4,16	**9,022**
TG1-10	0,10	0	0,20	0,10	0,35	0,15	3,64	5,72	5,87	**17,919**
Khả năng chịu mặn										
WT	0,20	0,15	0,30	0,15	0,35	0,25	2,04	2,15	2,76	**3,752**
TG1-2	0,15	0,10	0,20	0,10	0,30	0,15	2,28	2,32	3,76	**4,838**
TG1-5	0,10	0,05	0,15	0,10	0,20	0,15	2,76	6,32	7,37	**20.992**
TG1-7	0,15	0,10	0,25	0,15	0,30	0,20	3,25	3,34	3,83	**8,067**
TG1-10	0,10	0,15	0,20	0,15	0,25	0,15	3,64	5,26	6,88	**18,260**

Phân tích khả năng chịu hạn và chịu mặn của các dòng chuyển gene ở thế hệ TG1 so với WT, Bảng 1 cho thấy các dòng chuyển gene đều có chỉ số chịu hạn tăng từ 1,48-4,72 (lần) và chỉ số chịu mặn tăng 1,29-4,87 (lần) so với WT. Chỉ số chịu hạn tương đối, chỉ số chịu mặn tương đối được tính theo công thức (1); kết quả cho thấy hai loại chỉ số này phụ thuộc vào tỷ lệ cây héo, tỷ lệ cây chết, hàm lượng proline sau khi gây hạn, gây mặn nhân tạo. Do đó chỉ số này tương quan thuận với khả năng chịu hạn, chịu mặn của đậu tương. Dòng TG1-10 có chỉ số chịu hạn, chịu mặn cao nhất tương ứng (17,919 và 18,262), trong khi đó dòng TG1-2 lại có chỉ số chịu hạn, chịu mặn tương đối thấp nhất (5,606 và 4,838).

3.4. Đặc điểm của các dòng đậu tương chuyển gene có triển vọng

Kết quả phân tích đặc điểm hình thái, hóa sinh và khả năng thích ứng với điều kiện bất lợi ở Bảng 2 cho thấy các dòng đậu tương chuyển gene thể hiện sự khác biệt rõ rệt so với cây WT. Trong số đó, dòng TG1-10 nổi bật với số quả chắc/cây cao nhất, hàm lượng protein vượt trội và tích lũy proline đáng kể dưới cả điều kiện stress hạn và mặn, phản ánh khả năng chống chịu tốt nhất với chỉ số chịu hạn và chịu mặn cao nhất. Dòng TG1-5 cũng thể hiện tiềm năng với hàm lượng proline cao và các chỉ số thích nghi sinh lý tốt. Các dòng TG1-2 và TG1-7 cho thấy mức độ cải thiện trung bình về một số chỉ tiêu, trong khi các cây WT có các giá trị thấp nhất ở hầu hết các thông số liên quan đến stress. Như vậy, các dòng TG1-10 và TG1-5 được xác định là có triển vọng nhất cho các nghiên cứu tiếp theo về khả năng chịu hạn, chịu mặn và năng suất ở đậu tương chuyển gene.

Sự khác biệt về các đặc điểm hình thái và sinh hóa giữa các dòng đậu tương chuyển gene và dòng đối chứng (WT) cho thấy tác động tích cực của việc chuyển gene đến khả năng thích nghi với stress hạn và mặn. Trong điều kiện không gây stress, chiều cao cây và số quả chắc/cây là hai yếu tố quan trọng phản ánh tiềm năng sinh trưởng và năng suất. Dòng TG1-10 cho thấy vượt trội về số quả chắc/cây so với các dòng khác, phù hợp với kết luận của Shin và cộng sự [13] cho rằng năng suất hạt ở đậu tương có thể duy trì hoặc cải thiện khi cây có khả năng chống chịu stress tốt hơn.

Bảng 2. *Đặc điểm của các dòng đậu tương chuyển gene*

Đặc điểm	WT	TG1-2	TG1-5	TG1-7	TG1-10
Chiều cao cây	32,30^{c}	28,20^{a}	29,70^{ab}	28,70^{a}	30,70^{bc}
Số quả chắc/cây	26,40^{b}	23,50^{a}	26,30^{b}	24,30^{a}	29,00^{c}
Khối lượng 100 hạt (g)	14,33^{a}	15,00^{a}	14,33^{a}	14,33^{a}	15,66^{a}
Hàm lượng protein (%)	34,38^{a}	34,12^{a}	35,24^{ab}	34,43^{a}	36,28^{b}
Hàm lượng lipid	21,98^{a}	24,55^{b}	21,45^{a}	21,93^{a}	20,61^{a}
Hàm lượng proline sau 5 ngày stress hạn (µmol/g)	2,15^{a}	2,88^{b}	4,15^{d}	3,55^{c}	5,72^{e}
Hàm lượng proline sau 9 ngày stress hạn (µmol/g)	2,76^{a}	3,43^{b}	5,86^{d}	4,16^{c}	5,87^{d}
Hàm lượng proline sau 5 ngày stress mặn (µmol/g)	2,15^{a}	2,32^{a}	6,32^{d}	3,34^{b}	5,26^{c}
Hàm lượng proline sau 9 ngày stress mặn (µmol/g)	2,76^{a}	3,76^{b}	7,37^{d}	3,83^{b}	6,88^{c}
Chỉ số chịu hạn tương đối	3,797	5,606	11,717	9,022	17,919
Chỉ số chịu mặn tương đối	3,752	4,838	20,992	8,067	18,260

Hàm lượng protein và lipid là các chỉ số sinh hóa phản ánh chất lượng hạt. Dòng TG1-10 có hàm lượng protein cao nhất, cho thấy sự cải thiện về giá trị dinh dưỡng. Trong khi đó, chỉ số lipid không có sự gia tăng đáng kể ở hầu hết các dòng, trừ TG1-2; điều này phù hợp với quan sát của Khan và cộng sự [14] cho rằng stress có thể làm thay đổi cân bằng chuyển hóa giữa protein và lipid trong hạt đậu tương. Chỉ số chịu hạn tương đối và chỉ số chịu mặn tương đối cao có liên quan chặt chẽ đến sự điều hòa tích lũy proline và duy trì cân bằng ion trong mô thực vật [15]. Điều này tương đồng với kết quả trong nghiên cứu của chúng tôi, khi dòng TG1-10 và TG1-5 không chỉ có chỉ số chịu hạn, chịu mặn tương đối cao mà còn thể hiện hàm lượng proline tăng mạnh qua thời gian xử lý stress. Như vậy, có thể thấy rằng các dòng đậu tương chuyển gene, đặc biệt là TG1-10 và TG1-

5, thể hiện sự cải thiện đáng kể về các chỉ tiêu sinh trưởng, tích lũy chất điều hòa thẩm thấu và khả năng duy trì năng suất trong điều kiện hạn, mặn. Điều này mở ra triển vọng cho việc chọn tạo giống đậu tương thích nghi tốt hơn với biến đổi khí hậu và điều kiện bất lợi ngày càng gia tăng.

4. Kết luận

Hàm lượng proline ở các dòng đậu tương chuyển gene cao hơn đáng kể so với cây WT với mức tăng dao động từ 136,59% đến 267,03%. Chiều cao cây của bốn dòng chuyển gene có xu hướng giảm nhẹ so với WT. Các chỉ tiêu liên quan đến năng suất và chất lượng như số quả chắc/cây, khối lượng 100 hạt, hàm lượng protein và hàm lượng lipid không cho thấy sự khác biệt rõ rệt giữa các dòng chuyển gene và WT. So sánh khả năng chịu hạn và chịu mặn của bốn dòng đậu tương chuyển gene *GmDREB7* (TG1-2, TG1-5, TG1-7, TG1-10) cho thấy tất cả đều thể hiện mức độ chống chịu cao hơn so với cây WT, trong đó hai dòng TG1-5 và TG1-10 được đánh giá là có khả năng chịu hạn và mặn vượt trội nhất.

Lời cảm ơn

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Quỹ Phát triển khoa học và công nghệ Quốc gia (NAFOSTED) trong đề tài mã số 106.02-2023.05

TÀI LIỆU THAM KHẢO/ REFERENCES

[1] R. Waadt, C. A. Seller, P. K. Hsu, Y. Takahashi, S. Munemasa, and J. I. Schroeder, "Plant hormone regulation of abiotic stress responses," *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, vol. 23, no. 10, pp. 680-694, 2022.

[2] P. Tarolli *et al.,* "Soil salinization in agriculture: Mitigation and adaptation strategies combining nature-based solutions and bioengineering," *Iscience*, vol. 27, no. 2, 2024, Art. no. 108830.

[3] P. K. Agarwal, K. Gupta, S. Lopato, and P. Agarwal, "Dehydration responsive element binding transcription factors and their applications for the engineering of stress tolerance," *Journal of Experimental Botany*, vol. 68, no. 9, pp. 2135-2148, 2017.

[4] A. R. Yadav *et al.,* "Role of DREB genes in the regulation of salt stress-mediated defense responses in plants," *Journal of Applied Biology & Biotechnology*, vol. 11, no. 1, pp. 1-9, 2023.

[5] P. Bhatnagar-Mathur, J. S. Rao, V. Vadez, S. R. Dumbala, A. Rathore, K. Yamaguchi-Shinozaki, and K. K. Sharma, "Transgenic peanut overexpressing the DREB1A transcription factor has higher yields under drought stress," *Molecular Breeding*, vol. 33, pp. 327-340, 2014.

[6] A. A. de P. Rolla *et al.,* "Phenotyping soybean plants transformed with rd29A: AtDREB1A for drought tolerance in the greenhouse and field," *Transgenic Research*, vol. 23, pp. 75-87, 2014.

[7] S. Kim, C. H. Kim, and W. S. Yang, "Physiologically active molecules and functional properties of soybeans in human health- A current perspective," *International Journal of Molecular Sciences*, vol. 22, no. 8, 2021, Art. no. 4054.

[8] Y. W. Liu, M. Chen, Z. S. Xu, G. Y. Zhang, L. C. Li, and Y. Z. Ma, "Dehydration-responsive element binding protein 7 [Glycine max]," GenBank: ABQ42206.1, 2007. [Online]. Available: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/146552064. [Accessed October 15, 2024].

[9] Y. T. H. Nguyen, T. Q. Tu, N. H. Nguyen, D. V. Nguyen, H. T. Tran, P. T. Do *et al.*, "A novel soybean transcription factor, DREB7, regulates RD29A and SODFe gene expression in transgenic tobacco plants," *In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant*, vol. 59, no. 3, pp. 275-284, 2023.

[10] M. I. Dar, M. I. Naikoo, F. Rehman, F. Naushin, and F. A. Khan, "Proline accumulation in plants: roles in stress tolerance and plant development," in *Osmolytes and plants acclimation to changing environment: emerging omics technologies*. Springer, 2016, pp. 155-166.

[11] M. V. Nguyen, *Biochemistry Practice*. Hanoi National University Publishing House, 2001, pp. 66-91.

[12] L. S. Bates, R. P. Waldren, and I. D. Teare, "Rapid determination of free proline for water-stress studies," *Plant Soil*, vol. 39, pp. 205–207, 1973, doi: 10.1007/BF00018060.

[13] J. H. Shin, J. N. Vaughn, H. Abdel-Haleem, C. Chavarro, B. Abernathy, K. D. Kim, and Z. Li, "Transcriptomic changes due to water deficit define a general soybean response and accession-specific pathways for drought avoidance," *BMC Plant Biology*, vol. 15, no. 1, 2015, Art. no. 26.

[14] R. Katam *et al.,* "Proteomics, physiological, and biochemical analysis of cross tolerance mechanisms in response to heat and water stresses in soybean," *PLOS One*, vol. 15, no. 6, 2020, Art. no. e0233905.

[15] X. Wang, Y. Li, X. Wang, X. Li, and S. Dong, "Physiology and metabonomics reveal differences in drought resistance among soybean varieties," *Botanical Studies*, vol. 3, no. 1, 2022, Art. no. 8.