

Phân tích và khai thác dữ liệu các gene mã hóa cho Polysaccharide monooxygenases và các gene liên quan trong quá trình hình thành thể bám của nấm gây bệnh đạo ôn *Magnaporthe oryzae*

Analysis and data mining of genes coding for Polysaccharide monooxygenases and genes involved in the formation of the appressorium of *Magnaporthe oryzae*

Nguyễn Minh Hùng^{1,2}, Nguyễn Thành Trung^{1,2}, Lê Quỳnh Loan^{3,4}, Vũ Văn Vân^{5*}
Minh Hung Nguyen^{1,2}, Thanh Trung Nguyen^{1,2}, Quynh Loan Le^{3,4}, Van Van Vu^{5*}

¹Trung tâm Sinh học phân tử, Viện Nghiên cứu và Phát triển Công nghệ cao, Trường Đại học Duy Tân, Đà Nẵng, Việt Nam

²Khoa Dược, Trường Đại học Duy Tân, Đà Nẵng, Việt Nam

³Viện Sinh học Nhiệt đới, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

⁴Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Tp. Hồ Chí Minh

⁵Viện Kỹ thuật Công nghệ cao Nguyễn Tất Thành, Đại học Nguyễn Tất Thành

¹Center for Molecular Biology, Institute of Research and Development, Duy Tan University, Da Nang, 550000, Vietnam

²Faculty of Pharmacy, Duy Tan University, Da Nang, 550000, Vietnam

³Institute of Tropical Biology, Vietnam Academy of Science and Technology

⁴University of Science, Vietnam National University Ho Chi Minh City

⁵NTT Hi-Tech Institute, Nguyen Tat Thanh University

(Ngày nhận bài: 09/03/2020, ngày phản biện xong: 31/03/2020, ngày chấp nhận đăng: 27/6/2020)

Tóm tắt

Nấm gây bệnh đạo ôn *Magnaporthe oryzae* là một trong những tác nhân gây bệnh nghiêm trọng ảnh hưởng tới các vụ lúa trên toàn thế giới. Để xâm nhiễm vào vật chủ, *M. oryzae* hình thành một cấu trúc xâm nhiễm đặc biệt được gọi là thể bám. Trong bài viết này, chúng tôi cung cấp một số dữ liệu phân tử về cơ chế xâm nhiễm tiềm năng của *M. oryzae* dựa trên việc phân tích và khai thác dữ liệu biểu hiện của các gen mã hóa cho enzyme polysaccharide monooxygenases (PMO) và các gen liên quan tới quá trình hình thành thể bám.

Từ khóa: Cellulose; nấm đạo ôn; *Magnaporthe oryzae*; PMO; polysaccharide monooxygenase.

Abstract

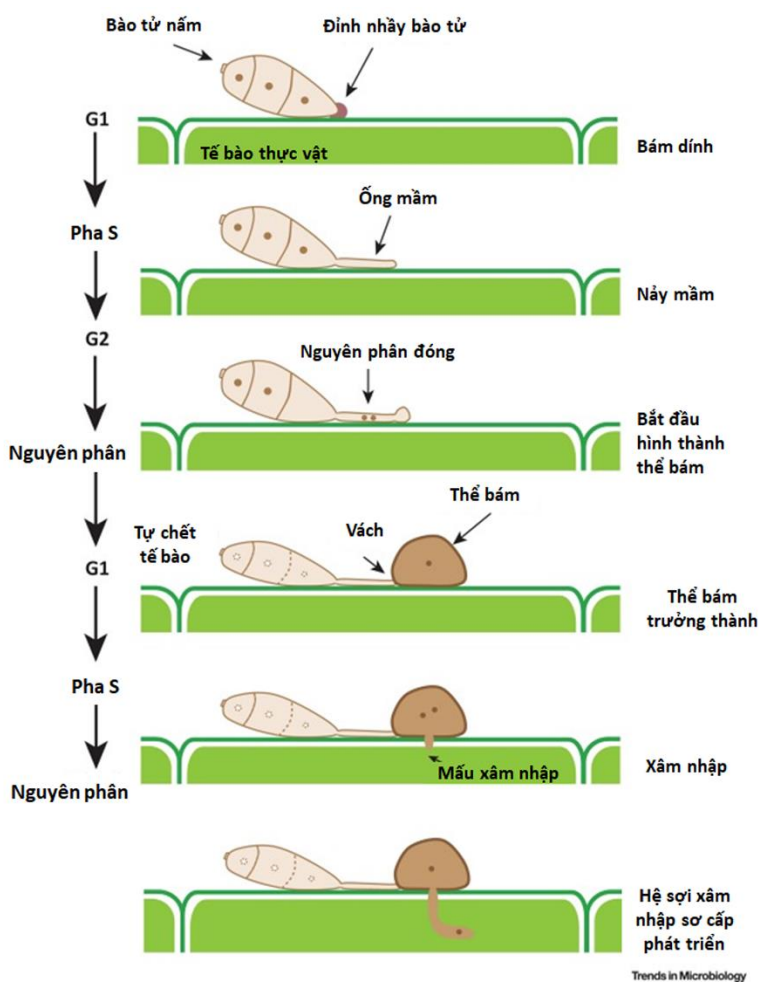
The rice blast fungus *Magnaporthe oryzae* is one of the most serious pathogens affecting rice crops all over the world. In order to invade the host the pathogen produces a specialised infection structure named appressorium. In this report, we provide some molecular data of potential invasion strategy of *M. oryzae* based on the analysis and data mining of the expression of genes coding for polysaccharide monooxygenases (PMO) and genes involved in the formation of the appressorium.

Keywords: Cellulose; blast fungus; *Magnaporthe oryzae*; PMO; polysaccharide monooxygenase.

1. Mở đầu

Thể bám (appressorium) được nấm đạo ôn *M. oryzae* tạo thành khi tiếp xúc với các bộ phận của cây lúa, giúp chúng xâm nhập vào các mô trên cơ thể chủ (Hình 1) [1]. Thể bám được hình thành từ bào tử *M. oryzae* trong khoảng thời gian 20 giờ sau khi bào tử tiếp xúc với lá lúa. Cấu trúc này tạo ra áp lực thẩm thấu lớn làm vỡ bề mặt kỵ nước của cây lúa, giúp cho các sợi nấm xâm nhập vào các mô bên trong. Quá trình hình thành thể bám đã được nghiên cứu rất chi tiết bằng các phương pháp sinh học phân tử [2]. Các kết quả phân tích hệ phiên mã (transcriptomics) cho thấy rất nhiều gene mã hóa các enzyme khác nhau được biểu hiện

trong giai đoạn hình thành thể bám. Trong tổng số 206 gene mã hóa các enzyme hoạt động trên các cơ chất carbohydrate ghi nhận được trong 16 giờ đầu khi hình thành thể bám, có hơn 100 gene có mức độ biểu hiện tăng hoặc giảm đáng kể. Trong số các gene này, có nhiều gene thuộc các họ chưa từng được nghiên cứu thực nghiệm và là đối tượng tiềm năng cho việc phát hiện ra các enzyme mới đóng vai trò quan trọng trong quá trình xâm nhiễm cây chủ của nấm đạo ôn. Trong nghiên cứu này, chúng tôi tập trung phân tích cơ sở dữ liệu hệ gene để tìm ra các PMO của nấm đạo ôn thuộc các họ đã biết cũng như các họ hoàn toàn mới.



Hình 1. Các giai đoạn hình thành thể bám của bào tử nấm *M. oryzae* [1]

2. Phương pháp nghiên cứu

- ID của các gene (Gene Identifier) được điều hòa tăng trong quá trình hình thành thể bám được xác định dựa vào kết quả phân tích hệ phiên mã được công bố bởi Soanes và cộng sự [3].
- Trình tự protein mã hóa bởi các gene sau đó được lấy từ trình tự proteome của *M. oryzae* được công bố trên các cơ sở dữ liệu UNIPROT (<https://www.uniprot.org/>).
- Trình tự các protein được phân tích bởi các công cụ mạnh sử dụng thuật toán Hidden Markov Model (HMM) tại các server của European Molecular Biology Laboratory (EMBL), bao gồm HMMer (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/hmmer/>) và SMART domain prediction (<http://smart.embl-heidelberg.de/>).

3. Kết quả nghiên cứu và thảo luận

3.1. Các PMO thuộc họ AA9

Mười bốn gene mã hóa PMO tiềm năng thuộc họ AA9 của *M. oryzae* được liệt kê trong Bảng 1 và Bảng 2. Năm trong số các PMO này, bao gồm MGG_05364, MGG_07575, MGG_09439, MGG_06621, và MGG_06069, được điều hòa tăng trong quá trình hình thành thể bám. Đặc biệt, mức độ biểu hiện của MGG_06069 tăng rất mạnh trong 8 giờ đầu. Các PMO điều hòa tăng có thể đóng vai trò quan trọng trong quá trình phát triển của thể bám.

Bảng 1. Danh sách PMO tiềm năng thuộc họ AA9 (GH61) được phân loại theo cơ sở dữ liệu CAZy: giá trị P đã được hiệu chỉnh cho các mẫu nuôi trong môi trường đầy đủ (CM), môi trường tối thiểu (MM), và các mẫu thể bám thu ở 4, 6, 8, 14, và 16 giờ.

| Gene ID | CAZY_group | res_CM_MM | T4 | T6 | T8 | T14 | T16 |
|------------------|-------------------|--------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|--------------|
| MGG_02502 | GH61 | 1 | 0.828 | 0.537 | 0.991 | 0.331 | 0.495 |
| MGG_04547 | GH61 | 1 | 1 | 0.823 | 1 | 1 | 1 |
| MGG_08254 | GH61 | 1 | 0.464 | 0.823 | 0.466 | 0.466 | 0.423 |
| MGG_07686 | GH61 | 0.142 | 0.852 | 0.691 | 0.355 | 0.153 | 0.359 |
| MGG_05364 | GH61 | 0.829 | 0.226 | 0.144 | 0.033 | 0.204 | 0.266 |
| MGG_07575 | GH61 | 0.885 | 1 | 1 | 0.841 | 3.010 E-07 | 2.337 E-07 |
| MGG_08020 | GH61 | 0.554 | 4.662 E-10 | 1.052 E-06 | 1.429 E-11 | 4.162 E-13 | 2.308 E-12 |
| MGG_09439 | GH61 | 1 | 0.771 | 0.052 | 0.748 | 0.005 | 0.008 |
| MGG_06621 | GH61 | 1 | 0.912 | 0.348 | 0.703 | 0.037 | 0.173 |
| MGG_07300 | GH61 | 1 | 0.684 | 0.786 | 1 | 1 | 0.774 |
| MGG_08409 | GH61,CBM1 | 1 | 1 | 0.823 | 0.619 | 1 | 0.824 |
| MGG_04057 | GH61,CBM1 | 0.864 | 0.079 | 0.167 | 0.706 | 0.699 | 0.606 |
| MGG_12881 | GH61,CBM1 | 0.796 | 0.381 | 1 | 0.333 | 0.336 | 0.824 |
| MGG_06069 | GH61,CBM18 | 0.361 | 7.797 E-15 | 6.132 E-11 | 5.594 E-11 | 9.008 E-05 | 0.001 |

Bảng 2. Danh sách các PMO tiềm năng thuộc họ AA9 (GH61) theo phân loại của cơ sở dữ liệu CAZY: giá trị định lượng số bản sao trong mẫu nuôi trong môi trường đầy đủ (CM), môi trường tối thiểu (MM), và các mẫu thể bám thu ở 4, 6, 8, 14, và 16 giờ.

| Gene ID | CAZY_group | CM | MM | T4 | T6 | T8 | T14 | T16 |
|------------------|-------------------|---------------|---------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|----------------|
| MGG_02502 | GH61 | 4.368 | 6.540 | 3.902 | 8.536 | 4.621 | 10.303 | 8.840 |
| MGG_04547 | GH61 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 1.102 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| MGG_08254 | GH61 | 0.929 | 0.801 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| MGG_07686 | GH61 | 0.000 | 5.272 | 0.875 | 0.597 | 2.384 | 2.374 | 1.748 |
| MGG_05364 | GH61 | 71.059 | 98.256 | 139.437 | 159.322 | 197.420 | 127.611 | 131.261 |
| MGG_07575 | GH61 | 0.000 | 0.467 | 0.000 | 0.000 | 0.718 | 24.875 | 25.580 |
| MGG_08020 | GH61 | 193.543 | 323.859 | 2.624 | 5.921 | 2.743 | 3.762 | 3.189 |
| MGG_09439 | GH61 | 0.464 | 0.467 | 1.750 | 6.569 | 1.751 | 8.437 | 8.024 |
| MGG_06621 | GH61 | 1.772 | 1.735 | 0.875 | 5.375 | 4.409 | 9.142 | 6.502 |
| MGG_07300 | GH61 | 23.796 | 17.224 | 15.148 | 15.795 | 17.008 | 19.952 | 25.966 |
| MGG_08409 | GH61,CBM1 | 0.000 | 0.000 | 0.472 | 1.102 | 1.393 | 0.000 | 0.772 |
| MGG_04057 | GH61,CBM1 | 5.781 | 3.670 | 0.875 | 0.597 | 4.135 | 3.586 | 3.393 |
| MGG_12881 | GH61,CBM1 | 0.000 | 1.268 | 1.819 | 0.000 | 1.435 | 1.793 | 0.772 |
| MGG_06069 | GH61,CBM18 | 80.724 | 37.246 | 4977.370 | 1936.517 | 1753.212 | 455.022 | 433.108 |

3.2. Các enzyme thủy phân carbohydrate khác

Trong số các enzyme thủy phân carbohydrate, có 51 enzyme được điều hòa tăng ở các mức độ khác nhau. Các enzyme này được liệt kê trong Bảng 3 và Bảng 4.

Bảng 3. Danh sách các enzyme thủy phân carbohydrate khác theo dự đoán của CAZY: giá trị P đã được hiệu chỉnh cho các mẫu nuôi trong môi trường đầy đủ (CM), môi trường tối thiểu (MM), và các mẫu thể bám thu ở 4, 6, 8, 14, và 16 giờ.

| Gene ID | CAZY_group | res_CM_MM | padjT4 | padjT6 | padjT8 | padjT14 | padjT16 |
|-----------|------------|-----------|------------|------------|------------|------------|------------|
| MGG_01542 | GH10 | 0.656 | 0.278 | 0.049 | 0.012 | 2.478 E-07 | 1.403 E-07 |
| MGG_02245 | GH10 | 0.797 | 0.464 | 0.938 | 0.247 | 0.002 | 0.014 |
| MGG_08401 | GH11 | 0.884 | 0.168 | 0.049 | 0.348 | 0.012 | 0.056 |
| MGG_08331 | GH11 | 0.346 | 1 | 0.049 | 0.147 | 0.012 | 0.004 |
| MGG_08320 | GH125 | 0.357 | 6.236 E-14 | 1.324 E-13 | 6.079 E-16 | 1.407 E-06 | 0.016 |
| MGG_12595 | GH13 | 0.346 | 0.084 | 0.068 | 0.006 | 0.016 | 0.001 |
| MGG_01096 | GH15 | 0.665 | 0.645 | 0.013 | 0.618 | 0.152 | 0.159 |

| | | | | | | | |
|-----------|-------|-------|------------|------------|------------|------------|------------|
| MGG_06493 | GH16 | 0.831 | 0.006 | 0.004 | 4.076 E-05 | 0.022 | 0.374 |
| MGG_08823 | GH16 | 0.909 | 2.066 E-32 | 2.262 E-25 | 1.356 E-24 | 1.378 E-17 | 7.009 E-17 |
| MGG_09733 | GH16 | 0.884 | 4.975 E-07 | 3.859 E-16 | 4.347 E-18 | 5.132 E-10 | 1.173 E-06 |
| MGG_09861 | GH16 | 1 | 0.278 | 2.911 E-07 | 1.639 E-12 | 2.074 E-07 | 4.148 E-05 |
| MGG_04582 | GH17 | 0.706 | 0.730 | 0.691 | 0.229 | 0.013 | 0.002 |
| MGG_05533 | GH18 | 1 | 0.123 | 1.425 E-10 | 1.443 E-05 | 1.301 E-05 | 0.017 |
| MGG_04732 | GH18 | 0.021 | 0.387 | 1.267 E-09 | 2.809 E-15 | 7.738 E-15 | 4.849 E-15 |
| MGG_00086 | GH18 | 1 | 4.776 E-12 | 2.794 E-16 | 9.510 E-22 | 4.756 E-12 | 3.178 E-06 |
| MGG_03599 | GH18 | 1 | 0.021 | 0.049 | 0.050 | 0.152 | 0.117 |
| MGG_05864 | GH2 | 1 | 5.318 E-06 | 0.000 | 0.001 | 0.818 | 1 |
| MGG_13429 | GH20 | 0.884 | 0.168 | 0.051 | 0.048 | 0.024 | 0.160 |
| MGG_09922 | GH20 | 0.694 | 9.121 E-05 | 0.000 | 0.000 | 0.648 | 0.116 |
| MGG_09805 | GH27 | 0.354 | 0.645 | 0.068 | 0.011 | 0.024 | 0.029 |
| MGG_13626 | GH27, | 0.137 | 3.978 E-06 | 0.004 | 0.000 | 1.572 E-07 | 2.362 E-07 |
| MGG_05620 | GH27 | 0.995 | 0.003 | 0.000 | 0.000 | 0.034 | 0.296 |
| MGG_08938 | GH28 | 1 | 0.006 | 9.7575E-18 | 4.899 E-19 | 1.026 E-10 | 1.982 E-07 |
| MGG_03508 | GH3 | 0.474 | 0.107 | 0.012 | 0.191 | 0.588 | 0.820 |
| MGG_00621 | GH3 | 1 | 0.665 | 0.126 | 0.049 | 0.009 | 0.1726092 |
| MGG_14903 | GH3 | 1 | 0.015 | 0.015 | 0.170 | 0.850 | 0.655 |
| MGG_09272 | GH3 | 0.997 | 5.703 E-07 | 1.140 E-06 | 2.851 E-06 | 0.156 | 0.359 |
| MGG_09353 | GH3 | 1 | 0.977 | 0.04247065 | 0.05368486 | 3.8387E-10 | 7.122 E-10 |
| MGG_08623 | GH31 | 0.743 | 0.841 | 0.291 | 0.065 | 0.023 | 0.046 |
| MGG_09988 | GH43 | 1 | 0.932 | 0.759 | 0.433 | 0.018 | 0.021 |
| MGG_01328 | GH45 | 1 | 9.566 E-07 | 1.457 E-06 | 1.311 E-07 | 0.000 | 9.128 E-07 |
| MGG_00994 | GH47 | 1 | 8.902 E-11 | 4.075 E-16 | 4.522 E-16 | 1.137 E-08 | 1.061 E-05 |
| MGG_00084 | GH47 | 0.665 | 0.061 | 0.026 | 0.001 | 0.000 | 2.356 E-05 |
| MGG_05381 | GH5 | 0.722 | 9.376 E-05 | 0.122 | 0.046 | 0.547 | 0.400 |
| MGG_10423 | GH5 | 0.884 | 0.169 | 0.000 | 4.739 E-06 | 1.427 E-05 | 0.000 |
| MGG_00319 | GH5 | 0.921 | 2.604 E-10 | 1.321 E-08 | 6.620 E-06 | 5.170 E-06 | 4.401 E-06 |
| MGG_01147 | GH51 | 0.924 | 0.038 | 0.004 | 3.213 E-06 | 1.957 E-05 | 0.003 |

| | | | | | | | |
|-----------|------|-------|------------|------------|------------|------------|------------|
| MGG_00659 | GH55 | 0.799 | 3.865 E-19 | 4.655 E-21 | 9.470 E-20 | 3.948 E-16 | 2.781 E-09 |
| MGG_09995 | GH55 | 0.737 | 1.064 E-05 | 0.000 | 0.002 | 0.827 | 0.361 |
| MGG_09095 | GH62 | 1 | 4.065 E-06 | 1.117 E-09 | 9.019 E-10 | 4.283 E-08 | 1.058 E-05 |
| MGG_06834 | GH7 | 0.281 | 0.169 | 0.23699847 | 0.019 | 9.657 E-05 | 2.272 E-06 |
| MGG_00951 | GH76 | 0.995 | 9.983 E-05 | 0.001 | 0.021 | 0.000 | 3.371 E-05 |
| MGG_01418 | GH76 | 1 | 0.123 | 0.025 | 0.355 | 0.335 | 0.617 |
| MGG_03682 | GH76 | 1 | 0.211 | 8.708 E-05 | 1.292 E-06 | 0.072 | 0.057 |
| MGG_05489 | GH81 | 1 | 4.532 E-14 | 3.425 E-11 | 1.289 E-11 | 1.541 E-10 | 1.724 E-09 |
| MGG_01001 | GH81 | 0.513 | 0.390 | 0.703 | 0.485 | 0.5295 | 0.311 |
| MGG_08274 | GH92 | 0.995 | 0.015 | 0.025 | 0.002 | 0.786 | 1 |
| MGG_00296 | GH92 | 0.789 | 0.848 | 1 | 1 | 2.651 E-06 | 8.011 E-09 |
| MGG_00088 | GH92 | 1 | 1 | 0.349 | 1.576 E-06 | 2.793 E-15 | 1.362 E-15 |
| MGG_01402 | GH93 | 1 | 0.538 | 0.049 | 0.793 | 0.052 | 0.4091 |
| MGG_00050 | GH95 | 0.597 | 0.093 | 1 | 0.817 | 0.207 | 0.036 |

Bảng 4. Danh sách các enzyme khác thủy phân carbohydrate theo dự đoán của CAZY: giá trị định lượng số bản sao trong mẫu nuôi trong môi trường đầy đủ (CM), môi trường tối thiểu (MM), và các mẫu appressorium thu ở 4, 6, 8, 14, và 16 giờ.

| Gene ID | CAZY | CM | MM | T4 | T6 | T8 | T14 | T16 |
|-----------|-------|--------|-------|----------|----------|----------|---------|---------|
| MGG_01542 | GH10 | 1.118 | 4.605 | 4.512 | 9.092 | 11.371 | 36.971 | 42.022 |
| MGG_02245 | GH10 | 2.236 | 5.072 | 5.123 | 2.893 | 6.920 | 18.232 | 12.575 |
| MGG_08401 | GH11 | 0.000 | 0.467 | 2.152 | 4.181 | 2.068 | 5.556 | 3.291 |
| MGG_08331 | GH11 | 0.000 | 1.869 | 0.472 | 4.181 | 2.426 | 5.203 | 7.660 |
| MGG_08320 | GH125 | 19.179 | 8.609 | 761.000 | 723.956 | 1001.476 | 172.348 | 67.247 |
| MGG_12595 | GH13 | 0.000 | 1.869 | 2.958 | 3.491 | 5.971 | 5.151 | 9.612 |
| MGG_01096 | GH15 | 0.000 | 2.069 | 1.347 | 5.921 | 1.393 | 2.374 | 1.929 |
| MGG_06493 | GH16 | 5.781 | 8.011 | 29.144 | 31.910 | 52.113 | 19.776 | 10.667 |
| MGG_08823 | GH16 | 5.212 | 3.804 | 6907.163 | 3122.697 | 2440.728 | 465.839 | 452.851 |
| MGG_09733 | GH16 | 0.000 | 0.467 | 26.275 | 154.472 | 186.903 | 44.320 | 23.331 |
| MGG_09861 | GH16 | 0.464 | 0.935 | 3.235 | 36.770 | 87.228 | 30.659 | 18.532 |
| MGG_04582 | GH17 | 14.327 | 7.543 | 20.095 | 10.328 | 6.963 | 49.222 | 73.546 |
| MGG_05533 | GH18 | 0.000 | 0.000 | 2.624 | 57.621 | 16.078 | 18.533 | 6.321 |

| | | | | | | | | |
|-----------|------|---------|---------|----------|-----------|-----------|----------|----------|
| MGG_04732 | GH18 | 68.175 | 17.888 | 127.463 | 1307.611 | 4599.655 | 3258.193 | 3976.473 |
| MGG_00086 | GH18 | 0.000 | 0.000 | 74.973 | 159.116 | 368.622 | 65.153 | 21.197 |
| MGG_03599 | GH18 | 0.000 | 0.000 | 5.708 | 4.088 | 4.135 | 2.197 | 2.621 |
| MGG_05864 | GH2 | 1.393 | 0.801 | 36.439 | 27.214 | 16.436 | 3.307 | 1.929 |
| MGG_13429 | GH20 | 0.000 | 0.467 | 2.083 | 3.810 | 3.503 | 4.924 | 2.133 |
| MGG_09922 | GH20 | 97.307 | 62.340 | 601.449 | 469.914 | 447.837 | 77.615 | 44.905 |
| MGG_09805 | GH27 | 0.000 | 2.536 | 1.347 | 3.491 | 7.468 | 4.395 | 4.369 |
| MGG_13626 | GH27 | 8.841 | 28.637 | 99.642 | 47.056 | 66.397 | 115.528 | 119.143 |
| MGG_05620 | GH27 | 44.053 | 51.130 | 178.821 | 232.399 | 254.961 | 113.163 | 79.152 |
| MGG_08938 | GH28 | 0.000 | 0.000 | 7.735 | 203.547 | 227.678 | 51.389 | 27.190 |
| MGG_03508 | GH3 | 74.898 | 39.112 | 173.048 | 252.446 | 139.553 | 53.784 | 62.235 |
| MGG_00621 | GH3 | 8.841 | 8.210 | 13.732 | 25.155 | 29.158 | 35.707 | 20.949 |
| MGG_14903 | GH3 | 7.827 | 7.877 | 31.190 | 33.372 | 18.735 | 6.188 | 10.259 |
| MGG_09272 | GH3 | 2.426 | 3.138 | 51.416 | 48.055 | 38.296 | 6.996 | 5.447 |
| MGG_09353 | GH3 | 4.008 | 4.138 | 3.165 | 17.268 | 14.600 | 110.140 | 110.405 |
| MGG_08623 | GH31 | 488.501 | 315.989 | 606.407 | 956.202 | 1383.402 | 1300.531 | 1322.469 |
| MGG_09988 | GH43 | 2.047 | 1.402 | 1.416 | 3.902 | 0.675 | 11.038 | 11.497 |
| MGG_01328 | GH45 | 14.621 | 14.884 | 161.363 | 159.847 | 199.595 | 72.597 | 152.605 |
| MGG_00994 | GH47 | 0.654 | 0.000 | 72.707 | 149.108 | 162.447 | 44.084 | 21.539 |
| MGG_00084 | GH47 | 0.000 | 2.402 | 3.361 | 4.819 | 9.346 | 11.236 | 15.524 |
| MGG_05381 | GH5 | 4.558 | 1.402 | 47.168 | 15.558 | 18.419 | 2.954 | 2.031 |
| MGG_10423 | GH5 | 0.000 | 0.467 | 2.083 | 11.893 | 19.136 | 16.387 | 11.665 |
| MGG_00319 | GH5 | 14.157 | 11.612 | 309.593 | 225.911 | 138.306 | 125.431 | 131.483 |
| MGG_01147 | GH51 | 0.654 | 1.402 | 6.319 | 11.800 | 27.090 | 19.320 | 10.610 |
| MGG_00659 | GH55 | 37.534 | 25.630 | 5788.458 | 10565.963 | 10947.836 | 2087.737 | 559.703 |
| MGG_09995 | GH55 | 47.761 | 22.365 | 340.700 | 235.436 | 163.089 | 38.227 | 25.602 |
| MGG_09095 | GH62 | 0.654 | 1.601 | 27.716 | 59.515 | 57.263 | 36.163 | 21.845 |
| MGG_06834 | GH7 | 1.118 | 5.608 | 5.110 | 5.375 | 10.338 | 18.387 | 31.581 |
| MGG_00951 | GH76 | 24.305 | 26.568 | 156.488 | 141.437 | 79.666 | 136.258 | 166.963 |
| MGG_01418 | GH76 | 0.000 | 0.000 | 2.624 | 5.097 | 2.384 | 1.617 | 1.260 |

| | | | | | | | | |
|-----------|------|--------|--------|---------|---------|---------|---------|---------|
| MGG_03682 | GH76 | 0.464 | 1.268 | 3.833 | 19.698 | 29.243 | 4.975 | 5.629 |
| MGG_05489 | GH81 | 22.363 | 17.623 | 865.640 | 529.090 | 586.512 | 410.534 | 366.535 |
| MGG_01001 | GH81 | 29.746 | 13.949 | 15.966 | 19.327 | 18.650 | 18.812 | 15.116 |
| MGG_08274 | GH92 | 1.118 | 0.000 | 10.290 | 10.606 | 13.609 | 2.197 | 1.158 |
| MGG_00296 | GH92 | 1.393 | 3.938 | 3.027 | 1.699 | 1.709 | 32.856 | 61.042 |
| MGG_00088 | GH92 | 1.582 | 2.069 | 2.222 | 5.097 | 36.861 | 179.104 | 191.145 |
| MGG_01402 | GH93 | 1.118 | 0.935 | 2.958 | 8.351 | 2.426 | 6.820 | 3.393 |
| MGG_00050 | GH95 | 16.393 | 33.304 | 5.387 | 15.147 | 20.486 | 32.474 | 48.729 |

3.3. Một số enzyme tiềm năng khác

Một số protein tiềm năng khác cũng được biểu hiện ở mức độ rất cao (Bảng 5). Chitin synthase D (MGG_06064) có thể đóng vai trò quan trọng trong việc tổng hợp chitin cho lớp vỏ của thể bám. Bên cạnh đó, một protein khác

được dự đoán có ái lực với chitin (MGG_00245) cũng được biểu hiện ở mức độ cao. Ngoài ra, liginase (MGG_07790), enzyme có thể tham gia quá trình phân hủy lignocellulose của cây chủ, cũng được điều hòa tăng tới 100 lần so với mẫu đối chứng.

Bảng 5. Một số protein tiềm năng khác được biểu hiện trong giai đoạn hình thành appressorium

| Gene ID | Putative Protein | CM | T4 | T6 | T8 | T14 | T16 |
|-----------|------------------------|---------|-----------|----------|----------|----------|----------|
| MGG_06064 | Chitin synthase D | 15.151 | 5657.461 | 4737.000 | 1305.362 | 454.546 | 213.469 |
| MGG_00245 | Chitin binding protein | 36.900 | 116.127 | 1082.605 | 2891.799 | 5743.426 | 6097.264 |
| MGG_07790 | liginase | 104.506 | 11195.341 | 8762.648 | 6892.313 | 2041.480 | 1611.693 |
| MGG_14940 | liginase C (419 aa) | 2.890 | | | | 311.138 | 109.256 |

4. Kết luận

- Đã xác nhận được 14 PMO thuộc họ AA9 trong đó có 05 PMO được điều hòa tăng trong quá trình hình thành thể bám. MGG_06069 là PMO được điều hòa tăng mạnh nhất. Có 51 enzyme khác hoạt động trên carbohydrate được điều hòa tăng. 04 protein tiềm năng khác được điều hòa tăng mạnh.
- Kiến nghị: Tiếp tục nghiên cứu và chọn lọc một số enzyme quan trọng nhất.
- Lời cảm ơn: Công trình khoa học này là một phần kết quả của Chương trình Hợp tác Khoa học và Công nghệ Nghị định thư giữa

Bộ Khoa học Công nghệ Việt Nam và Bộ ngoại giao và Hợp tác quốc tế Italia (Mã số NĐT.36.ITA/18).

Tài liệu tham khảo

- [1]. Ferlandez J, Orth K (2018) Rise of a cereal killer: the biology of *Magnaporthe oryzae* biotrophic growth. *Trends in Microbiology* 26: 582 – 579.
- [2]. Wilson RA, Talbot NJ (2009) Under Pressure: Investigating the Biology of Plant Infection by *Magnaporthe oryzae*. *Nat Rev Microbiol* 7: 185-195.
- [3]. Soanes DM, Chakrabarti A, Paszkiewicz KH, Dawe AL, Talbot NJ (2012) Genome-wide transcriptional profiling of appressorium development by the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. *PLOS Pathogens* 8: e1002514.