

PHÂN TÍCH ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA CÁC MẪU GIỐNG ĐẬU CÔ VE BẰNG CHỈ THỊ HÌNH THÁI VÀ CHỈ THỊ PHÂN TỬ SSR

Phạm Thị Ngọc^{1*}, Nguyễn Quốc Trung², Vũ Văn Liết¹

¹*Khoa Nông học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

²*Khoa Công nghệ sinh học, Học viện Nông nghiệp Việt Nam*

Email*: ptngoc132@gmail.com

Ngày gửi bài: 12.05.2016

Ngày chấp nhận: 20.12.2016

TÓM TẮT

Những kiến thức và hiểu biết về đa dạng di truyền nguồn gen đậu cô ve (*Phaseolus vulgaris* L.) có ý nghĩa quan trọng trong sử dụng và bảo tồn nguồn gen. Mục đích nghiên cứu này là phân tích đa dạng di truyền của 60 mẫu giống đậu cô ve thu thập trong nước và nhập nội dựa trên chỉ thị hình thái (đặc điểm thực vật học, nông sinh học) và chỉ thị phân tử SSR. Kết quả phân tích đa dạng di truyền dựa trên 16 chỉ thị hình thái đã phân chia các mẫu giống đậu cô ve thành 7 nhóm với hệ số tương đồng là 0,17. Sử dụng 20 chỉ thị SSR, kết quả phân tích PCR trên các mẫu giống của nghiên cứu, chỉ có 15 chỉ thị xuất hiện bằng DNA đa hình và 5 chỉ thị không xuất hiện bằng DNA là: BM188, Bmd - 1, GATS91, C33 và C106. Kết quả thu được tổng số 69 allele đa hình, trong đó chỉ thị BM152 có hệ số đa dạng cao nhất là 0,73. Dựa trên kết quả phân tích ma trận đồng hình, các mẫu giống đậu cô ve có hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,57 đến 1, chứng tỏ các mẫu giống đậu cô ve thu thập có sự đa dạng cao về mặt di truyền (Hình 3). Nếu mức tương đồng di truyền 0,69 có thể chia 60 mẫu giống thành 4 nhóm di truyền. Kết quả của nghiên cứu thể hiện khả năng ứng dụng cao của chỉ thị SSR trong phân tích đa dạng di truyền đối với nguồn gen đậu cô ve. Phân tích đa dạng 60 mẫu giống làm cơ sở lựa chọn mẫu giống cho chương trình chọn giống đậu cô ve cho các mục đích khác nhau.

Từ khóa: Đậu cô ve (*Phaseolus vulgaris* L.), đa dạng di truyền, chỉ thị SSR, chỉ thị hình thái.

Genetic Diversity in Common Bean Accessions Evaluated by Means of Morpho-Agronomical and SSR Data

ABSTRACT

The knowledge and understanding of genetic variability of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm is important for utilization and conservation. The objective of this study was to analyze genetic diversity of 60 accessions collected in Vietnam and from other countries. Morphological markers showed that 60 accessions were very diverse and they were divided into 7 groups with genetic similarity index of 0.17. Fifteen SSR markers among 20 used showed polymorphism with total of 69 alleles and an average of 4.6 alleles per locus. BM152 marker had highest PIC value (0.73). Four major clusters were grouped for 60 accessions with genetic similarity at 0.69. The dendrogram showing the genetic relationships was constructed by the unweighted pairedgroup method with arithmetic average (UPGMA) using the software NTSYS-pc 2.01. The results indicated that SSR analysis could be used for the estimation of genetic diversity among common bean accessions. That are useful for breeding purposes.

Keywords: Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), genetic diversity, SSR marker, morphological marker.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Trong nhóm cây lấy hạt, đậu đỗ là nguồn bổ sung protein và các khoáng chất quan trọng

nhất. Diện tích gieo trồng của cây đậu đỗ chiếm khoảng 1/10 diện tích gieo trồng cây lấy hạt nói chung. Đậu cô ve (*Phaseolus vulgaris* L.) là cây trồng đứng hàng đầu trong họ đậu đỗ về sử

dụng hạt làm lương thực, thực phẩm cho con người. Nó có vai trò quan trọng trong phát triển nông nghiệp bền vững và là cây trồng có khả năng cố định đạm (Schmutz *et al.*, 2014). Đậu cô ve là cây trồng quan trọng ở nhiều quốc gia, là cây lương thực của gần 300 triệu người, đặc biệt ở các nước đang phát triển, bởi vì nó được coi như là thịt của người nghèo. Trong 5 loài đậu đã được thuần hóa (*P. vulgaris*, *P. dumosus* Macfad., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray and *P. lunatus* L.), đậu cô ve *P. vulgaris* chiếm hơn 90% diện tích trồng trên thế giới và cũng là cây họ đậu được tiêu thụ rộng rãi nhất (Singh *et al.*, 2001). Ở Việt Nam, cây đậu cô ve cũng được trồng khá rộng rãi tại hầu khắp các vùng, là loại cây rau có thể trồng luân canh với lúa, đem lại giá trị kinh tế cao cho người trồng.

Công tác thu thập, bảo tồn, đánh giá mức độ đa dạng di truyền nguồn gen cây trồng là bước nghiên cứu quan trọng quyết định tới thành công trong chọn tạo giống. Những hiểu biết đầy đủ về sự đa dạng di truyền và cấu trúc quần thể của nguồn gen đậu cô ve thực sự cần thiết trong công tác bảo tồn và quản lý. Sự nghèo nàn trong mô tả đánh giá nguồn gen là cản trở chính trong công tác chọn tạo giống. Phương pháp truyền thống sử dụng trong đánh giá đa dạng nguồn gen đậu cô ve dựa trên những đặc điểm hình thái, nông sinh học đã được nhiều nghiên cứu trên thế giới công bố (Freitas *et al.*, 2011, Raggi *et al.*, 2012, Boros *et al.*, 2014).

Những tiến bộ của di truyền phân tử đã hỗ trợ đắc lực cho công tác đánh giá đa dạng di truyền nguồn gen đậu cô ve và đã được tiến hành ở rất nhiều nước dựa trên các dạng chỉ thị phân tử RAPD, SSR,... Blair *et al.* (2012) đã đánh giá nguồn gen 104 mẫu giống đậu cô ve hoang dại thu thập tại Nam Mỹ bằng 36 chỉ thị SSR, kết quả đã xác định được nguồn gốc phát sinh và quá trình thuần hóa loài này trong lịch sử trồng trọt. Asfaw *et al.* (2013) đã phân tích cấu trúc quần thể đậu cô ve tại các nước Đông Phi bằng chỉ thị DNA và phát hiện được tiềm năng của nguồn gen này đối với các điều kiện bất thuận của môi trường.

Tuy nhiên, ở Việt Nam những nghiên cứu về loại cây trồng này còn rất hạn chế, đặc biệt là chưa có một chương trình nghiên cứu chọn tạo giống nào đối với loại cây trồng này. Chính vì vậy, mục tiêu của nghiên cứu này là thu thập và đánh giá mức độ đa dạng của các mẫu giống đậu cô ve để qua đó nâng cao công việc bảo tồn và khai thác hiệu quả nguồn gen phục vụ cho công tác chọn tạo giống.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Vật liệu

Vật liệu gồm 60 mẫu nguồn gen trong nước và nhập nội trong đó 41 mẫu nguồn gen nhập nội từ Mỹ, 4 mẫu từ Trung Quốc và 15 mẫu nguồn gen của Việt Nam (Bảng 1).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Đánh giá đa dạng di truyền dựa trên các đặc điểm hình thái

Thí nghiệm đồng ruộng đánh giá đặc điểm hình thái, nông sinh học bố trí khối hoàn toàn ngẫu nhiên 2 lần lặp lại tại Học viện Nông nghiệp Việt Nam trong năm 2013, 2014. Diện tích ô thí nghiệm 5 m², khoảng cách cây cách cây 25 cm, hàng cách hàng 50 cm, theo dõi 10 cây/ô, các giống leo được bắc giàn cao 2 m. Lượng phân bón: 500 kg vôi bột, 2.000 kg phân vi sinh, 46 kg N, 80 kg P₂O₅, 50 kg K₂O trên 1 ha. Theo dõi 16 tính trạng nông sinh học: dạng hình sinh trưởng, màu sắc thân, màu sắc hoa, màu sắc quả, thời gian từ gieo đến ra hoa, số nhánh/cây, đường kính thân, số quả/cây, số ổ hạt/quả, chiều dài quả, rộng quả, dày quả, dài hạt, rộng hạt, dày hạt, khối lượng 100 hạt (Phụ lục). Những tính trạng hình thái được lựa chọn dựa trên các nghiên cứu của Gómez, 2004; Okii *et al.*, 2014; Kumar *et al.*, 2014. Số liệu được phân tích thống kê bằng chương trình Excel. Hệ số tương đồng di truyền Jaccard và phương pháp UPGMA trong NTSYSpc 2.1 được sử dụng để phân tích, đánh giá sự đa dạng di truyền và phân nhóm (cây di truyền) các mẫu giống đậu cô ve nghiên cứu dựa trên 16 tính trạng trên.

2.2.2. Đánh giá đa dạng di truyền dựa trên chỉ thị SSR

Tách chiết DNA: Tách chiết DNA: mẫu lá được lấy 30 ngày sau khi cấy và được làm đông khô bằng chân không trước khi tiến hành tách chiết theo phương pháp CTAB của Doyle, 1987.

Phản ứng PCR tiến hành với bước biến tính 95°C - 5 phút, 30 chu kỳ gồm 94°C trong 30 giây, 55 - 60°C trong 1 phút (Bảng 2), 72°C trong 2 phút và bước kéo dài cuối 72°C - 7 phút. Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 4% trộn trực tiếp với Ethidium bromide ở nồng độ 100 ng/μl ở hiệu điện thế 250V, cường độ dòng điện 400mA trong thời gian 50 - 70 phút. Kết quả điện di được quan sát dưới đèn UV và chụp ảnh.

Chọn lọc chỉ thị SSR đánh giá đa dạng di truyền: trong nghiên cứu này, chúng tôi chọn lọc các loại chỉ thị DNA thuộc loại SSR, phân bố trên 10/11 nhóm liên kết của loài đậu cô ve

Phaseolus vulgaris L., chỉ thị phải có nhiệt độ gắn mỗi tương tự nhau ở 55 - 60°C và có hệ số đa dạng PIC cao trong các công bố tương tự trên thế giới (Bảng 2).

Xây dựng cây đa dạng di truyền: các băng DNA trên bản điện di sản phẩm PCR có kích thước nhất định được coi là 1 allen. Tổng số allen của mỗi chỉ thị được tính là tổng số các băng DNA kích thước khác nhau mà phản ứng PCR khuếch đại được. Đối với mỗi allen, các mẫu được cho điểm 0 (không có băng DNA) hoặc 1 (có băng DNA). Mức độ tương đồng di truyền giữa các mẫu nguồn gen ước lượng theo công thức của Nei và Li (1979). Trên cơ sở ma trận đồng hình di truyền, phân tích UPGMA được sử dụng để đánh giá mức độ đa dạng di truyền giữa các mẫu. Sơ đồ cây đa dạng được xây dựng dựa trên phần mềm NTSYS - pc 2.1 (Rohlf, 2000).

Bảng 1. Danh sách 60 mẫu giống đậu cô ve nghiên cứu

| TT | Ký hiệu | TT | Ký hiệu | TT | Ký hiệu |
|-----------------|---------|----|-------------------------|-------------------------------|---------|
| Nguồn gốc từ Mỹ | | | Nguồn gốc từ Trung Quốc | | |
| 1 | CV 43 | 22 | CV 72 | 42 | CV 33 |
| 2 | CV 44 | 23 | CV 73 | 43 | CV 41 |
| 3 | CV 45 | 24 | CV 74 | 44 | CV 42 |
| 4 | CV 47 | 25 | CV 75 | 45 | CV105 |
| 5 | CV 48 | 26 | CV 76 | Nguồn gốc Việt Nam | |
| 6 | CV 51 | 27 | CV 77 | 46 | CV 22 |
| 7 | CV 52 | 28 | CV 79 | 47 | CV 104 |
| 8 | CV 53 | 29 | CV 80 | 48 | DLO22 |
| 9 | CV 54 | 30 | CV 81 | 49 | CV38 |
| 10 | CV 56 | 31 | CV 83 | 50 | CH559 |
| 11 | CV 57 | 32 | CV 84 | 51 | PTL168 |
| 12 | CV 58 | 33 | CV 85 | Trung tâm Tài nguyên thực vật | |
| 13 | CV 59 | 34 | CV 86 | 52 | CV 02 |
| 14 | CV 60 | 35 | CV 89 | 53 | CV 04 |
| 15 | CV 61 | 36 | CV 90 | 54 | CV 05 |
| 16 | CV 64 | 37 | CV 91 | 55 | CV 06 |
| 17 | CV 65 | 38 | CV 93 | 56 | CV 07 |
| 18 | CV 67 | 39 | CV 96 | 57 | CV 09 |
| 19 | CV 68 | 40 | CV 98 | 58 | CV 10 |
| 20 | CV 69 | 41 | CV 99 | 59 | CV 11 |
| 21 | CV 71 | | | 60 | CV 13 |

Bảng 2. Danh sách các chỉ thị SSR sử dụng để đánh giá đa dạng di truyền

| TT | Chỉ thị SSR | Nhóm liên kết (NST) | Trình tự (5' - 3') | Nguồn, năm | Nhiệt độ gắn mồi |
|----|-------------------|---------------------|--|--|------------------|
| 1 | <i>BM141</i> | 3 | F: TGAGGAGGAACAATGGTGCC R: CTCACAAACCACAACGCACC | Blair <i>et al.</i> , 2003; 2006 | 55°C |
| 2 | <i>BM143</i> | 4 | F: GGGAAATGAACAGAGGAAA R: ATGTTGGGAACCTTTAGTGTG | | 55°C |
| 3 | <i>BM152</i> | 2 | F: AAGAGGAGGTCGAAACCTTAAATCG R: CCGGGACTTGCCAGAAGAAC | | 55°C |
| 4 | <i>BM156</i> | 2 | F: CTTGTTCCACCTCCCATCATAGC R: TGCTTGCATCTCAGCCAGAATC | | 55°C |
| 5 | <i>BM160</i> | 7 | F: CGTGCTTGGCGAATAGCTTTG R: CGCGGTTCTGATCGTACTTC | | 55°C |
| 6 | <i>BMd18</i> | 2 | F: AAAGTTGGACGCACTGTGATT R: TCGTGAGGTAGGAGTTTGGTG | | 55°C |
| 7 | <i>GATS91</i> | 2 | F: GAGTGCGGAAGCGAGTAGAG R: TGTCACCTCTCTCCTCCAAT | | 55°C |
| 8 | <i>BM175</i> | 2 | F: CAACAGTTAAAGGTCGTCAAATT R: CCACTCTTAGCATCAACTGGA | | 55°C |
| 9 | <i>BM183</i> | 7 | F: CTCAAATCTATTCACTGGTCAGC R: TCTTACAGCCTTGCAGACATC | Gaitan - Solis <i>et al.</i> , 2002 | 55°C |
| 10 | <i>BM187</i> | 6 | F: TTTCTCCAACCTACTCCTTTCC R: TGTGTTTGTGTTCCGAATTATGA | | 55°C |
| 11 | <i>BM188</i> | 9 | F: TCGCCTTGAAACTTCTTGTATC R: CCCTTCCAGTTAAATCAGTCG | | 55°C |
| 12 | <i>BM200</i> | 5 | F: TGGTGGTTGTTATGGGAGAAG R: ATTTGTCTCTGTCTATTCTTCCAC | | 55°C |
| 13 | <i>BM210</i> | 8 | F: ACCACTGCAATCCTCATCTTTG R: CCCTCATCCTCCATTCTTATCG | | 55°C |
| 14 | <i>BMd - 1</i> | 3 | F: CAAATCGCAACACCTCACAA R: GTCGGAGCCATCATCTGTTT | Yu <i>et al.</i> , 1999; 2000 | 55°C |
| 15 | <i>PV CTT001</i> | 4 | F: GAGGGTGTTCCTACTATTGTCCTGC R: TTCATGGATGGTGGAGGAACAG | | 55°C |
| 16 | <i>PV - AT001</i> | 11 | F: GGGAGGGTAGGGAAGCAGTG R: GCGAACCACGTTTCATGAATGA | | 55°C |
| 17 | <i>C33</i> | 1 | F: CTCTTTCTGCTTCCTTTCTACGC R: TTCTTCACAGTCAAGGGAGTAGAAG | Wang <i>et al.</i> , 2012 | 59°C |
| 18 | <i>C106</i> | 1 | F: TTGCAGGTAGCAGGTTGT R: CAGACAGATAGATAGACGG | | 57°C |
| 19 | <i>C130</i> | 1 | F: CCATTTCAAAGCAAACCCCTT R: TGACCCGCGATTATTTACCAC | | 60°C |
| 20 | <i>C132</i> | 1 | F: CAGTGGTTATTCTGGGGATT R: GGTTGTTTATGGCAGTAGCA | | 58°C |

Phân tích lượng thông tin đa hình PIC (Polymorphic Information content) theo công thức $PIC(i) = 1 - \sum P_{ij}^2$ (Botstein, 1980). Trong đó, P_{ij} là tần suất allel thứ j với locus thứ i .

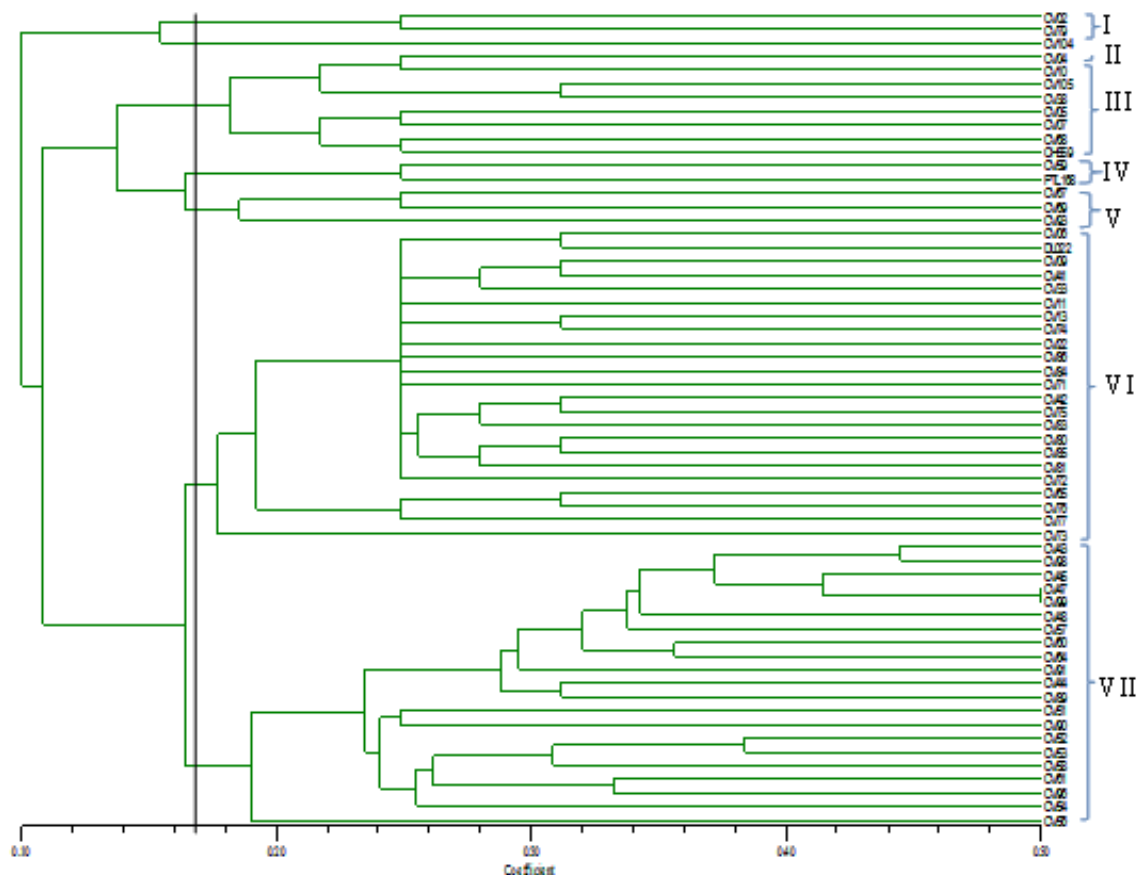
3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị hình thái

Dựa trên 16 tính trạng hình thái, nông sinh học (Phụ lục) để đánh giá mức độ đa dạng di truyền của 60 mẫu giống đậu cô ve, kết quả cho thấy hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,1 đến 0,5, điều này chứng tỏ các mẫu giống đậu cô ve có mức độ đa dạng cao về mặt di truyền (Hình 1).

Nếu xét ở mức độ tương đồng 0,17; 60 mẫu giống đậu cô ve nghiên cứu được chia làm 7 nhóm chính như sau: Nhóm 1 gồm 2 mẫu giống là CV02 và CV79; Nhóm 2 chỉ có duy nhất giống CV104; Nhóm 3 gồm 8 giống: CV04, CV10,

CV105, CV38, CV05, CV07, CV68 và CH559 với hệ số tương đồng dao động từ 0,18 đến 0,25; Nhóm 4 gồm 2 mẫu giống CV59 và PTL168; Nhóm 5 gồm 3 giống CV67, CV69 và CV93; Nhóm 6 là nhóm lớn nhất gồm 23 mẫu giống với hệ số tương đồng dao động từ 0,18 đến 0,31: CV06, DLO22, CV09, CV41, CV33, CV11, CV13, CV74, CV22, CV86, CV84, CV71, CV42, CV75, CV83, CV80, CV85, CV81, CV72, CV65, CV76, CV77 và CV73; Nhóm 7 gồm 21 mẫu giống CV43, CV98, CV45, CV47, CV99, CV48, CV57, CV60, CV64, CV91, CV44, CV89, CV51, CV90, CV52, CV53, CV58, CV61, CV96, CV54 và CV56. Đây là nhóm có biến động di truyền lớn nhất với hệ số tương đồng dao động từ 0,19 đến 0,45. Trong nhóm này 2 mẫu giống CV47 và CV99 có quan hệ chặt về mặt di truyền (hệ số tương đồng đạt 0,5), đây là 2 mẫu giống đậu cô ve thân bụi nhập nội từ Mỹ, có đặc điểm hình thái (màu sắc hoa, màu sắc thân, màu sắc quả) giống nhau.



Hình 1. Sơ đồ quan hệ di truyền 60 mẫu giống nghiên cứu dựa trên chỉ thị hình thái

3.2. Kết quả phân tích đa dạng di truyền bằng chỉ thị SSR

Sử dụng 20 chỉ thị SSR sử dụng dựa trên các công bố tương tự trên đậu cô ve, kết quả phân tích PCR trên các mẫu giống của nghiên cứu, chỉ có 15 chỉ thị xuất hiện băng DNA đa hình và 5 chỉ thị không xuất hiện băng DNA đa hình là: BM188, Bmd - 1, GATS91, C33 và C106. Tổng số 69 allen đa hình và 0 allen đơn hình được nhân lên khi điện di kết quả PCR 15 chỉ thị, như vậy trung bình 3,5 allen được nhân lên đối với mỗi chỉ thị. Bốn chỉ thị BM188, Bmd - 1, GATS91, C33 và C106 không nhân lên được allen nào và chỉ thị BM152 có hệ số đa dạng cao nhất là 0,73 (Bảng 3).

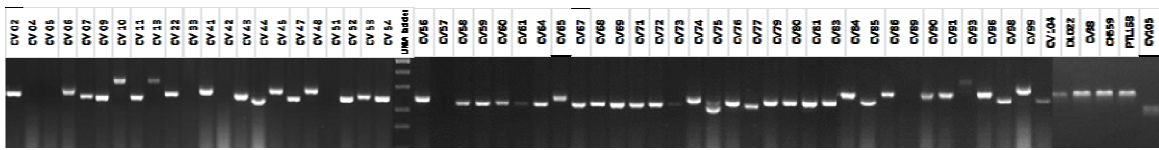
Kết quả thu được trên sơ đồ cây phân nhóm cho thấy hệ số tương đồng di truyền giữa các mẫu giống đậu cô ve dao động từ 0,57 đến 1,

điều này một lần nữa chứng tỏ các mẫu giống đậu cô ve thu thập có sự đa dạng cao về mặt di truyền (Hình 3). Với độ tương đồng di truyền ở mức 0,69 có thể chia các mẫu giống thành 4 nhóm: Nhóm 1 chỉ duy nhất có mẫu giống CV02, đây là mẫu giống đậu cô ve địa phương được Trung tâm Tài nguyên di truyền thực vật thu thập và bảo tồn, điều này cho thấy nguồn gen đậu cô ve địa phương của nước ta có sự khác biệt về mặt di truyền với các nguồn gen nhập nội; Nhóm 2 gồm 30 mẫu giống CV06, CV57, CV67, CV72, CV84, CV07, CV41, CV11, CV74, CV13, CV33, CV10, CV42, CV86, CV09, CV75, CV89, CV68, CV81, CV48, CV91, CV104, CV105, CH559, PTL168, CV38, DLO22, CV69, CV73 và CV85. Đây là nhóm có số lượng mẫu giống nhiều nhất và cũng có biến động di truyền lớn nhất với hệ số tương đồng dao động từ 0,7 đến 1.

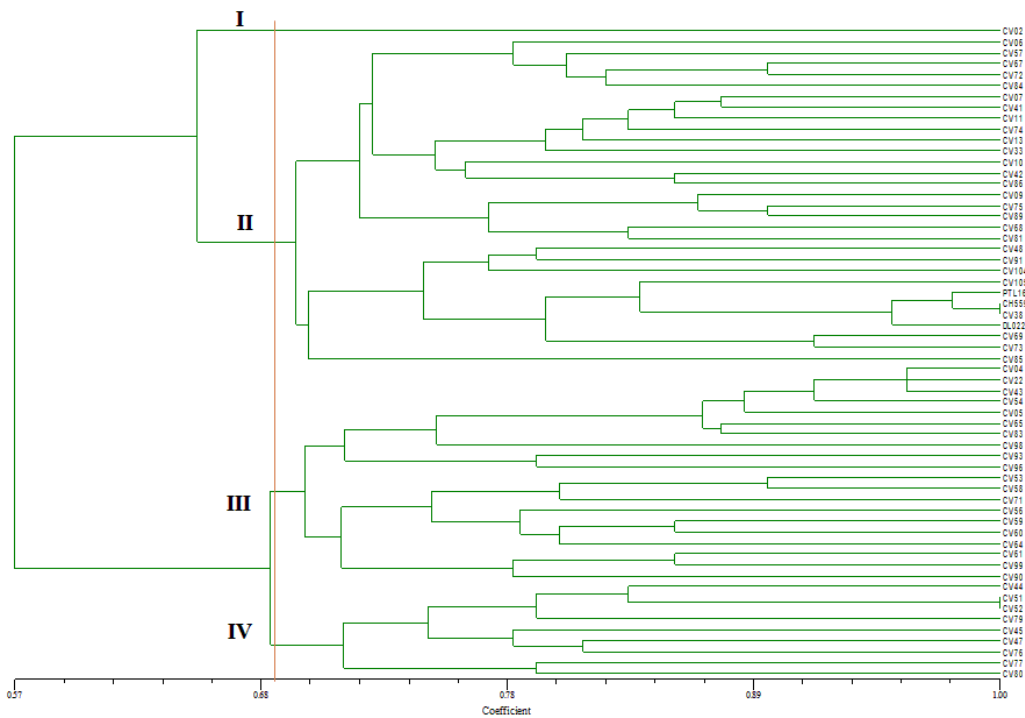
Bảng 3. Hệ số đa dạng di truyền (PIC) của các chỉ thị SSR

| TT | Chỉ thị SSR | Hệ số đa dạng | | | PIC* |
|----|-------------|---------------|------------------|-----------------------------|------|
| | | Số allen | Số allen đa hình | Tổng số allen được nhân lên | |
| 1 | BM141 | 4 | 4 | 54 | 0,70 |
| 2 | BM143 | 4 | 4 | 58 | 0,66 |
| 3 | BM152 | 5 | 5 | 57 | 0,73 |
| 4 | BM156 | 4 | 4 | 55 | 0,71 |
| 5 | BM160 | 3 | 3 | 56 | 0,58 |
| 6 | BM175 | 4 | 4 | 54 | 0,70 |
| 7 | BM183 | 3 | 3 | 55 | 0,57 |
| 8 | BM187 | 4 | 4 | 52 | 0,74 |
| 9 | BM188 | 0 | 0 | 0 | - |
| 10 | BM200 | 4 | 4 | 56 | 0,56 |
| 11 | BM210 | 2 | 2 | 55 | 0,50 |
| 12 | Bmd - 1 | 0 | 0 | 0 | - |
| 13 | Bmd18 | 2 | 2 | 55 | 0,50 |
| 14 | GATS91 | 0 | 0 | 0 | - |
| 15 | PV CTT001 | 3 | 3 | 52 | 0,63 |
| 16 | PV - AT001 | 3 | 3 | 49 | 0,55 |
| 17 | C33 | 0 | 0 | 0 | - |
| 18 | C106 | 0 | 0 | 0 | - |
| 19 | C130 | 2 | 2 | 52 | 0,50 |
| 20 | C132 | 2 | 2 | 52 | 0,37 |

Ghi chú: *: polymorphic information content



Hình 2. Kết quả chạy điện di sản phẩm PCR của 60 mẫu giống đậu cô ve nghiên cứu với chỉ thị *BM200*



Hình 3. Sơ đồ quan hệ di truyền 60 mẫu giống nghiên cứu xác định bằng chỉ thị SSR

Trong nhóm này 3 mẫu giống CH559, CV38 và PTL168 có quan hệ chặt về mặt di truyền; Nhóm 3 gồm 20 mẫu giống CV90, CV99, CV61, CV64, CV60, CV59, CV56, CV71, CV58, CV53, CV96, CV93, CV98, CV83, CV65, CV05, CV54, CV43, CV22, CV04 với hệ số tương đồng dao động từ 0,7 đến 0,9; Nhóm 4 gồm 9 mẫu giống CV44, CV51, CV52, CV79, CV45, CV47, CV76, CV77 và CV80, trong đó CV51 và CV52 có quan hệ di truyền chặt với nhau (hệ số tương đồng bằng 1).

3.3. Thảo luận

Đánh giá đa dạng di truyền đậu cô ve dựa trên chỉ thị hình thái đã được nhiều nghiên cứu sử dụng. Okii *et al.* (2014) đã đánh giá đa dạng nguồn gen đậu cô ve nhiệt đới với 284 mẫu nguồn

gen (268 giống bản địa và 15 nguồn gen nhập nội) dựa trên phân tích 22 chỉ thị hình thái, kết quả đã phân các mẫu giống thành 3 nhóm di truyền chính. Freitas *et al.* (2011) cũng đã phân tích đa dạng 50 quần thể đậu cô ve dựa trên 58 tính trạng hình thái, kết quả cho thấy 50 quần thể này được phân thành 15 nhóm di truyền. Như vậy phân tích đa dạng di truyền của 60 mẫu nguồn gen đậu cô ve dựa trên chỉ thị hình thái cũng cho thấy có thể sử dụng trong nghiên cứu đa dạng di truyền đậu cô ve. Nghiên cứu đa dạng 60 mẫu giống đậu cô ve cũng tương đồng với các nghiên cứu đã công bố gần đây trên thế giới và là công bố đầu tiên về đánh giá đa dạng nguồn gen đậu cô ve ở nước ta.

Kỹ thuật SSR - PCR có độ tin cậy và khả năng lặp lại cao, các vị trí của chỉ thị SSR trong

genome được biết rõ nên đã được rất nhiều tác giả sử dụng để phân tích đa dạng di truyền nguồn gen đậu cô ve (Benchimol *et al.*, 2006, Khaidizar *et al.*, 2012...) nhằm phục vụ các công tác bảo tồn và phát triển nguồn gen cây trồng. Thông qua các đặc điểm hình thái, nông sinh học và chỉ thị phân tử SSR, nghiên cứu đã đánh giá được sự đa dạng di truyền của các mẫu giống đậu cô ve thu thập.

So sánh giữa kết quả đánh giá đa dạng di truyền dựa trên các tính trạng hình thái và nông sinh học với kết quả dựa trên chỉ thị phân tử SSR đã cho thấy có một số tương đồng, ví dụ như mẫu giống CV02 thuộc 1 nhóm hay 3 mẫu giống CH559, PTL168 và CV38 thuộc cùng 1 nhóm, có quan hệ chặt ở cả 2 sơ đồ cây di truyền. Tuy nhiên, hệ số tương đồng di truyền thu được dựa trên kết quả phân tích các đặc điểm hình thái, nông sinh học thấp hơn so với phương pháp đánh giá bằng chỉ thị SSR. Điều này hoàn toàn hợp lý và tương đồng với các nghiên cứu trên thế giới. Có sự chênh lệch này là do sự biểu hiện của các tính trạng hình thái, nông sinh học, đặc biệt là các tính trạng số lượng phụ thuộc rất nhiều vào điều kiện môi trường và biến động rất lớn.

Như vậy, 15 chỉ thị SSR đa hình trong nghiên cứu có độ tin cậy cao và khả năng ứng dụng cao trong các nghiên cứu đa dạng di truyền tương tự ở đậu cô ve. Kết quả đánh giá đa dạng di truyền bằng hình thái và chỉ thị DNA của đề tài là thông tin đáng tin cậy phục vụ cho phân loại, bảo tồn và lai tạo đậu cô ve.

4. KẾT LUẬN

Phân tích đa dạng di truyền của 60 mẫu nguồn gen trong nước và nhập nội dựa trên 16 đặc điểm hình thái và 15 chỉ thị phân tử đã khẳng định mức độ đa dạng di truyền của 60 mẫu giống đậu cô ve. Dựa trên chỉ thị hình thái có thể 60 mẫu nguồn gen được phân thành 7 nhóm di truyền khác biệt. Phân tích đa dạng bằng sử dụng chỉ thị phân tử SSR nhận biết 15 chỉ thị cho mức đa hình cao và 60 mẫu nguồn gen phân thành 4 nhóm di truyền khác biệt. Kết

quả nghiên cứu có thể sử dụng làm cơ sở cho chương trình chọn tạo giống đậu cô ve mới theo các mục đích khác nhau.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin cảm ơn sự hỗ trợ về thiết bị của phòng thí nghiệm Chọn giống phân tử, Dự án JICA - DCG nay là Trung tâm Nghiên cứu cây trồng Việt Nam - Nhật Bản (CIPR), Học viện Nông nghiệp Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- Asfaw A., M.W. Blair, S.E. Beebe, I.M. Rao, M.J. Devi, and J. Polania (2013). Common beans, biodiversity, and multiple stresses: challenges of drought resistance in tropical soils, *Crop and Pasture Science*, 65(7): 667 - 675.
- Benchimol L.L., T. Campos, S.A.M. Carbonell, C.A. Colombo, A.F. Chioratto, E.F. Formighieri, A.P. Souza (2007). Structure of genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties of Mesoamerican and Andean origins using new developed microsatellite markers. *Genet Resour Crop Evol.*, 54: 1747 - 1762.
- Blair M.W., F. Pedraza, H.F. Buendia, E. Gaitan - Solis (2003). Development of a genome - wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 107: 1362 - 1374.
- Blair, M.W., M.C. Giraldo, H.F. Buendia, E. Tovar, M.C. Duque, S.E. Beebe (2006). Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 113: 100 - 109.
- Boros L., A. Wawer, K. Borucka (2014). Morphological, Phenological and agronomical characterization of variability among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) local populations from the national centre for plant genetic resources Polish Genebank, *Journal of Horticultural Research*, 22(2): 123 - 130.
- Ceylan A., Öcal N, Akbulut M (2014). Genetic diversity among the Turkish common bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L.) as assessed by SRAP, POGP and cpSSR markers, *Biochemical Systematics and Ecology*, 54: 219 - 229.
- Doyle, J.J. and Doyle J.L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull.*, 19: 11 - 15.
- Freitas G., José F. T. Ganança, H. Nóbrega, E. Nunes, G. Costa, J.J. Slaski, M.A.A. Pinheiro de Carvalho (2011). Morphological evaluation of

- common bean diversity on the Island of Madeira, Genetic Resources and Crop Evolution, 58(6): 861 - 874.
- Gaitan - Solis E., M.C. Duque, K.J. Edwards, J. Tohme (2002). Microsatellite repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris*): Isolation, characterization, and cross - species amplification in *Phaseolus* ssp. Crop Sci., 42: 2128 - 2136.
- Gómez O.J, M.W Blair, B.E Frankow - Lindberg, U Gullberg (2004). Molecular and Phenotypic Diversity of Common Bean Landraces from Nicaragua. Crop sci. Society of America, 44: 1412 - 1418.
- Khaidiza M.I., K. Haliloglu, E. Elkoca, M. Aydin, F. Kantar (2012). Genetic Diversity of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces Grown in Northeast Anatolia of Turkey Assessed with Simple Sequence Repeat Markers. Turkish Journal of Field Crop, 17(2): 145 - 150.
- Kumar A., P.K Singh, N. Rai, G.P Bhaskar, D. Datta (2014). Genetic diversity of French bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes on the basis of morphological traits and molecular markers. Indian Journal of Biotechnology, 13: 207 - 213.
- Nei M. and W.H. Li (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sct. USA, 76(10): 5269 - 5273.
- Okii D, P. Tukamuhabwa, T. Odong, A. Namayanja, J. Mukabaranga, P. Paparu, P. Gepts (2014). Morphological diversity of tropical common bean germplasm. African Crop Science Journal, 22(1): 59 - 67.
- Raggi L, Barbara. Tiranti, Valeria. Negri (2012). Italian common bean landraces: diversity and population structure, Genetic Resources and Crop Evolution, 60(4): 1515 - 1530.
- Rohlf F.J (2000). NTSYSpc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1.
- Schmutz J., P. E Mc Clean, S. Mamidi, G. A. Wu1, S. B. Cannon, J. Grimwood, J. Jenkins, S. Shu, Q. Song, C. Chavarro, M. Torres - Torres, V. Geffroy, S. M. Moghaddam, D. Gao, B. Abernathy, K. Barry, M. Blair, M. A. Brick, M. Chovatia, P. Gepts, D. M. Goodstein, M. Gonzales, U. Hellsten, D. L. Hyten, G. Jia, J. D. Kelly, D. Kudrna, R. Lee, M. M. S. Richard, P. N. Miklas, J. M. Osorno, J. Rodrigues, V. Thareau, C. A. Urrea, M. Wang, Y. Yu, M. Zhang, R. A. Wing, P. B. Cregan, D. S. Rokhsar and S. A. Jackson (2014). A reference genome for common bean and genome - wide analysis of dual domestications, Nature Genetics, 46(7).
- Wang A., Y. Ding, Z. Hu, C. Lin, S. Wang, B. Wang, H. Zhang and G. Zhou (2012). Isolation and Characterization of 13 New Polymorphic Microsatellite Markers in the *Phaseolus vulgaris* L. (Common Bean) Genome. Int. J. Mol. Sci., 13, 11188 - 11193.
- Yu K., S.J. Park, V. Poysa (1999). Abundance and variation of microsatellite DNA sequences in beans (*Phaseolus* and *Vigna*). Genome, 42: 27 - 34.
- Yu K., S.J. Park, V. Poysa and P. Gepts (2000). Intergration of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers Into a Molecular Linkage Map of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). American Genetic Association, 91: 429 - 434.
- Zhang X., M.W. Blair, S. Wang (2008). Genetic diversity of Chinese common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces assessed with simple sequence repeat markers. Theoretical and Applied Genetics, 117(4): 629 - 40.

PHỤ LỤC

Một số tính trạng hình thái, nông sinh học của các mẫu giống đậu cô ve nghiên cứu

| STT | Ký hiệu giống | Dạng sinh trưởng | Màu thân | Màu hoa | Màu quả | Ngày ra hoa | Số nhánh | Đường kính thân (mm) | Dài hạt (mm) | Rộng hạt (mm) | Dày hạt (mm) | M100 (g) | Số ổ hạt/quả | Dài quả | Rộng quả | Dày quả | Số quả/cây |
|-----|---------------|------------------|----------|----------|-------------|-------------|----------|----------------------|--------------|---------------|--------------|----------|--------------|---------|----------|---------|------------|
| 1 | CV02 | thân leo | xanh | tím nhạt | xanh vệt đỏ | 41,5 | 9,45 | 9,65 | 11,98 | 6,59 | 4,88 | 28,27 | 5 | 91,5 | 11,55 | 8,63 | 7,74 |
| 2 | CV04 | thân leo | xanh | tím | xanh tím | 43,5 | 8,2 | 5 | 10,7 | 6,42 | 4,62 | 23,07 | 6,1 | 92,8 | 8,47 | 6,25 | 9,82 |
| 3 | CV05 | thân leo | tím | tím | xanh | 42,5 | 9 | 4,83 | 13,11 | 6,35 | 4,82 | 25,36 | 7 | 118,84 | 6,44 | 6,3 | 14,5 |
| 4 | CV06 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 46 | 7,2 | 4,08 | 13,79 | 7,8 | 6,43 | 32,84 | 7,1 | 124,12 | 10,34 | 7,52 | 12,67 |
| 5 | CV07 | thân leo | xanh tím | tím | xanh | 36,5 | 9 | 5,18 | 12,83 | 6,69 | 4,87 | 22,84 | 7,9 | 109,17 | 6,21 | 6,28 | 19,03 |
| 6 | CV09 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 49 | 9,55 | 5 | 11,81 | 6,55 | 4,88 | 24,21 | 6,9 | 125,92 | 10,51 | 8,47 | 19,5 |
| 7 | CV10 | thân leo | xanh | tím | xanh | 43 | 10,55 | 5 | 9,94 | 6,46 | 4,9 | 21,62 | 7,1 | 103,95 | 8,48 | 6,85 | 16,39 |
| 8 | CV11 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 50 | 7,75 | 4,48 | 11,91 | 6,74 | 4,85 | 22,78 | 7,3 | 64,94 | 8,68 | 7,2 | 13,63 |
| 9 | CV13 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 52 | 7,3 | 6,03 | 13,86 | 7,37 | 5,65 | 32,23 | 8,6 | 113,44 | 13,74 | 11,16 | 10,93 |
| 10 | CV22 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 39,5 | 8,35 | 9,78 | 12,96 | 6,75 | 4,94 | 25,01 | 7,5 | 142,91 | 9,36 | 6,14 | 19,8 |
| 11 | CV33 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 55 | 6,9 | 2,63 | 12,14 | 6,99 | 4,46 | 26,55 | 7,4 | 111,49 | 12 | 10,27 | 13,23 |
| 12 | CV41 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 34 | 9,95 | 5,08 | 13,64 | 9,3 | 5,28 | 32,77 | 6,9 | 127,64 | 11,42 | 10,27 | 19,95 |
| 13 | CV42 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 32,5 | 9,15 | 2,65 | 13,5 | 7,6 | 5,23 | 29,23 | 7,2 | 145,33 | 7,13 | 7,21 | 21,33 |
| 14 | CV43 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 30 | 7,1 | 5,25 | 11,14 | 7,35 | 5,82 | 31,36 | - | 88,1 | - | - | 3,4 |
| 15 | CV44 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 33 | 5,4 | 4,57 | 15,73 | 8,02 | 5,12 | 40,74 | 3,8 | 112,4 | 12,65 | 11,08 | 8,6 |
| 16 | CV45 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 31 | 10,2 | 6 | 15,6 | 7,61 | 5,8 | 35,61 | - | 119 | - | - | 5,6 |
| 17 | CV47 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 31 | 6,7 | 6,1 | 17,04 | 10,39 | 8,79 | 43,12 | 4,6 | 78,9 | - | - | 6,8 |
| 18 | CV48 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 31 | 7,7 | 3,8 | 12,74 | 7,86 | 5,5 | 22,82 | 3 | 80,8 | 11,02 | 8,36 | 10,8 |

| STT | Ký hiệu giống | Dạng sinh trưởng | Màu thân | Màu hoa | Màu quả | Ngày ra hoa | Số nhánh | Đường kính thân (mm) | Dài hạt (mm) | Rộng hạt (mm) | Dày hạt (mm) | M100 (g) | Số ổ hạt/quả | Dài quả | Rộng quả | Dày quả | Số quả/cây |
|-----|---------------|------------------|----------|----------|----------|-------------|----------|----------------------|--------------|---------------|--------------|----------|--------------|---------|----------|---------|------------|
| 19 | CV51 | thân bụi | xanh | tím | xanh | 33 | 7 | 5,5 | 12,93 | 7,06 | 5,19 | 52,75 | 4,2 | 99,6 | 12,28 | 6,8 | 5,6 |
| 20 | CV52 | thân bụi | xanh | tím | xanh | 31 | 7,7 | 6,4 | 13,1 | 6,92 | 5,09 | 50,86 | 2,8 | 94,42 | 13,15 | 8,46 | 6,2 |
| 21 | CV53 | thân bụi | xanh | tím | xanh | 31 | 6,9 | 5,3 | 12,67 | 6,94 | 5,88 | 25,32 | - | 128,7 | - | - | 6,6 |
| 22 | CV54 | thân bụi | xanh | tím | xanh | 32 | 9 | 5,1 | 15,36 | 7,7 | 5,49 | 69,2 | 5,4 | 120,6 | 8,96 | 6,02 | 5,2 |
| 23 | CV56 | thân bụi | xanh | tím đậm | vàng tía | 31 | 6,7 | 5,8 | 13,14 | 7,44 | 4,64 | 49,85 | 5,8 | 135,5 | 16,16 | 8,52 | 11,2 |
| 24 | CV57 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 31 | 10,1 | 4,5 | 13,54 | 7,36 | 4,62 | 24,62 | 5,8 | 141,3 | 8,94 | 5,94 | 11,8 |
| 25 | CV58 | thân bụi | xanh tím | tím | xanh | 31 | 7,4 | 4,25 | 13,45 | 6,95 | 5,57 | 28,28 | - | 114,7 | 10 | 7,88 | - |
| 26 | CV59 | thân bụi | tím | tím | xanh | 37 | 7,5 | 5,15 | 12,06 | 7,34 | 5,32 | 37,31 | 5,4 | 115,2 | 7,76 | 7,41 | 9,2 |
| 27 | CV60 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 32 | 6,4 | 5,35 | 11,55 | 5,57 | 5,25 | 21,08 | - | 111,2 | 8,28 | 7,98 | 6,8 |
| 28 | CV61 | thân bụi | xanh | tím nhạt | xanh | 31 | 5,7 | 5,3 | 13,09 | 6,75 | 5,22 | 21,04 | - | 117,3 | 12 | 11,5 | 3,5 |
| 29 | CV64 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 32 | 4,9 | 4,9 | 12,25 | 6,01 | 4,26 | 26,54 | 6,8 | 138,4 | 8,74 | 7,02 | - |
| 30 | CV65 | thân leo | xanh | tím nhạt | xanh | 34,5 | 8,92 | 3,5 | 12,44 | 7,42 | 5,85 | 43,66 | 6,8 | 62,92 | 7,08 | 5,43 | 7,95 |
| 31 | CV67 | thân leo | tím | tím | tím | 42,5 | 8,75 | 4,95 | 15,25 | 8,44 | 5,08 | 36 | 7,5 | 157,14 | 14,86 | 10,57 | 12,09 |
| 32 | CV68 | thân leo | xanh tím | tím | xanh | 43,5 | 8,95 | 9,58 | 11,94 | 6,77 | 5,75 | 29,83 | 6,1 | 122,85 | 6,86 | 6,22 | 16,88 |
| 33 | CV69 | thân leo | tím | tím | tím | 40,5 | 10,3 | 6,09 | 12,31 | 6,93 | 4,87 | 30,59 | 4,4 | 120,81 | 10,2 | 8,86 | 15,79 |
| 34 | CV71 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 40,5 | 9,75 | 8,92 | 17,04 | 8,38 | 5,69 | 48,78 | 3,8 | 96,89 | 10,52 | 8,16 | 14,23 |
| 35 | CV72 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 43 | 6,2 | 4,95 | 15,77 | 7,07 | 5,92 | 36,05 | 6,2 | 84,6 | 7,88 | 6,41 | 12,98 |
| 36 | CV73 | thân leo | xanh | trắng | xanh tía | 42 | 9,2 | 4,4 | 13,67 | 7,3 | 5,83 | 32,67 | 4,4 | 96,06 | 10,28 | 8,48 | 12 |
| 37 | CV74 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 51,5 | 8,4 | 6,03 | 14,26 | 7,9 | 6,04 | 29,46 | 5,6 | 79 | 11,55 | 8,27 | 14,08 |
| 38 | CV75 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 35 | 8 | 6,96 | 8,92 | 7,69 | 6,8 | 28,56 | 7,2 | 76,8 | 9,25 | 4,31 | 5,3 |
| 39 | CV76 | thân leo | xanh | tím nhạt | xanh | 34,5 | 8,08 | 4 | 15,03 | 9,91 | 7,82 | 53,84 | 3,2 | 88,3 | 12,4 | 5,12 | 19,96 |
| 40 | CV77 | thân leo | xanh | tím nhạt | xanh | 35 | 11,5 | 3,49 | 17,07 | 10,2 | 7,13 | 80,44 | 4,8 | 116,48 | 17,86 | 12,94 | 4,2 |

Phân tích đa dạng di truyền của các mẫu giống đậu cô ve bằng chỉ thị hình thái và chỉ thị phân tử SSR

| STT | Ký hiệu giống | Dạng sinh trưởng | Màu thân | Màu hoa | Màu quả | Ngày ra hoa | Số nhánh | Đường kính thân (mm) | Dài hạt (mm) | Rộng hạt (mm) | Dày hạt (mm) | M100 (g) | Số ổ hạt/quả | Dài quả | Rộng quả | Dày quả | Số quả/cây |
|-----|---------------|------------------|----------|----------|---------|-------------|----------|----------------------|--------------|---------------|--------------|----------|--------------|---------|----------|---------|------------|
| 41 | CV79 | thân leo | xanh | tím nhạt | xanh đỏ | 38,5 | 9,3 | 5,8 | 16,19 | 7,98 | 6,3 | 70,96 | 6,6 | 95,73 | 10,61 | 6,9 | 6 |
| 42 | CV80 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 34,5 | 10,08 | 3,63 | 12,59 | 8,9 | 7,6 | 10,16 | 4,8 | 68,26 | 12,25 | 5,73 | 7,22 |
| 43 | CV81 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 36 | 9,8 | 5,1 | 13,68 | 8,92 | 6,52 | 35,04 | 5,4 | 90,87 | 9,98 | 7,13 | 17,81 |
| 44 | CV83 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 50,5 | 9,7 | 5,75 | 14,76 | 7,6 | 6,53 | 40,01 | 7,8 | 120,21 | 17,96 | 11,26 | 11,91 |
| 45 | CV84 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 49,5 | 11,4 | 8,53 | 15,35 | 8,74 | 6,6 | 43,54 | 6,6 | 142,65 | 12,35 | 8,85 | 17,15 |
| 46 | CV85 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 34,5 | 5,9 | 5,1 | 12,54 | 6,91 | 4,86 | 21,43 | 7,8 | 111,82 | 5,36 | 6,93 | 12,74 |
| 47 | CV86 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 35,5 | 8,3 | 5,65 | 11,77 | 6,52 | 4,98 | 21,89 | 6,5 | 100,53 | 8,45 | 5,77 | 12,62 |
| 48 | CV89 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 33 | 8 | 5,45 | 12,9 | 8,17 | 6,42 | 34,06 | 5,4 | 117,1 | 11,52 | 8,67 | 11,71 |
| 49 | CV90 | thân bụi | xanh | tím | xanh | 41 | 5,9 | 3,95 | 14,02 | 7,13 | 5,7 | 31,04 | 5,2 | 119,8 | 8,98 | 6,68 | 5,9 |
| 50 | CV91 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | 37 | 5,6 | 3,65 | 10,2 | 5,79 | 5,2 | 20,85 | 5,8 | 113,6 | 8,18 | 6,5 | 13 |
| 51 | CV93 | thân bụi | tím | tím | tím | 35 | 7,5 | 3,8 | 12,65 | 6,73 | 5,4 | 31,21 | 6,4 | 133,6 | 9,01 | 8,78 | 6,05 |
| 52 | CV96 | thân bụi | xanh | tím nhạt | | - | - | - | 13,65 | 7 | 5,9 | 26,73 | 5,4 | 145 | 11,61 | 9,31 | 11 |
| 53 | CV98 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | - | - | - | 18,05 | 7,06 | 6,25 | - | 5,4 | 142,2 | 8,66 | 7,71 | 4 |
| 54 | CV99 | thân bụi | xanh | trắng | xanh | - | - | - | 13,7 | 6,83 | 5,9 | - | 4,6 | 123,2 | 10,29 | 10,02 | 2 |
| 55 | CV104 | thân leo | tím | tím nhạt | xanh | 36,5 | 9,45 | 5,34 | 10,04 | 6,37 | 4,66 | 25,46 | 7,02 | 134,76 | 8,07 | 8,65 | 20,99 |
| 56 | CV105 | thân leo | xanh | tím | xanh | 35 | 8 | 5,75 | 12,78 | 6,04 | 4,76 | 24,23 | 7,08 | 131,3 | 9,36 | 9,2 | 20,3 |
| 57 | PTL168 | thân leo | tím | tím | xanh | 37 | 8,15 | 5,59 | 11,78 | 6,4 | 4,38 | 16,22 | 7,17 | 105,8 | 9,19 | 8,27 | 17,71 |
| 58 | CH559 | thân leo | xanh tím | tím | xanh | 39 | 7,5 | 5,57 | 12,26 | 6,16 | 4,6 | 24,23 | 7,12 | 102 | 9,5 | 8,21 | 19,42 |
| 59 | CV38 | thân leo | xanh tím | tím | xanh | 35 | 7,9 | 4,88 | 12,82 | 5,94 | 4,12 | 21,77 | 6,15 | 101,6 | 9,03 | 8,99 | 16,64 |
| 60 | DL022 | thân leo | xanh | trắng | xanh | 38 | 7,2 | 5,54 | 13,26 | 6,42 | 4,42 | 24,37 | 6,98 | 141,7 | 8,69 | 7,92 | 18,86 |