

ĐA DẠNG DI TRUYỀN GIỐNG LẠC TIÊN (*Passiflora foetida* L.) Ở ĐỒNG BẰNG SÔNG CỬU LONG DỰA VÀO HÌNH THÁI, NÔNG HỌC VÀ DẤU SNP

Lê Thuý Nhi¹, Thiều Văn Đường^{1*} và Đỗ Văn Mãi²
¹Trường Đại học Tây Đô, ²Trường Đại học Nam Cần Thơ
(*Email: tvduong@tdu.edu.vn)

Ngày nhận: 01/11/2022

Ngày phản biện: 20/3/2023

Ngày duyệt đăng: 20/4/2023

TÓM TẮT

Nghiên cứu nhằm đánh giá các đặc tính nông học của chín mẫu giống Lạc tiên dựa trên kết quả khảo sát hình thái, kết hợp phương pháp sinh học phân tử nhằm xác định được mối quan hệ di truyền qua việc xây dựng cây phả hệ (Phylogenetic tree) dựa vào trình tự vùng gen “*rbcL*”. Kết quả đánh giá về sự đa dạng di truyền của chín giống Lạc tiên qua vàng qua các đặc điểm nông học cho thấy có sự khác biệt nhau, ngoại trừ chiều rộng lá và đường kính hoa. Dựa vào giản đồ phả hệ có thể xếp chín giống Lạc tiên vào 3 nhóm: Nhóm I gồm các mẫu giống An Giang (LA1), Cà Mau (LA2) và Cần Thơ (LA3) gần nhau về mặt di truyền và có chỉ số giống nhau; Nhóm II bao gồm 2 mẫu giống Vĩnh Long (LA8) và Đồng Tháp (LA6); Nhóm III bao gồm 4 mẫu giống ở Kiên Giang (LA7), Hậu Giang (LA4), Sóc Trăng (LA5) và Tiền Giang (LA9). Với kỹ thuật sinh học phân tử, kết quả xác định được chín giống Lạc tiên trong nghiên cứu đều thuộc loài *Passiflora foetida* có hệ số tương đồng cao, trên 98% và độ bao phủ 100%, mặc dù vị trí địa lý các mẫu thu được khác nhau. Vì vậy, cần khảo sát thêm một số trình tự gen chuyên biệt khác liên quan đến đặc điểm hình thái cũng như hàm lượng các chất có trong lá và quả nhằm có kết luận chính xác hơn về loài này.

Từ khóa: Cây phả hệ, dấu SNP, hình thái, nông học

Trích dẫn: Thiều Văn Đường, Lê Thuý Nhi và Đỗ Văn Mãi, 2023. Đa dạng di truyền giống Lạc tiên (*Passiflora foetida* L.) ở Đồng bằng sông Cửu Long dựa vào hình thái, nông học và dấu SNP. Tạp chí Nghiên cứu khoa học và Phát triển kinh tế Trường Đại học Tây Đô. 17: 201-210.

*TS. Thiều Văn Đường – Giảng viên Khoa Dược & Điều dưỡng, Trường Đại học Tây Đô

1. GIỚI THIỆU

Lạc tiên (*Passiflora foetida* L.), còn gọi là nhãn lồng, thuộc họ Lạc tiên *Passifloraceae* (họ chùm bao), bộ *Violales*, chi *Passiflora* hiện có hơn 400 loài, trong đó có khoảng 60 loài cho trái ăn được. Lạc tiên là loại dây leo, thân nhỏ, hình trụ có rãnh dọc, nhiều lông thưa, lá mọc xen, mang lá kèm ở mỗi đốt. Lạc tiên có hai loài quả vàng và quả tím. Loài cây này được nhiều nơi trên thế giới biết đến và sử dụng làm thuốc chữa bệnh ở một số nước Nam Mỹ, Trung Quốc và miền nam châu Âu. Tại Việt Nam, trong dân gian đã biết sử dụng cây Lạc tiên như là loại thảo dược với quả có chứa hàm lượng nhỏ alkaloid, bao gồm các dẫn chất harmol, harmin, harman, harmalin và harmalol. Với sự tiên bộ khoa học kỹ thuật đã ứng dụng ADN mã vạch dựa vào việc sử dụng một hay nhiều đoạn ADN có kích thước khoảng từ 400 - 800 bp như là một tiêu chuẩn để nhận dạng các loài một cách nhanh chóng và chính xác. Các đoạn ADN mã vạch có thể là những đoạn nằm trong hệ gen nhân (18S, 5.8S, 26S, ITS...); (Chen, 2010; Baharum, 2012; Schoch, 2012), hệ gen ty thể (*Cytb*, *CO1*...). (Doyle, 1990; Chiou et al., 2007; Hollingsworth, 2009), hệ gen lục lạp (*matK*, *rbcL*, *trnH-psbA*, *rpo*, *trnL-trnF*, *ycf*...) (Yu và ctv., 2011; Hollingsworth, 2009). Tùy vào đối tượng nghiên cứu mà các đoạn ADN mã vạch sẽ được sử dụng sao cho hợp lý (Chase et al., 2007; Hollingsworth et al., 2009). Có

nhều công trình nghiên cứu trước đây chủ yếu tập trung vào dược tính, còn việc nghiên cứu liên quan di truyền thực vật hầu như chưa được chú trọng, chính vì vậy nghiên cứu đặc điểm di truyền của giống/loài Lạc tiên thu thập ở đồng bằng sông Cửu Long được thực hiện nhằm xác định mối quan hệ di truyền giữa các mẫu giống/loài Lạc tiên này dựa vào đặc điểm nông học và trình tự vùng gen "*rbcL*".

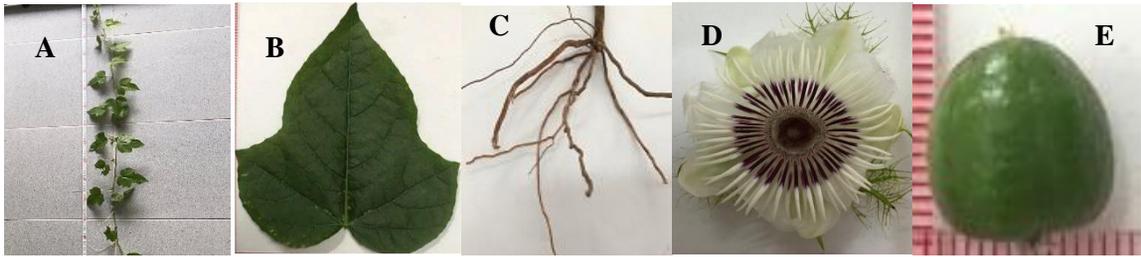
2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu

Chín mẫu hạt giống/loài Lạc tiên trồng tại các tỉnh như An Giang, Cà Mau, Cần Thơ, Đồng Tháp, Hậu Giang, Kiên Giang, Sóc Trăng, Tiền Giang, và Vĩnh Long đã được thu và gieo trồng khảo sát tại trại thực nghiệm Cần Thơ với thời gian 18-20 tháng. Các mẫu giống được bố trí theo thể thức hoàn toàn ngẫu nhiên với ba lần lặp lại. Nghiệm thức là mẫu giống/loài Lạc tiên được sưu tập tại chín tỉnh đồng bằng sông Cửu Long. Khoảng cách trồng là 3x2m, vậy tổng số cây là 1.330 cây/ha.

2.2. Phương pháp hình thái và nông học

Phương pháp quan sát và mô tả hình thái bên ngoài và vi phẫu Lạc tiên được thực hiện dựa theo phương pháp nghiên cứu thực vật của Nguyễn Nghĩa Thìn (2006) có cải tiến. Các bộ phận mô tả bao gồm: thân, lá, rễ, hoa, quả, và hạt. Phương pháp đo đếm được tiến hành như sau:



Hình 1. Hình thái cây Lạc tiên

Ghi chú: (A) Thân cây Lạc tiên, (B) Lá cây Lạc tiên, (C) Bộ rễ cây Lạc tiên, (D) Đường kính hoa, (E) Quả Lạc tiên

Chiều cao thân (cm): Tiến hành đo hết phần thân trên mặt đất, đo từ mặt đất đến cuối chồi ngọn, phương pháp được trình bày ở Hình 1.

Lá: Tiến hành đo hai chỉ số là chiều dài lá từ cuống lá đến chót lá và chiều rộng phần phiến lá lớn nhất (Hình 2).

Chiều dài rễ đo từ phần dưới mặt đất (miền trưởng thành) đến chóp rễ (Hình 3).

Đo chiều dài hoa (Hình 4) thể hiện đường kính hoa, và mô tả màu sắc cũng như hình dạng tràng hoa.

Kích thước quả được đo đường kính của quả như ở Hình 5, đồng thời có mô tả màu sắc và hình dạng quả.

Tất cả chỉ tiêu nông học đều được đo đếm và tính trung bình trên 5 cây mẫu.

2.3. Phương pháp phân tử

Các mẫu lá non và tươi được thu và trữ lạnh ở -20°C. Việc tách chiết ADN được thực hiện tại Phòng thí nghiệm Sinh học Phân tử, Viện Công nghệ Sinh học và Thực phẩm, Trường Đại học Cần Thơ. ADN toàn phần của các mẫu giống/loài Lạc tiên được ly trích từ các mẫu lá tươi theo quy trình tách chiết bằng phương pháp CTAB có cải tiến (Doyle & Doyle, 1990). Sau khi tinh sạch việc kiểm tra chất

lượng ADN bằng điện di trên gel agarose 1%; sau khi điện di, gel được nhuộm bằng thuốc nhuộm redsafe (Biobasic, UK) (Ganapathy et al., 2015). Khuếch đại PCR được thực hiện với cặp mồi và giải trình tự vùng gen *rbcL* (White et al., 1990), trình tự của cặp mồi như sau:

F: 5'-ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGC-3'

R: 5'-GTAAAATCAAGTCCACCRCG-3'

Phản ứng PCR bao gồm 35 chu kỳ gia nhiệt, giai đoạn biến tính với 5 phút ở 95 °C, 60 giây ở 95 °C, thời gian bắt cặp là 50 giây ở 54 °C, thời gian kéo dài là 90 giây ở 72 °C, kéo dài chuỗi trong 5 phút ở 72 °C, và sản phẩm được trữ ở 10 °C trong 20 phút. Điện di sản phẩm PCR rồi tinh chế bằng bộ kit Wizard SV gel và PCR Cleanup System (Promega), dựa theo phương pháp Sanger (Sanger et al., 1977). Kỹ thuật này dựa trên phương pháp Sanger (Sanger et al., 1977). Được gửi tới phòng Thí nghiệm Sinh học Phân tử. Trình tự vùng gen *rbcL* được giải bởi Công ty Sequencing Company Hàn Quốc. Số liệu phân tử liên quan đến trình tự vùng gen "*rbcL*" được phân tích xếp nhóm bằng phần mềm Mega X (Smith et al., 2000).

2.4. Phương pháp phân tích và xử lý số liệu

Để xác định mối quan hệ di truyền giữa chín mẫu giống/loài Lạc tiên đã tiến hành xây dựng giản đồ cây phả hệ bằng phần mềm Mega X với phương pháp Maximum likelihood, mô hình Kimura 2 thông số, chỉ số bootstrap là 1000 lần. Các trình tự vùng gen “rbcL” của chín mẫu giống/loài Lạc tiên sử dụng để xây dựng giản đồ phả hệ đều được canh hàng (alignment) bằng phần mềm BioEdit và loại bỏ một số trình tự bị nhiễu ở hai đầu của mỗi trình tự. Các số liệu thu được như chiều cao thân, chiều dài và chiều rộng lá được tính trung bình, giá trị độ lệch chuẩn, phân tích phương sai (ANOVA), và so sánh khác biệt có ý nghĩa giữa các mẫu giống bởi phép thử Duncan ở mức ý nghĩa 5% bằng phần mềm Microsoft Excel 2013.

Phương sai (Variance) là tham số đặc trưng tiêu biểu nhất cho tính chất phân tán của dãy số liệu. Tính trạng mong muốn là tính trạng có hệ số biến thiên thấp (Coefficient of variation-CV) và mang ý nghĩa trong chọn giống. Hệ số biến dị kiểu gen và kiểu hình tính theo công thức của Burton (1952) và được chia thành ba mức: thấp (<10%), trung bình (10 – 15%) và cao (>15%) trong đó:

$$GCV = \frac{\sqrt{V_g}}{\bar{X}} \times 100 \quad PCV = \frac{\sqrt{V_p}}{\bar{X}} \times 100$$

Trong đó:

- Vg: phương sai kiểu gen
- Vp: phương sai kiểu hình
- \bar{X} : trung bình chung

Hệ số di truyền theo nghĩa rộng (hb2) được tính dựa trên tỉ số của phương sai kiểu gen và phương sai kiểu hình theo giá trị phần trăm (Allard, 1960).

$$h_b^2 = \frac{V_g}{V_p} \times 100$$

Trong đó:

- Vg: phương sai kiểu gen
- Vp: phương sai kiểu hình.

Hệ số di truyền được đánh giá thấp (<30%), trung bình (30% - 70%) và cao (>70%). Hệ số di truyền (hb2) của một tính trạng cao cho thấy tính trạng do gen quy định ít chịu ảnh hưởng điều kiện môi trường.

Tiến độ di truyền được tính theo công thức của Johnson et al., (1955)

$$GA = i \cdot h_b \cdot \sigma_p$$

Trong đó:

- i: Vi phân chọn lọc (2.06) ở mức 5% cường độ chọn lọc
- hb2: Hệ số di truyền theo nghĩa rộng
- σ_p : Độ lệch chuẩn của kiểu hình

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

3.1. Đặc điểm nông học

Đánh giá các đặc điểm nông học của chín mẫu giống/loài Lạc tiên được trình bày ở Bảng 1. Kết quả cho thấy chiều cao thân biến thiên từ 44,3 cm (Mẫu thu ở Vĩnh Long) đến 244,2 cm (Mẫu thu ở Sóc Trăng), đây là biến có sự thay đổi nhiều nhất, kết quả phân tích thống kê cho thấy sự khác biệt ở mức ý nghĩa 1% qua phép thử Duncan. Về phương sai kiểu hình và kiểu gen tương đương nhau, điều này cho

thấy chiều cao thân là do gen đóng góp. Chính vì vậy việc cải thiện giống đạt hiệu quả với thông số tiến bộ di truyền đạt trên 100%, điều này cũng phù hợp với những nghiên cứu của (Bích và ctv., 2006). Kích thước lá giữa các mẫu giống Lạc tiên cho thấy chiều dài lá biến động nhiều hơn chiều rộng. Chiều dài lá dài nhất là 18,4 cm (Mẫu thu ở Hậu Giang) và chiều dài lá ngắn nhất là 8,6 cm (Mẫu thu ở An Giang). Kết quả phân tích hệ số biến thiên giữa kiểu hình và kiểu gen cũng tương đương, và hệ số di truyền theo nghĩa rộng cũng tương đối cao, các nghiên cứu trước đây cũng nhận định (Đường và ctv. 2016). Rễ là cơ quan quan trọng vì có chức năng cung cấp nước và dinh dưỡng cho cây. Chính vì vậy bộ rễ phát triển tốt sẽ giúp cây cao và phát triển mạnh. Chiều

dài rễ giữa các mẫu giống thay đổi từ 20,17 cm (Mẫu thu ở An Giang) đến 27,2 cm (Mẫu thu ở Sóc Trăng), qua kiểm định Duncan cho thấy sự khác biệt ở mức ý nghĩa 5%. Hoa là đặc trưng tiêu biểu cho giống/loài. Kết quả cho thấy màu hoa giống nhau giữa các mẫu giống, trong khi đó đường kính hoa hầu như không khác biệt, kết quả phù hợp với những nghiên cứu trước đây (Đẹp, 2007). Quả là bộ phận cũng tiêu biểu cho giống. Lạc tiên có hai loài là quả tía và quả vàng. Phạm vi nghiên cứu là giống Lạc tiên quả vàng. Đường kính quả thay đổi từ 1,5 cm (Mẫu thu ở An Giang) đến 2,5 cm (Mẫu thu ở Vĩnh Long), qua phân tích thống kê cho thấy có sự khác biệt ở mức ý nghĩa 5%, điều này cho thấy phù hợp với nghiên cứu Võ Văn Chi (2009) và Đỗ Tất Lợi (2006).

Bảng 1. Đặc tính nông học của 9 mẫu giống Lạc tiên

Mẫu Giống	Chiều cao thân (cm)	Chiều dài lá (cm)	Chiều rộng lá (cm)	Chiều dài rễ (cm)	Đường kính hoa (cm)	Đường kính quả (cm)
An Giang	92,27	8,61	8,40	20,17	2,65	1,50
Cà Mau	98,8	14,95	8,47	20,54	2,94	2,23
Cần Thơ	95,63	14,33	7,61	21,41	2,79	2,44
Đồng Tháp	232,1	12,52	10,36	26,67	2,36	1,93
Hậu Giang	111,7	18,40	8,51	20,36	2,64	2,06
Kiên Giang	110,8	15,17	8,73	21,28	2,94	2,04
Sóc trăng	244,2	9,58	7,57	27,22	2,49	2,27
Tiền Giang	101,4	14,25	8,14	22,18	2,93	2,23
Vĩnh Long	44,35	8,86	8,49	20,85	3,41	2,52
T.bình	125,70	12,96	8,47	22,30	2,79	2,13
Kiểm định	**	*	ns	*	ns	*
Var. G	8987,0	20,03	0,52	9,02	0,19	0,09
Var. P	9055,0	23,08	1,65	13,16	0,32	0,27
GCV	0,75	0,35	0,09	0,13	0,16	0,14
PCV	0,75	0,37	0,15	0,16	0,20	0,24
h² (%)	0,99	0,86	0,32	0,69	0,59	0,33
GA (%)	194,06	8,51	84,68	5,16	68,76	35,32

Ghi chú

Var. G (Variance of genotype): Phương sai kiểu gen

Var. P (Variance of phenotype): phương sai kiểu hình

GCV (Genotypic Coefficient of Variation): hệ số biến thiên kiểu gen

PCV (Phenotypic Coefficient of Variation): hệ số biến thiên kiểu hình

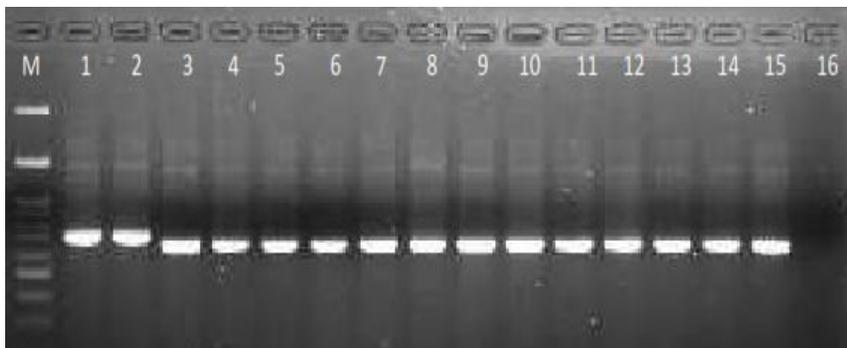
h² (Heritability in broad sense): hệ số di truyền theo nghĩa rộng;

GA (Genetic Advance): tiến bộ di truyền.

3.3. Trình tự vùng gen “*rbcL*”

Kết quả PCR khuếch đại vùng gen “*rbcL*” khoảng 670bp được trình bày ở

Hình 6. Sản phẩm PCR sau đó được giải trình tự.



Hình 2. Sản phẩm PCR của vùng gen *rbcL* của chín mẫu giống Lạc tiên

Ghi chú: M thang chuẩn 100 bp

Giếng 1, 2: mẫu Đối chứng

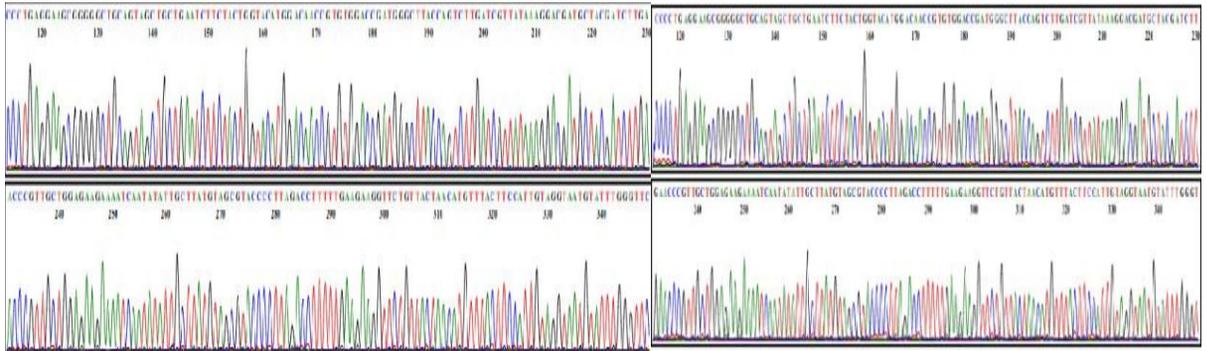
Giếng 3-12: mẫu La 1-10

Giếng 13-15: các mẫu La chạy lặp lại

Giếng 16: mẫu Đối chứng âm

Kết quả trình tự được so sánh với trình tự trên ngân hàng gen NCBI, cho thấy trình tự của chín giống đều trùng với trình tự loài *Passiflora foetida* Sims với hệ số tương đồng từ 98,77% đến 99,9% (Hình 7). Kết quả nghiên cứu có phần cao hơn

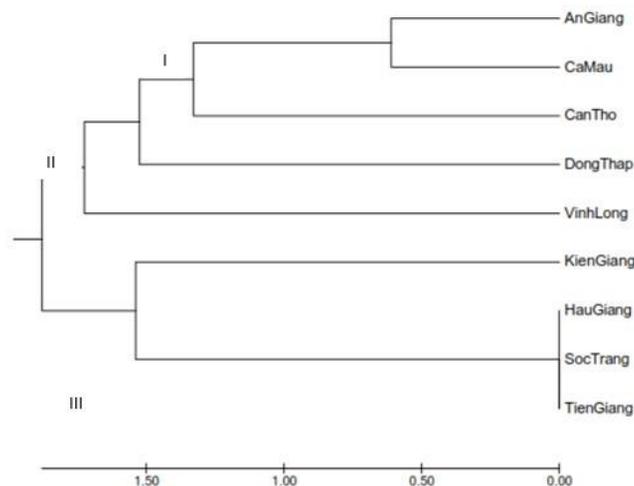
so với nghiên cứu của (Peter W. Inglis et al., 2021) cho rằng, với trình tự vùng ITS cho kết quả trình tự với tỉ lệ tương đồng cao nhất 64,68%. Điều này cho thấy sự tin cậy của trình tự “*rbcL*” rất cao.



Hình 3. Tính hiệu trình tự vùng gen *rbcL* của một số giống Lạc tiên

Dựa vào trình tự của chín giống này đã xác định được mối quan hệ di truyền giữa chúng qua việc xây dựng cây phả hệ (Phylogenetic tree) ở trình tự vùng gen “*rbcL*” kết quả được trình bày ở Hình 9. Qua đó cho thấy chín giống có thể được xếp làm 3 mẫu giống An Giang (LA1), Cà Mau (LA2) và Cần Thơ (LA3) gần nhau về mặt di truyền; có chỉ số giống nhau. Nhóm II bao gồm 2 mẫu giống Vĩnh Long (LA8) và Đồng Tháp (LA6). Nhóm III bao gồm 4 giống ở Kiên Giang

(LA7), Hậu Giang (LA4), Sóc Trăng (LA5) và Tiền Giang (LA9). Tuy về mặt sinh thái giữa các tỉnh có khác nhau trong đó các tỉnh thuộc vùng sinh thái nước ngọt như An Giang, Cần Thơ, Đồng Tháp, Vĩnh Long, Tiền Giang, và Hậu Giang; còn lại các tỉnh như Kiên Giang, Cà Mau, và Sóc Trăng, là các tỉnh thuộc vùng sinh thái nước mặn và lợ, nhưng các giống có thể giống nhau do chúng được di chuyển từ vùng này sang vùng khác một cách ngẫu nhiên.



Hình 3. Xếp nhóm của chín giống Lạc tiên dựa vào trình tự vùng gen “*rbcL*”

4. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ XUẤT

Kết quả khảo sát hình thái cũng như các đặc tính nông học của chín mẫu giống/loài Lạc tiên trồng tại Cần Thơ, cho thấy có sự khác biệt ở một số chỉ tiêu như chiều cao thân, chiều dài lá, chiều dài rễ và đường kính quả. Với việc giải trình tự vùng gen rbcL trên chín giống Lạc tiên bước đầu cho thấy các mẫu giống/loài Lạc tiên trùng với loài *Passiflora foetida* L. với hệ số tương đồng cao trên 98%.

Hệ số di truyền theo nghĩa rộng cao ở hai tính trạng chiều cao thân và chiều dài lá, do vậy có thể xem hai tính trạng này do gen kiểm soát, điều này sẽ giúp ích cho việc cải thiện giống đạt hiệu quả vì tính trạng này không chịu ảnh hưởng của môi trường. Ngoài ra, cần khảo sát thêm trình tự những gen chuyên biệt khác liên quan đến đặc điểm hình thái, sinh hóa như hàm lượng các chất có trong lá và quả nhằm có kết luận chính xác hơn về loài này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Baharum, SN. 2012. Application of 16s RNA DNA cytochrome b ribosomal markers in studies of lineage ADN fish population structure of aquatic species. *Molecular biology reports* 39 (5): 5225-5232.
2. Bộ Y Tế, 2006. Giáo trình Dược cổ truyền. Nhà xuất bản Y học.
3. Bộ Y Tế, 2018. Dược điển Việt Nam V. Nhà xuất bản Y học.
4. Burton, GW., and Devance, EH., 1952. Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material (478-481). *Agronomy Journal*.
5. Chase, M.W., R.S. Cowan, P.M. Hollingsworth, C.V.D. Berg, S. Madriñán, G. Petersen, O. Seberg, T. Jørgensen, K.M. Cameron, M. Carine, N. Pedersen, T.A.J. Hedderson, F. Conrad, G.A. Salazar, J.E. Richardson, M.L. Hollingsworth, T.G. Barraclough, L. Kelly, and M. Wilkinson, 2007. A proposal for a standardised protocol to barcode all ADN plants (pp. 295-299). *Taxonomy Journal*.
6. Chen, S., H. Yao, J. Han, C. Liu, J. Song, L. Shi, Y. Zhu, X. Ma, T. Gao, X. Pang, K. Luo, Y. Li, X. Li, X. Jia, Y. Lin, and C. Leon., 2010. Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PloS One* 5 (1): e8613.
7. Chiou, S.J., J.H. Yen, C.L. Fang, H.L. Chen, and T.Y. Lin., 2007. Authentication of medicinal herbs using PCR- amplified ITS2 with specific primers (pp. 1421 – 1426). *Planta medica* 73 (13).
8. Đỗ Tất Lợi, 2006. Những cây thuốc và vị thuốc Việt Nam (trang 708-709). Nhà xuất bản Y học.
9. Doyle. J.L., and Doyle J.J., 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue (pp. 13-15). *Focus* (12).
10. Ganapathy, M., A. Lakshmanan, and M. Selvarasvasuki., 2015. Refined method of pure genomic DNA isolation from *forskohlii* (Willd) Briq. An Endangered medicinal plant (pp. 208-216). *Life Science Archives*.vol 1.
11. Hoàng Đình Bích, Đỗ Quốc

Chung, và Nguyễn Thị Dong, 2006. Cây thuốc và động vật làm thuốc ở Việt Nam (trang 1009-1011). Nhà xuất bản Khoa học và kỹ thuật. Tập I.

12. Hollingsworth, M.L., and A. Clark. 2009. Selecting barcoding loci for plants: evaluation of seven cDNA date loci with species-level sampling in three divergent groups of land plant (pp. 439-457). *Molecular Ecology Resources* 9 (2).

13. Johnson, H.W., H.F. Robinson, and H. Comstock, 1955. Genotypic & phenotypic correlations in soybean and their implication in selection (pp. 477-483). *Agronomy Journal*.

14. Nguyễn Nghĩa Thìn, 2006. Các phương pháp nghiên cứu thực vật. Nhà xuất bản. Giáo dục.

15. Sanger, N. S., and A.R. Coulson., 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors (pp. 5463-5467). *Proceedings of the National Academy Sciences. USA*, 74 (12).

16. Schoch, C.L., and K.A. Seifert, 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for

Fungi (pp. 6241-6246). *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109 (16).

17. Thiều Văn Đường, Đỗ Văn Mai, Trần Công Luận, và Võ Thị Bình., 2016. *Giáo trình Dược liệu học*. Nhà xuất bản Đại học Cần Thơ.

18. Trần Nhân Dũng, 2014. *Sổ tay Thí nghiệm Công nghệ Sinh học*. Nhà xuất bản Đại học Cần Thơ.

19. Trương Thị Đẹp, 2007. *Thực vật dược* (trang 90-100). Nhà xuất bản Giáo dục, Hà Nội.

20. Võ Văn Chi, 2009. Bài thuốc hay từ cây thuốc quý (trang 216-217). Nhà xuất bản Y học.

21. White, T.J., T. Bruns, S. Lee, and J. Taylor., 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics (pp. 315-322). In *PCR protocols a guide to methods and applications*. Academic Press, San Diego.

22. Yu, J., J.H. Xue, and S.L. Zhou, 2011. New universal matK primers for DNA barcoding angiosperms (pp. 176-181). *Journal of Systematics DNA Evolution* 49 (3).

GENETIC DIVERSITY OF *PASSIFLORA FOETIDA* L. SPECIES IN THE MEKONG DELTA BASED ON MORPHOLOGY, AGRONOMY AND SNP MARKER

Le Thuy Nhi¹, Thieu Van Duong^{1*} and Do Van Mai²

¹Tay Do University

²Nam Can Tho University

(*Email: tvduong@tdu.edu.vn)

ABSTRACT

*This study aimed to evaluate the agronomic traits of nine passion flower varieties with samples based on morphological survey results: on stem height, root length, leaves, flowers and fruits. The genetic relationship among such individuals was elucidated by a phylogenetic tree based on the plastid gene rbcL. On the basis of agronomic characteristics, the data revealed that nine varieties of Lac Tien yellow fruit through agronomic characteristics show differences, except for leaf width and flower diameter. Based on the pedigree chart, nine varieties of passion fruit can be classified into 3 groups: group I includes samples of An Giang (LA1), Ca Mau (LA2) and Can Tho (LA3) that are genetically close to each other and are highly similar; group II includes 2 varieties of Vinh Long (LA8) and Dong Thap (LA6); Group III includes 4 varieties in Kien Giang (LA7), Hau Giang (LA4), Soc Trang (LA5) and Tien Giang (LA9). In terms of molecular biology analysis, nine varieties of Lac Tien in the study were identified, all belonging to the species *Passiflora foetida* with a high similarity coefficient, over 98% and 100% coverage despite of the variation of the geographical location. Therefore, it is necessary to investigate some other specific gene sequences related to morphological and biochemical characteristics such as the content of bioactive substances in leaves and fruits in order to have more accurate conclusions about this species.*

Keywords: Agronomy, morphology, phylogenetic tree, SNP marker