

KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA MỘT SỐ DÒNG ĐẬU XANH TRIỂN VỌNG

Hoàng Thị Lan Hương¹, Trần Quang Hải^{1*},
Lưu Minh Cúc², Nguyễn Quang Tín³

TÓM TẮT

Từ kết quả đánh giá tập đoàn 30 dòng đậu xanh trong năm 2020 và năm 2021 tại Trung tâm Tài nguyên thực vật, bước đầu đã chọn ra được 8 dòng đậu xanh triển vọng có năng suất ở vụ xuân từ 1,78 tấn/ha - 2,10 tấn/ha và vụ hè từ 1,60 tấn/ha - 1,81 tấn/ha. Khả năng chống đổ đạt điểm 1, đốm lá điểm 1 - 2, phấn trắng điểm 1. Tám dòng đậu xanh này tiếp tục được đánh giá đa dạng di truyền bằng chỉ thị SSR. Hệ số PIC nghiên cứu dao động từ 0,20 - 0,73, trung bình là 0,42. Kết quả phân tích dựa trên hệ số tương đồng di truyền Jaccard cho thấy giữa 8 dòng đậu xanh có mức độ đa dạng di truyền cao, hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,43 - 0,90, từ đó đề xuất được 14 cặp lai để tiếp tục nghiên cứu về sau.

Từ khóa: Đậu xanh, đa dạng di truyền, chỉ thị SSR, năng suất.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Đậu xanh có tên khoa học là *Vigna radiata* (L.) Wilczek, là cây thực phẩm ngắn ngày có giá trị kinh tế cao, với nhiều ưu điểm trong sản xuất như thời gian sinh trưởng ngắn, kỹ thuật canh tác đơn giản, vốn đầu tư ít, có khả năng cải tạo đất, trồng được nhiều vụ trong năm [8]. Việc đánh giá các đặc điểm nông sinh học nguồn gen đậu xanh là bước đầu tiên và quan trọng trong công tác tạo giống để chọn ra những giống có năng suất, chất lượng. Tuy nhiên, việc đánh giá các tính trạng và sự đa dạng di truyền dựa trên sự biểu hiện của kiểu hình thường chịu ảnh hưởng bởi môi trường và sự tương tác giữa kiểu gen với môi trường. Để phát hiện sự thay đổi trong trình tự ADN mà không bị chi phối bởi yếu tố môi trường thì công cụ chỉ thị phân tử là tốt nhất. Có nhiều loại chỉ thị ADN thường được dùng như: RAPD, SSR, ISSR, trong đó SSR - một chỉ thị đồng trội biểu thị tính đa hình cao được coi là chỉ thị hữu ích để phát hiện sự đa dạng di truyền ở cây trồng. Chỉ thị SSR được dùng trong nghiên cứu về đa dạng di truyền

và cấu trúc quần thể [4]. Nghiên cứu này được tiến hành để đánh giá các đặc điểm nông sinh học và đa dạng di truyền với mục đích tìm ra được giống đậu xanh làm cơ sở cho quá trình chọn cặp bố mẹ trong lai tạo giống mới, góp phần cho sản xuất nông nghiệp ở Hà Nội cũng như các tỉnh phía Bắc.

2. VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Vật liệu nghiên cứu

- 8 dòng đậu xanh triển vọng.

Bảng 1. Danh sách các dòng đậu xanh nghiên cứu

Kí hiệu	SĐK	Tên giống	Kí hiệu	SĐK	Tên giống
03	T22830/22712	08Đa02	12	T23095	14Đa119
08	T22834/22717	12ĐầuX02	19	T23102	15Đa42
09	T22835/22718	13Đa28	27	T23111	15Đa49
10	T22836/22719	13Đa29	ĐC	T23109	WT (Đ/C)

Ghi chú: SDK: Số đăng ký

- 20 cặp mỗi SSR được cung cấp bởi AVRDC.

Bảng 2. Danh sách 20 cặp mỗi SSR đa hình trong tập đoàn nghiên cứu

STT	Tên mỗi	Trình tự mỗi xuôi (5'-3')	Trình tự mỗi ngược (5'-3')	Tm	Motif	No. Repeat	Kích thước (bp)
1	MB127	GGTGTTCGCTGCTGGTTT	CATCGCTGAATCTACGACCA	55	caccga	2	327
2	MB105	CAGCTTCTTGTCTTGCTCCT	TTGACGAGGCAATAGCAGGT	55	ta	8	301
3	MB90	GTGGGAAACCGGAATATCT	ACAGGCAAGACCAGAGGAGA	60	tcaga	2	364

¹ Trung tâm Tài nguyên thực vật, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

² Viện Di truyền Nông nghiệp, Viện Khoa học Nông nghiệp Việt Nam

³ Vụ Khoa học Công nghệ và Môi trường, Bộ Nông nghiệp và PTNT

*Email: tranquanghai10011982@gmail.com

4	MB125	GGGACTGTAATGCGGTCAC	GTCCTCACTTGGCCATCATC	60	Gatga	2	355
5	MB118	TGATGGTGATTGTGCTGGAGA	ATGCTGGAAGATCCAAAGTC	60	ctatttc	2	322
6	MB128	GTTGAGGCTCAGCAACACCT	CGACACACATGACACCTTGA	59	ac	5	347
7	MB58	CATGAACGGGTTGAAGACCT	CCAAATGGATAGAGTGTTCGTC	58,5	tattac	2	333
8	MB59	GGCCTAGACAACCAGGCATA	TATAGTGGCCCCCTCTGGATG	60	gggaca	2	352
9	MB51	ATTTCGAAGGAGCAACCTC	CCTTCCCAACACCCTTTCTT	60	taaaac	2	304
10	MB116	GTTTCTCGCATCGGATCTTC	AGGGCTTGTGTGTCCGTAAC	60	atggc	2	306
11	MB59	TCGATCGAAGAACTCGAAC	AATACCCGGAATGCCTCTTT	58	aagaa	2	344
12	MB136	CAACTGAGGCAGAGTTGCAG	GTCCTCACTTGGCCATCATC	60	gatga	2	324
13	MB72	CTGGGGTTTCTTTGAGTTGG	GGTACCCCTTCTCCAGTCCA	59	tcagt	2	338
14	MB147	TAGCCCCCTCTCTCTCTCT	TTCTCTTCTCTCTCCATCA	59,5	caacta	2	390
15	MB62	ACCGCAACCTCACTCAACTC	TCTTCTGACGTCGTCCAC	60	cccgca	2	327
16	MB149	GGAATGGCACCTATCAATGG	CCCAAACACAATGTCTGTCAG	60	gtggg	2	314
17	MB99	CCCTGGAGATGGCAGAGTAA	TTGATCTACGCTGAGCTTCC	58	agaca	2	315
18	MB74	TTCAAGGCTGGGTCTCAGAT	CAGTGACAATGGCTTGAACG	60	ggtga	2	313
19	MB122	TGAACAAGGTACCCAGGAG	CGGTGGCTACATTAGAGTACTGA	58,5	caaatt	2	355
20	MB132	TCTCTCTCCAGCTGTTACGA	GCGTCCTTATGGCTCAACTC	60	gtgccg	2	304

- Hoá chất: Taq - polymerase, buffer PCR, Tris, Agaros.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Phương pháp tách ADN

Các mẫu lá đậu xanh sau khi thu thập được tiến hành tách chiết theo phương pháp CTAB của Doyle và cs (1987) [2] với các bước cụ thể như sau: nghiền mẫu lá trong nitor lỏng bằng cối chày sứ. Bột đã nghiền cho vào ống eppendorf 1,5 ml. Thêm 0,7 ml đệm CTAB đã làm ấm ở 65°C. Để các ống trong bể ổn nhiệt ở 65°C trong 90 phút, đảo ống nhẹ nhàng 15 phút một lần để việc tách có hiệu quả. Thêm 0,7 ml hỗn hợp Phenol/Chloroform/Isoamyl alcohol (25: 24: 1), đảo nhẹ nhàng trong 15 phút. Ly tâm 12.000 vòng/phút trong 10 phút ở 4°C. Hút 500 µl lớp trên cùng sang ống eppendorf 1,5 ml mới. Thêm 1 ml cồn tuyệt đối lạnh và 15 µl muối NaCl 5 M. Để mẫu ở tủ - 20°C trong ít nhất 2 giờ. Ly tâm thu tủa ở tốc độ 12.000 vòng/phút trong 15 phút (4°C). Rửa tủa bằng cồn 70% lạnh, ly tâm lại 12.000 vòng/phút trong 10 phút. Thổi khô tủa trong 20 phút ở Laminar. Sau đó hoà tan tủa trong 50 µl nước deion có chứa Rnase (100 µg/µl). Ủ mẫu trong tủ ấm 37°C trong 30 phút. Giữ mẫu trong tủ - 20°C.

2.2.2. Thực hiện phản ứng PCR với các mồi SSR

Các cặp mồi sử dụng cho phản ứng PCR gồm 20 mồi ở bảng 2. Phản ứng PCR thực hiện trên máy luân nhiệt Eppendorf MasterCycler Thermal Cyclor với các cặp mồi SSR được tiến hành với thể tích 25 µl, thành phần phản ứng gồm: Master mix 2X 12,5 µl, mồi 1 µl, DNA tổng số (25 ng/µl) 2 µl và nước deion

9,5 µl. Chu trình nhiệt cho phản ứng SSR gồm: 94°C - 5 phút (94°C - 45s; 55 - 60°C (Bảng 2) - 1 phút; 72°C - 1 phút) * 35 chu kỳ; 72°C - 7 phút. Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di trên gel polyacrylamide 8%.

2.2.3. Phương pháp xử lý số liệu

Các băng ADN được ghi nhận dựa trên sự có mặt hay vắng mặt của chúng ở các mẫu nghiên cứu theo ADN chuẩn (ADN marker). Nếu một băng ADN (có kích thước cụ thể) xuất hiện ở mẫu i nhưng không xuất hiện ở mẫu j hoặc đồng thời xuất hiện ở cả i và j nhưng không xuất hiện ở các mẫu khác thì băng ADN này gọi là băng đa hình. Ngược lại, nếu băng ADN này xuất hiện ở tất cả các mẫu nghiên cứu thì gọi là băng đơn hình. Các băng được mã hóa bằng số tự nhiên 0 và 1. Nếu mẫu nào có băng thì ký hiệu là 1, không có thì ký hiệu là 0. Các số liệu này được đưa vào xử lý theo chương trình NTSYSpc để tính ma trận tương đồng giữa các đôi mẫu [9].

- Việc tính toán ma trận tương đồng dựa trên công thức: $J_{ij} = a / (n - d)$.

Trong đó, a: Số băng ADN có ở hai dòng i và j; d: Số băng ADN không có băng cả hai dòng i và j; n: Tổng số băng thu được; J_{ij} : Hệ số tương đồng Jaccard giữa hai dòng i và j.

Các mẫu nghiên cứu được xử lý tiếp trong NTSYS – SIMQUAL để tính hệ số tương đồng di truyền và được biểu hiện trên biểu đồ quan hệ di truyền giữa các đối tượng nghiên cứu.

- Hệ số đa dạng gen (PIC) hay còn gọi là hàm lượng thông tin tính đa hình của từng locus

(Polymorphic Information Content) được tính theo công thức của Saal và Wricke (1999) [10]:

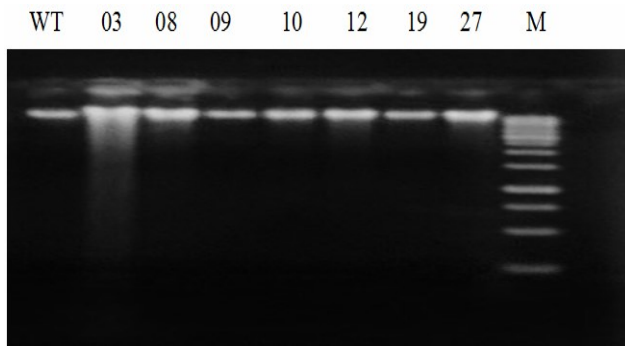
$$PIC_i = 1 - \sum P_{ij}^2$$

Trong đó: P_{ij} là tần số xuất hiện của alen thứ j của kiểu gen i được kiểm tra. Phạm vi giá trị PIC từ 0 (không đa hình) tới 1 (đa hình hoàn toàn).

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

3.1. Kết quả tách ADN tổng số

ADN tổng số từ 8 mẫu đậu xanh được tách chiết và được điện di kiểm tra trên gel agarose 1%. Kết quả điện di thể hiện trên hình 1.



Hình 1. Hình ảnh điện di ADN tổng số của 8 mẫu đậu xanh

Từ kết quả điện di ở hình 1 cho thấy, ADN tổng số ở các mẫu đều được tách chiết thành công. Để xác định nồng độ ADN tổng số thu được, các mẫu ADN được định lượng bằng máy đo Nanodrop và pha loãng đến nồng độ thích hợp cho phản ứng PCR là 25 ng/ μ l.

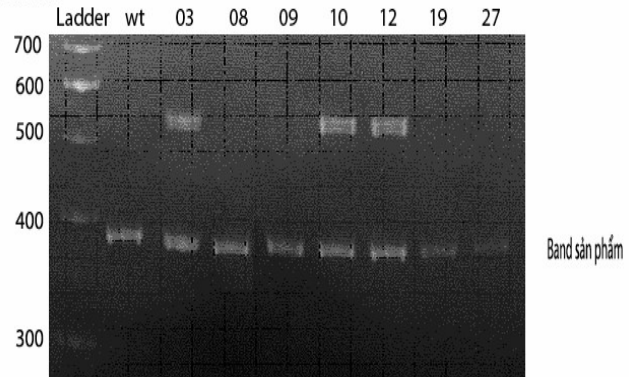
3.2. Kết quả điện di sản phẩm PCR với các môi SSR

Khi dùng 50 môi SSR để phân tích đa dạng di truyền 8 mẫu đậu xanh, chỉ có 20 môi cho kết quả đa hình, kết quả được thể hiện trên hình 2, 3, 4. Điện di sản phẩm SSR - PCR 8 mẫu đậu xanh với 20 môi đa hình thu được 42 alen, trong đó có 35 alen đa hình, chiếm tỷ lệ 83,33%; số alen trên mỗi dao động từ 1 alen - 4 alen, môi MB118 cho nhiều alen nhất với 4 alen, môi MB51, MB58, MB61 cho số alen ít nhất tối thiểu 1 alen/môi.

Theo Botstein và cs (1980) [1] nếu chỉ số PIC > 0,5 thì môi sử dụng cho kết quả đa hình cao, ngược lại chỉ số PIC nằm trong khoảng $0,25 \leq PIC \leq 0,5$ cho kết quả đa hình trung bình và với chỉ số PIC $\leq 0,25$ thì kết quả đa hình thấp. Giá trị PIC khi phân tích 8 dòng đậu xanh với 20 môi SSR trong nghiên cứu này dao động từ 0,20 - 0,73; trong đó có 15 môi cho giá trị

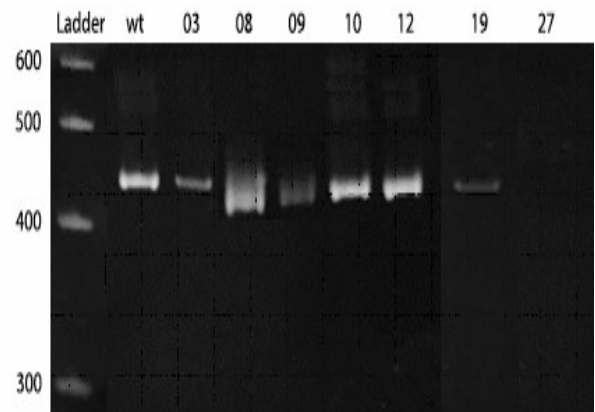
PIC $\geq 0,25$; giá trị PIC trung bình thu được là 0,42. Đây là giá trị PIC không quá cao trong phân tích đa dạng di truyền các cá thể nói chung, tuy nhiên đối với nghiên cứu đa dạng di truyền đậu xanh thì giá trị PIC này cao hơn nhiều so với nghiên cứu của Bùi Thị Thu Huyền và cs (2017) [5] khi nghiên cứu đa dạng di truyền 54 mẫu nguồn gen đậu xanh có nguồn gốc địa phương và nhập nội đang được lưu giữ tại Ngân hàng gen cây trồng Quốc gia (PIC trung bình 0,248); Kaur và cs (2018) [6] sử dụng 10 chỉ thị SSR để đánh giá đa dạng di truyền 23 giống đậu xanh với giá trị PIC trung bình chỉ đạt 0,205; Gupta và cs (2012) [3] sử dụng chỉ thị SSR đánh giá đa dạng di truyền đậu xanh với giá trị PIC trung bình 0,34. Các nghiên cứu trước đây lý giải cho nguyên nhân này là do các nguồn gen đậu xanh có nền di truyền hẹp [3], [7], [6]. Theo Nair và cs (2012) [7], đậu xanh có nền di truyền rất hẹp, các phả hệ của các giống đậu xanh được trồng phổ biến nhất trên toàn thế giới chỉ được tạo ra từ vài chục nguồn bố mẹ.

MB90



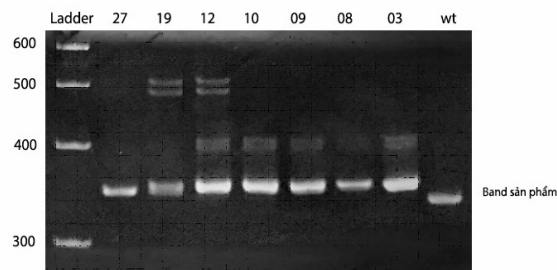
Hình 2. Sản phẩm SSR – PCR của 8 mẫu đậu xanh với môi MB90

MB147



Hình 3. Sản phẩm SSR – PCR của 8 mẫu đậu xanh với môi MB174

MB59



Hình 4. Sản phẩm SSR – PCR của 8 mẫu đậu xanh với mỗi MB59

3.3. Kết quả phân tích mối quan hệ di truyền giữa các mẫu đậu xanh

Hệ số tương đồng di truyền Jaccard cho biết mối tương quan về mặt di truyền giữa các mẫu phân tích. Trị số Jaccard càng tiến về 0 thì mức độ tương đồng di truyền giữa các mẫu càng thấp và ngược lại, càng tiến về 1 thì mức độ tương đồng di truyền càng cao. Số liệu thu được từ kết quả SSR – PCR được đưa vào xử lý bằng phần mềm NTSYSp version 2.02 để tính hệ số tương đồng di truyền và xây dựng biểu đồ quan hệ di truyền giữa các mẫu đậu xanh.

Bảng 3. Hệ số tương đồng di truyền 8 mẫu đậu xanh

	WT	03	08	09	10	12	19	27
WT	1,00							
03	0,47	1,00						
08	0,67	0,57	1,00					
09	0,57	0,67	0,81	1,00				
10	0,43	0,86	0,57	0,76	1,00			
12	0,48	0,86	0,57	0,76	0,90	1,00		
19	0,55	0,60	0,73	0,88	0,64	0,64	1,00	
27	0,64	0,60	0,73	0,83	0,60	0,64	0,81	1,00

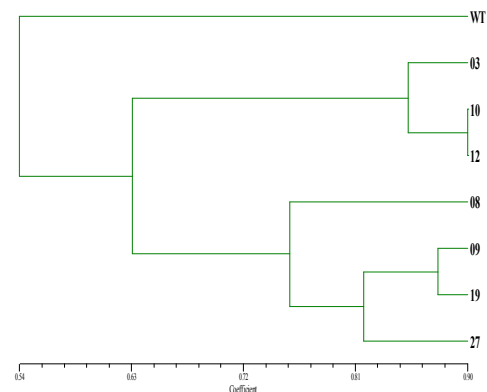
Bảng 3 cho thấy, giữa các mẫu nghiên cứu có hệ số tương đồng di truyền Jaccard nằm trong khoảng 0,43 - 0,90. Trong đó, giá trị thấp nhất 0,43 là hệ số

tương đồng di truyền của các cặp mẫu WT và 10. Hệ số tương đồng di truyền cao nhất là của hai mẫu 10 và 12 (0,90).

Biểu đồ quan hệ di truyền được xây dựng trên cơ sở các hệ số tương đồng di truyền giữa 8 mẫu nghiên cứu cho thấy rõ hơn sự khác biệt về mối quan hệ di truyền giữa các mẫu đậu xanh. Cụ thể, ở hệ số tương đồng di truyền 0,54 cây phân loại chia thành 2 nhóm:

- Nhóm I: chỉ có duy nhất mẫu WT, điều này chứng tỏ mẫu đậu xanh này có quan hệ di truyền xa nhất so các mẫu cùng nghiên cứu.

- Nhóm II: gồm 7 mẫu còn lại và được chia làm 2 phân nhóm chính. Phân nhóm thứ nhất gồm 4 mẫu 8, 9, 19, 27; trong đó mẫu 8 tách thành một nhánh riêng, mẫu 9 và 19 có sự tương đồng di truyền gần nhất trong phân nhóm với hệ số tương đồng di truyền là 0,88. Phân nhóm thứ 2 gồm 3 mẫu 3, 10, 12; trong đó mẫu 03 nằm riêng một nhánh với hệ số tương đồng 0,86 so với hai mẫu còn lại; hai mẫu 10 và 12 có sự tương đồng lớn nhất trong số 8 mẫu nghiên cứu với hệ số tương đồng 0,90.



Hình 5. Cây phân loại di truyền 8 mẫu đậu xanh

3.4. Đề xuất một số cặp lai

Bảng 4. Các cặp lai ưu tiên

STT	Cặp lai	Hệ số tương đồng di truyền	STT	Cặp lai	Hệ số tương đồng di truyền
1	WT X 08	0,67	8	03 X 27	0,60
2	WT X 09	0,57	9	08 X 10	0,57
3	WT X 19	0,55	10	08 X 12	0,57
4	WT X 27	0,64	11	10 X 19	0,64
5	03 X 08	0,57	12	10 X 27	0,60
6	03 X 09	0,67	13	12 X 19	0,64
7	03 X 19	0,60	14	12 X 27	0,64

Dựa theo nguyên tắc cặp lai bố mẹ phải có những đặc điểm khác nhau về khoảng cách di truyền

không quá gần cũng như quá xa (hệ số tương đồng di truyền đạt 0,50 – 0,7) nhằm mục đích tổ hợp được

con lai có ưu thế lai cao phù hợp. Nếu hai giống có quan hệ di truyền cách xa nhau thì sự kết hợp khi lai giữa hai giống sẽ khó khăn, không đảm bảo đời con lai có sức sống tốt. Nếu cặp lai bố mẹ có khoảng cách di truyền gần nhau quá thì không có sự khác biệt giữa giống bố mẹ, không tổ hợp được con lai mang ưu thế lai.

Căn cứ vào những kết quả nghiên cứu đa dạng di truyền trong nghiên cứu này, đã tiến hành xây dựng một số cặp lai phục vụ cho việc chọn tạo giống đậu xanh có năng suất cao, chất lượng tốt như sau: có 14 cặp lai có hệ số tương đồng di truyền nằm trong khoảng 0,5 đến 0,7.

4. KẾT LUẬN

- Đã tách chiết được ADN tổng số của 8 mẫu đậu xanh. Tiến hành PCR 50 mỗi SSR với 8 mẫu đậu xanh thu được 20 mỗi cho kết quả đa hình, tổng số có 42 alen/20 locus nghiên cứu trong đó có 35 alen đa hình chiếm tỷ lệ 83,33%; hệ số PIC nghiên cứu dao động từ 0,20 – 0,73, trung bình là 0,42. Phân tích đa dạng di truyền dựa trên hệ số tương đồng di truyền Jaccard cho thấy giữa 8 mẫu đậu xanh có mức độ đa dạng di truyền cao, hệ số tương đồng di truyền dao động từ 0,43 – 0,90. Ở hệ số tương đồng di truyền 0,54 cây phân loại chia thành hai nhóm, trong đó mẫu WT có quan hệ di truyền xa nhất so với 7 giống còn lại, hai mẫu 10 và 12 có quan hệ di truyền gần nhau nhất.

- Đề xuất được 14 cặp lai dựa trên hệ số tương đồng 8 mẫu đậu xanh nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., Davis, R. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetic*, 32 (3): 314.
2. Doyle J. J., D. J. L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19: 11 - 15.
3. Gupta, S., R. Bansal, U. Vaidya and T. Gopalakrishna (2012). Development of EST - derived microsatellite markers in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] and their transferability to other Vigna species. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 72 (4): 468 - 471.
4. Vũ Thị Thúy Hằng, Trần Thị Mai Anh, Nguyễn Thị Chinh, Lê Thị Hồng Hạnh, Lê Huy Nam, Nguyễn Ngọc Tuấn (2017). Đặc điểm nông học và đa dạng di truyền của nguồn vật liệu đậu xanh (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). *Tạp chí Khoa học Nông nghiệp Việt Nam*, 15/11, 1477-1489.
5. Bùi Thị Thu Huyền, Nguyễn Thị Lan Hoa, Lưu Quang Huy, Trần Danh Sửu (2017). Đánh giá đa dạng di truyền một số nguồn gen đậu xanh bằng chỉ thị DArT. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam* 5 (78).
6. Kaur, G., Joshi, A., & Jain, D. (2018). SSR-Marker assisted evaluation of Genetic Diversity in Mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) genotypes. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 61. <https://doi.org/10.1590/1678-4324-2016160613>.
7. Nair R. M, Schafleitner R, Kenyon L, Srinivasan R, Easdown W, Ebert A. W and Hanson P. (2012). “Genetic improvement of mungbean”, *SABRAO Journal of Breeding and Genetics* 44: 177 - 190.
8. Nguyễn Ngọc Quát, Nguyễn Thị Ánh, Nguyễn Thị Thủy, Hoàng Tuyền Cường, Vũ Ngọc Thắng (2020). Đánh giá khả năng thích ứng của các nguồn gen đậu xanh trong điều kiện vụ đông ở Hà Nội. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Nông nghiệp Việt Nam - Số 6* (115)/2020.
9. Rohlf F. J. (1993). NTSYS - pc Numerical taxonomomy and multivariate analysis system. *Version 1.80. Applied Biostatitics, New York*.
10. Saal B., Wricke G. (1999). Development of simple sequence repeat makers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome*, 42 (5): 964 - 972.

RESEARCH ON GENETIC DIVERSITY OF PROSPECTIVE MUNG BEEN GERMPLASMS**Hoang Thi Lan Huong, Tran Quang Hai,****Luu Minh Cuc, Nguyen Quang Tin****Summary**

From the results of the assessment of 30 mung bean germplasms in 2020 and 2021 at the Plant Resource Center in 2020 and 2021, eight prospective mung bean germplasms have initially been selected with a yield from 1.78 to 2.10 tons/ha in the spring and from 1.60 to 1.81 tons/ha in the summer; resistance to shedding 1 poin, leaf spot 1 - 2 poin, powdery mildew 1 poin. The 8 mung bean germplasms continued to be evaluated for genetic diversity by SSR markers. PIC coefficient ranged from 0.20 – 0.73, mean 0.42. The analysis results based on the Jaccard genetic similarity coefficient showed that among 8 mung bean germplasms with high genetic diversity, the genetic similarity coefficient from 0.43 to 0.90. From the result, 14 hybrid pairs are proposed for future research.

Keywords: *Mung beans, genetic diversity, SSR markers, yield.*

Người phản biện: GS.TSKH. Trần Đình Long

Ngày nhận bài: 26/8/2021

Ngày thông qua phản biện: 27/9/2021

Ngày duyệt đăng: 4/10/2021