

## ĐẶC ĐIỂM HÌNH THÁI, GIẢI PHẪU, HÓA SINH VÀ MÃ VẠCH DNA CỦA HAI MẪU ĐẬU NHO NHE THU TẠI YÊN BÁI VÀ HÀ GIANG

Thái Thị Hòa, Đỗ Thị Kim Oanh,  
Kiều Thị Trà Giang, Nguyễn Thị Thanh, Nguyễn Hữu Quân\*  
Trường Đại học Sư phạm - ĐH Thái Nguyên

### TÓM TẮT

Đậu Nho nhe (*Vigna umbellata*) còn gọi là đậu gạo được biết đến là loài cây cung cấp dinh dưỡng cho người và động vật, đồng thời là loại cây phân xanh phủ đất tốt đối với đồi núi. Cây, lá non và quả non được dùng làm rau ăn hạt. Đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái (NN01\_YB) và tỉnh Hà Giang (NN02\_HG) thuộc dạng thân bò, leo, trên thân có nhiều lông tơ nhám. Lá có 3 lá chét, hình quả tim có lông tơ nhám. Hoa màu vàng và tự nở ở nách. Vùng gen *ITS2* của 2 giống đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái và Hà Giang có kích thước 480 bp; độ tương đồng di truyền của 2 giống đạt 99,8% và có sự khác nhau tại 3 vị trí nucleotide. Hàm lượng protein tan tổng số của 2 mẫu đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG lần lượt đạt 30,3 và 30,0 mg/100 g hạt. Hoạt tính  $\alpha$ -amylase có trong mầm hạt đậu Nho nhe của 2 mẫu NN01\_YB và NN02\_HG sau 3 ngày lần lượt đạt 1,2 và 1,0 U/mg. Hoạt tính protease trong mầm hạt đậu Nho nhe của 2 mẫu NN01\_YB và NN02\_HG sau 3 ngày lần lượt đạt 2,2 và 2.1 U/mg.

**Từ khóa:** Đậu nho nhe, mã vạch DNA, *ITS2*,  $\alpha$ -amylase, protease

### MỞ ĐẦU

Đậu Nho nhe (*Vigna umbellata*) còn gọi là đậu gạo, được biết đến là loài thực vật thuộc họ đậu, phân bố đa dạng, thích nghi tốt với các loại môi trường có nhiệt độ nóng ẩm đến cận nhiệt đới và khí hậu ôn hòa. Đậu Nho nhe phân bố ở miền Nam Trung Quốc, miền Bắc Việt Nam, Lào, Thái Lan và Ấn Độ. Đậu Nho nhe có tên khoa học là *V. umbellata* var *gracilis* đã được phát hiện lần đầu tiên ở Ấn Độ [5]. Saravanakumar và cộng sự (2003) [10] đã thực hiện các nghiên cứu về di truyền và mối quan hệ về sinh thái, địa lý của một số loài đậu Nho nhe. Năm 1996, De Carvalho và cộng sự nhận thấy hàm lượng protein của các loài đậu Nho nhe hoang dại như *Vigna minima* cao hơn so với các dòng canh tác, vì vậy các loài hoang dại có tiềm năng để cải thiện hàm lượng protein, nâng cao chất lượng giống. Ngoài ra, hàm lượng axit amin tổng số có trong đậu Nho nhe rất tốt cho con người [5].

Ở Việt Nam, các nghiên cứu về cây đậu Nho nhe chưa được công bố nhiều. Đặc biệt, việc nhận biết một số giống đậu Nho nhe chủ yếu dựa vào phương pháp hình thái. Tuy nhiên, phương pháp này thường gặp trở ngại khi vật liệu nghiên cứu đã được xử lý thô hoặc một

phần. Hebert và cộng sự (2003) [7] cho thấy mã vạch DNA là một trong những phương pháp được sử dụng để xác định loài. Một số vùng DNA trong hệ gen nhân và gen lục lạp đã được sử dụng để xác định các loài thực vật. rDNA nhân là một hệ thống đa gen mã hóa cho các chuỗi rRNA vừa bảo thủ vừa đa dạng khi phân biệt các loài gần. Trong nhân của tế bào, rDNA được sắp xếp thành các đơn vị ngẫu nhiên, bao gồm DNA mã hóa RNA ribosome 18S; 5,8S; 28S và luân phiên giữa các chuỗi không mã hóa *ITS1* và *ITS2* (các vùng đệm được chuyển tiếp bên trong) nằm ở hai bên của gen 5,8S [6] [7] [8] [9] [10] [11] [12] [13]. Các chuỗi mã hóa của ba gen rDNA 18S; 5,8S; 28S bảo thủ hơn so với các trình tự của *ITS1* và *ITS2*. Hiện tại, vùng *ITS* của bộ gen nhân được coi là một trong những công cụ hữu ích nhất để xác định và đánh giá tiến hóa thực vật [12].

Trong bài báo này, chúng tôi tiến hành nghiên cứu sử dụng mã vạch DNA để nhận diện mẫu đậu Nho nhe thu thập ở Yên Bái và Hà Giang, phân tích đặc điểm hình thái, giải phẫu, hóa sinh của các mẫu đậu Nho nhe thu thập được.

### VẬT LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

Vật liệu: Mẫu giống đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái (NN01\_YB) và Hà Giang (NN02\_HG)

\* Tel: 01669 238303, Email: quannah@dhsptn.edu.vn

được sử dụng để nghiên cứu đặc điểm hình thái, hóa sinh và phân lập DNA barcoding.

Phương pháp:

Việc xác định các mẫu giống đậu Nho nhe được thực hiện theo phương pháp của Nguyễn Tiến Bản (2013) [1] và Phạm Hoàng Hộ (1999) [2]. DNA tổng số được phân lập từ lá non dựa trên phương pháp của Shaghai và cộng sự (1984) [11]. Khuếch đại vùng gen *ITS2* bằng phản ứng PCR với cặp mồi được tổng hợp theo Kress và cộng sự (2005) [8]. Kích thước mồi và trình tự mong muốn của đoạn DNA khuếch đại được mô tả theo bảng 1.

Hỗn hợp phản ứng PCR (tổng thể tích 25  $\mu$ l) gồm: 12,5  $\mu$ l master mix (2X); 0,5  $\mu$ l mồi mỗi loại (10 pmol/ $\mu$ l); 1,0  $\mu$ l DNA khuôn (10 ng/ $\mu$ l); 9,5  $\mu$ l nước cất. Phản ứng PCR được thực hiện theo chương trình: 94°C/4 phút; 35 chu kỳ (94°C/30 giây; 55°C/30 giây; 72°C/45 giây); 72°C/10 phút và giữ ở 4°C. Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 1,0% và được tinh sạch theo kit tinh sạch của hãng Qiagen (Venlo, the Netherlands). Trình tự DNA được xác định trên máy đọc trình tự tự động ABI PRISM 3100 Avant Genetic Analyzer. Trình tự nucleotid của gen được đọc trên phần mềm BLAST và DNASTAR.

Định lượng protein tan: 0,05 g mẫu hạt đậu Nho nhe đã sấy khô tuyệt đối được chiết qua đêm bằng 1,0 ml đệm photphatcitrat (pH 8,0). Ly tâm 12000 vòng/phút trong 30 phút ở 4°C (lặp lại 3 lần) thu dịch trong và định mức lên 5 ml. Lấy 0,25 ml dung dịch mẫu bổ sung 2 ml dung dịch C lắc đều trong 10 phút và bổ sung 0,25 ml dung dịch folin Ciocalteau (1:1) để 30 phút (phản ứng chuyển từ vàng sang xanh da trời) và đo ở bước sóng 750 nm.

Xác định hoạt tính  $\alpha$ -amylase từ mầm hạt đậu Nho nhe bằng cách đo hàm lượng đường glucose giải phóng khi thủy phân tinh bột bởi enzyme theo phương pháp của Miller (1959) [9]. Lượng đường giải phóng được xác định

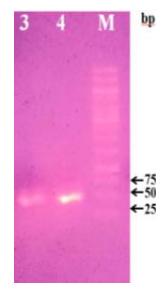
bằng cách đo độ hấp phụ ở 540 nm, dựa vào cường độ màu tạo phức với thuốc thử.

Xác định hoạt tính protease từ mầm hạt đậu Nho nhe bằng phương pháp của Anson và phản ứng màu được đo ở bước sóng 750 nm dựa vào cường độ màu tạo phức với thuốc nhuộm Folin Ciocalteau [4].

KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

**Đặc điểm của vùng gen *ITS2* phân lập từ hai mẫu đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG**

Hai mẫu giống đậu Nho nhe thu tại Yên Bái và Hà Giang được nhận diện bằng mã vạch *ITS2*. Tiến hành tách DNA tổng số từ mầm cây đậu Nho nhe được kiểm tra chất lượng bằng phương pháp điện di trên gel agarose và đo quang phổ, kết quả DNA thu được đảm bảo chất lượng cho phản ứng nhân gen. Vùng gen *ITS* từ cây đậu Nho nhe được phân lập bằng phản ứng PCR từ DNA hệ gen sử dụng cặp mồi đặc hiệu trong bảng 1. Sau khi điện di kiểm tra, sản phẩm PCR thu được có kích thước khoảng 480 bp (Hình 1) ứng với gen vùng *ITS* từ cây đậu Nho nhe tương ứng với mẫu thu tại tỉnh Yên Bái và tỉnh Hà Giang.



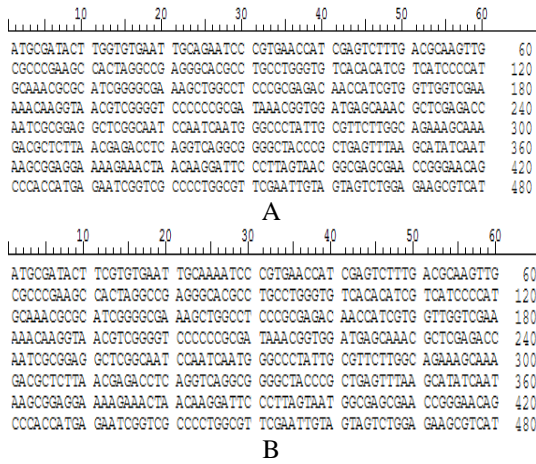
**Hình 1.** Hình ảnh điện di sản phẩm PCR từ khuôn DNA tổng số của đậu Nho nhe

3: Gen *ITS2* từ đậu Nho nhe NN01\_YB, 4: Gen *ITS2* từ đậu Nho nhe NN02\_HG, M: DNA marker

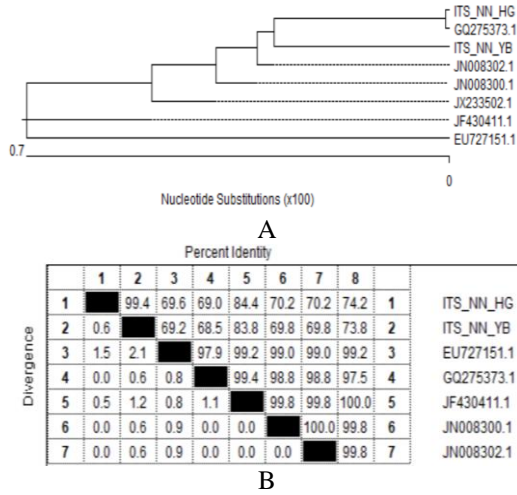
Vùng gen *ITS* của đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái và tỉnh Hà Giang được xác định trình tự nucleotide trên máy giải trình tự tự động ABI PRISM 3100 Avant Genetic Analyzer có kích thước là 480 nucleotide (Hình 2).

**Bảng 1.** Thông tin về cặp mồi nhân vùng *ITS2* sử dụng trong nghiên cứu

Tên mồi	Trình tự (5'→3')	Nhiệt độ gắn mồi	Sản phẩm dự kiến
PIF	ATGCGATACTTGGTGTGAAT	55°C	~ 500 bp
PIR	GACGCTTCTCCAGACTACAAT		



**Hình 2.** Trình tự vùng gen ITS của đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái (A) và Hà Giang (B)



**Hình 3.** Cây phân loại trình tự (A) và hệ số tương đồng (B) vùng gen ITS2 của đậu Nho nhe với các loài đậu Nho nhe đã công bố

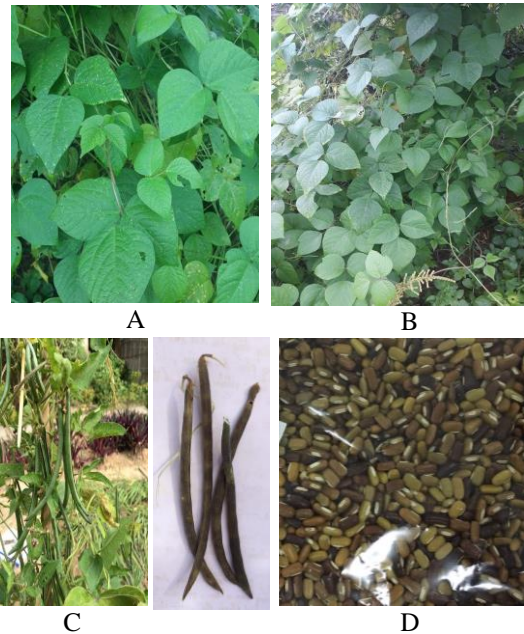
So sánh trình tự vùng gen ITS của 2 mẫu giống đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG, nhận thấy trình tự vùng gen ITS của 2 mẫu giống này có độ tương đồng 99,4%; có sự khác nhau về trình tự nucleotide tại 03 vị trí số 12 (G thay bằng C), 25 (G thay bằng A) và 400 (C thay bằng T). Trình tự vùng gen ITS2 của 2 mẫu giống đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG được so sánh với trình tự vùng gen ITS của các giống đậu Nho nhe đã công bố trên GenBank. Kết quả phân tích bằng Blast trong NCBI cho thấy hai mẫu giống đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG là cùng loài (*Vigna umbellata*) và có độ tương đồng lần lượt là 84,4% và 83,8% với trình tự vùng gen ITS2

của giống đậu Nho nhe mang mã số JF430411.1 (Hình 3A).

Hệ số tương đồng về trình tự nucleotide của vùng gen ITS của 2 giống đậu Nho nhe thu tại tỉnh Hà Giang và Yên Bái với trình tự vùng gen ITS của giống đậu Nho nhe mang mã số JF430411.1 dao động từ 0,5 - 0,6% (Hình 3B). Như vậy trình tự vùng gen ITS2 của 02 giống đậu Nho nhe thu tại Yên Bái và Hà Giang đặc trưng cho Việt Nam.

**Hình thái, giải phẫu của đậu nho nhe**

Hình thái của 2 giống đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái và tỉnh Hà Giang thuộc dạng thân bò, leo, trên thân có nhiều lông tơ nhám. Lá có 3 lá chét, hình quả tim có lông tơ nhám. Hoa màu vàng và tự nở ở nách, mang nhiều hoa. Quả cong, hình kiềng, dài từ 6 - 8 cm (Hình 4).



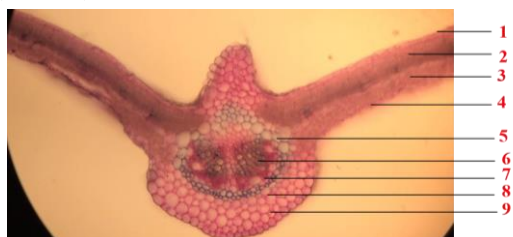
**Hình 4.** Đặc điểm hình thái thân, lá (A-B), quả (C) và hạt (D) của đậu Nho nhe

Hạt của 2 giống đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG dài, hình dạng vỏ hạt thuộc loại rạn vỏ, màu nâu đỏ, rốn hạt màu trắng. Khối lượng của 1000 hạt của 2 giống lần lượt đạt 50,74 và 51,04 g (Bảng 2). Như vậy, hình dạng lá, thân, hoa, quả và hạt của 2 mẫu đậu thu tại tỉnh Yên Bái và Hà Giang không có sự khác biệt nhiều.

**Bảng 2.** Đặc điểm hình thái hạt của hai mẫu giống đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG

TT	Mẫu	Hình dạng hạt	Hình dạng vỏ hạt	Màu vỏ hạt	Màu rốn hạt	Khối lượng 1000 hạt (g)
1	NN01_YB	Dài	Rạn vỏ	Nâu đỏ	Trắng	50,74
2	NN02_HG	Dài	Rạn vỏ	Nâu đỏ	Trắng	51,04

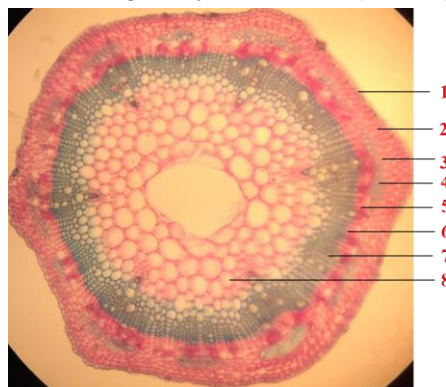
Nghiên cứu giải phẫu lá, thân và rễ của 2 mẫu giống đậu Nho nhe NN01\_YB và NN02\_HG chúng tôi nhận thấy, phiên lá của đậu Nho nhe của hai mẫu có cấu tạo các phần giống nhau, gồm: Biểu bì trên (1), mô đồng hóa (gồm 3 lớp tế bào mô giậu (2) ở phía trên và 2 lớp mô xốp (3) ở phía dưới), biểu bì dưới (4). Gân chính phân biệt mặt trên và mặt dưới rất rõ. Giữa gân chính có các vòng mô cứng (5), các bó dẫn nằm trong khối mô mềm. Có các bó gỗ (6) nằm phía trong và bó libe (7) nằm phía ngoài. Các bó dẫn nằm cách xa nhau và phía ngoài là mô mềm (8) và mô dày (9) (Hình 5).



**Hình 5.** Giải phẫu lá của đậu Nho nhe  
1. Biểu bì trên; 2. Mô giậu; 3. Mô xốp; 4. Biểu bì dưới; 5. Vòng mô cứng; 6. Gỗ; 7. Libe; 8. Mô mềm; 9. Mô dày

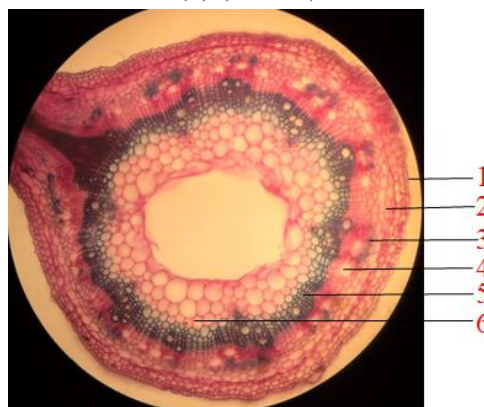
Thân cây: Biểu bì (1): Phủ ngoài thân là một lớp tế bào biểu bì dày gồm những tế bào hình trứng xếp sát nhau uốn lượn theo thân tạo thành vòng ngoài cùng có 6 đỉnh lồi ra ngoài. Mô dày (2) gồm 3 - 5 lớp tế bào hình đa giác tập trung chủ yếu ở phía các mấu lồi. Các lớp tế bào mô mềm vỏ (3) có kích thước lớn hơn ăn sâu xen kẽ với các tế bào nội bì. Đám mô cứng (4) gồm những đám tế bào hình đa giác bắt màu xanh tạo thành vòng tròn không liên tục. Trụ giữa chiếm thể tích lớn trên lát cắt ngang gồm khoảng 20 bó dẫn hờ. Các bó gỗ (7) cạnh nhau được ngăn cách bởi các tia ruột rộng tạo ra khoảng trống khá xa nhau. Phía ngoài đối diện với các bó gỗ là các bó libe (5) tương ứng bắt màu hồng. Xen giữa gỗ và libe là tầng phát sinh (6) gồm các tế bào dẹt có màng rất mỏng. Mô mềm ruột (8) nằm ở phần giữa thân gồm các tế bào hình đa giác có kích

thước khác nhau. Đây là các tế bào sống thực hiện chức năng chủ yếu là dự trữ (Hình 6).



**Hình 6.** Giải phẫu thân của đậu Nho nhe  
1. Bần; 2. Mô dày; 3. Mô mềm vỏ; 4. Đám mô cứng; 5. Libe; 6. Tầng phát sinh; 7. Gỗ; 8. Mô mềm ruột

Rễ cây: Phía ngoài cùng của rễ cấu tạo bởi một lớp tế bào biểu bì có thành tế bào hóa bản (1) hình chữ nhật độ dày khoảng 0,3 μm. Phía trong là vỏ thứ cấp gồm nhiều lớp tế bào libe (4), mô cứng (3) và mô mềm vỏ (2). Trụ giữa chiếm phần lớn diện tích gồm các mạch gỗ (5) to bắt màu xanh và tia gỗ đỏ là gỗ thứ cấp và mô mềm ruột (6) (Hình 7).



**Hình 7.** Giải phẫu rễ của đậu Nho nhe  
1. Biểu bì; 2. Mô mềm vỏ; 3. Mô cứng; 4. Libe; 5. Gỗ; 6. Mô mềm ruột

**Hàm lượng protein tan tổng số**

Nghiên cứu hàm lượng protein tan tổng số nhằm xác định giá trị dinh dưỡng của đậu Nho nhe và kiểm tra được sự khác biệt về đặc

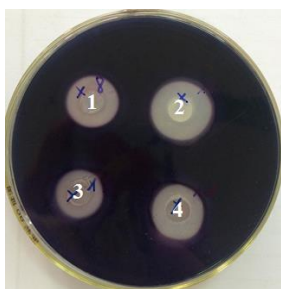
điểm hóa sinh chịu ảnh hưởng của điều kiện thổ nhưỡng. Kết quả cho thấy, hàm lượng protein tan tổng số của giống đậu Nho nhe thu tại Hà Giang đạt 30 mg/100 g hạt và đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái đạt 30,3 mg/100g hạt.

Nghiên cứu của Nguyễn Vũ Thanh Thanh và Nguyễn Văn Tuấn (2007) [3] đã chỉ ra hàm lượng protein tan tổng số của 11 giống đậu xanh thu tại tỉnh Hòa Bình, Lai Châu, Thái Nguyên, Cao Bằng dao động từ 20,99 - 26,75%. Như vậy, hàm lượng protein trong đậu Nho nhe nghiên cứu khác so với kết quả đã công bố.

#### Hoạt tính $\alpha$ -amylase từ mầm đậu nho nhe

$\alpha$ -amylase là enzyme tham gia thủy phân tinh bột tạo thành đường. Đường tạo thành có vai trò làm tăng áp suất thẩm thấu của tế bào, từ đó làm tăng tính chống chịu của thực vật với các yếu tố cực đoan từ môi trường, giúp cây non phát triển bình thường.

Hoạt tính  $\alpha$ -amylase từ mầm hạt đậu Nho nhe NN01\_YB ở giai đoạn 2 - 3 ngày tuổi lần lượt đạt 1,0; 1,2 U/mg và đậu Nho nhe NN02\_HG 0,8; 1,0 U/mg. Hoạt tính  $\alpha$ -amylase được định tính trên đĩa thạch có chứa cơ chất tinh bột. Kết quả hình 6 cho thấy, vòng phân giải tinh bột màu trắng xuất hiện khi nhuộm đĩa thạch bằng thuốc nhuộm lugol tương ứng với hoạt tính đo trên máy ở bước sóng 540 nm. Như vậy, hoạt tính  $\alpha$ -amylase trong mầm đậu Nho nhe thu tại tỉnh Yên Bái cao hơn so với tỉnh Hà Giang.



**Hình 6.** Định tính  $\alpha$ -amylase từ mầm đậu Nho nhe trên đĩa thạch

1: Đậu NN01\_YB sau 2 ngày; 2: Đậu NN01\_YB sau 3 ngày; 3: Đậu NN02\_HG sau 2 ngày; 4: Đậu NN02\_HG sau 3 ngày

Hoạt tính  $\alpha$ -amylase từ mầm đậu Nho nhe trong nghiên cứu này cao hơn so với đậu xanh thu tại tỉnh Hòa Bình, Lai Châu, Thái

Nguyên, Cao Bằng sau 5 ngày dao động từ 0,573 - 0,941 U/mg protein [3].

#### Hoạt tính protease từ mầm đậu Nho nhe

Protease là một enzyme đóng vai trò rất quan trọng trong quá trình nảy mầm của hạt, sự phát triển của cây non và có liên quan đến khả năng chịu mất nước của tế bào. Nghiên cứu hoạt tính protease từ mầm đậu Nho nhe nhằm đánh giá mối liên quan với hàm lượng protein có trong hạt. Kết quả khảo sát nhận thấy, hoạt tính protease ở thời gian hạt nảy mầm 2 - 3 ngày tuổi lần lượt đạt 2,0; 2,2 U/mg ứng với đậu Nho nhe trồng tại Yên Bái NN01\_YB và đạt 1,9; 2,1 U/mg ứng với đậu Nho nhe trồng tại Hà Giang NN02\_HG.

#### KẾT LUẬN

Vùng gen ITS2 của hai mẫu đậu Nho nhe thu tại Hà Giang và Yên Bái có kích thước 480 nucleotide và có độ tương đồng 99,4%; thể hiện sai khác tại 03 vị trí nucleotide số 3; 25 và 400. Hai mẫu đậu Nho nhe thu tại Yên Bái và Hà Giang thuộc cùng một loài *Vigna umbellata*. Có sự khác nhau về đặc điểm hình thái, giải phẫu rễ, thân, lá và đặc điểm hóa sinh hạt của hai mẫu giống đậu Nho nhe thu tại Hà Giang và Yên Bái.

**Lời cảm ơn:** Nghiên cứu này được sự hỗ trợ bởi đề tài nhiệm vụ bảo tồn và lưu giữ quỹ gen cấp Bộ năm 2017: "Nghiên cứu bảo tồn nguồn gen nhóm cây đậu đỗ địa phương thu thập từ các tỉnh thuộc miền Bắc Việt Nam" Mã số B2017-TNA-10-QG.

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nguyễn Tiến Bản (2013), *Danh sách loài thực vật ở Việt Nam*, Nxb Nông nghiệp, Hà Nội.
2. Phạm Hoàng Hộ (1999), *Cây cỏ Việt Nam*, Nxb Trẻ, TP Hồ Chí Minh, 1, tr. 597.
3. Nguyễn Vũ Thanh Thanh, Nguyễn Văn Tuấn (2007), "Nghiên cứu sự đa dạng sinh học của một số giống đậu xanh (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) phục vụ công tác chọn giống và bảo tồn nguồn gen cây đậu xanh", *Tạp chí Khoa học & Công nghệ*, 3(43), tr. 26-31.
4. Anson M. L., (1938), "The estimation of pepsin, trypsin, papain and cathepsin with hemoglobin", *J. Gen. Physiol.*, 22, pp. 79-89.

5. De Carvalho N. M., Vieira R. D., (1996), *Rice bean (Vigna umbellata (Thunb.) Ohwi et Ohashi)* In: Nwokolo, E & Smartt, J (Eds) *Legumes and Oilseeds in Nutrition*. Chapman and Hall, ISBN 0-412-45930-2. pp. 222-228.
6. Chen S., et al. (2010), "Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species". *PLoS ONE*, 5(1), pp. 8613, doi: 10.1371/journal.pone.0008613.
7. Hebert P. D. N., Alina C., Shelley L. B., Jeremy R. (2003), "Biological identifications through DNA barcodes", *Proc. R. Soc. Lond. B.*, 270(1512), pp. 313-321.
8. Kress J. W., Wurdack K. J., Zimmer E. A., Weigt L. A., Janzen D. H. (2005), "Use of DNA barcodes to identify flowering plants", *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 102(23), pp. 8369-8374.
9. Miller G. L., (1959), "Use of dinitrosalicylic acid reagent for determination of reducing sugars", *Anal. Chem.*, 31, pp. 426-428.
10. Saravankumar P., Tomooka N., Kaga A., Vaughan D. A., (2003), "Studies on wild relatives of grain legumes in Southern South Asia with particular reference to the genera *Cajanus* and *Vigna* In AHM Jayasuriya & DA Vaughan (eds) *Conservation and use of crop wild relatives*", *Proceedings of the joint Department of Agriculture, Sri Lanka and National Institute of Agrobiological Science, Japan Workshop held on 3 February 2003*.
11. Shaghai Maroof M. A., Soliman K. M., Jorgensen R. A., Allard R. W. (1984), "Ribosomal DNA sepaer-length polymorphism in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics", *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 81(24), pp. 8014-8018.
12. Vijayan K., Tsou C.H., (2010), "DNA barcoding in plants: taxonomy in a new perspective", *Current science*, 99(11), pp. 1530-1541.
13. Yao H., Song J., Liu C., Luo K., Han J., (2010), "Use of ITS2 region as the universal DNA barcode for plants and animals", *PLoS ONE*, 5(10), pp.13102, doi: 10.1534/genetics.106.062455.

## SUMMARY

**MORPHOLOGICAL, ANATOMICAL, BIOCHEMICAL, AND DNA BARCODE CHARACTERISTICS OF THE TWO RICE BEAN CULTIVARS COLLECTED IN YEN BAI AND HA GIANG**

**Thai Thi Hoa, Do Thi Kim Oanh,  
Kieu Thi Tra Giang, Nguyen Thi Thanh, Nguyen Huu Quan\***  
TNU - University of Education

*Vigna umbellata*, also known as rice bean, is known to provide nutrition to humans and animals, and is a good green manure for hills. Trees, young leaves and young fruits are used as vegetable seeds. Rice beans collected in the province of Yen Bai (NN01\_YB) and Ha Giang (NN02\_HG) in the form of creeping, climbing, with many fluffy hair on the bodies. Leaves have three leaflets, heart-shaped with fluffy hair. Flowers are yellow and bloom in the armpits. Internal transcribed spacer (ITS) region isolated from two rice beans in Yen Bai and Ha Giang, Vietnam are 480 bp in length; The genetic similarities of the two cultivars were 99.8% and there were differences in the 3 nucleotide positions. The total protein of the two cultivars NN01\_YB and NN02\_HG were 30.3 and 30.0 mg/100 grs seeds respectively. The  $\alpha$ -amylase activity of the two cultivars NN01\_YB and NN02\_HG was 1.2 and 1.0 U/mg respectively. The protease activity of two varieties of NN01\_YB and NN02\_HG was 2.2 and 2.1 U/mg respectively.

**Key words:** *Vigna umbellata*, DNA barcode, ITS2,  $\alpha$ -amylase, protease

**Ngày nhận bài: 10/4/2018; Ngày phản biện: 14/4/2018; Ngày duyệt đăng: 27/4/2018**

\* Tel: 01669 238303, Email: quannah@dhsptn.edu.vn