

# 41份绿豆种质资源遗传多样性分析及抗病性鉴定

刘勇, 叶鹏盛\*, 韦树谷, 曾华兰, 代顺冬, 赖佳, 黄玲, 孙小芳, 盛玉珍

四川省农业科学院经济作物研究所, 成都 610300

**摘要** 以2个年度3个试点田间试验数据为基础, 对全国10个省区收集到的具有代表性的41份绿豆种质资源的主要农艺性状进行了评价, 并分析了这些资源的表型遗传多样性和病毒病、白粉病抗性水平。结果表明: 41份绿豆种质资源遗传多样性丰富, 遗传多样性指数为0.321~2.039, 数量性状的遗传多样性明显高于质量性状。数量性状中, 百粒重的多样性指数最高, 荚长的多样性指数最低; 质量性状中, 花色的多样性指数最高, 成熟荚色的多样性指数最低。聚类分析将41份种质资源聚为5大类群, 第I类群主要为矮秆、直立以及早熟资源, 可作为育种优异亲本材料; 第II类群主要是大籽粒材料, 可作为改良绿豆籽粒大小的材料加以利用; 第III类群主要是黑籽粒材料, 可作为特色育种材料加以利用; 第IV类群和第V类群主要为抗病材料, 可作为挖掘病毒病和白粉病抗病基因的亲本材料。经病毒病抗性鉴定, 从41份种质资源中筛选出中抗资源9份, 抗病资源4份; 经白粉病抗性鉴定, 从41份种质资源中筛选出中抗资源11份, 抗病资源4份, 高抗资源1份。通过对质量性状和数量性状进行主成分分析, 5个主成分因子对表型变异的累计贡献率达到了71.95%。

**关键词** 绿豆; 种质资源; 遗传多样性; 病毒病抗性; 白粉病抗性

绿豆是中国主要食用豆类之一, 属高蛋白、中淀粉、低脂肪类食物<sup>[1]</sup>, 富含多种矿物质元素、维生素和活性物质, 具有抗菌、抗肿瘤、降血压和解毒作用, 是传统的药食同源作物<sup>[2-3]</sup>。由于绿豆生长周期短, 播种时间弹性大, 并具有共生固氮、改良土壤的能力, 深受广大种植户的喜欢<sup>[3]</sup>。绿豆全球种植面积超过600万hm<sup>2</sup><sup>[4]</sup>, 在东亚各国普遍种植, 是泰

国、菲律宾最重要的豆类作物, 斯里兰卡绿豆在豆类作物中排第2; 印度、缅甸、孟加拉国、印度尼西亚则排第3<sup>[5-6]</sup>。在中国, 绿豆已有2000多年的栽培历史, 50年代中国绿豆种植面积位居世界首位, 出口约占国际市场的20%以上。2021年, 全国绿豆的种植面积约为9.5万hm<sup>2</sup>, 在四川常年种植面积约1.18万hm<sup>2</sup>, 在促进脱贫增收、农业结构调整及

收稿日期: 2022-10-26; 修回日期: 2023-01-18

基金项目: 国家现代农业产业技术体系四川豆类杂粮创新团队项目(SCCXTD-2020-20); 四川省财政自主创新专项(2022ZZCX081)

作者简介: 刘勇, 助理研究员, 研究方向为豆类栽培及病虫害防控, 电子信箱: 984355344@qq.com; 叶鹏盛(通信作者), 研究员, 研究方向为豆类及蔬菜育种栽培, 电子信箱: yeps18@163.com

引用格式: 刘勇, 叶鹏盛, 韦树谷, 等. 41份绿豆种质资源遗传多样性分析及抗病性鉴定[J]. 科技导报, 2023, 41(16): 89-99; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2023.16.008

改善膳食结构中起着重要作用<sup>[3]</sup>。

自然选择在作物的进化中发挥着重要作用。绿豆种质在中国经过 2000 多年自然环境的选择,大多已经适应了干旱、炎热、土壤肥力差、病虫害流行等各种不利环境条件<sup>[7]</sup>,因此也在产量及其构成因子、生长习性、成熟期等农艺性状上积累了丰富的变异。研究表明,目前生产上绿豆大多具有较强的抗病性,可作为育种抗性材料加以利用<sup>[8-11]</sup>。经过近 20 年的育种研究,优良绿豆品种的种植面积增加,种植品种的单一性使得绿豆的多样性正逐渐降低。目前,巴基斯坦 94%、缅甸 89%、印度 82% 和孟加拉国 72% 以上种植的绿豆均是改良绿豆品种<sup>[12]</sup>,导致绿豆基因的遗传受到侵蚀<sup>[13]</sup>。当出现新的病虫害时,绿豆种植将面临严重风险。因此,绿

豆种质资源的收集、鉴定和利用在现代绿豆育种中尤为重要<sup>[14]</sup>。本研究对从中国各省市采集的绿豆种质资源的重要农艺和产量性状进行鉴定和评价。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

41 份参试绿豆材料由四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所、四川豆类杂粮创新团队绿豆岗位从全国各地收集,涵盖四川、重庆和山东等 10 个省份,其中山东 7 份,四川、重庆和山西各 6 份,河南 5 份,河北 4 份,北京、江苏和黑龙江各 2 份,福建 1 份(表 1)。

表 1 41 份绿豆种质资源及其来源

编号	名称	来源	省份
1	川渝绿 1 号	四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所	四川
2	川渝绿 2 号	四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所	四川
3	渝黑绿 3 号	四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所	四川
4	川渝绿 3 号	四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所	四川
5	保 942-34	四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所	四川
6	简阳绿豆	四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所	四川
7	淮 8*冀黑 45(F8)	重庆市农业科学院特色作物研究所	重庆
8	渝绿 6 号	重庆市农业科学院特色作物研究所	重庆
9	渝绿 7 号	重庆市农业科学院特色作物研究所	重庆
10	渝绿 9 号	重庆市农业科学院特色作物研究所	重庆
11	渝绿 10 号	重庆市农业科学院特色作物研究所	重庆
12	黔江黄荚	重庆市农业科学院特色作物研究所	重庆
13	黑绿豆	太谷县雨润谷禾种业有限公司	山西
14	极早绿珍珠二号	石家庄先风种业有限公司	河北
15	龙博十一	富益春种子销售有限公司	河北
16	龙博六号	富益春种子销售有限公司	河北
17	养生早熟绿豆	北京金盛优品农业科技有限公司	北京
18	奇诺绿豆	德州市超胜种子有限公司	山东
19	十八罗汉	河南奥瑞特种子科技有限公司	河南
20	养生绿豆	河北省青县艾森蔬菜良种推广中心	河北
21	开锅烂绿豆	德州市德蔬种业有限公司	山东
22	佳品绿宝石一号	河南专业制种基地繁育	河南
23	毛绿一号	北京中农金科种业科技有限公司	北京
24	绿宝黑绿豆	太谷县绿宝种业有限公司	山西
25	绿宝绿豆	太谷县绿宝种业有限公司	山西
26	风绿一号	河南省风光种业有限公司	河南
27	中绿 8 号	山西省运城县顺莉种业有限公司	山西
28	特早 66 绿豆	山西省运城县顺莉种业有限公司	山西

表1 41份绿豆种质资源及其来源(续表)

编号	名称	来源	省份
29	绿宝绿豆王	太谷县绿宝种业有限公司	山西
30	笨绿豆	河南洛阳原生态纯天然农家店	河南
31	小绿豆	沂蒙老陈家杂粮店	山东
32	明光绿豆	菏泽展创农业科技有限公司	山东
33	农家自种笨绿豆	河南南阳市好祥吃生态农园	河南
34	毛绿豆-1	山东省枣庄市峰城区阴平镇金寺村一生农庄	山东
35	光绿豆	江苏新泰种业批发有限公司	江苏
36	毛绿豆-2	山东省滨州市无棣县丰街道王白杨村四辈儿农家店	山东
37	新毛绿豆	山东潍坊金色农家	山东
38	农家自种小绿豆	福建省三明市百年前农家特产	福建
39	白城绿豆	黑龙江牡丹江市汤招弟养生食材	黑龙江
40	江苏绿豆	江苏宿迁皇家种业	江苏
41	东北小绿豆	黑龙江哈尔滨市老三五常大米店	黑龙江

## 1.2 试验设计

于2020—2021年分别在四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所广汉市高原村试验基地、成都市青白江区城厢镇前锋村试验基地、姚渡镇凉水村试验基地田间试验种植与性状调查,每份材料种植4行,行距0.45 m,行长4.8 m,株距0.27 m,每穴播种3~4粒,定苗2株,4次重复。其中高原村基地5月上旬播种,前锋村和凉水村基地6月下旬播种。性状调查项目严格按照国家农作物种质资源平台、国家作物科学数据中心《绿豆种质资源数据质量控制规范》和《绿豆种质资源描述规范与数据标准》记载<sup>[15]</sup>,调查质量性状包括生长习性、主茎色、叶形、叶色、粒色、花色、种皮光泽度、粒形、成熟荚色;数量性状包括全生育期天数(d)、株高(cm)、主茎分支数(个)、单株荚数(荚)、单荚粒数(个)、荚长(cm)、百粒重(g)、单株产量(g)。

于2020—2021年在常年有白粉病发生的四川省农业科学院经济作物育种栽培研究所青白江区姚渡镇凉水村试验基地,以及常年有绿豆病毒病发生的广汉市高原村试验基地,分别开展抗白粉病和病毒病田间鉴定。每份材料种4行,行长9.6 m,行距0.50 m,株距0.25 m,每穴3~4粒点播,均保留2株,3次重复。参照龙钰臣等<sup>[16]</sup>的方法于苗期、初花期、盛花期、成熟期统计各级发病株数,计算病情指数。病毒病统计方法参照Kumar等<sup>[17]</sup>和《绿豆种质资源数据质量控制规范》以及《绿豆种质资源描述

规范与数据标准》,0级:植株叶片正常;1级:植株叶片呈现轻微花叶;3级:植株叶片呈现中度花叶;5级:植株叶片呈现轻微皱缩或轻花叶皱缩;7级:植株叶片呈现明显花叶或皱缩或畸形;9级:植株叶片呈现重度花叶或花叶皱缩或坏死。白粉病统计方法参照Sumartini and Trustinah<sup>[18]</sup>和《绿豆种质资源数据质量控制规范》以及《绿豆种质资源描述规范与数据标准》,0级:叶片上无可见侵染;1级:菌体覆盖叶面积0.1%~10%;3级:菌体覆盖叶面积10%~35%;5级:菌体覆盖叶面积35%~65%;7级:菌体覆盖叶面积65%~90%;9级:菌体覆盖叶面积90%~100%。

## 1.3 数据处理

分别对生长习性等9个质量性状予以赋值,对生育期等8个数量性状进行10级分类处理,第1级 $[X_i < X - 2\&]$ 至第10级 $[X_i \geq X + 2\&]$ ,每0.5 $\&$ 划分为1级, $X$ 为平均值, $\&$ 为标准差, $X_i$ 为第*i*级中的数据<sup>[16,19]</sup>。利用Excel计算数量性状的平均值、标准差、变异系数<sup>[20-21]</sup>,并统计每一级的相对频次,计算多样性指数 $H'$ (Shannon-Weaver index),计算公式如下:

$$H' = - \sum_{i=1}^n P_i \times \ln P_i$$

式中, $H'$ 为Shannon-Weaver多样性指数,以2个年度3个试点田间试验数据的平均数据进行分析, $n$ 为某一性状表型级别的数目, $P_i$ 为某性状第*i*级别

内材料份数占总份数的百分比<sup>[23-24]</sup>。

主成分分析和聚类分析在 SPSS19.0 软件中进行,主成分分析参照 Rohlf 等的方法<sup>[22]</sup>,聚类分析参照刘洪等<sup>[25]</sup>采用 UPMGA 法进行聚类。

采用 Excel 软件计算病情指数(DI),计算公式如下:

$$DI = \frac{\sum(\text{各级病株数} \times \text{病级数})}{\text{调查总株数} \times \text{最高病级数}} \times 100 \quad (2)$$

抗性评价标准参照国家农作物种质资源平台、国家作物科学数据中心《绿豆种质资源数据质量控制规范》和《绿豆种质资源描述规范与数据标准》按病情指数划分。病毒病,高抗(HR): $DI < 2$ ;抗(R): $2 \leq DI < 10$ ;中抗(MR): $10 \leq DI < 20$ ;感(S): $20 \leq DI < 50$ ;高感(HS): $DI \geq 50$ 。白粉病,高抗(HR): $DI < 2$ ;抗(R): $2 \leq DI < 15$ ;中抗(MR): $15 \leq DI < 60$ ;感(S): $60 \leq DI$

$< 80$ ;高感(HS): $DI \geq 80$ 。

## 2 结果与分析

### 2.1 绿豆种质资源质量性状遗传多样性分析

从表2可以看出,9个质量性状的平均遗传多样性指数为0.704。其中,花色的遗传多样性指数最高,为0.938;成熟荚色因只有4份种质为褐色,其余均为黑色,故遗传多样性指数最低,仅为0.321。参试材料的株型以直立型为主,占61.0%。多数材料(24份)的分枝性处于中间水平,占48.9%。种皮颜色以绿色为主,仅有1份褐种皮材料和5份黑种皮材料。粒形以短圆柱形籽粒为主。叶形以卵圆形为主(31份),占75.6%。总体来说,遗传多样性指数排序为:花色>生长习性>叶色>粒形>主茎色>叶形>种皮光泽度>粒色>成熟荚色。

表2 9个质量性状变异分析

性状	类型	材料数	比例/%	多样性指数	性状	类型	材料数	比例/%	多样性指数
生长习性	直立	25	61.0	0.936	花色	浅黄	16	39.0	0.938
	半蔓生	7	17.1			黄	21	51.2	
	蔓生	9	21.9			黄带紫	4	9.8	
主茎色	绿	29	70.7	0.769	种皮光泽	光	28	68.3	0.625
	绿紫	9	22.0			毛	13	31.7	
	紫	3	7.3		粒形	短圆柱形	27	65.8	0.783
叶形	三角形	8	19.5	长圆柱形		12	29.3		
	卵圆形	31	75.6	球形		2	4.9		
	楔形	2	4.9	成熟荚色		黑	37	90.2	
裂叶形	—	—	褐		4	9.8			
叶色	浅绿	5	12.2		粒色	绿	35	85.4	0.481
	绿	29	70.7	黑		5	12.2		
	深绿	7	17.1	褐		1	2.4		

### 2.2 绿豆种质资源数量性状遗传多样性分析

表3分析结果显示,数量性状平均变异系数为15.35%,平均遗传多样性指数为1.975。其中,百粒重的遗传多样性最丰富,多样性指数为2.039,变异系数为10.48%。主茎分枝的变异系数最大,为24.04%,多样性指数为1.991。荚长的多样性最低,为1.902,变异系数也较低,为8.83%。生育期的变

异系数最小,为4.68%,多样性指数为1.920。此外,参试材料的株高平均为62.91 cm,主茎分枝平均为5.49个;单株荚数平均为21.69个,分枝较多、荚较长、单荚粒数多。各性状遗传多样性排序为百粒重>单荚粒数>单株荚数>主茎分枝>株高>单株产量>生育期>荚长。

表3 8个数量性状的变异参数

性状	平均值	极小值	极大值	标准差	变异系数	多样性指数
生育期/d	67.76	62.30	74.30	3.17	4.68%	1.920
株高/cm	62.91	40.00	96.90	13.32	21.17%	1.987
主茎分枝数	5.49	2.80	8.10	1.32	24.04%	1.991
单株荚数	21.69	11.60	33.80	5.04	23.24%	1.996
单荚粒数	12.09	10.40	13.60	0.78	6.45%	2.023
荚长/cm	10.30	8.60	12.77	0.91	8.83%	1.902
百粒重/g	6.01	4.90	7.30	0.63	10.48%	2.039
单株产量/g	15.67	8.62	27.25	3.74	23.87%	1.939
平均	—	—	—	—	15.35%	1.975

### 2.3 绿豆种质资源表型性状间的相关性和主成分分析

#### 2.3.1 相关性分析

分别对2020、2021年2年调查的8个数量性状进行相关性分析(表4),结果显示株高与生育期呈显著正相关,主茎分枝与生育期、株高呈极显著正相关,说明生育期对绿豆植株形态建成具有重要作

用。单株荚数与主茎分枝、生育期呈极显著负相关;百粒重与生育期、主茎分枝、荚长呈显著正相关,而与单株荚数、单荚粒数呈显著负相关;单株产量与单株荚数、单荚粒数分别呈极显著、显著正相关,而与主茎分枝、生育期分别呈极显著、显著负相关;其他性状没有显著的相关性。

表4 绿豆数量性状相关性分析

性状	生育期	株高	主茎分枝	单株荚数	单荚粒数	荚长	百粒重	单株产量
生育期	—	—	—	—	—	—	—	—
株高	0.318*	—	—	—	—	—	—	—
主茎分枝	0.651**	0.412**	—	—	—	—	—	—
单株荚数	-0.485**	-0.285	-0.640**	—	—	—	—	—
单荚粒数	-0.306	-0.093	-0.299	0.273	—	—	—	—
荚长	0.252	0.021	0.176	-0.048	0.274	—	—	—
百粒重	0.344*	0.237	0.362*	-0.361*	-0.352*	0.362*	—	—
单株产量	-0.393*	-0.205	-0.560**	0.887**	0.394*	0.205	0.014	—

注:\*代表在0.05水平下显著相关;\*\*代表在0.01水平下显著相关。

#### 2.3.2 主成分分析

对41份参试绿豆种质的17个性状进行主成分分析(图1、表5),前5个主成分对表型变异的累计贡献率达到了71.95%,包含了17个性状的绝大部分信息。将所有参试的绿豆种质作为一个混合群体,以每份材料的三维主成分数据绘制三维聚类图(图2)。前5个主成分中第1主成分的贡献率为19.88%,第一主成分对单株荚数和单荚粒数的贡献较大,其特征向量值分别为0.239和0.234,基本上代表的是形成产量相关的性状;第2主成分的贡献率为16.19%,其对种皮光泽和粒形的贡献较大,

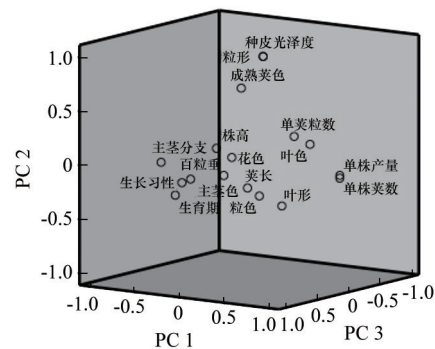


图1 17个性状三维主成分散点图

表5 前5个主成分的特征值及特征向量描述

特征向量	主成分因子				
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
生长习性	0.022	0.027	0.343	-0.155	0.077
主茎色	0.058	0.048	0.344	0.006	-0.029
叶形	-0.012	-0.045	-0.281	-0.176	0.239
叶色	0.206	-0.098	0.160	-0.147	0.148
粒色	-0.017	-0.137	-0.008	-0.364	0.004
花色	-0.109	0.009	0.023	-0.049	-0.565
种皮光泽	-0.021	0.332	-0.022	0.026	-0.057
粒形	-0.021	0.332	-0.022	0.026	-0.057
成熟莢色	0.047	0.281	0.146	-0.057	0.141
生育期	-0.136	-0.101	0.054	0.074	0.094
株高	-0.086	0.012	-0.053	-0.138	0.558
主茎分枝	-0.204	0.002	0.048	0.084	-0.019
单株莢数	0.239	-0.051	-0.036	0.025	-0.022
单莢粒数	0.234	0.138	0.150	0.097	0.073
莢长	0.103	-0.052	0.057	0.401	-0.020
百粒重	-0.143	-0.103	-0.187	0.298	-0.068
单株产量	0.237	-0.067	-0.080	0.188	-0.028
贡献率/%	19.884	16.192	15.428	12.010	8.434
累计贡献率/%	19.884	36.076	51.504	63.514	71.948

特征向量值均为0.332,基本上代表了籽粒特性相关的性状;第3主成分的贡献率为15.43%,其对生长习性和主茎色的贡献较大,特征向量值分别为0.343和0.344,基本上代表了植株生长习性的相关性状;第4主成分的贡献率为12.01%,其对粒色和莢长的贡献较大,特征向量值分别为-0.364和0.401,基本上代表的是莢和籽粒生长相关的性状;第5主成分的贡献率为8.43%,其对花色和株高的贡献最大,特征向量值分别为-0.565和0.558,代表的是植株株高相关的性状。

根据主成分分析结果,利用17个性状的前3个主成分得分绘制了三维主成分散点图(图2),图像显示41份参试材料大致分布在2个区域,分布在区域I的材料多为直立型材料,而分布在区域II的材料多为半蔓生或蔓生型材料。

### 2.4 绿豆种质资源聚类分析

基于17个性状的聚类分析表明,参试材料可分为5个类群(图3、表6)。其中,第I类群包含7份材料,株型多为直立,生育期在5个类群中最短,平均为65.3 d,属早熟品种,株高最低(53.6 cm),主茎

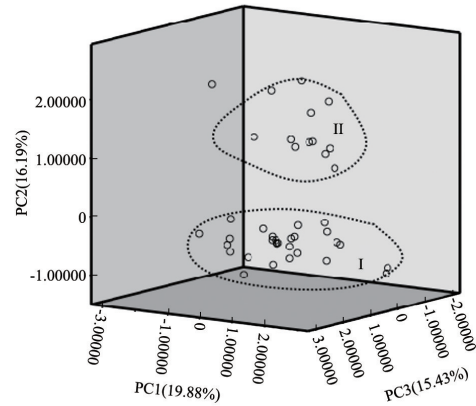


图2 41份种质资源三维主成分散点图

分枝最低(3.7个),粒色以绿色为主,粒形以短圆柱形为主,单株莢数和单莢粒数在5个类群中最高,分别为28.9和12.5,种皮光,百粒重平均为5.70 g。

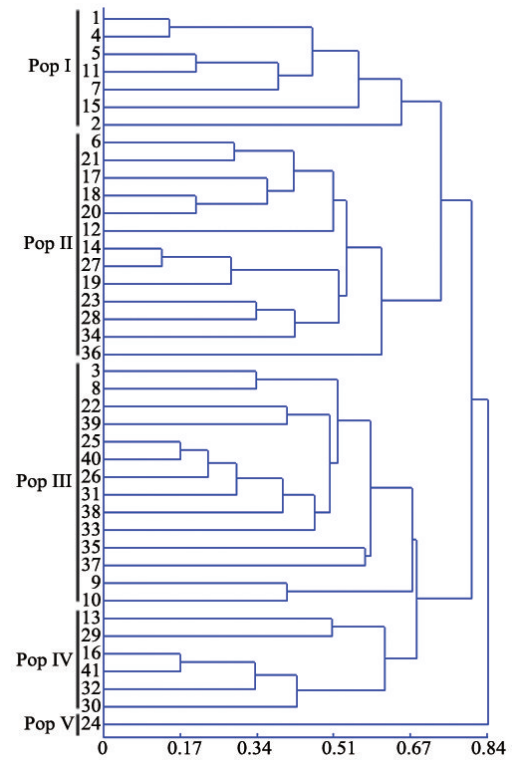


图3 41份种质资源基于表型数据的UPGMA聚类图

第II类群共包含13份材料,株型多为直立型,生育期平均为66.0 d,株高平均为64.0 cm,单株莢数和单莢粒数中等,平均分别为21.8个和12.2个,

表6 各类群数量性状的平均表现

组	生长习性	粒色	粒形	种皮光泽	生育期/d	株高/cm	主茎分枝	单株荚数	单荚粒数	荚长	百粒重/g	单株产量/g
I	直立	绿	短圆柱形	光	65.3	53.6	3.7	28.9	12.5	10.1	5.70	20.65
II	直立	绿	长圆柱形	毛	66.0	64.0	5.3	21.8	12.2	10.0	5.91	15.56
II	直立	绿	短圆柱形	光	69.9	71.9	6.3	19.0	11.8	10.6	6.43	14.39
IV	蔓生	绿	短圆柱形	光	70.0	54.3	6.4	20.0	12.2	10.9	5.76	13.95
V	直立	黑	短圆柱形	光	65.6	60.0	4.1	18.3	10.7	8.8	5.37	10.51

粒色均为绿色为主,粒形长圆柱形,种皮毛,百粒重5.91 g。

第Ⅲ类群包含14份材料,株型以蔓生为主,生育期较长(69.9 d),株高是5个类群中最高的,平均为71.9 cm,粒色均为绿色,粒形以短圆柱形为主,种皮光,百粒重6.43 g,是5个类群中最高的。

第Ⅳ类群包含6份材料,株型以直立型为主,生育期在5个类群中最高,平均为70.0 d,株高较低(54.3 cm),粒色多为绿色,粒形以短圆柱形为主,种皮光,百粒重5.76 g。

第Ⅴ类群仅有1份材料,收集自山西晋中太谷县的TG2020024,株型直立,生育期65.6 d,株高

60.0 cm,粒色黑色,粒形为短圆柱形,种皮光,百粒重最小,平均为5.37 g,属小籽粒材料。

## 2.5 病毒病与白粉病抗病性鉴定

田间自然发病鉴定结果显示(表7),参试材料对病毒病抗性较差,病情指数平均为31.66,处于感病水平,其中9份为中抗材料,4份为抗病材料,来自太谷县的绿宝黑绿豆病毒病病情指数最低,为6.77。参试材料对白粉病抗性较好,病情指数平均为51.25,处于中抗水平,其中11份为中抗材料,4份为抗病材料,1份为高抗材料,高抗材料是来自于重庆市农业科学院的渝绿9号,病情指数仅为1.98。

表7 2020–2021年41份种质资源的病毒病和白粉病抗性

序号	病毒病		白粉病		序号	病毒病		白粉病	
	病情指数	抗性	病情指数	抗性		病情指数	抗性	病情指数	抗性
1	14.25	中抗	22.17	中抗	22	45.33	感	72.27	感
2	19.18	中抗	24.94	中抗	23	38.94	感	81.67	高感
3	21.05	感	67.33	感	24	6.77	抗	14.61	抗
4	18.24	中抗	25.97	中抗	25	53.28	高感	68.25	感
5	26.11	感	69.22	感	26	28.99	感	67.33	感
6	24.15	感	64.77	感	27	43.12	感	75.14	感
7	18.77	中抗	10.46	抗	28	57.25	高感	68.99	感
8	27.15	感	73.28	感	29	15.21	中抗	29.78	中抗
9	23.22	感	47.28	中抗	30	9.88	抗	14.17	抗
10	7.57	抗	1.98	高抗	31	43.76	感	66.53	感
11	14.56	中抗	8.78	抗	32	16.58	中抗	28.63	中抗
12	21.11	感	65.37	感	33	57.14	高感	71.22	感
13	28.68	感	24.12	中抗	34	29.27	感	75.25	感
14	14.32	中抗	19.18	中抗	35	23.69	感	62.28	感
15	37.98	感	63.14	感	36	24.55	感	66.13	感
16	9.55	抗	17.26	中抗	37	60.22	高感	56.77	中抗
17	45.22	感	62.13	感	38	70.15	高感	62.15	感
18	40.69	感	83.95	高感	39	65.58	高感	69.56	感
19	32.74	感	68.58	感	40	46.88	感	80.13	高感
20	33.85	感	62.15	感	41	19.79	中抗	24.99	中抗
21	63.18	高感	63.22	感					

### 3 结果与讨论

绿豆种质资源是其理论研究、新品种选育和大田生产的重要基础<sup>[26]</sup>。目前,对绿豆种质资源的栽培技术和农艺性状、遗传多样性分析已有较多研究<sup>[1,14,16,19]</sup>,也有多种分子标记技术应用于绿豆种质资源鉴定、分类研究和性状发掘<sup>[6,27-28]</sup>。相对于分子标记,基于植物表型性状进行鉴定和分类更为直观且简便,可从整体上反映对象的多样性程度。本研究对41份绿豆材料的表型性状进行遗传多样性分析,对其病毒病和白粉病抗性进行鉴定评价,结果表明供试绿豆材料表现出丰富的多样性,其遗传多样性指数为0.321~2.039,质量性状平均遗传多样性指数为0.704,显著低于数量性状遗传多样性1.975,与其他绿豆种质的表型性状遗传多样性研究结果基本相同<sup>[16,19]</sup>。变异系数较低的性状如单株荚数、百粒重等多样性指数相对较高,表明遗传多样性指数的大小和变异系数的高低并不具有对应关系,这与万述伟等<sup>[29]</sup>对豌豆农艺性状的研究结果相一致,而与乔玲等<sup>[19]</sup>研究结果不一致。以上结果表明全国各地区的绿豆种质资源在长期的种植和驯化过程中,形成了独特的遗传变异特性。

作物产量由多基因控制的数量性状,与作物农艺性状密切相关<sup>[30]</sup>。陈红霖等<sup>[14]</sup>发现,国内外的481份绿豆材料中,其产量与单株荚数和荚宽呈显著正相关。朱慧珺等<sup>[25]</sup>对山西省的159份绿豆种质研究发现,其株高、单株荚数与产量呈极显著正相关,单荚粒数同产量存在相关性。康泽然等<sup>[31]</sup>对20个绿豆种质的单株产量研究发现,百粒重和单株荚数是影响其单株产量的主要因素。本研究表明,单株荚数和单荚粒数同产量呈显著正相关,荚长和百粒重同产量呈正相关,生育期和主茎分支同产量呈显著负相关,可通过上述指标筛选优异种质,同陈红霖等<sup>[14]</sup>、朱慧珺等<sup>[25]</sup>和康泽然等<sup>[31]</sup>研究结果一致。株高与生育期呈显著正相关,表明株高越高,生育期越长,可以通过矮化株型达到选育早熟品种的目的。生育期与单株荚数、单株产量呈极显著或显著负相关,因此可以适当缩短生育期,从而提高产量,为选择早熟高产的品种奠定理论基础。

聚类分析结果表明,来自全国11个省的41份参试材料被划分为5个类群,第I类群主要为矮秆、直立以及早熟资源,可作为育种优异亲本材料;第II类群主要是大籽粒材料,可作为改良绿豆籽粒大小的材料加以利用;第III类群主要是黑籽粒材料,可作为特色育种材料加以利用;第IV类群和第V类群主要为抗病材料,可作为挖掘病毒病和白粉病抗病基因的亲本材料。这5个类群种质资源的遗传距离一定程度上与地理来源相关,但并无一定的对应关系,表明参试材料并没有在地理上形成较大的种内遗传变异,这主要是由人为选择的复杂性及资源的共享性造成的。因此,在杂交育种选择亲本时,不能简单地以地理来源的差异及环境因素来判断遗传关系的远近,要具体情况具体分析<sup>[25,32]</sup>。

主成分分析共提取到5个主成分,能解释总性状71.95%的信息,高于龙钰臣等<sup>[16]</sup>研究结果。参试材料被前5个主成分大致划分为2个区域,且这2个区域的种质并无明显地理聚集现象,这相符合于聚类分析的结果。

有学者利用人工接菌法<sup>[33-34]</sup>对绿豆植株的病毒病和白粉病抗性进行鉴定,人工接菌法易使植株发病,但实际操作中易导致苗期发病过重、出苗不均匀等问题,本研究中采用的自然发病田块常年有绿豆病毒病和白粉病发生,试验中田块出苗均匀,植株从苗期到成熟期病害发展连续性好。病原菌孢子的萌发和侵染受环境影响,且植物的生长发育、抗性表达受环境影响也较大<sup>[35]</sup>。在田间自然发病鉴定的基础之上,还应当结合室内接种鉴定结果,来对绿豆种质资源的病毒病和白粉病抗性进行筛选和利用。因此,探索一套室内接种鉴定方法将成为筛选抗病种质资源的重点工作<sup>[16]</sup>。田间抗性鉴定结果显示,本研究中,抗病毒病4份材料中有2份属于第IV和第V类群,中抗病毒病9份材料中有3份属于第IV类群;高抗白粉病材料渝绿9号属于第III类群,抗病4份材料中有2份属于第IV和第V类群,中抗白粉病11份材料种有5份属于第IV类群。因此,第IV类群和第V类群中的材料在病毒病和白粉病抗性上更具潜在的开发价值。

综上所述,全国10个省的绿豆种质资源在长

期自然选择和本土驯化过程中,既发生着种内基因交流,又发生着遗传变异。

## 4 结论

以2个年度3个试点田间试验数据为基础,对全国10省区收集到具有代表性的41份绿豆种质资源的主要农艺性状进行了评价,并分析了这些资源的表型遗传多样性和病毒病、白粉病抗性水平,获得如下结论:

1) 41份绿豆种质资源遗传多样性丰富,遗传多样性指数为0.321~2.039,数量性状的遗传多样性明显高于质量性状。数量性状中百粒重的多样性指数最高,荚长的多样性指数最低,分别为2.039和1.902,各性状遗传多样性排序为百粒重>单荚粒数>单株荚数>主茎分枝>株高>单株产量>生育期>荚长;质量性状中,花色的多样性指数最高,成熟荚色的多样性指数最低,分别为0.938和0.321,各性状遗传多样性指数排序依次是:花色>生长习性>叶色>粒形>主茎色>叶形>种皮光泽度>粒色>成熟荚色。

2) 株高与生育期呈显著正相关,主茎分枝与生育期、株高呈极显著正相关。单株荚数与主茎分枝、生育期呈极显著负相关;百粒重与生育期、主茎分枝、荚长呈显著正相关,而与单株荚数、单荚粒数呈显著负相关;单株产量与单株荚数、单荚粒数分别呈极显著、显著正相关,而与主茎分枝、生育期分别呈极显著、显著负相关;其他性状没有显著相关性。

3) 通过对41份参试绿豆种质的17个性状进行主成分分析,前5个主成分对表型变异的累计贡献率达到了71.95%,分别为产量构成因子、籽粒特性因子、植株生长习性因子、荚和籽粒特性因子、植株株高和株型因子。

4) 聚类分析将41份种质资源聚为5大类群,第I类群主要为矮秆、直立以及早熟资源,共包含7份材料;第II类群主要是大籽粒材料,共包含13份材料;第III类群主要是黑籽粒材料,共包含14份材料;第IV类群和第V类群主要为抗病材料,分别包

含4份和1份材料。

5) 经病毒病抗性鉴定,从41份种质资源中筛选出中抗资源9份,抗病资源4份;经白粉病抗性鉴定,从41份种质资源中筛选出中抗资源11份,抗病资源4份,高抗资源1份。

## 参考文献(References)

- [1] 叶卫军, 陈圣男, 杨勇, 等. 绿豆 SSR 标记的开发及遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2019, 45(8): 1176-1188.
- [2] Ganesan K, Xu B J. A critical review on phytochemical profile and health promoting effects of mung bean(*Vigna radiata*)[J]. Food Science and Human Wellness, 2018, 7(1): 11-33.
- [3] 代顺冬, 蒋秋平, 叶鹏盛, 等. 四川绿豆优质高效生产技术[J]. 四川农业科技, 2021(1): 28-30.
- [4] Nair R M, Yang R Y, Easdown W J, et al. Biofortification of mungbean (*Vigna radiata*) as a whole food to enhance human health[J]. Journal of the science of food and agriculture, 2013, 93(8): 1805-1813.
- [5] Mekhara N S, Bukkan D S. A review on nutritional composition, antinutritional components and health benefits of green gram (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) [J]. Journal of Food Biochemistry, 2021, 45(6): 13743.
- [6] 孙蕾. 抗豆象基因等位性鉴定及栽培绿豆 V2709 抗豆象遗传与分子标记[D]. 北京: 中国农业科学院作物科学系, 2007.
- [7] Bisht I S, Mahajan R K, Patel D P. The use of characterization data to establish the Indian mungbean core collection and assessment of genetic diversity[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 1998, 45(2): 127-133.
- [8] Rana J C, Sharma T R, Tyagi R K, et al. Characterisation of 4274 accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm conserved in the Indian gene bank for phenological, morphological and agricultural traits[J]. Euphytica, 2015, 205(2): 441-457.
- [9] Nair R M, Pandey A K, War A R, et al. Biotic and abiotic constraints in mungbean production—progress in genetic improvement[J]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10(10):1340.
- [10] Nair R M. The Mungbean Genome[M]. Hyderabad: World Vegetable Center ICRISAT Campus, 2020: 9-25.
- [11] 沈颖超, 张志肖, 孙素丽, 等. 绿豆种质资源枯萎病抗性鉴定及抗性资源筛选[J]. 植物遗传资源学报, 2022,

- 23(6): 1660-1669.
- [12] Saxena K B. Genetic enhancement in major food legumes [M]. Telangana: International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT), 2021: 1-12.
- [13] Brush S B. Genetic erosion of crop populations in centers of diversity: A revision[C]//Proceedings of the Technical Meeting on the Methodology of the FAO World Information And Early Warning System on Plant Genetic Resources. Prague, Czech Republic: Research Institute of Crop Production, 1999: 21-23.
- [14] 陈红霖, 胡亮亮, 杨勇, 等. 481份国内外绿豆种质农艺性状及豆象抗性鉴定评价及遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(3): 549-559.
- [15] 程须珍. 绿豆种质资源描述规范与数据标准[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2006: 1-2.
- [16] 龙珏臣, 张继君, 张晓春, 等. 重庆绿豆新收集种质资源的遗传多样性分析及抗枯萎病鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(5): 1167-1174.
- [17] Kumar R R, Rajabaskar D, Balakrishnan N, et al. Influence of weather parameters with incidence of mung bean yellow mosaic virus (MYMV) disease and its vector population in *Vigna radiata* (L.) Wilczek[J]. Annals of Plant Protection Sciences, 2019, 27(2) : 241-246.
- [18] Sumartini T. Evaluation of mung bean lines for resistance to leaves spot and powdery mildew diseases in the green house[J]. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 2021, 743(1): 1-7.
- [19] 乔玲, 陈红霖, 王丽侠, 等. 国外绿豆种质资源农艺性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(5) : 986-993.
- [20] 马育华. 植物育种的量遗传学基础[M]. 南京: 江苏科技出版社, 1996: 98-107.
- [21] 刘来福, 毛盛贤, 黄远樟. 作物数量遗传[M]. 北京: 农业出版社, 1984: 39-43.
- [22] Rohlf F J. NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.2[EB/OL]. (2017-02-04) [2023-01-17]. <https://www.scirp.org/reference/ReferencesPapers.aspx?ReferenceID=1968221>.
- [23] 聂石辉, 彭琳, 王仙, 等. 鹰嘴豆种质资源农艺性状遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(1): 64-70.
- [24] 朱慧珺, 张耀文, 赵雪英, 等. 山西省绿豆种质资源的遗传多样性分析[J]. 山西农业科学, 2019, 47(9): 1540-1543, 1602.
- [25] 刘洪, 徐振江, 饶得花, 等. 基于形态学性状和SSR标记的花生品种遗传多样性分析和特异性鉴定[J]. 作物学报, 2019, 45(1): 26-36.
- [26] Gayacharan A, Kuldeep T, Surendra M, et al. Understanding genetic variability in the mungbean (*Vigna radiata* L.) genepool[J]. Annals of Applied Biology, 2020, 177(3) : 346-357.
- [27] 叶卫军, 杨勇, 张丽亚, 等. 基于分子标记的安徽省绿豆种质资源遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(14): 4782-4789.
- [28] 黄年英. 绿豆种质萌发期耐旱鉴定和遗传多样性分析[D]. 荆州: 长江大学作物科学系, 2021.
- [29] 万述伟, 宋凤景, 郝俊杰, 等. 271份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(1): 10-18.
- [30] 刘彬, 赵雨露, 杨鑫雷, 等. 251份藜麦种质资源遗传多样性及分子身份证构建[J]. 植物遗传资源学报, 2022, 23(3): 706-721.
- [31] 康泽然, 王晓磊, 魏云山, 等. 绿豆种质资源主要农艺性状、经济性状遗传多样性分析及综合评价[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(21): 36-41.
- [32] War A R, Murugesan S, Boddepalli V N, et al. Mechanism of resistance in mungbean [*Vigna radiata* (L.) R. Wilczek var. *radiata*] to bruchids, *Callosobruchus* spp. (Coleoptera: Bruchidae) [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 1031.
- [33] Kumar R R, Rajabaskar D, Balakrishnan N, et al. Influence of weather parameters with incidence of Mung bean yellow mosaic virus (MYMV) disease and its vector population in *Vigna radiata* (L.) Wilczek[J]. Annals of Plant Protection Sciences, 2019, 27(2): 241-246.
- [34] Sumartini T. Evaluation of mungbean lines for resistance to leaves spot and powdery mildew diseases in the green house[J]. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 2021, 743(1): 1-8.
- [35] Karmjit S, Sarabjot K S. Whitefly dynamics and disease incidence as influenced by growing environment and weather parameters in Kharif mungbean[J]. Agricultural Research Journal, 2019, 56(2) : 340-344.

## Genetic diversity analysis and disease resistance identification of 41 mung bean germplasm resources

LIU Yong, YE Pengsheng\*, WEI Shugu, ZENG Hualan, DAI Shundong, LAI Jia, HUANG Ling, SUN Xiaofang, SHENG Yuzhen

Industrial Crop Research Institute of Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610300, China

**Abstract** Based on the data of three pilot field trials in two years, the main agronomic characters of 41 representative mung bean germplasm resources collected from 10 provinces and regions in China were evaluated, and the phenotypic genetic diversity and resistance level of these resources to mung bean yellow mosaic virus (MYMV) disease and powdery mildew were analyzed. The results showed that the genetic diversity of 41 mung bean germplasm resources was rich, with the genetic diversity index ranging from 0.321 to 2.039. The genetic diversity of quantitative traits was significantly higher than that of quality traits. The diversity index of 100-seeds weight was the highest, and the diversity index of pod length was the lowest. The diversity index of flower color was the highest and that of mature pod color was the lowest among the quality traits. The 41 germplasm resources were grouped into five groups by cluster analysis. The first group were mainly dwarf, erect and early-maturing resources, which could be used as excellent parent materials for breeding. The second group were mainly large-seeded materials, which could be used to improve the grain size of mung bean. The third group were mainly black seed materials, which could be used as characteristic breeding materials. The fourth and fifth groups were mainly disease-resistant materials, which could be used as parent materials for mining mung bean yellow mosaic virus and powdery mildew disease-resistant genes. Among the 41 germplasm resources, 9 mediumly resistant genotypes, 4 resistant genotypes were identified to mung bean yellow mosaic virus (MYMV) disease, 11 mediumly resistant genotypes, 4 resistant genotypes and 1 highly resistant genotype were identified to powdery mildew. The principal component analysis (PCA) of qualitative and quantitative traits suggested that five principal component factors might contribute 71.95% of phenotypic variation.

**Keywords** mung bean; germplasm resources; genetic diversity; virus disease resistance; powdery mildew resistance ●



(责任编辑 徐丽娇)