

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

陈红霖¹, 胡亮亮¹, 杨 勇², 郝曦煜³, 李姝彤⁴, 王素华¹, 王丽侠¹, 程须珍¹

(¹ 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; ² 安徽省农业科学院作物研究所, 合肥 230031;

³ 白城市农业科学院, 吉林白城 137000; ⁴ 张家口市农业科学院, 河北张家口 075000)

摘要: 以来自 21 个国家和地区的 481 份绿豆种质资源为试验材料, 通过 3 个年度 4 个试点的主要农艺性状评价, 分析了 9 个质量性状和 12 个数量性状的遗传变异水平。结果表明: 481 份绿豆种质资源的主要表型性状变异丰富。不同环境条件下 12 个数量性状变异系数为 5.32%~76.18%, 其中小区产量、单株荚数等性状变异系数较高; 遗传多样性指数为 1.573~2.078, 其中株高、百粒重等性状遗传多样性指数较高; 相关性分析发现生育期与株高、主茎节数和主茎分枝均呈显著或极显著的正相关, 说明生育期对绿豆形态建成具有重要的作用; 聚类分析将 481 份种质材料聚为 4 大类群, 其中第 I 类群多为矮秆、直立、大籽粒以及早熟种质, 可作为育种的优异亲本材料。如大粒种质 C06287、洮绿 3 号、VC4059A 和苏绿 1 号的百粒重均在 6.50g 以上, 可作为改良绿豆籽粒大小的材料加以利用; 早熟种质 C01075、C01234、C01249 在 4 个试点都表现出生育期较短, 可作为发掘早熟基因的亲本材料; 矮秆种质辽绿 28 号、VC1562A 和潍 9002-341, 可作为抗倒伏育种研究的亲本材料; 高抗豆象种质如 C05199、C05202 和 C05528, 可作为绿豆抗豆象育种的亲本材料。通过对数量性状进行主成分分析, 6 个主成分因子对表型变异的累计贡献率达到了 83.41%。本研究通过综合评价 481 份绿豆种质资源的遗传多样性, 旨在为绿豆的遗传育种和种质创新提供理论基础。

关键词: 绿豆; 农艺性状; 豆象抗性; 遗传多样性; 聚类分析; 主成分分析

Evaluation and Genetic Diversity Analysis of Agronomic Traits and Bruchid Resistance Using 481 Worldwide Mungbean Germplasms

CHEN Hong-lin¹, HU Liang-liang¹, YANG Yong², HAO Xi-yu³, LI Shu-tong⁴,

WANG Su-hua¹, WANG Li-xia¹, CHENG Xu-zhen¹

(¹ Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; ² Crop Institute of Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei 230031; ³ Baicheng Academy of Agricultural Sciences, Jilin Baicheng 137000;

⁴ Zhangjiakou Academy of Agricultural Sciences, Hebei Zhangjiakou 075000)

Abstract: By taking use of 481 mungbean germplasms that were collected from 21 countries (or regions), the phenotypic variations at nine qualitative traits and 12 quantitative traits were evaluated at four locations in a frame of three years. The abundant phenotypic variations were observed in these mungbean germplasms. The coefficient of variations of 12 quantitative traits ranged from 5.32% to 76.18% under different environmental conditions, of which, the grain yield per plot and the number of pods per plant had higher coefficient of variation; the genetic diversity index ranged from 1.573 to 2.078, and the plant height and 100-seed weight had the higher

收稿日期: 2019-07-17 修回日期: 2019-08-28 网络出版日期: 2019-12-18

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20190717003>

第一作者研究方向为绿豆种质资源评价鉴定及创新利用研究, E-mail: chenhonglin@caas.cn

通信作者: 程须珍, 研究方向为食用豆遗传资源研究, E-mail: chengxuzhen@caas.cn

基金项目: 国家重点研发计划 (2018YFD1000703, 2018YFD1000700); 中国农业科学院科技创新工程 (CAAS-ASTIP); 农作物种质资源保护与利用专项 (2018NWB036-07); 现代农业产业技术体系 (CARS-08)

Foundation project: the National Key R&D Program of China (2018YFD1000703, 2018YFD1000700), Scientific Innovation Program of the Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS-ASTIP), Project of Crop Germplasm Resources Protection (2018NWB036-07), Chinese Agricultural Research System (CARS-08)

genetic diversity index. The growth period was observed to be significant or extremely significant positive correlated with other traits such as plant height, number of stem node and number of branches on main stem, thus implying an important role in mungbean morphogenesis. The cluster analysis suggested four major groups of which the first group included the germplasms showing dwarf, erect, large seeds and early-maturation. These germplasm resources might show a potential as excellent parent materials for breeding. For example, the 100-seed weight of a few accessions (e.g.C06287, Taolv 3, VC4059A and Sulv 1) were higher than 6.50 g, which could be used as materials for improving the seed size of mungbean. The growth period of accessions C01075, C01234, and C01249 were shorter, which might carry functional genes causing early-maturation; Liaolv 28, VC1562A and Wei 9002-341 could be used as parent materials for lodging resistance breeding; C05199, C05202 and C05528 could be used as parent materials for mungbean bruchid-resistance breeding. Finally, the principal component analysis (PCA) of quantitative traits suggested that six principal component factors might contribute 83.41% of phenotypic variation. In summary, this article aims to provide a theoretical basis for genetic breeding and germplasm innovation of mung bean by comprehensively evaluating the genetic diversity of 481 mung bean germplasm resources.

Key words: mungbean; agronomic traits; bruchid resistance; genetic diversity; cluster analysis; principal components analysis

绿豆主要分布在温带、亚热带及热带地区,在印度、中国、泰国、缅甸和菲律宾等东南亚国家种植最为广泛。绿豆是我国主要杂粮作物,产区主要集中在黄淮河流域与长江下游及东北、华北、西北地区。绿豆经济价值高,粮菜兼用、医食同源,被广泛应用于食品、酿造和医药等行业。绿豆的生育期短,适播期长,具有抗旱、耐瘠薄,适应性广,固氮养地等特性。随着社会经济的发展和人们生活水平的不断提高,绿豆产品越来越受到市场的青睐,绿豆生产也因此越来越受到人们的重视,大力发展绿豆生产是优化农业产业结构,增加农民收入的有效途径^[1]。

中国是绿豆原产地,种质资源十分丰富,但是近年来,由于生产上使用的品种亲本来源比较单一,在绿豆育种取得较大进展的同时也引起品种遗传基础日趋狭窄。同时,新品种的育成和推广使原有地方品种逐渐被淘汰,致使许多优良等位基因丢失^[2-3]。因此,绿豆种质资源的广泛搜集和妥善保存显得越来越重要。绿豆种质资源的遗传多样性和研究深入程度在一定程度上决定了绿豆育种未来的发展水平。

种质资源的多样性是改良育种工作的基础,农艺性状尤其是产量和抗性相关性状是评价绿豆种质资源优劣的两大重要性状,这些性状大多为数量性状遗传,由微效多基因控制,易受环境因素影响。通过形态性状、生理性状及生态地理分布等特征为遗传标记研究物种间的关系、分类和鉴定,具有简单、直观和迅速等优点,是研究种质资源多样性的直接

途径^[4]。国内外已有从形态学标记^[5-9]、DNA 分子标记^[10-11]等方面研究绿豆遗传多样性的报道,并构建了绿豆核心种质^[12-13]。绿豆种质资源形态学上的多样性包括植株、茎、叶、籽粒等不同部位的表型性状及生育期、产量和种植区域等特征。本研究选用国家种质库保存的 481 份国内外绿豆种质,于 2016-2018 年分别在北京、吉林白城、安徽合肥和河北张家口 4 个试验基地种植,对茎色、粒色、叶形、生长习性等 9 个质量性状,生育期、株高、百粒重、单株荚数、单荚粒数、荚长、荚宽等 12 个数量性状,以及种子对豆象的抗性评价等进行了调查,采用表型变异、多样性指数、聚类和主成分分析等方法,综合评价了绿豆种质资源的遗传多样性,并筛选出一些具有粒大、早熟、抗倒伏和高抗豆象等优异性状的绿豆种质,旨在为绿豆杂交育种,种质资源搜集、保存和创新利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

481 份参试绿豆材料均来自中国农业科学院作物科学研究所国家种质资源库,涵盖了北美洲、大洋洲、非洲和亚洲等的 21 个国家,包括中国国内种质 339 份,其中来自河南 41 份,河北 32 份,吉林 31 份,北京 30 份,安徽 28 份,山东 25 份,湖北 20 份,陕西 17 份,内蒙古 16 份,山西 12 份,辽宁 8 份,四川、江苏和海南各 7 份,天津、江西、湖南、贵州和甘肃各 6 份,新疆、宁夏、黑龙江和广西各 5 份,广东

4 份, 台湾 3 份, 云南 1 份; 国外材料共 142 份, 其中来自印度 30 份, 菲律宾 25 份, 俄罗斯 21 份, 韩国 13 份, 阿富汗 11 份, 伊朗 7 份, 巴基斯坦 5 份, 泰国、越南和印度尼西亚各 4 份, 斯里兰卡 3 份, 朝鲜、美国、土耳其、伊拉克、科特迪瓦和危地马拉各 2 份, 日本、墨西哥和尼泊尔各 1 份。

1.2 试验地点及设计

试验于 2016-2018 年, 分别在中国农业科学院作物科学研究所北京顺义试验基地、张家口市农业科学院沙岭子试验基地、白城市农业科学院白城试验基地和安徽省农业科学院合肥试验基地种植, 每份材料种植 1 行, 行长 2 m, 行距 50 cm, 株距 20 cm, 双粒点播, 2 株均保留, 2 次重复。其中白城点和张家口试点为春播区, 播种时间在 5 月中旬; 北京和合肥试点为夏播区, 播种时间在 6 月中下旬。

1.3 调查和考种性状

农艺性状和豆象抗性鉴定严格按照《绿豆种质资源描述规范与数据标准》进行^[14], 自出苗后调查了 21 个主要农艺性状, 包括 9 个质量性状: 叶色、幼茎色、叶形、叶尖形、生长习性、荚形、荚色、粒色和种皮光泽; 12 个数量性状: 株高、叶面积、主茎节数、主茎分枝数、单株荚数、荚长、荚宽、单荚粒数、百粒重、小区产量、全生育期和豆象抗性。种子豆象抗性鉴定采用室内人工接虫方法, 豆象抗性评价根据种子抗豆象率进行虫害级别划分。

1.4 数据处理和分析

对数量性状做 10 级分类处理: 1 级 < $X-2\delta$, 10 级 $\geq X+2\delta$, 中间每级间隔 0.5δ , X 为平均值, δ 为标准差; 对质量性状按照《绿豆种质资源描述规范与数据标准》^[14]予以赋值。利用 Excel 和 SPSS 19 软件对表型数据进行统计分析, 计算每个性状的平均值、标准差以及变异系数。依据 Shannon-Weaver 法^[15]计算表型性状的多样性指数。利用 SPSS 软件对不同数量性状间进行相关性分析。利用 R 语言计算品种间的遗传相似系数, 并用类平均法和“ape”包进行聚类分析和绘图, 最后利用 R 语言的“rgl”包进行主成分分析。

2 结果与分析

2.1 绿豆主要质量性状表型变异分析

综合分析 481 份种质资源 9 个质量性状的变异分布情况(表 1), 叶色以常见的绿色为主, 叶色较浅和较深的变异类型较少; 幼茎色表现为紫色与绿色的比例接近于 4 : 1; 粒色以绿色为主, 黄色、褐色、蓝青色和黑色所占比例较少; 种皮光泽度表现为光和毛所占比例大于 3 : 1; 叶形以卵圆形为主, 三角形、楔形和裂叶形所占比例极小; 荚色以黑色为主, 黄色较少; 荚形有圆筒形、扁圆形、羊角形和弓形; 生长习性以直立为主, 半蔓生和蔓生较少。

表 1 质量性状表型分析

Table 1 The qualitative traits investigated in this study

性状	类型	材料数	比例 (%)	性状	类型	材料数	比例 (%)
Traits	Type	No.	Percentage	Traits	Type	No.	Percentage
叶色 LC	1 浅绿	34	7.07	种皮光泽 LSS	1 光	368	76.51
	2 绿	338	70.27		2 毛	113	23.49
	3 深绿	109	22.66	叶尖形 LTS	1 锐尖	8	1.66
幼茎色 YSC	1 绿	110	22.87		2 尖	241	50.10
	2 紫	371	77.13		3 钝尖	232	48.23
粒色 SC	1 黄	20	4.16	荚色 PC	1 黑	460	95.63
	2 绿	435	90.44		2 黄	21	4.37
	3 褐	6	1.25	荚形 PS	1 圆筒形	166	34.51
	4 蓝青	8	1.66		2 扁圆形	219	45.53
	5 黑	12	2.49		3 羊角形	70	14.55
叶形 LS	1 三角形	6	1.25		4 弓形	26	5.41
	2 卵圆形	456	94.8	生长习性 GH	1 直立	339	70.48
	3 楔形	12	2.49		2 半蔓生	125	25.99
	4 裂叶形	7	1.46		3 蔓生	17	3.53

LC: Leaf color, YSC: Young stem color, SC: Seed color, LS: Leaf shape, LSS: Lustre on seed surface, LTS: Leaf tip shape, PC: Pod color, PS: Pod shape, GH: Growth habit

2.2 绿豆主要数量性状表型变异分析

2.2.1 不同环境条件下绿豆种质数量性状表型变异
对来自北京、张家口、白城和合肥的 481 份参试材

料的 12 个数量性状表型平均值(表 2)及表现变异(表 3)进行统计分析,多样性指数(I)反映了群体各性状表型的多样性和丰富性,变异系数(CV)反

表 2 不同环境下绿豆数量性状表型平均值比较

Table 2 The mean values of quantitative traits of mungbean in different environments

性状 Traits	平均值 $\pm$ 标准差 Mean $\pm$ SD			
	合肥 Hefei	北京 Beijing	张家口 Zhangjiakou	白城 Baicheng
生育期(d)GP	67.68 $\pm$ 12.30	90.66 $\pm$ 38.76	82.89 $\pm$ 4.41	94.61 $\pm$ 8.57
株高(cm)PH	99.02 $\pm$ 31.51	109.17 $\pm$ 20.17	59.23 $\pm$ 19.65	105.74 $\pm$ 24.18
叶面积(cm ²)LA	103.76 $\pm$ 29.14	102.67 $\pm$ 29.40	99.27 $\pm$ 29.56	105.15 $\pm$ 28.89
主茎节数NSN	12.05 $\pm$ 2.43	13.34 $\pm$ 2.50	11.27 $\pm$ 2.15	15.09 $\pm$ 2.23
主茎分枝NBR	5.58 $\pm$ 3.65	4.84 $\pm$ 1.40	3.36 $\pm$ 1.67	4.77 $\pm$ 1.34
单株荚数NPP	24.33 $\pm$ 14.88	20.40 $\pm$ 15.54	27.45 $\pm$ 20.42	43.47 $\pm$ 21.44
荚长(cm)PDL	9.29 $\pm$ 1.46	9.19 $\pm$ 1.48	9.19 $\pm$ 1.88	10.28 $\pm$ 2.07
荚宽(cm)PDW	0.53 $\pm$ 0.06	0.53 $\pm$ 0.05	0.50 $\pm$ 0.07	0.51 $\pm$ 0.07
单荚粒数NSP	11.58 $\pm$ 1.25	12.21 $\pm$ 1.47	11.64 $\pm$ 2.07	12.77 $\pm$ 1.63
百粒重(g)HSW	5.18 $\pm$ 1.25	4.70 $\pm$ 1.02	4.73 $\pm$ 1.18	5.15 $\pm$ 1.16
小区产量(g)GYP	86.89 $\pm$ 48.99	65.48 $\pm$ 47.87	78.34 $\pm$ 52.37	93.74 $\pm$ 65.59
抗豆象率(%)RBR	2.83 $\pm$ 0.11	3.89 $\pm$ 0.13	3.35 $\pm$ 0.12	3.35 $\pm$ 0.12

GP: Growth period, PH: Plant height, LA: Leaf area, NSN: Number of stem node, NBR: Number of branches on main stem, NPP: Number of pods per plant, PDL: pod Length, PDW: Pod width, NSP: Number of seeds per pod, HSW: 100-seeds weight, GYP: grain yield per plot, RBR: Rate of bruchid resistance. The same as below

表 3 不同环境下绿豆数量性状表型变异

Table 3 The phenotypic variation of quantitative traits under different environmental conditions

性状 Traits	合肥 Hefei		北京 Beijing		张家口 Zhangjiakou		白城 Baicheng	
	多样性 指数 I	变异系数(%) CV	多样性 指数 I	变异系数(%) CV	多样性 指数 I	变异系数(%) CV	多样性 指数 I	变异系数(%) CV
生育期 GP	1.619	18.17	1.965	42.75	1.852	5.32	1.743	9.06
株高 PH	1.915	31.82	1.992	18.48	1.853	33.18	2.030	22.87
叶面积 LA	1.898	28.08	2.003	28.64	1.987	29.78	1.935	27.48
主茎节数 NSN	1.901	20.17	2.014	18.74	1.881	19.08	1.958	14.78
主茎分枝 NBR	2.070	65.41	1.980	28.93	1.787	49.70	2.052	28.09
单株荚数 NPP	1.872	61.16	1.813	76.18	1.806	74.39	1.827	49.32
荚长 PDL	1.951	15.72	1.984	16.10	1.841	20.46	1.781	20.14
荚宽 PDW	1.945	11.32	1.877	9.43	1.879	14.00	1.759	13.73
单荚粒数 NSP	2.018	10.79	1.833	12.04	1.770	17.78	1.778	12.76
百粒重 HSW	2.078	24.13	2.008	21.70	1.834	24.95	1.794	22.52
小区产量 GYP	1.922	56.38	1.871	73.11	1.573	66.85	1.694	69.97
抗豆象率 RBR	1.749	11.65	1.765	13.36	1.756	12.40	1.760	12.40

映了群体各性状表型值的离散程度。结果表明,株高、生育期、百粒重等数量性状变异丰富,且易受到环境条件的影响。其中,生育期表型平均值在合肥试点最短,在白城试点最长,可能是由于合肥试点在绿豆整个生育期内比白城试点平均气温高,更有利于绿豆的生长;植株长势相关性状如株高、主茎节数、主茎分枝、叶面积等性状表型平均值在张家口试点明显低于其他 3 个试点;产量相关性状如百粒重、小区产量、荚长等性状表型平均值在北京和张家口试点较低,在白城和合肥试点较高;抗豆象率在 4 个试点均较低,说明绝大多数绿豆种质不抗豆象,筛选出的 3 份高抗豆象种质(C05199、C05202、C05528)均来源于亚洲蔬菜研究和发展中心,还有其他 4 份抗豆象种质和 13 份中抗豆象种质,这些均可作为绿豆抗豆象育种研究的亲本材料。

生育期性状表型变异幅度在北京试点明显大于其他 3 个试点,多样性指数在 4 个试点中也最大;植株长势相关性状如株高、主茎节数、主茎分枝等性状表型变异幅度在合肥和张家口试点较大,在北京和白城试点较小;产量相关性状如单株荚数和小区产量在北京试点变异幅度最大,而荚长、荚宽、单荚粒数和百粒重在张家口试点变异幅度最大;抗豆象率在 4 个试验点表现较为稳定,变异幅度差异较小,多样性指数较低。

2.2.2 不同年份绿豆种质数量性状表型差异 不同年份参试绿豆种质资源各数量性状分别在北京、张家口、白城和合肥 4 个试点的表型变化趋势见图 1。生育期和株高除了在张家口试点较稳定外,在合肥、北京和白城试点不同年份间差异较大,在 2018 年表现出生育期最长,植株最高;不同年份间比较发现主茎节数在合肥和张家口试点表现较稳定,在北京和白城试点差异较大;主茎分枝数在张家口和白城试点表现较稳定,但在合肥和北京试点不同年份间差异较大;单株荚数在 4 个试点不同年份间差异均明显,北京试点在 2017 年单株荚数最多,其他 3 个试点在 2018 年单株荚数表现最多;荚长在合肥试点表现较稳定,但在北京、张家口和白城试点不同年份间差异较大,在 2018 年白城试点荚最长,但北京和张家口试点在 2017 年荚最长;荚宽在北京试点不同年份间差异较大,2016 年在北京荚宽最大,而在其他 3 个试点不同年份间较稳定;单荚粒数和百粒重在白城和白城试点不同年份间差异较大,且均在 2018 年达到最大,而合肥和张家口试点在不同年份间表现稳定;小区产量在合肥、张家口和白城试

点不同年份间差异较大,在北京试点表现稳定;叶面积在 4 个试点不同年份间差异均较大,在 2018 年叶面积最大,在 2016 年叶面积最小;抗豆象率在 4 个试点不同年份间表现稳定。另外,大部分性状在北京试点不同年份间差异较大,而在张家口试点最为稳定。生育期和长势相关性状如株高、主茎节数等在 2018 年达到最大,可能是因为 2018 年的温度、降雨量等自然条件更适宜绿豆生长。

2.3 绿豆数量性状相关性分析

分别对 2016-2018 年 3 年调查的 12 个数量性状进行相关性分析(表 4)。株高与生育期呈极显著正相关,主茎节数与生育期、株高呈极显著正相关,主茎分枝与生育期、株高呈显著正相关,可见株高、主茎节数、主茎分枝等植株长势相关性状间分别呈显著或极显著正相关,且均与生育期呈显著或极显著正相关,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呈极显著正相关;荚长与生育期呈显著负相关,而与株高呈显著正相关;荚宽与生育期、主茎节数、主茎分枝呈显著负相关,与株高、荚长呈极显著正相关;单荚粒数与荚长呈极显著正相关;百粒重与生育期呈显著负相关,与株高呈显著正相关,与荚长、荚宽呈极显著正相关;小区产量与荚宽呈显著正相关,与单株荚数呈极显著正相关;叶面积与株高呈显著负相关,与荚长、荚宽、百粒重呈极显著正相关;其他性状没有显著的相关性。

2.4 绿豆品种数量性状表型聚类分析

2.4.1 481 份绿豆品种间的聚类分析 对 481 份绿豆品种 12 个数量性状的表型鉴定数据进行聚类分析,分成了 4 个类群(图 2,表 5)。第 I 类群有 266 份种质材料,该群包含的材料最多,其中,中国材料 193 份,印度 18 份,俄罗斯 15 份,菲律宾 11 份,伊朗 4 份,韩国、泰国、印度尼西亚、越南各 3 份,阿富汗、巴基斯坦、美国、危地马拉、伊拉克各 2 份,科特迪瓦、尼泊尔、日本各 1 份。该群内种质材料生育期最短,株高最矮,主茎分枝最少,百粒重最大,具有矮秆、直立、株型紧凑、籽粒大、早熟等特点。其中一些具有优异性状的品种可作为杂交育种的亲本材料,如 C06287、洮绿 3 号、VC4059A、VC1560D、C00391、C01798、C04986、C06286 和 苏绿 1 号等种质籽粒大,百粒重均在 6.50 g 以上;C01075、C01234、C01249 等种质在 4 个试点的生育期均最短,表现为早熟;C05199、C05202 和 C05528 在 4 个试点均表现出高抗豆象;辽绿 28 号、VC1562A 和 潍 9002-341 具有植株矮小、抗倒伏等特点。

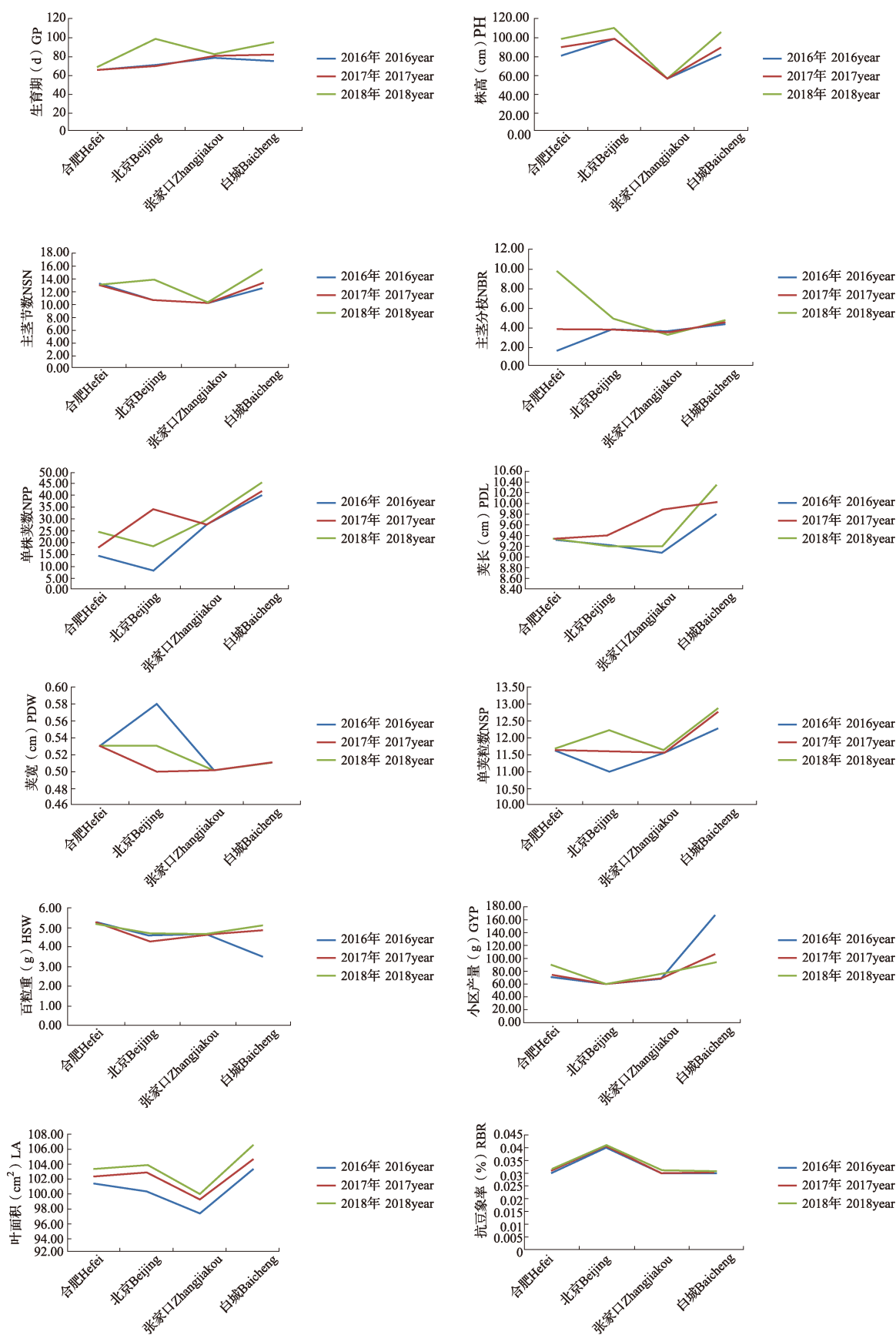


图1 不同年份绿豆品种在4个鉴定点表型平均值变化图

Fig. 1 Graphical representations of phenotypic variations at four locations

表 4 绿豆数量性状相关性分析

Table 4 Correlation analysis of the quantitative traits

性状 Traits	生育期 GP	株高 PH	主茎节数 NSN	主茎分枝 NBR	单株荚数 NPP	荚长 PDL	荚宽 PDW	单荚粒数 NSP	百粒重 HSW	小区产量 GYP	叶面积 LA
株高 PH	0.58**										
主茎节数 NSN	0.36**	0.35**									
主茎分枝 NBR	0.26*	0.23*	0.11								
单株荚数 NPP	0.02	-0.06	0.05	0.33**							
荚长 PDL	-0.25*	0.25*	0.15	0.17	-0.09						
荚宽 PDW	-0.24*	0.32**	-0.20*	-0.21*	-0.05	0.63**					
单荚粒数 NSP	-0.17	-0.04	-0.10	-0.10	-0.03	0.45**	0.14				
百粒重 HSW	-0.24*	0.27*	-0.15	0.16	0.11	0.66**	0.66**	0.16			
小区产量 GYP	-0.13	-0.10	-0.13	0.07	0.53**	0.13	0.20*	0.10	0.12		
叶面积 LA	-0.16	-0.20*	-0.10	-0.19	0.03	0.33**	0.38**	0.10	0.41**	0.13	
抗豆象率 RBR	-0.11	-0.15	0.04	0.16	0.01	0.11	0.07	0.12	0.12	0.11	0.18

* 和 ** 分别表示在 0.05 和 0.01 的显著水平

* and ** indicate significance at 0.05 and 0.01 levels , respectively

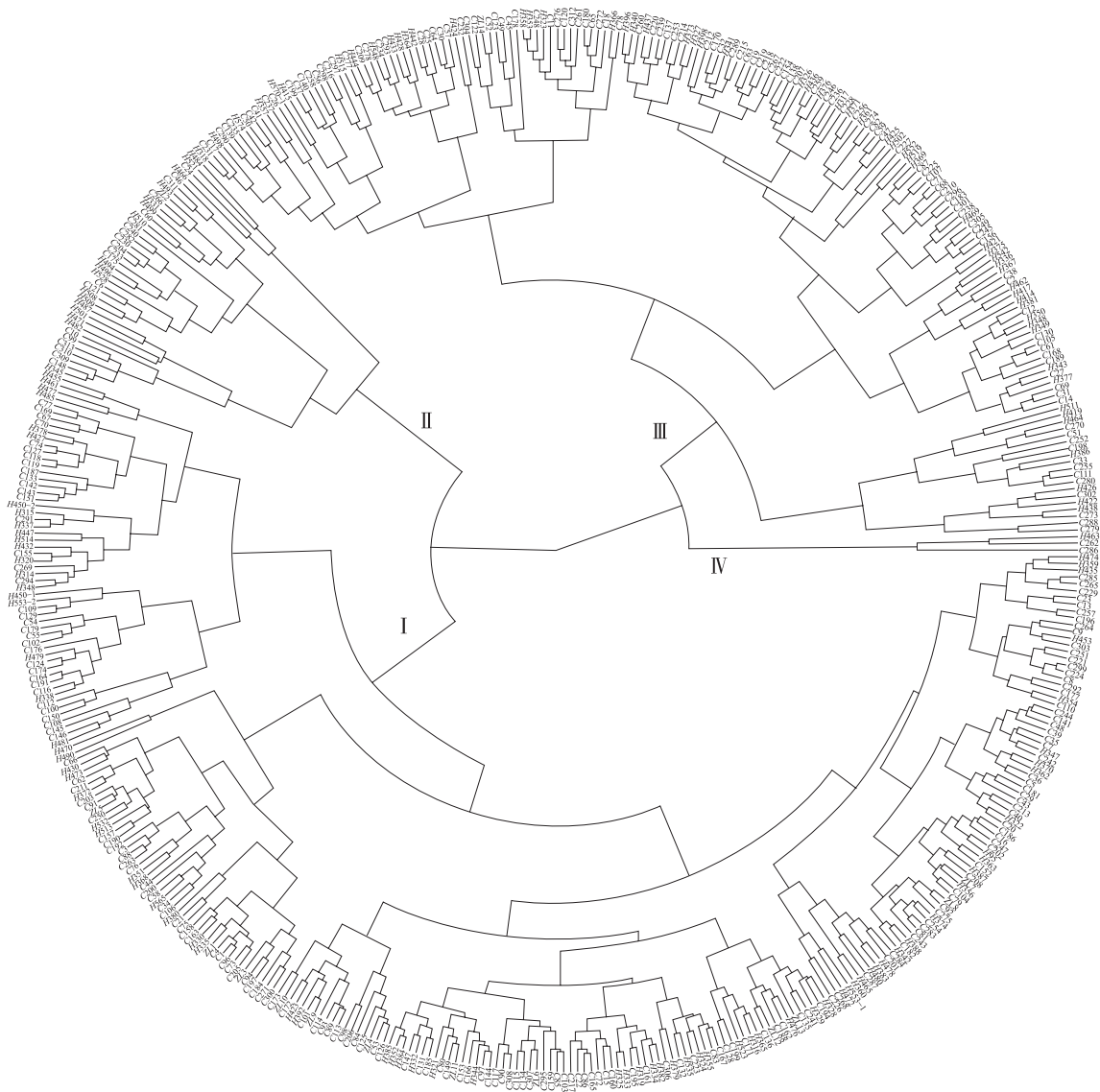


图 2 基于表型数据的聚类分析图

Fig. 2 Cluster analysis based on phenotypic characteristics

表 5 各类群数量性状的平均表现
Table 5 The average expression of quantitative traits in groups

类群 Group	材料数 No.	株高 (cm) PH	主茎分枝 NBR	主茎节数 NSN	单株荚数 NPP	单荚粒数 NSP	荚长 (cm) PDL	荚宽 (cm) PDW	百粒重 (g) HSW	生育期 (d) GP	小区产量 (g) GYP	叶面积 (cm ²) LA	抗虫象率 (%) RBR
I	266	87	3.6	10.1	31.1	11.5	9.6	0.55	4.53	69.1	69.1	101.87	4.12
II	38	89	4.6	10.1	56.9	11.5	8.7	0.51	3.66	69.3	97.6	103.48	2.23
III	174	118	3.9	11.5	33.7	11.8	9.2	0.52	4.12	70.7	62.1	106.28	3.25
IV	3	149	5.0	12.6	78.6	11.3	8.2	0.50	3.32	75.0	88.6	110.36	0

第Ⅱ类群有 38 份种质材料,包含中国材料 24 份,印度 6 份,阿富汗 5 份,俄罗斯、菲律宾、韩国各 1 份。该类群种质材料具有生育期较短、株高较矮、主茎分枝较多、百粒重较小等特点,多为矮秆、直立或半蔓生、籽粒较小品种。

第Ⅲ类群有 174 份种质材料,包含中国材料 120 份,菲律宾 13 份,韩国 9 份,印度 6 份,俄罗斯 5 份,阿富汗 4 份,巴基斯坦、斯里兰卡各 3 份,朝鲜、土耳其、伊朗各 2 份,科特迪瓦、墨西哥、泰国、印度尼西亚、越南各 1 份。该类群种质材料具有生育期较长、株高较高、主茎分枝较少、百粒重较大等特点,多为高秆、蔓生或半蔓生、籽粒较大品种。

第Ⅳ类群有 3 份材料,包含 2 份中国材料和 1 份伊朗材料。该类群种质材料生育期最长,株高最高,主茎分枝最多,百粒重最小,具有高秆、蔓生、籽粒小、晚熟等特点。

另外,分析发现,相同地理来源的绿豆种质并没有完全被分到同一类群内,群间种质材料与群内种质材料的地理来源不存在严格的对应关系。

2.4.2 不同环境条件下绿豆群体间的聚类分析 利用各性状表型平均值,对不同环境条件下绿豆群体进行聚类分析(图 3)。4 个鉴定点的绿豆群体被分为了两大类,白城试点为第Ⅰ类群,合肥、北京和张家口试点为第Ⅱ类群,其中第Ⅱ类群又可分为 2 个亚类,合肥试点为第Ⅱ-1 亚类,北京和张家口试点为第Ⅱ-2 亚类。聚类结果表明,气候条件相似的鉴定点的绿豆群体趋向于被分为同一类群,可能是因为相似的气候条件使绿豆群体各性状表型值差异减小,从而被分到同一类群内。

2.5 数量性状主成分分析

对 481 份参试的绿豆种质 12 个数量性状进行主成分分析(表 6),前 6 个主成分对表型变异的累计贡献率达到了 83.41%,包含了 12 个性状的绝大部分信息。将所有参试的中国和国外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 4)。第 1 主成分的贡献率为

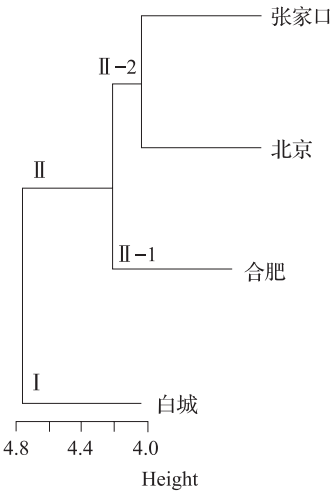


图 3 不同环境下绿豆群体的聚类分析
Fig. 3 Cluster analysis of mungbean in different environments

28.15%,第 1 主成分对百粒重、荚长和荚宽的贡献较大;第 2 主成分的贡献率为 18.76%,其对株高和主茎节数的贡献较大;第 3 主成分的贡献率为 12.38%,其对单株荚数和小区产量的贡献较大;第 4 主成分的贡献率为 8.64%,其对株高和生育期的贡献较大;第 5 主成分的贡献率为 8.15%,其对单荚粒数的贡献最大;第 6 主成分的贡献率为 7.34%,其对主茎分枝贡献最大。综上所述,可发现第 1、3、5 主成分与产量相关性状密切相关,而第 2、4、6 主成分与植株长势密切相关。

3 讨论

遗传多样性是农作物育种工作的基础,充分挖掘种质资源的遗传变异和遗传背景,可以为绿豆育种工作提供理论基础。在参试的 481 份绿豆种质资源中,生长习性以直立为主,种皮以绿、光为主,且主茎大多数都覆盖有浓密的茸毛;另外,植株直立、主茎分枝多、生育期短、籽粒大等优异性状有利于绿豆的机械化收获和产量的提高,这可能是在长期的自然选择和人工选择下保留下来的优异变异。

对数量性状的变异分析发现,单株荚数和小区产量等与产量相关的性状具有较高的变异系数,而

表 6 前 6 个主成分的特征值及特征向量描述
Table 6 The eigenvalues and eigenvectors of the first six principal components

特征向量 Eigenvectors	主成分因子 Principal components factor					
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
生育期 GP	0.217	-0.369	0.244	-0.387	0.168	0.023
株高 PH	0.126	-0.502	-0.165	0.412	-0.372	0.037
叶面积 LA	-0.212	-0.221	-0.053	-0.128	0.033	0.212
主茎分枝 NBR	0.319	-0.127	-0.121	-0.378	0.326	0.604
主茎节数 NSN	0.128	-0.568	-0.105	0.101	-0.251	0.259
单株荚数 NPP	0.191	0.016	-0.588	-0.324	-0.203	-0.152
荚长 PDL	-0.485	-0.174	-0.101	-0.040	0.186	0.112
荚宽 PDW	-0.480	0.027	-0.062	-0.145	-0.143	0.277
单荚粒数 NSP	-0.143	-0.274	-0.348	0.300	0.725	-0.198
百粒重 HSW	-0.497	-0.107	0.018	-0.14	-0.154	0.235
小区产量 GYP	-0.151	0.165	-0.631	-0.144	-0.129	0.026
抗豆象率 RBR	-0.184	-0.201	-0.157	-0.049	0.288	0.176
贡献率(%) Variance	28.15	18.76	12.38	8.64	8.15	7.34
累计贡献率(%) Cumulative contribution rate	28.15	46.91	59.28	67.93	76.07	83.41

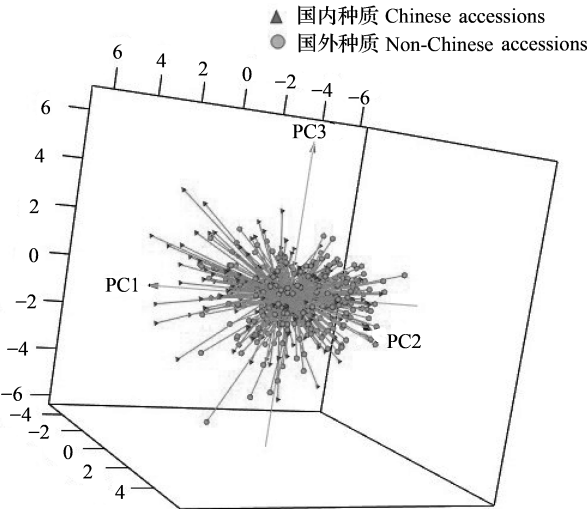


图 4 481 份绿豆种质的主成分分析
Fig. 4 Principal component analysis of 481 mungbean accessions

荚长、荚宽和主茎节数等性状的变异系数较低。各数量性状均具有较高的多样性指数,其中株高和百粒重的遗传多样性指数较高,并且发现变异系数较高的性状如单株荚数、单株产量等多样性指数相对较低,表明变异系数的高低和遗传多样性指数的大小并不具有统一性,万述伟等^[16]对豌豆农艺性状的研究也有相同的发现。乔玲等^[7]研究发现,变异系数较高的质量性状具有较低的多样性指数,变异系数较低的数量性状具有较高的多样性指数。

数量性状易受环境因素的影响,在不同纬度绿豆数量性状的变异较大,从合肥点到白城点,各性状表型丰富,变异广泛,产量相关性状如百粒重、小区产量等表现出先减小后增大的趋势,即百粒重、小区产量在合肥、白城试点高于北京、张家口试点,但北京和张家口试点性状表型变异幅度较大,这不仅仅是地理位置差异的影响,更受到气候条件,如温度、生育期内降雨量等的影响,张家口在 2016-2018 年绿豆整个生育期内平均气温较低,导致该点绿豆植株较矮,生育期较短,产量较低,而北京在 2016-2018 年绿豆生育期内尤其是花荚期降雨量很大,导致一些晚熟品种生育期延长,植株较高,产量却较低,使生育期性状和产量相关性状表现出较大的变异系数。另外,对比 3 个年份各数量性状表型值发现,除荚长、荚宽和抗豆象率外,其余各性状表型值在 4 个鉴定点均表现出逐年增大的趋势,这可能与不同年份绿豆生育期内各鉴定点的平均温度、降雨量等气候条件变化密切相关。

生育期长短对绿豆形态建成发挥着重要的作用,相关性分析结果表明,生育期与株高、主茎节数呈极显著正相关,生育期与主茎分枝呈显著正相关。4 个鉴定点因地理位置、温度、降雨量、日照条件的不同,生育期有所差异,植株的长势差异也较大,如张家口试点植株普遍较矮小,株型紧凑,分枝少,而北京试点植株较高大,分枝多,蔓生和半蔓生型植株

较其他试点多。产量构成因素中,小区产量与单株荚数呈极显著正相关,而与百粒重、单荚粒数并未发现显著的相关性,可见,单株荚数对绿豆产量高低具有重要作用。

聚类分析结果表明,481 份绿豆种质分成了 4 大类群,第 I 类群多为矮秆、直立、株型紧凑、籽粒大、早熟品种;第 II 类群多为矮秆、直立或半蔓生、籽粒较小品种;第 III 类群多为高秆、蔓生或半蔓生、籽粒较大品种;第 IV 类群只包括 3 个成员,为高秆、蔓生、籽粒小、晚熟品种。还筛选到一些具有优异变异性状的种质,如大粒种质 C06287、洮绿 3 号和苏绿 1 号,早熟种质 C01075、C01234、C01249,直立抗倒伏品种辽绿 28 号、VC1562A 和潍 9002-341,高抗豆象种质 C05199、C05202 和 C05528。而对不同环境条件下绿豆群体进行聚类分析发现,种植于相近或气候条件相似的地理位置的品种,趋向于划分为同一亚群内,如北京和张家口试点被分到一个亚群内,可能是因为相近的地理位置其气候条件差异较小,各性状表现出相近的表型值。综合分析发现,种植于相似生态环境的绿豆种质趋于被分到同一亚群内,但未能有效地将地理来源不一致的绿豆种质区分开,乔玲等^[7]的研究得出了同样的结论,Tyler 等^[17]指出这是因为数量性状是由微效多基因控制,极易受光周期、温度、降雨量等条件的影响,导致一些地理来源一致的种质,在不同环境条件下具有丰富的表型变异,从而导致聚类结果与地理来源无一定的对应关系。

对数量性状主成分分析发现,前 6 个主成分对表型变异的累计贡献率达到了 83.41%。根据各主成分的特征向量,可将 6 个主成分分为两大类,其中第 1、3、5 主成分对百粒重、单荚粒数、单株荚数和小区产量的贡献较大,是与产量性状密切相关的因子;而第 2、4、6 主成分则对株高、主茎节数和主茎分枝的贡献较大,是与植株长势相关的因子。

广适性已成为近年来绿豆育种工作的一个主要方向,然而数量性状由微效多基因控制,且极易受环境条件如光周期、温度、降雨量多种因素的影响,都可能会造成研究的局限性。王丽侠等^[8]通过混合线性模型分析得出,不同性状的随机效应不同,如荚长、百粒重的基因效应较强,环境稳定性较高,作为育种选择的目标性状相对可靠。本研究中的 339 份绿豆种质来自中国国内不同省份,142 份绿豆种质来自 20 个国外不同的国家和地区,其遗传基础广泛,但由于环境条件限制,聚类结果并未表现出与地

理来源严格的对应关系,所以为了更好地评价种质资源的遗传背景,在种质遗传多样性研究中,应采用形态学标记与 DNA 分子标记结合的手段,国内外已有对绿豆分子标记多样性研究的报道^[18-21]。综合形态学性状和分子标记技术的研究成果,才能更好地挖掘绿豆种质资源的遗传背景基础,缩短育种进程,为绿豆杂交育种工作提供理论指导。

参考文献

- [1] 程须珍,王述民. 中国食用豆类品种志. 北京:中国农业科学技术出版社,2009:19-20
Cheng X Z, Wang S M. Chinese legumes variety pictorial. Beijing: China Agriculture Science and Technology Press, 2009:19-20
- [2] 刘旭,李立会,黎裕,方涛. 作物种质资源研究回顾与发展趋势. 农学学报,2018,8(1):1-6
Liu X, Li L H, Li Y, Fang W. Crop germplasm resources: advances and trends. Journal of Agriculture, 2018, 8(1):1-6
- [3] 陈红. 促进我国水稻育种创新的新品种保护政策研究. 福州:福建农林大学,2011
Chen H. To promote the protection of new varieties of rice breeding innovation policy research. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2011
- [4] Hirata S, Abdelrahman M, Yamauchi N, Shigyo M. Diversity evaluation based on morphological, physiological and isozyme variation in genetic resources of garlic (*Allium sativum* L.) collected worldwide. Genes & Genetic Systems, 2016, 91(3):161-173
- [5] 梁明山,曾宇,周翔,侯留记,李霞. 遗传标记及其在作物品种鉴定中的应用. 植物学通报,2001(3):257-265
Liang M S, Zeng Y, Zhou X, Hou L J, Li X. Genetic markers and their applications in identifying crop cultivars. Chinese Bulletin of Botany, 2001(3):257-265
- [6] 白鹏,程须珍,王丽侠,王素华,陈红霖. 小豆种质资源农艺性状综合鉴定与评价. 植物遗传资源学报,2014,15(6):1209-1215
Bai P, Cheng X Z, Wang L X, Wang S H, Chen H L. Evaluation in agronomic traits of adzuki bean accessions. Journal of Plant Genetic Resources, 2014, 15(6):1209-1215
- [7] 乔玲,陈红霖,王丽侠,王素华,程须珍,张耀文. 国外绿豆种质资源农艺性状的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报,2015,16(5):986-993
Qiao L, Chen H L, Wang L X, Wang S H, Cheng X Z, Zhang Y W. Genetic diversity of foreign mungbean germplasm resources by agronomic characters. Journal of Plant Genetic Resources, 2015, 16(5):986-993
- [8] 王丽侠,程须珍,王素华,朱旭,刘振兴. 中国绿豆核心种质资源在不同环境下的表型变异及生态适应性评价. 作物学报,2014,40(4):739-744
Wang L X, Cheng X Z, Wang S H, Zhu X, Liu Z X. Adaptability and phenotypic variation of agronomic traits in mungbean core collection under different environments in China. Acta Agronomica Sinica, 2014, 40(4):739-744
- [9] Singh S K, Singh I P, Singh B B, Singh O. Genetic divergence in mungbean (*Vigna Radiata* (L.) Wilczek). Legume

- Research, 2009, 32(2): 98-102
- [10] Chen H L, Qiao L, Wang L X, Wang S H, Blair M W, Cheng X Z. Assessment of genetic diversity and population structure of mung bean (*Vigna radiata*) germplasm using EST-based and genomic SSR markers. *Gene*, 2015, 566(2): 175-183
- [11] Somta P, Sommanas W, Srinives P. Molecular diversity assessment of AVRDC-The World Vegetable Center elite-parental mungbeans. *Breeding Science*, 2009, 59(2): 149-157
- [12] Bisht I S, Mahajan R K, Patel D P. The use of characterisation data to establish the Indian mungbean core collection and assessment of genetic diversity. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1998, 45(2): 127-133
- [13] 刘长友, 王素华, 王丽侠, 孙蕾, 梅丽, 徐宁, 程须珍. 中国绿豆种质资源初选核心种质构建. *作物学报*, 2008, 34(4): 700-705
- Liu C Y, Wang S H, Wang L X, Sun L, Mei L, Xu N, Cheng X Z. Establishment of candidate core collection in Chinese mungbean germplasm resources. *Acta Agronomica Sinica*, 2008, 34(4): 700-705
- [14] 程须珍, 王素华, 王丽侠. 绿豆种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006
- Cheng X Z, Wang S H, Wang L X. Descriptions and data standard for mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). Beijing: China Agriculture Press, 2006
- [15] Shannon C E. The mathematical theory of communication (Reprinted). *M D Computing*, 1997, 14(4): 306-317
- [16] 万述伟, 宋凤景, 郝俊杰, 张晓艳, 李红卫, 邵阳, 赵爱鸿. 271 份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2017, 18(1): 10-18
- Wang S W, Song F J, Hao J J, Zhang X Y, Li H W, Shao Y, Zhao A H. Genetic diversity of agronomic traits in 271 pea germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2017, 18(1): 10-18
- [17] Tyler A L, Carter G W. Genetic interactions improve models of quantitative traits. *Nature Genetics*, 2017(49): 486-488
- [18] Gupta S K, Bansal R, Gopalakrishna T. Development and characterization of genic SSR markers for mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). *Euphytica*, 2014, 195(2): 245-258
- [19] Kumar V, Dikshit H K, Jain N, Kumari J, Singh D, Singh A, Tak R, Sharma T R. Genetic diversity in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] and related *Vigna* spp. detected by ISSR, URP and SSR markers. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 2012, 72(3): 318-324
- [20] Sanghani J M, Golakiya B A, Dhedhi K K, Patel S V. Molecular characterization of mung bean (*Vigna radiata* L.) genotypes through RAPD, ISSR and SSR markers. *Legume Research*, 2015, 38(4): 452-456
- [21] 刘岩, 程须珍, 王丽侠, 王素华, 白鹏, 吴传书. 基于 SSR 标记的中国绿豆种质资源遗传多样性研究. *中国农业科学*, 2013, 46(20): 4197-4209
- Liu Y, Cheng X Z, Wang L X, Wang S H, Bai P, Wu C S. Genetic diversity research of mungbean germplasm resources by SSR markers in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, 46(20): 4197-4209