

# 中国饭豆种质资源遗传多样性及核心种质构建

王丽侠, 程须珍, 王素华

(中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

**摘要:**饭豆耐瘠、耐旱、抗病虫性强, 是绿豆、小豆等近缘栽培作物育种的优异基因来源。但饭豆种质资源研究落后, 利用效率低。本文首次对我国保存收集的饭豆种质资源进行农艺性状的变异分析。结果表明, 我国饭豆种质资源质量性状变异类型丰富, 但不同变异类型的分布频率差异较大, 大部分稀有变异类型呈区域性分布。数量性状也具有较大的分布范围, 各性状的变异系数在 14% ~ 98% 之间, 其中单株荚数 > 主茎分枝数 > 株高 > 百粒重 > 单荚粒数 > 生育期 > 荚长。不同地理来源饭豆资源群体的数量性状变异水平也存在差异。聚类分析不能完全把同一省份来源的种质聚在一起, 但是个别省份的有些种质成簇出现在聚类图上, 进一步分析发现这些成簇种质的数量性状和经纬度来源比较一致, 可能为重复保存。最后以聚类分析为基础, 按照比例法进行类内随机取样, 并经评价和补充调整等构建了我国饭豆核心种质 157 份, 为有重点有选择地深入开展饭豆种质资源研究及利用等提供了很好的样本。

**关键词:**饭豆; 遗传多样性; 核心种质

## Genetic Diversity Analysis and a Core Collection Construction of Rice Bean (*Vigna umbellata*) in China

WANG Li-xia, CHENG Xu-zhen, WANG Su-hua

(Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

**Abstract:** Rice bean (*Vigna umbellata*), highly resistant to poor soil, drought, and diseases, is an elite gene pool for breeding of *Vigna* crops. However, the study on this species is much lagged, and the genetic resources are seldom used in breeding. In the present study, we evaluated the genetic variations among agronomic traits of 1432 rice bean germplasm resources. The results showed that there were abundant of genetic variation among these germplasm and the variation types with low frequencies had a regular trends on geographical distributions. The quantitative traits also varied by a wide distribution. The variation coefficients varied from 14% to 98%, and pods per plant > branches per main stem > plant height > 100-seed-weight > seeds per pod > growth period > pod length. Populations from different provinces of China had a little difference in variation. Cluster analysis could not divide the germplasms into groups based on their origins of provinces. But some germplasms from a same province were grouped together on the dendrogram. These germplasm were always similar on quantitative traits and geographical origins, and might be repeatedly collected. Based on the cluster analysis and sampling within groups, a core collection including 157 accessions was finally established, after evaluation and adjustment, which would be a great help for further study of this crop.

**Key words:** rice bean; genetic diversity; core collection

饭豆 (*Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi) 是豆科 (Leguminosae) 蝶形花亚科 (Papilionoideae)

收稿日期: 2013-07-01 修回日期: 2013-07-15 网络出版日期: 2014-01-24

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/10.13430/j.cnki.jpgr.2014.02.003.html>

基金项目: 现代农业产业技术体系 (CARS-09); 国家科技支撑计划 (2013BAD01B03-18); 中国农业科学院科技创新工程

第一作者研究方向为食用豆种质创新。E-mail: wanglixia03@caas.cn

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

菜豆族 (Phaseoleae) 豇豆属 (*Vigna*) 中的一个栽培种。与绿豆、小豆相比,饭豆在抗豆蚜<sup>[1]</sup>、耐酸铝<sup>[2-3]</sup>、高产广适<sup>[4-5]</sup>等方面具更多优势,逐渐成为干旱、高温、土壤贫瘠地区的首选作物之一。然而饭豆相关研究比较落后,种质资源的利用效率很低,生产用种多为农家种或系谱法选育品种<sup>[6-7]</sup>。目前,国外对饭豆农艺性状<sup>[8-10]</sup>、栽培措施<sup>[11]</sup>、种质资源多样性<sup>[12-14]</sup>及杂种优势<sup>[15-16]</sup>等方面均有过报道,而国内对饭豆鲜有研究<sup>[17]</sup>。比较作图分析发现,饭豆和小豆基因组间具高度共线性和同源性<sup>[18-19]</sup>。近期研究也表明,可通过种间杂交完成小豆、绿豆与饭豆间的基因转移,表明饭豆资源中优异基因的发掘和利用,可能是小豆、绿豆等近缘种育种取得突破性进展的关键。

在种质资源研究初期,表型性状评价是检测遗传变异丰富度行之有效的方法,并在多种作物的研究中得以验证,如水稻<sup>[20-21]</sup>、大豆<sup>[22-23]</sup>、小麦<sup>[24-25]</sup>等大宗作物及小豆<sup>[26-27]</sup>、菜豆<sup>[28]</sup>、绿豆<sup>[29-30]</sup>、高粱<sup>[31]</sup>、燕麦<sup>[32]</sup>等小宗粮豆。

种质资源表型性状多样性分析,也是核心种质构建及重点资源的基因发掘与利用的坚实基础。截至目前,我国国家种质库收集保存的饭豆种质资源共有 1432 份<sup>[33-35]</sup>,目前尚未开展相关研究。本研究基于国家农作物种质资源数据库信息系统中这些资源的基本信息,首次开展其表型多样性研究,明确表型变异的分布特点,为优异资源筛选及新基因发掘提供信息;并根据表型性状聚类,进一步构建我国饭豆核心种质,为重点研究和创新利用提供代表性样本。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

1432 份饭豆种质资源均来自中国国家作物种质库,其中 1427 份种质分布在我国 20 个省(市、自治区),另有 5 份为国外引种,包括巴西 4 份,巴基斯坦 1 份(表 1)。

### 1.2 多样性分析

分析数据来源于国家种质资源平台对饭豆资源的性状描述。分析性状包括生长习性、结荚习性、荚色、粒色、粒形等 5 个质量性状和全生育期、株高、主茎分枝数、单株荚数、荚长、单荚粒数、百粒重等 7 个数量性状。其中质量性状多样性以变异类型及分布频率为评价指标,数量性状主要以变异范围和变异系数等为评价指标,所有数值计算均由 Excel 完成。

表 1 饭豆种质资源的来源及分布

Table 1 The distribution of rice bean germplasm resources

来源	数量	来源	数量
Origin	Number	Origin	Number
湖北 Hubei	291	四川 Sichuan	19
广西 Guangxi	216	甘肃 Gansu	13
山西 Shanxi	162	吉林 Jilin	4
陕西 Shaanxi	140	北京 Beijing	3
贵州 Guizhou	124	辽宁 Liaoning	2
河南 Henan	114	海南 Hainan	1
湖南 Hunan	85	黑龙江 Heilongjiang	1
云南 Yunnan	66	内蒙古 Inner Mongolia	1
江苏 Jiangsu	64	巴西 Brazil	4
安徽 Anhui	50	巴基斯坦 Pakistan	1
山东 Shandong	47	合计 Total	1432
河北 Hebei	24		

### 1.3 聚类分析

分别对饭豆质量性状如生长习性、结荚习性、荚色、粒色、粒形等赋以代码值,具体见表 2,对生育期、株高、单株荚数、单荚粒数、荚长和百粒重等数量性状进行 10 级分类,1 级 $\leq X - 2\delta$ ,10 级 $> X + 2\delta$ ,中间每级间差 0.5 $\delta$ ,X 为性状平均值, $\delta$  为标准差,利用 NTSYSp-2.10 软件以 UPGMA (unweighted pair-group method arithmetic average) 法做聚类分析。

表 2 饭豆种质资源质量性状赋值

Table 2 Coden designed for qualitative traits in rice bean

性状 Traits	赋值 Coden of qualitative traits
生长习性	1 = 直立,2 = 半蔓生,3 = 蔓生
结荚习性	1 = 有限,2 = 无限
荚色	1 = 黄白,2 = 棕,3 = 黑
粒色	1 = 白,2 = 黄,3 = 红,4 = 绿,5 = 褐,6 = 黑,7 = 花纹,8 = 花斑
粒形	1 = 长圆形,2 = 长圆柱形,3 = 球形

为进一步明确不同地理来源饭豆种质资源的多样性水平,分别按经纬度及资源分布密度将国内 1427 份种质划分为 11 个小区(表 3)。不同小区的数量性状变异情况统计参数主要有平均值、极差和变异系数。性状间的相关分析等数值计算由 Excel 完成。

### 1.4 核心种质构建

在聚类分析的基础上,类内按 10% 比例法随机取样<sup>[36]</sup>,最后根据入选种质的农艺性状变异情况做综合评价,并予以补充调整,构建能有效代表我国饭豆种质资源多样性的核心种质。

表 3 我国饭豆资源小区的划分及数量分布

Table 3 The geographical distribution and number of accessions of different sections of Chinese rice bean

小区	经度(E)	纬度(N)	种质数量
Section	Longitude	Latitude	No. of accessions
1	98. 0° ~ 105. 59°	< 24. 59°	76
2	106. 0° ~ 111. 59°	< 24. 59°	143
3	98. 0° ~ 108. 59°	25. 0° ~ 29. 59°	143
4	109. 0° ~ 118. 59°	25. 0° ~ 29. 59°	180
5	104. 0° ~ 110. 59°	30. 0° ~ 31. 59°	179
6	111. 0° ~ 121. 59°	30. 0° ~ 31. 59°	174
7	104. 0° ~ 110. 59°	32. 0° ~ 34. 59°	110
8	111. 0° ~ 120. 59°	32. 0° ~ 34. 59°	149
9	105. 0° ~ 110. 59°	35. 0° ~ 37. 59°	86
10	111. 0° ~ 122. 59°	35. 0° ~ 39. 59°	165
11	114. 0° ~ 126. 59°	40. 0° ~ 45. 59°	22

## 2 结果与分析

### 2.1 饭豆种质资源农艺性状的遗传变异分析

2.1.1 质量性状的变异分布 由于国家种质库中记载的饭豆质量性状分级尚未统一,本研究首先将质量性状严格按照《饭豆种质资源描述规范和数据标准》进行归类。结果表明,我国饭豆种质资源质量性状变异类型的分布极不均衡,不同性状的遗传多样性指数存在较大差异。其中,87.4%种质的生长习性为半蔓生型,直立型仅占2.5%,主要分布在贵州和湖北两省;91.0%为无限结荚习性,有限结荚的种质主要分布在云南、贵州两省;76.2%的成熟荚为褐色,黄白色荚仅占4.7%,主要分布在贵州;58.4%

的子粒为黄色,红色次之,占30.1%,27份白色子粒主要来自湖南和河北两省,绿色子粒仅7份,均来自贵州;93.3%的子粒为长圆柱型,仅1份来自广西的种质为球形。

2.1.2 数量性状的变异分布 饭豆种质资源数量性状的变异也相对丰富,变异系数的大小顺序为单株荚数>主茎分枝数>株高>百粒重>单荚粒数>生育期>荚长(表4)。因数量性状的变化特征不同,仅从变异系数很难比较各性状的变异丰富度。但若将数量性状按照经纬度划分为不同小区,则不同小区间数量性状的变异分布存在较大差异(表5)。从平均生育期来看,随纬度降低,生育期逐渐变长,且不同小区内生育期的变异水平相当,变异系数集中在12.2%~19.8%之间。

表 4 我国饭豆种质资源数量性状的变异

Table 4 The variations of quantitative traits of rice bean germplasm resources

性状	最大值	最小值	平均值	变异系数
Characters	Max.	Min.	Average	(%) CV
生育期(d)	250	81	131.6	17.2
株高(cm)	420	31	168.6	44.8
主茎分枝数	18	0	4.2	54.6
单株荚数	575	1	90.2	98.3
单荚粒数	13	1	7.9	18.9
荚长(cm)	14	4	9.3	14.6
百粒重(g)	19	2	6.5	28.4

表 5 我国不同小区饭豆种质资源各数量性状的平均值及变异系数

Table 5 Description of variations of characters among different rice bean section

性状	参数	小区 Section										
Characters	Parameters	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
生育期(d)	平均值 Mean	143	132	139	136	136	143	126	111	135	130	106
Growth period	变异系数(%) CV	16.8	17.9	12.4	15.5	16.2	19.8	13.0	15.8	12.4	12.2	14.9
株高(cm)	平均值 Mean	208	250	109	163	170	195	154	152	150	186	134
Plant height	变异系数(%) CV	42.0	20.8	62.8	47.8	39.1	44.5	40.1	38.7	48.9	36.4	43.1
主茎分枝数	平均值 Mean	3	4	5	4	4	5	4	5	3	4	4
Branches per stem	变异系数(%) CV	28.3	31.1	57.1	51.8	54.0	59.4	37.8	58.0	28.8	43.7	28.9
单株荚数	平均值 Mean	49	36	38	120	110	156	43	144	39	107	95
Pods per plant	变异系数(%) CV	48.1	57.8	70.0	70.7	76.3	68.6	143.0	75.8	106.0	80.1	102.0
单荚粒数	平均值 Mean	8	7	7	8	8	8	8	9	8	9	7
Seeds per pod	变异系数(%) CV	18.3	14.9	22.9	21.0	16.2	17.7	13.3	13.0	15.4	12.5	13.5
荚长(cm)	平均值 Mean	10	9	8	9	10	9	9	9	10	9	8
Pod length	变异系数(%) CV	15.3	11.8	20.7	16.2	13.5	12.8	9.8	11.0	15.7	9.3	11.7
百粒重(g)	平均值 Mean	8	7	8	7	6	6	6	5	7	6	6
100-seed weight	变异系数(%) CV	29.6	23.8	28.5	29.9	19.6	19.3	21.2	19.8	23.0	13.8	14.1

从平均株高来看,小区内的变异相对较大,变异系数在 20.8% ~62.8% 之间。小区间平均株高的变异分布趋势与生育期类似,即随纬度降低,株高增加,其中华中地区饭豆资源株高的变异系数最高。平均主茎分枝数在小区间的差异不明显,但小区内变异系数均较高,在 28.8% ~59.4% 之间。单株荚数的变异系数最高,在 48.1% ~143.0% 之间,也以华中地区最高。小区间单荚粒数和荚长的变异均不明显,变异系数多在 20.0% 以内。小区间百粒重的变异也有随纬度降低而稍有增加的趋势,小区内的变异系数在 13.8% ~29.9% 之间。

2.2 聚类分析

在遗传距离为 0.12 处,可将 1432 份饭豆种质资源划分为 2 大类群,其中第 I 大类群共包含 979 份种质,第 II 大类群包含 453 份种质。第 I 大类群在遗传距离 0.05 处又可划分为 5 个亚群,第 1 亚群共 286 份种质,主要来自湖北、广西、四川等省(自

治区);第 2 亚群共 53 份种质,主要来自贵州;第 3 亚群共 408 份种质,主要来自贵州、广西、陕西等省;第 4 亚群仅包含 9 份材料,分别来自四川和广西;第 5 亚群包含 223 份种质,主要来自江苏、广西、湖北等省。第 II 大类群在遗传距离 0.5 处分为 2 个亚群,第 1 亚群共 399 份种质,主要来自湖北及华南各省;第 2 亚群包含 54 份种质,主要来自河南。

2.3 核心样本构建

根据聚类分析,分别按 10% 比例从每个亚群中取样,取样过程中充分考虑种质间的遗传距离和地理来源;在对 143 份入选种质农艺性状多样性分析的基础上,分别补充 6 份数量性状极值和 8 份质量性状稀有变异类型的种质,最终组建了包含 157 份材料的饭豆核心种质(表 6),其中 156 份国内资源来自我国 20 个省(自治区)。从经纬度来看,该核心种质与我国饭豆总体资源的地理分布基本一致(图 1)。

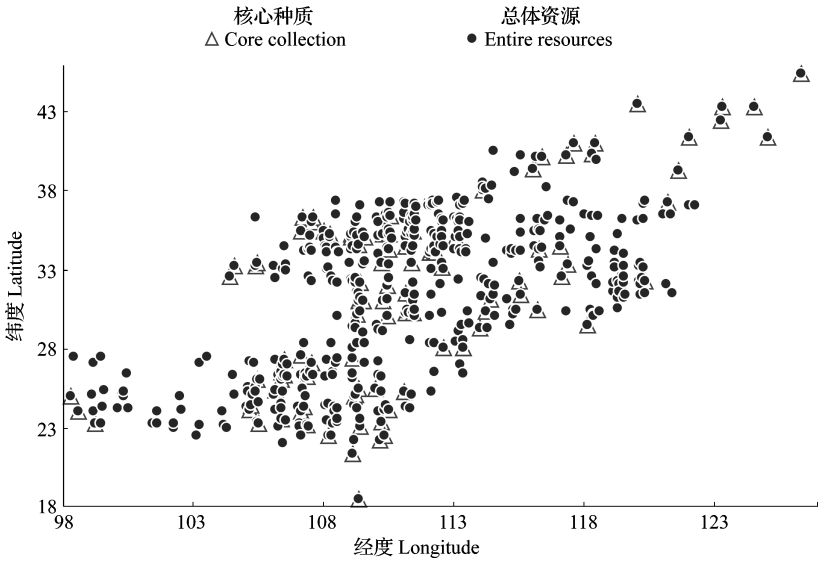


图 1 我国饭豆核心种质及总体资源地理分布的对应

Fig. 1 The geographical distribution of core collection and entire germplasm of rice bean in China

3 讨论

随着小豆、绿豆育种工作的推进,优良基因的缺乏将成为育种取得重大突破的瓶颈。作为绿豆、小豆的近缘植物,饭豆基因组中蕴含着高抗<sup>[1-3]</sup>、高产<sup>[4]</sup>等丰富的优异基因。加强饭豆资源的评价鉴定,可能为绿豆、小豆育种提供庞大的潜在基因资源。目前我国共收集保存了 1432 份饭豆种质资源,但是其评价利用研究却相当落后,国内主栽饭豆品种仍以农家种为主<sup>[6]</sup>。本研究表明,我国饭豆遗传资源在质量性状、数量性状方面均存在丰富的遗传变异。虽然质量性状不同变异类型的分布频率有较

大差异,但稀有变异类型的分布呈现一定的区域特点,这些信息均有助于特殊变异类型的收集和保存,以保证饭豆种质资源的遗传多样性。

研究发现不同数量性状的变异幅度和变异系数也存在较大差异,其中荚长变异系数仅为 14.6%,而单株荚数变异系数达 98.3%,说明荚长是相对稳定的性状,而单株荚数受环境影响较大。不同地理来源饭豆群体数量性状的比较分析也发现一定的规律,比如平均生育期和株高均随纬度升高而逐渐增加;主茎分枝数以湖北、湖南和川贵高原较多;单株荚数则以湖北、湖南较多,这些结果将为饭豆育种提供重要的参考。

表 6 我国饭豆核心种质

Table 6 The description of core collection of rice bean in China

统一编号	品种名	来源	统一编号	品种名	来源	统一编号	品种名	来源
Code	Aaccession name	Origin	Code	Accession name	Origin	Code	Accession name	Origin
D0003	饭豆	北京	D0731	白壳麻懒	贵州	D0974	饭豆	河北
D0013	蔓小豆	山西	D0822	红巴山豆	甘肃	D0980	饭豆	黑龙江
D0076	精米豆	辽宁	D0823	蔓豆子	甘肃	D0999	米豆	安徽
D0077	精米豆	辽宁	D0825	巴山豆	甘肃	D1009	米豆	安徽
D0078	精米豆	内蒙古	D0826	黄绿蚕豆	甘肃	D1011	本地饭豆	湖南
D0079	线豆	吉林	D0827	蔓豆	甘肃	D1038	白匙饭豆	湖南
D0080	精米豆	吉林	D0828	蔓豆子	甘肃	D1045	黄匙豆	湖南
D0081	精米豆	吉林	D0829	蔓豆	甘肃	D1064	红花豆	广西
D0082	货郎担	吉林	D0830	蔓豆子	甘肃	D1068	赤小豆	广西
D0115	大龙布袋	山东	D0831	巴山豆	甘肃	D1069	小粒赤小	广西
D0149	黄蔓豆	河南	D0833	爬山豆	甘肃	D1082	饭豆	广西
D0164	红木豆	湖北	D0834	巴山豆	甘肃	D1083	饭豆	广西
D0179	红蚕豆	湖北	D0864	饭豆	江苏	D1085	红豆	广西
D0182	红竹豆	湖北	D0868	长荚饭豆	河南	D1086	赤小豆	广西
D0240	黄小脚木	湖北	D0869	饭豆	河南	D1131	红爬山豆	四川
D0258	红豆	湖北	D0874	长籽饭豆	河南	D1132	蚕豆	四川
D0265	红饭豆	云南	D0877	饭豆	河南	D1133	竹豆	四川
D0266	大红老鼠	云南	D0884	饭豆	河南	D1134	爬山豆	四川
D0294	小饭豆	云南	D0893	细长饭豆	河南	D1135	蚕豆	四川
D0318	麻饭豆	云南	D0902	饭豆	河南	D1136	爬山豆	四川
D0329	卷心机	陕西	D0903	饭豆	河南	D1139	红爬山豆	四川
D0333	蔓豆	陕西	D0906	青饭豆	河南	D1141	黄爬山豆	四川
D0334	本地蔓豆	陕西	D0907	青饭豆	河南	D1142	白爬山豆	四川
D0339	蔓豆	陕西	D0908	白蔓豆	河南	D1144	黄爬山豆	四川
D0343	白蔓豆	陕西	D0909	白饭豆	河南	D1147	麻爬山豆	四川
D0346	蔓豆	陕西	D0910	饭豆	河南	D1149	麻爬山豆	四川
D0347	蔓小豆	陕西	D0923	黄饭豆	河南	D1152	太白女	贵州
D0364	饭豆	巴西	D0928	饭豆	河南	D1155	大饭豆	贵州
D0367	饭豆	海南	D0929	麦蔓豆	河南	D1159	爬山豆	贵州
D0386	红小豆	山西	D0935	饭豆	河南	D1166	爬山豆	贵州
D0424	蔓小豆	山西	D0936	长荚饭豆	河南	D1169	幕巴王	贵州
D0451	蔓豆	山西	D0938	红饭豆	河南	D1178	麻懒豆	贵州
D0458	爬山虎	安徽	D0939	红饭豆	河南	D1199	大米豆	河北
D0459	红爬豆	安徽	D0941	饭豆	河南	D1201	粳米绿豆	河北
D0462	红饭豆	安徽	D0944	蔓豆	河南	D1202	粳米绿豆	河北
D0463	红饭豆	安徽	D0948	红蔓豆	河南	D1233	饭豆	江苏
D0468	爬豆	安徽	D0950	红饭豆	广西	D1235	饭豆	湖北
D0469	爬豆	安徽	D0951	红饭豆	广西	D1243	红蔓豆	湖北
D0470	黄爬豆	安徽	D0952	红饭豆	广西	D1249	褐蔓豆	湖北
D0472	饭豆	安徽	D0953	黄花豆	广西	D1250	蔓豆	湖北
D0473	爬豆	安徽	D0954	赤小豆	广西	D1288	红巴山豆	湖北
D0475	黄饭豆	安徽	D0955	赤小豆	广西	D1292	大红蔓豆	湖北
D0488	巴豆虎子	湖北	D0956	黄饭豆	广西	D1293	巴山豆	湖北
D0533	饭豆	湖南	D0957	黄花豆	广西	D1294	红蔓豆	湖北
D0577	红饭豆	广西	D0958	竹豆	广西	D1319	白蔓豆	湖北
D0581	红饭豆	广西	D0959	花竹豆	广西	D1351	白蔓豆	湖北
D0667	米豆	广西	D0960	竹豆	广西	D1352	白巴山豆	湖北
D0669	小竹豆	广西	D0962	花饭豆	广西	D1353	白爬山豆	湖北
D0672	竹豆	广西	D0963	鼠竹豆	广西	D1358	白蔓豆	湖北
D0679	苗豆	贵州	D0966	红捞米豆	河北	D1373	麻蔓豆	湖北
D0680	大懒豆	贵州	D0970	粳米豆	河北	D1432	黑籽豆	贵州
D0693	红爬山豆	贵州	D0972	粳米绿豆	河北			
D0708	懒豆	贵州	D0973	白粳米豆	河北			

聚类分析发现,饭豆种质资源并未按其地理来源聚在一起,推测其原因主要是饭豆感光性较强,只有相同生态条件下才能较准确地反映出种质间的差异,而本研究中数据均为种质原产地的数据采集。有些省内的种质在聚类图上成簇聚在一起,如湖北、贵州等,但深入分析发现,这些种质除了表型数据相似外,多来自于同一经纬度或同一特定的生态环境,推测这些资源可能存在重复收集和保存。当然还需从分子水平对其进一步验证,以便及时剔除种质库中的冗余材料,减少资源保存和繁殖更新的工作量。

基于表型性状的分析,构建了我国饭豆资源核心种质共 157 份,基本包括了主要表型性状的所有变异类型,也几乎覆盖了我国饭豆资源的地理分布,因此可作为我国饭豆资源重点分析样本,开展深入的多样性评价及基因发掘等研究。鉴于表型性状数量有限,难以深层次评估核心种质的遗传变异,不能全面反映种质间的遗传背景差异,有必要利用 DNA 分子标记进一步分析核心种质,深入揭示其内在的遗传信息,发掘新基因,提高资源利用效率。目前本课题已开展了绿豆 SSR 标记在饭豆中的通用性分析,初步研究表明,有 81.6% 的绿豆 SSR 能在饭豆中有效扩增,可为饭豆核心样本的深入研究提供基本的分析工具<sup>[37]</sup>。

参考文献

[1] Chandel K P, Joshi B S, Arora R K, et al. Rice bean-a new pulse with high potential[J]. Ind Farm, 1978, 28: 19-22

[2] Dwivedi G K. Tolerance of some pulses in acid soil[J]. Legume Res, 1996, 19(1): 40-46

[3] Kashiwaba K, Tomooka N, Kaga A, et al. Characterization of resistance to three bruchid species(*Callosobruchus* spp., Coleoptera, Bruchidae) in cultivated rice bean (*Vigna umbellata*) [J]. J Econ Entomol, 2003, 96(1): 207-213

[4] Sarkar A. Current status and future strategies for improvement of nutritional qualities of rice bean(*Vigna umbellata*(Thunb.) Ohwi and Ohashi) [J]. J Interacademia, 2006, 10(2): 287-292

[5] Pushpa J, Mehta A K, Verma D K. Genetic analysis in rice bean [*Vigna umbellata*(Thunb.) Ohwi and Ohashi] [J]. J Interacademia, 2011, 15(1): 6-9

[6] 程须珍,王述民. 中国食用豆类品种志[M]. 北京:中国农业出版社, 2009: 424-425

[7] Thaware B L, Bendale V W, Toro V A. Konkan rice bean-1 (*Rb-10*), a new fodder rice bean variety for Konkan region of Maharashtra[J]. J Maharashtra Agri Univ, 2005, 30(3): 295-298

[8] Srimathi P, Malarkodi K. Influence of seed coat color on seed quality of rice bean (*Vigna umbellata*) [J]. Agri Sci Digest, 2002, 22(4): 249-251

[9] Pol K M, Thakur D R, Awari V R. Correlation studies on various morpho-physiological characters with grain yield in rice-bean (*Vigna umbellata*) Thumb (Ohwi and Ohashi) [J]. Agri Sci Digest, 2003, 23(4): 267-269

[10] Debatidevi M, Singh N B, Singh M R K. Genetic variability studies of yield and its important components in segregation generation of rice Bean *Vigna umbellata*(Thunb) Ohwi and Ohashi [J]. Environ Ecol, 2004, 22: 163-166

[11] Khanda C M, Mishra P K. Effect of plant density and nitrogen fertilization on growth and yield of rice bean(*Vigna umbellata*) [J]. Indian J Agron, 1998, 43(4): 700-703

[12] Negi K S, Pant K C, Muneem K C, et al. Evaluation of rice bean genetic resources [J]. Ind J For, 1996, 19: 156-163

[13] Dodake M M, Dahat D V. Association of characters and path coefficient analysis studies in rice bean [*Vigna umbellata* (Thumb) Ohwi and Ohashi] [J]. Int J Agric Sci, 2011, 7(2): 359-361

[14] Roquib M A, Das M. Genetic divergence in rice bean(*Vigna umbellata*) [J]. Adv Plant Sci, 1995, 8(2): 312-318

[15] Singh G, Singh M, Singh G, et al. Combining ability for yield and its components in rice bean [J]. Ind J Genet Plant Breed, 1996, 56(4): 520-525

[16] Lakshmana A U, Reddy D, Ramesh B G S. Heterosis studies in rice bean (*Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi and Ohashi) [J]. Legume Res, 2007, 30: 209-211

[17] 李莉, 万正煌, 陈宏伟, 等. 湖北省饭豆地方种质资源鉴定与评价[J]. 园艺与种苗, 2012(11): 33-36, 51

[18] Isemura T, Kaga A, Tomooka N, et al. The genetics of domestication of rice bean, *Vigna umbellata* [J]. Ann Bot, 2010, 106(6): 927-944

[19] Isemura T, Tomooka N, Kaga A, et al. Comparison of the pattern of crop domestication between two Asian beans, azuki bean (*Vigna angularis*) and rice bean (*V. umbellata*) [J]. Jpn Agric Res Quart, 2011, 45(1): 23-30

[20] 李自超, 张洪亮, 曹永生, 等. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 20-24

[21] 陈峰, 朱其松, 徐建第, 等. 山东地方水稻品种的农艺性状与品质性状的多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(3): 393-397, 405

[22] 邱丽娟, 曹永生, 常汝镇, 等. 中国栽培大豆核心种质构建——取样方法 [J]. 中国农业科学, 2003, 36(12): 1442-1449

[23] 张礼凤, 李伟, 王彩洁, 等. 山东大豆种质资源形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 450-454

[24] 董玉琛, 曹永生, 张学勇, 等. 中国普通小麦初选核心种质的产生[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(1): 1-8

[25] 李志波, 王睿辉, 张茶, 等. 河北省小麦品种基于农艺性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 436-442

[26] 王述民, 胡家蓬, 曹永生, 等. 中国小豆部分种质资源的综合评价与遗传多样性初步研究[J]. 植物遗传资源学报, 2001, 2(1): 6-11

[27] 陶宛鑫, 濮绍京, 金文林, 等. 野生小豆种质资源植株形态性状多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(2): 174-178

[28] 张晓艳, 王坤, Blair M W, 等. 中国普通菜豆形态性状分析及分类[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(4): 406-410

[29] 刘长友, 程须珍, 王素华, 等. 中国绿豆种质资源遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 459-463

[30] 王丽侠, 程须珍, 王素华, 等. 中国绿豆应用型核心样本农艺性状的分析[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(4): 589-593

[31] 冯国郡, 李宏琪, 叶凯, 等. 甜高粱种质资源在疆的多样性表现及聚类分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(3): 398-405

[32] 张向前, 刘景辉, 齐冰洁, 等. 燕麦种质资源主要农艺性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2): 168-174

[33] 郑卓杰. 中国食用豆类品种资源目录[M]. 北京: 中国农业出版社, 1987: 11-123

[34] 郑卓杰. 中国食用豆类品种资源目录[M]. 北京: 农业出版社, 1990: 22-73

[35] 胡家蓬, 程须珍, 王佩芝. 中国食用豆类品种资源目录[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 8-63

[36] 徐宁, 程须珍, 王素华, 等. 以地理来源分组、利用表型数据构建中国小豆核心种质[J]. 作物学报, 2008, 34(8): 1366-1373

[37] 钟敏, 程须珍, 王丽侠, 等. 绿豆基因组 SSR 引物在豇豆属作物中的通用性[J]. 作物学报, 2012, 38(2): 223-230