

# 救荒野豌豆种质资源调查收集及表型鉴定评价

王宗赫<sup>1</sup>, 张红岩<sup>2</sup>, 杨新<sup>3</sup>, 李正丽<sup>4</sup>, 项超<sup>5</sup>, 杨梅<sup>5</sup>, 刘玉皎<sup>6</sup>, 何玉华<sup>3</sup>, 滕长才<sup>2</sup>,  
侯万伟<sup>2</sup>, 代正明<sup>3</sup>, 吕梅媛<sup>3</sup>, 宗绪晓<sup>1</sup>, 杨涛<sup>1</sup>, 刘荣<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>中国农业科学院作物科学研究所/作物基因资源与育种全国重点实验室, 北京 100081; <sup>2</sup>青海大学农林科学院, 西宁 810016; <sup>3</sup>云南省农业科学院粮食作物研究所, 昆明 650205; <sup>4</sup>贵州省农业科学院园艺研究所, 贵阳 550006; <sup>5</sup>四川省农业科学院作物研究所, 成都 610066; <sup>6</sup>青海大学省部共建三江源生态与高原农牧业国家重点实验室, 西宁 810016)

**摘要:** 救荒野豌豆 (*Vicia sativa* L.) 是豆科野豌豆属一年生或二年生高蛋白冷季豆类, 具有耐寒、耐旱、耐瘠薄的特性, 被广泛用作绿肥和饲料, 在作物轮作系统中发挥了重要作用。过去, 我国对救荒野豌豆种质资源缺乏系统的调查收集和鉴定评价, 为了进一步探索其利用价值, 选育高产优异种质, 本研究在贵州、青海、四川和云南地区采集了 212 份救荒野豌豆种质资源, 进行田间试验, 调查表型数据进行多样性分析和鉴定评价。结果表明, 救荒野豌豆种质资源的 16 个农艺性状遗传多样性丰富, 其中单株粒数变异系数最高为 70%; 根据相关性分析, 大部分性状之间呈极显著正相关; 对来自不同地区的救荒野豌豆进行性状差异统计分析得出, 贵州与四川地区的种质性状差异不显著, 青海、云南地区的种质与其他地区的种质在大部分性状上差异显著; 主成分分析将 16 个农艺性状指标集中在累计贡献率达到 81.1% 的 5 个主成分, 其中第一主成分主要与单株粒重、单株粒数、干荚长和单株荚数等产量性状相关, 而第二主成分主要与百粒重、粒长和粒宽等籽粒大小相关; 通过 PCA 三维立体图聚类分析发现, 不同地区的种质在表型上存在明显分化, 云南和青海的种质单独聚类成簇, 而贵州和四川的种质聚在一起, 说明川黔两地的资源在形态性状上较为相似。通过进一步的表型鉴定评价, 筛选出两份救荒野豌豆多荚多粒种质, 单株荚数均大于 100 个, 单株粒数均大于 800 粒。还筛选到了两份大粒种质, 其中一份具有早熟特征。以上结果为救荒野豌豆种质资源的保护利用和育种改良提供了宝贵资源和理论支撑。

**关键词:** 救荒野豌豆; 种质资源; 调查收集; 表型鉴定; 遗传多样性

## Collection and Phenotypic Identification of Germplasm Resources in *Vicia sativa* L.

WANG Zonghe<sup>1</sup>, ZHANG Hongyan<sup>2</sup>, YANG Xin<sup>3</sup>, LI Zhengli<sup>4</sup>, XIANG Chao<sup>5</sup>, YANG Mei<sup>5</sup>, LIU Yujiao<sup>6</sup>,  
HE Yuhua<sup>3</sup>, TENG Changcai<sup>2</sup>, HOU Wanwei<sup>2</sup>, DAI Zhengming<sup>3</sup>, LYU Meiyuan<sup>3</sup>, ZONG Xuxiao<sup>1</sup>,  
YANG Tao<sup>1</sup>, LIU Rong<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences/State Key Laboratory of Crop Gene Resources and Breeding, Beijing 100081; <sup>2</sup>Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining 810016; <sup>3</sup>Institute of Grain Crops, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205; <sup>4</sup>Institute of Horticulture, Guizhou Academy of Agricultural Sciences, Guiyang 550006; <sup>5</sup>Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066; <sup>6</sup>State Key Laboratory of Plateau Ecology and Agriculture, Qinghai University, Xining 810016)

**Abstract:** Common vetch (*Vicia sativa* L.) is an annual or biennial legume with high protein content, well-adapted to cold climates, drought conditions, and poor soil fertility. It is extensively utilized as a green manure and livestock feed, playing a crucial role in crop rotation systems. However, systematic investigation and collection as well as identification and evaluation of germplasm resources in common vetch have been lacking in China until now. In order to further explore its utilization potential and select

<sup>1</sup> 收稿日期: 2024-12-12

网络出版日期:

URL:

第一作者研究方向为食用豆种质资源, E-mail: 1966254845@qq.com

通信作者: 刘荣, 研究方向为食用豆种质资源, E-mail: liurong@caas.cn

杨涛, 研究方向为食用豆种质资源, E-mail: yangtao02@caas.cn

宗绪晓, 研究方向为食用豆种质资源, E-mail: zongxuxiao@caas.cn

基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFD1200105-02); 国家自然科学基金(32272134); 国家现代农业产业技术体系-食用豆(CARS-08); 中国农业科学院科技创新工程(01-ICS-07)

**Foundation projects:** National Key Research and Development Program of China (2021YFD1200105-02); National Natural Science Foundation of China (32272134); China Agriculture Research System of MOF and MARA-Food Legumes (CARS-08); Science and Technology Innovation Project of CAAS (01-ICS-07)

high-yielding and superior germplasm varieties, this study collected 212 germplasm resources of common vetch from the regions of Guizhou, Qinghai, Sichuan and Yunnan. Field trials were conducted and phenotypic data was investigated for diversity analysis and identification. The results revealed a rich genetic diversity in the 16 agronomic traits of the germplasm resources, with seed number per plant (SNPP) exhibiting the highest coefficient of variation at 70%. Correlation analysis indicated predominantly positive associations among most of the characters. Statistical analysis was performed to comparing trait differences between common vetch from different regions, which demonstrated no significant distinction between Guizhou and Sichuan areas, while notable variations were observed between Qinghai and Yunnan germplasm and other regions across multiple traits. Principal component analysis (PCA) condensed the 16 agronomic traits into five principal components, which accounted for a cumulative contribution rate of 81.1%. The first principal component primarily encompassed yield-related traits such as grain weight per plant, grain number per plant, dry pod length, and pod number per plant; whereas the second principal component mainly represented grain size attributes including hundred-grain weight, grain length, and grain width. Three-dimensional cluster analysis based on PCA exhibited distinct phenotypic differentiation among germplasm from different regions. Germplasm from Yunnan and Qinghai formed separate clusters while those from Guizhou and Sichuan grouped together, indicating morphological trait similarities within Sichuan and Guizhou resources. Further phenotypic identification and evaluation led to the screening of two germplasms of *Vicia sativa* characterized by more pods and seeds, with the number of pods per plant (PPP) exceeding 100, and the number of seeds per plant (SNPP) surpassing 800. Additionally, two large-seed germplasms were identified, with one of them possessing the advantageous traits of early maturity. These findings provide valuable resources and theoretical support for the conservation, utilization, and breeding enhancement of common vetch germplasm resources.

**Key words:** Common vetch (*Vicia sativa* L.); Germplasm resources; Investigation and Collection; Phenotypic identification; Genetic diversity

救荒野豌豆 (*Vicia sativa* L.) 又名箭筈豌豆、箭舌野豌豆、大巢菜、苕子等, 属于豆科野豌豆属, 一年生或二年生, 二倍体自花授粉植物<sup>[1]</sup>, 与野豌豆 (*Vicia sepium* L.)、窄叶野豌豆 (*Vicia angustifolia* L. *ex Reichard*)、和褐毛野豌豆 (*Vicia pannonica* Crantz.) 同属野豌豆组<sup>[2]</sup>。救荒野豌豆原产自欧洲地中海沿岸和亚洲西部地区, 在世界各地均有种植。救荒野豌豆生长速度快、生育周期短, 适应性广, 而且其种子富含蛋白质, 营养丰富, 可作为牧草, 具有饲用价值; 另一方面, 救荒野豌豆根部具有根瘤, 通过与根瘤菌共生固氮, 可以改善土壤结构, 显著提高土壤肥力, 在可持续农业中具有显著优势, 因此也是一种重要的豆科绿肥作物, 可与其他作物轮作、间作、套作等, 减少肥料的使用以及二氧化碳和其他污染物的排放<sup>[3-5]</sup>。救荒野豌豆作为一种优良的牧草和绿肥作物, 在草地农业系统中发挥了不可替代的作用。然而近年来, 其种植面积在世界范围内呈下降趋势, 很大原因是因为产量较低<sup>[6]</sup>。

作物种质资源的表型多样性反映了植物生长、发育和代谢性状的特征差异, 受基因型、环境及二者互作的共同作用, 构成了品种选育的物质基础<sup>[7-8]</sup>。通过对作物种质资源表型多样性的鉴定评价, 既可筛选优异种质, 又可以研究控制重要性状的遗传变异, 为作物育种和遗传改良奠定重要基础<sup>[9-10]</sup>。过去针对救荒野豌豆开展了一些种质资源表型鉴定方面的研究, 为救荒野豌豆挖掘利用提供了有益借鉴。董德珂等收集了来自世界范围的 532 份救荒野豌豆种质资源, 对其复叶的 9 个表型性状进行了统计分析, 发现救荒野豌豆在复叶表型性状方面表现出丰富的多样性, 为救荒野豌豆种质资源的分类和利用提供了重要参考<sup>[11]</sup>。张博宇等<sup>[12]</sup>开展了种子性状的鉴定评价和种子萌发实验, 研发了救荒野豌豆破除休眠的有效方法,

为种质资源的异位保存奠定了重要基础。另有研究为明确救荒野豌豆 DUS 测试（特异性、一致性和稳定性测试）性状开展了表型鉴定和分析，建立了科学分级和描述规范，为救荒野豌豆新品种 DUS 测试指南的制定提供了理论基础<sup>[13-14]</sup>。还有一些研究对来自不同地区的种质资源开展了主要农艺性状的鉴定评价，筛选了一些适合当地种植和利用的品种资源<sup>[15-17]</sup>。然而过去关于中国的救荒野豌豆种质资源缺乏系统的调查收集和鉴定评价，阻碍了救荒野豌豆的种质创新和开发利用。

为了丰富库存救荒野豌豆种质资源的遗传多样性，进一步挖掘其在育种改良中的潜在价值，本研究对我国贵州、云南、四川和青海的救荒野豌豆种质资源开展了系统的调查收集，并进行了全生育期重要农艺性状的鉴定评价，通过相关性分析、主成分分析和聚类分析等，综合分析其表型多样性，筛选早熟、大粒、高产种质，以期救荒野豌豆的种质创新和育种改良提供宝贵资源和理论支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 调查收集

本研究在以往研究基础上<sup>[12]</sup>，以《第三次全国农作物种质资源普查与收集行动技术规范》为参考，从 2022 年到 2024 年，对我国贵州、四川、云南和青海等高寒地区的救荒野豌豆开展了系统的调查收集，记录取样点经纬度、周围生境特征以及群体分布情况，视居群大小，从 20~50 株上采集种子，每株采集 10~20 粒种子混合成一份种质。

### 1.2 材料种植

将收集的救荒野豌豆资源于 2024 年在中国农业科学院作物科学研究所沽源基地（41.68° N, 115.66° E, 海拔 1408 m）进行栽培种植。通过人工开沟，条播种植。参考我们之前的研究<sup>[12]</sup>，将收集的种质资源提前经浓硫酸处理破除休眠，浸种至发芽再移入土壤。每份材料种一行，行长 2 m，每行种 20 粒种子，株距 10 cm。

### 1.3 表型观测

在开花期和收获期，每份材料选取 5 个健康植株进行表型调查。如表 1 所示，观测性状包括始花期、成熟期、株高、分枝数、小叶长、小叶宽、小叶数、干荚长、干荚宽、百粒重、单株荚数、单荚粒数、单株粒数、单株粒重、粒长、粒宽 16 个数量性状（表 1）。始花期为从播种到第一朵花开放的时间，成熟期为从播种到 75%果荚成熟的时间。粒长、粒宽和百粒重利用 SC-G 自动考种分析及千粒重仪（杭州万深检测科技有限公司，中国）获得。

表 1 救荒野豌豆 16 个形态性状描述

Table 1 Description of 16 morphological characters of the *Vicia sativa*

序号	性状名称	性状英文缩写	单位/性状编码
Serial number	Character name	Character abbreviation	Unit/character coding
1	始花期	FT	日期
2	成熟期	MT	日期

3	株高	PH	cm
4	分枝数	BN	
5	小叶数	LN	
6	小叶长	LL	cm
7	小叶宽	LW	cm
8	干荚长	DPL	cm
9	干荚宽	DPW	cm
10	单荚粒数	SPP	
11	单株荚数	PPP	
12	单株粒数	SNPP	
13	单株粒重	SWPP	g
14	百粒重	HSW	g
15	粒长	SL	mm
16	粒宽	SW	mm

FT: Flowering Time; MT: Maturity Time; PH: Plant Height; BN: Number of Branches; LN: Number of Leaflets; LL: Leaflet Length; LW: Leaflet Width; DPL: Dry Pod Length; DPW: Dry Pod Width; SPP: Seeds per Pod; PPP: Pods per Plant; SNPP: Seeds per Plant; SWPP: Seed Weight per Plant; HSW: Hundred Seed Weight; SL: Seed Length; SW: Seed Width.;The same as below

#### 1.4 数据分析

利用 Excel 进行表型数据的整理，SPSS 进行描述性统计分析和主成分分析，origin 进行相关性分析以及数量性状变异分析，R 软件绘制性状差异分布图。

## 2 结果与分析

### 2.1 救荒野豌豆调查收集

为了调查救荒野豌豆野生种质资源的分布特征，收集具有广泛环境适应性的种质资源，对我国云南、贵州、四川和青海的 25 个地市 69 个区县的救荒野豌豆种质资源开展了调查收集工作（表 2）。从 2022 年到 2024 年，共采集 212 份救荒野豌豆种质资源，其中贵州 42 份，青海 53 份，云南 63 份，四川 54 份，海拔范围从 340 m 到 3256 m，平均海拔为 1442.3m，青海省海南州同德县采集点的海拔最高，为 3256m；而四川省简阳市新市镇采集点的海拔最低，为 340m（表 2）。采集资源的生境类型丰富，包括荒石地、河边、林下、沟渠、菜地等（图 1）。通过本次调查收集表明，救荒野豌豆种质资源适应性广泛，存在耐寒、耐旱、耐瘠等特点。

表 2 救荒野豌豆采集信息

Table 2 Collection information of *Vicia sativa*

省份	采集地点	采集份数	生境类型	平均海拔(m)	海拔最小值(m)	海拔最大值(m)
Province	Location	Number	Habit type	Mean altitude	Minimum altitude	Maximum altitude
贵州 Guizhou	安顺市	5	山野路边、荒石地	1277.0	1233.9	1320.4
	毕节市	4	河边、林下	1292.9	1228.3	1368.0
	贵阳市	14	山野路边、荒地	1157.1	752.4	1428.9
	黔东南州	5	路边荒地	620.4	529.1	750.6

省份	采集地点	采集份数	生境类型	平均海拔(m)	海拔最小值(m)	海拔最大值(m)
Province	Location	Number	Habit type	Mean altitude	Minimum altitude	Maximum altitude
	黔南州	9	山野路边	987.5	802.0	1083.0
	遵义市	5	玉米田边、荒石地	901.4	868.8	964.7
青海	海东市	10	林下、沟渠	2459.4	1967.8	2767.2
Qinghai	海南州	17	田边、沟渠	2940.1	2604.3	3256.0
	海西州	3	田边	3033.8	3033.8	3033.8
	西宁市	23	田边、草地	2453.3	2210.0	2881.7
云南	保山市	3	蚕豆田边、沟渠	1568.5	1500.8	1604.0
Yunnan	楚雄市	6	田边、路边荒地	1918.1	1752.3	1996.7
	大理州	10	田边、菜地	1989.4	1920.4	2052.8
	昆明市	19	田边、沟渠	1866.5	1624.9	2112.1
	曲靖市	7	田边	1920.1	1809.5	2099.8
	红河州	6	田埂、菜地	1487.8	1050.9	1848.9
	文山州	5	田埂	1161.0	1061.0	1440.3
	玉溪	7	田边、沟渠	1734.3	1526.3	2337.0
四川	阿坝州	1	田边	3220.0	3220.0	3220.0
Sichuan	巴中市	17	田边、荒地	579.7	346.0	806.0
	成都市	5	田边、沟渠	467.9	454.5	477.0
	达州市	19	田边、菜地、沟渠	970.4	352.0	1140.0
	简阳市	6	田边、菜地	354.5	340.0	361.0
	南充市	4	荒地、林地	371.8	369.0	375.0
	资阳市	2	柑橘林下	405.5	391.0	420.0
合计 Total	-	212	-	1442.3	340.0	3256.0



a: 贵州遵义荒石地 (海拔 895 m); b: 云南曲靖豌豆田 (海拔 1810 m); c: 四川简阳林下 (海拔 361 m); d: 青海海东山坡地 (海拔 2764 m)  
 a:Uncultivated stony land in Zunyi, Guizhou (altitude 895 m); b: Pea field in Qujing, Yunnan (altitude 1810 m); c:Under the forest in Jianyang, Sichuan (altitude 361 m); d:Hillside in Haidong, Qinghai (altitude 2764 m)

图 1 不同地区救荒野豌豆采集地生境类型

Fig. 1 Habitat types of *Vicia sativa* collection in different areas

## 2.2 表型多样性分析

为了调查所收集资源的表型多样性，对 16 个重要农艺性状开展了表型多样性分析。由表 3 可知，救荒野豌豆种质资源农艺性状的变异相对丰富，16 个性状的变异系数范围在 10%~70%之间，其中单株粒数的变异系数最大，为 70%，其次是单株粒重 68%、单株荚数 62%；分枝数、百粒重、株高的变异系数分别为 42%、34%、30%，表明救荒野豌豆在种质资源在产量相关性状上具有丰富的变异，遗传改良的潜力较大。开花期和成熟期以及叶片、果荚和种子大小等其他数量性状变异系数较小，范围在 10%~21%之间。

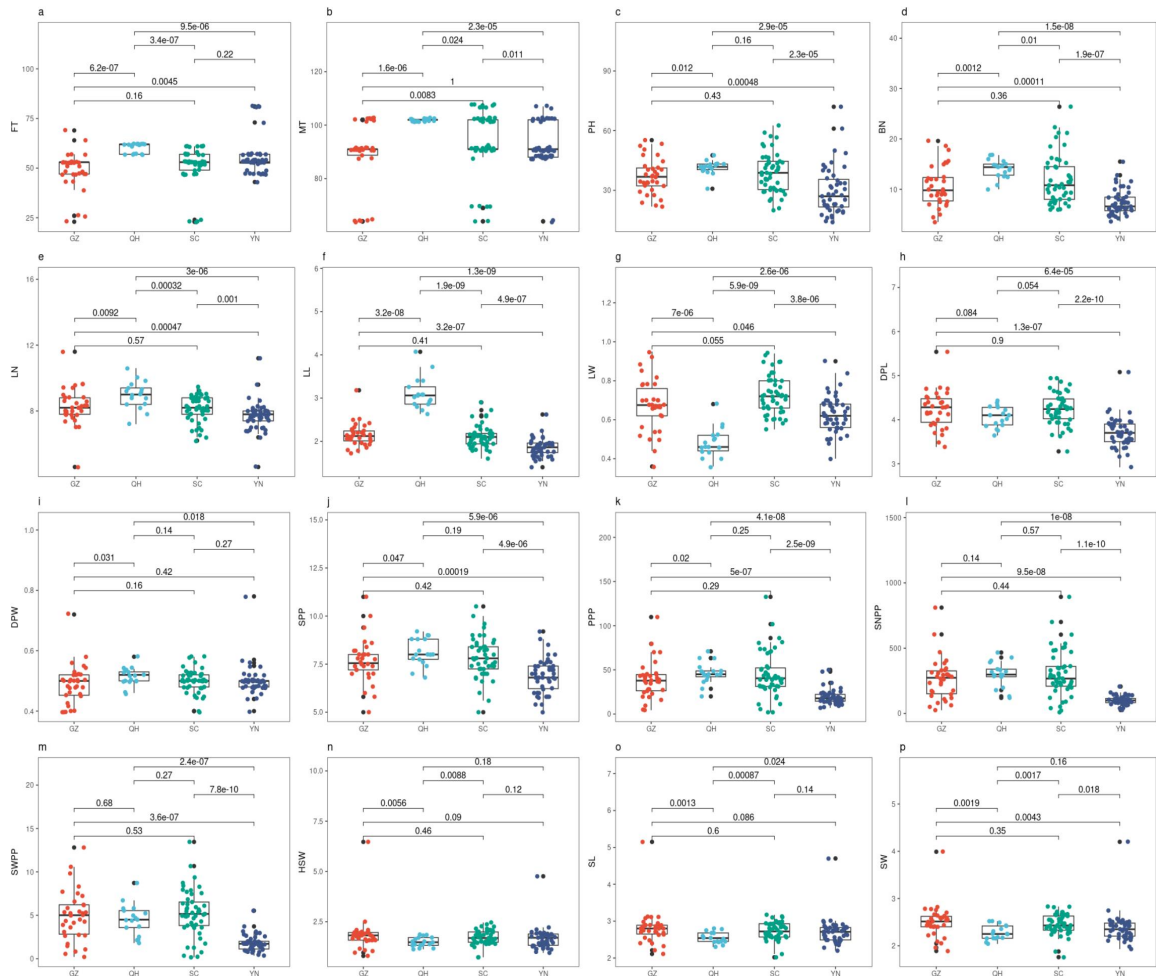
表 3 16 个数量性状的多样性分析

Table 3 Diversity analysis of 16 quantitative traits

性状	最大值	最小值	极差	平均值±标准差	变异系数(%)
Traits	Max.	Min.	Range	Average±SD	CV
始花期 FT	81.00	23.00	58.00	52.88±9.2	17
成熟期 MT	107.00	64.00	43.00	93.12±11.03	12
株高 PH	72.00	14.00	58.00	35.78±10.89	30

分枝数 BN	26.40	3.50	22.90	10.4±4.38	42
小叶数 LN	11.60	4.60	7.00	8.11±1.01	12
小叶长 LL	4.07	1.40	2.67	2.16±0.46	21
小叶宽 LW	0.95	0.36	0.59	0.65±0.13	20
干荚长 DPL	5.54	2.92	2.62	4.05±0.43	11
干荚宽 DPW	0.78	0.40	0.38	0.5±0.05	10
单荚粒数 SPP	11.00	5.00	6.00	7.51±1.08	14
单株荚数 PPP	132.67	2.00	130.67	35.45±22.04	62
单株粒数 SNPP	893.33	9.00	884.33	227.91±158.41	70
单株粒重 SWPP	13.46	0.16	13.30	3.97±2.69	68
百粒重 HSW	6.47	0.73	5.74	1.7±0.58	34
粒长 SL	5.15	2.02	3.14	2.72±0.35	13
粒宽 SW	4.20	1.76	2.44	2.42±0.29	12

此外，本研究还比较了不同地区的种质资源的性状差异。如图 2 所示，除了成熟期存在显著差异以外，贵州和四川地区的救荒野豌豆在其他 15 个农艺性状上差异均不显著，说明来自这两个地区的种质资源在表型上具有很大的相似性；云南的种质资源与其他三个地区的资源相比较，在株高、分枝数、小叶数、小叶长、小叶宽、干荚长、单荚粒数、单株荚数、单株粒数、单株粒重、粒长这 11 个农艺性状上呈显著差异，表型分化主要表现在产量和株型性状上；青海地区的种质资源与其他三个地区相比较，在始花期、成熟期、分枝数、小叶数、小叶长、小叶宽、粒长这 7 个农艺性状上呈显著差异，其表型分化主要表现在株型、叶片和籽粒大小上；而云南和青海两个地区的种质资源在除了百粒重和粒宽两个性状以外的其他 14 个性状上均存在显著性差异，表现出了明显的南北分化。云南地区与贵州地区救荒野豌豆在成熟期、干荚宽、百粒重三个性状上差异不显著，与四川地区救荒野豌豆在始花期、成熟期、干荚宽、百粒重四个性状上差异不显著，在株型和产量相关的性状上都存在显著差异；青海地区与贵州地区救荒野豌豆在干荚长、单株粒数、单株粒重三个性状上差异不显著，与四川地区救荒野豌豆在株高、干荚长、单荚粒数、单株粒数、单株粒重五个性状上差异不显著，可以看出青海地区与贵州和四川地区的救荒野豌豆产量差异不显著。总体上，贵州和四川地区的救荒野豌豆种质资源在表型上较为相似，而云南和青海地区的救荒野豌豆表现出各自独立的特征，地区间的表型分化主要表现在产量和株型等性状上。



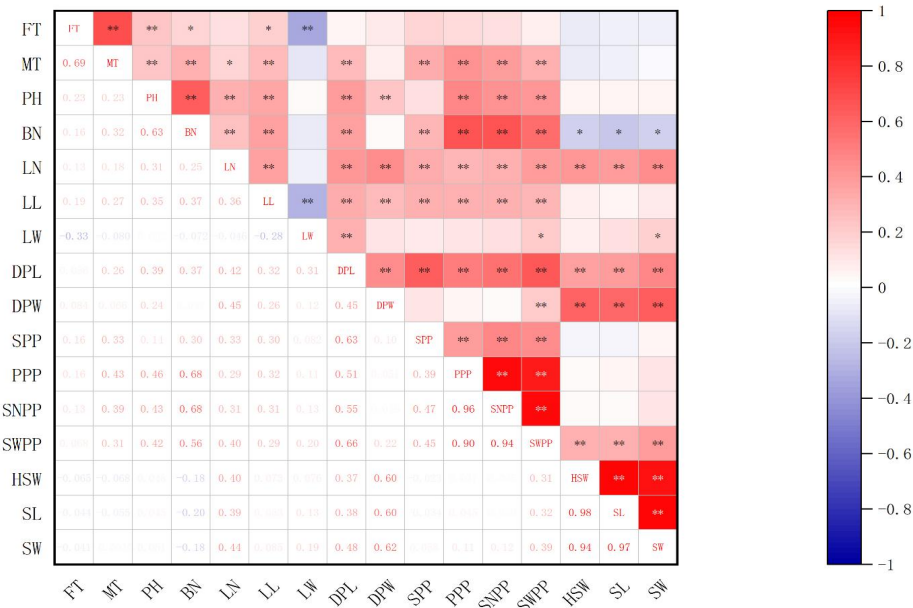
GZ: 贵州; QH: 青海; SC: 四川; YN: 云南; FT: 始花期; MT: 成熟期; PH: 株高; BN: 分枝数; LN: 小叶数; LL: 小叶长; LW: 小叶宽; DPL: 干荚长; DPW: 干荚宽; SPP: 单荚粒数; PPP: 单株荚数; SNPP: 单株粒数; SWPP: 单株粒重; HSW: 百粒重; SL: 粒长; SW: 粒宽. GZ: Guizhou; QH: Qinghai; SC: Sichuan; YN: Yunnan; FT: Flowering Time; MT: Maturity Time; PH: Plant Height; BN: Number of Branches; LN: Number of Leaflets; LL: Leaflet Length; LW: Leaflet Width; DPL: Dry Pod Length; DPW: Dry Pod Width; SPP: Seeds per Pod; PPP: Pods per Plant; SNPP: Seeds per Plant; SWPP: Seed Weight per Plant; HSW: Hundred Seed Weight; SL: Seed Length; SW: Seed Width.

图 2 不同地区救荒野豌豆 16 个农艺性状差异比较

Fig. 2 Comparisons for 16 agronomic traits difference of *Vicia sativa* in different areas.

然后对 16 个农艺性状进行了相关性分析, 结果如图 3 所示, 成熟期、始花期和株高之间呈极显著正相关; 株高与分枝数呈极显著正相关, 表明株高较高的植株分枝数也可能会增多; 分枝数与单株荚数、单荚粒数呈极显著正相关, 说明随着分枝数的增加, 单株荚数和粒数可能会增加; 干荚长与干荚宽、单荚粒数等呈极显著正相关, 干荚宽与单株粒重、粒长、粒宽、百粒重等呈极显著正相关, 表明这些性状可能处于相同的调控网络; 单株荚数、单株粒数、单荚粒数彼此之间都呈极显著正相关; 小叶数目与粒长粒宽等也呈极显著正相关, 表明小叶数目对籽粒大小也有一定影响; 小叶长与小叶宽, 小叶宽与始花期, 呈极显著负相关, 分枝数与百粒重、粒长、粒宽呈显著负相关, 表明分枝数的增加可能会对籽粒大小有影响, 分支越多, 籽粒越小。总体来看, 某些性状之间存在较强的正相关关系, 而其他性状之间的相关性呈负相关, 性状之间的相关性分析可以为植物育种改良以及重要性状遗传解析提供参考依据。





\*: 在  $P < 0.05$  水平上显著相关; \*\*: 在  $P < 0.01$  水平上极显著相关; FT: 始花期; MT: 成熟期; PH: 株高; BN: 分枝数; LN: 小叶数; LL: 小叶长; LW: 小叶宽; DPL: 干荚长; DPW: 干荚宽; SPP: 单荚粒数; PPP: 单株荚数; SNPP: 单株粒数; SWPP: 单株粒重; HSW: 百粒重; SL: 粒长; SW: 粒宽

\*: the correlation was significant at the  $P < 0.05$  level, \*\*: highly significant correlations at the  $P < 0.01$  levels; FT: Flowering Time; MT: Maturity Time; PH: Plant Height; BN: Number of Branches; LN: Number of Leaflets; LL: Leaflet Length; LW: Leaflet Width; DPL: Dry Pod Length; DPW: Dry Pod Width; SPP: Seeds per Pod; PPP: Pods per Plant; SNPP: Seeds per Plant; SWPP: Seed Weight per Plant; HSW: Hundred Seed Weight; SL: Seed Length; SW: Seed Width

图 3 16 个农艺性状相关性分析

Fig. 3 Correlation analysis of 16 agronomic traits

### 2.3 群体遗传结构

为了探究采集的救荒野豌豆种质资源的群体遗传结构，利用 16 个农艺性状表型数据进行主成分分析，结果如表 4 所示，共提取到 5 个特征值大于 1 的主成分，累计贡献率达到 81.1%。第一主成分特征值为 5.487，方差贡献率为 34.3%，主要反映了单株粒重、单株粒数、干荚长、单株荚数等性状的变异，这些性状的特征向量均高于 0.790，依次为 0.887、0.806、0.805、0.792，这类性状主与产量密切相关。第二主成分特征值为 3.543，方差贡献率为 22.1%，主要反映了粒长、百粒重、粒宽等性状的变异，其特征向量分别为 0.849、0.837、0.815。第三个主成分特征值为 1.771，贡献率为 11.1%，主要反映了始花期和小叶宽这两个性状的差异，其特征向量分别为 0.731 和 -0.683，这类性状主要与植株的适应性有关。根据特征值、贡献率及特征向量大小从主成分中筛选出单株粒重、单株粒数、干荚长、单株荚数、百粒重、粒长和粒宽等产量性状是救荒野豌豆表型性状差异的主要因素，对救荒野豌豆种质资源的开发利用提供了理论依据。

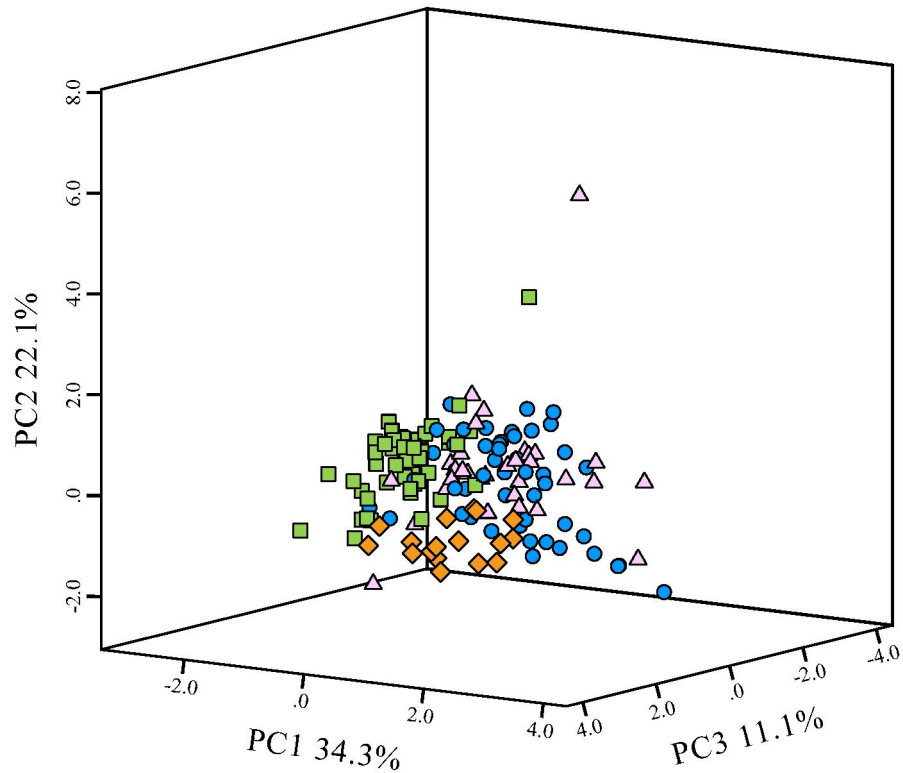
表 4 16 个农艺性状的主成分矩阵

Table 4 Component matrix of 16 agronomic traits

性状 Trait	主成分 (Components)				
	1	2	3	4	5

性状 Trait	主成分 (Components)				
	1	2	3	4	5
始花期 FT	0.237	-0.281	0.731	0.398	-0.207
成熟期 MT	0.449	-0.375	0.463	0.517	-0.14
株高 PH	0.568	-0.257	0.091	-0.426	-0.164
分枝数 BN	0.592	-0.573	-0.051	-0.341	-0.111
小叶数 LN	0.614	0.219	0.241	-0.191	0.243
小叶长 LL	0.486	-0.174	0.404	-0.383	0.33
小叶宽 LW	0.138	0.186	-0.683	0.307	0.078
干荚长 DPL	0.805	0.103	-0.174	0.139	0.329
干荚宽 DPW	0.484	0.558	0.234	-0.133	0.146
单荚粒数 SPP	0.546	-0.247	-0.045	0.327	0.632
单株荚数 PPP	0.792	-0.408	-0.239	0.022	-0.256
单株粒数 SNPP	0.806	-0.406	-0.283	0.045	-0.179
单株粒重 SWPP	0.887	-0.124	-0.297	0.047	-0.187
百粒重 HSW	0.448	0.837	0.082	-0.012	-0.166
粒长 SL	0.452	0.849	0.064	0.034	-0.183
粒宽 SW	0.526	0.815	0.026	0.091	-0.113
特征值 Eigenvalue	5.487	3.543	1.771	1.158	1.012
贡献率 (%) Contribution rate	34.3	22.1	11.1	7.3	6.3
累计贡献率 (%) Cumulative contribution rate	34.3	56.4	67.5	74.7	81.1

然后对所有参试样本进行了三维聚类 PCA 分析。如图 4 所示，PC1、PC2、PC3 分别代表第一、第二和第三主成分，分别解释了 34.3%、22.1%和 11.1%的方差。据表 4 可知，这三个主成分分别与产量、籽粒大小和植株大小等性状密切相关。这三个主成分捕获了数据中最大的方差，代表了数据主要的变异方向。图中每一个点代表一个样本观测值，根据不同的地理来源，把样本点分为了四类，粉色三角、蓝色圆形、绿色正方形和橙色菱形分别代表来自贵州、四川、云南和青海的样本，从图中可以看出云南的样本分布相对集中，而贵州、四川和青海的样本分布较为分散；贵州和四川的样本大部分交叉重叠在一起，形成了一个聚类，说明这些样本在表型上差异不大，而青海和云南的样本则各自独立聚类成簇，表现出了独特的形态特征，与前述结果一致。总体来说，此次调查的救荒野豌豆表现出了明显的地理分化，特别是来自云南和青海两个省份的样本之间分化显著。此外，不同地区存在一些离群样本，表现出相对独特的形态特征。



粉色三角、蓝色圆形、绿色正方形和橙色菱形分别代表来自贵州、四川、云南和青海的样本；% 代表不同主成分对表型变异的解释度  
 The pink triangle, blue circle, green square, and orange rhombus represent samples from Guizhou, Sichuan, Yunnan, and Qinghai respectively; % represents the degree of explanation of different principal components to phenotype variation

图 4 主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis

#### 2.4 早熟、大粒及高产种质鉴定

通过将 PCA 分析结果与表型数据相结合，发现第一主成分有两份极端样本为高产种质，一份为来自四川省达州市的 VS063，是单株荚数、单株粒数和单株粒重最大的一份材料，分别为 132.7、893.3、13.5 g（图 5），另一份在这三个性状上排名第二的材料是来自贵州省贵阳市的 VS020，其单株荚数、单株粒数和单株粒重分别为 109.8、811.0、12.8 g，这两份种质在此次调查中表现突出，单株荚数均大于 100 个，单株粒数均大于 800 粒，显著高于对照品种兰箭 1 号（单株荚数 38.6，单株粒数 225.6）和兰箭 3 号（单株荚数 55.2，单株粒数 221.8）。在第二主成分中也发现了两个极端样本，分别是来自贵州贵阳市的 VS008 和云南昆明市的 VS104，这两份种质种子较大，百粒重分别为 6.47 g 和 4.76 g。此外，VS008 还表现出早熟的特征，平均 43 天开花，64 天成熟。这些荚数和粒数较多、种子较大且早熟的种质为救荒野豌豆的早熟、大粒、高产种质创新和新品种选育提供了宝贵资源。



a: 植株; b: 鲜荚; c: 干荚; d: 种子; 比例尺: 1cm  
a: plant; b: Fresh pods; c: dry pod; d: Seeds; Scale Bar: 1cm

图 5 救荒野豌豆高产种质图片

Fig. 5 Photos of high-yield germplasm of *Vicia sativa*

### 3 讨论

#### 3.1 救荒野豌豆种质资源调查收集

野生种是作物遗传改良的宝贵资源库，蕴含着丰富的遗传变异，尤其在抗病、抗虫、耐逆性等方面具有优良性状<sup>[18]</sup>。野生种及其近缘种在作物抗性育种中扮演着不可或缺的角色，为种质创新提供了珍贵的基因资源<sup>[19]</sup>。受气候变化及人类活动的影响，很多野生资源和地方种质正在消失甚至濒临灭绝，亟需开展野生资源的调查收集工作。救荒野豌豆是一种优质的豆科牧草，蛋白含量高，可为牲畜提供丰富营养，又能够通过生物固氮改善土壤肥力，防治水土流失，在生态修复、绿肥种植等领域发挥关键作用<sup>[2]</sup>。目前救荒野豌豆种质资源在全球 37 个国家保存资源总量超过 14000 份，其中保存超过 1000 份资源的国家包括黎巴嫩（ICARDA，3399 份），俄罗斯（2817 份），澳大利亚（1369 份），西班牙（1050 份）和美国（1044 份）（<https://www.genesys-pgr.org>）。然而，我国过去针对救荒野豌豆的调查收集范围相对局限，库存资源较少。

前人主要针对不同地区的野豌豆属物种开展调查研究，在蒙古高原、青藏高原、山东、西藏和青海等地均有救荒野豌豆分布，但尚未开展系统的收集保存工作<sup>[20-24]</sup>。2023年，张博宇等<sup>[12]</sup>对我国西南地区救荒野豌豆开展了系统性调查收集，共收集了106份救荒野豌豆野生种质资源，同时研发了打破休眠的有效方法，为救荒野豌豆的异位保存提供了技术支撑。本研究在以往基础上，继续对救荒野豌豆进行调查收集，共调查了云南、贵州、四川和青海这4个省份的25个地市69个区县，将救荒野豌豆种质资源扩充到212份，调查过程中发现其生境多样，从林下到山坡，从田边到沟渠，适应性非常广泛；海拔范围从340 m到3256 m，耐逆性强（图1，表2）。根据中国数字植物标本馆的记录（<https://www.cvh.ac.cn/index.php>），救荒野豌豆在全国29个省份、自治区和直辖市均有分布，西至新疆维吾尔自治区伊犁市的新源县，东至吉林省吉林市的丰满水库，北至新疆维吾尔自治区阿勒泰县和黑龙江省龙江县，南至云南省景洪市大勐龙镇，海拔范围从浙江舟山的10 m以下，到西藏自治区当雄县的4150 m，海拔跨度4000多米，表明救荒野豌豆具有极强的气候和生态适应性。未来应继续拓展救荒野豌豆种质资源的调查收集范围，加强极端气候条件下资源的收集工作，为应对全球气候变化提供战略储备。此外，还可通过国际合作，加强救荒野豌豆国外优异资源的引进工作，丰富库存救荒野豌豆种质资源的遗传多样性，为种质创新和育种改良打下坚实基础。

### 3.2 救荒野豌豆种质资源鉴定评价及表型多样性

遗传多样性是种质资源创新利用的基础，是农作物育种改良工作的动力<sup>[9-10]</sup>。表型多样性分析是种质资源研究中最基本、直接和简便的方法之一，可以为救荒野豌豆种质资源的评价、保护和利用提供理论依据<sup>[25-28]</sup>。过去有研究以野豌豆属的不同物种为研究对象，分析了包括百粒重、种脐颜色、种皮颜色等多个种子性状的表型多样性，发现百粒重变异最大，为野豌豆属不同物种的分类鉴定提供了理论依据<sup>[29-30]</sup>。还有研究对世界范围的532份救荒野豌豆种质资源的9个复叶性状开展了表型多样性分析，发现复叶大小、小叶形状和叶柄长等存在丰富的多样性，为其分类和利用提供了重要参考<sup>[11]</sup>。另有研究分别对来自国外、甘肃、贵州等不同地区的种质资源开展了主要农艺性状的鉴定评价，筛选了一些适合当地种植和利用的高产、低裂荚率品种资源<sup>[15-17]</sup>。然而过去关于救荒野豌豆表型鉴定评价的研究存在调查性状不够全面或者所选样本较少等问题，而且缺乏针对野生资源的系统性鉴定评价。本研究对收集的212份救荒野豌豆野生种质资源开展了全生育期表型鉴定，结果发现，与产量相关的性状（如单株荚数、单株粒数和单株粒重）均具有较高的变异程度；与株型相关的性状（如分枝数和株高）的变异程度次之；与果荚和籽粒大小相关的性状（如荚长、荚宽、粒长、粒宽）的变异程度较低（表3），说明这些野生资源在产量和株型等相关性状上变异丰富，具有较大的育种利用潜力<sup>[31]</sup>。表型性状间的相关性分析在作物遗传改良和育种中具有重要的意义和作用<sup>[32]</sup>，通过对救荒野豌豆16个性状进行相关性分析，发现大部分性状之间呈显著正相关，只有个别性状之间呈负相关，其中，粒长、粒宽和百粒重之间呈极显著正相关（图3），与前人研究结果一致<sup>[29]</sup>。

基于性状之间的相关性，可采用主成分分析将多个变量降维为少数不相关的综合指标，以便更好地描述总变异的构成特征<sup>[33]</sup>。本研究通过因子分析，将 16 个农艺性状简化降维为 5 个主成分，分别反映了产量、株型和生育期等特征，根据这五个主要特征，可有针对性地发掘育种材料，为资源的有效利用提供依据（表 4）。聚类分析能够将相似的个体归为一类，可以直观地体现种质个体间的相关性<sup>[34]</sup>。结合性状差异统计分析（图 2）和 PCA 三维聚类图分析（图 4），发现不同地区之间的种质有显著差异，体现了明显的地理隔离，相关研究结果与张博宇等<sup>[12]</sup>对西南地区种子形态性状分析结果一致。通过表型多样性分析，发现救荒野豌豆野生种质资源存在丰富的遗传多样性和地理分化，为其资源的有效保护和利用提供了理论依据。未来可针对这些野生资源开展耐冷、耐旱、耐盐碱等耐逆性鉴定评价，筛选抗性资源，并结合基因组多态性分析，进一步挖掘基因资源，助力救荒野豌豆分子育种<sup>[35-36]</sup>。

### 3.3 救荒野豌豆种质创新和育种改良

作物驯化会导致遗传多样性降低，而作物野生近缘种及地方种质在长期进化过程中，适应了各种各样的环境条件，积累了大量独特的基因资源，对于改善作物抗病耐逆等性状有着得天独厚的优势<sup>[37]</sup>。比如在小麦育种中，研究人员通过将二倍体一粒小麦（*T. monococcum*）基因组中包含钠转运泵基因的区域导入到硬粒小麦（*Triticum durum*）中，成功培育出了在盐碱土壤中仍能保持较高产量的硬粒小麦品系<sup>[37-38]</sup>。而对于救荒野豌豆来说，作为一种孤生作物，尽管其营养丰富且耐逆性强，然而现代作物改良技术在其种质创新和育种改良中的应用还十分有限。过去通过表型鉴定评价已经筛选出了一些产量较高、裂荚率低的种质<sup>[15-17]</sup>，然而缺乏针对野生资源的保护利用研究。本研究通过对野外采集的救荒野豌豆种质资源开展重要农艺性状的表型鉴定评价，筛选出两份多荚多粒种质以及两份大粒种质。其中 VS063 这份种质，单株荚数 133 个，单株粒数 893 粒，分别是对照兰箭 1 号的 3-4 倍。而另外一份大粒种质 VS008，还表现出早熟特征。这些筛选出的早熟、高产、大粒种质为救荒野豌豆的种质创新和新品种选育提供了宝贵资源。在救荒野豌豆种质创新方面，未来可根据表型特征，选择具备目标性状的优良亲本，设计合理的杂交组合，为培育出符合需求的新种质和新品种提供基础。此外，为了更好的利用这些资源，下一步应深入开展救荒野豌豆高产、耐逆等农艺性状的鉴定评价，筛选高产耐逆种质资源；同时结合高通量测序、全基因组关联分析等技术，深入研究救荒野豌豆种质的遗传多样性和优良性状的分子机制，定位控制优良性状的基因<sup>[39]</sup>。随着生物育种技术的发展，未来可进一步利用基因编辑技术将优异基因快速导入栽培品种<sup>[40]</sup>。通过整合这些先进的技术手段，可充分发挥救荒野豌豆种质资源的潜在价值，进行有效的开发利用，对农业可持续发展和生态环境的改善具有重要意义。

#### 参考文献

[1] 中国科学院中国植物志编辑委员会.中国植物志.北京：科学出版社,1998,42 (2):218

Editorial Committee of Flora of China, Chinese Academy of Sciences. Flora of China. Beijing: Science Press, 1998, 42 (2): 218

- [2] Vy N,Riley S,Nagel S,Fisk I,Searle I R.Common vetch:A drought tolerant, high protein neglected leguminous crop with potential as a sustainable food source.Frontiers in Plant Science,2020,11
- [3] 李婕.箭筈豌豆种质资源的评价.南京:南京农业大学,2020  
Li J.The Evaluation of Germplasm Resources of *Vicia sativa* L.Nanjing, Nanjing Agricultural University, 2020
- [4] De La Rosa L,Lopez-Roman M I,Gonzalez J M, Zambrana E, Marcos-Prado T,Ramirez-Parra E.Common vetch, valuable germplasm for resilient agriculture:Genetic characterization and spanish core collection development.Frontiers in Plant Science, 2021,12
- [5] Ma L,Wang X,Yan M,Liu F,Zhang S,Wang X.Genome survey sequencing of common vetch(*Vicia sativa* L.)and genetic diversity analysis of Chinese germplasm with genomic SSR markers.Molecular Biology Reports,2022,49(1):313-20
- [6] Ramirez-Parra E, De La Rosa L.Designing novel strategies for improving old legumes:An overview from common vetch. Plants-Basel,2023,12(6)
- [7] 黄宇宁.基于表型和 SSR 标记的豌豆及其近缘野生种遗传多样性和群体遗传结构研究.北京:中国农业科学院,2020  
Huang Y N. Genetic diversity and population genetic structure of pea and its wild relatives based on phenotype and SSR markers.Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2020
- [8] 乔卫华, 张宏斌, 郑晓明等.我国作物野生近缘植物保护工作近 20 年的成就与展望.植物遗传资源学报, 2020, 21(6): 1329-1336  
Qiao W H,Zhang H B, Zheng X M et al.Achievements of the conservation of wild relatives of crops in the past 20 years and the prospects in China.Journal of Plant Genetic Resources,2020,21(6):1329-1336
- [9] 王晓鸣, 邱丽娟, 景蕊莲, 任贵兴, 李英慧, 李春辉, 秦培友, 谷勇哲, 李龙. 作物种质资源表型性状鉴定评价: 现状与趋势. 植物遗传资源学报, 2022, 23(1): 12-20  
Wang X M, Qiu L J, Jing R L, Ren G X, Li Y H, Li C H, Qin P Y, Gu Y Z, Li L. Evaluation on phenotypic traits of crop germplasm: status and development. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(1): 12-20
- [10] 武晶, 汤沙, 王红霞, 常金华, 刘长友, 张凯旋, 刘永辉, 王彦楠, 韩渊怀, 刁现民. 我国杂粮种质资源创新研究:现状与展望. 植物学报, 2023, 58(1): 6-21  
Wu J, Tang S, Wang H X, Chang J H, Liu C Y, Zhang K X, Liu Y H, Wang Y N, Han Y H, Diao X M. Germplasm Resource Innovation of Minor Cereals in China: Advances and Perspectives, Chinese Bulletin of Botany, 2023, 58(1): 6-21
- [11] 董德珂,董瑞,刘志鹏,王彦荣.532 份箭筈豌豆种质资源复叶表型多样性.草业科学,2015,32(6):935-41  
Dong D K,Dong R,Liu Z P,Wang Y R.Phenotypic diversity of compound leaves of 532 Germplasm resources of *Vicia sativa*. Pratacultural Science,2015,32(6):935-941
- [12] 张博宇, 杨涛, 李正丽, 杨新, 何玉华, 项超, 杨梅, 李玮瑜, 宗绪晓, 刘荣. 西南地区救荒野豌豆种子性状与萌发特性鉴定. 植物遗传资源学报,2023,24(4):1024-1033  
Zhang B Y,Yang T,Li Z L,Yang X,He Y H,Xiang C,Yang M,Li W Y,Zong X X,Liu R.Evaluation of seed traits and germination characteristics in *Vicia sativa* collected from Southwest China.Journal of Plant Genetic Resources,2023,24(4):1024-1033
- [13] 闵学阳, 刘文献, 王彦荣, 林晓珊, 齐晓, 张正社, 聂斌. 箭筈豌豆新品种 DUS 测试指南研制—测试性状评价和参照品种筛选. 草业学报, 2019,28(11): 133-146
- [14] 单飞彪,闫文芝,杜瑞霞,王永行,杨钦方,刘春晖,白立华,苗雨,赖运平.救荒野豌豆品种 DUS 测试主要数量性状筛选与评价.中国种业,2020,(8):60-65  
Shan F B,Yan W Z,Du R X,Wang Y X,Yang Q F,Liu C H,Bai L H,Miao Y,Lai Y P.Screening and evaluation of the main quantitative traits in DUS test of *Vicia sativa* varieties.China Seed Industry,2020,(8):60-65
- [15] 卢秉林,包兴国,张久东,杨新强,曹卫东.甘肃箭筈豌豆种质资源评价.草业科学,2015,32(8):1296-1302  
Lu B L,Bao X G,Zhang J D,Yang X Q,Cao W D.Evaluation of *Vicia sativa* germplasm resources in Gausu.Pratacultural Science,2015,32(8):1296-1302
- [16] 张爱华,张钦,陈正刚,崔宏浩,林海波,朱青,杨念龙,张箐,贵州旱地绿肥箭筈豌豆种质资源筛选与评价.种子,2016,35(6):63-67  
Zhang A H,Zhang Q,Chen Z G,Cui H H,Lin H B,Zhu Q,Yang N L,Zhang Q.The selection and evaluation of *Vicia sativa* in Guizhou.Seed,2016,35(6):63-67
- [17] 陆忠杰,刘志鹏,周强,聂斌,董瑞.75 份箭筈豌豆种质农艺性状遗传多样性评价.中国草地学报,2022,44(11):47-55  
Lu Z J,Liu Z P,Zhou Q,Nie B,Dong R.Evaluation of genetic diversity of 75 common vetch agronomic traits.Chinese Journal of Grassland,2022,44(11):47-55
- [18] 胡亮亮,黄宇宁,薛仁风,陈天晓,曹榕,王素华,葛维德,王丽侠,程须珍,陈红霖.辽宁地区小豆野生种及其近缘种的调查收集与豆象抗性鉴定.植物遗传资源学报:1-11

- Hu L L,Huang Y N,Xue R F,Chen T X,Cao R,Wang S H,Ge W D,Wang L X,Cheng X Z,Chen H L.Investigation, collection, and bruchid resistance identification of wild adzuki bean and sibling species in Liaoning province. *Journal of Plant Genetic Resources*:1-11
- [19] Zhou Z K, Jiang Y, Wang Z, Gou Z H, Lv J, Li W Y, Yu Y J, Shu L P, Zhao Y J, Ma Y M, Fang C, Shen Y T, Liu T F, Li C C, Li Q, Wu M, Wang M, Wu Y S, Dong Y, Wan W T, Wang X, Ding Z L, Gao Y D, Xiang H, Zhu B G, Li S X, Wang W, Tian Z X. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean. *Nature Biotechnology*, 2015, 33(4):408-414
- [20] 刘云波, 赵一之. 蒙古高原野豌豆属植物的分类研究. *内蒙古大学学报: 自然科学版*, 2001, 32(1):66-73  
Liu Y B, Zhao Y Z. Classification of vetch in Mongolian plateau. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Nei Mongol: Natural Science Edition*, 2001, 32(1):66-73
- [21] 王燕红, 姚燕, 张学杰, 孟琰. 山东省野豌豆属野生种质资源调查. *宁夏农林科技*, 2013, 54(2):95-96  
Wang Y H, Yao Y, Zhang X J, Meng Y. Investigation on wild germplasm resources of Genus *Vicia* L. in Shandong Province. *Ningxia Journal of Agriculture and Forestry Science and Technology*, 2013, 54(2):95-96
- [22] 周勇辉, 刘玉萍, 李兆孟, 苏旭, 吕婷, 胥芮. 青藏高原东北部 3 种野豌豆种子萌发特性的研究. *西南农业学报*, 2016, 29(5):1193-1196  
Zhou Y H, Liu Y P, Li Z M, Su X, Lu T, Xu R. Study on seed germination characteristics of three *Vicia* species from northeast of Qinghai-Tibetan Plateau. *Southwest China Journal of Agricultural Science*, 2016, 29(5):1193-1196
- [23] 彭艳, 南吉, 马素洁, 魏学红. 西藏野豌豆种质资源及其应用研究进展. *黑龙江农业科学*, 2019, (10):156-61  
Peng Y, Nan J, Ma S J, Wei X H. Research progress on germplasm resources and application of *Vicia* in Tibet. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2019, (10):156-16
- [24] 刁治民. 青海野豌豆属植物及根瘤菌资源的研究. *四川草原*, 2000, (4):41-44  
Diao Z M. Study on the resources of *Vicia* and its rhizobium in Qinghai. *Sichuan Grassland*, 2000, (4):41-44
- [25] 郑秋道, 张培风, 孙佩, 张瑞平, 任艺慈, 李栋, 周联东. 河南省 102 份玉米地方品种农艺性状综合评价及类群划分. *中国种业*, 2024, (9):58-63  
Zheng Q D, Zhang P F, Sun P, Zhang R P, Ren Y C, Li D, Zhou L D. Comprehensive evaluation of phenotypic traits and group division of maize local varieties in Henan Province. *China Seed Industry*, 2024, (9):58-63
- [26] 陈红霖, 胡亮亮, 杨勇, 郝曦煜, 李姝彤, 王素华, 王丽侠, 程须珍. 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. *植物遗传资源学报*, 2020, 21(3):549-559  
Chen H L, Hu L L, Yang Y, Hao X Y, Li S T, Wang S H, Wang L X, Cheng X Z. Evaluation and genetic diversity analysis of agronomic traits and Bruchid resistance using 481 worldwide mungbean germplasms. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(3):549-559
- [27] 董昕, 李淑君, 杨华, 官玲, 付忠军, 祁志云, 金川, 余雪源, 易红华, 陈荣丽, 张丕辉. 重庆玉米地方品种表型多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(4):861-87  
Dong X, Li S J, Yang H, Guan L, Fu Z J, Qi Z Y, Jin C, Yu X Y, Yi H H, Chen R L, Zhang P H. Phenotypic diversity of maize landraces collected from Chongqing. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2019, 20(4):861-870
- [28] 李鸿雁, 李悦焯, 李俊, 武自念, 黄帆, 朱琳, 郭茂伟, 李志勇, 辛霞. 内蒙古 143 份冰草属种质资源表型多样性分析与综合评价. *植物遗传资源学报*, 2024, 25(8):1254-1267  
Li H Y, Li Y X, Li J, Wu Z N, Huang F, Zhu L, Guo M W, Li Z Y, Xin X. Phenotypic diversity analysis and comprehensive evaluation of 143 *Agropyron* germplasm resources in Inner Mongolia, China. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024, 25(8):1254-1267
- [29] 刘博文, 黎桂阳, 常媛飞, 金美燕, 刘芳, 高秋, 刘万良, 哈斯塔米尔, 王显国. 野豌豆属种子形态多样性与种子分类鉴定方法的研究. *草地学报*, 2021, 29(7):1375-85  
Liu B W, Li G Y, Chang Y F, Jin M Y, Liu F, Gao Q, Liu W L, Hastamir, Wang X G. Study on seed morphological diversity and seed classification and identification methods of *Vicia*. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, 29(7):1375-1385
- [30] 侯燕红. 9 份野豌豆属植物资源遗传多样性研究. 昆明: 云南农业大学, 2023  
Hou Y H. The genetic diversity analysis of 9 Vetch resources, 2023
- [31] 牛雪婧, 王新栋, 王金萍, 孙娟, 郝彦敏, 王丽娜, 耿立格. 高粱地方种质资源表型多样性分析及综合评价. *植物遗传资源学报*, 2024, 25(4):562-575  
Niu X J, Wang X D, Wang J P, Sun J, Qie Y M, Wang L N, Geng L G. Genetic diversity and comprehensive evaluation of sorghum germplasm based on phenotypic traits. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024, 25(4):562-575
- [32] 冯章丽, 于文全, 顾广军, 刘畅, 卜海东, 程显敏, 刘延杰, 董雪梅, 邢星. 东北部分地区山荆子种质资源表型多样性及聚类分析. *植物遗传资源学报*



报,2016,17(6):984-992

Feng Z L, Yu W Q, Gu G J, Liu C, Bu H D, Cheng X M, Liu Y J, Dong X M, Xing X. Phenotypic diversity and clustering analysis of *Malus baccata* (L.) Borkh. in some areas of Northeast China. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(6): 984-992

- [33] 韩海波, 师文贵, 王晓娜, 李志勇, 李鸿雁, 李兴西, 刘磊. 内蒙古扁蓊豆野生资源形态特征研究. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(5): 721-726
- Han H B, Shi W G, Wang X N, Li Z Y, Li H Y, Li X Y, Liu L. Morphological properties of wild resources in *Medicago ruthenica* in Inner Mongolia. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2011, 12(5): 721-726
- [34] 李颖, 张树航, 郭燕, 张馨方, 王广鹏. 211份板栗种质资源花序表型多样性和聚类分析. *中国农业科学*, 2020, 53(22): 4667-4682
- Li Y, Zhang S H, Guo Y, Zhang X F, Wang G P. Catkin phenotypic diversity and cluster analysis of 211 Chinese chestnut germplasms. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(22): 4667-4682
- [35] Zhu Y, Liu Q, Xu W, Zhang J, Wang X, Nie G, Yao L, Wang H, Lin C. De Novo assembly and discovery of genes that involved in drought tolerance in the common vetch. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(2): 328.
- [36] Dong R, Luo B, Tang L, Wang QX, Lu ZJ, Chen C, Yang F, Wang S, He J. A comparative transcriptomic analysis reveals a coordinated mechanism activated in response to cold acclimation in common vetch (*Vicia sativa* L.). *BMC Genomics*. 2022, 23(1): 814.
- [37] Bevan M W, Uauy C, Wulff B B, Zhou J, Krasileva K, Clark M D. Genomic innovation for crop improvement. *Nature*, 2017, 543: 346-354.
- [38] Munns R, James R A, Xu B, Athman A, Conn S J, Jordans C, Byrt C S, Hare R A, Tyerman S D, Tester M, Plett D, Gilliam M. Wheat grain yield on saline soils is improved by an ancestral Na<sup>+</sup> transporter gene. *Nature Biotechnology*, 2012, 30(4): 360-364.
- [39] Zhao C, Gangurde SS, Xin X, Varshney RK. Editorial: Creation and utilization of crop germplasm resources. *Front in Plant Science*, 2023, 14: 1140037.
- [40] Li B, Sun C, Li J, Gao C. Targeted genome-modification tools and their advanced applications in crop breeding. *Nature Reviews Genetics*, 2024, 25(9): 603-622.