

蚕豆种质资源鉴定评价与创新利用研究进展

张志林, 刘荣, 杨涛, 宗绪晓

(中国农业科学院作物科学研究所/农业农村部粮食作物基因资源评价利用重点实验室 北京 100081)

摘要: 作物种质资源对农业生产与育种至关重要, 是提高作物产量和气候适应性的物质基础。作为全球广泛种植的粮食、蔬菜和饲料兼用的食用豆类作物之一, 蚕豆 (*Vicia faba* L.) 表现出日趋重要的产业价值和显著的生态优势。然而, 气候变化、环境胁迫及农业生产方式转型, 对蚕豆种质资源的保护与利用提出了新的挑战。本文系统梳理了蚕豆种质资源在遗传多样性、表型鉴定评价、抗病耐逆筛选、营养特性优化及分子育种技术应用方面的研究进展, 重点阐述了基因组学、分子标记、高通量筛选及育种技术的创新应用。同时, 文章深入探讨了种质资源的保护策略、创新利用, 强调了高效管理的必要性。展望未来, 通过多组学技术与育种技术的深度融合, 蚕豆种质资源将在高产优质育种改良及农业可持续发展中发挥更加深远的作用。

关键词: 蚕豆; 种质资源; 鉴定评价; 创新利用; 育种改良

Research progress on identification, evaluation and innovative utilization of faba bean germplasm resources

ZAHNG Zhilin, LIU Rong, YANG Tao, ZONG Xuxiao

(Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, /Key Laboratory of Grain Crop Genetic Resources Evaluation and Utilization, Beijing 100081)

Abstract: Crop germplasm resources are crucial for agricultural production and breeding, serving as the fundamental material basis for improving crop yield and climate adaptability. As one of the world's widely utilized legume crops for food, vegetables, and feed, faba bean (*Vicia faba* L.) exhibits increasingly significant industrial value and notable ecological advantages. However, climate change, environmental stress, and transformations in agricultural production systems present new challenges to the conservation and utilization of faba bean germplasm resources. This paper systematically reviews the research progress on faba bean germplasm resources in terms of genetic diversity, phenotypic identification and evaluation, disease resistance and stress tolerance screening, nutritional trait optimization, and the application of molecular breeding technologies in faba beans. It focuses on the innovative applications of genomics, molecular markers, high-throughput screening, and breeding technologies. Additionally, the paper delves into protection strategies and innovative utilization methods for germplasm resources, emphasizing the necessity of efficient management. Looking ahead, through the deep integration of multi omics technology and breeding technology, faba bean germplasm resources are expected to play a more profound role in breeding improvement of high-yield and high-quality varieties as well as the sustainable development of agriculture.

Key words: faba bean; germplasm resources; identification and evaluation; innovative utilization; breeding improvement

收稿日期: 2025-01-23

网络出版日期:

URL:

第一作者: 研究方向为食用豆类种质资源, E-mail: aa18451979903@163.com; 刘荣为共同第一作者

通信作者: 宗绪晓, 研究方向为食用豆类种质资源, E-mail: zongxuxiao@caas.cn

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

基金项目: 国家食用豆产业技术体系 (CARS-08-G11)

Foundation project: China Agriculture Research system-Food Legumes (CARS-08-G11)

作物种质资源为全球农业应对日益严峻的环境变化、病虫害威胁和作物产量下降等挑战提供了宝贵的物质基础。无论是针对单一作物，还是跨作物的广泛应用，种质资源的多样性为农业生产提供了持久的支持，确保了作物的适应性、抗逆性和生产能力。特别是随着气候变化和资源紧张的加剧，种质资源的保护与开发显得尤为重要，它不仅是提高作物性能的关键所在，也为农业可持续发展提供了科学依据^[1]。蚕豆（*Vicia faba* L.）营养价值丰富，产量潜力巨大，在全球 70 多个国家广泛种植，具有重要的产业价值和显著的生态优势。在长期驯化过程中，蚕豆种质资源积累了丰富的遗传多样性和形态变异，针对其种质资源的研究不仅有助于蚕豆本身产量和抗性的提升，也为其他作物的育种改良提供了重要借鉴和参考^[2]。然而，随着气候变化、环境胁迫及农业生产方式转型，蚕豆种质资源的保护利用与遗传改良正面临严峻考验。种质资源不仅是育种工作的核心基础，也是应对作物生产面临的环境压力的关键所在。特别是在气候变化及市场需求日益复杂的背景下，如何全面评估蚕豆种质资源的多样性，深入挖掘其优良性状，并通过加强育种提升品种适应性，是当前研究的核心方向。随着基因组学与分子标记技术的进步，蚕豆育种逐步向精准化、智能化发展。高通量测序、全基因组关联分析（Genome wide association analysis, GWAS）、高密度遗传图谱构建及分子标记辅助选择（Molecular Marking Assisted Selection, MAS）等技术显著加速了优良性状的挖掘与遗传机制的解析^[3-4]；无人机表型组学与机器学习技术的结合则为田间育种提供了有效路径。此外，基于多组学数据与智能算法的资源管理系统为种质资源的高效利用与全球共享奠定了坚实基础^[5]。

本文系统梳理了蚕豆种质资源在遗传多样性、表型鉴定评价、抗性资源筛选、营养特性优化及分子育种技术应用方面的研究进展，重点阐述了基因组学、分子标记及表型组学等先进育种技术的创新应用。基于现代组学技术与育种体系的深度融合，蚕豆种质资源将在蚕豆高产优质品种的选育和改良以及农业可持续发展中发挥更加深远的作用。

1 蚕豆产业概况

蚕豆（*Vicia faba* L.）作为全球广泛种植的食用豆类作物之一，具有重要的经济价值和显著的生态优势。它不仅是许多国家和地区的传统粮食作物，也是高蛋白、低脂肪的植物性食品，广泛用于人类食物和动物饲料中。蚕豆的生物固氮特性使其能够将空气中的氮气转化为植物可吸收的氮源，减少对化肥的依赖，从而改善土壤质量，促进农业生态平衡，因此在农业可持续发展方面发挥了重要作用。蚕豆含有丰富的营养成分，包括 25%至 34%的高蛋白质，特别是其赖氨酸含量较高，这使其在植物蛋白中的地位独特。此外，蚕豆还富含膳食纤维、维生素 B 族、矿物质以及多种生物活性物质，如黄酮、皂苷、L-DOPA（3,4-二氢氧苯丙氨酸）等。这些营养元素和功能成分不仅对改善人体健康具有积极作用，还能预防和缓解心血

管、糖尿病等多种慢性疾病，是一种药食同源的健康食品^[6]。

根据联合国粮食及农业组织（FAO）统计数据，全球范围内，干蚕豆的种植面积在过去 20 年呈现下降趋势，近年来稳定在 4000 万亩以上，而总产量一直稳步上升，2022 年总产量达到 612 万吨（图 1）。尽管中国干蚕豆种植面积和总产量在过去 20 年略有下降（图 1），但近年来我国蚕豆种植面积和总产量均位列世界第一，2022 年中国干蚕豆种植面积约为 1200 万亩，占世界干蚕豆种植面积的 30%，其后是埃塞俄比亚、澳大利亚、英国、摩洛哥、德国、法国、立陶宛、意大利和秘鲁（图 2）^[7]。值得注意的是，近年来我国鲜食蚕豆因其效益高，消费需求旺盛，种植面积逐年扩大，产业规模已达到蚕豆产业的 70%^[8]。尽管我国蚕豆产业发展势头良好，但它在生产上还面临许多挑战。多变气候导致的极端气候事件，如高温、干旱、寒潮、霜冻等，对蚕豆产量影响巨大。同时，蚕豆的病虫害问题也不容忽视，如蚕豆锈病、根腐病等病害，常常成为影响其产量和品质的重要因素。此外，蚕豆单产水平落后，机械化水平偏低，亟需开展高产广适宜机收相关性状的改良和品种的选育。为应对这些挑战，现代育种技术为蚕豆的种质创新和育种改良提供了新的方法和手段。基因组学、基因编辑技术、基因标记辅助选择（MAS）等技术，能够有效改良作物的抗病性、抗旱性和产量，缩短育种周期，提升育种效率。近年来，随着现代育种技术在蚕豆遗传改良中的发展应用，蚕豆品种选育和产业发展将在提高产量、改善品质和推动农业生态可持续性等方面迎来更多机遇。

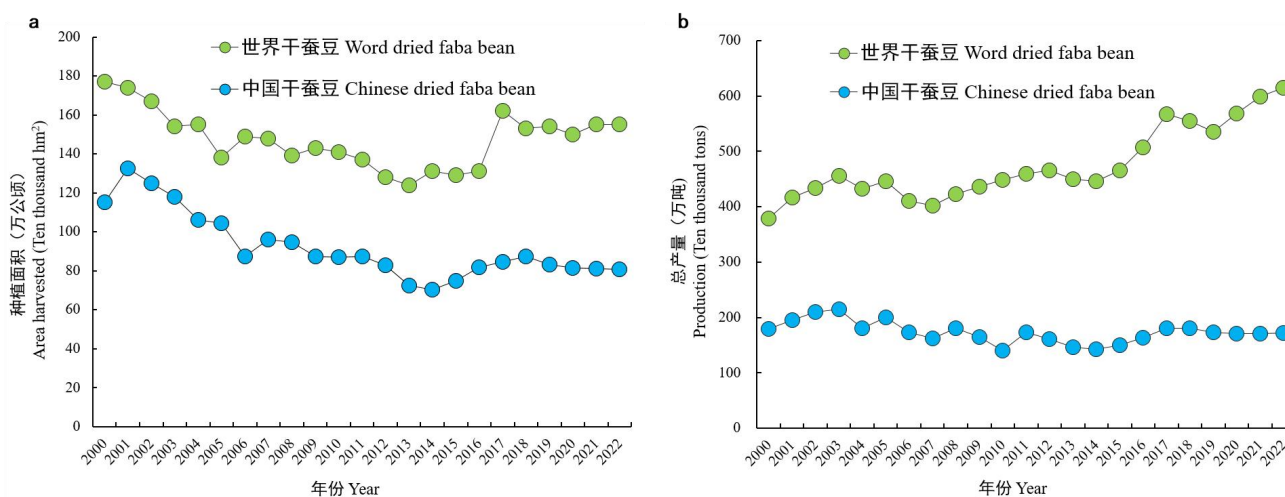


图 1 近 20 年世界和中国干蚕豆种植面积 (a) 和 总产量 (b) 趋势

Fig. 1 Trends in the harvest area and production of dry faba bean in the world and China in the past 20 years

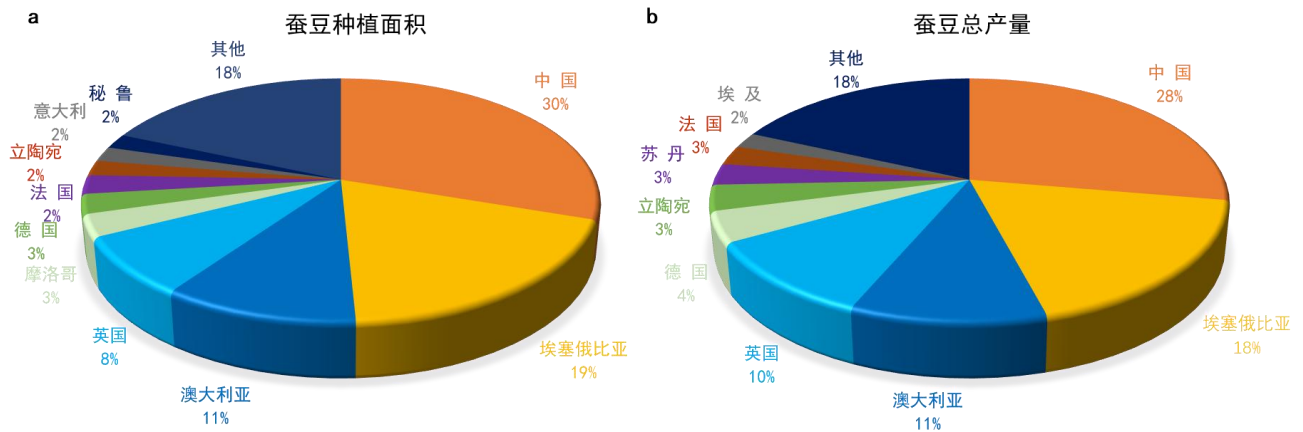


图 2 2022 年世界干蚕豆种植面积 (a) 和总产量 (b) 排名前 10 的国家
 Fig. 2 The top 10 major producing countries in terms of harvest area (a) and production (b) of faba bean in the World in 2022

2 蚕豆种质资源保存现状及多样性研究进展

目前，世界范围内蚕豆种质资源保存数量约 29255 份，位于黎巴嫩的国际干旱地区农业研究中心（ICARDA）保存的蚕豆种质资源数量达到 13090 份，居世界之首；中国蚕豆种质资源保存数量为 6170 份，排名第二；排名第三的是澳大利亚种质库，蚕豆资源保存数量为 3022 份。保存数量排名前 10 的其他国家还包括：埃塞俄比亚、俄罗斯、美国、荷兰、保加利亚、葡萄牙和苏丹等也在保存蚕豆种质资源方面有所贡献（表 1）（<https://www.genesys-pgr.org/>）。蚕豆种质资源中蕴藏着丰富的遗传多样性，为种质创新和育种改良提供了宝贵的遗传基础。然而，随着农业生产方式转型与气候变化加剧，导致许多地方种质资源的退化和消失。如何有效保护和长期保存这些宝贵资源，已成为保障粮食安全和推进农业可持续发展的关键环节。因此，现代保存技术的研究和应用显得尤为重要。

表 1 世界蚕豆种质资源保存现状

Table 1 Conservation Status of Faba Bean Germplasm

Resources in the World	
国家	保存数量
Country	Number of accessions preserved
黎巴嫩	13090
Lebanon	13090
中国	6170
China	6170
澳大利亚	3022
Australia	3022
埃塞俄比亚	2601
Ethiopia	2601
俄罗斯	1269
Russia	1269

美国	769
United States of America	
荷兰	735
The Netherlands	
保加利亚	731
Bulgaria	
葡萄牙	392
Portugal	
苏丹	148
Sudan	
其他	328
Other	

蚕豆种质资源在多样化的环境和生态系统中展现出丰富的遗传多样性。各地独特的自然环境、土壤特性和种植传统共同塑造了蚕豆资源的丰富性与差异性，形成了特定的生态型分布格局。特别是在亚洲、欧洲和北非，蚕豆表现出高度适应性，多样化的种质资源分布与区域气候和地理条件紧密相关，为遗传育种提供了宝贵的素材^[9-12]。种质资源采集通常优先覆盖代表性地理区域、气候条件和栽培方式等。这些方法聚焦于植株形态和种子性状等多样性特征，并结合环境数据记录，准确评估其生态适应性和遗传差异。这些采集样本为基因组研究提供了数据支撑，揭示蚕豆种质的遗传多样性及生态适应特征^[13-14]。例如，Skovbjerg 等^[15]对 2678 个蚕豆基因型开展全基因组关联分析，识别出与农艺性状相关的重要基因组区域，从而揭示了生态适应特征的地理分化与亚群结构。此外，Ohm 等^[16]研究通过表型和基因型分析揭示了蚕豆的广泛遗传多样性，鉴定了与关键农艺性状相关的遗传标记，为开发高效育种策略以扩大蚕豆种植提供了重要资源。通过对株高、产量和成熟期等表型性状的精确测量，结合基因组关联分析，建立了性状与基因型的关联模型。同时，SSR 和 SNP 标记技术在蚕豆遗传多样性及群体关系研究中具有重要应用价值。基于高分辨率遗传图谱，这些标记系统性揭示了蚕豆群体的遗传结构和多样性，为优质种质资源的筛选和科学育种方案的设计提供了基础支持^[3,7,17]。表型与基因型数据的整合分析进一步揭示了特定基因在农艺性状调控和生态适应中的作用，不仅提高了种质资源利用效率，还显著推动了多环境适应性育种的发展。

3 蚕豆种质资源鉴定评价研究进展

3.1 表型鉴定

近年来，针对蚕豆种质资源的表型鉴定研究采用多种方法，为种质创新与遗传改良提供了重要理论基础。何玉华等^[18]在云南地方蚕豆种质资源的研究中，通过聚类分析发现株高、生育期和百粒重等性状具有显著的内在关联，不同生态区种质表现出明显的区域特异性，为地方资源的精准分类与高效利用奠定了基础。类似地，刘玉皎等^[19]对青海蚕豆种质资源的形态性状分析表明，该区域资源具有较高的遗传多样性。通过主成分分析与聚类方法，研究明确了资源类型及不同性状对产量构成的贡献，为进一步利用提供了参

考依据。在农艺性状与遗传结构相结合的研究中，江贵荣等^[20]利用农艺性状数据与 SSR 分子标记，发现部分标记与关键性状显著关联，从而更为准确地揭示了种质资源的遗传多样性和亲缘关系，为育种改良及优良亲本选择提供了高效工具。在资源适应性筛选方面，张鹏等^[21]在高寒地区对 41 份春蚕豆资源开展分析，明确籽粒产量与株高、荚数和分枝数等性状间的显著相关性，筛选出适宜高寒区种植的优质种质。而在上海地区，石晗等^[22]基于 54 份资源的田间表现与综合性状评价，鉴定出表现优异的种质，为地方品种改良提供了重要支持。在福建的大粒蚕豆试验中，李程勋等^[23]发现江苏的通 09-110-1 品种表现出较高的产量及经济效益，显示出良好的推广潜力。针对表型性状与品质的关系，赵娜等^[24]通过分析籽粒表型与营养品质性状的多样性，揭示蛋白质、淀粉含量等品质指标与粒长、粒宽、百粒重等表型性状之间的显著相关性，并通过聚类方法划分资源类型，为品质育种提供了科学依据。此外，李文俊等^[25]从更大规模的资源角度出发，基于 513 份蚕豆种质的农艺性状数据，开展遗传多样性与主成分分析，结果显示资源间遗传变异显著，并明确分枝数、株荚数等性状对高产育种的重要指导意义，最终筛选出综合性状优异的资源。同时本课题组用一种基于无人机成像与机器学习算法的高通量表型测量技术，覆盖蚕豆全生长周期的多种表型性状。该技术整合多模态数据（RGB 与多光谱）与集成学习算法，可精准估算株高、鲜重、干重、地上生物量（AGB）、豆产量（BY）及收获指数（HI）。尤其是在灌浆期，成功预测地上生物量和产量，为蚕豆表型研究提供了强有力的技术支撑。同时结合极限梯度上升算法，进一步提升田间数据采集与分析效率，为农业遥感监测和田间管理提供了科学依据（图 3）^[26-30]。总体而言，这些研究通过对蚕豆种质资源的系统表型分析，揭示了其性状表现与生态适应性之间的内在联系，为蚕豆种质资源的挖掘与创新利用提供了多层次的理论支撑。

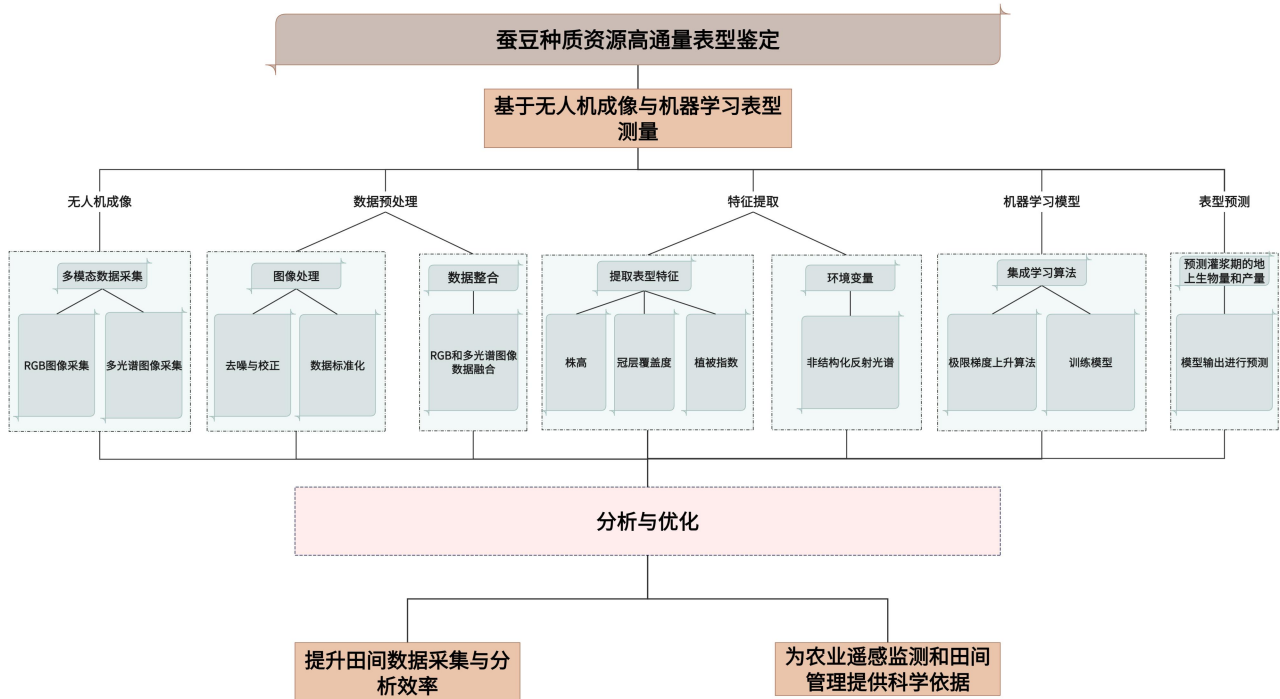


图 3 蚕豆种质资源表型鉴定

Fig. 3 Phenotypic identification of faba bean germplasm resources

3.2 抗病虫鉴定

蚕豆种质资源的抗病虫性鉴定是提升遗传多样性与加速育种进程的关键环节。针对赤斑病，龙珏臣等^[31]采用田间自然发病结合离体叶片接种的连续筛选方法，对 146 份种质资源进行了为期三年的系统评价，最终筛选出 24 份具有中抗及以上水平的优异材料，为抗赤斑病育种提供了关键种质支持。喻敏博等^[32]进一步结合多环境试验与 GGE 双标图分析，对 34 份蚕豆种质资源的抗病性与稳定性进行了系统研究，筛选出‘VF4’、‘VF5’、‘VF6’等抗病性强且表现稳定的优良材料，并明确了不同生态区的试验点布局。在锈病抗性鉴定方面，于海天等^[33]通过混合菌株在苗期与成株期的连续接种评价，对 1416 份种质资源进行了为期三年的系统筛选，最终筛选出 12 份高抗材料和 47 份抗病材料。该筛选方法具有较高的效率与稳定性，为锈病抗性资源的快速鉴定提供了可靠的技术路径，同时提升了抗病资源筛选的科学性与可操作性。针对菜豆黄花叶病毒病，通过人工摩擦接种与酶联免疫吸附检测技术，筛选出 2 份蚕豆和 3 份豌豆的抗病材料。这些材料在病毒繁殖与移动的抑制方面表现突出，为病毒病抗性资源的开发与利用奠定了重要基础^[34]。在 *O. foetida* 病害抗性鉴定中，Rubiales 等^[35]通过对 484 份蚕豆种质资源的筛选研究发现，尽管尚未筛选出完全抗病的材料，但鉴定出 6 份表现不完全抗性的优异材料。其中，L-831818、V-26 和 V-958 在不同环境条件下展现出稳定的抗病能力，而 V-255 等材料虽然抗性较强，但其稳定性相对较低。这些种质资源为后续抗病育种提供了潜在基础，并拓宽了蚕豆抗性资源的利用方向。在抗虫性研究方面，张红岩等^[36]利用绿豆象饱和侵染实验结合群体结构与聚类分析，对 500 份蚕豆种质资源进行了连续两年的系统评价，筛选出 6

份高抗材料；一步研究发现，抗虫性与粒色及地理分布之间存在一定关联，为深入解析抗虫机制与优化抗虫育种策略提供了科学依据。总体而言，多种病虫害抗性鉴定工作的深入开展，不仅为蚕豆种质资源的创新利用提供了宝贵材料，也为抗病、抗虫品种的定向培育奠定了坚实基础。这些研究显著推动了蚕豆遗传改良进程，并为相关领域的育种研究提供了重要借鉴与实践经验。

3.3 耐逆性鉴定

蚕豆种质资源的耐逆性研究主要集中于耐盐、耐碱和耐旱等多个方面。邹兰等^[37]对攀西地区 22 株蚕豆根瘤菌进行了抗逆性系统分析，发现菌株普遍耐盐性较差，仅少数菌株能在高盐条件下生长，但整体耐酸碱性和耐温性较强，其中菌株 B1 和 B3 在多种逆境下表现优异，具备进一步研究与利用的潜力。在耐盐碱性评价方面，金文海等^[38]通过对青海高原 107 份蚕豆种质的全生育期盐碱胁迫处理，结合遗传多样性、主成分分析和聚类分析，筛选出 30 份耐盐碱性较强的种质，为青海盐碱地蚕豆种植提供了优质种质资源。而彭小星等^[39]通过 322 份蚕豆核心种质的芽期盐碱胁迫实验，基于发芽率、根干质量等关键指标，筛选出 22 份高耐盐碱种质，并指出发芽率可作为芽期盐碱耐受性的首选评价指标，为耐盐碱育种和功能基因挖掘提供了坚实基础。在耐旱性研究方面，李萍等^[40]对分离自青海干旱地区的蚕豆根瘤菌 QHCD22 进行系统鉴定，发现其在模拟干旱和田间试验中均表现出显著的耐旱特性，并显著提高了接种蚕豆植株的抗旱性、生物活性及产量，尤其对干旱敏感型品种增产效果显著，显示出根瘤菌在抗旱育种中的应用潜力。

3.4 营养性状鉴定

在营养性状优化方面，研究重点聚焦于提升蛋白质、氨基酸及微量元素含量，同时降低植酸和单宁等抗营养因子的水平。王琳琳等^[41]通过对 22 份鲜食蚕豆种质的感官品质分析，明确甜味、鲜味、硬度和糯性是决定食味品质的核心性状，并提出了量化评分标准，为优质鲜食蚕豆的选育提供了明确方向。Kumar 等^[42]在印度比哈尔邦的研究中发现，不同种质间可溶性蛋白、游离氨基酸及糖类等营养参数和一些抗营养因子的含量差异显著，表明通过优良种质筛选可实现营养特性的显著改善。与此同时，Mayer Labba 等^[43]针对 15 个蚕豆品种的营养与抗营养成分的研究发现，铁生物利用度在品种间存在显著差异，仅少数品种可满足以豆类为铁主要来源的膳食需求，这为蚕豆功能性营养的进一步开发提供了重要启示。肖亚冬等^[44]则聚焦于蚕豆的加工特性，提出叶绿素、可溶性糖、支链淀粉等为速冻品质评价的关键指标，并筛选出最适合速冻加工的品种，为蚕豆加工品质的改良奠定了科学基础。此外，王琳琳等^[41]通过主成分和聚类分析对 15 份鲜食蚕豆的农艺与品质性状进行了系统评价，揭示了关键性状间的相关性，并将品种划分为不同功能类群，为资源利用及品种创新提供了理论支撑。综上，这些研究系统解析了蚕豆种质资源在营养成分、感官品质、抗营养因子及加工特性等方面的差异性与潜力，为蚕豆品质优化和多功能开发提供了深刻洞见与实践依据。

4 蚕豆种质资源遗传分析与分子调控机制

4.1 遗传分析与分子标记

针对蚕豆种质资源的遗传分析和分子标记为揭示遗传背景、挖掘优异基因及种质资源创新利用提供了有力支持（图4）。其中，SSR标记因其高多态性和良好重复性，已成为遗传研究和标记辅助育种的重要工具。Yang等^[45]通过在亲本品种“9182”和“K1563”中筛选大量SSR和EST-SSR引物，构建了一幅覆盖范围达4516.75 cM的高密度遗传连锁图，大幅提升了标记密度，为标记辅助选择育种奠定了基础。相比之下，SNP标记因其分辨率高，在遗传多样性分析和全基因组关联分析（GWAS）中展现了独特优势。Carrillo-Perdomo等^[46]通过转录组测序构建了包含1728个SNP标记的高密度遗传图谱，并揭示了蚕豆与其他豆科作物间的宏观共线性。Wang等^[47]利用102份多样性的蚕豆种质资源的花和叶的转录组数据，通过*de novo*拼接注释了243120个unigenes，检测到1579411个SNP位点。经过筛选，最终确定了130514个多态性SNP标记，用于开发蚕豆130K液相基因芯片，并成功建立了高通量SNP基因分型平台。此外，Ohm等^[46]结合表型与基因型数据，通过GWAS分析鉴定出51个与10种重要性状显著关联的SNP标记，为提高蚕豆产量、优化品质以及改进育种策略提供了重要支持。随着基因组学技术的突破性进展，丹麦、芬兰和英国的合作团队联合完成了蚕豆第一个高质量、染色体水平的参考基因组，并利用该基因组解析了种子大小和种脐颜色变异的遗传机制，为蚕豆育种提供了关键的基因组资源和技术平台^[3]。在此基础上，Zhao等^[48]通过遗传图谱数据比对，新增38850个新基因，形成了包含54753个unigenes的参考转录组。同时，研究还预测了15640个可变剪接事件、2148个LncRNA、1752个融合转录本和6568个转录因子，为基因功能研究和分子育种提供了丰富的资源。蚕豆种质资源遗传多解析与环境适应性评价为优良基因型的筛选和育种策略的优化提供了重要支撑。Ahmed等^[49]利用ISSR标记技术解析了92个蚕豆基因型的遗传多样性和地理分布特征，并通过聚类分析和群体结构解析，明确了基因型间的遗传分化规律，为杂交育种策略提供了科学依据。此外，基于环境适应性和稳定性的评价，优良种质资源的筛选取得了显著成果。Wondaferew等^[50]采用AMMI模型和GGE双标图法，评估了10个基因型在多环境条件下的适应性和稳定性，最终筛选出表现卓越的高适应性基因型G9、G8和G7^[50]。同样，Tadesse等^[51]通过BLWAASB指标分析了13个基因型在15个环境中的产量稳定性，筛选出高产稳产基因型AO1155。这些研究通过基因型与环境互作效应（G×E）的系统分析和多环境联合评价，构建了蚕豆种质优化与遗传改良的科学框架，为推动种质资源的高效利用与创新开发奠定了重要基础。

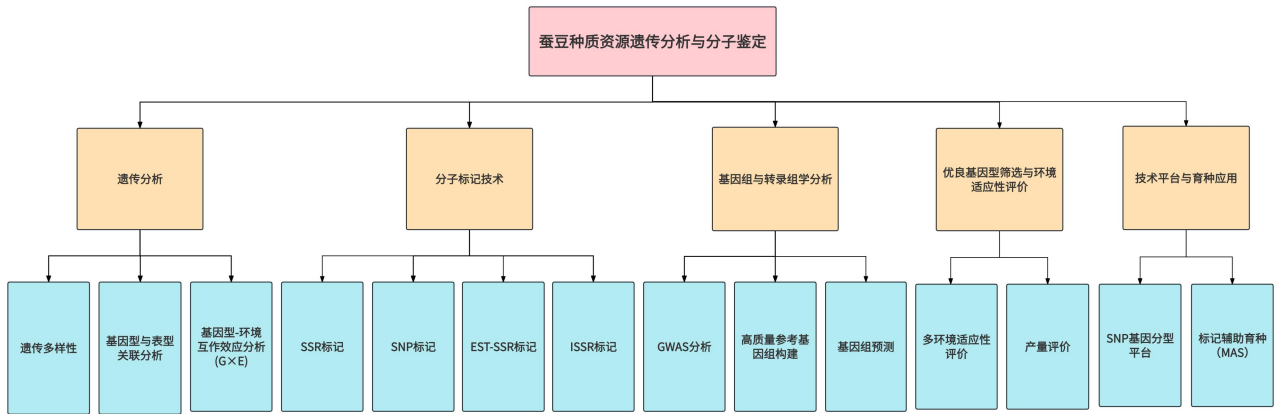


图 4 蚕豆种质资源遗传分析与分子标记

Fig. 4 Genetic analysis and molecular markers of faba bean germplasm resources

4.2 分子调控机制

近年来，通过分子生物学与基因组学技术，在蚕豆耐旱、耐盐及抗病等生物和非生物胁迫中的分子调控机制方面取得了重要进展。异源表达马铃薯 *PR10a* 基因显著提高了蚕豆的耐旱性和耐盐性^[52]；基因型筛选发现，“C5”和“Zafar 1”在抗氧化酶活性、脯氨酸积累和叶片含水量等抗旱性指标上表现突出^[53]。此外，从青藏高原分离的抗旱根瘤菌新菌株 QHCD11 显著增强了蚕豆的根系活力和抗氧化能力，显示了生物互作在耐逆性改良中的潜力^[54]。在基因调控层面，TLP 家族基因（如 *VfTLP4-3* 和 *VfTLP5*）以及 WRKY 和 bZIP 等转录因子通过调控脯氨酸代谢、抗氧化酶活性及胁迫响应基因表达，在蚕豆抗逆性中发挥了关键作用^[55-57]。研究表明，在盐胁迫下，蚕豆通过调控肌醇与脯氨酸的积累及 Cl^- 浓度平衡，有效提高了耐盐能力^[58]。在抗病性方面，Mahmoud 等^[59]研究发现，蚕豆基因型 Assiut-215 和 Roomy-3 对枯萎病表现出较强抗性，并通过 SRAP、SSR、ISSR 和蛋白质谱分析鉴定了与抗性相关的分子标记和生化特征，将 16 种基因型分为抗性、中度抗性和易感三类。针对 *Orobanche crenata*，Bahaa 等^[60]研究显示，蚕豆 P5×P6（Assiut 125×Romy 12）群体具有较高的抗性和产量潜力，通过 RAPD、ISSR 和 SRAP 标记及 QTL 定位，鉴定了 8 个与抗性相关的 DNA 片段，并在 3 个连锁群中定位了 12 个抗性 QTL。此外，Ammar 等^[61]研究通过抑制性消减杂交（SSH）技术，在耐旱蚕豆品种 Hassawi 2 中鉴定了 35 个潜在的抗旱基因，这些基因在耐旱基因型中显著上调，可能与离子通道、激酶、能量代谢及转录因子相关，为耐旱蚕豆的基因型改良提供了新思路。综上所述，分子生物学和基因组学研究正推动蚕豆抗逆性研究进入精细化和多层次调控的新阶段，为蚕豆的分子育种提供了丰富的遗传资源和技术支撑。

5 蚕豆种质资源创新利用与品种选育

近年来，分子生物学和基因组学的迅速发展显著推动了蚕豆种质创新研究，逐步将蚕豆从传统育种引领向分子育种时代^[62]。蚕豆种质资源创新利用研究内容包括多个方面，如（图 5）所示。丰富的种质

资源为蚕豆育种提供了坚实的基础，研究表明，华北地区的蚕豆种质资源具有较高的遗传多样性，而华中的遗传多样性相对较低。通过聚类分析可见，中国春性和冬性蚕豆资源的遗传变异主要来源于群体内部，并与地理分布及生态环境密切相关^[63]。分子标记技术的广泛应用极大提升了种质鉴定的精确性和育种效率，特别是在种质资源评价、基因定位及分子辅助选择等领域中发挥了重要作用^[64]。例如，耐逆和抗病基因的分子定位为抗性种质的选育提供了科学依据，而农艺性状与品质性状的研究则揭示了蛋白质含量与百粒重等重要性状的关联性，为品质改良指明了方向^[65-66]。随着 2023 年高质量蚕豆基因组数据的发布，基因组学研究显著加深了对基因结构与功能的理解，为分子育种提供了强有力的技术支持^[3,48]。此外，组织培养和遗传转化技术的不断优化，为蚕豆重要基因的功能解析及生物育种奠定了重要基础。尽管当前体外遗传操作仍面临一定挑战，但多学科技术的交叉融合有望进一步突破瓶颈，加速蚕豆遗传改良进程^[67]。未来的研究应聚焦于种质资源的系统评价，推动分子标记与基因组学研究成果向实际育种的高效转化，同时突破体外再生与基因编辑技术的关键难题，从而加速蚕豆新种质的培育与创新，全面提升其产量与品质。这将为蚕豆产业提供坚实的支撑，也为其他豆科作物的遗传改良积累宝贵经验^[48,68]。蚕豆作为优质植物蛋白的重要来源，其在生物固氮和改良土壤等生态功能方面的重要性日益凸显，为应对气候变化和粮食危机提供了关键支撑^[69]。通过提升生物固氮效率和生产性能，蚕豆在农业种植系统中的经济与环境效益逐步显现。优化蚕豆氮输入能力和减少氮流失的研究，能够促进蛋白质的自给生产，并改善农业生态环境^[70]。此外，基因组学、转录组学和代谢组学等多组学技术的整合，加速了蚕豆种质资源的深入挖掘，为高效育种奠定了基础。研究还支持开发高蛋白、低植酸及矿物质强化品种，推动农业与食品工业的发展^[3]。在耐逆性育种方面，干旱和盐碱等逆境资源的利用效率显著提升，通过耐旱基因型筛选和耐盐基因功能研究，进一步强化了蚕豆的抗性特性^[69,71-74]。同时，微生物共生改良也优化了固氮效率和土壤健康，大幅减少了化肥使用，推动了环境友好型农业发展^[75-76]。智能化育种技术结合高通量表型组学与人工智能算法，提供了精准性状预测和优良品种培育的革命性路径，加速了育种进程^[26-29,77-80]。在蚕豆品种选育方面，我国科研人员致力于培育具有抗逆性强、产量高、品质优等特性的新品种，取得了显著成效。以青海大学农林科学院培育的“青蚕 13 号”为例，该品种通过系统选育和技术推广，成功解决了寒旱地区蚕豆种植的技术难题，实现了高产稳产和机械化生产，累计带动省内外新增产值 4.7 亿元，新增收入 1.7 亿元，有力推动了区域蚕豆产业规模化发展。同时，该院从国外引种选育的“陵西一寸”品种展现出广泛的适应性，在我国秋播区和春播区均表现优异，已成为市场主栽品种。此外，江苏培育的“苏蚕”和“通蚕鲜”系列品种，有效满足了江苏、浙江、上海等地的周年供应需求；云南选育的“云豆”系列品种则为西南高海拔地区冬春季鲜食供应提供了可靠保障。重庆市农业科学院及青海大学等联合选育的豆美 1 号为全球首个食赏两用蚕豆品种，在四川松潘高原等地种植，实现了种粮、赏花两不误，为当地耕地“非农化”、“非粮化”提供了解决方案。这些优良品种凭

借其高产、抗逆、优质等特性，在市场上获得广泛认可，为蚕豆产业的可持续发展奠定了坚实的品种基础^[81-82]。

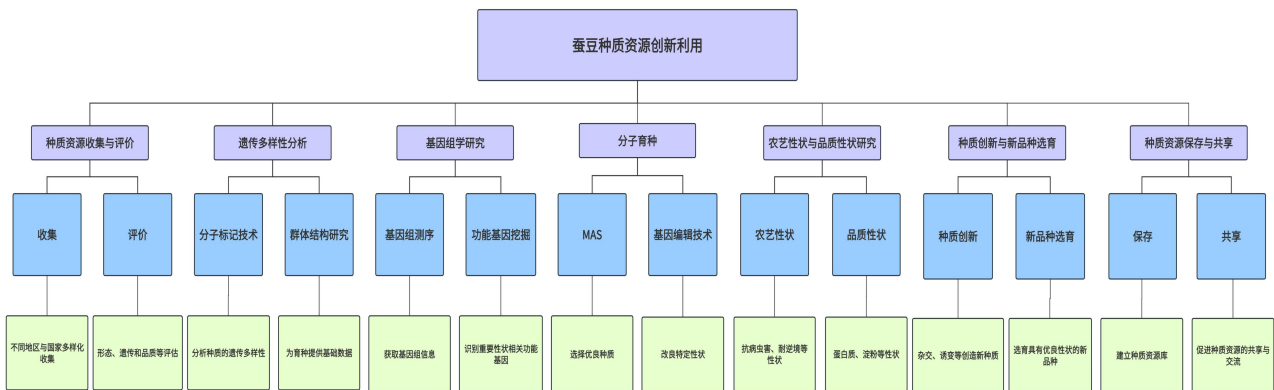


图 5 蚕豆种质资源创新利用

Fig. 5 Innovative utilization of faba bean germplasm resources

6 展望

尽管蚕豆种质资源创新利用研究已取得了诸多进展，然而蚕豆育种改良仍面临重要农艺性状基因挖掘不足与基因编辑技术落后等关键科学难题。面对全球气候变化、环境压力和农业生产方式转型的严峻挑战，如何科学保护和高效利用蚕豆种质资源目前需要关注的核心问题。在此背景下，应以“广泛调查、全面保护、充分评价、深入研究、积极创新、共享利用”为指导方针，统筹规划，分步实施，集中力量攻克种质资源保护与利用中的科学难题与技术瓶颈。首先，应加强对蚕豆种质资源的全面调查与精准鉴定。基于多样化的自然生态条件，结合区域化特色，优先覆盖代表性地理区域、生态类型和种植方式，系统采集、鉴定和分类优质种质资源。通过田间试验与现代表型组学手段，开展全面的性状评价，深入解析种质资源在生态适应性、农艺性状及品质性状方面的遗传差异和表现特征，为种质创新与开发利用奠定坚实基础。其次，针对种质资源退化和流失的严峻形势，应建立更加完善的保护体系。依托国家种质资源库，扩大保存规模、提升保存质量，进一步增加种质资源保存数量和多样性。同时，应加快种质资源数字化建设，构建覆盖全球蚕豆资源的数据库和资源管理系统，为种质资源的共享与交流提供高效平台。第三，完善基因组数据库，深入挖掘蚕豆种质资源中的优良性状及关键基因。基于基因组学、转录组学、代谢组学等多组学技术，结合 GWAS，解析与抗逆性、抗病性及品质改良相关的核心基因组区域和调控网络。在此基础上，通过功能基因验证与分子育种技术，创制优异种质资源，推动育种与精准改良进程。此外，先进的分子标记技术与智能化育种手段的深度融合，将显著提升种质资源利用效率。MAS 和基因编辑技术（如 CRISPR/Cas9）将为关键性状的快速改良提供革命性工具。无人机表型组学、高通量筛选及人工智能算法的应用，则将进一步优化复杂环境下种质资源的鉴定与评价体系，加速新品种培育。

展望未来，通过多组学技术与育种技术的深度融合，蚕豆种质资源研究将围绕安全保存与高效利用这

一核心目标展开，积极发挥其在高产优质育种改良及农业可持续发展中的深远作用。

参考文献

- [1]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 (01): 1-6
- Liu X, Li L H, Li Y, Fang W. Review and development trends of crop germplasm resources research, Journal of Agronomy, 2018, 8 (01): 1-6
- [2] Zong X, Yang T, and Liu R. Faba bean (*Vicia faba* L.) breeding. In "advances in plant breeding strategies: legumes: volume 7" (J. M. Al-Khayri, S. M. Jain and D. V. Johnson, eds.), 2019, 245-286
- [3]Jayakodi M, Golicz A A, Kreplak J, Fechete L I, Angra D, Bednár P, Bornhofen E, Zhang H, Boussageon R, Kaur S, Cheung K, Čížková J, Gundlach H, Hallab A, Imbert B, Keeble-Gagnère G, Kobličková A, Koblrová L, Krejčí P, Mouritzen T W, Neumann P, Nadzieja M, Nielsen L K, Novák P, Orabi J, Padmarasu S, Robertson-Shersby-Harvie T, Robledillo L Á, Schiemann A, Tanskanen J, Törönen P, Warsame A O, Wittenberg A H J, Himmelbach A, Aubert G, Courty P E, Doležel J, Holm L U, Janss L L, Khazaei H, Macas J, Mascher M, Smýkal P, Snowdon R J, Stein N, Stoddard F L, Stougaard J, Tayeh N, Torres A M, Usadel B, Schubert I, O'Sullivan D M, Schulman A H, Andersen S U. The giant diploid faba genome unlocks variation in a global protein crop. Nature, 2023 , 615(7953): 652-659
- [4]Gutierrez N, Pégard M, Solis I, Sokolovic D, Lloyd D, Howarth C, Torres A M. Genome-wide association study for yield-related traits in faba bean (*Vicia faba* L.). Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1328690
- [5]Farooq M A, Gao S, Hassan M A, Huang Z, Rasheed A, Hearne S, Prasanna B, Li X, Li H. Artificial intelligence in plant breeding. Trends in Genetics, 2024, 40(10): 891-908
- [6] Etemadi F, Hashemi M, Barker A, Zandvakili O, Liu X. Agronomy, nutritional value, and medicinal application of faba bean (*Vicia faba* L.) Horticultural Plant Journal, 2019, 5 (4): 170-182
- [7]Food and Agriculture Organization of the United Nations. Agriculture production data. (2022-02-06)2022-06-22]. <http://www.fao.org/faostat/en/#data>
- [8]刘玉皎.中国蚕豆.陕西科学技术出版社, 2023
- Liu Y J. Faba bean in China. Shaanxi Science and Technology Press 2023
- [9]李华英, 黄文涛, 杨成灿, 郭高球.中国蚕豆(*Vicia Faba* L.)种植地区分布及其生产区划.青海农林科技, 1990, (02): 1-6
- Li H Y, Huang W T, Yang C C, Guo G Q. Distribution of faba bean (*Vicia faba* L.) planting areas and production regionalization in china. Qinghai Agricultural and Forestry Science and Technology, 1990, (02): 1-6
- [10]徐东旭, 姜翠棉, 宗绪晓.蚕豆种质资源形态标记遗传多样性分析.植物遗传资源学报, 2010, 11(04): 399-406
- Xu D X, Jiang C M, Zong X X. Analysis of genetic diversity in morphological markers of faba bean germplasm resources. Journal of Plant Genetic Resources, 2010, 11(04): 399-406
- [11]Keneni G, Jarso M, Wolabu T. Eco-geographic distribution and microcenters of genetic diversity in faba bean (*Vica Faba* L.) and field pea (*Pisum Sativum* L.) germplasm collections from Ethiopia. East African Journal of Sciences, 2007, 1(1): 0-0

- [12]Zong X, Liu X, Guan J, Wang S, Liu Q, Paull J G, Redden R. Molecular variation among Chinese and global winter faba bean germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 118(5): 971-8
- [13]姜俊焯, 杨涛, 王芳, 方俐, 仲伟文, 关建平, 宗绪晓. 国内外蚕豆核心种质 SSR 遗传多样性对比及微核心种质构建. *作物学报*, 2014, 40(7): 1311-1319
- Jiang J Y, Yang T, Wang F, Fang L, Zhong W W, Guan J P, Zong X X. Comparison of ssr genetic diversity in core germplasm of faba bean at home and abroad and construction of mini-core germplasm. *Acta Agronomica Sinica*, 2014, 40(7): 1311-1319
- [14]Oliveira H R, Tomás D, Silva M, Lopes S, Viegas W, Veloso M M. Genetic diversity and population structure in *Vicia faba* L. landraces and wild related species assessed by nuclear SSRs. *PLoS One*, 2016, (5): e0154801
- [15]Skovbjerg C K, Angra D, Robertson-Shersby-Harvie T, Kreplak J, Keeble-Gagnère G, Kaur S, Ecke W, Windhorst A, Nielsen L K, Schiemann A, Knudsen J, Gutierrez N, Tagkouli V, Fechete L I, Janss L, Stougaard J, Warsame A, Alves S, Khazaei H, Link W, Torres A M, O'Sullivan D M, Andersen S U. Genetic analysis of global faba bean diversity, agronomic traits and selection signatures. *Theoretical and Applied Genetics*, 2023, 136(5): 114
- [16]Ohm H, Åstrand J, Ceplitis A, Bengtsson D, Hammenhag C, Chawade A, Grimberg Å. Novel SNP markers for flowering and seed quality traits in faba bean (*Vicia faba* L.): characterization and GWAS of a diversity panel. *Frontiers in Plant Science*, 2024, 15: 1348014
- [17]刘金洋, 周琰琰, 林云, 刘萌萌, 薛晨晨, 陈景斌, 闫强, 吴然然, 陈新, 袁星星. 南方 90 份秋播区蚕豆粒型性状的 SSR 关联分析. *植物遗传资源学报*, 2023, 24 (06): 1602-1618
- Liu J Y, Zhou Y Y, Lin Y, Liu M M, Xue C C, Chen J B, Yan Q, Wu R R, Chen X, Yuan X X. SSR Association analysis of seed traits in 90 autumn-sown faba bean accessions from southern china. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(06): 1602-1618
- [18]何玉华, 杨峰, 王丽萍, 吕梅媛, 宗绪晓, 代程, 包世英. 云南省地方蚕豆种质资源形态学遗传多样性分析. *西南农业学报*, 2014, 27 (02): 512-517
- He Y H, Yang F, Wang L P, Lü M Y, Zong X X, Dai C, Bao S Y. Morphological genetic diversity analysis of local faba bean germplasm resources in yunnan province. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2014, 27(02): 512-517
- [19]刘玉皎, 宗绪晓. 青海蚕豆种质资源形态多样性分. *植物遗传资源学报*, 2008, (01): 79-83
- Liu Y J, Zong X X. Morphological diversity analysis of faba bean germplasm resources in Qinghai. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2008, (01): 79-83
- [20]江贵荣, 周丙月, 李文俊, 郝罗英, 王贤胜, 杨生华, 李龙, 郭延平, 邵扬, 王玉萍. 蚕豆种质资源农艺性状和 SSR 标记的遗传多样性分析. *分子植物育种*, 2024, 1-23
- Jiang G R, Li W J, Hao L Y, Wang X S, Yang S H, Li L, Guo Y P, Shao Y, Wang Y P. Genetic diversity analysis of agronomic traits and SSR markers in faba bean germplasm resources. *Molecular Plant Breeding*, 2024, 1-23
- [21]张鹏, 鲍根生, 刘文辉, 滕长才, 刘玉皎. 高寒区 41 份春蚕豆种质资源农艺性状的遗传多样性分析. *草业科学*, 2023, 40 (07): 1844-1855
- Zhang P, Bao G S, Liu W H, Teng C C, Liu Y J. Genetic diversity analysis of agronomic traits in 41 spring faba bean germplasm resources from alpine regions. *Pratacultural Science*, 2023, 40 (07): 1844-1855
- [22]石晗, 陈子义, 陈珏, 邹丹蓉. 54 份蚕豆种质资源主要农艺性状的综合鉴定与评价. *江苏农业科学*, 2023, 51 (20): 67-76

Shi H, Chen Z Y R. Comprehensive identification and evaluation of major agronomic traits in 54 faba bean germplasm resources. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2023, 51 (20): 67-76

[23]李程勋, 李爱萍, 徐晓俞, 郑开斌. 福建鲜籽粒大粒蚕豆种质资源的引进及评价. *福建农业学报*, 2021, 36 (04): 394-401

Li C X, Li A, Zheng K B. Introduction and evaluation of fresh large-seed faba bean germplasm resources in Fujian. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 36 (04): 394-401

[24]赵娜, 缪亚梅, 姚梦楠, 薛冬, 顾春燕, 汪凯华, 王永强, 王学军. 蚕豆种质资源籽粒表型与营养品质性状的多样性分析. *江苏农业学报*, 2022, 38 (03): 597-604

Zhao N, Miao Y M, Yao M N, Xue D, Gu C Y, Wang K H, Wang Y Q. Diversity analysis of seed phenotype and nutritional quality traits in faba bean germplasm resources. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2022, 38 (03): 597-604

[25]李文俊, 郭延平, 杨生华, 邵扬. 513 份蚕豆种质资源主要农艺性状遗传多样性分析. *作物杂志*, 2024, 1-14

Li W J, Guo Y P, Yang S H, Shao Y. Genetic diversity analysis of major agronomic traits in 513 faba bean germplasm resources. *Crops Journal*, 2024, 1-14

[26]Ji Y, Chen Z, Cheng Q, Liu R, Li M, Yan X, Li G, Wang D, Fu L, Ma Y, Jin X, Zong X, Yang T. Estimation of plant height and yield based on UAV imagery in faba bean (*Vicia faba* L.). *Plant Methods*, 2022, 18(1): 26

[27]Ji Y, Liu R, Xiao Y, Cui Y, Chen Z, Zong X, Yang T. Faba bean above-ground biomass and bean yield estimation based on consumer-grade unmanned aerial vehicle RGB images and ensemble learning. *Precision Agriculture*, 2023, 24 (4): 1439-1460

[28]Cui Y, Ji Y, Liu R, Li, Liu W, Liu Y, Zong Z, Xu X, Yang T. Faba Bean (*Vicia faba* L.) yield estimation based on dual-sensor data. *Drones*, 2023, 7(6)

[29]Ji Y, Liu Z, Cui Y, Liu R, Chen Z, Zong X, Yang T. Faba bean and pea harvest index estimations using aerial-based multimodal data and machine learning algorithms. *Plant physiology*, 2023

[30]Ji Y, Liu Z, Liu R, Wang Z, Zong X, Yang T. High-throughput phenotypic traits estimation of faba bean based on machine learning and drone-based multimodal data. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2024, 227 (P2): 109584

[31]龙玉臣, 杜成章, 王萍, 武云霞, 张志良, 邓豪, 王强, 李沅根, 唐明双, 张继君. 蚕豆种质资源抗赤斑病鉴定与评价. *植物保护*, 2024, 1-10

Long J C, Du C Z, Wang P, Wu Y X, Zhang Z L, Deng H, Wang Q, Li Y G, Tang M S, Zhang J J. Identification and evaluation of resistance to chocolate spot in faba bean germplasm resources. *Plant Protection*, 2024, 1-10

[32]喻敏博, 张贵, 侯璐, 侯万伟, 刘玉皎. 青海省 34 份蚕豆资源抗赤斑病性评价分析. *分子植物育种*, 2021, 19 (13): 4504-4516

Yu M B, Zhang G, Hou L, Hou W W, Liu Y J. Evaluation and analysis of resistance to chocolate spot in 34 faba bean resources from Qinghai province. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(13): 4504-4516

[33]于海天, 王丽萍, 杨峰, 胡朝芹, 何玉华, 吕梅媛. 蚕豆抗锈病鉴定方法的改进及资源筛选. *植物病理学报*, 2020, 50 (06): 702-710

Yu H T, Wang L P, Yang F, Hu Z Q, He Y H, Lü M Y. Improvement of identification methods and resource screening for rust resistance in faba bean. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2020, 50(06): 702-710

[34]王信, 王晓鸣, 杨家荣, 亓鹏. 蚕豆和豌豆对菜豆黄花叶病毒引致病病毒的抗性研究. *作物杂志*, 2007, (02): 55-58

- Wang X, Wang X M, Yang J R, Qi P. Resistance of faba bean and pea to bean yellow mosaic virus-induced viral disease. *Crops*, 2007, (02): 55-58
- [35]Rubiales D, Auila C, Sillero C, Miroslav H, Lea N, Fernando F. Identification and multi-environment validation of resistance to *Ascochyta fabae* in faba bean (*Vicia faba*). *Field Crops Research*, 2011, 126
- [36]张红岩, 杨涛, 关建平, 杨生华, 方俐, 杜萌莹, 宗绪晓. 蚕豆抗绿豆象种质资源的鉴定. *作物杂志*, 2016, (04): 86-92
- Zhang H Y, Yang T, Guan J P, Yang S H, Fang L, Du M Y, Zong X X. Identification of faba bean germplasm resources resistant to *Bruchus rufimanus*. *Crops*, 2016, (04): 86-92
- [37]邹兰, 王科, 钟坤仲, 周涛, 杨玲, 杨华, 徐开未. 攀西地区蚕豆根瘤菌抗性研究. *湖北农业科学*, 2013, 52(11): 2516-2518
- Zou L, Wang K, Zhong K Z, Zhou T, Yang L, Yang H, Xu K W. Study on stress resistance of rhizobium in faba bean in Panxi area. *Hubei Agricultural Sciences*, 2013, 52(11): 2516-2518
- [38]金文海, 王慧, 范惠玲, 张红岩, 李萍, 侯万伟, 滕长才, 武学霞. 107 份青海高原耐盐碱蚕豆种质筛选及评价. *种子*, 2024, 43 (10): 20-26
- Jin W H, Wang H, Fan H L, Zhang H Y, Li P, Hou W W, Teng C C, Wu X X. Screening and evaluation of 107 salt-alkali tolerant faba bean germplasms in the Qinghai plateau. *Seed*, 2024, 43(10): 20-2
- [39]彭小星, 范惠玲, 滕长才, 武学霞, 侯万伟, 周仙莉, 张红岩, 刘玉皎. 蚕豆种质资源芽期耐盐碱性鉴定评价及耐盐碱种质筛选. *西北农业学报*, 2024, 1-11
- Peng X X, Fan H L, Teng C C, Wu X X, Hou W W, Zhou X L, Zhang H Y, Liu Y J. Identification and evaluation of salt-alkali tolerance in faba bean germplasm at the germination stage and screening of salt-alkali tolerant germplasm. *Journal of Northwest Agriculture*, 2024, 1-11
- [40]李萍, 滕长才, 刘玉皎, 张金发, 侯万伟, 何涛, 张晓玲, 王建忠. 青海一株蚕豆根瘤菌的鉴定及抗旱性评价. *微生物学报*, 2022, 62 (10): 4030-4046
- Li P, Teng C C., Liu Y J, Zhang J F, Hou W W, He T, Zhang X L, Wang J Z. Identification and drought tolerance evaluation of a faba bean rhizobium strain from Qinghai. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(10): 4030-4046
- [41]王琳琳, 钟洋敏, 缪叶旻子, 马瑞芳, 刘庭付. 基于主成分和聚类分析的鲜食蚕豆农艺与品质性状综合评价. *江苏农业学报*, 2023, 39 (03): 788-797
- Wang L L, Zhong Y Z, Ma R F, Liu T F. Comprehensive evaluation of agronomic and quality traits of fresh faba bean based on principal component and cluster analysis. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2023, 39(03): 788-797
- [42]Kumar A, Nidhi, Prasad N, Sinha S K. Nutritional and antinutritional attributes of faba bean (*Vicia faba* L.) germplasms growing in Bihar, India. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 2015, 21(1): 159-62
- [43]Mayer Labba I C, Frøkiær H, Sandberg A S. Nutritional and antinutritional composition of faba bean (*Vicia faba* L., var. *minor*) cultivars. *Food Research International*, 2021, 140: 110038
- [44]肖亚冬, 缪亚梅, 聂梅梅, 杨慧珍, 吴刚, 王学军, 刘春泉. 9 个蚕豆品种生长性状与品质分析及速冻加工品质评价. *江苏农业科学*, 2022, 50 (13): 178-186
- Xiao Y D, Miao Y M, Nie M M, Yang H Z, Wu G, Wang X J, Liu C Q. Growth traits, quality analysis, and frozen processing quality evaluation of nine faba bean varieties. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2022, 50(13): 178-186

- [45] Yang T, Jiang J, Zhang H, Liu R, Strelkov S, Hwang S, Chang K, Yang F, Miao Y, He Y, Zong X. Density enhancement of a faba bean genetic linkage map (*Vicia faba*) based on simple sequence repeats markers. *Plant Breeding*, 2019, 138 (2): 207-215
- [46] Carrillo-Perdomo E, Vidal A, Kreplak J, Duborjal H, Leveugle M, Duarte J, Desmetz C, Deulvot C, Raffiot B, Marget P, Tayeh N, Pichon J P, Falque M, Martin O C, Burstin J, Aubert G. Development of new genetic resources for faba bean (*Vicia faba* L.) breeding through the discovery of gene-based SNP markers and the construction of a high-density consensus map. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 6790
- [47] Wang C, Liu R, Liu Y, Hou W, Wang X, Miao Y, He Y, Ma Y, Li G, Wang D, Ji Y, Zhang H, Li M, Yan X, Zong X, Yang T. Development and application of the faba bean_130K targeted next-generation sequencing SNP genotyping platform based on transcriptome sequencing. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(10): 3195-3207
- [48] Zhao N, Zhou E, Miao Y, Xue D, Wang Y, Wang K, Gu C, Yao M, Zhou Y, Li B, Wang X, Wei L. High-quality faba bean reference transcripts generated using PacBio and Illumina RNA-seq data. *Scientific Data*, 2024, 11(1): 359
- [49] Ahmed A. Qahtan. Genetic diversity and structure analysis of a worldwide collection of faba bean (*Vicia faba*) genotypes using ISSR markers. *International Journal of Agriculture and Biology*, 2021, 25 (03): 683-691
- [50] Wondaferew D, Mulluaem D, Bitewlgn W, Kassa Z, Abebaw Y, Ali H, Kebede K, Astatkie T. Cultivating sustainable futures: multi-environment evaluation and seed yield stability of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes by using different stability parameters in Ethiopia. *Biomed Central Plant Biology*, 2024, 24(1): 1108
- [51] Tadesse S, Khazaai H, Podder R, Vandenberg A. Dissection of genotype-by-environment interaction and simultaneous selection for grain yield and stability in faba bean (*Vicia faba* L.). *Agronomy Journal*, 2023, 115 (2): 474-488
- [52] Hanafy M S, El-Banna A, Schumacher H M, Jacobsen H J, Hassan F S. Enhanced tolerance to drought and salt stresses in transgenic faba bean (*Vicia faba* L.) plants by heterologous expression of the *PRI0a* gene from potato. *Plant Cell Reports*, 2013, 32(5): 663-74
- [53] Siddiqui M H, Al-Khaishany M Y, Al-Qutami M A, Al-Whaibi M H, Grover A, Ali HM, Al-Wahibi M S, Bukhari N A. Response of different genotypes of faba bean plant to drought stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 2015, 16(5): 10214-27
- [54] Li P, Teng C, Zhang J, Liu Y, Wu X, He T. Characterization of drought stress-mitigating *Rhizobium* from faba bean (*Vicia faba* L.) in the Chinese Qinghai-Tibet Plateau. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1212996
- [55] Zhao Y, Yang X, Zhang J, Huang L, Shi Z, Tian Z, Sha A, Lu G. Thaumatin-like protein family genes *VjTLP4-3* and *VjTLP5* are critical for faba bean's response to drought stress at the seedling stage. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 206: 108243
- [56] Huang L T, Liu C Y, Li L, Han X S, Chen H W, Jiao C H, Sha A H. Genome-Wide identification of bZIP transcription factors in faba bean based on transcriptome analysis and investigation of their function in drought response. *Plants (Basel)*. 2023, 12(17): 3041
- [57] 周恩强, 周瑶, 姚梦楠, 王学军, 赵娜, 缪亚梅, 王永强, 薛冬, 李波, 汪凯华. 基于全长转录组的蚕豆 WRKY 基因家族分析及耐盐胁迫相关候选基因挖掘. *江苏农业学报*, 2024, 40(01): 14-30

- Zhou E Q, Yao M N, Chen C, Zhao N, Miao Y M, Wang Y Q, Xue D, Li B, Wang KH. Analysis of the faba bean WRKY gene family based on full-length transcriptome and mining of candidate genes related to salt stress tolerance. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2024, 40 (01): 14-30
- [58]Richter J A, Behr J H, Erban A, Kopka J, Zörb C. Ion-dependent metabolic responses of *Vicia faba* L. to salt stress. *Plant Cell Environ*, 2019, 42(1): 295-309
- [59]Mahmoud A F, Abd El-Fatah B E S. Genetic diversity studies and identification of molecular and biochemical markers associated with fusarium wilt resistance in cultivated faba bean (*Vicia faba*). *Plant Pathology Journal*, 2020, 36(1): 11-28
- [60]Bahaa E S, Dalia M T. Inheritance of faba bean resistance to Broomrape, genetic diversity and QTL mapping analysis. *Molecular Biology Reports*, 2019, 47 (1): 11-32
- [61]Ammar M H, Khan A M, Migdadi H M, Abdelkhalek S M, Alghamdi S S. Faba bean drought responsive gene identification and validation. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2017, 24(1): 80-89
- [62]张兴民, 池小娜, 顾文媛, 邵扬, 王玉萍. 分子标记在蚕豆遗传育种中的研究进展. *中国蔬菜*, 2023, (09): 31-37
- Zhang X M, Chi X N, Gu W Y, Shao Y, Wang Y P. Research progress on molecular markers in genetic breeding of faba bean. *China Vegetables*, 2023, (09): 31-37
- [63]王海飞. 蚕豆种质资源遗传多样性分析及分子标记开发. 中国农业科学院, 2011
- Wang H F. Genetic diversity analysis and molecular marker development of faba bean germplasm resources. *Chinese Academy of Agricultural Sciences*, 2011
- [64]康智明, 郑开斌, 徐晓俞, 李爱萍. 不同蚕豆品种农艺及品质性状的遗传多样性分析. *福建农业学报*, 2015, 30 (03): 249-252
- Kang Z M, Zheng K B, Xu X Y, Li A P. Genetic diversity analysis of agronomic and quality traits in different faba bean varieties. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2015, 30(03): 249-252
- [65]Maalouf F, Hu J, O'Sullivan M D, Zong X X, Hamwich A, Kumar S, Baum M. Breeding and genomics status in faba bean (*Vicia faba*). *Plant Breeding*, 2018, 138 (4), 465-473
- [66]Gantait S, Mukherjee E. Tissue culture-based genetic improvement of faba bean (*Vicia faba* L.): analysis on previous achievements and future perspectives. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2021, 105(18): 6531-6546
- [67]周瑶, 周恩强, 姚梦楠, 赵娜, 缪亚梅, 魏利斌, 王永强, 王学军. 我国鲜食蚕豆品种发展现状及趋势. *浙江农业科学*, 2023, 64 (10): 2423-2428
- Zhou Y, Zhou M N, Zhao N, Miao Y M, Wei L B, Wang Y Q, Wang X J. Development status and trends of fresh faba bean varieties in china. *Zhejiang Agricultural Sciences*, 2023, 64(10): 2423-2428
- [68]Etemadi F, Hashemi M, V.Barker A, Zandvakili O R, Li X. Agronomy, nutritional value, and medicinal application of faba bean(*Vicia faba* L.). *Horticultural Plant Journal*, 2019, 5(04): 170-182
- [69]Chiara D N, Ea E E J, Olesen E, Peter S, Jim R. Faba bean productivity, yield stability and N₂-fixation in long-term organic and conventional crop rotations. *Field Crops Research*, 2023, 295 (0): 108894

- [70]Inger-Cecilia L M, Hanne F, Ann-Sofie S. Nutritional and antinutritional composition of fava bean (*Vicia faba* L., var. minor) cultivars. Food Research International,2021,140: 110038
- [71]Li M, He Y, Liu R, Li G, Wang D, Ji Y, Yan X, Huang S, Wang C, Ma Y, Liu B, Yang T, Zong X. Construction of SNP genetic maps based on targeted next-generation sequencing and QTL mapping of vital agronomic traits in faba bean (*Vicia faba* L.). Journal of Integrative Agriculture, 2023, 22 (09): 2648-2659.
- [72]Balko C, Torres A M, Gutierrez N. Variability in drought stress response in a panel of 100 faba bean genotypes. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1236147
- [73]魏正欣.蚕豆天冬氨酸转氨酶基因 *VfAAT* 抗旱功能鉴定.长江大学, 2023
- Wei Z X. Identification of the drought resistance function of the *VfAAT* gene encoding aspartate aminotransferase in faba bean. Changjiang University, 2023
- [74]金文海, 樊有存, 李萍, 范惠玲, 侯万伟, 滕长才, 刘玉皎, 武学霞.蚕豆 *VfNHX1* 基因克隆及初步功能验证.福建农业学报, 2024, 39 (06): 689-699
- Jin W H, Fan Y C, Li P, Fan H L, Hou W W, Teng C C, Liu Y J, Wu X X. Cloning and preliminary functional verification of the *VfNHX1* gene in faba bean. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2024, 39(06): 689-699
- [75]Mei P P, Wang P, Yang H, Gui L G, Christie P, Li L. Maize/faba bean intercropping with rhizobial inoculation in a reclaimed desert soil enhances productivity and symbiotic N₂ fixation and reduces apparent N losses. Soil and Tillage Research, 2021, 213 (0): 105154-105154
- [76]李爱萍, 郑开斌, 林碧英, 陈象新.蚕豆提高土壤肥力及土壤效力研究.农业与技术, 2007, (02): 61-63
- Li A P, Zheng Y, Chen X X. Study on faba bean improving soil fertility and soil effectiveness. Agriculture & Technology, 2007, (02): 61-63
- [77]Hu B J, Zheng Y, Wang D S, Guo Y T, Dong Y. Intercropping wheat and appropriate nitrogen supply can alleviate faba bean wilt disease by reshaping soil microbial community structure. Industrial Crops & Products, 2024, 222(P1): 119538-119538
- [78]Sheikh M, Iqra F, Ambreen H, Pravin A K, Ikra M, Chung S Y. Integrating artificial intelligence and high-throughput phenotyping for crop improvement, Journal of Integrative Agriculture, 2023
- [79]Nabwire S, Suh H K, Kim M S, Baek I, Cho B K. Review: application of artificial intelligence in phenomics. Sensors (Basel), 2021, 21(13): 4363
- [80]Singh A, Ganapathysubramanian B, Singh A K, Sarkar S. Machine learning for high-throughput stress phenotyping in plants. Trends in Plant Science, 2016, 21(2): 110-124
- [81]程须珍,包世英.蚕豆生产技术.北京:北京教育出版社, 2016.5
- Cheng X Z, Bao S Y. Production technology of faba bean. Beijing: Beijing Education Press, May 2016
- [82]程须珍.中国食用豆类品种志.北京:科技出版, 2023.4
- Cheng X Z. Compendium of edible legume varieties in China. Beijing: Science and Technology Publishing, April 2023