

· 专题论坛 ·

小豆种质资源、育种及遗传研究进展

徐宁, 王明海, 包淑英, 王桂芳, 郭中校*

吉林省农业科学院作物资源研究所, 公主岭 136100

摘要 小豆(*Vigna angularis* (Willd) Ohwi & Ohashi)起源于中国, 是我国主要食用豆类作物。该文综述了小豆种质资源的收集与利用、品种选育概况及经典遗传学、现代分子遗传学等方面的研究进展, 可为豇豆属作物的研究提供参考。

关键词 小豆, 种质资源, 育种, 遗传, 研究进展

徐宁, 王明海, 包淑英, 王桂芳, 郭中校 (2013). 小豆种质资源、育种及遗传研究进展. 植物学报 48, 676–683.

小豆(*Vigna angularis* (Willd) Ohwi & Ohashi)隶属于豆科(Leguminosae)蝶形花亚科(Papilionaceae)、菜豆族(Phaseoleae)、豇豆属(*Vigna*), 染色体组为 $2n=22$ 。小豆籽粒含有人体所必需的铁、钙、磷等微量元素和18种氨基酸, 蛋白质含量比禾谷类作物高2–3倍(Duke, 1981)。另外, 小豆在药用功效上有通便利尿、净化血液、解除疲劳、降低胆固醇等多种功效(龙静宜等, 1989)。

小豆起源于中国(郑卓杰等, 1997), 主要分布在东亚地区, 其中在中国的种植面积最大, 其次是日本和韩国, 故被称为“亚洲作物”。小豆是日本第二大豆类作物, 占豆类种植面积的23%, 主要集中在北海道地区和秋田、青森、岩手等地, 年种植面积在 6.0×10^4 – $8.0 \times 10^4 \text{ hm}^2$ 之间, 总产量约为 $1.0 \times 10^5 \text{ t}$ 。韩国小豆种植面积为 2.0×10^4 – $3.0 \times 10^4 \text{ hm}^2$, 占豆类面积的10%–15%。此外, 小豆在美国、印度、新西兰等国家也有小面积种植(林汝法等, 2002)。

在中国小豆的主产区集中在华北、东北和江淮地区。受农业种植结构调整及国际市场等因素的影响, 我国小豆生产在波动中发展。20世纪50年代末, 中国小豆种植面积开始减少。70年代中后期, 随着耕作制度的改变和国内外市场需求量的增加, 小豆种植面积才逐年恢复。尤其是自90年代后期, 随着水稻(*Oryza sativa*)、小麦(*Triticum aestivum*)、玉米(*Zea mays*)三大粮食作物及多数农产品出现了阶段性的过剩, 我国对农业种植结构调整的步伐加快, 小豆生产有了一

定发展。近年来, 由于受小豆价格低迷及玉米等农产品比价效应影响, 中国小豆种植面积又有所下降, 年种植面积为 $2.0 \times 10^5 \text{ hm}^2$, 产量约为 $3.0 \times 10^5 \text{ t}$ 。

本文将从小豆种质资源研究、品种选育及普通遗传学、分子遗传学研究等方面全面回顾国内外小豆的研究进展及动态, 以期为小豆等豇豆属作物的研究提供参考。

1 种质资源研究概况

作为小豆起源地, 我国自1978年起就已将小豆等食用豆类产业正式立项研究, 目前已收集到国内外小豆种质约5 000份, 并已编入《中国食用豆类品种资源目录》(徐宁等, 2008)。日本小豆主要研究机构有国家农业生物资源研究所(NIAS)、北海道立十胜农试场等, 保存来自世界各地小豆资源3 000余份(柴岩和万世富, 2007)。在东亚植物遗传资源协作项目的资助下, 从1999年开始, 日本开展了对包括小豆在内的豇豆属特别是亚洲豇豆亚属(*Ceratotropis*)各种豆类资源的搜集工作, 目前搜集到亚洲豇豆亚属内的豆类共19个分类群(taxa)13个种(species)(Tomooka et al., 2000), 其中包括具有抗豆象、耐盐特性的珍稀豆类资源。

近年来, 对小豆种质资源鉴定评价陆续开展, 为小豆育种奠定了基础。Aguilar等(1996)从88份小豆资源中筛选出3份能有效抑制二斑叶螨产卵的种质资

收稿日期: 2012-09-12; 接受日期: 2013-04-10

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金(No.CARS-09-Z9)和吉林省科技厅重点项目(No.20120217)

* 通讯作者。E-mail: guozhx@cjaas.com

源。Kondo等(2009)从67份小豆种质(包括品种、品系、野生种)中鉴定出1份栽培种和1份野生种, 其对发生在北海道地区的褐色茎腐病新病种有抗性。胡家蓬(1999)对3 993份小豆栽培种、60份小豆野生种进行了农艺性状的鉴定与评价, 筛选出一批矮秆、直立、早熟、大粒、高蛋白含量、高淀粉含量、抗旱、抗寒、耐盐以及抗病虫的种质。喻少帆等(1997)对500份小豆种质资源进行了白粉病抗性鉴定, 筛选出21份高抗资源。魏淑红(2000)对2 040份小豆资源进行人工接种抗叶斑病鉴定, 筛选出抗病资源1份, 中抗资源3份。朱振东和王晓鸣(2003)对70份小豆种质进行了疫霉茎腐病抗性鉴定, 获得7份抗病资源。濮绍京等(2008)对384份小豆种质资源进行了发芽期耐冷性鉴定, 筛选出一批耐冷性较好的材料。此外, 依据国家种质库保存的小豆种质资源鉴定数据, 徐宁等(2008)根据地理来源分组构建了中国小豆核心种质, 取样量为8.9%, 这套核心样品包含了名优地方品种、育成品种(品系)以及特异小豆种质。目前, 中国农业科学院作物科学研究所正在对这套核心种质进行全面鉴定和评价, 为充分发掘和有效利用小豆基因资源奠定了基础。

2 品种选育研究概况

小豆新品种选育主要采用系统选育、人工杂交及异地引种等常规方法。近些年来, 各小豆主产国在新品种选育方面均取得了显著成效。日本小豆品种改良工作始于20世纪初, 通过地方品种筛选、纯系分离、杂交及辐射等育种手段, 培育出了一批具有早熟、大粒、优质、抗逆性强等特性的新品种。目前日本小豆育种的主要目标是抗病(落叶病、茎疫病和萎凋病)性强、抗寒性强、外观品质与加工品质优、适宜机械化收获。围绕这些育种目标, 日本培育出了大纳言品种系列、十育140、十育143、北方少女、农林1-8号等小豆品种(柴岩和万世富, 2007)。中国自20世纪50年代初开始在全国进行小豆地方品种的收集、整理和筛选工作。70年代以后开始系统选育, 通过自然变异选择育成了龙小豆1号、白城153、冀红1号、冀红2号、京农1号、京农2号等品种, 并大面积应用于生产。80年代我国开始采用杂交技术进行品种改良, 但育种进展缓慢, 大面积推广应用的品种较少。近几年在生产上推广应用

的品种有京农6号、京农7号、吉红7号、冀红4号、冀红5号、豫小豆1号等(濮绍京和金文林, 2007)。

小豆属于自花授粉作物, 通过诱变育种也能够获得特异基因型。目前, 应用于小豆育种的诱变技术有卫星搭载、辐射诱变及化学诱变等。早在1994年中国农业科学院原子能研究所进行了小豆种子的卫星搭载空间诱变研究, 在后代中获得了单株产量和籽粒大小性状显著优于原亲本的优良单株(金文林和濮绍京, 2008)。北京农学院、山西省农业科学院利用 γ 射线诱变成功培育了京农5号(金文林和陈学珍, 1999)、晋小豆1号(赵雪英等, 2004)等品种, 并具良好的市场推广前景。中国学者利用秋水仙碱对小豆进行了化学诱变研究, 探讨了秋水仙碱诱变小豆的适宜浓度及处理时间, 得出处理浓度对M1世代出苗和成株率的直接影响明显大于处理时间(濮绍京等, 2005)。经筛选得到了株高、株型、叶色、叶形、荚色、粒色和成熟特性等完全不同的突变体(万平等, 2009)。可见, 通过诱变能够获得有利用价值的目标性状的特异突变体, 为小豆育种提供了新的种质资源。

小豆抗豆象育种比绿豆(*Phaseolus radiatus*)等豆类进展较慢。一方面是由于在小豆种内还没有发现抗豆象种质(Tomooka et al., 2000; Kashiwaba et al., 2003); 另一方面虽然在野生绿豆、野生黑吉豆(*Vigna mungo*)中筛选出了抗豆象种质(Fujii et al., 1989; Dongre et al., 1996), 但由于两者与小豆杂交不亲和而阻碍了抗豆象基因向小豆的转移。近年来, 日本学者在饭豆(*Vigna umbellata*)中发现了高抗豆象种质(Tomooka et al., 2000; Somta et al., 2006), 并利用与小豆、饭豆均能杂交亲和的桥梁作物*Vigna nakashimae*(亚洲豇豆亚属野生种)把饭豆中的抗虫基因转移到小豆中, 已培育出小豆抗豆象新品系(Tomooka et al., 2003)。另外, 日本学者在亚洲豇豆亚属的一些野生资源中也鉴定出抗豆象种质, 如*Vigna nepalensis*(Tomooka et al., 2000)等, 该种质能与小豆杂交(Egawa et al., 2003; Somta et al., 2008), 目前正逐步应用于小豆抗豆象研究。

3 普通遗传学研究

目前, 对小豆普通遗传学的研究报道相对较少, 主要开展了对百粒重、籽粒品质等农艺性状的基因效应与

遗传力分析等方面的研究。

3.1 产量相关性状

产量相关性状是小豆育种工作者关注的焦点, 研究产量相关性状的遗传体系对杂交亲本的选配、杂种分离世代的选择具有实践指导意义。濮绍京等(2004)利用3个杂交组合的F₃世代分析了3个产量相关性状的遗传参数, 表明单株荚数、单株产量、百粒重3个性状的遗传力较高, 并指出F₂株系间各性状的遗传变异和遗传进度均大于F₃家系内, 因此在F₂代选择比在F₃代选择更有效。另外, 金文林等(2006a)利用籽粒大小不同的5个小豆亲本组配的4个杂交组合分析了百粒重性状的遗传体系, 表明大粒亲本间的杂交组合、大粒与中粒亲本间的杂交组合百粒重遗传体系由1对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因构成, 大粒与小粒亲本间的杂交组合是由2对加性-显性主基因+加性-显性多基因构成, 中粒与中粒亲本间的杂交组合则由2对等显性主基因+加性-显性多基因构成, 并从遗传效应信息分析, 百粒重性状以加性效应为主, 但要避免显性效应产生的副作用, 品种改良时可利用杂交育种方法在早世代对目标性状进行严格选择。

3.2 茎色、种皮色

早在1917年, 日本学者就发现小豆茎色受1对核基因控制, 紫茎(A)对绿茎(a)为显性。金文林等(1996)发现F₂代紫茎中还有明显的浅紫色与深紫色分离, 且符合3:1的分离比例, 表明还有1对修饰基因控制小豆茎色。另外, 紫茎色可作为标记性状利用, 在杂交组配、遗传研究时, 可通过幼株茎色剔除假杂种或不需要的植株。

小豆种皮颜色类型非常丰富, 有红、白、黄、绿、褐、黑、花纹、花斑等。日本学者高桥良直(1917)首先进行了各种种皮色小豆的杂交实验, 并推断它们是由7对基因控制。成河智明(1976)报道了白、红、灰白3种种皮色的遗传规律, 认为红对白为单显性, 灰白对红为单显性, 它们由2对基因所控制, 基因型为灰白(PPGG, PPgg)、红(ppGG)、白(ppgg), 其中G为红色基因, P为红色抑制基因。金文林等(1996)研究发现红底色黑花斑纹(F)对红色(f)为单显性, 并推断同一世代控制茎色的基因(A/a)与种皮色基因(F/f)具有完全连锁关系。

Sasamura和Takeda(1966)认为产生“小豆色”

色素是由于花色素系统的存在, 种皮颜色是由决定色素含量基因作用后的表型反映, 描述色泽性状的L、a、b值是由有关各种色素生成的多基因相互作用的结果(L为明亮度指数, 该值越大表示越明亮; a、b为红色度和黄色度指数, 分别用于表示种皮色泽红色和黄色程度)。丁燕红等(2005)利用7个小豆品种组配的13个杂交组合F₂代对种皮色进行了遗传研究, 表明红粒与白粒杂交组合中, F₂代籽粒L、a、b的遗传力、遗传变异及遗传进度等远远超过了红粒与红粒杂交组合, 因此可利用白粒品种作亲本来改良红粒小豆, 并可以在早世代对籽粒色L、a、b加以选择, 比在红粒与红粒杂交分离后代中选择效果要好很多。金文林等(2006b)根据对5个小豆品种组配的4个杂交组合F₂代籽粒色的调查资料, 采用主基因+多基因混合遗传模型分析方法进行研究, 初步推测控制L、a、b性状的基因对数均为2对主基因, 且主基因遗传率较高。种皮色泽是小豆商品性的重要特征之一。上述研究在探明其基因遗传信息及制定小豆品质育种策略方面具有现实指导意义。

3.3 抗病性状

目前, 生产上严重危害小豆的病害有锈病、白粉病及褐斑病等。金文林等(1996)对这3种病害的遗传规律进行了初步分析, 表明小豆锈病由1对基因控制, 抗性基因为显性, 感病基因为隐性, 但抗、感强弱程度还受1对修饰基因影响。白粉病抗性由1对基因控制, 抗性基因为显性, 感病基因为隐性。褐斑病抗性受3对基因控制, 呈数量性状遗传, 且具有累加效应, 高抗为纯合显性, 高感为纯合隐性。上述多类抗病性基因的存在也对基因聚合育种等工作具有重要意义。

4 分子遗传学研究

目前小豆分子遗传学理论与技术方面的研究还相对落后。GenBank收录的小豆EST序列的数量从侧面也反映了这一点。截至2013年1月1日, GenBank中小豆EST序列仅为25条(http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST/dbEST_summary.html)。

4.1 DNA分子标记

目前, 应用于小豆的分子标记主要有RAPD、AFLP、

RFLP和SSR等, 主要集中在遗传多样性方面的研究。在SSR标记未开发之前, 通用标记类型(如RAPD、AFLP等)的应用比较频繁。Kaga等(1993)、Mimura等(2000)、Xu等(2000)、Yoon等(2007)应用AFLP、RAPD标记分析了小豆种内的遗传多样性, 指出小豆种内的遗传多样性普遍较低, 且遗传变异程度由高到低依次为野生小豆、半野生小豆和栽培小豆。Xu等(2000)分析显示半野生小豆遗传变异丰富, 且在遗传上更接近栽培小豆, 因此在小豆育种中能发挥更好的作用。而Yoon等(2007)认为半野生小豆在遗传上与野生小豆亲缘关系更近。二者不同的研究结果可能是由于所用实验材料的地理来源不同引起的。在我国, DNA分子标记在小豆研究中的利用相对滞后, 王述民和张赤红(2002)、王述民等(2002)利用DNA分子标记对我国小豆种质资源进行了遗传多样性分析, 结果表明利用RAPD标记把180份小豆种质划分为4个组群, 且划分的组群与小豆的生态地域性不存在明显的相关性; 而利用AFLP标记划分的组群与小豆的生态地域性存在一定的相关性, 并显示我国的小豆种质比日本小豆具有较高的DNA片段长度多态性。宗绪晓等(2003)利用AFLP标记分析了来自中国、日本、韩国、尼泊尔、不丹、印度等国家的146份小豆栽培种(var. *angularis*)和野生种(var. *nipponensis*)种质, 揭示了小豆遗传多样性与其地理起源间的相关性; 同时指出世界小豆主要栽培资源遗传多样性较低, 但中国野生小豆及喜马拉雅地区的小豆资源遗传多样性丰富。白璐等(2005)利用BAS分析法发掘出2个RAPD标记在小豆粒重池、4个RAPD标记在荚色池有差异, 进一步对F₂代单株的分析表明, 分别有1个标记与粒重基因和荚色基因连锁。

SSR分子标记具有共显性、揭示遗传变异多、操作简单、结果稳定等优点, 已成为重要的分析工具。Wang等(2004)用微卫星磁珠富集法开发了8对小豆SSR引物, 研究了包含栽培种、半野生种、野生种在内的20份材料的小豆群体, 其中3份出现杂合带, 指出在此群体中小豆野生种已经混入了栽培种的血缘。赵波等(2008)应用这8对SSR引物中的7对, 构建了37个新品种(系)和12个品种资源的DNA指纹图谱, 并指出地方品种资源内的遗传多样性较高, 与育成品种间遗传距离较远。2008年2月, 日本国家农业生物资源研究所(NIAS)公开了其开发的196对SSR引物

(http://www.gene.affrc.go.jp/databases-marker_information_en.php)。Xu等(2008)利用其中的13对引物对来自8个亚洲国家的616份小豆种质资源进行了遗传多样性分析, 构建了一套核心种质, 表明中国、韩国和日本的栽培小豆遗传变异最丰富, 在遗传上能够相互区分, 并且进一步证明了喜马拉雅地区的小豆具有特异基因资源, 能够在小豆育种中加以利用。王丽侠等(2009)利用51对SSR引物对国内外145份小豆种质进行了多样性分析, 结果表明中国小豆种质资源遗传变异丰富, 不同地理来源的小豆间存在遗传分化, 可以作为小豆生态区划的重要参考依据。另外, Xu等(2009)在小豆及其近缘种中利用SSR引物筛选出13对引物, 对中国小豆核心种质进行了多样性分析, 初步推断湖北、陕西、安徽是中国栽培小豆的起源地或多样性中心。

4.2 遗传连锁图谱

基于DNA标记的遗传连锁图谱是研究植物基因组结构、功能以及进化的重要工具。Kaga等(1996)选取栽培小豆与其近缘野生种*V. nakashimae*杂交后代的80个F₂代单株, 利用108个RAPD标记、19个RFLP标记、5个性状标记构建了小豆遗传连锁图谱(A), 该图谱共包含14个连锁群, 总长度为1 250 cM。Kaga等(2000)以小豆和饭豆杂交后代的86个F₂代单株为材料, 利用114个RFLP标记、74个RAPD标记、1个性状标记构建了小豆遗传连锁图谱(B), 该图谱共包含14个连锁群, 总长度为1 702 cM, 标记间平均遗传距离为9.7 cM。Han等(2005)以栽培小豆与其近缘野生种*V. nepalensis*杂交后代的187个BC₁F₁单株为材料, 利用205个SSR标记、187个AFLP标记、94个RFLP标记构建了小豆遗传连锁图谱(C), 这是豇豆属作物中最饱和的遗传图谱。与小豆染色体数目相对应, 该图谱包含了11个连锁群, 总长度为832.1 cM, 标记间平均遗传距离为1.85 cM。然而, 用于上述3张遗传连锁图谱绘制的标记都不同程度地存在偏分离现象, A、B、C中发生偏分离标记的比例差别较大, 分别为19.7%、29.8%和3.9%。Han等(2005)认为这与作图群体双亲间的亲缘关系远近有关。*V. nepalensis*与小豆亲缘关系最近, 以两者杂交后代作图的标记发生偏分离的比例最小。Kaga等(2008)选取栽培小豆与其野生种*V. angularis* var. *nipponensis*杂交后代的188个

F_2 代单株, 利用191个SSR标记、2个STS标记、1个CAPS标记、2个SCAR标记、36个AFLP标记、3个性状标记构建了小豆遗传图谱(D), 该图谱包含了10个连锁群, 总长度为771.9 cM, 标记间平均遗传距离为3.48 cM。与图谱C等对比发现, 图谱D中的一个连锁群(命名为LG4+6)标记包含了图谱C中连锁群4和连锁群6的标记, 初步推断连锁群4和连锁群6发生了相互易位现象。总之, 上述遗传连锁图谱的构建为小豆目标基因定位等分子遗传学的深入开展奠定了基础。

另外, 遗传连锁图谱的构建还可以用于比较基因组学研究。依据20个共用RFLP标记在连锁图中的顺序, 与绿豆、豇豆(*Vigna unguiculata*)的比较作图分析表明, 某些连锁群区段在这3种豇豆属作物中相当保守(Kaga et al., 1996)。Han等(2005)利用40个共用RFLP标记与绿豆、普通菜豆(*Phaseolus vulgaris*)的比较作图分析表明, 3种豆类的7个连锁群具有高度同源性。Chaitieng等(2006)对80个共用标记的分析表明, 其在小豆和黑吉豆连锁群中的顺序高度保守, 并且88%的标记(25个RFLP、45个SSR)具有共线性, 但也存在染色体易位、倒位、重复或缺失现象。

4.3 重要农艺性状的QTL

Isemura等(2007)利用 BC_1F_1 和 F_2 代群体分析了与小豆籽粒、荚、茎、叶、花等器官有关的33个农艺性状的QTL, 两个群体分别检测到85个和65个QTLs, 并发现上述性状的QTL被限制在小豆基因组的特殊区域内, 尤其集中在第1、2、4、7和9连锁群。与其它食用豆类QTL同源性相比较表明, 普通菜豆B7连锁群上存在着粒重和荚长QTL, 与普通菜豆B7连锁群相对应的小豆第8连锁群中也检测到了粒长和荚长QTL。豇豆和绿豆第ii连锁群对应着小豆第1连锁群, 在这3个连锁群中同时检测到了粒重QTL, 表明这个粒重QTL在豇豆属这3种豆类中相当保守, 另外在与绿豆第i连锁群相对应的小豆第9连锁群中也同时检测到了粒重QTL。Kaga等(2008)利用栽培小豆与其野生种*V. angularis* var. *nippensis*杂交后代的 F_2 群体分析了小豆46个驯化相关性状, 共检测到162个QTLs。通过对连锁群的分析表明, 双亲间染色体发生了相互易位, 并在易位点附近检测到了大量效应明显且与籽粒产量性状相关的QTL。对驯化相关性状的分析表明, 小豆的进化包括籽粒总数与籽粒大小相权衡的过程:

在牺牲总产量的情况下降低株高, 从而使荚数减少但荚长增加, 粒数减少但粒重增加。这些驯化相关性状QTL的存在, 为实现小豆分子辅助选择育种奠定了基础, 并且为豇豆属等食用豆类的驯化研究提供了依据。

小豆抗豆象QTL研究相对较少。Somta等(2008)利用栽培小豆与抗豆象近缘野生种*Vigna nepalensi*杂交后代的 F_2 、 BC_1F_1 群体定位了5个抗绿豆象(*Callosobruchus chinensis*)QTLs、2个抗四纹豆象(*C. maculatus*)QTLs。定位在第1、2连锁群上的抗豆象QTL与百粒重QTL共存于连锁群的同一区域内, 而百粒重与种子被害率呈显著正相关, 与种子初现豆象成虫的时间呈显著负相关, 表明大粒种子更易感豆象。因此这些QTL若要应用于小豆抗豆象育种就必须打破与粒重QTL的连锁。然而, 不是所有检测到的抗豆象QTL都与百粒重QTL共存, 如定位在连锁群4中的抗豆象QTL, 与百粒重QTL相互独立, 说明此QTL能够应用于栽培小豆抗豆象育种工作。

5 研究展望

5.1 加强小豆基础性研究

中国是小豆起源地, 也是世界小豆生产大国, 但对小豆的基础性研究相对落后。近年来, 国家农业行业科研专项资金和现代农业产业技术体系均把小豆列入其中, 为小豆等“小宗作物”产业的发展带来了机遇。加强小豆基础性研究, 一方面要加强对小豆种质资源(包括野生及近缘野生资源)的收集与保存, 同时对现有种质资源进行有效鉴定与评价, 运用基于植物基因组学的新基因发掘策略与方法(贾继增和黎裕, 2004), 发掘新的基因资源, 为小豆育种服务; 另一方面, 强化小豆分子标记辅助选择育种, 提高选择效率。同时, 开展小豆基因克隆、转基因等工作, 逐步实现小豆分子设计育种, 提高育种效率, 加速育种进程。

5.2 根据生产需求, 强化小豆育种目标

在中国, 小豆多种植在干旱、盐碱、瘠薄等土地, 有些地区甚至无法进行合理的轮作倒茬, 重茬、迎茬现象严重, 造成根腐病、茎枯病等大面积发生。另外, 豆象一直严重困扰着我国小豆的生产与贮存, 也制约着我国小豆的出口创汇。由于缺少抗虫品种和早期预防

技术措施, 生产上主要采取化学药物熏蒸方法防治, 但往往因处理不及时而防效甚微, 且存在农药污染和残留等问题。笔者认为, 中国小豆品种经过几十年的改良, 在产量及主要农艺性状方面取得了较大进展, 目前小豆育种应根据生产实际, 调整育种目标, 重点围绕解决生产中的关键性问题, 如抗病、抗虫、耐旱、耐盐碱等方面开展工作, 培育抗逆性专用小豆品种, 提高市场竞争力, 促进中国小豆产业健康可持续发展。

参考文献

- 白璐, 金文林, 赵波, 濮绍京 (2005). 小豆荚色及粒重性状的 RAPD分子标记初探. 北京农学院学报 **20**(1), 18–22.
- 柴岩, 万世富 (2007). 中国小杂粮产业发展报告. 北京: 中国农业科学技术出版社. pp. 99–105.
- 丁燕红, 金文林, 濮绍京, 赵波 (2005). 小豆粒色性状的遗传变异研究. 北京农学院学报 **20**(4), 1–4.
- 胡家蓬 (1999). 中国小豆种质资源的收集与评价. 作物品种资源 (1), 17–19.
- 贾继增, 黎裕 (2004). 植物基因组学与种质资源新基因发掘. 中国农业科学 **37**, 1585–1592.
- 金文林, 白璐, 文自翔, 濮绍京, 赵波 (2006a). 小豆百粒重性状遗传体系分析. 作物学报 **32**, 1410–1412.
- 金文林, 陈学珍, 喻少帆 (1996a). 小豆茎色、粒色性状的遗传规律研究. 北京农学院学报 **11**(2), 1–6.
- 金文林, 陈学珍 (1999). 红小豆“京农5号”新品种选育. 北京农学院学报 **14**(1), 1–4.
- 金文林, 丁燕红, 赵波, 濮绍京 (2006b). 红小豆籽粒色泽性状F₂世代分离分析. 北京农学院学报 **21**(2), 23–27.
- 金文林, 濮绍京 (2008). 中国小豆研究进展. 世界农业 (3), 59–62.
- 金文林, 喻少帆, 张清润, 王京波, 张永红, 陈学珍 (1996b). 小豆锈病、白粉病及褐斑病的抗性基因遗传分析. 北京农学院学报 **11**(1), 1–9.
- 林汝法, 柴岩, 廖琴, 孙世贤 (2002). 中国小杂粮. 北京: 中国农业科学技术出版社. pp. 192–209.
- 龙静宜, 林黎奋, 侯修身, 段醒男, 段宏义 (1989). 食用豆类作物. 北京: 科学出版社. pp. 171–171.
- 濮绍京, 金文林 (2007). 小豆育种进展及研究动向. 世界农业 (2), 47–49, 55.
- 濮绍京, 金文林, 郝丽芳, 赵波 (2004). 小豆F₃世代主要农艺性状的遗传变异. 北京农学院学报 **19**(2), 17–20.
- 濮绍京, 金文林, 史亚俊, 赵波, 万平 (2008). 人工环境鉴定小豆芽苗期耐冷性研究. 植物遗传资源学报 **9**, 41–45, 50.
- 濮绍京, 李金玉, 张晶晶, 赵波, 金文林 (2005). 秋水仙碱应用于小豆诱导变异初探. 北京农学院学报 **20**(4), 5–8.
- 万平, 刘红霞, 佟星, 赵波, 赵清穆, 濮绍京, 孙万仓 (2009). 秋水仙素诱导小豆性状变异研究. 分子植物育种 **7**, 1169–1175.
- 王丽侠, 程须珍, 王素华, 徐宁, 梁辉, 赵丹 (2009). 利用 SSR标记分析小豆种质资源的遗传多样性. 中国农业科学 **42**, 2661–2666.
- 王述民, 胡英考, 胡家蓬 (2002). 利用RAPD标记评价小豆种质遗传多样性. 植物遗传资源科学 **3**, 14–19.
- 王述民, 张赤红 (2002). 利用AFLP标记鉴定小豆种质遗传多样性. 植物遗传资源科学 **3**, 1–5.
- 魏淑红 (2000). 全国小豆种质资源抗尾孢菌叶斑病鉴定研究. 黑龙江农业科学 (3), 20–21.
- 徐宁, 程须珍, 王素华, 王丽侠, 赵丹 (2008). 以地理来源分组和利用表型数据构建中国小豆核心种质. 作物学报 **34**, 1366–1373.
- 喻少帆, 金文林, 张清润, 陈学珍, 郭明华 (1997). 小豆种质资源抗白粉病鉴定. 北京农业科学 **15**(3), 40–42.
- 赵波, 金文林, 濮绍京, 郭蓓, 万平 (2008). 基于SSR小豆新品种(系)DNA指纹图谱构建及亲缘分类初探. 北京农学院学报 **23**(3), 1–6.
- 赵雪英, 张耀文, 李秀莲, 张春明, 张红芳 (2004). 高产优质红小豆新品种晋红小豆1号的选育. 见: 中国农学会杂粮分会成立大会暨首届中国杂粮产业发展论坛论文集. 北京: 中国农业出版社. pp. 431–432.
- 郑阜杰, 王述民, 宗绪晓 (1997). 中国食用豆类学. 北京: 中国农业出版社. pp. 173–195.
- 朱振东, 王晓鸣 (2003). 小豆疫霉茎腐病病原菌鉴定及抗病资源筛选. 植物保护学报 **30**, 289–294.
- 宗绪晓, Vaughan D, Kaga A, Tomooka N, 王新望, 关建平, 王述民 (2003). AFLP分析小豆(*Vigna angularis*)种内遗传多样性. 作物学报 **29**, 562–568.
- 成河智明ら (1976). 小豆の质的形质の遗传. 第一报. 种皮色の遗传, 育雑 **26**(别2), 227–228.
- 高桥良直ら (1917). 小豆の特性调查并びに交配试验成绩. 北海道农试场报告(第七号).
- Aguilar HG, Tanigoshi LK, Lumpkin (1996). Evaluation of *Vigna angularis* (Willd.) Ohwi and Ohashi accessions for resistance to *Tetranychus urticae* Koch (Acari: Tetranychidae). *Exp Appl Acarol* **20**, 237–247.

- Chaitieng B, Kaga A, Tomooka N, Isemura T, Kuroda Y, Vaughan DA** (2006). Development of a black gram [*Vigna mungo* (L.) Hepper] linkage map and its comparison with an azuki bean [*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi and Ohashi] linkage map. *Theor Appl Genet* **113**, 1261–1269.
- Dongre TK, Pawar SE, Thakare RG, Harwalkar MR** (1996). Identification of resistance sources to cowpea weevil (*Callosobruchus maculatus* (F.)) in *Vigna* sp. and inheritance of their resistance in black gram (*Vigna mungo* var. *mungo*). *J Stored Prod Res* **32**, 201–204.
- Duke JA** (1981). Handbook of Legumes of World Economic Importance. New York: Plenum Press. pp. 288–291.
- Egawa Y, Kashiwaba K, Ohmae H, Shono M** (2003). Development of powdery mildew-resistant azuki bean using wild azuki bean germplasm. *JIRCAS Res Highlights* **2003**, 60–61.
- Fujii K, Ishimoto M, Kitamura K** (1989). Patterns of resistance to bean weevils (Bruchidae) in *Vigna radiata-mungo*-sublobata complex inform the breeding of new resistant varieties. *Appl Entomol Zool* **24**, 126–132.
- Han OK, Kaga A, Isemura T, Wang XW, Tomooka N, Vaughan DA** (2005). A genetic linkage map for azuki bean [*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi]. *Theor Appl Genet* **111**, 1278–1287.
- Isemura T, Kaga A, Konishi S, Ando T, Tomooka N, Han OK, Vaughan DA** (2007). Genome dissection of traits related to domestication in azuki bean (*Vigna angularis*) and comparison with other warm-season legumes. *Ann Bot* **100**, 1053–1071.
- Kaga A, Hosaka K, Kimura T, Misoo S, Kamijima O** (1993). Application of random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis for azuki bean [*Vigna angularis*] and its related genera. *Sci Rep Facul Agric, Kobe Univ* **20**, 171–176.
- Kaga A, Isemura T, Tomooka N, Vaughan DA** (2008). The genetics of domestication of the azuki bean (*Vigna angularis*). *Genetics* **178**, 1013–1036.
- Kaga A, Ishii T, Tsukimoto K, Tokoro E, Kamijima O** (2000). Comparative molecular mapping in *Ceratotropis* species using an interspecific cross between azuki bean (*Vigna angularis*) and rice bean (*V. umbellata*). *Theor Appl Genet* **100**, 207–213.
- Kaga A, Ohnishi M, Ishii T, Kamijima O** (1996). A genetic linkage map of azuki bean constructed with molecular and morphological markers using an interspecific population (*Vigna angularis* × *V. nakashimae*). *Theor Appl Genet* **93**, 658–663.
- Kashiwaba K, Tomooka N, Kaga A, Han OK, Vaughan DA** (2003). Characterization of resistance to three bruchid species (*Callosobruchus* spp., Coleoptera, Bruchidae) in cultivated rice bean (*Vigna umbellata*). *J Econ Entomol* **96**, 207–213.
- Kondo N, Shimada H, Fujita S** (2009). Screening of cultivated and wild adzuki bean for resistance to race 3 of *Cadophora gregata* f. sp. *adzukicola*, cause of brown stem rot. *J Gen Plant Pathol* **75**, 181–187.
- Mimura M, Yasuda K, Yamaguchi H** (2000). RAPD variation in wild, weedy and cultivated azuki beans in Asia. *Genet Resour Crop Evol* **47**, 603–610.
- Sasamura S, Takeda K** (1966). Black red pigment of “azuki bean” studies on anthocyanins LV. *Bot Mag Tokyo* **79**, 807–810.
- Somta P, Kaga A, Tomooka N, Kashiwaba K, Isemura T, Chaitieng B, Srinives P, Vaughan DA** (2006). Development of an interspecific *Vigna* linkage map between *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi and *V. nakanishiae* (Ohwi) Ohwi & Ohashi and its use in analysis of bruchid resistance and comparative genomics. *Plant Breeding* **125**, 77–84.
- Somta P, Kaga A, Tomooka N, Isemura T, Vaughan DA, Srinives P** (2008). Mapping of quantitative trait loci for a new source of resistance to bruchids in the wild species *Vigna nepalensis* Tateishi & Maxted (*Vigna* subgenus *Ceratotropis*). *Theor Appl Genet* **117**, 621–628.
- Tomooka N, Egawa Y, Kashiwaba K, Kaga A, Isemura T, Vaughan DA** (2003). Incorporation of bruchid resistance factors from rice bean (*Vigna umbellata*) to azuki bean (*V. angularis*). *Jpn J Trop Agric* **47**, 75–76.
- Tomooka N, Kashiwaba K, Vaughan DA, Ishimoto M, Egawa Y** (2000). The effectiveness of evaluating wild species: searching for sources of resistance to bruchid beetles in the genus *Vigna* subgenus *Ceratotropis*. *Euphytica* **115**, 27–41.
- Wang XW, Kaga A, Tomooka N, Vaughan DA** (2004). The development of SSR markers by a new method in plants and their application to gene flow studies in azuki bean [*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi]. *Theor Appl Genet* **109**, 352–360.
- Xu HX, Jing T, Tomooka N, Kaga A, Isemura T, Vaughan DA** (2008). Genetic diversity of the azuki bean [*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi] gene pool as assessed by SSR markers. *Genome* **51**, 728–738.
- Xu N, Cheng XZ, Wang LX, Wang SH, Liu CY, Sun L, Mei L** (2009). Screening SSR marker for Adzuki bean and its application in diversity evaluation in Chinese Adzuki bean

- germplasm resources. *Acta Agron Sin* **35**, 219–227.
- Xu RQ, Tomooka N, Vaughan DA, Doi K** (2000). The *Vigna angularis* complex: genetic variation and relationships revealed by RAPD analysis, and their implications for *in situ* conservation and domestication. *Genet Resour Crop Evol* **47**, 123–134.
- Yoon MS, Lee J, Kim CY, Baek HJ** (2007). Genetic relationships among cultivated and wild *Vigna angularis* (Willd.) Ohwi et Ohashi and relatives from Korea based on AFLP markers. *Genet Resour Crop Evol* **54**, 875–883.

Advances in Research into Genetic Resources, Breeding and Genetics of Adzuki Bean (*Vigna angularis*)

Ning Xu, Minghai Wang, Shuying Bao, Guifang Wang, Zhongxiao Guo^{*}

Institute of Crop Germplasm Resources, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100, China

Abstract Adzuki bean (*Vigna angularis* (Willd) Ohwi & Ohashi) originates from China and is one of the main food legumes in China. Here we review studies of germplasm resources, breeding and genetics of adzuki bean in China and worldwide to help improve study of adzuki bean in China.

Key words Adzuki bean, germplasm resources, breeding, genetics, progress

Xu N, Wang MH, Bao SY, Wang GF, Guo ZX (2013). Advances in research into genetic resources, breeding and genetics of Adzuki bean (*Vigna angularis*). *Chin Bull Bot* **48**, 676–683.

* Author for correspondence. E-mail: guozhx@cjaas.com

(责任编辑: 白羽红)