

江苏省豇豆地方种质资源对花叶病毒病的 抗性鉴定与研究初探

狄佳春 朱 银 邹淑琼 徐婷婷 汪巧玲 杨 欣 颜 伟

(江苏省农业科学院种质资源与生物技术研究所 / 江苏省种质资源保护与利用研究平台 /

江苏省农业生物学重点实验室, 南京 210014)

摘要:对 56 份江苏省豇豆地方种质资源进行种植,调查各豇豆资源花叶病毒病抗病性,分析了抗病性与农艺性状的关系,并对其中的抗病资源进行了聚类分析。结果表明:56 份豇豆地方种质资源中,花叶病毒病病情指数差异较大,高抗与抗的品种分别有 3 份和 33 份。方差分析结果表明,抗病级别与嫩荚色、成熟荚色呈显著相关,与资源所属地区、花色、粒色、粒形等性状没有关系。相关分析结果表明,病情指数与从播种到首次采收成熟荚的时间、百粒重、单株籽粒产量的相关系数都不显著。对 36 份抗病豇豆资源的 16 个性状进行聚类分析,可分成 3 个类群:第Ⅰ类群属于大籽粒类型,第Ⅱ类群属于小籽粒、籽粒低产类型,第Ⅲ类群属于籽粒高产早熟类型,其中第Ⅲ类群中采集编号为 2019321015 的豇豆资源鳊鱼豇,与其他 35 份抗病资源的不相似度、遗传差异最大,表现出籽粒产量高、早熟与抗病,是一份优异的抗病资源。

关键词:江苏;豇豆资源;花叶病毒病;抗性鉴定

豇豆属于豆科(Leguminosae)、蝶形花亚科(Papilionideae)、豇豆属(*Vigna* L.)一年生草本植物,学名 *Vigna unguiculata* (L.) Walp.,别名豆角、长豆、黑脐豆等,起源于非洲,中国是豇豆的次级起源中心之一^[1]。豇豆是江苏省夏秋季主要蔬菜品种之一,一年可以种植 2~3 茬。豇豆嫩荚可口,荚肉与籽粒营养丰富,本草纲目记载“此豆可菜、可果、可谷、备用最好,乃豆中之上品”。豇豆对改善人们饮食,调整种植结构等发挥着重要的作用^[2]。花叶病毒病是豇豆的常见病害,种类较多,主要有豇豆花叶病毒、黑眼豇豆花叶病毒、豇豆重型花叶病毒、豇豆蚜传花叶病毒、黄瓜花叶病毒、菜豆普通花叶病毒、蚕豆萎蔫病毒等^[3-8],症状为花叶、局部褪绿、明脉、叶片卷曲,严重的伴有植株矮缩与叶片畸形,影响豇豆的产量与品质^[9]。目前防治难度较大,尚无特效的化学药剂,因此使用抗病品种是防治该病最经济有效的方法^[6,8,10],而抗性种质资源的筛选是培育抗病品种的基础。研究者通过人工接种或田间自然发病从收

集的种质资源中鉴定出不少抗病的品种(系)^[6,8],这些品种奠定了抗病育种的基础。

2016–2018 年“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”江苏省调查队历时 3 年收集了 160 份豇豆地方种质资源,其中不少品种具有口感好、产量高、抗病虫、耐旱、耐瘠薄等 1 个或多个优质特点。本研究于 2019 年分两批次对这些资源进行种植鉴定,第 1 批种植的 56 份豇豆资源田间花叶病毒病发生比较重,并且品种间差异较大。在对这些资源种植鉴定的同时,调查了豇豆花叶病毒病的发病情况,从中筛选出抗病的资源,探寻农艺性状与抗病性的相关性,并把抗病资源进行聚类分析,以期选育出适宜江苏省种植、综合性状优良的抗花叶病毒病的豇豆品种。

1 材料与方法

1.1 试验材料 试验材料来自“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”江苏省调查队收集的豇豆地方种质资源,共计 56 份,采集编号、品种名称与采集来源地见表 1。56 份豇豆资源分别来自江苏省的 13 个地级市的 27 个县、市、区,其中徐州市 7 份,连云港市 3 份,宿迁市 3 份,淮安市 11 份,盐城市 7 份,扬州市 4 份,泰州市 2 份,南通市 4 份,南京市 2 份,镇江市 6 份,常州市 2 份,无锡市 4 份,苏州市 1 份。

基金项目:第三次全国农作物种质资源普查与收集行动(111821301354052028);江苏省农业科技自主创新资金项目(CX(18)3001)

通信作者:颜伟

表 1 56 份豇豆地方种质资源的采集信息

采集编号	品种名称	地级市	采集编号	品种名称	地级市	采集编号	品种名称	地级市
2016321063	野豆子	盐城	2018322217	红豆	淮安	P320831019	野豇豆	淮安
2016321199	紫秋豇	常州	2018322218	豇豆	淮安	P320831032	野生黑豆	淮安
2016323004	野豇豆	淮安	2018322220	小米豆	淮安	P320921005	八月青	盐城
2017321056	豇杂豆	镇江	2018323408	花皮小豆	扬州	P320921032	黑绿豆	盐城
2017321073	九月寒	镇江	2018322021	红豆	徐州	P320921036	掐头豆角	盐城
2017323840	泗阳豇豆	宿迁	2016322683	褐皮豆	淮安	P321181006	本地小粒乌豇豆	镇江
2017323235	泰兴豇豆	泰州	2019321015	鳊鱼豇	无锡	P321182002	花缸豆	扬州
2017323015	盱眙豇豆 1 号	淮安	2019321033	黑谷豆	无锡	P321182013	大角豆	扬州
2017323022	盱眙豇豆 2 号	淮安	2019323009	红小豆	淮安	P321182015	红豇豆	扬州
2016322431	白豆	南通	2019323813	豇豆	宿迁	P321282006	黑豇豆	泰州
2018321212	丁蜀小黑豆	无锡	2016323834	本地豇豆	宿迁	P320117008	野豇豆	南京
2018321516	豇豆	苏州	2017321115	乌豇豆	镇江	P320323014	豇豆	徐州
2018322018	豇豆	徐州	2018321005	小褐饭豆	镇江	P320612001	爬豆	南通
2018322029	豇豆	徐州	2018321006	小黑饭豆	镇江	P320721015	豇豆	连云港
2018322030	红豇豆	徐州	2018322183	豆角	徐州	P320831018	红豇豆	淮安
2018322052	米豆	南通	P320116006	野生红豆	南京	P320922011	三角豆	盐城
2018322069	米豆	南通	P320282005	野黑小豆	无锡	P320923001	二豇角子	盐城
2018322158	豇豆	连云港	P320381022	兔腿豆角	徐州	P320923002	豇豆	盐城
2018322159	米豆	连云港	P320481001	乌骨豆	常州			

1.2 试验方法 田间种植 2019 年在江苏省农业科学院六合基地(118.615° E, 32.482° N)种植, 试验田前茬空白, 土壤肥力中等。4 月 16 日穴盘基质播种, 2 粒/穴, 4 月 27 日移栽, 行距 0.8m, 株距 0.3m, 行长 2m, 每个品种 8 行, 生育中期搭“人”形竹架, 每小区 4 架, 不设重复。

抗性鉴定 试验不防治蚜虫, 田间花叶病毒病自然发病, 交叉感染。待豇豆花叶病毒病普遍发病、病情稳定、病害特征明显后, 于 6 月 14 日对各豇豆品种进行发病调查。参照《饭豆种质资源描述规范和数据标准》^[11] 中的饭豆花叶病毒病抗性鉴定(表 2), 调查豇豆的花叶病毒病抗性、发病级别。

表 2 花叶病毒病的抗性鉴定标准

发病级别	症状描述	抗性级别	病情指数
0	植株叶片正常	1	高抗(HR) (病情指数 < 2)
1	植株叶片呈现轻微花叶	3	抗(R) (2 ≤ 病情指数 < 10)
3	植株叶片呈现中度花叶	5	中抗(MR) (10 ≤ 病情指数 < 20)
5	植株叶片呈现轻微皱缩或轻花叶皱缩	7	感(S) (20 ≤ 病情指数 < 50)
7	植株叶片呈现明显花叶, 或皱缩, 或畸形	9	高感(HS) (病情指数 ≥ 50)
9	植株叶片呈现重度花叶, 或花叶皱缩, 或坏死		

根据病级计算病情指数, $DI = \frac{\sum(s_i n_i)}{9N} \times 100$,

式中, DI 为病情指数, s_i 为发病级别, n_i 为相应发病级别的株数, i 为病情分级的各个级别, N 为调查总株数。根据病情指数将豇豆对花叶病毒病抗性划分为 5 个等级(表 2)。

性状记载 田间调查参照《豇豆种质资源描述规范和数据标准》进行。对生长习性、花色、叶形、茎色、结荚习性、荚型、荚姿、嫩荚色、荚面、成熟荚色、荚形进行调查, 并用代码来表示这些性状。记录播种到首次采收成熟荚时间。分批收获小区内所有植株的成熟豆荚, 晒干, 考种时记录粒色、粒形、百粒重与总产量, 根据小区株数与总产量计算单株干籽粒产量。

1.3 数据处理与统计分析 试验数据用 SPSS 19.0 软件处理分析。研究描述性状与抗病性之间的关系, 将病情指数或抗病等级作为响应变量, 描述性状作为因素, 做单因素方差分析, 多重比较用 LSD 法。病情指数与百粒重等数量性状的相关分析用 Pearson 相关系数表示。聚类方法采用组间联接, 测度方法选择欧氏(Euclidean)距离, 数据采用 Z 得分进行标准化^[12]。

2 结果与分析

2.1 豇豆品种对花叶病毒病的抗性分析 56 份豇

豆地方种质资源抗病性呈略偏左的正态分布,花叶病毒病病情指数在 0~50.86 之间。抗性品种有 33 份,数量最多,中抗品种其次,高抗品种较少,高感品种最少,只有 1 份(表 3)。抗性达抗与高抗的占 64.3%,说明这些豇豆地方资源对花叶病毒病的抗性总体比较高。采集编号为 2017323022 的豇豆资源盱眙豇豆 2 号,收集于江苏省淮安盱眙市桂五镇高平村,花叶病毒病指数为 0,抗性最强。

表 3 豇豆地方资源的花叶病毒病田间抗性鉴定结果

抗性分类	抗性等级	资源份数	占比(%)	平均病情指数
高抗	1	3	5.4	0.81
抗	3	33	58.9	6.50
中抗	5	12	21.4	13.76
感	7	7	12.5	27.70
高感	9	1	1.8	50.86

2.2 抗性与伦理的关系 13 个地级市的 56 份豇豆地方资源,病情指数与病情级别的方差分析 F 值(表 4)对应的概率值均大于 0.05,都没有达到显著水平,说明不同地级市之间的豇豆资源对花叶病毒病的抗性没有显著差异,品种的抗病性与地理位置没有显著相关性。

表 4 13 个地级市的豇豆资源抗病性方差分析

地区	病情指数		病情级别	
	F	p	F	p
地级市	1.097	0.387	0.732	0.713

2.3 抗性与伦理性状的关系 将抗病性作为响应变量,描述性状作为因素,做单因素方差分析。由表 5 可知,病情指数的 F 值都没有达到显著水平,说明生长习性、花色、结荚习性等农艺性状与病情指数均没有关系。嫩荚色、成熟荚色与病情级别有显著的相关性,其余性状与病情级别相关性不显著。LSD 多重比较结果表明,嫩荚紫红色与绿色的品种,抗性显著高于嫩荚红色的品种;成熟荚褐色与黄白色的品种,抗性显著高于成熟荚紫红色的品种。

2.4 抗性与伦理性状的关系 相关分析表明,花叶病毒病病情指数与播种到首次采收成熟荚的时间、百粒重、单株产量的相关系数分别为 0.075、0.020、-0.046,都没有达到显著水平,说明播种到首次采收成熟荚的时间、百粒重、单株产量与抗病性没有显著相关性。

表 5 描述性状抗病性方差分析

性状	病情指数		病情级别	
	F	p	F	p
生长习性	0.012	0.988	0.201	0.818
花色	0.499	0.610	1.360	0.265
结荚习性	0.000	0.999	0.817	0.370
荚型	0.385	0.537	0.021	0.886
荚姿	0.624	0.539	0.462	0.632
嫩荚色	2.667	0.079	3.732*	0.030
荚面	0.020	0.980	0.800	0.455
成熟荚色	2.929	0.062	4.019*	0.024
荚形	0.203	0.894	0.176	0.912
粒色	1.031	0.400	2.353	0.066
粒形	1.246	0.296	1.935	0.155

* 表示 0.05 水平上的显著性

2.5 基于抗病种质资源性状的聚类分析 利用 SPSS 19.0 对试验鉴定出来的 36 份抗与高抗的豇豆地方种质资源的 16 个性状进行了聚类分析,在欧氏距离为 20.5 处将 36 份资源分为 3 个类群(图 1),第 I 类群有 27 个品种,占 75.0%,第 II 类群有 7 个品种,占 19.4%,第 III 类群有 2 个品种,占 5.6%。

这 3 个类群性状的共同点是生长习性以蔓生为主、结荚习性为无限、粒形以肾形为主。性状的不同点表现如下:(1)花色,第 I 类的品种多为紫色或白色,其他两类都是紫色;(2)荚型与荚姿,第 II 类的品种为软荚、直立,其他两类为硬荚、下垂;(3)嫩荚色,第 III 类的品种为紫红,其他两类为绿色;(4)荚面,第 I 类的品种微凸或凸,第 II 类微凸,第 III 类凸;(5)成熟荚色,第 II 类的品种为褐色,其他两类为黄白;(6)荚形,第 I 类的品种为圆筒形或弓形,第 II 类为圆筒形,第 III 类为长圆条形;(7)粒色,第 I 类的品种为红色或双色,第 II 类为黑色,第 III 类为红色;(8)播种到首次采收成熟荚时间,第 III 类最短,比其他两类要少 14d,由此可知,第 III 类的品种早熟性好;(9)百粒重,第 I 类籽粒最大,为 15.4g,第 III 类居中,为 12.2g,第 II 类籽粒最小,为 5.4g;(10)单株干籽产量,第 II 类最低,为 17.6g,第 III 类最高达 47.0g。

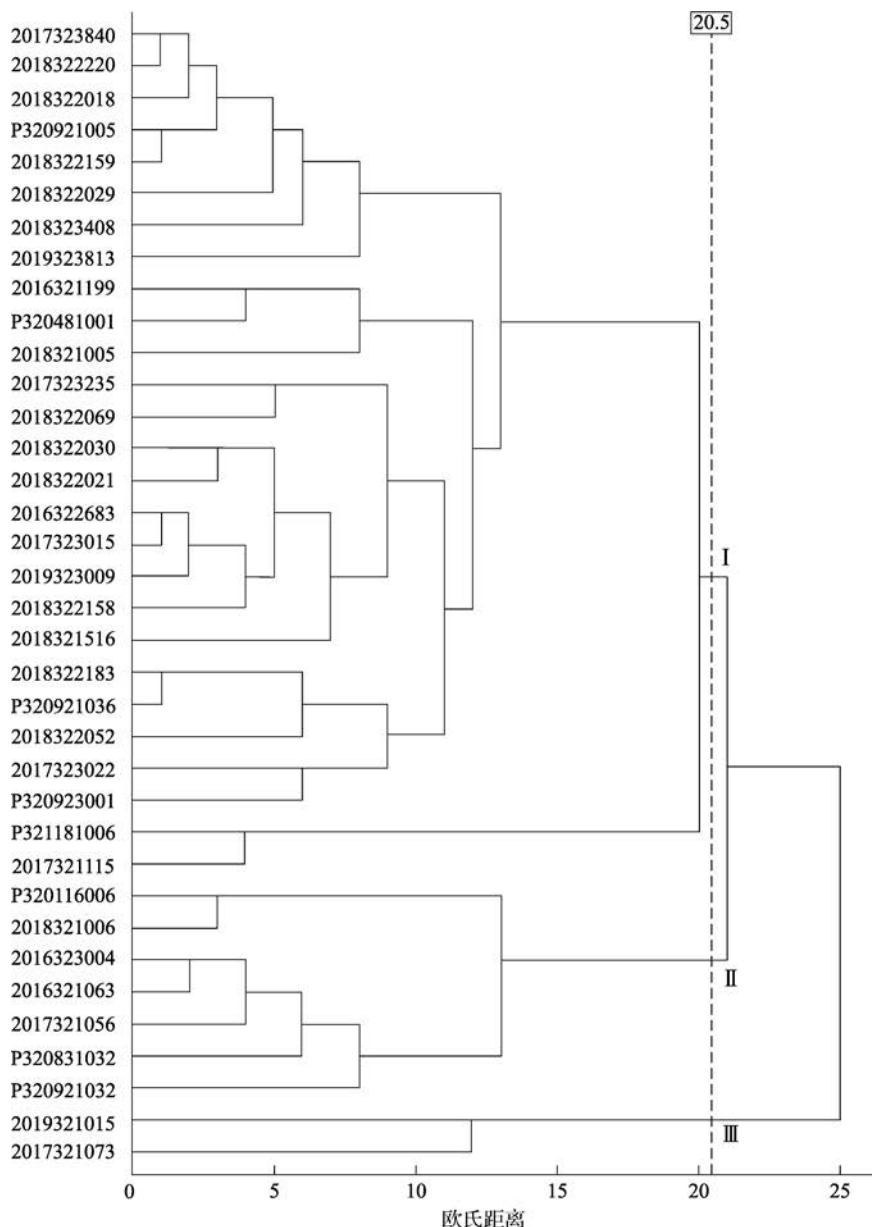


图1 基于抗病资源 16 个性状的聚类分析图

由此可见,这 36 份抗花叶病毒病的豇豆资源,除了描述性状不同,其他性状也有较大差异。第 I 类群属于大籽粒类型,第 II 类群属于小籽粒、籽粒低产类型,第 III 类群属于籽粒高产早熟类型。来自于第 I 类群的采集编号为 2017323015 的豇豆资源盱眙豇豆 1 号,收集于江苏省盱眙市桂五镇水冲港村,百粒重最大,达 20.63g。来自第 III 类群的采集编号为 2019321015 的豇豆资源鳊鱼豇,收集自江苏宜兴市杨巷镇城典村,单株干籽产量 86.1g,产量最高,播种到首次采收成熟莢的时间为 84d,属于籽粒高产早熟类型。

2.6 抗病种质之间的遗传距离分析 遗传距离分析

是对观测量之间相似或不相似程度的一种测试。聚类分析中,以品种为标识变量,采用欧氏(Euclidean)距离衡量品种间的不相似性^[12]。表 6 列出了每 1 个品种到其他品种的欧氏距离平均值。可以看出,采集编号 P320921036 到其他品种的平均距离最近,相似度最大,遗传差异最小;采集编号 2019321015 与之相反,它到其他品种的平均距离最远,相似度最小,遗传差异最大。配置组合时,宜选择遗传距离远的亲本。两两之间的距离,采集编号 2019321015 与 2016323004 的距离最大,达 8.773,这 2 个品种之间的遗传差异最大,若是它们配组,杂种优势可能较大。

表 6 36 份抗病豇豆资源间的欧氏距离平均值

采集编号	欧氏距离	采集编号	欧氏距离	采集编号	欧氏距离	采集编号	欧氏距离
P320921036	4.356	2018322018	4.666	2017323015	4.925	2018321006	5.617
2016322683	4.436	2019323009	4.679	2018322158	4.970	2016321063	5.701
2018322183	4.465	P320921005	4.682	2018321516	4.995	P320116006	5.770
2017323022	4.549	2018322159	4.690	P320923001	5.015	2017321056	5.792
P320481001	4.554	2018322069	4.698	2019323813	5.115	P321181006	5.957
2018322052	4.592	2018322021	4.712	P320831032	5.287	2016323004	6.093
2018322030	4.596	2016321199	4.723	2018321005	5.360	2017321073	6.117
2018323408	4.627	2017323840	4.785	2018322029	5.380	2017321115	6.236
2017323235	4.645	2018322220	4.846	P320921032	5.593	2019321015	7.081

3 讨论

农作物种质资源是保障国家粮食安全、生物产业发展和生态文明建设的关键性战略资源。第三次全国农作物种质资源普查与收集行动是开展农作物种质资源的全面普查和抢救性收集,查清我国农作物种质资源家底,对保护携带重要基因的资源十分迫切。江苏省调查队历时 3 年收集了豇豆地方品种资源,这些地方资源表型变异丰富,各具特点,历经了年复一年的种植与检验,具有较强的适应性与应用价值。本研究中抗花叶病毒病的品种比例高,推测这些地方豇豆资源经历过人为的选择。

表型鉴定与评价是对资源利用的前提与基础。野生大豆资源花叶病毒病的病情指数和叶色、叶形、茸毛色、茎色、单荚粒数、株高等农艺性状均无显著相关性,而与开花到成熟期天数呈极显著负相关^[13]。小豆种质资源对花叶病毒病的抗性与种皮颜色之间没有明显的相关性存在^[14]。已有研究对豇豆资源的鉴定多侧重于表型多样性鉴定^[15-18],很少有花叶病毒病抗性与表型相关性方面的报道。本研究把江苏豇豆地方资源对病毒病的抗性与农艺性状鉴定结合起来分析,得出抗性与豇豆嫩豆荚、成熟豆荚的颜色都有显著的相关性,结论能否用于育种实践,还需要进一步研究探讨。

通过聚类分析可以将相似性大、遗传差异小的材料聚成同一类。不同品种之间的相似性大小,从聚类分析的树状图中不能完全看出,还应该结合品种之间的欧氏距离才能判断。本研究不仅将抗性资源聚类,还分析了欧氏距离,对选择遗传差距大的材料能提供进一步的帮助,不同于以往豇豆的表型研

究只用聚类分析的一些研究报道^[15,19-20]。

豇豆上发生的花叶病毒病类型较多,发病症状都很相似,既可以单一浸染,也可以交叉浸染^[3,7]。病毒病不仅株系复杂,而且不同生理小种常因气候条件或品种更换、轮作方式改变等发生不同变化,给豇豆病毒病抗性筛选带来较大的难度。本研究通过田间自然发病鉴定出来的抗性品种,还需要通过网室接种不同种类的病毒得到验证。

Bhattarai 等^[6]用 333 个豇豆品种,1033 个 SNP 标记作关联分析,得出 6 个 SNP 标记与抗花叶病毒病基因紧密连锁。Dinesh 等^[21]用 QTL 作图法将豇豆抗花叶病毒病基因定位到第 6 连锁群的 MA15 与 MA80 两个 SSR 标记之间。利用优异的豇豆地方资源,将分子育种与传统育种技术结合起来,将是今后加快豇豆育种的方法。

参考文献

- [1] 王佩芝,李锡香,王述民,宗绪晓,程须珍. 豇豆种质资源描述规范和数据标准. 北京:中国农业出版社,2006: 1-73
- [2] 刘凯,陈汉才,李桂花,张艳,黎庭耀,罗少波,李明珠. 豇豆种质资源遗传多样性和亲缘关系的 SRAP 和 SSR 分析. 中国农学通报, 2014,30 (31): 156-163
- [3] 李彬,栗寒,李艳华,缪爱斌,吴翠萍,安榆林. 豇豆花叶病毒和黑眼豇豆花叶病毒 Rt-Realtime PCR 及 IC-RT-Realtime PCR 检测方法研究. 南京农业大学学报,2010,33 (2): 105-109
- [4] 叶志红,廖富荣,郭木金,方志鹏,陈青,陈红运,林石明,林毅. 同时检测豇豆花叶病毒属与蚕豆病毒属病毒的通用 Rt-PCR 检测方法. 中国农业科学,2015,48 (8): 1527-1537
- [5] Noronha Souza P F, Abreu Oliveira J T, Vasconcelos I M, Magalhaes V G, Albuquerque Silva F D, Guedes Silva R G, Oliveira K S, Franco O L, Gomes Silveira J A, Leite Carvalho F E. H₂O₂ accumulation, host cell death and differential levels of proteins related to photosynthesis, redox homeostasis, and required for viral replication explain the resistance

周 8425B 与小偃 81 的 RIL 品质、 物候型及农艺性状分析

简俊涛^{1,2} 王清华^{1,2} 杨辉^{1,2} 杨玲¹ 张震^{1,2} 魏红升^{2,3}
张立军⁴ 谢彦周^{2,3} 李玉鹏^{1,2} 王成社^{2,3}

(¹ 河南省南阳市农业科学院, 南阳 473000; ² 西北农林科技大学南阳小麦试验示范站, 南阳 473000;

³ 西北农林科技大学农学院, 杨凌 712100; ⁴ 镇平县农业技术推广中心, 南阳 473000)

摘要:为探究小麦骨干亲本周 8425B 与物候稳定型强筋小麦品种小偃 81 的 RIL 的品质、物候型及农艺性状, 对二者为亲本的 102 个家系分期播种, 早晚播相差 35d。达到强筋(中强筋)的家系, 早播 62 个, 晚播 68 个, 综合评判家系, 强筋(中强筋)家系 56 个。抽穗期差值越大物候越不稳定, 中筋家系个数与抽穗期差值呈显著正相关, 物候不稳定不利于品质形成。对 33 个强筋(中强筋)家系及亲本的 11 个农艺性状指标聚类, 平方欧氏距离 5.0 处聚为 4 个群。第 I 群株型偏紧, 株高、穗长中等, 穗下茎、节较亲本变长。第 II 群中 S35 物候稳定, 叶短宽。第 III 群抽穗中早, 株型中散偏紧, 株高偏高, 穗中长, 旗叶长、宽介于亲本之间。第 IV 群中 S33 与 S62 株高中矮, 抽穗早, 抽穗期差值大。

关键词:周 8425B; 小偃 81; RIL; 品质; 物候型; 农艺性状

基金项目:国家重点研发计划项目(2016YFD0100500); 西北农林科技大学南阳小麦试验示范站建设项目

- of Ems-mutagenized cowpea to cowpea severe mosaic virus. *Journal of Plant Physiology*, 2020, 245 (2): 1–11
- [6] Bhattarai G, Shi A, Qin J, Weng Y, Morris J B, Pinnow D L, Buckley B, Ravelombola W, Yang W, Dong L. Association analysis of cowpea mosaic virus (CPMV) resistance in the USDA cowpea germplasm collection. *Euphytica*, 2017, 213 (10): 230–241
- [7] Fajinmi A A. Interactive effect of blackeye cowpea mosaic virus and cucumber mosaic virus on vigna unguiculata. *Horticultural Plant Journal*, 2019, 5 (2): 88–92
- [8] Bashir M, Ahmad Z, Ghafoor A. Identification of resistance in cowpea against blackeye cowpea mosaic virus. *Pakistan Journal of Botany*, 2002, 34 (1): 53–54
- [9] Salaudeen M T. Growth and yield responses of some cowpea accessions to cucumber mosaic virus infection. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 2016, 62 (2): 289–298
- [10] 赵江涛, 史绵, 吉林根, 陈艳丽. 豇豆病毒病综合防控. *西北园艺(综合)*, 2019 (5): 55
- [11] 程须珍, 王素华, 王丽侠, 王述民, 宗绪晓. 饭豆种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006: 63–73
- [12] 卢纹岱. SPSS for Windows 统计分析. 北京: 电子工业出版社, 2000: 340–408
- [13] 史凤玉, 朱英波, 龙茹, 甘金涛, 乔亚科. 野生大豆抗大豆花叶病毒病评价、聚类及性状间相关分析. *大豆科学*, 2010, 29 (6): 976–981
- [14] 陈新, 崔晓艳, 袁星星, 万建民, 翟虎渠. 小豆种质资源对大豆花叶病毒病抗性的初步研究. *江苏农业科学*, 2015, 43 (4): 156–158
- [15] 张忠武, 孙信成, 詹远华, 田军, 杨连勇, 马建军. 豇豆种质资源农艺性状的相关性、主成分及聚类分析. *中国农学通报*, 2017, 33 (36): 63–71
- [16] 熊海铮, 施爱农, 孙健, 张宁, 吴殿星, 舒小丽. 全球豇豆资源农艺性状多样性分析. *科技通报*, 2016, 32 (10): 49–58
- [17] Bozokalfa M K, Kaygisiz Ascigul T, Esiyok D. Genetic diversity of farmer-preferred cowpea (*Vigna Unguiculata* L. Walp) landraces in Turkey and evaluation of their relationships based on agromorphological traits. *Genetika*, 2017, 49 (3): 935–957
- [18] Alves De Santana S R, De Medeiros J E, Da Anunciacao Filho C J, Da Silva J W, Da Costa A F, Bastos G Q. Genetic divergence among cowpea genotypes by morphoagronomic traits. *Revista Caatinga*, 2019, 32 (3): 841–850
- [19] 张志肖, 王宝强, 范保杰, 刘长友, 曹志敏. 豇豆属近缘野生种 *Vigna Minima* 资源收集与表型性状初步研究. *植物遗传资源学报*, 2016, 17 (1): 13–19
- [20] 李依, 潘磊, 吴华, 余晓露, 刘琴. 60 份豇豆品种资源的耐盐能力评判. *植物遗传资源学报*, 2016, 17 (1): 70–77
- [21] Dinesh H B, Lohithaswa H C, Viswanatha K P, Singh P, Manjunatha L, Ambika D S, Kumar M K P. Genetic analysis and marker assisted backcrossing for transfer of mosaic virus resistance in cowpea [*Vigna Unguiculata* (L.) Walp.]. *Legume Research*, 2018, 41 (5): 663–668

(收稿日期: 2020-08-18)