DOI：10. 16853/j. cnki. 1009-3575. 2026. 05. 002

绿豆种质资源农艺性状和SSR分子标记的遗传多样性分析

李小雷[1]，王 雪[1]，宗海龙[1]，鲍红春[2]，白重阳[1]
（1. 内蒙古农业大学农学院，呼和浩特 010019；2. 内蒙古自治区农牧业技术推广中心，呼和浩特 010011）

摘要：绿豆的研究水平远远落后于大宗作物，在品种选育方面进展缓慢，为了多种手段相结合探究绿豆遗传多样性，本研究利用田间形态性状标记和SSR分子标记相结合的手段对来自不同地区的91份绿豆种质资源进行遗传多样性分析。结果表明，复叶叶形和荚宽遗传多样性最大，复叶叶形和单株荚数的变异系数最大。质量性状和数量性状的平均遗传多样性指数分别为0. 599 3、1. 951 6，平均变异系数分别为0. 326 9、0. 245 5。表型性状UPGMA聚类可将材料分为5个类群。第Ⅰ类群与第Ⅲ类群综合表现较好；对不同种质材料进行主成分分析，共有11个主成分的特征值大于1，累积贡献率为70. 752%，91份绿豆材料中综合表现最好的品种是CL0009。6对SSR引物共检测出23个多态性条带，通过SSR分子标记可将绿豆种质资源分为6个类群。本研究结果可为绿豆新品种培育提供理论参考。

关键词：绿豆；农艺性状；SSR标记；遗传多样性
中图分类号：S324 **文献标志码**：A **文章编号**：1009-3575(2026)05-0008-09

Analysis of Genetic Diversity in Agronomic Traits and SSR Molecular Markers of Mung Bean Germplasm Resources

LI Xiaolei[1], WANG Xue[1], ZONG Hailong[1], BAO Hongchun[2], BAI Chongyang[1]
(1. *College of Agriculture, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot* 010019, *China*;
2. *Inner Mongolia Agricultural and Animal Husbandry Technology Promotion Center, Hohhot* 010011, *China*)

Abstract: Research on mung bean (*Vigna radiata*) trails significantly lags behind that of major crops, resulting in relatively slow progress in variety development. To investigate the genetic diversity of mung bean, this study analyzed 91 germplasm accessions from different regions using a multi-faceted approach that combined field-based morphological markers and SSR molecular markers. Morphological traits exhibited the highest level of genetic diversity, with compound leaf shape and pod width showing the largest coefficients of variation (CVs). The mean genetic diversity indices for qualitative and quantitative traits were 0. 599 3 and 1. 951 6, respectively, with corresponding mean CVs of 0. 326 9 and 0. 245 5. UPGMA clustering based on phenotypic traits categorized the accessions into five clusters, with Clusters I and III showing superior overall performance. Principal component analysis (PCA) of the germplasm accessions identified eleven principal components (PCs) with eigenvalues greater than 1, collectively explaining 70. 752% of the total variance. Among the 91 mung bean accessions, CL0009 exhibited the best overall performance. Additionally, six pairs of SSR primers detected 23 polymorphic bands, classifying the mung bean germplasm accessions into six clusters. These results provided a theoretical basis for mung bean variety breeding and improvement.

Key words: Mung bean; Agronomic traits; SSR markers; Genetic diversity

我国是绿豆主产国之一，种质资源丰富，自20世纪80年代中期进行品种改良工作，虽然起步晚，但进展较快，解决了我国绿豆品种中存在的生育期长、蔓生倒伏、产量低、抗性和适应性差等问题[1-2]。然而正是市场上对于绿豆优质、高产的高要求，也导致绿豆的遗传基础狭窄，具有优异基因的种质资源丢失。因此，对绿豆种质资源的正确评价与鉴别，是优异基因的挖掘利用和种质资源保护的基础。遗传多样性对于作物的改良和育种具有十分重要的作用，遗传变异丰富，代表作物本身具有丰富的基因变化能力，更容易适应环境变化，同时更容易进化。研究作物的遗传多样性，能对各种基因资源进行合理有效的利用和保护[3]。本研究利用田间形态性状标记和SSR分子标记相结合的手段对来自不同地区的91份绿豆种质资源进行遗传多样性分析，以期为绿豆种质资源的保护和深度利用提供指导。

收稿日期：2025-09-27
基金项目：内蒙古农业大学博士科研启动基金项目（BJ08-8）；国家自然科学基金项目（31302021）；内蒙古自治区自然科学基金项目（2010MS0502）
作者简介：李小雷（1980—），男，博士、副教授，主要从事食用豆遗传育种方面的研究，E-mail：lixiaoleihlj@163. com

1　材料与方法

1.1　供试材料

供试材料是来自内蒙古自治区、黑龙江省、辽宁省、吉林省、山西省和江苏省等6个不同地区的91份绿豆种质资源，如表1所示。

1.2　田间试验设计

试验地位于内蒙古自治区呼和浩特市内蒙古农业大学东科技园区（45°5′N，110°E，海拔1 063 m）。供试材料于2022年5月下旬播种，9月中下旬收获。试验采用随机区组设计，田间管理方式同一般大田管理。

表1　供试材料基本信息

Table 1　Basic Information on test materials

编号	名称	来源地	编号	名称	来源地	编号	名称	来源地
1	布鲁克绿1号	内蒙古	32	ZY126	内蒙古	63	ZY214	内蒙古
2	丰绿1号	辽宁省	33	ZY440	内蒙古	64	ZY101	内蒙古
3	绿霸1号	内蒙古	34	ZY90	内蒙古	65	ZY430	内蒙古
4	绿丰2号	黑龙江	35	ZY567	内蒙古	66	ZY518	内蒙古
5	小明绿	黑龙江	36	ZY639	内蒙古	67	ZY83	内蒙古
6	河引1号	黑龙江	37	ZY68	内蒙古	68	ZY597	内蒙古
7	黄绿豆	黑龙江	38	ZY311	内蒙古	69	ZY91	内蒙古
8	大明绿豆	山西省	39	ZY438	内蒙古	70	ZY638	内蒙古
9	广育密荚9760	内蒙古	40	ZY587	内蒙古	71	ZT506	内蒙古
10	厚绿1号	内蒙古	41	ZY8	内蒙古	72	ZY75	内蒙古
11	鑫绿1号	内蒙古	42	ZY109	内蒙古	73	ZY118	内蒙古
12	徐科绿豆	江苏省	43	ZY394	内蒙古	74	ZY18	内蒙古
13	消暑绿豆	辽宁省	44	ZY7	内蒙古	75	ZY51	内蒙古
14	大至绿豆王	山西省	45	ZY493	内蒙古	76	ZY63	内蒙古
5	绿宝石	山西省	46	ZY177	内蒙古	77	ZY211	内蒙古
16	东北绿豆	内蒙古	47	ZY538	内蒙古	78	ZY116	内蒙古
17	绿小豆	内蒙古	48	ZY443	内蒙古	79	ZY175	内蒙古
18	洮绿9号	吉林省	49	ZY583	内蒙古	80	ZY102	内蒙古
19	密荚王	内蒙古	50	ZY508	内蒙古	81	ZY560	内蒙古
20	绿宝绿豆王	山西	51	ZY107	内蒙古	82	ZY489	内蒙古
21	矮脚懒汉绿豆	山西	52	ZY604	内蒙古	83	ZY207	内蒙古
22	华欣毛绿1号	山西	53	ZY429	内蒙古	84	ZY283	内蒙古
23	龙博11号	吉林省	54	ZY387	内蒙古	85	20-310	内蒙古
24	龙博6号	吉林省	55	ZY390	内蒙古	86	20-284	内蒙古
25	ZL228	内蒙古	56	ZY84	内蒙古	87	CL0009	内蒙古
26	ZL359	内蒙古	57	赤绿103	内蒙古	88	中绿5	内蒙古
27	ZY67	内蒙古	58	赤绿105	内蒙古	89	20-106	内蒙古
28	ZY41	内蒙古	59	ZY437	内蒙古	90	中绿10	内蒙古
29	ZY507	内蒙古	60	ZY119	内蒙古	91	变异株系	内蒙古
30	ZY453	内蒙古	61	ZY439	内蒙古			
31	ZY536	内蒙古	62	ZY120	内蒙古			

1.3　形态学性状调查

参照《绿豆种质资源描述规范和数据标准》[4]，每份绿豆种质材料随机选取3~5株，对18个质量性状进行调查、分级和赋值及12个数量性状进行测定，如表2所示。

1.4　SSR-PCR反应及电泳检测

取各供试材料幼嫩叶片0.1 g，采用天根生化科技（北京）有限公司的植物基因组提取试剂盒提取基因组DNA，利用1%琼脂糖凝胶对其进行电泳检测。

选用SSR引物主要来源于参考文献[5-13]，从中选出条带清晰，多态性较好的6对SSR引物用于本次研究，如表3所示。PCR反应体系积为20 μL，其体系包括上、下游引物（0.5 μmol/L）各0.9 μL，模

表2 绿豆种质资源质量性状的分级

Table 2 Classification of qualitative traits in mung bean germplasm resources

性状	赋值标准					
	0	1	2	3	4	5
复叶叶色		浅绿	绿	深绿		
复叶叶形		三角形	卵圆形	楔形	裂叶形	
小叶数目		三叶	多叶			
叶片茸毛密度	无	稀	密			
小叶叶缘		全缘	浅裂			
叶片尖端形状		锐尖	尖	钝尖		
叶片大小		小	中	大		
叶柄色		绿	紫			
叶柄茸毛密度	无	稀	密			
叶脉色		绿	紫			
小叶基部色		绿	紫			
花蕾色		绿	绿紫			
主茎色		绿	绿紫	紫		
主茎茸毛密度	无	稀	密			
主茎茸毛颜色		灰	褐			
生长习性		直立	半蔓生	蔓生		
粒色		黄	绿	褐	蓝青	黑
种皮光泽		光	毛			

板 DNA 2.0 μL，Taq DNA 聚合酶（5 U）0.1 μL，dNTPs（0.225 mmol/L）1.4 μL，10×PCR Buffer（含 Mg^{2+}）2.0 μL 和 12.7 μL 的 ddH_2O。PCR 反应程序为：94 ℃预变性 5 min；95 ℃变性 30 s，50~56 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 1 min，35 个循环；72 ℃延伸 7 min；4 ℃反应终止。PCR 扩增产物用 6% PAGE 聚丙烯酰胺凝胶检凝胶电泳检测。

1.5 数据分析

对绿豆 18 个质量性状分别赋值。对 12 个数量性状做分级处理：1 级<$X-2\delta$，10 级>$X+2\delta$，中间每隔 0.5δ 为一级，X 为平均值，δ 为标准差，共分为 10 级[14]。利用 Excel 2021 对数据进行统计和整理。计算质量性状出现的频率，并计算各数量性状极值、均值、标准差和变异系数。采用 Shannon-Weaver 法计算各数据遗传多样性指数（H）。其计算公式如下，其中 i 为某一性状的等级，p_i 为 N 个等级中第 i 种等级样本在总样本数中所占的百分比[15]。

$$H=-\sum_{i=0}^{n}P_i\ln P_i \quad (1)$$

采用 SPSS 25.0 进行主成分分析，利用 R 语言中的 ggtree 包，采用非加权平均法（UPGMA）进行聚类分析。

电泳图在相同迁移位上统计条带，将有条带的计为“1”，无条带或条带较弱计为“0”，以此形成“0-1”矩阵，利用 popogene 32 计算有效等位基因数（Ne）、Nei′s 基因多样性指数（H）、Shannon 信息指数（I）。引物间的多态信息含量：$P=(K/N)\times100\%$。利用 R 语言 ggtree 包软件 NJ 邻接法对绿豆 91 份种质材料的 SSR 统计进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 绿豆农艺性状遗传多样性分析

对绿豆材料的质量性状进行多样性分析，如表 4 所示，各质量性状的平均变异系数为 0.326 9，变异范围 0.130 1~0.493 1，其中复叶叶形这一指标的变异系数最大，生长习性的变异系数最小。18 个质量性状中，复叶叶色、复叶叶形、叶片茸毛密度、小叶叶缘、叶片尖端形状、叶片大小、叶柄色、叶柄茸毛密度、叶脉色、小叶基部色、主茎色、主茎茸毛密度、主茎茸毛颜色等 13 个性状的变异系数均超过 30%，变异较大，具有丰富的变异性，其余质量性状的变异系数不超过 30%，变异较小，具有稳定的遗传特性。各材料遗传多样性指数范围为 0.144 9~0.980 3，平均为 0.599 3，其中复叶叶形的指数最大，与变异系数表现一样，而多样性指数最小的是小叶数目，与变异系数表现不同。遗传多样性指数最大的为复叶叶形，最小的为小叶数。

2.2 绿豆数量性状基本统计量分析

各数量性状的平均变异系数为 0.245 5，变异范围 0.080 7~0.697 8，单株产量的变异系数最大，荚

表3 6 对 SSR 引物序列

Table 3 6 SSR primer sequences

引物名称	正向引物	反向引物
syd431	CAGCAACGGAAAGAAAATCG	TGTTGTGAAGGCACCAACAT
A4-3	GAGTGGGGTTCGAAATGAGA	GGTTAATGACGCTTAGGGCA
GBssr MB13	GCAGCAACAACAGCAACA	GCAGGTTTTGTGGCTCAG
GBssr MB91	GAGGCCAATCCCATAACTTT	AGCACCACATCAGAGATTCC
syd358	GTGATGGTGCTGCTTTTC	ATGCGTGGGGAGAAGTAA
Vr5-6	GTCGTGATGGTGCAAGGATA	ACCTCCCCTTTTCTTTGCTT

表4　18个质量性状变异参数

Table 4　Variation parameters of 18 qualitative characters

性状	频率						变异系数	遗传多样性指数
	0	1	2	3	4	5		
复叶叶色		45	36	10			0. 420 6	0. 957 8
复叶叶形		54	26	9	2		0. 493 1	0. 980 3
小叶数		88	3				0. 173 8	0. 144 9
叶片茸毛密度	0	68	23				0. 348 8	0. 565 3
小叶叶缘		77	14				0. 314 4	0. 429 3
叶片尖端形状		52	36	3			0. 385 8	0. 799 1
叶片大小		17	59	15			0. 3012	0. 891 5
叶柄色		65	26				0. 353 3	0. 598 3
叶柄茸毛密度	1	40	50				0. 339 9	0. 739 9
叶脉色		59	32				0. 355 2	0. 648 5
小叶基部色		66	25				0. 352 1	0. 587 9
花蕾色		32	59				0. 291 3	0. 648 5
主茎色		72	19				0. 338 1	0. 512 4
主茎茸毛密度	2	51	38				0. 383 3	0. 773 1
主茎茸毛颜色		65	26				0. 353 3	0. 598 3
生长习性		5	85	1			0. 130 1	0. 272 7
粒色		1	86	0	2	2	0. 256 6	0. 270 8
种皮光泽		80	11				0. 292 4	0. 368 7
平均值							0. 326 9	0. 599 3

宽的变异系数最小，如表5所示。12个数量性状中，只有单株荚数和单株产量这2个性状的变异系数超过30%，变异较大，变异性丰富，其余数量性状的变异系数不超过30%，变异较小，具有稳定的遗传特性。各材料遗传多样性指数范围为1. 879 1~2. 086 6，平均数为1. 983 1，其中指数最大的性状是荚宽，指数最小的是单株产量，与变异系数表现相反。说明绿豆材料之间存在较大差异，具有丰富的遗传多样性，利于特异种植材料的比较和筛选。

表5　12个数量性状遗传多样性分析

Table 5　Genetic diversity analysis of 12 quantitative traits

性状	极小值	极大值	均值	标准差	变异系数	遗传多样性指数
株高	32. 40	87. 37	62. 13	11. 12	0. 179 0	2. 021 9
主茎粗	6. 61	19. 33	11. 44	2. 14	0. 186 8	1. 992 3
主茎分枝数	6. 00	18. 00	12. 46	2. 53	0. 202 7	2. 036 0
分枝级数	2. 00	5. 67	3. 08	0. 63	0. 204 6	1. 891 3
荚长	6. 78	12. 85	9. 89	1. 42	0. 143 6	2. 004 7
荚宽	4. 50	6. 39	5. 41	0. 44	0. 080 7	2. 086 6
单株荚数	2. 00	80. 00	29. 20	17. 08	0. 585 0	1. 937 9
单荚粒数	6. 80	13. 67	10. 77	1. 21	0. 112 2	2. 033 2
粒长	3. 58	7. 21	4. 99	0. 73	0. 146 6	1. 951 6
粒宽	1. 39	4. 37	2. 65	0. 48	0. 180 1	1. 893 0
百粒重	2. 06	8. 64	5. 63	1. 28	0. 226 7	2. 069 9
单株产量	0. 74	61. 44	14. 73	10. 28	0. 697 8	1. 879 0
平均数					0. 245 5	1. 983 1

2. 3　各农艺性状聚类分析

91份绿豆材料进行聚类分析分为5大类群，如图1所示。第Ⅰ类群包括21份材料，全部来自于内蒙古，该类群在主茎粗、分枝级数、荚长、单株荚数、单荚粒数、单株产量这6个性状中表现最好，分别为12. 01 mm、3. 19级、10. 38 mm、52. 79个、11. 80个、24. 57 g，但粒长较小，属于小粒高产种质。第Ⅱ类

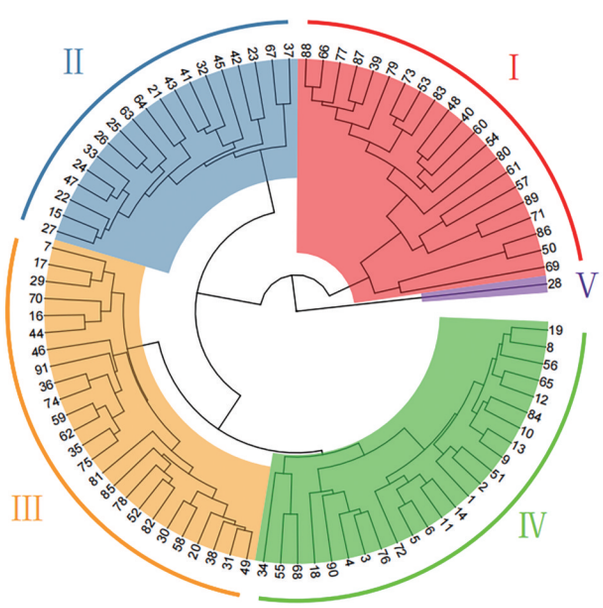


图1　91份供试材料表现型数据聚类分析

Fig. 1　Cluster analysis of phenotypic data of 91 tested materials

群包括19份材料,含有来自山西省的3份材料,来自吉林省的2份材料,以及来自内蒙古的14份材料,该类群株高最高,多为高杆种质材料,但产量一般。第Ⅲ类群包括25份材料,1份来自黑龙江,1份来自山西省,其余23份材料均来自于内蒙古,该类群粒宽最宽,属于大粒高产种质材料。第Ⅳ类群包括25份材料,含有内蒙古15份种质材料,辽宁省2份种质材料,黑龙江3份种质材料,山西省2份种质材料,江苏省1份种质材料以及吉林省1份种质材料。这一类群种质资源来源较丰富,主茎分枝数和百粒重表现最好。第Ⅴ类群只有编号28一份材料,来自于内蒙古。其荚宽较宽,粒长较长,属于大粒型种质材料,但在株高、主茎粗、分枝级数、单株荚数、百粒重、单产、粒宽这些产量相关性状表现一般。由此得知,第Ⅰ类群与第Ⅲ类群综合表现较好;第Ⅰ类群与第Ⅴ类群部分性状间表现为互补关系。

2.4 各农艺性状主成分分析

对绿豆种质资源30个农艺性状进行主成分分析,11个主成分特征值大于1,累积贡献率70.752%,涵盖大部分指标信息,如表6所示。第1主成分(特征值4.458、贡献率14.859%)以单株产量、粒宽、荚长、单株荚数、单荚粒数、百粒重(特征向量均>0.600)为高载荷性状,属产量因子;第2主成分(特征值3.080、贡献率10.266%)以百粒重、荚宽、复叶叶色、叶片尖端形状(特征向量均>0.4)及单株荚数、叶柄色、叶脉色(负向高载荷)为关键性状,属叶片颜色因子;第3主成分(特征值2.273、贡献率7.576%)以分枝级数、主茎分枝数、主茎粗、株高(高载荷)及主茎色(负向高载荷)为核心性状,属生长

表6 农艺性状主成分的特征根与特征向量

Table 6 Eigenvalue and Eigenvectors of principle component of agronomic traits

性状	主成分										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
单产(X_1)	0.793	−0.226	0.135	−0.071	−0.142	0.003	−0.116	−0.171	−0.042	−0.021	0.104
粒宽(X_2)	0.784	0.199	−0.223	−0.082	−0.169	−0.024	0.121	−0.132	0.018	0.036	0.118
荚长(X_3)	0.760	0.382	−0.192	0.060	−0.139	−0.011	−0.013	0.089	0.170	−0.056	−0.038
单株荚数(X_4)	0.698	−0.442	0.213	−0.153	−0.157	0.043	−0.170	0.035	0.034	0.096	0.049
单荚粒数(X_5)	0.635	−0.332	0.107	−0.198	−0.086	−0.080	−0.189	0.256	0.059	0.034	0.070
百粒重(X_6)	0.619	0.466	−0.312	0.074	−0.135	0.007	0.198	−0.169	0.088	−0.038	−0.059
粒长(X_7)	−0.504	0.361	−0.053	0.432	0.035	−0.013	0.046	0.043	0.261	−0.146	0.054
叶柄色(X_8)	0.272	−0.526	−0.205	0.263	0.442	−0.260	0.053	0.012	−0.001	−0.085	−0.161
荚宽(X_9)	0.413	0.513	−0.350	0.170	0.045	−0.013	−0.191	−0.070	0.265	−0.124	0.043
复叶叶色(X_{10})	0.107	0.502	0.090	0.191	0.053	−0.124	−0.263	−0.046	0.121	0.487	0.147
叶脉色(X_{11})	0.461	−0.486	−0.059	0.091	0.384	−0.226	0.005	0.047	0.003	0.108	−0.024
分枝级数(X_{12})	0.229	0.249	0.588	−0.150	0.038	−0.159	0.117	−0.061	−0.017	−0.326	0.148
主茎分枝数(X_{13})	0.079	0.234	0.499	0.258	−0.060	−0.240	0.255	0.252	−0.373	−0.107	−0.136
主茎粗(X_{14})	0.226	−0.280	0.499	0.287	−0.184	0.161	0.330	−0.121	0.205	−0.141	−0.014
主茎色(X_{15})	0.193	−0.240	−0.466	−0.012	−0.090	−0.276	0.174	0.400	−0.186	0.118	−0.060
粒色(X_{16})	−0.070	−0.021	−0.063	0.570	0.115	−0.021	−0.566	−0.121	0.111	−0.085	−0.077
叶柄茸毛密度(X_{17})	0.049	0.324	0.075	−0.523	0.131	0.294	0.118	0.086	0.247	0.339	−0.251
小叶叶缘(X_{18})	0.126	−0.017	−0.253	0.473	−0.278	0.260	0.011	0.071	−0.276	0.135	−0.066
株高(X_{19})	0.324	0.333	0.362	0.422	−0.091	−0.060	0.366	0.114	0.083	0.021	−0.046
主茎茸毛颜色(X_{20})	−0.201	−0.394	−0.024	0.397	−0.312	0.278	0.015	0.112	0.036	0.301	0.006
花蕾色(X_{21})	0.286	0.205	0.250	0.019	0.619	0.038	−0.254	0.025	−0.118	−0.094	−0.228
小叶数目(X_{22})	0.105	−0.030	−0.200	−0.105	0.570	0.256	0.378	−0.148	0.014	0.090	0.068
主茎茸毛密度(X_{23})	0.165	−0.096	0.214	−0.061	−0.125	0.529	−0.378	0.316	−0.043	−0.120	−0.039
叶片大小(X_{24})	0.200	0.184	0.396	0.115	0.289	0.491	−0.038	0.134	−0.032	0.186	−0.116
复叶叶形(X_{25})	0.112	−0.237	−0.241	0.223	0.214	0.429	0.447	0.053	0.050	−0.005	0.242
叶片尖端形状(X_{26})	−0.113	0.414	0.072	−0.058	0.136	−0.282	0.026	0.571	−0.015	0.259	0.321
小叶基部色(X_{27})	0.098	−0.326	0.174	0.331	0.111	−0.220	0.038	0.200	0.521	0.103	−0.153
叶片茸毛密度(X_{28})	−0.240	−0.099	−0.148	−0.320	−0.188	0.015	0.092	0.324	0.480	−0.273	−0.351
生长习性(X_{29})	0.067	0.023	−0.211	0.045	0.184	0.251	−0.115	0.370	0.034	−0.422	0.511
种皮光泽(X_{30})	−0.258	−0.326	0.323	−0.094	−0.009	−0.126	−0.006	−0.191	0.321	0.178	0.481
特征值	4.458	3.080	2.273	2.046	1.681	1.544	1.503	1.243	1.197	1.120	1.082
贡献率/%	14.859	10.266	7.576	6.819	5.603	5.145	5.011	4.142	3.988	3.735	3.608
累计贡献率/%	14.859	25.125	32.701	39.520	45.123	50.268	55.279	59.421	63.409	67.144	70.752

因子；第4主成分（特征值2.046、贡献率6.819%）以粒色为高载荷性状，属籽粒颜色因子；第5主成分（特征值1.681、贡献率5.603%）以花蕾色、小叶数目为高载荷性状，属花蕾颜色因子；第6主成分（特征值1.544、贡献率5.145%）以主茎茸毛密度、叶片大小、复叶叶形为高载荷性状，属主茎茸毛因子；第7主成分（特征值1.503、贡献率5.011%）以复叶叶形、小叶数目为高载荷性状，属叶片形态因子；第8主成分（特征值1.243、贡献率4.142%）以叶片尖端形状、主茎色为高载荷性状，属叶片形态因子；第9-11主成分特征值相对平均，贡献率较小。

2.5　绿豆材料形态学综合评价

将标准化后的91个性状值代入到11个主成分中：

F_1=0.793X_1+0.784X_2+0.760X_3+0.698X_4+0.635X_5+0.619X_6−0.504X_7+0.272X_8+0.413X_9+0.107X_{10}+0.461X_{11}+0.229X_{12}+0.079X_{13}+0.226X_{14}+0.193X_{15}−0.07X_{16}+0.049X_{17}+0.126X_{18}+0.324X_{19}−0.201X_{20}+0.286X_{21}+0.105X_{22}+0.165X_{23}+0.2X_{24}+0.112X_{25}−0.113X_{26}+0.098X_{27}−0.24X_{28}+0.067X_{29}−0.258X_{30}

F_2=−0.226X_1+0.199X_2+0.382X_3−0.442X_4−0.332X_5+0.466X_6+0.361X_7−0.526X_8+0.513X_9+0.502X_{10}−0.486X_{11}+0.249X_{12}+0.234X_{13}−0.28X_{14}−0.24X_{15}−0.021X_{16}+0.324X_{17}−0.017X_{18}+0.333X_{19}−0.394X_{20}+0.205X_{21}−0.03X_{22}−0.096X_{23}+0.184X_{24}−0.237X_{25}+0.414X_{26}−0.326X_{27}−0.099X_{28}+0.023X_{29}−0.326X_{30}

以此类推，可得到11个主成分公式，根据以上所得F_1~F_{11}数值及各主成分的贡献率权重计算综合评价（F）值：

F=0.210F_1+0.145F_2+0.107F_3+0.096F_4+0.079F_5+0.073F_6+0.071F_7+0.059F_8+0.056F_9+0.053F_{10}+0.051F_{11}。F值越大，表型综合性状越好。排名前10的品种分别是CL0009、ZY430、ZY91、ZY118、20-284、东北绿豆、徐科绿豆、20-310、消暑绿豆、ZY175，如表7所示。

表7　91份绿豆种质资源综合得分

Table 7　Comprehensive score of 91 mungbean germplasm resources

排序	综合得分	名称	排序	综合得分	名称	排序	综合得分	名称
1	2.18	CL0009	32	0.53	密荚王	63	−0.49	ZY536
2	2.14	ZY430	33	0.50	ZY560	64	−0.52	赤绿103
3	1.84	ZY91	34	0.48	丰绿1号	65	−0.54	ZY120
4	1.79	ZY118	35	0.38	中绿5	66	−0.56	ZY83
5	1.77	20−284	36	0.35	绿宝绿豆王	67	−0.60	ZT506
6	1.76	东北绿豆	37	0.29	ZY439	68	−0.60	ZY283
7	1.74	徐科绿豆	38	0.28	洮绿9号	69	−0.61	矮脚懒汉绿豆
8	1.68	20−310	39	0.26	ZY101	70	−0.70	ZY443
9	1.57	消暑绿豆	40	0.22	ZY107	71	−0.73	ZY68
10	1.46	ZY175	41	0.16	ZY311	72	−0.91	ZY429
11	1.41	布鲁克绿1号	42	0.15	龙博6号	73	−0.98	ZY437
12	1.41	ZY7	43	0.14	ZY211	74	−1.00	ZY583
13	1.39	20−106	44	0.03	ZY75	75	−1.01	ZY638
14	1.34	绿宝石	45	−0.02	ZY8	76	−1.04	赤绿105
15	1.19	鑫绿1号	46	−0.02	ZY538	77	−1.22	ZY453
16	1.05	ZY508	47	−0.05	ZY63	78	−1.32	ZY51
17	1.05	变异株系	48	−0.08	ZY567	79	−1.34	ZY440
18	0.82	ZY489	49	−0.11	河引1号	80	−1.36	ZY90
19	0.81	绿丰2号	50	−0.12	ZY18	81	−1.52	ZY109
20	0.81	广育密荚9760	51	−0.13	26	82	−1.54	ZY119
21	0.81	ZY84	52	−0.17	小明绿	83	−1.65	ZY507
22	0.81	ZY207	53	−0.17	ZY639	84	−1.65	ZY126
23	0.78	ZY102	54	−0.24	25	85	−1.73	ZY587
24	0.72	绿小豆	55	−0.27	ZY177	86	−1.78	ZY493
25	0.72	ZY438	56	−0.27	ZY214	87	−1.84	ZY597
26	0.71	大明绿豆	57	−0.35	华欣毛绿一号	88	−1.87	ZY41
27	0.64	绿霸1号	58	−0.37	大至绿豆王	89	−2.10	ZY387
28	0.63	ZY518	59	−0.39	中绿10	90	−2.56	ZY390
29	0.61	ZY67	60	−0.41	ZY116	91	−2.76	ZY394
30	0.60	厚绿1号	61	−0.43	黄绿豆			
31	0.57	ZY604	62	−0.48	龙博11号			

2.6 SSR多态性分析

6对条带清晰、多态性高的引物，共检测出23个条带，全部为多态性条带，每对引物检测的位点数在3~5个，多态性比率为100%。91个供试材料的有效等位基因数变幅在1.739 0~1.963 7之间，平均为1.852 3，Nei's基因多样性指数（*H*）在0.423 9~0.490 6之间，平均为0.457 3；Shannon信息指数（*I*）在0.614 8~0.683 7之间，平均为0.649 2；多态性信息含量（PIC）变化区间是45.79%~64.10%，平均为54.32%，如表8所示。

表8 91份绿豆种质资源多态性信息

Table 8 Genetic diversity of 91 mungbean accessions by molecular marker

引物名称	有效等位基因数（Ne）	Nei's基因多样性指数（*H*）	Shannon信息指数（*I*）	多态性信息含量（PIC）
A4-3	1.739 0	0.423 9	0.614 8	45.79%
GBssr MB13	1.814 5	0.443 4	0.634 1	50.33%
GBssr MB91	1.814 8	0.445 4	0.636 7	64.10%
syd358	1.877 0	0.465 8	0.658 2	61.54%
syd431	1.904 8	0.474 7	0.667 6	51.43%
Vr5-6	1.963 7	0.490 6	0.683 7	52.75%
均值（Mean）	1.852 3	0.457 3	0.649 2	54.32%

2.7 SSR聚类分析

基于SSR分子标记，以NJ邻接法对91个绿豆材料聚类，结果显示91个材料可分为6类，如图2所示，第Ⅰ类3个品种（ZY489、绿霸1号，内蒙古；龙博11号，吉林）；第Ⅱ类4个品种（ZY536、ZY507、ZY63、ZY102），均来自内蒙古；第Ⅲ类14个品种（ZT506、ZY538、中绿5等），均来自内蒙古；第Ⅳ类12个品种（厚绿1号、大明绿豆等），5份来自内蒙古，其余分别来自山西（大明绿豆、大至绿豆王）、辽宁（消暑绿豆）、江苏（徐科绿豆）、黑龙江（绿丰2号）、吉林（洮绿9号、龙博6号）；第Ⅴ类16个品种（ZY283、ZY437等），矮脚懒汉绿豆、华欣毛绿1号来自山西，小明绿来自黑龙江，其余来自内蒙古；第Ⅵ类材料最多（42个，占参试品种46.15%），含丰绿1号、绿宝石等，37份来自内蒙古，其余分别来自辽宁（丰绿1号）、山西（绿宝石、绿宝绿豆王）、黑龙江（黄绿豆、河引1号）。

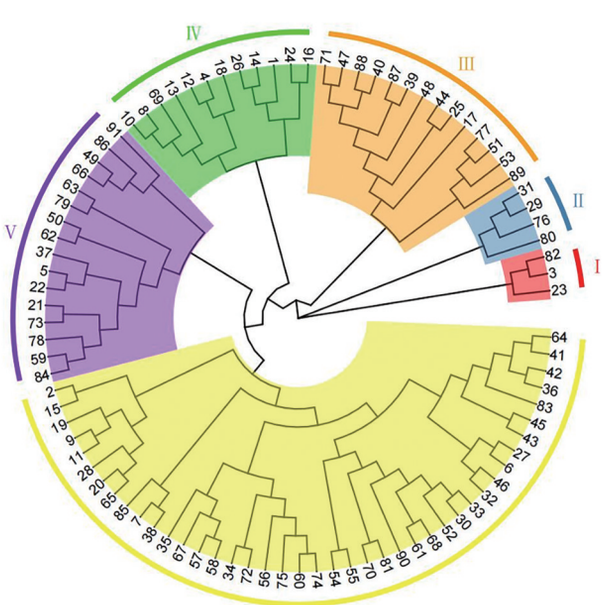


图2 91份材料的SSR聚类分析

Fig. 2 SSR cluster analysis of 91 materials

3 讨论

性状是基因型与环境因素相互作用下的结果，在不同品种，不同个体中一般会表现出不同程度的差异[16]。本试验对91份绿豆种质资源的30个农艺性状进行多样性分析，其中包括18个质量性状和12个数量性状。质量性状遗传多样性指数为0.599 3，数量性状遗传多样性指数为1.983 1，数量性状的遗传多样性指数远远大于质量性状，这与任红晓[17]、陈文晋等[18]的研究一致，原因可能是数量性状受环境、气候等影响较大，而质量性状不受环境所影响，因此，应对质量性状和数量性状分别进行讨论。质量性状中遗传多样性指数最大的性状为复叶叶形，最小的性状为粒色，这与龙珏臣等[19]的研究结果一致。数量性状中遗传多样性指数最大的性状为荚宽，最小的性状为单株产量，其中，百粒重与株高的遗传多样性指数较高，这与朱慧珺等[20]的研究基本一致。从变异系数上看，数量性状中变异系数最大的性状为单株产量和单株荚数、最小的性状为荚宽，与郑海泽等[21]的研究基本一致。质量性状中复叶叶形的变异系数最大，生长习性变异系数最小。综合遗传多样性指数和变异系数分析发现，质量性状中，遗传多样性指数越高，变异系数越大，而数量

性状中，遗传多样性指数越高，变异系数反而越低。

本试验主成分分析得到11个特征值大于1的主成分因子，累计贡献率为70.752%，证明该11个主成分能够描述91个品种的大部分信息。陈红霖等[22]对481份参试绿豆种质材料的12个性状进行主成分分析，结果表明前6个主成分对表型变异的累计贡献率达到了83.41%。康泽然等[23]对20份绿豆种质资源的10个性状进行主成分分析，结果表明前4个主成分累计贡献率达到79.193%，均高于本研究的分析结果，原因可能是与本研究参与主成分分析性状较多有关。通过参试品种综合评价得分可知，排名前10的品种，这些材料在产量相关性状中表现突出，可作为重要育种材料。

本研究91个供试绿豆材料的有效等位基因数变幅在1.739 0~1.963 7之间，平均为1.852 3，Nei′s基因多样性指数（*H*）在0.423 9~0.490 6之间，平均为0.4573；Shannon信息指数（*I*）在0.614 8~0.683 7之间，平均为0.649 2，这与张雨朋等[24]的研究结果相似。多态性信息含量（PIC）变化区间是45.79%~64.10%，平均为54.32%，与赵雅楠等[25]的研究结果相似，说明筛选的引物多态性较为丰富。本研究共扩增出23个条带，多态性比率为100%，与赵雅楠等[26]在辽宁地区绿豆品种SSR指纹图谱构建及品种鉴定中的研究结果一致。

本研究对表型性状（18个质量性状、12个数量性状）与SSR分子标记分别聚类，结果存在差异，表型聚类中ZY41单独属于第Ⅴ类群，分子聚类中其属第Ⅵ类群。可能因表型调查指标多、调查者主观因素影响，且两种聚类的方式与基础数据不同[27]。综上，表型聚类与分子标记聚类结合，更能说明材料的遗传多样性。

4　结论

本研究对91份绿豆种质进行农艺性状遗传变异和聚类分析，结果表明，这些材料具有丰富的遗传多样性，91份绿豆种质可划分为5类。基于主成分分析进行综合评价筛选出CL0009、ZY430、ZY91等表现优异的材料。6对SSR引物扩增多态性比率为100%，有效等位基因数平均为1.852 3，Nei′s基因多样性指数（*H*）平均为0.457 3，Shannon信息指数（*I*）为0.649 2，多态性信息含量（PIC）为54.32%。本研究结果明确了91份绿豆种质的遗传分化程度及遗传多样性水平，为今后绿豆种质鉴定和新品种培育的研究提供了理论基础。

参考文献：

[1] 王桂梅，邢宝龙. 绿豆种质资源遗传多样性研究进展[J]. 种子，2025，44(5)：76-82.

[2] 杨学乐，王艳兰，王素华，等. 湖南省绿豆种质资源收集与鉴定评价[J]. 植物遗传资源学报，2025，26(7)：1278-1291.

[3] 王春勇，陈　志，董艾美，等. 大果型番茄杂交组合表型性状遗传多样性分析[J]. 内蒙古农业大学学报（自然科学版），2025，46(5)：1-7.

[4] 程须珍，王素华，王丽侠，等. 绿豆种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京：中国农业出版社，2006.

[5] GUPTA S K，BANSAL R，VAIDYA U J，et al. Assessment of genetic diversity at molecular level in mungbean（*Vigna radiata*（L.）Wilczek）[J]. Journal of Food Legumes，2013，26：19-24.

[6] GUPTA S，GUPTA D S，ANJUM K，et al. Transferability of simple sequence repeat markers in blackgram（*Vigna mungo* L. Hepper）[J]. Australian Journal of Crop Science，2013，7：345-353.

[7] MOLLA M R，AHMED I，ROHMAN M M，et al. Genetic diversity analysis and DNA fingerprinting of Mungbean（*Vigna radiata* L.）genotypes using SSR markers [J]. Plant Sci，2016，6(4)：153-164.

[8] PRATAP A，GUPTA S，TOMAR R，et al. Cross-Genera amplification of informative microsatellite markers from common bean and scarlet runner bean for assessment of genetic diversity in mungbean（*Vigna radiata*）[J]. Plant Breeding，2016，135(4)：499-505.

[9] 陈明丽，王兰芬，武　晶，等. 普通菜豆基因组SSR标记开发及在豇豆和小豆中的通用性分析[J]. 作物学报，2014，40(5)：924-933.

[10] 刘长友，程须珍，王素华，等. 用于绿豆种质资源遗传多样性分析的SSR及STS引物的筛选[J]. 植物遗传资源学报，2007，8(3)：298-302.

[11] 孙　虎，刘昌燕，李　莉，等. 80份绿豆象抗感蚕豆种质资源SSR遗传多样性分析[J]. 西南农业学报，2023，36(4)：683-691.

[12] 王丽侠，程须珍，王素华，等. 小豆SSR引物在绿豆基因组中的通用性分析[J]. 作物学报，2009，35(5)：816-820.

[13] 叶卫军，陈圣男，杨　勇，等. 绿豆SSR标记的开发及遗传多样性分析[J]. 作物学报，2019，45(8)：1176-1188.

[14] 王志强，杜慧莹，李　程，等. 甜瓜亲本资源果实性

状的遗传多样性分析[J]. 内蒙古农业大学学报(自然科学版),2022,43(6):7-13.

[15] 宁秋燕,郑生宏,冯亚颀,等. 紫芽茶树种质资源生化成分多样性分析及特异种质筛选[J]. 江苏农业学报,2025,41(8):1606-1615.

[16] 美开热帮·吐尔逊,王志泽,党雨乐,等. 70份鲜食番茄种质资源农艺性状多样性调查与相关性分析[J]. 热带作物学报,2025,46(9):2102-2116.

[17] 任红晓. 中国传统名优绿豆品种遗传多样性研究[D]. 北京:中国农业科学院,2013.

[18] 陈文晋,赵存虎,贺小勇,等. 绿豆主要栽培品种农艺性状遗传多样性分析[J]. 北方农业学报,2020,48(3):18-25.

[19] 龙珏臣,张继君,张晓春,等. 重庆绿豆新收集种质资源的遗传多样性分析及抗枯萎病鉴定[J]. 植物遗传资源学报,2020,21(5):1167-1174.

[20] 朱慧珺,张耀文,赵雪英,等. 山西省绿豆种质资源的遗传多样性分析[J]. 山西农业科学,2019,47(9):1540-1543+1602.

[21] 郑海泽,曲运琴,乔 玲,等. 绿豆主要农艺性状的遗传效应分析[J]. 华北农学报,2018,33(S1):33-37.

[22] 陈红霖,胡亮亮,杨 勇,等. 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[J]. 植物遗传资源学报,2020,21(3):549-559.

[23] 康泽然,王晓磊,魏云山,等. 绿豆种质资源主要农艺性状、经济性状遗传多样性分析及综合评价[J]. 江苏农业科学,2022,50(21):36-41.

[24] 张雨朋,丁冬会,李蒙鑫,等. 河南地方绿豆种质资源遗传多样性的SSR分析[J/OL]. 分子植物育种,1-8[2025-12-11]. https://link. cnki. net/urlid/46. 1068. S. 20220916. 1440. 058.

[25] 赵雅楠,王 颖,张东杰,等. 内蒙古地区绿豆品种遗传多样性SSR分析及DNA指纹图谱构建[J]. 食品科学,2017,38(16):43-50.

[26] 赵雅楠,王 颖,张东杰. 辽宁地区绿豆品种SSR指纹图谱构建及品种鉴定[J]. 食品科学,2018,39(6):284-290.

[27] 白重阳,朱凯波,鲍红春,等. 48份绿豆种质资源表型性状及ISSR遗传多样性分析[J]. 种子,2025,44(5):174-180.