

普通菜豆种质资源研究现状及进展

肖靖¹, 李斌², 石晓华¹, 鄂成林¹, 管洪波¹, 凤桐¹

(1. 吉林省农业科学院 经济植物研究所, 吉林 公主岭 136105; 2. 吉林大学 植物科学学院, 吉林 长春 130062)

摘要:对普通菜豆的起源、分类、种质资源利用与评价、育种方法等方面进行了综述。并特别关注了近年来国内外对普通菜豆生物和非生物胁迫的研究, 以及在基因组学和蛋白质组学方面的探索, 以期对普通菜豆种质资源创新创制提供参考依据。

关键词:普通菜豆; 种质资源; 生物胁迫; 蛋白质组学

中图分类号:S 643.102.4 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2016)15-0194-05

普通菜豆是世界上种植面积最大的食用豆类, 根据 FAO 生产年鉴统计, 全世界有近 90 个国家生产菜豆, 且近年来规模不断扩大。菜豆(*Phaseolus vulgaris* L.) 属豆科菜豆属菜豆种植物, 又称芸豆、四季豆, 相关研究表明“墨西哥及中美洲中心”和“南美洲中心”栽培的野生种菜豆逐渐被驯化成栽培种后被引入世界各地, 15 世纪经欧洲引入中国, 在中国已有 500 多年的栽培历史^[1-3]。

1 普通菜豆的起源

在我国普通菜豆主要分布于黑龙江、内蒙古、山西、陕西、四川、贵州、云南等省区^[4-5]。国际遗传资源委员会与 CIAT 共同合作开展菜豆的收集以及保存工作, 迄今已收集各国家和地区的菜豆属品种共 41 000 份, 已成功扩繁并可供发放的品种就有逾 26 500 份^[6-7]。作为菜豆的次级起源中心, 中国从生产面积、平均公顷产量及总产量等可称为菜豆第一生产大国, 我国菜豆种质资源丰富且绝大部分是各地的地方品种。截至 2008 年, 已有 5 000 份普通菜豆资源收入国家种质资源库, 其中有 4 480 份已进行相关农艺性状鉴定, 主要包括株高、生长习性、有效分枝数、叶形、叶数、花序、节位、花形、花色、花数、单株结荚数、荚长、荚宽、荚厚、每荚粒数、种子颜色、形态、百粒质量、产量、抗病性等^[1-2, 5, 8-9]。

第一作者简介:肖靖(1977-), 女, 博士, 副研究员, 现主要从事菜豆新品种选育及蔬菜种质资源创新等研究工作。E-mail:15614180504@163.com.

责任作者:凤桐(1961-), 男, 本科, 研究员, 现主要从事蔬菜栽培与育种等研究工作。E-mail:fts2225@163.com.

基金项目:中国东北农业创新中心博士后启动基金资助项目(2013—2015); 吉林省人事厅留学人员择优资助项目(3140101)。

收稿日期:2016-04-25

2 普通菜豆的分类

在菜豆的进化过程中, 其形态特性等发生了很大的变化。目前为止, 国际上公认 4 种类型: 无限花序蔓生型、无限花序半蔓生型、无限花序丛生型和有限花序丛生型^[10]。而在我国主要将其分为矮生型、半蔓生型和蔓生型等 3 种类型, 其中蔓生型最多, 其次为矮生型^[11]。按生育期分为早熟型、中熟型和晚熟型。以东北地区为例, 早熟型生育期在 65 d 以内, 采收期约为 35 d; 中熟型生育期 65~80 d, 采收期一般为 40 d 以上; 晚熟型生育期 80 d 以上, 采收期无霜情况下约在 45 d 以上^[12-13]。菜豆研究者根据菜豆的形状、颜色、豆荚长短等, 将我国的菜豆种质资源分为六大类, 分别为紫荚品种群、花荚品种群、黄荚品种群、圆棍荚品种群、扁条品种群和肉豆角品种群^[14]。

3 普通菜豆种质资源的利用与评价

3.1 生物胁迫研究

虫害、病菌等生物胁迫对菜豆的栽培生产管理和商品品质的影响很大, 因此, 筛选具有稳定抗性的菜豆种质资源, 揭示普通菜豆抗病机理, 发掘并利用优异的抗病基因, 改良普通菜豆抗病性, 对提高菜豆生产的经济效益具有重要的理论和现实意义。菜豆主要病害有锈病、病毒病、炭疽病、疫病、角斑病、根腐病、枯萎病等。

在菜豆炭疽病研究方面, 王晓鸣^[15]、李永镐等^[16]利用子囊孢子接种侵染菜豆叶片后, 产生了典型的炭疽病症状, 但在分离时首先长出无性态的分生孢子, 数代培养后又恢复有性态。这种有性态-无性态-有性态之间的转化, 揭示了该菌系在特定条件下有性与无性世代的交替, 在此基础上, 从种质资源库中筛选出具有抗炭疽病的种质材料 99 份。在一些病害发生条件下, 植物有 2 种主动防御机制, 一种是广

谱的,最基本的抵御机制;另一种是基于 *R* 基因的防御机制。LEE 等^[17] 通过高通量的液相色谱-串联质谱方法,对比锈菌侵染后敏感和高抗的菜豆植株叶片蛋白质水平变化,发现一些基础的防御蛋白由于真菌的感染而被削弱,而 *R* 基因通过修复失效的防御蛋白参与到基本防御系统当中,进一步增强了菜豆对锈菌的防御。因而,这些特定蛋白的富集以及其同系物的减少表明植物细胞在病原体感染的情况下,存在着抵御、适应和恢复的动态平衡机制。普通菜豆与细菌早期共生方面的蛋白质组学研究中,在普通菜豆根系被细菌感染后,29 个植物蛋白和 3 个细菌蛋白参与到早期的共生当中,其中 29 个植物蛋白当中,19 个上调蛋白主要涉及到蛋白质合成、能量转化和蛋白质降解等,10 个下调蛋白主要和代谢相关。因而,结果表明,在普通菜豆与细菌共生的早期阶段,其防御机制与蛋白酶所调节的伴侣蛋白和蛋白降解有关^[18]。

3.2 非生物胁迫研究

干旱、洪涝、盐碱、矿物质缺乏等非生物胁迫是影响作物产量和品质的最主要因素,因而其研究也具战略性。柴团耀等^[19] 的早期研究就发现,菜豆富含脯氨酸蛋白质基因在生物和非生物胁迫下高表达,可能参与菜豆的抗病防卫反应过程中。

蛋白质组学研究方面,低温胁迫条件下,普通菜豆根系蛋白发生多样性的变化,具体体现在持续低温和短暂低温处理,其蛋白变化模式不同。在持续低温发芽过程中,参与能量转化、小胞体运输、次生代谢等蛋白表现有上调趋势。在接下来的恢复过程中,钙依存性信号传导、次生代谢以及促进细胞分裂等蛋白表达量有所提高。而在短期低温处理条件下、DNA 修复、RNA 翻译转录蛋白发生变化^[20]。在耐干旱和干旱敏感型普通菜豆的差异蛋白质组学研究为普通菜豆抗旱育种提供了大量的标记蛋白^[21]。其中 58 个蛋白在丰度上显著发生变化,主要涉及到能量代谢、光合作用,蛋白质合成与分解等蛋白,进一步加深了对普通菜豆对干旱胁迫应答机制的了解。渗透胁迫方面,菜豆根尖的 22 个蛋白发生变化,其主要涉及到碳水化合物和氨基酸新陈代谢方面。磷酸化蛋白质组研究进一步显示,其定位于细胞壁上的脱水蛋白加强了蛋白质的磷酸化。因而,YANG 等^[22] 提出脱水蛋白在渗透胁迫条件下参与蛋白质磷酸化过程,减少细胞壁的物理伤害,以维持细胞壁的可塑性;TORRES 等^[23] 利用蛋白质组学技术初步从菜豆叶片中筛选出了疾病相关蛋白(a novel pathogenesis-related protein 2)可作为臭氧胁迫的标记,证明了相关蛋白质技术可作为相应非生物胁迫育种的一种标记在普通菜豆上应用。

3.3 种质资源多样性研究

近年来,与其它作物育种一样,为调查研究其遗传

多样性,植物的形态学调查、种子蛋白质酶、随机扩增多态性 DNA、叶绿体 DNA 和微卫星标记等技术也在菜豆野生种质资源使用和创新与新型栽培品种培育中得以应用。随着蛋白质组学的发展,也推进了菜豆种质资源研究进展。张赤红等^[24] 利用 SSR 标记对 332 份国内普通菜豆、16 份国外普通菜豆和 29 份野生菜豆的遗传多样性进行了分析,结果表明,3 种生态型普通菜豆遗传多样性由大到小依次为国内普通菜豆、野生菜豆和国外普通菜豆,说明国内外普通菜豆的遗传关系要比二者同野生菜豆的遗传关系近。

普通菜豆的蛋白质二次电泳表明,贮藏蛋白、碳水化合物新陈代谢、生长发育蛋白、相关通道蛋白、防御和胁迫应答反应蛋白等在菜豆种子中大量表达,特别是植物血球凝集素(phytohemagglutinin)、云扁豆蛋白(phaseolin)和植物(种子)血凝素相关的 α -amylase 抑制剂。LÓPEZ-PEDROUSO 等^[25] 研究证明了菜豆主要种子贮藏蛋白磷酸化及在萌发过程中的磷酸化依赖性降解,因而可用于监测菜豆种子从休眠到萌发的过程。墨西哥野生菜豆和普通菜豆中提取蛋白质组分析结果显示,蛋白质组学技术可很好地应用在不同菜豆品种的蛋白成分分析上,为菜豆育种在蛋白质组学方面打开了思路^[26]。在此基础上,云扁豆蛋白(phaseolin)被成功的应用于 18 个普通菜豆和野生菜豆种子中蛋白质养分和遗传多样性的标记物。这些研究进一步证实了,基于蛋白质组学技术的标记方法可为普通菜豆种质资源筛选和遗传改良做出不可估量的贡献^[27]。MENSACK 等^[28] 成功结合转录组学、蛋白质组学和代谢组学进行了菜豆种质资源遗传多样性的分析,进一步的研究可建立对农艺性状和营养性状快速鉴定及遗传多样性分析的快速、低成本和高准确率体系。菜豆种子贮藏蛋白缺乏的蛋白质组学结果揭示了富硫蛋白、淀粉及棉子糖代谢酶呈上调趋势,而代谢分泌相关蛋白下调趋势,因而,此类研究可为菜豆的营养品质的研究提供多效性的表型信息^[29]。

4 普通菜豆的育种目标

4.1 产量育种

一直以来,丰产性是菜豆育种的主要目标。许玉香等^[30] 以早熟、丰产、抗病的‘57 号’为父本,以宽荚、优质的自交系‘031’为母本进行有性杂交,培育出丰产性较好的“园丰 908”,其品种早熟、商品性好、抗病性强;尹凤龙等^[31] 培育出高产的“翠龙”品种,其露地栽培比对照品种增加 29.7%,冬春日光温室栽培比对照增产 27.8%,该品种是从引进的‘9057’菜豆品种中发现 1 个自然变异株,经多代系统,最终选育出具有早熟、丰产、稳产等特性的菜豆品种“翠龙”;吉林省长春市农业科学院利用母本‘99-3-12’,父本“紫花油豆”进行杂交,后代经系统选育而成

的蔓生菜豆新品种“长农菜豆 2 号”,其在吉林省地区露地种植丰产性高于常规品种“紫花油豆”12.6%^[32]。

4.2 品质育种

普通菜豆为高蛋白、低脂肪作物,是人类膳食中重要的植物蛋白来源。随着人们生活品质的不断提高,合理饮食和营养搭配愈来愈受到人们的重视,市场上对普通菜豆等保健食品的需求量与日俱增,所以提高普通菜豆生产具有很高的社会和经济价值^[33-34]。因而,品质育种将成为菜豆育种的主要研究方向。“连农 97-5”是采用不去雄授粉法,以“双丰 1 号”为母本、“85-1”为父本,经人工杂交培育而成,其商品性好,在品种比较试验中,其商品荚可溶性总糖、维生素 C、干物质含量均高于先前育成品种^[35];具有东北油豆角的典型食用品质菜豆新品种“哈菜豆 8 号”是以‘96-9’为母本、“紫花油豆”为父本人工杂交后经 6 代系统选育而成的早熟蔓生新品种,其粗纤维含量低于对照,干物质、可溶性固形物和维生素 C 含量均高于对照^[36]。

4.3 抗胁迫育种

菜豆研究者利用我国普遍分布的菜豆炭疽菌生理小种 α (CII G-07) 进行接种试验,从 1 700 多份菜豆种质资源中发现了 210 份种质资源对菜豆炭疽病表现中抗至高抗品系。在菜豆抗炭疽病种质资源研究方面,室内苗期接种鉴定在国内外的 169 份菜豆品种当中发现抗病(R)品种 12 份、中抗(MR)品种 62 份、中感(MS)品种 46 份、感病(S)品种 33 份、高感(HS)品种 16 份,为菜豆抗炭疽病育种的进一步研究打下了基础^[37]。

5 普通菜豆品种的选育方法

5.1 引种

引种指把植物栽培品种或野生植物资源从分布地区引入到新的地区栽培或作为育种原始材料,主要是为了引进新型品种而驯化或者作为杂交育种父、母本。引种能否成功,决定于引种地区与原产地区的生态条件差异程度,差异越小引种越容易成功。引种时需要考虑的生态条件包括气温、日照、纬度、海拔、土壤、植被、降水分布及栽培技术水平等。陈丹^[38]从法国引进 9 个菜豆品种中,筛选出耐热、耐干旱、产量及商品性上表现良好的有“法 2”“法 3”和“法 9”3 个品种;潘仁恩等^[39]从日本引进“金时菜豆”“明石菜豆”“珍绿四季”“丽绿四季”“京都 748”等品种,其中“蛋白菜豆”“四季 1751”增产效果明显,且口味鲜嫩无筋、抗菜豆根腐病和锈病,因而,具有推广价值并适宜做外销菜豆品种。

5.2 选择育种

选择育种是指对现有品种群体中出现的自然变异进行性状鉴定、选择并通过品系比较试验、区域试验和生产试验培育农作物新品种的育种途径。纪效云等^[40]

从枣庄市菜豆主栽品种“双丰 2 号”变异后代中经系统选育,育成了耐热新品种“翠芸 2 号”,该品种具有品质好,抗病性、耐热性强等特点,适合当地春秋露地及春延迟、早夏栽培。

5.3 杂交育种

由于杂交育种把可预见的 2 个父母本上的优良性状集中在杂交后代上,所以成为菜豆育种的主要方法之一。具体来说是利用基因重组,将具有不同基因组成的同种或不同种生物个体杂交,从而获得所需要的表现类型。郑昊等^[41]以 2 个高世代材料‘9904’和‘9905’进行有性杂交经自交多代系统选育成“九架豆 11 号”,其早熟、蔓生、品质好、抗病性强,而且特别适合东北地区速冻加工;“哈菜豆 8 号”是以‘96-9’为母本、“紫花油豆”为父本人工杂交后经 6 代系统选育而成的早熟蔓生新品种,是东北油豆角的典型食用品质菜豆^[36]。

5.4 人工诱变育种

通过物理或化学等因素诱变育种方法既能诱发基因突变,又能促进基因重组,提高重组率,在短时间内获得优良突变体以育成新品种直接利用或作为种质资源间接利用,具有杂交育种难以替代的优势。吉林省蔬菜花卉研究院利用卫星搭载飞行进行菜豆诱变,进一步利用 RAPD 方法对叶片形态有差异的群体及亲本材料进行分析,结果发现,在 50 个 10 寡聚核苷酸引物中,有 20 个引物扩增出了 DNA 带,共 180 条,其中有 3 个引物的扩增产物与对照相比有明显差异^[42]。

5.5 分子标记辅助选择育种

研究者利用通过 AFLP 标记将墨西哥 111 份普通菜豆育成品种分成 M、D、J 和 NG 4 种类型,且进一步的聚类结果显示,大多数 NG 品种与其它 3 个中美品种差异明显,但 3 个中美品种之间不能很好的区分开来,而且至少有 20 个根据形态特征被鉴定为 D 和 J 品种的材料具有 NG 品种的血统^[43]。栾非时等^[44-45]、张赤红^[46]的研究表明,在菜豆品种类型当中蔓生种之间遗传差异较大,具有较广泛的变异,他们主要应用形态标记和等位酶标记对黑龙江栽培品种、国际热带农业中心半野生品种、波兰矮生品种等 300 余份菜豆种质资源进行了研究,其中,在我国菜豆种质资源当中,黑龙江省菜豆种质资源遗传多样性指数为最高。

5.6 基因工程育种

基因工程育种在菜豆上的应用较少。通过对菜豆属和豇豆属 18 个栽培种 IST 序列克隆进行分析,指出菜豆 IST 序列较豇豆属长^[47]。王全伟等^[48]将从菜豆中克隆了几丁质酶基因 *Bchi*,转化烟草,最终显著提高了烟草对真菌病害的抗性,说明基因可用于菜豆抗病育种。

6 研究前景及展望

近年来,由于菜豆富含维生素、粗蛋白等营养成分

的保健功能越来越受到广大消费者的喜爱,因而也就对品种的更新换代提出了更高的要求。近几年,全国许多育种单位相继选育出菜豆新品种,但仍很单一,品种更新慢,特别是缺乏针对现有种质资源利用的创新创制,如兼顾高营养膳食结构和观赏价值的菜豆品种还鲜有报道。在未来的菜豆育种工作中,以菜豆的全基因组测序完成为契机,结合基因组学、代谢组学以及蛋白质组学等技术,对菜豆种质资源进行创新创制,培育出满足新时期消费者对菜豆的需求,无论对于满足国内对菜豆花色品种的需求,还是出口创汇都将具有深远意义。

参考文献

- [1] 郑卓杰. 中国食用豆类学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 222-249.
- [2] 郑卓杰. 中国食用豆类品种资源目录(第1集)[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1983: 277-359.
- [3] 龙静宜, 林黎奋, 侯修身, 等. 食用豆类作物[M]. 北京: 科学出版社, 1989: 209-222.
- [4] 王涵, 勾天兵, 周洋. 吉林省油豆角产业发展的制约因素与对策[J]. 吉林农业科学, 2013(6): 76-77.
- [5] 辛大昊, 顾新良. 东北油豆角主要病害无公害防治技术[J]. 现代农业科技, 2008(22): 121.
- [6] 冯国军. 黑龙江优质菜豆种质资源研究及育种策略[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2008.
- [7] 周长久. 现代蔬菜育种学[M]. 北京: 北京科学技术文献出版社, 1995.
- [8] 王坤. 普通菜豆抗炭疽病基因的分子标记与定位研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2008.
- [9] 胡家蓬, 程须珍, 佩芝. 中国食用豆类品种资源目录(第3集)[M]. 北京: 中国农业出版社, 1995.
- [10] 倪小龙, 卢永根. 普通菜豆的起源、进化和遗传资源[J]. 华南农业大学学报, 1994, 15(4): 110-115.
- [11] 刘庞源, 何伟明. 菜豆种质资源特征评价及信息分析[J]. 现代农业科技, 2007(19): 13-14.
- [12] 修殿权, 石晓华, 王冰寒. 吉林省油豆角种质资源的研究与利用[J]. 中国种业, 2009(3): 77-78.
- [13] 詹云, 郭牧, 王雪. 黑龙江菜豆(油豆角)种质资源的收集整理与利用[J]. 中国蔬菜, 2006(增刊): 22-24.
- [14] 王素, 李佩华, 姚永慧, 等. 我国食荚菜豆和长更豆资源的搜集和利用[J]. 中国种业, 1989(1): 4-5.
- [15] 王晓鸣. 菜豆炭疽菌有性态研究[J]. 真菌学报, 1993, 12(1): 41-47.
- [16] 李永镐, 王人元, 刘淑静. 菜豆炭疽病菌生物学特性及室内药剂筛选[J]. 东北农业大学学报, 1995, 26(2): 140-144.
- [17] LEE J, FENG J, CAMPBELL K B, et al. Quantitative proteomic analysis of bean plants infected by avirulent and avirulent obligate rust fungus[J]. Molecular and Cellular Proteomics, 2009(8): 19-31.
- [18] SALAVATI A, TALEEI A, BUSHEHRI A A, et al. Analysis of the proteome of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) roots after inoculation with *Rhizobium etli*[J]. Protein and Peptide Letters, 2012, 19(8): 880-889.
- [19] 柴团耀, 张玉秀. 菜豆富含脯氨酸蛋白质基因在生物和非生物胁迫下的表达[J]. 植物学报, 1999, 41(1): 111-113.
- [20] BADOWIEC A, WEIDNER S. Proteomic changes in the roots of germinating *Phaseolus vulgaris* seeds in response to chilling stress and post-stress recovery[J]. Journal of Plant Physiology, 2014(6): 389-398.
- [21] ZADRAZNIK T, HOLLUNG K, EGGE-JACOBSEN W, et al. Differential proteomic analysis of drought stress response in leaves of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)[J]. J Proteomics, 2013, 78: 254-272.
- [22] YANG Z B, ETICHA D, FUHR S H, et al. Proteomic and phosphoproteomic analysis of polyethyleneglycol-induced osmotic stress in root tips of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)[J]. Journal of Experimental Botany, 2013, 64: 5569-5586.
- [23] TORRES N L, CHO K, SHIBATO J, et al. Gel-based proteomics reveals potential novel protein markers of ozone stress in leaves of cultivated bean and maize species of Panama[J]. Electrophoresis, 2007, 28: 4369-4381.
- [24] 张赤红, 王述民. 利用 SSR 标记评价普通菜豆种质遗传多样性[J]. 作物学报, 2005, 5(31): 619-627.
- [25] LÓPEZ-PEDROUSO M, ALONSO J, ZAPATA C. Evidence for phosphorylation of the major seed storage protein of the common bean and its phosphorylation-dependent degradation during germination[J]. Plant Molecular Biology, 2014, 84(4-5): 415-428.
- [26] NATARAJAN S S, PASTOR-CORRALES M A, KHAN F H, et al. Proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) by two-dimensional gel electrophoresis and mass spectrometry[J]. Journal of Basic and Applied Sciences, 2013(9): 123-128.
- [27] MARÍA L P, JAVIER B, DANIEL F, et al. Evaluating two-dimensional electrophoresis profiles of the protein phaseolin as markers of genetic differentiation and seed protein quality in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)[J]. Journal of Agricultural & Food Chemistry, 2014, 62(29): 7200-7208.
- [28] MENSACK M M, FITZGERALD V K, RYAN E P, et al. Evaluation of diversity among common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from two centers of domestication using 'omics' technologies[J]. BMC Genomics, 2010(2): 686.
- [29] MARSOLAI F, PAJAK A, YIN F, et al. Proteomic analysis of common bean seed with storage protein deficiency reveals up-regulation of sulfur-rich proteins and starch and raffinose metabolic enzymes, and down-regulation of the secretory pathway[J]. Journal of Proteomics, 2010, 73: 1587-1600.
- [30] 许玉香, 王焱, 邸文静. 菜豆新品种园丰 908 选育[J]. 北方园艺, 2006(3): 81.
- [31] 尹凤龙, 袁立新, 李树会. 优质高产菜豆新品种翠龙选育及应用[J]. 辽宁农业科学, 2007(3): 95.
- [32] 葛善欣, 计秀杰, 蔡艳华, 等. 菜豆新品种“长农菜豆 2 号”选育报告[J]. 北京农业, 2015(35): 32-33.
- [33] DORIA E, CAMPION B, SPARVOLI F, et al. Anti-nutrient components and metabolites with health implications in seeds of 10 common bean landraces cultivated in southern Italy[J]. J Food Compos Anal, 2012(26): 72-80.
- [34] REYES-BASTIDAS M, REYES-FERNÁNDEZ E Z, LÓPEZ-CERVANTES J, et al. Physicochemical, nutritional and antioxidant properties of tempeh flour from common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)[J]. Food Sci Technol Int, 2010(16): 427-434.
- [35] 郭建华, 刘学东, 李梅. 菜豆新品种连农 97-5 的选育[J]. 中国蔬菜, 2005, 10(11): 97-98.
- [36] 冯国军, 刘大军, 叶永亮, 等. 菜豆新品种哈菜豆 8 号的选育[J]. 中国蔬菜, 2007(8): 28-29.
- [37] 李梅, 郭建华, 刘学东. 菜豆炭疽病病原筛选初报[J]. 中田农村小康科技, 2009(2): 64-65.
- [38] 陈丹. 9 种法国菜豆品种引种观察试验报告[J]. 农村经济与科技, 2009, 20(10): 82-83.
- [39] 潘仁恩, 陈国华. 日本菜豆引种试验[J]. 中国种业, 2001(4): 16.

DOI:10.11937/bfyy.201615048

创意农业中乡村文化资源开发的关键问题分析

单福彬, 李 馨

(渤海大学 金融与商贸学院, 辽宁 锦州 121013)

摘 要:创意农业可持续发展的核心是产业内在价值体系的完善和提升,乡村文化是创意农业产业价值体系构建的主要资源。该研究在阐述乡村文化资源类型、表现形式和在创意农业中的价值基础上,总结分析了乡村文化资源对创意农业发展的作用机制,即开发与利用乡村文化资源可以有效凸显创意农业的地方特征、构建多重功能、提升休闲旅游作用。在创意农业中开发乡村文化资源,既可以将其开发成农副产品和生活用品、特色休闲旅游项目,也可以开发成特色景区。同时指出了创意农业中乡村文化资源开发必须解决好几个关键问题:树立科学的开发理念,开发与保护之间的矛盾,吸引与利用高层次的创意人才,做好区域内的统筹规划。

关键词:创意农业;乡村文化;关键问题;价值;表现形式

中图分类号:F 950.7 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2016)15-0198-05

创意农业是对农业生产的过程、工具、方法、形式、产品和场所引入新的创意和新的设计,从而使农产品增

值,使农业生产场所具有观赏性、游憩性、体验性和参与性^[1-2]。创意农业的主要表现形式包括特色农业生产、农业景观设计与观光、农业休闲与旅游、乡村住宿与生活体验等。创意农业强调用新的思维与理念对农业生产、乡村生活、农村生态资源进行创新配置与利用,从而提高农业效益、增加农民收入、改善农村环境。创意农业是文化创意产业与农业的有效融合,乡村文化则是创

第一作者简介:单福彬(1974-),男,辽宁盘锦人,博士,副教授,现主要从事休闲农业与乡村旅游等研究工作。E-mail:sungod1001@sina.com.

基金项目:辽宁省社会科学基金资助项目(L15BJY009)。

收稿日期:2016-04-19

- [40] 纪效云,尹旭彬,田加才. 耐热菜豆新品种翠芸 2 号的选育[J]. 中国蔬菜,2007(7):28-29.
- [41] 郑昊,梁国生,陈爱星,等. 菜豆新品种九架豆 11 号的选育报告[J]. 吉林蔬菜,2009(6):10-12.
- [42] 张健,王小琴. 菜豆空间突变品系的分子生物学分析[J]. 航天医学与医学工程,2000,13(6):410-413.
- [43] ROSALES-SERNA R. Genetic relationship s and diversity revealed by AFLP markers in Mexican common bean bred cultivars[J]. Crop Sci,2005,45:1951-1957.
- [44] 栾非时,崔成焕,王金陵. 菜豆种质资源形态标记的研究[J]. 东北农

- 业大学学报,2001,32(2):134-138.
- [45] 栾非时,崔喜波. 菜豆种质资源等位酶标记的研究[J]. 东北农业大学学报,2001,32(3):252-258.
- [46] 张赤红. 普通菜豆种质资源遗传多样与分类研究[D]. 北京:中国农业科学院,2004.
- [47] 蒋向辉,余朝文,万江华. 菜豆属和豇豆属栽培种 ITS 序列克隆与亲缘关系分析[C]. 中国遗传学会第 8 次代表大会暨学术讨论会论文摘要汇编,2008.
- [48] 王全伟,曲敏,张海玲,等. 菜豆几丁质酶基因 *Bchi* 的克隆及其在转基因烟草中的表达[J]. 分子植物育种,2008,6(1):53-58.

Research Progress on Germplasm Resources of Common Beans

XIAO Jing¹, LI Bin², SHI Xiaohua¹, E Chenglin¹, GUAN Hongbo¹, FENG Tong¹

(1. Institute of Economical Plants Research, Academy of Agricultural Sciences of Jilin Province, Gongzhuling, Jilin 136105; 2. College of Plant Science, Jilin University, Changchun, Jilin 130062)

Abstract: The origin, classification, utilization and evaluate of germplasm resources, method of breeding were introduced. The researches of biotic or/and abiotic stress, exploration of genomics and proteomics in common beans in recent years were reviewed in this paper, in order to provide theoretical reference for utilization and innovation of germplasm resources in common beans.

Keywords: common beans; germplasm resources; biotic stress; proteomics