

# 綠豆主要性狀遺傳特性與機械化採收適應性分析<sup>1</sup>

黃貞瑋<sup>2</sup>、林訓仕<sup>2\*</sup>

## 摘 要

本文綜整臺灣及國際綠豆育種研究進展，回顧主要生長與產量性狀之遺傳特性及其選拔應用。研究顯示，綠豆植株性狀(株高、分枝數、開花及成熟日數)及產量構成性狀(莢數、百粒重、單株產量、裂莢性與成熟同步性)均具高廣義遺傳率與顯著遺傳進展(genetic advance)，顯示具良好選拔潛力。傳統育種已建立以早熟、高產及抗病蟲為目標之品系選拔體系，而現代分子標誌輔助育種揭示VrMYB26a、VrDet1及PDHI等關鍵基因座在裂莢抗性與植株確定性生長中之功能，提供改良基因型之精準選擇依據。臺灣綠豆育種之核心目標在於培育兼具環境適應性與機械化採收潛力之品系。有限生長型與高成熟同步性可促進單次採收並降低勞力投入，早熟性則有助於避開高溫與乾旱等逆境。由於產量及成熟度受基因型與環境交互作用影響，後續應持續進行多地區多環境試驗及基因體選拔(genomic selection)，以選育具廣域適應性與穩定高產潛能之品系。綜合而言，本回顧建議臺灣綠豆育種應結合傳統表型選拔與現代分子工具，建立兼顧區域環境適應與機械化需求的整合型育種策略，以加速新世代高產、早熟、同步與耐逆性綠豆品種之育成。

**關鍵字：**綠豆、品系選拔、裂莢性、成熟同步性、分子輔助育種

## 前 言

綠豆(*Vigna radiata* (L.) Wilczek)是亞洲地區重要的豆科作物之一，也是碳水化合物、優質蛋白質、葉酸和鐵的來源(Kim *et al.*, 2015)。依據人口統計推論、氣候生態、植物形態和中國古文獻紀錄，綠豆於亞洲的遺傳路徑是由南亞傳播到東南亞、東亞，最後到達中亞，由於各地的氣候限制和農民耕作習慣的獨特組合，導致南方品系傾向於高產，而北方品系傾向於短生育且耐旱的品種(Ong *et al.*, 2023)。綠豆主

<sup>1</sup>農業部臺中區農業改良場研究報告第1115號。

<sup>2</sup>農業部臺中區農業改良場計畫助理、副研究員。

\*通訊作者：林訓仕，Email: linhsuns@tcdares.gov.tw

要栽培於亞洲，而亞洲地區種植最多產量地區以南亞、東亞及東南亞為主，其中以印度為世界最大的綠豆生產及消費國，占全球產量50%以上，其次為緬甸及中國。全球平均綠豆產量為721 kg/ha (Nair *et al.*, 2012)。綠豆因其營養價值含量豐富，在世界各地有不同的用途，可作為乾豆、豆芽、澱粉製品、豆沙類甜點、動物飼料或醫療與保健使用，其中部分用途則需要特定的品種(Nair & Schreinemachers, 2020)。

隨著物種的遷移演化，馴化在物種的演化扮演重要的一環，研究資料顯示性狀基因參與其中，而過程中也發生突變，其中突變都與環境逆境與作物適應性相關(Meyer & Purugganan, 2013)。綠豆為自花授粉作物，主要種植於夏秋兩季，可與稻、麥、玉米等作物進行輪作。早期品系產量不高，是因為幼苗活力不足、易落花、結莢率低、不耐逆境、易受病蟲害、光週期敏感、開花期及成熟度不一致等原因，導致收穫指數(harvest index)低，因此育種改良方向需擴大基因多樣性、育成同步成熟與抗逆高產品種(Pataczek *et al.*, 2018; Mehandi *et al.*, 2019)。目前臺灣綠豆栽培以台南5號為主要栽培品種。由於綠豆屬於無限生長型作物，其開花期不一致，因此採收方式多以人工分次採收為主，作業相對費時、耗工，且生產成本偏高。以始花後45天為基準，人工連續採收的產量約為1,480 kg/ha，而機械採收的產量則約為1,083 kg/ha (吳，2021)。國際上綠豆收穫現況多聚焦於機械化採收，在烏茲別克，綠豆於6-7月播種、10-11月收穫，利用聯合收穫機於地表以上5-10 cm處進行採收(Astanakulov *et al.*, 2022)。在韓國，於7月時播種Owool品種，其具有較佳的植株高度與莢果著生高度，被認為最適合機械化收穫，收穫產量為1,580 kg/ha (Kim *et al.*, 2009)。此外，斯里蘭卡的研究顯示，綠豆成熟時施用0.5 M NaCl作為落葉與乾燥處理，可有效提升機械化收穫效率(Gunathilaka *et al.*, 2025)。

因此近年來，傳統育種以培育具高產量、整齊成熟、抗病性及有限生長型(determinate growth habit)的綠豆品系為目標(Dikshit *et al.*, 2020)。而現代育種目標則聚焦於藉由基因體工具與分子育種方法，發展出耐候性、高營養成分、具生物與非生物逆境抗性，並提高產量的優良品種(Schafleitner & Nair, 2020; Kim *et al.*, 2015)。全球種原庫已收集上萬筆種原資源，世界蔬菜中心(World Vegetable Center)保存11,832筆野生型 *Vigna* 屬種原，印度國家植物遺傳資源署、中國農業科學院、美國喬治亞大學等地也保存許多綠豆品系(Kumar *et al.*, 2022)。以傳統與現代育種方式，透過雜交、譜系選拔、誘變育種( $\gamma$  射線、EMS)及分子標記選拔等方法，育出同步成熟與短生育期(利於機械採收)、抗逆境品系(耐乾旱、耐鹽分及耐熱)、抗病(黃化嵌紋病、葉斑病、白粉病、炭疽病、根腐病等)、抗蟲害(白粉蝨、莢蠹、蠅蛆等)

及高產量高營養含量之綠豆品系(Huppertz *et al.*, 2023)。在馴化與關鍵基因選拔育種方面，研究發現 *VrMYB26a* 轉錄因子是控制果莢開裂(*pod shattering*)性狀的主效基因，豆科植物在馴化過程中通常會經過選拔，使莢果扭曲(*pod twisting*)的特徵消失，而不開裂的莢果與此基因座密切相關(Lin *et al.*, 2022)；*PDH1* 被視為綠豆果莢開裂基因座的一部分，其與莢木質化及應力反應相關，是維持不開裂果莢的重要基因(Li *et al.*, 2024; Marsh *et al.*, 2023)；*VrDet1* 為控制頂端生長性(*determinacy*)與植株生長高度有關(Li *et al.*, 2018)，上述基因在馴化過程中經選拔固定，是改良新種的重要分子標記。

綜合上述，綠豆是亞洲起源的古老豆科作物，約 4000-9000 年前在亞洲各地被馴化，經傳播被廣泛應用於亞洲、非洲及中東的糧食中，近年來利用現代育種、分子標記、基因體選拔與生物技術改良成為研究焦點，培育營養品質更高、抗生物和非生物逆境能力更強、產量更高的氣候適應性品種。本篇將回顧綠豆生長各性狀之特徵與遺傳，以利後續種原蒐集、品系選拔及應用。

## 文獻探討

綠豆的生長與發育受基因型遺傳(*genetic constitution*)、環境因子(*environmental factors*)及栽培管理措施(*agronomic management practices*)等多重因素影響。由於在長期演化與馴化過程中受到明顯的地理分化與遺傳多樣性影響，不同地區的品系展現出適應各自生態環境的特徵性狀。近年研究顯示，綠豆主要農藝性狀具有高遺傳變異(*high genetic variability*)、高遺傳率(*high heritability*)與顯著的遺傳進展，顯示上述性狀在育種上可透過選拔有效改良(Lin *et al.*, 2022)。

生長性狀中，株高、分枝數與植株結構及生物量累積有關，是提升產量潛力的重要指標；開花日數與成熟日數反映品種對光週期與氣候環境的適應性，則為調整生育期與區域化栽培策略的關鍵性狀。產量性狀部分，裂莢性與同步成熟性則直接影響收穫效率與機械化採收適應性而莢數與單株產量綜合反映上述多項構成因子間的遺傳交互作用，是評估育種潛力與穩定性的關鍵指標。

### 一、植株性狀

#### (一)株高

Khattak 等人(2002)的研究中指出綠豆的株高同時受累加基因效應(*additive gene effects*)與顯性基因效應(*dominant gene effects*)控制，其中以累加效應為主，不同基因

型之間的株高範圍介於 22.5 至 63.8 cm(Shiow & Alves, 2002)。多項研究顯示，株高的廣義遺傳率高於 60%，且具高遺傳進展，表示株高於後代具有明顯的表型選拔潛力，同時株高與單株總產量則呈正相關(Perera *et al.*, 2017)。環境因素亦對生長表現具影響，例如光線或施肥管理等可顯著提升株高與其他生長參數(Khalilzadeh *et al.*, 2012)。綜上研究可知，綠豆的植株生長高度與遺傳有關，部分基因在不同生長階段的遺傳機制影響植株生長不定性的特性。

## (二)分枝數

綠豆的生育形態展現出顯著的遺傳多樣性，尤其在相同緯度下植株分枝形態與植株構型不同，地理分佈研究指出低緯度地區(例如印尼和泰國)品系，植株高大，多分支且晚熟；高緯度地區(例如韓國、伊朗)品系，主要以矮小、早熟且側枝少為主；中緯度地區(例如臺灣和菲律賓)品系，植株型態較高、分枝數少、早熟且高產，適合集約型耕作；印度地區為綠豆馴化之起源地，具有較高多樣性之品系，生育型分佈較為均勻，適合用來尋找特定基因(例如抗病性或抗蟲性)的來源(Tomooka *et al.*, 1991)。研究結果顯示，分枝數與莢果簇數(pod clusters)性狀呈正相關，而莢果簇數又與種子產量成正相關。因此，被視為選拔高產的重要指標性狀(Khajudparn & Tantasawat, 2011; Saeed *et al.*, 2007)。

## (三)開花日數

綠豆的開花日數(days to flowering)在不同環境與基因型間存在顯著的遺傳變異性，開花時間約為播種後 34 至 70 天不等(Gayacharan *et al.*, 2020)。研究顯示，開花日數與開花持續時間(flowering duration)由不同的基因型所控制，且開花日數受多個數量性狀基因座(quantitative trait locus, QTLs)所調控(Dudley *et al.*, 2025)。大部分綠豆品系屬於短日型作物，其開花受光週期與溫度反應顯著影響。由於 DTF 具有高遺傳率，因此該性狀同時受到基因型與環境因子的交互作用控制，是綠豆育種中極為重要的選拔指標性狀(Imrie & Lawn, 1990)。

## (四)成熟日數

綠豆的成熟日數(days to maturity, DTM)在不同基因型間具有顯著的遺傳變異性，綠豆的成熟期約介於 67 至 86.6 天，不同品系間存在明顯的基因型差異，具有高遺傳變異性，且成熟相關性狀具有高廣義遺傳力(Ahmad *et al.*, 2014; Gayacharan *et al.*, 2020)。在育種計畫中，成熟日數具備良好的育種改良潛力，若育種選拔具有高莢果成熟同步性的特性，則有助於培育出早熟且高產之優良品種。

## 二、產量性狀

### (一) 莢數

綠豆的每株莢果數與種子產量之間具有顯著的正相關性，在基因型與表型層面上，莢果數與產量均呈高度顯著正相關(Saeed *et al.*, 2007; Ahmad & Belwal, 2020)。路徑分析顯示，每株莢果數對單株產量具有極高的直接效應，而每莢種子數則表現出中度直接效應，因此被視為綠豆育種中可靠的選拔指標(Sneha *et al.*, 2019)。

### (二) 百粒重

多項研究指出，百粒重與其他農藝性狀之間具有複雜的關聯性(complex associations)。例如，百粒重與種子產量(seed yield)之間的相關性不一，既有負相關，也有正相關(Tabasum *et al.*, 2010; Singh & Kumar, 2014)，而路徑分析(path analysis)結果顯示，百粒重對種子產量具有正向效應。基因組關聯分析研究則在第 1、4、6、8 和 9 號染色體上鑑定出與百粒重相關的基因座，但環境穩定性存在差異，種子重量與開花期(flowering stage)之間存在遺傳關聯，部分基因區域同時控制這兩種性狀(Somta *et al.*, 2015; Akhtar *et al.*, 2021)。百粒重具有複雜的遺傳架構，此特性影響其在綠豆育種計畫中的改良潛力與選拔應用價值。

### (三) 單株產量

單株產量研究顯示，在不同試驗條件下產量表現受到顯著的遺傳變異及環境不同所影響。單株產量具有極高的遺傳率，且受強烈的累加基因效應所控制，因此可透過選拔進行有效的遺傳改良(Sneha *et al.*, 2019)。研究指出，植株的環境顯著影響綠豆單株產量，Hossain 等人(2011)的試驗中，植株密度在高密度(40 株/m<sup>2</sup>)可獲得最高的田間產量達 1,124 kg/ha；而較而低密度(10 株/m<sup>2</sup>)則促進單株生長與結莢能力，單株產量達 5.6 g，千粒重為 47.5 g。不同基因型間的變異亦十分顯著：在水分逆境條件下，單株產量介於 3.27 g 至 10.71 g 之間(Hossain *et al.*, 2010)。近年透過誘變育種已成功培育出優良突變株，其單株產量介於 21.9 g 至 32.0 g，顯著高於對照品種 11.7 g (Deepthi *et al.*, 2024)。單株產量受遺傳與環境雙重控制，具有高度遺傳潛力與育種應用價值，為綠豆改良高產性的重要目標性狀之一。

### (四) 裂莢性

馴化過程涉及複雜的基因變化，而關鍵性狀則展現出不同的選擇模式。由 *VrMYB26a* 控制的豆莢開裂抗性(pod shattering resistance)呈現強選擇性清除(hard selective sweep)的特徵相對地，而由 *VrDet1* 控制的莖頂端生長性則呈現弱選擇性清除(soft selective sweep)的模式(Lin *et al.*, 2023)。此外，*PDH1* 基因被確認在豆莢開裂控

制(*pod dehiscence control*)中具有關鍵作用，代表豆科作物之間的馴化(*parallel domestication*)現象(Li *et al.*, 2024)。

#### (五)成熟同步性

綠豆的莢果成熟同步性(*synchronized pod maturity*)是實現機械化採收的關鍵性狀，因為若成熟不同步，必須進行多次採收，將大幅增加勞動成本。Tah 等人(2009)研究，成熟同步的程度是由累加性與顯性基因效應共同控制，但累加性效應佔主要作用，且具高廣義遺傳率，進行此項選拔應在較高世代進行。在綠豆全基因組關聯分析中發現有 4 個基因位點與豆莢成熟能力有顯著的相關性，而這些位點位於連鎖強度高的基因區域。部分研究中發現，南亞品系中的 NM92、NM94、NM89 及 VC1560D 四個品系種子充實速率快、種粒較大且成熟期集中，是改善綠豆機械化採收與產量穩定性的理想育種材料(Hamid *et al.*, 1995; Khattak *et al.*, 2001)。

## 討 論

本文綜整許多綠豆的生長性狀之遺傳影響效應，植株性狀包含株高、分枝數、開花日數及成熟日數；產量性狀包含莢數、百粒重、單株產量、裂莢性及成熟同步性。許多研究指出植株性狀除與環境馴化有關，遺傳方面也具有高廣義遺傳率及遺傳進展(Somta *et al.*, 2015)。傳統育種上，不同的生長性狀有利於育種選拔，許多植株性狀也與產量有高度的相關性，如綠豆植株株高、豆莢數及百粒種皆與植株產量有正相關(Hossain *et al.*, 2010)。傳統的綠豆品種多為無限生長型，導致豆莢分批成熟，因此需要 2 到 4 次的人工採收，若能確定植株生長習性也有助於單次化的機械採收，對於臺灣的集約化農耕具有重大經濟效益(Lin *et al.*, 2022)。綠豆是短生長期的作物，通常在 60 至 90 天內收穫，而早熟品種為重要的育種目標，能使作物避免因生長期過長，而遭遇生理逆境，導致加速開花或產量降低(Karimi *et al.*, 2019)。野生型綠豆的果莢成熟時會開裂，以利於種子散播。傳統育種者在馴化過程中，選擇豆莢不開裂的品系，成為豆類作物馴化的基本特徵，此特性可有效減少機械採收中之損失(Lin *et al.*, 2022)。現代育種方面，發現許多 QTLs 及基因序列與百粒重、裂莢性及同步成熟性有相關，藉由準確的基因座，可有效的控制基因開關，並且加速特性選擇過程，針對特定目標性狀進行改良(翁與賴, 1992)。產量是多個要素(如每株豆莢數、每莢種子數、種子大小等)的綜合表現，因此了解上述要素背後的 QTLs，將有助於育種者在不犧牲其他重要性狀的情況下，有針對性地改良單一性狀(Khajudparn & Tantasawat, 2011)。分子輔助育種上，相關研究已識別出與莢果開裂相關的基因組區域(*VrMYB26a*)與莖部確定性生長習性相關的基因 *VrDet1*。

研究發現，特定的單倍型(Haplotype)(如 Clade II T-437/C-1058 和 Clade III A-14/C-1058)能夠降低 *VrDet1* 的表達，透過分子輔助育種方式，從而確定植株生長型及果莢開裂性。除上述條件外，成熟期一致性亦是重要一環。例如世界蔬菜中心的品系，雖然第一次採收在 80 到 85 天內完成，但有時仍需要第二次採收來收穫剩餘的 22%豆莢，由此可知，成熟期一致性仍然是主要的改良目標(Shiow & Alves, 2002)。由於環境因素影響和基因座重疊，除光週期對開花和產量有影響，即使在相同的氣候條件下，土壤和溫度等環境差異也會導致產量表現上的巨大變異。因此仍需在不同地點、季節和環境條件下對品系進行篩選和評估，識別出具備廣泛適應性的優良綠豆品系。

## 結 論

臺灣綠豆育種的兩大核心目標：適應臺灣的農業環境氣候和適合現代機械化採收。若要符合機械採收要點，前提是植株須具備高度同步成熟和單次採收的可能性。因此，育種選擇有限生長型的品種，其主莖頂端會形成花和豆莢，而非持續營養生長，將適合集約化耕作和機械化單次採收。以全球品系進行選種，臺灣及菲律賓地區偏好中等大小，可選擇已馴化之非開裂或非扭曲莢果品系。由於臺灣地區氣候多變且耕作期短，選育具早熟、有限生長型及高成熟同步性的品種，對於確保穩定產量與降低人工採收成本具有關鍵意義。傳統育種已透過表型選拔累積豐富的遺傳資源，而現代分子標誌與 QTLs 定位的應用，使得與裂莢性(*VrMYB26a*)及生長確定性(*VrDet1*)相關之基因調控機制得以被精確解析，提供分子輔助選拔(marker-assisted selection)的技術基礎。未來，結合基因組選拔(genomic selection)、多環境試驗(multi-environment trials)與高通量表型分析(high-throughput phenotyping)，可望加速優良品系之鑑定與推廣。

此外，為達成單次採收與穩定高產的雙重目標，需持續探討環境因子與遺傳因子交互作用(G×E interaction)對產量與成熟期的影響，並建立適合臺灣各農業生態區的品種推薦系統。總體而言，臺灣綠豆育種的未來方向應建立於分子遺傳學與傳統育種並行整合的架構上，以基因層面的精準改良為核心，結合區域性栽培適應性試驗，實現具高產、穩定、同步與機械化潛能的綠豆新世代品種之育成。

## 參考文獻

1. 吳昭慧。2021。綠豆機械化採收適期之研究。臺南區農業改良場研究彙報，(8)，14-21。
2. 翁廷賜、賴森雄。1992。粉綠綠豆新品種台南五號之育成。臺南區農業改良場研究彙報，(8)，1-12。
3. Ahmad, H. B., Rauf, S., Rafiq, C. M., Mohsin, A. U., Shahbaz, U., Sajjad, M. 2014. Genetic variability for yield contributing traits in mung bean (*Vigna radiata* L.). J. Glob. Innov. Agric. Soc. Sci. 2, 52-54.
4. Ahmad, S., Belwal, V. 2020. Study of correlation and path analysis for yield and yield attributing traits in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]. Int. J. Chem. Stud. 8, 2140-2143.
5. Akhtar, M. A., Aslam, M., Schafleitner, R., Ahsan, M., Murtaza, G. 2021. Population structure and association mapping for hundred seed weight in mungbean minicore. bioRxiv 2021-05.
6. Astanakulov, K. D., Babaev, K. M., Eshankulov, K. M., Turdibekov, I. M. 2022. Development of technology and equipment for harvesting mung bean crops. IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci. 1112, 012008.
7. Deepthi, S.T., Bhat, S., Mogali, S. C., Saabale, P. R., DM, K. 2024. Induced mutagenesis for resistance to mungbean yellow mosaic virus and yield traits in mungbean. J. Food Legumes. 37, 163-166.
8. Dikshit, H. K., Mishra, G. P., Somta, P., Shwe, T., Alam, A. K. M. M., Bains, T. S., Nair, R. M. 2020. Classical genetics and traditional breeding in mungbean. In “The Mungbean Genome”, pp.43-54. Cham: Springer International Publishing.
9. Dudley, C., Van Haften, S., Alahmad, S., Dinglasan, E., Hickey, L. T., Robinson, H., Beveridge, C. A., Udvardi, M., Noble, T., Massel K., Dun, E. A., Smith, M. R. 2025. Time to flowering and flowering duration in mungbean are unrelated physiological traits with independent genetic controls. J. Exp. Bot. 76, 221-234.
10. Gayacharan, Tripathi, K., Meena, S. K., Panwar, B. S., Lal, H., Rana, J. C., Singh, K. 2020. Understanding genetic variability in the mungbean (*Vigna radiata* L.) gene pool. Ann. Appl. Biol. 177, 346-357.

11. Gunathilaka, W. M. N. D., Hewawitharana, T. S., Premarathna, W. G. H. N. 2025. Enhancing mechanized harvesting of mungbean (*Vigna radiata* L.) with defoliation and desiccation using chemical agents in Sri Lanka. *Trop. Agric. Res. Ext.* 28, 2.
12. Hamid, A., Hashem, A., Hamid, A., Miah, M. A., Nag, B. L. 1995. Seed development, quality, maturity synchrony and yield of selected mungbean genotypes. *Bangladesh J. Agric. Sci.* 22, 21-29.
13. Hossain, M. B., Rahman, M. W., Rahman, M. N., Anwar, A. H. M. N., Hossen, A. K. M. M. 2010. Effects of water stress on yield attributes and yield of different mungbean genotypes. *Int. J. Sustain. Crop Prod.* 5, 19-24.
14. Hossain, M. K., Ali, M. H., Uddin, A. F. M. J. 2011. Influence of plant population on growth and yield of summer mungbean (*Vigna radiata*). *Bangladesh Res. Publ. J.* 6, 167-173.
15. Huppertz, M., Kachhap, D., Dalai, A., Yadav, N., Baby, D., Khan, M. A., Petar, B., Panigrahi, K. C. 2023. Exploring the potential of mung bean: From domestication and traditional selection to modern genetic and genomic technologies in a changing world. *J. Agric. Food Res.* 14, 100786.
16. Imrie, B. C., Lawn, R. J. 1990. Time to flowering of mung bean (*Vigna radiata*) genotypes and their hybrids in response to photoperiod and temperature. *Exp. Agric.* 26, 307-318
17. Karimi, R., Nair, R. M., Ledesma, D., Mutisya, D. L., Muthoni, L. 2019. Performance and participatory evaluation of green gram genotypes in the semi-arid environments of Eastern Kenya. *E. Afr. Agric. For. J.* 83, 119-136.
18. Khalilzadeh, R., Tajbakhsh, M., Jalilian, J. 2012. Growth characteristics of mung bean (*Vigna radiata* L.) affected by foliar application of urea and bio-organic fertilizers. *IJACS* 4, 637-642.
19. Khajudparn, P., Tantasawat, P. 2011. Relationships and variability of agronomic and physiological characters in mungbean. *Afr. J. Biotechnol.* 10, 9992-10000.
20. Khattak, G. S. S., Haq, M. A., Ashraf, M., Srinives, P. 2001. Combining ability in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). *Korean J. Crop Sci.* 46, 424-427.

21. Khattak, G. S. S., Ashraf, M., Haq, M. A., McNeilly, T., Rha, E. S. 2002. Genetic basis of plant height and its degree of indetermination in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). *Hereditas*, 137, 52-56.
22. Kim, D. K., Choi, J. G., Jung, B. J., Son, D. M., Chon, S. U., Kim, K. H. 2009. Proper seeding time for mechanical harvesting in mungbean. *Korean J. Crop Sci.* 54, 7-12
23. Kim, S. K., Nair, R. M., Lee, J., Lee, S. H. 2015. Genomic resources in mungbean for future breeding programs. *Front. Plant Sci.* 6, 626.
24. Kumar, A., Seema, P., Kumar, R. R., Kushwaha, A., Rashid, M. H., Tarannum, N., Chakraborty, S. 2022. Mungbean (*Vigna radiata* (L.) R. Wilczek): Progress in breeding and future challenges. *Int. J. Plant Soil Sci.* 34, 50-59.
25. Li, S., Ding, Y., Zhang, D., Wang, X., Tang, X., Dai, D., Jin, H., Lee, S. H., Cai C., Ma, J. 2018. Parallel domestication with a broad mutational spectrum of determinate stem growth habit in leguminous crops. *Plant J.* 96, 761-771.
26. Li, S., Li, Y., Zhu, H., Chen, L., Zhang, H., Lian, L., Wang, H., Wang, X. 2024. Deciphering *PDHI*'s role in mung bean domestication: a genomic perspective on pod dehiscence. *Plant J.* 118, 1413-1422.
27. Lin, Y. P., Chen, H. W., Yeh, P. M., Anand, S. S., Lin, J., Li, J., Lee, C. R. 2022. Distinct selection signatures during domestication and improvement in crops: A tale of two genes in mungbean. *bioRxiv* 2022-09.
28. Lin, Y. P., Chen, H. W., Yeh, P. M., Anand, S. S., Lin, J., Li, J., Noble, T., Nair, R., Schafleitner, R., Samsononova, M., Bishop-von-Wettberg, E., Nuzhdin, S., Ting, C. T., Lawn, J. R., Lee, C. R. 2023. Demographic history and distinct selection signatures of two domestication genes in mungbean. *Plant physiology*, 193, 1197-1212.
29. Marsh, J. I., Nestor, B. J., Petereit, J., Tay Fernandez, C. G., Bayer, P. E., Batley, J., Edwards, D. 2023. Legume-wide comparative analysis of pod shatter locus *PDHI* reveals phaseoloid specificity, high cowpea expression, and stress responsive genomic context. *Plant J.* 115, 68-80.
30. Mehandi, S., Quatadah, S. M., Mishra, S. P., Singh, I. P., Praveen, N., Dwivedi, N. 2019. Mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek): Retrospect and prospects. In "Legume Crops – Characterization and Breeding for Improved Food Security", eds. A. K. Singh & H. K. Dikshit, pp.215-238. London: IntechOpen.

31. Meyer, R. S., Purugganan, M. D. 2013. Evolution of crop species: genetics of domestication and diversification. *Nat. Rev. Genet.* 14, 840-852.
32. Nair, R. M., Schafleitner, R., Kenyon, L., Srinivasan, R., Easdown, W., Ebert, A. W., Hanson, P. 2012. Genetic improvement of mungbean. In “The Mungbean Genome”, pp.1-12. Cham: Springer International Publishing.
33. Nair, R., Schreinemachers, P. 2020. Global status and economic importance of mungbean. In “The Mungbean Genome”, pp. 1-8. Cham: Springer International Publishing.
34. Ong, P. W., Lin, Y. P., Chen, H. W., Lo, C. Y., Burlyayeva, M., Noble, T., Madhavan, N. R., Schafleitner, R., Vishnyakova, M., Bishop-von-Wettberg, E., Samsonova, M., Nuzhdin, S., Ting, C. T., Lee, C. R. 2023. Environment as a limiting factor of the historical global spread of mungbean. *Elife*, 12, e85725.
35. Pataczek, L., Zahir, Z. A., Ahmad, M., Rani, S., Nair, R., Schafleitner, R., Hilger, T. 2018. Beans with benefits—The role of mungbean (*Vigna radiata*) in a changing environment. *Am. J. Plant Sci.* 9, 1577-1592.
36. Perera, U. I. P., Chandika, K. K. J., Ratnasekera, D. 2017. Genetic variation, character association and evaluation of mungbean genotypes for agronomic and yield components. *J. Natl. Sci. Found. Sri Lanka.* 45, 315-325.
37. Saeed, I., Khattak, G. S. S., Zamir, R. 2007. Association of seed yield and some important morphological traits in mungbean (*Vigna radiata* L.). *Pak. J. Bot.* 39, 2361-2366.
38. Schafleitner, R., Nair, R. M. 2020. Future prospects and challenges. In “The mungbean genome”. pp.181-191. Cham: Springer International Publishing.
39. Shiow, S. L., Alves, A. C. 2002. Comportamento de linhagens de feijão-mungo (*Vigna radiata* L.) em Santa Catarina. *Ciência Rural* 32, 553-558.
40. Singh, J., Kumar, P. 2014. The interrelationship of various traits with seed yield in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). *Electron. J. Plant Breed.* 5, 1000-1005.
41. Sneha, M., Saravanan, S., Premkumari, S. M., Pillai, M. A. 2019. Validation of genetic parameters for yield related traits among indigenous mungbean (*Vigna radiata* L.) germplasm. *Electron. J. Plant Breed.* 10, 673-679.
42. Somta, P., Chankaew, S., Kongjaimun, A., Srinives, P. 2015. QTLs controlling seed weight and days to flowering in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek], their conservation in azuki bean and rice bean. *Agrivita J. Agric. Sci.* 37, 159–168.

43. Tabasum, A., Saleem, M., Aziz, I. 2010. Genetic variability, trait association and path analysis of yield and yield components in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). Pak. J. Bot 42, 3915-3924.
44. Tah, P. R. 2009. Induced synchrony in pod maturity in mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). Legume Res. 32, 105-110.
45. Tomooka, N., Lairungreang, C., Nakeeraks, P., Thavarasook, C. 1991. Geographical distribution of growth types in mungbean *Vigna radiata* (L.) Wilczek. Jpn. J. Trop. Agric. 35, 213-218.

# Genetic Characteristics and Adaptation to Mechanized Harvesting in Mungbean (*Vigna radiata*)<sup>1</sup>

Zhen-Wei Huang<sup>2</sup> and Hsun-Shih Lin<sup>2\*</sup>

## ABSTRACT

Mungbean (*Vigna radiata*) is an important legume crop in Asia, valued for its short growth duration and adaptability. This study reviews the progress of mungbean breeding in Taiwan and other regions, focusing on the genetic characteristics and selection potential of key growth and yield traits. Results indicate that plant traits (plant height, number of branches, days to flowering, and days to maturity) and yield components (number of pods, hundred-seed weight, single-plant yield, pod dehiscence, and synchronized maturity) exhibit high broad-sense heritability and considerable genetic advance, suggesting strong selection potential. Traditional breeding programs have established effective selection systems targeting early maturity, high yield, and pest and disease resistance. Recent advances in molecular breeding have identified key loci such as *VrMYB26a*, *VrDet1*, and *PDH1*, which regulate pod dehiscence resistance and determinate growth habit, providing molecular tools for marker-assisted selection. In Taiwan, breeding objectives emphasize the development of lines combining environmental adaptability with suitability for mechanized harvesting. Determinate growth and high maturity synchrony enable single-pass harvesting and reduce labor requirements, while early maturity helps avoid heat and drought stress. To enhance breeding efficiency, further multi-location trials and genomic selection are needed to identify lines with broad adaptability and stable yield performance. Overall, this study highlights the integration of traditional phenotypic selection with modern molecular approaches as a practical framework for developing high-yielding, early-maturing,

---

<sup>1</sup> Contribution No.1115 from Taichung DARES, MOA.

<sup>2</sup> Project assistant and Associate Researcher of Taichung DARES, MOA.

\*Corresponding Author: Hsun-Shih Lin, Email: linhsuns@tcdares.gov.tw

synchronized, and stress-tolerant mungbean cultivars suited to Taiwan's agricultural systems.

**Key words:** mungbean, breeding, pod dehiscence, synchronized maturity, marker-assisted selection