

基于表型性状的干旱半干旱区 谷子骨干种质构建

赵小琴,贾瑞玲,刘军秀,文殷花,刘彦明,
师丽丽,张娟宁,马宁

(定西市农业科学研究院,甘肃定西743000)

摘要:以871份谷子种质资源为材料,基于植物学类型分组,平方根法确定取样量,组内按17个表型数据进行UPGMA聚类分析,类内随机取样构建骨干种质;同时通过 t 检验、 F 测验、卡方测验、表型保留比例等对骨干种质代表性进行检验和评价;并利用主成分分析和直方图对骨干种质进行确认,共构建包含85份种质的干旱半干旱地区谷子骨干种质,占全部资源的9.8%,包括白粒21份、黄粒49份、橙粒3份、青粒5份、红粒4份、黑粒2份和褐粒1份。显著性分析结果表明,谷子骨干种质17个性状与全部种质之间的方差($P=0.047\sim 0.986$)、变异系数(0.965)、香农多样性指数(0.873)差异均不显著($P>0.05$);且骨干种质保留了全部种质的分布范围、表型保留比例(0.812~1.402);相关性分析结果表明,骨干种质较好地保持了全部种质各性状间的遗传关联和分布频率。综上可知,构建的干旱半干旱区谷子骨干种质既能代表全部种质的遗传变异又减小了全部种质的遗传群体,可为谷子资源评价、种质创新和新品种选育奠定良好的基础。

关键词:谷子;表型性状;骨干种质;取样策略;代表性评价;干旱半干旱区

中图分类号:S515 **文献标志码:**A

Key germplasm developing of foxtail millet in arid and semi-arid areas based on phenotypic traits

ZHAO Xiaoqin, JIA Ruiling, LIU Junxiu, WEN Yinhu, LIU Yanming,
SHI Lili, ZHANG Juanning, MA Ning

(Dingxi Academy of Agricultural Sciences, Dingxi, Gansu 743000, China)

Abstract: In this study, a total of 871 foxtail millet germplasm resources were categorized based on their botanical varieties. Key accessions were identified through the analysis of 17 phenotypic traits, employing the square root strategy, UPGMA clustering within groups, and random sampling within individual clusters. These key accessions were evaluated using t -test, F -test, Chi-squared test, and phenotypic retention ratio analyses. Finally, the principal components analysis and the histogram analysis were used to re-confirm the foxtail millet key germplasm. A total of 85 as key germplasm was selected, accounting for 9.8% of total resources, including 21 white varieties, 49 yellow varieties, 3 orange varieties, 5 cyan varieties, 4 red varieties, 2 black varieties, and 1 brown variety. The results of significant analysis showed that the variance (P from 0.047 to 0.986), coefficient of variation ($P=0.965$), and Shannon-weaver diversity index ($P=0.873$) for 17 phenotypic traits were not significantly different between key germplasm and entire collection ($P>0.05$), and the distribution range, the ratio of phenotypic retention (0.812~1.402) of entire collection were preserved. The phenotypic correlations displayed the same genetic association and distribution frequency between the two collections. Thus, the key germplasm of foxtail millet in arid and semi-arid areas can represent the genetic variability and reduce the genetic population in entire resources and can provide a theoretical basis for evaluation, innovation of foxtail millet and cultivation of new varieties.

Keywords: foxtail millet; phenotypic traits; key germplasm; sampling strategy; representative evaluation; arid and semi-arid areas

土壤干旱是影响农作物生产的最强烈的极端气候,会导致植被覆盖度降低,水土流失,生态脆弱^[1-2]。据统计,我国 50%以上都是干旱、半干旱的土地^[3]。甘肃省位于秦岭以北、黄河上游三大高原交汇处^[4],气候冷凉,干旱频发,雨热不同期,是典型的干旱与半干旱区^[5],水资源短缺限制了当地农作物种植与农业的发展^[6]。谷子抗旱节水、耐瘠薄,是应对环境挑战的重要战略储备作物,在我国种植面积大约为 133.3~140.0 万 hm^2 。因具有较厚的细胞壁、较小的叶面积以及发达的根系,谷子对于干旱胁迫具有较好的耐受性^[7],在我国干旱和半干旱地区广泛分布^[8]。

种质资源作为谷子遗传改良基础,是遗传多样性研究和新品种选育的基础。我国拥有丰富的谷子种质资源,约占世界谷子种质总量的 70%^[9]。研究人员针对山西^[10]、河南^[11]、新疆^[12]和广西^[13]等不同环境进行了谷子种质表型性状的精准鉴定评价和遗传多样性分析,同时结合分子标记进行谷子多样性分析^[14]、优异资源鉴定^[15]及抗旱性研究^[16-17]。前人基于表型性状和分子标记构建了水稻、小麦、玉米、大豆和油菜等作物的骨干或核心种质^[18],构建以最小资源量覆盖最全资源群体遗传多样性的谷子骨干种质库,可有效解决庞大种质资源群体研究与高效利用之间的矛盾^[19]。谷子是对光温反应敏感的作物^[20],针对当地生态气候条件和育种现状,开展谷子种质资源表型性状鉴定及骨干种质构建,是解决谷子三大主要产区之一的西北干旱半干旱区谷子种质利用效率低和遗传变异冗余等问题的重要途径。本研究通过对以农家种为主、育成品种和国外引进品种为群体的 871 份谷子种质资源进行表型鉴定,以 17 个表型性状数据为基础,构建干旱半干旱地区谷子骨干种质,并对其代表性进行测验与评价,以期为保障谷子种质资源高效利用与种质创新奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验于 2023 年在甘肃省定西市农业科学研究院科研创新基地和良繁基地两个基地进行,该地区是典型的雨养旱作农业区,平均海拔 1 920 m,无霜期 110 d,多年平均气温 8.6℃,年降水量 330~380 mm,年日照时数 2 600~2 900 h,年蒸发量 1 420~1 500 mm;7—9 月降水量占全年降水量的 50%以

上,雨热不同期,季节性干旱严重。创新基地土壤类型为黄绵土,pH 值 8.24,速效氮 57.3 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,速效磷 6.98 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,速效钾 133.53 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,有机质 2.03%;良繁基地土壤类型为黄绵土,pH 值 8.4,速效氮 51.3 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,速效磷 4.02 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,速效钾 144.08 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,有机质 1.27%。

1.2 试验材料及试验设计

供试材料为从中国农业科学院作物科学研究所引进的 871 份谷子种质。试验小区采用随机排列,不设重复,每份材料种植 2 行,行长 3 m,理论留苗密度为 30 000 株 $\cdot 667 \text{ m}^{-2}$,2 个试验点分别于 4 月 19 日和 4 月 20 日播种,9 月 25 日和 9 月 28 日收获。结合上年度秋季翻耕施入有机肥 2 250 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$,播前施尿素(N) 150 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 、磷肥(P_2O_5) 240 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 、硫酸钾(K_2O_5) 90 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。其他管理措施同当地大田示范。

1.3 调查内容及方法

根据《谷子种质资源描述规范和数据标准》^[21],生育期间记录幼苗叶姿(SL)、开花期叶姿(SLF)、穗形(PT)、穗姿(SPN)、抽穗~成熟期天数(HTMP),成熟后每个试验点随机选 5 株调查株高(PH)、茎长(MSL)、生育期(GP)、单株干草重(HWP)、谷粒色(HC)、主穗长(MPL)、主穗粗(MPD)、主茎穗重(MPW)、分蘖穗重(TPW)、主茎粒重(GWMP)、分蘖粒重(GWTP)、千粒重(TGW),共采集 17 个表型性状进行分析。质量性状根据其表型进行赋值(表 1),数量性状数据根据 0.5 个标准差为间距进行标准化,分为 10 级(1 级 $\leq \bar{A} - 2\delta$,10 级 $> \bar{A} + 2\delta$,中间每级间差 0.5 δ , \bar{A} 为性状平均值, δ 为标准差)。

1.4 聚类分析及取样

所有品种按植物学性状粒色(白、黄、橙、青、红、黑、褐)分成 7 组。分组取样量由整个组内资源份数的平方根值占各组平方根之和的比例计算。采用 SPSS 22.0 软件对分组种质各性状的逐步 UP-GMA 聚类分析。遗传距离相同或极相近的材料随机选择,如组内仅一份材料,则该材料直接入选,适当补充极值材料和特殊性状种质。

$$N_i = N \times \sqrt{n_i} / \sum_{i=1}^m \sqrt{n_j} \quad (1)$$

式中, N_i 代表第 i 组的取样份数; n_i 代表第 i 组的品种数; n_j 代表第 j 组的品种数; m 代表总分组数; N 代表总资源份数。

表 1 谷子质量性状赋值

Table 1 Quantified value of the qualitative traits of foxtail millet

性状 Trait	赋值 Quantified value
幼苗叶姿 <i>SL</i> Shape of leaf	1. 上举; 2. 半上举; 3. 平展; 4. 下披 1. Lift; 2. Half lift; 3. Flat; 4. Droop
开花期叶姿 <i>SLF</i> Shape of leaf in flowering	1. 上举; 2. 半上举; 3. 平展; 4. 下披 1. Lift; 2. Half lift; 3. Flat; 4. Droop
穗姿 <i>SPN</i> Shape of panicle neck	1. 直立; 2. 中弯; 3. 弯曲; 4. 勾形 1. Straight; 2. Moderate bending; 3. Bend; 4. Hook shape
穗形 <i>PT</i> Panicle type	1. 鸡嘴形; 2. 纺锤形; 3. 圆筒形; 4. 棍棒形; 5. 鸭嘴形; 6. 猫爪形; 7. 佛手形 1. Conical; 2. Spindle; 3. Cylinder; 4. Stick; 5. Duck bill type; 6. Cat claw type; 7. Budha hand type
谷粒色 <i>HC</i> Hull color	1. 白粒; 2. 黄粒; 3. 橙粒; 4. 红粒; 5. 青粒; 6. 褐粒; 7. 黑粒 1. White type; 2. Yellow type; 3. Orange type; 4. Red type; 5. Cyan type; 6. Brown type; 7. Black type

1.5 骨干种质的代表性检测及确认

利用 t 测验、 F 测验分别检验全部种质和骨干种质 17 个表型性状的均值、方差、变异系数及香农多样性指数是否存在显著差异, 卡方检验确定两者的植物学类型组成及 17 个性状的表型分布频率是否一致, 表型保留比例 (RPR) 检测骨干种质是否保留了全部种质的变异。变异系数 ($CV, \%$) 代表全部种质和骨干种质的离散程度。各指标计算公式如下:

极差保留范围 = 骨干种质极差值 /

$$\text{全部种质极差值} \times 100\% \quad (2)$$

$$CV = \text{标准偏差} / \text{平均值} \times 100\% \quad (3)$$

$$H' = - \sum_{i=1}^n P_i \ln P_i \quad (4)$$

式中, H' 为香农多样性指数; P_i 为某性状第 i 级的分布频率; n 为总分级数。

$$RPR = \frac{\sum_{i=1}^n N_i}{\sum_{i=1}^n N_{i0}} \quad (5)$$

式中, N_i 为骨干种质中 i 性状的表型变异数; N_{i0} 为全部种质中 i 性状的表型变异数; n 为表型性状总数。

采用主成分分析和直方图比较骨干种质与全部种质的主成分样品分布图和表型性状分布频率, 确认骨干种质的有效性。

2 结果与分析

2.1 谷子骨干种质的筛选构建

由表 2 可知, 全部谷子种质被分成 7 组, UPGMA 法聚类分析后遗传距离相同或极相近的材料随机选择, 得到 83 份种质, 补充极值材料和特殊性状种质 2 份, 提取 9.75% 的干旱半干旱谷子资源构建骨干种质。此骨干种质包含全部种质的植物学类型, 其中白粒 21 份 (24.706%)、黄粒 49 份 (57.647%)、橙粒 3 份 (3.530%)、青粒 5 份 (5.882%)、红粒 4 份 (4.706%)、黑粒 2 份 (2.353%)、褐粒 1 份 (1.176%)。卡方检验表明, 骨干种质粒色代表了全部种质的粒色组成 ($P = 0.991$), 骨干种质能代表全部的种质类型。

表 2 骨干种质和全部种质的植物学类型组成及其卡方检验

Table 2 Composition of botanical variety and Chi-square test in the key germplasm and entire collection

植物学类型 Botanical variety	骨干种质 Key germplasm		全部种质 Entire collection	
	数量 Number	占比/% Percentage	数量 Number	占比/% Percentage
白粒 White type	21	24.706	194	22.273
黄粒 Yellow type	49	57.647	502	57.635
橙粒 Orange type	3	3.530	32	3.674
红粒 Red type	4	4.706	46	5.281
青粒 Cyan type	5	5.882	62	7.118
褐粒 Brown type	1	1.176	18	2.067
黑粒 Black type	2	2.353	17	1.952
卡方 χ^2			0.845	
P 值 P value			0.991	

注: $P > 0.05$ 表明差异不显著。

Note: $P > 0.05$ means the difference is insignificant.

2.2 谷子骨干种质与全部种质的统计分析

由表 3 可知, 骨干种质与全部种质之间各表型性状 (5 个质量性状和 12 个数量性状) 的平均值均无显著差异, 且骨干种质的幼苗叶姿、开花期叶姿、抽穗~成熟期天数、主茎穗重、分蘖穗重、分蘖粒重、千粒重、谷粒色、单株干草重共 9 个性状的平均值均大于全部种质的平均值。全部种质 5 个质量性状的变异 100% 保留在骨干种质中, 除主穗长 (保留范围 53.9%)、主穗粗 (保留范围 72.1%) 和生育期 (保留范围 77.8%) 外, 其余 9 个性状变异范围的 88% ~ 100% 保留在骨干种质中, 可见骨干种质对全部种质性状的变异幅度具有良好的代表性。 F 测验结果表明, 全部种质与骨干种质间除株高的方差差异显著外, 其余 16 个性状均为方差齐性。此外, 骨干种质中除开花期叶姿、穗形、穗粗、主穗粒重 4 个性状的方差低于全部种质外, 其余性状方差均高于全部种质, 表明骨干种质遗传冗余度明显减小, 变异率更高。

表 3 骨干种质与全部种质表型性状的平均值、极差及方差

Table 3 Comparison of means, range and variances for phenotypic traits in the key germplasm and entire collection

性状 Trait	平均值 Mean			极差 Range			方差 Variance			
	骨干种质 Key germplasm	全部种质 Entire collection	显著性 Significance	骨干种质 Key germplasm	全部种质 Entire collection	保留范围 Range /%	骨干种质 Key germplasm	全部种质 Entire collection	F 值 F value	P 值 P value
幼苗叶姿 <i>SL</i>	3.01	3.00	NS	1.00~4.00	1.00~4.00	100.00	0.509	0.464	0.008	0.929
生育期 <i>GP/d</i>	141.54	143.34	NS	109.00~151.00	109.00~163.00	77.00	25.608	23.027	9.964	0.202
开花期叶姿 <i>SLF</i>	2.87	2.67	NS	1.00~4.00	1.00~4.00	100.00	1.114	1.174	2.663	0.103
抽穗~成熟期 天数 <i>HTMP/d</i>	60.76	59.82	NS	19.00~76.00	19.00~82.00	90.47	70.634	52.055	1.263	0.261
穗姿 <i>SPN</i>	3.56	3.62	NS	1.00~4.00	1.00~7.00	100.00	0.534	0.483	0.605	0.437
穗形 <i>PT</i>	2.55	2.59	NS	1.00~7.00	1.00~7.00	100.00	2.083	2.123	0.077	0.781
株高 <i>PH/cm</i>	151.07	156.23	NS	78.60~204.40	62.40~210.80	84.77	703.599	505.557	3.954	0.047
茎长 <i>MSL/cm</i>	129.49	133.84	NS	61.20~180.00	56.00~190.00	88.65	579.311	463.371	3.094	0.079
主穗长 <i>MPL/cm</i>	19.83	20.54	NS	9.60~37.00	8.20~59.00	53.93	26.158	20.004	1.900	0.168
主穗粗 <i>MPD/cm</i>	2.83	2.96	NS	1.34~4.80	1.08~5.88	72.08	0.439	0.474	0.243	0.622
主茎穗重 <i>MPW/g</i>	23.70	23.46	NS	3.33~55.00	3.30~55.00	99.94	118.010	100.477	1.165	0.281
分蘖穗重 <i>TPW/g</i>	8.17	7.30	NS	0.00~83.30	0.00~83.30	100.00	185.309	132.368	1.740	0.101
主茎粒重 <i>GWMP/g</i>	17.88	20.26	NS	1.67~45.00	1.67~55.00	81.24	69.540	90.867	1.048	0.306
分蘖粒重 <i>GWTP/g</i>	6.82	5.206	NS	0.00~66.70	0.00~66.75	99.92	87.912	71.578	1.934	0.063
千粒重 <i>TGW/g</i>	2.93	2.85	NS	0.90~4.50	0.90~5.40	80.00	0.391	0.385	0.657	0.986
谷粒色 <i>HC</i>	2.93	2.32	NS	1.00~7.00	1.00~7.00	100.00	1.839	1.747	0.409	0.523
单株干草重 <i>HWP/g</i>	38.77	37.73	NS	8.33~152.70	3.33~152.70	96.65	687.810	331.290	0.998	0.489

注: NS 表示骨干种质和全部种质间平均值差异不显著; $P>0.05$ 表示骨干种质和全部种质间方差差异不显著, $P<0.05$ 表示差异显著。

Note: NS means the difference of mean value between the key germplasm and entire collection is insignificant. $P>0.05$ means the difference between the key germplasm and entire collection is insignificant, $P<0.05$ means the difference is significant.

2.3 谷子骨干种质与全部种质表型性状的变异系数和多样性指数 H' 比较

变异系数和香农多样性指数常用来比较不同样品的表型特征、等位基因的丰富度和均匀度。由表 4 可知, 骨干种质和全部种质 17 个性状的平均变异系数分别为 43.938 和 43.133, 多样性指数 H' 分别为 2.934 和 3.017, 骨干种质略高于全部种质, 两者相差不大; 成对双样本 t 测验结果表明, 骨干种质与全部种质间 H' 差异不显著 ($P=0.873$), 且 2 个群体的变异系数差异不显著 ($P=0.965$)。以上结果说明骨干种质保留了全部种质的遗传多样性及变异程度。

2.4 谷子骨干种质与全部种质表型性状的分布频率和表型保留比例比较

由表 5 可知, 全部种质 17 个性状的表型分级均包含在骨干种质中。对 2 个群体 17 个性状的分布频率进行卡方测验, 差异均不显著, 表明 2 个样本的性状分布是一致的, 骨干种质可代表全部种质的变异。株高、单株干草重的表型保留比例较大, 其余 15 个性状的表型保留比例均较适中, 表明骨干种质保留了全部种质丰富的变异, 且丰度更高。

2.5 谷子骨干种质与全部种质表型性状的相关性分析

对骨干种质与全部种质的 17 个表型性状进行相关性分析发现, 骨干种质几乎保留了全部种质的

表 4 骨干种质与全部种质表型性状的变异系数和遗传多样性指数比较

Table 4 Coefficient of variation and genetic diversity index of key germplasm and entire collection

性状 Trait	变异系数 CV/%		香农多样性指数 H'	
	骨干种质 Key germplasm	全部种质 Entire collection	骨干种质 Key germplasm	全部种质 Entire collection
幼苗叶姿 <i>SL</i>	22.640	23.720	0.973	1.020
生育期 <i>GP</i>	4.770	3.340	2.828	2.802
开花期叶姿 <i>SLF</i>	38.800	40.580	1.314	1.350
抽穗~成熟期 天数 <i>HTMP</i>	13.830	12.050	3.226	3.344
穗姿 <i>SPN</i>	20.500	19.160	0.858	0.790
穗形 <i>PT</i>	56.510	56.060	1.614	1.649
株高 <i>PH</i>	17.550	14.390	5.345	5.700
茎长 <i>MSL</i>	4.473	4.325	5.290	5.666
主穗长 <i>MPL</i>	25.860	21.820	4.170	5.114
主穗粗 <i>MPD</i>	23.400	24.560	3.866	4.591
主茎穗重 <i>MPW</i>	69.880	45.810	3.442	3.330
分蘖穗重 <i>TPW</i>	128.510	129.390	2.472	2.175
主茎粒重 <i>GWMP</i>	46.620	47.040	3.258	3.112
分蘖粒重 <i>GWTP</i>	130.650	162.510	2.469	2.069
千粒重 <i>TGW</i>	21.120	21.890	3.854	3.486
谷粒色 <i>HC</i>	59.440	58.400	1.232	1.277
单株干草重 <i>HWP</i>	57.293	48.230	3.670	3.816
平均值 Average	43.938± 8.932	43.133± 9.692	2.934± 0.333	3.017± 0.374
P 值 P value	0.965		0.873	

表 5 骨干种质与全部种质表型性状的分布频率和表型保留比例的比较

Table 5 Comparison of frequency distribution and the ratio of phenotypic retention for phenotypic traits in the key germplasm and entire collection

性状 Trait	级数 Number of classes	卡方 χ^2	P 值 P value	表型保留比例 RPR
幼苗叶姿 <i>SL</i>	4	0.287	0.963	1.044
生育期 <i>GP</i>	10	13.680	0.134	1.067
开花期叶姿 <i>SLF</i>	4	2.788	0.425	0.905
抽穗~成熟期 天数 <i>HTMP</i>	10	7.764	0.558	1.146
穗姿 <i>SPN</i>	4	0.918	0.821	1.069
穗形 <i>PT</i>	7	4.691	0.584	1.008
株高 <i>PH</i>	10	7.855	0.549	1.220
茎长 <i>MSL</i>	10	6.868	0.651	1.155
主穗长 <i>MPL</i>	10	9.628	0.381	1.184
主穗粗 <i>MPD</i>	10	6.512	0.688	1.006
主茎穗重 <i>MPW</i>	10	3.652	0.933	1.072
分蘖穗重 <i>TPW</i>	10	14.815	0.275	1.057
主穗粒重 <i>GWMP</i>	10	3.786	0.869	0.990
分蘖粒重 <i>GWTP</i>	10	13.982	0.195	0.844
千粒重 <i>TGW</i>	10	5.463	0.532	0.979
谷粒色 <i>HC</i>	7	0.901	0.989	0.812
单株干草重 <i>HWP</i>	10	17.358	0.043	1.402

注: $P>0.05$ 表明差异不显著。

Note: $P>0.05$ means the difference is insignificant.

显著相关关系(表 6),全部种质中有 60 对性状极显著相关,骨干种质中与全部种质相关性表现一致的有 57 对,其中 40 对在骨干种质中保持了极显著相关性。由此可知,构建的骨干种质具有较小的遗传冗余且较好地保持了全部种质的表型相关性,同时保留了全部种质各性状间的遗传关联。在育种实践中,可利用种质不同性状间的极显著相关性来筛选与易测量性状极显著相关的难测量性状。

2.6 谷子骨干种质的确认

对骨干种质与全部种质进行主成分分析发现,骨干种质第 1、2 主成分的累计贡献率分别为 22.95%、39.54%,而全部种质第 1、2 主成分的累计贡献率分别为 17.63%、33.42%;其中骨干种质第 1 主成分贡献率较高的性状有株高、主茎粒重、主穗长、茎长、主茎穗重,第 2 主成分贡献率较高的性状有分蘖粒重、分蘖穗重、单株干草重;全部种质中与之对应的贡献率较高的性状分别有主茎粒重、主茎穗重、穗姿、主穗长、株高、分蘖穗重、分蘖粒重、单株干草重。如图 1 所示为基于第 1、2 主成分的骨干种质与全部种质的样品分布,全部种质中样品存在重叠,表明群体的遗传背景相似性高、遗传冗余程

度高(图 1B);构建的骨干种质包含了全部种质周围材料,保留了全部种质的分布特征,且重叠程度显著降低(图 1A),说明骨干种质具有较好的代表性,且去除了全部种质的大部分遗传冗余。

由 5 个质量性状和 12 个数量性状表型分布的直方图(图 2)可知,幼苗叶姿、开花期叶姿、穗姿、穗形和谷粒色在全部种质和骨干种质中的分布吻合度非常高,穗形存在一定程度的变异,但分布频率一致;生育期、抽穗~成熟期天数、株高、茎长、主穗长、主穗粗、主茎穗重、主茎粒重、千粒重、单株干草重共 10 个性状在全部种质和骨干种质中均表现出广泛的变异,除分蘖穗重和分蘖粒重外大部分基本符合正态分布,且所有性质变异的分布频率较为一致。因此,构建的骨干种质很好地覆盖了全部种质的遗传多样性和群体结构,确保了骨干种质的有效性。

3 讨论

3.1 作物骨干种质构建取样策略选择

不同作物的生长环境和自身遗传多样性不同,在骨干种质构建时,因材料分组^[22-23]、取样规模^[24-25]、取样方法^[26]存在一定差异,选择合适的分组方法对骨干种质构建尤为重要,常见的分组方法主要是基于植物学分类、地理分布和生态区等进行。李华等^[22]对 780 份云南松分别按地理分布和种源分组后聚类分析构建了核心种质,比较后发现地理分布角度构建的种质子集在种质资源采集、保存和更新方面更具优势。张曦等^[23]基于 SNP 标记和表型数据将陆地棉种质分为 3 种类群,通过聚类分析分别构建了陆地棉基因型和表型初级核心种质。研究表明,确定合理的取样规模是骨干种质构建的重要环节,通常取样比例为 5%~30%,且大多集中在 10%左右^[24]。徐海明等^[25]研究认为,构建骨干种质的取样比例需根据总资源群体的大小确定,原始种质数量大的取样比例应偏小,反之取样比例应偏大。毛名义等^[26]通过对 6 种取样规模及组内 2 种取样方法比较,确定了 10%的取样规模和组内聚类法最适宜保持表型保留比例及遗传多样性,基于禾颖尖颜色差异构建禾初级核心种质,且显示组内取样方法中聚类法较随机取样能提升核心种质变异的均匀度与丰富度。本研究基于植物学性状将 871 份谷子种质分为 7 组,组内在 UPGMA 聚类基础上随机取样,构建了占全部种质的 9.8%的骨干种质,基本符合构建骨干种质的材料分组、取样方法和取样规模。

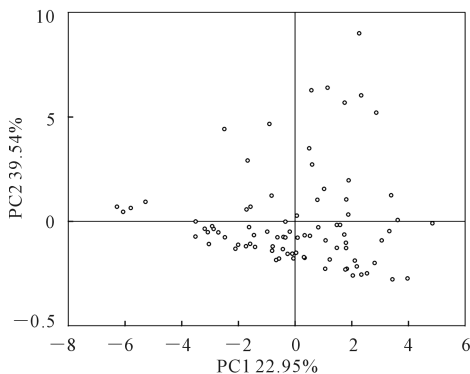
表 6 骨干种质和全部种质中均显著相关的性状

Table 6 Traits significantly correlated in both key germplasm and entire collection

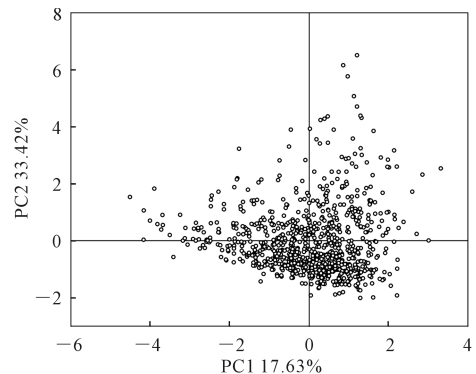
性状 Trait	相关系数		性状 Trait	相关系数	
	骨干种质 Key germplasm	全部种质 Entire collection		骨干种质 Key germplasm	全部种质 Entire collection
生育期-抽穗~成熟期天数 <i>GP-HTMP</i>	-0.103 **	-0.259 **	株高-茎长 <i>PH-MSL</i>	0.970 **	0.961 **
生育期-穗姿 <i>GP-SPN</i>	-0.002 **	-0.091 **	株高-主穗长 <i>PH-MPL</i>	0.513 **	0.320 **
生育期-穗形 <i>GP-PT</i>	0.136 *	0.122 **	株高-主穗粗 <i>PH-MPD</i>	0.271 **	0.103 **
生育期-株高 <i>GP-PH</i>	0.204 *	0.099 **	株高-主茎穗重 <i>PH-MPW</i>	0.337 **	0.074 **
生育期-主穗长 <i>GP-MPL</i>	0.398 **	0.151 **	株高-主穗粒重 <i>PH-GWMP</i>	0.393 **	0.095 **
生育期-主穗粗 <i>GP-MPD</i>	0.250 **	0.079 **	株高-单株干草重 <i>PH-HWP</i>	0.386 **	0.264 **
生育期-主茎穗重 <i>GP-MPW</i>	0.229 **	0.106 **	茎长-主穗长 <i>MSL-MPL</i>	0.370 **	0.156 **
生育期-分蘖粒重 <i>GP-GWTP</i>	-0.286 **	-0.230 **	茎长-分蘖穗重 <i>MSL-TPW</i>	0.134 *	0.092 **
生育期-谷粒色 <i>GP-HC</i>	-0.243 *	-0.125 **	茎长-分蘖粒重 <i>MSL-GWTP</i>	0.137 *	0.094 **
开花期叶姿-穗姿 <i>SLF-PP</i>	0.204 *	0.246 **	茎长-单株干草重 <i>MSL-HWP</i>	0.406 **	0.276 **
开花期叶姿-穗形 <i>SLF-PT</i>	-0.203 *	-0.130 **	主穗长-主穗粗 <i>MPL-MPD</i>	0.347 **	0.293 **
开花期叶姿-主穗粒重 <i>SLF-GWMP</i>	0.252 **	0.138 **	主穗长-主茎穗重 <i>MPL-MPW</i>	0.485 **	0.286 **
开花期叶姿-千粒重 <i>SLF-TGW</i>	-0.146	0.116 **	主穗长-分蘖穗重 <i>MPL-TPW</i>	-0.202 **	-0.131 **
抽穗~成熟期天数-穗姿 <i>HTMP-SPN</i>	0.227 *	0.263 **	主穗长-主穗粒重 <i>MPL-GWMP</i>	0.555 **	0.247 **
抽穗~成熟期天数-穗形 <i>HTMP-PT</i>	-0.348 **	-0.238 **	主穗长-分蘖粒重 <i>MPL-GWTP</i>	-0.214 *	-0.137 **
抽穗~成熟期天数-主穗粒重 <i>HTMP-GWMP</i>	0.088 **	0.284 **	主穗长-千粒重 <i>MPL-TGW</i>	0.326 **	0.326 **
抽穗~成熟期天数-千粒重 <i>HTMP-TGW</i>	0.358 **	0.336 **	穗粗-主茎穗重 <i>MPD-MPW</i>	0.382 **	0.281 **
抽穗~成熟期天数-单株干草重 <i>HTMP-HWP</i>	-0.148 **	-0.098 **	穗粗-分蘖穗重 <i>MPD-TPW</i>	-0.053 **	-0.082 **
抽穗~成熟期天数-谷粒色 <i>HTMP-HC</i>	-0.177	0.129 **	穗粗-主穗粒重 <i>MPD-GWMP</i>	0.378 **	0.247 **
穗姿-穗形 <i>SPN-PT</i>	-0.254 *	-0.154 **	穗粗-谷粒色 <i>MPD-HC</i>	0.174	-0.094 **
穗姿-株高 <i>SPN-PH</i>	0.390 **	0.316 **	主茎穗重-分蘖穗重 <i>MPW-TPW</i>	-0.106 **	-0.149 **
穗姿-茎长 <i>SPN-MSL</i>	0.347 **	0.282 **	主茎穗重-主穗粒重 <i>MPW-GWMP</i>	0.901 **	0.938 **
穗姿-主穗长 <i>SPN-MPL</i>	0.420 **	0.293 **	主茎穗重-分蘖粒重 <i>MPW-GWTP</i>	-0.097 **	-0.128 **
穗姿-主穗粗 <i>SPN-MPD</i>	0.130	0.103 **	分蘖穗重-主穗粒重 <i>TPW-GWMP</i>	-0.129 **	-0.139 **
穗姿-主茎穗重 <i>SPN-MPW</i>	0.305 **	0.266 **	分蘖穗重-分蘖粒重 <i>TPW-GWTP</i>	0.989 **	0.973 **
穗姿-主穗粒重 <i>SPN-GWMP</i>	0.307 **	0.270 **	分蘖穗重-单株干草重 <i>TPW-HWP</i>	0.532 **	0.586 **
穗姿-千粒重 <i>SPN-TGW</i>	0.136	0.204 **	分蘖穗重-谷粒色 <i>TPW-HC</i>	0.081	0.103 **
穗形-主穗粗 <i>PT-MPD</i>	0.150	0.127 **	主穗粒重-分蘖粒重 <i>GWMP-GWTP</i>	-0.114 **	-0.112 **
穗形-千粒重 <i>PT-TGW</i>	-0.076	-0.143 **	分蘖粒重-单株干草重 <i>GWTP-HWP</i>	0.513 **	0.537 **
穗形-单株干草重 <i>PT-HWP</i>	0.043	0.091 **	分蘖粒重-谷粒色 <i>GWTP-HC</i>	0.103	0.107 **

注: * 代表在 $P<0.05$ 水平上显著相关; ** 代表在 $P<0.01$ 水平上显著相关。

Note: * represents significant correlation at $P<0.05$, ** represents significant correlation at $P<0.01$.



(A) 骨干种质 Key germplasm



(B) 全部种质 Entire collection

图 1 骨干种质与全部种质的样品主成分分布图

Fig.1 Principal component plots for the key germplasm and entire collection

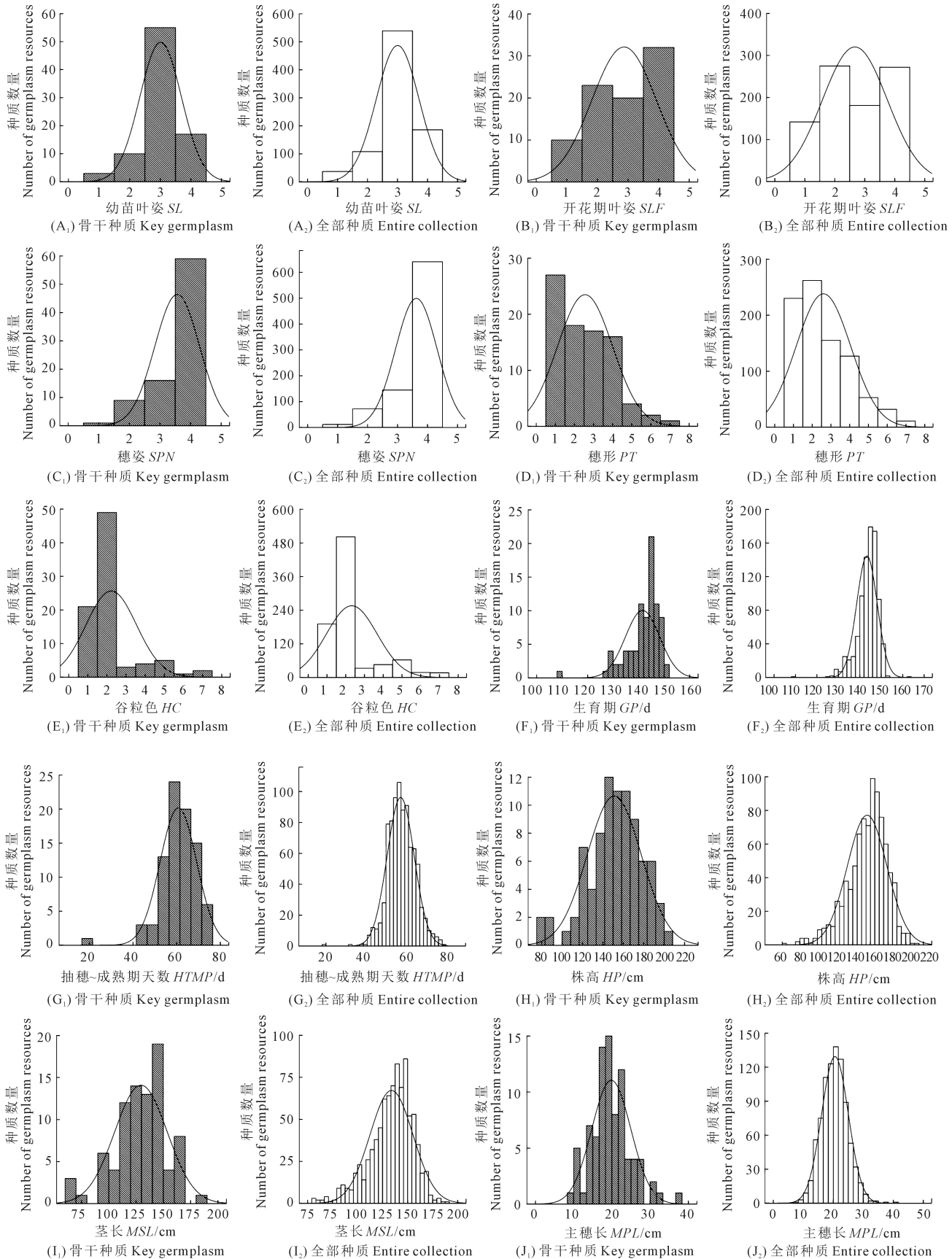
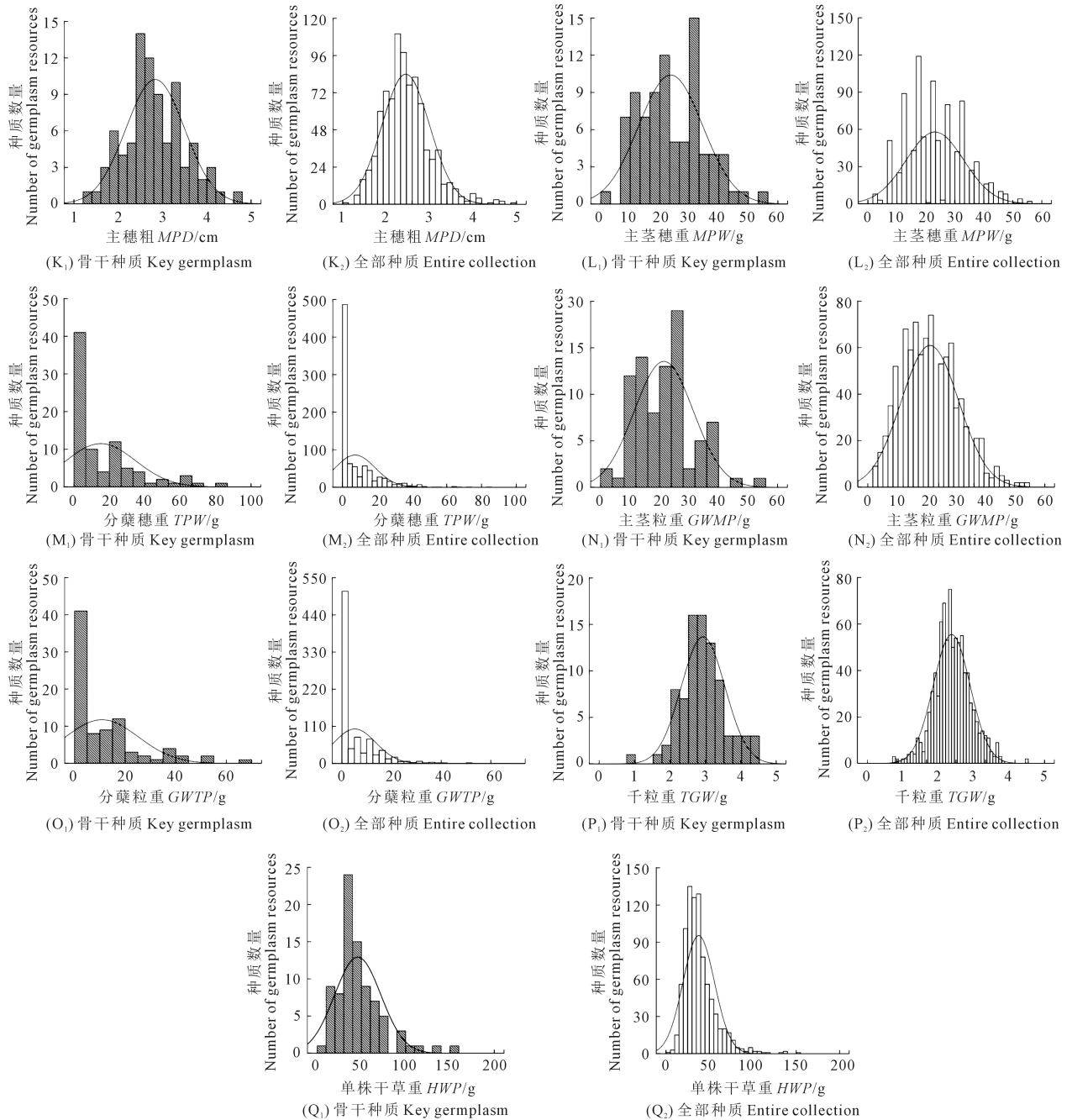


图 2 骨干种质与全部种质的 17 个相关性状频次直方图

Fig.2 Histograms for 17 related traits of the key germplasm and entire collection



续图 2 骨干种质与全部种质的 17 个相关性状频次直方图

Continued fig.2 Histograms for 17 related traits of the key germplasm and entire collection

3.2 干旱半干旱区谷子骨干种质构建方法选择

以农艺性状为基础数据构建骨干种质将资源归类系统分组取样,能以最小的重复有效代表最大的遗传多样性^[27]。UPGMA 聚类法能较好地保留原种质遗传多样性、变异系数、极差符合率及表型保留比例;优先取样与随机取样相结合,则在尽可能地获得原种质无偏差样本的同时保存原种质的极差^[28]。故系统分组+UPGMA 聚类法+类内随机或优先取样相结合,是以农艺性状为基础构建骨干种质的常见方法。闫彩霞等^[29]根据种植区和植物学

类型对 2 741 份花生分组,组内进行 UPGMA 聚类分析,类内随机取样构建了 259 份材料的中国花生地方品种骨干种质。刘艳阳等^[30]将 5 020 份芝麻种质资源标准化的表型数据根据地理来源分组,组内比例法聚类抽样构建初级核心种质,再结合 SSR 分子标记进行 UPGMA 逐步聚类,构建了 501 份芝麻核心种质。潘英华等^[31]将普通野生水稻按照地理分布分组,再利用 SSR 分子标记数据进行双重 UPGMA 聚类,构建了包含 351 份种质的广西普通野生稻核心种质。李金龙等^[32]对 1 287 份甜荞种质

资源按地理来源分组,表型数据结合 SSR 分子标记进行多次 UPGMA 聚类分析,遴选出 530 份甜荞初级核心种质。李萌等^[33]对 1 285 份山西省高粱地方品种进行不同的取样方式、取样比例和聚类方法相组合的比较,确定了“多次聚类偏离度取样法+15%取样比例+欧氏距离+最长距离法”组合,构建了含 198 份材料的高粱地方核心种质。本研究通过对 871 份谷子种质材料的 17 个表型性状进行标记,根据植物学性状分组,组内采用 UPGMA 聚类基础上随机取样的方法,得到 83 份种质,补充极值材料种质 2 份,构建了包含 85 份材料的骨干种质,既保留了原种质的无偏差样本又补充了特殊材料。骨干种质占全部种质的 9.8%,基本符合核心种质的取样规模;并通过 t 检验、 F 检验、分布频率等对骨干种质与全部种质的表型性状进行比较分析,结果显示两者基本无显著差异,且骨干种质很好地保留了全部种质的表型相关性。

3.3 干旱半干旱区谷子骨干种质的评价与确认

方差、变异系数、香农多样性指数、表型保留比例等参数是衡量作物骨干种质的重要指标,用于检验骨干种质的代表性和有效性^[25],评价方法则主要有 t 检验、 χ^2 检验、极值、变幅、标准差等。郝晓鹏等^[34]通过 t 检验与 χ^2 测验对 152 份普通菜豆资源核心种质的可靠性进行了验证。闫彩霞等^[27]利用表型相关性分析和主成分分析评价与确认构建了 259 份花生骨干种质。本研究对构建的骨干种质与全部种质通过 t 测验结果表明,骨干种质变异系数大于全部种质,但两者差异不显著($P=0.965$),两种质间香农多样性指数 H' 差异不显著($P=0.837$),且两者的 H' 和变异系数相似,大部分性状的变异范围均保留在骨干种质中,说明骨干种质有效保留了全部种质的遗传多样性,变异度显著提高;卡方测验结果表明,骨干种质的 17 个表型性状与全部种质间无显著差异,表型保留比例得到了稳定保持,表明骨干种质保留了全部种质丰富的变异,代表了全部种质的遗传多样性;表型相关性在骨干种质与全部种质中基本保持一致,说明取样未改变各性状间固有的相关性。利用主成分分析和直方图进一步确认了骨干种质的遗传冗余较小,离散程度和分布特点与全部种质一致,分布频率与全部种质较符合,验证了骨干种质良好的代表性和有效性。

4 结 论

对 871 份供试谷子材料的 17 个表型性状进行调查收集,根据种质籽粒颜色分组,在组内 UPGMA

聚类基础上随机取样,构建了含 85 份占全部资源 9.8%的干旱半干旱地区谷子骨干种质。经测验,骨干种质与全部种质的香农多样性指数差异($P=0.873$)及 2 个群体的变异系数差异不显著($P=0.965$),分布频率一致,其中 15 个性状的表型保留比例均较适中。骨干种质很好地保持了全部种质的资源表型相关性,17 个表型性状在全部种质中有 60 对性状极显著相关,而骨干种质中有 57 对与全部种质相关性表现一致,其中 40 对在骨干种质中保持了极显著相关性;同时进一步利用主成分分析和直方图结果确认了骨干种质的群体结构和遗传多样性与全部种质一致。因此,本研究构建的谷子骨干种质在干旱半干旱地区具有很好的代表性。

参 考 文 献:

- [1] 尤其,许宝荣,邹松兵,等. 中国北方干旱半干旱区植被-气候响应关系特征[J]. 中国沙漠, 2023, 43(4): 274-287.
YOU Q, XU B R, ZOU S B, et al. The vegetation-climate quantitative relationship and characteristics in arid and semi-arid region of northern China[J]. Journal of Desert Research, 2023, 43(4): 274-287.
- [2] 刘海,姜明亮,刘冰,等. 近 40 年中国干旱特征及其对植被变化的影响[J]. 生态学报, 2023, 43(19): 7936-7949.
LIU H, JIANG L L, LIU B, et al. Characteristics of drought in China and its effect on vegetation change in recent 40 years[J]. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(19): 7936-7949.
- [3] 马柱国,符滨斌,杨庆,等. 关于我国北方干旱化及其转折性变化[J]. 大气科学, 2018, 42(4): 951-961.
MA Z G, FU C B, YANG Q, et al. Drying trend in northern China and its shift during 1951-2016[J]. Chinese Journal of Atmospheric Sciences, 2018, 42(4): 951-961.
- [4] 贾瑞玲,赵小琴,刘军秀,等. 黄土高原半干旱区气候变化对荞麦生产的影响[J]. 中国农业气象, 2023, 44(9): 782-794.
JIA R L, ZHAO X Q, LIU J X, et al. Influence of climate change on the buckwheat growth period and yield in semi-arid region of the Loess Plateau[J]. Chinese Journal of Agrometeorology, 2023, 44(9): 782-794.
- [5] 郑健,马静,王燕,等. 基于气候分区的甘肃省参考作物蒸发蒸腾量时空分布特征[J]. 水资源与水工程学报, 2020, 31(1): 240-247.
ZHENG J, MA J, WANG Y, et al. Temporal-spatial distribution characteristics of reference crop evapotranspiration in Gansu based on climatic zones[J]. Journal of Water Resources and Water Engineering, 2020, 31(1): 240-247.
- [6] 李耀军,魏霞,苏辉东. 近 30 年甘肃省潜在蒸散发时空变化特征及演变归因的定量分析[J]. 水资源与水工程学报, 2015, (1): 219-225.
LI Y J, WEI X, SU H D. Quantitative analysis of causes for temporal and spatial variation characteristics and evolution of potential evapotranspiration in Gansu Province during recent 30 years[J]. Journal of Water Resources and Water Engineering, 2015, (1): 219-225.
- [7] 王庆国,李臻,管延安,等. 干旱胁迫下谷子的转录组分析[J]. 山

- 东农业科学, 2018, 50(10): 6-12.
- WANG Q G, LI Z, GUAN Y A, et al. Transcriptome profiling analysis of foxtail millet under drought stress[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2018, 50(10): 6-12.
- [8] 刁现民. 育种创新造就谷子种业新发展[J]. 中国种业, 2022, (4): 4-7.
- DIAO X M. Breeding innovation creates new development of millet seed industry[J]. China Seed Industry, 2022, (4): 4-7.
- [9] 武晶, 汤沙, 王红霞, 等. 我国杂粮种质资源创新研究: 现状与展望[J]. 植物学报, 2023, 58(1): 6-21.
- WU J, TANG S, WANG H X, et al. Germplasm resource innovation of minor cereals in China: advances and perspectives [J]. Chinese Bulletin of Botany, 2023, 58(1): 6-21.
- [10] 王海岗, 贾冠清, 智慧, 等. 谷子核心种质表型遗传多样性分析及综合评价[J]. 作物学报, 2016, 42(1): 19-30.
- WANG H G, JIA G Q, ZHI H, et al. Phenotypic diversity evaluations of foxtail millet core collections[J]. Acta Agronomica Sinica, 2016, 42(1): 19-30.
- [11] 解慧芳, 牛静, 邢璐, 等. 117 份谷子核心种质资源表型性状的遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(13): 76-81.
- XIE H F, NIU J, XING L, et al. Genetic diversity analysis of phenotypic traits of 117 core germplasm resources of foxtail millet[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2023, 51(13): 76-81.
- [12] 冯国郡, 胡相伟, 赵云, 等. 新疆谷子种质资源评价及产业研究进展[J]. 新疆农业科学, 2023, 60(8): 1887-1893.
- FENG G J, HU X W, ZHAO Y, et al. Research progress, problems and development prospect of foxtail millet industry in Xinjiang[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2023, 60(8): 1887-1893.
- [13] 覃初贤, 覃欣广, 望飞勇, 等. 广西小米种质资源表型性状的遗传多样性和相关分析[J]. 西南农业学报, 2023, 36(6): 1121-1131.
- QIN C X, QIN X G, WANG F Y, et al. Genetic diversity and correlation analysis of phenotypic traits in millet germplasm resources in Guangxi[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2023, 36(6): 1121-1131.
- [14] 丁银灯, 胡相伟, 聂石辉, 等. 谷子种质资源表型及 SSR 遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2018, 19(6): 1210-1221.
- DING Y D, HU X W, NIE S H, et al. Analysis of phenotypic traits and SSR genetic diversity of foxtail millet germplasm[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(6): 1210-1221.
- [15] 薛亚鹏, 王蓉, 柴小娇, 等. 谷子四大名品种群农艺及品质性状评价与亲缘关系分析[J]. 植物遗传资源学报, 2024, 25(4): 904-921.
- XUE Y P, WANG R, CHAI X J, et al. Evaluation of agronomic and quality traits in four famous landraces groups of foxtail millet and relationship analysis[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2024, 25(4): 904-921.
- [16] 刘婧, 徐杰, 张立全, 等. 利用全生育期极度干旱法鉴定谷子抗旱资源[J]. 植物遗传资源学报, 2018, 19(4): 633-641.
- LIU J, XU J, ZHANG L Q, et al. Identification of foxtail millet drought resistance resource in whole growth period under extreme drought condition[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(4): 633-641.
- [17] 尹美强, 王钰麒, 温艳杰, 等. γ -氨基丁酸引发增强谷子种子抗旱萌发的生理机制[J]. 植物生理学报, 2023, 59(5): 923-931.
- YIN M Q, WANG Y Q, WEN Y J, et al. Physiological mechanism of γ -aminobutyric acid priming improves foxtail millet seed germination under drought stress [J]. Plant Physiology Journal, 2023, 59(5): 923-931.
- [18] 贾继增, 高丽锋, 赵光耀, 等. 作物基因组学与作物科学革命[J]. 中国农业科学, 2015, 48(17): 3316-3337.
- JIA J Z, GAO L F, ZHAO G Y, et al. Crop genomics and crop science revolutions [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2015, 48(17): 3316-3337.
- [19] 宋慧, 臧贺藏, 李国强, 等. 基于谷子种质资源表型性状构建骨干种质库[J]. 中国农业大学学报, 2022, 27(12): 102-115.
- SONG H, ZANG H C, LI G Q, et al. Construction of backbone germplasm bank based on the phenotypic traits of foxtail millet[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(12): 102-115.
- [20] 贾小平, 袁玺垒, 李剑峰, 等. 不同光温条件谷子资源主要农艺性状的综合评价[J]. 中国农业科学, 2018, 51(13): 2429-2441.
- JIA X P, YUAN X L, LI J F, et al. Comprehensive evaluation of main agronomic traits of millet resources under different light and temperature conditions [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2018, 51(13): 2429-2441.
- [21] 陆平. 谷子种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- LU P. Descriptors and data standard for foxtail millet [*Setaria italica* (L.) Beauv.] [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2006.
- [22] 李华, 付朴艳, 闫熙, 等. 基于材用云南松表型性状构建核心种质策略研究[J]. 西北植物学报, 2024, 44(2): 288-299.
- LI H, FU P Y, YAN X, et al. Study on core germplasm construction strategy based on phenotypic traits of wood *Pinus yunnanensis* [J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2024, 44(2): 288-299.
- [23] 张曦, 刘祎, 钱玉源, 等. 陆地棉种质资源遗传多样性分析及初级核心种质构建[J]. 华北农学报, 2023, 38(增刊1): 26-33.
- ZHANG X, LIU Y, QIAN Y Y, et al. Genetic diversity analysis and primary core germplasm development of upland cotton germplasm resources [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2023, 38(S1): 26-33.
- [24] 李自超, 张洪亮, 曹永生, 等. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 20-24.
- LI Z C, ZHANG H L, CAO Y S, et al. Studies on the sampling strategy for primary core collection of Chinese ingenious rice [J]. Acta Agronomica Sinica, 2003, 29(1): 20-24.
- [25] 徐海明, 邱英雄, 胡晋, 等. 不同遗传距离聚类 and 抽样方法构建作物核心种质的比较[J]. 作物学报, 2004, 30(9): 932-936.
- XU H M, QIU Y X, HU J, et al. Methods of constructing core collection of crop germplasm by comparing different genetic distances, cluster methods and sampling strategies [J]. Acta Agronomica Sinica, 2004, 30(9): 932-936.
- [26] 毛名义, 杨文荟, 管艳伟, 等. 基于表型性状构建禾初级核心种质[J]. 中国稻米, 2024, 30(1): 18-25.
- MAO M Y, YANG W H, GUAN Y W, et al. Construction of primary core collection of rice 'HE' based on phenotypic traits [J]. China Rice, 2024, 30(1): 18-25.

- [27] ZEULI P L, QUALSET C O. Evaluation of five strategies for obtaining a core subset from a large genetic resource collection of durum wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1993, 87(3): 295-304.
- [28] 吴河饶, 任青艳, 陈莹, 等. 基于农艺性状的榕江茶核心种质构建[J]. *西北植物学报*, 2023, 43(11): 1931-1941.
WU H R, REN Q Y, CHEN Y, et al. Construction of core germplasm of camellia yungkiangensis based on agronomic traits [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2023, 43(11): 1931-1941.
- [29] 闫彩霞, 王娟, 张浩, 等. 基于表型性状构建中国花生地方品种骨干种质[J]. *作物学报*, 2020, 46(4): 520-531.
YAN C X, WANG J, ZHANG H, et al. Developing the key germplasm of Chinese peanut landraces based on phenotypic traits[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(4): 520-531.
- [30] 刘艳阳, 梅鸿猷, 杜振伟, 等. 基于表型和 SSR 分子标记构建芝麻核心种质[J]. *中国农业科学*, 2017, 50(13): 2433-2441.
LIU Y Y, MEI H X, DU Z W, et al. Construction of core collection of sesame based on phenotype and molecular markers [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2017, 50(13): 2433-2441.
- [31] 潘英华, 徐志健, 梁云涛. 广西普通野生稻群体结构解析与核心种质构建[J]. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(3): 498-509.
PAN Y H, XU Z J, LIANG Y T. Genetic structure and core collection of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in Guangxi [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(3): 498-509.
- [32] 李金龙, 范昱, 赵梦雨, 等. 基于表型性状和 SSR 分子标记构建甜芥初级核心种质 [J]. *植物遗传资源学报*, 2021, 22(5): 1240-1247.
LI J L, FAN Y, ZHAO M Y, et al. Construction of primary core collection of buckwheat germplasm resources based on phenotypic traits and SSR [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(5): 1240-1247.
- [33] 李萌, 秦慧彬, 王宇楠, 等. 基于农艺性状指标的山西高粱地方品种核心种质构建 [J]. *植物遗传资源学报*, 2021, 22(1): 174-182.
LI M, QIN H B, WANG Y N, et al. A core collection of sorghum landraces formed by taking use of agronomic traits in Shanxi Province [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(1): 174-182.
- [34] 郝晓鹏, 王燕, 田翔, 等. 基于农艺性状的山西普通菜豆初级核心种质构建 [J]. *植物遗传资源学报*, 2016, 17(5): 815-823.
HAO X P, WANG Y, TIAN X, et al. Construction of primary core collection of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on agronomic traits in Shanxi Province [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(5): 815-823.

(上接第 12 页)

- [28] 谢希霖. 基于对抗解释结构模型方法的沿海智慧港口竞争力研究 [D]. 天津: 天津大学, 2019.
XIE X L. Research on competitiveness of coastal smart port based on adversarial interpretative structural modeling method [D]. Tianjin: Tianjin University, 2019.
- [29] KROHLING R A, PACHECO A G C. A-TOPSIS-an approach based on TOPSIS for ranking evolutionary algorithms [J]. *Procedia Computer Science*, 2015, 55: 308-317.
- [30] 刘存, 韩寒, 周雯, 等. 应用 Hasse 图解法筛选优先污染物 [J]. *环境化学*, 2003, 22(5): 499-502.
LIU C, HAN H, ZHOU W, et al. Applying hasse diagrams to select priority pollutants [J]. *Environmental Chemistry*, 2003, 22(5): 499-502.
- [31] 刘煦, 黄明华, 雷文韬. 陕北黄土高原生态脆弱区土地利用时空演变 [J]. *中国农业资源与区划*, 2023, 44(3): 47-57.
LIU X, HUANG M H, LEI W T. Spatiotemporal evolution of land use in ecologically fragile areas of the Loess Plateau in northern Shaanxi [J]. *Chinese Journal of Agricultural Resources and Regional Planning*, 2023, 44(3): 47-57.
- [32] AHMAD I, KAMRAN M, ALI S, et al. Uniconazole application strategies to improve lignin biosynthesis, lodging resistance and production of maize in semiarid regions [J]. *Field Crops Research*, 2018, 222: 66-77.
- [33] 杨梅. 密度对不同玉米品种光合特性及产量的影响 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.
YANG M. Effects of densities on photosynthetic characteristics and yield of different maize varieties [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2022.
- [34] HWANG C L, YOON K. Multiple attribute decision making: methods and applications a state-of-the-art survey [M]. Berlin, Heidelberg: Springer, 1981: 99-140.
- [35] LI Y, ZHANG J P, HE Y Z, et al. Suitability evaluation method for preventive maintenance of asphalt pavement based on interval-entropy weight-TOPSIS [J]. *Construction and Building Materials*, 2023, 409: 134098.
- [36] 俞立平, 郑昆. 期刊评价中不同客观赋权法权重比较及其思考 [J]. *现代情报*, 2021, 41(12): 121-130.
YU L P, ZHENG K. Comparison and consideration of different objective weighting methods in journal evaluation [J]. *Modern Information*, 2021, 41(12): 121-130.
- [37] ABDEL-BASSET M, MOHAMED R. A novel plithogenic TOPSIS-CRITIC model for sustainable supply chain risk management [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2020, 247: 119586.
- [38] 景文琪, 宋绍溥, 李杨, 等. TOPSIS-AISM 模型在基坑支护方案优选中的应用 [J]. *安全与环境工程*, 2023, 30(5): 76-83.
JING W Q, SONG S P, LI Y, et al. Application of TOPSIS-AISM interpretation model in support scheme optimization for foundation pit [J]. *Safety and Environmental Engineering*, 2023, 30(5): 76-83.