



植物遗传资源学报

Journal of Plant Genetic Resources

ISSN 1672-1810, CN 11-4996/S

《植物遗传资源学报》网络首发论文

题目: 基于种质资源表型性状的糜子骨干种质库构建
作者: 张磊, 董孔军, 何继红, 任瑞玉, 刘天鹏, 李亚伟, 刘敏轩, 杨天育
DOI: 10.13430/j.cnki.jpgr.20241108001
收稿日期: 2024-11-08
网络首发日期: 2025-01-20
引用格式: 张磊, 董孔军, 何继红, 任瑞玉, 刘天鹏, 李亚伟, 刘敏轩, 杨天育. 基于种质资源表型性状的糜子骨干种质库构建[J/OL]. 植物遗传资源学报. <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20241108001>



网络首发: 在编辑部工作流程中, 稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定, 且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式(包括网络呈现版式)排版后的稿件, 可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定; 学术研究成果具有创新性、科学性和先进性, 符合编辑部对刊文的录用要求, 不存在学术不端行为及其他侵权行为; 稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准, 正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性, 录用定稿一经发布, 不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容, 只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认: 纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊(光盘版)》电子杂志社有限公司签约, 在《中国学术期刊(网络版)》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版, 以单篇或整期出版形式, 在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊(网络版)》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物(ISSN 2096-4188, CN 11-6037/Z), 所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

基于种质资源表型性状的糜子骨干种质库构建

张磊¹, 董孔军¹, 何继红¹, 任瑞玉¹, 刘天鹏¹, 李亚伟¹, 刘敏轩², 杨天育¹

(¹甘肃省农业科学院作物研究所, 兰州 730070; ²中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要: 中国糜子拥有众多的品种类型和丰富的遗传多样性, 为糜子新品种的选育提供了宝贵的亲本资源。然而, 关于如何从庞大的种质资源库中构建核心种质资源的研究鲜有报道。本研究以 490 份糜子种质资源为材料, 按照品种类型和穗型分组, 运用平方根比例法确定取样数量。组内聚类分析质量与数量性状 (20 个), 并结合随机取样法, 建立骨干种质库; 利用均值、方差、变异系数、遗传多样性和性状保留比例等指标具体评估糜子骨干种质的代表性, 在此基础上, 综合运用直方图、主成分分析、相关性分析。结果显示, 本研究形成的 55 份糜子骨干种质占全部种质的 11.2%, 包括地方品种 26 份 (47.26%)、育成品种 9 份 (16.36%)、野生品种 9 份 (16.36%) 和国外品种 11 份 (20.00%)。显著性分析结果表明, 所有种质与糜子骨干种质在表型性状的遗传多样性、变异系数、方差、均值 (即 $P > 0.05$) 等方面不存在显著的差异性, 所建立的骨干种质基本能覆盖所有种质。

关键词: 甘肃; 糜子; 核心种质; 遗传多样性; 农艺性状

Construction of a Backbone Germplasm Bank Based on Phenotypic Traits of Surimi Germplasm Resources

ZHANG Lei¹, DONG Kongjun¹, HE Jihong¹, REN Ruiyu¹, LIU Tianpeng¹, LI Yawei¹, LIU Minxuan², YANG Tianyu¹

(¹Crop Research Institute, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070; ²Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: Broomcorn millet has many varieties and rich genetic diversity in China, which provides valuable parental resources for the breeding of new varieties of broomcorn millet. However, there are few reports on how to construct core germplasm resources from a large germplasm pool. In order to fully explore and utilize the germplasm resources of proso millets, this study took 490 proso millets germplasm resources as materials, grouped them based on variety type and spike shape, and relied on the square root proportion method to determine the number of samples, and within the group according to 20 qualitative and quantitative traits for cluster analysis and random sampling method within the group for constructing the core germplasm. The representativeness of the backbone germplasm of proso millets was evaluated using the indexes of mean, variance, coefficient of variation, genetic diversity and proportion of traits retained, and confirmed by principal component analysis, histogram and correlation. The results showed that 55 proso millets core germplasms were constructed, accounting for 11.2% of all germplasm, including 26 local varieties (47.26%), 9 bred varieties (16.36%), 9 wild varieties (16.36%), and 11 points foreign varieties (20.00%). The results of significance analysis showed that the differences between the core germplasm of proso millets and all the germplasm in terms of mean, variance, coefficient of variation and genetic diversity of phenotypic traits were not significant ($P > 0.05$), and the constructed core germplasm basically retained the distribution range of all the germplasm. The results of correlation analysis showed that the significant differences in phenotypic traits between the core germplasm and all the germplasm of proso millets were also generally consistent.

Key words: Gansu; proso millets; core germplasm; genetic diversity; agronomic traits

糜子 (*Panicum miliaceum* L.) 是一种古老的粮食作物, 其栽培历史可以追溯到 10000 年前^[1]。作为重要

收稿日期: 2024-11-08

第一作者研究方向为谷子糜子遗传育种与栽培技术, E-mail: zhlei1984@126.com

通讯作者: 刘敏轩, 研究方向为杂粮作物种质资源研究, E-mail: liuminxuan@caas.cn ;

杨天育, 研究方向为小杂粮遗传育种研究, E-mail: 13519638111@163.com.

基金项目: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-06-14.5-A8); 甘肃省拔尖人才; 甘肃省科技计划项目 (23CXNA0036, 22CX8NA028)

Foundation projects: China Agriculture Research System (CARS-06-14.5-A8); Gansu Provincial Top-notch Talents; Gansu Provincial Science and Technology Program Project (23CXNA0036, 22CX8NA028)

的禾本科作物，糜子在全球范围内被广泛种植。在我国，糜子主要分布于甘肃、陕西、山西、内蒙古和宁夏等省区，在干旱和半干旱地区表现出良好的适应性。因其对恶劣环境具有较强的适应能力，以及其耐旱、耐贫瘠的特性使其成为保障粮食安全的重要作物之一^[2]。我国糜子种质资源丰富，国家作物种质库中已收录了约 8900 份糜子种质^[3]。这些种质资源不仅为新品种的开发提供了重要素材，也为深入的遗传研究奠定了坚实的基础。随着新种质资源的不断引进和收集，高效利用这些资源变得愈加复杂，因此对种质资源的评价和鉴定变得尤为重要。

种质资源是作物种质创新和生物学研究的基础，对植物遗传改良和生产发展具有重要意义。然而，随着种质资源数量的不断增加，如何高效保存和评价这些资源，提高利用率成为亟待解决的科学问题。核心种质^[4]的提出为此提供了新的解决方案，通过选取数量最少的样本来最大限度地保留整个资源群体的遗传多样性，从而提高种质资源的利用效率。目前，针对各类作物，包括玉米^[5]、小麦^[6]、水稻^[7-9]、大豆^[10-11]、谷子^[12-13]和花生^[14]等采用表型性状与分子标记技术记录其核心（骨干）种质，此项技术显著提升了种质资源的利用效率^[15]。糜子方面，前人系统地对糜子种质资源的表型性状^[16]、品质性状^[17]、耐盐性^[18]、抗旱性^[19]和抗病性^[20]进行了鉴定评价及优异种质的鉴定筛选。同时，也利用 SSR 标记分析了糜子的遗传多样性^[21-22]。直到当前，鲜少有学者基于糜子种质资源构建核心种质并开展相关课题的研究。本研究以 490 份源自地方品种、育成品种、国外品种和野生品种的糜子种质资源，针对糜子种质资源建立核心种质，并评估其代表性，从众多种质资源中找出最优质的种质，为保护与利用种质资源，改良糜子的遗传因子，培育新品种具有重要的参考价值。

1 材料与方法

1.1 试验材料及地点

490 份糜子种质资源由中国农业科学院作物所提供，种质来源地见表 1。从品种类型来看，这些品种主要有育种品种、野生品种、地方品种、国外品种四种类型。2021 年 5 月 10 日在甘肃省农业科学院会宁试验基地播种，开始试验；9 月 26 日收获。

表 1 490 份糜子种质来源

Table 1 Source of germplasm of 490 millets

序号	来源地	份数	序号	来源地	份数	序号	来源地	份数
Code	Source	Number	Code	Source	Number	Code	Source	Number
1	中国甘肃	44	8	中国青海	19	15	中国陕西	50
2	中国河北	36	9	中国江苏	6	16	中国新疆	18
3	中国黑龙江	34	10	中国北京	3	17	中国云南	2
4	中国吉林	25	11	中国海南	4	18	中国西藏	1
5	中国辽宁	17	12	中国湖北	2	19	阿富汗	3
6	中国内蒙古	47	13	中国山东	12	20	阿根廷	1
7	中国宁夏	34	14	中国山西	68	21	奥地利	1

序号 Code	来源地 Source	份数 Number	序号 Code	来源地 Source	份数 Number	序号 Code	来源地 Source	份数 Number
22	澳大利亚	3	31	韩国	2	40	日本	1
23	巴基斯坦	2	32	吉尔吉斯斯坦	1	41	瑞士	1
24	白俄罗斯	1	33	捷克斯洛伐克	3	42	塔吉克斯坦	2
25	保加利亚	3	34	克罗地亚	3	43	土耳其	2
26	波兰	3	35	罗马尼亚	3	44	乌克兰	3
27	德国	2	36	美国	2	45	西班牙	3
28	俄罗斯	3	37	蒙古	3	46	匈牙利	3
29	格鲁吉亚	3	38	墨西哥	3	47	伊拉克	2
30	哈萨克斯坦	1	39	尼泊尔	2	48	意大利	3

1.2 试验设计

试验小区面积 1.32 m² (2.0 m×0.66 m)，严格按照全国糜子联合鉴定试验的方法落实田间管理，每公顷种植 60 万株，行距 33cm。

1.3 表型数据调查

糜子的遗传多样性丰富，根据糜子新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 (NY/T2492)，依照《黍稷种质资源描述规范和数据标准》根据数据测定体系选择了具有代表性的幼苗颜色、抗落粒性、生长习性、穗型、穗主轴弯直、米色、粒形、叶相 8 个质量性状和生育期、有效分蘖数、主茎节数、单株草重、单株穗重、穗颈长、主茎粗、株高、主穗长等 12 个数量性状。综上，田间调查围绕上述 20 个性状展开。参考质量性状的表型，按照表 2 进行质量性状赋值；以 0.5 个标准差为间距进行数量性状标准化处理，共形成 10 个级别。其中标准差用“ δ ”表示；性状平均值用“ X ”表示；中间每级存在“ 0.5δ ”的极差； $10\text{级} > X + 2\delta$ ， $1\text{级} \leq X - 2\delta$ 。

表 2 糜子质量性状赋值

Table 2 Assignment of quality traits in millets

性状 Trait	赋值 Quantified value
幼苗颜色 Seedling color	淡绿色=1，深绿色=2
抗落粒性 Resistance to Grain Fall	强=1，中=2，弱=3
生长习性 Growth habits	直立=1，半直立=2，匍匐=3
穗形 Spike shape	侧穗=1，散穗=2，密穗=3
穗主轴弯直 Spindle straightening	弯曲=1，稍弯曲=2，直立=3
米色	白=1，淡黄=2，黄=3

Millet color	
粒形	卵形=1, 球形=2, 长圆=3
Grain shape	
叶相	上举=1, 中间=2, 下垂=3
Leaf phase	

1.4 取样策略

根据品种来源分为育成品种、地方品种、野生品种和国外品种；根据穗型分为侧穗、散穗和密穗。基于上述分组后，采用类平均法聚类分析表型性状数据，以欧氏距离作为遗传距离。建立核心种质资源主要通过总体取样、组内取样获得。组内系统的取样方面，主要采用平方根法（S）法，也就是按照组内资源份数的平方根值在所有组平方根值之和的占比确定各组的取样量。

$$S = \sqrt{X_i} / \sum_i \sqrt{X_i}$$

其中， X_i 表示第 i 组的样本数。

设总体取样规模为 10%。组内取样过程中所运用到的方法有两种：其一是聚类聚样。在各轮聚类图中，剔除两个最低分类水平差异最小的个体；在仅有一份材料的情况下，进入轮聚类分析；后续再聚类、抽样其他材料，直至最终所形成的样品量符合设定要求；其二是随机取样。

1.5 骨干种质的代表性检测

基于 20 个性状对比骨干种质、全部种质的相关参数，利用 t 检验和 F 检验进行变异系数、方差、均值及 H' 比较。

评价参数包括 6 个核心种质^[23-25]，其可表示核心种质的代表性。结合方差差异百分率、变异系数变化率、均值差异百分率、极差符合率、性状保留比例和香农指数变化率。如一种核心种质的均值差异百分率 < 20%，极差符合率 > 80%，则表明此种核心种质能够充分说明糜子种质遗传的多样性。核心种质的均值差异百分率越小，而其他系数越大，越能充分说明其代表糜子种质具有多样性的遗传^[23]。

1.6 骨干种质有效性确认

在具体确认骨干种质有效性方面，综合分析了核心种质与所有种质前 2 个主成分的性状相关系数、样品分布图及 20 个性状的分布频率。具体分析的过程中，主要运用了下述研究方法：一是直方图比较法；二是相关分析法；三是主成分分析法。

2 结果与分析

2.1 糜子骨干种质的构建

如表 3 所示，针对在聚类分析 490 份糜子种质的过程中，主要采用 UPGMA 法并进行随机取样，提取种质资源率为 11.2%，并针对 55 种质建立了骨干种质。其中 20.0%，共 11 份种质属于国外品种；47.27%，

共计 26 份种质属于地方品种；16.36%，共计 9 份属于野生品种；16.36%，共计 9 份属于育成品种。该骨干种质包含各类品种类型，卡方检测结果显示说明骨干种质能够说明所有种质的类型 ($P=0.079$)。结合各类穗型分类可以将骨干种质分为侧穗型 33 份 (60.00%)，散穗型 18 份 (32.73%)，密穗型 4 份 (7.27%)。卡方检测表明，骨干种质能够充分说明所有种质的穗型构成情况 ($P=0.137$)，两者间穗型不存在显著的差异性。

表 3 骨干种质和全部种质的品种类型、穗形组成及其卡方测验

Table 3 Varietal type, spike shape composition and its chi-square test for backbone germplasm and all germplasm

类型/组成		全部种质	骨干种质
Type/Composition		All germplasm	Backbone germplasm
品种类型	国外品种 Foreign variety	68 (13.88%)	11 (20.00%)
Species type	地方品种 Local variety	316 (64.49%)	26 (47.27%)
	野生品种 Wild species	63 (12.86%)	9 (16.36%)
	育成品种 Bred variety	43 (8.78%)	9 (16.36%)
P 值 P value			0.266
穗形	侧穗 Side spik	328 (66.94%)	33 (60.00%)
Spike shape	散穗 Semi standing	142 (28.98%)	18 (32.73%)
	密穗 Crawling	20 (4.08%)	4 (7.27%)
P 值 P value			0.137

2.2 糜子全部种质与骨干种质平均值和方差的比较评价

表 4 表明，糜子骨干种质的 20 个表型性状中幼苗颜色、抗落粒性，穗型、穗主轴弯直、粒型、米色、单株穗重的平均值都较所有种质增加，就表型性状方面分析，彼此间未存在显著的差异性。F 测验结果说明，骨干种质中 50% 以上的性差较所有种质大，这说明从遗传冗余度方面来看，糜子骨干种质明显较小，也就是此类种质的存在较大的变异率；骨干种质与所有种质间的差异未达到显著水平，这说明前者的性质能够代表后者的性质。

表 4 全部种质与骨干种质 20 个性状平均值和方差的比较

Table 4 Comparison of means and variances of 20 traits between all germplasm and backbone germplasm

性状	平均值 Mean			方差 Variance			P 值
	全部种质	骨干种质	显著性	全部种质	骨干种质	F-值	
Trait	All germplasm	Backbone germplasm	significance	All germplasm	Backbone germplasm	F-value	P value
幼苗颜色	1.99	2.00	NS	0.014	0.000	0.778	0.378
Seedling color							
生长习性	2.09	2.07	NS	0.156	0.180	0.040	0.841
Growth habit							
抗落粒性	1.44	1.47	NS	0.423	0.402	0.000	0.996
Resistance to grain fall							

叶相	1.90	1.84	NS	0.509	0.473	0.405	0.525
Leaf phase							
穗型	1.37	1.47	NS	0.316	0.402	1.221	0.270
Spike shape							
穗主轴弯直	1.65	1.67	NS	0.528	0.446	0.000	0.996
Spindle straightening							
粒型	1.32	1.42	NS	0.519	0.655	1.110	0.293
Grain shape							
米色	2.98	2.95	NS	0.020	0.053	3.206	0.074
Millet color							
生育期	92.02	89.55	NS	254.184	260.697	0.806	0.370
Reproductive period							
有效分蘖数	3.51	3.49	NS	1.019	0.893	0.043	0.836
Effective tiller number							
主茎节数	7.24	7.03	NS	3.615	3.311	0.451	0.502
Number of nodes of main stem							
主穗长 (cm)	29.66	29.39	NS	40.667	41.945	0.002	0.963
Spikelet length							
株高 (cm)	121.42	117.24	NS	1398.054	1275.764	0.265	0.607
Plant height							
主茎粗 (mm)	5.05	4.75	NS	2.428	2.512	1.236	0.267
Main stem thickness							
穗颈长 (cm)	23.34	22.81	NS	47.240	49.203	0.048	0.826
Spikelet neck length							
叶片数	7.24	7.00	NS	3.689	3.467	0.509	0.476
Leaf number							
单株穗重 (g)	19.89	20.23	NS	65.706	62.251	0.213	0.644
Spike weight per plant							
单株粒重 (g)	11.52	11.09	NS	30.663	28.534	0.183	0.669
Grain weight per plant							
单株草重 (g)	14.56	14.01	NS	78.578	82.762	0.086	0.769
Grass weight per plant							
千粒重 (g)	6.52	6.30	NS	1.425	1.523	1.164	0.281
1000-grain weight							

2.3 全部种质与骨干种质极差、变异系数及 Shannon-Weaver 遗传多样性指数的比较

由表 5 可知, 除米色 (50%) 外, 糜子所有种质的其他质量性状的极差变异都处于骨干种质之中。全部种质的 12 个数量性状中, 除有效分蘖数 (71.43%)、主穗长 (66.31%)、主茎粗 (73.80%)、单株穗重 (70.66%)、单株粒重 (72.03%)、千粒重 (70.05%) 外, 另外 6 个性状, 变异保留在骨干种质, 且其占比达到 80.67%-93.33%。综上充分所有种质性状的变化情况、变异幅度可以通过骨干种质表征出来。全部种质与骨干种质的 20 个性状 H' 和变异系数未见显著差异。前者的两个值分别为 1.45、31.80; 后者的两个值分别为 1.33、31.74。这说明相较于所有种质, 骨干种质略低。t 测验结果显示, 就 H' 方面分析, 骨干种质、所有种质间并不存在显著的差异, 且两者间也不存在显著的变异系数 ($P=0.969$)。

表 5 全部种质与骨干种质极差、变异系数和遗传多样性指数的比较

Table 5 Comparison of extreme variance, coefficient of variation and genetic diversity index between all germplasm and backbone germplasm

性状 Trait	极差 Range		变异系数 (%) CV		遗传多样性指数 H'	
	全部种质 All germplasm	骨干种质 Backbone germplasm	全部种质 All germplasm	骨干种质 Backbone germplasm	全部种质 All germplasm	骨干种质 Backbone germplasm
幼苗颜色 Seedling color	1~2	2~2	5.99	0.00	0.07	0.00
生长习性 Growth habit	1~3	1~3	19.09	20.46	0.53	0.59
抗落粒性 Resistance to grain fall	1~3	1~3	45.37	43.05	0.85	0.86
叶相 Leaf phase	1~3	1~3	37.55	37.44	1.04	1.01
穗型 Spike shape	1~3	1~3	40.76	43.05	0.76	0.86
穗主轴弯直 Spindle straightening	1~3	1~3	44.35	39.95	1.00	0.96
粒型 Grain shape	1~3	1~3	55.08	57.08	0.50	0.59
米色 Millet color	1~3	2~3	4.77	7.78	0.08	0.21
生育期 Reproductive period	53~128	56~126	17.41	18.03	2.01	2.01
有效分蘖数 Effective tiller number	1.20~8.20	2.20~7.20	29.43	27.10	1.88	1.77
主茎节数 Number of nodes of main stem	3.20~10.80	3.20~10.00	26.29	25.87	1.99	1.96
主穗长 (cm) Spikelet length	11.80~49.20	15.40~40.20	21.63	22.03	2.03	2.03
株高 (cm) Plant height	39.22~197.40	46.80~174.40	30.98	30.47	2.03	2.00

主茎粗 (mm)	1.58~9.06	2.04~7.56	31.05	33.37	2.06	2.01
Main stem thickness						
穗颈长 (cm)	5.60~43.40	8.64~40.30	29.75	30.75	2.08	1.95
Spikelet neck length						
叶片数	3.20~11.00	3.20~10.00	26.56	26.60	2.00	2.02
Leaf number						
单株穗重 (g)	1.59~48.02	3.23~36.03	41.01	39.00	2.07	2.08
Spike weight per plant						
单株粒重 (g)	0.67~31.91	1.77~24.27	48.39	48.17	2.05	2.04
Grain weight per plant						
单株草重 (g)	1.08~56.03	1.69~46.67	62.18	64.94	1.92	1.91
Grass weight per plant						
千粒重 (g)	2.05~9.53	3.60~8.84	18.43	19.57	2.06	1.96
1000-grain weight						
平均值			31.80	31.74	1.45	1.44
Mean						
P 值			0.969		0.989	

2.4 糜子骨干种质的代表性评价

由表 6 可知, 对比两种种质的 6 个参数, 通过分析发现两者的方差差异百分率为 0, 均值差异百分率也为 0, 极差符合率为 79.53%, 说明骨干种质能够较好的代表所有种质的变异幅度。与全部种质相比较, 骨干种质的变异系数变化率、香农指数变化率和性状保留比例分别为 98.74%、103.87% 和 91.28%, 说明骨干种质表现丰富, 其包含所有种质的遗传变异。

表 6 全部种质与骨干种质 20 个性状的评价参数比较

Table 6 Comparison of evaluation parameters for 20 traits between all germplasm and backbone germplasm

性状 Trait	均值差异百分率(%) MD	方差差异百分率(%) VD	极差符合率(%) CR	变异系数变化率(%) VR	香农指数变化率(%) DR	性状保留比例(%) RPR
幼苗颜色 Seedling color	0	0	0.00	0.00	0.00	50.00
生长习性 Growth habit	0	0	100.00	107.18	111.32	100.00
抗落粒性 Resistance to grain fall	0	0	100.00	94.90	101.18	100.00
叶相 Leaf phase	0	0	100.00	99.70	97.12	100.00
穗型 Spike shape	0	0	100.00	105.62	113.16	100.00
穗主轴弯直 Spindle straightening	0	0	100.00	90.07	96.00	100.00
粒型 Grain shape	0	0	100.00	103.63	118.00	100.00

米色	0	0	50.00	163.08	262.50	66.67
Millet color						
生育期	0	0	93.33	103.54	100.00	100.00
Reproductive period						
有效分蘖数	0	0	71.43	92.09	94.15	80.00
Effective tiller number						
主茎节数	0	0	89.47	98.42	98.49	88.89
Number of nodes of main stem						
主穗长 (cm)	0	0	66.31	101.85	100.00	90.00
Spikelet length						
株高 (cm)	0	0	80.67	98.35	98.52	80.00
Plant height						
主茎粗 (mm)	0	0	73.80	107.49	97.57	80.00
Main stem thickness						
穗颈长 (cm)	0	0	83.76	103.36	93.75	100.00
Spikelet neck length						
叶片数	0	0	87.18	100.13	101.00	90.00
Leaf number						
单株穗重 (g)	0	0	70.66	95.12	100.48	100.00
Spike weight per plant						
单株粒重 (g)	0	0	72.03	99.54	99.51	100.00
Grain weight per plant						
单株草重 (g)	0	0	81.84	104.44	99.48	100.00
Grass weight per plant						
千粒重 (g)	0	0	70.05	106.20	95.15	100.00
1000-grain weight						
平均值	0	0	79.53	98.74	103.87	91.28

MD: mean difference percentage; VD: variance difference percentage; CR: coincidence rate of range; VR: variable rate in coefficient of variation; DR: variable rate of Shannon's diversity index; RPR: the ratio of phenotypic retention.

2.5 糜子表型的主成分分析及骨干种质的确认

由表 7 可知,全部种质和骨干种质的特征根接近,累计贡献率差不多,贡献率相似。按照特征值接近 1 或大于 1 进行分析,入选的主成分共有 6 个,其中首个主成分的贡献率、特征根分别为 7.76, 85.97%; 7.79, 85.71%。分析累计贡献率,前 6 个的主成分相关值也接近,分别为 99.55%、99.51%。综上所述,建立骨干种质,能够排除冗余,彰显累计贡献率。

表 7 全部种质与骨干种质 20 个性状的主成分分析比较

Table 7 Comparison of principal component analysis of 20 traits between all germplasm and backbone germplasm

主成分 Principal Component Number	特征根 Eigenvalue		贡献率(%) Contributive percentage		累计贡献率(%) Cumulative contributive percentage	
	全部种质 All germplasm	骨干种质 Backbone	全部种质 All germplasm	骨干种质 Backbone	全部种质 All germplasm	骨干种质 Backbone

	germplasm		germplasm		germplasm	
1	7.79	7.76	85.71	85.97	85.71	85.97
2	2.10	2.26	6.82	6.50	92.53	92.47
3	1.72	1.99	3.82	3.57	96.35	96.04
4	1.30	1.43	1.31	1.50	97.66	97.54
5	0.97	1.14	1.21	1.21	98.87	98.75
6	0.95	1.04	0.68	0.76	99.55	99.51

2.6 糜子骨干种质的确认

根据主成分分析结果，获得二维散点图（基于第 1、第 2 主成分）。散点图的中上方位置集中所有种质的株系，这里的株系彼此重叠且密集度非常高，也就是株系的遗传相似性较高，同时也说明所有种质存在较高的遗传冗余度。图 1-B 表明，所有骨干种质中较为零散的分布株系，基本可排除重叠现象，这一点充分说明建立骨干种质，可化解种质遗传冗余方面的问题。分析主成分的分布情况可知，骨干种质与所有种质间形成了高度相似的特征与几何形状，有很多外围株系被选入骨干种质。在总体取样 11.22% 的规模下，利用平方根比例和聚类抽样法构建的骨干种质不仅降低了所有种质遗传冗余，同时保证了其代表性。

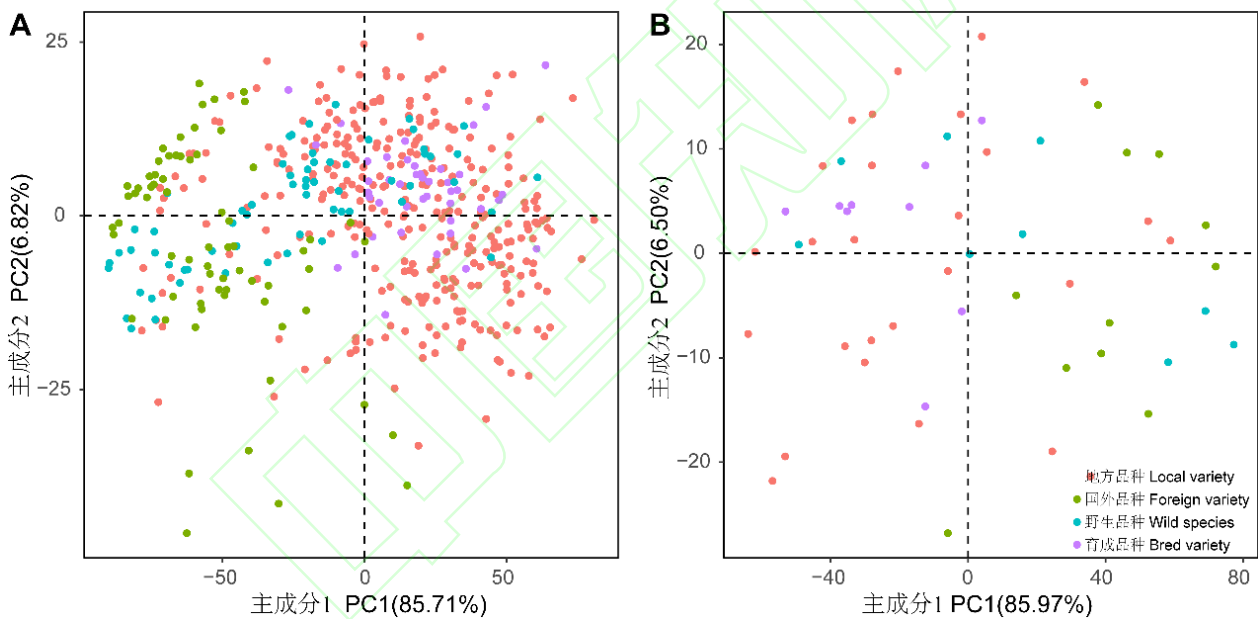


图 1 全部种质 (A) 与 11.22% 取样比例骨干种质 (B) 的样品主成分分布图

Fig. 1 Distribution of principal components of samples from all germplasm(A) and 11.22% sampling proportion of backbone germplasm(B)

构建骨干种质时要充分考虑所选取样本是否能够保持复杂的表型相关性。图 2 直观呈现骨干种与所有种质的质性状的相关性。其中前者中为极显著相关的有 59 对；显著相关的性状有 1 对；后者极显著相关的有 67 对；显著相关的有 2 对。

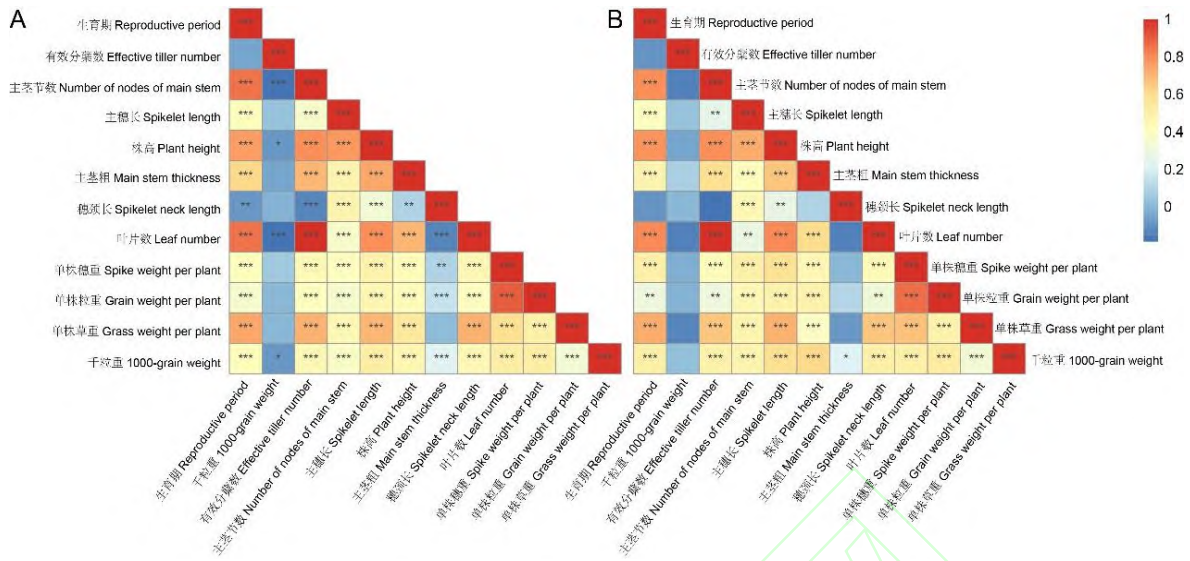
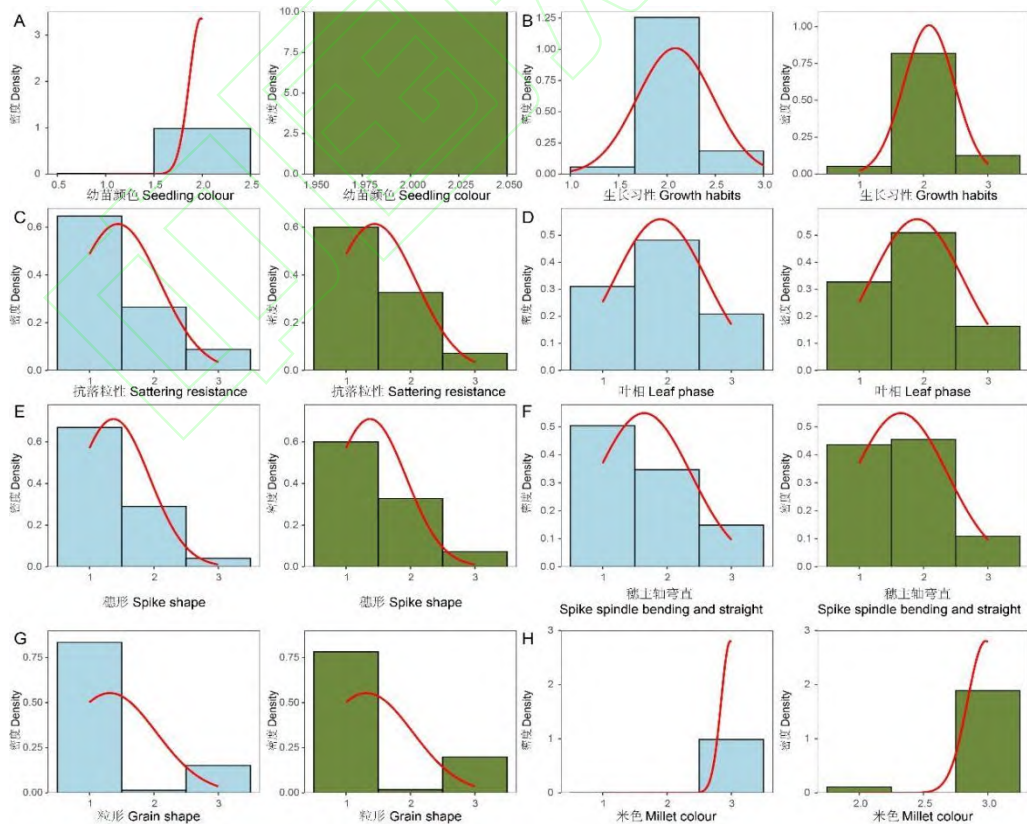


图 2 全部种质 (A) 与骨干种质 (B) 的相关分析

Fig. 2 Correlation analysis between all germplasm(A) and backbone germplasm(B)

最后，绘制直方图。直方图包括质量性状（8 个）以及数量性状（12 个）。由图 3 和图 4 可以看出，骨干种质、所有种质的 8 个质量性状呈现出完全一致的分布特征；两者的 12 个数量性状表现变异丰富，且保持基本一致的变异分布频率，符合正态分布的特征。综上，本次所建立的 55 份骨干特质能够充分说明所有种质的群体结构及其遗传多样性，这能够从侧面说明骨干种质的有效性。



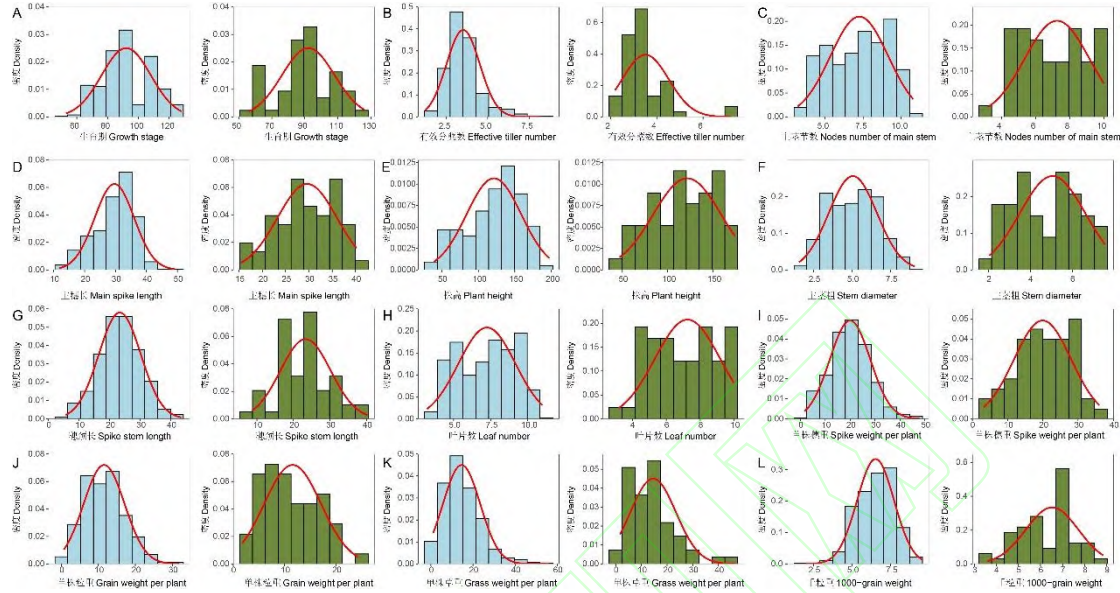
浅蓝色直方图代表全部种质质量性状分布；深绿色直方图代表核心种质质量性状分布

The light blue histogram represents the distribution of all germplasm quality traits; The dark green histogram represents the

distribution of quality traits in the core germplasm

图 3 全部种质与骨干种质的 8 个质量性状表型频率直方图

Fig. 3 Histogram of phenotypic frequencies of eight quality traits for all germplasm and backbone germplasm



浅蓝色直方图代表全部种质质量性状分布；深绿色直方图代表核心种质质量性状分布

The light blue histogram represents the distribution of all germplasm quality traits; The dark green histogram represents the distribution of quality traits in the core germplasm

图 4 全部种质与骨干种质的 12 个数量性状表型频率直方图

Fig. 4 Histogram of phenotypic frequencies of 12 quantitative traits for all germplasm and backbone germplasm

3 讨论

3.1 组内取样比例的确定

选择恰当的取样方法对于决定全部种质中的材料是否入选核心种质至关重要，也是构建核心种质的基础。一种好的取样方法不仅能有效去除资源群体的遗传冗余，还能使核心种质的变异性和对原始种质群体的遗传多样性保留达到最佳状态^[25]。常用的有平方根比例法、简单比例法、对数比例法和多样性比例法。前人的研究表明，对燕麦^[26]、小豆^[27]和甘薯^[28]等骨干种质进行取样时，比例法被认为是最优策略，能够有效解决种质资源在作物育种中的应用问题，本研究也采用了平方根比例法进行骨干种质取样。此外，在具体构建骨干种质时，抽样比例的合理确定显得尤为重要。在具体设定抽样比例时，应该综合分析所有种质资源的如下因素：其一是数量体系；其二是遗传结构；其三是评价表型数据类型。目前，大多数研究者在构建各类作物骨干种质时采取介于 5%~30% 之间的取样比例，10% 左右的取样比例最为常见。宋慧等^[12]和闫彩霞等^[14]从 2741 份花生地方品种和 1237 份谷子种质资源中构建了 259 份花生和 118 份谷子骨干种质，取样比例分别为 9.4% 和 9.9%^[12, 14]。李洪果等^[29]从 306 份杜仲雄性种质资源中，采用多种取样方法确定了包含 33 份重要资源的杜仲雄性骨干种质，选取比例为 10.8%。此外，Zewdie 等^[30]在对 1202 份辣椒种质资源的形态学考察中，也选择 10% 作为构建核心种质的比例。本研究采用平方根法进行种质资源的选择，并通过

聚类分析和随机抽样技术，从 490 份种质资源中选取了 55 份糜子种质，构建了一个核心种质库，抽样比例约为 11.2%，基本符合构建核心种质库的规模要求。

3.2 骨干种质的评价与确定

有效性和代表性这两个指标在评价骨干种质中得到充分应用。方差、变异系数、均值、性状保留比例、香农指数是衡量骨干种质的重要指标^[31]。由于年际间的气候差异，降雨量不同，对糜子的数量性状影响较大，易造成数据偏移。所以本研究只用一年的数据重复，发现糜子的骨干性质、所有种质的 20 个质量、数量性状上述各指标的差异均不显著。同时，二者在品种类型 ($P=0.637$) 和穗形性状 ($P=0.637$) 上也有很好的一致性。宋慧^[12]等和闫彩霞等^[14]综合对比分析了 1237 份谷子种质资源和 118 份骨干种质的 19 个表型性状以及 259 份骨干种质与 2741 份花生种质资源的 13 个表型性状，并证实最终所建立的花生骨干、谷子骨干的可靠性。在此基础上，分析所有种质、骨干种质间两者间的方差差异百分率、均值差异百分率均为 0；两者的变异系数变化率、极差符合率分别为 98.74%、79.53%；两者的香农指数变化率为 103.87%；两者的性状保留比例为 91.28%。综上数据充分说明糜子骨干种质能够用于说明所有种质的遗传多样性。本研究结果表明，骨干种质的样点分布特征和离散程度与全部种质一致，数据分布频率也较为吻合。此外，骨干种质的表型数据相关性与全部种质高度接近，这进一步验证了骨干种质显著的有效性与代表性。

4 结论

本研究通过分组 490 份糜子品种类型与穗型，采用平方根法，并聚类分析组内数量、质量性状，类内随机取样，在所有种质中提取构建了 11.2% 的糜子骨干种质。从群体结构与遗传多样性等方面，确定了骨干种质、全部种质的一致性，表明本研究中构建了具有代表性的糜子种质，能够有效反映糜子种质资源的整体特征。

参考文献

- [1] 柴岩. 糜子. 北京: 中国农业出版社, 1999
Chai Y. Mizuna. Beijing: China Agricultural Press, 1999
- [2] 高志军,朱利华,王石清,刘小燕,燕奕璇.喷施富硒肥料对糜子农艺性状、产量与籽粒硒含量的影响. 北方农业学报,2024,52(2): 46-54
Gao Z J, Zhu L H, Wang S Q, Liu X Y, Yan Y X. Effects of spraying selenium enriched fertilizer on agronomic traits, yield and grain selenium content of broomcorn millet. Journal Of Northern Agriculture, 2024, 52(2): 46-54
- [3] Diao X. Production and genetic improvement of minor cereals in China. The Crop Journal, 2016, 5(2): 103-114
- [4] Brown A H D. Core collections: A practical approach to genetic resources management. Genome, 1989, 31(2): 818-824
- [5] Li Y, Shi Y, Cao Y, Wang T. Establishment of a core collection for maize germplasm preserved in Chinese National Genebank using geographic distribution and characterization data. Genetic Resources & Crop Evolution, 2005, 51(8): 845-852

- [6] Balfourier F, Roussel V, Strelchenko P, Exbrayat-Vinson F, Sourdille P, Boutet G, Koenig J, Ravel C, Mitrofanova O, Beckert M. A worldwide bread wheat core collection arrayed in a 384-well plate. *Theoretical & Applied Genetics*, 2007, 114(7): 1265-1275
- [7] Zhang H L, Wang D L, Sun M X, Qi J L, Li Y W, Wei J J, Han X H, Qiu L Z, Tang Z E, Li S X, Chao Z. A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China. *Theoretical & Applied Genetics*. 2011, 122(1): 49-61
- [8] 王世壮, 聂亚敏, 黄婧芬, 张巧玲, 郑崇珂, 谢先芝, 王艳艳, 邢梦, 陈文熹, 陈子易, 郑晓明, 王文生, 杨庆文, 乔卫华. 水稻核心种质耐盐鉴定与分子标记开发应用. *植物遗传资源学报*, 2024: <https://link.cnki.net/urlid/11.4996.s.20240808.1603.004>
- Wang S Z, Nie Y M, Huang J F, Zhang Q L, Zheng C K, Xie X Z, Wang Y Y, Xing M, Chen W X, Chen Z Y, Zheng X M, Wang W S, Yang Q W, Qiao W H. Identification of core rice germplasm for salt tolerance and application of molecular markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024: 1-14
- [9] Kumar A, Kumar S, Singh K B M, Prasad M, Thakur J K. Designing a mini-core collection effectively representing 3004 diverse rice accessions. *Plant Communications*, 2020, 1(5): 100049
- [10] Oliveira M F, Nelson R L, Geraldi I O Cruz C D, Toledo J F F D. Establishing a soybean germplasm core collection. *Field Crops Research*, 2010, 119(2-3): 277-289
- [11] 李阳阳, 董岭超, 王英男, 赵洪琨, 袁翠平, 齐广勋, 刘晓冬, 王玉民. 东北地区大豆种质资源萌发期耐盐性鉴定. *大豆科学*, 2024, 43(4): 431-438
- Li Y Y, Dong L C, Wang Y N, Zhao H K, Yuan C P, Qi G X, Liu X D, Wang Y M. Salt tolerant identification of soybean germplasm resources at germination stage in Northeast China. *Soybean Science*, 2024, 43(4): 431-438
- [12] 宋慧, 臧贺藏, 李国强, 解慧芳, 邢璐, 李龙, 王素英, 刘金荣, 郑国清. 基于谷子种质资源表型性状构建骨干种质库. *中国农业大学学报*, 2022, 27(12): 102-115
- Song H, Zang H Z, Li G Q, Xie H F, Xing L, Li L, Wang S Y, Liu J R, Zheng G Q. Construction of backbone germplasm bank based on the phenotypic traits of foxtail millet. *Journal of China Agricultural University*, 2022, 27(12): 102-115
- [13] 李海权, 降彦苗, 刘亚男, 耿玲玲, 韩小洁, 刘国庆, 董立. 94份谷子核心种质资源分子身份证构建. *华北农学报*, 2023, 38: 18-25
- Li H Q, Jiang Y M, Liu Y N, Geng L L, Han X J, Liu G Q, Dong L. Establishment of molecular identity in 94 foxtail millet varieties. *North China Journal of Agriculture*, 2023, 38: 18-25
- [14] 闫彩霞, 王娟, 张浩, 李春娟, 宋秀霞, 孙全喜, 苑翠玲, 赵小波, 单世华. 基于表型性状构建中国花生地方品种骨干种质. *作物学报*, 2020, 46(4): 520-531
- Yan C X, Wang J, Zhang H, Li C J, Song X X, Sun Q X, Yuan C L, Zhao X B, Shan S H. Developing the key germplasm of Chinese peanut landraces based on phenotypic traits. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(4): 520-531
- [15] 贾继增, 高丽锋, 赵光耀, 周文斌, 张卫健. 作物基因组学与作物科学革命. *中国农业科学*, 2015, 48(17): 3316-3332
- Jia J Z, Gao L F, Zhao G Y, Zhou W B, Zhang W J. Crop genomics and crop science revolutions. *Chinese Agricultural Science*, 2015, 48(17): 3316-3332
- [16] 张立媛, 琦明玉, 曲颖超, 温雅辉, 李志光, 王振普, 孙宇丹, 赵敏. 糜子种质资源表型比较分析. *安徽农学通报*, 2024, 30(3): 1-7
- Zhang L Y, Qi M Y, Qu Y C, Wen Y H, Li Z G, Wang Z P, Sun Y D, Zhao M. Comparative phenotypic analysis of millets germplasm resources. *Anhui Agronomy Bulletin*, 2024, 30(3): 1-7
- [17] Zhang D Z, Panhwar R B, Liu J J, Gong X W, Feng B L. Morphological diversity and correlation analysis of

- phenotypes and quality traits of proso millet (*Panicum miliaceum* L.) core collections. *Journal of Integrative Agriculture*,2019, 18(5): 958-969
- [18] Liu M X, Qiao Z J, Zhang S, Wang Y Y, Lu P. Response of broomcorn millet (*Panicum miliaceum* L.) genotypes from semiarid regions of China to salt stress. *The Crop Journal*,2015, 3: 57-66
- [19] 王纶,温琪汾,曹厉萍,王星玉. 黍稷抗旱种质筛选及抗旱机理研究. *山西农业科学*,2007, 35(4): 31-34
Wang L, We Q F, Cao L P, Wang X Y. Drought-resistant germplasm screening and drought-resistance mechanism in Proso Millet. *Shanxi Agricultural Science*,2007, 35(4): 31-34
- [20] 王星玉,王纶,温琪汾. 中国黍稷品种资源抗黑穗病的鉴定. *石河子大学学报: 自然科学版*,2004(S1): 43-45
Wang X Y, Wang L, Wen Q F. Identification of broomcorn millet varieties resource for resistance to smut in China. *Journal of Shihezi University: Natural Science Edition*,2004(S1): 43-45
- [21] Rajput S G, Santra D K. Evaluation of genetic diversity of proso millet germplasm available in the united states using simple-sequence repeat markers. *Crop Science*,2016, 56(5): 2401-2409
- [22] Hu X Y, Wang J F, Lu P, Zhang H S. Assessment of genetic diversity in broomcorn millet (*Panicum miliaceum* L.) using SSR markers. *Journal of Genetics and Genomics*,2009, 36(8): 491-500
- [23] Hu J, Zhu J, Xu H M. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops. *Theoretical and Applied Genetics*,2000, 101(1/2): 264-268
- [24] Wang J C, Hu J, Xu H M, Zhang S. A strategy on constructing core collections by least distance stepwise sampling. *Theoretical and Applied Genetics*2007, 115(1): 1-8
- [25] 郑轶琦,郭琰,房淑娟,徐亚楠,陈静波,刘建秀. 利用表型数据构建狗牙根初级核心种质. *草业学报*,2014(4): 49-60
Zheng Y Q, Guo Y, Fang S J, Xu Y N, Chen J B, Liu J X. Constructing per-core collection of *Cynodon dactylon* based on phenotypic data. *Journal of Grass Industry*,2014(4): 49-60
- [26] 张恩来,张宗文,王天宇,黎裕,吴斌. 构建我国燕麦核心种质的取样策略研究. *植物遗传资源学报*,2008, 9(2): 151-156
Zhang E L, Zhang Z W, Wang T Y, Li Y, Wu B. Studies on sampling strategies to develop core collection of chinese oat germplasm. *Journal of Plant Genetic Resources*,2008, 9(2): 151-156
- [27] 刘长友,田静,范保杰,曹志敏,王素华. 河北省小豆种质资源初选核心种质构建. *安徽农业科学*,2010, 38(1): 109-111, 173
Liu C Y, Tian J, Fan B J, Cao Z M, Wang S H. Establishment of candidate core collection in Hebei adzuki bean germplasm resources. *Anhui Agricultural Science*,2010, 38(1): 109-111, 173
- [28] 李慧峰,陈天元,黄咏梅,吴翠荣,李燕青,卢森泉,陈雄庭. 基于形态性状的甘薯核心种质取样策略研究. *植物遗传资源学报*,2013, 14(1): 91-96
Li H F, Chen T Y, Huang Y M, Wu C R, Li Y Q, Lu S Q, Chen X T. Sampling strategies of sweet potato core collection based on morphological traits. *Journal of Plant Genetic Resources*,2013, 14(1): 91-96
- [29] 李洪果,杜红岩,贾宏炎,谌红辉,许基煌,杜庆鑫,王璐. 利用表型性状构建杜仲雄性资源核心种质. *分子植物育种*,2018(2): 591-601
Li H G, Du H Y, Jia H Y, Chen H H, Xu J H, Du Q X, Wang L. Establishment of male core collection of *Eucommia ulmoides* based on phenotypic traits. *Molecular Plant Breeding*,2018(2) : 591-601
- [30] Zewdie Y, Tong N, Bosland P. Establishing a core collection of *Capsicum* using a cluster analysis with enlightened selection of accessions. *Genetic Resources & Crop Evolution*,2004, 51(2): 147-151
- [31] 李自超,张洪亮,曹永生, 裘宗恩,魏兴华,汤圣祥,余萍,王象坤. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究. *作物学报*,2003, 29(1): 20-24
Li Z H, Zhang H L, Cao Y S, Qiu Z E, Wei X H, Tang S X, Yu P, Wang X K. Studies on the sampling strategy

for primary core collection of chinese ingenious rice. Journal of Crops,2003, 29(1): 20-24.

