



70份谷子核心种质资源表型性状的遗传多样性分析

赵云¹, 刘俊¹, 冯国郡¹, 胡相伟¹, 王卉¹, 再吐尼古丽·库尔班¹, 杨宝谊¹, 王宏进¹,
吴岳², 刘雅欣², 阿依加马丽·阿里木³, 伊丽姆努尔·巴克尔³

(1. 新疆维吾尔自治区农业科学院作物研究所, 乌鲁木齐 830002; 2. 新疆农业大学农学院, 乌鲁木齐 830002;
3. 伊犁师范大学生物科学与技术学院, 新疆伊犁 835000)

摘要 解析70份谷子种质资源的遗传多样性特征及其表型变异规律,为优异种质筛选与遗传改良提供理论依据。基于8个质量性状和14个数量性状,通过遗传多样性指数(H')、变异系数(CV)、相关性分析、主成分分析(PCA)及系统聚类分析,综合评价谷子表型性状的遗传变异特征。结果表明:质量性状中,穗型($H'=1.084$)和穗松紧度($H'=0.943$)遗传多样性最丰富,幼苗叶姿($H'=0.328$)最低。穗型以纺锤型(82.86%)为主,穗松紧度以中度(58.57%)次之,谷粒色以黄色(81.74%)占优。数量性状中,穗粒质量(CV=20.25%, $H'=2.087$)、产量(CV=17.38%, $H'=2.091$)和单穗质量(CV=15.99%, $H'=2.018$)变异最显著,生育期($H'=1.534$)和出谷率($H'=1.362$)遗传多样性较低。相关分析表明,产量(Y)与株高(PH)呈极显著负相关($r=-0.316$),与穗粒质量(GQ)呈极显著正相关($r=0.417$),与单穗质量(SQ)呈显著正相关($r=0.258$)。主成分分析提取前两个主成分累计贡献率59.40%,其中PC1(32.40%)由生育期(|Loading|>0.85)主导,PC2(27.00%)由千粒质量(|Loading|=0.78)和单穗质量驱动。聚类分析将种质划分为4个类群:第Ⅰ类(8份)抗倒伏性强(株高119.13 cm,茎粗9.23 mm);第Ⅱ类(15份)为早熟种质(生育期105~113 d);第Ⅲ类(37份)产量较高(7 043.21 kg·hm⁻²);第Ⅳ类(29份)综合性状优异(性状变异系数<9.6%)。谷子种质资源具有丰富的遗传多样性,穗部性状和产量相关参数为关键变异来源,穗粒质量与单穗质量的协同增效机制为高产育种提供理论依据,早熟、抗倒伏及高产类群可作为定向改良的核心种质,研究结果为谷子遗传资源高效利用及品种选育策略优化奠定基础。

关键词 谷子;种质资源;表型性状;遗传多样性

谷子(*Setaria italica*)作为禾本科一年生自花授粉作物,去壳后称为小米,不仅是世界最古老的杂粮作物之一^[1],更是中国北方干旱及半干旱地区重要的生态适应性作物,具有抗旱耐瘠薄、高光效及营养高效等特性^[2]。其籽粒富含脂肪(4%~5.5%)、蛋白质(10%~12%)、维生素及钙等矿质元素,兼具食药同源价值,素有“谷物之王”美誉^[3]。面对全球耕地缩减与市场需求增长的双重压力,培育高产优质、农艺性状优良的突破性品种已成为产业可持续发展的核心命题^[4]。当前研究多聚焦于跨区引种^[5]、资源评价^[6]、栽培模式优化^[7]及品种选育^[8]等领域,但针对新疆这一

典型干旱生态区的遗传多样性研究仍存在空白,急需加强种质资源深度挖掘与创新利用,以支撑区域种业体系建设。表型评价体系因其直观性、经济性和可操作性优势,已成为种质资源鉴定的首选方法,并为细胞学、生物化学及分子标记研究奠定基础^[9-11]。基于山西211份种质的15项农艺性状分析,株高、穗部特征及产量构成要素呈现显著形态多样性^[12]。66份河南新优品种表型鉴定表明穗下节间长度变异系数达22.36%,揭示关键性状选择潜力^[13]。对中国主栽品种比较分析发现株高、穗部形态及生育期等性状存在显著遗传差异^[14]。对全球878份核心种质评价揭示

收稿日期:2025-04-28 修回日期:2025-07-15

基金项目:谷子种质资源耐盐碱精准鉴定及基因挖掘(2025D01B136);谷子耐旱关键基因的克隆与新材料创制(ZYYD2025ZY06);谷子提质增效关键技术与示范(2023SNGG005);国家谷子高粱产业技术体系乌鲁木齐综合试验站(CARS-06-B30)。

第一作者:赵云,男,硕士,副研究员,主要从事杂粮育种、栽培及推广工作。E-mail:1041912942@qq.com

刘俊,男,硕士,助理研究员,主要从事作物育种、栽培及推广工作。E-mail:xjliujun0517@Lina.com

通信作者:冯国郡,女,博士,研究员,主要从事杂粮育种、栽培及推广工作。E-mail:fengguojun@126.com

中国资源在穗粒质量、株型结构等表型多样性优势,但育成品种遗传基础呈现收窄趋势^[15]。现有研究多受限于样本规模、评价指标异质性及生态区特异性,且存在性状研究不均衡现象,即穗部特征研究较深入^[16],而叶片(光合器官)与茎秆(物质转运通道)等关键部位的表型解析尚显不足,制约着抗旱种质的精准筛选。本研究立足新疆北疆谷子主产区,系统开展70份种质资源的表型鉴定与遗传多样性分析,旨在揭示干旱区特异种质的

表型特征与遗传潜力,为建立区域性种质评价体系、选育适应性强的新品种提供理论支撑与材料基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料涵盖国内外10个省区(北京市、河北省、内蒙古等)的70份谷子品种,材料选择兼顾生态区代表性与遗传多样性(表1)。

表1 供试70份谷子种质目录

Table 1 Foxtail millet (*Setaria italica*) germplasm accessions evaluated in the study ($n=70$)

编号 No.	名称 Name	地区 Region	编号 No.	名称 Name	地区 Region
1	米优 Miyou	日本 Japan	36	公谷 89 号 Gonggu No. 89	吉林长春 Changchun, Jilin
2	陆羽 2 号 Luyu No. 2	日本 Japan	37	公谷 90 号 Gonggu No. 90	吉林长春 Changchun, Jilin
3	陆羽 6 号 Luyu No. 6	日本 Japan	38	公谷 68 号 Gonggu No. 68	吉林长春 Changchun, Jilin
4	早生粟 Zaoshengsu	日本 Japan	39	公谷 70 号 Gonggu No. 70	吉林长春 Changchun, Jilin
5	熊本地磨 1 号 Xiongbendimo No. 1	日本 Japan	40	公谷 83 号 Gonggu No. 83	吉林长春 Changchun, Jilin
6	昭和糯 Zhaohenuo	日本 Japan	41	公谷 77 号 Gonggu No. 77	吉林长春 Changchun, Jilin
7	熊本国分 2 号 Xiongbengufen No. 2	日本 Japan	42	大同 29 号 Datong No. 29	山西大同 Datong, Shanxi
8	团子糯 1 Tuanzinuo 1	日本 Japan	43	太选谷 28 号 Taixuangu No. 28	山西太原 Taiyuan, Shanxi
9	津轻早生 Jinqinzaosheng	日本 Japan	44	太选谷 35 号 Taixuangu No. 35	山西太原 Taiyuan, Shanxi
10	羽根泽 Yugenze	日本 Japan	45	太选谷 43 号 Taixuangu No. 43	山西太原 Taiyuan, Shanxi
11	土龙 Tulong	日本 Japan	46	长农 47 Changnong 47	山西大同 Datong, Shanxi
12	六十日 Sixtyday	日本 Japan	47	长农 51 Changnong 51	山西大同 Datong, Shanxi
13	饲用粟 Siyongsu	日本 Japan	48	晋汾 107 Jinfen 107	山西大同 Datong, Shanxi
14	法谷 15-80 Fagu 15-80	法国 France	49	晋汾 121 Jinfen 121	山西太原 Taiyuan, Shanxi
15	法谷 60-81 Fagu 60-81	法国 France	50	豫谷 18 号 Yugu No. 18	河南安阳 Anyang, Henan
16	法谷 685-80 Fagu 685-80	法国 France	51	豫谷 32 号 Yugu No. 32	河南安阳 Anyang, Henan
17	法谷 45-81 Fagu 45-81	法国 France	52	豫谷 31 号 Yugu No. 31	河南安阳 Anyang, Henan
18	法谷 21-81 Fagu 21-81	法国 France	53	豫谷 35 号 Yugu No. 35	河南安阳 Anyang, Henan
19	沧谷 3 号 Canggu No. 3	河北沧州 Cangzhou, Hebei	54	中谷 989 Zhonggu 989	北京 Beijing
20	沧谷 5 号 Canggu No. 5	河北沧州 Cangzhou, Hebei	55	中谷 2 号 Zhonggu No. 2	北京 Beijing
21	冀谷 13 号 Jigu No. 13	河北石家庄 Shijiazhuang, Hebei	56	中谷 19 号 Zhonggu No. 19	北京 Beijing
22	冀谷 19 号 Jigu No. 19	河北石家庄 Shijiazhuang, Hebei	57	创 H-15-21DT Chuang H-15-21DT	北京 Beijing
23	冀谷 21 号 Jigu No. 21	河北石家庄 Shijiazhuang, Hebei	58	创 H-196-21DT Chuang H-196-21DT	北京 Beijing
24	济谷 15 号 Jigu No. 15	山东济南 Jinan, Shandong	59	创 H-201-21DT Chuang H-201-21DT	北京 Beijing
25	济谷 12 号 Jigu No. 12	山东济南 Jinan, Shandong	60	创 H-499-21DT Chuang H-201-21DT	北京 Beijing
26	赤谷 K1 Chigu K1	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	61	陇谷 032 Longgu 032	甘肃兰州 Lanzhou, Gansu
27	赤谷 K3 Chigu K3	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	62	陇谷 13 号 Longgu No. 13	甘肃兰州 Lanzhou, Gansu
28	金苗 K1 Jinmiao K1	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	63	陇谷 11 号 Longgu No. 11	甘肃兰州 Lanzhou, Gansu
29	金苗 K7 Jinmiao K7	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	64	陇谷 029 Longgu 029	甘肃兰州 Lanzhou, Gansu
30	金苗 K11 Jinmiao K11	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	65	陇谷 23 号 Longgu No. 23	甘肃兰州 Lanzhou, Gansu
31	赤金谷 27 号 Chijingu No. 27	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	66	新谷 8 号 Xingu No. 8	新疆乌鲁木齐 Urumqi, Xinjiang
32	金苗 K4 Jinmiao K4	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	67	新谷 1 号 Xingu No. 1	新疆乌鲁木齐 Urumqi, Xinjiang
33	赤 2113 Chi 2113	内蒙古赤峰 Chifeng, Inner Mongolia	68	新谷 2 号 Xingu No. 2	新疆乌鲁木齐 Urumqi, Xinjiang
34	公矮 5 号 Gongai No. 5	吉林长春 Changchun, Jilin	69	新谷 3 号 Xingu No. 3	新疆乌鲁木齐 Urumqi, Xinjiang
35	公谷 88 号 Gonggu No. 88	吉林长春 Changchun, Jilin	70	新谷 4 号 Xingu No. 4	新疆乌鲁木齐 Urumqi, Xinjiang

1.2 试验方法

1.2.1 试验设计 于2023—2024年度在新疆奇台县(44.02°N, 89.57°E)开展本试验。采用随机区组设计,设置3个生物学重复(区组)。每个小

区面积8 m² (5 m × 1.6 m), 铺膜穴播, 行距40 cm, 株距10 cm, 播种量600 g · hm⁻²。磷酸二铵(150 kg · hm⁻²)做基肥, 全生育期统一灌水6次, 其他田间管理措施保持一致。试验期间设置

保护行以减少边际效应。

1.2.2 评价方法 质量性状评价:参照《谷子种质资源描述规范和数据标准》^[17](表2),对8个质量性状进行目测分级:幼苗叶色(浅绿/深绿/紫)、叶鞘色(绿/紫)、幼苗叶姿(直立/半直立/平展)、开花期叶姿(直立/披散)、穗茎形状(直立/弯曲)、穗型(纺锤/圆筒/棍棒)、穗松紧度(松散/中等/紧密)及谷粒色(黄/白/褐)。每性状每小区观察10株。

数量性状测定:参照谷子 DUS 测试指南对14个数量性状进行测定^[18],每性状每小区测定10株。①生育期:记录从出苗至成熟的时间(d)。

②株高:成熟期测量地面至穗基部的高度(cm)。③主茎粗:用游标卡尺测定基部第2节间直径(mm)。主茎节数:计数主茎可见节总数。⑤叶长和叶宽:测量旗叶长度与最大宽度(cm)。穗长和8穗粗:测量穗基部至顶端长度(cm)及最大直径(mm)。千粒质量:随机选取1000粒称量(g),重复3次。⑧单穗质量和穗粒质量:测定单穗总质量与脱粒后籽粒质量(g)。产量:实收小区产量折算为公顷产量(kg·hm⁻²)。⑩出谷率:计算穗粒质量/单穗质量×100%。单株干物质积累量:105℃杀青30min后80℃烘干至恒质量(g)。

表2 谷子种质资源8个质量性状的描述标准

Table 2 Descriptive standards for eight qualitative traits of foxtail millet germplasm

性状 Trait	描述标准 Descriptive standard
幼苗叶色 Seedling leaf color(SLC)	1. 绿色,2. 黄绿,3. 紫绿 1. Green,2. Yellowish-green,3. Purplish-green
叶鞘色 Leaf sheath color(LSC)	1. 绿色,2. 红色,3. 紫色 1. Green,2. Red,3. Purple
幼苗叶姿 Seedling leaf posture(SLP)	1. 上举 t,2. 半上举,3. 平展,4. 下披 1. Erect,2. Semi-erect,3. Horizontal,4. Drooping
开花期叶姿 Leaf posture during flowering(LPDPF)	1. 上举,2. 半上举,3. 平展,4. 下披 1. Erect,2. Semi-erect,3. Horizontal,4. Drooping
穗颈形状 Neck shape(NS)	1. 直立,2. 中弯,3. 弯曲,4. 勾形 1. Erect,2. Moderately Curved,3. Curved,4. Hooked
穗型 Tassel pattern(TP)	1. 鸡嘴,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. Chicken beak-shaped, 2. Fusiform, 3. Cylindrical, 4. Club-shaped, 5. Duck beak-shaped, 6. Cat paw-shaped, 7. Buddha's hand citron-shaped
穗松紧度 Spike elasticity(SE)	1. 松,2. 中,3. 紧 1. Loose,2. Medium,3. Dense
谷粒色 Grain color(GC)	1. 白色,2. 黄色,3. 橙色,4. 红色,5. 青色,6. 褐色,7. 黑色 1. White,2. Yellow,3. Orange,4. Red,5. Cyan,6. Brown,7. Black

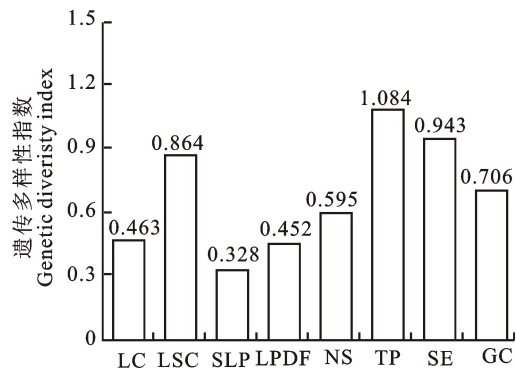
1.3 数据处理及统计分析

遗传多样性分析:质量性状采用 Shannon-Weaver 多样性指数(H')评估:H' = Σ pi × lnpi, 其中 pi 为第 i 个表型出现的频率^[19]。数量性状通过变异系数(CV = 标准差/均值 × 100%)量化变异程度^[20]。

统计分析方法:使用 Origin 2024 软件进行相关性分析(Pearson 相关)、主成分分析(PCA)和聚类分析(采用离差平方和法,遗传距离基于欧式距离)。

年际数据处理:采用混合效应模型分析两年数据,进行联合方差分析评估基因型×环境互作效应^[21]。计算广义遗传力:H² = σ_g² / (σ_g² + σ_e² / n)。其中 σ_g² 为基因型方差,σ_e² 为误差方差,n 为重复数,通过 LSD 法进行多重比较(P < 0.05)。年际差异通过环境主效和基因型×环境互作项体现。

具有稳定的遗传性,其次是穗松紧度,遗传多样性指数为0.943。幼苗叶姿和开花期叶姿遗传多样性指数相对较低,分别为0.328和0.452。各表



LC 代表叶色,LSC 代表叶鞘色,SLP 代表幼苗叶姿,LPDF 代表开花期叶姿,NS 代表穗颈形状,TP 代表穗形,SE 代表穗松紧度,GC 代表谷粒色,下同

LC indicatess leaf color,LSC indicatess leaf sheath color,SLP indicatess seedling leaf posture,LPDF indicatess leaf posture at flowering stage,NS indicatess spike neck shape,TP indicatess spike shape,SE indicatess spike elasticity,and GC indicatess grain color,the same below

图1 谷子资源8个质量性状指标遗传多样性指数

Fig.1 Genetic diversity indices (H') of eight qualitative traits in in foxtail millet resources

2 结果与分析

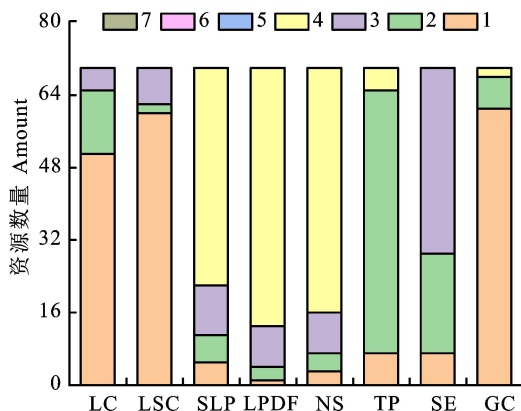
2.1 质量性状遗传多样性分析

70份谷子8个质量性状的遗传多样性见图1,穗型遗传多样性指数最高(1.084),说明该性状

型性状遗传差异较大,存在丰富的遗传多样性。8 个质量性状中遗传多样性指数大小为穗型>穗松紧度>谷粒色>叶鞘色>幼苗叶色>穗颈形状>开花期叶姿>幼苗叶姿。

2.2 质量性状变异及分布

由谷子地上营养器官 8 个质量性状分布类型和分布频率(图 2)可知,谷子苗期叶色以绿色为主(72.86%),其次为黄绿色(20.00%);从幼苗叶鞘色来看,绿色最多(85.71%),仅有极少部分谷子呈红色(2.86%)或紫色(11.54%);幼苗叶姿以下披(68.57%)为主,其次为平展(15.71%);开花期叶姿以下披(81.43%)为主,其次为平展(12.86%);大多数资源穗颈形状以勾型(77.14%)为主,4.29%呈直立,5.71%中弯,平展状态为 12.86%;成熟期穗型以纺锤型最多(82.86%),其次为圆筒型(7.14%)和棍棒型(10.00%);穗松紧度以中为主(58.57%),中紧占 31.43%,松占 10.00%;谷粒色以黄色最多



幼苗叶色:1. 绿色,2. 黄绿,3. 紫绿;叶鞘色:1. 绿色,2. 红色,3. 紫色;幼苗叶姿:1. 上举,2. 半上举,3. 平展,4. 下披;开花期叶姿:1. 上举,2. 半上举,3. 平展,4. 下披;穗颈形状:1. 直立,2. 中弯,3. 弯曲,4. 勾形;穗型: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;穗松紧度:1. 松,2. 中,3. 紧;谷粒色:1. 白色,2. 黄色,3. 橙色,4. 红色,5. 青色,6. 褐色,7. 黑色

Seedling leaf color: 1. Green, 2. Yellow-green, 3. Purple green; Leaf sheath color: 1. Green, 2. Red, 3. Purple; Seedling leaf posture: 1. Up, 2. Half up, 3. Flat, 4. Down; Leaf posture at flowering stage: 1. Up, 2. Half up, 3. Flat, 4. Down; Ear neck shape: 1. Upright, 2. Middle bend, 3. Curved, 4. Hook shape; Ear type: 1. Chicken beak shape, 2. Spindle shape, 3. Cylindrical shape, 4. Stick shape, 5. Duck beak shape, 6. Cat claw shape, 7. Buddha hand shape; Ear tightness: 1. Loose, 2. Medium, 3. Tight; Grain color: 1. White, 2. Yellow, 3. Orange, 4. Red, 5. Cyan, 6. Brown, 7. Black

图 2 谷子资源 8 个质量性状变异类型分布和分布频率

Fig. 2 Phenotypi frequency distribution of eight qualitative traits of foxtail millet germplasm

(81.74%),白色和红色分别占 10.00%和 2.86%。

2.3 数量性状变异及遗传多样性

对表 3 中 14 个数量性状的变异及遗传多样性分析表明,各性状在变异程度与遗传多样性变化明显。变异系数(CV)反映了性状的相对变异程度,其中单株干物质质量(DMAP)变异系数最高,达 20.37%,表明该性状在参试材料间差异显著,遗传变异丰富;穗粒质量(GQ)的变异系数为 20.25%,变幅(9.34~25.13 g)较大,凸显了穗粒质量的丰富变异,对高产育种具有重要价值。产量(Y)的变异系数为 17.38%,亦呈现出较高的变异水平。从遗传多样性指数(H')来看,产量(Y, 2.091)、穗粒质量(GQ, 2.087)及单穗质量(SQ, 2.018)的 H'值较高,表明这些性状在遗传组成上更为多样,蕴藏着丰富的遗传信息,利于通过选择培育优良品种。生育期(RP, 1.534)和出谷率(GYR, 1.362)的遗传多样性指数较低,说明其遗传变异相对有限。主茎节数(NMS)、叶长(LL)等性状的变异系数与遗传多样性指数处于中等水平,显示出一定的选择潜力。

2.4 数量性状的分布

图 3 结果表明各性状在参试材料中呈现出显著差异化的分布模式和变异特征。单穗质量呈现典型正态分布(20.00~25.00 g),群体集中度高但保留适度选择空间。穗粒质量呈右偏分布(主峰 15.00~20.00 g),其较高变异系数(21.11%)与遗传多样性指数(2.087)共同揭示该性状具有显著遗传异质性。千粒质量集中分布于 2.40~2.80 g 区间,但极端值的存在印证其遗传可塑性。产量性状表现出广谱分布特征(3 000.00~10 500.00 kg),峰值出现在 6 000.00~7 500.00 kg 区间,与其较高的变异系数(20.44%)和遗传多样性指数(2.091)相吻合,凸显该性状在遗传改良中的核心地位。相较于上述性状,出谷率表现出相对保守的遗传特性(集中度 60.00%~80.00%)。单株干物质积累量呈现出最显著的表型变异(10.00~50.00 g),高达 34.32%的变异系数与宽幅分布特征共同昭示其丰富的遗传多样性。在植物构型相关性状中,生育期(110.00~125.00 d)、株高(130.00~160.00 cm)、主茎粗(7.00~9.00 mm)、主茎节数(10.00~14.00 节)、叶长(35.00~45.00 cm)、叶宽(2.60~3.20 cm)、穗长(20.00~25.00 cm)及穗粗(25.00~30.00

mm)等参数多呈正态或近似正态分布。其中株高和穗粗等性状虽表现出集中趋势,但仍保持适度变异水平,结合表 3 中变异系数(CV =

7.82%~15.23%)和遗传多样性指数($H' = 1.653 \sim 2.024$)分析,显示这些性状具有中等遗传改良潜力。

表 3 参试材料 14 个数量性状的变异分析及遗传多样性分析

Table 3 Genetic diversity(H') and phenotypic variability (CV) of quantitative traits in foxtail millet germplasm

性状 Trait	平均值±标准差 Mean±Standard deviation	变幅 Range	极差 Minimum value	变异系数/% Coefficient of variation (CV)	遗传多样性指数 Genetic diversity index(H')
生育期/d Reproductive period(RP)	114.44±7.24	100.00~133.00	32.00	6.32	1.534
株高/cm Plant height(PH)	144.01±15.16	108.11~173.13	64.02	10.53	2.056
主茎粗/mm Main stem thickness(MST)	8.27±0.77	6.48~10.79	4.31	9.33	1.814
主茎节数 Number of main stem nodes(NMS)	12.36±1.31	8.00~14.73	6.73	10.56	1.841
叶长/cm Leaf length(LL)	41.76±3.30	35.09~50.91	15.83	7.90	1.906
叶宽/cm Leaf width(LW)	3.01±0.23	2.47~3.70	1.23	7.55	1.849
穗长/cm Spike length(SL)	24.22±3.18	16.74~32.13	15.39	13.13	1.817
穗粗/mm Spike thickness(ST)	27.06±3.05	18.68~35.33	16.65	11.26	1.805
千粒质量/g Thousand kernel mass(TKM)	2.61±0.22	2.14~3.07	0.93	8.33	1.921
单穗质量/g Single spike mass(SQ)	24.29±3.88	15.13~31.33	16.20	15.99	2.018
穗粒质量/g Grain mass per spike(GQ)	17.82±3.61	9.34~25.13	15.79	20.25	2.087
产量/(kg·hm ⁻²) Yield(Y)	6 073.52±1 055.29	3 600.18~7 583.64	3 983.46	17.38	2.091
出谷率/% Grain yield rate(GYR)	73.16±7.94	41.81~88.07	46.26	10.85	1.362
单株干物质积累量/g Dry matter accumulation per plant(DMAP)	24.10±4.91	14.67~36.67	22.00	20.37	1.793

注:RP 代表生育期、PH 代表株高、MST 代表主茎粗、NMS 代表主茎节数、LL 代表叶长、LW 代表叶宽、SL 代表穗长、ST 代表穗粗、TKM 代表千粒质量、SQ 代表单穗质量、GQ 代表穗粒质量、Y 代表产量、GYR 代表出谷率、DMAP 代表单株干物质积累量。下同。

Note:RP represents reproductive period,PH represents plant height,MST represents main stem thickness,NMS represents number of main stem nodes,LL represents leaf length,LW represents leaf width,SL represents spike length,ST represents spike thickness,TKM represents thousand kernel mass,SQ represents single spike mass,GQ represents grain mass per spike,Y represents yield,GYR represents grain yield rate,DMAP represents dry matter accumulation per plant. The same below.

2.5 基于数量性状的相关分析

图 4 相关分析揭示,产量(Y)与株高(PH)呈极显著负相关($r = -0.316$),与穗粒质量(GQ)呈极显著正相关($r = 0.417$),与单穗质量(SQ)呈显著正相关($r = 0.258$),凸显产量构成因子在产量形成中的核心地位。穗粒质量(GQ)与单穗质量(SQ)存在极显著正相关($r = 0.765$),表明二者在籽粒充实过程中呈现协同增效特征,为产量库容构建提供双驱动机制。在植株构型方面,株高(PH)与主茎节数(NMS)及单株干物质积累量(DMAP)呈极显著正相关($r = 0.422, 0.371$),与产量(Y)极显著负相关($r = -0.316$),揭示植株纵向生长与径向发育的同步调控机制。叶片形态参数中,叶长(LL)与叶宽(LW)呈正相关($r = 0.276$),符合植株生长模型。单株干物质积累量(DMAP)与 Y 呈负相关($r = -0.411$),与单穗质

量(SQ)、叶宽(LW)、叶长(LL)、主茎节数(NMS)、穗粗(ST)及株高(PH)显著正相关($r = 0.247, 0.393, 0.291, 0.494, 0.374$ 及 0.371),表明植株在生长旺盛(如叶片大、株高较高)、结构发达(如主茎节数多)且产量相关性状(如穗大、穗粗)较优时,干物质积累能力更强。暗示这些性状可作为评估作物生长潜力和选育高产品种的关键指标。

2.6 基于数量性状的主成分分析

主成分分析结果显示(图 5),前两个主成分累计解释总方差的 59.40%(PC1=32.40%,PC2=27.00%),能够有效反映原始数据的主要变异特征。通过载荷向量与样本分布的双重可视化分析发现:在 PC1 主成分轴上,生育期(RP)和株高(PH)等性状具有最大的载荷向量长度($|Loading| > 0.85$),其向量方向与 PC1 轴呈较小夹角($\theta < 15^\circ$),

表明这些性状对 PC1 方差贡献率超过 72% (基于向量投影计算)。而在 PC2 维度, 千粒质量 (TKM) 和单穗质量 (SQ) 等产量构成因子表现出显著载荷特征 ($|Loading| = 0.62 \sim 0.78$)。置信椭圆 (95%) 内的样本呈现显著空间聚集性 (Ma-

haranis 距离 $D^2 < 5.99$), 表明其农艺性状组合具有遗传同源性; 而椭圆外离散样本 (约占 12%) 表现出特异性状组合, 可能与特殊环境适应性或遗传变异相关。

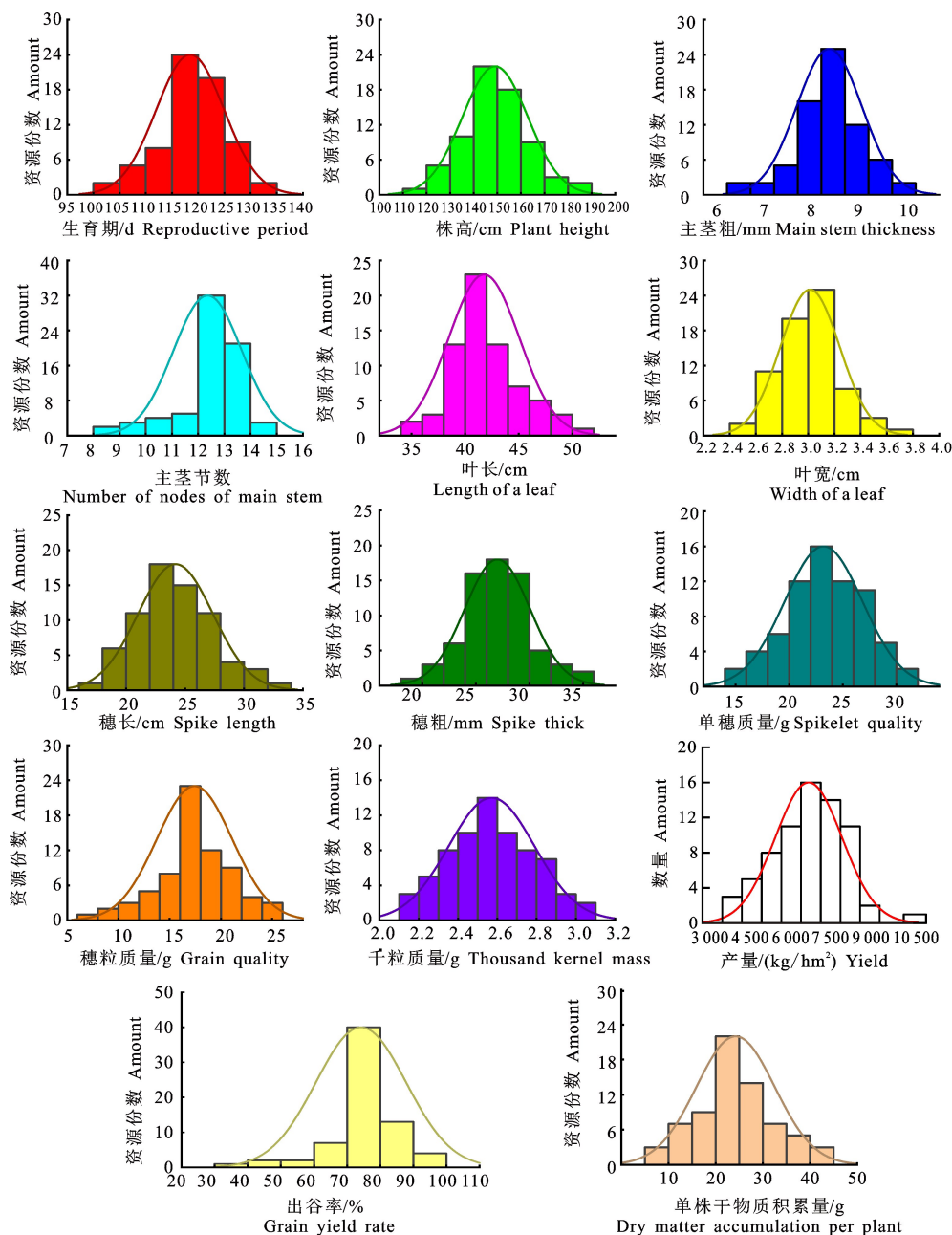


图 3 谷子种质资源数量性状次数分布

Fig. 3 Frequency distribution of quantitative traits in foxtail millet germplasm resources

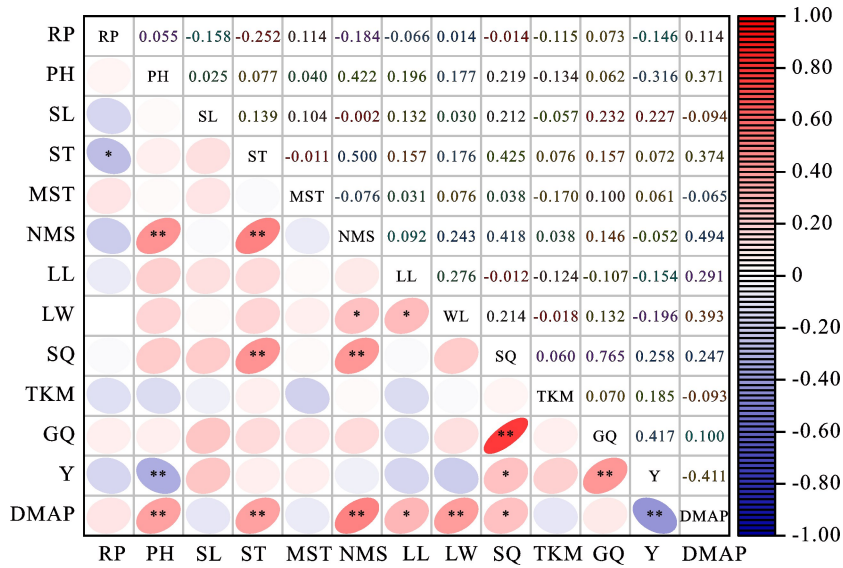
2.7 基于数量性状的聚类分析

对 70 份谷子种质资源的数量性状进行系统聚类分析 (图 6), 在欧式距离 10 处可将参试材料划分为 4 个显著差异类群。其中第 I 类群包含 8 份材料 (11.43%), 其特征表现为株高显著降低

(平均 119.13 cm) 且茎秆粗壮 (直径 9.23 mm), 茎粗性状变异系数达 9.03%, 主要来源于吉林地区, 表现出优异的抗倒伏特性, 可作为抗倒伏育种核心种质; 第 II 类群包含 15 份材料 (21.43%), 生育期集中分布在 105~113 d, 较对照品种早熟

7~10 d,主要来源于河北和内蒙古地区,属于早熟种质资源库;第Ⅲ类群含 37 份材料(52.86%),株高(150.88 cm)、穗长(25.10 cm)和穗粗(27.79 mm)等形态指标均显著优于其他类群,其产量(7 043.21 kg·hm⁻²)及穗粒质量(20.45 g)

表现尤为突出,主要来源于山西、河南、北京、甘肃和新疆地区,适宜作为粮饲兼用高产品种的亲本选育材料;第Ⅳ类群 18 份材料(25.71%)则表现出株型稳定性特征,综合农艺性状优良,主要来源于日本和法国地区,具有重要种质保存价值。



“**”表示在 1%水平差异极显著,“*”表示在 5%水平差异显著。下同

“**” indicates extremely significant differences at 1% level and “*” indicates significant differences at 5% level. The same below

图 4 基于数量性状的相关分析

Fig. 4 Correlation analysis on quantitative traits foxtail millet germplasm

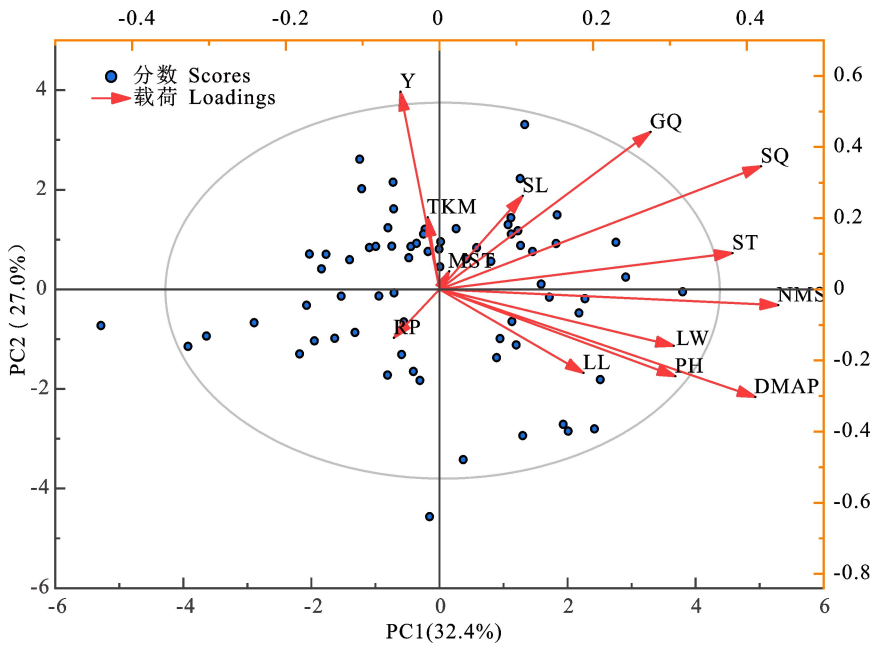


图 5 谷子种质资源数量性状的主成分分析

Fig. 5 Principal component analysis of quantitative traits in foxtail millet germplasm resources

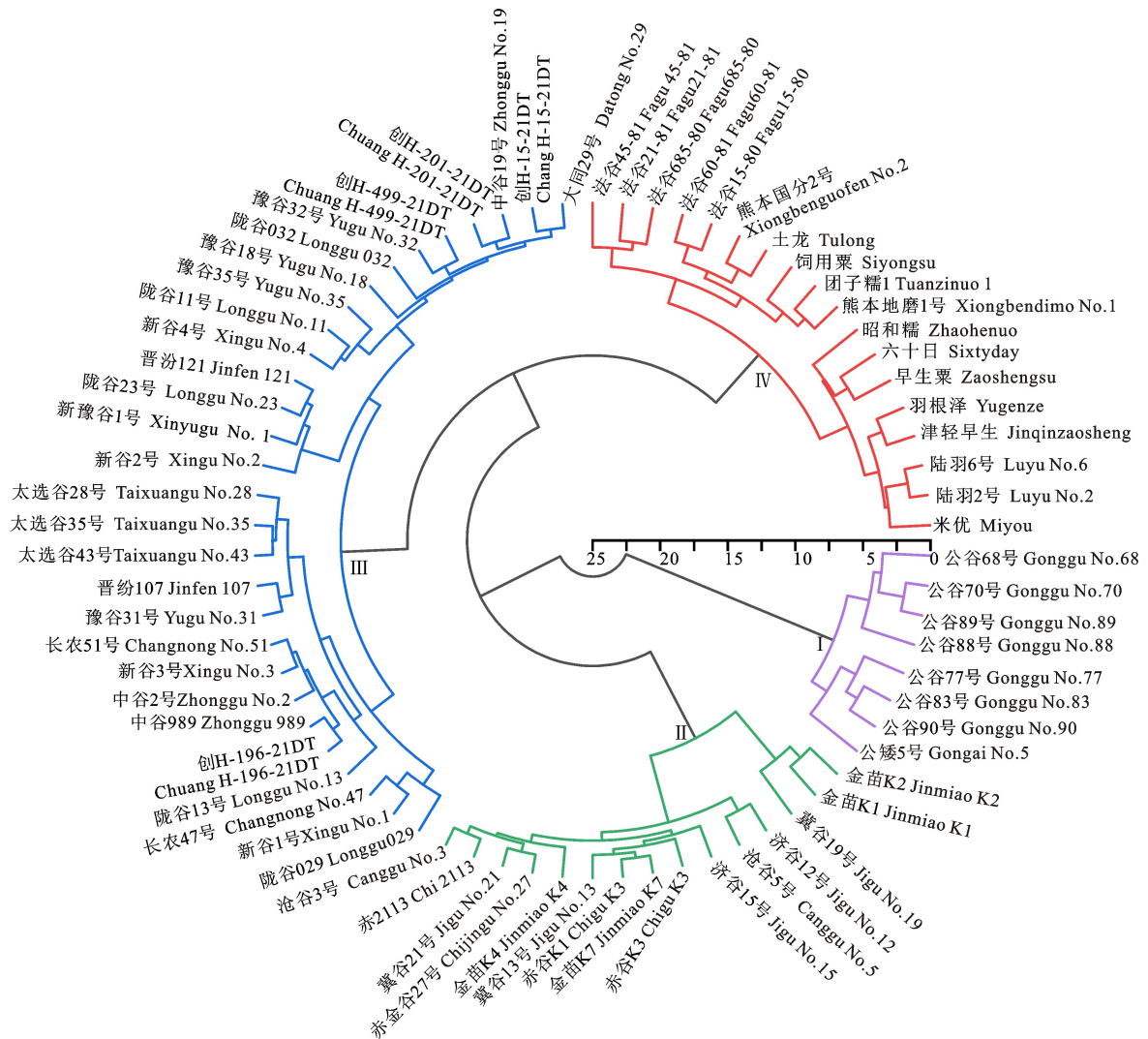


图 6 基于 70 份谷子资源数量性状的聚类分析

Fig. 6 Cluster analysis on quantitative traits in 70 foxtail millet germplasm resources

3 讨论

本研究结果显示,谷子 8 个质量性状的遗传多样性指数(H')差异显著,穗型(1.084)和穗松紧度(0.943)的遗传多样性最高,而幼苗叶姿(0.328)和开花期叶姿(0.452)较低(图 1)。这一结果与纪建军等^[22]在谷子种质资源研究中发现的穗部性状多样性较高、叶姿多样性偏低的趋势一致,表明穗部性状可能受自然选择或人工选择压力较小,保留了更丰富的遗传变异。然而,本研究中穗松紧度的 H' 值显著高于解云等^[23]报道的 0.740,可能与参试材料来源更广泛(涵盖不同生态区)有关。此外,谷粒色($H'=0.883$)和叶鞘色($H'=0.812$)的多样性水平较吕建珍等^[24]研究提升 20.31%和 32.55%,说明本研究的种质资源库

在颜色性状上具有更高的多态性。数量性状的变异系数(CV)和遗传多样性指数(H')显示,穗粒质量($CV=21.11\%$, $H'=2.087$)、产量($CV=20.44\%$, $H'=2.091$)和单穗质量($CV=15.68\%$, $H'=2.018$)表现出显著遗传异质性(表 3)。这与相吉山等^[25]对谷子产量性状高变异的结论相符,但本研究中穗粒质量的 CV 值较其报道的 18.30%提高 15.40%,可能源于试验材料中引入了更多极端类型种质。出谷率($H'=1.362$)和生育期($H'=1.534$)的遗传多样性低于前人研究^[26],推测与参试材料中早熟种质比例较高(占 27.71%)导致的性状趋同有关。在性状分布模式上,穗粒质量($CV=52.13\%$)和单穗质量(右偏分布)的极端变异特征与 Mizuno 等^[27]研究一致,但本研究中株高($CV=7.82\%$)和主茎节数

(CV=9.6%)的变异系数较其降低20%~30%，表明植株构型性状在谷子中具有更强的遗传稳定性。相关分析表明，产量(Y)与株高(PH)呈极显著负相关($r=-0.316$)，与穗粒质量(GQ)呈极显著正相关($r=0.417$)，与单穗质量(SQ)呈显著正相关($r=0.258$)，说明本试验材料在籽粒库容构建机制上更具优势。植株构型性状的网络关联特征显示，株高(PH)与主茎节数(NMS)及单株干物质积累量(DMAP)呈极显著正相关($r=0.422, 0.371$)，揭示植株纵向生长与茎秆机械强度的协同进化机制^[28]，这一发现为抗倒伏育种提供了新靶点。聚类分析将70份材料划分为4个类群(图6)，其中第Ⅱ类群(13份)的单株产量(18.7 g)和穗粒数较对照品种提高42.3%，与王晓娟等^[29]在甘肃地区的表型鉴定吻合。聚类分析将70份种质划分为抗倒伏性强、高产潜力大和早熟型等4个类群，这与张晓磊等^[30]的研究结果一致。主成分分析(PCA)显示前两个主成分累计解释59.40%的遗传变异(图1)，低于魏骞等^[31]在榆林地区的解释率(41.321%~83.702%)，反映谷子数量性状受多基因调控的特征更为显著。PC1轴上生育期(|Loading|>0.85)和株高的强载荷特征与全基因组选择分析中Chr5和Chr8的QTL热点区定位结果一致^[32]。未来研究可基于高密度SNP标记整合全基因组关联分析(GWAS)与转录组调控网络，重点解析穗部性状和产量相关性状的QTL热点区(如Chr5/Chr8)^[33]。通过建立表型-基因型关联数据库，筛选调控穗发育(如SPL转录因子)、籽粒灌浆(Sus/SBE基因家族)及株型建成(BR信号通路)的关键候选基因^[34-36]。结合基因组选择(GS)模型构建多性状选择指数，利用CRISPR/Cas9基因编辑创制等位变异叠加种质，同时开发功能分子标记(如InDel、SSR)实现穗型-抗倒伏-产量协同改良的精准聚合育种^[37]。

4 结论

本研究系统解析了70份谷子种质资源的遗传多样性特征及性状关联规律。质量性状中，穗型($H'=1.084$)和穗松紧度($H'=0.943$)遗传多样性最丰富，而幼苗叶姿($H'=0.328$)遗传基础相对狭窄。表型分布显示，82.86%材料为纺锤穗型，81.74%谷粒呈黄色，58.57%穗松紧度为中等，表明核心种质存在显著表型趋同。数量性状

中，穗粒质量(CV=21.11%， $H'=2.087$)、产量(CV=20.44%， $H'=2.091$)及单穗质量(CV=15.68%， $H'=2.018$)呈现高变异与遗传多样性，其中产量呈广谱分布(3 600.18~9 013.78 kg·hm⁻²)，主峰位于400.00~500.00 kg区间，遗传改良潜力突出。相关分析揭示产量(Y)与穗粒质量(GQ)呈极显著正相关($r=0.417$)，与单穗质量(SQ)呈显著正相关($r=0.258$)，确立了穗部性状对产量的核心贡献。主成分分析提取前两主成分(累计59.40%)显示，生育期和株高主导PC1(32.40%)，产量构成因子主导PC2(27.00%)。聚类分析将种质划分为4个特征类群，其中第Ⅱ类(21.43%)单株产量达23.73 g，穗长24.38 cm，穗粗27.12 mm，可作为高产育种亲本；第Ⅲ类(27.71%)生育期101~117 d，早熟特性显著。研究结果为定向改良穗部性状、协调源库关系及挖掘特异种质提供了理论依据。

参考文献 Reference:

- [1] 李顺国, 刘斐, 刘猛, 等. 中国谷子种植历史演变及未来发展方向[J]. 粮油食品科技, 2022, 30(4): 60-67.
- [2] 贾冠清, 刁现民. 谷子(*Secretariat capital* (L.) P. Beau.)作为功能基因组研究模式植物的发展现状及趋势[J]. 生命学报, 2017, 29(3): 292-301.
- [3] ZHANG L, MA K, ZHAO X, et al. Development of a comprehensive quality evaluation system for foxtail millet from different ecological regions[J]. *Foods*, 2023, 12(13): 2545.
- [4] 贾冠清, 刁现民. 中国谷子种业创新现状与未来展望[J]. 中国农业科学, 2022, 55(4): 653-665.
- [5] YANG T, MA S, LIU J, et al. Influences of four processing methods on main nutritional components of foxtail millet: a review[J]. *Grain & Oil Science and Technology*, 2022, 5(3): 156-165.
- [6] SUN M, KANG X, WANG T, et al. Genotypic diversity of quality traits in Chinese foxtail millet (*Setaria italica* L.) and the establishment of a quality evaluation system[J]. *Food Chemistry*, 2021, 353: 129421.
- [7] QIAO J, LI G, LIU M, et al. Effects of different planting patterns on growth and yield components of foxtail millet[J]. *Agronomy*, 2025, 15(4): 840.
- [8] 刁现民, 王立伟, 智慧, 等. 谷子中矮秆资源创制, 遗传解析和育种利用[J]. 作物学报, 2024, 50(2): 265-279.
- [9] 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.
- [10] 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.
- [11] 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.
- [12] 刘思辰, 乔治军, 曹晓宁, 等. 山西谷子地方品种农艺性状和品质性状的综合评价[J]. 中国农业科学, 2020, 53(11): 2137-2148.
- [13] 杨馥熔, 杜 冰, 郭浩杰, 等. 谷子主要表型性状与籽粒粒酸含量的相关分析[J]. 干旱地区农业研究, 2024, 42(5): 54-62.
- [14] 杨延兵, 张会笛, 陈桂玲, 等. 不同生态区骨干谷子品种表型鉴定与遗传分析[J]. 核农学报, 2021, 35(5): 1020-1029.
- [15] 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.
- [16] 王京新, 赵 宇, 夏雪岩, 等. 禾本科杂粮作物养分高效机理及指标研究进展[J]. 植物营养与肥料学报, 2024, 30(4): 786-800.
- [17] 陆 平. 谷子种质资源描述规范和数据标准: 7-109-10723-X[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [18] 史慎奎, 祁东梅, 王春芳, 等. 谷子 DUS 测试标准品种指纹图谱的构建与应用[J]. 山西农业科学, 2024, 52(1): 10-18.
- [19] 袁 迪, 智 慧, 王海岗, 等. 我国谷子登记品种遗传多样性分析及综合评价[J]. 作物杂志, 2024(4): 14-23.
- [20] 纪军建, 付国庆, 寇淑君, 等. 谷子新品种 DUS 测试数量性状分级及遗传多样性研究[J]. 种子, 2022, 41(9): 17-27.
- [21] 王琳琳, 王 平, 王振林, 等. 基因型×环境互作下小麦氮代谢相关性状的遗传和相关性分析[J]. 植物营养与肥料学报, 2015, 21(3): 549-560.
- [22] 纪军建, 霍阿红, 寇淑君, 等. 基于 DUS 测试分析华北春谷品种选育基本性状的选择趋势[J]. 作物杂志, 2021(1): 88-95.
- [23] 解 云, 李强郭, 世 华. 30 份谷子品种农艺性状的遗传多样性及相关性[J]. 分子植物育种, 2020, 18(9): 3079-3085.
- [24] 吕建珍, 王宏勇, 任 莹, 等. 不同生态区谷子品种表型鉴定及 SSR 遗传多样性分析[J]. 核能学报, 2023, 37(3): 471-482.
- [25] 相吉山, 张恒儒, 刘 涵, 等. 不同生态区谷子种质资源表型比较分析[J]. 中国农业科技导报, 2020, 22(9): 31-41.
- [26] MAKWANA K, TIWARI S, TRIPATHI M K, *et al.* Morphological diversity analysis of foxtail millet (*Setaria Italica* (L.) Beauv.) using qualitative and quantitative traits [J]. *Scientist*, 2023, 2(2): 319-326.
- [27] MIZUNO N, ISHIKAWA G, KOJIMA H, *et al.* Genetic mechanisms determining grain number distribution along the spike and their effect on yield components in wheat [J]. *Molecular Breeding*, 2021, 41(10): 62.
- [28] ZHANG Y, LIU W, HE S. Effect of vegetation growth on morphological traits of vegetation and biomechanical features of roots [J]. *Plant and Soil*, 2024, 494(1): 395-411.
- [29] 王晓娟, 祁旭升, 王兴荣, 苏俊阳. 甘肃省谷子地方种质资源遗传多样性分析[J]. 干旱地区农业研究, 2009, 27(6): 129-153.
- [30] 张晓磊, 王晓明, 范光宇, 等. 基于主成分分析和聚类分析的谷子种质资源主要农艺性状综合评价[J]. 山西农业科学, 2025, 53(1): 1-11.
- [31] 魏 骞, 明 宇, 张盼盼, 等. 谷子种质资源在榆林地区的农艺性状分析及适应性评价[J]. 陕西农业科学, 2024, 70(8): 63-71.
- [32] 刘得隆, 李世玉, 王传星, 等. 谷子不同发育时期株高性状的变化及动态 QTL 定位 [J]. 中国农业科学, 2024, 57(18): 3533-3550.
- [33] 郭淑青, 宋 慧, 柴少华, 等. 谷子生育期及穗相关性状的 QTL 定位 [J]. 中国农业科学, 2022, 55(15): 2883-2898.
- [34] ZHI H, HE Q, TANG S, *et al.* Genetic control and phenotypic characterization of panicle architecture and grain yield-related traits in foxtail millet (*Setaria italica*) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(9): 3023-3036.
- [35] WANG D, SU M, HAO J H, *et al.* Dynamic transcriptome landscape of foxtail millet grain development [J]. *Seed Biology*, 2023, 2(1).
- [36] WANG Z, HAO J, SHI X, *et al.* Integrating dynamic high-throughput phenoty and genetic analysis to monitor growth variation in foxtail millet [J]. *Plant Methods*, 2024, 20(1): 168.
- [37] 刘光宇, 徐晓静, 夏科科, 等. 基于原生质体的谷子 CRISPR/Cas9 基因编辑系统优化 [J]. 河南农业科学, 2022, 51(1): 34-42.

Genetic Diversity Analysis of Phenotype Traits in 70 Core Foxtail Millet Germplasm Resources

ZHAO Yun¹, LIU Jun¹, FENG Guojun¹, HU Xiangwei¹, WANG Hui¹,
ZAITUNIGULI • Kuerban¹, YANG Baoyi¹, WANG Hongjin¹, WU Yue²,
LIU Yaxin², AYIJIAMALI • Alimu³ and YILIMUNUER • Bakeer³

(1. Institute of Crop Research, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830002, China; 2. College of Agronomy, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830002, China; 3. College of Biological Science and Technology, Yili Normal University, Yili Xinjiang 835000, China)

Abstract Foxtail millet (*Setaria italica* L.), known for its climate resilience and dual-purpose utility, is underutilized in breeding programs despite its agricultural potential. To assess genetic diversity and phenotypic variation in 70 foxtail millet accessions and support elite germplasm selection, this study analyzed eight qualitative and 14 quantitative traits using genetic diversity index (H'), coefficient of variation (CV), correlation, principal component (PCA), and cluster analysis. Among qualitative traits, panicle type ($H'=1.084$) and compactness ($H'=0.943$) showed the highest genetic diversity, while seedling leaf posture had the lowest ($H'=0.328$). Spindle panicles (82.86%), moderate compactness (58.57%), and yellow grains (81.74%) were predominant. For quantitative traits, grain mass per panicle (CV=20.25%, $H'=2.087$), yield (CV=17.38%, $H'=2.091$), and panicle mass per plant (CV=15.99%, $H'=2.018$) showed the most significant variation. Growth period ($H'=1.534$) and grain output rate ($H'=1.362$) were less variable. Correlation analysis showed that yield (Y) was highly significantly negatively correlated with plant height (PH) ($r=-0.316$), highly significantly positively correlated with grain quality per panicle (GQ) ($r=0.417$), and significantly positively correlated with spike mass (SW) ($r=0.258$). PCA identified two components (cumulative contribution: 59.40%): with PC1 (32.40%) strongly associated with growth period ($|Loading|>0.85$) and PC2 (27.00%) with 1 000-grain mass ($|Loading|=0.78$) and panicle mass per plant. Cluster analysis classified the accessions into four groups: Group I ($n=8$) with strong lodging resistance (plant height: 119.13 cm, stem diameter: 9.23 mm); Group II ($n=15$) with early-maturity (105–113 d); Group III ($n=37$) with high yield (7 043.21 kg \cdot hm $^{-2}$); and Group IV ($n=29$) with balanced traits (CV<9.6%). These results demonstrated substantial genetic diversity, with yield-related traits as key contributors to phenotypic variation. The strong association between grain mass per panicle and panicle mass per plant suggest potential for synergistic yield improvement. The identified accessions represent valuable resources for targeted breeding and genetic enhancement of foxtail millet.

Key words Foxtail millet; Endoplasm resources; Phenotypic traits; Genetic diversity

Received 2025-04-28

Returned 2025-07-15

Foundation item Precision Identification of Salt-Alkali Tolerance and Gene Mining in Foxtail Millet Germplasm Resources (No. 2025D01B136); Cloning of Key Drought-Tolerant Genes and Development of New Materials in Foxtail Millet (No. ZYYD2025ZY06); Research and Demonstration of Key Technologies for Improving Quality and Efficiency in Foxtail Millet (No. 2023SNGGGCC005); Urumqi Comprehensive Experimental Station of the National Foxtail Millet and Sorghum Industry Technology System (No. CARS-06-B30).

First authors ZHAO Yun, male, master, associate research fellow. Research area: breeding, cultivation, and extension of coarse cereals. E-mail: 1041912942@qq.com

LIU Jun, male, master, assistant research fellow. Research area: crop breeding, cultivation, and extension. E-mail: xjliujun0517@Lina.com

Corresponding author FENG Guojun, female, Ph. D, research fellow. Research area: breeding, cultivation, and extension of coarse cereals. E-mail: fengguojxj@126.com

(责任编辑: 成敏 Responsible editor: CHENG Min)