

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.09.010

引用格式:王伟伟,王豫婉,郭一获,等.48份狼尾草属材料表型及遗传多样性分析[J].草地学报,2026,34(9):3246—3259

WANG Wei-wei, WANG Yu-wan, GUO Yi-di, et al. Phenotypic and Genetic Diversity Analysis of 48 *Pennisetum* Germplasm Resources[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(9):3246—3259

48份狼尾草属材料表型及遗传多样性分析

王伟伟¹, 王豫婉², 郭一获², 范希峰², 岳跃森², 滕珂², 孙鑫博^{1*}, 刘凌云^{2*}

(1. 河北农业大学, 河北保定 071000; 2. 北京市农林科学院草业花卉与景观生态研究所, 北京 100097)

摘要:狼尾草属(*Pennisetum* spp.)植物兼具生态修复、园林观赏与饲用价值,开展狼尾草种质资源遗传多样性研究,可为新品种选育与开发利用提供理论依据。本研究以48份狼尾草种质资源为材料,通过表型性状测定和简单重复序列(Simple sequence repeats, SSR)分子标记技术,系统评价其表型、遗传多样性及群体结构。结果显示,4个表型性状变异系数为28.10%~96.92%,遗传多样性指数为2.49~2.83,多样性丰富;株高与叶宽极显著正相关,分蘖与株高显著负相关、与叶宽极显著负相关;表型聚类可分为3类。SSR标记从20对引物中检测到122个等位基因,平均每对6.10个,Shannon's多样性指数0.35~0.64,多态性信息含量0.25~0.79,平均遗传距离0.43;基于不同相似系数阈值,UPGMA聚类将供试材料划分为3~5个类群,群体遗传结构可分为3组且组间遗传背景差异显著。本研究阐明了48份狼尾草种质的遗传多样性及群体结构,为后续种质鉴定和新品种选育奠定理论基础。

关键词:狼尾草属;表型多样性;SSR分子标记;遗传多样性;群体结构;DNA指纹图谱

中图分类号:S688.4

文献标识码:A

文章编号:1007-0435(2026)09-3246-14

Phenotypic and Genetic Diversity Analysis of 48 *Pennisetum* Germplasm Resources

WANG Wei-wei¹, WANG Yu-wan², GUO Yi-di², FAN Xi-feng², YUE Yue-sen²,
TENG Ke², SUN Xin-bo^{1*}, LIU Ling-yun^{2*}

(1. Hebei Agricultural University, Baoding, Hebei Province 071000, China; 2. Institute of Grassland, Flowers and Ecology, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing 100097, China)

Abstract: The features of ecological restoration, ornamental garden, and forage values are possessed by *pennisetum* plants. Research on the genetic diversity of *pennisetum* germplasm resources can be conducted to offer theoretical basis for new variety breeding, development, and utilization. In this study, 48 *Pennisetum* germplasm resources were used as materials. Through phenotypic trait determination and SSR molecular marker technology, phenotypic characteristics, genetic diversity, and population structure were systematically evaluated. The results showed that the coefficient of variation for four phenotypic traits was observed to range from 28.10% to 96.92%, with a genetic diversity index of 2.49 to 2.83, indicating rich diversity. Plant height was found to be significantly positively correlated with leaf width, while tillering was observed to be significantly negatively correlated with plant height and significantly negatively correlated with leaf width. Phenotypic clustering was determined to be divisible into three categories. A total of 122 alleles were detected from 20 primer pairs by SSR markers, with an average of 6.10 per pair. Shannon's diversity index was measured to range from 0.35 to 0.64, polymorphism information content was measured to range from 0.25 to 0.79, and the average genetic distance was calculated to be 0.43. UPGMA clustering was divided into three to five categories as the similarity coefficient was increased, and the population genetic structure was determined to be divisible into three groups with significant differences in genetic background among groups. In this study, the genetic diver-

收稿日期:2025-09-25;修回日期:2025-12-30

基金项目:国家自然科学基金项目(32471755);北京市农林科学院科技创新专项(KJCX20251208);云南省重点研发计划(202403AP140045)资助

作者简介:王伟伟(1999-),女,汉族,河北邯郸人,硕士研究生,主要从事狼尾草研究,E-mail: 2247128930@qq.com;*通信作者 Author for correspondence, E-mail: nxsb@hebau.edu.cn; liulingyun01@163.com

sity and population structure of 48 *Pennisetum* germplasm resources were elucidated, and a theoretical foundation was laid for subsequent germplasm identification and new variety breeding.

Key words: *Pennisetum* spp.; Phenotypic diversity; SSR marker; Genetic diversity; Population analysis; DNA fingerprinting

狼尾草属(*Pennisetum* spp.)隶属禾本科(Poaceae)黍亚科(Panicoideae),依据《中国植物志》分类系统,全世界该属已知物种约140种,主要分布于热带和亚热带地区,少数种类延伸至温带,非洲是其分布中心^[1-2]。我国狼尾草属含12个种及3个变种(含引种栽培),广泛分布于东北至西南各省^[2]。该属植物抗逆特性因种类而异:乡土狼尾草、白草等乡土种及部分变种,耐寒、耐旱、耐盐碱且耐贫瘠,对环境胁迫适应性强,兼具优美形态与丰富叶色花序,在园林造景和生态修复中潜力巨大;象草(*Pennisetum purpureum*)、杂交狼尾草(*P. glaucum*×*P. purpureum*)及美洲狼尾草(*P. glaucum* L.)等引种及杂交种耐寒性弱,多用作温暖区域牧草或生物质能源植物^[3-4]。

目前,对狼尾草属的研究已在表型、细胞遗传学、生理生化和分子生物学等层面展开。其中,张鹤山等^[5]分析了9份狼尾草表型性状发现,不同狼尾草种源间的表型差异主要受株高、花序长度等5个性状影响。张怀山等^[6]发现,29份中型狼尾草种质材料在植株长势和种子性状上都具有丰富的遗传多样性。对狼尾草属材料进行染色体数目的鉴定和分析发现狼尾草属内核型具有广泛多样性,其中象草是四倍体,核型为 $2n=28$,杂交狼尾草是三倍体,核型为 $2n=21$,‘雪绒’狼尾草(*P. orientace* ‘Xuerong’)为 $2n=36$,同时发现,国内狼尾草属牧草在种质名称、分类及生产应用中存在较为明显的混乱现象^[7-9]。生理层面的研究主要集中在其抗寒性、抗旱性等方面,胡远彬等^[10]通过测定植物胁迫生理指标,筛选出相对耐寒的‘川育1号’象草、‘邦得1号’杂交狼尾草;陆皎云等^[11]以14份乡土狼尾草为材料,筛选出抗寒性较强的材料L10;田宏等^[12]以34份狼尾草材料为对象,通过PEG-6000胁迫观察其种子发芽特性,筛选出7份抗旱乡土狼尾草;张怀山等^[13]进一步指出,中型狼尾草通过多种相关生理生化物质的协同调节动态应答逆境。

随着狼尾草属植物在园林景观建设与生态修复中的应用日益广泛,其遗传背景鉴定与分类研究工作也逐步开展。其中最为广泛的是通过简单序列重复(Simple sequence repeat, SSR)标记的方法

进行鉴定,Zhang等^[14]利用11对已发表的SSR标记对46个观赏型狼尾草进行鉴定识别,确立了9个原始分类单元并建立了唯一分子身份;Guo等^[15-16]从‘紫叶’狼尾草(*P. setaceus* ‘Rubrum’)转录组中开发了38对SSR标记对38份狼尾草属材料进行了遗传多样性分析,建立了SSR指纹图谱,为资源收集利用奠定基础;邹冰灿等^[7]通过SRAP(Sequence-Related Amplified Polymorphism)和SSR标记对22份象草及杂交狼尾草进行遗传多样性分析,明确了材料间亲缘关系并准确鉴定了染色体数目。然而,多数研究仅对狼尾草属同种资源进行分析,开发的分子标记难以覆盖狼尾草属跨种的分析及鉴定。因此,开发适用于狼尾草属多个物种高多态性的分子标记,并在此基础上对跨种资源进行表型及基因型的研究,有助于狼尾草属资源的分类与鉴定。

鉴于此,本研究广泛收集来自不同地域的48份狼尾草属材料,基于已发表的狼尾草属基因组信息进行SSR标记的开发,并开展遗传多样性分析;通过系统测定关键表型性状指标进行表型性状聚类分析,分别明确材料的表型分类特征与遗传多样性,全面评价狼尾草属材料的亲缘关系,以期揭示其遗传背景差异,为狼尾草属种质资源的科学评价与高效利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料包括48份狼尾草属种质资源,分别收集于河北、四川、云南、广西、江苏等地,包括10份乡土狼尾草、2份长序狼尾草、2份陕西狼尾草、7份杂交狼尾草、12份象草、15份美洲狼尾草(图1)。所有的材料经过扩繁种植于北京市农林科学院国家精准农业研究示范基地(表1)。

1.2 形态指标测定

为系统评价供试材料的形态学特征,本研究选取4个农艺性状指标进行测定,具体指标测定如下:

株高:开花期,每小区选10株,测量从地面至植株的最高部位的绝对高度,求其平均值(cm);

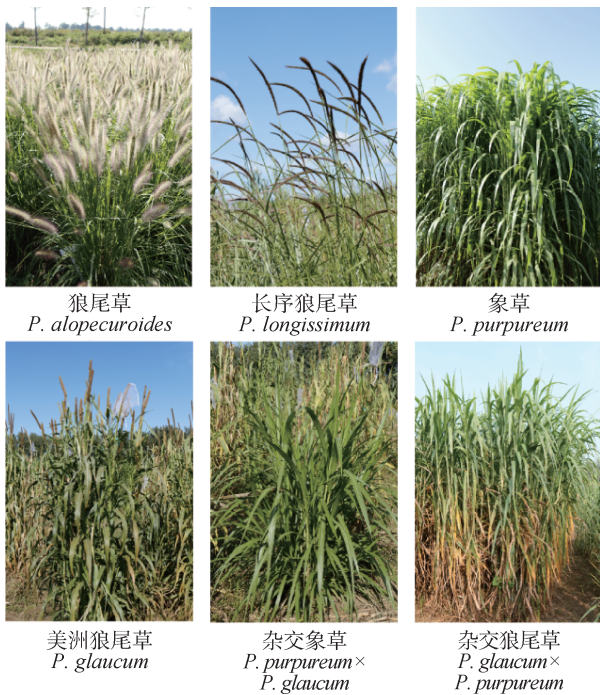


图1 部分狼尾草种质资源图

Fig. 1 Partial images of *Pennisetum* germplasm resources

叶长:开花期,每小区选10株中上部叶片,测量从叶基至叶尖的绝对长度,求其平均值(cm);

叶宽:开花期,以10株测叶长的相应叶片,测量叶片最宽处的绝对长度,求其平均值(cm);

分蘖数:开花期,每小区选10株,记录单株根部的分蘖个数,求其平均值(个)。

1.3 DNA提取及检测

用十六烷基三甲基溴化铵(Cetyltrimethylammonium bromide, CTAB)法提取DNA,操作步骤如下:取1 g左右狼尾草叶片置于2 mL离心管中,加入700 μ L CTAB溶液研磨后涡旋;65℃水浴30分钟;加入350 μ L氯仿/异戊醇(氯仿:异戊醇=24:1)与350 μ L饱和酚,于冰上静置10分钟;4℃,12 000 $r \cdot \min^{-1}$ 离心10分钟;弃上清,加入等体积的70%酒精,4℃,12 000 $r \cdot \min^{-1}$ 下离心5分钟;晾干,加入30 μ L水。测定提取的DNA浓度,用0.8%的琼脂糖凝胶电泳检测DNA的质量,并将DNA稀释至50 $ng \cdot \mu L^{-1}$ 的浓度并储存于-20℃冰箱保存备用。

1.4 引物设计及PCR扩增

SSR引物的开发:序列信息整合NCBI数据库中‘丽秋’狼尾草(PRJNA952524)^[17]、美洲狼尾草

(PRJNA749489)^[18]、象草(PRJNA649020)^[19]的全基因组测序数据,经TBtools软件筛选出在三个基因组中均具有保守性且多态性潜力较高的SSR位点,通过Primer 5设计特异性引物,由北京睿博兴科生物技术有限公司合成(表2)。进一步通过选取表型差异较大的几份材料进行PCR扩增反应,选取20对条带清晰、稳定性高、多态性好的引物用于后续实验研究,对全部48份材料进行SSR分子标记的PCR扩增反应。

使用优化后的10 μ L PCR反应体系,包括5 μ L 2 $\times$ Taq Master Mix(天根,北京,中国)、0.6 μ L正向引物、0.6 μ L反向引物、1 μ L DNA和2.8 μ L dd H₂O。PCR反应程序为:95℃预变性3 min,95℃变性15 s,56℃退火20 s,72℃延伸30 s,95℃变性15 s到72℃延伸30 s的过程循环35次,72℃延伸5 min。PCR扩增结束后,使用8.0%非变性聚丙烯酰胺凝胶,对PCR产物进行电泳,电压为170 V,电泳时间80 min。使用100 bp Marker(全式金,北京,中国)进行标记,电泳结束后通过银染色观察条带情况,拍照留存。

1.5 DNA指纹图谱构建

根据20对引物扩增条带的相对位置进行记录,有条带的记为1,无条带的记为0,汇总成包含48份狼尾草种质资源的“0,1”矩阵形式的DNA指纹图谱。利用在线二维码生成软件(<http://cli.im/>)为48份狼尾草种质资源构建对应的DNA指纹图谱。

1.6 数据处理

表型指标包括株高、叶长、叶宽、分蘖数等使用SPSS 26.0进行统计分析,使用ORIGIN 2024进行聚类分析。

在电泳检测结果中分别统计具有扩增条带的引物数量及扩增条带的数量,采用人工读胶的方法,有条带的记作“1”,不易分辨清楚或无带的记作“0”,建立原始矩阵。在相同的迁移率位置上统计引物预期扩增片段长度和实际扩增片段长度。使用NTSYS-PC V. 2.1根据标准化的Jaccard相似度计算分析遗传距离,用PopGene 32计算观测等位基因数Na、有效等位基因数Ne、基因多样性指数H、Shannon信息指数I,分析其遗传多样性,并计算引物的多态性信息含量,绘制UPMGA聚类图。

表 1 狼尾草资源列表
Table 1 List of *Pennisetum* resources

编号 Number	资源列表 Resource list	拉丁名 Latin name	种分类 Species classification
1	狼尾草 1	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
2	狼尾草 2	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
3	狼尾草 3	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
4	狼尾草 4	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
5	狼尾草 5	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
6	狼尾草 6	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
7	狼尾草 7	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
8	狼尾草 8	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
9	狼尾草 9	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
10	狼尾草 10	<i>P. alopecuroides</i>	乡土狼尾草 <i>Pennisetum alopecuroides</i>
11	长序狼尾草 1	<i>P. longissimum</i>	长序狼尾草 <i>Pennisetum longissimum</i>
12	长序狼尾草 2	<i>P. longissimum</i>	长序狼尾草 <i>Pennisetum longissimum</i>
13	陕西狼尾草 1	<i>P. shaanxiense</i>	陕西狼尾草 <i>Pennisetum shaanxiense</i>
14	陕西狼尾草 2	<i>P. shaanxiense</i>	陕西狼尾草 <i>Pennisetum shaanxiense</i>
15	邦得 1 号	<i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i> ‘Bangde No.1’	杂交狼尾草 <i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>
16	热研 2 号	<i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i> ‘Reyan No.2’	杂交狼尾草 <i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>
17	闽牧 6 号	<i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i> ‘Minmu No.6’	杂交狼尾草 <i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>
18	ZL1	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>P. purpureum</i>
19	ZL2	<i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>	杂交狼尾草 <i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>
20	ZL3	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>P. purpureum</i>
21	ZL5	<i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>	杂交狼尾草 <i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>
22	ZL6	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>P. purpureum</i>
23	ZL7	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>P. purpureum</i>
24	ZL8	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>P. purpureum</i>
25	GG 杂狼	<i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>	杂交狼尾草 <i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>
26	桂牧 1 号	(<i>P. americanum</i> × <i>P. purpureum</i>)× <i>P. purpureum</i> ‘Guimu No.1’	杂交象草 (<i>P. glaucum</i> × <i>P. purpureum</i>)× <i>P. purpureum</i>
27	川育 1 号	<i>Purpureum</i> ‘Chuanyu No.1’	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>
28	HZTCK	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>
29	甜象草	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>
30	象草 3	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>
31	云牧 1 号	<i>P. purpureum</i> ‘Yunmu No.1’	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>
32	多叶象草	<i>P. purpureum</i>	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>
33	紫色象草	<i>Pennisetum purpureum</i> ‘Zise’	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>
34	PI 295157	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
35	PI 311273	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
36	PI 316663	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
37	PI 316664	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
38	PI 316665	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
39	PI 320154	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
40	PI 325965	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
41	PI 325968	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
42	PI 325975	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
43	PI 325983	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
44	PI 325520	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
45	PI 331348	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
46	PI 331350	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
47	PI 331353	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>
48	PI 526310	<i>P. glaucum</i>	美洲狼尾草 <i>Pennisetum glaucum</i>

表 2 20 对引物信息

Table 2 Information of 20 pairs of primers

引物编号 Primer number	引物序列 Primer sequence	
	正向引物 F Forward primer	反向引物 R Reverse primer
<i>Ps</i> -12	CTTTACCCAAACAGCCCTC	TCTGGATTAACCACTTCGGC
<i>Ps</i> -17	GACCAGTCGCTCTCGACC	TAATCCACCTTCCAAGCCAG
<i>Ps</i> -36	CCGCTGTAACCTCTCAGCCAC	CACTCCTTCACTCAGCCTCC
<i>Ps</i> -40	TTCCACATCTCCGTTCTCT	CCTTGAAGTTCTCCTCGTCG
<i>Ps</i> -42	GAGGCCTCTCCCTCTCTCTC	GACCAAACCCAAACCCAAAC
<i>Pa</i> 2	ATCCCTACAGCATCAGCAC	CGGCGGAGAGATCTTATTCA
<i>Pa</i> 4	ACGCCGTTTTTCGTGTAGTCT	TCCACAAGGTGACCTCACTG
<i>Pa</i> 5	CTGCATTGCAACATCCTCAC	AACCTGCAGTGGAAGCAATC
<i>Pa</i> 6	TGTGCCACAGCTTGTTCCTC	CAAGCAGCCAGTTCCTCATC
<i>Pa</i> 8	TGGCTTCCAGACTAATCATCAC	TTATTTTAGCGCGAGATTGAC
<i>Pa</i> 9	AGCAGCCCAGTAATACCTCAGCTC	AGCCCTAGCGCACAACACAAACTC
<i>Pa</i> 10	TTGGACGATTTGGAAGCATAG	GAGGAAAAGAGCCATACAGAGAC
<i>Pp</i> 1	ATGCAAAGCTCGCTCACCT	TCTGCCTTATCTGCCCACTCT
<i>Pp</i> 2	CCAAGGCGTCGAAGGCTATA	CAAAGGTTTCCTCGCAGTCA
<i>Pp</i> 3	ACCGTGTTCCCTCGGGTCTAAT	TGGAGCCACAGTCGCAAAAG
<i>Pp</i> 4	GCGTCTCGTGGTCGTAGTAGTT	GTCGCAATCGCCATTCAA
<i>Pp</i> 5	AAAAGTCCACCACCATAGCAGC	CGTCCGATTCCAGGCAAGTAT
<i>Pp</i> 6	TTCAGGAGTCAGGAGGAGTAGC	CTAAAGCAAACGGAGGTGGA
<i>Pp</i> 7	GCTGTCTCGGCTGCATTTT	CCTACGCAAGTATCCCATTCT
<i>Pp</i> 8	CGGAGGGAGTAGCATTTGGA	TGTTAGGGAAGTTGGCATTAGG

多态信息含量 (Polymorphism information content, PIC) 反映 DNA 变异程度, 是衡量物种多态性的一个重要指标^[20], 反映微卫星 DNA 多态高低, PIC 值取决于检测的等位基因的数目和它们的频率分布, 计算公式如下:

$$PIC = 1 - \sum_j P_{ij}^2 [21]$$

式中: P_i , P_j 分别为群体中第 i , j 个等位基因频率。

利用 Structure 2.3.4 软件^[22]对 48 个样本进行群体遗传结构分析, 设置 $K=1\sim 10$, Burn-in 期为 5000, MCMC (Markov Chain Monte Carlo) 设为 100 000, 每个 K 值运行 20 次, 并算出最佳 ΔK 值。根据最佳 K 值结果对群体遗传结构进行作图。

2 结果与分析

2.1 表型性状分析

2.1.1 表型遗传多样性分析 对 48 份狼尾草属材料的 4 个农艺性状 (株高、叶长、叶宽、分蘖) 进行遗传多样性分析 (表 3、表 4), 结果显示: 各性状的遗传多样性指数介于 2.49~2.83 之间, 平均值为 2.66。4 个农艺性状的变异系数在 28.10%~96.92%, 分蘖的变异系数最大, 为 96.92%, 狼尾草 3 的分蘖数最多, 为 180 个, 平均值为 47.60; 叶长的变异系数最小, 为 28.10%, ‘邦得 1 号’ 的叶长最大, 为 116.20 cm, PI 325983 的叶长最小, 为 42.20 cm, 平均值为 77.66 cm。狼尾草属种质资源间存在显著的遗传差异, 变异幅度较大, 整体遗传丰富度较高。

表 3 表型性状遗传多样性比较

Table 3 Comparison of genetic diversity of phenotypic traits

性状 Trait	最大值 Max	最小值 Min	极差 Range	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV/%
株高 Plant height/cm	271.00	88.73	182.27	171.48	50.43	29.40
叶长 Leaf length/cm	116.20	42.20	74.00	77.66	21.79	28.10
叶宽 Leaf width/cm	5.25	0.70	4.55	2.91	1.34	46.00
分蘖 Tillering/piece	180.00	11.00	169.00	47.60	45.69	96.90

2.1.2 表型相关性分析 对狼尾草种质资源的 4 个农艺性状进行相关性分析 (图 2)。其中株高与

叶宽呈极显著正相关 ($r=0.64$, $P<0.01$); 分蘖与株高呈显著负相关 ($r=-0.44$, $P<0.05$), 与

表 4 48 份狼尾草材料表型数据
Table 4 Phenotypic data and analysis of variance of 48 *Pennisetum* Materials

材料Material	株高 Plant height/cm	叶长 Leaf length/cm	叶宽 Leaf width/cm	分蘖 Tillering/个
乡土狼尾草 1	122.38±6.42	83.23±7.83	1.43±0.15	82.00±8.49
乡土狼尾草 2	125.50±12.34	94.38±7.57	0.90±0.14	133.00±7.07
乡土狼尾草 3	124.00±7.62	70.20±4.03	0.90±0.08	180.00±2.83
乡土狼尾草 4	110.90±5.94	71.68±3.49	0.88±0.10	134.00±38.18
乡土狼尾草 5	121.75±5.93	62.05±9.11	0.98±0.19	95.50±7.78
乡土狼尾草 6	100.00±5.07	57.60±8.53	0.95±0.13	72.50±2.12
乡土狼尾草 7	124.75±5.67	55.05±4.98	0.80±0.08	98.00±26.87
乡土狼尾草 8	88.73±13.70	57.48±7.01	0.70±0.08	91.00±24.04
乡土狼尾草 9	121.05±4.78	81.88±13.56	0.90±0.18	105.00±66.47
乡土狼尾草 10	125.08±9.97	75.35±7.83	0.88±0.19	123.00±5.66
长序狼尾草 1	173.50±11.70	65.75±3.10	1.63±0.10	132.00±5.66
长序狼尾草 2	192.88±16.67	73.18±6.68	1.78±0.19	119.00±5.66
陕西狼尾草 1	193.75±8.30	60.13±4.24	1.60±0.18	124.00±9.90
陕西狼尾草 2	193.75±3.50	59.88±2.10	1.61±0.09	81.50±20.51
邦得 1 号	168.25±8.85	116.20±8.49	5.25±0.93	18.00±2.83
热研 2 号	203.25±9.74	101.03±6.75	4.43±0.46	13.50±3.54
闽牧 6 号	209.25±22.75	112.88±3.48	4.03±0.43	14.50±6.36
ZL1	235.75±40.26	99.53±3.61	4.48±0.63	16.00±5.66
ZL2	263.00±10.95	97.08±5.29	3.50±0.50	15.00±1.41
ZL3	267.25±10.59	99.90±7.24	3.80±0.34	16.50±2.12
ZL5	271.00±11.60	101.25±6.08	3.70±0.50	12.50±2.12
ZL6	244.50±20.27	88.50±8.89	3.93±0.25	13.50±4.95
ZL7	259.0±16.33	99.38±1.84	3.88±0.43	15.50±0.71
ZL8	188.25±11.15	108.78±11.54	3.40±0.22	26.00±1.41
GG 杂狼	222.00±11.28	96.05±9.45	3.73±0.53	23.00±0.00
桂牧 1 号	156.25±17.35	94.43±6.64	3.90±0.54	15.00±4.24
川育 1 号	264.00±7.62	96.75±2.25	4.00±0.32	24.5±3.54
HZTCK	198.00±20.93	106.93±5.66	4.18±0.21	18.5±0.71
甜象草	191.75±17.58	102.00±9.46	4.00±0.14	21.00±4.24
象草 3	152.00±9.90	108.20±2.30	3.85±0.55	23.00±11.31
云牧 1 号	251.25±17.46	99.43±6.75	3.43±0.68	11.00±1.41
多叶象草	163.75±19.62	100.00±13.64	4.55±0.56	20.00±1.41
紫色象草	209.75±12.84	92.18±13.28	4.33±0.13	16.00±1.41
PI 295157	130.00±23.33	43.50±14.85	2.65±0.92	8.00±2.83
PI 311273	154.38±11.14	59.38±5.92	3.13±0.22	7.75±1.50
PI 316663	177.75±14.69	59.63±8.93	3.45±0.33	7.75±2.22
PI 316664	170.00±13.44	58.00±4.24	3.25±0.21	7.00±1.41
PI 316665	176.00±12.59	56.88±8.43	4.63±0.73	6.00±1.83
PI 320154	117.38±13.05	48.45±7.17	2.28±0.46	7.75±1.26
PI 325965	146.25±35.93	51.03±7.76	3.05±0.78	10.75±2.36
PI 325968	175.18±8.05	65.88±4.31	4.00±0.29	8.75±4.35
PI 325975	135.83±12.33	55.83±3.25	2.17±0.21	4.67±0.58
PI 325983	111.38±34.94	42.20±12.8	2.48±1.04	7.50±1.29
PI 325520	172.67±17.27	72.67±5.11	4.43±0.42	5.67±0.58
PI 331348	162.50±9.55	51.38±13.22	2.63±0.50	11.5±1.73
PI 331350	100.58±5.28	49.75±4.99	2.28±0.13	8.75±0.96
PI 331353	150.50±19.94	56.80±8.51	2.93±0.25	6.50±1.91
PI 526310	127.00±10.58	60.00±2.60	3.73±0.72	8.00±1.00

叶长呈不显著负相关($r=-0.24$),与叶宽呈极显著负相关($r=-0.81, P<0.01$)。狼尾草种质资源各观测农艺性状之间存在相互关联、彼此影响。

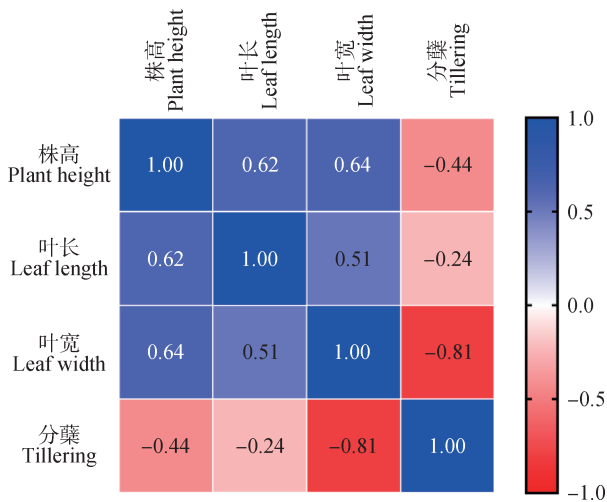


图2 表型性状的相关性分析

Fig. 2 Correlation analysis of phenotypic traits

2.1.3 基于表型性状的聚类分析 对供试材料表型性状开展聚类热图分析(图3),48份狼尾草种质资源可划分为3个类群。第I类群含以杂交狼尾草及‘川育1号’为代表的8份材料,占总资源的16.67%,其平均株高为256.97 cm,显著高于其余类群,适合作为饲草育种的高产亲本。第II类群包含以美洲狼尾草及部分象草为代表的26份材料,占总资源的54.17%,该类群株高中等,平均株高为164.27 cm。第III类群包含狼尾草1~10号、长序狼尾草及陕西狼尾草的14份材料,占总资源的29.17%,该类群株高较低,为137.00 cm,平均分蘖数达104个,显著高于其余类群,适用于耐贫瘠或密植型景观草育种。

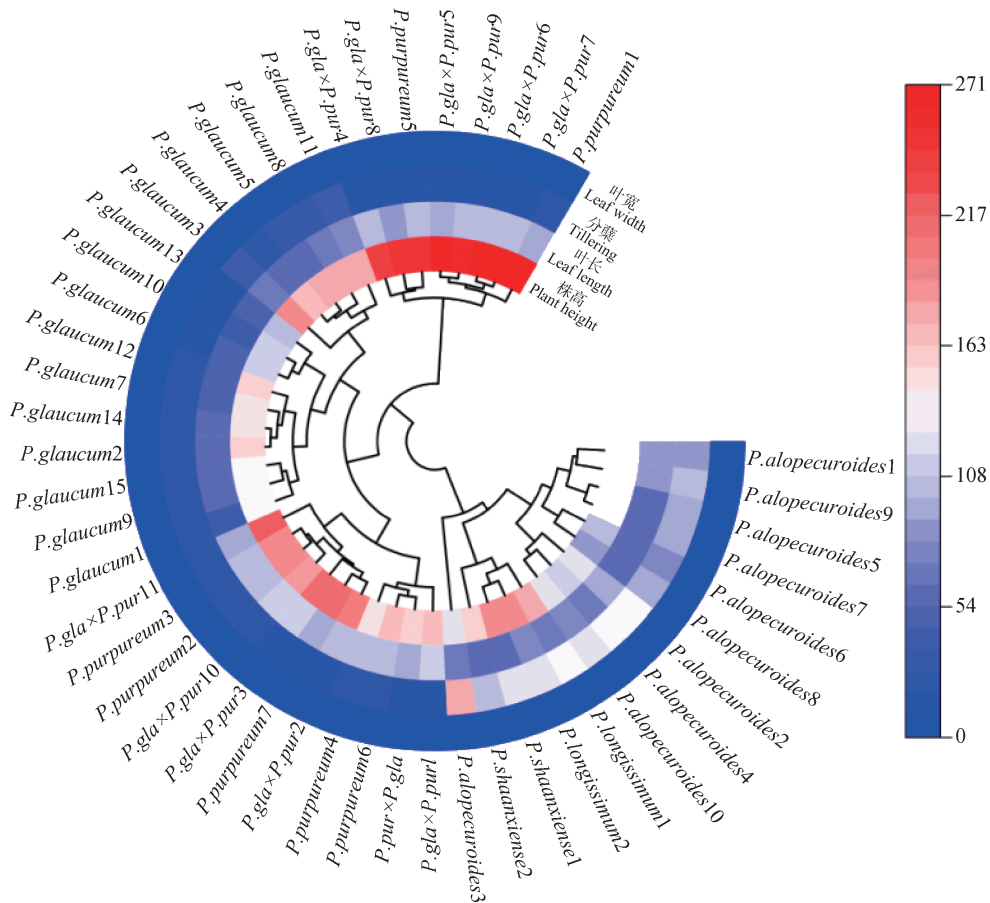


图3 基于表型标记的48份狼尾草品种聚类热图

Fig. 3 Clustering heatmap of 48 *Pennisetum* varieties based on phenotypic markers

2.2 SSR分子标记分析

2.2.1 SSR位点多态性分析 用20对引物对48份狼尾草属材料DNA进行PCR扩增,通过非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,得到清晰可辨的扩增条带(图4)。基于这些条带的带型统计与分析,由表5可

知,20对引物在48份狼尾草种质中共检测出122个等位基因(Na),平均每对引物等位基因数目为6.10个,最小等位基因数目为3个,最大等位基因数目为10个。Shannon's多样性指数(I)为0.35(Ps-12)~0.64(Pp2),平均值为0.54。Nei's多样性指数(H)

的数值范围为 0.22(Ps-12)~0.46(Pp5),多态性信息含量(PIC)为 0.25(Pp2)~0.79(Ps-12),平均值为 0.60,其中除 Pp2 引物 PIC 值为 0.25 外,其余 19 对引物 PIC 值均大于 0.25,说明本实验中 95.45% 的引物都具有中高度多态性,能够较好地分析种质资源遗传多样性。

表 5 狼尾草种质的遗传多样性参数

Table 5 Genetic diversity parameters of *Pennisetum* accessions

位点 Locus	等位基因 Na	有效等位基因 Ne	Shannon's 多态性信息指数 I	Nei's 多样性指数 H	多态位点百分率 PPB	多态信息含量 PIC
Ps-12	7	7	0.35	0.22	100%	0.79
Ps-17	10	9	0.48	0.30	90%	0.62
Ps-36	7	7	0.58	0.39	100%	0.39
Ps-40	7	7	0.55	0.36	100%	0.42
Ps-42	5	4	0.37	0.24	80%	0.62
Pa2	6	6	0.43	0.28	100%	0.77
Pa4	10	10	0.54	0.36	100%	0.33
Pa5	3	3	0.61	0.42	100%	0.69
Pa6	10	8	0.41	0.27	80%	0.45
Pa8	3	3	0.61	0.42	100%	0.65
Pa9	7	6	0.45	0.29	85.7%	0.51
Pa10	6	6	0.60	0.41	100%	0.61
Pp1	7	7	0.62	0.43	100%	0.37
Pp2	8	8	0.64	0.45	100%	0.25
Pp3	4	4	0.62	0.43	100%	0.69
Pp4	5	5	0.60	0.41	100%	0.58
Pp5	3	3	0.65	0.46	100%	0.73
Pp6	5	5	0.59	0.40	100%	0.70
Pp7	5	5	0.59	0.40	100%	0.70
Pp8	4	4	0.62	0.43	100%	0.71
均值 Average	6.1	5.85	0.54	0.37	96.8%	0.60

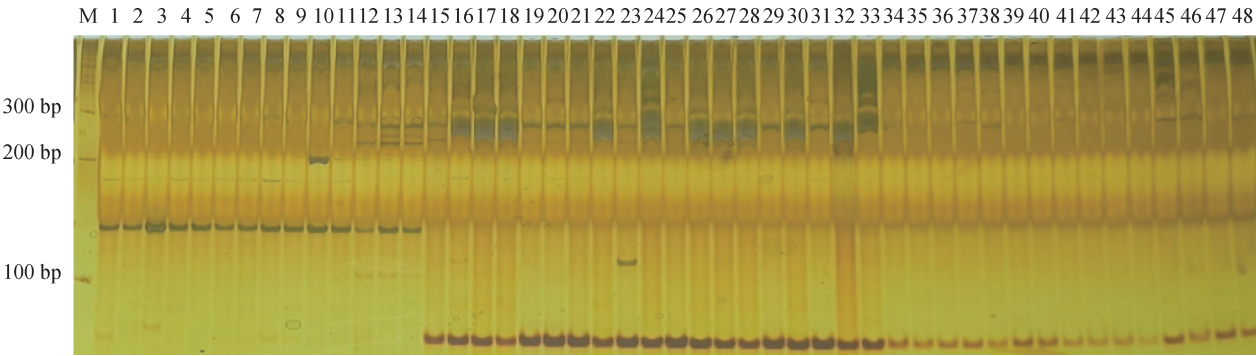


图 4 引物 Pp1 非变性聚丙烯酰胺凝胶图

Fig. 4 Non-denaturing polyacrylamide gel image of primer Pp1

注:1~48 为 48 个种质资源的序号,与表 1 材料编号一一对应。M 为 marker

Note: The lanes 1-48 stand for 48 accessions corresponding to Table 1. M represents the marker

2.2.2 UPGMA 聚类分析 通过 UPGMA 聚类,48 份狼尾草种质资源(图 5)的遗传相似系数范围为 0.49~0.97,在遗传相似系数为 0.54 处,分为 3 个类群。类群 1 包含 11 份材料,主要为乡土狼尾草 1~10 及 1 份长序狼尾草;类群 2 包含 3 份材料,主要为长序狼尾草及陕西狼尾草;类群 3 包含 34 份材料,为美洲狼尾草、象草及杂交狼尾草等。在遗传相似系数为 0.67 处可将 48 份狼尾草材料划分为 5 个类群。类群

1 包含 10 份材料,主要为乡土狼尾草 1~10 号材料;类群 2 及类群 3 包含 4 份材料,主要为长序及陕西狼尾草;类群 4 包含 19 份材料,均为象草及杂交狼尾草;类群 5 包含 15 份材料,涵盖美洲狼尾草。UPGMA 聚类分析结果表明,随着遗传相似系数的提高,48 份狼尾草种质资源的分类更加明显,说明不同材料间存在明显的遗传差异,这为狼尾草种质资源的分类鉴定和遗传育种提供了重要依据。

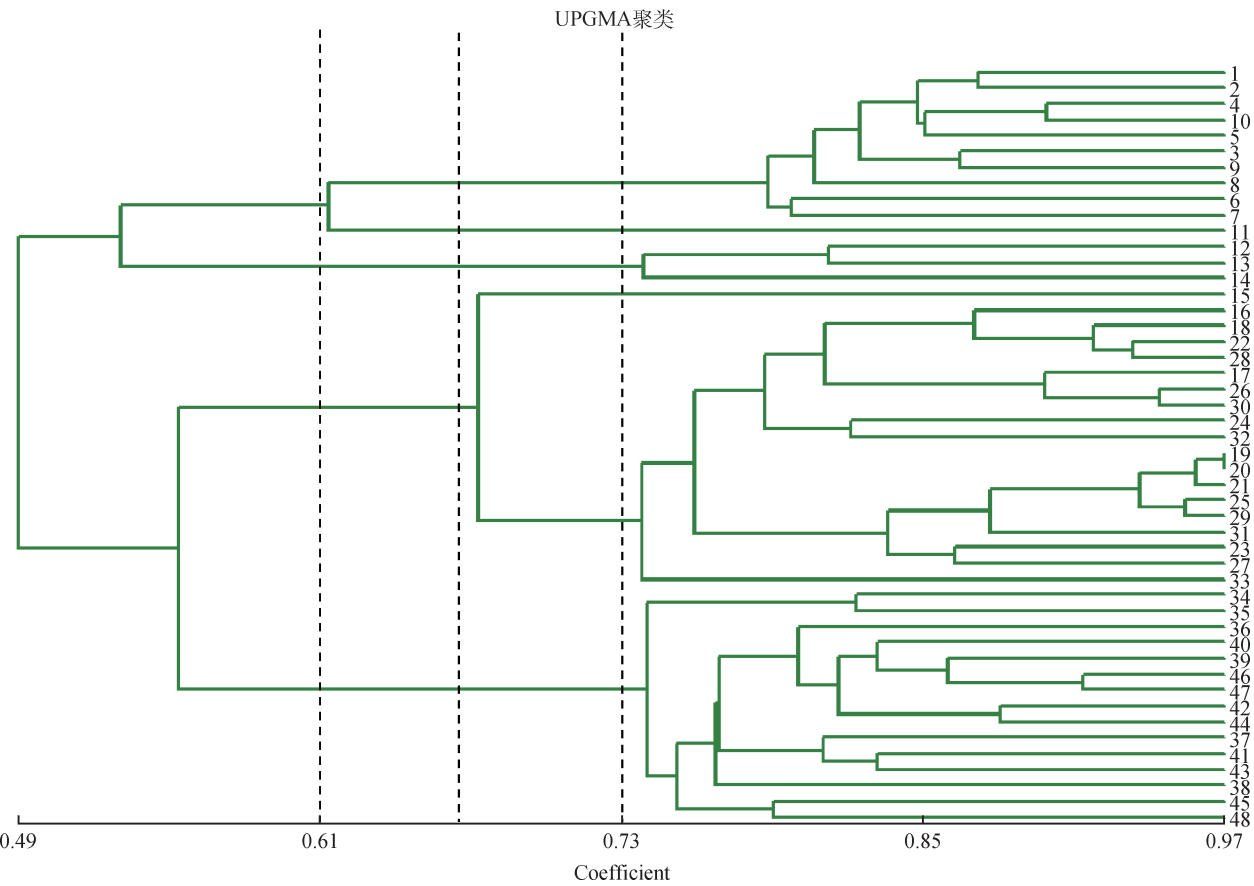


图 5 48份狼尾草种质资源的UPGMA聚类分析

Fig. 5 UPGMA clustering analysis of 48 accessions of *Pennisetum* spp.

2.2.3 群体结构分析 采用Structure软件对狼尾草资源群体结构进行分析。由图6a可见,ΔK值呈单峰分布,根据ΔK值确定最佳种群数为3,表明所检测的48份狼尾草资源大致可分为3个群体(图6b),橘色、绿色、蓝色分别表示3个不同的群体,3个群体的界限明显清晰,说明狼尾草遗传背景丰富,群体构建合理,有利于不同育种目标亲本材料的

选择。

2.2.4 指纹图谱的构建 本研究筛选的20对SSR引物在本次分析中成功将48份狼尾草种质区分开,基于此为其构建了分子标记指纹图谱。为方便查询48份狼尾草资源品种的指纹信息,在其中输入每个样品的指纹数据,生成每份种质特定的指纹图谱二维码(表6)。

表 6 狼尾草种质指纹图谱构建

Table 6 Construction of SSR fingerprint profiles for 48 *Pennisetum* accessions

序号 Number	资源名称 Resource name	指纹数据 Fingerprint data	SSR 指纹图谱 SSR fingerprint map	序号 Number	资源名称 Resource name	指纹数据 Fingerprint data	SSR 指纹图谱 SSR fingerprint map
1	乡土狼尾草 1	0000010001 0011000001		25	GG 杂狼	0001000110 0101101101	
2	乡土狼尾草 2	0000010001 1011000001		26	桂牧 1 号	0001000100 0101011001	
3	乡土狼尾草 3	0000010000 0011000001		27	川育 1 号	0001000100 0101111101	

续表 6

序号 Number	资源名称 Resource name	指纹数据 Fingerprint data	SSR 指纹图谱 SSR fingerprint map	序号 Number	资源名称 Resource name	指纹数据 Fingerprint data	SSR 指纹图谱 SSR fingerprint map
4	乡土狼尾草 4	0010000001 0011010000		28	HZTCK	1001000100 0001001001	
5	乡土狼尾草 5	0000000001 0011000101		29	甜象草	0001000110 0001101101	
6	乡土狼尾草 6	0000000001 0111000100		30	象草 3	0001000100 0101011011	
7	乡土狼尾草 7	0000011001 0011000111		31	云牧 1 号	0001100000 0001101111	
8	乡土狼尾草 8	0000010001 1001100000		32	多叶象草	0001010100 1101011001	
9	乡土狼尾草 9	0000000000 0011000001		33	紫色象草	1011100101 0001101101	
10	乡土狼尾草 10	0000010001 0011000001		34	PI 295157	0011110001 0001011001	
11	长序狼尾草 1	0001010000 0011000001		35	PI 311273	0101100001 0101011001	
12	长序狼尾草 2	0000001011 1011000111		36	PI 316663	0001110001 0101000001	
13	陕西狼尾草 1	0001001011 1011111101		37	PI 316664	0011110001 0101110000	
14	陕西狼尾草 2	0000001010 1011010000		38	PI 316665	0001100001 1101110011	
15	邦得 1 号	0101010101 1101001001		39	PI 320154	1001110001 0101110000	
16	热研 2 号	0001001100 1101001001		40	PI 325965	1000100001 0101100000	

续表 6

序号 Number	资源名称 Resource name	指纹数据 Fingerprint data	SSR 指纹图谱 SSR fingerprint map	序号 Number	资源名称 Resource name	指纹数据 Fingerprint data	SSR 指纹图谱 SSR fingerprint map
17	闽牧 6 号	0001000100 0101001111		41	PI 325968	0011110001 1101110010	
18	ZL1	0001000111 0101001011		42	PI 325975	0001110011 1101100000	
19	ZL2	0001000110 0001101111		43	PI 325983	0001110001 0101100111	
20	ZL3	0001000110 0001101101		44	PI 325520	0001110001 1101100001	
21	ZL5	0001000110 0001101111		45	PI 331348	0011110001 0101110011	
22	ZL6	0001010100 0101001011		46	PI 331350	0001110001 0001100001	
23	ZL7	0001000100 0101101101		47	PI 331353	0001100001 0101100011	
24	ZL8	0001010101 0101101011		48	PI 526310	0000110001 1101100111	

3 讨论

表型性状是植物为适应不同自然环境而发生基因变异的外在表现^[23-24],变异系数是反映种质资源多样性的一个重要指标。本研究的表型性状分析显示,狼尾草分蘖、株高、叶长和叶宽 4 个性状的变异系数为 28.10%~96.92%,其中分蘖的变异系数最大,为 96.92%。与田宏等^[12]对 31 份狼尾草种质资源的研究(变异系数为 10.16%~51.51%)以及张献芳等^[25]对象草杂交 F₁ 代群体的形态分析(5.90%~21.05%)相比,本研究测得的性状变异范围较已有范围更广,表明所收集的 48 份材料具有更丰富的表型多样性。这种高变异可能源于样本采集地理环境的广泛异质性,同时供试材料包含狼尾草属内不同物种,进而表现出更丰富的形态多样性。较高的多样性为后续优异性状的挖掘与聚合

提供了重要资源基础。

本研究中 48 份狼尾草种质资源的性状多样性指数为 2.49~2.83,高于王丽宏等^[26-27]报道的华北地区野生狼尾草(1.32~1.44),进一步印证了本研究材料在表型上的多样性优势。本研究中 48 份狼尾草资源株高与叶宽呈极显著正相关,分蘖与株高呈显著负相关,与叶长呈不显著负相关,与叶宽呈极显著负相关。与前人研究中花序数与株高的相关性最强的结果有所不同^[26-27],反映了狼尾草不同遗传背景下性状关联模式的差异,种质的遗传分化特性,也为其育种亲本选配与优异种质筛选提供了表型依据。

与表型性状相比,分子标记技术能更精确地获取种质资源的遗传信息,进一步从基因组层面揭示了狼尾草种质的高遗传多样性。本研究中 20 对引物的 PIC 平均值为 0.6,高于李青遥等^[28]开发的

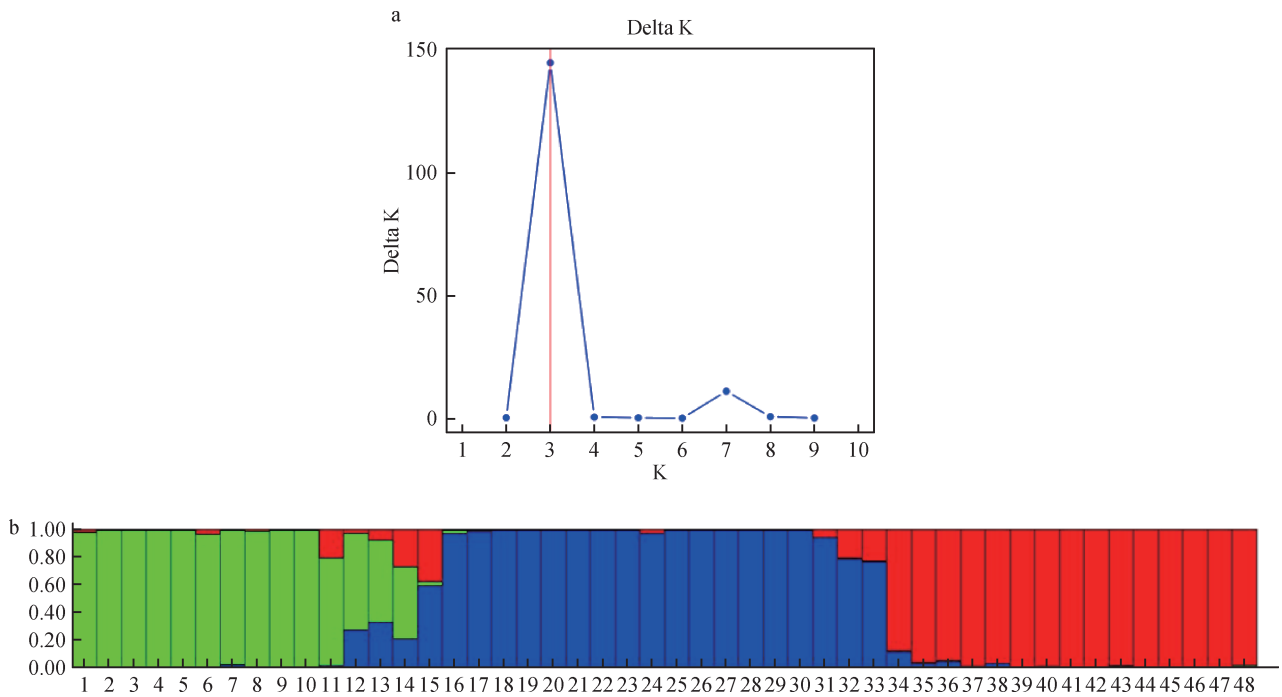


图6 48份狼尾草种质资源的群体结构分析

Fig. 6 Population structure analysis of 48 accessions of *Pennisetum* spp.注:a为种群数K=2~9时 ΔK 的变化图;b为48份狼尾草种质资源在种群数K=3时的群体结构Note: Fig. a shows variation curve of ΔK when the number of populations $K=2-9$; Fig. b shows Population structure of 48 *Pennisetum* germplasms at $K=3$

gSSR(PIC=0.28),这可能是由于本研究选用多态性更高的引物,同时也与试验材料来源广泛、遗传背景复杂有关。本研究20对引物共检测到122个等位基因,多态位点百分率为96.8%,与Wang等^[29]基于SSR标记的DNA指纹图谱构建的研究结果(多态性位点比例为88.44%)基本一致,共同印证了狼尾草属物种在分子水平上具有较高的遗传多样性。

表型与分子聚类结果均显示出明显的地理聚集趋势。表型聚类中,第1类群材料主要集中于我国西南等水热条件充足的区域,包含以杂交狼尾草及‘川育1号’为代表的8份材料;第2类群包含以美洲狼尾草及部分象草为代表的26份材料,体现了狼尾草属与近缘属间的表型特征。第3类群材料均为乡土狼尾草,主要来源于我国北方、西北等区域。这一地理分布与王丽宏等^[26-27]对华北单一区域65份野生狼尾草的3类群划分结果有所不同,说明在更广的地理尺度下,气候与生境差异可能是驱动狼尾草表型分化的关键因素。本研究涵盖多地理区域的聚类结果可以反映狼尾草表型多样性的地理分类规律,进一步提升了遗传多样性分析的应用价值。

UPGMA聚类与群体结构分析进一步明晰了狼尾草的遗传分化规律。本研究48份供试材料的遗传相似系数介于0.49~0.97,在0.54和0.67的相似系数下可划分为3个和5个类群,且呈现显著的地理分化特征。群体结构分析划分的3个遗传分化群体,进一步佐证了地理环境对种群分化的作用。该研究与Gunguniya等^[30]对美洲狼尾草的聚类分析以及Zhou等^[31]对美洲狼尾草的群体分化研究结论一致,均印证了狼尾草属植物地理分化的共性规律。此外,邹冰灿等^[7]的基于多标记聚类显示狼尾草种间聚类优先于种内聚类,本研究同样发现部分材料按种属聚集,在应用狼尾草种质时,需考虑种间和种内两个层次的遗传差异,为狼尾草种质资源的精准分类、亲缘关系解析及育种亲本的科学选配提供了可靠支撑。

4 结论

本研究系统分析了48份狼尾草属材料的表型性状与遗传多样性。结果显示,表型层面4个性状变异丰富,变异系数为28.10%~96.92%,遗传多样性指数为2.49~2.83;SSR分子标记层面,20对

SSR 引物检测到 122 个等位基因,遗传相似系数范围为 0.49~0.97,能有效区分供试材料。表型聚类、UPMGA 聚类在遗传相似系数为 0.54 时与群体遗传结构分析均将供试材料分为 3 类。综上,供试材料表型和分子水平遗传多样性丰富,研究结果为狼尾草属种质资源鉴定、保护及育种提供支撑。

参考文献

- [1] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志[M]. 北京: 科学出版社, 2006: 80
Editorial Committee of Chinese Journal of Plant of Chinese Academy of Sciences. Flora of China [M]. Beijing: Science Press, 2006: 80
- [2] 侯新村, 滕珂, 郭强, 等. 狼尾草属牧草研究进展[J]. 植物学报, 2022, 57(6): 814-825
HOU X C, TENG K, GUO Q, et al. Research advances in forage *Pennisetum* resource [J]. Chinese Bulletin of Botany, 2022, 57(6): 814-825
- [3] 武菊英, 滕文军, 王庆海. 狼尾草的生物学特性及在园林中的应用[J]. 中国园林, 2005, 21(12): 57-59
WU J Y, TENG W J, WANG Q H. Basic botanic characters, adaptabilities and applying in landscape architecture of *Pennisetum alopecuroides* [J]. Chinese Landscape Architecture, 2005, 21(12): 57-59
- [4] 武菊英, 滕文军, 袁小环, 等. 几种狼尾草属观赏植物在北京地区的生长特性[J]. 武汉植物学研究, 2009, 27(6): 661-666
WU J Y, TENG W J, YUAN X H, et al. Evaluation of five ornamental grasses from *Pennisetum* Rich. grown in Beijing [J]. Journal of Wuhan Botanical Research, 2009, 27(6): 661-666
- [5] 张鹤山, 吴新江, 田宏, 等. 不同种源狼尾草表型性状多样性分析及优异种源筛选[J]. 南方农业学报, 2024, 55(7): 2090-2099
ZHANG H S, WU X J, TIAN H, et al. Diversity analysis of phenotypic traits and screening of excellent germplasm resources on different *Pennisetum alopecuroides* provenances [J]. Journal of Southern Agriculture, 2024, 55(7): 2090-2099
- [6] 张怀山, 夏曾润, 代立兰, 等. 中型狼尾草种质资源表型性状的多样性[J]. 西北农业学报, 2014, 23(12): 51-59
ZHANG H S, XIA Z R, DAI L L, et al. Phenotypic diversity of *Pennisetum longissimum* var. *intermedium* germplasm resources [J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica, 2014, 23(12): 51-59
- [7] 邹冰灿, 王霞, 张轩, 等. 22 份狼尾草属材料和 1 份芦竹属材料染色体数目及遗传多样性分析[J]. 草地学报, 2025, 33(4): 1019-1028
ZOU B C, WANG X, ZHANG X, et al. Analysis of chromosome number and genetic diversity of 22 *Pennisetum* materials and 1 *Arundo* material [J]. Acta Agrestia Sinica, 2025, 33(4): 1019-1028
- [8] ZHANG Y, YUAN X H, TENG W J, et al. Karyotype diversity analysis and nuclear genome size estimation for *Pennisetum* Rich. (Poaceae) ornamental grasses reveal genetic relationship and chromosomal evolution [J]. Scientia Horticulturae, 2015, 193: 22-31
- [9] 钟小仙, 刘智微, 刘伟国, 等. 六倍体杂交狼尾草体细胞突变体特异性分析[J]. 草业学报, 2014, 23(4): 107-113
ZHONG X X, LIU Z W, LIU W G, et al. Analysis of characteristics of a hexaploid somatic mutant of hybrid *Pennisetum* [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2014, 23(4): 107-113
- [10] 胡远彬, 刘亚男, 张靓, 等. 自然低温胁迫下 8 个狼尾草属牧草品种(系)耐寒性初步评价[J]. 草学, 2025(2): 43-49
HU Y B, LIU Y N, ZHANG J, et al. Preliminary evaluation on cold tolerance of 8 *Pennisetum* forage varieties (lines) under natural low temperature [J]. Journal of Grassland and Forage Science, 2025(2): 43-49
- [11] 陆姣云, 田宏, 熊军波, 等. 14 份乡土狼尾草材料幼苗的耐冷性综合评价[J]. 草业学报, 2024, 33(8): 98-111
LU J Y, TIAN H, XIONG J B, et al. A multi-trait evaluation of cold resistance of 14 native *Pennisetum alopecuroides* germplasm lines at the seedling stage [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2024, 33(8): 98-111
- [12] 田宏, 张鹤山, 熊军波, 等. 34 份狼尾草萌发期抗旱性综合评价[J]. 中国草地学报, 2024, 46(4): 11-24
TIAN H, ZHANG H S, XIONG J B, et al. Variability in drought resistance during seed germination among 34 *Pennisetum alopecuroides* germplasm lines [J]. Chinese Journal of Grassland, 2024, 46(4): 11-24
- [13] 张怀山, 赵桂琴, 栗孟飞, 等. 中型狼尾草幼苗对 PEG、低温和盐胁迫的生理应答[J]. 草业学报, 2014, 23(2): 180-188
ZHANG H S, ZHAO G Q, LI M F, et al. Physiological responses of *Pennisetum longissimum* var. *intermedium* seedlings to PEG, low temperature and salt stress treatments [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2014, 23(2): 180-188
- [14] ZHANG Y, YUAN X H, TENG W J, et al. Identification and phylogenetic classification of *Pennisetum* (Poaceae) ornamental grasses based on SSR locus polymorphisms [J]. Plant Molecular Biology Reporter, 2016, 34(6): 1181-1192
- [15] GUO Y D, LIU L Y, YUE Y S, et al. Development of SSR markers based on transcriptome sequencing and verification of their conservation across species of ornamental *Pennisetum* Rich. (Poaceae) [J]. Agronomy, 2022, 12(7): 1683
- [16] YUE Y S, FAN X F, HU Y F, et al. *In vitro* induction and characterization of hexaploid *Pennisetum* × *Advena*, an ornamental grass [J]. Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC), 2020, 142(2): 221-228
- [17] TENG K, GUO Q, LIU L Y, et al. Chromosome-level reference genome assembly provides insights into the evolution of *Pennisetum alopecuroides* [J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1195479
- [18] YAN H D, SUN M, ZHANG Z R, et al. Pangenomic analysis identifies structural variation associated with heat tolerance in pearl millet [J]. Nature Genetics, 2023, 55(3): 507-518
- [19] ZHANG S K, XIA Z Q, LI C, et al. Chromosome-scale

- genome assembly provides insights into speciation of allotetraploid and massive biomass accumulation of elephant grass (*Pennisetum purpureum* Schum.) [J]. Molecular Ecology Resources, 2022, 22(6): 2363-2378
- [20] KOILKONDA P, SATO S, TABATA S, et al. Large-scale development of expressed sequence tag-derived simple sequence repeat markers and diversity analysis in *Arachis* spp [J]. Molecular Breeding, 2012, 30(1): 125-138
- [21] 朱永群, 彭丹丹, 林超文, 等. 苏丹草转录组 SSR 分子标记开发及遗传多样性评价[J]. 草业学报, 2018, 27(5): 178-189
- ZHU Y Q, PENG D D, LIN C W, et al. Development of SSR markers based on transcriptome sequence and analysis of genetic diversity in *Sorghum sudanense* [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2018, 27(5): 178-189
- [22] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study [J]. Molecular Ecology, 2005, 14(8): 2611-2620
- [23] 张怀山. 狼尾草属牧草种质资源的开发利用[J]. 中国草食动物, 2011, 31(3): 43-44
- ZHANG H S. Development and utilization of *Pennisetum* forage germplasm resources [J]. China Herbivores, 2011, 31(3): 43-44
- [24] 赵春江. 植物表型组学大数据及其研究进展[J]. 农业大数据学报, 2019, 1(2): 5-18
- ZHAO C J. Big data of plant phenomics and its research progress [J]. Journal of Agricultural Big Data, 2019, 1(2): 5-18
- [25] 张献芳, 聂刚, 黄思源, 等. 基于 SSR 标记的象草 F1 代杂种分子鉴定及表型变异分析[J]. 草业学报, 2025, 34(11): 114-124
- ZHANG X F, NIE G, HUANG S Y, et al. Identification of hybrids and analysis of phenotypic variation in the F1 generation of *Pennisetum purpureum* based on SSR markers [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(11): 114-124
- [26] 王丽宏, 李会彬, 孙鑫博, 等. 狼尾草野生种质资源的评价与分析[J]. 中国农业科技导报, 2016, 18(3): 134-140
- WANG L H, LI H B, SUN X B, et al. Evaluation and analysis on wild germplasm resources of *Pennisetum alopecuroides* [J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2016, 18(3): 134-140
- [27] 王丽宏, 李会彬, 孙鑫博, 等. 狼尾草主要表型性状的主成分和聚类分析[J]. 河北农业大学学报, 2019, 42(2): 91-94, 109
- WANG L H, LI H B, SUN X B, et al. Principal component and cluster analysis on the phenotypic traits of *Pennisetum alopecuroides* [J]. Journal of Hebei Agricultural University, 2019, 42(2): 91-94, 109
- [28] 李青遥, 刘婷, 张曙恒, 等. 美洲狼尾草 Survey 测序及其 gSSR 分子标记的开发应用[J]. 分子植物育种, 2019, 17(16): 5375-5382
- LI Q Y, LIU T, ZHANG S H, et al. Development and application of survey sequencing and gSSR molecular marker of *Pennisetum glaucum* [J]. Molecular Plant Breeding, 2019, 17(16): 5375-5382
- [29] WANG C R, DAN X M, LIU T, et al. Genetic relationships of 24 *Pennisetum* cultivars and construction of DNA fingerprints based on SSR markers [J]. Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology, 2022, 31(3): 545-553
- [30] GUNGUNIYA D F, KUMAR S, PATEL M P, et al. Morpho-biochemical characterization and molecular marker based genetic diversity of pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) [J]. PeerJ, 2023, 11: e15403
- [31] ZHOU S F, WANG C R, YIN G H, et al. Phylogenetics and diversity analysis of *Pennisetum* species using *Hemarthria* EST-SSR markers [J]. Grassland Science, 2019, 65(1): 13-22

(责任编辑 闵芝智)