

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.08.022

引用格式:董弘斌,王建丽,李新一,等.300份羊草种质资源表型多样性分析与优异资源筛选[J].草地学报,2026,34(8):2991–3003

DONG Hong-bin, WANG Jian-li, LI Xin-yi, et al. Phenotypic Diversity Analysis and Elite Resource Screening of 300 *Leymus chinensis* Germplasm Accessions[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(8):2991–3003

300份羊草种质资源表型多样性分析与 优异资源筛选

董弘斌¹, 王建丽², 李新一¹, 高秋¹, 王梅娟¹, 林积圳¹, 张义¹, 洪军^{1*}

(1. 全国畜牧总站, 北京 100125; 2. 黑龙江省农业科学院草业研究所, 黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:本研究以300份羊草 [*Leymus chinensis* (Trin. ex Bunge) Tzvelev] 种质为材料, 针对其结实率低等生产问题, 通过连续三年田间试验, 系统测定了抽穗期株高、成熟期株高、叶长和叶宽4个生长性状, 以及抽穗率、穗重、穗长、穗节数、小穗数、每小穗小花数、每穗种子数和结实率8个结实相关性状。多样性分析和聚类分析显示, 群体具有丰富的遗传背景: 变异系数为10.73%~51.86%, 遗传多样性指数为1.853~2.068; 300份资源可聚为4个类群。相关性分析表明, 结实率与穗长、穗重、每穗种子数等11个指标存在不同程度的相关关系。主成分分析的前4个主成分累计贡献率达79.26%, 可有效代表原始性状的绝大部分信息。最终, 基于表型数据的最佳线性无偏估计值 (Best linear unbiased estimator, BLUE), 利用综合隶属函数结合抽穗率和结实率表现, 综合评价筛选出50份优异种质资源。本研究为后续基因挖掘、表型-基因型耦合分析和生物育种提供支撑。

关键词:羊草; 表型; 结实率; 综合评价; 优异资源

中图分类号: S543.9

文献标识码: A

文章编号: 1007-0435(2026)08-2991-13

Phenotypic Diversity Analysis and Elite Resource Screening of 300 *Leymus chinensis* Germplasm Accessions

DONG Hong-bin¹, WANG Jian-li², LI Xin-yi¹, GAO Qiu¹, WANG Mei-juan¹, LIN Ji-zhen¹,
ZHANG Yi¹, HONG Jun^{1*}

(1. National Animal Husbandry Service, Beijing 100125, China; 2. Institute of Forage and Grassland Sciences, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang Province 150086, China)

Abstract: To address production problems such as low seed setting rate, in this study, a total of 300 *Leymus chinensis* accessions were evaluated across three consecutive years of field trials and systematically measured their four growth traits: Plant Height of Reproductive Branch at Heading Stage (PH_RBHS), Plant Height of Reproductive Branch at Maturity Stage (PH_RBMS), Leaf Length (LL), Leaf Width (LW), and eight seed setting - related traits: Spike Weight (SW), Spike Length (SL), Number of Spike Nodes (NSN), Seed Setting Rate (SSR), Number of Spikelets (NS), Floret Number per Spikelet (FNPS), and Seed Number per Spike (SNPS). Diversity analysis and cluster analysis jointly revealed a rich genetic background within the population: the coefficient of variation ranged from 10.73% to 51.86%, and the genetic diversity index ranged from 1.853 to 2.068; the 300 accessions could be classified into four distinct clusters. Correlation analysis indicated that seed setting rate (SSR) was correlated to varying degrees with 11 traits, such as Spike Weight (SW), Spike Length (SL), and Seed Number per Spike (SNPS). The first four principal components accounted for 79.26% of the total variance, effectively capturing most of the information of the original traits. Finally, based on the best linear unbiased estimate (BLUE) of phenotypic data, a comprehensive evaluation

收稿日期: 2026-04-02; 修回日期: 2026-05-09

作者简介: 董弘斌(1994-), 男, 汉族, 甘肃定西人, 全国畜牧总站畜牧师, 主要从事牧草种质资源收集、保存和评价等方面研究, E-mail: 375061266@qq.com; *通信作者 Author for correspondence, E-mail: dg0027015@163.com

was conducted using a membership function analysis that integrated heading rate (HR) and seed setting rate (SSR), and 50 elite accessions were identified. This study provides support for further gene mining, genotype - phenotype association analysis, and molecular breeding.

Key words: *Leymus chinensis*; Phenotype; Seed setting rate; Comprehensive evaluation; Elite germplasm accessions

羊草 [*Leymus chinensis* (Trin. ex Bunge) Tzvelev] 是禾本科赖草属多年生早生根茎型牧草, 作为欧亚大陆草原区东部的关键建群种之一, 是我国优质的乡土草种, 在东北、内蒙古等地广泛分布^[1]。具有耐旱寒、耐盐碱^[2]、耐贫瘠、抗风沙和耐践踏等优良的特性^[3], 是维持草原生态系统稳定的重要物种。羊草具有蛋白质含量高、再生力强、持绿期长等特性, 富含钙、磷、铁等多种营养成分, 适口性优良, 是牛、羊等家畜的重要饲料来源, 在畜牧业发展中具有重要战略地位^[4]。同时, 作为异花授粉植物, 羊草具有自交不亲和性^[5], 存在发芽率低、抽穗率低、结实率低的“三低”问题^[6], 制约了种子生产能力和育种进程^[7]。筛选结实性状优异的羊草资源, 进而挖掘与结实相关的基因, 实现从表型筛选到基因解析的系统性突破, 是破解羊草结实率难题的有效途径。

丰富的种质资源遗传多样性能够提供更加多样的表型变异特征和遗传信息, 是优异种质筛选和遗传改良的基础, 为后续育种提供更多的可能性^[8]。在育种实践中, 研究者常采用多指标综合鉴定的策略评价种质资源的遗传多样性, 以克服单一性状评价的不足, 通常利用隶属函数结合主成分分析 (Principal components analysis, PCA) 将多个性状指标转化为统一的隶属度, 从而客观、全面地评价种质资源的综合表现。该方法已被广泛应用于小麦 (*Triticum aestivum* L.)^[9-11]、水稻 (*Oryza sativa* L.)^[12-13]、玉米 (*Zea mays* L.)^[14-18]、大豆 (*Glycine max* (L.) Merr.)^[19-20]、高粱 (*Sorghum bicolor* (L.) Moench)^[21] 等主要粮食作物中, 在草种质资源评价领域, 隶属函数法同样展现出良好的适用性。研究者针对紫花苜蓿^[22-25] (*Medicago sativa* L.)、燕麦^[26-29] (*Avena sativa* L.)、羊草^[30] 等重要饲草作物, 系统采集了株高、生物量、粗蛋白含量、抗逆性等多项表型数据, 并运用隶属函数法进行多指标综合分析, 进而从大量资源中筛选出综合表现优异的种质。研究者还发现, 表型性状易受环境互作影响, 设置多年多点试验、增加时间与空间重复, 是准确评价种质资源表型变异的重要策略^[31]。

本研究以收集保存的 300 份羊草种质资源为材料, 连续 3 年系统测定抽穗率、结实率、穗重、穗长等

结实相关性状以及株高、叶长、叶宽等生长性状, 通过相关性分析和聚类分析多维度系统评价 300 份羊草种质资源的遗传多样性和群体特征。通过综合隶属函数法结合抽穗率和结实率表现, 多维度评估筛选出优异资源, 为羊草基因挖掘及生物育种提供理论依据和材料支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究共采用 300 份羊草种质材料, 由黑龙江省农业科学院草业研究所提供。材料分为野生种质与育成品种两大类。其中, 野生材料共 294 份, 分别来源于黑龙江 (121 份)、内蒙古 (101 份)、吉林 (46 份)、河北 (13 份)、北京 (11 份) 及辽宁 (2 份); 育成品种共 6 份, 分别为‘中科 1 号’ (2 份)、『菁牧 7 号』『菁牧 8 号』『农菁 11 号』及‘吉生 2 号’。

1.2 试验设计

采用完全随机设计, 将 300 份羊草种质资源种植于黑龙江省农科院草业所民主实验基地 (45.79°N, 126.64°E), 试验基地生长季气温 20~35℃、空气相对湿度 20%~70%, 全程采用自然光照。试验材料单株种植于定植桶, 定植桶长度 40 cm, 直径为 40 cm, 深埋地下 30 cm。在抽穗期 (5 月下旬—6 月上旬) 测定株高和抽穗率, 在成熟期 (6 月下旬—7 月中旬) 测定株高、叶长、叶宽、穗长、穗重、穗节数、小穗数、每小穗小花数、每穗种子数和结实率。

1.3 表型测定

按照《中国牧草手册》^[32] 和《羊草种质资源描述规范和数据标准》^[33] 测定表型数据。2023—2025 年连续三年, 在田间实地测量以下性状, 每份材料均测定 5 个生物学重复。

抽穗率 (Heading rate, HR) (%): 生殖枝数 / (营养枝数 + 生殖枝数) × 100%。

抽穗期生殖枝株高 (Plant height of reproductive branch at heading stage, PH_RBHS) (cm): 在抽穗期用直尺测量植株主茎从地表面到穗顶部的高度。

成熟期生殖枝株高(Plant height of reproductive branch at maturity stage, PH_RBMS)(cm):在成熟期用直尺测量植株主茎从地表面到穗顶部的高度。

穗重(Spike weight, SW)(g):用电子天平称量穗部重量。

穗长(Spike length, SL)(cm):用直尺测量穗部的长度。

穗节数(Number of spike nodes, NSN)(个):统计从穗柄到穗顶的节数。

结实率(Seed setting rate, SSR)(%):每穗种子数/总小花数 $\times 100\%$ 。

叶长(Leaf length, LL)(cm):选取待测穗自上而下的5片叶子,用直尺测定叶片长度,最后计算平均值。

叶宽(Leaf width, LW)(cm):测量方法同叶长。

小穗数(Number of spikelets, NS)(个):每单株穗的总小穗数。

每小穗小花数(Floret number per spikelets, FNPS)(个):每小穗的总小花数。

每穗种子数(Seed number per spike, SNPS)(粒):每穗除去空和瘪种子后的饱满种子数。

1.4 数据处理

采用R语言lmer 4包将多年试验数据转换为最佳线性无偏估计值(Best linear unbiased estimator, BLUE)^[34],以实现与原始数据趋势一致的模型拟合,提高遗传评价的可靠性。使用Excel 2019对原始数据进行最小值、最大值、均值、极差、标准差、变异系数、遗传多样性指数(H')的计算。

遗传多样性指数的计算方法参考李玉珊等^[35]、金玲等^[36],具体计算公式如下:

$$H' = -\sum P_i \ln P_i (i=1, 2, 3, \dots, n)$$

式中, P_i 表示性状第*i*级别的种质份数占总份数的百分比;各种质的级别一般为10级,根据其平均值(X)和标准差(σ)计算得出,第1级是 $X_i < X - 2\sigma$;第2级是 $X - 2\sigma \leq X_i < X - 1.5\sigma$;第3级是 $X - 1.5\sigma \leq X_i < X - \sigma$;其间每一级相差 0.5σ ,直到第10级。

采用Origin 2021进行Pearson相关性分析,使用R包ggtree和ggplot进行聚类分析及绘图;采用Excel 2021和R(4.2.2)联合进行主成分分析,计算各主成分得分,随后继续使用隶属函数法进行数据归一化处理,并根据主成分贡献率计算权重系数和综合评价F值^[37-38]。

隶属函数计算公式如下:

$$\mu(X_j) = (X_j - X_{\min}) / (X_{\max} - X_{\min}) (j=1, 2, 3, \dots, n)$$

$$\omega_j = c_j / \sum c_j (j=1, 2, 3, \dots, n)$$

$$F = \sum (\mu(X_j) \times \omega_j) (j=1, 2, 3, \dots, n)$$

式中, $\mu(X_j)$ 为羊草某种质第*j*个性状的隶属函数值, X_j 表示羊草某种质的第*j*个性状值, $X_{\min}$ 和 $X_{\max}$ 分别表示羊草所有种质*j*性状指标的最小和最大值。 ω_j 是权重系数,表示第*j*个主成分在所有综合指标中的重要程度; c_j 表示第*j*个主成分的贡献率。 F 是综合评价值。

2 结果与分析

2.1 300份羊草种质资源的表型特征与遗传多样性

利用R包ggplot对3年的表型数据进行比较分析并绘制密度分布图(图1),3年之间的抽穗期生殖枝株高、成熟期生殖枝株高、穗重、穗长、穗节数、叶宽8个性状年际间差异显著($P < 0.01$),2023年和2025年叶长、2023年和2024年小穗数、2023年和2024年每穗种子数差异显著($P < 0.01$),抽穗率和结实率在年际间差异不显著,这表明抽穗率和结实率表现稳定,可以作为优异资源筛选的选择条件。

为了降低羊草材料的年际影响,以BLUE值进行Shapiro-Wilk检验(W检验),12个表型的BLUE值的直方图显示,结果均呈正态分布(图2),有利于准确开展多样性分析与资源筛选。

300份羊草种质资源的表型变异系数差异较大(表1),变幅为10.73%~51.86%,平均值为21.72%。其中,抽穗率的变异系数最高(51.86%),极差为80.38%,表明该性状在不同种质间存在丰富的变异,为育种筛选提供了广阔的选择空间;而成熟期株高的变异系数最低(10.73%),说明其遗传稳定性较强,可作为育种的一个参考指标。此外,每穗种子数与结实率的变异系数分别为31.53%和21.38%,反映出种子产量相关性状具有中等至较高的遗传多样性;结合BLUE值整体趋稳但略低于多年平均的趋势,预示着在保持种质遗传基础广度的同时,需进一步优化结实效率与穗部结构协调性,以突破产量瓶颈。当前种质在抽穗率与种子数间的表型权衡关系显著,暗示自然选择与人工驯化压力下的适应性分化仍在持续,宜优先筛选抽穗早、结实率高且株型紧凑的复合优异单株,可为育种提供精准靶标。

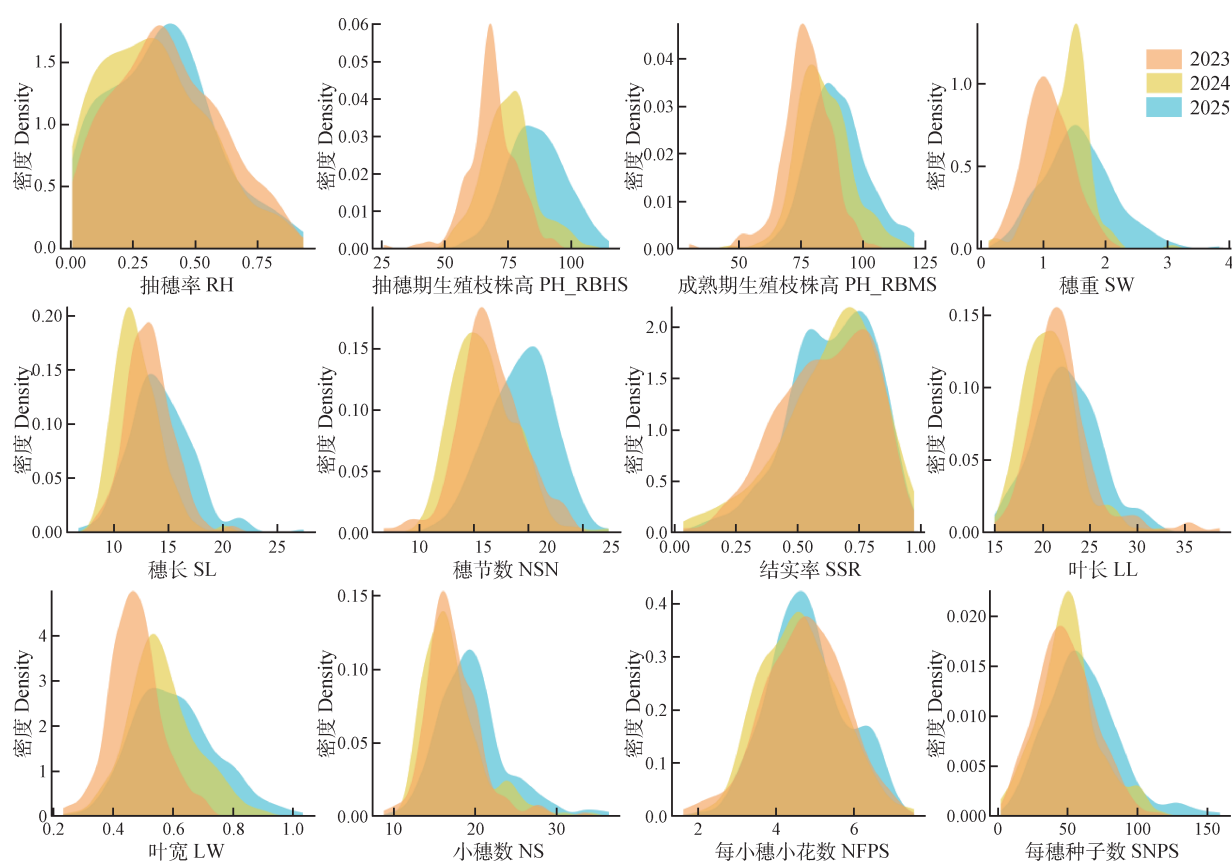


图1 表型性状密度分布图

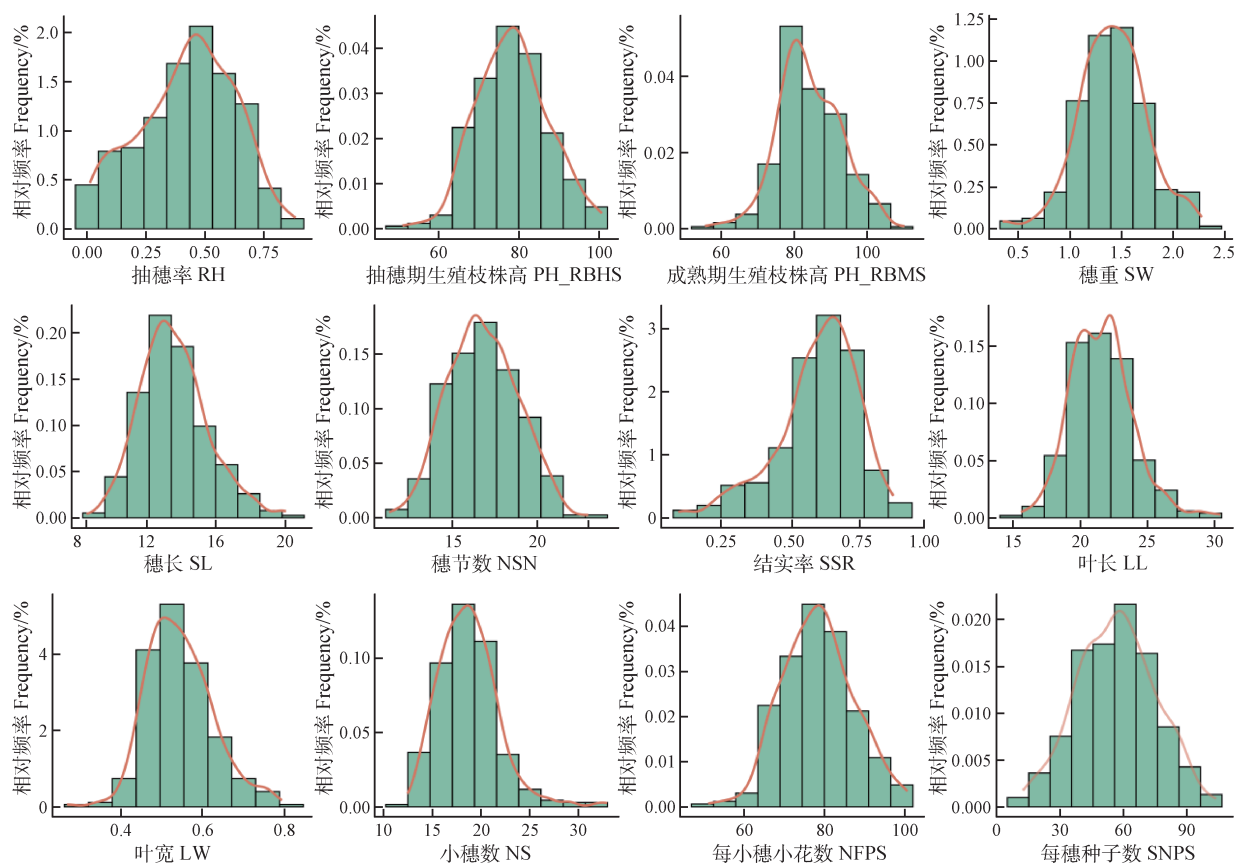
Fig. 1 Density diagram of phenotypic traits of *Leymus chinensis* germplasm used in the study

图2 12个表型的BLUE值的分布图

Fig. 2 Distribution diagram of BLUE values of 12 phenotypic traits

表 1 300 份羊草种质资源 12 个性状的描述性统计结果

Table 1 Descriptive statistics results for 12 traits of 300 accessions of *Leymus chinensis* germplasm

性状 Trait	年份 Year	最大值 Maximum	最小值 Minimum	极差 Range	均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV	遗传多样性指数 H'
抽穗率 HR	2023	93.22%	0.71%	92.51%	36.21%	0.21	58.87%	2.063
	2024	86.52%	1.18%	85.33%	33.84%	0.21	61.99%	2.052
	2025	88.79%	0.79%	88.00%	37.64%	0.21	56.83%	2.090
	BLUE	81.26%	0.89%	80.38%	35.49%	0.18	51.86%	2.068
抽穗期生殖枝株高 PH_RBHS/cm	2023	115.00	58.80	56.20	86.44	11.17	12.93%	2.089
	2024	107.60	45.00	62.60	74.65	10.56	14.15%	2.023
	2025	216.60	25.80	190.80	69.37	14.12	20.36%	1.692
	BLUE	130.00	51.00	79.00	76.81	9.37	12.19%	1.994
成熟期生殖枝株高 PH_RBMS/cm	2023	120.60	63.20	57.40	90.02	11.42	12.69%	2.052
	2024	115.00	46.80	68.20	84.05	10.39	12.36%	2.009
	2025	103.80	13.80	90.00	76.60	10.78	14.07%	1.918
	BLUE	110.30	55.50	54.80	83.60	8.97	10.73%	2.041
穗重 SW/g	2023	3.84	0.30	3.55	1.57	0.58	36.95%	2.051
	2024	3.08	0.09	2.99	1.36	0.38	28.00%	1.937
	2025	2.13	0.15	1.98	1.07	0.38	35.36%	2.069
	BLUE	2.14	0.35	1.80	1.32	0.32	24.30%	2.058
穗长 SL/cm	2023	27.38	6.74	20.64	14.30	2.89	20.19%	2.019
	2024	20.38	7.95	12.43	12.15	2.07	17.06%	2.027
	2025	21.12	8.35	12.77	13.27	2.09	15.75%	2.041
	BLUE	20.03	8.53	11.50	13.22	1.83	13.85%	2.024
穗节数 NSN/个	2023	24.80	11.20	13.60	17.91	2.49	13.90%	2.075
	2024	24.67	10.20	14.47	15.10	2.40	15.88%	2.002
	2025	38.80	7.20	31.60	15.65	2.98	19.04%	1.902
	BLUE	23.00	11.27	11.73	16.21	1.93	11.90%	2.058
结实率 SSR	2023	89.53%	10.27%	83.26%	64.24%	0.17	26.36%	1.998
	2024	89.37%	4.58%	84.79%	63.46%	0.19	30.57%	2.006
	2025	90.75%	3.61%	87.14%	62.00%	0.18	29.40%	2.015
	BLUE	89.88%	14.43%	75.45%	63.40%	0.14	21.38%	1.987
叶长 LL/cm	2023	32.25	15.21	17.04	22.59	3.42	15.12%	2.060
	2024	32.35	15.23	17.12	20.88	2.91	13.94%	1.988
	2025	38.72	14.94	23.78	22.06	3.48	15.79%	1.870
	BLUE	30.43	15.59	14.85	21.84	2.36	10.78%	1.985
叶宽 LW/cm	2023	1.03	0.25	0.78	0.61	0.14	22.38%	2.026
	2024	0.90	0.26	0.64	0.57	0.11	20.17%	2.056
	2025	0.71	0.23	0.47	0.48	0.09	18.24%	2.054
	BLUE	0.79	0.27	0.53	0.55	0.09	16.08%	2.009
小穗数 NS/个	2023	36.40	10.00	26.40	19.70	4.29	21.76%	1.959
	2024	57.40	11.20	46.20	17.46	4.69	26.84%	1.677
	2025	33.40	8.80	24.60	17.24	3.28	19.01%	1.907
	BLUE	32.93	12.47	20.47	18.16	3.10	17.05%	1.853
每小穗小花数 NFPS/个	2023	7.19	2.07	5.13	4.81	0.99	20.60%	2.067
	2024	7.54	2.20	5.34	4.61	0.99	21.45%	2.073
	2025	7.07	1.61	5.45	4.73	1.02	21.52%	2.063
	BLUE	6.71	2.60	4.11	4.72	0.78	16.42%	2.055
每穗种子数 SNPS/粒	2023	159.00	9.20	149.80	61.04	26.03	42.65%	1.985
	2024	116.40	2.20	114.20	50.28	21.42	42.60%	2.053
	2025	114.40	3.00	111.40	48.93	20.57	42.04%	2.056
	BLUE	101.94	12.47	89.47	53.72	16.94	31.53%	2.077

遗传多样性指数的变化范围为1.853~2.068,平均值为2.001。其中,抽穗率(2.068)、每穗种子数(2.077)、每小穗小花数(2.055)、穗重(2.058)、穗长(2.024)、穗节数(2.058)均超过2,说明其遗传变异丰富;而抽穗期株高(1.994)、叶长(1.985)、小穗数(1.853)、结实率(1.987)遗传多样性指数较低,表明其受较强遗传约束;结合表型与遗传多样性双重视角,抽穗率不仅变异幅度最大,而且遗传复杂度最高,可能是驱动羊草适应性进化的关键性状。整体而言,生长相关性状的变异系数和遗传多样性指数均低于结实相关性状,表明与结实相关的表型具有更丰富的遗传多样性。这一结果一定程度上显示结实性状

在羊草长期演化中承受更强的选择压力,也提示育种应聚焦结实相关基因的深度挖掘与功能解析。

2.2 相关性分析

从相关性热图(图3)可以看出,各性状之间存在不同程度的关联。连续三年的表型间相关性基本一致。其中,结实率与每穗种子数呈极显著正相关($P < 0.001$, $\text{Corr} = 0.699$),与穗重亦呈极显著正相关($P < 0.001$, $\text{Corr} = 0.138$),表明每穗种子数的增加直接有助于结实率的提升,二者在种子生产过程中具有协同效应。穗节数与小穗数之间同样呈极显著正相关($P < 0.001$, $\text{Corr} = 0.770$),说明穗节数的增加可能为

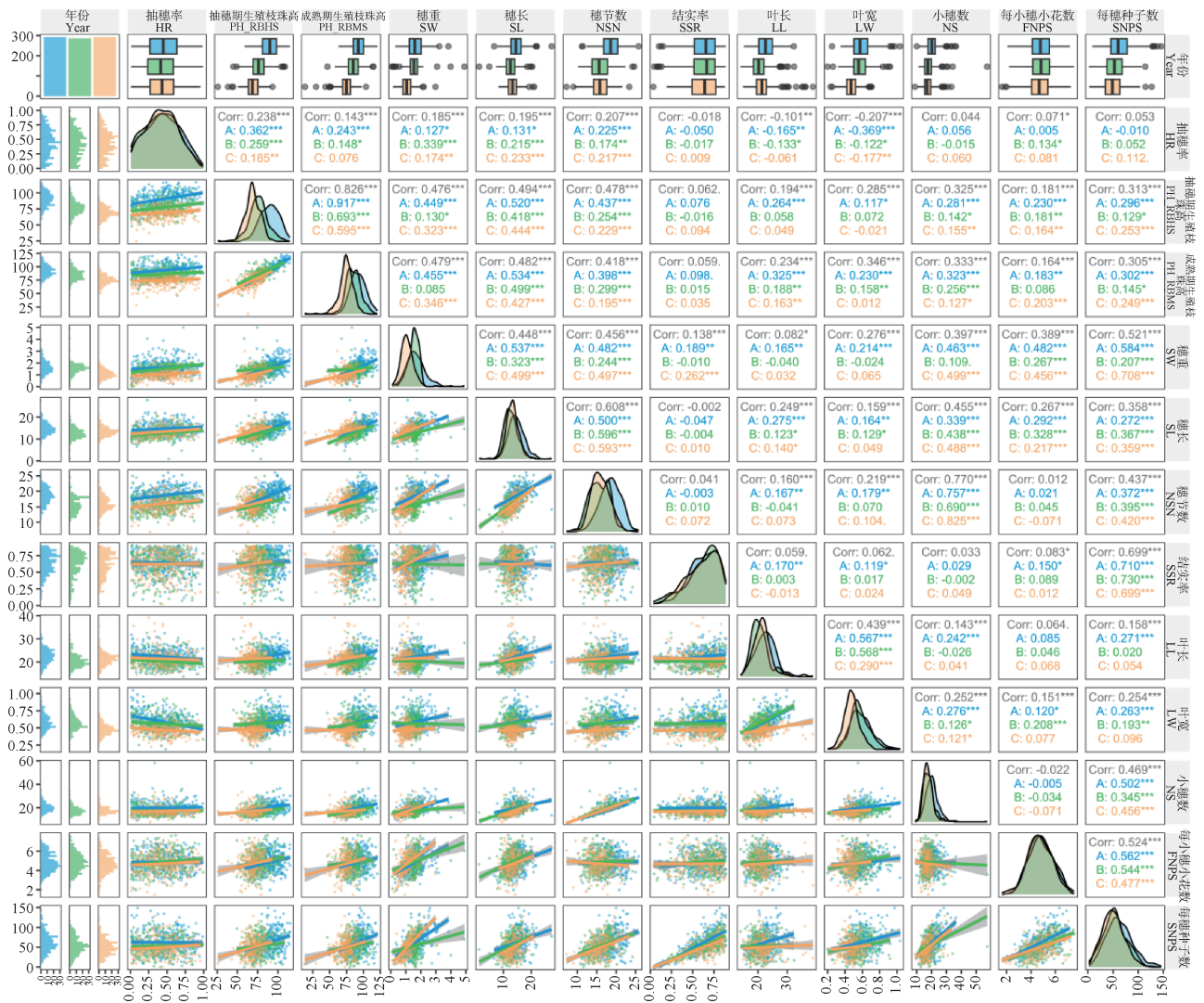


图3 12个表型的相关性矩阵图

Fig. 3 Correlation matrix plot of 12 phenotypic traits

注:各表型英文缩写见1.3表型测定,A表示2023年,B表示2024年,C表示2025年,Corr表示相关性系数,星号表示显著性水平,* $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$

Note: The abbreviations of phenotypes can be found in Section 1.3 Phenotype Determination. A stands for 2023, B stands for 2024, C stands for 2025, Corr represents the correlation coefficient, and Asterisks indicate significance levels: * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$

小穗的形成提供更多着生空间,从而促进小穗分化。每穗种子数与株高、穗重、穗长、穗节数、叶宽、叶长、小穗数、每小穗小花数均呈极显著正相关($P<0.001$)。

在生长相关性状方面,抽穗期株高和成熟期株高均与每穗种子数、每小穗小花数、穗重、穗长、穗节数、叶长、叶宽、小穗数呈极显著正相关($P<0.001$),营养生长优势对穗部发育具有积极促进作用,可将抽穗期株高和成熟期株高作为综合评价的重要参考指标。叶长和叶宽与抽穗率呈负相关($P<0.01$, $P<0.001$),表明叶片发育与植株营养分配之间存在权衡关系;叶长与穗重、穗长呈显著正相关($P<0.05$, $P<0.001$),叶宽与穗重、穗长呈极显著正相关($P<0.001$, $P<0.001$),在一定程度上反映出叶片作为光合作用场所为干物质积累提供了基础。上述相关性结果为综合评价羊草优异种质资源提供了重要参考,也为深入解析羊草结实相关性状的形成机制及协同改良提供了重要线索。

2.3 聚类分析

结果显示,所有供试资源可聚为4个类群(图4,图5)。第Ⅰ类群结实相关性状特征突出,其穗重平均为1.75 g,显著高于其他类群,穗长15.01 cm、穗节数18.59个、小穗数21.14个、每小穗小花数5.52个及每穗种子数78.56粒等指标均居首位,结实率的范围为49.87%~86.82%,大部分资源结实率大于60%。第Ⅱ类群株高特征突出,抽穗期株高与成熟期株高均值分别达81.09 cm和87.29 cm,结实率的范围为40.19%~85.98%。第Ⅲ类群叶片特征突出,叶长平均23.68 cm,叶宽平均0.59 cm,显著优于其他类群,结实率的范围为36.19%~77.47%(均值56.58%)。第Ⅳ类群无突出性状特征,结实率变幅最大(6.43%~75.47%,均值仅45.01%),个体间差异明显。四个类群在主要表型上呈现出明显分化,体现了种质资源的多样性。

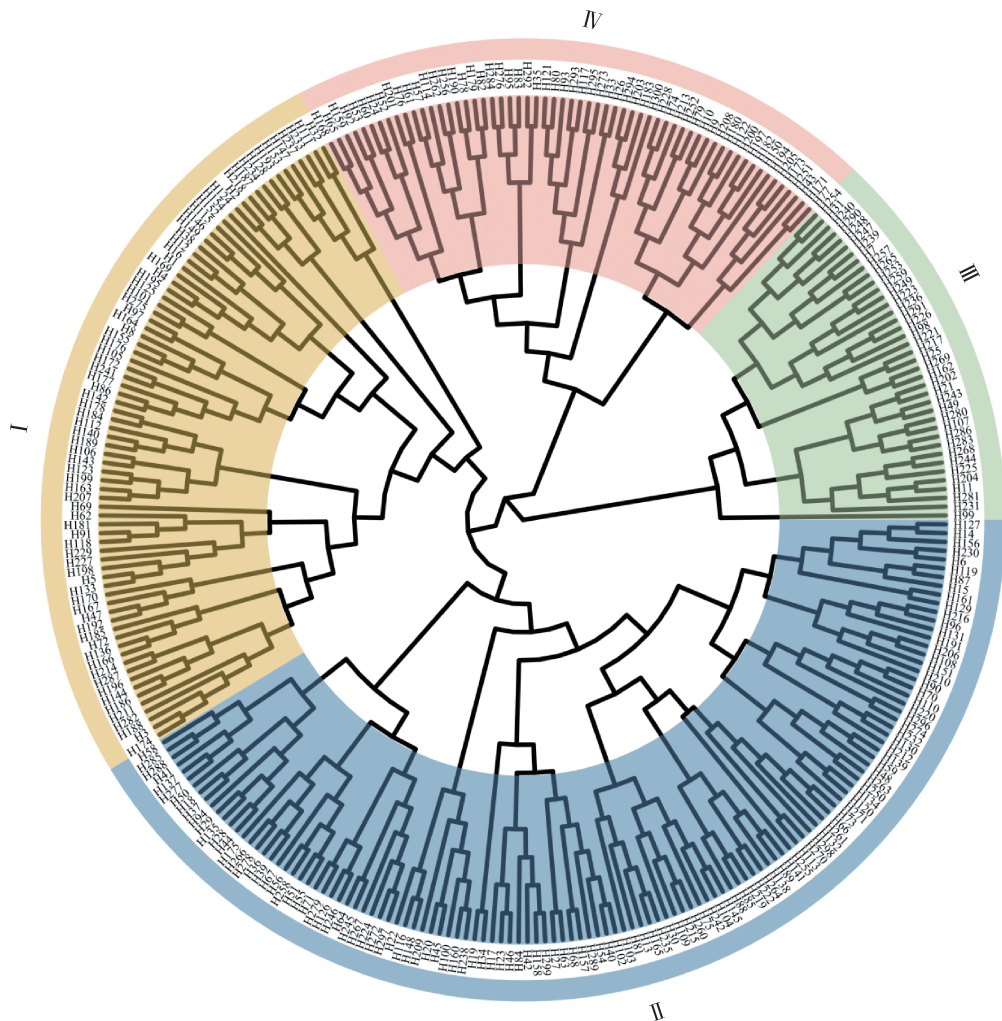


图4 300份羊草种质资源聚类图

Fig. 4 Cluster diagram of 300 *Leymus chinensis* germplasm resources

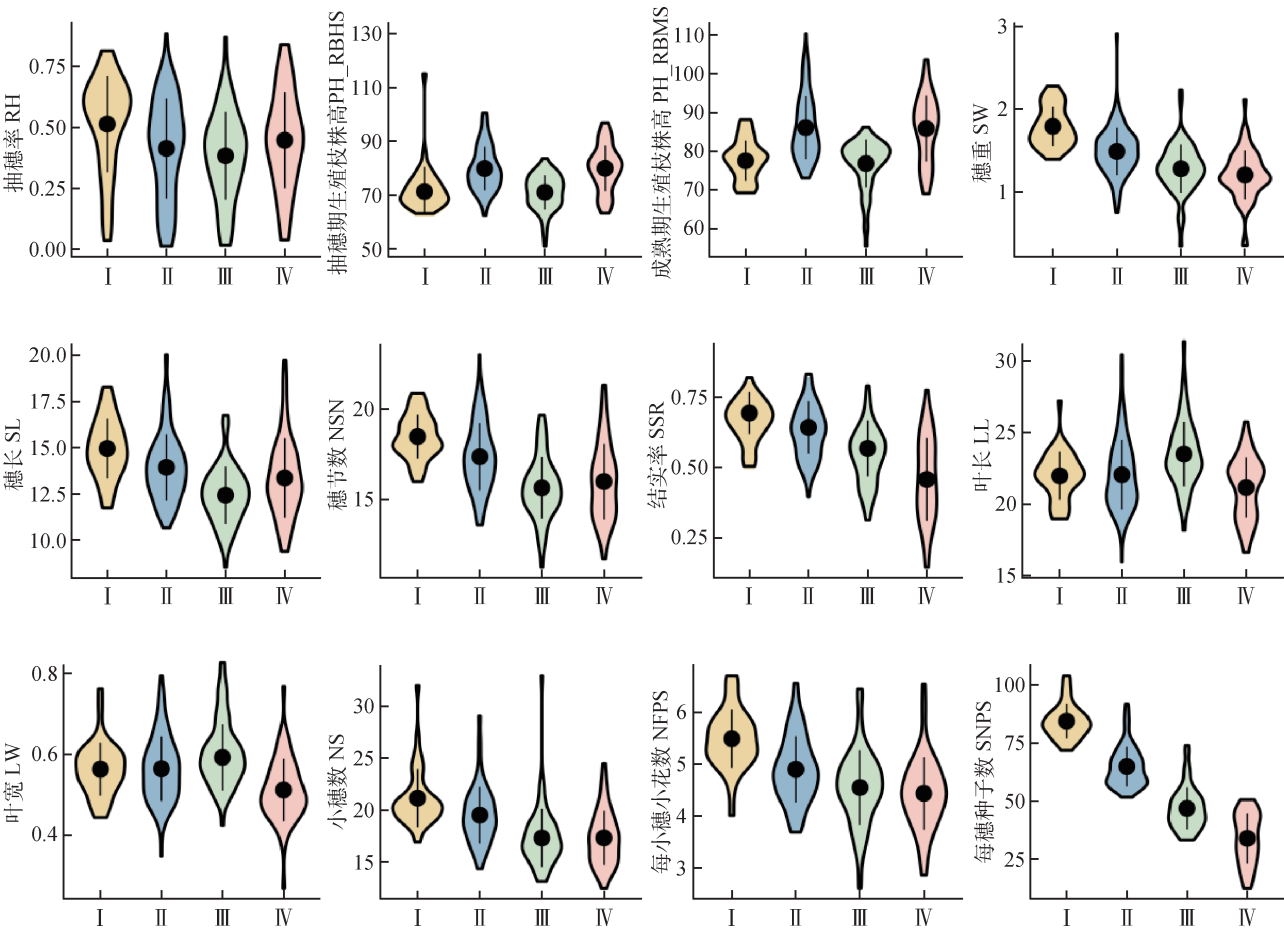


图 5 4组羊草种质资源的小提琴图

Fig. 5 Violin plot of four clusters of *Leymus chinensis* germplasm resources

2.4 主成分分析

对 300 份羊草种质资源进行主成分分析,提取了前 4 个主成分(表 2),其中,第 1 主成分的特征值为 1.95,方差贡献度为 38.17%;第 2 主成分的特征值为 1.20,方差贡献度为 14.43%;第 3 主成分的特

征值为 1.18,方差贡献度为 13.82%;第 4 主成分的特征值为 1.13,方差贡献度为 12.84%。前 4 个主成分累计方差贡献度达到了 79.26%,可有效代表测定表型的绝大部分信息。从各主成分的载荷情况来看(表 2,图 6),第 1 主成分中,每穗种子数、穗

表 2 各表型性状主成分特征值、方差贡献度与载荷矩阵

Table 2 Principal component eigenvalue, proportion of variance and loading matrix of comprehensive traits

表型性状 Trait	主成分 Principal component			
	PC1	PC2	PC3	PC4
特征值 Eigenvalue	1.95	1.20	1.18	1.13
方差贡献度 Proportion of variance	38.17%	14.43%	13.82%	12.84%
累计贡献度 Cumulative proportion	38.17%	52.60%	66.42%	79.26%
抽穗期生殖枝株高 PH_RBHS	0.34	0.29	-0.14	0.42
成熟期生殖枝株高 PH_RBMS	0.34	0.22	-0.31	0.39
穗重 SW	0.36	0.19	0.37	-0.11
穗长 SL	0.38	0.05	-0.03	0.25
穗节数 NSN	0.35	-0.48	0.20	0.14
叶长 LL	0.18	-0.06	-0.62	-0.27
叶宽 LW	0.21	-0.11	-0.46	-0.46
小穗数 NS	0.33	-0.56	0.11	-0.03
每小穗小花数 NFPS	0.23	0.52	0.20	-0.40
每穗种子数 SNPS	0.36	0.01	0.25	-0.37

长和穗重呈较大正向载荷,综合反映穗部生产能力,可定义为“穗部产量因子”。第2主成分中,每小穗小花数呈较大的正向载荷,而小穗数和穗节数则呈较大的负向载荷,主要反映了穗部结构的资源配置差异。第3主成分中,穗重具有较大的正向载荷,而叶长和叶宽则表现为较大的负向载荷,揭示了营养器

官与生殖器官之间的生长权衡。第4主成分中,抽穗期株高和成熟期株高呈较大的正向载荷,说明该主成分主要反映的是植株高度,同时,叶宽、每小穗小花数和每穗种子数则呈较大的负向载荷,表明株高与部分穗部性状存在负向关联,同样也体现出植株在营养生长与生殖生长间存在资源分配的平衡。

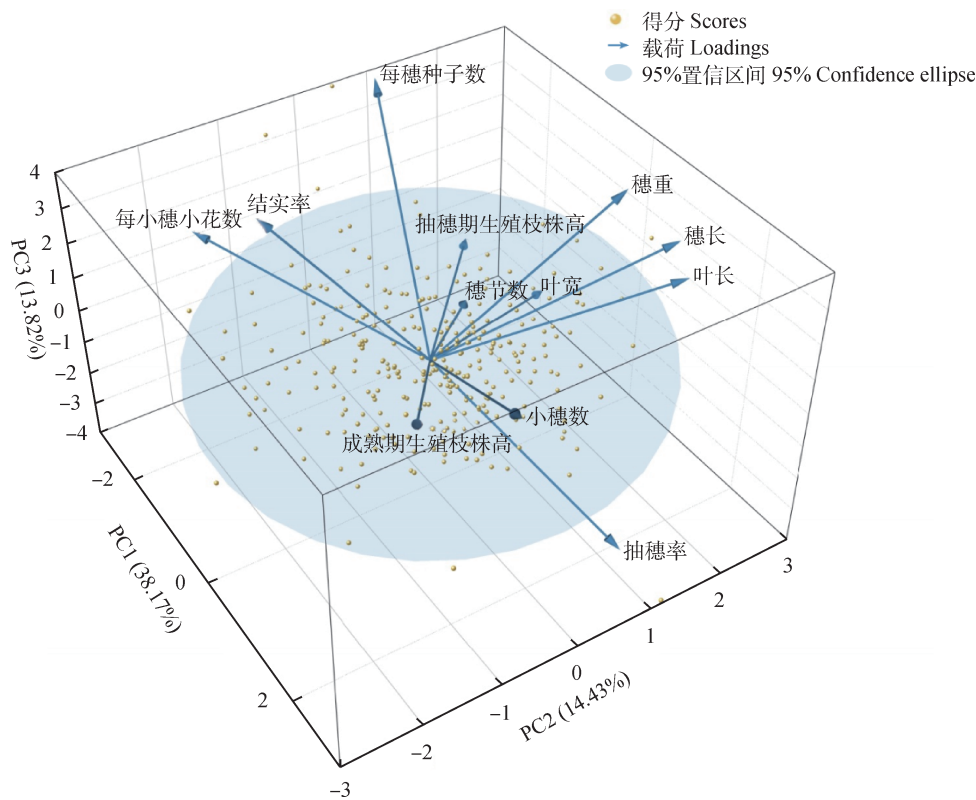


图 6 各表型主成分散点图

Fig. 6 Principal component scatter plot of comprehensive traits

2.5 基于综合隶属函数评价的优异资源筛选

基于前4个主成分的贡献率计算各性状的权重系数,并结合隶属函数分析获得各材料的综合评价指标(F 值),进而对300份羊草种质进行综合排序。结果显示, F 值变幅为0.0759~0.9098,表明供试种质在综合性状上存在显著差异。为筛选具有育种潜力的优异材料,在 F 值排序基础上,结合抽穗率和结实率两个关键性状进行二次筛选,以抽穗率不低于20%(图7)为标准,最终选出一批综合性状优良、结实潜力突出的优异种质。经综合评定,共获得50份代表性优异资源(表3),这些材料的抽穗率均值达42.61%,显著高于群体均值(35.49%);结实率均值达65.61%,也显著高于群体均值(63.4%),可作为羊草高结实育种的核心亲本及后续遗传改良的重要材料。

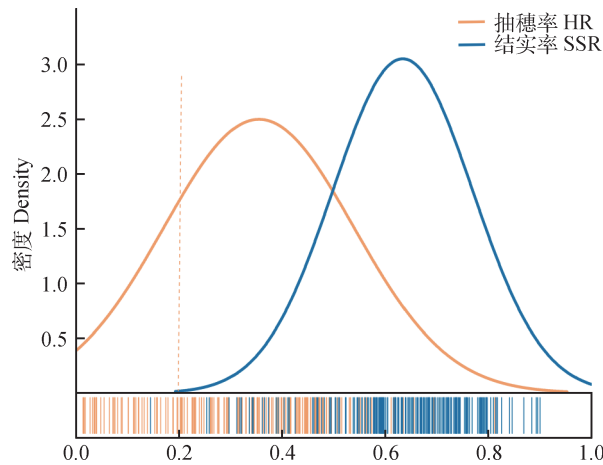


图 7 抽穗率和结实率分布图

Fig. 7 Distribution plot of heading rate and seed setting rate

表 3 50 份羊草优异资源综合排名表

Table 3 Comprehensive ranking table of 50 accessions of elite *Leymus chinensis* germplasm

排名 Rank	F 值 F value	编号 No.	排名 Rank	F 值 F value	编号 No.	排名 Rank	F 值 F value	编号 No.
1	0.9098	H21	18	0.7861	H151	35	0.6710	H195
2	0.8935	H31	19	0.7776	H191	36	0.6649	H163
3	0.8711	H88	20	0.7752	H108	37	0.6631	H4
4	0.8614	H131	21	0.7631	H58	38	0.6597	H2
5	0.8582	H11	22	0.7601	H90	39	0.6519	H179
6	0.8528	H104	23	0.7580	H101	40	0.6504	H174
7	0.8408	H111	24	0.7533	H14	41	0.6426	H185
8	0.8331	H165	25	0.7424	H112	42	0.6396	H146
9	0.8309	H39	26	0.7328	H72	43	0.6268	H186
10	0.8269	H110	27	0.7301	H168	44	0.6220	H159
11	0.8260	H94	28	0.7218	H76	45	0.6210	H142
12	0.8122	H154	29	0.7171	H3	46	0.6156	H155
13	0.8112	H127	30	0.7104	H190	47	0.6134	H188
14	0.8014	H137	31	0.7099	H53	48	0.6100	H8
15	0.7954	H143	32	0.6931	H125	49	0.6052	H164
16	0.7892	H92	33	0.6893	H198	50	0.6012	H184
17	0.7883	H56	34	0.6854	H136			

3 讨论

羊草作为欧亚草原区的关键建群种和我国重要的乡土草种,其种子生产的“三低”问题长期制约着该物种的推广应用与品种改良。本研究针对结实率和抽穗率低的生产瓶颈,以 300 份羊草种质资源为材料,通过连续 3 年的田间表型鉴定,综合运用多种统计分析方法,系统评价了种质资源的遗传多样性,并筛选出 50 份综合性状优良、高结实潜力的优异资源。

3.1 羊草种质资源的表型变异与遗传多样性

丰富的遗传变异是种质资源创新利用的基础^[39]。本研究中,12 个表型性状的变异系数变幅为 10.73%~51.86%,平均达 21.72%,表明供试的 300 份羊草种质具有较为丰富的表型多样性,材料具有代表性。其中,抽穗率的变异系数最高(51.86%),遗传多样性指数也居首位(2.090),说明该性状在群体内存在广泛的分化,为通过选择育种改良抽穗性能提供了充足的遗传基础。值得注意的是,结实相关性状(每穗种子数、穗重、穗长等)的变异系数普遍高于生长相关性状(株高、叶长、叶宽),且其遗传多样性指数基本超过 2.0。这一现象暗示羊草在长期的演化与驯化过程中,可能株高等生长性状受较强的环境选择的压力,导致保留下来的基因型相比结实相关性状更为单一。对 3 年表型

数据进行年际差异分析发现,抽穗率和结实率年际间差异不显著,表现出了跨年度的稳定表达。综合来看,结实相关性状既在群体内蕴藏着丰富的遗传变异,为选择提供了充分空间,又在多环境中稳定表达,保证了表型选择的准确高效,进一步印证了以结实率、穗重、穗长等结实相关性状为核心进行优异资源筛选的科学性与可行性。

3.2 性状相关性与主成分分析的生物学内涵

相关性分析表明,结实率与每穗种子数呈极显著正相关,这一结果符合作物产量构成的基本逻辑——籽粒产量的提升直接依赖于有效籽粒数量的增加^[40]。这一结果与王介繁等对 100 份羊草种质的研究结论相一致^[30],种子数对结实率的贡献最高。每穗种子数和结实率的提升具有协同效应,可有效提升羊草的产量。另外,每穗种子数与株高、穗重、穗长、穗节数、叶宽、叶长、小穗数、每小穗小花数均呈极显著正相关($P<0.001$),表明了结实和生长指标的同步提升有利于增加产量,生长指标对于产量增加有一定的支撑作用。穗节数与小穗数的显著正相关关系,揭示了羊草穗部形态建成的协同发育机制:穗轴节片的分化为小穗原基的分化提供了物理空间,二者的协同发育共同决定了穗的潜在容量。主成分分析进一步揭示了性状间的内在关联结构。前 4 个主成分累计贡献率达 79.26%,可有效代表原始性状的绝大部分信息。从各主成分的载

荷特征来看,第1主成分(“穗部产量因子”)中,每穗种子数、穗长和穗重呈高正向载荷,直接指向籽粒生产潜力,是评价种质结实能力的核心综合指标。该因子得分高的材料(如H21、H31等)在筛选中位列前茅,验证了该因子在实际筛选中的有效性。第2主成分呈现每小穗小花数(正向)与小穗数、穗节数(负向)的对立,反映出穗部资源配置的“权衡策略”^[41]。部分种质倾向于增加单个小穗的小花密度(“集约型”策略),另一部分则倾向于增加小穗总数(“广布型”策略)。这种分化可能源于对不同生境的适应性响应:在资源有限条件下,两种策略各有其生态优势。后续研究可深入探究这两种穗型结构的光合产物分配效率及其环境稳定性。第3主成分中穗重(正向)与叶长、叶宽(负向)的对立,典型地体现了“源-库”关系^[42],表明营养生长与生殖生长之间存在资源竞争。理想的种质应能在维持必要光合面积(保证“源”端供应)的同时,具有较强的光合产物向穗部转运的能力(提升库容)。本研究筛选的优异资源,正是在这种权衡中实现了较好的协调。第4主成分揭示了株高与部分穗部性状(叶宽、小花数、种子数)的负向关联。较高的植株可能将更多资源用于茎秆的机械支撑,从而限制了穗部的发育潜力^[43]。这一结果对草的“理想株型”研究具有重要启示:在追求高结实率的过程中,需注意协调株高与穗部产量性状的平衡,避免因株高过高导致资源竞争加剧或倒伏风险上升。

3.3 综合评价方法的适用性与优异资源筛选

作物种质资源综合评价正逐步从单一性状评价向多指标综合评价转变^[44]。利用主成分分析与隶属函数法相结合的方法,依据各主成分的贡献率进行客观赋权,构建综合评价 F 值。这种方法既实现了多性状数据的归一化处理,又有效避免了人为主观赋权的偏差,可以充分发挥综合隶属函数评价在处理多指标、模糊性及权重分配等问题上的优势。本研究在方法设计上突出三个优势:首先,采用3年田间试验结合BLUE值转换,有效降低了环境年际变异对遗传评价的干扰;其次,综合运用相关性分析和聚类分析从多维度解析种质资源的遗传多样性;最后,将主成分分析与隶属函数法相结合,通过贡献率赋权构建综合评价 F 值,兼顾了各性状的贡献差异与数据的归一化处理,避免了主观赋权的偏差。本研究并未单纯依赖 F 值排序,而是进

一步结合抽穗率和结实率两个关键性状的田间表现,最终确定50份优异种质。一般研究者在资源筛选中常通过构建模型、综合考量多指标组合来选取最优解,并据此对模型进行评估^[30],本文则提出了一种“综合指数联合关键性状约束”的筛选策略,既保证了入选材料在综合性状上的优良表现,又突出了结实潜力的核心地位。从筛选结果来看,排名前列的材料(如H21、H31、H88等)多来自内蒙古、黑龙江等羊草主产区,且包含了‘中科1号’‘吉生2号’等已审定品种,间接验证了该筛选方法的可靠性。综合隶属函数评价通常将多指标的表现综合为一个隶属函数值(F 值),根据 F 值将供试材料由高到低排序,在选择资源时主要依据排序选择,因而某个指标的阈值或拐点并不明显,不能用阈值或拐点来关联基于隶属函数选择的资源。此外,聚类分析将300份资源划分为4个类群,不同类群在穗部性状、株高、叶型等方面各具特点。本研究筛选出的资源大多来自第Ⅰ类和第Ⅱ类,印证了其高结实率、大叶高秆、综合性状优良的特点,为后续针对性选配亲本、开展杂交育种提供了重要参考。

4 结论

300份羊草种质资源的抽穗率、结实率、穗重等12个性状的平均变异系数为21.72%,平均遗传多样性指数为2.001,表明供试资源具有丰富的变异和遗传多样性。聚类分析将群体划分为4个差异明显的类群。相关性分析表明,结实率与穗长、穗重、每穗种子数等11个指标均有相关性。主成分分析的前4个主成分累计贡献率达79.26%,可有效代表原始性状的绝大部分信息,分别指向“穗部产量因子”“穗部资源配置”“源-库关系”及“株高-穗部平衡”。利用综合隶属函数法结合抽穗率和结实率表现,筛选出50份优异种质资源,其抽穗率和结实率均值分别达42.61%和65.61%,均显著高于群体均值(35.49%和63.4%)。

参考文献

- [1] 黄泽豪. 羊草(*Leymus chinensis*)生殖生态学的研究[D]. 福州:福建师范大学,2003:4
HUANG Z H. Reproductive ecology of *Leymus chinensis*[D]. Fuzhou:Fujian Normal University,2003:4
- [2] 王建丽,庄煦,牟林林,等. 不同羊草品种品质性状比较研究[J]. 饲料研究,2024,47(13):136-140
WANG J L, ZHUANG X, MU L L, et al. Comparative study

- on quality traits of different *Leymus chinensis* varieties[J]. Feed Research, 2024, 47(13): 136-140
- [3] 陶雅, 徐丽君, 李峰, 等. 我国羊草产业亟待振兴[J]. 草业学报, 2023, 32(11): 188-198
TAO Y, XU L J, LI F, et al. The *Leymus chinensis* industry in China needs to be urgently revitalized[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2023, 32(11): 188-198
- [4] 刘公社, 李晓霞, 齐冬梅, 等. 羊草种质资源的评价与利用[J]. 科学通报, 2016, 61(2): 271-281
LIU G S, LI X X, QI D M, et al. Evaluation and utilization of *Leymus chinensis* germplasm resources[J]. Chinese Science Bulletin, 2016, 61(2): 271-281
- [5] 马鹤林, 宛涛, 王凤刚. 羊草结实特性及结实率低的原因[J]. 中国草原, 1984, 6(3): 15-21, 81
MA H L, WAN T, WANG F G. Characteristics of seed setting and causes of low seed yields in *Aneurolepidium chinense*[J]. Chinese Journal of Grassland, 1984, 6(3): 15-21, 81
- [6] 潘洪英. 羊草结实率低的内外成因研究[D]. 长春: 东北师范大学, 2007: 7
PAN H Y. The study of inner and outer cause of low setting percentage of *Leymus chinensis* [D]. Changchun: Northeast Normal University, 2007: 7
- [7] 南志标, 王彦荣, 贺金生, 等. 我国草种业的成就、挑战与展望[J]. 草业学报, 2022, 31(6): 1-10
NAN Z B, WANG Y R, HE J S, et al. Achievements, challenges and prospects of herbage seeds industry in China[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2022, 31(6): 1-10
- [8] SINGH H P, RAIGAR O P, CHAHOTA R K. Estimation of genetic diversity and its exploitation in plant breeding[J]. The Botanical Review, 2022, 88(3): 413-435
- [9] 海峰, 姚安, 孜比布拉·阿不都热合曼, 等. 22份冬小麦品种主要性状分析及综合评价指标[J]. 新疆农垦科技, 2026, 49(1): 29-36
HAI F, YAO A, ZIBIBULA A, et al. Analysis of main characteristics and comprehensive evaluation indicators of 22 winter wheat varieties[J]. Xinjiang Farm Research of Science and Technology, 2026, 49(1): 29-36
- [10] 刁玉虹, 尚俊秀, 杨彩凤, 等. 春小麦种质资源籽粒性状遗传多样性分析及综合评价[J]. 西北农业学报, 2026, 35(2): 199-210
DIAO Y H, SHANG J X, YANG C F, et al. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of grain traits in spring wheat germplasm resources[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2026, 35(2): 199-210
- [11] 魏松艳, 姜豪, 田译凯, 等. 基于主成分与聚类分析的小麦 RIL 群体农艺性状综合评价[J]. 麦类作物学报, 2026, 46(6): 768-775
WEI S Y, JIANG H, TIAN Y K, et al. Comprehensive evaluation of agronomic traits of wheat RIL population based on principal component analysis and cluster analysis[J]. Journal of Triticeae Crops, 2026, 46(6): 768-775
- [12] 邵鹏, 程婉莹, 谢瑞, 等. 258 份水稻种质资源遗传多样性分析及评价[J]. 种子, 2025, 44(10): 136-143
SHAO P, CHENG W Y, XIE R, et al. Genetic diversity analysis and evaluation on 258 rice germplasm resources[J]. Seed, 2025, 44(10): 136-143
- [13] 杜孝敬, 张燕红, 文孝荣, 等. 355 份粳稻种质资源在新疆的遗传多样性分析及综合评价[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(3): 13-26
DU X J, ZHANG Y H, WEN X R, et al. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of 355 introduced *Japonica* rice germplasm resources in Xinjiang[J]. Journal of China Agricultural University, 2024, 29(3): 13-26
- [14] 李淑芳, 李鹤南, 刘晓冬, 等. 205 份玉米种质资源表型性状遗传多样性分析及优异种质筛选[J]. 玉米科学, 2023, 31(5): 1-10
LI S F, LI H N, LIU X D, et al. Genetic diversity analysis of phenotypic traits and selection of superior germplasm in 205 maize germplasm resources[J]. Journal of Maize Sciences, 2023, 31(5): 1-10
- [15] 韦姗姗, 李成, 蔡雄卫, 等. 低纬高原季风区青贮玉米品种筛选与综合评价—以云南大理为例[J]. 草地学报, 2026, 34(5): 1776-1786
WEI S S, LI C, CAI X W, et al. Screening and comprehensive evaluation of silage maize varieties in low-latitude plateau monsoon region: A case study of Dali, Yunnan[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(5): 1776-1786
- [16] 阿提开姆·麦麦提, 顾炜, 于典司, 等. 基于隶属函数法的玉米种质资源苗期耐盐性评价[J]. 上海农业学报, 2023, 39(5): 54-60
ATIKAIMU M, GU W, YU D S, et al. Evaluation of salt tolerance of maize germplasm resources at seedling stage based on membership function method[J]. Acta Agriculturae Shanghai, 2023, 39(5): 54-60
- [17] 梁冰, 聂海民, 孙显锋. 玉米杂交种的主要农艺性状表现及其综合评价与应用[J]. 农村科学实验, 2025(24): 79-81
LIANG B, NIE H M, SUN X F. Main agronomic characters of maize hybrids and their comprehensive evaluation and application[J]. Rural Scientific Experiment, 2025(24): 79-81
- [18] 任小燕, 白育铭, 郭峰, 等. 早熟玉米自交系萌发期和苗期抗旱性鉴定与综合评价[J]. 干旱地区农业研究, 2026, 44(1): 22-30
REN X Y, BAI Y M, GUO F, et al. Identification and comprehensive evaluation of drought resistance of early-maturing maize inbred lines at germination and seedling stages[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2026, 44(1): 22-30
- [19] 陈富丽, 张善磊, 潘明泉, 等. 黄淮生态区 44 份大豆品种(系)综合评价[J]. 现代农业科技, 2025(24): 11-13
CHEN F L, ZHANG S L, PAN M Q, et al. Comprehensive evaluation of 44 soybean varieties(lines) in the Huang-Huai ecological region[J]. Modern Agricultural Science and Technology, 2025(24): 11-13
- [20] 李思梦, 王好让, 晋彤彤, 等. 大豆种质资源表型遗传多样性分析及综合评价[J]. 植物遗传资源学报, 2026, 27(2): 304-317
LI S M, WANG H R, JIN T T, et al. Phenotypic genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of *Glycine max* germplasm resources[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2026, 27(2): 304-317
- [21] 周福平, 史红梅, 张海燕, 等. 应用模糊隶属函数法对高粱种质资源的农艺性状和品质性状进行综合评价[J]. 种子, 2022, 41(1): 94-98
ZHOU F P, SHI H M, ZHANG H Y, et al. Comprehensive evaluation of agronomic and qualitative traits of sorghum germplasm resources based on fuzzy membership function method[J]. Seed, 2022, 41(1): 94-98
- [22] 杨学清, 任卫波, 白卓安, 等. 内蒙古 94 份紫花苜蓿种质资源农艺性状评价[J]. 种子, 2025, 44(5): 97-104
YANG X Q, REN W B, BAI Z A, et al. Agronomic traits evaluation of 94 *Medicago sativa* L. Germplasm resources in Inner Mongolia[J]. Seed, 2025, 44(5): 97-104
- [23] 孙庆赢, 姚兴洁, 吕艳贞, 等. 紫花苜蓿种子萌发期耐盐性综合评价[J]. 草地学报, 2026, 34(6): 2138-2146

- SUN Q Y, YAO X J, LYU Y Z, et al. Comprehensive evaluation of cadmium tolerance of alfalfa at seed germination stage [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2026, 34(6): 2138-2146
- [24] 李玉杰, 杨红善, 张瑞欣, 等. 不同苜蓿品种萌发期和苗期耐盐性评价[J]. *中国草食动物科学*, 2026, 46(2): 35-46
- LI Y J, YANG H S, ZHANG R X, et al. Evaluation of salt tolerance of different alfalfa varieties at germination and seedling stages [J]. *Chinese Herbivore Science*, 2026, 46(2): 35-46
- [25] 王建丽, 张莹莹, 张冬梅, 等. 紫花苜蓿资源萌发期耐碱性评价[J]. *饲料研究*, 2024, 47(16): 92-97
- WANG J L, ZHANG Y Y, ZHANG D M, et al. Evaluation of alkali stress of alfalfa varieties at germination period [J]. *Feed Research*, 2024, 47(16): 92-97
- [26] 冯蓝冰, 武俊英, 米俊珍, 等. 200份燕麦种质萌发期耐盐碱性的综合评价[J]. *麦类作物学报*, 2026, 46(6): 776-784
- FENG L B, WU J Y, MI J Z, et al. Comprehensive evaluation of saline-alkali tolerance of 200 oat germplasms at germination stage [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2026, 46(6): 776-784
- [27] 陈彩锦, 马琳, 蒋庆雪, 等. 244份饲用燕麦种质资源表型性状遗传多样性分析[J]. *中国农业科学*, 2025, 58(23): 4825-4836
- CHEN C J, MA L, JIANG Q X, et al. Genetic diversity analysis of phenotypic traits of 244 forage oat germplasm resources [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2025, 58(23): 4825-4836
- [28] 张博鸿, 马祥, 琚泽亮, 等. 不同生态条件下燕麦种质资源遗传多样性分析与综合评价[J]. *草业学报*, 2026, 35(7): 151-164
- ZHANG B H, MA X, JU Z L, et al. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of oat germplasm resources under different ecological conditions [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2026, 35(7): 151-164
- [29] 刘璋, 杨森, 郭晶瑜, 等. 基于隶属函数法的燕麦苗期耐旱性评价与种质筛选[J]. *草地学报*, 2026, 34(6): 2118-2127
- LIU Z, YANG M, GUO J Y, et al. Drought tolerance evaluation and germplasm screening of oat at seedling stage based on membership function method [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2026, 34(6): 2118-2127
- [30] 王介繁, 董笛, 张然, 等. 不同区域100份羊草种质结实性状的综合评价[J]. *中国草地学报*, 2025, 47(10): 11-21
- WANG J F, DONG D, ZHANG R, et al. Comprehensive evaluation of seed setting traits in 100 *Leymus chinensis* germplasms from different regions [J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2025, 47(10): 11-21
- [31] FLINT-GARCIA S A, THUILLET A C, YU J M, et al. Maize association population: a high-resolution platform for quantitative trait locus dissection [J]. *The Plant Journal*, 2005, 44(6): 1054-1064
- [32] 徐柱. 中国牧草手册[M]. 北京: 化学工业出版社, 2004: 85-95
- XU Z. China forage manual [M]. Beijing: Chemical Industry Press, 2004: 85-95
- [33] 杨劼, 王伟, 赵利清. 羊草种质资源描述规范和数据标准[S]. 北京: 中国农业出版社, 2010: 10-46
- YANG J, WANG W, ZHAO L Q. Descriptors and data standard for *Leymus chinensis* germplasm resources [S]. Beijing: China Agriculture Press, 2010: 10-46
- [34] SHENG H, ZHAO W B, WANG J G. Interacting multiple model tracking algorithm fusing input estimation and best linear unbiased estimation filter [J]. *IET Radar, Sonar & Navigation*, 2017, 11(1): 70-77
- [35] 李玉珊, 肖菁, 马越, 等. 169份番茄种质资源表型性状遗传多样性分析及综合评价[J]. *中国农业科学*, 2024, 57(18): 3671-3687
- LI Y S, XIAO J, MA Y, et al. Identification and evaluation of phenotypic characters and genetic diversity analysis of 169 tomato germplasm resources [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(18): 3671-3687
- [36] 金玲, 宋美琪, 鲍根生, 等. 32份早熟禾种质资源表型性状遗传多样性分析[J]. *草业科学*, 2024, 41(6): 1324-1335
- JIN L, SONG M Q, BAO G S, et al. Phenotypic diversity analysis of 32 *Poa* germplasm resources [J]. *Pratacultural Science*, 2024, 41(6): 1324-1335
- [37] 王凤宇, 梁国玲, 刘文辉. 590份燕麦种质资源营养器官表型性状遗传多样性分析[J]. *草地学报*, 2024, 32(1): 158-167
- WANG F Y, LIANG G L, LIU W H. Genetic diversity analysis of nutritional organs phenotype in 590 oat germplasms [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2024, 32(1): 158-167
- [38] 侯献飞, 张云, 刘雨馨, 等. 基于主要农艺性状的686份红花种质资源遗传多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2024, 25(9): 1468-1479
- HOU X F, ZHANG Y, LIU Y X, et al. Genetic diversity analysis of 686 safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm accessions based on agronomic traits [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024, 25(9): 1468-1479
- [39] 吕海瑞, 刘凯强, 吴瑞, 等. 高寒区不同老芒麦资源生产性能评价[J]. *草业科学*, 2026, 43(3): 731-740
- LYU H R, LIU K Q, WU R, et al. Evaluation of production performance of different *Elymus sibiricus* germplasm in Alpine regions [J]. *Pratacultural Science*, 2026, 43(3): 731-740
- [40] 白乌云, 其立干, 侯向阳. 基于分子标记技术的羊草遗传多样性研究进展[J]. *内蒙古师范大学学报(自然科学版)*, 2025, 54(5): 441-446
- BAI W Y, QI L G, HOU X Y. Research progress on genetic diversity of *Leymus chinensis* based on molecular marker technology [J]. *Journal of Inner Mongolia Normal University (Natural Science Edition)*, 2025, 54(5): 441-446
- [41] 习月. 小麦基因型生物量积累、分配和产量关系研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2025: 70
- XI Y. Research on the relationship among biomass accumulation, allocation, and grain yield in wheat genotypes [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2025: 70
- [42] FANG L, STRUIK P C, GIROUSSE C, et al. Source-sink relationships during grain filling in wheat in response to various temperature, water deficit, and nitrogen deficit regimes [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2024, 75(20): 6563-6578
- [43] 常春. 羊草种质资源农艺性状与品质综合评价及分布格局研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2020: 94
- CHANG C. Comprehensive evaluation and distribution pattern of agronomic characters and quality of *Leymus chinensis* germplasm resources [D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2020: 94
- [44] 中国中化控股有限责任公司, 中国种子协会, 中国种子贸易协会, 等. 2025年农作物种业现代产业链发展蓝皮书[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2025: 172
- China Sinochem Holdings Corporation Ltd., China Seed Association, China Seed Trade Association, et al. Blue book on development of modern industrial chain of crop seed industry 2025 [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2025: 172