

王应党,王冲,田顺顺,等.小麦品种(系)主要农艺性状的遗传多样性分析及综合评价[J].山西农业科学,2026,54(1):62-69.
WANG Y D, WANG C, TIAN S S, et al. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of major agronomic traits in wheat varieties(lines)[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2026, 54(1): 62-69.

doi:10.26942/j.cnki.issn.1002-2481.2026.01.07

小麦品种(系)主要农艺性状的遗传多样性 分析及综合评价

王应党¹,王冲²,田顺顺¹,郭凤芝¹,林坤¹,李思同¹,郭凌云¹,
任自超¹,袁阳¹,葛振勇²,王朝²

(1.菏泽市农业科学院,山东 菏泽 274000;2.菏泽市农业科学院 试验示范开发服务中心,山东 菏泽 274000)

摘要:为构建小麦亲本综合评价体系,筛选具有优良遗传特性的育种材料,以50份小麦品种(系)为试材,测定其株高、穗长、每穗小穗数、穗粒数、单株有效分蘖数、粒质、粒整齐度、千粒质量8个农艺性状,并采用遗传多样性指数、相关性分析、主成分分析、隶属函数法和层次聚类进行遗传多样性分析及综合评价。结果发现,8个农艺性状的遗传多样性指数为0.37(粒质)~2.07(穗长),平均值为1.62,表明50份小麦品种(系)遗传多样性丰富;变异系数为5.46%~30.27%,其中,单株有效分蘖数的变异系数最大,表明该群体小麦单株有效分蘖数的多样性水平最高,改良空间最大。相关性分析结果表明,穗长与每穗小穗数呈极显著正相关($r=0.451$),穗长与穗粒数呈极显著正相关($r=0.475$),每穗小穗数与穗粒数呈显著正相关($r=0.329$)。通过多元统计方法中的降维技术,将8个原始表型参数整合为5个互不相关的综合变量,其累积贡献率达到82.05%,可有效表征原始数据集的系统变异特征。基于隶属函数法综合评价进行层次聚类,将50份小麦品种(系)划分5个类群(优异型、较好型、中等型、较差型和最差型),筛选出济麦55、烟农836、景阳670、鲁原158、鑫麦296和泰农108共6份优异材料,其可作为小麦育种的优异亲本种质。

关键词:小麦;遗传多样性指数;相关性分析;主成分分析;隶属函数法;层次聚类

中图分类号:S512.1 文献标识码:A 文章编号:1002-2481(2026)01-0062-08

Genetic Diversity Analysis and Comprehensive Evaluation of Major Agronomic Traits in Wheat Varieties(Lines)

WANG Yingdang¹, WANG Chong², TIAN Shunshun¹, GUO Fengzhi¹, LIN Kun¹, LI Sitong¹,
GUO Lingyun¹, REN Zichao¹, YUAN Yang¹, GE Zhenyong², WANG Chao²

(1.Heze Academy of Agricultural Sciences, Heze 274000, China; 2.The Experimental Demonstration and
Development Service Center of Heze Academy of Agricultural Sciences, Heze 274000, China)

Abstract: To establish a comprehensive evaluation system for wheat parental lines and to screen breeding materials with superior genetic characteristics, in this study, 50 wheat cultivars(lines) were taken as experimental materials. Eight agronomic traits including plant height(PH), spike length(SL), number of spikelets per spike(NSPS), number of grains per spike(NGPS), number of effective tillers per plant(NETP), grain texture(GT), grain uniformity(GU), and thousand-grain weight(TGW) were measured. Comprehensive genetic diversity analysis and evaluation were performed by calculating the genetic diversity index, conducting correlation analysis, principal component analysis(PCA), applying the membership function method, and performing hierarchical clustering. The results indicated the range of genetic diversity index for the eight traits was from 0.37 (GT) to 2.07(SL), with an average of 1.62, demonstrating that the 50 wheat varieties(lines) had substantial genetic diversity.

收稿日期:2025-03-11

基金项目:国家小麦产业技术体系菏泽综合试验站项目(CARS-3-2);山东省小麦产业技术体系菏泽综合试验站项目(SDAIT-01-22);
山东省科技示范工程(2024SFGC0402)

作者简介:王应党,农艺师,硕士,主要从事小麦育种与栽培研究,E-mail:wangyingdang123@163.com

通信作者:郭凤芝,高级农艺师,硕士,主要从事小麦育种与栽培研究,E-mail:lklgfz2014@163.com

The coefficients of variation(CV) for the traits varied from 5.46% to 30.27%. Notably, NETP exhibited the highest CV (30.27%), suggesting that the population had the highest level of diversity in the number of effective tillers per plant and the greatest improvement space. Correlation analysis revealed a extremely significant positive correlation between SL and NSPS ($r=0.451$), as well as between SL and NGPS($r=0.475$). A significant positive correlation was also found between NSPS and NGPS($r=0.329$). Through the dimensionality reduction technique in multivariate statistical methods, 8 original phenotypic parameters were integrated into 5 mutually uncorrelated comprehensive variables, and their cumulative contribution rate reached 82.05%, which could effectively characterize the systematic variation characteristics of the original dataset. Hierarchical clustering based on comprehensive evaluation values of membership function method classified the 50 varieties(lines) into five groups:excellent type, better type, middling type, poor type, and worst type.Six elite materials including Jimai 55, Yannong 836, Jingyang 670, Luyuan 158, Xinmai 296, and Tainong 108 were identified as superior parental materials for breeding.

Keywords: wheat; genetic diversity index; correlation analysis; principal component analysis; membership function method; hierarchical clustering

小麦是全球最重要的粮食作物之一,为世界上40%的人口提供主食^[1],在世界各地均有种植。我国小麦种植面积约为2 334.5 hm²^[2],是全球最大的小麦生产与消费国。在2022年的全球小麦生产格局中,我国以1.38亿t的产量稳居第一,全球约17%的小麦产量来自我国。因此,保障我国小麦高产稳产意义重大且影响深远^[3]。

影响小麦高产稳产的因素众多,而小麦品种作为关键的内在因素,占据核心地位,培育良种、丰富种质资源是非常重要的。以2019年为例,我国授予的植物新品种权证书多达2 749个,跃居世界首位^[4]。审定品种数量的暴发式增长,极大地增强了种业在市场中的竞争力,但与此同时,选种和用种的难度也随之增加^[5]。基于小麦表型特征的系统解析,开展遗传多样性评估、精准分类与综合评价,是优化种质资源筛选与利用的理论基础,同时也是育种策略实施的关键步骤。然而,由于小麦基因组结构复杂,且多个表型性状间存在显著的遗传连锁与表观互作效应,导致品种资源的多维度评价面临明显的技术瓶颈。

近年来,基于多元统计方法与分类算法将多维原始变量降维重构为低维综合因子,显著提升了表型性状间关联特征的解析效率。该技术体系在作物非生物胁迫耐受性、生物胁迫抗性等性状的遗传解析与种质资源筛选领域得到广泛应用,为作物遗传改良提供了重要的技术支撑^[6]。陈卫国等^[7]运用多元统计方法和分类算法手段,对211份小麦品种资源展开抗旱性测评,经系统分析,精准筛选出8份具备高度抗旱特性的小麦种质资源。姚维成等^[8]采用多元统计方法对不同小麦品种产量性状进行综合评估,选出3份适合当地小麦生产的主推品种。李素等^[9]运用多元统计方法对48份

小麦样本的主要田间农艺性状进行分析与筛选,成功筛选出1份高度抗旱小麦品种。张会芳等^[10]运用多元统计与分类算法相结合的方法对118份小麦的遗传多样性进行综合评估,从中筛选出3份强筋品种和7份中强筋品种。张凡等^[11]采用聚类分析与主成分分析方法对35份黄淮南片育成小麦品种(系)农艺、产量及品质性状进行全面综合分析与评估,筛选出5份综合性状优良小麦品种。

本研究采用遗传多样性指数、相关性分析、主成分分析、隶属函数法和层次聚类分析方法,对50份小麦新品种(系)实施遗传多样性分析与综合评价,旨在为小麦选种、配种以及育种目标提供坚实的理论支撑。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试的50份小麦品种(系)为黄淮麦区的代表性品种,种子由菏泽市农业科学院统一提供。

1.2 试验方法

试验于2020—2021年在菏泽市农业科学院试验地开展。前茬作物为玉米,玉米秸秆全部粉碎还田。施用磷酸二铵375 kg/hm²、硫酸钾225 kg/hm²和尿素300 kg/hm²做基肥。施肥后,耕深50 cm,旋耕2遍。采用人工条播播种,并且依据随机区组设计原则,每个品种(系)种植2行,行长为1.6 m,行距为25 cm,株距为2~3 cm。

1.3 测定指标及方法

参照王应党等^[12]和田顺顺等^[13]的方法测定小麦农艺性状。株高(PH):每份材料随机选取10株,测量每株从地面至穗顶端的长度,不含芒;穗长(SL):每份材料随机选取10个穗头,测量每穗从穗茎节到穗顶端的长度,不含芒;每穗小穗数

(NSPS):每份材料随机选取 10 个穗头,统计每穗从穗茎节到穗顶端的有效小穗数;穗粒数(NGPS):每个材料随机选取 50 穗混合脱粒,统计其总粒数;单株有效分蘖数(NETP):每份材料随机选取 10 株,统计每株有效分蘖数;粒质(GT):每份材料随机选取 50 粒,根据目测横切面胚乳结构,半透明为硬质,用 3 表示,结构疏松、石膏状为软质,用 1 表示,介于二者之间为半硬质,用 2 表示;粒整齐度(GU):每份材料随机选取 50 粒,根据目测同样形状和大小籽粒占总粒数为 90% 以上的为整齐,低于 70% 为不整齐,介于二者之间为中等水平,分别以 3、1、2 表示;千粒质量(TGW):每份材料随机选取 3 次 1 000 粒称量,计算平均值作为千粒质量。

1.4 小麦品种(系)农艺性状的综合评价方法

参照唐有林等^[14]、吴秀宁等^[15]、王应党等^[12]的综合评价(D 值)法对小麦品种(系)进行综合评价。

遗传多样性指数(Shannon-Wiener 指数: H')是计算所有小麦品种(系)各农艺性状的平均值(\bar{x})和标准差(δ),并据此对所有品种(系)的农艺性状值划分为 10 级,即 1 级 $< \bar{x} - 2\delta$ 到 10 级 $\geq \bar{x} + 2\delta$,每级间隔差 0.5δ 。

$$H' = -\sum P_i \ln P_i \quad (1)$$

其中, P_i 指某个性状在第 i 级别的品种(系)数占有品种(系)数的比例。

主成分分析是针对 8 个农艺性状采用多元统计降维方法,依据特征向量累积贡献率大于 80% 这一标准,确定保留前 p 个互不相关的综合指标,这些主成分将替代原始的 8 个农艺性状信息用于后续评价,进而计算所有品种(系)在这些主成分

上的得分。

隶属函数标准化是采用隶属函数法对所有品种(系)在已提取的各个主成分上的得分进行标准化处理,使其标度范围落在区间(0,1)内。

$$y'_{xp} = u(y_{xp}) = (y_{xp} - \min(y_p)) / (\max(y_p) - \min(y_p)) \quad (2)$$

其中, y_{xp} 为第 x 个品种在第 p 个综合指标上的得分值; x 为品种; p 为降维后的综合指标; $\max(y_p)$ 和 $\min(y_p)$ 分别代表所有品种(系)在第 p 个主成分上得分的最大值与最小值。

综合评价是基于各主成分特征向量的标准化载荷值,通过加权线性组合构建种质资源的综合评价值,即 D 值。以各个品种(系)的综合评价值(D 值)为指标进行层次聚类分析。

$$D_x = \sum_{p=1}^p (w_p y'_{xp}) \quad (3)$$

$$w_p = R_p / \sum_{p=1}^p (R_p) \quad (4)$$

其中, w_p 为第 p 个主成分的权重, R_p 为主成分分析中第 p 个主成分的贡献率。

1.5 统计分析

利用 Microsoft Excel 2021 进行数据整理;利用 SAS 9.4 软件的 MEANS 进行农艺性状的描述性统计,PRINCOMP 进行主成分分析和 CLUSTER 进行聚类分析,相关性分析和聚类结果利用 RStudio 4.3.2 进行制图。

2 结果与分析

2.1 小麦品种(系)农艺性状的遗传多样性分析

小麦品种(系)各农艺性状的统计分析及其遗传多样性指数如表 1 所示。

表 1 小麦品种(系)各农艺性状的统计分析及其遗传多样性指数

Tab.1 Statistical analysis and genetic diversity index of agronomic traits of wheat varieties (lines)

农艺性状 Agronomic traits	平均值±标准差 Mean±SD	变幅 Variation range	CV/%	H'
株高/cm PH	82.30±4.49	68.00~97.00	5.46	1.91
穗长/cm SL	8.75±0.84	7.00~10.42	9.65	2.07
每穗小穗数/个 NSPS	18.08±1.14	15.00~20.00	6.31	2.03
穗粒数/粒 NGPS	34.64±3.29	27.00~40.00	9.51	2.06
单株有效分蘖数/个 NETP	2.08±0.63	0.86~3.23	30.27	2.04
粒质 GT	2.88±0.33	2.00~3.00	11.40	0.37
粒整齐度 GU	2.10±0.36	1.00~3.00	17.34	0.46
千粒质量/g TGW	47.03±4.08	38.42~59.81	8.68	2.00

从表 1 可以看出,8 个农艺性状的遗传多样性

指数为 0.37~2.07,其均值为 1.62。在这些性状

中,千粒质量、穗粒数、每穗小穗数、穗长、单株有效分蘖数以及株高的遗传多样性指数比平均值高,显示出这些性状的遗传变异对50份小麦品种(系)遗传多样性具有显著影响。此外,这8个农艺性状的变异系数(CV)为5.46%~30.27%,其中,单株有效分蘖数的离散系数最大,表明小麦群体在各个农艺性状上表现出显著的异质性,其中,单株有效分蘖数的变异程度尤为突出,展现出较高的遗传可塑性。综上,在小麦品种选育过程中,应避免仅依据单一性状进行筛选,而需采用多性状综合评价策略,以充分挖掘和利用其遗传潜力。

2.2 小麦品种(系)农艺性状的相关性分析

农艺性状间的相关性能够揭示其内在联系。不同农艺性状所呈现出的相关性存在差异,这意味着性状间存在信息的冗余与消减现象。通过相关性分析发现(图1),穗长与每穗小穗数、穗粒数均呈显著正相关关系($P < 0.05$),相关系数分别为0.451、0.475;每穗小穗数与穗粒数呈显著正相关关系($P < 0.05$),相关系数为0.329。这些数据表明,小麦农艺性状之间存在一定程度共线性和信息冗余。因此,在品种选育和评价过程中,应避免仅依赖于单一表型特征进行判断,而需采用多维度综合分析方法,以确保评估结果的科学性和准确性。

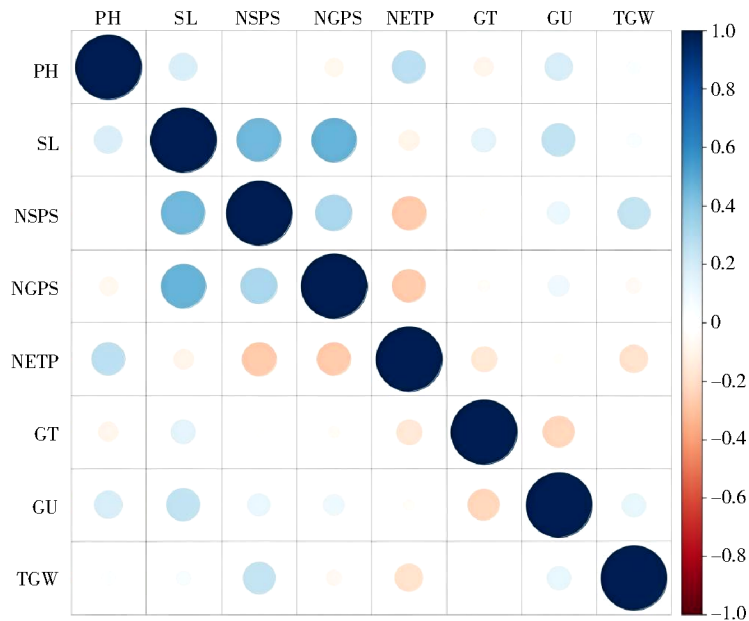


图1 小麦品种(系)不同农艺性状之间的相关性分析

Fig.1 Correlations among different agronomic traits in wheat varieties (lines)

2.3 小麦品种(系)农艺性状的主成分分析

采用主成分分析法(PCA)对小麦品种(系)的农艺性状进行降维处理,以解决多重共线性导致的数据冗余问题。通过正交变换生成互不相关的主成分,将8个原始农艺性状的高维信息映射至低维空间。表2结果表明,前5个主成分的累积贡献率达82.05%,表明其能够有效表征原始性状82.05%的变异信息,最终选取5个主成分作为综合评价指标,构建小麦品种(系)农艺性状的量化评价模型,为后续遗传资源解析提供统计依据。

根据主成分的特征向量进一步对各主成分的生物学意义解析发现,P1的特征值为2.114,贡献率为26.42%,决定P1的特征向量是穗长、每穗小

穗数和穗粒数,载荷值分别为0.528、0.516、0.471。P2的特征值为1.500,贡献率为18.75%,决定P2的特征向量是株高和粒整齐度,载荷值分别为0.591、0.468。P3的特征值为1.149,贡献率为14.37%,决定P3的特征向量是穗长和穗粒数,载荷值分别为0.336、0.389。P4的特征值为1.046,贡献率为13.07%,决定P4的特征向量是株高和粒质,载荷值分别为0.452、0.705;P5的特征值为0.756,贡献率为9.44%,决定P5的特征向量是每穗小穗数,载荷值分别为0.496。各主成分的差异化特征向量证实了小麦农艺性状的多维遗传架构,为性状独立选择提供理论依据。

表 2 小麦品种(系)农艺性状的主成分分析

Tab.2 Principal component analysis of agronomic traits in wheat varieties (lines)

农艺性状 Agronomic traits	特征向量 Eigenvector				
	P1	P2	P3	P4	P5
株高 PH	0.026	0.591	0.082	0.452	0.078
穗长 SL	0.528	0.141	0.336	0.261	-0.022
每穗小穗数 NSPS	0.516	-0.026	-0.133	0.030	0.496
穗粒数 NGPS	0.471	-0.096	0.389	-0.307	0.077
单株有效分蘖数 NETP	-0.336	0.455	0.281	0.136	0.325
粒质 GT	0.031	-0.439	0.189	0.705	-0.350
粒整齐度 GU	0.270	0.468	-0.158	-0.206	-0.705
千粒质量 TGW	0.215	0.043	-0.756	0.272	0.132
特征值 Eigenvalue	2.114	1.500	1.149	1.046	0.756
贡献率/% Contribution rate	26.420	18.750	14.370	13.070	9.440
累积贡献率/% Accumulative contribution rate	26.420	45.170	59.540	72.610	82.050
权重系数 Weight coefficient	0.322	0.229	0.175	0.159	0.115

2.4 小麦品种(系)的综合评价

由表 3 可知,50 个小麦品种(系)的 D 值为 0.333~0.718,差异较大,其中,有 17 个品种的 D 值大于 0.600,分别是济麦 55(0.718)、烟农 836(0.701)、景阳 670(0.700)、鲁原 158(0.681)、鑫麦 296(0.677)、

泰农 108(0.670)、泰科麦 38(0.655)、鲁研 148(0.654)、山农 30(0.649)、济麦 5172(0.643)、济麦 40(0.640)、鲁原 118(0.637)、鲁麦 21(0.635)、鲁麦 23(0.626)、济麦 60(0.624)、圣麦 127(0.622)和冠麦 96(0.618),其中,济麦 55 品种的 D 值最大。

表 3 小麦品种编号和综合评价价值

Tab.3 Code and comprehensive evaluation value of wheat varieties

编号 Number	名称 Name	D 值 D-value	编号 Number	名称 Name	D 值 D-value
B01	济麦 55	0.718	B24	冀麦 782	0.557
B02	烟农 836	0.701	B25	烟农 301	0.555
B03	景阳 670	0.700	B26	圣麦 5 号	0.553
B04	鲁原 158	0.681	B27	良星 99	0.548
B05	鑫麦 296	0.677	B28	临 091	0.546
B06	泰农 108	0.670	B29	淄麦 29	0.541
B07	泰科麦 38	0.655	B30	鲁原 502	0.524
B08	鲁研 148	0.654	B31	齐麦 5 号	0.521
B09	山农 30	0.649	B32	齐麦 2 号	0.515
B10	济麦 5172	0.643	B33	济麦 39	0.512
B11	济麦 40	0.640	B34	山农 K25053	0.504
B12	鲁原 118	0.637	B35	烟 1212	0.486
B13	鲁麦 21	0.635	B36	济麦 52	0.485
B14	鲁麦 23	0.626	B37	山农 32	0.484
B15	济麦 60	0.624	B38	泰山 28	0.480
B16	圣麦 127	0.622	B39	济麦 27	0.476
B17	冠麦 96	0.618	B40	QF195	0.470
B18	济麦 56	0.594	B41	良星 612	0.454
B19	良星 66	0.589	B42	泰麦 198	0.429
B20	鲁原 128	0.582	B43	济麦 70	0.411
B21	鲁原 787	0.575	B44	山农 20	0.404
B22	济麦 21	0.565	B45	济麦 23	0.391
B23	济麦 38	0.560	B46	济麦 19	0.382

续表3 小麦品种编号和综合评价

Tab.3(Continued) Code and comprehensive evaluation value of wheat varieties

编号 Number	名称 Name	D值 D-value	编号 Number	名称 Name	D值 D-value
B47	济麦 22	0.382	B49	泰农 33	0.346
B48	泰科麦 34	0.380	B50	山农 29	0.333

基于D值对50份小麦品种(系)进行层次聚类分析发现(图2、表4)。

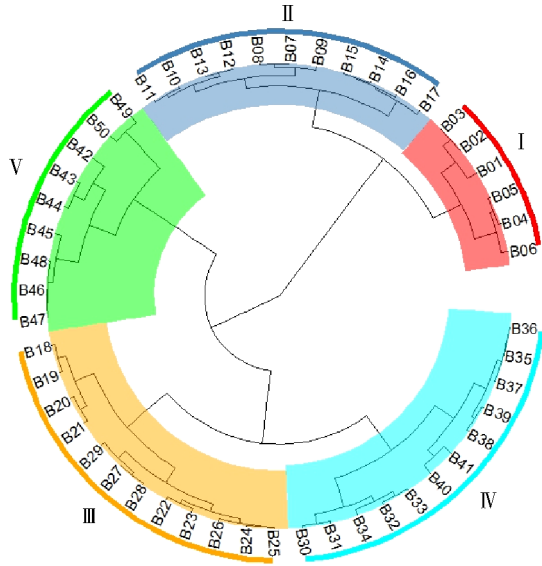


图2 小麦品种(系)聚类分析

Fig.2 Clusters of wheat varieties (lines)

由图2、表4可知,50个小麦品种(系)可划分为5个表型类群,第I类群包含济麦55(0.718)、烟农836(0.701)、景阳670(0.700)、鲁原158(0.681)、

鑫麦296(0.677)和泰农108(0.670),其平均值为0.691,整体表现优异,定义为优异型;第II类群包含11份材料,各性状表现均衡但无显著优势,定义为较好型;第III类群包含12份材料,表型参数处于群体中值水平,定义为中等型;第IV类群包含12份材料,多数性状呈现显著衰退,定义为较差型;第V类群包含9份材料,该类材料多数性状出现极端低值,定义为最差型。

通过对各类群样本在8个关键农艺特征上的均值及其综合评估D值进行综合分析,揭示了不同类群间的遗传变异特征(表4),各遗传类群呈现显著性状梯度分化。第I类群材料在穗长(9.78 cm)、单株有效分蘖数(2.38个)和粒整齐度(2.33)性状上优于其他类群;第II类群在株高(83.64 cm)、穗长(9.45 cm)、每穗小穗数(18.95个)等性状参数虽未达显著阈值,但整体处于优良水平;第III类群至第IV类群在株高、穗长、穗粒数等性状上没有表现出显著优势。第V类群在株高(77.44cm)、穗长(7.85cm)、穗粒数(32.74个)等性状上表现极差。该分类群模式揭示小麦种质资源表型分化的连续性与层级性特征。

表4 各类群关键农艺性状的统计分析

Tab.4 Statistical analysis of key agronomic traits across different groups

农艺性状 Agronomic traits	类群 Group				
	I	II	III	IV	V
株高/cm PH	87.33	83.64	82.58	81.92	77.44
穗长/cm SL	9.78	9.45	8.85	8.19	7.85
每穗小穗数/个 NSPS	18.47	18.95	18.55	17.78	17.02
穗粒数/粒 NGPS	36.86	36.89	33.96	33.41	32.74
单株有效分蘖数/个 NETP	2.38	1.95	2.23	2.11	1.81
粒质 GT	3.00	2.82	2.92	2.75	3.00
粒整齐度 GU	2.33	2.18	2.00	2.17	1.89
千粒质量/g TGW	47.54	47.64	46.11	47.56	46.46
D值 D-value	0.691	0.637	0.564	0.492	0.384

3 结论与讨论

种质资源作为小麦遗传改良的物质基础^[16],其

表型的精准解析仍是种质创新的核心切入点^[17]。遗传多样性指数能够表征小麦种质资源在遗传变异上的丰富程度,变异系数可以反映农艺性状的

多样性水平。本研究基于表型组学策略,量化评估黄淮麦区 50 份小麦种质的遗传多样性特征,株高($H'=1.91$)、穗部结构参数(穗长 $H'=2.07$,小穗数 $H'=2.03$)及产量性状(穗粒数 $H'=2.06$,千粒质量 $H'=2.00$)的遗传异质性显著高于群体均值($H'=1.62$),表明株型结构、穗部构型及产量构成性状的遗传离散度对黄淮麦区小麦种质群体多态性的形成具有核心调控作用。变异系数分析进一步揭示表型离散特征,单株有效分蘖数($CV=30.27\%$)表现出最大表型可塑性,而株高($CV=5.46\%$)则呈现高度保守性。

小麦表型特征的形成受遗传调控网络与生态因子互作的调控。已有研究表明,农艺性状间存在显著表型协变,其冗余性导致传统评价体系存在多重共线性偏差。基于多元统计方法的主成分分析(PCA),通过正交变换将多维数据降维至互不相关的综合指标,在保留 82.05% 原始信息量的前提下实现高效特征提取。该方法已成功应用于作物表型组解析,其有效性被多维度验证^[18]。层次聚类则将各个品种(系)的综合评价 D 值进行聚类,进而筛选出小麦优异型品种。本研究基于多维表型组学策略,整合多元统计方法和层次聚类算法构建作物表型评价模型。通过提取 5 个互不相关的综合指标(可解释 82.05% 的表型变异),采用模糊隶属函数对多源数据进行标准化转换,最终建立基于综合指数(D 值)的量化评估体系。该算法的稳健性已在多种主要作物的农艺特征综合评估中得到验证,包括水稻^[19]、小麦^[20]、玉米^[21]、大豆^[22]等,其结果具有较高的可靠性,能够全面评估不同种质资源的表现。

本研究通过多维表型评估体系,筛选出综合指数显著偏高的种质材料(济麦 55(D 值=0.718)、烟农 836(D 值=0.701)、景阳 670(D 值=0.700)、鲁原 158(D 值=0.681)、鑫麦 296(D 值=0.677)和泰农 108(D 值=0.670)),其穗部形态(穗长)建成、生殖结构(每穗小穗数)优化及产量性状协同(穗粒数、千粒质量)等维度均呈现显著表型优势。此类材料可作为籽粒产量与品质协同改良的遗传供体材料。研究表明,整合多元统计降维技术(累计解释率 82.05%)与层次聚类算法的评价模型,不仅实现了种质资源表型特征的全局量化解析,更通过综合指数的梯度分布构建了基因型-表型关联的量化框架。该评估体系为作物遗传改良的供

体筛选提供了技术支持。

参考文献:

- [1] 张锋,张立东,马孝锋,等. 小麦新品种赛德麦 8 号的主要农艺性状适应性分析[J]. 大麦与谷类科学, 2023, 40(4): 62-68.
ZHANG F, ZHANG L D, MA X F, et al. Study on adaptability of main agronomic characters of new wheat variety saide-mai No.8[J]. Barley and Cereal Sciences, 2023, 40(4): 62-68.
- [2] 王宏凯,赵靖怡,郭宏娜,等. 小麦种质资源耐盐性鉴定[J]. 麦类作物学报, 2024, 44(2): 253-260.
WANG H K, ZHAO J Y, GUO H N, et al. Identification of salt tolerance of wheat germplasm resources[J]. Journal of Triticeae Crops, 2024, 44(2): 253-260.
- [3] 刘林业,王壮壮,谷丰序,等. 播种方式对冬小麦群体光合特性、氮素积累转运及产量的影响[J]. 河南农业科学, 2024, 53(10): 28-36.
LIU L Y, WANG Z Z, GU F X, et al. effects of seeding methods on population photosynthetic characteristics, nitrogen accumulation and transport and yield of winter wheat[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2024, 53(10): 28-36.
- [4] 谭淑豪. 我国种业健康发展需系统创新[J]. 人民论坛, 2021(22): 75-79.
TAN S H. The healthy development of China's seed industry requires systematic innovation [J]. People's Tribune, 2021(22): 75-79.
- [5] 王平. 我国种业发展的主要问题及对策探析[J]. 中国农业科技导报, 2021, 23(11): 7-16.
WANG P. The main problems and countermeasures of seed industry development in China[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2021, 23(11): 7-16.
- [6] 刘彤彤,李宁,魏良迪,等. 山西省主推小麦品种芽期及苗期耐盐性的综合评价[J]. 中国农业大学学报, 2022, 27(2): 22-33.
LIU T T, LI N, WEI L D, et al. Comprehensive evaluation of salt tolerance of wheat varieties in Shanxi province during germination and seedling stage[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(2): 22-33.
- [7] 陈卫国,张政,史雨刚,等. 211 份小麦种质资源抗旱性的评价[J]. 作物杂志, 2020(4): 53-63.
CHEN W G, ZHANG Z, SHI Y G, et al. Drought-tolerance evaluation of 211 wheat germplasm resources[J]. Crops, 2020(4): 53-63.
- [8] 姚维成,孔强,殷树华,等. 基于主成分分析的不同小麦品种产量性状的综合评价[J]. 大麦与谷类科学, 2023, 40(3): 11-16.
YAO W C, KONG Q, YIN S H, et al. Comprehensive evaluation of yield characters of different wheat varieties based on principal component analysis[J]. Barley and Cereal Sciences, 2023, 40(3): 11-16.
- [9] 李素,姜鸿明,宫德衬,等. 48 份冬小麦主要田间农艺性状的主成分分析及抗旱性综合评价[J]. 山东农业科学, 2014, 46(7): 25-30.
LI S, JIANG H M, GONG D C, et al. Principal component analysis of primary agronomic characters and comprehensive evaluation on drought resistance of 48 winter wheat cultivars[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2014, 46(7): 25-30.

- [10] 张会芳,冯丽丽,段俊枝,等. 基于14个性状的118份小麦遗传多样性分析及综合评价[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(18): 99-108.
ZHANG H F, FENG L L, DUAN J Z, et al. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of 118 wheat cultivars based on 14 traits[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2022, 50(18): 99-108.
- [11] 张凡,杨春玲,刘国涛. 近年来黄淮南片育成小麦品种(系)农艺、产量及品质性状综合分析与评价[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(21): 90-97.
ZHANG F, YANG C L, LIU G T. Comprehensive analysis and assessment on agronomy, yield and quality traits of bred wheat varieties (lines) in southern Huang-Huai region in recent years[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2022, 50(21): 90-97.
- [12] 王应党,任自超,王冲,等. 基于8个农艺性状的黄淮麦区小麦品种(系)综合评价[J]. 河北农业科学, 2023, 27(6): 41-48.
WANG Y D, REN Z C, WANG C, et al. Comprehensive evaluation of wheat varieties (lines) in Huanghuai wheat region based on 8 agronomic traits[J]. Journal of Hebei Agricultural Sciences, 2023, 27(6): 41-48.
- [13] 田顺顺,王冲,郭凤芝,等. 黄淮麦区180个小麦品种的6个农艺性状遗传多样性分析[J]. 河北农业科学, 2024, 28(1): 86-91.
TIAN S S, WANG C, GUO F Z, et al. Genetic diversity analysis of six agronomic traits of 180 wheat varieties in Huanghuai wheat region[J]. Journal of Hebei Agricultural Sciences, 2024, 28(1): 86-91.
- [14] 唐有林,王蕾,王寒冬,等. 燕麦种质资源表型多样性及综合评价[J]. 应用与环境生物学报, 2024, 30(6): 1236-1244.
TANG Y L, WANG L, WANG H D, et al. Phenotypic diversity analysis and comprehensive evaluation of oat germplasms [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2024, 30(6): 1236-1244.
- [15] 吴秀宁,付鑫鑫,陈月星,等. 商洛主栽小麦品种苗期抗旱性综合评价[J]. 西北农业学报, 2024, 33(7): 1225-1234.
WU X N, FU X X, CHEN Y X, et al. Comprehensive evaluation of drought resistance of main wheat varieties at seedling stage in Shangluo[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2024, 33(7): 1225-1234.
- [16] LANDJEVA S, KORZUN V, GANEVA G. Evaluation of genetic diversity among Bulgarian winter wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties during the period 1925-2003 using micro-satellites[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2006, 53(8): 1605-1614.
- [17] 孙允超,王光禄,王怀恩,等. 引入的美国小麦种质主要农艺性状的遗传多样性分析[J]. 中国农学通报, 2018, 34(33): 1-6.
SUN Y C, WANG G L, WANG H E, et al. Genetic diversity of main agronomic characters of wheat germplasm introduced from America[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2018, 34(33): 1-6.
- [18] 李敏,苏慧,李阳阳,等. 黄淮海麦区小麦耐热性分析及其鉴定指标的筛选[J]. 中国农业科学, 2021, 54(16): 3381-3393.
LI M, SU H, LI Y Y, et al. Analysis of heat tolerance of wheat with different genotypes and screening of identification indexes in Huang-Huai-Hai Region[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2021, 54(16): 3381-3393.
- [19] 陈越,丁明亮,张敦宇,等. 云南水稻种质资源农艺性状表型多样性分析及综合评价[J]. 南方农业学报, 2019, 50(9): 1922-1930.
CHEN Y, DING M L, ZHANG D Y, et al. Phenotypic diversity analysis and comprehensive evaluation of agronomic characters of rice germplasm resources in Yunnan province[J]. Journal of Southern Agriculture, 2019, 50(9): 1922-1930.
- [20] 张莹莹,赵明辉,孟祥海,等. 55份衡麦系列种质资源萌发期耐盐性筛选与鉴定[J]. 山西农业科学, 2025, 53(2): 92-100.
ZHANG Y Y, ZHAO M H, MENG X H, et al. Screening and identification of salt tolerance of 55 hengmai wheat accessions of germplasms at germination stage[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2025, 53(2): 92-100.
- [21] 王俊花,邵林生,闫建宾,等. 基于主成分分析的糯玉米杂交组合农艺性状综合评价[J]. 山西农业科学, 2022, 50(7): 938-944.
WANG J H, SHAO L S, YAN J B, et al. Comprehensive evaluation of agronomic traits based on principal component analysis of waxy cross combinations[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2022, 50(7): 938-944.
- [22] 孙影,叶录,王凤梧,等. 基于主成分分析和聚类分析的大豆高产群体性状研究[J]. 江西农业学报, 2023, 35(6): 24-29.
SUN Y, YE L, WANG F W, et al. Study on high-yield population traits of soybean based on principal component analysis and cluster analysis[J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2023, 35(6): 24-29.