

糜子农家种资源抽穗期与产量性状关系分析

史慎奎¹, 王春芳^{1*}, 王冰嵩², 栾素荣², 祁东梅¹, 王玉芳¹, 姜海红³, 张温典¹, 李瑞来⁴, 孙田田¹

¹河北民族师范学院生物与食品科学学院, 河北 承德

²承德市农林科学院, 河北 承德

³平泉市林业草原局, 河北 承德

⁴河北省农业广播电视学校承德县分校, 河北 承德

收稿日期: 2022年8月20日; 录用日期: 2022年9月20日; 发布日期: 2022年9月27日

摘要

为筛选优良的糜子种质资源, 选育高产优质的糜子新品种, 本研究运用相关性分析、主成分分析、聚类分析对承德地区搜集到的91份糜子种质资源的抽穗期与产量性状之间的关系进行综合分析。结果表明, 糜子的产量性状中单穗粒重变异系数最大, 为84.4%, 单穗重的变异系数最小, 为37.5%。相关性分析中抽穗期与单穗重呈正相关, 与单穗粒重不相关, 与千粒重呈负相关。主成分分析将4个性状简化为3个因子, 累积贡献率达92.439%。聚类分析在遗传距离10.0处将91份糜子种质资源分为2个类群, 第1类群在遗传距离5.0处又可分为3个类群; 得出抽穗期在64 d~67 d的范围内的糜子产量性状较高。

关键词

糜子, 抽穗期, 产量性状, 相关性分析, 主成分分析, 聚类分析

Analysis on the Relationship between Heading Date and Yield Traits of Proso Millet Landrace

Shenkui Shi¹, Chunfang Wang^{1*}, Bingsong Wang², Surong Luan², Dongmei Qi¹, Yufang Wang¹, Haihong Jiang³, Wendian Zhang¹, Ruilai Li⁴, Tiantian Sun¹

¹School of Biology and Food Science, Hebei Normal University for Nationalities, Chengde Hebei

²Chengde Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Chengde Hebei

*通讯作者。

文章引用: 史慎奎, 王春芳, 王冰嵩, 栾素荣, 祁东梅, 王玉芳, 姜海红, 张温典, 李瑞来, 孙田田. 糜子农家种资源抽穗期与产量性状关系分析[J]. 农业科学, 2022, 12(9): 870-879. DOI: 10.12677/hjas.2022.129123

³Pingquan Forestry and Grassland Administration, Chengde Hebei

⁴Chengde County Branch of Hebei Agricultural Radio and Television School, Chengde Hebei

Received: Aug. 20th, 2022; accepted: Sep. 20th, 2022; published: Sep. 27th, 2022

Abstract

In order to screen excellent proso millet germplasm resources and breed new varieties of proso millet with high yield and good quality, correlation analysis, principal component analysis and cluster analysis were used to comprehensively analyze the relationship of the heading date and yield traits of 91 proso millet germplasm resources in Chengde area. The results showed that the variation coefficient of grain weight per panicle was the highest (84.4%), and that of grain weight per panicle was the lowest (37.5%). In correlation analysis, heading date was positively correlated with single panicle weight, but not with grain weight per panicle, but negatively correlated with 1000-grain weight. Principal component analysis simplified the four traits into three factors, and the cumulative contribution rate reached 92.439%. Cluster analysis showed that 91 proso millet germplasm resources were divided into two groups at genetic distance 10.0, and the first group was divided into three groups at genetic distance 5.0. The results showed that the comprehensive yield of proso millet was higher in the range of 64 d to 67 d heading date.

Keywords

Proso Millet, Heading Date, Yield Traits, Correlation Analysis, Principal Component Analysis, Clustering Analysis

Copyright © 2022 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

糜子(*Panicum miliaceum* L.)是禾本科黍属一年生草本禾谷类作物, 又称黍、稷、糜, 始于一万年前中国最古老的作物, 是我国北方地区传统粮食作物之一, 具有生育期短、耐旱、耐贫瘠等特点, 是抗灾备荒、复种增收、调节农业种植结构的先锋作物[1], 因其生育期短、耐热、耐旱、耐贫瘠等优良特性, 是作为抢险救灾的首要粮食作物, 同时也是我国干旱半干旱地区的主要粮食作物, 在中国旱作农业生产中也占据十分重要的地位[2]。糜子是一种 C₄ 植物, 其光合效率强, 干物质积累迅速, 在 C₃ 植株没有干物质积累的情况下, 它依然可以进行正常的光合作用。糜子的品种以粳糯性来区分, 在某些地域, 糯性糜子一般称为黍子, 称粳性糜子为糜子[3]。糜子脱皮后的种子叫做黄米, 也叫做糜米, 它含有丰富的矿物质、维生素和抗氧化剂, 具有很高的营养和医药作用[4]。粳性糜子脱壳加工后米粒透明度大、有光泽, 黏性较低, 一般用于蒸米饭、熬稀饭等日常食用; 而糯性糜子米粒透明度小, 黏性较大, 常用来磨面制作糕点, 也可用于酿酒等[5]。由于其根系的特点, 能够有效地利用土壤中的水分, 因此, 对其进行研究将有助于应对我国水资源短缺的现状, 有助于减轻我国农业生产中对于农作物灌溉方面的压力。在提高农作物对水分利用率的基础上, 将抗旱等优质特性进行遗传改良, 可以提高农作物的生存和生产能力。

抽穗期是指从播种到主穗从旗叶完全长出所需要的时间, 受多种遗传因子的控制, 同时受到外界光

照、温度等多种因素的影响[6]。抽穗期是决定作物产量最重要的关键期，也是作物一生中生长发育最快的环节，此阶段是对养分、水分、温度、光照要求最多的时期[7]。抽穗期在作物整个生长过程中是最重要的，同时也是农作物的生长速度最快的时期，它不仅决定了作物的产量，而且还决定了每一个穗的种粒数，这对作物的收成有很大的影响。因此要严格控制作物抽穗期的各项条件因素，以及对各项指标都要予以高度重视[8]。农作物的产量性状主要由单穗重、单穗粒重、千粒重这三种农艺性状组成，其中单穗重是决定产量高低的最主要性状[9]。

糜子是一种小宗的杂粮作物，多年来一直没有引起人们的注意，致使人们对它的认识远远滞后于其它主要粮食作物。目前，我国对糜子种质资源的研究主要集中在资源收集鉴定、遗传关系分析、地理来源分析等方面。Hu 等[10]利用内含子间区引物对 38 份糜子育成种和农家种进行基因型检测，聚类分析结果显示其与糜子材料的地理来源一致。Liu 等[11]利用 67 个 SSR 标记对来自中国的 88 份栽培种和农家种进行遗传多样性分析，结果显示所用分子标记表现出中等程度遗传多样性，共检测出 179 个等位基因，遗传结构分析显示所有品种分为 4 个亚群，且遗传多样性与地理分布密切相关。Hunt 等[12]利用 16 个 SSR 标记对欧亚大陆的 98 份糜子农家种进行遗传多样性与地理系谱分析，发现遗传聚类分析结果与品种资源的地理分布一致。上述糜子种质资源遗传多样性与遗传结构研究存在一个较为明确的指向，即糜子品种资源的分群与地理来源相关性较强，暗示不同区域之间缺乏明显的种质资源交流，种质资源在育种上的应用各地略显封闭且利用水平较低，客观上也显示糜子品种资源的广适性较差，而抽穗期是糜子适应性的重要性状，对产量的形成起着至关重要的作用，目前对于作物的抽穗期与产量性状的相关性研究，主要集中于水稻、小麦等主要农作物，但对于有关糜子的抽穗期与产量形成相关方面的研究还相对较少。

糜子农家种种质资源是优良品种选育的重要亲本来源，本研究对承德地区 91 份糜子农家种种质资源抽穗期与产量的性状进行相关分析，致力于探究抽穗期对于产量形成的影响，为糜子种质资源创新筛选优质的种质资源，从而为培育高产高品质的优良糜子品种给予理论依据。

2. 材料与方法

2.1. 实验材料与种植

供试糜子种质材料共 91 份，均来自于承德不同地区的农家种。田间试验在河北省承德市隆化县实验基地进行，土壤肥力中等，地势平坦，试验区年降雨量 466.3 mm~579.1 mm 左右，年平均气温 3℃~17℃，年日照时数 2850 h~2950 h，有效积温 2300℃~3400℃，无霜期 100 d~140 d。2021 年 5 月 15 日播种 91 份糜子试材，行距 30 cm，常规大田管理。

2.2. 研究方法

2.2.1. 性状调查方法

根据《黍稷种质资源描述规范和数据标准》，采用田间考察和室内试验相结合的方式，对 5 株同一品种的糜子进行了抽穗期、单穗重、单穗粒重、千粒重等指标的测定。同时，对试验区内的糜子进行分袋收割。抽穗期为实验田全区 50%以上的植株由上部叶鞘伸出的天数，单穗重为糜子穗从穗茎底部剪下测量重量，单穗粒重为糜子脱粒去皮后称量重量，千粒重为对糜子的籽粒进行脱粒、去皮、风干、晾晒，取 1000 粒进行称重，重复 3 次，取平均值。

2.2.2. 数据基本统计

利用 Excel 2010 对抽穗期、单穗重、单穗粒重、千粒重 4 种性状进行处理。采用 SPSS 26.0 进行相关性分析、主成分分析和聚类分析。分别计算 91 份糜子种质资源的抽穗期、单穗重、单穗粒重和千粒重

4 个性状的极小值、极大值、平均值、变异系数。按照变异系数来划分变异程度, 变异系数在 0%~10% 的变异程度较低, 变异系数在 10%~20% 的变异程度中等, 变异系数在 20% 及以上的变异程度较高。根据相关性分析的数据制作相关性热图, 根据聚类分析的数据制作箱式图。

2.2.3. 相关性分析法

相关性分析是研究特定的现象间的联系, 讨论特定的关联情形, 并找出它们的相关方向和相关度的一种统计方法。相关度一般用相关系数 r 的值来表示, 当相关系数 r 绝对值愈大(愈接近 1)时, 则说明各变量间的线性相关性愈高, 反之则愈小[13]。

2.2.4. 主成分分析法

主成分分析法是一种常用的多元统计方法, 它通过降低维度的概念, 在保持原有的变量的信息特性的基础上, 找到多个变量的相互联系, 将所有的数据信息转换为具有代表性的几个独立的、具有代表性的综合信息指数的统计方法, 它是一种较为重要的多变量统计方法, 主要依据主成分的贡献率来确定各指标的权重, 剔除了人为因素, 使其更加的客观、全面, 是解决定性问题、量化问题的有效途径[14]。通常认为, 当主成分特征值大于 1, 且累计方差贡献率大于 85%时, 就可以利用提取的主成分的方法来表述原始变量的大部分主要信息[15]。

2.2.5. 聚类分析法

聚类分析是把特征相近的数据划分在一起, 并以这种特征进行分类的过程。它是数据挖掘中最普遍使用的方法之一, 其目标是把相似的研究对象归成类, 使同类对象的同质性最大化或不同类间对象的异质性最大化[16]。

3. 结果与分析

3.1. 抽穗期与产量性状的遗传多样性分析

遗传多样性是物种多样性的决定因素, 是地球上全部生物遗传信息的总和[17]。遗传多样性是生物进化与适应的先决条件, 个体的基因多样性越高, 其对环境的适应性也就越好。种质资源的遗传多样性是优良品种选育的基础, 因此, 利用遗传差异进行相关分析, 可以全面掌握种质资源, 为育种工作提供重要育种信息。通过对糜子遗传多样性的科学研究, 为糜子新品种的选育和优异基因的开发提供了理论基础[18]。

91 份糜子种质资源的抽穗期与产量性状的变异系数由小到大依次为: 抽穗期 < 单穗重 < 千粒重 < 单穗粒重。产量性状变异系数均大于 30%, 产量性状中千粒重变异幅度最大, 变异幅度为 7.095。单穗重平均值为 1.486 g, 其中最重为 3.274 g, 最轻为 0.132 g。单穗粒重平均值为 0.303 g, 其中最重为 1.432 g, 最轻为 0.020 g。千粒重平均值 2.259 g, 其中千粒重最小为 0.305 g, 千粒重最大为 7.400 g(表 1)。从所得数据可以看出产量性状间的标准差、变异系数均存在较大的变异。

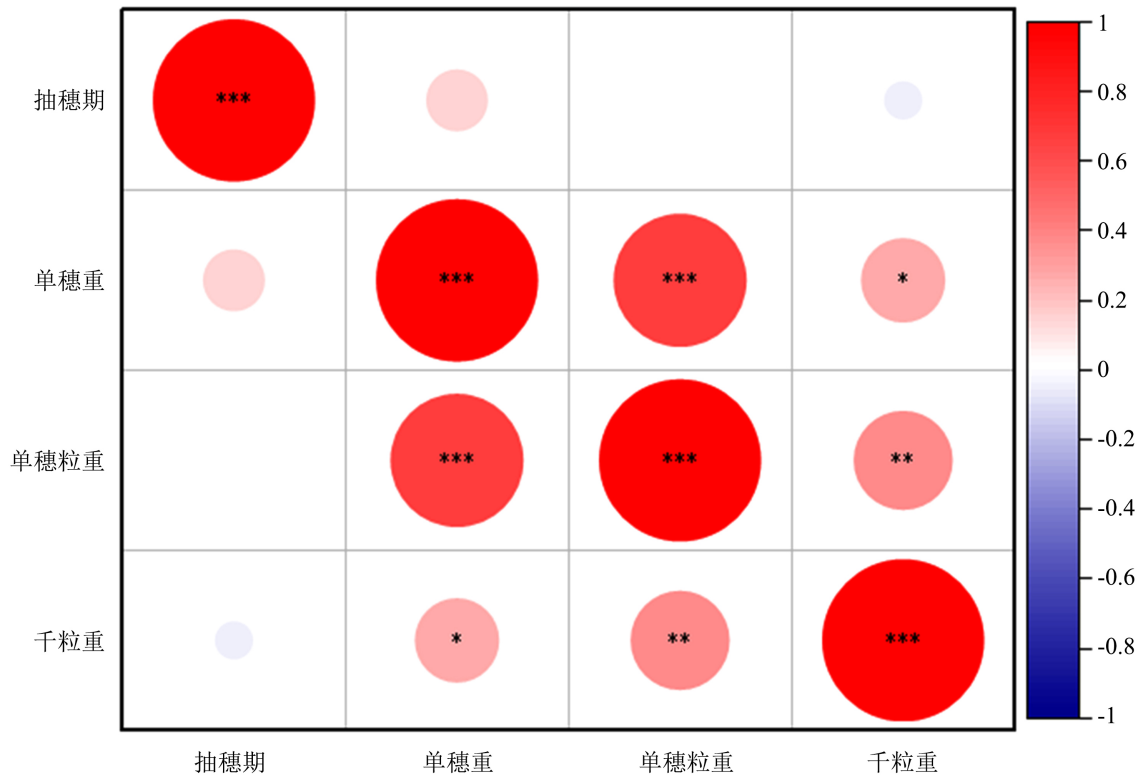
3.2. 抽穗期与产量性状的相关性分析

本研究采用 Pearson 相关系数分析 91 份不同品种糜子抽穗期与产量性状之间的相关性。糜子抽穗期与产量相关性状的相关性中抽穗期与单穗重相关性系数为 0.147, 呈正相关; 抽穗期与单穗重相关性系数为 0.001, 呈现的相关性非常小, 抽穗期与千粒重的相关系数为-0.057, 呈负相关; 单穗重与单穗粒重、千粒重相关性系数为 0.673、0.273, 呈极显著的正相关; 单穗粒重与千粒重相关性系数为 0.357, 呈极显著正相关(图 1)。

相关性热图中红色表示正相关，蓝色表示负相关；颜色越红表示正相关程度越强，颜色越蓝则表示负相关程度越强。抽穗期与单穗重呈正相关，与单穗粒重不相关，与千粒重呈负相关；单穗重与单穗粒重、千粒重呈显著正相关；单穗粒重与千粒重呈显著正相关(图 1)。

Table 1. Main parameters of heading date and yield traits of 91 millet germplasm resources
表 1. 91 份糜子种质资源抽穗期与产量性状的主要参数

	最大值	最小值	平均值	变异幅度	标准差	变异系数
抽穗期/d	75	49	62	26	13	0.209
单穗重/g	3.274	0.132	1.486	3.142	0.558	0.375
单穗粒重/g	1.432	0.020	0.303	1.412	0.256	0.844
千粒重/g	7.400	0.305	2.259	7.095	1.119	0.526



*p <= 0.05 **p <= 0.01 ***p <= 0.001

Figure 1. Correlative heat map of single panicle weight, grain weight per panicle and 1000-grain weight
图 1. 单穗重、单穗粒重、千粒重相关性热图

3.3. 抽穗期与产量性状的主成分分析

运用 SPSS 26.0 软件对承德地区 91 份糜子种质资源的抽穗期与产量性状开展主成分分析。分析结果显示，前 3 个主成分累计贡献率为 92.439%，但主要信息内容集中在前两个主成分中(表 2)。

第 1 主成分特征值 1.913, 贡献率 47.815%, 载荷较高的性状有抽穗期、单穗重、千粒重; 特征向量值分别为 0.814、0.889、0.640 (表 2)。这三个性状主要与作物产量有关; 其回归方程为:

$$F1 = 0.642 * X_1 + 0.620 * X_2 + 0.445 * X_3 + 0.073 * X_4 \quad (1)$$

第 2 主成分特征值 1.051, 贡献率 25.298%, 载荷较高的性状有抽穗期, 特征向量值为 0.946; 此类性状主要与作物生长转向有关(表 2)。其回归方程为:

$$F2 = -0.045 * X_1 + 0.187 * X_2 - 0.347 * X_3 + 0.918 * X_4 \quad (2)$$

根据回归方程计算出各糜子的综合得分, 选取综合得分前十的糜子计算其抽穗期范围, 抽穗期范围集中在 65 d~75 d。

Table 2. Principal component analysis of heading date and yield traits
表 2. 抽穗期与产量性状的主成分分析

性状	因子 1	因子 2	因子 3
抽穗期	0.030	0.946	
单穗重	0.841	0.256	
单穗粒重	0.889	0.021	
千粒重	0.640	-0.309	
特征值	1.913	1.051	0.734
贡献率/%	47.815	25.298	17.853
累计贡献率/%	47.815	74.098	92.439

3.4. 抽穗期与产量性状的聚类分析

利用 SPSS 软件对 91 份承德地区糜子种质资源的抽穗期与产量性状开展聚类分析, 以平均欧式距离作为遗传距离, 聚类方法采用系统聚类法, 结果显示在遗传距离 10.0 处将 91 份糜子种质资源分为 2 个类群(图 2)。

第 I 类群在平均欧式遗传距离 5.0 处又可分为 3 个类群, 第 I (I)类群的抽穗期范围主要集中在 57 d~60 d, 单穗重 0.942 g~1.644 g, 单穗粒重 0.153 g~0.380 g, 千粒重 1.400 g~2.200 g (图 3)。第 I (II)类群的抽穗期范围主要集中在 71 d~73 d, 单穗重 1.066 g~1.450 g, 单穗粒重 0.150 g~0.190 g, 千粒重 1.320 g~1.600 g (图 3)。第 I (III)类群的抽穗期范围主要集中在 64 d~67 d, 单穗重 1.205 g~1.920 g, 单穗粒重 0.148 g~0.503 g, 千粒重 1.710 g~2.910 g (图 3)。

第 II 类群的抽穗期范围主要集中在 48 d~51 d, 单穗重 0.804 g~1.504 g, 单穗粒重 0.129 g~0.430 g, 千粒重 2.200 g~2.850 g (图 3)。

综合抽穗期、单穗重、单穗粒重、千粒重的数据分布范围, 抽穗期在 64 d~67 d 范围内的综合产量较高。

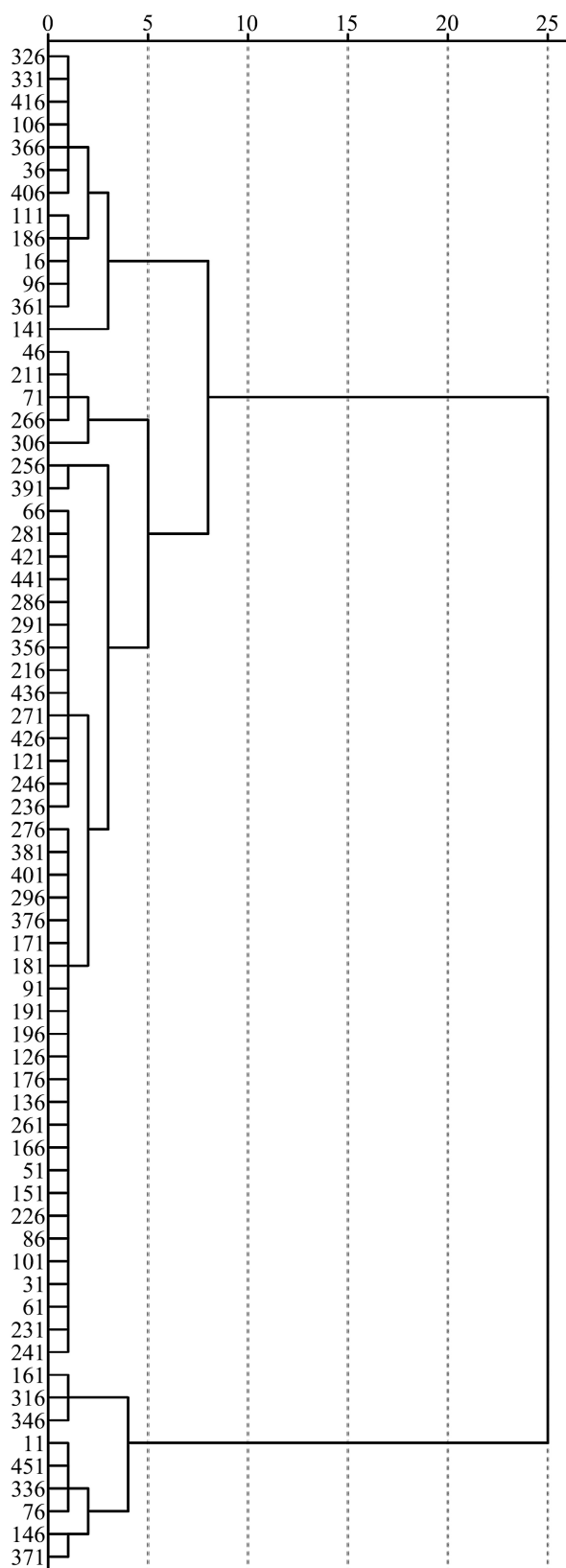


Figure 2. Cluster map of 91 millet germplasm resources
图 2. 91 份糜子种质资源聚类图

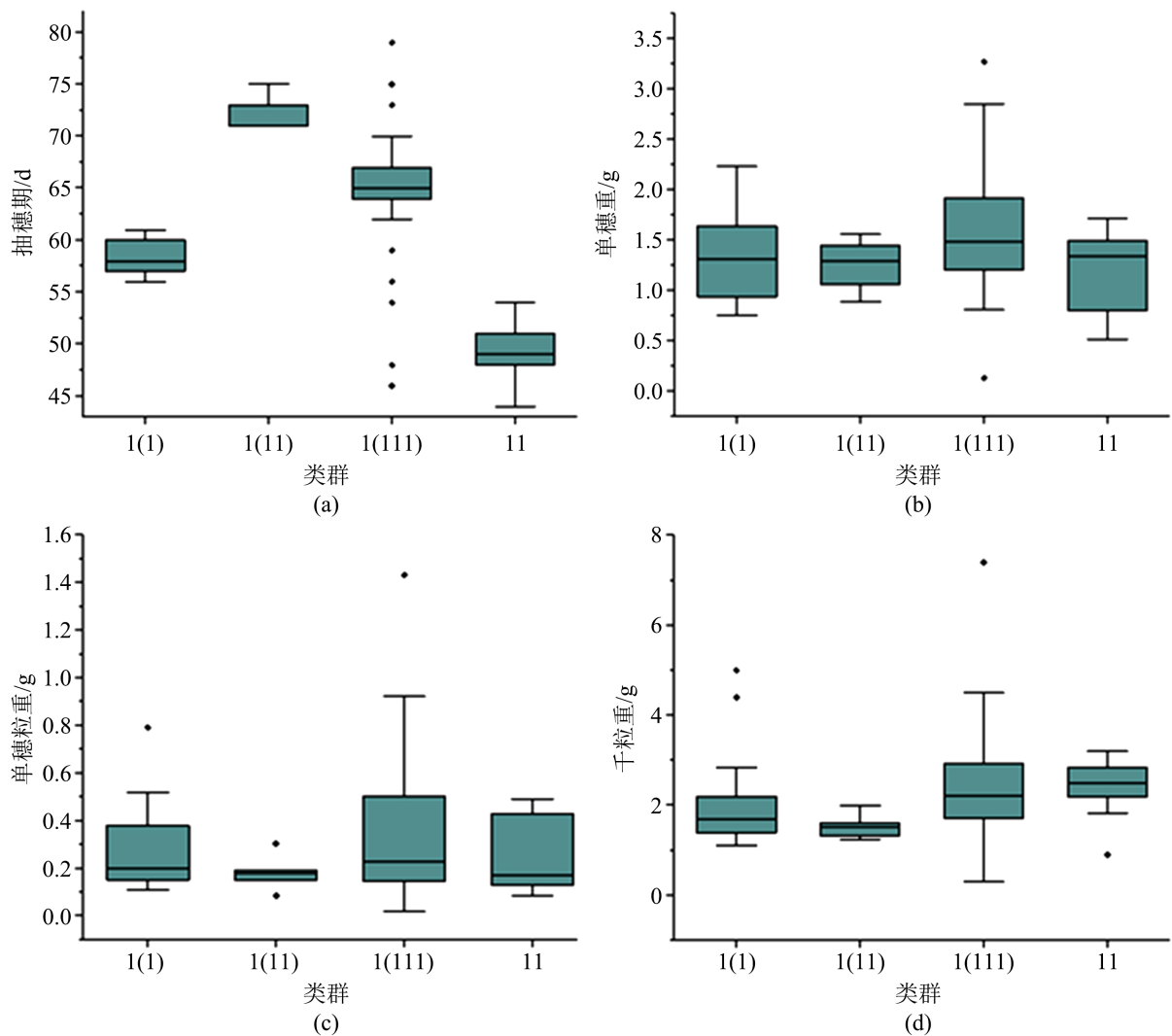


Figure 3. Distribution range of heading date and yield traits of each group

图 3. 各类群抽穗期与产量性状的分布范围

4. 讨论

种质资源对于绿色植物种质资源自主创新和优良品种的培育工作十分关键，而选育优良种质资源突破的关键则是剖析种质资源的遗传背景[19]。本研究以 91 份承德地区的糜子农家种质资源为材料，对抽穗期和产量性状进行了相关性分析、主成分分析、聚类分析的研究，探究糜子种质资源的抽穗期和产量性状之间存在的联系。当变异系数高于 10%时，说明所选种质资源材料间有显著差异[20]。本研究的 91 份糜子种质资源的产量性状变异系数在 37.5%~84.4%，变异系数均大于 30%，说明 91 份糜子种质资源之间有较强的差异性，种子资源丰富多样，为选育品质优良高产的糜子种质资源提供了有利条件。

关于作物抽穗期与产量性状的相关性研究较少，部分文献中提到作物抽穗期与产量性状的相关性。本研究中抽穗期与单穗重呈正相关，与单穗粒重相关性极小，与千粒重呈负相关。其中抽穗期与单穗重呈正相关，与单穗粒重相关性极小与部分文献中的相关研究结论一致；抽穗期与千粒重呈负相关此结论与相关文献中的抽穗期与千粒重相关性微乎其微的结论有些不一致，可能与研究的作物或研究样本容量有关。

对比于现有的有关于糜子种质资源农艺性状的相关研究, 大部分的研究样本材料较多, 达到数百种以上, 同时所分析的农艺性状也比较广泛, 包含了多种农艺性状。本实验只针对抽穗期与影响产量性状的单穗重、单穗粒重、千粒重这四种农艺性状进行研究。对于抽穗期与产量性状的分析更加细致到位, 更有助于得到性状之间所存在的关系。

5. 结论

91 份糜子农家种种质资源的产量性状变异系数在 37.5%~84.4%, 变异系数均大于 30%, 说明该糜子种质资源群体的产量性状之间有较强的差异性, 种质资源多样性丰富。抽穗期与单穗重呈正相关, 说明抽穗期越长单穗重越重; 与单穗粒重不相关, 说明抽穗期长短不影响单穗粒重; 与千粒重呈负相关, 说明抽穗期越长千粒重越轻。糜子的抽穗期和产量性状可为 2 个主成分, 其中主要信息集中在前两个主成分中。第一个主成分所反映的信息主要与产量有关, 第二个主成分反映了作物的生长转向, 综合得分前十的糜子抽穗期范围为 65 d~75 d。在遗传距离 10.0 处将糜子种质资源分为 2 个类群, 第 I 类群在遗传距离 5.0 处又可分为 3 个亚类群, 综合各类群的抽穗期、单穗重、单穗粒重、千粒重的分布范围, 抽穗期在 64 d~67 d 的范围内的综合产量较高。

综合相关性分析, 主成分分析, 聚类分析的结果, 发现抽穗期对产量有一定的影响, 抽穗期在 64 d~67 d 范围内的糜子综合产量较高, 为后续糜子新品种的选育奠定数据基础。

基金项目

本研究得到 2020 年承德市科学技术研究与发展计划项目(202002A054)、2020 年度承德高新区“汇智领创空间”项目(HZLC2021008)、2016 年河北民族师范学院青年基金项目的资助(QN201601)。

参考文献

- [1] 苏旺, 屈洋, 冯佰利, 柴岩. 沟垄覆膜集水模式提高糜子光合作用和产量[J]. 农业工程学报, 2014, 30(13): 137-145.
- [2] 宋艳丽, 张东旗, 赵涛, 王睿豪, 黄贵斌, 梁鸡保, 高小丽. 不同种植方式对糜子干物质积累及产量的影响[J]. 中国农业大学学报, 2017, 22(12): 26-34.
- [3] 张翔宇, 李海, 梁海燕, 宋晓强, 邓亚蕊. 糜子品种在晋北地区的引种比较试验[J]. 农业与技术, 2020, 40(17): 1-2. <https://doi.org/10.19754/j.nvyjs.20200915001>
- [4] 郑楠楠, 俞婷婷, 么杨, 任贵兴, 王春玲, 蔡文涛. 不同品种黍子营养成分及功能活性成分差异化分析[J]. 食品工业科技, 2017, 38(1): 348-353+359. <https://doi.org/10.13386/j.issn1002-0306.2017.01.062>
- [5] 柴岩. 糜子(黄米)的营养和生产概况[J]. 粮食加工, 2009, 34(4): 90-91.
- [6] 王婧莹, 赵广欣, 邱冠凯, 方军. 水稻抽穗期途径基因的磷酸化、泛素化研究进展[J/OL]. 中国水稻科学, 1-14. <https://d.wanfangdata.com.cn/periodical/zgsdkx202203001>, 2022-04-06.
- [7] 杨晓菲, 张树军, 唐敏. 播期和温度对冬小麦抽穗期的影响分析[J]. 河南科学, 2021, 39(6): 929-933.
- [8] 李彤霄, 王君, 赵国强. 气候变化及其对河南省冬小麦抽穗-成熟期的影响[J]. 河南水利与南水北调, 2011(3): 49-51.
- [9] 黄英杰, 林润年. 黍子主要农艺性状对产量影响的效应分析[J]. 吉林农业科学, 1993(4): 31-33. <https://doi.org/10.16423/j.cnki.1003-8701.1993.04.008>
- [10] Hu, Y., et al. (2008) Genetic Diversity among Chinese Landraces and Cultivars of Broomcorn Millet (*Panicum miliaceum*) Revealed by the Polymerase Chain Reaction. *Annals of Applied Biology*, **153**, 357-364. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2008.00263.x>
- [11] Liu, M., et al. (2016) Genetic Diversity and Population Structure of Broomcorn Millet (*Panicum miliaceum* L.) Cultivars and Landraces in China Based on Microsatellite Markers. *International Journal of Molecular Sciences*, **17**, 370. <https://doi.org/10.3390/ijms17030370>
- [12] Hunt, H.V., et al. (2011) Genetic Diversity and Phylogeography of Broomcorn Millet (*Panicum miliaceum* L.) across

- Eurasia. *Molecular Ecology*, **20**, 4756-4771. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05318.x>
- [13] 赵芳, 魏玮, 张晓磊, 宋国亮, 王晓明, 赵治海, 赵春慧. 224 个谷子品种农艺性状聚类和相关性分析[J]. 种子, 2022, 41(1): 74-83. <https://doi.org/10.16590/j.cnki.1001-4705.2022.01.074>
- [14] 许有诚, 赵庄, 卢日刚, 李丹凤. 主成分分析在中药质量分析及质量评价中的应用进展[J]. 大众科技, 2021, 23(8): 37-41.
- [15] 宋江峰, 李大婧, 刘春泉, 刘玉花. 甜糯玉米软罐头主要挥发性物质主成分分析和聚类分析[J]. 中国农业科学, 2010, 43(10): 2122-2131.
- [16] 刘杰, 常兴山, 孙锋, 周建辉. 基于聚类分析的数据文件格式分析方法[J]. 武汉理工大学学报, 2022, 44(1): 93-99.
- [17] Magurran, A.E. (1988) *Ecological Diversity and Its Measurement*. Princeton University Press, Princeton. <https://doi.org/10.1007/978-94-015-7358-0>
- [18] 孙亚强. 酸枣种质资源遗传多样性分析及其核心种质的构建[D]: [硕士学位论文]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2016.
- [19] 王建丽, 刘杰淋, 朱瑞芬, 钟鹏, 尤佳, 邸桂俐, 韩微波, 申忠宝. 28 份籽粒苋种质资源的主要农艺性状遗传多样性分析[J]. 草地学报, 2020, 28(4): 1050-1059.
- [20] 吕伟, 韩俊梅, 文飞, 任果香, 王若鹏, 刘文萍. 不同来源芝麻种质资源的表型多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(1): 234-242+251. <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20191026001>