

郭敏杰,邓 丽,苗建利,等.大果花生种质产量性状的可视化评价[J].江苏农业科学,2023,51(22):69-75.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.22.010

# 大果花生种质产量性状的可视化评价

郭敏杰,邓 丽,苗建利,殷君华,任 丽

(开封市农林科学研究院,河南开封 475000)

**摘要:**为综合评价大果花生种质资源的产量性状,提高种质资源的利用效率,以 86 份大果花生种质为材料,开展 9 个产量性状的田间多年鉴定,并进行可视化的表型遗传多样性分析、遗传力分析、主成分分析和聚类分析。结果表明,9 个性状表型变异均符合正态分布,其中出米率的变异系数最小,为 5.24%,受环境影响最小,半斤仁数的变异系数最大,为 10.69%,其他性状变异系数介于 5.35%~10.21% 之间。相关性分析显示,百果质量、百仁质量、荚果宽和籽仁长两两之间呈极显著正相关,它们与市斤果数和半斤仁数呈极显著负相关,出米率与籽仁宽呈极显著正相关。9 个性状的平均遗传力范围为 0.548 0~0.943 1,荚果长和籽仁长为高遗传力性状。主成分分析的前 3 个主成分累计贡献率达 79.87%,以第 1 主成分(PC1)和第 2 主成分(PC2)作二维散点图,可将 86 份花生种质分为大果-高出米率、中果-低出米率、大果-低出米率、中果-高出米率 4 种类型。聚类分析得到 4 个类群,其中第 I 类群的 2 份资源属超大果花生种质,可以作为超高产花生育种研究的亲本材料。研究结果为花生高遗传力性状的选择和大果花生种质的利用提供了可视化的参考。

**关键词:**花生;种质资源;产量性状;遗传力;主成分和聚类分析;可视化评价

**中图分类号:**S565.203.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)22-0069-07

花生(*Arachis hypogaea* L.)为豆目豆科花生属,是我国重要的经济作物和油料作物,2021 年全国花生播种面积 475.81 万  $\text{hm}^2$ <sup>[1-2]</sup>,单产达 3 866.30  $\text{kg}/\text{hm}^2$ 。随着市场经济的发展和人民生活水平的提高,我国对植物油的需求量越来越大,尽管我国花生总产量的 50% 以上用于榨油,但当前我国国产食用植物油供给还是严重不足,需要大量进口,选育高产花生新品种仍然是我国花生产业发展的主导方向,大果花生种质资源对高产育种具有重要作用。

主成分分析是将原始的多个变量通过线性组合提炼出几个主要的新变量的一种多元统计方法,取前后方差较大的几个主成分来代表原变量,从而减少指标选择和计算的工作量<sup>[3-4]</sup>。聚类分析也叫分类分析,是将数据分类到不同的类或者簇的过程<sup>[5]</sup>。以上 2 种分析方法在农业中应用广泛<sup>[6-10]</sup>。

种质资源是花生生物学研究和育种改良的重要基础<sup>[11-12]</sup>。研究者们分别在抗逆、品质、生物学特性等方面进行了研究,刘海龙等利用 94 份花生种质资源探索出了耐低温表型鉴定方法<sup>[13]</sup>;李长生等将 291 份花生种质资源的 18 个品质性状综合成 5 个主成分因子,可用于花生品质的综合评价<sup>[14]</sup>;黄杨等对 134 份江西地方花生种质资源开展主要农艺性状进行评价,筛出 5 份大果和 3 份小果花生种质,扩充了花生遗传育种亲本库<sup>[15]</sup>。然而,前人对花生种质资源的研究大多局限于收集而来的普通种类,本研究首次基于平均遗传力、主成分分析和聚类分析对我国多份大果花生种质的产量性状进行综合评价,并采用 R 语言对产量性状进行了可视化展示,以期为我国花生种质资源类型的划分和高产育种提供理论指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试大果花生种质资源材料共 86 份,其中河南省 81 份、河北省 3 份、山东省 1 份、湖北省 1 份(表 1),分别由开封市农林科学研究院、河北省农林科学院、山东省花生研究所和中国农业科学院油料作物研究所提供。

收稿日期:2023-02-08

基金项目:国家花生产业技术体系建设专项(编号:CARS-13);河南省农业良种联合攻关项目(编号:20220100001);开封市科技计划重点研发专项(编号:22ZDYF008)。

作者简介:郭敏杰(1989—),女,河南开封人,硕士,助理研究员,主要从事花生遗传育种研究。E-mail:guominjie2013@163.com。

通信作者:任 丽,研究员,主要从事花生新品种选育研究。E-mail:renli120@sina.com。

表 1 86 份花生种质资源基本信息

代码	名称	来源	代码	名称	来源	代码	名称	来源
G1	开农 30	河南	G30	1530G - OG - 1 - 3N - 0	河南	G59	1553G - OG - 70 - 1N - OA	河南
G2	秋乐花 177	河南	G31	1553 - OG - 51 - 1N - 0	河南	G60	1324 - 0 - (0) - 1 - 0	河南
G3	开农 93	河南	G32	1333 - 0 - (0) - 4 - 0	河南	G61	开 192	河南
G4	0972 - 0 - 2 - 2 - 0	河南	G33	1358 - 0 - 27 - 1 - 0	河南	G62	1334 - 0 - 7 - 4 - 0	河南
G5	1225 - 4	河南	G34	1525 - 0B - 2N - 0	河南	G63	0979 - 1	河南
G6	1137 - 1	河南	G35	开农 99	河南	G64	1480 - 0G - 9G - 2 - 0	河南
G7	1365 - 0 - 4 - 2 - 0	河南	G36	0972 - 1	河南	G65	0976 - 0 - 3 - 0 - 2	河南
G8	0317 - 16	河南	G37	1553G - OG - 23 - 5N - OB	河南	G66	开农 79	河南
G9	1484 - 0G - 3G - 1 - 0	河南	G38	1530G - OG - 1 - 1N - 0	河南	G67	1557 - OG - 11 - 0	河南
G10	0937 - 3	河南	G39	1356 - 0 - 4 - 3 - 0	河南	G68	0937 - 1	河南
G11	1472 - 0 - 17 - 0	河南	G40	1425 - 0 - 4 - 0	河南	G69	开农 88	河南
G12	0934 - 2	河南	G41	0317 - 0 - 184 - 1 - 0	河南	G70	1365 - 0 - 4 - 4 - 0	河南
G13	1530 - 0 - 6N - OB	河南	G42	0317 - 5	河南	G71	1530G - 1	河南
G14	0317 - 9 - OA	河南	G43	0317 - 0 - 292 - 3N - 1 - OA	河南	G72	0317 - 46	河南
G15	1553 - OG - 59 - 0	河南	G44	1359 - 0 - (0) - 6 - 0	河南	G73	1423 - 0 - 3 - 0	河南
G16	1322 - 0 - 5 - 1 - 1 - 0	河南	G45	1555 - OG - 13 - 1N - 0	河南	G74	1365 - 0 - (0) - 4 - OA	河南
G17	0938 - 0 - 9 - 0 - oc	河南	G46	0934 - 4	河南	G75	开农 86	河南
G18	1558 - OG - 3 - 3N - 0	河南	G47	1365 - 0 - 4 - 1 - 0	河南	G76	1226 - 0 - 67 - 2 - 1 - OB	河南
G19	0979 - 2	河南	G48	开农 307	河南	G77	0371 - 0 - 256 - 8N - 1 - 0	河南
G20	1474 - 0G - 6G - 3 - 0	河南	G49	0939 - 6	河南	G78	开农 100	河南
G21	开农 96	河南	G50	开农 172	河南	G79	花育 917	山东
G22	开农 0316	河南	G51	1560 - OG - 8 - 2N - 0	河南	G80	开农 176	河南
G23	0317 - 6 - 1 - 0	河南	G52	1366 - 0 - 12 - 3 - 0	河南	G81	冀 18 - 155	河北
G24	开农 15	河南	G53	1431 - 0 - 27 - 0	河南	G82	冀花 572	河北
G25	冀农 040 - 11 - 1	河北	G54	开农 98	河南	G83	开农 1715	河南
G26	1553G - OG - 85 - 2N - OB	河南	G55	1138 - 4	河南	G84	开农 310	河南
G27	1255 - 1	河南	G56	0317 - 0 - 265 - 8N - 1 - 0	河南	G85	中花 215	湖北
G28	1553G - - 0G - (0) - 4N - 0	河南	G57	1556G - OG - 01 - 3N - 0	河南	G86	开农 312	河南
G29	1553G - OG - 92 - 1N - OA	河南	G58	开农 70	河南			

1.2 田间试验设计

2019 年和 2020 年 5 月 10 日左右将试验材料种植于开封试验田,采用随机区组排列试验设计<sup>[16]</sup>,每个材料种植 5 行,小区面积 13.34 m<sup>2</sup> (6.67 m × 2 m),单粒播种,穴距 20 cm,3 次重复,9 月 10 日左右收获。花生生育期内及时进行田间管理,肥水、锄草和病虫害防治根据当地生产习惯实施,成熟后及时收获、晾晒、考种。

1.3 产量性状调查

每年每份材料的 3 次重复均进行单独考种,称取花生荚果 500 g,置换掉果针、空果等杂物,人工剥壳,考察性状包括百果质量、市斤果数、出米率、半斤仁数、百仁质量、荚果长、荚果宽、籽仁长和籽仁

宽共 9 个性状,各性状考察参考《花生新品种 DUS 测试原理与技术》<sup>[17]</sup>。

1.4 数据处理和分析

利用 Microsoft Excel 2010 对 86 份花生资源的 9 个性状进行整理,利用 R 语言的 tidyverse 包<sup>[18]</sup>、PerformanceAnalytics 包<sup>[19]</sup>、ggrepel 包<sup>[20]</sup>、cluster 和 ggtree<sup>[21-22]</sup> 分别进行表型数据汇总统计和相关性分析、相关性分析可视化、主成分分析和聚类分析。遗传力分析使用 IciMapping 软件计算。

2 结果与分析

2.1 产量性状遗传多样性分析

2.1.1 表型频率分布 将 86 份花生种质的 9 个产

量性状数据进行概率密度分布分析(图 1),9 个性状数据的曲线表现出很好的正态分布,由于本研究中的材料均为大果种质,百果质量在 200 ~ 210 g 之

间的种质占比较高,所以百果质量的曲线起点稍高。从整体上看,各个性状的数据分布范围大,说明这 86 份材料中的表型存在较好的遗传多样性。

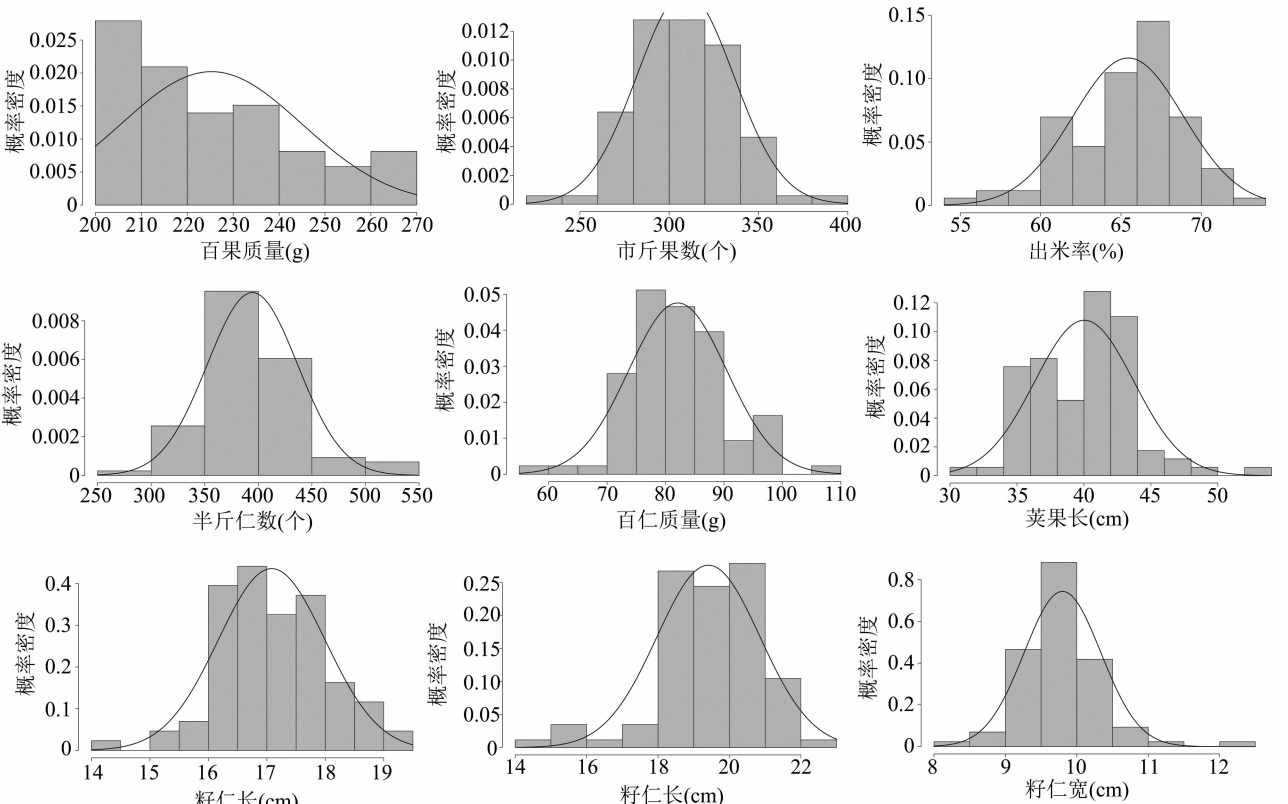


图1 86 份大果花生种质产量性状数据分布直方图

2.1.2 表型变异分析 变异系数是各性状在不同环境中的标准差占该性状总均值的百分比,可以用来衡量性状的变异度。变异系数越大,性状受环境影响越大,反之不易受外界环境影响<sup>[23]</sup>。表 2 中出米率的变异系数最小,为 5.24%,变异幅度为 54.41% ~ 72.87%,受环境影响最小;其次是荚果宽、籽仁宽、籽仁长、百果质量、市斤果数、荚果长、百仁质量和半斤仁数,变异系数介于 5.35% ~ 10.69% 之间;半斤仁数的变异系数最大,为 10.69%,受环境和栽培管理水平影响较大。

2.2 相关性分析及可视化

相关性分析结果(表 3)显示,百果质量、百仁质量、荚果宽和籽仁长这 4 个性状两两之间均呈极显著正相关,它们与市斤果数和半斤仁数均呈极显著负相关。市斤果数和半斤仁数呈极显著正相关( $r = 0.49$ ),市斤果数越多荚果越小,半斤仁数则越多。出米率与籽仁宽呈极显著正相关( $r = 0.47$ ),与其他性状相关性不显著,说明籽仁宽是影响出米率的重要因素。

表 2 86 份大果花生种质产量相关性状的变异分析

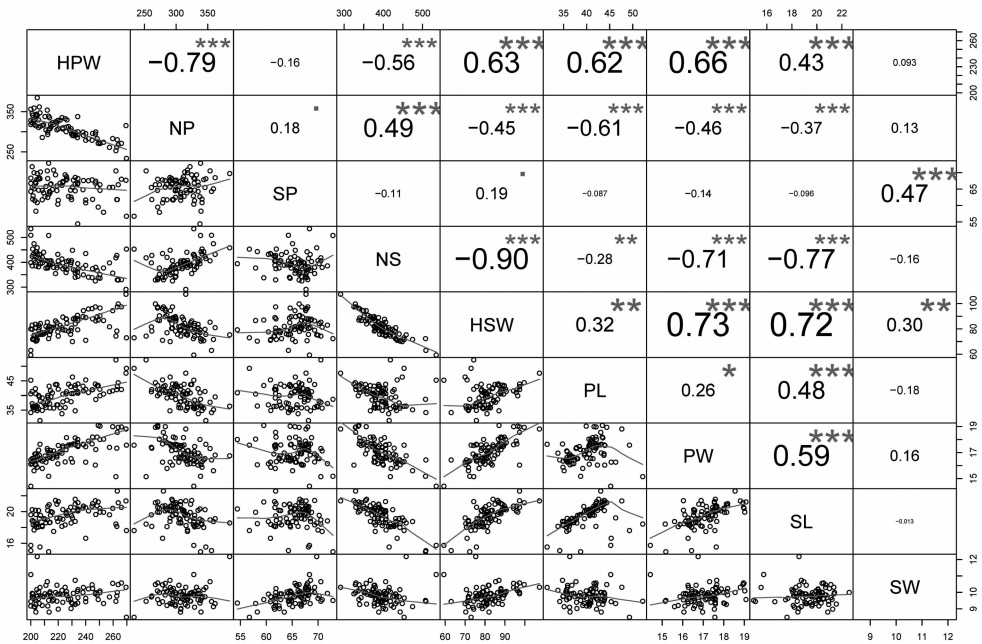
性状	最大值	最小值	平均值	标准差	变异系数 (%)
百果质量	269.67	200.00	225.28	19.74	8.76
市斤果数	384.67	233.67	309.04	27.16	8.79
出米率	72.87	54.41	65.45	3.43	5.24
半斤仁数	535.00	291.00	394.47	42.15	10.69
百仁质量	107.33	59.33	82.09	8.39	10.21
荚果长	52.16	31.42	40.03	3.70	9.23
荚果宽	19.08	14.42	17.08	0.91	5.35
籽仁长	22.59	14.94	19.41	1.44	7.44
籽仁宽	12.18	8.48	9.80	0.54	5.47

图 2 中横纵坐标上的数值均为各性状的数值范围,圆圈代表性状具体表型值,线条为表型性状的趋势线,若圆圈与线条分布一致则相关系数大,反之相关性小;数字为相关系数,数值有大有小,数字字号越大则相关性越大<sup>[23]</sup>。百仁质量和荚果宽的相关系数最大( $r = 0.73$ ),二者呈极显著正相关;半斤仁数和百仁质量的相关系数最小( $r = -0.90$ ),二

表 3 86 份大果花生种质产量性状的相关性分析

性状	相关系数								
	百果质量	市斤果数	出米率	半斤仁数	百仁质量	荚果长	荚果宽	籽仁长	籽仁宽
百果质量	1.00								
市斤果数	-0.79 ***	1.00							
出米率	-0.16	0.18 *	1.00						
半斤仁数	-0.56 ***	0.49 ***	-0.11	1.00					
百仁质量	0.63 ***	-0.45 ***	0.19 *	-0.90 ***	1.00				
荚果长	0.62 ***	-0.61 ***	-0.09	-0.28 **	0.32 **	1.00			
荚果宽	0.66 ***	-0.46 ***	-0.14	-0.71 ***	0.73 ***	0.26 *	1.00		
籽仁长	0.43 ***	-0.37 ***	-0.10	-0.77 ***	0.72 ***	0.48 ***	0.59 ***	1.00	
籽仁宽	0.09	0.13	0.47 ***	-0.16	0.30 **	-0.18	0.16	-0.01	1.00

注：\*\*\*、\*\*、\* 分别表示在 0.001、0.01、0.05 水平显著相关。图 2 同。



HPW—百果质量；NP—市斤果数；SP—出米率；NS—半斤仁数；HSW—百仁质量；PL—荚果长；PW—荚果宽；SL—籽仁长；SW—籽仁宽

图2 86 份大果花生种质产量性状数据分布直方图

者呈极显著负相关,半斤仁数越大,百仁质量越小。

2.3 遗传力分析

产量性状的 2 年平均遗传力结果(表 4)显示,除籽仁宽以外,百果质量、市斤果数、出米率、半斤仁数、百仁质量、荚果长、荚果宽、籽仁长均为高遗传力性状,平均遗传力较高,其中荚果长的平均遗传力最高,籽仁长次之,为 0.927 0,它们受环境和品种影响较小。

2.4 主成分分析

9 个产量性状的主成分分析结果(表 5)显示,第 1 主成分、第 2 主成分和第 3 主成分的特征值分

表 4 产量性状的平均遗传力比较分析

性状	基因型均方	残差方差组分	品种方差组分	平均遗传力
百果质量	1 182.924 0	171.624 1	342.408 6	0.854 9
市斤果数	2 242.750 7	469.820 4	600.283 4	0.790 5
出米率	34.874 6	2.755 7	10.874 9	0.921 0
半斤仁数	5 143.798 3	666.716 7	1 515.862 2	0.870 4
百仁质量	212.013 0	22.584 4	64.137 3	0.893 5
荚果长	40.425 3	2.298 3	12.909 1	0.943 1
荚果宽	2.514 4	0.383 7	0.721 4	0.847 4
籽仁长	6.217 1	0.453 7	1.951 4	0.927 0
籽仁宽	0.626 3	0.283 1	0.116 2	0.548 0

别为 4.433 6、1.785 5 和 0.969 3,贡献率分别为 49.26%、19.84% 和 10.77%,累计贡献率达 79.87%,它们代表了花生产量性状的大部分信息。

表 5 产量性状的主成分分析

主成分	特征值	贡献率 (%)	累计贡献率 (%)
1	4.433 6	49.26	49.26
2	1.785 5	19.84	69.10
3	0.969 3	10.77	79.87
4	0.754 2	8.38	88.25
5	0.461 0	5.12	93.37
6	0.272 7	3.03	96.40
7	0.166 9	1.85	98.26
8	0.087 6	0.97	99.23
9	0.069 2	0.77	100.00

由表 6 可知,第 1 主成分主要取决于百果质量(正)、半斤仁数(正)、荚果宽(负)、籽仁长(负)、籽仁宽(正)等,它反映了花生品种高百果质量、高出米率的特性;第 2 主成分主要取决于百果质量(负)、出米率(负)、百仁质量(正)、荚果长(负)、荚果宽(负)等,它反映了花生品种低百果质量、低出米率的特性。

表 6 产量性状的特征向量

性状	载荷	
	主成分 1	主成分 2
百果质量	0.40	-0.35
市斤果数	0.15	-0.29
出米率	0.31	-0.37
半斤仁数	0.35	-0.16
百仁质量	0.00	0.40
荚果长	-0.11	-0.42
荚果宽	-0.46	-0.48
籽仁长	-0.50	0.01
籽仁宽	0.36	0.25

前 2 个主成分累计贡献率为 69.10%,利用前 2 个主成分进行花生种质分类是可靠的。分别以 PC1、PC2 作为横、纵坐标,绘制二维排序散点图,86 份种质可分为 A(中果-低出米率)、B(大果-低出米率)、C(中果-高出米率)和 D(大果-高出米率)4 类。图 3 中横坐标越大,表示百果质量越大且出米率高;纵坐标越大,表示百果质量越小且出米率低。因此,D 区域代表高百果质量和高出米率材料,如秋乐花 177(G2)、开农 86(G75)等,可作为花生高产育种中重要的种质材料。

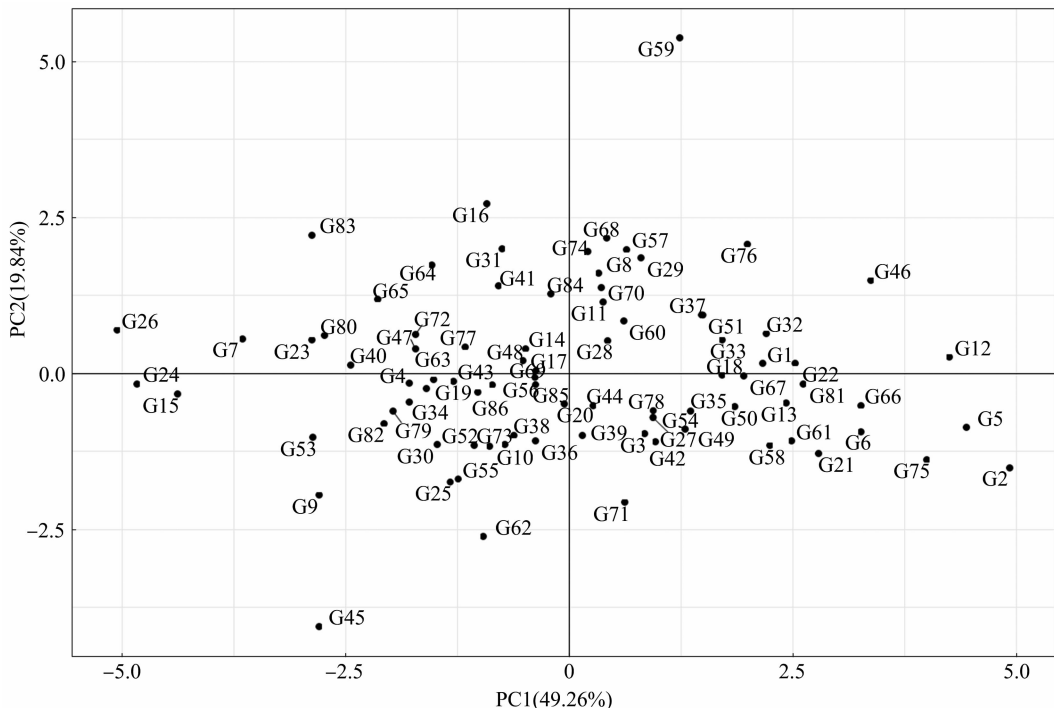


图3 86 份大果花生种质的二维排序

2.5 聚类分析

对花生种质进行聚类分析,图 4 将 86 份种质划

分为 4 个类群(Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ)。类群Ⅰ由 G2 和 G59 组成,二者的平均百果质量均超过 268 g,属于

超大果花生种质;类群Ⅱ由 G24、G15、G26、G7 和 G45 等 5 份种质组成,在大果花生种质中它们均属于相对小果材料,百仁质量均在 65 ~ 70 g 之间;类

群Ⅲ和类群Ⅳ分别由 15 份和 64 份花生种质组成,它们均属于中大果花生材料。

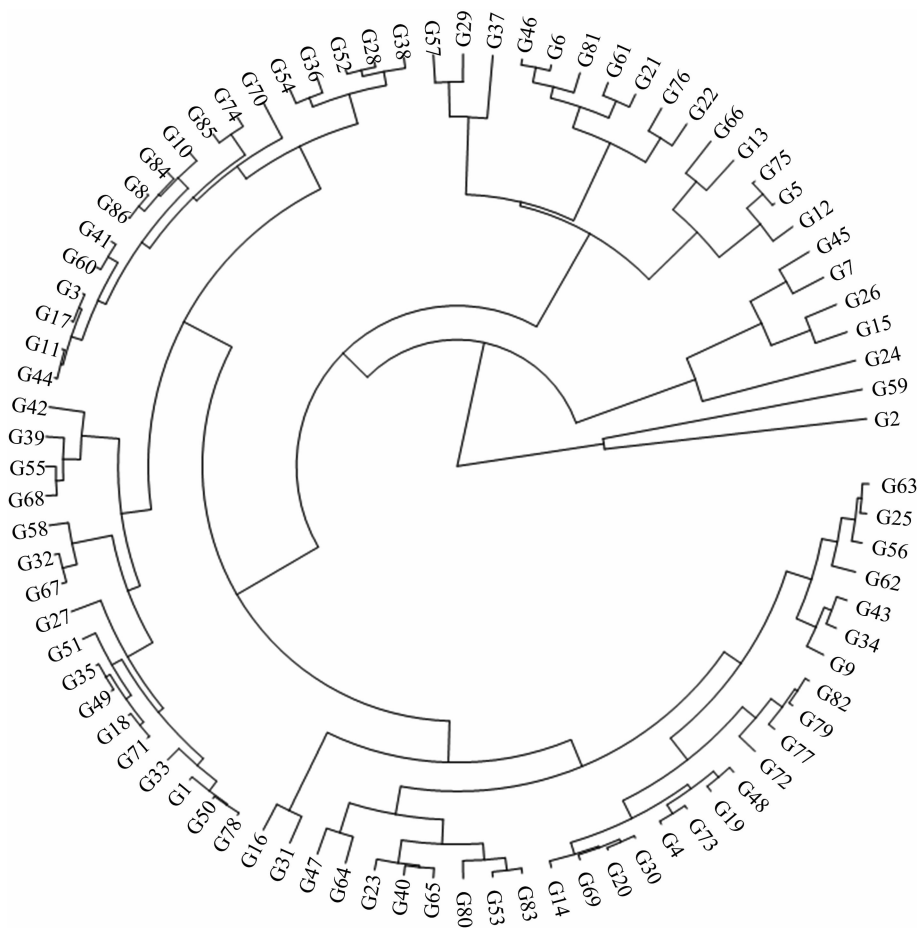


图4 86 份大果花生种质聚类图

### 3 结果与讨论

#### 3.1 大果花生种质的遗传多样性

花生种质资源的分类和利用是花生育种工作的第一步,高产花生新品种选育是现阶段我国花生遗传改良的首要目标。本研究选用的 86 份大果花生种质的百果质量均大于 200 g,对其多地点的产量相关性状进行遗传多样性分析发现,9 个性状变异概率密度均符合正态分布,遗传多样性丰富。变异系数是衡量各个观测值变异程度的一个统计量,变异分析中,9 个性状变异系数范围为 5.24% ~ 10.69%,其中出米率的变异系数最小,该性状受环境影响较小,可作为花生种质大小果分类的标准性状。半斤仁数的变异系数最大,主要是由于受环境和栽培管理水平的影响,会产生大小不一的秕果和秕仁,造成饱果率变化,从而导致半斤仁数变异。

#### 3.2 产量性状间的相关性和遗传力

相关性分析中,除市斤果数、半斤仁数、荚果长、出米率和籽仁宽外,其他产量性状之间呈极显著正相关,这与张晓杰等的研究结果<sup>[24]</sup>一致。市斤果数和半斤仁数呈极显著正相关,即市斤果数越大则荚果越小数量越多,则籽仁越多,半斤仁数越高。荚果越小,百果质量、百仁质量、荚果长、荚果宽和籽仁长这些产量性状就越小,它们与市斤果数和半斤仁数呈极显著负相关,出米率只与籽仁宽呈极显著正相关,且百仁质量与荚果宽的相关系数最大,说明提高籽仁和荚果宽度可以显著提高出米率和百仁质量。

遗传力是遗传方差在总方差中所占的比值,在花生杂交后代选择过程中,数量性状会受环境影响造成表型变异,即实际表型值与理论表型值的偏离,性状遗传力越高,受环境和基因型的影响越小。

本研究中,荚果长和籽仁长的平均遗传力较高,可在早世代中进行选择。

### 3.3 优异资源的发掘和利用

本研究中的前 3 个主成分累计贡献率为 79.87%,以前 2 个主成分作二维散点图可以对种质进行不同产量性状的筛选,其中 PC1 和 PC2 分别为高百果质量高出米率因子、低百果质量低出米率因子,D 区域代表高百果质量和高出米率材料,如秋乐花 177、开农 86 等均为高产大果花生种质,可作为花生高产育种的亲本。聚类分析将 86 份种质分为 4 类:类群 I 由 2 个材料组成,属于超大果花生材料,可作为大果花生育种的亲本;类群 II 的 5 个材料属于中等荚果大小材料;类群 III 和类群 IV 均属于中大果花生材料。可根据不同育种需求进行种质材料选择。聚类分析弥补了凭经验性分类的直观片面<sup>[25]</sup>,为精准选育高产亲本提供有效参考。

综上所述,通过遗传多样性和遗传力分析可以帮助育种者在杂交后代选择过程中进行有效选择,受环境影响小的性状在早代选择,受环境影响大的性状在高代选择。利用主成分分析和聚类分析能够对花生种质资源进行不同类别的筛选和类群划分,从而指导杂交育种。另外,随着第三代分子标记的出现和栽培花生基因组的测序完成<sup>[26-28]</sup>,利用二代或者三代测序技术可以获得高密度 SNP 位点,结合田间表型性状将能够更加全面、准确地挖掘群体的遗传组分,并对其高效利用。

### 参考文献:

- [1] 王传堂,张建成. 花生遗传改良[M]. 上海:上海科学技术出版社,2013:1-2.
- [2] FAOSTAT [DB/OL]. (2021-12-04) [2023-02-06]. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>.
- [3] 宋晓,张珂珂,黄晨晨,等. 基于主成分分析的氮高效小麦品种的筛选[J]. 河南农业科学,2020,49(12):10-16.
- [4] 朱建平. 应用多元统计分析[M]. 北京:科学出版社,2006.
- [5] 高惠璇. 应用多元统计分析[M]. 北京:北京大学出版社,2005.
- [6] 公丽艳,孟宪军,刘乃侨,等. 基于主成分与聚类分析的苹果加工品质评价[J]. 农业工程学报,2014,30(13):276-285.
- [7] 潘照,周文化,肖玥惠子. 基于主成分分析的不同种鲜食葡萄品质评价[J]. 食品与机械,2018,34(9):139-146.
- [8] 李林林,黄敏升,崔国贤,等. 苕麻种质资源农艺性状主成分及聚类分析[J]. 中国农业科技导报,2019,21(3):34-41.
- [9] 陈婷婷,王苗苗,黄杨,等. 花生种质农艺、产量和品质性状的综合评价[J]. 花生学报,2020,49(4):38-46.
- [10] 李明昊,高慧,姚锐,等. 冀东地区 10 个谷子品种的产量和品质分析[J]. 江苏农业科学,2021,49(15):71-77.
- [11] 周小静,任小平,黄莉,等. 花生种质资源研究进展与展望[J]. 植物遗传资源学报,2020,21(1):33-39.
- [12] 姜慧芳,段乃雄. 花生种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006.
- [13] 刘海龙,陈小妹,杨富军,等. 花生种质资源耐低温表型鉴定方法研究[J]. 花生学报,2017,46(3):20-25.
- [14] 李长生,石素华,孙金波,等. 花生种质资源品质的近红外分析与评价[J]. 山东农业科学,2018,50(6):154-158.
- [15] 黄杨,熊信果,邹小云,等. 江西地方花生种质资源主要农艺性状分析与评价[J]. 植物遗传资源学报,2021,22(6):1550-1558.
- [16] 盖钧镒. 试验统计方法[M]. 北京:中国农业出版社,2000:21-23.
- [17] 刘洪,任永浩,徐振江. 花生新品种 DUS 测试原理与技术[M]. 广州:华南理工大学出版社,2012:29-37.
- [18] Wickham H, Averick M, Bryan J, et al. Welcome to the tidyverse[J]. Journal of Open Source Software,2019,4(43):1686.
- [19] Peterson B G, Carl P, Boudt K, et al. Performance analytics: econometric tools for performance and risk analysis[CP/OL]. R package version 2.0.4,2020. [2023-02-01]. <http://CRAN.R-project.org/package=PerformanceAnalytics>.
- [20] Slowikowski K, Alicia Schep A, Hughes S, et al. Ggrepel: automatically position non-overlapping text labels with 'ggplot2'[CP/OL]. R package version 0.9.1,2021. [2023-02-01]. <https://cran.r-project.org/package=ggrepel>.
- [21] Maechler M, Rousseeuw P, Struyf A, et al. Cluster: cluster analysis basics and extensions[CP/OL]. R package version 2.1.2,2021. [2023-02-01]. <https://CRAN.R-project.org/package=cluster>.
- [22] Yu G C. Using ggtree to visualize data on tree-like structures[J]. Current Protocols in Bioinformatics,2020,69(1):e96.
- [23] 邓丽,郭敏杰,殷君华,等. 高油酸花生品种开农 1760 产量及其构成的可视化分析[J]. 中国油料作物学报,2021,43(3):502-509.
- [24] 张晓杰,姜慧芳,任小平,等. 中国花生核心种质的主成分分析及相关分析[J]. 中国油料作物学报,2009,31(3):298-304.
- [25] 白雪花,王延周,魏忆萍,等. 298 份苕麻种质资源纤维产量性状综合评价[J]. 植物遗传资源学报,2022,23(1):106-122.
- [26] Bertoli D J, Jenkins J, Clevenger J, et al. The genome sequence of segmental allotetraploid peanut *Arachis hypogaea* [J]. Nature Genetics,2019,51(5):877-884.
- [27] Chen X P, Lu Q, Liu H, et al. Sequencing of cultivated peanut, *Arachis hypogaea*, yields insights into genome evolution and oil improvement[J]. Molecular Plant,2019,12(7):920-934.
- [28] Zhuang W J, Chen H, Yang M, et al. The genome of cultivated peanut provides insight into legume karyotypes, polyploid evolution and crop domestication[J]. Nature Genetics,2019,51(5):865-876.