

大麦表型多样性分析及优异饲草种质资源筛选

蔡羽^{1,2}, 杨平², 冯宗云¹

(¹四川农业大学农学院大麦青稞研究中心, 成都 611130; ²中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要:为探究中国库存大麦种质资源的表型多样性及其变异规律,同时挑选高生物产量的大麦遗传资源发展饲草大麦,本研究以来源于全国不同地区的102份库存高秆大麦种质为材料,通过Shannon-Weaver多样性指数、相关分析、聚类分析、主成分分析等方法对15个表型性状进行综合评价。结果表明:15个性状中拔节期底部叶片黄化、倒伏性、灌浆期底部叶片黄化、千粒重变异较大,粒宽、株高变异较小,表型多样性指数范围为0.729~0.957,皮裸性、千粒重、籽粒周长、灌浆期株高等性状的遗传多样性较高。不同来源种质间表型多样性比较结果表明,冬大麦生态区表型多样性(0.721)高于西南及青藏高原裸大麦生态区(0.706)。相关分析、主成分分析、聚类分析均表明,皮裸性是影响大麦种质表型差异的重要影响因素,而倒伏、拔节期和灌浆期底部叶片黄化等饲草相关性状相对独立。聚类分析将102份种质分为4类,相同来源地的种质聚在一起。本研究结果表明中国库存大麦种质资源具有丰富的表型多样性,从中筛选的高秆、大叶、抗倒伏等优异性状的大麦资源,为后续培育青饲、青贮专用型大麦品种提供了资源保障。

关键词:大麦; 饲草大麦; 种质资源; 表型多样性

Characterization of Phenotypic Variation in Cultivated Barley Provided Elite Genetic Germplasm with Potential Breeding for Silage Barley

CAI Yu^{1,2}, YANG Ping², FENG Zong-yun¹

(¹Barley Research Center, Colleague of Agronomy, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130;

²Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: Cultivated barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) is one of oldest domesticated crops and four most important cereal species. In addition to end-use for animal feeding, malting and human diets using barley grains, the straw of cultivated barley serves as a silage grass for animals in some parts of barley cultivation areas (e.g. Tibet). In order to identify elite barley resources in future breeding for silage barley varieties, this study analyzed the phenotypic variation 102 barley germplasm accessions from National Crop Genebank of China in Chongqing, south-west part of China. We determined the phenotypic variation on 15 traits and conducted statistical analysis using Shannon-Weaver Index, correlation analysis, cluster analysis and PCA analysis. These results suggested that the Shannon-Weaver Index (H') ranged from 0.729 to 0.957. The higher phenotypic variation was detected on leaf yellowing at heading and filling stages, plant lodging and 1000-grain weight, but the narrowed diversity was found on grain width and plant height. In addition, we found that the phenotypic diversity of winter barley ecological region (0.721) was slightly higher than that of southwest and Tibet Plateau region (0.706).

收稿日期: 2018-11-09 修回日期: 2018-11-30 网络出版日期: 2018-12-21

URL: <http://www.doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20181109001>

第一作者研究方向为大麦遗传多样性, E-mail: 729280954@qq.com

通信作者: 杨平, 研究方向为大麦基因资源, E-mail: yangping@caas.cn

冯宗云, 研究方向为大麦(青稞)遗传育种, E-mail: zvfeng49@126.com

基金项目: 中国农业科学院基本科研业务费(S2018YC01, S2018PY03); 中国农业科学院科技创新工程; 国家现代农业产业技术体系(CARS-05)

Foundation project: Fundamental Research Funds for Central Non-Profit of Institute of Crop Science of CAAS (S2018YC01, S2018PY03), Agricultural Science and Technology Innovation Program of CAAS, China Agriculture Research System (CARS-05)

Four subpopulations were clarified by clustering analysis, being consistent with the geographic origins of tested materials. Moreover, a number of barley germplasm resources, which showed high plant height, lodging resistance, large leaves, staying green of old leaves, were identified. These elite barley germplasms might become useful potentially in breeding for silage barley varieties in areas of Chongqing, China.

Key words: barley; silage barley; germplasm resources; phenotypic diversity

栽培大麦 (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) 是世界上仅次于玉米、水稻和小麦的第四大禾谷类作物^[1], 是世界上最古老的栽培作物之一^[2]。大麦籽粒兼具食用、饲用、酿酒等用途, 大麦秸秆是优质的禾谷类饲草^[3-4]。由于大麦籽粒富含维生素、生育酚和其他酚类物质等保健性功能成分^[5-7], 功能性产品受到越来越多的青睐。为了满足消费市场多样化的产品需求, 选育优质专用型品种将成为今后大麦品种选育的重要方向。

发展乡村畜牧业是实现农民增收和农村经济振兴的重要途径, 也是解决我国南方地区冬天农田闲置的重要手段之一。西南地区是以饲草饲养为主的牛羊优势产区之一, 冬春季节饲草短缺成为限制该地区畜牧业发展的重要因素之一, 如何推动饲草产业发展, 从而促进畜牧业发展是该地区亟待解决的问题^[8-10]。随着农村产业结构调整 and 城市化进程中乡村劳动力向城市的大量转移, 传统的小宗作物由于收益低、耗人工等特点, 西南山区冬季农业生产面积减少导致闲置农田不断增多, 造成严重的土地资源浪费^[11-13]。栽培大麦是冷季粮草兼用型禾本科作物, 具有耐贫瘠、适应性强、早熟等特点, 全株均可饲用, 籽粒是优质的动物饲料, 其蛋白质含量高, 氨基酸组成、矿物质 (钙、磷、钾) 和维生素等含量普遍高于玉米^[14]; 茎秆柔嫩多汁且适口性好, 是优质的青饲和青贮原料。比如, 在青藏高原地区广泛栽种的“粮草双高型”青稞品种, 其秸秆是喂养牦牛的主要饲草, 有效缓解了我国高寒地区冬春季节饲草短缺的困局。因此, 推动西南地区饲草大麦产业发展, 选育专用型品种并配套栽培措施, 成为解决冬闲田和农民脱贫增收的重要手段^[15-16]。

中国国家种质资源库现存大麦种质资源 2 万多份, 按照来源地可分为国内收集和国外引进, 按照资源特性可分为野生大麦、农家品种和选育品种^[17]。我国大麦种质资源具有丰富的遗传多样性和多样化的生态适应性^[18-19], 为筛选饲草型大麦种质资源提供了资源保障。本研究以库存高秆大麦资源为材料, 分析了该群体的表型多样性, 为今后培育专用型饲草大麦品种提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

根据品种特性以及地理来源的差异, 从国家种质资源库中选择了 102 份高秆大麦种质资源, 其目录数据显示平均株高为 134.43 cm, 其中包括农家品种 (99 份)、育成品种 (1 份) 以及西藏半野生大麦 (2 份) (表 1)。这些种质来源于中国 12 个省 (市), 根据来源地可分为 2 个生态区: 西南及青藏高原裸大麦生态区 (46 份)、冬大麦生态区 (56 份)。

1.2 试验设计

所有试验材料于 2017 年 10 月秋播种植于重庆市南川区农村合作社农场, 每个材料种植 2 行, 行长 1.5 m, 行距 25 cm, 株距 10 cm, 走道 40 cm, 每行种植 15 株。每 10 行种植大麦品系哈铁系 (HTX) 作为对照材料, 进行常规栽培管理。

1.3 表型性状测定

2018 年 3 月上旬, 大麦拔节孕穗期, 调查株高 (cm)、叶长 (cm)、叶宽 (cm)、叶长宽比 (叶长 / 叶宽) 以及底部叶片黄化程度; 2018 年 4 月初, 大麦灌浆期, 调查株高 (cm)、底部叶片黄化程度以及植株倒伏等性状; 上述性状与植株的生物产量密切相关, 将其定名为饲草相关性状。2018 年 5 月份大麦成熟后, 单株收获, 干燥脱粒, 调查籽粒的皮裸性, 每个单株各取不少于 100 粒的种子, 使用万深 SC-G 自动考种分析仪 (杭州万深检测科技有限公司) 测定粒长 (mm)、粒宽 (mm)、籽粒面积 (mm²)、籽粒周长 (mm)、籽粒长宽比 (粒长 / 粒宽) 以及千粒重 (g), 重复 2 次取平均值; 上述性状定名为籽粒相关性状。表型田间记载标准见表 2。

1.4 数据分析

1.4.1 统计分析 使用 SPSS 17.0 软件对 102 份种质的 11 个数量性状、4 个质量性状进行描述性统计、方差分析。利用 Kolmogorov-Smirnov (K-S) 模型进行 11 个数量性状的正常性检验, 通过每个性状的频率分布与理论分布的假设检验, 根据比较二者有无显著性差异 (P 值) 判断是否满足正态分布 ($P > 0.05$, 符合正态分布)。对所有表型数

据,采用 Z-score 方法对数据进行标准化,随后采用 OriginPro 9.1 软件进行相关分析、主成分分析以及主成分二维散点图绘制。使用 NTSYS-pc 2.10 t 软件按照欧氏距离 UPGMA 类平均法 (unweighted pair-group method using arithmetic averages) 对 15 个表型性状进行聚类分析,绘制树状聚类图。

1.4.2 表型多样性计算 通过每个数量性状的平均值 (μ) 与标准差 (σ),将每个数量性状分为 6

级,从 $[x_i \leq (\mu - 2\sigma)]$ 到 $[x_i \leq (\mu + 2\sigma)]$,每间隔 1σ 为一级,共 6 级。分别计算每一级的相对频率用于计算表型多样性指数。表型多样性估计使用 Shannon-Weaver 多样性指数 (H , Shannon-Weaver diversity index) 来表示: $H = -\sum_{i=1}^n p_i \ln p_i$,其中, n 代

表每个性状的分级数, p_i 代表某一个性状第 i 级别的种质数占总种质数的比例。

表 1 大麦种质的名称及来源

Table 1 The information of barley germplasm

样品编号 Code	品种名称 Varieties name	来源 Origin	样品编号 Code	品种名称 Varieties name	来源 Origin	样品编号 Code	品种名称 Varieties name	来源 Origin
CQ001	春大麦	山东	CQ035	老来光	江苏	CQ069	永嘉红长头大麦	浙江
CQ002	刘家庄拱籽	山东	CQ036	洋蜡烛	江苏	CQ070	义乌迟大麦	浙江
CQ003	西焦村农种	山东	CQ037	无芒大麦	江苏	CQ071	东阳老脱芒	浙江
CQ004	紫皮芒大麦	河南	CQ038	老来光	江苏	CQ072	永康脱芒大麦	浙江
CQ005	大麦	河南	CQ039	宝应洋尾巴	江苏	CQ073	老乌胡须麦	湖南
CQ006	大麦(1)	河南	CQ040	武进六棱头	江苏	CQ074	吉首大麦	湖南
CQ007	芒大麦	河南	CQ041	江阴六柱头	江苏	CQ075	1619	湖南
CQ008	落芒	河南	CQ042	春大麦	江苏	CQ076	勾芒大麦	湖南
CQ009	早熟大麦	河南	CQ043	东台四棱紫大麦	江苏	CQ077	二棱野大麦	西藏
CQ010	四棱芒大麦	河南	CQ044	如东四棱大麦	江苏	CQ078	瓶型野大麦	西藏
CQ011	露仁	河南	CQ045	如东老来光	江苏	CQ079	混种青稞	西藏
CQ012	西宁四棱白	青海	CQ046	仪征三月黄	江苏	CQ080	搜 5 号	西藏
CQ013	湟源白浪散青稞	青海	CQ047	仪征马尾大麦	江苏	CQ081	本地青稞	西藏
CQ014	湟源秃青稞	青海	CQ048	扬州大麦	江苏	CQ082	吉塘白	西藏
CQ015	互助黑青稞(紫四棱)	青海	CQ049	邗江大麦	江苏	CQ083	长勾芒	西藏
CQ016	乐都红胶泥-1	青海	CQ050	江宁青皮	江苏	CQ084	孙珠玛布	西藏
CQ017	化隆红青稞	青海	CQ051	句容大麦	江苏	CQ085	临夏紫大麦	甘肃
CQ018	循化白青稞	青海	CQ052	高淳红茎大麦	江苏	CQ086	二长四短芒白青稞	青海
CQ019	海晏白浪散	青海	CQ053	高淳红茎大麦	江苏	CQ087	二道眉白青稞	青海
CQ020	兴海秃头青稞	青海	CQ054	高淳白茎三月黄	江苏	CQ088	白色二道眉	青海
CQ021	都兰白青稞	青海	CQ055	高淳迟大麦	江苏	CQ089	钩芒白青稞	青海
CQ022	乐都红六棱	青海	CQ056	高淳乌茎大麦	江苏	CQ090	康青	青海
CQ023	化隆双槽棱	青海	CQ057	高淳老脱须	江苏	CQ091	蓝青稞	青海
CQ024	循化 2 号(紫)	青海	CQ058	武进脱芒	江苏	CQ092	郎溪三月黄	安徽
CQ025	循化 9 号(钩)	青海	CQ059	常熟白四柱头	江苏	CQ093	白湾紫	四川
CQ026	循化青稞(紫)	青海	CQ060	常熟六棱大麦	江苏	CQ094	色黑瑞朗	四川
CQ027	贵德白六棱	青海	CQ061	阜宁白大麦	江苏	CQ095	毛大麦	四川
CQ028	察汗乌苏青稞	青海	CQ062	射阳三月黄	江苏	CQ096	皮大麦	四川
CQ029	察汗乌苏白青稞	青海	CQ063	高淳六面头	江苏	CQ097	兰大麦	四川
CQ030	大通四棱大麦	青海	CQ064	松江早老脱须	上海	CQ098	短钩黑大麦	云南
CQ031	乐都四棱白大麦	青海	CQ065	六柱头紫大麦	上海	CQ099	宽颖大麦(13)	云南
CQ032	民和六棱白大麦	青海	CQ066	二水早大麦	安徽	CQ100	宽颖大麦(14)	云南
CQ033	化隆秃头大麦	青海	CQ067	绍兴乌紫大麦	浙江	CQ101	裸大麦	云南
CQ034	老来光	江苏	CQ068	临海老来红	浙江	CQ102	紫大麦	云南

相对表型多样性指数 (H')^[20]: $H' = \frac{H}{H_{\max}}$,

$H_{\max} = \ln n$, 相对表型多样性指数的范围为 $[0, 1]$, 利于不同分类级别的性状间的表型多样性比较。表型多样性指数分为高、中和低 3 个等级^[21]。

表 2 大麦形态多样性鉴定项目及标准

Table 2 The phenotypic traits and the scoring criteria

表型性状 Phenotypic traits	记载标准 Criteria for recording
叶长 LL	抽穗至成熟期, 旗下第一片叶叶尖至叶鞘的长度 (cm)
叶宽 LW	抽穗至成熟期, 旗下第一片叶中部的宽度 (cm)
叶长宽比 RLLW	叶长度与宽度的比值, 反映叶的形态
拔节期株高 PHH	拔节期, 植株从主茎分蘖节到茎尖的高度 (cm)
灌浆期株高 PHF	抽穗灌浆期, 成熟植株从分蘖节到穗顶的高度, 不含芒 (cm)
皮裸性 CT	1 = 皮, 2 = 裸
拔节期底部叶片黄化 LYH	1 = 无, 2 = 轻微, 3 = 明显, 4 = 严重
植株倒伏 PL	1 = 无, 2 = 部分倒伏, 3 = 全部倒伏
灌浆期底部叶片黄化 LYF	1 = 无, 2 = 轻微, 3 = 明显, 4 = 严重

LL: Leaf length, LW: Leaf width, RLLW: Leaf length/leaf width, PHH: Plant height at heading stage, PHF: Plant height at filling stage, CT: Caryopsis type, LYH: Leaf yellowing at heading stage, PL: Plant lodging, LYF: Leaf yellowing at filling stage, the same as below

表 3 14 个表型性状的差异

Table 3 Statistical analysis of phenotypic diversity at 14 phenotypic traits

性状 Traits	平均值 Mean	最小值 Min.	最大值 Max.	标准差 SD	变异系数 (%) CV	上四分之一 Q1	下四分之一 Q3	中位数 Medium	K-S 正态性检验 K-S value	正态性检验 P 值 P value	多样性指数 H'
叶长 (cm) LL	33.96	25.00	45.00	4.11	12.11	37.00	31.00	34.00	1.143	0.146	0.757
叶宽 (cm) LW	2.06	1.40	3.10	0.31	15.00	2.30	1.90	2.00	1.122	0.161	0.788
叶长宽比 RLLW	16.82	10.00	25.33	2.85	16.91	18.60	14.76	16.82	0.540	0.932	0.785
拔节期株高 (cm) PHH	72.94	44.00	104.00	10.20	13.98	79.00	66.75	71.50	1.262	0.083	0.729
灌浆期株高 (cm) PHF	129.30	95.00	150.00	12.99	10.04	140.00	120.00	130.00	1.159	0.136	0.772
拔节期底部叶片黄化 LYH	1.40	1	4	0.73	52.37	2	1	1	4.235	0.001	0.583

2 结果与分析

2.1 高秆大麦资源表型性状的差异分析

2.1.1 表型性状差异分析 102 份种质中 61.8% (63 份) 为皮大麦, 38.2% (39 份) 为裸大麦。本研究检测了 102 份高秆大麦资源中除皮裸性之外的 14 个性状的表型变异, 通过正态性检验分析表明, 其中 11 个性状均符合正态分布 ($P > 0.05$) (表 3)。通过比较不同性状的变异系数发现, 对饲草相关性状而言, 底部叶片黄化及倒伏性变异系数变化范围达到 28.54%~52.37%, 表现出丰富的表型变异, 而决定叶片形态的叶长宽比的变异系数仅为 16.86%, 抽穗灌浆期株高的变异系数只有 10.04%, 其表型变异小与待试材料均为高秆品种 (平均株高为 134.43 cm) 有关。对于籽粒相关性状, 千粒重的变异系数最大 (20.02%), 其次是籽粒长宽比 (16.29%)、籽粒面积 (14.86%) 以及粒宽 (9.15%), 表明籽粒相关性状存在不同程度的遗传变异 (表 3)。

2.1.2 不同地理来源种质的表型性状差异 分析来源于两个不同大麦生产区种质的表型差异, 结果表明 (表 4), 不同生态区种质间的表型性状存在显著差异, 饲草相关性状中拔节期与灌浆期底部叶片黄化、倒伏性差异不显著, 而叶部性状及株高均达到显著或极显著, 籽粒相关性状中除了籽粒面积差异不显著, 其余性状均差异极显著。以上结果表明, 不同地理来源的大麦种质籽粒性状变异丰富, 其原因可能与西南及青藏高原地区特殊的生态环境相关。

表 3(续)

性状 Traits	平均值 Mean	最小值 Min.	最大值 Max.	标准差 SD	变异系 数(%) CV	上四分 之一 Q1	下四分 之一 Q3	中位数 Medium	K-S 正态 性检验 K-S value	正态性检 验 P 值 P value	多样性 指数 H'
植株倒伏 PL	1.30	1	3	0.52	40.13	2	1	1	4.472	0.001	0.613
灌浆期底部叶片 黄化 LYF	2.28	1	4	0.65	28.54	3	2	2	3.761	0.001	0.675
粒长(mm)GL	8.17	5.92	11.62	1.10	13.50	9.00	7.12	8.47	1.249	0.088	0.785
粒宽(mm)GW	3.00	2.39	3.83	0.27	9.15	3.21	2.80	2.99	0.888	0.409	0.773
籽粒长宽比 RGLW	2.77	1.79	3.68	0.45	16.29	3.10	2.37	2.89	1.165	0.132	0.803
千粒重(g)TGW	30.10	18.54	44.68	6.03	20.02	34.62	25.60	29.46	0.661	0.774	0.807
籽粒面积(mm ²) GA	18.01	12.17	28.75	2.68	14.86	19.57	16.27	18.09	0.774	0.586	0.779
籽粒周长(mm) GP	19.82	15.55	27.70	2.30	11.60	21.45	17.72	20.33	1.129	0.156	0.762

GL: Grain length, GW: Grain width, RGLW: Grain length/grain width, TGW: 1000 grain weight, GA: Grain area, GP: Grain perimeter, the same as below

表 4 不同地理来源供试材料的表型性状差异

Table 4 The phenotypic variation among these germplasm from different regions

性状 Trait	西南及青藏高原裸大麦生态区 Southwest and Tibet Plateau		冬大麦生态区 Winter barley production area		F 值 F value	χ^2 Chi-square
	均值 Mean	变异系数 (%) CV	均值 Mean	变异系数 (%) CV		
	叶长(cm)LL	33.45	11.82	35.09		
叶宽(cm)LW	2.09	13.76	1.95	14.24	15.64**	
叶长宽比 RLLW	16.35	15.29	18.19	13.71	40.99**	
拔节期株高(cm)PHH	70.30	13.76	74.89	13.70	4.71*	
灌浆期株高(cm)PHF	128.91	9.52	133.70	9.26	15.88**	
拔节期底部叶片黄化 LYH	1.30	25.26	1.46	59.63		4.25
植株倒伏 PL	1.23	41.91	1.36	43.14		2.61
灌浆期底部叶片黄化 LYF	2.14	18.24	2.39	29.47		5.36
粒长(mm)GL	7.79	14.32	8.64	10.15	28.65**	
粒宽(mm)GW	2.95	8.02	2.87	7.75	36.27**	
籽粒长宽比 RGLW	2.69	14.07	3.04	10.94	80.01**	
千粒重(g)TGW	28.52	17.52	27.85	19.06	20.71**	
籽粒面积(mm ²)GA	16.96	16.45	18.33	13.43	1.78	
籽粒周长(mm)GP	18.98	12.34	20.69	9.21	13.66**	

* 和 ** 表示 0.05 和 0.01 水平的显著性(两尾检验),下同

* and ** correlation is significant at the 0.05 and 0.01 level, respectively (2-tailed), the same as below

2.1.3 Shannon-Weaver 表型多样性分析 通过对 102 份大麦种质的 15 个性状的 Shannon-Weaver 表型多样性指数 (H') 分析 (表 3, 表 5), 15 个表型性状中, 拔节期底部叶片黄化多样性指数中等 ($0.5 \leq H' \leq 0.60$), 其他性状多样性均较高 ($H' \geq 0.60$)。冬大麦生态区种质平均表型多样性 (0.730) 高于西南及青藏高原裸大麦生态区 (0.706), 叶长宽比、籽粒长宽比、千粒重和皮裸性等性状在西南及青藏高原裸大麦生态区的多样性更高, 同时, 其他性状多样性在冬大麦生态区材料中普遍较高。考虑到长江和黄淮流域地区与重庆地区气候相似, 可以从中筛选适合重庆地区的优异大麦种质资源。

表 5 不同地理来源大麦种质 Shannon-Weaver 多样性指数 (H')

Table 5 The Shannon-Weaver diversity index of barley germplasm accessions from different geo-regions

性状 Trait	西南及青藏高原裸 大麦生态区 Southwest and Tibet Plateau	冬大麦生态区 Winter barley production area
叶长 LL	0.746	0.807
叶宽 LW	0.733	0.750
叶长宽比 RLLW	0.782	0.739
拔节期株高 PHH	0.717	0.755
灌浆期株高 PHF	0.727	0.771
拔节期底部叶片黄 化 LYH	0.485	0.617
灌浆期底部叶片黄 化 LYF	0.589	0.628
倒伏 PL	0.488	0.688
粒长 GL	0.670	0.691
粒宽 GW	0.806	0.810
籽粒长宽比 RGLW	0.754	0.748
千粒重 TGW	0.819	0.767
籽粒面积 GA	0.725	0.798
籽粒周长 GP	0.668	0.755
皮裸性 CT	0.887	0.544
均值 \pm 标准差 Mean \pm SD	0.706 \pm 0.117	0.730 \pm 0.073

2.2 15 个表型性状之间的综合评价

2.2.1 相关性分析 15 个性状的相关性分析表明 (表 6), 饲草相关性状中的叶长与拔节期株高、灌浆期株高、籽粒面积、籽粒周长显著或极显著正相关; 叶宽与拔节期株高、粒宽、千粒重、皮裸性显著或极显著正相关, 与粒长、籽粒长宽比、籽粒周长呈显著或极显著负相关。拔节期株高与粒长、籽粒长宽比、籽粒周长呈显著正相关。灌浆期株高与粒长、籽粒长宽比、籽粒周长呈显著或极显著正相关, 与千粒重及粒宽极显著负相关。拔节期底部叶片黄化和倒伏性均与灌浆期株高显著正相关, 灌浆期底部叶片黄化与倒伏性极显著正相关, 表明叶片黄化、株高以及倒伏性存在关联。值得注意的是, 除叶长以外, 10 个性状均与籽粒皮裸性相关, 如皮裸性与叶宽、粒宽、千粒重显著或极显著正相关, 与叶长宽比、粒长、籽粒长宽比、籽粒面积、籽粒周长、拔节期和灌浆期株高显著或极显著负相关, 表明皮大麦和裸大麦种质存在明显的表型差异。

2.2.2 主成分分析 主成分分析发现, 前 6 个主成分的累计贡献率为 87.70% (表 7)。第一主成分 (PC1) 的贡献率为 33.46%, 粒长、籽粒长宽比、籽粒周长、皮裸性对第一主成分的贡献最大, 其中皮裸性贡献为负值, 可以理解为粒形因子; 第二主成分 (PC2) 的贡献率为 18.80%, 粒宽、千粒重、籽粒面积对第二主成分贡献最大, 可以理解为粒重因子; 第三主成分贡献率为 12.29%, 拔节期株高、倒伏性、灌浆期株高对第三主成分贡献最大; 第四主成分贡献率为 8.47%, 倒伏性和灌浆期叶片黄化对第四主成分贡献最大; 第五主成分可以理解为叶形因子, 叶长和叶长宽比贡献最大, 贡献率为 7.76%; 第六主成分贡献率为 6.91%, 拔节期叶片黄化贡献最大。

以第一主成分为横坐标, 第二主成分为纵坐标, 绘制二维散点图 (图 1)。该两个主成分之中, 饲草相关性状主要占据第三象限, 籽粒长宽比、叶长宽比以及灌浆期株高贡献较大, 其他饲草因子贡献较小。其余象限主要为籽粒相关因子, 皮裸性占据 PC1 轴, 且负值较大, 表明皮裸性是大麦种质判别最重要的性状特征。籽粒性状距主成分轴原点的距离均较远, 表明籽粒性状对于样品间的差异贡献最大 (图 1)。102 份大麦种质中大部分种质分布距离两个主成分轴的原点距离较远, 暗示各种质之间的遗传差异较大。

表 6 15 个表型性状间的相关性分析

Table 6 Correlation coefficients among 15 traits

性状 Traits	叶长 LL	叶宽 LW	叶长宽比 RLLW	拔节期 株高 PHH	灌浆期 株高 PHF	倒伏 PL	拔节期 叶片黄 化 LYH	灌浆期 叶片黄 化 LYF	粒长 GL	粒宽 GW	籽粒长 宽比 RGLW	千粒重 TGW	籽粒 面积 GA	籽粒 周长 GP	皮裸 性 CT
叶长 LL	1.000														
叶宽 LW	0.233*	1.000													
叶长宽比 RLLW	0.514**	-0.671**	1.000												
拔节期株高 PHH	0.419**	0.230*	0.060	1.000											
灌浆期株高 PHF	0.221*	-0.053	0.173	0.526**	1.000										
倒伏 PL	-0.001	0.003	-0.004	0.270**	0.226*	1.000									
拔节期底部叶片 黄化 LYH	0.050	0.041	0.014	0.097	0.234*	0.048	1.000								
灌浆期底部叶片 黄化 LYF	-0.027	-0.113	0.073	0.090	0.157	0.345**	0.176	1.000							
粒长 GL	0.275**	-0.228*	0.433**	0.250*	0.233*	-0.064	0.028	0.035	1.000						
粒宽 GW	-0.027	0.408**	-0.349**	-0.116	-0.321**	-0.086	-0.007	-0.103	-0.087	1.000					
籽粒长宽比 RGLW	0.213*	-0.428**	0.534**	0.243*	0.340**	0.007	-0.006	0.073	0.798**	-0.637**	1.000				
千粒重 TGW	0.097	0.343**	-0.204*	-0.048	-0.271**	-0.149	-0.031	-0.051	0.071	0.887**	-0.451**	1.000			
籽粒面积 GA	0.273**	-0.041	0.279**	0.194	0.102	-0.014	0.092	0.041	0.837**	0.386**	0.394**	0.465**	1.000		
籽粒周长 GP	0.298**	-0.203*	0.431**	0.233*	0.215*	-0.068	0.051	0.027	0.991**	-0.006	0.746**	0.138	0.884**	1.000	
皮裸性 CT	-0.192	0.345**	-0.467**	-0.206*	-0.296**	-0.066	-0.089	-0.094	-0.840**	0.298**	-0.824**	0.220*	-0.636**	-0.836**	1.000

表 7 15 个表型性状前 6 个主成分的特征向量、方差贡献率及累计贡献率

Table 7 Power vector (PV), contribution rate (CR) and cumulative contribution rate (CCR) of first six principal components based on 15 phenotypic traits

性状 Traits	特征向量 1 PV 1	特征向量 2 PV 2	特征向量 3 PV 3	特征向量 4 PV 4	特征向量 5 PV 5	特征向量 6 PV 6
叶长 LL	0.149	0.155	0.166	-0.349	0.688	-0.039
叶宽 LW	-0.198	0.280	0.357	-0.375	-0.122	0.020
叶长宽比 RLLW	0.276	-0.142	-0.212	0.112	0.602	-0.079
拔节期株高 PHH	0.152	0.067	0.524	-0.232	-0.038	-0.226
灌浆期株高 PHF	0.196	-0.107	0.383	-0.153	-0.016	0.271
倒伏 PL	0.044	-0.100	0.486	0.396	-0.003	-0.247
拔节期底部叶片黄化 LYH	0.074	-0.003	0.152	0.137	0.080	0.891
灌浆期底部叶片黄化 LYF	0.070	-0.114	0.320	0.595	0.118	-0.074
粒长 GL	0.418	0.166	-0.061	-0.014	-0.151	-0.039
粒宽 GW	-0.170	0.508	-0.002	0.233	0.050	0.030
籽粒长宽比 RGLW	0.410	-0.146	-0.050	-0.137	-0.144	-0.053
千粒重 TGW	-0.104	0.527	-0.031	0.164	0.134	-0.032
籽粒面积 GA	0.276	0.449	-0.058	0.122	-0.064	0.013
籽粒周长 GP	0.404	0.224	-0.072	0.016	-0.133	-0.013
皮裸性 CT	-0.409	-0.030	0.044	-0.051	0.201	-0.010
特征值 Eigen values	5.019	2.820	1.843	1.271	1.165	1.037
方差贡献率 (%) CR	33.46	18.80	12.29	8.47	7.76	6.91
累计贡献率 (%) CCR	33.46	52.26	64.55	73.02	80.79	87.70

表 8 13 份特异性大麦种质

Table 8 13 barley accessions with elite traits

样品 编号 Number	特征性状 Elite traits	叶长 (cm) LL	叶宽 (cm) LW	粒长 (mm) GL	粒宽 GW	千粒重 (g) TGW	拔节期 株高 (cm) PHH	灌浆期 株高 (cm) PHF	拔节期 底部叶片 黄化 LYH	倒伏 PL	灌浆期 底部叶片 黄化 LYF
CQ54	抗倒、抗叶片黄化、 高秆、大叶	39.00	1.90	9.13	2.50	19.28	80.00	145.00	无	无	轻微
CQ68	抗倒、抗叶片黄化、 高秆、大叶	40.00	2.60	9.75	3.02	34.54	90.00	138.00	无	无	无
CQ95	抗倒、抗叶片黄化、 高秆、大叶	38.00	2.10	9.68	3.04	33.52	95.00	135.00	无	无	无
CQ16	抗倒、抗拔节期叶片黄化、 高秆(拔节期)、大叶	37.00	2.60	6.38	3.41	38.10	80.00	135.00	无	无	轻微
CQ24	抗倒、抗拔节期叶片黄化、 高秆(拔节期)、大叶	38.00	3.10	6.88	3.00	30.50	80.00	110.00	无	无	轻微
CQ18	抗倒、抗灌浆期叶片黄化、 高秆(灌浆期)、大叶	39.00	2.30	7.07	3.18	36.77	81.00	135.00	轻微	无	轻微
CQ43	抗倒、抗灌浆期叶片黄化、 高秆(灌浆期)、大叶	38.00	1.90	8.84	2.99	31.65	78.00	150.00	无	无	轻微
CQ53	抗倒、抗灌浆期叶片黄化、 高秆(灌浆期)、大叶	40.00	2.10	9.71	2.97	34.82	71.00	145.00	无	无	轻微
CQ55	抗倒、抗灌浆期叶片黄化、 高秆(灌浆期)、大叶	39.00	1.80	9.66	2.77	27.87	78.00	148.00	轻微	无	轻微
CQ69	抗倒、抗叶片黄化、高秆 (拔节期)、大叶、千粒重大	44.00	2.50	9.76	3.34	43.67	80.00	125.00	无	无	无
CQ78	抗倒、抗拔节期叶片黄化、 千粒重大	29.00	2.40	9.94	3.33	37.53	60.00	110.00	无	无	轻微
CQ94	抗倒、抗拔节期叶片黄化、 千粒重大	34.00	2.30	6.70	3.37	40.62	79.00	95.00	无	无	轻微
CQ100	抗倒、抗叶片黄化、 千粒重大	39.00	2.30	8.85	3.43	37.33	76.00	115.00	无	无	无

麦^[24]、豌豆^[25-26]、甜菜^[27]、棉花^[28]、大麦^[29]等多种作物中均有报道。我国现存大麦种质资源丰富,其中国家种质库保存大麦资源超过 2 万份,为后续开展遗传多样性分析和优异种质挖掘奠定了基础。得益于国家种质资源库提供的 102 份库存高秆大麦种质资源,本研究分析了 15 个表型性状的表型多样性,发现来源于不同生态区的种质表型多样性不同,比如西南和青藏高原生态区籽粒性状变异丰富,可能与该地区海拔高、日照强、紫外辐射强等外界环境相关。长江中下游地区种质的叶部性状、籽粒性状多样性均较高,尤其是倒伏、叶片黄化性状等性状的变异丰富,与该地区高温潮湿的气候相适应。这与张京等^[30]分析种质库种质资源的表型多样性与地理分布的结果相同,进一步印证了表型多样性与地

理分布区的密切相关性。

本研究结果表明,聚类分析可以有效区分裸大麦与皮大麦,而且来自青藏高原地区和东部地区的裸大麦也能够明显区分,表明不同大麦适应环境的差异。皮大麦主要来自长江中下游以及北方地区,且地域来源之间的差异较小,聚类分析并不能将其区分,这可能是由于育种过程中具有较为广泛的材料交换与基因交流。这一结果与刘亚楠等^[29]不同,可能由于试验材料不同导致。本研究选用高秆大麦资源为研究对象,大部分为地方品种材料,其中裸大麦种质主要来自西南及青藏高原地区,该地区以多棱裸大麦为主要类型,具有十分丰富的遗传多样性^[31-34];皮大麦种质主要来自冬播大麦区,该地区以种植皮大麦为主,不同冬大麦生态区大麦种质遗传

多样性不同^[35-36]。这两个不同的生态区间大麦种质间多样性存在差异。值得注意的是, 本研究发现叶形、粒形、粒重等性状均存在丰富的遗传变异, 特别是皮裸大麦之间具有较大的表型差异, 同时皮裸性也影响其他性状变异。就籽粒性状而言, 裸大麦籽粒偏椭圆形, 而皮大麦籽粒更加细长, 不同的形态也可能反映了营养含量的不同, 比如皮大麦中粗脂肪、硬脂酸、油酸、总羧基肉桂酸和总酚酸含量通常显著高于裸大麦, 但裸大麦 β -葡聚糖含量显著高于皮大麦^[37-38]。

大麦由于茎秆软、根系不发达、茎节长等生理特点较容易倒伏^[39-40]。本研究发现, 拔节期植株底部叶片黄化、倒伏性与灌浆期株高呈显著正相关, 灌浆期底部叶片黄化仅与倒伏性呈极显著正相关, 表明遗传选择抗倒伏大麦资源同时, 也实现间接选择抗叶片黄化和合理增加株高的目的。主成分分析表明, 前 2 个主成分对表型变异的贡献率达到 52%, 籽粒性状对其贡献率较大; 而后 4 个主成分中拔节期底部叶片黄化、倒伏和拔节期株高对表型的贡献值较大, 表明倒伏以及叶片黄化是饲草产量的正相关因子。暗示在进行饲草选育时要合理控制株高, 以防发生严重倒伏及叶片黄化。遗传选择优良性状的同时, 也需要合理控制种植密度、施肥量等, 考虑到重庆地区潮湿高温的气候条件, 种植过密、水分过多等也会导致植株倒伏, 从而导致底部叶片光合不足而发生黄化。

表型性状受基因表达和环境相互作用, 也体现了长期自然和人工选择的结果, 利用表型数据进行遗传多样性分析较直观、快捷、有效。需要指出的是, 表型极易受环境影响, 因此结合相对稳定的分子标记检测遗传物质的多样性可以有效减少环境因素的影响, 今后也将逐步用于辅助优异饲草大麦品种的选育。

高生物产量作为饲草选育的重要目标之一, 大叶、高秆是增加生物产量的有效途径。本研究从 102 份高秆大麦资源中, 筛选了具有上述优良性状兼抗倒伏、抗叶片黄化的种质资源 13 份, 将有助于今后培育高生物量的专用型饲草大麦品种。饲用品质是影响饲草大麦品种选育的另一个重要指标, 本研究分析了叶长、叶宽、叶长宽比、叶片黄化度等性状, 据此可以初步推算是否具有饲用价值, 但是其营养品质指标还有待后续验证。同时, 大麦作为耐刈割作物, 不同的刈割时期、刈割次数对麦草产量和品质均有影响^[41-43], 如何合理利用刈割促进植株再生

从而增加青草生物产量, 兼顾大麦蜡熟期高生物量和较好的青贮品质, 也将是今后工作中值得解决的问题。

参考文献

- [1] FAO. Food outlook Biannual report on global food markets. (2017-09-07) [2018-11-01]. http://www.fao.org/worldfood_situation/csdb/en/
- [2] Purugganan M D, Fuller D Q. The nature of selection during plant domestication. *Nature*, 2009, 457 (7231): 843-848
- [3] 陈晓东, 赵斌, 季昌好, 朱斌, 王瑞. 大麦、小麦饲草产量与品质差异及适宜刈割次数研究. *作物杂志*, 2017 (3): 81-84
Chen X D, Zhao B, Ji C H, Zhu B, Wang R. Differences in forage yield and quality of barley and wheat with proper cutting frequency. *Crops*, 2017 (3): 81-84
- [4] 曾亚文, 张京, 普晓英, 杜娟, 杨树明, 杨涛. 云南大麦产业发展综合研究与利用. *浙江农业学报*, 2011, 23 (3): 455-464
Zeng Y W, Zhang J, Pu X Y, Du J, Yang S M, Yang T. Utilization and synthesis research on industrial development of barley in Yunnan. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2011, 23 (3): 455-464
- [5] Cai S, Han Z, Huang Y, Hu H, Dai F, Zhang G. Identification of quantitative trait loci for the phenolic acid contents and their association with agronomic traits in tibetan wild barley. *Journal of Agricultural Food Chemistry*, 2016, 64 (4): 980-987
- [6] Li D T, Wang P P, Luo Y H, Zhao M Y, Chen F. Health benefits of anthocyanins and molecular mechanisms: update from recent decade. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 2017, 57 (8): 1729-1741
- [7] Crozier A, Jaganath I B, Clifford M N. Dietary phenolics: chemistry, bioavailability and effects on health. *Natural Product Reports*, 2009, 26 (8): 1001-1043
- [8] 杨子刚, 毛文坤, 于海朋. 中国畜牧业生产区域布局演变分析. *中国畜牧杂志*, 2012, 48 (10): 11-14
Yang Z G, Mao W K, Yu H P. Analysis of regional distribution of livestock production in China. *Chinese Journal of Animal Science*, 2012, 48 (10): 11-14
- [9] 唐羽彤, 林慧龙. 食物安全的草地农业创新模式刍议. *中国农业科技导报*, 2012, 14 (5): 7-14
Tang Y T, Lin H L. An immature suggestion for grassland agriculture innovation model on food security. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2012, 14 (5): 7-14
- [10] 曾亚文, 普晓英, 张京, 郭刚刚, 杜娟, 杨涛, 杨树明, 杨加珍. 中国西南大麦产业发展综合研究利用. *中国农业科技导报*, 2013, 15 (3): 48-56
Zeng Y W, Pu X Y, Zhang J, Guo G G, Du J, Yang T, Yang S M, Yang J Z. Synthetic research and utilization on industrial development of barley in Southwestern China. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2013, 15 (3): 48-56
- [11] 孙东发. 大麦开发冬闲田与预留行的种植模式及规范化栽培技术 // 作物多熟种植与国家粮油安全高峰论坛论文集. 北京: 中国作物学会, 2015: 3
Sun D F. The planting mode and cultivation techniques of barley in utilizing winter fallow field and the prepared row of cotton and corn // Collection of crop multi cropping and national grain and oil safety summit forum. Beijing: Crop Science Society of

- China, 2015: 3
- [12] 唐晓东, 陈燕霞, 詹林庆, 赵建华, 陈大超. 重庆市冬闲田现状及开发利用建议. 南方农业, 2015, 9(4): 45-47
Tang X D, Chen Y X, Zhan L Q, Zhao J H, Chen D C. Current situation of winter fallow fields in Chongqing and suggestions for the development and utilization. South China Agriculture, 2015, 9(4): 45-47
- [13] 鲍文杰, 刘易科, 黄宇富, 王承敏, 周林, 朱展望, 陈冷, 张宇庆, 吴波, 佟汉文. 利用长江中下游地区冬闲田发展小麦和大麦生产的关键技术. 湖北农业科学, 2014, 53(12): 2729-2733
Bao W J, Liu Y K, Huang Z F, Wang C M, Zhou L, Zhu Z W, Chen L, Zhang Y Q, Wu B, Tong H W. Key technologies of developing wheat and barley production in winter fallow fields in middle and low reaches of Yangtze River. Hubei Agricultural Sciences, 2014, 53(12): 2729-2733
- [14] 王勇生, 王博, 雷恒. 大麦的营养价值与提高其畜禽利用率的措施. 中国饲料, 2014(4): 18-22
Wang Y S, Wang B, Lei H. Nutritional value of barley and measures to improve the utilization rate of livestock and poultry. China Feed, 2014(4): 18-22
- [15] 冯德庆, 黄勤楼, 刘成洪, 钟珍梅, 黄秀声, 黄小云, 黄水珍, 郑百龙. 4份大麦材料在闽北引种适应性及全株饲用价值. 福建农业学报, 2018, 33(4): 363-367
Feng D Q, Huang Q L, Liu C H, Zhong Z M, Huang X S, Huang X Y, Huang S Z, Zheng B L. Cultivation adaptability in Northern Fujian and potential utilization of entire plant as livestock forage of 4 barley cultivars. Fujian Journal of Agricultural Science, 2018, 33(4): 363-367
- [16] 徐广祥, 史有国, 陈宇, 刘琳, 刘哲懿, 陈秋菊, 张剑敏. 内蒙古河套地区中轻度盐碱地麦后复种饲草大麦应用研究. 畜牧与饲料科学, 2018, 39(6): 59-61
Xu G X, Shi Y G, Chen Y, Liu L, Liu Z Y, Chen Q J, Zhang J M. Preliminary application of multiple cropping mode of forage barley after wheat in medium-mild saline alkali soil in Hetao area. Animal Husbandry and Feed Science, 2018, 39(6): 59-61
- [17] 孙立军, 陆炜, 张京, 张万霞, 李富全, 陈丽华, 任有成. 中国大麦种质资源鉴定评价及其利用研究. 中国农业科学, 1999, 32(2): 26-33
Sun L J, Lu W, Zhang J, Zhang W X, Li F Q, Chen L H, Ren Y C. Evaluation and utilization of barley germplasm resources of China. Scientia Agricultural Sinica, 1999, 32(2): 26-33
- [18] 姜晓东, 郭刚刚, 张京. 中国大麦地方品种的遗传多样性及 α -淀粉酶活性的全基因组关联分析. 中国农业科学, 2013, 46(4): 668-677
Jiang X D, Guo G G, Zhang J. Analysis on the genetic diversity in Chinese barley landrace and genomic wide association of α -amylase activity genes. Scientia Agricultural Sinica, 2013, 46(4): 668-677
- [19] Zeng X Q, Long H, Wang Z, Zhao S C, Tang Y W, Huang Z Y, Wang Y L, Xu Q J, Mao L K, Deng G B, Yao X M, Li X F, Bai L J, Yuan H J, Pan Z F, Liu R J, Chen X, Wangmu Q M, Chen M, Yu L L, Liang J J, Dunzhu D W, Zheng Y, Yu S Y, Luobu Z X, Guang X M, Li J, Deng C, Hu W S, Chen C H, Taba X N, Gao L Y, Lv X D, Abu Y B, Fang X D, Nevo E, Yu M Q, Wang J, Tashi N. The draft genome of Tibetan hulless barley reveals adaptive patterns to the high stressful Tibetan Plateau. Proceedings of the National Academy of Science U S A, 2015, 112(4): 1095-1100
- [20] Mengistu D K, Kiros A Y, Pè M E. Phenotypic diversity in Ethiopian durum wheat (*Triticum turgidum* var. *durum*) landraces. The Crop Journal, 2015, 3(3): 190-199
- [21] Eticha F, Bekele E, Börner G B A. Phenotypic diversity in tetraploid wheats collected from Bale and Wello regions of Ethiopia. Plant Genetic Resources Characterization & Utilization, 2005, 3(1): 35-43
- [22] 汤翠凤, 张恩来, 董超, 阿新祥, 张斐斐, 申时全, 韩龙植. 云南新收集水稻地方品种的表型多样性分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19(6): 1106-1116
Tang C F, Zhang E L, Dong C, A X X, Zhang F F, Shen S Q, Han L Z. Analysis on phenotypic diversity of rice landraces newly collected in Yunnan province. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(6): 1106-1116
- [23] 李金梅, 崔迪, 汤翠凤, 阿新祥, 余滕琼, 马小定, 张恩来, 刘昌文, 徐福荣, 戴陆园, 韩龙植. 两个时期收集的云南水稻农家品种表型多样性比较. 植物遗传资源学报, 2015, 16(2): 238-244
Li J M, Cui D, Tang C F, A X X, Yu T Q, Ma X D, Zhang E L, Liu C W, Xu F R, Dai L Y, Han L Z. Comparative phenotypic diversity of rice landraces collected in two periods in Yunnan, China. Journal of Plant Genetic Resources, 2015, 16(2): 238-244
- [24] 王艳青, 李春花, 卢文洁, 孙道旺, 尹桂芳, 陆平, 王莉花. 135份国外藜麦种质主要农艺性状的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19(5): 887-894
Wang Y Q, Li C H, Lu W J, Sun D F, Yin G F, Lu P, Wang L H. Genetic diversity analysis of major agronomic traits in 135 foreign quinoa germplasm accessions. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(5): 887-894
- [25] 万述伟, 宋凤景, 郝俊杰, 张晓艳, 李红卫, 邵阳, 赵爱鸿. 271份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2017, 18(1): 10-18
Wan S W, Song F J, Hao J J, Zhang X Y, Li H W, Shao Y, Zhao A H. Genetic diversity of agronomic traits in 271 pea germplasm resources. Journal of Plant Genetic Resources, 2017, 18(1): 10-18
- [26] 龙珏臣, 张继君, 龚万灼, 陈红, 王萍, 宗绪晓, 何玉华, 杜成章. 重庆地区豌豆 (*Pisum sativum* L.) 种质资源收集与多样性分析. 植物遗传资源学报, 2019, 20(1): 137-145
Long J C, Zhang J J, Gong W Z, Chen H, Wang P, Zong X X, He Y H, Du C Z. Field collection and genetic diversity analysis of Pea (*Pisum sativum* L.) germplasm resource in Chongqing. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(1): 137-145
- [27] 兴旺, 崔平, 潘荣, 苏宝忠. 不同国家甜菜种质资源遗传多样性研究. 植物遗传资源学报, 2018, 19(1): 76-86
Xing W, Cui P, Pan R, Su R B. Genetic diversity of sugar beet from different countries. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(1): 76-86
- [28] 代攀虹, 孙君灵, 何守朴, 王立如, 贾银华, 潘兆娥, 庞保印, 杜雄明, 王溢. 陆地棉核心种质表型性状遗传多样性分析及综合评价. 中国农业科学, 2016, 49(19): 3694-3708
Dai P H, Sun J L, He S P, Wang L R, Jia Y H, Pan Z E, Pang B Y, Du X M, Wang M. Comprehensive evaluation and genetic diversity traits of core collection in upland cotton. Scientia

- Agricultura Sinica, 2016, 49(19): 3694-3708
- [29] 刘亚楠, 潘雨涵, 郭晖, 朱明超, 文正怀, 吕超, 郭宝健, 许如根. 六棱大麦种质表型遗传多样性评价. 植物遗传资源学报, 2018, 19(5): 846-856
Liu Y N, Pan Y H, Guo H, Zhu M C, Wen Z H, Lv C, Guo B J, Xu R G. Comprehensive evaluation of genetic diversity in six-rowed barley germplasm. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(5): 846-856
- [30] 张京, 曹永生. 我国大麦基因库的群体结构和表型多样性研究. 中国农业科学, 1999, 32(4): 20-26
Zhang J, Cao Y S. Population structure and phenotypic diversity of barley in China's gene bank. Scientia Agricultura Sinica, 1999, 32(4): 20-26
- [31] 徐廷文. 中国栽培大麦的起源与进化. 遗传学报, 1982, 9(6): 440-446
Xu T W. Origin and evolution of cultivated barley in China. Acta Genetica Sinica, 1982, 9(6): 440-446
- [32] Dai F, Nevo E, Wu D, Comadran J, Zhou M, Qiu L, Chen Z, Beiles A, Chen G, Zhang G. Tibet is one of the centers of domestication of cultivated barley. Proceedings of the National Academy of Science U S A, 2012, 109(42): 16969-16973
- [33] Ren X, Nevo E, Sun D, Sun G. Tibet as a potential domestication center of cultivated barley of China. PLoS One, 2013, 8(5): e62700
- [34] 栾运芳, 赵惠芬, 冯西博, 王恒良. 西藏春青裸种质资源的特色及利用研究. 中国农学通报, 2008, 24(7): 55-59
Luan Y F, Zhao H F, Feng X B, Wang H L. Idioplasm resources characteristic of Tibet spring naked barley and the using study. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2008, 24(7): 55-59
- [35] 尚毅, 华为, 朱靖环, 贾巧君, 汪军妹, 杨建明. 浙江省裸大麦地方品种遗传多样性分析. 麦类作物学报, 2014, 34(7): 922-928
Shang Y, Hua W, Zhu J H, Jia Q J, Wang J M, Yang J M. Genetic diversity of hullless barley landraces in Zhejiang. Journal of Triticeae Crops, 2014, 34(7): 922-928
- [36] 沈会权, 张英虎, 栾海业, 吴昌庚, 乔海龙, 臧慧, 陈健, 陶红, 陈和. 江苏二棱大麦农艺、籽粒和品质性状的特征及其相关性分析. 麦类作物学报, 2016, 36(3): 379-385
Shen H Q, Zhang Y H, Luan H Y, Wu C G, Qiao H L, Zang H, Chen J, Tao H, Chen H. Characteristics and correlation of the agronomic, grain and quality trait of the two-row barley in Jiangsu. Journal of Triticeae Crops, 2016, 36(3): 379-385
- [37] 陈文若, 蔡文涛, 俞婷婷, 桑伟, 任贵兴, 陈银基. 不同品种皮大麦与裸大麦的营养与功能活性成分差异比较及相关性分析. 中国粮油学报, 2017, 32(8): 39-45, 70
Chen W R, Qi W T, Yun T T, Sang W, Ren G X, Chen Y J. Comparative and correlation analysis of nutrition components and active ingredients in different kinds of hulled and hull-less barley. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2017, 32(8): 39-45, 70
- [38] 王祥军, 齐军仓, 王仙, 贾力群, 王倩, 王琴, 马建峰. 不同类型大麦品种籽粒中酚酸类化合物含量的差异. 麦类作物学报, 2010, 30(5): 847-852
Wang X J, Qi J C, Wang X, Jia L Q, Wang Q, Wang Q, Ma J F. Difference of phenolic acid contents in the kernels of different types of barley. Journal of Triticeae Crops, 2010, 30(5): 847-852
- [39] 曾金国, 何立人, 李正玮. 大麦倒伏机理及大麦、小麦抗倒伏性能的比较. 河南职业技术学院学报, 1990, 18(S1): 163-170
Zeng J G, He L R, Li Z W. A study on the lodging mechanism of barley and comparing wheat with barley in resistance to lodging. Journal of Henan Vocation-technical Teachers College, 1990, 18(S1): 163-170
- [40] 罗运启, 刘展. 啤酒大麦倒伏原因及防控措施. 上海农业科技, 2007(3): 60
Luo Y Q, Liu Z. Reasons for lodging of beer barley and its control measures. Shanghai Agricultural Technology, 2007(3): 60
- [41] 陈晓东, 赵斌, 季昌好, 朱斌, 王瑞. 刈割期对多棱饲料大麦饲草及籽粒产量与品质的影响. 麦类作物学报, 2017, 37(3): 409-413
Chen X D, Zhao B, Ji C H, Zhu B, Wang R. Effect of defoliation timing on the yield and quality of six-row barley forage and grain. Journal of Triticeae Crops, 2017, 37(3): 409-413
- [42] 陈晓东, 赵斌, 王瑞, 季昌好. 不同刈割茬次与刈割时期对大麦饲草产量与品质的影响. 中国农学通报, 2015, 31(12): 36-39
Chen X D, Zhao B, Wang R, Ji C H. Effects of different cuts and defoliation timing on the yield and quality of barley forage. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2015, 31(12): 36-39
- [43] 田静, 谢昭良, 刘家杏, 许留兴, 唐国建, 张建国. 冬闲田种植大麦不同生育期的营养价值和青贮品质. 草业科学, 2017, 34(4): 753-760
Tian J, Xie Z L, Liu J X, Xu L X, Tang G J, Zhang J G. Nutritive value and silage quality of barley grown in winter fallow fields and harvested at different growth stages. Pratacultural Science, 2017, 34(4): 753-760