

# 398份裸大麦种质资源表型性状遗传多样性分析

李 赢, 刘海翠, 石晓旭, 石 吕, 韩 笑, 刘 建, 魏亚凤

(江苏沿江地区农业科学研究所/南通市循环农业重点实验室, 南通 226001)

**摘要:** 为了提高我国裸大麦种质资源的利用效率, 通过变异系数、多样性指数、相关性分析、主成分分析和聚类分析, 分析了398份国内外裸大麦种质资源表型性状的多样性水平。结果显示: 18个表型性状在不同裸大麦资源间存在丰富的变异, 18个表型性状的多样性指数为0.66~2.06, 平均为1.42, 以芒型的多样性指数最小, 株高与每穗粒数的多样性指数最大; 变异系数在4.71%~61.03%之间, 平均为26.59%, 其中籽粒颜色的变异系数最高, 抽穗期的离散程度最低。相关性分析表明, 单株穗数、穗长、每穗粒数、千粒重和结实率可作为今后选育高产裸大麦品种的指导目标性状。主成分分析结果显示, 5个主成分的累计贡献率达64.297%, 其中抽穗期、株高、稃型和千粒重等性状是裸大麦表型变异的主要因素。结合隶属函数值计算综合得分(F值)获得排名前10的品种: 江苏元麦33号、VII-131、玉米麦、江苏元麦58号、建湖团六棱子、戴帽元麦、江苏元麦65号、江苏元麦23号、江苏元麦20号和江苏元麦22号。系统聚类将裸大麦资源分为4类, 聚类结果与地理位置相关性不显著。相关结果为不同地域裸大麦种质资源的利用及品种选育提供重要参考。

**关键词:** 裸大麦; 表型多样性; 质量性状; 数量性状

## Phenotypic Diversity Analysis of 398 Naked Barley Germplasm Resources

LI Ying, LIU Haicui, SHI Xiaoxu, SHI Lyu, HAN Xiao, LIU Jian, WEI Yafeng

(*Jiangsu Yanjiang Area Institute of Agricultural Sciences/Key Laboratory of*

*Recycling Agriculture of Nantong City, Nantong 226001*)

**Abstract:** In order to improve the utilization efficiency of naked barley germplasm resources in China, 398 accessions of naked barley from different regions were used to analyze the phenotypic diversity at 18 traits, followed by the analysis of coefficient of variation analysis, diversity index analysis, correlation analysis, principal component analysis and cluster analysis. The results revealed abundant variations among phenotypic traits in different resources. The diversity index of the nine quality traits was 0.66 to 2.06, with an average value of 1.42, and the highest value in plant height, kernels per spike and the smallest value in kernel rows. The traits had 4.71% (kernel color) to 61.03% (heading date) of the coefficient of variation, with an average value of 26.59%. The correlation analysis of nine quantitative traits indicated that spikes per plant, spike length, kernels per spike, thousand kernels weight and setting rate could be deployed as the main target traits for high yield naked barley varieties breeding in the future. The results of principal component analysis showed that the cumulative contribution rate of the five principal component factors was 64.297%. Among them, heading date, plant height, row type and thousand kernels weight were the main factors contributing to the phenotypic differences of naked barley. Combined with the membership function analysis, the comprehensive scores (F value) were calculated.

收稿日期: 2023-03-01 修回日期: 2023-03-17 网络出版日期: 2023-04-21

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230301002>

第一作者研究方向为大麦遗传育种, E-mail: 1185077523@qq.com

通信作者: 魏亚凤, 研究方向为大麦遗传育种, E-mail: w-yafeng@163.com

**基金项目:** 南通市科技项目(JC2021152); 江苏省“六大人才高峰”高层次人才项目(NY-200); 南通市科技项目(MS22020035); 江苏沿江地区农业科学研究所青年科技基金[YJ(2021)001]资助

**Foundation projects:** The Scientific and Technological Project of Nantong City (JC2021152); Six Talent Peaks Project in Jiangsu Province (NY-200); The Scientific and Technological Project of Nantong City (MS22020035); Youth Science and Technology Fund of Jiangsu Yanjiang Area Institute of Agricultural Sciences [YJ(2021)001]

Jiangsuyuanmai No. 33, VII-131, Yumimai, Jiangsu yuan mai No. 58, Jianhutuanliulengzi, Daimaoyuanmai, Jiangsuyuanmai No. 65, Jiangsuyuanmai No. 23, Jiangsuyuanmai No. 20 and Jiangsuyuanmai No. 22 had the highest scores. These materials were divided into four groups by systematic clustering analysis and the clustering results were not strongly correlated with geographic location. These results could provide an important reference for the utilization of naked barley accessions and variety breeding.

**Key words:** naked barley; phenotypic diversity; qualitative characters; quantitative characters

裸大麦(*Hordeum vulgare* var. *nudum* Hooker f.)属于禾本科大麦属,青藏高原地区称之为青稞,江苏地区称之为元麦。江苏省曾是裸大麦的主产区之一,种植历史悠久,种质资源丰富<sup>[1]</sup>。裸大麦曾是江苏地区棉花和玉米等的前茬作物,然而随着江苏种植模式的改变,加上产量不及大麦和小麦,现在江苏仅有零星种植,大量种质资源得不到有效保护和利用<sup>[2]</sup>。裸大麦是世界上 $\beta$ -葡聚糖含量最高的禾谷类作物,经常食用裸大麦能有效预防心血管疾病、降低高血糖综合征的风险、改善肝功能和帮助减肥<sup>[3-4]</sup>。随着裸大麦营养价值研究的不断深入和人们健康意识的普遍提高,裸大麦作为具有保健作用的功能性食品原材料越来越受到人们的关注。

丰富的种质资源是种业振兴的关键,对种质资源进行多样性鉴定是了解种质资源特性和挖掘种质资源利用潜力的基础<sup>[5]</sup>。表型鉴定由于简单、方便、成本低、结果直观,是目前分析鉴定作物种质资源的首选方法。蔡羽等<sup>[6]</sup>对来自全国不同地区的102份高秆大麦进行表型多样性分析,发现冬大麦生态区表型多样性高于西南及青藏高原裸大麦生态区,筛选了一批高秆、大叶、抗倒伏的大麦资源。周瑜等<sup>[7]</sup>基于表型对434份高粱资源进行多样性分析,为矮化育种筛选出一批矮秆种质。丁银灯等<sup>[8]</sup>对国内外124份谷子种质资源进行表型多样性分析,发现参试资源遗传多样性丰富,地理位置相近的品种聚为一类。赵盟等<sup>[9]</sup>通过鉴定我国155份不同用途大麦育成品种的产量性状,发现不同用途大麦产量性状的特征不同,相关性表现也不相同。

表型鉴定也是分析裸大麦资源多样性的常用方法。夏腾飞等<sup>[10]</sup>对青藏高原及周边地区的267份青稞资源进行表型鉴定,发现青藏高原青稞的粒色和穗密度多样性较丰富,聚类分析将参试材料分为4类。徐肖等<sup>[11]</sup>对86份青藏高原地区裸大麦资源进行表型鉴定,对参试材料进行综合评价,筛选了一批适宜江苏种植的裸大麦材料。白羿雄等<sup>[12]</sup>对国内外205份青稞种质表型性状进行多样性分析,筛选出根干重、重心位置等8个指标作为评价种质的

综合指标。卓嘎等<sup>[13]</sup>对310份西藏青稞的主要农艺性状进行分析,发现西藏青稞品种遗传多样性丰富,地区间多样性存在较大差距。前人对裸大麦表型多样性研究主要集中于青藏高原地区,其他地区有关裸大麦表型性状遗传多样性的报道较少。

江苏拥有丰富的裸大麦资源,但尚未有关于江苏裸大麦资源表型性状遗传多样性分析的报道。本研究以277份江苏省和121份国内外其他来源的裸大麦资源为试验材料,运用相关性分析、主成分分析和聚类分析等方法鉴定裸大麦材料的表型多样性,以为不同地域裸大麦种质资源的利用和品种选育提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

以国内外398份裸大麦资源为参试材料(详见<http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230301002>,附表1),其中国内裸大麦资源354份,包含江苏277份、西藏30份、青海15份、四川8份、甘肃1份、云南2份、浙江1份、北京1份和来源不明的种质19份;国外裸大麦种质44份,其中欧洲9份,包含丹麦7份,捷克斯洛伐克1份,西德1份;北美洲18份,包含加拿大8份,美国3份,墨西哥7份;来源于亚洲其他国家的裸大麦种质共17份,包含日本15份,尼泊尔1份,叙利亚1份。其中88份裸大麦种质由中国农业科学院作物科学研究所提供。

### 1.2 试验设计

试验于2021-2022年在江苏沿江地区农业科学研究所薛窑基地(32°7'N, 120°27'E)进行,前茬为大豆。每份种质种植3行,行长1.2 m,行距0.25 m,株距0.03 m,栽培措施同大田生产。

### 1.3 试验方法

田间调查裸大麦种质资源的幼苗生长习性、叶片颜色、芒型、棱型、叶耳颜色、抽穗期和穗姿。每份资源选取长势一致的6个单株套袋收获,室内考察株高、穗长、穗下节间长、籽粒颜色、籽粒形状、小穗密度、单株穗数、每穗粒数、千粒重、结实率和单株

产量,共统计 18 个指标。表型指标考察参照《大麦种质资源数据质量控制规范》<sup>[14]</sup>。记载标准见表 1。

表 1 裸大麦表型性状及记载标准

Table 1 The phenotypic traits and the scoring criteria

性状 Traits	记载标准 Criteria for recording
生长习性 GH	1=匍匐,2=半匍匐,3=直立
叶片颜色 LC	1=浅绿,2=绿,3=深绿
芒型 AT	1=无芒,2=短芒,3=长芒,4=短钩芒,5=长钩芒
棱型 KR	1=二棱,2=中间型,3=六棱
籽粒颜色 KC	1=黄,2=蓝,3=紫,4=褐,5=黑
叶耳颜色 AP	1=白,2=绿,3=红,4=紫
小穗密度 SD	1=稀,2=密,3=极密
籽粒形状 KS	1=长圆形,2=卵圆形,3=椭圆形,4=圆形
穗姿 SP	1=直立,2=水平,3=下垂
抽穗期 HD	50%以上茎秆穗子抽出叶鞘 1cm(芒除外)的日期
单株穗数 SPP	大麦种质的单株平均穗数
株高 PH	成熟植株从主茎分蘖节到穗顶的高度,不含芒
穗长 SL	穗轴基部至穗顶部的长度(不包括芒)
穗下节间长 ILBS	从主穗的最后一个节到主穗基部的长度
每穗粒数 KPS	每个穗子的实际结实数
千粒重 TKW	1000 粒自然风干的大麦籽粒的重量
单株产量 YPP	连续取 6 株套袋收获,计算其平均产量
结实率 SR	饱满籽粒占颖花总数的百分率

GH: Growth habit; LC: Leaf color; AT: Awn type; KR: Kernal rows; KC: Kernel color; AP: Auricle pigmentation; SD: Spike density; KS: Kernal shapes; SP: Spike posture; HD: Heading date; SPP: Spikes per plant; PH: Plant height; SL: Spike length; ILBS: Internode length below spike; KPS: Kernels per spike; TKW: Thousand kernels weight; YPP: Yield per plant; SR: Setting rate; The same as below

表 2 裸大麦资源不同类群性状的平均值与变异系数

Table 2 Mean and coefficient of variation of different traits in naked barley resources

性状 Traits	平均值 Mean	标准差 SD	最大值 Max.	最小值 Min.	极差 Range	变异系数 (%) CV	多样性指数 $H'$
生长习性 GH	1.75	0.52	3.00	1.00	2.00	29.45	0.75
叶片颜色 LC	2.48	0.58	3.00	1.00	2.00	23.33	0.83
芒型 AT	3.01	0.57	5.00	1.00	4.00	19.01	0.66
棱型 KR	2.44	0.72	3.00	1.00	2.00	29.34	0.94
籽粒颜色 KC	1.42	0.87	5.00	1.00	4.00	61.03	0.81
叶耳颜色 AP	1.62	0.55	3.00	1.00	2.00	33.88	0.80
小穗密度 SD	2.17	0.81	3.00	1.00	2.00	37.45	1.08
籽粒形状 KS	2.58	0.64	4.00	1.00	3.00	24.75	0.95
穗姿 SP	1.78	0.68	3.00	1.00	2.00	38.01	0.99
抽穗期(d)HD	149.04	7.02	165.00	132.00	33.00	4.71	1.90
单株穗数 SPP	4.39	1.38	12.00	2.00	10.00	31.54	1.90
株高(cm)PH	101.57	15.93	136.75	46.58	90.17	15.69	2.06
穗长(cm)SL	5.42	1.37	8.88	2.88	6.00	25.35	2.00

## 1.4 数据分析

使用 Excel 软件计算表型性状的极差、平均值、变异系数和多样性指数 ( $H'$ , Shannon-Wiener diversity index)。对数量性状进行 10 级分类,从第一级 [ $X_i < (X - 2\sigma)$ ] 到第十级 [ $X_i > (X + 2\sigma)$ ], 每  $0.5\sigma$  为一级,每级的相对频率用于计算 Shannon 多样性指数。Shannon 多样性系数  $H' = -\sum P_i \ln P_i$ 。  $P_i$  为该性状第  $i$  级别内的材料份数占总份数的百分比,  $\ln$  为自然对数。

使用 R 语言 ggplot 包绘制相关性热图。使用隶属函数值将表型数据标准化:  $\mu(X_i) = (X_i - X_{\min}) / (X_{\max} - X_{\min})$ ,  $i = 1, 2, \dots, n$ , 式中,  $X_i$  为第  $i$  个综合指标,  $X_{\min}$  为第  $i$  个综合指标的最小值,  $X_{\max}$  为第  $i$  个综合指标的最大值。使用 SPSS 21.0 软件对标准化后的数据进行主成分分析。使用 Origin Pro 2022 绘制环形聚类树和箱线图。

## 2 结果与分析

### 2.1 裸大麦资源表型性状多样性分析

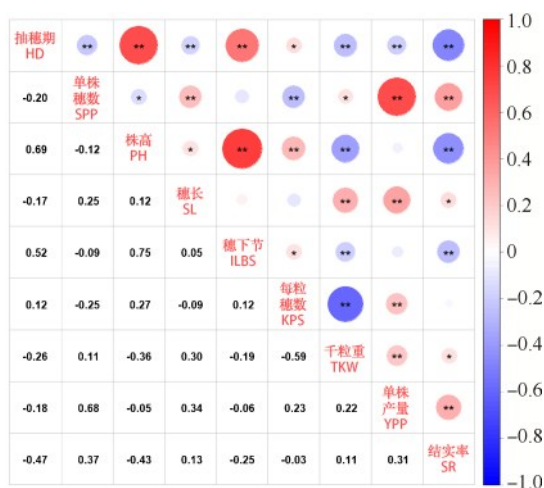
分析裸大麦资源表型性状的遗传多样性,由表 2 可知,18 个表型性状的离散程度存在较大差异,变异系数变化范围为 4.71%~61.03%,平均为 26.59%,其中籽粒颜色的变异系数最高,抽穗期的离散程度最低。多样性指数范围为 0.66~2.06,平均值为 1.42,表明参试资源表型性状的遗传多样性丰富,其中芒型的多样性指数最低,株高与每穗粒数的多样性指数最高。

表2(续)

性状 Traits	平均值 Mean	标准差 SD	最大值 Max.	最小值 Min.	极差 Range	变异系数 (%)CV	多样性指数 H'
穗下节间长(cm)ILBS	33.88	5.40	48.48	11.48	37.00	15.94	2.02
每穗粒数 KPS	42.38	10.39	68.89	15.30	53.59	24.51	2.06
千粒重(g)TKW	31.77	6.86	57.74	20.45	37.29	21.59	1.90
单株产量(g)YPP	5.51	1.75	15.04	2.09	12.95	31.82	1.93
结实率(%)SR	76.79	8.64	94.60	41.50	53.10	11.25	2.02

## 2.2 裸大麦资源数量性状的相关性分析

分析裸大麦数量性状的相关性,从图1可以看出,参试资源的数量性状之间大多存在显著或极显著关系。单株产量与单株穗数、穗长、每穗粒数、千粒重和结实率呈极显著正相关,与抽穗期呈极显著负相关;单株穗数与千粒重呈显著正相关,与穗长和结实率呈极显著正相关,与每穗粒数呈极显著负相关;每穗粒数与穗下节间长呈显著正相关,与千粒重呈极显著负相关;千粒重与穗长呈极显著正相关,与结实率呈显著正相关。其中株高与穗下节间长的相关系数最大(0.75),千粒重与每穗粒数之间的负相关系数最大为-0.59。在今后裸大麦育种过程中,应尽量选择抽穗早,穗数、穗粒数、千粒重和结实率相协调表现较好的资源作为杂交亲本来实现裸大麦的高产目标。



\* 在  $P < 0.05$  水平上显著相关; \*\* 在  $P < 0.01$  水平上显著相关; 下同; 红色正相关, 蓝色负相关, 颜色越深、圆越大代表相关系数越大  
\* indicate significantly correlated at the  $P < 0.05$  level; \*\* indicate significantly correlated at the  $P < 0.01$  level; The same as below; Red is positively correlated, blue is negatively correlated, and the darker the color, the larger the circle, the greater the correlation coefficient

图1 裸大麦资源数量性状的相关分析

Fig.1 Correlation coefficient among quantitative characters of naked barley germplasm resources

## 2.3 裸大麦资源表型性状的主成分分析

对参试资源18个表型性状进行主成分分析,选

出5个主成分,特征值均大于1,累计贡献率为64.297%(表3)。第1主成分的特征值为4.025,方差贡献率为22.361%,抽穗期(0.723)、株高(0.712)和棱型(0.677)有相对较高的正向载荷,千粒重(-0.618)有较高负向载荷,第1主成分是抽穗期、株高、棱型和千粒重的综合反映。第2主成分的特征值为2.924,方差贡献率为16.245%,穗长(0.751)和小穗密度(-0.725)绝对值大于其他性状,说明第2主成分主要由穗长和小穗密度组成,第2主成分为穗部因子。第3主成分的特征值为1.909,方差贡献率为10.607%,单株产量(0.662)和单株穗数(0.604)的系数明显大于其他性状,说明第3主成分为单株产量和单株穗数因子。第4主成分的特征值为1.636,方差贡献率为9.091%,每穗粒数(0.626)特征向量值最高,说明第4主成分为每穗粒数因子。第5主成分贡献率为5.993%,籽粒颜色(0.614)和芒型(-0.564)绝对值大于其他性状,说明第5主成分主要是籽粒颜色和芒型的综合反映。

## 2.4 裸大麦资源表型性状的综合评价

采用隶属函数法对表型性状进行标准化处理,获得参试资源的5个主成分得分。根据5个主成分的方差贡献率计算权重系数,得到参试资源的综合得分值  $(F) = 0.348F_1 + 0.253F_2 + 0.165F_3 + 0.141F_4 + 0.093F_5$ 。398份裸大麦资源的综合得分值范围为-0.264~0.755,平均值为0.299,排名前10的资源为:江苏元麦33号(0.586)、VII-131(0.588)、玉米麦(0.592)、江苏元麦58号(0.597)、建湖团六棱子(0.599)、戴帽元麦(0.606)、江苏元麦65号(0.635)、江苏元麦23号(0.664)、江苏元麦20号(0.712)和江苏元麦22号(0.755)(详见 <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230301002>,附表1)。分析综合得分值与18个表型性状之间的相关性,由表4可知,F值与生长习性、叶耳颜色、小穗密度、单株穗数、千粒重和结实率呈极显著负相关,与芒型、棱型、穗姿、抽穗期、株高、穗下节间长和每穗粒数呈极显著正相关。

表 3 裸大麦种质资源表型性状的主成分分析表

Table 3 Principle components analysis of morphological traits of naked barley germplasm resources

性状 Traits	主成分特征向量 Eigenvector of the principal component				
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
抽穗期 HD	0.723	0.267	-0.002	-0.305	0.268
株高 PH	0.712	0.547	0.179	-0.051	0.019
稜型 KR	0.677	-0.340	-0.015	0.367	0.162
千粒重 TKW	-0.618	0.192	-0.387	-0.106	-0.007
穗下节间长 ILBS	0.575	0.472	0.173	-0.255	-0.198
结实率 SR	-0.573	-0.235	0.476	-0.105	-0.172
叶耳颜色 AP	-0.485	-0.082	-0.140	-0.106	-0.018
生长习性 GH	-0.466	-0.244	-0.208	0.343	-0.278
穗长 SL	-0.405	0.751	0.076	0.244	-0.084
小穗密度 SD	0.245	-0.725	0.190	-0.313	-0.038
穗姿 SP	0.001	0.626	-0.082	0.441	-0.106
籽粒形状 KS	0.259	-0.543	-0.119	0.185	-0.081
单株产量 YPP	-0.382	0.186	0.662	0.275	0.230
单株穗数 SPP	-0.512	0.195	0.604	-0.202	0.239
每穗粒数 KPS	0.492	-0.173	0.436	0.626	0
叶片颜色 LC	-0.086	-0.147	0.373	-0.431	0.049
籽粒颜色 KC	-0.121	0.204	-0.46	-0.092	0.614
芒型 AT	0.284	0.339	-0.028	-0.319	-0.564
特征值 Eigenvalue	4.025	2.924	1.909	1.636	1.079
方差贡献率(%) Variance contribution	22.361	16.245	10.607	9.091	5.993
累计贡献率(%) Accumulative contribution	22.361	38.606	49.213	58.304	64.297

基于表型性状值和 F 值,采用逐步回归分析法构建最优回归方程为  $Y = -0.943 - 0.066X_1 + 0.057X_4 - 0.065X_6 - 0.050X_7 + 0.066X_9 + 0.005X_{10} + 0.004X_{12} + 0.004X_{15}$ , 式中  $X_1$ 、 $X_4$ 、 $X_6$ 、 $X_7$ 、 $X_9$ 、 $X_{10}$ 、 $X_{12}$  和  $X_{15}$  分别代表生长习性、稜型、叶耳颜色、小穗密度、穗姿、抽穗期、株高和每穗粒数。方程决定系数  $R^2$  为 0.981, 表明这 8 个自变量可决定 F 值总变异的 98.1%, F 值为 2494.645, 方差极显著。由回归方程可知, 生长习性、稜型、叶耳颜色、小穗密度、穗姿、抽穗期、株高和每穗粒数 8 个性状可作为评价参试裸大麦资源的重要指标。

## 2.5 裸大麦资源表型性状的聚类分析

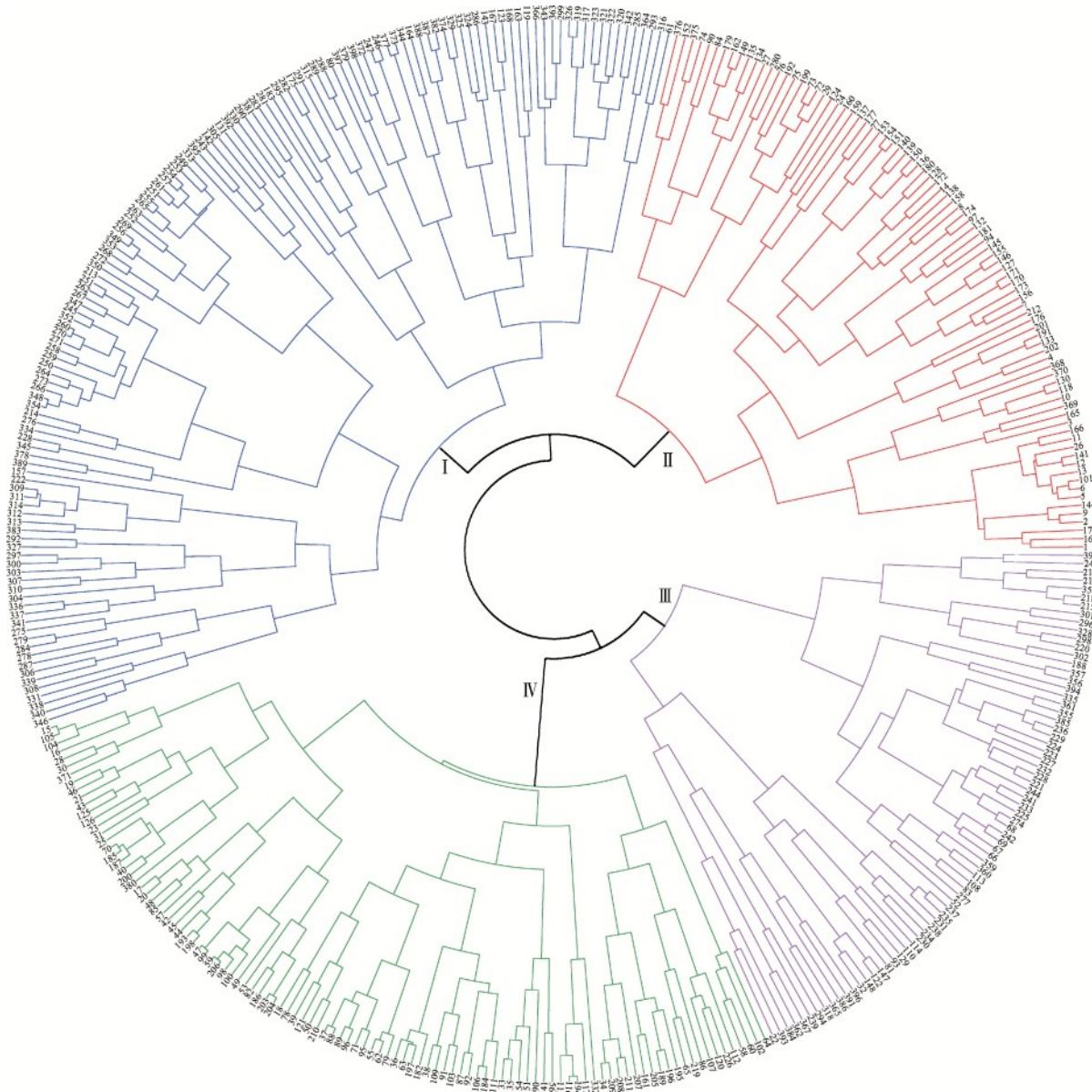
依据 18 个表型性状对参试裸大麦资源进行聚类分析, 398 份资源被分为 4 类。由图 2 和图 3 可知,

第 I 类包含 135 份资源, 该类群的主要特征为单株穗数高 (4.92)、穗长长 (6.25 cm)、千粒重高 (38.60 g)、结实率高 (79.43%) 和每穗粒数少 (33.77)。第 II 类包含 85 份资源, 该类群的主要特征为千粒重低 (27.03 g)、株高高 (116.80 cm)、穗长长 (6.48 cm) 和穗下节间长长 (37.79 cm)。第 III 类包含 73 份资源, 该类群的主要特征为抽穗期早 (144.45 d)、株高矮 (89.42 cm)、穗下节间长短 (29.40 cm)、每穗粒数多 (51.53)、单株产量高 (6.22 g) 和结实率高 (80.22%)。第 IV 类包含 105 份资源, 该类群的主要特征为抽穗期迟 (154.29 d)、单株穗数少 (3.62)、穗长短 (36.41 cm)、单株产量低 (4.49 g) 和结实率低 (72.73%)。江苏裸大麦资源在 4 个类群中均有分布, 且整体聚类结果与地域来源无明显相关性。

表4 18个表型性状与表型综合值(F值)间的相关系数

Table 4 Correlation coefficients between 16 phenotypic traits and comprehensive value(F-value)

性状 Traits	F值 F-value	性状 Traits	F值 F-value	性状 Traits	F值 F-value
生长习性GH	-0.51**	小穗密度SD	-0.18**	穗长SL	0.11*
叶片颜色LC	-0.13*	籽粒形状KS	-0.06	穗下节间长ILBS	0.66**
芒型AT	0.26**	穗姿SP	0.37**	每穗粒数KPS	0.55**
棱型KR	0.46**	抽穗期HD	0.67**	千粒重TKW	-0.52**
籽粒颜色KC	-0.07	单株穗数SPP	-0.17**	单株产量YPP	0.04
叶耳颜色AP	-0.49**	株高PH	0.88**	结实率SR	-0.49**

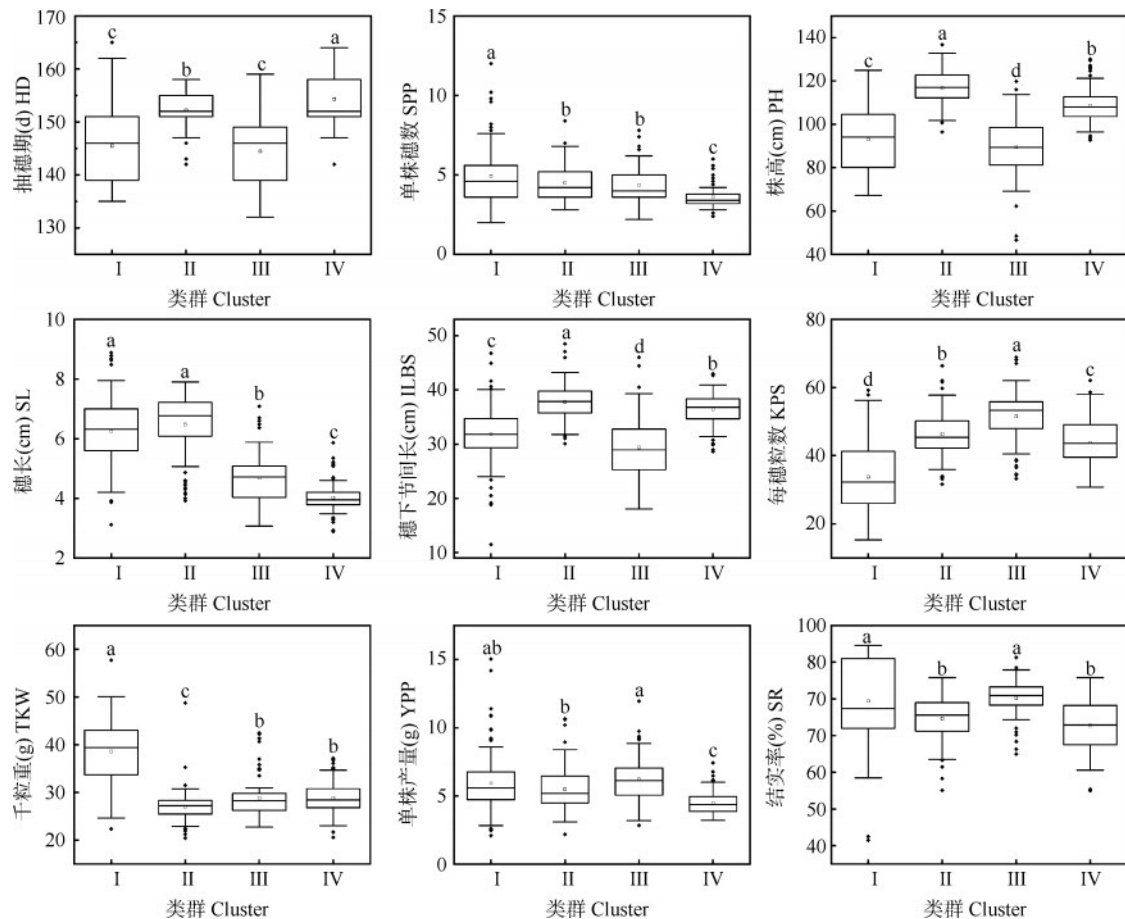


图中编号同附表1

The numbers are the same as those in table S1

图2 裸大麦资源聚类图

Fig. 2 Cluster dendrogram of naked barley



盒图两端表示性状的极值范围;不同字母则表示差异显著( $P < 0.05$ );□:平均值;中间直线:中位线;◆:个别极值

Both ends of boxplot indicate the extreme range of traits; different letters mean significant difference ( $P < 0.05$ ); □: The mean of the trait; The lines in the middle: The median line; ◆: Individual extremum

图3 4个类群裸大麦资源的9个数量性状的箱线图

Fig.3 The boxplot of 9 quantitative traits of naked barley resources in 4 groups

### 3 讨论

#### 3.1 裸大麦种质资源的表型多样性分析

表型性状受基因型和环境共同作用,表型多样性分析是研究作物遗传多样性的重要手段<sup>[15]</sup>。对裸大麦种质资源进行表型多样性分析,可以了解不同地域裸大麦种质资源不同表型性状间的遗传差异,有助于筛选出综合表型性状优异的种质,为提高裸大麦种质资源的利用效率和促进多用途裸大麦育种改良奠定基础。

作物表型性状的变异系数越大,其离散程度就越大<sup>[7]</sup>。吕伟等<sup>[16]</sup>认为,当某一性状变异系数大于10%时,表明样本间差异显著。本研究中表型性状的变异系数变化范围为4.71%~61.03%,平均为26.59%,其中籽粒颜色的变异系数最高,除了抽穗期的离散程度最低小于10%外,其余表型性状的变异系数均大于10%,说明参试裸大麦种质的大多数

数量性状变异丰富。多样性指数能较好地反映资源的遗传多样性,多样性指数越高,表明性状多样性程度越丰富<sup>[17]</sup>。参试资源的表型性状多样性指数范围为0.66~2.06,平均值为1.42,其中芒型的多样性指数最低,株高与每穗粒数的多样性指数最高,多样性指数与变异系数无明显相关性,这与吕伟等<sup>[18]</sup>的研究结果相同。

#### 3.2 裸大麦种质资源数量性状的相关性分析和聚类分析

数量性状间的相关性分析有利于评估次要性状对主要性状遗传增益的影响,为育种中多个性状的选择提供参考<sup>[7]</sup>。本研究对398份裸大麦资源的9个数量性状进行了相关分析,结果显示,千粒重与株高呈极显著负相关,与穗长呈极显著正相关,这与蔡羽等<sup>[6]</sup>和夏腾飞等<sup>[10]</sup>的研究结果相同。侯维海等<sup>[19]</sup>研究发现西藏高原地区青稞的千粒重随着纬度和经度升高而上升。白婷等<sup>[20]</sup>认为,二棱青稞的

千粒重与有效穗数、穗长等穗部性状相关性均不显著。本研究还发现单株产量与抽穗期呈极显著负相关,与单株穗数、穗长、每穗粒数、千粒重和结实率呈极显著正相关。在进行高产裸大麦育种时,应尽量选择抽穗早,穗数、穗粒数、千粒重和结实率相协调综合表现较好的资源作为杂交亲本。

聚类分析是研究作物种质资源的亲缘关系及起源的常用手段,可以直观体现种质个体间相关性的分类<sup>[21-22]</sup>。本研究通过系统聚类法将参试裸大麦资源分为4类,这与夏腾飞等<sup>[10]</sup>和徐肖等<sup>[11]</sup>的分类结果相同。类群I主要特征为单株穗数高、穗长长、千粒重高、结实率高和每穗粒数少,类群II主要特征为千粒重低、株高高、穗长长和穗下节间长长,类群III类主要特征为抽穗期早、株高矮、穗下节间长短、每穗粒数多、单株产量高和结实率高,类群IV的主要特征为抽穗期迟、单株穗数少、穗长短、单株产量低和结实率低。不同类群的表型总体特征均不相同,可优先选择第III类群的资源作为高产矮秆裸大麦育种的亲本材料。

### 3.3 裸大麦种质资源表型性状的主成分分析和综合评价

相关性研究发现大部分数量性状间均存在显著或极显著相关,因此需要采用主成分分析将多个变量降维为少数不相关的综合指标,以便更好地描述总变异构成特征<sup>[23]</sup>。本研究共筛选出5个主成分,其中第1主成分是抽穗期、株高、稜型和千粒重的综合反映,第2主成分为穗部因子,第3主成分为单株产量和单株穗数因子,第4主成分为每穗粒数因子,第5主成分主要是籽粒颜色和芒型的综合反映,表明抽穗期、株高、稜型、千粒重、单株产量等载荷值高的性状对裸大麦种质资源表型性状差异有较大的贡献。

前人在进行作物表型性状的综合评价时,常将主成分分析和隶属函数法相结合,以提高评价结果的准确性<sup>[24-26]</sup>。本研究先将表型性状的数值进行隶属函数化处理,再结合主成分分析结果计算综合得分F值。通过F值对参试裸大麦资源进行排序,分值最高代表种质材料综合表现越优异,F值最高的资源江苏元麦22号和最低的苏728均来自江苏,这表明江苏群体的裸大麦材料遗传变异丰富。采用逐步回归分析法可以筛选出评价裸大麦种质资源的最优指标,有效解决表型性状繁杂且彼此相关的问题<sup>[27]</sup>。本研究利用逐步回归分析法获得8个表型性状,分别是生长习性、稜型、叶耳颜色、小穗密度、

穗姿、抽穗期、株高和每穗粒数,其中生长习性、叶耳颜色、小穗密度与综合得分F值呈极显著负相关,稜型、穗姿、抽穗期、株高和每穗粒数与综合得分F值呈极显著正相关,表明苗期生长习性偏匍匐、小穗密度中等、中秆,抽穗期偏晚、多粒型的元麦品种在江苏综合表现较好,这8个表型性状可作为鉴定裸大麦种质资源表型性状的关键指标。

目前,多样性指数、相关性分析、主成分分析、聚类分析等方法已成为分析种质资源表型多样性的常用手段,被广泛运用于种质资源的鉴定和评价<sup>[7,10]</sup>。本研究发现裸大麦种质资源表型性状遗传多样性丰富,为后续裸大麦资源高效利用及育种过程中双亲的选择提供了参考。然而表型性状易受环境影响,后续应结合分子标记技术等手段,多途径对裸大麦种质资源进行鉴定,以提高鉴定结果的科学性和准确性。

### 参考文献

- [1] 拾方坚. 中国栽培裸大麦的品种特性及其应用价值. 麦类作物学报, 1992 (3): 41-43  
Shi F J. Variety characteristics and application value of cultivated naked barley in China. Journal of Triticeae Crops, 1992 (3): 41-43
- [2] 刘建. 关于加速推进江苏省沿江地区裸大麦生产发展的思考. 江苏农业科学, 2015, 43(3): 1-4  
Liu J. Thoughts on accelerating the development of naked barley production along Yangtze River in Jiangsu province. Jiangsu Agricultural Sciences, 2015, 43(3): 1-4
- [3] Tong L T, Zhong K, Liu L, Zhou X, Qiu J, Zhou S. Effects of dietary hull-less barley  $\beta$ -glucan on the cholesterol metabolism of hypercholesterolemic hamsters. Food Chem, 2015, 169: 344-349
- [4] Bozbulut R, Sanlier N. Promising effects of  $\beta$ -glucans on glycaemic control in diabetes. Trends in Food Science & Technology, 2019, 83(1): 159-166
- [5] 王晓鸣, 邱丽娟, 景蕊莲, 任贵兴, 李英慧, 李春辉, 秦培友, 谷勇哲, 李龙. 作物种质资源表型性状鉴定评价: 现状与趋势. 植物遗传资源学报, 2022, 23(1): 12-20  
Wang X M, Qiu L Q, Jing R L, Ren G X, Li Y H, Li C H, Qing P Y, Gu Y Z, Li L. Evaluation on phenotypic traits of crop germplasm: Status and development. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(1): 12-20
- [6] 蔡羽, 杨平, 冯宗云. 大麦表型多样性分析及优异饲草种质资源筛选. 植物遗传资源学报, 2019, 20(4): 920-931  
Cai Y, Yang P, Feng Z Y. Characterization of phenotypic variation in cultivated barley provided elite genetic germplasm with potential breeding for silage barley. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(4): 920-931
- [7] 周瑜, 李泽碧, 黄娟, 吴毓, 张亚勤, 张志良, 张晓春. 高粱



- 种质资源表型性状的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2021, 22(3): 654-664
- Zhou Y, Li Z B, Huang J, Wu Y, Zhang Y Q, Zhang Z L, Zhang X C. Genetic diversity of sorghum germplasms based on phenotypic traits. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(3): 654-664
- [8] 丁银灯, 胡相伟, 聂石辉, 王仙, 冯国郡, 耿洪伟, 郭丁. 谷子种质资源表型及 SSR 遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19(6): 1210-1221
- Ding Y D, Hu X W, Nie S H, Wang X, Feng G J, Ge H W, Guo D. Analysis of phenotypic traits and SSR genetic diversity of Foxtail Millet germplasms. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(6): 1210-1221
- [9] 赵盟, 王春超, 张仁旭, 窦婷语, 裴红红, 郭爱奎, 李姗姗, 吴斌, 刘敏轩, 高佳, 张京, 邢国芳, 王化俊, 孟亚雄, 郭刚刚. 中国大麦育成品种产量相关性状鉴定评价. 植物遗传资源学报, 2022, 23(5): 1371-1382
- Zhao M, Wang C C, Zhang R X, Dou T Y, Pei H H, Guo A K, Li S S, Wu B, Liu M X, Gao J, Zhang J, Xing G F, Wang H J, Meng Y X, Guo G G. Evaluation of the yield-related traits of Chinese barley cultivars. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2022, 23(5): 1371-1382
- [10] 夏腾飞, 王蕾, 徐金青, 王寒冬, 张怀刚, 刘登才, 沈裕虎, 昌西. 267 份青藏高原青稞种质材料的表型多样性分析. 西北农业学报, 2018, 27(2): 182-193
- Xia T F, Wang L, Xu J Q, Wang H D, Zhang H G, Liu D C, Shen Y H, Chang X. The genotypic diversity analysis of 267 six-rowed hullless barley accessions from the Qinghai-Tibetan plateau. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2018, 27(2): 182-193
- [11] 徐肖, 栾海业, 张英虎, 卢健, 乔海龙, 臧慧, 杨红燕, 沈会权. 青藏高原裸大麦种质资源形态多样性分析. 浙江农业学报, 2019, 31(7): 1037-1044
- Xu X, Luan H Y, Zhang Y H, Lu J, Qiao H L, Zang H, Yang H Y, Shen H Q. Morphological diversity of hullless barley accessions from Qinghai-Tibetan Plateau. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2019, 31(7): 1037-1044
- [12] 白羿雄, 郑雪晴, 姚有华, 姚晓华, 吴昆仑. 青稞种质资源表型性状的遗传多样性分析及综合评价. 中国农业科学, 2019, 52(23): 4201-4214
- Bai Y X, Zheng X Q, Yao Y H, Yao X H, Wu K L. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of phenotypic traits in hullless barley germplasm resources. *Scientia Agricultural Sinica*, 2019, 52(23): 4201-4214
- [13] 卓嘎, 伦珠朗杰, 张旭辉, 旺姆, 扎桑, 普布卓玛, 高利云, 达瓦顿珠, 汪好. 西藏青稞地方品种主要农艺性状的遗传多样性. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2023, 51(6): 1-11
- Zhuo G, Lun Z L J, Zhang X H, Wang M, Zha S, Pu B Z M, Gao L Y, Da W D Z, Wang Y. Genetic diversity of main agronomic traits of barley landraces from Tibetan. *Journal of Northwest A&F University: Natural Science Edition*, 2023, 51(6): 1-11
- [14] 张京, 刘旭. 大麦种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006
- Zhang J, Liu X. Descriptors and data standard for barley (*Hordeum vulgare* L.). Beijing: China Agricultural Publishers, 2006
- [15] 董昕, 李淑君, 杨华, 官玲, 付忠军, 祁志云, 金川, 余雪源, 易红华, 陈荣丽, 张丕辉. 重庆玉米地方品种表型多样性分析. 植物遗传资源学报, 2019, 20(4): 861-870
- Dong X, Li S J, Yang H, Guan L, Fu Z J, Qi Z Y, Jin C, Yu X Y, Yi H H, Chen R L, Zhang P H. Phenotypic diversity of maize landraces collected from Chongqing. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2019, 20(4): 861-870
- [16] 吕伟, 任果香, 韩俊梅, 文飞, 王若鹏, 刘文萍. 干旱胁迫对芝麻幼苗生理生化指标的影响. 作物杂志, 2021(5): 172-175
- Ly W, Ren G X, Han J M, Wen F, Wang R P, Liu W P. Effects of drought stress on physiological and biochemical indexes of sesame seedlings. *Crops*, 2021(5): 172-175
- [17] 冯章丽, 于文全, 顾广军, 刘畅, 卜海东, 程显敏, 刘延杰, 董雪梅, 邢星. 东北部分地区山荆子种质资源表型多样性及聚类分析. 植物遗传资源学报, 2016, 17(6): 984-992
- Feng Z L, Yu W Q, Gu G J, Liu C, Bu H D, Cheng X M, Liu Y J, Dong X M, Xing X. Phenotypic diversity and clustering analysis of *Malus baccata* (L.) Borkh. in some areas of Northeast China. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(6): 984-992
- [18] 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. 植物遗传资源学报, 2020, 21(1): 234-242
- Ly W, Han J M, Wen F, Ren G X, Wang R P, Liu W P. Phenotypic diversity analysis of sesame germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(1): 234-242
- [19] 侯维海, 王建林, 旦巴, 胡单. 不同生态因子条件下西藏青稞种子表型性状的相关分析. 核农学报, 2017, 31(10): 2063-2071
- Hou W H, Wang J L, Ba D, Hu D. Phenotypic correlation analysis of hullless barley kernel traits from Tibet plateau region under the condition of different ecological environment. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2017, 31(10): 2063-2071
- [20] 白婷, 周珠扬, 靳玉龙, 朱明霞, 强小林. 二棱青稞品系群体动态及农艺性状分析. 河南农业科学, 2019, 48(2): 35-39
- Bai T, Zhou Z Y, Jin Y L, Zhu M X, Qiang X L. Analysis of agronomic traits and population dynamics of two-rowed highland barley lines. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2019, 48(2): 35-39
- [21] 李晓曼, 段蒙蒙, 王鹏, 汪精磊, 张晓辉, 邱杨, 王海平, 宋江萍, 李锡香. 栽培萝卜植株地上部表型多样性分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19(4): 668-675
- Li X M, Duan M M, Wang P, Wang J L, Zhang X H, Qiu Y, Wang H P, Song J P, Li X X. Phenotypic diversity analysis of

- cultivated radish (*Raphanus sativus* L.). *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(4): 668-675
- [22] 李颖, 张树航, 郭燕, 张馨方, 王广鹏. 211份板栗种质资源花序表型多样性和聚类分析. *中国农业科学*, 2020, 53(22): 4667-4682
- Li Y, Zhang S H, Guo Y, Zhang X F, Wang G P. Catkin phenotypic diversity and cluster analysis of 211 Chinese chestnut germplasms. *Scientia Agricultural Sinica*, 2020, 53(22): 4667-4682
- [23] 韩海波, 师文贵, 王晓娜, 李志勇, 李鸿雁, 李兴酉, 刘磊. 内蒙古扁蓊豆野生资源形态特征研究. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(5): 721-726
- Han H B, Shi W G, Wang X N, Li Z Y, Li H Y, Li X Y, Liu L. Morphological properties of wild resources in *Medicago ruthenica* in Inner Mongolia. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2011, 12(5): 721-726
- [24] 王海岗, 贾冠清, 智慧, 温琪汾, 董俊丽, 陈凌, 王君杰, 曹晓宁, 刘思辰, 王纶, 乔治军, 刁现民. 谷子核心种质表型遗传多样性分析及综合评价. *作物学报*, 2016, 42(1): 19-30
- Wang H G, Jia G Q, Zhi H, Wen Q F, Dong J L, Chen L, Wang J J, Cao X N, Liu S C, Wang L, Qiao Z J, Diao X M. Phenotypic diversity evaluations of Foxtail Millet core collections. *Acta Agronomica Sinica*, 2016, 42(1): 19-30
- [25] 代攀虹, 孙君灵, 何守朴, 王立如, 贾银华, 潘兆娥, 庞保印, 杜雄明, 王谧. 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 analysis of phenotypic traits of core collection in upland cotton. *Scientia Agricultural Sinica*, 2016, 49(19): 3694-3708
- [26] 胡标林, 万勇, 李霞, 雷建国, 罗向东, 严文贵, 谢建坤. 水稻核心种质表型性状遗传多样性分析及综合评价. *作物学报*, 2012, 38(5): 829-839
- Hu B L, Wan Y, Li X, Lei J G, Luo X D, Yan W G, Xie J K. Analysis on genetic diversity of phenotypic traits in rice (*Oryza sativa*) core collection and its comprehensive assessment. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38(5): 829-839
- [27] 孙东雷, 卞能飞, 陈志德, 邢兴华, 徐泽俊, 齐玉军, 王幸, 王晓军, 王伟. 花生种质资源表型性状的综合评价及指标筛选. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(5): 865-874
- Sun D L, Bian N F, Chen Z D, Xing X H, Xu Z J, Qi Y J, Wang X, Wang X J, Wang W. Comprehensive evaluation and index screening of phenotypic traits in peanut germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(5): 865-874