

# 西藏部分青稞农艺性状表型变异分析与评价

董鑫,戴雨洋,强求旺姆,李梦寒

(西藏农牧学院植物科学学院高原作物分子育种实验室,西藏林芝 860000)

**摘要:**为筛选出优异青稞种质,为青稞种质创新与新品种选育提供重要依据,采用变异系数、相关性、主成分及聚类分析方法,对西藏39份青稞种质资源进行遗传多样性分析和多维度系统评估。通过构建综合指标评价体系,实现了对样本遗传特征的定量化解析与分类研究。结果表明:39份青稞种质农艺性状变异系数范围为11.70%~68.80%,12个农艺性状间存在着不同的相关性,其中适当改良穗粒数、穗长、每穗小穗数等农艺性状可以相应提高青稞产量;主成分分析结果表明:青稞种质资源表型性状累计贡献率达到86.995%时,共提取出7个主成分;利用标准化后主成分特征值计算各主成分综合得分 $F$ 值,获得排名前3的综合性状优异的青稞种质资源;39份青稞种质分为三大类群,第I类群—第III类群包括材料数分别为37、1、1份。对青稞种质材料进行多维度表型分析,结果显示供试材料在不同农艺性状指标间存在显著遗传变异。采用多元统计方法对青稞种质资源进行系统评估具有科学合理性。通过建立基于标准化主成分权重的综合评价模型,可实现对种质材料表型特征的定量化解析,为遗传改良提供可靠依据。进一步筛选出了Q9、Q3、Q34等性状优良的种质,可为青稞育种改良和市场推广提供选择;穗粒数、穗长、每穗小穗数可作为青稞种质评价的性状指标,用于西藏青稞农艺性状的遗传改良及种质资源的创新利用。

**关键词:**青稞;种质资源;农艺性状;相关性分析;聚类分析

中图分类号:S512.3

文献标识码:A

## Phenotypic Variation Analysis and Evaluation of Agronomic Traits of Several Highland Barley in Xizang

DONG Xin, DAI Yuyang, Qiangqiuwangmu, LI Menghan

(Laboratory of Molecular Breeding of Plateau Crops, College of Plant Science, Xizang Agricultural and Animal Husbandry University, Nyingchi Xizang 860000, China)

**Abstract:** To analyze the genetic diversity of Highland barley germplasm resources in Xizang, screen out excellent barley germplasm, and provide an important basis for barley germplasm innovation and new variety breeding. This study used variation coefficient, correlation, principal component and cluster analysis methods to systematically evaluate 39 barley germplasm resources in Tibet in multiple dimensions. By constructing a comprehensive index evaluation system, the quantitative analysis and classification of the genetic characteristics of the samples were realized. The variation coefficient of 39 barley germplasm agronomic traits ranged from 11.70% to 68.80%, and there were different correlations among 12 agronomic traits. Among them, the appropriate improvement of agronomic traits such as grains number per spike, spike length, and the spikelets number per spike could be increase yield of barley accordingly. The results of principal component analysis showed that the cumulative contribution rate of the phenotypic traits of barley germplasm reached 86.995%, and a total of 7 principal components were extracted. The comprehensive score  $F$  value of each principal component was calculated by using the standardized principal component eigenvalues to obtain the top 3 barley germplasm resources with excellent comprehensive traits. Thirty-nine samples of barley germplasm were divided into three major groups, the number of materials, included Group I, II and III, were 37, 1, 1, respectively. In this study, a multidimensional phenotypic analysis of barley germplasm materials was carried out, and the results showed that there was significant genetic variation among different agronomic traits indicators of the test materials. It is scientifically reasonable to conduct the systematic evaluation of bar-

收稿日期:2025-05-02

基金项目:西藏农牧学院研究生创新计划资助项目——基于BSA-seq和RNA-seq的西藏玉米地方品种返祖性候选基因鉴定(YJS2025-05)。

作者简介:董鑫(1999—),女,硕士研究生,主要从事作物遗传育种研究,E-mail:3146191443@qq.com。

通信作者:李梦寒(1984—),女,硕士,副教授,主要从事高原作物栽培和选育研究,E-mail:limenghan009@163.com。

ley germplasm resources by using multivariate statistical methods. By establishing a comprehensive evaluation model based on standardized principal component weights, a quantitative analysis of the phenotypic characteristics of the germplasm materials can be realized for providing a reliable basis for genetic improvement. The germplasm with excellent traits such as Q9, Q3 and Q34 were further screened out, which can provide choices for barley breeding improvement and market promotion. The grains number per spike, spike length, and spikelets number per spike can be used as trait indexes for the evaluation of highland barley germplasm, which can be used for the genetic improvement of agronomic traits of barley and the innovative utilization of germplasm resources in Xizang.

**Key words:** barley; germplasm resources; agronomic traits; correlation analysis; cluster analysis

大麦(*Hordeum vulgare* L.)作为禾本科重要经济作物,其分类依据籽粒发育程度划分为皮大麦与裸大麦两种形态类型。该物种凭借广域生态适应性、逆境抗性突出、生育周期短、栽培成本低及多元化利用价值等农艺性状优势,成为全球性栽培作物。我国大麦种植区集中分布于长江、黄河两大流域及青藏高原区域<sup>[1-3]</sup>。值得注意的是,青藏高原特殊地理环境下,裸大麦被当地称为青稞(*Hordeum vulgare* var. *Nudum* Hook.f),属于禾本科大麦属作物,是青藏高原最具高原特色和民族特色的农作物,是构成该地区农业生态系统的核心粮食资源。青稞在长期高原适应性进化中,形成短生育期、强耐寒性、高效抗旱机制及低温资源利用能力等独特生理特性,其综合抗逆指标显著优于其他禾谷类作物<sup>[4-5]</sup>。统计数据显示,青藏高原作为我国青稞主产区和适应区,其生产规模占据全国该作物栽培总面积的98.5%以上<sup>[6]</sup>。

农艺性状能够直观地观察到作物生长发育过程中的形态特征,其研究在小麦种质资源和改良的考察、分类与科学的评价方面仍具有重要作用和意义<sup>[7]</sup>。夏腾飞等<sup>[8]</sup>对267份青藏高原青稞种质资源开展表型性状遗传多样性研究,结果表明:10项质量性状的多样性指数变异范围为0.03~1.41(均值0.54),其中籽粒色泽和穗部紧密度表现出较高遗传异质性;9个数量性状的变异程度介于2.84%~42.22%,性状间存在显著遗传关联( $p < 0.05$ ),基于系统聚类分析将供试材料划分为4个遗传类群。卢晶等<sup>[9]</sup>对在甘孜州收集的58份青稞种质资源的16个农艺性状进行综合分析和评价,表明穗长、穗宽、单株穗数、千粒重和节间数在育种工作中可作为评价青稞种质资源遗传多样性的重要指标;穗下节间长、单株穗数、旗叶长、株高为主要指标。并筛选出了6个主成分,还通过隶属函数值计算综合得分值( $F$ 值),初步筛选出3个优异青稞种质:

CDU22、CDU19T、CDU57S。

现有文献表明,青稞种质资源的系统研究已涵盖多维度分析体系。目前,许多国内外学者主要采用植物形态学观察、生态适应性评估、细胞遗传学检测及分子生物学技术等综合方法开展相关研究<sup>[2,10-12]</sup>。尽管现代分子标记技术已在物种鉴定与分类研究中实现普遍应用,但传统形态学表征仍构成种质资源研究的核心方法学基础。表型性状的精准测定与科学描述,特别是种间及种内分类体系的建立,始终依赖于形态学参数的系统分析,这类数据在植物分类学研究中具有不可替代的实证价值<sup>[13]</sup>。

本研究以西藏39份青稞种质材料为基础样本,通过田间试验开展系统观测,定量解析12个关键农艺性状的表型变异特征。基于表型变异系数评估遗传多样性水平,运用主成分分析建立综合评价模型,结合聚类算法构建多维度遗传谱系,优化种质资源库遗传结构。研究重点在于揭示高原生态区青稞遗传分化规律,挖掘潜在优异基因型,为种质创新及分子育种提供理论支撑。通过建立表型—遗传多维评价体系,突破传统资源筛选模式,实现种质分类系统化与遗传信息图谱化,旨在为建立高原大麦分子设计育种技术平台奠定数据基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料与设计

2023年10月21日,将39份青稞品种于西藏农牧学院植物科学学院实习基地进行冬播。土壤为砂壤土,肥力水平中等,具有灌溉条件,冬青稞为冬播试验地前茬作物。供试青稞材料如表1所示。

设置0.25 m行距进行分行条播种植,随机区组排列设置3个重复,每个重复3个小区,小区面积8.4 m<sup>2</sup>;播种密度均为225 kg/hm<sup>2</sup>;肥料用量:播种前施入尿素90 kg/hm<sup>2</sup>、磷酸二铵

225 kg/hm<sup>2</sup>、有机肥 9 975 kg/hm<sup>2</sup>作基肥;待青稞拔节期和孕穗期时分别施入尿素 30 kg/hm<sup>2</sup>作追肥。播后覆土镇压,试验地周边设保护行,期间进行施肥、浇水、除草等田间管理。采用系统抽样法,在作物成熟期选择苗期生长均质的地块,设置标准化观测样区(1 m<sup>2</sup>),作为全生育期动态监测的基准单元。样区配置遵循生物统计规范,确保表型数据采集的空间代表性和时序可比性。

表 1 39 份青稞品种编号及信息

编号	品种名称	编号	品种名称	编号	品种名称
1	L2Q9	14	Q46	27	Q67
2	L2Q4	15	Q20	28	Q76
3	Q45	16	Q53	29	Q66
4	L2Q3	17	Q9	30	Q34
5	Q35	18	Q13	31	Q23
6	L2Q22	19	Q98	32	Q44
7	Q47	20	Q96	33	Q7
8	LZQ12	21	Q85	34	Q3
9	Q06Ⅲ	22	T15	35	Q11
10	LZQ1	23	Q105	36	Q23
11	Q110	24	Q41	37	Q80
12	Q68	25	L2Q8	38	Q75
13	LZQ5	26	L2Q2	39	QIV

## 1.2 测定项目与方法

依据《大麦种质资源描述规范》<sup>[14]</sup>的标准化要求,于大麦生理成熟阶段开展表型特征参数的规范化测定。采用系统抽样法选定生长均势的 5 株成熟植株样本,经籽粒脱水处理后进行实验室性状分析。具体测定参数包括:植株垂直生长量、分蘖总量、穗部形态长度、单穗粒重、小穗结构密度、籽粒千粒重及单位面积产量等核心农艺性状。所有测定流程严格遵循国际植物表型组学研究规范,确保数据采集的准确性和可重复性。

表 2 青稞种质资源农艺性状的变异分析

性状	变化范围	均值	极差	标准差	方差	变异系数/%
分蘖数/个	1.20~4.60	2.31	3.40	0.70	0.50	30.46
株高/cm	68.14~113.34	93.53	45.20	10.95	119.85	11.70
穗长/cm	3.72~15.24	6.13	11.52	1.86	3.47	30.38
穗粒数/粒	11.20~59.80	38.38	48.60	9.58	91.85	24.97
穗下茎长/cm	22.14~42.84	33.18	20.70	5.21	27.19	15.72
第一节间/cm	1.82~6.06	3.22	4.24	1.05	1.11	32.71
第二节间/cm	5.20~14.18	8.49	8.98	2.13	4.52	25.03
茎粗/mm	2.82~13.60	4.21	10.78	1.62	2.64	38.60
每穗小穗数/个	31.00~67.20	49.83	36.20	8.55	73.15	17.17
千粒重/g	29.00~74.37	41.04	45.37	9.85	97.04	24.01
单穗粒重/g	0.66~8.14	1.65	7.48	1.13	1.29	68.80
产量/kg·hm <sup>-2</sup>	142.50~3 834.00	1 712.76	3 691.50	1 150.77	1 324 272.37	67.19

## 1.3 数据处理与分析

采用 WPS Office 软件对表型性状的试验数据进行处理和归纳,计算各农艺性状的最大值、最小值、变异系数。利用 IBM SPSS Statistics 27 对青稞表型性状进行相关分析、聚类分析;再利用 Origin 2024 软件对青稞品种进行主成分分析并绘图。

相关指标计算公式如下:

$$\text{变异系数}(CV) = \frac{\text{标准差}(SD)}{\text{平均值}(\text{Mean})} \times 100\% \quad (1)$$

$$\text{权重}(W): W_j = R_j / \sum R_j (j = 1, 2, 3, \dots, n) \quad (2)$$

式中, $W_j$  为权重; $R_j$  为贡献率。

## 2 结果与分析

### 2.1 青稞农艺性状的变异分析

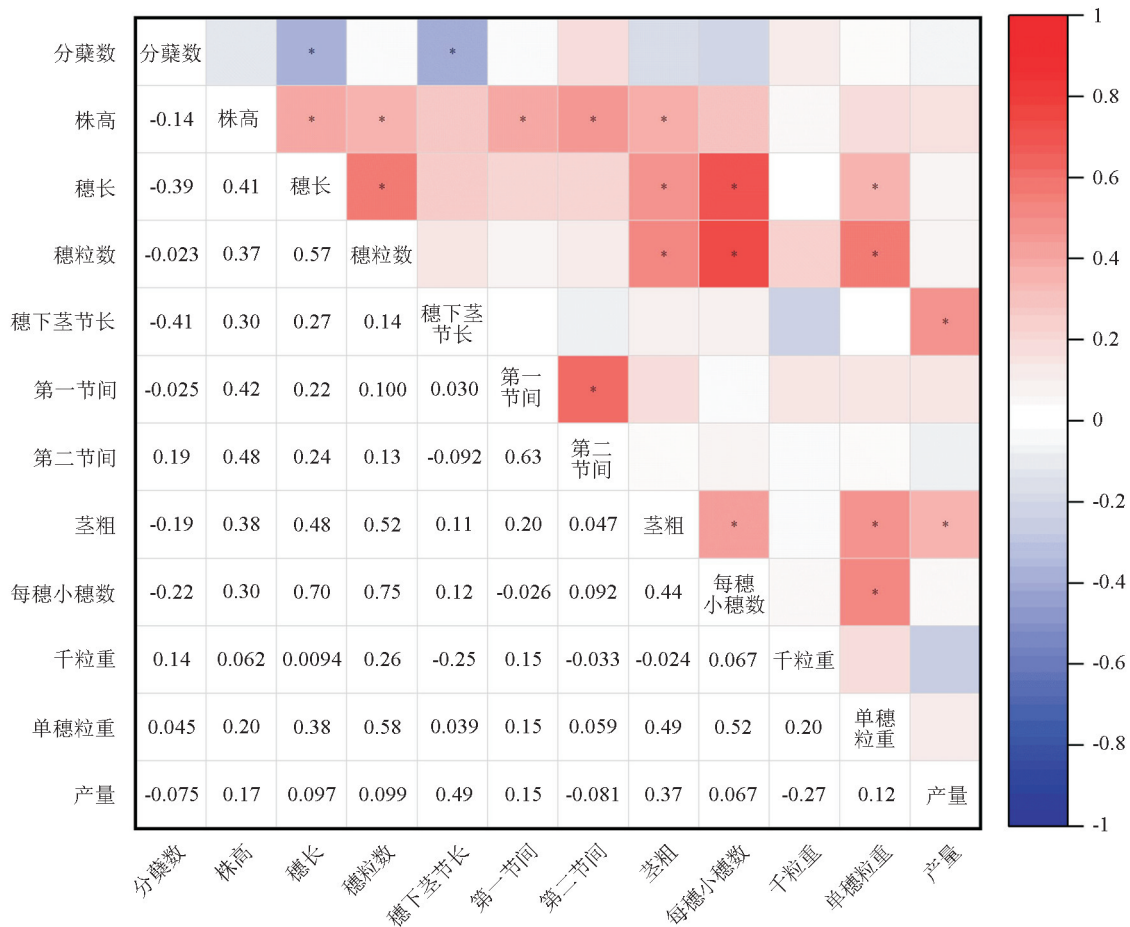
由表 2 分析可知,39 份西藏青稞种质资源的 12 个农艺性状的变异系数范围在 11.70%~68.80%。变异系数由大到小排序为:单穗粒重(68.80%)>产量(67.19%)>茎粗(38.60%)>第一节间(32.71%)>分蘖数(30.46%)>穗长(30.38%)>第二节间(25.03%)>穗粒数(24.97%)>千粒重(24.01%)>每穗小穗数(17.17%)>穗下茎长(15.72%)>株高(11.70%)。其中,变异系数最大为单穗粒重的 68.80%,最小为株高的 11.70%,而且每一个性状的变异系数都大于 10%。结果表明,39 份青稞种质资源表型有着丰富的遗传多样性,表型性状的差异主要是由单穗粒重、产量、茎粗、第一节间和分蘖数等因素决定,这些性状的研究与改良有利于优良种质资源的筛选和培育。

### 2.2 青稞农艺性状的相关性分析

对 39 份青稞种质资源的表型性状进行关联性分析,结果显示:穗粒数和每穗小穗数的相关系数最大(0.739),分蘖数和穗下茎节长的相关系数最小(-0.395)。株高与穗长、穗下茎节长、第一节间、第二节间、每穗小穗数呈显著正相关( $p < 0.05$ ,下同);穗长与穗粒数、每穗小穗数呈显著正相关;穗粒数与每穗小穗数、千粒重呈显著正相关;穗下茎节长与千粒重呈显著负相关,与产量呈显著正相关;第一节间只与第二节间呈

显著正相关。值得注意的是,前三位关键关联组合分别为穗粒数—每穗小穗数( $r = 0.739$ )、穗长—每穗小穗数( $r = 0.568$ )、穗长—穗粒数( $r = 0.520$ ),这些互作联系对青稞产量形成具有核心调控作用(图 1)。

本研究结果表明,供试青稞材料的核心表型特征间存在显著互作效应,协同优化穗粒结构参数(单穗粒数、小穗密度及穗轴长度)可有效提升籽粒产量,为分子设计育种策略的制定提供科学依据。



注: \* 表示显著( $p < 0.05$ )。

图 1 青稞品种农艺性状相关性分析

### 2.3 青稞间农艺性状的主成分分析

供试材料各个表型性状指标间会存在着不同程度的相关性,且之间的信息存在相互交叉,会产生信息重叠。而解决这种现象的有效途径是通过主成分分析和因子分析,它们是通过减少变量个数但是又能再现变量间的内在联系的几个因子高度概括大量数据中的信息<sup>[15]</sup>。对 39 份青稞资源的农艺性状进行 KMO 检验和巴特利特球形检验,由表 3 可以看出,KMO 取样适切性量数为 0.525,而巴特利特球形度检验结果  $p <$

0.001,为极显著,分析结果说明 39 份青稞资源的 12 个农艺性状符合主成分分析条件。

表 3 KMO 和巴特利特检验

KMO 取样适切性量数	巴特利特球形度检验		
	近似卡方	自由度	显著性
0.525	142.157	66	0

对 39 份青稞品种的 12 个表型性状进行降维与标准化处理,并运用主成分分析方法经多元统计分析,最终提取出 7 个具有显著解释力的主成分,有效揭示了目标性状的遗传变异特征。如表 4

所示,前7个主成份的贡献率分别为24.519%、16.759%、15.248%、9.082%、8.109%、7.296%、5.981%,累计贡献率达到86.995%,即这7个主成分包含了原始数据信息总量的86.995%。

表4 7个主成分的特征值、贡献率及权重

第n主成分	特征值	贡献率/%	累计贡献率/%	权重
I	2.942	24.519	24.519	0.282
II	2.011	16.759	41.279	0.193
III	1.830	15.248	56.526	0.175
IV	1.090	9.082	65.608	0.104
V	0.973	8.109	73.717	0.093
VI	0.876	7.296	81.013	0.084
VII	0.718	5.981	86.995	0.069

本研究中,各因子与主成分之间的相关性可以通过7个主成分分子与青稞品种表型性状的因子负荷量分析反映出。如表4、表5所示,第

I—第VII主成分的贡献率由大到小依次为24.519% > 16.759% > 15.248% > 9.082% > 8.109% > 7.296% > 5.981%。其中,第I主成分的特征值为2.942,载荷值中对应较大的是每穗小穗数、穗粒数、穗长、株高,主要反映了青稞的产量构成指标;第II主成分特征值为2.011,载荷值中对应较大的为第二节间、第一节间、株高,主要反映了青稞的节间特征;第III主成分特征值为1.830,载荷值中对应较大为穗下茎节长、产量,主要反映了青稞的穗部特征与产量的关系;第IV主成分特征值为1.090,载荷值中对应中较大为分蘖数,主要反映青稞的产量潜力和品种特征;第V主成分特征值为0.973,载荷值中对应较大为茎粗;第VI主成分特征值为0.876,载荷值中对应较大的为单穗粒重,主要反映青稞的产量特征;第VII主成分特征值为0.718,载荷值中对应较大的为千粒重,主要也反映了青稞的产量指标。

表5 各因子的载荷系数矩阵

指标	载荷值						
	第I主成分	第II主成分	第III主成分	第IV主成分	第V主成分	第VI主成分	第VII主成分
分蘖数	-0.088	0.094	-0.091	0.919	-0.114	0.091	0.011
株高	0.294	0.754	0.252	-0.280	0.016	-0.145	0.038
穗长	0.727	0.135	-0.106	-0.387	-0.039	0.183	0.006
穗粒数	0.872	0.047	0.129	0.122	0.120	0.040	0.245
穗下茎节长	0.098	0.078	0.736	-0.440	-0.069	0.004	-0.190
第一节间	-0.098	0.743	0.123	0.115	0.356	0.231	0.276
第二节间	0.119	0.861	-0.193	0.219	-0.093	0.073	-0.225
茎粗	0.146	0.073	0.054	-0.107	0.950	0.005	-0.094
每穗小穗数	0.902	0.09	0.073	-0.061	0.087	-0.083	0.035
千粒重	0.255	-0.009	-0.285	0.026	-0.110	-0.005	0.890
单穗粒重	0.052	0.064	0.034	0.069	0.014	0.972	-0.002
产量	0.039	0.013	0.910	0.089	0.115	0.035	-0.111

基于主成分特征值对原始数据进行标准化处理后,采用式(3)~(10)所示的算法计算各成分得分。将方差贡献率作为权重系数,最终建立如式(11)所示的多指标综合评估体系。

$$Y_1 = -0.088X_1 + 0.294X_2 + 0.727X_3 + 0.872X_4 + 0.098X_5 - 0.098X_6 + 0.119X_7 + 0.146X_8 + 0.902X_9 + 0.255X_{10} + 0.052X_{11} + 0.039X_{12} \quad (3)$$

$$Y_2 = 0.094X_1 + 0.754X_2 + 0.135X_3 + 0.047X_4 + 0.078X_5 + 0.743X_6 + 0.861X_7 + 0.073X_8 + 0.090X_9 - 0.009X_{10} + 0.064X_{11} + 0.013X_{12} \quad (4)$$

$$Y_3 = -0.091X_1 + 0.252X_2 - 0.106X_3 + 0.129X_4 + 0.736X_5 + 0.123X_6 - 0.193X_7 +$$

$$0.054X_8 + 0.073X_9 - 0.285X_{10} + 0.034X_{11} + 0.910X_{12} \quad (5)$$

$$Y_4 = 0.919X_1 - 0.280X_2 - 0.387X_3 + 0.122X_4 - 0.440X_5 + 0.115X_6 + 0.219X_7 - 0.107X_8 - 0.061X_9 + 0.026X_{10} + 0.069X_{11} + 0.089X_{12} \quad (6)$$

$$Y_5 = -0.114X_1 + 0.016X_2 - 0.039X_3 + 0.120X_4 - 0.069X_5 + 0.356X_6 - 0.093X_7 + 0.950X_8 + 0.087X_9 - 0.110X_{10} + 0.014X_{11} + 0.115X_{12} \quad (7)$$

$$Y_6 = 0.091X_1 - 0.145X_2 + 0.183X_3 + 0.040X_4 + 0.004X_5 + 0.231X_6 + 0.073X_7 + 0.005X_8 - 0.083X_9 - 0.005X_{10} + 0.972X_{11} + 0.035X_{12} \quad (8)$$

$$Y_7 = 0.011X_1 + 0.038X_2 + 0.006X_3 + 0.245X_4 - 0.190X_5 + 0.276X_6 - 0.225X_7 - 0.094X_8 + 0.035X_9 + 0.890X_{10} - 0.002X_{11} - 0.111X_{12} \quad (9)$$

$$Y_{\text{综合}} = 24.519Y_1 + 16.759Y_2 + 15.248Y_3 + 9.082Y_4 + 8.109Y_5 + 7.296Y_6 + 5.981Y_7 \quad (10)$$

$$F = (24.519\%/86.995\%)Y_1 + (16.759\%/86.995\%)Y_2 + (15.248\%/86.995\%)Y_3 + (9.082\%/86.995\%)Y_4 + (8.109\%/86.995\%)Y_5 + (7.296\%/$$

$$86.995\%)Y_6 + (5.981\%/86.995\%)Y_7 \quad (11)$$

主成分得分值越大,表明处理在这主成分上的作用就越强,越小则作用越弱。结果如表6所示,Q9青稞品种综合得分最高,分值为0.765,Q68青稞品种得分最低,分值为0.210。总体来说,39份青稞综合得分值由大到小排前三名的品种依次为:Q9、Q3、Q34,表明这3个品种的综合性状较佳。

表6 39份青稞种质的主成分综合得分

品种名称	Y1	Y2	Y3	Y4	Y5	Y6	Y7	F	综合排名
Q9	2.413	1.900	1.754	0.360	0.362	0.183	0.067	0.765	1
Q3	2.316	2.133	0.982	0.528	0.432	0.445	0.366	0.741	2
Q34	1.207	1.635	1.627	0.156	0.579	0.306	0.525	0.732	3
Q98	1.509	1.994	1.266	0.247	0.441	0.249	0.300	0.714	4
Q96	1.648	1.674	1.243	0.115	1.270	0.282	0.104	0.702	5
Q23	1.441	2.388	0.283	0.846	0.334	0.321	0.657	0.701	6
QIV	1.237	1.919	1.441	0.404	0.254	0.193	-0.130	0.695	7
Q13	1.976	1.690	1.580	0.032	0.558	0.256	0.076	0.684	8
Q66	0.863	1.538	1.001	0.721	0.263	1.198	0.117	0.680	9
Q53	1.301	1.758	1.070	0.504	0.419	0.249	0.195	0.652	10
Q80	1.639	1.290	1.871	0.201	0.321	0.149	0.060	0.644	11
Q67	2.128	1.577	1.378	0.169	0.325	0.237	0.266	0.631	12
Q11	1.470	1.419	0.942	0.469	0.279	0.172	0.276	0.547	13
T15	1.823	1.739	0.724	0.093	0.183	0.138	0.663	0.546	14
Q44	0.866	1.226	0.714	1.135	0.201	0.323	0.286	0.545	15
L2Q8	2.286	1.505	0.810	0.179	0.299	0.180	0.719	0.543	16
LZQ5	2.384	1.891	0.638	-0.196	0.228	0.341	0.472	0.538	17
Q110	1.297	1.144	1.416	0.265	0.243	0.123	0.059	0.533	18
L2Q4	1.667	1.497	0.713	0.316	0.279	0.192	0.245	0.505	19
Q7	1.647	1.805	0.314	0.643	0.080	0.201	0.107	0.501	20
Q75	1.247	0.761	1.438	0.507	0.188	0.160	0.114	0.490	21
L2Q9	1.242	1.536	0.287	0.447	0.207	0.243	0.586	0.473	22
Q105	1.299	1.277	0.966	0.087	0.259	0.126	0.113	0.467	23
Q20	0.988	1.751	0.484	-0.068	0.179	0.090	-0.103	0.432	24
LZQ12	1.368	1.039	0.847	0.222	0.165	0.078	0.301	0.414	25
Q76	1.152	0.966	1.034	0.082	0.219	0.133	-0.006	0.407	26
Q45	1.394	0.662	1.273	0.193	0.207	0.060	0.066	0.400	27
Q85	1.446	0.900	1.113	0.031	0.213	0.047	0.042	0.398	28
Q06Ⅲ	1.507	1.120	0.590	0.209	0.028	0.101	0.499	0.386	29
Q47	0.784	0.712	0.964	0.571	0.075	0.104	0.026	0.383	30
L2Q2	1.233	0.932	0.724	0.066	0.237	0.142	0.218	0.362	31
L2Q3	1.132	0.553	0.948	0.429	0.151	0.151	0.161	0.355	32
Q23	2.422	0.992	-0.023	0.284	0.240	0.273	1.165	0.342	33
Q35	0.895	1.026	0.036	0.503	0.138	0.173	0.532	0.320	34
Q41	1.072	0.894	0.288	0.353	0.201	0.194	0.318	0.317	35
LZQ1	0.805	0.553	0.574	0.446	0.055	0.108	0.505	0.303	36
Q46	0.574	0.608	0.437	0.384	0.090	0.177	0.093	0.263	37
L2Q22	1.211	0.290	0.315	0.563	0.216	0.201	0.249	0.224	38
Q68	0.451	0.544	0.459	0.198	-0.026	0.039	0.041	0.210	39

### 2.4 基于青稞品种间农艺性状的聚类分析

由图 2、表 7、表 8 可知,对 39 份青稞品种的 12 个农艺性状进行聚类分析,在遗传距离 19 处,将其分为三大类群。第 I 类由 L2Q9、L2Q4、Q45、L2Q3 等 37 个品种组成,主要表现为株高最高,单穗粒重最低,其余 10 个农艺性状指标均居中,占有所有参试青稞品种的 94.87%;第 II 类只有 Q66 这一青稞品种,主要表现为分蘖数最多、穗下茎长最长及第一节间和第二节间最长、单穗粒重和产量最高,株高高度适中,但其他性状表现最低,此类群占有所有供试材料的 2.56%;第 III 类也只有 Q23 这一青稞品种,主要表现为穗长最长、穗粒数最多、茎粗最粗、每穗小穗数最多、千粒重最高,单穗粒重适中,但其他性状指标均表现为最低,此类群占有所有供试材料的 2.56%。

本研究揭示青稞遗传群体呈现显著性状变异特征,其中特异性状表型的极端表达材料可作为目标性状精准改良的供体材料,而多性状协同增效种质则为分子设计育种提供了复合性状聚合的优化模板。

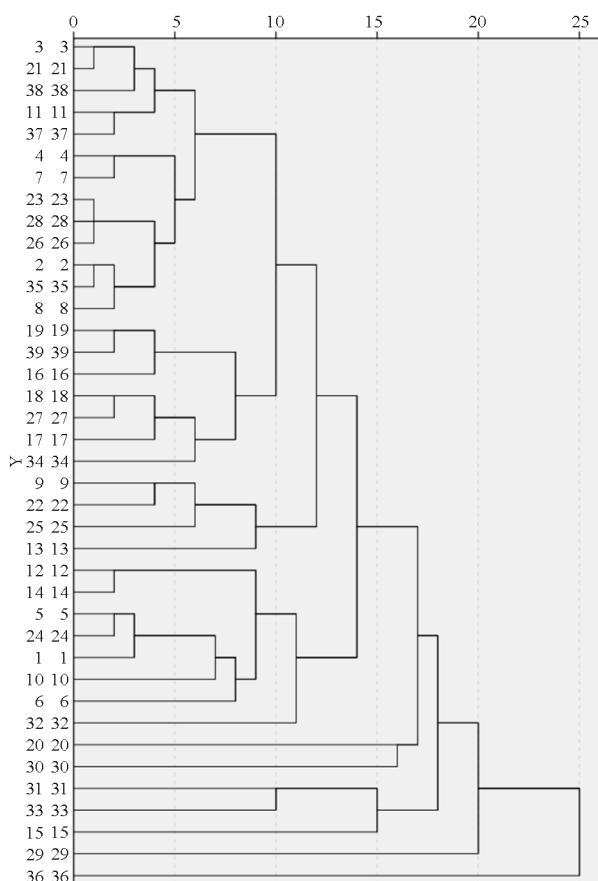


图 2 青稞品种农艺性状聚类分析

表 7 青稞品种在三大类群中的具体分布

类群	品种名称	份数
I	L2Q9、L2Q4、Q45、L2Q3、Q35、L2Q22、Q47、LZQ12、Q06Ⅲ、LZQ1、Q110、Q68、LZQ5、Q46、Q20、Q53、Q9、Q13、Q98、Q96、Q85、T15、Q105、Q41、L2Q8、L2Q2、Q67、Q76、Q34、Q23、Q44、Q7、Q3、Q11、Q80、Q75、QIV	37
II	Q66	1
III	Q23	1

表 8 三大类群青稞种质农艺性状的平均值比较

类群	分蘖数/个	株高/cm	穗长/cm	穗粒数/粒	穗下茎节长/cm	第一节间/cm	第二节间/cm	茎粗/mm	每穗小穗数/个	千粒重/g	单穗粒重/g	产量/kg·hm <sup>-2</sup>
I	2.30	<b>94.01</b>	6.10	38.03	33.45	3.21	8.49	4.22	49.70	40.28	<u>1.45</u>	1 737.02
II	<b>3.00</b>	84.92	<u>5.34</u>	<u>30.00</u>	<b>34.30</b>	<b>4.46</b>	<b>10.28</b>	<u>3.61</u>	<u>38.00</u>	<u>35.80</u>	<b>8.14</b>	<b>2 218.00</b>
III	<u>2.20</u>	<u>84.46</u>	<b>8.28</b>	<b>59.80</b>	<u>22.14</u>	<u>2.38</u>	<u>6.80</u>	<b>4.52</b>	<b>66.40</b>	<b>74.37</b>	2.40	309.87

注:黑体为平均值最高,下划线为平均值最低。

## 3 讨论与结论

### 3.1 讨论

#### 3.1.1 青稞种质资源表型性状遗传多样性

表型性状变异性是种质遗传多样性的重要指标,能够较直观地表现出种质资源之间的性状差异<sup>[16-17]</sup>。植物表型多样性受遗传与环境综合因素的影响,对青稞表型性状的变异分析可以从

整体上了解本试验 39 份西藏种质的多样性程度,这是对种质资源鉴定评价、保护利用的重要步骤,在确定种质资源的适应性、综合性状潜力、遗传研究及育种价值方面起关键作用<sup>[18-19]</sup>。而对青稞种质资源遗传多样性的研究对作物品种的引进、基于挖掘和遗传育种与改良有着重要意义。

魏晓羽等<sup>[20]</sup>认为变异系数大于 10%,表明

样本间差异显著。本研究结果表明,39份西藏青稞表型性状的变异系数总体较大,变异类型丰富,为11.70%~68.80%,供试材料的农艺性状表现出了丰富的变异程度和遗传背景,具有较大的遗传改良潜力和空间,其中农艺相关性状单穗粒重变异系数最大,为68.80%,其次是产量的变异系数,为67.19%,12个表型性状变异系数大于20%的有:单穗粒重、产量、茎粗、第一节间、分蘖数、穗长、第二节间、穗粒数、千粒重,分别为68.80%、67.19%、38.60%、32.71%、30.46%、30.38%、25.03%、24.97%、24.01%;变异系数小于20%的有:每穗小穗数、穗下茎节长、株高,分别为17.17%、15.72%、11.70%。这与卢晶等<sup>[9]</sup>得出的结果基本一致,直观表型单穗粒重、产量、茎粗、第一节间、分蘖数、穗长、第二节间、穗粒数、千粒重展现的特性是青稞优良新种质的选育方向。这表明供试品种表现类型丰富,遗传信息多样化,12个主要农艺性状均具有较大的选择潜力<sup>[21]</sup>。

### 3.1.2 青稞种质资源表型性状的综合评价

目前对种质表型性状主成分分析评价方面的研究较多,性状指标在通过主成分分析筛选后一般可以对种质的聚类分析类群的情况进一步验证。

本研究基于39份青稞种质资源的12个表型性状开展多元统计分析,通过主成分降维处理后提取出了7个关键因子(累计方差贡献率86.995%),其中第I主成分对表型变异的解释度最高(24.519%),其显著性载荷指标包括每穗小穗数(0.902)、穗粒数(0.872)、穗长(0.727)、株高(0.294)等生殖器官性状。通过构建主成分综合模型(公式11),筛选出Q9、Q3、Q34为最优种质(平均综合得分为0.746),这些材料在株型结构、产量构成要素等关键农艺性状上表现出显著协同优势,具有显著育种应用潜力。研究结果为青稞种质创新提供了可靠的数学建模方法和农艺性状指标筛选体系。

### 3.1.3 基于表型性状的聚类分析

聚类分析现已被广泛用于小麦种质资源遗传多样性研究<sup>[22]</sup>,能够清楚地将种质资源之间的遗传关系和不同性状间的相关性展现出来<sup>[23]</sup>,是评价具有理想性状育种群体的有效途径<sup>[24]</sup>。本研究通过系统聚类分析对39份青稞种

质资源12个表型性状划分为三大类群。系统聚类结果揭示了每穗小穗数、穗粒数、穗长、千粒重、产量、分蘖数等性状是种质聚类组群的重要表型性状,进而推测出聚类分析可能以同源基因控制、亲缘关系越近的标准进行聚类<sup>[25]</sup>。本研究揭示了青稞种质资源多样性在目标基因筛选、遗传改良及性状优化研究中的关键作用,为分子标记辅助育种提供了科学支撑。鉴于表型性状受遗传与环境互作效应显著的特征,建议在种质创新过程中建立基因型—表型—环境多维评价体系,这对提升性状选择的精准性和育种效率具有重要实践价值。

## 3.2 结论

本研究结果表明,39份青稞种质资源在单穗粒重、产量和茎粗具有丰富的变异类型;对青稞种质材料进行了多维度表型分析,结果显示供试材料在不同农艺性状指标间存在显著遗传变异。主成分分析表明,采用多元统计方法对青稞种质资源进行系统评估具有科学合理性。通过建立基于标准化主成分权重的综合评价模型,可实现对种质材料表型特征的定量化解析,为遗传改良提供可靠依据。进一步筛选出了Q9、Q3、Q34等性状优良的种质,可为青稞育种改良和市场推广提供选择;每穗小穗数、穗粒数、穗长、千粒重、产量、分蘖数可作为青稞种质评价的性状指标,用于西藏青稞农艺性状的遗传改良及种质资源的创新利用。

## 参考文献:

- [1] 张融,李先德.饲料大麦的应用价值及开发前景[J].中国食物与营养,2015,21(7):27-31.
- [2] 孟凡磊,赵亚斌,强小林,等.不同地区大麦品种农艺性状比较与西藏青稞品种改良[J].麦类作物学报,2006,26(5):175-178.
- [3] 徐先良,赖勇,王鹏喜,等.大麦亲本材料农艺性状鉴定及遗传多样性分析[J].麦类作物学报,2013,33(4):640-646.
- [4] 陈丽华,张志斌,侯志强,等.青海省青稞主栽品种农艺性状分析[J].江西农业大学学报,2012,34(3):439-444.
- [5] 王芳,马银花,祁存英,等.青稞品质及其环境因子影响研究进展[J].食品研究与开发,2025,46(2):217-224.
- [6] 次潘.西藏地区青稞育种的现状及其发展思路[J].种子科技,2020,38(19):115-116.

- [7] 刘妍,田蓉蓉,王天佑,等.2 个小麦品种的遗传性状分析及分子标记筛选[J].河南农业科学,2017,46(10):13-20.
- [8] 夏腾飞,王蕾,徐金青,等.267 份青藏高原青稞种质材料的表型多样性分析[J].西北农业学报,2018,27(2):182-193.
- [9] 卢晶,余波,江溢,等.58 份青稞种质资源遗传多样性评价[J].作物杂志,2025(2):20-28.
- [10] 洪棋斌,侯磊,罗小英,等.应用 RAPD 分析川西北高原青稞的遗传背景[J].中国农业科学,2001(2):133-138.
- [11] 张京.两个大麦新矮秆基因的 SSR 标记[J].植物遗传资源学报,2004(2):105-109.
- [12] 冯宗云,张义正,张立立,等.应用微卫星标记研究西藏野生二棱大麦的遗传多样性及地理分化[J].高技术通讯,2003(10):46-53.
- [13] 孟霞,卓嘎,大次卓嘎,等.西藏部分青稞主要农艺性状分析[J].麦类作物学报,2010,30(6):1043-1047.
- [14] 张京,刘旭.大麦种质资源描述规范和数据标准[M].北京:中国农业出版社,2006.
- [15] 李洪成,张茂军,马广斌.SPSS 数据分析实用教程.2 版[M].北京:人民邮电出版社,2017.
- [16] 吴欣明,郭璞,池惠武,等.国外紫花苜蓿种质资源表型性状与品质多样性分析[J].植物遗传资源学报,2018,19(1):103-111.
- [17] 孙佩,刘佳琴,杨媛,等.119 份月季品种表型性状多样性及评价[J/OL].分子植物育种,(2022-09-28)[2025-04-29]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220927.1149.002.html>.
- [18] 魏仕伟,杨华,张前荣,等.基于表型性状的叶用莴苣资源多样性分析[J].植物遗传资源学报,2016,17(5):871-876.
- [19] 刘胤,陈涛,张静,等.中国樱桃地方种质资源表型性状遗传多样性分析[J].园艺学报,2016,43(11):2119-2132.
- [20] 魏晓羽,刘红,瞿辉,等.158 份春兰种质资源的表型多样性分析[J].植物遗传资源学报,2022,23(2):398-411.
- [21] 王博,严亮亮,宋丽华.宁夏 5 个野生酸枣种群遗传变异分析[J].西北农业学报,2021,30(12):1824-1834.
- [22] 王亚飞,李世景,徐萍,等.黄淮和长江中下游冬麦区小麦品种(系)农艺性状及其聚类分析[J].中国生态农业学报(中英文),2020,28(3):395-404.
- [23] 源朝政,郑明燕,鞠乐,等.50 个月季品种表型多样性分析及综合评价[J].天津农业科学,2022,28(10):19-23.
- [24] IANNUCCI A, CODIANNI P. Phenotypic parent selection within a Khorasan wheat collection and genetic variation in advanced breeding lines derived by hybridization with durum wheat[J].Frontiers in Plant Science,10:1460. DOI:10.3389/fpls.2019.01460.
- [25] 王振江,罗国庆,戴凡炜,等.基于 8 个农艺性状的 569 份果桑种质遗传多样性分析[J].园艺学报,2021,48(12):2375-2384.