

以色列野生二棱大麦籽粒多组分营养性状的相关性分析

李念¹, 阮景军¹, 严俊², 薛文韬¹, 陆磊¹, 赵钢², 程剑平^{1*}

(1. 贵州大学麦作研究中心, 贵阳 550025; 2. 成都大学药学与生物工程学院, 成都 610106)

摘要: 为探讨起源地生态地理因素对野生二棱大麦营养性状的影响, 对源自以色列不同地区 9 个野生二棱大麦群体的 60 个生态型材料的籽粒总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量等主要营养成分进行测定。经单因素方差分析 (One-Way ANOVA)、相关性网络分析 (correlation-based network analysis, CAN) 和斯皮尔曼秩相关分析 (Spearman's Rho Correlation) 等软件分析结果表明, 以色列野生二棱大麦在群体、生态型水平和籽粒的主要营养成分均存在明显差异; 总氮、可溶性蛋白质含量以及单粒重与起源地多个生态地理因素显著相关 ($P < 0.05$)。因此得出结论, 野生二棱大麦是在长期适应起源地生态地理环境的过程中, 在自然选择压力下形成了其特有的营养性状遗传多样性。

关键词: 以色列; 野生二棱大麦; 营养性状; 起源地; 生态地理因素

中图分类号: S322.2

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2016)06-1017-07

Correlation analysis on multiple nutrition traits of *Hordeum spontaneum* originating from different locations in Israel

LI Nian¹, RUAN Jingjun¹, YAN Jun², XUE Wentao¹, LU Lei¹, ZHAO Gang², CHENG Jianping¹

(1. Institute of *Triticeae* Crops, Guizhou University, Guiyang 550025;

2. School of Pharmacy and Bioengineering, Chengdu University, Chengdu 610106)

Abstract: To investigate the effect of eco-geographical factors of the origin on nutritional traits of wild barley (*Hordeum spontaneum*) from different regions of Israel, the main nutritional components including total nitrogen, soluble protein and total starch contents of nine wild barley populations in 60 eco-type material grains were measured by single factor variance analysis, correlation network analysis and Spearman Rho significant correlation analysis. The results showed that there were significant differences in the main nutrient components among the populations and ecological levels. The contents of total nitrogen, soluble protein and single grain weight were significantly correlated with multiple ecological geographical factors ($P < 0.05$). These results indicated that the wild two-prism barley has gone through a long-term adaptation to the eco-geographical environment of the origin under the pressure of natural selection, forming its unique genetic diversity.

Key words: Israel; *Hordeum spontaneum*; nutritional traits; origin place; eco-geographical factors

野生大麦是栽培大麦的祖先, 广泛分布于亚洲西部和地中海东部沿岸地区, 经过长期的进化和自然选择具有丰富的遗传多态性^[1], 作为主要模式作物用于分子进化研究^[2], 被认为是 21 世纪作物遗传改良的重要基因资源^[3]。大麦的驯化始于近东的新月地带, 包括以色列、叙利亚和土耳其等地, 研究者普遍认为那里是大麦遗传多样性中心^[4-5]。在以色列,

从湿润的地中海地区到北部山地, 再到极端干旱的内盖夫沙漠均发现有野生二棱大麦分布^[6-8]。野生二棱大麦很难自然迁移异地^[9]。不同地区间生态地理环境因素的差异造成了大麦农艺性状的差异多样性^[10], 并且不同微域环境的温度雨量、地形海拔、土壤植被等有较大差异, 野生二棱大麦在长期适应其生态地理环境中, 通过自然选择形成了其特有的

收稿日期: 2016-05-21

基金项目: 贵州省国际科技合作计划项目[黔科合 G 字 (2012) 7011], 国家科技部国际科技合作专项(2013DFA32200)和四川省国际科技合作与交流研究计划项目(2012HH0041)共同资助。

作者简介: 李念, 硕士研究生。E-mail: 982283656@qq.com

* 通信作者: 程剑平, 教授, 博士生导师。E-mail: agr.jpcheng@gzu.edu.cn

物候及性状的遗传多样性^[11], 演化产生不同特征群体与生态型的野生二棱大麦^[12-13]。高永钢等^[14]通过对 2 个地区间种植的野生大麦群体农艺性状的比较分析发现, 群体内存在着丰富的遗传变异, 群体间的遗传差异明显, 表现出丰富的遗传多样性。由于其丰富的遗传多样性, 野生大麦已被证明是遗传改良的重要种质资源^[3,15], 其丰富的基因池(gene pool)备受遗传学家和育种专家关注, 在大麦的进化、驯化以及遗传改良等研究领域具有巨大的应用价值^[16-17]。大量的研究发现野生大麦的个体标记与环境因素有关^[18-19]。因此, 本研究以来源于以色列 60 个生态型的野生大麦为材料进行总氮、可溶性蛋白质和总淀粉含量的分析, 并探讨其与起源地生态地理环境的相关性, 以期为野生大麦遗传多样性和作物适应性研究提供基础。

1 材料与方法

1.1 材料

该 9 个群体 60 个生态型的野生二棱大麦于 2012、2013 和 2014 年种于贵州省安顺市农科所试验农场, 每年 5 月份成熟后分别收获籽粒。安顺市农科所地处东经 105°55', 北纬 26°15', 海拔 1395 m, 年平均降雨量 1300 mm, 全年无霜期 301 d, 年平

均日照数 1164.9 h。该 9 个群体 60 个生态型的野生二棱大麦生态地理数据见表 1。

3 个环境田间设计都采用随机区组排列种植, 重复 3 次, 每个生态型进行沟施, 沟长 1.5 m, 每沟播种 50 粒种子, 沟间距为 40 cm。每沟内的单一重复生态型收获于同一纸袋内作为一个种子库(Seed bulk), 每个生态型的样品种子库重复 3 次。收获后的种子避免高温晾晒, 用于单粒重分析的样品仅于 40℃烘干, 用于籽粒总氮含量、可溶性蛋白含量和总淀粉分析的样品则在 40℃烘干后, 研磨过筛待测。

1.2 方法

1.2.1 无机总氮含量的测定 该部分无机总氮含量的测定, 参照文玲玲的方法^[21], 用 Foss 凯氏定氮仪 8400 分别测定 3 个环境各 60 个生态型籽粒的总氮含量, 每个生态型重复 3 次。样品体系由待测样品 0.100~0.300 g、硫酸铜 0.190~0.210 g、硫酸钾 0.900~1.000 g、浓硫酸 10 mL 构成。样品 420℃煮 1 h, 待样品完全消解后, 冷却至室温后上机测定, 所用试剂包括 0.100 mol·L⁻¹ 盐酸标准溶液、40% 氢氧化钠溶液、1% 硼酸溶液、蒸馏水, 混合指示剂为 0.1% 溴甲酚绿和 0.1% 甲基红, 分别以 10 mL·L⁻¹ 和 7 mL·L⁻¹ 加入到 1% 硼酸溶液中^[21]。

表 1 9 个以色列野生二棱大麦群体起源地生态地理数据

Table 1 Eco-geographical data for nine populations of *H. spontaneum* in Israel

编号 No.	群体 Population	Ln	Lt	Al	Tm	Ta	Tj	Td	Tdd	Ev	Rn	Rd	Hu14	Huan
1	Mt. Hermon	35.75	33.28	1530	11	20	1	19	6	160	1400	70	52	58
10	Maalot	35.27	33.00	500	17	23	8	15	10	150	785	55	50	64
20	Sede Boqer	34.78	30.87	450	19	26	9	15	13	168	91	15	36	53
22	Mehola	35.48	32.13	-150	22	30	13	17	13	180	270	39	34	53
24	Akhziv	35.10	33.05	10	20	26	12	13	10	130	620	56	60	67
25	Atlit	34.95	32.70	50	20	26	13	13	9	133	500	48	65	72
26	Caesarea	34.90	32.50	10	20	26	13	13	9	130	540	48	65	72
32	Ein-Zukim	35.44	31.74	-200	24	31	15	16	12	210	100	20	35	52
37	Evolution Canyon	34.58	32.43	90	22.5	28	13	15	9	142	600	48	65	67

温度: Tm=年平均温度 The annual average temperature; Ta=八月平均温度 The average temperature in August; Tj=一月平均温度 The average temperature in January; Td=季节温差 Seasonal temperature; Tdd=昼夜温差 temperature difference between day and night; 水分: Ev=年蒸发量 Annual evaporation; Rn=年降雨量 Annual rainfall; Rd=年降雨天数 On rainy days; Hu14=14 点平均湿度 14: 00 average humidity; Huan=年平均湿度 Average annual humidity; 地理位置: Ln=经度 Longitude; Lt=纬度 Latitude; Al=海拔 Altitude.

1.2.2 可溶性蛋白质含量的测定 将剥去颖壳和麦芒的大麦籽粒用研钵研磨成粉末过 40 目筛, 称取 30 mg 样品, 加入 1.6 mL 0.1 mL·L⁻¹ 的氢氧化钠溶液, 在 60℃ 恒温震荡 2 h, 10000 g 离心 10 min, 取上清液待测。上清液中可溶性蛋白质含量的测定

采用 Bradford 紫外分光光度法^[22]。取 10 μL 可溶性蛋白质提取液, 加 190 μL 0.1 mL·L⁻¹ 的氢氧化钠溶液补齐至 200 μL, 再加 600 μL PBS 缓冲液(pH 7.4) 和 800 μL 的考马斯亮蓝反应液, 显色反应后用紫外分光光度计测定在 595 nm 处的吸光值, 并用牛血清

白蛋白 (bovine serum albumin, BSA) 标准溶液作标准曲线后, 计算可溶性蛋白质含量。3 个环境所有指标的测定皆使用 3 个重复, 且 3 个重复测得值之间变异系数小于 0.25%。

1.2.3 总淀粉含量的测定 将剥去颖壳和麦芒的大麦种子用研钵研磨成粉末过 40 目筛, 取 50 mg 样品, 使用 Megazyme 公司淀粉总量检测试剂盒进行测定。

1.2.4 单粒重的测定 每个生态型取代表植株主茎穗的籽粒 3~8 粒, 用分析天平 (最小刻度为 0.0001 D) 测定重量, 并计算重量/穗籽粒数。3 个环境的每个生态型 3 个重复。

1.3 统计分析

利用 Excel 2007 进行数据整理。用 JMP 6.0 软件 (SAS Institute) 进行单因素方差分析 (One-Way ANOVA); Tukey-Kramer HSD 检测群体间的统计显著差异性 ($P < 0.05$); 用 R 2.11 构建大麦籽粒营养相关性状的皮尔森相关性矩阵 (Pearson correla-

tion matrix), 并用 Cytoscape 2.7.0 软件对相关性矩阵进行相关性网络分析 (correlation-based network analysis, CNA); 用斯皮尔曼秩相关系数 (Spearman's Rho Correlation) 分析大麦的总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量和单粒重与其起源地生态地理因素的多元相关性。

2 结果与分析

2.1 野生二棱大麦籽粒营养性状差异

表 2 中, 大麦籽粒总氮、可溶性蛋白质和总淀粉含量都超过了 1%, 它们是大麦营养成分的主要组成部分, 其中总淀粉含量超过 30%, 是含量最高的营养物质。3 种营养性状和单粒重在 3 个环境中的差异较小, 表明籽粒在大量营养物质含量上更多受遗传影响, 而受种植地环境因素影响较小。同时, 也发现单粒重个体差异较大, 但多环境平均值变化不大, 这可能是由于在外界营养物质供应的总量一定的情况下, 籽粒生长过程中相互竞争导致。

表 2 3 年野生二棱大麦籽粒营养性状与单粒重平均值及范围

Table 2 Mean values and ranges of nutrition-related traits and SKW of wild barley in multiple environments

营养元素 Nutrient element	均值 Mean			范围 Range			变异系数 CV		
	2012	2013	2014	2012	2013	2014	2012	2013	2014
总氮含量/% TN	2.65	2.64	2.63	1.93~3.69	1.97~3.65	1.71~3.80	13	12	13
可溶性蛋白质含量/% TSP	8.78	8.02	8.94	5.57~13.56	5.53~15.07	5.26~13.73	21	20	19
总淀粉含量/% TS	37.23	37.96	37.10	17.27~51.04	20.77~51.95	19.02~50.69	16	16	15
单粒重/mg SKW	37.11	37.56	37.91	11.82~78.33	13.13~66.67	11.53~70.75	37	37	40

表 3 9 个群体野生二棱大麦籽粒总氮、可溶性蛋白质和总淀粉含量

Table 3 Summary of grain total nitrogen, Total soluble protein and Total starch of the nine *H. spontaneum* populations

编号 No.	群体 Population	样本 Samples	总氮含量/% Total nitrogen			可溶性蛋白质含量/% Total soluble protein			总淀粉含量/% Total starch		
			Mean±SE	Range	CV	Mean±SE	Range	CV	Mean±SE	Range	CV
1	Mt. Hermon	5×3	2.62±0.04 ^{abc*}	2.28~2.91	6	9.28±0.44 ^{ab}	7.36~13.56	18	38.13±1.00 ^a	35.00~42.32	5
10	Maalot	6×3	2.56±0.07 ^{bc}	1.94~3.00	11	8.93±0.30 ^b	6.44~10.73	14	37.53±1.19 ^a	33.85~40.73	5
20	Sede Boqer	6×3	2.68±0.06 ^{abc}	1.98~3.03	10	7.98±0.44 ^{bc}	5.53~12.94	23	30.14±0.50 ^b	17.27~43.38	31
22	Mehola	6×3	2.78±0.08 ^{ab}	1.93~3.25	12	8.18±0.25 ^{bc}	6.57~9.96	13	37.44±1.22 ^a	22.79~46.19	17
24	Akhziv	10×3	2.51±0.05 ^{bc}	1.95~3.04	12	8.93±0.33 ^b	6.25~13.73	20	38.79±0.62 ^a	27.57~51.10	14
25	Atlit	4×3	2.63±0.05 ^{abc}	2.29~2.98	6	10.97±0.67 ^a	7.86~15.07	21	34.79±0.4 ^{ab}	29.90~42.66	12
26	Caesarea	8×3	2.43±0.05 ^c	2.00~2.89	10	8.66±0.29 ^{bc}	6.65~12.61	17	38.93±1.51 ^a	33.65~44.04	6
32	Ein-Zukim	10×3	2.91±0.08 ^a	1.71~3.48	15	7.40±0.21 ^c	5.26~10.33	16	39.78±0.47 ^a	29.35~51.95	17
37	Evolution-Canyon	5×3	2.60±0.06 ^{bc}	2.24~3.02	8	8.26±0.41 ^{bc}	5.87~11.77	19	37.64±2.20 ^a	33.78~41.34	6
方差分析 Anova			<0.0001			<0.0001			<0.0001		

“*” 括号里不同字母表示 9 个群体间的统计显著差异性 (Tukey HSD 检验, $P < 0.05$)。

“*” Different letters in bracket indicate significant differences ($P < 0.05$ by Tukey-Kramer HSD test).

2.2 野生二棱大麦籽粒总氮、可溶性蛋白质和总淀粉含量分析

由表 3 和图 1 可知, 以色列不同地区的 9 个野

生二棱大麦群体, 大麦籽粒总氮含量范围在 2.43%~2.91%。来自死海的 Ein-Zukim (编号 32) 群体具有最高的籽粒含氮量; 相较于南方的群体,

北方大麦群体整体总氮含量偏低, 如群体 Akhziv (编号 24)、Maalot (编号 10) 和 Evolution-Canyon (编号 37); 这说明总氮含量水平一定程度上受起源地地理位置影响。

9 个群体的野生二棱大麦籽粒可溶性蛋白质含量范围在 7.40%~10.97%之间, 籽粒的可溶性蛋白质含量存在明显的地域差异, 南方的 Ein-Zukim (编号 32) 群体具有最低的可溶性蛋白质含量, 为 7.4%;

而北方的 Atlit (编号 25) 群体其可溶性蛋白质含量最高, 达到了 10.97%。可溶性蛋白质含量和总氮含量两者的差异不显著 ($P>0.05$); 在部分群体上出现了偏低的库尔吧哈值, 如南方的 Ein-Zukim (编号 32) 群体和 Sede Boqer (编号 20) 群体, 说明野生大麦籽粒可能在这部分群体的可溶性蛋白质存在一定的保守性。

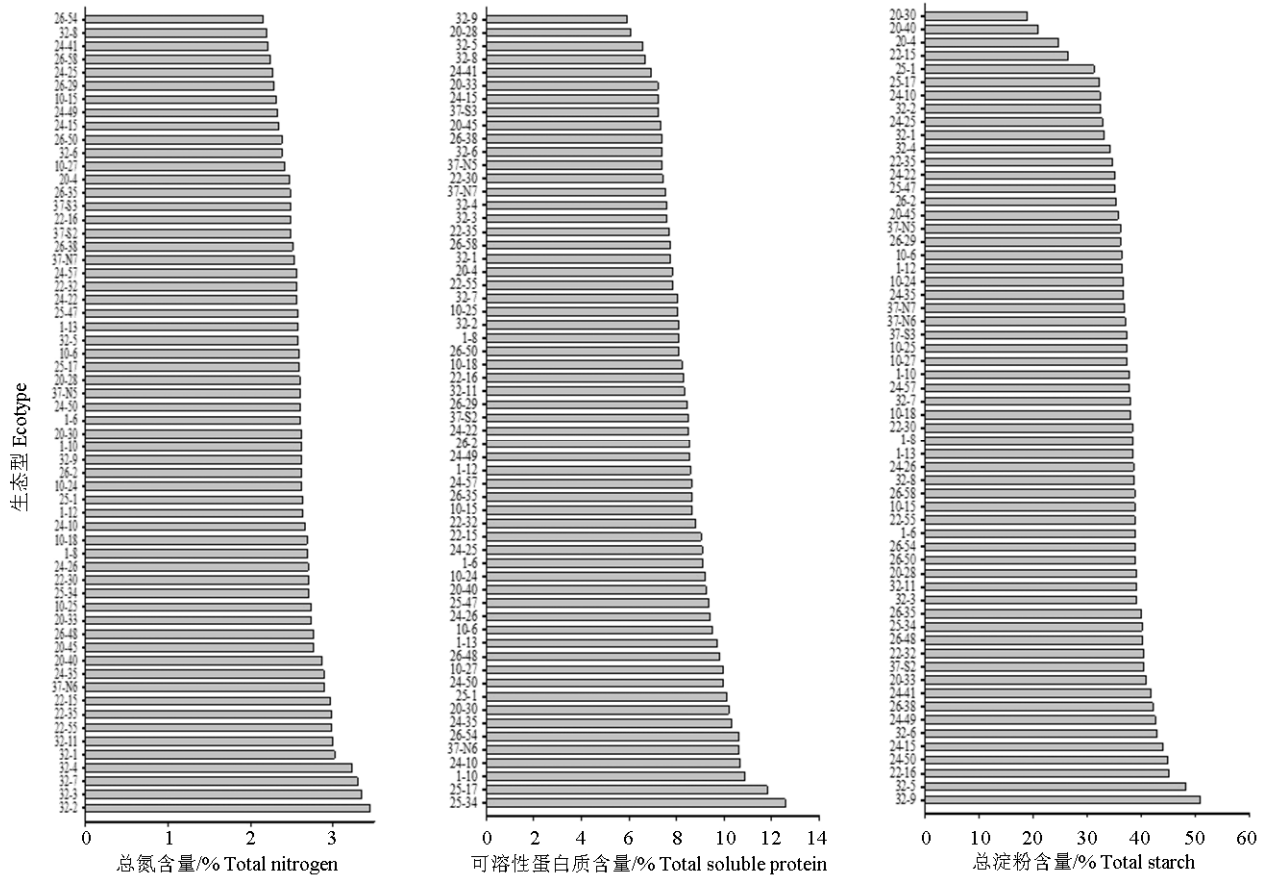


图 1 60 个生态型野生二棱大麦籽粒总氮、可溶性蛋白质和总淀粉含量比较

Figure 1 Comparisons of grain total nitrogen, total soluble protein and total starch of the 60 *H. spontaneum* ecotypes

9 个群体的野生二棱大麦籽粒总淀粉含量范围在 30.14%~39.78%之间, 淀粉含量与总氮含量呈显著负相关。而总淀粉含量与可溶性蛋白质含量呈极显著负相关, 二者间保持着营养间的分配平衡规律, 如 Ein-Zukim (编号 32) 群体具有最高的总淀粉含量和最低的可溶性蛋白质含量, Evolution-Canyon (编号 37) 和 Caesarea (编号 26) 群体具有较高的总淀粉含量, 但可溶性蛋白质含量都较低。作为主要营养成分的总淀粉含量与可溶性蛋白质含量的和通常保持 50%左右。但是 Sede Boqer (编号 20) 群体的总淀粉含量与可溶性蛋白质含量都较低, 两者的和只有不到 40%, 这将不利

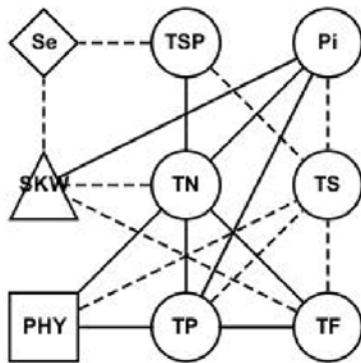
于籽粒其他营养物质的合成。

单因素方差分析显示, 60 个野生二棱大麦生态型和 9 个野生二棱大麦群体总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量都分别达到极显著差异 ($P< 0.0001$)。60 个生态型的野生二棱大麦籽粒总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量范围分别在 1.71%~3.48%, 5.26%~15.07%及 17.27%~51.95%之间。野生二棱大麦的籽粒总淀粉含量差异最为显著。

2.3 野生二棱大麦总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量和单粒重之间及其与起源地生态地理因数的相关性

营养性状间的网络分析显示 (图 2), 野生二棱

大麦多个营养性状间存在不同程度的显著相关性 ($P < 0.05$)。斯皮尔曼秩相关性检验显示 (图 3), 野生二棱大麦总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量和单粒重与起源地生态地理因数存在不同程度的显著相关性 ($P < 0.05$)。



所有相关性均达到显著水平 ($P < 0.05$); 三角形代表单粒重; 正方形代表植酸; 圆形代表营养性状; 菱形代表微量元素硒; 点与点之间的连线代表性状之间的相关性; 实线代表正相关; 虚线代表负相关; TS: 代表总淀粉; TSP: 可溶性蛋白质; TN: 总氮; TF: 总类黄酮; TP: 总酚; Pi: 无机磷

All the correlations reach significant levels ($P < 0.05$) in Network; Circles and square represent the grain nutrition traits and anti-nutrition traits, respectively; the edges between nodes indicate positive and negative correlations by solid and dotted lines, respectively; TS: Total starch; TSP: Total soluble protein; TN: Total nitrogen; TF: Total flavonoids; TP: Total protein; Pi: Inorganic phosphorus

图 2 多个营养性状间的网络分析

Figure 2 Network analysis of multiple nutritional traits

2.3.1 野生二棱大麦总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量和单粒重之间的相关性 由图 2 可知, 总氮与可溶性蛋白质、植酸、总酚、总类黄酮、无机磷有正相关, 而与单粒重呈负相关; 总淀粉与其他营养物质有负相关; 微量元素硒和单粒重、可溶性蛋白质为负相关。

2.3.2 野生二棱大麦总氮、可溶性蛋白质和单粒重与起源地生态地理因数的相关性 根据以色列 60 个生态型野生二棱大麦的总氮、可溶性蛋白质、总淀粉含量和单粒重, 与起源地生态地理因素的相关分析。结果显示 (图 3), 野生二棱大麦总氮、可溶性蛋白质和单粒重与其起源地的生态地理因素有显著相关性 ($P < 0.05$), 而总淀粉含量与起源地生态地理因素无显著相关性。

总氮与起源地的 13 个生态地理因素都有显著相关性, 即总氮与经度、年平均温度、8 月平均温度、1 月平均温度、季节温差、昼夜温差和年蒸发

量呈显著正相关, 而与纬度、海拔年降雨量、年降雨天数、14 点平均湿度和年平均湿度呈显著负相关。

可溶性蛋白质与起源地的 13 个生态地理因素中的 12 个因素有显著相关性, 即可溶性蛋白质与纬度、海拔、年降雨量、年降雨天数、14 点平均湿度、年平均湿度呈显著正相关, 而与年平均温度、8 月平均温度、1 月平均温度、季节温差、昼夜温差、年蒸发量呈显著负相关。这 12 个起源地生态地理因素与可溶性蛋白质含量的相关性和这 12 个起源地生态地理因素与总氮含量的相关性全部程度变化相似方向相反, 而和这 12 个起源地生态地理因素与单粒重的相关性变化趋势相似。

单粒重与起源地的 13 个生态地理因素都有显著相关性, 即单粒重与纬度、海拔、年降雨量、年降雨天数、14 点平均湿度和年平均湿度呈显著正相关, 而与经度、年平均温度、8 月平均温度、1 月平均温度、季节温差、昼夜温差和年蒸发量呈显著负相关。这 13 个起源地生态地理因素与单粒重的相关性和这 13 个起源地生态地理因素与总氮含量的相关性程度变化相似而方向相反。

3 讨论

来自以色列北部湿润地区的 Mt. Hermon 群体在总氮和总淀粉含量上都有最小的变异系数, 在可溶性蛋白质含量上的变异系数也不高。而来自沙漠地区的 Sede Boqer 群体在可溶性蛋白质和总淀粉含量上都有最大的变异系数, 在总氮含量上也有较大的变异系数。这充分证明了野生大麦在干旱和较大的生存压力下, 遗传变异程度更高^[23]。野生二棱大麦籽粒无论是在总氮、可溶性蛋白质还是总淀粉含量上在个体水平的差异均小于群体间的差异, 这可能是由于同一群体相似的地理生态环境, 使得群体内的个体向着相似的遗传分化趋势进化发展, 在长期的进化过程中形成了稳定的遗传特性, 同时导致同一地区的野生大麦出现较高的遗传相似性^[24]。而在不同的生态地理环境下, 某些基因发生了突变, 而导致一些性状也随之改变, 这些性状在长期的进化和对环境的适应过程中逐步稳定并形成遗传多样性。栽培品种的遗传均质化, 导致其抗逆性减弱, 从而最终导致减产。以色列是大麦的起源中心之一, 大量研究表明不同野生大麦群体间保持着较为丰富的遗传多样性。以色列野生大麦种质资源的开发利用以及保护对麦类作物品种改良、遗传育种具有重大的意义。

非参数斯皮尔曼秩相关性 Nonparametric: spearman's p

Variable	by variable	Spearman ρ	Prob> ρ
总氮 Total nitrogen (%)	Ln 经度	0.1830	0.0140
总氮	Lt 纬度	-0.2619	0.0004
总氮	Al 海拔	-0.1773	0.0173
总氮	Tm 年平均温度 (°C)	0.2048	0.0058
总氮	Ta 8 月平均温度 (°C)	0.2635	0.0004
总氮	Tj 1 月平均温度 (°C)	0.1638	0.0280
总氮	Td 季节温差 (°C)	0.2764	0.0002
总氮	Tdd 昼夜温差 (°C)	0.2590	0.0004
总氮	Ev 年蒸发量 (mm)	0.3798	<0.001
总氮	Rn 年降雨量 (mm)	-0.2581	0.0005
总氮	Rd 年降雨天数	-0.2648	0.0003
总氮	Hu14 14 点平均湿度 (%)	-0.3218	<0.001
总氮	Huan 年平均湿度 (%)	-0.3702	<0.001
可溶性蛋白质 Total soluble protein (%)	Lt 纬度	0.3824	<0.001
可溶性蛋白质	Al 海拔	0.2700	0.0002
可溶性蛋白质	Tm 年平均温度 (°C)	-0.2959	<0.001
可溶性蛋白质	Ta 8 月平均温度 (°C)	-0.3476	<0.001
可溶性蛋白质	Tj 1 月平均温度 (°C)	-0.2511	0.0007
可溶性蛋白质	Td 季节温差 (°C)	-0.1875	0.0117
可溶性蛋白质	Tdd 昼夜温差 (°C)	-0.2919	<0.001
可溶性蛋白质	Ev 年蒸发量 (mm)	-0.3203	<0.001
可溶性蛋白质	Rn 年降雨量 (mm)	0.3244	<0.001
可溶性蛋白质	Rd 年降雨天数	0.3549	<0.001
可溶性蛋白质	Hu14 14 点平均湿度 (%)	0.2766	0.0002
可溶性蛋白质	Huan 年平均湿度 (%)	0.3540	<0.001
单粒重 Single kernel weight (mg)	Ln 经度	-0.3468	<0.001
单粒重	Lt 纬度	0.4874	<0.001
单粒重	Al 海拔	0.3684	<0.001
单粒重	Tm 年平均温度 (°C)	-0.3156	<0.001
单粒重	Ta 8 月平均温度 (°C)	-0.4534	<0.001
单粒重	Tj 1 月平均温度 (°C)	-0.2415	0.0011
单粒重	Td 季节温差 (°C)	-0.4598	<0.001
单粒重	Tdd 昼夜温差 (°C)	-0.5751	<0.001
单粒重	Ev 年蒸发量 (mm)	-0.6622	<0.001
单粒重	Rn 年降雨量 (mm)	0.5010	<0.001
单粒重	Rd 年降雨天数	0.4950	<0.001
单粒重	Hu14 14 时平均湿度 (%)	0.6496	<0.001
单粒重	Huan 年平均湿度 (%)	0.7066	<0.001

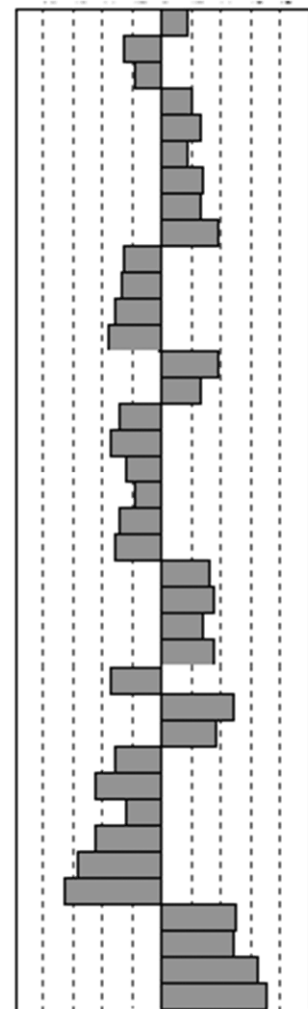


图 3 总氮、可溶性蛋白质和单粒重与起源地生态地理因素的斯皮尔曼秩显著相关性

Figure 3 Spearman's Rho significant correlation among total nitrogen, total soluble protein and single kernel weight and eco-geographical factors of the origin place

Nevo 等研究发现不同来源的野生大麦表现出显著的地理生态相关性^[24], 生态地理环境的细微差别都会对大麦的表型、开花时间等产生影响^[25-26]。本研究发现, 起源地水分、温度和地理位置各因素单独或共同对总氮、可溶性蛋白质和单粒重起重要作用。起源于水分较充沛的湿生型野生二棱大麦的可溶性蛋白质和单粒重较高, 起源于温度较高地区的野生二棱大麦总氮含量较高。前人的研究发现, 粒重主要由水分因子起关键作用, 起源于湿润地区的大麦的籽粒更大^[11,27]。本研究也发现, 充足降水, 高海拔、低温下的低蒸发条件, 有利于野生大麦形成高可溶性蛋白质、大籽粒的特性, 但不利于总氮的积累。这些结果说明, 野生二棱大麦是在长期适应起源地生态地理环境的过程中, 通过自然选择形成了其特有的营养性状遗传多样性, 这些营

养性状的表现以及它们的遗传多样性, 无不留下其起源地生态地理因素的印记, 这为进一步研究大麦遗传多样性和作物适应性研究提供了基础。但有关野生大麦微量元素含量与起源地生态地理因素的相关性还有待进一步研究。

参考文献:

[1] 周泽其. 两个不同地区的二棱野生大麦的比较研究[J]. 遗传学报, 1981, 8(4): 344-349.
 [2] MORRELL P L, CLEGG M T. Genetic evidence for a second domestication of barley (*Hordeum vulgare*) east of the Fertile Crescent [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2007, 104(9): 3289-3294.
 [3] ELLIS R P, FORSTER B P, ROBINSON D, et al. Wild barley: a source of genes for crop improvement in the 21st century [J]. J Exp Bot, 2000, 51(342): 9-17.
 [4] BADR A, MÜLLER K, SCHÄFER-PREGL R, et al. On

- the origin and domestication history of Barley (*Hordeum vulgare*)[J]. Mol Biol Evol, 2000, 17(4): 499-510.
- [5] VOLIS S, MENDLINGER S, WARD D. Adaptive traits of wild barley plants of Mediterranean and desert origin[J]. Oecologia, 2002, 133(2): 131-138.
- [6] HARLAN J R, ZOHARY D. Distribution of wild wheats and barley[J]. Science, 1966, 153(3740): 1074-1080.
- [7] NEVO E, BEILES A, GUTTERMAN Y, et al. Genetic resources of wild cereals in Israel and vicinity. II. Phenotypic variation within and between populations of wild barley, *Hordeum spontaneum*[J]. Euphytica, 1984, 33(3): 737-756.
- [8] MATTATIA J, FEINBRUN-DOTHAN N. The nomenclature of *Aegilops biuncialis* Vis[J]. Isr J Bot, 1986, 35(1): 53-54.
- [9] 程剑平, 严俊, 王莹, 等. 野生二粒小麦物候期与主要农艺性状特征研究[J]. 西南农业学报, 2008, 21(5): 1216-1220.
- [10] 牛善策, 石文清, 刘培勋, 等. 中东大麦群体农艺性状多样性与生态地理因素的关联分析[J]. 西北农业学报, 2012, 21(4): 42-47.
- [11] 严俊, 王莹, GHTTERMAN Y, 等. 起源地生态地理因素对野生二棱大麦生长的影响[J]. 西南农业学报, 2010, 23(6): 1799-1804.
- [12] NEVO E. Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley *Hordeum spontaneum* in Fertile Crescent[M]//SHERWY P R .Barley genetics biochemistry, molecular biology and biotechnology. CAB International, Wallingford UK, Oxford: The Alden Press,1992:19-43.
- [13] GUTTERMAN Y. Survival strategies of annual desert plants [M]. Berlin: Springer Verlag, 2002.
- [14] 高永钢, 杜向红, 金广慧, 等. 不同生境下以色列野生大麦群体与栽培大麦农艺性状的遗传多样性分析[J]. 西北农业学报, 2010, 19(5):57-64.
- [15] NEVO E. Population genetic structure of wild barley and wheat in the near east fertile crescent: regional and local adaptive patterns[M]. Berlin: Springer Netherlands, 2006: 135-163.
- [16] 闫松显. 不同来源一年生野生大麦与栽培大麦的遗传多样性以及染色体组差异分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2015.
- [17] VAN RIJN C P E, HEERSCH E I, VAN BERKEL Y E M, et al. Growth characteristics in *Hordeum spontaneum* populations from different habitats[J]. New Phytol, 2000, 146(3): 471-481.
- [18] NEVO E, ZOHARY D, BEILES A, et al. Genetic diversity and environmental associations of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in Turkey[J]. Genetica, 1986, 68(3): 203-213.
- [19] IVANDIC V, HACKETT C A, NEVO E, et al. Analysis of simple sequence repeats (SSRs) in wild barley from the Fertile Crescent: associations with ecology, geography and flowering time[J]. Plant Mol Biol, 2002, 48(5/6): 511-527.
- [20] KJELDAHL J. Neue Methode zur Bestimmung des Stickstoffs in organischen Körpern[J]. Fresenius J Anal Chem,1883, 22(1):366-382.
- [21] 文玲玲, 薛文韬, 严俊, 等. 约旦野生二棱大麦群体籽粒休眠特性的网络分析[J]. 植物生理学报, 2014, 50(8): 1227-1237.
- [22] BRADFORD M M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding[J]. Anal Biochem, 1976, 72(1): 248-254.
- [23] TURPEINEN T, TENHOLA T, MANNINEN O, et al. Microsatellite diversity associated with ecological factors in *Hordeum spontaneum* populations in Israel[J]. Mol Ecol, 2001, 10(6): 1577-1591.
- [24] NEVO E, BAUM B, BEILES A, et al. Ecological correlates of RAPD DNA diversity of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the Fertile Crescent[J]. Genet Resour Crop Evol, 1998,45(2): 151-159.
- [25] NEVO E, BEILES A, STORCH N, et al. Microgeographic edaphic differentiation in hordein polymorphisms of wild barley[J]. Theor Appl Genet, 1983, 64(2): 123-132.
- [26] IVANDIC V, HACKETT CA, NEVO E, et al. Analysis of simple sequence repeats (SSRs) in wild barley from the Fertile Crescent: associations with ecology, geography and flowering time[J]. Plant Mol Biol, 2002, 48(5/6): 511-527.
- [27] NEVO E, CHEN G, SUPRUNOVA T, et al. Ecogeographic and genetic determinants of kernel weight and colour of wild barley (*Hordeum spontaneum*) populations in Israel[J]. Seed Sci Res, 2004, 14(2): 137-146.