

不同群体燕麦营养与农艺性状相关性状的网络分析

赵丽那¹, 阮景军¹, 周凡¹, 严俊², 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: 为了进一步发掘燕麦的基因资源, 以 ITAO、XO 以及野生燕麦 3 个燕麦群体为研究材料, 对燕麦籽粒总类黄酮、总酚、植酸、无机磷、氨基和可溶性蛋白质 6 个营养性状以及植株株高、穗长、主茎旗叶长、主茎旗叶宽、穗下第一节间长、总分蘖数和有效分蘖数 7 个农艺性状进行测定。结果表明, 燕麦籽粒营养性状总酚以及农艺性状分蘖数的变异系数最大, 即在群体中遗传差异性最大, 主成分分析和网络相关性分析显示氨基酸与农艺性状旗叶宽具有特殊性, 并且野生燕麦具有较强的自然优势。

关键词: 燕麦群体; 籽粒营养性状; 农艺性状; 网络相关性; 主成分分析

中图分类号: S512.6

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2017)06-1131-08

The network analysis of the multi-nutrition component and agronomic characters in different oat populations

ZHAO Lina¹, RUAN Jingjun¹, ZHOU Fan¹, YAN Jun², ZHAO Gang², CHENG Jianping¹

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

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

Abstract: Eight one ITAO populations, 72 XO population and 65 wild oats were used to explore the excellent gene resources in oats. The multi-nutrition component of total flavonoid (TF), total phenol (TP), phytate (PHY), total soluble phosphorus (PI), ammonium (NH₂), total soluble protein (TSP) and agronomic characters of plant height (HP), spike length (SL), flag length (FL), flag width (FW), total tiller (TT), effective tiller (ET) and inter node length below spike (IL) were determined. The results showed that the variation coefficient of total phenol and tiller was the maximal with the greatest genetic diversity in populations. Correlation network analysis and principal component analysis (PCA) exhibited that there was a particularity between amino acid and flag leaf width and wild oat populations showed a strong natural advantage.

Key words: oat population; grain nutritious characters; agronomic characters; correlation network; principal component analysis

燕麦也称莠麦、雀麦、铃铛麦和野麦子等, 学名为 *Avena sativa* L., 起源于中国^[1], 是世界性栽培作物, 分布在五大洲 42 个国家, 但集中产区是北半球的温带地区。燕麦分为 2 种类型, 包括带稃型和裸粒型^[2]。目前俄罗斯是世界生产燕麦最多的国家, 其燕麦产量占世界的 40% 以上, 另外中国、加拿大以及欧洲等一些国家, 燕麦的生产占的比例也较多。20 世纪末, 中国栽培燕麦已达到 $113.3 \times$

10^4 hm^2 。中国种植的燕麦多为裸燕麦, 大约占燕麦总产量的 90% 以上^[1]。其中内蒙地区的种植面积最大, 占全国燕麦种植总面积的 35% 左右^[3], 燕麦是一年生的长日照作物, 具有耐旱、抗贫瘠和耐寒的生理特性。由于燕麦属于无限花序, 所以只要给予适宜的外界环境, 燕麦可以增加结实率, 具有高产的潜力^[4]。

燕麦是世界八大粮食作物之一, 具有极高的营

收稿日期: 2017-04-14

基金项目: 国家自然科学基金地区基金 (31660531), 国家自然科学基金地区基金 (31560578) 和贵州大学农学院 SRT 项目 (研农 2016033) 共同资助。

作者简介: 赵丽那, 硕士研究生。E-mail: 1558226387@qq.com

* 通信作者: 程剑平, 教授, 博士生导师。E-mail: chengjianping63@qq.com

1.2 燕麦田间种植

燕麦材料于 2015 年种植于中国四川省崇州市羊马镇国家大麦产业技术体系成都综合试验站。位于 30°47'N, 103°31'E, 海拔 560 m, 是成都平原灰色冲积土地区, 属四川盆地亚热带湿润气候, 四季分明, 年平均气温 15.9℃, 日照 1 161.5 h, 无霜期较长, 雨量充沛, 平均降水量为 1 012.4 mm。该试验地土壤为水稻土, 土壤肥力中等均匀, pH 6.57, 燕麦材料田间种植采用随机区组设计, 条播, 行长约 1.2 m, 行间距 60 cm, 每行大约播种燕麦种子 50 粒, 设置保护行。成熟后, 每行所有的燕麦种子放于同一牛皮纸袋内。收获后将燕麦于 37℃ 烘干箱中烘干 1 个月, 取出脱粒研磨过筛备用。

1.3 燕麦营养物质的测定

所测定的燕麦营养物质主要包括抗氧化物质总类黄酮^[14], 总酚^[15], 磷素营养物质植酸^[16], 无机磷^[17]; 氮素营养物质氨基酸^[18], 可溶性蛋白质^[19], 具体操作步骤参见文献^[6]。

1.4 燕麦农艺性状的测定

燕麦材料进入完熟期后, 对其生物学性状进行观测记录。主要包括, 株高: 以主茎表示, 地面(分蘖节)至穗顶(不含芒)的高度; 单株分蘖数: 总分蘖数; 有效分蘖数: 主茎穗加有效分蘖穗; 穗长: 穗轴基部至穗顶端(不含芒); 旗叶长: 旗叶基部至尖端; 旗叶宽: 旗叶最宽处; 第 1 节间: 植株主茎穗至第 1 节间的长度农艺性状的测定。

1.5 统计分析

本研究中所有数据采用 Excel 录入, 用 JMP6.0 (SAS) 进行正态分布检验, 所有数据图用 Sigmaplot12.0 (Systat) 软件绘制; 相关性分

析用统计软件 R 2.11 (<http://www.r-project.org/>) 完成; 主成分分析用软件 Mev 4.5 (<http://www.tm4.org/mev/>) 完成; 网络 network 图用 Cytoscape (<http://www.cytoscape.org/>) 完成^[20]。由于不同数据来源于不同的分析仪器及方法, 需要对这些数据进行量化处理, 以消除数据间的量纲差异。本研究用“Log10”进行处理, 待量纲统一后, 通过 Pearson 相关性构建不同测定指标间的相关性矩阵 (correlation matrix), 对矩阵中的相关性进行显著性检验筛选后, 剩下的显著性相关系数用软件 Cytoscape 构建代谢网络图。

2 结果与分析

2.1 燕麦籽粒营养性状的差异性分析

由表 2 燕麦籽粒多组分营养物质含量的平均值和范围可知, 在 3 个群体中, 燕麦籽粒可溶性蛋白质的含量平均值均超过了 10%, 属于大量营养物质; 燕麦籽粒中总酚、植酸和氨基的含量平均值均都在 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 水平, 属于微量储藏物质中含量相对较高的物质, 即中量营养物质; 而燕麦籽粒中总类黄酮和无机磷的含量仅处于 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 水平, 属于微量营养物质。分析不同群体燕麦籽粒营养物质含量发现, 野生燕麦籽粒总类黄酮、植酸以及可溶性蛋白质的含量在 3 个群体中最少, 而总酚的均值含量 ITAO 群体与野生燕麦群体无明显差异, ITAO 群体无机磷含量远高于 XO 以及野生燕麦群体, 在不同群体中氨基酸的含量无明显差异。不同群体不同营养性状的变异系数不相同, ITAO 群体中氨基酸、总类黄酮与总酚的变异系数较大; XO 群体中可溶性蛋白质的变异系数较大; 而在野生燕麦群体中总酚的

表 2 不同群体燕麦籽粒多组分营养物质含量的平均值和范围

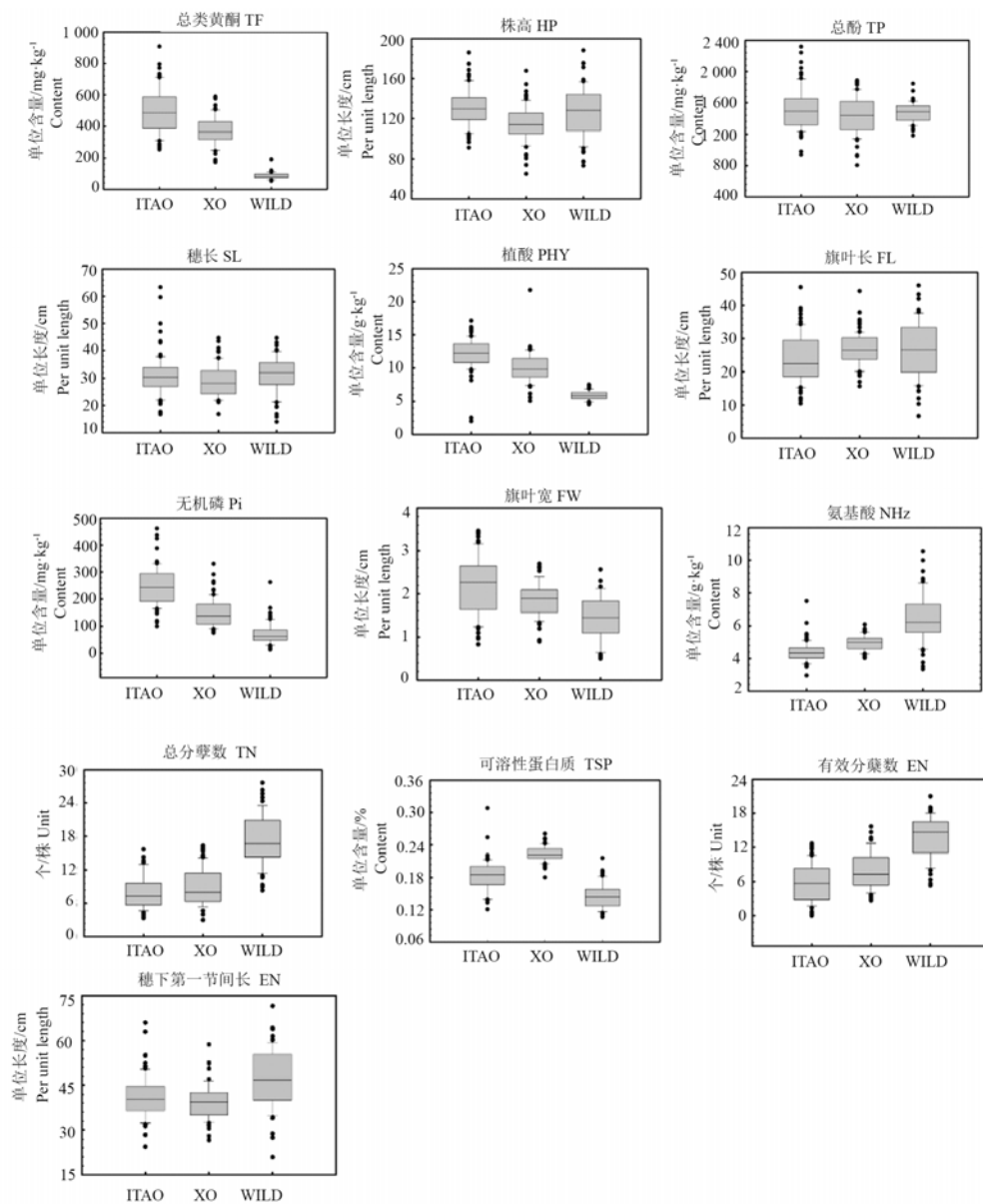
Table 2 Mean values and ranges of multi-component nutrient contents of different oat population

| 群体 Population | 统计值 Statistics | 总类黄酮含量 /mg·kg ⁻¹ TF | 总酚含量 /g·kg ⁻¹ TP | 植酸含量 /g·kg ⁻¹ PHY | 无机磷含量 /mg·kg ⁻¹ Pi | 氨基含量 /g·kg ⁻¹ NH ₂ | 可溶性蛋白质含量/% TSP |
|------------------|-------------------|--------------------------------------|-----------------------------------|------------------------------------|-------------------------------------|------------------------------------------------|-------------------|
| ITAO | 范围 Range | 254.1~908.3 | 1.1~2.3 | 2.0~18.3 | 100.1~462.2 | 3.0~6.17 | 12.1~30.8 |
| | 均值±标准差 Mean±SD | 496.9±38.8 | 1.5±7.1 | 12.2±0.3 | 249.2±7.2 | 4.4±0.4 | 18.3±1.1 |
| | 变异系数 CV/% | 7.8 | 7.2 | 2.6 | 2.9 | 8 | 1.7 |
| XO | 范围 Range | 124.2~461.3 | 0.5~1.8 | 8.9~13.8 | 32.0~164.2 | 3.6~7.2 | 118.3~25.5 |
| | 均值±标准差 Mean±SD | 293.8±5.0 | 0.8±2.7 | 10.4±0.5 | 83.3±1.9 | 5.3±0.1 | 20.7±2.0 |
| | 变异系数 CV/% | 1.7 | 3.3 | 4.8876 | 2.36 | 2.1 | 9.8082 |
| 野生燕麦 Wild oat | 范围 Range | 52.6~191.5 | 1.2~1.8 | 4.6~7.5 | 13.8~262.5 | 3.3~10.6 | 10.6~21.6 |
| | 均值±标准差 Mean±SD | 86.6±1.8 | 1.5±1.2 | 5.9±0.4 | 75.4±0.34 | 6.4±0.4 | 14.7±0.5 |
| | 变异系数 CV/% | 2.0 | 8.5 | 6.0 | 0.5 | 5.8 | 3.5 |

表 3 不同群体燕麦农艺性状含量的平均值和范围

Table 3 Mean values and ranges of agronomic traits content of different oat population

| 群体 Population | 统计值 Statistics | 株高/cm HP | 穗长/cm SL | 主茎旗叶 长/cm FL | 主茎旗叶 宽/cm FW | 穗下第一节 间长/cm IL | 总分蘖数 TN | 有效分蘖数 EN |
|------------------|-------------------|-------------|-------------|--------------------|--------------------|----------------------|------------|-------------|
| ITAO | 范围 Range | 80.8~219.8 | 18.1~67.1 | 9.1~39.4 | 0.7~3.9 | 14.0~71.7 | 2~14.7 | 1.3~13.7 |
| | 均值±标准差 Mean±SD | 141.1±3.1 | 33.5±1.2 | 25.5±0.4 | 2.4±0.04 | 40.4±0.3 | 6.4±0.3 | 4.7±0.4 |
| | 变异系数 CV/% | 2.2 | 3.4 | 1.5 | 1.5 | 0.9 | 4.5 | 7.8 |
| XO | 范围 Range | 65.2~167.8 | 16.8~44.7 | 15.7~44.3 | 0.9~2.7 | 26.7~58.7 | 3~16.3 | 2.7~15.7 |
| | 均值±标准差 Mean±SD | 115.6±0.8 | 28.9±0.6 | 26.8±0.6 | 1.8±0.06 | 39.5±0.4 | 8.9±0.6 | 7.8±0.4 |
| | 变异系数 CV/% | 0.7 | 2.0 | 2.3 | 3.3 | 1.0 | 6.9 | 4.9 |
| 野生燕麦 Wild oat | 范围 Range | 73.3~188.3 | 12.2~52.3 | 6.7~46 | 0.4~2.6 | 21~71.5 | 8.3~27.7 | 2.7~21 |
| | 均值±标准差 Mean±SD | 123.3±1.2 | 30.3±0.6 | 25.6±0.6 | 1.4±0.02 | 45.4±2.8 | 17.1±0.7 | 13.2±0.2 |
| | 变异系数 CV/% | 1 | 2 | 2.3 | 1.6 | 6.2 | 3.9 | 1.6 |



该 X 轴表示群体，Y 轴表示性状的含量 The X axis represents the population, and Y axis represents the content of the trait

图 1 不同群体间燕麦农艺性状与籽粒营养性状的比较

Figure 1 Comparison between agronomic traits and grain nutrient components of oat in different populations

变异系数较大。综合 3 个群体发现总酚的变异系数最大, 其次是氨基酸。变异系数大即表明营养性状均值的离散程度较大, 相对不稳定, 营养成分变异系数小, 相对较为稳定。由表 3 燕麦植株农艺性状平均值和范围可知, ITAO 群体农艺性状的变化范围最广, 即 ITAO 群体内农艺性状随环境的变化最

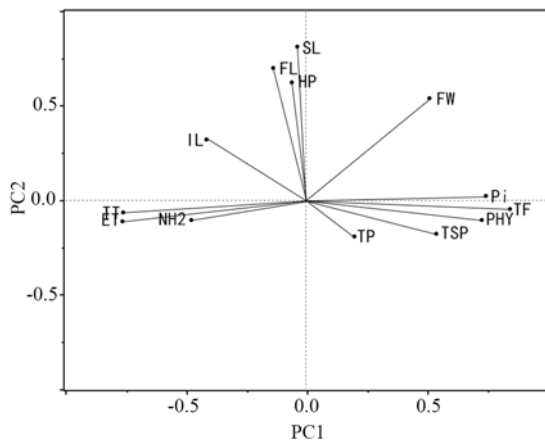
大, ITAO 群体植株株高、穗长和旗叶宽相较 XO 和野生燕麦群体值较高, 而野生燕麦群体的总分蘖数和有效分蘖数较多, 几乎是 ITAO 和 XO 群体的 2 倍以上。分析 3 个燕麦群体农艺性状可知, 变异系数最大的为总分蘖数, 其次为有效分蘖数, 因此, 燕麦分蘖数的遗传多样性指数最高。

表 4 不同群体间燕麦农艺性状及籽粒营养性状的显著性差异分析

Table 4 Comparison between agronomic traits and grain nutrient significant different of oat in difference population

| 群体 Population | 总类黄酮 TF | 总酚 TP | 植酸 PHY | 无机磷 Pi | 氨基酸 NH ₂ | 可溶性蛋白质 TSP |
|------------------|------------|----------|-----------|-----------|------------------------|---------------|
| ITAO | a | a | a | a | a | a |
| XO | b | a | b | b | b | b |
| WILD | c | a | c | c | c | c |

| 株高 HP | 穗长 SL | 旗叶长 FL | 旗叶宽 FW | 穗下第一节间 IL | 总分蘖数 TT | 有效蘖数 ET |
|----------|----------|-----------|-----------|--------------|------------|------------|
| a | a | a | a | a | a | a |
| a | a | a | b | b | b | b |
| b | a | a | c | b | b | c |



其中 X 轴为第一成分, 解释度为 36.23%, 而 Y 轴为第二成分, 其解释度为 15.69%

X axis is the first component, the resolution is 36.23%. Y axis is the second component, the resolution is 15.69%

图 2 不同燕麦群体农艺性状及籽粒各储藏物质的主成份分析

Figure 2 The principal component analysis of grain storage components and agronomic characters in different oat populations

2.2 农艺性状及籽粒营养性状的表型差异

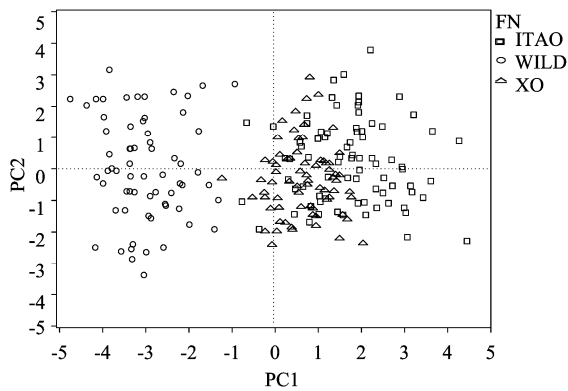
本试验研究对不同群体中燕麦籽粒营养性状和农艺性状进行不同百分比例的含量分布情况结果见图 1, 不同群体间营养成分及农艺性状的差异性见表 4。分析燕麦籽粒总类黄酮、植酸和无机磷含量, 得出 ITAO>XO>野生燕麦, 在 3 个群体中含量的分布比较均匀, 在平均值上下的浮动不明显, 其中

野生燕麦群体中营养物质含量分布在平均值上下 25% 比较集中; 3 个群体中燕麦籽粒总酚的含量平均值无明显差异, ITAO 和 XO 群体相比野生燕麦群体籽粒总酚分布比较分散; 籽粒中氨基酸含量在野生燕麦中的平均含量较高且比较分散; XO 群体燕麦可溶性蛋白质的含量较高且比较集中。在农艺性状中, 植株株高、穗长以及旗叶长在 3 个群体中的均值大小无明显差异; 野生燕麦群体较 ITAO 和 XO 群体旗叶宽较窄; 而植株总分蘖数、有效分蘖数和穗下第一节间长度在野生燕麦群体的均值较大, 且比较分散, 综上所述野生燕麦的遗传差异性最大。结合表 4 可知, 不同群体间营养性状总类黄酮、植酸、无机磷、氨基酸、可溶性蛋白质以及农艺性状旗叶宽、有效分蘖数存在显著差异, 其余性状在不同群体间无显著性差异。

2.3 燕麦籽粒营养性状及农艺性状的主成分分析

对不同群体燕麦籽粒营养性状与植株农艺性状的数据进行主成分分析, 结果如图 2 所示。分析第一成分, 总酚、可溶性蛋白质、植酸、总类黄酮、无机磷以及主茎旗叶宽所代表的向量指向方向相同, 主茎穗长、主茎旗叶长、植株株高、穗下第 1 节间长、氨基、总分蘖数以及有效分蘖数所代表的向量指向方向相同; 分析第 2 成分, 总酚、可溶性蛋白质、植酸、总类黄酮、氨基、总分蘖数以及有效分蘖数代表的向量的指向方向相同, 而无机磷、氨基酸、株高、穗长、主茎旗叶长、主茎旗叶宽以

及穗下第1节间长所代表的向量指向另一方向。从图2中可知,农艺性状植株株高和主茎穗长在成分一中以及营养性状总类黄酮和无机磷在成分二中指标的向量值较小,性状不易受土壤和气候条件的影响,即受环境的变化影响较小。



其中 X 轴为第 1 成分,解释度为 36.23%, Y 轴为第 2 成分,其解释度为 15.69%

X axis is the first component, which resolution is 36.23%. Y axis is the second component, which resolution is 15.69%

图 3 植株农艺性状以及籽粒各储藏物质在不同群体中的主成份分析

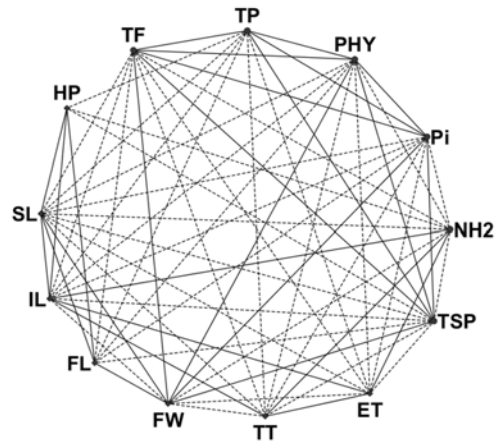
Figure 3 Principal component analysis of grain storage components and agronomic characters in different oat populations

对籽粒营养指标和植株农艺性状指标在不同群体中进行主成分分析结果(图3)显示,第一成分 ITAO、XO 群体向量正向分布,而野生燕麦群体向量呈负向分布,因此 ITAO、XO 群体随环境的变化一致,且与野生燕麦群体变化相反,尽管 ITAO、XO 群体整体随环境的变化一致,但是从图3中可以看出 ITAO 群体所代表的向量值明显高于 XO 群体所代表的向量值,即 ITAO 群体容易受土壤和气候的影响,随环境的变化波动较大,而 XO 群体则相对比较稳定。分析第二成分,ITAO、XO 和野生燕麦群体向量均有正向分布和负向分布,且正、负分布值也基本相同,即3个群体受环境影响的变化无明显区别。综合第一成分以及第二成分可知 XO 燕麦群体主要分布在坐标轴附近,即 XO 群体农艺性状群体内不同的品种间受环境影响不明显,而 ITAO 和野生燕麦群体分布比较分散,群体内不同品种、基因型受环境影响比较大,ITAO 和野生燕麦群体内不同基因型受环境影响没有一定的规律性,即野生燕麦具有自然优势。

2.4 燕麦籽粒营养性状的网路分析

参照 Batushansky 等的研究^[21],对不同群体燕麦籽粒营养物质和农艺性状指标,进行了营养性状

与农艺性状之间的 Pearson 相关性分析后,构建相关性矩阵,并对矩阵中的相关性进行显著性检验($P < 0.05$),删除不显著的相关性后,筛选对应的显著相关性的相关系数 R 值,删除相关性系数处于绝对值 0.3 之间的值,筛选所得相关系数如表 5 所示,并用其作为网络关系间的连接(Edge),并将正相关与负相关分别用实线和虚线表示。



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,而虚线代表负相关。所有相关性均达到显著水平($P < 0.05$)。圆形代表燕麦籽粒的营养性状,四角形为农艺性状。TSP=可溶性蛋白质, Pi=无机磷, TP=总酚, TF=总类黄酮, PHY=植酸, NH₂=氨基, HP=植株株高, SL=穗长, FL=主茎旗叶长, FW=主茎旗叶宽, IL=穗下第一节间长, TT=总分蘖数, ET=有效分蘖数

The edges between nodes indicate positive and negative correlations by solid and dotted lines. All correlations were significant levels ($P < 0.05$) in network. Circles and tetragon represent the oat nutritional and agronomic traits respectively. TSP=total soluble protein, Pi=phosphorus, TP=total phenolic, TF=total flavonoid, PHY=phytate, NH₂=ammonium, HP=plant height, SL=spike length, FL=Flag Length, FW=Flag Width, IL=inter node length below spike, TT=total tiller, EL=effective tiller

图 4 不同群体中燕麦农艺性状及籽粒营养组分的相关性网络

Figure 4 Correlation-based network between agronomic traits and grain nutrient components of oats in different population

如图 4 所示,不同群体燕麦籽粒营养成分与农艺性状进行相关性网络分析,分析群体间营养性状间的相关性,可知籽粒中氨基酸与磷素营养物质植酸和无机磷以及可溶性蛋白质呈负相关,与其他营养性状均呈正相关,而其余营养性状之间均呈正相关。农艺性状中,主茎旗叶宽与穗下第1节间长、植株总分蘖数以及有效分蘖数呈负相关,而穗下第1节间长也与植株总分蘖数以及有效分蘖数呈负相关,其余农艺性状之间均呈正相关。分析群体中燕

麦籽粒营养与农艺性状之间的相关性, 可知营养性状氨基酸与农艺性状穗下第 1 节间长、总分蘖数以及有效分蘖数之间呈正相关, 农艺性状主茎旗叶宽

与营养性状总类黄酮、植酸、无机磷以及可溶性蛋白质之间呈正相关, 其余农艺性状与营养性状之间呈负相关。

表 5 不同群体中燕麦农艺性状及籽粒营养组分的相关系数值

Table 5 Comparison between agronomic traits and grain nutrient correlation coefficients of oat in difference population

| 项目 Item | 总类黄酮 TF | 总酚 TP | 植酸 PHY | 无机磷 Pi | 氨基 NH2 | |
|---------------|------------|----------|-----------|-----------|--------------|------------|
| 总酚 TP | 0.3221** | | | | | |
| 植酸 PHY | 0.7274** | 0.2064* | | | | |
| 无机磷 Pi | 0.7079** | 0.2285* | 0.6828** | | | |
| 氨基 NH2 | -0.5036** | 0.0433 | -0.4495** | -0.3698** | | |
| 可溶性蛋白质 TSP | 0.5231** | 0.1663* | 0.4507** | 0.3345** | -0.2172** | |
| 株高 HP | 0.0277 | -0.0069 | 0.0543 | 0.1108 | -0.0128 | |
| 穗长 SL | -0.0312 | -0.0643 | -0.0944 | -0.0191 | -0.0500 | |
| 旗叶长 FL | -0.1376 | -0.1426* | -0.1580 | -0.1563 | 0.0667 | |
| 旗叶宽 FW | 0.4099** | 0.0331 | 0.2966** | 0.3855** | -0.3092** | |
| 穗下第一节间 IL | -0.2866** | -0.037 | -0.2667** | -0.2292** | 0.2808** | |
| 总分蘖数 TT | -0.6052** | -0.0543 | -0.5358** | -0.5369** | 0.5097** | |
| 有效分蘖数 ET | -0.6199** | -0.1276 | -0.5164** | -0.5748** | 0.4818** | |
| 可溶性蛋白质 TSP | 株高 HP | 穗长 SL | 旗叶长 FL | 旗叶宽 FW | 穗下第一节间 IL | 总分蘖数 TT |
| -0.1447* | | | | | | |
| -0.0510 | 0.4515** | | | | | |
| -0.0593 | 0.1434* | 0.4095** | | | | |
| 0.1682* | 0.1069 | 0.2925** | 0.4267** | | | |
| -0.2840** | 0.3653** | 0.1987** | 0.0813 | -0.1997** | | |
| -0.4257** | 0.0337 | -0.0282 | 0.0170 | -0.4545** | 0.3798** | |
| -0.3734** | 0.0302 | -0.0461 | 0.0208 | -0.4938** | 0.3845** | 0.8490** |

3 讨论

本试验采用分光光度法对 ITAO、XO 和野生燕麦 3 个群体籽粒中的总类黄酮、总酚、植酸、无机磷、氨基酸和可溶性蛋白质 6 个营养指标进行了分析测定。结果表明, 在不同的群体中, 6 个燕麦籽粒的营养物质含量分为 3 个梯度。其中, 本研究所测定的可溶性蛋白质为碱溶性蛋白质 (glutelin) [2], 其含量在不同群体中都超过 10%, 属于大量营养物质; 植酸、氨基酸和总酚的含量均在 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 水平, 属于中量营养物质; 总类黄酮和总酚的含量都在 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 水平, 属于微量营养物质, 所测得的这些结果与前人的研究结果相一致 [3-4], 燕麦籽粒营养性状

中总酚含量的变异系数最大。分析 3 个群体燕麦的农艺性状, ITAO 群体农艺性状随环境的变化最大, ITAO 群体植株株高、穗长和旗叶宽相较 XO 和野生燕麦群体值较高, 而野生燕麦群体的总分蘖数和有效分蘖数较多, 几乎是 ITAO 和 XO 群体的 2 倍以上。且分蘖数的变异系数最高, 燕麦分蘖数的遗传多样性指数最高。由燕麦籽粒的营养性状及植株农艺性状的表型差异可知, 野生燕麦的分布比较分散, 遗传差异性最大。

通过对不同群体燕麦籽粒的营养性状及农艺性状的主成分分析可知, 营养性状氨基酸与农艺性状旗叶宽与其他营养性状与农艺性状相比具有特殊性, 因此氨基酸和主茎旗叶宽在燕麦发育的过程中

具有特殊的代谢机制,并且显示野生燕麦具有自然优势,可以为育种亲本的选择提供很好的指导作用。网络分析结果显示,营养性状氨基酸与农艺性状穗下第一节间长、总分蘖数以及有效分蘖数之间呈正相关,农艺性状主茎旗叶宽与营养性状总类黄酮、植酸、无机磷以及可溶性蛋白质之间呈正相关,其余农艺性状与营养性状之间呈负相关。即说明营养性状中的氨基酸与农艺性状中的旗叶宽之间具有特殊性,这与主成分分析结果一致。

前人研究结果显示,不同群体不同地理来源的燕麦材料,其材料间的差异性无必然联系^[22-23]。本试验研究也证实了这种现象,引起这种结果可能是由植物受外界条件的影响以及不同地区国家之间相互引种造成的^[24]。研究发现营养性状与农艺性状之间存在一定的相关性,因此可以通过观察某一性状的含量高低来判断另外某些性状的含量高低,这些性状之间的表现可能直接与作物的生长环境的关系相对较为密切^[24]。研究和探讨不同群体燕麦籽粒的营养性状及农艺性状的关系,分析不同燕麦群体的遗传差异性,对燕麦资源的合理利用以及综合评价具有重要意义,筛选出特殊的性状,为燕麦的进一步选育提供参考和依据。

参考文献:

- [1] 中国农学会遗传资源学会. 中国作物遗传资源[M]. 北京: 中国农业出版社, 1994, 198-200.
- [2] 林汝法, 柴岩, 廖琴, 等. 中国小杂粮[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2002, 126.
- [3] 李笑蕊, 王世霞, 么杨, 等. 裸燕麦和皮燕麦的营养及功能活性成分对比分析[J]. 粮油食品科技, 2015, 23(5): 50-54.
- [4] 黄相国, 葛菊梅. 燕麦 (*Avena sativa* L.) 的营养成分与保健价值探讨[J]. 麦类作物学报, 2004, 24(4): 147-149.
- [5] SOSULSKI F, KRYGIER K, HOGGE L. Free, esterified, and insoluble-bound phenolic acids. 3. Composition of phenolic acids in cereal and potato flours[J]. J Agr Food Chem, 1982, 30(2): 337-340.
- [6] 赵丽那, 严俊, 薛文韬, 等. 燕麦籽粒多组分营养性状的相关性分析[J]. 江西农业大学学报, 2016, 38(4): 623-630.
- [7] PETERSON D M, QURESHI A A. Genotype and environment effects on tocopherols of barley and oats[J]. Cereal Chemistry, 1993, 70(2): 157-162.
- [8] 汪海波, 谢笔钧, 刘大川. 燕麦中抗氧化成分的初步研究[J]. 食品科学, 2003, 24(7): 62-67.
- [9] BUTT M S, TAHIR-NADEEM M, KHAN M K I, et al. Oat: unique among the cereals[J]. Eur J Clin Nutr, 2008, 47(2): 68-79.
- [10] OATWAY L, VASANTHAN T, HELM J H. Phytic acid[J]. Food Rev Int, 2001, 17(4): 419-431.
- [11] PETERSON D M, EMMONS C L, HIBBS A H. Phenolic antioxidants and antioxidant activity in pearling fractions of oat groats[J]. J Cereal Sci, 2001, 33(1): 97-103.
- [12] MOHAMED A, BIRESAW G, XU J, et al. Oats protein isolate: thermal, rheological, surface and functional properties[J]. Food Res Int, 2009, 42(1): 107-114.
- [13] NAVA I C, PACHECO M T, FEDERIZZI L C. URS Altiva-a new oat cultivar with high agronomic performance[J]. Crop Breed Appl Biot, 2016, 16(3): 254-260.
- [14] ZHISHEN J, MENGCHENG T, JIANMING W. The determination of flavonoid contents in mulberry and their scavenging effects on superoxide radicals[J]. Food Chem, 1999, 64(4): 555-559.
- [15] AINSWORTH E A, GILLESPIE K M. Estimation of total phenolic content and other oxidation substrates in plant tissues using Folin-Ciocalteu reagent[J]. Nat Protoc, 2007, 2(4): 875-877.
- [16] LATTA M, ESKIN M. A simple and rapid colorimetric method for phytate determination[J]. J Agr Food Chem, 1980, 28(6): 1313-1315.
- [17] FICCO D B M, RIEFOLO C, NICASTRO G, et al. Phytate and mineral elements concentration in a collection of Italian durum wheat cultivars[J]. Field Crop Res, 2009, 111(3): 235-242.
- [18] ADLER-NISSEN J. Determination of the degree of hydrolysis of food protein hydrolysates by trinitrobenzenesulfonic acid[J]. J Agr Food Chem, 1979, 27(6): 1256-1262.
- [19] 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(1/2): 248-254.
- [20] DOERKS T, COPLEY R R, SCHULTZ J, et al. Systematic identification of novel protein domain families associated with nuclear functions[J]. Genome Res, 2002, 12(1): 47-56.
- [21] BATUSHANSKY A, TOUBIANA D, FAIT A. Correlation-based network generation, visualization, and analysis as a powerful tool in biological studies: a case study in cancer cell metabolism[J]. Biomed Res Int, 2016, 2016: ID 8313272.
- [22] SHEWRY P R, HALFORD N G. Cereal seed storage proteins: structures, properties and role in grain utilization[J]. J Exp Bot, 2002, 53(370): 947-958.
- [23] G GUENZI W D, MCCALLA T M. Phenolic acids in oats, wheat, sorghum, and corn residues and their phytotoxicity[J]. Agron J, 1966, 58(3): 303-304.
- [24] THOMPSON J, RAITT J, HUTCHINGS L, et al. Angiotensin-converting enzyme genotype and successful ascent to extreme high altitude[J]. High Alt Med Biol, 2007, 8(4): 278-285.