

DOI: 10.11829/j.issn.1001-0629.2018-0680

伍文丹, 雷雄, 赵文达, 杨晓鹏, 熊毅, 熊艳丽, 张新全, 马啸. 饲草型高羊茅引进品种的表型变异分析. 草业科学, 2019, 36(10): 2622-2630.

WU W D, LEI X, ZHAO W D, YANG X P, XIONG Y, XIONG Y L, ZHANG X Q, MA X. Analysis of phenotypic variation of introduced cultivars of tall fescue. Pratacultural Science, 2019, 36(10): 2622-2630.

饲草型高羊茅引进品种的表型变异分析

伍文丹^{1,2}, 雷雄^{1,3}, 赵文达¹, 杨晓鹏¹, 熊毅¹,
熊艳丽¹, 张新全¹, 马啸¹

(1. 四川农业大学动物科技学院, 四川 成都 611130; 2. 四川省草业技术研究推广中心, 四川 成都 610041;
3. 四川省草原科学研究院, 四川 成都 611731)

摘要: 为了丰富我国高羊茅 (*Festuca arundinacea*) 种质资源, 选择优良品种及其育种亲本, 本研究对 19 个引进饲草型高羊茅品种的 14 个表型性状进行了形态性状描述分析、性状间相关分析、主成分分析和聚类分析。结果表明, 1) 观测的 14 个表型性状除茎节数外, 变异系数均大于 10%, 表明品种间差异较大、形态多样性高, 其中单株鲜重变异系数最大, 有利于产草量等性状的选择。2) 各个表型性状间存在复杂的相关性, 主要表现为植株越高大, 产草量性状就越好; 而植株茎秆越粗壮, 生殖性状表现就越好。3) 主成分分析显示植株高度、叶片大小、花序结构、产草量及种子质量是导致饲草型高羊茅表型变异的主要因素。根据主成分分析结果, 除 Fawn 和 Kenwell 外, 17 份高羊茅品种可以分为两大类群, 与基于 UPGMA 法聚类分析的结果一致。两大类中, I 类群适于种子生产, II 类群则适于筛选高产品系或亲本。

关键词: 高羊茅; 表型性状; 主成分分析; 聚类分析

中图分类号: S543.022

文献标志码: A

文章编号: 1001-0629(2019)10-2622-09

Analysis of phenotypic variation of introduced cultivars of tall fescue

WU Wendan^{1,2}, LEI Xiong^{1,3}, ZHAO Wenda¹, YANG Xiaopeng¹, XIONG Yi¹,
XIONG Yanli¹, ZHANG Xinquan¹, MA Xiao¹

(1. College of animal science, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, Sichuan, China;

2. Sichuan Grass industry Technology Research and Promotion Center, Chengdu 610041, Sichuan, China;

3. Sichuan Academy of Grassland Science, Chengdu 611731, Sichuan, China)

Abstract: To enrich the germplasm resources of tall fescue (*Festuca arundinacea*) in China, and select elite varieties and breeding parents, we conducted a series of analyses for 19 introduced cultivars of forage-type tall fescue based on 14 phenotypic traits. The analyses comprised descriptive analysis of morphological traits, correlation analysis between morpho-agronomic characteristics, principal component analysis (PCA) and clustering analysis. The main results were as follows: 1) The coefficients of variation (CV) of most traits were higher than 10%, except for the internode number (IN), which demonstrated great differences and/or high diversity among the studied cultivars, and their benefits to future breeding. Owing to the highest CV found in fresh weight per plant, this character could be used to screen out cultivars with high biomass.

收稿日期: 2018-12-14 接受日期: 2019-02-27

基金项目: 四川省科技厅饲草育种攻关项目 (2016NZ0098G11); 四川省肉牛产业体系创新项目 (2017CXTD02G7); 农业部草品种区试项目 (131821301064071038)

第一作者: 伍文丹 (1992), 男, 四川内江人, 在读硕士生, 主要从事牧草遗传育种研究。E-mail: wuwendandan@163.com

通信作者: 马啸 (1977-), 男, 山东济宁人, 教授, 博士, 主要从事牧草遗传育种研究。E-mail: maroar@126.com

2) There are complex correlations among various morphological traits. The higher the plant, the better the performance of production trait, conversely, the stronger the stem of the plant, the better the reproduction traits. 3) Principal component analysis showed that the plant height, leaf size, inflorescence structure, grass yield and seed quality were the main factors influencing the phenotypic variation of tall fescue. According to the results of principal component analysis, 19 tall fescue cultivars, with the exception of Fawn and Kenwell, could be divided into two groups, which was consistent with the cluster results based on UPGMA method. Of the two groups, cultivars of group I are suitable for seed production, whereas cultivars of group II are suitable for screening high-yield lines or parents.

Keywords: tall fescue; phenotypic traits; principal component analysis; cluster analysis

Corresponding author: MA Xiao E-mail: maroar@126.com

高羊茅 (*Festuca arundinacea*), 又称苇状羊茅, 是世界温带地区广泛生长的主要冷季型多年生草本植物^[1]。其自然种群分布在欧洲、非洲西北部、北美洲、西亚和中亚的温带地区^[2]。相对于多年生黑麦草等其他冷季型禾草, 它具有生长旺盛、对土壤和气候的广泛适应性、对氮肥敏感、高度耐牧性、以及生长季利用时间长等特点^[3]。在全球气候变暖的情况下, 高羊茅相对较强的耐旱性使得它在温带和亚热带之间的过渡性气候带 (包括我国长江中下游地区) 中的栽培需求大大增加^[3-5]。按其功能划分, 高羊茅一般分为饲草型和草坪型两类, 其中饲草型高羊茅的显著特点是叶片粗糙、直立生长和植株高大^[6], 可用作长期放牧草地的优良牧草, 能与其他禾草或豆科牧草混播, 可作为牛、马、羊饲养及作为其他反刍家畜的维持口粮。高羊茅是异花授粉的异源六倍体 ($2n = 6x = 42$), 基因组组成为 PPG1G1G2G2, 具有高度的自交不亲和性^[7]。这些特点使得育种工作通常集中于发展优良综合品种或改良异质群体, 这两种群体都由遗传上具有许多共同特征的独特个体组成^[7]。20 世纪 40 年代以来, 在北美和欧洲地区, 500 多个高羊茅品种得以选育和释放^[8], 其中牧草型高羊茅约有 130 个^[3]。

对种质资源进行详细的形态和农艺性状描述是对其有效利用的前提。由于所有的羊茅属物种具有高度异花授粉和自交不亲和的特点, 在群体内和群体中的个体之间表现出高度的遗传异质性。因此, 一般利用增加群体中有利等位基因频率的方法来进行品种选育, 包括对生态型或育种群体的表型混合选择法及综合品种选育法^[3]。综合品种通常使用半同胞或全同胞家系进行后代测试后从亲本无性系中构建^[9]。由于牧草产量、种子产量、

牧草品质等重要的农艺性状均为数量遗传位点控制, 故而表型评价对于设计有效的选择育种程序非常重要^[9]。利用这些表型数据可以进一步获得关于遗传变异、遗传力、基因型和环境相互、性状相关性和遗传进度预测的信息^[7]。Veronesi 和 Falcinelli^[10] 利用多元分析法基于 12 个表型性状数据描述了意大利高羊茅自然群体间的丰富的表型变异。Chtourou-Ghorbel 等^[11] 发现突尼斯高羊茅自然群体的表型多样性受到基因型和环境互作的强烈影响。Majidi 等^[7] 研究了高羊茅半同胞家系的遗传变异、遗传力及遗传相关性, 发现株高、干草产量具有较高的狭义遗传力。

目前我国登记利用的高羊茅饲草型品种中, 引进品种占据绝大多数, 因此对高羊茅优良种质资源的引进、评价和筛选, 对于选育拥有自主知识产权的优质饲用型高羊茅品种有重大促进作用。本研究将采用简单相关分析、方差分析、主成分分析、聚类分析对引种自美国植物种质资源库 (National Plant Germplasm System of USDA, NPGS) 的 19 份饲草型高羊茅品种的株高、旗叶长宽、茎粗等 14 个表型性状进行考察, 以期对亚热带中高海拔地区筛选优质品种提供支持。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于四川省雅安市四川农业大学基地, 地理坐标 $38^{\circ}08' N$, $103^{\circ}14' E$, 海拔 620 m, 属北亚热带湿润季风气候区。年均气温 $16.2^{\circ}C$, 最冷月 (1 月) 到最热月 (7 月) 之间的均温变化为 6.1 到 $25.3^{\circ}C$, 全年最高气温 $37.7^{\circ}C$, 年降水量 $1\,774.4\text{ mm}$, 年蒸发量 $1\,011.2\text{ mm}$, 相对湿度 79%,

日照时数 1 039.6 h, 无霜期 304 d, > 10 ℃ 年积温 5 231 ℃·d。试验地系白垩灌口组紫色砂页岩风化的堆积物形成的紫色土, 土质黏重, pH 6.5。全量养分 N、P、K 的含量分别为 0.14%、0.25%、2.66%, 速效养分分别为 83.1、25.5、97.2 mg·kg⁻¹。

1.2 试验材料和田间小区

供试高羊茅品种种子来源于美国农业部植物种质库 (NPGS), 共 19 份饲草型高羊茅品种 (表 1)。每份高羊茅品种取 50 粒种子进行发芽, 发芽方法为, 每个品种的单一种子被放在一层滤纸上, 滤纸用

水浸泡在培养皿中。培养皿在 20 ℃ 下置于黑暗中, 直到发芽。发芽后将培养皿转移到光照培养箱中, 设置光周期 14 h, 光照强度 300 μmol·(m²·s)⁻¹, 光周期温度 22 ℃, 暗周期 10 h, 暗周期温度 18 ℃。2015 年 9 月, 将在光照培养箱里发芽并培养两周的参试高羊茅植株通过穴播移栽至田间小区。田间小区采取随机区组设计, 每份高羊茅品种种植 3 个小区, 小区面积为 1.2 m × 1 m, 每小区 12 株, 株行距为 30 cm, 试验期间不施肥, 适时进行除杂和浇水。

表 1 供试高羊茅高羊茅品种
Table 1 Tall fescue cultivars used in this study

品种 Cultivar	材料编号 Accession No.	国家 Country	来源/系谱 Origin/Pedigree	登记年份 Registration date
Kenhy	PI 434051	美国 the United States	来源于 11 份多花黑麦草 × 高羊茅远缘杂交后代的无性系 11 42-chromosome <i>Lolium multiflorum</i> × <i>F. arundinacea</i> clones	1977
Cajun	PI 520749	美国 the United States	来源于品种 AuTriumph Cultivar AuTriumph	1989
Maximize	PI 549115	美国 the United States	来源于法国西南部的生态型品种 Ecotypes from southeast France	1993
Kentucky31	Clho 4677	美国 the United States	来源于肯塔基州牧场的生态型 Ecotype from temperate pasture in Kentucky	1972
Kenwell	PI 574521	美国 the United States	来源于 3 个自交系 Three inbred lines	1968
Alta	PI 600849	美国 the United States	来源于在俄勒冈选育的株系 A 4-year-old plant selection in Oregon.	1945
Fawn	PI 578715	美国 the United States	由 8 个无性系综合而来 Temperate 8-clone synthetic	1974
Martin	PI 586456	美国 the United States	来源于 2 个广义种群的无性系 2 clones from broad based population.	1987
Missouri-96	PI 596701	美国 the United States	来源于 13 个法国种质的无性系 13 clones from France germplasm	1979
Forager	PI 600739	美国 the United States	由 Kenwell, Fawn, Kentucky 31 品种等综合而来 Kenwell, Fawn, Kentucky 31, etc.	1980
Barcel	PI 600869	荷兰 Netherlands	来源于 13 个荷兰无性系 13 temperate clones from Netherlands	1981
Johnstone	PI 601020	美国 the United States	由六倍体材料和 2 个品种 Kenhy 的株系杂交而来 Blend of two strains of Kenhy derivatives and 42-chromosome <i>Lolium</i> sp. × <i>F. arundinacea</i> hybrid clones	1983
Autrionph	PI 601106	美国 the United States	来源于由 12 种基因型组成的开发授粉群体 AF-5 An open pollinated population AF-5 comprised of 12 genotypess	1983
Willamette	PI 601226	美国 the United States	来源于 5 个优良亲本无性系的开放授粉后代 AF-5 an open pollinated progeny of five elite parental clones	1985
Safe	PI 601279	美国 the United States	来源于 5 个优良亲本无性系的开放授粉后代 Open pollination progenies from five superior parent clones	1985
Penngrazer	PI 601508	美国 the United States	由 Kenhy 品种和另 2 份种抗病抗旱种质综合 Synthesis of disease-resistant and drought-resistant germplasms from Kenhy varieties and two other species	1988
Cattleclub	PI 601540	美国 the United States	由 Kentucky 31 种质选育 Breeding from Kentucky 31 germplasm	1988
Carefree	PI 601731	美国 the United States	由 Kentucky 31 种质选育 Breeding from Kentucky 31 Germplasm	1989
Nanryo	PI 639920	美国 the United States	由 Houndog、Rutgers 和 GPTF 等品种的株系综合 Line synthesis of Houndog, Rutgers, and GPTF	2006

1.3 测定指标及方法

2016 – 2017 年的春季，在抽穗开花期和成熟期主要观察测定了 14 个形态和农艺指标 (表 2)。测定时，每份品种的 3 个重复小区各选取 5 个单株，合计 15 株，每个性状同一单株选取相近分蘖枝重复测量 3 次。各性状均为两年度的品种内单株的均值。

1.4 数据分析

获得性状指标数据后，使用 DPS 14.5 软件^[12]计算各个性状指标的平均值 (mean)、最大值 (max.)、最小值 (min.) 和变异系数 (CV, $CV = S/\bar{X}$, 式中, S 为标准差, $\bar{X}$ 为单个性状的平均值)。利用性状指标数据基于 Pearson 相关系数检测对各性状间的相关性和显著性进行评估；综合各个性状进行主成分

分分析 (principal component analysis, PCA): 将各性状的平均值经标准化 (减去平均值再除以标准差) 后用于创建相关系数矩阵，再用于计算和提取能够代表供试样本大部分变异的主成分 (特征向量)；利用 NTSYS 2.21 软件进行基于样本间欧氏距离的 UPGMA 聚类分析^[13]，根据 UPGMA 聚类树矩阵计算其协表征矩阵 (cophenetic matrix)，然后再利用 Genlex 6.5 软件进行 Mantel 检验，以评估聚类结果与 GS 矩阵的符合度^[14]。

2 结果与讨论

2.1 表型性状的描述性分析

在植物育种中，对种质资源各个表型性状进行

表 2 形态性状及测量标准
Table 2 Morphological and agronomic traits and measurement standards

序号 No.	形态性状 Morphological trait	测量标准 Measuring method
1	株高 Plant height (PH)/cm	抽穗期单株最高处至基部的距离 Distance from the highest to the base of a plant at the heading stage
2	旗叶长 Length of flag leaf (LFL)/mm	开花期测量生殖枝旗叶最长处的绝对长度 Measuring the absolute length of the longest flag leaf of reproductive branches at the flowering stage
3	旗叶宽 Width of the flag leaf (WFL)/cm	开花期测量生殖枝旗叶的绝对宽度 Measuring the absolute width of flag leaves of reproductive branches at the flowering stage
4	营养枝数 Vegetative shoot number (VS)	开花期单株的营养枝数 Number of nutritional branches per plant at the flowering stage
5	分蘖数 Tiller number (TN)	每个单株的分蘖数 Number of tillers per plant
6	茎粗 Stem diameter (SD)/mm	花期测量生殖枝的横径 Measuring the transverse diameter of reproductive branches at the flowering stage
7	节间长 Length of first internode (LFI)/cm	开花期生殖枝节间的平均长度 Average length of reproductive branches at the flowering stage
8	节数 Number of internode	开花期生殖枝节数 Number of reproductive branches at the flowering stage
9	单株鲜重 Fresh matter yield per plant (FMY)/g	抽穗期单株地上部分鲜重 Fresh weight above-ground part of a single plant
10	单株干重 Dry matter yield per plant (DMY)/g	抽穗期单株地上部分干重 Dry weight of above-ground part of a single plant
11	千粒重 Thousand kernel weight (TKY)/g	单株收获的种子的千粒重 1000-grain weight of seeds harvested per plant
12	花序长 Panicle length (PL)/cm	开花期生殖枝上圆锥花序的长度 Length of panicles on reproductive branches at anthesis
13	小穗数 Spikelets number (SN)	乳熟期穗轴上着生的小穗总数 Total number of spikelets on the spikelet axis at the milky stage
14	小花数 Florets per spikelet number (FN)	乳熟期观测每个小穗所含小花数目 Observation of the number of florets per spikelet at the milky stage

变异系数统计评价是至关重要一步^[15-16]，在育种工作中，各种质资源形态性状的变异系数越高，种质资源群体的变异潜力就越大，也越能筛选出优良品种。Lou 等^[17]选取 31 份美国高羊茅品种形态性状综合评价表明，美国高羊茅种质资源形态性状的变异较高。本研究对 19 份饲草型高羊茅品种的 14 个性状指标的统计分析结果显示(表 3)，各性状指标在品种间变异系数的变化范围为 9.1%~46.9%，所有性状变异系数平均值为 23.45%，变异系数依次为节数 < 株高 < 茎粗 < 小穗数 < 千粒重 <

花序长 < 旗叶长 < 小花数 < 节间长 < 旗叶宽 < 单株干重 < 分蘖数 < 营养枝数 < 单株鲜重。一般认为，当样本间有明显差异时，性状变异系数 > 10%^[18]，而 14 个性状指标变异系数中只有节数小于 10%，说明参试品种间各个性状差异明显，类型丰富，有利于高羊茅品种的比较和筛选。此外，参试品种的单株鲜重(CV = 46.9%)和营养枝(CV = 45.3%)的变异系数最大，表明参试品种在产草量性状上具有很高潜力，有利于选择高产品种及用于高产育种的亲本材料^[19]。

表 3 参试高羊茅品种表型性状数据统计
Table 3 Descriptive statistics for 14 phenotypic traits of studied tall fescue cultivars

品种 Cultivar	株高 PH/cm	旗叶长 LFL/cm	旗叶宽 WFL/mm	营养枝数 VS	分蘖数 TN	茎粗 SD/mm	节间长 LFI/mm	节数 NI	单株鲜重 FMY/kg	单株干重 DMY/kg	花序长 PL/mm	小穗数 SN	小花数 FN	千粒重 TKW/g
Fawn	89.10	19.20	5.09	25.67	29.67	3.02	47.07	2.67	0.175	0.070	6.333	27.13	76.00	1.73
Barcel	87.83	21.16	9.88	109.67	114.67	4.55	52.53	3.00	0.310	0.100	5.667	33.40	124.33	2.01
Alta	77.57	21.57	7.79	80.67	90.00	3.64	74.61	2.00	0.155	0.070	6.000	27.57	109.33	1.89
Kenhy	101.57	22.17	8.41	64.00	76.33	4.07	55.77	3.00	0.465	0.148	9.667	30.63	148.00	1.88
Carefree	108.33	27.67	9.66	67.33	74.00	3.54	93.57	3.00	0.335	0.120	6.667	30.90	95.00	1.95
Safe	78.70	20.83	10.8	68.00	78.67	4.17	58.57	2.67	0.255	0.085	6.333	36.27	129.33	2.21
Penngrazer	69.37	17.27	9.15	45.33	51.00	4.35	89.07	3.00	0.115	0.065	6.333	29.83	127.00	2.12
Cajun	97.40	26.70	5.36	71.33	79.33	3.62	84.82	2.33	0.335	0.100	8.000	28.63	83.67	2.09
Martin	80.23	20.24	9.11	29.33	39.00	4.41	42.20	3.00	0.215	0.080	7.333	32.53	121.67	1.76
Willamette	84.70	20.24	3.87	41.33	46.00	3.30	57.04	2.67	0.135	0.060	6.667	21.03	109.67	1.92
Nanryo	89.27	16.97	8.15	45.33	51.00	4.87	69.10	3.00	0.140	0.052	7.000	31.63	135.33	1.84
Missouri-96	93.93	18.43	3.34	25.33	51.00	3.85	96.56	2.67	0.140	0.060	9.333	24.47	107.00	2.13
Maximize	91.23	19.60	5.19	64.67	74.67	3.16	92.63	2.67	0.115	0.065	7.667	23.50	61.33	2.03
Cattleclub	99.13	29.22	5.90	20.00	40.33	3.72	88.88	2.67	0.160	0.060	8.000	30.53	121.00	1.98
Johnstone	96.17	31.77	5.85	20.33	64.00	3.21	100.99	2.67	0.300	0.110	7.000	26.50	107.00	1.89
Kenwell	87.93	27.57	6.89	88.67	96.00	4.17	83.00	2.67	0.155	0.085	7.333	29.50	172.00	1.20
Autrionph	92.87	22.80	8.44	92.00	99.33	4.05	76.85	2.67	0.275	0.100	5.333	25.33	84.67	2.19
Forager	69.27	15.37	6.91	59.67	61.00	4.26	63.13	2.67	0.105	0.045	6.000	23.57	116.67	1.93
Kentucky31	93.10	23.23	8.64	93.00	97.67	4.14	72.13	2.67	0.110	0.070	7.667	28.93	109.00	2.85
平均 Mean	88.83	22.21	7.29	58.51	69.14	3.90	73.61	2.72	0.210	0.081	7.070	28.52	112.53	1.98
最小值 Min	69.27	15.37	3.34	20.00	29.67	3.02	42.20	2.00	0.105	0.045	5.333	21.03	61.33	1.20
最大值 Max	108.33	31.77	10.87	109.67	114.67	4.87	100.99	3.00	0.465	0.148	9.667	36.27	172.00	2.85
标准差 Sd	10.07	4.36	2.08	26.50	23.13	0.50	17.50	0.25	0.10	0.03	1.12	3.74	25.22	0.30
变异系数 CV	11.3%	19.6%	28.5%	45.3%	33.5%	12.7%	23.8%	9.1%	46.9%	31.3%	15.8%	13.1%	22.4%	15.0%

植株形态性状指标间往往具有复杂相关性，了解表型性状指标间的相关性有助于评价高羊茅种质^[20]。利用 Pearson 系数对 19 份引进饲草型高羊茅品种的表型性状进行相关分析，发现各性状间存在显著相关性(表 4)。其中，株高与旗叶长($r = 0.645, P < 0.01$)、单株干重($r = 0.578, P < 0.01$)极显著正相关，与单株鲜重($r = 0.551, P < 0.05$)显著正相关，而与茎粗和小花数则负相关，这在其他禾本科类植物，如水稻(*Oryza sativa*)^[21]、多花黑麦草(*Lolium multiflorum*)^[19]上有相似结果。旗叶长与单株干重($r = 0.524, P < 0.05$)和节间长($r = 0.468, P < 0.01$)显著正相关，与茎粗较为明显的负相关。旗叶宽与茎粗($r = 0.625, P < 0.01$)、小穗数($r = 0.771, P < 0.01$)极显著正相关，与营养枝数($r = 0.499, P < 0.05$)显著正相关。营养枝数与分蘖数($r = 0.934, P < 0.01$)极显著正相关。茎粗与小穗数($r = 0.550, P < 0.05$)和小花数($r = 0.646, P < 0.01$)分别显著正相关与极显著正相关。结果表明，植株越高大，旗叶越长，产草量性状就表现越好；植株茎秆越粗壮，旗叶越宽，生殖性状就表现越好，同时，株高与茎粗呈现一定程度的负相关($r = -0.345$)，这与 Chtourou-Ghorbel 等^[11]对 35 份突尼斯地区高羊茅进

行农艺评价的结果相似。

2.2 主成分分析与聚类分析

利用主成分分析法分析 19 份参试品种 14 个性状指标并提取主成分，提取标准为特征值大于 1^[22]，结果表明前 5 个主成分累计贡献率已达到 82.7%(表 5)，因此测定的 14 个性状指标的总信息量可以由这 5 个主成分概括。其中，第 1 个主要成分的贡献率为 27.44%，特征值为 3.84，表现明显的性状是旗叶宽、小穗数和单株干重；第 3 个主要成分的贡献率为 23.11%，特征值为 3.24，表现明显的性状是株高、旗叶长和单株干重；第 3 个主成分的贡献率为 15.26%，特征值为 2.14，表现明显的性状是节数、花序长和小花数；第 4 个主要成分的贡献率为 8.71%，特征值为 1.22，表现明显的性状是千粒重和节数；第 5 个主成分的贡献率为 8.17%，特征值为 1.14，表现明显的性状是节间长、花序长和千粒重。5 个主成分综合来看，代表和反映了参试品种的植株高矮、叶片大小、花序结构、产草量及种子质量等特征，是造成参试品种形态变异的主要因素，可以利用这 5 个主成分对 19 份参试品种进行综合评价。此外，第一主成分和第二主成分的二维图(图 1)反映了参试品种的分组模式，本

表 4 各表型性状间的简单相关分析
Table 4 Bivariate correlation analysis of 14 phenotypic traits

性状 Trait	株高 PH	旗叶长 LFL	旗叶宽 WFL	营养枝数 VS	分蘖数 TN	茎粗 SD	节间长 LFI	节数 NI	单株鲜重 FMY	单株干重 DMY	花序长 PL	小穗数 SN	小花数 FN	千粒重 TKW
PH	1.000													
LFL	0.645**	1.000												
WFL	-0.177	-0.048	1.000											
VS	-0.016	0.015	0.499*	1.000										
TN	0.125	0.238	0.435	0.934**	1.000									
SD	-0.345	-0.366	0.625**	0.328	0.239	1.000								
LFI	0.350	0.468*	-0.302	-0.113	0.089	-0.300	1.000							
NI	0.123	-0.179	0.391	-0.128	-0.187	0.453	-0.212	1.000						
FMY	0.551*	0.436	0.323	0.203	0.316	-0.025	-0.104	0.214	1.000					
DMY	0.578**	0.524*	0.350	0.289	0.422	-0.084	0.007	0.223	0.945**	1.000				
PL	0.496*	0.169	-0.383	-0.322	-0.215	-0.094	0.230	0.092	0.193	0.203	1.000			
SN	0.044	0.153	0.771**	0.196	0.189	0.550*	-0.266	0.367	0.388	0.337	-0.023	1.000		
FN	-0.207	0.037	0.362	0.106	0.116	0.646**	-0.197	0.312	0.065	0.101	0.164	0.475*	1.000	
TKW	0.061	-0.122	0.182	0.202	0.218	0.060	0.102	-0.058	-0.066	-0.074	0.028	-0.005	-0.378	1.000

*, $P < 0.05$; **, $P < 0.01$.

表 5 主成分分析结果汇总
Table 5 Summary of principal component analysis for studied tall fescue cultivars

性状 Trait	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
株高 PH	0.058 6	0.483 4	0.098 0	0.171 3	0.102 0
旗叶长 LFL	0.082 6	0.438 2	-0.008 6	-0.296 6	0.077 8
旗叶宽 WFL	0.439 0	-0.159 9	-0.061 9	0.133 9	-0.034 3
营养枝数 VS	0.314 1	-0.023 4	-0.472 0	-0.106 8	0.060 0
分蘖数 TN	0.313 9	0.096 7	-0.466 8	-0.161 4	0.149 0
茎粗 SN	0.317 8	-0.327 3	0.111 6	0.001 7	0.342 3
节间长 LFI	-0.148 5	0.278 4	-0.115 5	-0.138 0	0.529 1
节数 NI	0.213 2	-0.086 5	0.405 3	0.336 9	0.022 5
单株鲜重 FMY	0.313 0	0.340 0	0.102 5	0.111 0	-0.312 7
单株干重 DMY	0.322 3	0.373 1	0.055 1	0.043 0	-0.242 1
花序长 PL	-0.062 7	0.252 6	0.345 2	0.108 4	0.440 9
小穗数 SN	0.395 7	-0.058 3	0.188 6	0.037 9	0.060 2
小花数 FN	0.262 1	-0.157 2	0.306 4	-0.463 1	0.288 8
千粒重 1 000-KW	0.017 3	-0.002 8	-0.305 9	0.673 0	0.348 1
特征值 Eigenvalue	3.841 7	3.235 8	2.136 9	1.219 9	1.143 2
贡献率					
Percentage of variance explained	0.274 4	0.231 1	0.152 6	0.087 1	0.081 7
累计贡献率					
Cumulative percentage of variance explained	0.274 4	0.505 5	0.658 2	0.745 3	0.827 0

研究发现 19 份参试品种除 Fawn 和 Kenwell 外可以被分成两类。

应用类平均法 UPGMA 将 19 份引进饲草型高羊茅的 14 个形态性状指标进行聚类分析，并建立

聚类树状图。结果表明，19 份品种间欧氏遗传距离变幅为 19.9~137.6，在欧氏遗传距离取平均值为 65.9 时，19 个参试品种除 Fawn 和 Kenwell 外可被分为两大类，分类结果与主成分分析得到的分类结果一致(图 1)：类群 I 包含 Kenhy、Safe、Forager、Penngrazer、Nanryo、Martin、Willamet、Missouri-96、Johnstone、Cattleclub 共 10 种品种，类群 II 包含 Barcel、Alta、Kentucky31、Autrump、Carefree、Cajun、Maximize 共 7 个种品种。基于聚类树状图矩阵计算的协表征矩阵 (Cophenetic matrix) 与基于 14 个形态指标计算的欧式距离矩阵之间的 Mantel 检验显示两者显著正相关 ($r^2 = 0.490\ 9$, $P = 0.01$)，表明聚类结果与欧氏距离矩阵的符合度较高(图 2)。

对类群 I 和类群 II 品种的各性状指标进行 t 检验(表 6)，结果发现只有营养枝数、分蘖数和小花数差异极显著 ($P < 0.01$)。其中，类群 II 品种的营养枝数和分蘖数性状的表现远优于类群 I 品种，表明类群 II 品种无性扩繁的能力优于类群 I 品种；小花数属于植物生殖性状，在小花数性状的表现上，类群 I 品种表现更好，表明类群 I 品种可能在种子繁育方面更有优势。品种 Fawn 和 Kenwell 在聚类结果中各自独立出来，Fawn 品种的特点为叶片较小，分蘖数、小穗数、小花数以及千粒重均低，表明它产草量小，种子繁育能力也低，在西南农区表现较差；品种 Kenwell 叶片狭长，分蘖旺盛，小穗数与小花数均比较高，但千粒重表现差。

两个类群间的部分性状的显著差异说明聚类结果可以一定程度上反映参试品种的特点及表型差

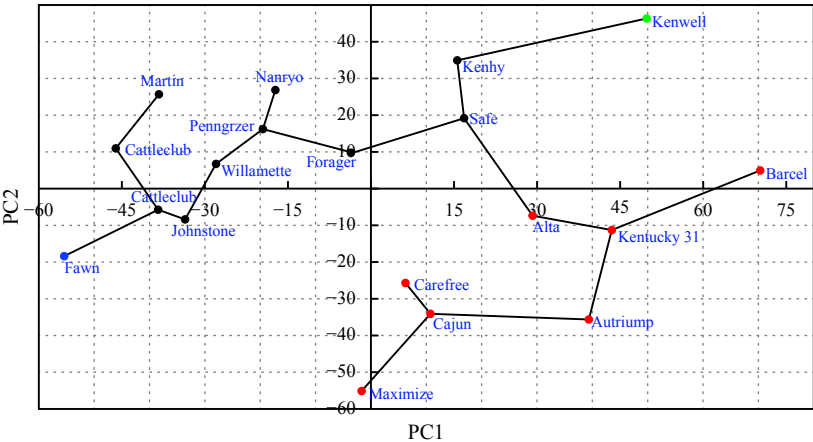


图 1 基于表型性状的高羊茅品种的主成分得分二维图
Figure 1 Principal component score plot of 19 tall fescue cultivars by 14 phenotypic descriptors

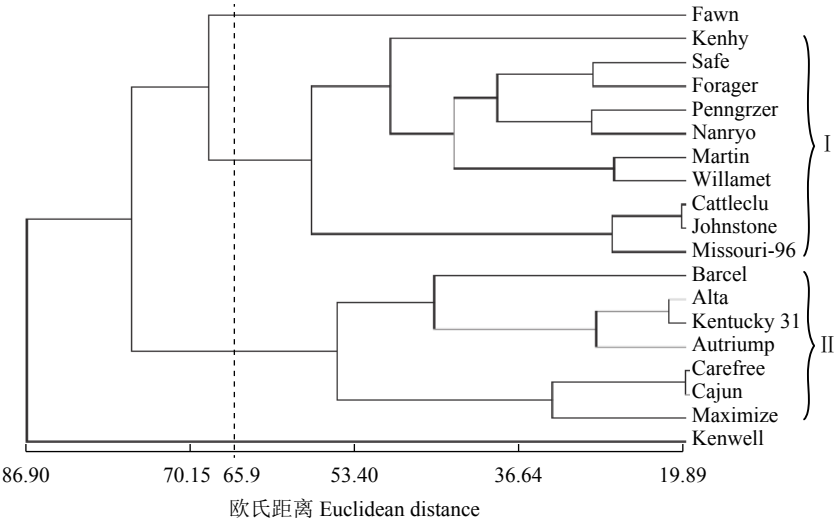


图 2 基于表型性状的参试高羊茅品种的聚类分析

Figure 2 Clustering Analysis of studied tall fescue cultivars based on phenotypic traits

表 6 利用 *t* 检验比较参试高羊茅品种两个类群的性状值

Table 6 Comparison of the character values of two groups of tall fescue cultivars by *T*-test

性状 Trait	类群 I 平均值 The average value of Group I	类群 II 平均值 The average value of Group II
株高 PH/cm	86.23 ± 11.12	92.03 ± 7.80
旗叶长 LFL/mm	21.25 ± 5.04	23.79 ± 3.11
旗叶宽 WFL/mm	7.15 ± 2.29	7.73 ± 1.78
营养枝数 NFB	41.87 ± 16.99	83.42 ± 22.63**
分蘖数 TN	55.83 ± 13.14	90.71 ± 22.86**
茎粗 SN/mm	4.02 ± 0.49	3.86 ± 0.47
节间长 LFI/mm	72.13 ± 19.14	78.77 ± 15.32
节数 NI	2.80 ± 0.16	2.63 ± 0.29
单株鲜重 FMY/kg	0.20 ± 0.11	0.22 ± 0.09
单株干重 DMY/kg	0.08 ± 0.03	0.09 ± 0.02
花序长 PL/mm	7.37 ± 1.20	6.79 ± 0.91
小穗数 SN	28.70 ± 4.44	28.47 ± 2.76
小花数 FN	122.28 ± 12.50	104.92 ± 30.76**
千粒重 1 000-kw/g	1.97 ± 0.14	2.03 ± 0.41

** 表示在0.01水平上某性状在两个类群间差异显著。

** indicate significant difference was found between two groups for a trait at the 0.01 level.

异，但是大部分性状在两个类群间并无显著差异，这与表型数量性状数量较少、易受环境影响有关，加上人工选育绝大多数为直立、高产等方向上的选择育种，导致供试品种的形态差异较小。另外，高羊茅为典型的异花授粉植物且自交不亲和^[7]，各品种群体间遗传相似性较高也可能是导致表型差异较小的原因。因此，一方面需要继续扩大参评参试种质数量，进行多年多点的评价，另一方面还要结合生理代谢、分子标记等方面的研究，对饲草型高羊茅种质资源进行更全面精准的筛选鉴定和育种潜力评估。

3 结论

丰富的牧草种质资源是选育优质牧草的重要条件。本研究中，参试的 19 份引进饲草型高羊茅品种在部分表型性状上表现出丰富的变异，有利于新品种的筛选与培育。遗传变异最大的两个性状指标分别是单株鲜重与营养枝，可以在饲草型高羊茅选育中考虑将这两者作为主要目的性状进行筛选评价。参试品种可分为两大类，II 类群内 10 份品种具有分蘖旺盛、营养枝数多等特点，I 类群内 7 份品种小花数更多，则更适用于种子生产。

参考文献 References:

[1] SLEPER D. Breeding tall fescue. Plant Breeding Reviews, 1985(3): 313-342.

[2] ČERNOCH V, NAŠINEC I, ŠRÁMEK P. Share of grasslands on landscape forming in the czech republic. Czech Journal of

- Genetics and Plant Breeding, 2003, 39(Special issue): 158-162.
- [3] ROGNLI O A, SAHA M C, BHAMIDIMARRI S, VAN DER HEIJDEN S. Fodder Crops and Amenity Grasses. Springer, 2010: 106-117.
- [4] 吴佳海, 牟琼, 唐成斌, 尚以顺, 莫本田, 瓦庆荣. 牧草新品种黔草 1 号高羊茅的选育. *贵州农业科学*, 2006, 34(4): 75-79.
WU J H, MOU Q, TANG C B, SHANG Y S, MO B T, WA Q R. Breeding of Qiancao 1. A new *Festuca arundinacea* varity. *Guizhou Agricultural Science*, 2006, 34(4): 75-79.
- [5] 牟琼, 唐成斌, 吴佳海, 莫本田, 王小利, 刘正书. 贵州省高羊茅选育利用现状及展望. *种子*, 2008, 27(4): 44-48.
MOU Q, TANG C B, WU J H, MO B T, WANG X L, LIU Z S. Utilization actuality of breeding and prospect of *Festuca arundinacea* in Guizho. *Seed*, 2008, 27(4): 44-48.
- [6] SLEPER D, BUCKNER R. The fescues. Forages, 1995(1): 345-356.
- [7] MAJIDI M M, MIRLOHI A, AMINI F. Genetic variation, heritability and correlations of agro-morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *Euphytica*, 2009, 167(3): 323-331.
- [8] SLEPER D, WEST C. Tall fescue. Cool, 1996: 471-502.
- [9] CASLER M D, BRUMMER E C. Theoretical expected genetic gains for among-and-within-family selection methods in perennial forage crops. *Crop Science*, 2008, 48(3): 890-902.
- [10] VERONESI F, FALCINELLI M. Evaluation of an italian germplasm collection of *Festuca arundinacea* schreb. Through a multivariate analysis. *Euphytica*, 1988, 38(3): 211-220.
- [11] CHTOUROU-GHORBEL N, CHAKROUN M, ELAZREG H, TRIFI-FARAH N. Agronomic evaluation and genetic variation of tunisian tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). *International Journal of Agronomy*, 2011, doi:10.1155/2011/349240.
- [12] 雷志刚, 王业建, 梁晓玲, 赵海菊, 闰秀香, 阿布来提, 韩登旭, 杨杰, 李铭东, 郝浩江. 16 个青贮玉米品种农艺性状与产量的通径分析. *草食家畜*, 2016(4): 43-49.
LEI Z G, WANG Y J, LIANG X L, ZHAO J X, RUN X X, Abulaiti, HAN D X, YANG J, LI M D, XI H J. Path analysis of agronomic characters and yield of 16 silage maize varieties. *Grass-feeding Livestock*, 2016(4): 43-49.
- [13] MWADZINGENI L, SHIMELIS H, DUBE E, LAING M D, TSILO T J. Breeding wheat for drought toleranc: progress and technologies. *Journal of Integrative Agriculture*, 2016, 15(5): 935-943.
- [14] SMOUSE P E, WHITEHEAD M R, ROD P. An informational diversity framework, illustrated with sexually deceptive orchids in early stages of speciation. *Molecular Ecology Resources*, 2015, 15(6): 1375-1384.
- [15] SJM G, RANDHAWA G J, BISHT I S, FIRKE P K, SINGH A K, ABRAHAM Z, DHILLON B S. Morpho-agronomic and simple sequence repeat-based diversity in colored rice (*Oryza sativa*) germplasm from peninsular india. *Genetic Resources & Crop Evolution*, 2012, 59(2): 179-189.
- [16] SMITH S E, ALDOSS A, WARBURTON M. Morphological and agronomic variation in north african and arabian alfalfas. *Crop Science*, 1991, 31(5): 1159-1163.
- [17] LOU Y, CHEN L, XU Q, ZHANG X. Genotypic variation of morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinacea*) Schreb.) accessions. *Hortscience*, 2015, 50(4): 512-516.
- [18] 聂石辉, 彭琳, 王仙, 季良. 鹰嘴豆种质资源农艺性状遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(1): 64-70.
LEI S H, PENG L, WANG X, JI L. Gentic diversity of agronomic traits in Chickpea(*Cier arietinum* L.) germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, 16(1): 64-70.
- [19] 孙铭, 符开欣, 范彦, 张新全, 张成林, 郭志慧, 汪霞, 马嘯. 15 份多花黑麦草优良引进种质的表型变异分析. *植物遗传资源学报*, 2016, 17(4): 655-662.
SUN M, FU K X, FAN Y, ZHANG X Q, ZHANG C L, GUO Z H, WANG X, MA X. Analysis of phenotypic variations in 15 introduced elite germplasm of *Lolium multiflorum* Lam. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(4): 655-662.
- [20] SKINNER D Z, BAUCHAN G R, AURICHT G, HUGHES S. A method for the efficient management and utilization of large germplasm collections. *Crop Science*, 1999, 39(4): 1237-1242.
- [21] 丁安明, 李君, 崔法, 赵春华, 马航运, 王洪刚. 小麦关联 RIL 群体产量性状与品质性状的相关分析. *麦类作物学报*, 2011, 31(3): 480-486.
DING A M, JUN L I, CUI F, ZHAO C H, HANG-YUN M A, WANG H G. Correlation analysis on yield related traits and quality traits of wheat using two associated RIL populations. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 31(3): 480-486.
- [22] 刘春荣, 张国新, 王春萍. 主成分分析及隶属函数法综合评价玉米苗期耐盐性. *安徽农业科学*, 2015, 43(28): 13-14.
LIU C R, ZHANG G X, WANG C P. Principal component analysis and membership function method to evaluate salt tolerance in seedling stage of corn. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2015, 43(28): 13-14.

(责任编辑 苟燕妮)