

DOI: 10.11686/cyxb2020487

<http://cyxb.magtech.com.cn>

王朋磊, 剡转转, 高莉娟, 等. 白花草木樨第二次轮回选择半同胞家系农艺性状的遗传变异分析. 草业学报, 2022, 31(1): 238—245.

WANG Peng-lei, YAN Zhuan-zhuan, GAO Li-juan, *et al.* Analysis of genetic variation in agronomic traits of half-sib families of *Melilotus albus* in the second generation of recurrent selection. Acta Prataculturae Sinica, 2022, 31(1): 238—245.

白花草木樨第二次轮回选择半同胞家系 农艺性状的遗传变异分析

王朋磊, 剡转转, 高莉娟, 马倩, 宗西方, 王升升, 张吉宇*

(兰州大学草地农业生态系统国家重点实验室, 兰州大学农业农村部草牧业创新重点实验室, 兰州大学草地农业科技学院, 甘肃 兰州 730020)

摘要:为了选育出优质、高产、低香豆素的白花草木樨新品种,在前期完成第一次轮回选择的基础上,开展了25份白花草木樨半同胞家系的第二次轮回选择,在甘肃省榆中县和临泽县进行产量、品质、香豆素含量等农艺性状评价。方差分析结果表明半同胞家系间株高、干重、纤维、香豆素含量等性状具有显著的基因型变异($P < 0.05$),且干重、株高、茎粗等性状在两地点间存在显著的基因型与环境互作($P < 0.05$),根据基因型方差预测干重与株高的遗传增益增加百分比分别为4.3%和2.6%。相关性分析表明,茎粗与干重、株高有极显著($P < 0.01$)的正相关关系,粗蛋白与中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维有极显著的负相关关系。主成分分析反映出各农艺性状间的关系和25份半同胞家系在各性状上的表现,聚类分析将25份家系分为4个组,其中第4组具有较高的干重、粗蛋白和最低的香豆素含量。通过对25份半同胞家系的第二次评价将为白花草木樨新品系选育奠定基础。

关键词:白花草木樨;第二次轮回选择;半同胞家系;低香豆素;基因型与环境互作;遗传增益

Analysis of genetic variation in agronomic traits of half-sib families of *Melilotus albus* in the second generation of recurrent selection

WANG Peng-lei, YAN Zhuan-zhuan, GAO Li-juan, MA Qian, ZONG Xi-fang, WANG Sheng-sheng, ZHANG Ji-yu*

State Key Laboratory of Grassland Agro-ecosystems, Key Laboratory of Grassland Livestock Industry Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Lanzhou 730020, China

Abstract: This research formed part of a program to breed a new cultivar of *Melilotus albus* with high quality, high yield and low coumarin content. In pursuit of this goal, we conducted a second recurrent selection at two sites, of 25 half-sib families of *M. albus*, on the basis of the first recurrent selection. Significant genotypic variation ($P < 0.05$) between half-sib families were found for plant height, dry weight, fiber content and coumarin content, and there were significant genotype $\times$ environment interactions ($P < 0.05$) between the two locations for most traits, including dry weight, plant height and stem diameter. The predicted genetic gain of dry weight and plant height traits were 4.3% and 2.6%, respectively, based on genotypic variance. The correlation analysis showed that the stem diameter was significantly positively correlated with dry weight and plant height ($P < 0.01$), and the crude protein concentration was significantly negatively correlated with neutral detergent fiber and acid detergent fiber levels ($P <$

收稿日期:2020-10-28;改回日期:2020-12-24

基金项目:国家自然科学基金-国际(地区)合作与交流项目(32061143035)和甘肃省科技重大专项计划课题(19ZD2NA002)资助。

作者简介:王朋磊(1992-),男,河南周口人,硕士。E-mail: wangpl18@lzu.edu.cn

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: zhangjy@lzu.edu.cn

0.01)。Principal component analysis was used to show the relationship among agronomic traits and the performance of the half-sib families. The 25 half-sib families were divided into four groups by cluster analysis. Among these four groups, the third group had relatively high dry weight and crude protein, as well as lowest coumarin content. This second recurrent selection of 25 half-sib families will provide useful germplasm for breeding new lines of *M. albus*.

Key words: *Melilotus albus*; recurrent selection; half-sib family; low coumarin content; genotype-by-environment interaction; genetic gain

随着人们对饮食水平的提高,畜牧业对牧草饲料的产量及品质也要求更高^[1],但一些地区生境条件残酷不适合抗逆性差的牧草生长,无法产出足够的牧草,导致“人畜共粮”的现象严重影响畜牧业的发展^[1-2]。草木樨为一年生或两年生豆科草本植物^[1],常见栽培种为白花草木樨(*Melilotus albus*)和黄花草木樨(*Melilotus officinalis*),白花草木樨的适应性广泛,在酸碱和贫瘠的土壤均能生长;含蛋白丰富可用于饲喂家畜^[3-4];固氮能力强,是良好的绿肥^[5-6],可与农作物轮作以增加产量^[7];花期时间长,是良好的蜜源植物;其根系发达、植株高大,具有防风固沙、保持水土的作用^[4]。

目前我国对豆科牧草饲料的利用主要集中在紫花苜蓿(*Medicago sativa*)、红豆草(*Onobrychis viciaefolia*)等植物,对草木樨利用较少,主要因为草木樨含有较高的香豆素。香豆素在霉菌的作用下转化为双香豆素,严重影响了草木樨的适口性而且家畜摄入过多后会出现败血症等症状^[2, 8-9]。而对于草木樨中香豆素的研究主要在分子方面,如分子标记,基因功能验证等^[10-12];且国内外对于草木樨的育种工作主要集中在产量、耐盐性等方面^[13],所以对于草木樨香豆素含量的研究十分滞后,国内尚无育成低香豆素的草木樨品种。为了提高草木樨的饲用价值,缓解当前的饲草短缺问题,促进草牧业的发展,培育出优质高产的草木樨新品种十分必要^[2]。

自2011年以来,兰州大学草地农业科技学院在甘肃省榆中县和临泽县完成了从美国国家植物种质资源库(National Plant Germplasm System, NPGS)^[14-15]引进的50份白花草木樨种质资源评价,并选择出4份白花草木樨优良种质作为亲本材料,通过自由杂交方式创制出25份半同胞家系。骆凯^[14]及Luo等^[16]于2014年开展了第一次轮回选择,对半同胞家系进行产量、香豆素含量等6个指标的综合评价。要想育成稳定的新品种,有必要开展多次轮回选择。因此,本研究将对白花草木樨开展第二次轮回选择,对25份半同胞家系在榆中和临泽两个试验地点连续开展两年的评价,测定指标包括产量、品质和香豆素含量等12个农艺性状,并分析农艺性状的遗传变异,为进一步选育高产、优质新品系奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料与设计

试验材料为白花草木樨第二次轮回选择的25份半同胞家系^[16]。试验于2018、2019年在甘肃省临泽县兰州大学草地农业试验站(100°02' E, 39°15' N)和榆中县试验田进行(104°09' E, 35°57' N)^[14]。试验采用完全随机区组设计,试验材料分别在两个试验点设置3个重复,每个重复保苗25株。

1.2 测定性状及方法

株高(plant height, PH)、茎粗(stem diameter, SD)、干重(dry weight, DW)、叶茎比(leaf: stem ratio, LSR)、分枝数(stem number, SN)、白粉病感病等级(powdery mildew rate, PM)、酸性洗涤纤维(acid detergent fiber, ADF)、中性洗涤纤维(neutral detergent fiber, NDF)、酸性洗涤木质素(acid detergent lignin, ADL)、酸不溶性灰分(acid-insoluble ash, AIA)根据Luo等^[16]的方法测定;采用凯氏定氮法测定粗蛋白(crude protein, CP)^[17]含量;使用安捷伦1100型高效液相色谱仪(Agilent 1100, 美国)测定香豆素(coumarin, Cou)^[18]含量。每个重复随机取3株进行指标测定。

1.3 数据分析

采用Excel 2016整理原始数据,使用专业育种软件DeltaGen进行遗传方差分析、模式分析、表型相关性分析、

狭义遗传力、遗传增益等分析,具体操作参见马甜甜等^[19]和Jahufer等^[20]的方法。

使用DeltaGen^[19-20]软件中的Reml混合线性模型对半同胞家系进行遗传方差分析,模型表示为:

$$Y_{ijk} = M + g_i + l_j + r_{jk} + (gl)_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

式中: Y_{ijk} 表示性状的观测值; M 为平均值; g_i 为不同半同胞家系的基因型效应; l_j 为不同试验地点的固定效应; r_{jk} 为不同重复间的随机效应; $(gl)_{ij}$ 为地点与基因型的互作效应; ϵ_{ijk} 为总的残差效应^[14]。

使用DeltaGen软件进行以两试验点间25份半同胞家系各个性状的BLUP值为基础的主成分分析和聚类分析相结合的模式分析^[21],图像化地表示各家系和性状的关系^[14]。亲本将性状传递给子代的能力及程度可用遗传力和遗传增益表示,其相关公式参考Luo等^[16, 22]的方法。

2 结果与分析

2.1 方差分析

25份F₂代白花草木樨半同胞家系在榆中和临泽两地区各性状平均值和变化范围及狭义遗传力如表1~2所示,结果表明试验材料有较大的表型差异。榆中地区白花草木樨的株高和干重的范围分别为70~120 cm、34.3~145.0 g·plant⁻¹,临泽地区株高和干重分别为109~158 cm、44.1~224.7 g·plant⁻¹。榆中地区的各性状遗传力范围为0.34~0.81,干重、株高、茎粗的遗传力分别为0.71、0.73、0.71;临泽地区各性状遗传力范围为0.43~0.86,干重、粗蛋白、香豆素含量的遗传力分别为0.73、0.43、0.70。

表1 榆中地区白花草木樨半同胞家系各性状基因型方差组分

Table 1 The genotypic variance component of half-sib families traits of *M. albus* at Yuzhong

性状 Trait	株高 PH (cm)	干重 DW (g·plant ⁻¹)	茎粗 SD (mm)	分枝数 SN (No.)	白粉病感病等级 PM	叶茎比 LSR
平均值 Average	92	86.4	9.0	4.3	1.1	0.8
最大值 Maximum	120	145.0	12.0	7.0	4.0	1.3
最小值 Minimum	70	34.3	6.0	2.8	1.0	0.6
σ_g^2	88±35	417±201	1.15±0.47	ns	ns	0.008±0.004
σ_e^2	499±39	2099±232	6.93±0.55	2.21±0.22	0.090±0.007	0.042±0.005
H	0.73	0.71	0.71	0.38	0.34	0.81

注: ns表示差异不显著($P>0.05$); PH: 株高; DW: 干重; SD: 茎粗; SN: 分枝数; PM: 白粉病感病等级; LSR: 叶茎比; σ_g^2 : 基因型方差; σ_e^2 : 误差方差; H : 遗传力, 下同。

Note: ns indicates no significant ($P>0.05$); PH: Plant height; DW: Dry weight; SD: Stem diameter; SN: Stem number; PM: Powdery mildew rate; LSR: Leaf: stem ratio; σ_g^2 : Genotype variance; σ_e^2 : Error variance; H : Heritability, the same below.

方差分析表明,榆中地区白花草木樨的株高、干重、茎粗、叶茎比表现出显著的基因型变异($P<0.05$),白粉病感病等级和分枝数在各半同胞家系间没有表现出显著差异(表1);临泽地区所有产量性状表现出显著的基因型差异,品质性状中除酸不溶性灰分和粗蛋白,其余各性状表现出显著的基因型差异($P<0.05$)(表2)。从榆中—临泽两地区联合分析(表3)可以看出,除分枝数以外,其他各产量性状存在基因型×环境显著互作($P<0.05$)。

2.2 模式分析

根据榆中—临泽两地半同胞家系各性状的BLUP值生成的主成分图(图1)表明干重与粗蛋白呈正相关关系,与香豆素呈负相关关系;香豆素与叶茎比、粗蛋白呈正相关关系。干重与白粉病感病等级呈负相关关系。各性状及家系的主成分分析结果表明第一主成解释释了遗传变异的26.1%,第二主成解释释了遗传变异的20.6%。聚类分析将这25份白花草木樨半同胞家系分为4个组(表4),其中第4组6个成员综合表现最好,其香豆素平均含量最低为0.35%,平均干重最高为106.74 g·plant⁻¹,白粉病感染程度最轻为1.27;第3组的两个成员平均干重最低为59.11 g·plant⁻¹,香豆素含量为0.47%,粗蛋白含量为12.12%,其表现较差。

表 2 临泽地区白花草木樨半同胞家系各性状基因型方差组分

Table 2 The genotypic variance component of half-sib families traits of *M. albus* at Linze

性状 Trait	株高 PH (cm)	干重 DW (g·plant ⁻¹)	茎粗 SD (mm)	分枝数 SN (No.)	白粉病 PM	叶茎比 LSR
平均值 Average	136.6	112.9	8.9	4.5	1.7	0.6
最大值 Maximum	158.0	224.7	11.8	7.5	4.0	1.0
最小值 Minimum	109.0	44.1	6.3	2.7	1.0	0.4
σ_g^2	125±48	811±400	0.51±0.27	0.61±0.31	0.088±0.037	0.03±0.01
σ_e^2	611±48	4611±480	5.50±0.44	7.10±0.56	0.58±0.05	0.06±0.01
<i>H</i>	0.75	0.73	0.58	0.55	0.69	0.86
性状 Trait	香豆素 Cou (%)	粗蛋白 CP (%)	酸性洗涤 纤维 ADF (%)	中性洗涤 纤维 NDF (%)	酸性洗涤 木质素 ADL (%)	酸不溶性 灰分 AIA (%)
平均值 Average	0.44	8.89	30.93	44.35	6.62	0.90
最大值 Maximum	0.87	20.25	43.19	56.71	9.25	1.88
最小值 Minimum	0.14	9.22	19.42	32.48	3.93	0.28
σ_g^2	0.007±0.003	ns	3.39±1.55	4.92±2.21	0.16±0.77	ns
σ_e^2	1.45±0.19	2.56±0.32	15.75±1.96	15.52±1.92	0.58±0.09	0.04±0.01
<i>H</i>	0.70	0.43	0.72	0.74	0.70	0.46

注：CP：粗蛋白；Cou：香豆素；ADF：酸性洗涤纤维；NDF：中性洗涤纤维；ADL：酸性洗涤木质素；AIA：酸不溶性灰分为临泽地区测定性状。下同。
Note: CP: Crude protein; Cou: Coumarin; ADF: Acid detergent fiber; NDF: Neutral detergent fiber; ADL: Acid detergent lignin; AIA: Acid-insoluble ash were determined at Linze. The same below.

表 3 基因型×环境互作下白花草木樨半同胞家系各性状的遗传方差组分

Table 3 The genotypic variance component of half-sib families traits of *M. albus* under genotype-by-location interaction

性状 Trait	株高 PH (cm)	干重 DW (g·plant ⁻¹)	茎粗 SD (mm)	分枝数 SN (No.)	白粉病感病等级 PM	叶茎比 LSR
平均值 Average	114.2	99.9	8.9	4.4	1.4	0.6
最大值 Maximum	136.7	150.0	10.8	7.4	2.2	0.9
最小值 Minimum	87.2	57.0	6.8	3.4	1.1	0.4
σ_g^2	ns	ns	ns	ns	ns	ns
σ_{gl}^2	65±30	574±208	0.62±0.31	ns	0.04±0.02	0.010±0.005
σ_e^2	555±30	2179±207	6.20±0.36	4.61±0.26	0.34±0.02	0.040±0.004

σ_{gl}^2 : 基因型与地点互作方差 Genotype-by-location interaction variance.

2.3 相关性分析

相关性分析结果能准确表示性状间的相关性及显著水平。相关系数如表 5 所示,可以看出茎粗与干重、株高之间存在极显著($P<0.01$)的正相关关系;株高与叶茎比呈极显著($P<0.01$)的负相关关系;酸性洗涤纤维分别与酸性洗涤木质素、酸不溶性灰分呈极显著($P<0.01$)和显著($P<0.05$)的正相关关系;粗蛋白与酸性洗涤纤维、中性洗涤纤维存在极显著($P<0.01$)的负相关关系。干重、粗蛋白、香豆素含量三者之间的相关关系与图 1 结果反映一致。

2.4 遗传增益预估

遗传增益是根据半同胞家系间各性状基因型与环境互作的遗传方差而进行预估的值。从表 6 可知,干重、粗蛋白、香豆素含量的遗传增益增加百分比分别为 4.3%、1.64%、-11.51%,产量性状上遗传增益增加百分比大小依次为干重、叶茎比、分枝数、茎粗、株高;干重遗传增益增加百分比最多,而香豆素遗传增益增加百分比为负值。

3 讨论

植物的性状表现是由基因和环境相互作用形成的^[23]。目前有充分的证据表明,只要种质资源中存在遗传变异,选择适当的环境和性状就可以通过植物育种成功地改良种群^[24]。Caradus^[25]在白三叶(*Trifolium repens*)育种中发现产量相关的性状对环境与基因型的相互作用很敏感。Jahufer等^[26]在新西兰利用同样的原理对26份白三叶草进行遗传改良。Luo等^[16]在榆中和临泽地区的白花草木樨半同胞家系进行第一次选择评价时,发现株高、茎粗等农艺性状有显著的基因型差异和较大的重复力^[10]。这充分表明试验材料具有培育出低香豆素新品种的潜质,同时也为白花草木樨后续的评价工作奠定了基础。

表 4 白花草木樨聚类分组信息和组内性状均值

Table 4 The group information and the average of traits within group of *M. albus*

分组 Group	成员数 Number of group	株高 PH (cm)	干重 DW (g·plant ⁻¹)	茎粗 SD (mm)	分枝数 SN (No.)	白粉病感 病等级 PM	叶茎比 LSR	香豆素 Cou (%)	粗蛋白 CP (%)	酸性洗涤 纤维 ADF (%)	中性洗涤 纤维 NDF (%)	酸性洗涤 木质素 ADL (%)	酸不溶性 灰分 AIA (%)
1	13	117.96	103.57	9.37	4.15	1.40	0.60	0.48	13.37	29.50	42.81	6.15	0.85
2	4	121.04	103.80	9.47	4.42	1.43	0.60	0.43	11.85	33.90	48.61	6.86	0.89
3	2	97.22	59.11	6.98	3.71	1.32	0.83	0.47	12.12	29.93	44.36	6.11	0.85
4	6	110.36	106.74	8.77	5.12	1.27	0.70	0.35	12.83	30.16	44.02	6.27	0.94

表 5 两地点的白花草木樨性状间的表型相关系数

Table 5 Phenotypic correlation coefficients between *M. albus* traits across two locations

性状 Trait	株高 PH	干重 DW	茎粗 SD	分枝数 SN	白粉病感病 等级 PM	叶茎比 LSR	香豆素 Cou	粗蛋白 CP	酸性洗涤 纤维 ADF	中性洗涤 纤维 NDF	酸性洗涤木 质素 ADL
干重 DW	0.37										
茎粗 SD	0.61**	0.59**									
分枝数 SN	0.01	0.32	0.12								
白粉病感病等级 PM	0.27	-0.23	0.12	-0.27							
叶茎比 LSR	-0.71**	0.001	-0.38	0.12	-0.13						
香豆素 Cou	-0.17	-0.17	0.03	-0.33	0.24	0.14					
粗蛋白 CP	0.18	0.30	0.32	-0.07	-0.12	-0.06	0.22				
酸性洗涤纤维 ADF	0.18	0.11	0.16	0.24	0.13	-0.13	0.03	-0.52**			
中性洗涤纤维 NDF	0.17	0.03	0.09	0.23	0.13	-0.10	-0.06	-0.61**	0.95**		
酸性洗涤木质素 ADL	0.01	0.39	0.19	0.32	-0.21	0.10	0.15	-0.18	0.63**	0.54	
酸不溶性灰分 AIA	-0.12	0.09	-0.02	0.27	-0.01	0.09	0.11	0.25	0.40*	0.25	0.37

注: *和**分别表示显著性差异($P<0.05$)和极显著性差异($P<0.01$)。
Note: * and ** indicate that the difference is significant at $P<0.05$ and $P<0.01$.

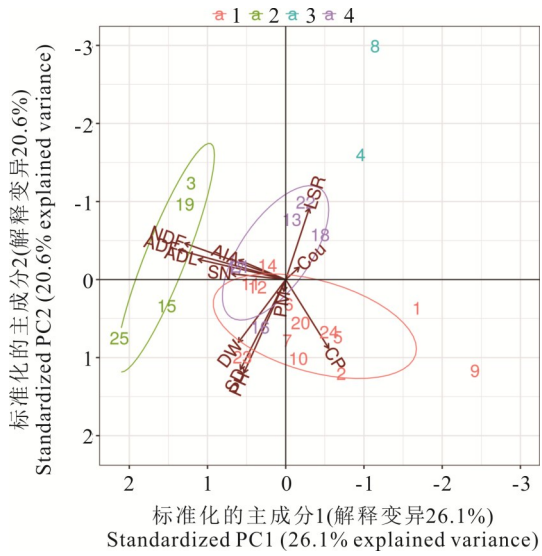


图 1 白花草木樨各性状主成分分析
Fig. 1 Principal component analysis of traits of *M. albus*
图中 4 种颜色表示 4 个组群 Four colors in the Figure indicate four groups.

表 6 基于两地点评价半同胞家系的性状经过一个选择周期获得的预期遗传增益
Table 6 Predicted genetic gain (ΔG) of per selection cycle in response to direct single trait selection based on the half-sib families evaluated across two locations

性状 Trait	株高 PH (cm)	干重 DW (g·plant ⁻¹)	茎粗 SD (mm)	分枝数 SN (No.)	叶茎比 LSR	香豆素 Cou (%)	粗蛋白 CP (%)	酸性洗涤纤维 ADF (%)	中性洗涤 纤维 NDF (%)	酸性洗涤木 质素 ADL (%)	酸不溶性灰分 AIA (%)
ΔG	2.9	4.2	0.25	0.15	0.03	-0.05	0.21	0.82	1.34	0.22	0.037
$\Delta G\%$	2.6	4.3	2.80	3.50	4.00	-11.51	1.64	2.60	3.03	3.51	4.200

注： ΔG ：预期遗传增益； $\Delta G\%$ ：相对亲本的遗传增益增加百分比。
Note: ΔG : Predicted genetic gain; $\Delta G\%$: Percentage increase in genetic gain relative to the parent.

本研究在临泽和榆中两个不同气候环境中对白花草木樨半同胞家系进行第二次轮回选择,进一步挖掘育种材料的潜力,提升育种进度。产量是植物育种工作的首要目标,从表 1~2 可知临泽地区干重与株高等产量及遗传力大小表现优于榆中地区,因此选择临泽地区的试验材料进行了品质相关指标和香豆素含量的测定。本研究表明第二次轮回选择的 25 份白花草木樨半同胞家系在榆中和临泽地区的干重、株高等产量性状变化范围较大,且具有显著的遗传变异和基因与环境互作,表明半同胞家系存在性状分离,具有进一步优化选择的潜力。

要在多个性状中进行优化选择,就必须了解各性状间的关联。本研究采用表型和基因型结合模式分析检验了所测性状之间的关联。产量的高低跟多个因素有关,干重与茎粗、株高、分枝数、叶茎比相关性依次减弱,表明本研究所选指标充分表征了材料产量高低。ADF、NDF 等纤维指标与分枝数有着密切的相关关系,说明纤维含量主要由分枝数决定;而产量指标又分别与粗蛋白和纤维呈正相关,表明可以在追求产量的同时提高品质。许瑾等^[8]研究表明白花草木樨叶片中香豆素含量为 1.75%~1.82%,茎中为 0.61%~0.97%。香豆素作为草木樨中需要减少的次级代谢物质,与叶茎比这个食物消化率和采食量的指标存在正相关关系,这可能是因为白花草木樨叶片中香豆素含量高于茎中,同时表明叶茎比可以作为反映香豆素含量的一个指标。香豆素与产量性状存在着负相关关系;品质与产量、香豆素含量有正相关关系,这种关系成为本研究选择育种成功的关键,说明在白花草木樨中香豆素、产量、品质三者间的关系可以进一步的选择优化,使第二次轮回选择白花草木樨半同胞家系的评价工作有效弥补品质方面的不足。Jahufer 等^[27]研究柳枝稷(*Panicum virgatum*)产量、木质素、乙醇时,使用类似的方法有效地提高了柳枝稷的利用价值。

主成分与聚类分析的结合模式分析已被应用于概括复杂环境的基因型与性状的关系。Davodi 等^[28]利用模式分析方法,从 12 个性状出发,对 200 份紫花苜蓿种质资源的表现进行了综合分析,以期对紫花苜蓿的产量和品质进行改良。本研究模式分析结果(图 1,表 4)表明第一、二主成分解释了遗传变异的 46.7%,并将株高、干重等 12 个性状的相关关系以及 25 份材料在各性状上的表现进行图像化汇总。根据各性状混合线性模型预测 BLUP 平均值,使用欧式距离方法将表现相似的半同胞家系聚为一类,从聚类的 4 组表现来看,第 4 组有 6 个成员可以作为后续的育种备选材料。骆凯^[14]第一次轮回选择后,测得香豆素含量最高为 1.11%,最低为 0.21%,平均值为 0.50%,与第一次轮回选择白花草木樨半同胞家系相比,第二次轮回选择后香豆素含量平均值为 0.44%,总体含量有所降低。为了进一步验证对第二次轮回选择半同胞家系的选择评价效果,在 20% 的选择压力下估算了每个性状的遗传增益,这 25 份 F₂ 白花草木樨半同胞家系经过一个周期的轮回选择在产量上有所提高,说明经过评价选择后产量和品质有所增加,香豆素含量有所降低。这为后续的育种工作奠定了基础。

4 结论

草木樨具有诸多优良牧草特性,但其香豆素含量影响了饲用价值。在甘肃省榆中县和临泽县对 25 份白花草木樨半同胞家系进行第二次轮回选择,使草木樨的产量、品质提高的同时降低香豆素含量,说明白花草木樨具有很大的育种前景。

参考文献 References:

- [1] Ren J Z, Lin H L, Hou X Y. Developing the agro-grassland system to insure food security of China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007(3): 614—621.
任继周, 林惠龙, 侯向阳. 发展草地农业确保中国食物安全. *中国农业科学*, 2007(3): 614—621.
- [2] Yan Z Z. Evaluation of *Melilotus* germplasm resources and mapping of key enzyme genes in coumarin biosynthesis. Lanzhou: Lanzhou University, 2019.
剡转转. 草木樨属种质资源评价及香豆素生物合成关键酶基因定位. 兰州: 兰州大学, 2019.
- [3] Li G W. Forage value and cultivation and management techniques of sweet clover (*Melilotus* spp.). *Modern Animal Husbandry Science and Technology*, 2017(3): 44.
李国文. 草木樨的饲用价值和栽培管理技术. *现代畜牧科技*, 2017(3): 44.
- [4] Cong J M, Chen F Q, Sun C L. Study on the comprehensive development of sweet clover (*Melilotus* spp.). *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2012, 40(5): 2962—2963, 2996.
丛建民, 陈凤清, 孙春玲. 草木樨综合开发研究. *安徽农业科学*, 2012, 40(5): 2962—2963, 2996.
- [5] Jing C M, Liu H, Xi L Q, *et al.* Research progress of high quality forage and green manure *Melilotus*. *Pratacultural Science*, 2014, 31(12): 2308—2315.
景春梅, 刘慧, 席琳乔, 等. 优质牧草、绿肥草木樨的研究进展. *草业科学*, 2014, 31(12): 2308—2315.
- [6] Zhang J Y, Di H Y, Luo K, *et al.* Coumarin content, morphological variation, and molecular phylogenetics of *Melilotus*. *Molecules*, 2018, 23(4): 810.
- [7] Ning X G, Zhao Q, Zhang X J, *et al.* Effects of different winter and leisure green manure rotation on maize growth and yield indices. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2019, 25(6): 33—36.
宁晓光, 赵秋, 张新建, 等. 不同冬闲绿肥轮作处理对玉米生长和产量指标的影响. *天津农业科学*, 2019, 25(6): 33—36.
- [8] Xu J, Cai S H, Fan X L, *et al.* The harm of poisonous composition in *Melilotus* and its control measures. *Hebei Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2002, 12(18): 32.
许瑾, 才绍河, 范锡龙, 等. 草木樨中有毒成分的危害及其防治措施. *河北畜牧兽医*, 2002, 12(18): 32.
- [9] Li S C, Huang X H, Wang J, *et al.* Effects of different mixed ratio and fermenting period on efficiency of mixed silage of *Melilotus albus* and corn straw. *Pratacultural Science*, 2014, 31(2): 321—327.
李树成, 黄晓辉, 王静, 等. 白花草木樨与玉米秸秆混合青贮的发酵品质及有毒成分分析. *草业科学*, 2014, 31(2): 321—327.
- [10] Wu F, Zhang D Y, Ma J X, *et al.* Analysis of genetic diversity and population structure in accessions of the genus *Melilotus*. *Industrial Crops and Products*, 2016, 85: 84—92.
- [11] Luo K, Wu F, Zhang D Y, *et al.* Transcriptomic profiling of *Melilotus albus* near-isogenic lines contrasting for coumarin content. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 4577.
- [12] Wu F, Luo K, Yan Z Z, *et al.* Analysis of miRNAs and their target genes in five *Melilotus albus* NILs with different coumarin content. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 1—13.
- [13] Tian X X, Mao P C, Zheng M L, *et al.* Comprehensive evaluation of salt tolerance and screening for salt tolerant indexes of *Melilotus alba* germplasm at seedling stage. *Chinese Journal of Grassland*, 2019, 41(6): 7—14.
田小霞, 毛培春, 郑明利, 等. 白花草木樨种质苗期耐盐指标筛选及耐盐性综合评价. *中国草地学报*, 2019, 41(6): 7—14.
- [14] Luo K. A study of genetics breeding, seed multiplication and the transcriptome of low coumarin sweetclover (*Melilotus* spp.). Lanzhou: Lanzhou University, 2017.
骆凯. 低香豆素草木樨遗传选育、种子扩繁及转录组研究. 兰州: 兰州大学, 2017.
- [15] Luo K, Di H Y, Zhang J Y, *et al.* Preliminary evaluation of agronomy and quality traits of nineteen *Melilotus* accessions. *Pratacultural Science*, 2014, 31(11): 2125—2134.
骆凯, 狄红艳, 张吉宇, 等. 19份草木樨种质农艺学与品质性状初步评价. *草业科学*, 2014, 31(11): 2125—2134.
- [16] Luo K, Jahufer M Z Z, Zhao H, *et al.* Genetic improvement of key agronomic traits in *Melilotus albus*. *Crop Science*, 2018, 58(1): 285—294.
- [17] Kirk L P. Kjeldahl method for total nitrogen. *Analytical Chemistry*, 1950, 22(2): 354—358.
- [18] Zhu H, Fan J. HPLC determination of coumarin in *Melilotus*. *Chinese Journal of Pharmaceutical Analysis*, 2008(12): 2111—2113.
朱宏, 樊君. HPLC法测定草木樨中香豆素的含量. *药物分析杂志*, 2008(12): 2111—2113.

- [19] Ma T T, Luo D W, Zulfiqhar J M Z, *et al.* Application of DeltaGen in plant breeding. *Pratacultural Science*, 2019, 36(7): 1925—1933.
马甜甜, 罗东文, Zulfiqhar J M Z, 等. DeltaGen在植物育种中的应用. *草业科学*, 2019, 36(7): 1925—1933.
- [20] Jahufer M Z Z, Luo D. DeltaGen: A comprehensive decision support tool for plant breeders. *Crop Science*, 2018, 58(3): 1118—1131.
- [21] Jahufer M Z Z, Cooper M, Harch B. Pattern analysis of the diversity of morphological plant attributes and herbage yield in a world collection of white clover (*Trifolium repens* L.) germplasm characterised in a summer moisture stress environment of Australia. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1997, 44(4): 289—300.
- [22] Luo K, Jahufer M Z Z, Wu F, *et al.* Genotypic variation in a breeding population of yellow sweet clover (*Melilotus officinalis*). *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7: 972.
- [23] Knight R. The measurement and interpretation of genotype—environment interactions. *Euphytica*, 1970, 19(2): 225—235.
- [24] Cooper M, Messina C D, Podlich D, *et al.* Predicting the future of plant breeding: complementing empirical evaluation with genetic prediction. *Crop & Pasture Science*, 2014, 65: 311—336.
- [25] Caradus J R. White clover breeding line performance under sheep and cattle grazing. *Proceedings Australian Plant Breeding Conference*, 1993, 10(2): 35—36.
- [26] Jahufer M Z Z, Clements R, Durant R, *et al.* Evaluation of white clover (*Trifolium repens* L.) commercial cultivars and experimental synthetics in south-west Victoria, Australia. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 2009, 52(4): 407—415.
- [27] Jahufer M, Casler M D. Application of the Smith—Hazel selection index for improving biomass yield and quality of switchgrass. *Crop Science*, 2015, 55(3): 1212—1222.
- [28] Davodi M, Jafari A A, Assadian G, *et al.* Assessment of relationships among yield and quality traits in alfalfa (*Medicago sativa*) under dryland farming system. *Rangeland Journal*, 2011, 1: 247—254.