

# 川渝地区野生鹅观草种质资源形态多样性研究

肖 苏<sup>1</sup>, 张新全<sup>1</sup>, 马 啸<sup>1</sup>, 张建波<sup>1,2</sup>, 易杨杰<sup>1</sup>, 黄林凯<sup>1</sup>

(1. 四川农业大学 草业科学系, 四川 雅安 625014; 2. 贵州省草业研究所, 贵州 独山 558200)

**摘 要:** 对采自四川及重庆地区不同采集地的 26 份鹅观草 (*Roegneria kamoji* Ohwi) 材料的 24 个形态学性状进行了观察分析。结果表明: 该物种在形态学上具有丰富的遗传多样性 ( $H' = 1.955$ )。遗传多样性指数分析表明, 遗传多样性主要集中在材料内 (64.48%), 材料间的遗传变异为 35.52%。从单份材料上看, 酆都新城材料具有最高的遗传多样性 ( $H' = 1.382$ )。聚类分析将 26 份材料分为 4 类, 聚类结果与其地理分布和采集生境存在一定的关系。主成分分析表明: 穗节节间长、第 2 颖长、外稃芒长、花序长、旗叶宽、外稃宽和小穗小花数 7 个性状是解释川渝地区野生鹅观草多样性的重要性状, 支持聚类结果。还探讨了鹅观草的保护及其利用。

**关键词:** 鹅观草; 遗传多样性; 形态学; 多样性指数

中图分类号: S 543<sup>+</sup>.202 文献标识码: A 文章编号: 1001-0009(2008)08-0010-05

鹅观草属 (*Roegneria*) 是小麦族中最大的属, 现知全世界约 130 余种, 有 4 组、20 系、126 种, 分布于北半球的温带和寒带<sup>[1]</sup>, 其中有许多是重要的优良牧草。中国是鹅观草属植物种类最为集中的区域。鹅观草 (*Roegneria kamoji* Ohwi) ( $2n=6x=42$ ), 基因组为 StStHHY, 是小

麦族 (Triticeae) 鹅观草属的一种六倍体多年生禾草, 广泛分布于中国、日本和朝鲜, 原产于我国, 分布几乎遍及全国<sup>[2]</sup>。多生长在海拔 100~2 300 m 的山坡和湿润草地, 它既可以在沙质土上生长, 也可以在粘质土上定居, 具有多花多粒、耐湿、高抗赤霉病等特性, 是有较高经济价值的多年生优质牧草<sup>[1,3-8]</sup>。

形态标记具有直观有效、测量简单等特点, 是长期以来作物种质资源评价、育种后代选择和遗传多样性研究的最基本标记。通过观察由单基因决定的质量性状和多基因决定的数量性状, 并结合一定的分析方法, 就可以在短期内对所研究物种的遗传变异水平有一个基本的认识。目前对鹅观草的形态学研究多见于生物系

**第一作者简介:** 肖苏 (1982-), 女, 四川犍为人, 在读硕士, 研究方向为草种质资源创新及育种。E-mail: xiaosu\_1218@126.com.cn.

**通讯作者:** 张新全 E-mail: zhangxq@sicau.edu.cn.

**基金项目:** 四川省科技厅“十一五”牧草育种攻关资助项目 (02SG023-001)。

**收稿日期:** 2008-03-10

## Effect of the Photosynthetic Characteristics under Shade Condition about *Spuriopiminella Brachycarpa*

ZHAO Quan, ZHAO Wen-ruo

(Jilin Agricultural Science and Technology College, Jilin, Jilin 132101, China)

**Abstract:** *Spuriopiminella brachycarpa* was cultivated under shade condition in this experiment, in accordance with its features of the primary environment. The results showed that the shade can reduce temperature of leaves, but the difference was not significant; With the increasing degree of shade, stomatal resistance also increased; Moderately shading can reduce CO<sub>2</sub> concentration between cells; Trend of transpiration rate was almost the same under different shade conditions, but the value of the transpiration rate at the same time was different; the net photosynthetic rate can be increased because of shade; chlorophyll content was significantly higher than the control.

**Key words:** *Spuriopiminella brachycarpa*; Shade; Photosynthetic characteristics

统学研究中<sup>[9,12]</sup>, 对其形态进行研究的报道很少。该研究通过形态学方法对川渝地区 26 份野生鹅观草材料进行分析, 旨在检测川渝地区鹅观草遗传多样性状况, 了解其遗传多样性的分布格局, 并为鹅观草的利用与保护提供一定的依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料于 2003 年 7~9 月在鹅观草种子成熟时期收集, 每一采集点按单株采集, 每株所有单穗的种子为一份材料。试验所选 26 份材料的采集地、海拔、生境见表 1。

1.2 试验方法

1.2.1 田间种植和性状考察 2006 年秋季每份单株材料随机取 5 个单穗的种子(5~10 颗)在植物光照培养箱中发芽, 每个单穗幼苗随机取 1 株待其长至 2 叶期后移植于钵中, 单株盆栽。除开花期套袋外, 田间管理按常规进行。在成熟期进行测定, 每个性状均考察每份材料的 5~10 个单株。共考察了 24 个农艺性状。其中, 20 个为数量性状, 分别为: a. 茎长、b. 茎节数、c. 茎粗、d. 旗叶长、e. 旗叶宽、f. 花序长、g. 花序节数、h. 花序小穗数、i. 穗节节间长、j. 小穗长、k. 小穗小花数、l. 第 1 颖长、m. 第 1 颖宽、n. 第 2 颖长、o. 第 2 颖宽、p. 外稃长、q. 外稃宽、r. 外稃芒长、s. 内稃长、t. 内稃宽。需测定长度的性状中除 a、d、f 的单位为 cm 外, 其余均为 mm, 所有涉及穗部的性状均取自花序中部小穗及其最底部小花。4 个为质量性状, 分别为叶片颜色、株型、穗色和纤毛。叶片颜色分为浅绿、中绿、深绿和灰绿 4 种。株型分松散型、中间型和紧凑型 3 种。穗色有 4 种: 黄绿、灰绿、青紫和灰紫。叶鞘外侧边缘纤毛分为有、无 2 种。除茎长用卷尺测定外, 其它长度均用游标卡尺测定。

1.2.2 统计分析 用 Excel 2000 统计各性状平均数、标准差、最大值、最小值、极差、变异系数和多样性指数。基本统计分析主要依据马育华<sup>[13]</sup>的方法进行, 多样性指数的计算采用 Shanno-Weaver 信息指数。计算多样性指数的划级方法如下: 先计算参试材料总体平均数( $\bar{X}$ )和标准差( $\delta$ ), 然后划分为 10 级, 从第一级 $[X_i < \bar{X} - 2\delta]$ 到第十级 $[X_i > \bar{X} + 2\delta]$ , 每  $0.5\delta$  为一级。每一级的相对频率用于计算多样性指数。多样性指数公式  $H' = -\sum P_i \ln P_i$ , 式中的  $P_i$  为某性状第  $i$  级别内材料份数占总份数的百分比,  $\ln$  为自然对数。用 Spss11.5 统计软件聚类并形成树状图。用主成分分析(PCA)确定哪些性状是造成鹅观草表型差异的主要因素。

2 结果

2.1 鹅观草 24 个农艺性状表型和多样性分析

26 份材料中, 浅绿、中绿、深绿和灰绿 4 种叶片颜色表现型分别为: 3.8%、34.6%、42.3%和 19.2%; 株型以中间型为主(69.2%), 松散型次之(23.1%), 紧凑型仅占 7.7%; 4 种穗色各自表现型分别是: 黄绿(57.7%)、青紫(26.9%)、灰绿和灰紫都为 7.7%。有纤毛的占 19.2%。表明川渝地区野生鹅观草材料叶片颜色以中绿为主, 株型以中间型为主, 穗色以黄绿为主, 同时存在其他一些类型。多数叶鞘外侧边缘不具纤毛。

表 1 供试材料

采集号	采集地	海拔/m	生境
RSC-001	雅安周公山	650	悬坡
RSC-068	乐山乌尤寺	390	荒地
RSC-069	乐山杜家场	390	路边
RSC-079	峨眉山万年寺	820	路边
RSC-115	内江威远	450	边坡
RSC-136	广安岳池	235	坡地
RSC-146	宜宾高县	340	山坡
RSC-152	宜宾筠连	440	田边
RSC-164	广元宝轮	520	荒地
RSC-168	广元白龙江	510	河滩
RSC-187	南充白塔公园	320	路边
RSC-198	北碚缙云山	760	边坡
RSC-200	长寿江南镇	230	路边
RSC-213	长寿川维码头	200	码头
RSC-228	长寿西山	630	边坡
RSC-242	酆都新城	270	坡荒地
RSC-252	万州大桥	260	边坡
RSC-254	云阳长江边	205	坡荒地
RSC-261	云阳盘石镇	160	边坡
RSC-273	西昌马道	1 520	路边
RSC-304	都江堰玉垒山	860	林下
RSC-325	雅安蒙山	680	林下
RSC-359	雅安金凤寺	630	边坡
RSC-377	雅安蔡龙	710	山坡
RSC-428	长寿洪湖	300	林下
RSC-479	西昌经久	1 520	路边

表 2 列出了 20 个数量性状的基本统计参数, 大部分具有较高的变异。其中旗叶长、外稃芒长、旗叶宽、穗节节间长、第 2 颖宽、第 1 颖长、第 2 颖长的变异系数值居各性状前列, 都超过或接近 20%, 这 7 个性状中包含有 2 个植株性状, 5 个穗部性状。

2.2 鹅观草遗传多样性分析

为进一步研究各性状的多样性, 采用 Shannon-Wiener 多样性指数( $H'$ )来比较川渝地区 26 份鹅观草材料 20 个数量性状的表型多样性(表 2)。 $H'$  值低表明遗传多样性匮乏。从表 2 可以看出, 各性状的多样性指数差异较大, 变化范围在 2.089 (花序节数)和 1.129 (茎节数)之间, 平均为 1.955, 显示出较高的遗传多样性, 远大

于麦类作物<sup>[4]</sup>。花序节数、外稃芒长、小穗长、旗叶长、花序长、外稃宽、旗叶宽这7个性状的H'值居前列(>2.043),说明这些性状具有较高的多样性和基因分布平衡性。而茎节数和中部穗节小穗小花数(1.713)多样性相对较低。

对各材料各形状H'值的统计分析(26份材料各性状遗传多样性指数表略)可以得出,H'值的变幅为:茎长(0.95~1.61)、茎粗(0.95~1.61)、茎节数(0~1.055)、旗叶长(0.95~1.61)、旗叶宽(0.95~1.61)、花序长(0.95~1.61)、花序节数(0.5~1.61)、小穗数(0.5~1.61)、穗节节间长(0.95~1.61)、小穗长(0.95~1.61)、小穗小花数(0.5~1.332)、第1颖长(0.95~1.61)、第1颖宽(1.055~1.61)、第2颖长(0.95~1.61)、第2颖宽(0.5~1.61)、外稃长(0.95~1.61)、外稃宽(0.95~1.61)、外稃芒长(0.95~1.61)、内稃长(1.055~1.61)、内稃宽(0.95~1.61)。

表 2 鹅观草各性状的值							
性状	平均数	标准差	最小值	最大值	极差	变异系数	多样性指数
a	23.1759	3.3785	15.40	29.85	14.45	0.1458	2.060
b	24.1349	2.7433	18.00	31.00	13.00	0.1137	2.089
c	24.3254	2.9116	18.00	31.00	13.00	0.1197	2.034
d	8.0212	1.6934	3.36	16.70	13.34	0.2111	1.952
e	22.2786	2.6327	14.80	28.44	13.64	0.1182	2.079
f	7.5714	1.3996	4.00	11.00	7.00	0.1849	1.713
g	81.629	11.6472	45.82	113.00	67.18	0.1427	1.983
h	2.8410	0.3766	1.94	3.90	1.96	0.1326	2.004
i	5.8810	0.7548	4.00	8.00	4.00	0.1283	1.129
j	17.9803	4.1185	8.90	29.60	20.70	0.2291	2.076
k	10.8417	2.2956	4.26	16.52	12.26	0.2117	2.043
l	6.4360	1.2795	3.10	13.80	10.70	0.1988	1.932
m	1.2679	0.2053	0.60	1.72	1.12	0.1619	1.999
n	6.0970	1.1991	4.10	13.40	9.30	0.1967	1.874
o	1.1728	0.2474	0.40	1.80	1.40	0.2109	2.040
p	10.1508	1.0451	6.40	15.00	8.60	0.1030	1.967
q	2.3337	0.3234	1.30	3.30	2.00	0.1386	2.055
r	24.7812	5.3866	10.20	39.42	29.22	0.2174	2.081
s	10.0803	1.054	6.80	14.00	7.20	0.1046	1.976
t	2.1064	0.3177	1.10	3.00	1.90	0.1508	2.003
							1.955*

注 \*指所有性状的遗传多样性指数。

材料内平均H'为1.260,占总遗传多样性指数的64.48%,因此变异主要集中在材料内,材料间的遗传变异为35.52%。除茎节数以外(材料RSC-079、RSC-115、RSC-136、RSC-152不具有多样性),川渝地区野生鹅观草材料内的其它形态学性状均存在较高的遗传多样性。

各份材料的遗传多样性各不相同(表略),最高的为鄂都新城材料RSC-242(1.382),其次是长寿江南镇材料

RSC-200(1.374),第3为广元宝轮材料RSC-164(1.358),第4为云阳盘石镇材料RSC-261(1.341),第5为西昌经久材料RSC-164(1.335),最低的为乐山乌尤寺材料RSC-68(1.117)。

2.3 鹅观草形态学性状的聚类分析

利用Spss11.5统计软件,将26份鹅观草材料的20个数量形状数据进行聚类,聚类结果见图1。

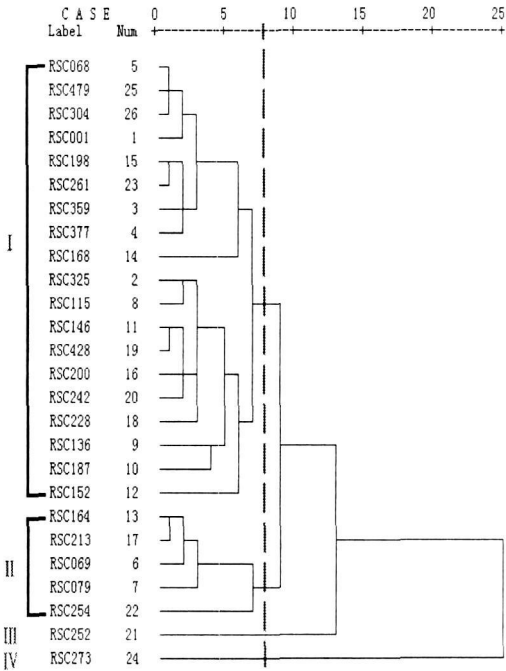


图 1 26 份鹅观草形态学聚类树状图(欧氏距离)

聚类分析结果表明,供试材料分4类:第I类包括26份材料中的总共的4份来自四川雅安的材料、2份南充材料、2份宜宾材料以及大部分重庆长寿材料,共19份。包含2个亚类,第1亚类共9份材料,包括雅安材料3份、西昌、云阳、都江堰、乐山、北碚材料各1份;第2亚类包括长寿材料3份、南充、宜宾材料各2份,以及鄂都、蒙山、内江材料各1份。此类材料来源地较为广泛,生境多为林下或坡地,表型特征间于第二类和第三类之间,为这种聚类提供了合理性。第II类包括5份材料,分别为RSC-164、RSC-213、RSC-069、RSC-079、RSC-254,其中2份来自四川地区,3份来自重庆地区。这类材料表现为植株高大(92.09 cm),茎粗(3.07 mm),旗叶较短(19.33 cm)、窄(10.93 mm),花序较短(24.28 cm),花序节数和小穗数少(分别为22.69、22.68),穗节节间长(9.10 mm),内稃长(10.35 mm),第二颖长(6.75 mm)。来自重庆万州的材料RSC-252和来自四川西昌的材料RSC-273分别单独聚为第四和第五类,表明这2份材料

和其它材料亲缘关系较远。重庆万州材料表现为植株较矮(76.85 cm)、旗叶长(26.32 cm)、宽(13.05 mm)、花序长(28.49 cm)小穗小花数多(9.20),第二颖短(5.28 mm),内稃短而宽(9.59 mm、2.34 mm)。四川西昌材料与其余材料差异非常明显表现为:植株低矮(65.16 cm)、纤细(茎粗 2.58 mm),旗叶窄(9.66 mm),花序较长(27.80 cm),且节数(28.20)、小穗数多(28.80),小穗长(23.73 cm),外稃芒长(29.25 mm)。

以各性状的平均多样性指数( $H'$ )作比较,第I类的总体平均多样性指数为  $H' = 1.255$  最接近于总体(1.260)。将 20 个数量性状分为植株性状(5 个)和穗部性状(15 个)分别比较其多样性指数,发现各类中穗部性状平均多样性指数都要高于植株性状,且植株性状平均多样性指数差别不大。第I类的植株性状(1.175)和穗部性状(1.282)均最接近于总体(1.177 和 1.287),而 2 个亚类间差别很小。

表 3 20 个性状对前 6 个主成分的负荷量及特征值、贡献率及累积贡献率

项目	主成分					
	1	2	3	4	5	6
茎长	0.390	-0.302	0.115	0.107	-0.041	0.470
茎节数	-0.176	0.350	0.117	-0.194	0.364	0.567
茎粗	0.498	0.097	0.086	0.529	0.329	0.216
旗叶长	0.499	0.568	0.287	-0.147	-0.004	-0.019
旗叶宽	0.039	0.249	0.722	-0.201	0.289	-0.248
花序长	0.384	0.739	-0.004	-0.124	-0.289	0.220
花序节数	-0.498	0.584	-0.380	-0.418	-0.042	-0.140
花序小穗数	-0.450	0.571	-0.379	-0.439	0.009	-0.196
穗节节间长	0.815	0.140	0.264	0.165	-0.243	0.179
小穗长	0.593	0.321	-0.088	-0.364	0.532	0.082
小穗小花数	0.567	0.148	-0.105	-0.337	0.604	0.104
第 1 颖长	0.457	0.519	0.190	0.123	-0.431	-0.266
第 1 颖宽	-0.527	0.224	0.365	0.492	0.103	-0.258
第 2 颖长	0.768	-0.070	-0.282	0.231	0.007	-0.201
第 2 颖宽	-0.186	-0.161	-0.018	0.218	0.802	-0.104
外稃长	-0.318	0.545	-0.440	0.511	0.020	0.200
外稃宽	-0.537	0.151	0.673	-0.041	0.002	0.029
外稃芒长	0.177	0.762	0.100	0.217	-0.008	-0.022
内稃长	-0.182	0.441	-0.461	0.570	0.179	0.126
内稃宽	-0.589	0.308	0.425	0.223	0.039	0.219
特征值	4.530	3.506	2.331	2.026	1.992	1.101
贡献率	22.648	17.529	11.653	10.130	9.960	5.505
累积贡献率	22.648	40.176	51.829	61.958	71.919	77.424

在 4 个质量性状中,叶片颜色、株型、穗色的表现型分别在第I、II类中为:3、3、4 种和 1、2、2 种。纤毛性状只在第I、II类中有出现,分别占 75%和 25%。在第I类的 2 个亚类中,这 3 个质量性状的表现型在第 1 亚类中分别出现了 3 种、1 种、3 种,在第 2 亚类中均出现了 3 种表现

型,且纤毛性状只在第 2 亚类中出现。因此从质量性状的表现型种类上看,第I类比第II类更丰富,第I类中的第 2 亚类比第 1 亚类更丰富。

总体上看,野生鹅观草种质资源形态指标的聚类将 26 份材料分为 4 大类,聚类结果与其地理分布和采集生境存在一定的关系。第I类材料具有较大的表型多样性和对总体的代表性,具体到亚类上,第 2 亚类比第 1 亚类更具代表性。

2.4 鹅观草形态学性状的主成分分析

该研究鉴定的性状较多,通过对其进行主成分分析,能更加清楚地显示各因素在形态多样性构成中的作用。表 3 列出了川渝地区野生鹅观草种质资源因子特征值大于 1 的前 6 个主成分占总方差的百分率和各性状特征向量值。这 6 个主成分能够解释总体 77.42%的变异。第 1 主成分和第 2 主成分是最重要的成分,分别解释了总体 22.65%和 17.53%的变异。综合分析 6 个主成分各性状的特征向量值,有 7 个性状在总体中具有较高的特征向量值(绝对值大于 0.6),分别是穗节节间长、第 2 颖长、外稃芒长、花序长、旗叶宽、外稃宽和小穗小花数。表明这 7 个性状的变异基本可以解释总体变异的趋势,是进一步研究的重点。

3 讨论

3.1 鹅观草的遗传多样性分析

对川渝地区 26 份野生鹅观草种质资源的形态学研究表明,该地区鹅观草资源呈现出丰富的遗传多样性,主要集中在材料内,占总变异的 64.48%,材料间的遗传变异 35.52%。此结果可能是与所采集的材料取样范围过大,且异地种植的性状易受环境影响有关。故要对其遗传多样性作更准确、深入的研究和分析,需要采用更多的形态学指标同时结合细胞学、分子标记等多层次手段来进行。

3.2 鹅观草聚类分析和主成分分析

采用聚类分析、主成分分析对研究材料的性状进行评价和分析在其它的野生种质资源研究中都有应用<sup>[15-17]</sup>。从供试材料间的聚类结果可以看出,四川和重庆的材料没有聚为两大类,而是有所交叉,这可能与两地有些地理环境相似有关。主成分分析结果支持聚类分析结果。

3.3 鹅观草的保护策略

鹅观草是有较高经济价值的多年生优质牧草,其丰富的遗传多样性为牧草选育和作物改良提供了可供开发利用的巨大基因库。在进行利用的同时更要注意其种质资源的收集、评价和保护,才能更好的加以利用。

由于川渝地区鹅观草不同材料之间、同一材料不同性状之间形态差异各不相同,因此需要有针对性地对遗传多样性高的材料所在地区(如酆都新城、长寿江南镇、广元宝轮、云阳盘石镇、西昌经久)进行保护。在植株性状的保护上也要着重保护遗传变异最为丰富的性状(如花序节数、外稃芒长、小穗长、旗叶长等),在原地保护有困难时,可采取异地保护,对于同一地区内不同采集点材料遗传多样性差别很大的地区,可选择在多样性高的采集地较多地收集单株进行保护,以最大限度地涵盖其遗传多样性。反之,可采集较少的单株即可代表该地区。

### 参考文献

- [1] Baum B R, Yen C, Yang J L. Roegneria: Its generic limits and justification for its recognition[J]. Canadian Journal of Botany, 1991, 69(2): 282-294.
- [2] 卢宝荣, 颜济, 杨俊良. 鹅观草属三个种的染色体组分析与同工酶分析[J]. 云南植物研究, 1988, 10(3): 261-270.
- [3] Wan Y F, Yen C, Yang J L, et al. Evaluation of Roegneria for resistance to head scab caused by Fusarium graminearum Schwabe[J]. Genetic Resources & Crop Evolution, 1997, 44(3): 211-215.
- [4] 周永红, 万永芳. 鹅观草、大麦及其属间杂种赤霉病抗性研究初报[J]. 四川农业大学学报, 1994, 12(1): 34-36.
- [5] 万永芳, 颜济, 杨俊良, 等. 小麦近缘野生植物的赤霉病抗性研究[J].

植物病理学报, 1997(2): 14-18.

- [6] 吴丽芳, 汪杏芬, 翁益群, 等. 普通小麦与鹅观草杂种回交后代的赤霉病抗性及其细胞遗传学研究[J]. 安徽农业科学, 1997, 25(1): 7-10.
- [7] 汪杏芬, 吴丽芳, 陈佩度, 等. 普通小麦—鹅观草异附加系的选育与鉴定初报[J]. 植物学报, 1995, 37(11): 878-884.
- [8] 蒋继明, 刘大钧. 鹅观草与大麦属间杂种的形态和细胞遗传学研究[J]. 遗传学报, 1990, 17(5): 373-376.
- [9] 蔡联炳. 鹅观草属一些种子胚乳细胞的特征及其分类学意义的探讨[J]. 西北植物学报, 2000, 20(6): 1070-1075.
- [10] 卢宝荣, 颜济, 杨俊良. 分布于日本和中国的鹅观草及其杂种的形态学和细胞学研究[J]. 云南植物分类, 1990, 19(3): 237-246.
- [11] 张新全, 杨俊良, 颜济, 等. 鹅观草与大麦属间杂种的细胞遗传学及形态学研究[J]. 广西植物, 1999, 19(4): 355-358.
- [12] Sakamoto S. Cytogenetical studies on artificial hybrids among Elymus sibiricus, E. dahuricus and Agropyron tsukushiense in the tribe Triticeae, Gramineae[J]. Botanical Magazine, 1982, 95: 1040-1045.
- [13] 马育华. 田间试验和统计方法[M]. 北京: 农业出版社, 1979.
- [14] 刘三才, 郑殿生, 曹永生, 等. 中国小麦选育品种与地方品种的遗传多样性[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 20-24.
- [15] 宋俊双, 高洪文, 王赞, 等. 三种锦鸡儿植物表型多样性分析[J]. 草业学报, 2005, 14(3): 123-130.
- [16] 张礼凤, 李伟, 王彩洁, 等. 山东大豆种质资源形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 450-454.
- [17] 曾兵, 张新全, 范彦, 等. 鸭茅种质资源遗传多样性的 ISSR 研究[J]. 遗传, 2006, 28(9): 1093-1104.

## Study on the Morphological Diversity of Wild *Roegneria kamoji* Germplasm from Sichuan and Chongqing Province

XIAO Su<sup>1</sup>, ZHANG Xin-quan<sup>1</sup>, MA Xiao<sup>1</sup>, ZHANG Jian-bo<sup>1,2</sup>, YI Yang-jie<sup>1</sup>, HUANG Lin-kai<sup>1</sup>

(1. Department of Grassland, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China; 2. Guizhou Institute of Prataculture, Dushan, Guizhou 558200, China)

**Abstract:** Genetic diversity of 26 accessions of *Roegneria kamoji* distributed in Sichuan and Chongqing province was studied in this paper. Twenty-four morphological traits were observed. The results showed that there was abundant genetic diversity among these accessions in morphological traits ( $H' = 1.955$ ). As for the genetic diversity index, it was mainly found within accessions (64.48%), while among accessions was 35.52 percent. To single accession, accession of Fengdu Xincheng was the highest diversity index ( $H' = 1.382$ ). Twenty-four wild accessions can be clustered into four groups, the findings implied that a correlation among the tested wild resources, geographical and ecological environment. Principal component analysis showed that internode length, upper glum length, the first lower palea spike length, spike length, leaf width, Lemma length and florets per spikelet number were important traits in explaining the morphological diversity of the region, which also supported cluster analysis results. Additionally, effective conservation and utilization of *Roegneria kamoji* were discussed in this paper.

**Key words:** *Roegneria kamoji*; Genetic diversity; Morphology; Diversity index