

杨海龙, 杨佳恒, 王蕾, 等. 基于主成分分析和聚类分析的中籼稻种质资源表型多样性评价 [J]. 华南农业大学学报, 2025, 46(4): 471-479.
YANG Hailong, YANG Jiaheng, WANG Lei, et al. Phenotypic diversity evaluation of medium *indica* rice germplasm resources based on principal component analysis and cluster analysis[J]. Journal of South China Agricultural University, 2025, 46(4): 471-479.

基于主成分分析和聚类分析的中籼稻 种质资源表型多样性评价

杨海龙¹, 杨佳恒², 王蕾¹, 蔡金洋¹

(1 嘉兴市农业科学研究院 水稻育种所, 浙江 嘉兴 314016; 2 浙江省舟山市农业技术推广中心, 浙江 舟山 316000)

摘要:【目的】系统评估中籼稻种质资源表型性状的遗传多样性, 提高中籼稻育种中亲本选择与利用的科学性和效率。【方法】以 35 份中籼稻种质资源为研究对象, 通过变异系数、遗传多样性指数、主成分分析、二维排序分析及逐步回归分析等统计方法, 对 14 个主要表型性状的多样性进行系统评价。【结果】14 个表型性状的变异系数为 9.31%~78.39%, 多样性指数为 4.82~5.12。‘碑田倒’‘早花秋’‘乌壳香’‘十月青’在二维排序图中高度重叠, 可以作为育种亲本或者中间材料加以利用。‘乌壳香’在综合性状评分中排名首位。逐步回归分析确定株高、剑叶长、每穗落粒数、每穗瘪谷数、千粒质量和谷粒宽 6 个性状为中籼稻种质资源综合评价的关键指标。基于离差平方和法的层次聚类分析将 35 份中籼稻种质资源划分为 3 个类群, 各类群间性状差异明显。【结论】本研究中的材料表现出较高的表型遗传多样性, 为优异中籼稻种质的筛选与亲本配制提供了理论依据和材料支撑, 对推动中籼稻新品种的选育具有重要参考价值。

关键词: 中籼稻; 种质资源; 主成分分析; 表型多样性; 综合评价

中图分类号: S311

文献标志码: A

文章编号: 1001-411X(2025)04-0471-09

Phenotypic diversity evaluation of medium *indica* rice germplasm resources based on principal component analysis and cluster analysis

YANG Hailong¹, YANG Jiaheng², WANG Lei¹, CAI Jinyang¹

(1 Rice Breeding Institute, Jiaying Academy of Agricultural Sciences, Jiaying 314016, China;

2 Zhejiang Zhoushan Agricultural Technology Extension Center, Zhoushan 316000, China)

Abstract: 【Objective】To systematically evaluate the genetic diversity of medium *indica* rice germplasm resources, and enhance the scientificity and efficiency of parental selection and utilization in medium *indica* rice breeding. 【Method】A total of 35 medium *indica* rice germplasm resources were analyzed, and 14 key phenotypic traits were systematically evaluated using statistical methods of coefficient of variation, genetic diversity index, principal component analysis, two-dimensional ordination analysis, and stepwise regression analysis. 【Result】The coefficients of variation for the 14 traits ranged from 9.31% to 78.39%, with genetic diversity indices ranging from 4.82 to 5.12. The resources ‘Beitiandao’ ‘Zaohuaqiu’ ‘Wukexiang’ and ‘Shiyueqing’ clustered closely in two-dimensional sorting diagram, suggesting their potential as breeding parents

收稿日期: 2024-12-03 网络首发时间: 2025-06-12 13:40:50

首发网址: <https://link.cnki.net/urlid/44.1110.s.20250612.0937.002>

作者简介: 杨海龙, 主要从事籼稻遗传育种与栽培研究, E-mail: 774795537@qq.com; 通信作者: 蔡金洋, 主要从事籼稻、功能稻与籼粳杂交稻遗传育种研究, E-mail: cjyjiaying@163.com

基金项目: 浙江省农业新品种选育重大科技专项 (2021C02063-4)

or intermediate materials. ‘Wukexiang’ ranked the first in overall trait performance. Stepwise regression analysis identified the six key traits, including plant height, flag leaf length, falling grains per panicle, shriveled grains per panicle, 1 000-grain weight, and grain width, as the critical indicators for comprehensively evaluating medium *indica* rice germplasm. Hierarchical cluster analysis based on the square sum of deviations method grouped the 35 accessions into three distinct clusters with obvious differences in trait performance among clusters. **【Conclusion】** The studied medium *indica* rice germplasm exhibits a high level of phenotypic genetic diversity. These findings provide a theoretical basis and valuable materials for the identification of elite resources and rational parental combinations of new medium *indica* rice, and offer an important support for the development of new medium *indica* rice cultivars.

Key words: Medium *indica* rice; Germplasm resource; Principal component analysis; Phenotypic diversity; Comprehensive evaluation

水稻是世界上一半以上人口的主粮，也是中国最主要的粮食作物。中国作为亚洲栽培稻起源地之一，拥有丰富的稻种资源^[1-3]，不仅为水稻产量提升、品质改良和逆境适应提供了丰富的遗传物质，也为应对全球气候变化和粮食安全问题提供了重要保障^[4-5]。科学、系统地发掘和利用水稻种质资源的遗传多样性，已成为推动水稻遗传改良和新品种选育的核心任务之一。

表型性状是基因型和环境互作的外在表现，反映种质资源的遗传多样性及生态适应性^[6]。与分子标记和基因组测序相比，表型性状分析方法具有直接、经济和易操作的特点，是研究种质资源多样性的重要手段^[7]。例如，曾亚文等^[8]研究了云南地方稻种质资源，发现株高、穗长和结实率等性状差异显著；李振姣等^[9]对宁夏和新疆水稻种质资源的表型多样性进行分析，揭示了当地稻种在粒形、千粒质量等性状上的区域适应性；胡标林等^[10]基于表型数据评价了美国农业部水稻核心种质资源的多样性；张晓丽等^[11]对东南亚 298 份水稻种质资源进行表型性状比较分析，发现直链淀粉含量、每穗实粒数和瘪谷数等性状可以作为水稻核心种质筛选的综合评价指标。上述研究表明，不同来源地的地方水稻种质在表型性状上存在显著差异，且直链淀粉含量、株高、抗倒伏性、结实率等性状在种质评价中具有重要作用。

浙江省稻作区地处长江中下游，是我国水稻的主要种植区域之一，也是高产优质籼稻育种的重要基地^[12]。近年来，随着农业生产结构的优化和绿色增产需求的提升，浙江省育种工作者通过本地培育和引种方式积累了大量中籼稻种质资源。然而，当前对这些资源的遗传多样性研究相对滞后，特别是在表型性状鉴定、等位酶分析及 DNA 分子标记水

平的系统评价方面仍有较大不足。这种研究缺口不仅限制种质资源的高效利用，也影响了中籼稻新品种选育的进程。已有研究^[13-14]表明，长江中下游地区籼稻种质资源遗传背景复杂，表型多样，特别是在株型、粒形、穗型和产量性状等方面表现出显著的遗传差异。这些资源在高产、优质、耐逆等性状改良方面具有重要潜力；但在实际育种中，如何有效发掘这些种质资源的潜力，需进一步开展系统性研究，明确其表型性状的遗传多样性与优异基因的分布特征。

基于此，本研究以浙江省具有地方特色的中籼稻品种及引进的省外优质种质资源为研究对象，共计 35 份材料，测定其表型性状。通过计算农艺性状的多样性指数，开展表型多样性分析，利用主成分分析、隶属函数法计算综合评价 *D* 值，并结合聚类分析，对中籼稻种质资源进行全面评价；旨在揭示浙江省中籼稻种质资源的表型多样性规律，筛选综合性状优异的亲本材料，为中籼稻遗传改良及新品种培育提供理论依据和技术支持。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试的 35 份中籼稻种质资源，为浙江省嘉兴市农业科学研究院水稻育种所收集和提供，其中 8 份为浙江省地方材料，27 份来自广东省，材料编号、名称及来源地如表 1 所示。

1.2 试验方法

在浙江省嘉兴市农业科学研究院试验基地进行相关试验，于 2020 年 6 月 3 日播种，6 月 27 日移栽，每份材料种植 6 行，每行 6 株，单本种植，移栽规格 17 cm × 17 cm，所有供试材料移栽于同一块田地中，肥水管理和病虫害防治方法与当地生产田一

表 1 供试中粳稻种质资源编号、名称及来源地
Table 1 Codes, names, and origins of the tested medium *indica* rice germplasm resources

编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin
1	碑田倒	浙江省温州市	13	金超1号	广东省广州市	25	粤晶丝苗	广东省广州市
2	乌壳香	广东省汕头市	14	玉晶占5号	广东省广州市	26	桂锦软占	广东省揭阳市
3	早花秋	浙江省温州市	15	黄莉占	广东省广州市	27	溪野占8号	广东省佛山市
4	铁秋	广东省潮州市	16	黄粤丝苗	广东省广州市	28	象牙香占	广东省台山市
5	泽花秋	浙江省温州市	17	固广占	广东省广州市	29	美香占2号	广东省广州市
6	白龙虾	浙江省丽水市	18	五山丝苗	广东省广州市	30	玉珍占	广东省广州市
7	三都白谷红米	浙江省丽水市	19	丰粤占	广东省广州市	31	华航1号	广东省广州市
8	深乌壳红	浙江省衢州市	20	航特占	广东省广州市	32	华航丝苗	广东省广州市
9	温州青	浙江省台州市	21	粤丰丝苗	广东省广州市	33	华航31号	广东省广州市
10	十月青	浙江省温州市	22	台农新占	广东省广州市	34	华航32号	广东省广州市
11	黄华占	广东省广州市	23	粤禾丝苗	广东省广州市	35	丝荔丝苗	广东省广州市
12	华占	广东省广州市	24	五山桂占	广东省广州市			

致。性状鉴定和指标记录按照《水稻种质资源描述规范和数据标准》^[15] 进行。主要调查性状包括 14 个数量性状: 株高、剑叶长、倒二叶长、穗长、每穗落粒数、每穗实粒数、每穗瘪谷数、结实率、单株有效穗数、千粒质量、单穗质量、谷粒长、谷粒宽和谷粒长宽比。

1.3 数据处理

使用 Microsoft Office Excel 2007 整理试验数据, 并计算观测农艺性状的平均值、标准差和变异系数等; 通过计算各农艺性状的 Shannon-Winner 指数进行表型多样性分析, 利用 DPSvs7.0 进行多样性主成分分析, 基于主成分分析结果计算各主成分隶属函数值, 并计算综合评价 *D* 值, 评估中粳稻种

质资源优劣; 利用 Origin2021 计算表型性状的 Euclidean 平方距离并进行 Ward 聚类分析。

2 结果与分析

2.1 中粳稻种质资源材料表型性状多样性

对 35 份中粳稻种质资源的 14 个主要表型性状进行系统的变异性和多样性分析 (表 2)。表型性状的变异系数为 9.31%~78.39%; 其中, 变异系数较大的性状包括每穗落粒数 (78.39%)、每穗瘪谷数 (50.68%) 和单株有效穗数 (26.20%), 变异系数较小的性状为谷粒长 (9.31%)、结实率 (10.72%)、株高 (16.67%) 和穗长 (17.35%)。每穗落粒数的相对极差为 18.28, 是变异最大的性状; 每穗瘪谷数和单株有

表 2 中粳稻种质材料表型遗传变异分析¹⁾
Table 2 Phenotypic genetic variation analysis of medium *indica* germplasm materials

特征 Characteristic	Pt1/cm	Pt2/cm	Pt3/cm	Pt4/cm	Pt5	Pt6	Pt7	Pt8/%	Pt9	Pt10/g	Pt11/g	Pt12/cm	Pt13/cm	Pt14
最小值 Min.	102.00	24.65	32.25	22.75	0.50	73.27	8.64	59.96	4.00	14.00	2.24	0.70	0.20	1.75
最大值 Max.	172.80	59.00	68.60	42.60	9.64	263.50	92.63	93.37	19.00	30.20	6.31	1.00	0.40	5.00
平均值 Mean	131.54	37.37	46.17	28.45	2.05	161.06	45.23	79.12	13.63	21.39	4.21	0.83	0.27	3.25
标准差 SD	21.92	7.65	10.50	4.94	1.61	37.17	22.92	8.48	3.57	3.77	0.98	0.77	0.62	0.81
方差 Variance	480.57	58.52	110.17	24.37	2.59	1 381.69	525.54	71.93	12.75	14.23	0.95	0.59	0.39	0.66
变异系数/% CV	16.67	20.47	22.73	17.35	78.39	23.08	50.68	10.72	26.20	17.64	23.22	9.31	23.15	25.05
相对极差 RR	0.69	1.39	1.13	0.87	18.28	2.60	9.72	0.56	3.75	1.16	1.82	0.43	1.00	1.86

1) Pt1: 株高, Pt2: 剑叶长, Pt3: 倒二叶长, Pt4: 穗长, Pt5: 每穗落粒数, Pt6: 每穗实粒数, Pt7: 每穗瘪谷数, Pt8: 结实率, Pt9: 单株有效穗数, Pt10: 千粒质量, Pt11: 单穗质量, Pt12: 谷粒长, Pt13: 谷粒宽, Pt14: 谷粒长宽比。

1) Pt1: Plant height, Pt2: Flag leaf length, Pt3: The second leaf length, Pt4: Panicle length, Pt5: Falling grains per panicle, Pt6: Filled grains per panicle, Pt7: Shriveled grains per panicle, Pt8: Seed setting rate, Pt9: Effective panicles per plant, Pt10: 1 000-grain weight, Pt11: Single spike weight, Pt12: Grain length, Pt13: Grain width, Pt14: Grain length-width ratio.

效穗数的相对极差也较大, 显示出较高的选择潜力。在中籼稻育种中, 应尽量规避落粒和空瘪粒较多、单株有效穗较少的种质资源, 以降低育种材料产量过低的风险。

遗传多样性指数 (*I*) 用来表示表型性状的遗传多样性水平, 遗传多样性指数越大, 生物多样性程度越高, 种群对环境的适应能力越强^[16]。14 个表型性状的多样性指数为 4.82~5.12, 平均 5.07, 变幅较小。每穗落粒数和每穗瘪谷数的多样性指数低于 5.00。谷粒长 (5.12)、结实率 (5.10) 和株高 (5.09) 的遗传多样性指数最高, 表明这 3 个性状的遗传多样性较为丰富, 适应性较强。整体来看, 中籼稻种质资源在表型性状上具有一定的遗传多样性, 为育种提供了丰富的选择材料。

2.2 中籼稻种质资源表型性状的主成分分析及综合评价

2.2.1 中籼稻种质资源表型性状的主成分分析 对中籼稻种质资源的 14 个性状进行主成分分析, 结果如表 3 所示。前 7 个主成分累计贡献率达到

91.17%, 将其命名为 PC1、PC2、PC3、PC4、PC5、PC6 和 PC7。这 7 个主成分可以反映 35 份中籼稻种质资源表型性状 91.17% 的遗传内容, 是中籼稻表型特征的重要成分, 可以用于对材料进行综合评价。其中, PC1 的特征值为 5.32, 贡献率 38.03%; PC2 的特征值为 2.35, 贡献率 16.76%; PC3 的特征值为 1.41, 贡献率 10.04%; PC4 的特征值为 1.30, 贡献率 9.29%; PC5 的特征值为 0.92, 贡献率 6.57%; PC6 的特征值为 0.79, 贡献率 5.67%; PC7 的特征值为 0.67, 贡献率 4.81%。

由表 3 可知, PC1 最高载荷为千粒质量 (0.38), 最大负载荷为谷粒长宽比 (−0.34), 特征向量的关系说明 PC1 是千粒质量因子, 千粒质量越大, 谷粒长宽比越小; PC2 最高载荷为单穗质量 (0.46), 最大负载荷为结实率 (−0.34), 特征向量的关系说明 PC2 是单穗质量因子, 单穗质量越高, 结实率越小; PC3 最高载荷为每穗实粒数 (0.60), 最大负载荷为每穗瘪谷数 (−0.27), 特征向量的关系说明 PC3 是每穗实粒数因子, 每穗实粒数越多, 每穗瘪谷数越

表 3 中籼稻种质资源 14 个表型性状的主成分分析
Table 3 Principal component analysis of 14 phenotypic traits for medium indica germplasm resources

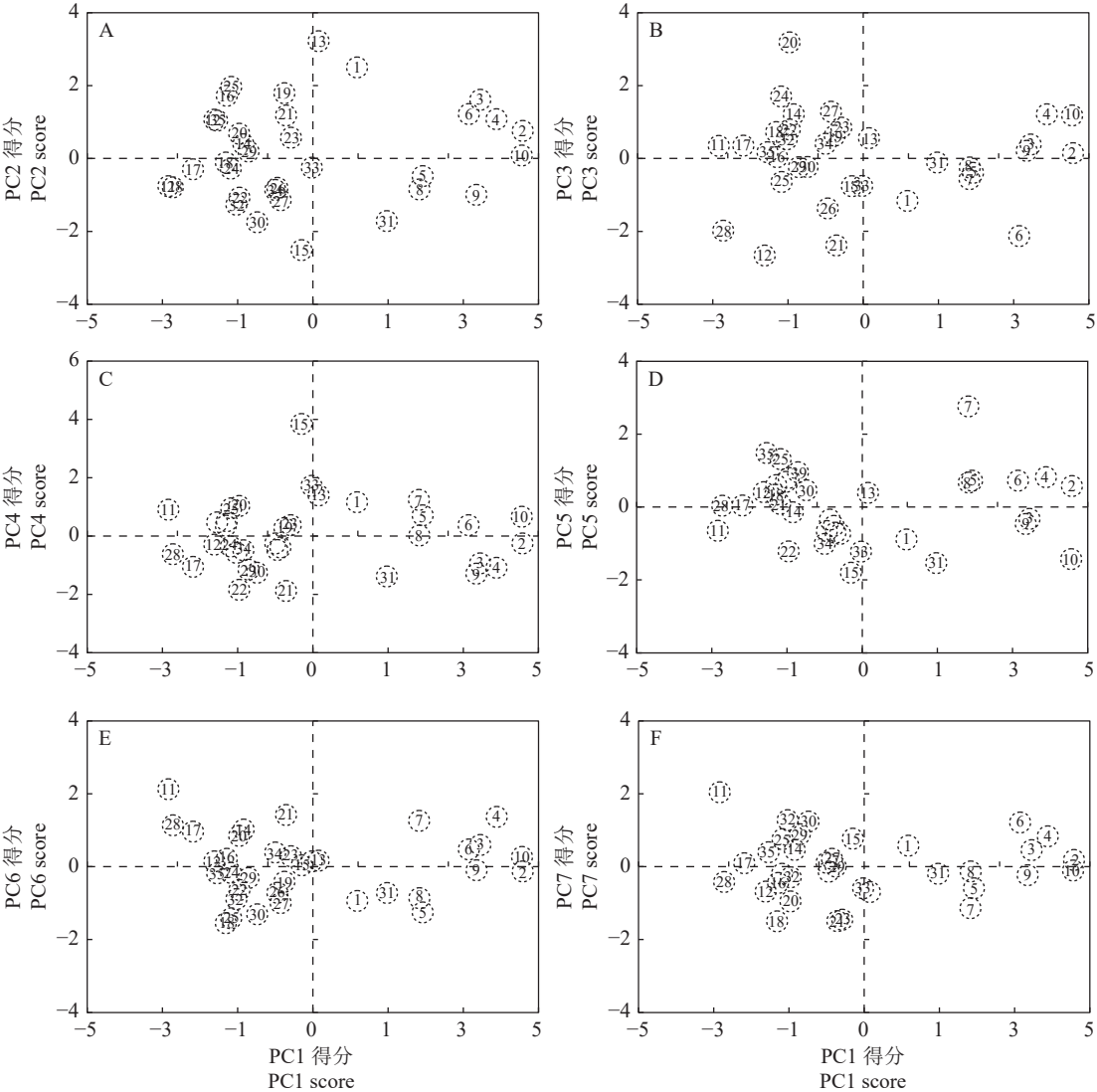
性状 ¹⁾ Trait	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12	PC13	PC14
Pt1	0.37	−0.06	0.00	0.02	0.27	0.01	0.11	0.29	0.24	0.76	0.13	0.15	0.01	0.08
Pt2	0.34	0.24	−0.01	−0.02	0.06	0.08	0.08	0.45	−0.45	−0.33	0.53	0.12	−0.04	0.05
Pt3	0.36	0.19	−0.03	−0.07	0.29	0.20	0.05	0.28	−0.03	−0.19	−0.71	−0.28	0.04	−0.02
Pt4	−0.09	−0.20	−0.02	0.56	−0.10	0.50	0.40	0.02	0.09	−0.09	0.01	0.02	0.00	0.04
Pt5	0.13	−0.31	0.13	0.30	0.56	0.22	−0.39	−0.38	−0.33	−0.01	0.06	0.03	−0.02	−0.03
Pt6	−0.23	0.27	0.60	0.00	0.05	0.02	0.08	0.05	−0.13	0.04	−0.27	0.62	−0.14	0.02
Pt7	−0.25	0.42	−0.27	0.28	0.18	−0.03	−0.15	0.01	0.04	0.02	−0.01	0.12	0.59	0.43
Pt8	0.19	−0.34	0.54	−0.28	−0.11	0.01	0.14	−0.05	0.00	−0.09	0.06	−0.16	0.53	0.37
Pt9	−0.05	0.25	−0.18	−0.55	0.33	0.30	0.60	−0.46	0.05	−0.01	0.15	0.07	−0.04	0.03
Pt10	0.38	0.02	−0.02	0.00	−0.13	0.27	−0.35	−0.08	0.63	−0.34	0.08	0.36	−0.04	0.06
Pt11	−0.13	0.46	0.46	0.15	0.08	0.19	−0.13	0.00	0.26	0.08	0.28	−0.54	−0.08	−0.17
Pt12	−0.25	−0.08	−0.10	−0.27	−0.29	0.65	−0.35	0.21	−0.22	0.25	−0.05	−0.04	−0.09	0.23
Pt13	0.34	0.24	−0.02	0.07	−0.40	0.15	−0.02	−0.29	−0.25	0.23	−0.07	0.10	0.41	−0.50
Pt14	−0.34	−0.24	−0.02	−0.18	0.28	0.12	−0.04	0.37	0.16	−0.12	0.09	0.13	0.40	−0.57
特征值 Eigenvalue	5.32	2.35	1.41	1.30	0.92	0.79	0.67	0.58	0.25	0.22	0.11	0.05	0.02	0.01
贡献率/%	38.03	16.76	10.04	9.29	6.57	5.67	4.81	4.11	1.80	1.54	0.81	0.36	0.11	0.10
Contribution rate														
累计贡献率/%	38.03	54.79	64.83	74.12	80.69	86.36	91.17	95.27	97.07	98.61	99.42	99.78	99.90	100.00
Cumulative contribution rate														

1) Pt1: 株高, Pt2: 剑叶长, Pt3: 倒二叶长, Pt4: 穗长, Pt5: 每穗落粒数, Pt6: 每穗实粒数, Pt7: 每穗瘪谷数, Pt8: 结实率, Pt9: 单株有效穗数, Pt10: 千粒质量, Pt11: 单穗质量, Pt12: 谷粒长, Pt13: 谷粒宽, Pt14: 谷粒长宽比。
1) Pt1: Plant height, Pt2: Flag leaf length, Pt3: The second leaf length, Pt4: Panicle length, Pt5: Falling grains per panicle, Pt6: Filled grains per panicle, Pt7: Shriveled grains per panicle, Pt8: Seed setting rate, Pt9: Effective panicles per plant, Pt10: 1 000-grain weight, Pt11: Single spike weight, Pt12: Grain length, Pt13: Grain width, Pt14: Grain length-width ratio.

少; PC4 最高载荷为穗长 (0.56), 最大负载荷为单株有效穗数 (-0.55), 特征向量的关系说明 PC4 是穗长因子, 穗长越长, 单株有效穗数越少; PC5 最高载荷为每穗落粒数 (0.56), 最大负载荷为谷粒宽 (-0.40), 特征向量的关系说明 PC5 是每穗落粒数因子, 每穗落粒数越多, 谷粒越窄; PC6 最高载荷为谷粒长 (0.65), 最大负载荷为每穗瘪谷数 (-0.03), 特征向量的关系说明 PC6 是谷粒长因子, 谷粒越长, 每穗瘪谷数越少; PC7 最高载荷为单株有效穗数 (0.60), 最大负载荷为每穗落粒数 (-0.39), 特征向量的关系说明 PC7 是单株有效穗数因子, 单株有效穗数越多, 每穗落粒数越少。

2.2.2 基于主成分的二维排序 基于中籼稻种质资源 14 个表型性状的主成分分析结果, 对累计贡献率达到 91.17% 的前 7 个主成分进行二维排序分

析, 以 PC1 得分为 x 轴、PC2~PC7 得分分别为 y 轴, 绘制对应的二维排序图 (图 1)。PC1 为千粒质量因子, 千粒质量的增加对产量的提高有正效应^[15]。PC2~PC7 分别为单穗质量、每穗实粒数、穗长、每穗落粒数、谷粒长和单株有效穗数因子; 其中, 单穗质量、每穗实粒数、穗长和单株有效穗数越大产量会越高, 在一定范围内每穗落粒数越多、谷粒越长会对产量产生负效应^[17]。因此, 在以 PC1 得分为 x 轴、PC2 得分为 y 轴的二维排序图中主成分对产量有正效应的种质资源主要分布在第 1 象限, 包含 ‘碑田倒’ ‘乌壳香’ ‘早花秋’ ‘铁秋’ ‘白龙虾’ ‘十月青’ 和 ‘金超 1 号’ (图 1A); 其共同特征是千粒质量和单穗质量大。以 PC1 得分为 x 轴、PC3 得分为 y 轴时, 符合主成分对产量有正效应的种质资源主要分布在第 1 象限, 包含 ‘乌壳



各小图中虚线圈内的数字表示供试中籼稻种质资源的编号。
The numbers in the dashed circles in each figure indicate codes of the tested medium indica germplasm resources.

图 1 中籼稻种质资源表型性状主成分二维排序图
Fig. 1 Two-dimensional sorting diagram of phenotypic trait principal components in medium indica germplasm resources

香’ ‘早花秋’ ‘铁秋’ ‘温州青’ ‘十月青’和 ‘金超 1 号’ (图 1B); 其共同特征是千粒质量大且每穗实粒数多, 具有较好的产量构成优势。以 PC1 得分为 x 轴、PC4 得分为 y 轴时, 符合主成分对产量有正效应的种质资源主要分布在第 1 象限, 包含 ‘碑田倒’ ‘泽华秋’ ‘白龙虾’ ‘三都白谷红米’ ‘深乌壳红’ ‘十月青’ 和 ‘金超 1 号’ (图 1C); 共同特征是穗较长且千粒质量大, 有利于提高穗产量。以 PC1 得分为 x 轴、PC5 得分为 y 轴时, 符合主成分对产量有正效应的种质资源主要分布在第 4 象限, 包含 ‘碑田倒’ ‘早花秋’ ‘温州青’ ‘十月青’ 和 ‘华航 1 号’ (图 1D); 其共同特征是千粒质量大, 每穗落粒数少, 表现出良好的结实性。以 PC1 得分为 x 轴、PC6 得分为 y 轴时, 符合主成分对产量有正效应的种质资源主要分布在第 4 象限, 包含 ‘碑田倒’ ‘乌壳香’ ‘泽华秋’ ‘深乌壳红’ ‘温州青’ 和 ‘华航 1 号’ (图 1E); 其共同特征是一定范围内谷粒短且穗质量大, 适合作物产量性状改良。以 PC1 得分为 x 轴、PC7 得分

为 y 轴时, 符合主成分对产量有正效应的种质资源主要分布在第 1 象限, 包含 ‘碑田倒’ ‘乌壳香’ ‘早花秋’ ‘铁秋’ 和 ‘白龙虾’ (图 1F); 其共同特征是千粒质量大和单株有效穗数多, 显示出良好的增产潜力。

2.2.3 中籼稻种质资源表型性状综合评价 基于 DPSv7.0 对中籼稻种质资源表型性状的主成分分析结果, 根据陈越等^[13] 方法计算各主成分隶属函数值, 依据主成分贡献率计算得出前 7 个主成分的权重系数分别为 0.417 1、0.183 9、0.110 1、0.109 2、0.072 0、0.062 2 和 0.052 7, 再根据权重系数计算 35 份中籼稻种质资源的综合评价 D 值, D 值越高表示综合表型性状越好。由表 4 可知, 综合排名前 10 的中籼稻种质资源分别是 ‘乌壳香’ ‘铁秋’ ‘十月青’ ‘早花秋’ ‘白龙虾’ ‘温州青’ ‘泽华秋’ ‘金超 1 号’ ‘深乌壳红’ 和 ‘碑田倒’, 这些种质资源可以作为中籼稻配组的亲本或者中间材料。

表 4 中籼稻种质资源 D 值及排名
Table 4 D values and their ranking of medium indica germplasm resources

排名Ranking	D	编号 Code	排名Ranking	D	编号Code	排名Ranking	D	编号Code
R1	2.11	2	R13	0.05	31	R25	-0.61	29
R2	2.10	4	R14	-0.04	20	R26	-0.68	24
R3	2.05	10	R15	-0.08	33	R27	-0.78	26
R4	1.82	3	R16	-0.08	23	R28	-0.86	18
R5	1.61	6	R17	-0.32	25	R29	-0.88	32
R6	1.17	9	R18	-0.35	15	R30	-0.98	30
R7	0.89	5	R19	-0.39	16	R31	-1.04	12
R8	0.85	13	R20	-0.41	14	R32	-1.12	22
R9	0.79	8	R21	-0.49	27	R33	-1.15	11
R10	0.76	1	R22	-0.51	35	R34	-1.17	17
R11	0.36	7	R23	-0.53	21	R35	-1.67	28
R12	0.10	19	R24	-0.53	34			

35 份中籼稻种质资源 D 值与 14 个表型性状的相关性分析结果分别为: 株高 0.799($P<0.01$)、剑叶长 0.853($P<0.01$)、倒二叶长 0.872($P<0.01$)、穗长 -0.166、每穗落粒数 0.250、每穗实粒数-0.278、每穗瘪谷数-0.347($P<0.01$)、结实率 0.312、单株有效穗数-0.048、千粒质量 0.793($P<0.01$)、单穗质量 0.015、谷粒长-0.625($P<0.01$)、谷粒宽 0.819 ($P<0.01$) 和谷粒长宽比-0.855($P<0.01$)。 D 值与穗长、每穗实粒数、每穗瘪谷数、单株有效穗数、谷粒长和谷粒长宽比均呈负相关。 D 值与每穗瘪谷数、谷粒长和谷粒长宽比呈极显著负相关, 与株高、剑

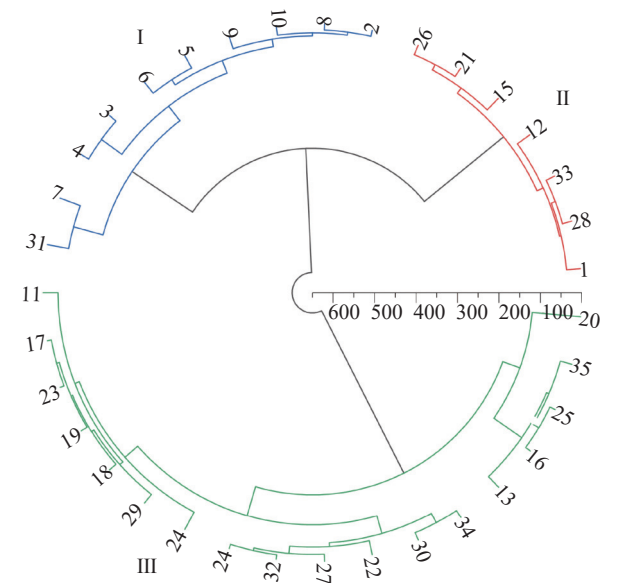
叶长、倒二叶长、千粒质量和谷粒宽呈极显著正相关; 表明这些表型性状对中籼稻种质资源的表型综合评价 D 值影响显著。

2.2.4 中籼稻种质资源表型性状综合评价指标筛选 以 D 值为因变量、14 个表型性状的观测数据为自变量, 通过逐步回归分析得到最优回归方程: $y=-3.135\ 3-1.464\ 6x_1+0.014\ 4x_2+0.051\ 0x_4+0.070\ 3x_6+1.626\ 7x_9+0.167\ 8x_{12}$, x_1 、 x_2 、 x_4 、 x_6 、 x_9 和 x_{12} 分别代表株高、剑叶长、每穗落粒数、每穗瘪谷数、千粒质量和谷粒宽, 其对应的直接通径系数分别为: -1.828 4、0.387 2、0.658 1、0.138 9、0.169 6 和 0.201 5。

回归方程的相关系数 $r=0.964\ 5$, 当 D 值为 62.177 时, 方程呈现极显著水平, 说明以上 6 个表型性状对中籼稻种质资源表型多样性的综合评价影响显著, 可以作为评价指标。

2.3 中籼稻种质资源表型性状遗传多样性的聚类分析

基于 14 个表型性状的观测数据, 按离差平方和法对中籼稻种质资源进行聚类分析, 构建不同中籼稻种质资源材料的聚类图。结果如图 2 和表 5 所示, 在 Euclidean 平方距离 250 处 35 份中籼稻材料可分为 3 大类。



各分支节点的数字表示供试中籼稻种质资源的编号; I、II、III 表示类群。
The numbers at each branch node indicate codes of the tested medium indica germplasm resources; I, II, III indicate clusters.

图 2 中籼稻种质资源表型性状的聚类分析
Fig. 2 Cluster analysis of phenotypic traits of medium indica germplasm resources

第 I 类群种质资源包括 ‘乌壳香’ ‘早花秋’ ‘铁秋’ ‘泽华秋’ ‘白龙虾’ ‘三都白谷红

米’ ‘深乌壳红’ ‘温州青’ ‘十月青’ 和 ‘华航 1 号’, 占供试中籼稻种质资源的 28.57%。该类群种质资源植株最高 (161.77 cm), 剑叶最长 (44.90 cm), 倒二叶最长 (58.32 cm), 穗最短 (27.08 cm), 每穗落粒数最多 (3.01), 每穗实粒数最少 (127.93), 千粒质量最大 (26.24 g), 谷粒最短 (0.77 cm), 谷粒最宽 (0.32 cm), 谷粒长宽比最小 (2.52); 其他表型性状在 3 个类群中居中。综合各表型性状的特点, 该类群的种质资源是重要增产材料, 但还有一些农艺性状需要改善。

第 II 类群包括 ‘碑田倒’ ‘华占’ ‘黄莉占’ ‘粤丰丝苗’ ‘桂锦软占’ ‘象牙香占’ 和 ‘华航 31 号’, 占供试中籼稻种质资源的 20.00%。该类群种质资源植株最矮 (119.04 cm), 穗最长 (29.64 cm), 每穗落粒数最少 (1.48), 每穗瘪谷数最多 (60.58), 结实率最低 (69.34%), 单穗质量最小 (3.62 g), 谷粒最长 (0.88 cm); 其他表型性状在 3 个类群中适中。综合各表型性状的特点, 该类群综合性状一般, 需要进一步改善产量性状。

第 III 类群包括 ‘黄华占’ ‘金超 1 号’ ‘玉晶占 5 号’ ‘黄粤丝苗’ ‘固广占’ ‘五山丝苗’ ‘丰粤占’ ‘航特占’ ‘台农新占’ ‘粤禾丝苗’ ‘五山桂占’ ‘粤晶丝苗’ ‘溪野占 8 号’ ‘美香占 2 号’ ‘玉珍占’ ‘华航丝苗’ ‘华航 32 号’ 和 ‘丝荔丝苗’, 占供试中籼稻种质资源的 51.43%。该类群种质资源剑叶最短 (33.63 cm), 倒二叶最短 (40.98 cm), 每穗实粒数最多 (186.20), 单株有效穗数最多 (13.88), 单穗质量最大 (4.65 g), 谷粒长宽比最大 (3.68); 其他产量构成因素适中。综合各表型性状的特点, 该类群种质资源具有每穗实粒数多、单株有效穗多的优点, 可作为较好的遗传资源。

表 5 中籼稻种质资源不同类群各指标平均值"
Table 5 Average value of each index in different clusters of medium indica rice germplasm resources

类群 Cluster	Pt1/cm	Pt2/cm	Pt3/cm	Pt4/cm	Pt5	Pt6	Pt7	Pt8/%	Pt9	Pt10/g	Pt11/g	Pt12/cm	Pt13/cm	Pt14
I	161.77	44.90	58.32	27.08	3.01	127.93	22.57	85.75	13.50	26.24	3.63	0.77	0.32	2.52
II	118.04	36.22	41.24	29.64	1.48	132.98	60.58	69.34	12.71	20.71	3.62	0.88	0.28	3.29
III	120.00	33.63	40.98	28.35	1.58	186.20	49.21	79.74	13.88	18.98	4.65	0.85	0.24	3.68

1) Pt1: 株高, Pt2: 剑叶长, Pt3: 倒二叶长, Pt4: 穗长, Pt5: 每穗落粒数, Pt6: 每穗实粒数, Pt7: 每穗瘪谷数, Pt8: 结实率, Pt9: 单株有效穗数, Pt10: 千粒质量, Pt11: 单穗质量, Pt12: 谷粒长, Pt13: 谷粒宽, Pt14: 谷粒长宽比。
1) Pt1: Plant height, Pt2: Flag leaf length, Pt3: The second leaf length, Pt4: Panicle length, Pt5: Falling grains per panicle, Pt6: Filled grains per panicle, Pt7: Shriveled grains per panicle, Pt8: Seed setting rate, Pt9: Effective panicles per plant, Pt10: 1 000-grain weight, Pt11: Single spike weight, Pt12: Grain length, Pt13: Grain width, Pt14: Grain length-width ratio.

3 讨论与结论

3.1 中籼稻种质资源表型性状的遗传差异

丰富的种质资源是进行水稻优异基因挖掘和品种创新突破的基础,科学保护与高效利用水稻种质资源,对于增强品种对不同栽培环境的适应能力、提升育种水平具有重要意义^[17-18]。通过变异系数与遗传多样性指数的测定,可科学评估水稻种质资源群体的遗传多样性水平,为种质资源的挖掘与创新利用提供理论依据。

本研究对 35 份中籼稻种质资源的 14 个主要农艺性状进行了系统分析,结果显示各性状的变异系数为 9.31%~78.39%,表现出明显的性状差异。其中,除谷粒长(9.31%)外,其余 13 个性状的变异系数均在 10% 以上,表明这些性状在供试材料中存在丰富的表型变异,具备作为中籼稻种质创新来源的潜力。通常而言,低变异性性状(如谷粒长)多由少数主效基因控制,遗传稳定性较强,可作为品种改良中的稳定遗传目标性状加以直接利用;而高变异性性状(如每穗落粒数、每穗瘪谷数)则可能受到多基因调控及环境因子的显著影响,其改良需结合多基因互作分析和环境适应性研究,通过精准识别并聚合优良等位基因,实现性状的稳定改良。

本研究中 35 份中籼稻材料的遗传多样性指数介于 4.82~5.12,整体水平较高,尤其是千粒质量、每穗实粒数等与产量密切相关的性状,其多样性指数高于前人在粳稻^[8]、热带稻^[19]及彩色稻^[20]等材料上的研究结果,显示出中籼稻种质在产量性状方面更为丰富的遗传基础。这一结果为深入挖掘优良基因及优化产量构成性状提供了重要支撑。

3.2 中籼稻种质资源表型性状的综合评价

本研究基于二维排序分析方法对 35 份中籼稻种质资源进行评估,结果表明‘碑田倒’‘早花秋’‘乌壳香’和‘十月青’在二维排序图中高度重叠,说明其综合性状表现优异,可作为中籼稻育种中亲本选择的中间材料。在主成分分析和隶属函数法综合评价的基础上,对中籼稻种质资源进行 *D* 值综合评价,综合表现较好的前 10 个种质资源依次为‘乌壳香’‘铁秋’‘十月青’‘早花秋’‘白龙虾’‘温州青’‘泽华秋’‘金超 1 号’‘深乌壳红’和‘碑田倒’,这些材料在农艺和经济性状方面具有较大优势。结合主成分二维排序分析和 *D* 值综合评价结果,进一步验证得出‘乌壳香’‘早花秋’‘十月青’和‘碑田倒’在多个性状上表现优异,具有作为育种亲本的潜力。

通过主成分分析和逐步回归分析对 14 个表型性状进行筛选,最终确定株高、剑叶长、每穗落粒数、每穗瘪谷数、千粒质量和谷粒宽这 6 个性状对中籼稻种质资源的综合评价 *D* 值影响显著,可作为中籼稻种质资源评价的关键指标。其中,每穗瘪谷数、千粒质量和谷粒宽等关键性状与陈越等^[13]、宫彦龙等^[20]、杨海龙等^[21]的研究结论一致,进一步印证了其在综合评价中的重要性。

在聚类分析的基础上,将 35 份中籼稻种质资源划分为 3 个类群。第 I 类群具有植株较高、叶片长、穗短、每穗落粒数多、每穗实粒数少,但千粒质量大、谷粒短等特征,应在保持粒质量优势的基础上,通过选育手段改善产量相关性状。第 II 类群穗较长、株型矮小,但瘪谷多、结实率低、单穗质量小,综合农艺性状表现一般。第 III 类群每穗实粒数和单株有效穗较多,单穗质量大,叶片偏短,其他产量构成因素适中,综合表现较优,可作为潜在的优良遗传资源,根据育种目标性状加以利用,为中籼稻优质高产育种提供有力支撑。

3.3 中籼稻种质资源农艺、经济性状的改良方向

中籼稻农艺、经济性状的形成受复杂基因网络的调控,在产量性状的遗传改良中,多个关键基因在穗粒数、粒质量和穗数的优化中起重要作用^[22]。例如, *Gn1a* 是控制穗粒数的关键基因,可通过基因编辑提高穗粒数^[23]; *DEP1* 影响穗型和结实率,适用于高产株型改良^[24]; *GW5* 基因调控粒宽和粒质量,可在优化粒质量的同时保持高粒数^[25]。这些关键基因的功能解析为中籼稻高产高效育种提供了理论基础。结合本研究优异种质资源的筛选结果,建议在未来的中籼稻育种中充分利用基因组选择和基因编辑等分子育种技术^[26],在精准识别与聚合优良等位基因的基础上,开展关键产量相关基因的定向改良与组合优化。通过构建兼顾高产、优质与稳产性的理想株型,实现中籼稻农艺、经济性状的多目标协调提升,加快优良中籼稻新品种的培育进程,推动我国中籼稻育种水平的持续提升。

参考文献:

[1] WANG Z, CHENG J, CHEN Z, et al. Identification of QTLs with main, epistatic and QTL × environment interaction effects for salt tolerance in rice seedlings under different salinity conditions[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 125(4): 807-815.
[2] 徐春春, 纪龙, 陈中督, 等. 2020 年我国水稻产业形势分析及 2021 年展望[J]. *中国稻米*, 2021, 27(2): 1-4.
[3] 刘承晨, 赵富伟, 吴晓霞, 等. 云南哈尼梯田当前栽培水稻遗传多样性及群体结构分析[J]. *中国水稻科学*,

2015, 29(1): 28-34.

[4] ZHAO K, TUNG C W, EIZENGA G C, et al. Genome-wide association mapping reveals a rich genetic architecture of complex traits in *Oryza sativa*[J]. [Nature Communications](#), 2011, 2: 467. doi: 10.1038/ncomms1467.

[5] 张媛媛. 中国不同地理来源的籼稻地方品种遗传多样性分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2005.

[6] HUANG X, WEI X, SANG T, et al. Genome-wide association studies of 14 agronomic traits in rice landraces[J]. [Nature Genetics](#), 2010, 42(11): 961-967.

[7] VEASEY E A, DA SILVA E F, SCHAMMASS E A, et al. Morphoagronomic genetic diversity in American wild rice species[J]. [Brazilian Archives of Biology and Technology](#), 2008, 51(1): 94-104.

[8] 曾亚文, 李白超, 申时全, 等. 云南地方稻种的多样性及优异种质研究[J]. 中国水稻科学, 2001, 15(3): 169-174.

[9] 李振姣, 马斯霜, 邵丽群, 等. 宁夏外引水稻种质资源表型性状遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学, 2016, 44(8): 117-121.

[10] 胡标林, 万勇, 李霞, 等. 水稻核心种质表型性状遗传多样性分析及综合评价[J]. 作物学报, 2012, 38(5): 829-839.

[11] 张晓丽, 吕荣华, 王强, 等. 4 个东南亚国家水稻种质的表型多样性分析[J]. 西南农业学报, 2017, 30(12): 2617-2623.

[12] 王芳, 薛桂霞. 中国籼稻生产区域分析[J]. [杂交水稻](#), 2005, 20(3): 9-13.

[13] 陈越, 张敦宇, 丁明亮, 等. 多个省份水稻资源的表型多样性与优异资源的筛选[J]. 浙江农业学报, 2019, 31(11): 1779-1789.

[14] 马均. 不同穗重型水稻的形态、理化特性及产量潜力的研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2002.

[15] 韩龙植, 魏兴华. 水稻种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006: 3-120.

[16] 孙建昌, 马静, 杨生龙, 等. 粳稻粒形对其产量及主要农艺性状的影响[J]. 西北农业学报, 2011, 20(9): 50-53.

[17] 唐如玉, 邹玉霞, 陈娇, 等. 三峡库区优异稻种资源遗传多样性及群体结构分析[J]. 植物遗传资源学报, 2019, 20(6): 1408-1417.

[18] 邓宏中. 基于 SSR 标记的中国水稻地方品种与选育品种遗传多样性研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2015.

[19] 贺治洲, 尹明, 谢振宇, 等. 热带水稻优异种质资源的表型遗传多样性分析[J]. 热带农业科学, 2014, 34(9): 37-42.

[20] 宫彦龙, 雷月, 闫志强, 等. 不同生态区粳稻资源表型遗传多样性综合评价[J]. 作物杂志, 2020(5): 71-79.

[21] 杨海龙, 王晖, 雷锦超, 等. 浙江省早籼稻种质资源的表型多样性分析与评价[J]. [浙江农业学报](#), 2022, 34(8): 1571-1581.

[22] 董俊杰, 曾宇翔, 季芝娟, 等. 273 份水稻种质资源的遗传多样性、群体结构与连锁不平衡分析[J]. 中国水稻科学, 2021, 35(2): 130-140.

[23] TU B, TAO Z, WANG S, et al. Loss of *Gn1a/OsCKX2* confers heavy-panicle rice with excellent lodging resistance[J]. [Journal of Integrative Plant Biology](#), 2022, 64(1): 23-38.

[24] LIU Q, HAN R, WU K, et al. G-protein $\beta\gamma$ subunits determine grain size through interaction with MADS-domain transcription factors in rice[J]. [Nature Communications](#), 2018, 9: 852. doi: 10.1038/s41467-018-03047-9.

[25] ZHANG X F, YANG C Y, LIN H X, et al. Rice *SPL12* coevolved with *GW5* to determine grain shape[J]. [Science Bulletin](#), 2021, 66(23): 2353-2357.

[26] MARULANDA J J, MI X, MELCHINGER A E, et al. Optimum breeding strategies using genomic selection for hybrid breeding in wheat, maize, rye, barley, rice and triticale[J]. [Theoretical and Applied Genetics](#), 2016, 129(10): 1901-1913.

【责任编辑 李庆玲】