

刘猷红,董文军,何珊,等. 186份寒地粳稻种质资源数量性状遗传多样性分析与评价[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(5): 876-886.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.05.002

# 186份寒地粳稻种质资源数量性状遗传多样性分析与评价

刘猷红<sup>1,2,3</sup>, 董文军<sup>1,2,3</sup>, 何珊<sup>1</sup>, 孟英<sup>1,2,3</sup>, 张喜娟<sup>1,2,3</sup>, 刘凯<sup>3,4</sup>, 冷春旭<sup>5</sup>,  
唐傲<sup>1,3</sup>, 商全玉<sup>3,6</sup>

(1.黑龙江省农业科学院耕作栽培研究所,黑龙江 哈尔滨 150028; 2.黑龙江省农业科学院博士后科研工作站,黑龙江 哈尔滨 150086; 3.国家耐盐碱水稻技术创新中心东北中心,黑龙江 哈尔滨 150086; 4.黑龙江省农业科学院,黑龙江 哈尔滨 150086; 5.黑龙江省农业科学院生物技术研究所,黑龙江 哈尔滨 150028; 6.黑龙江省农业科学院黑河分院,黑龙江 黑河 164300)

**摘要:** 为系统评价寒地粳稻种质资源数量性状的遗传多样性,明确性状间的相关性,为水稻优良品种筛选及亲本选配提供理论依据,以186份寒地粳稻种质资源为供试材料,通过数量遗传学与多元统计分析方法对19个数量性状进行综合评价。结果表明,19个数量性状均存在丰富的遗传变异,变异系数介于1.24%~75.73%,垩白粒率的变异系数最大,糙米率的变异系数最小。相关性分析结果表明,株高与其他18个性状呈显著或极显著相关,表现出较强的多效性;产量与穗数、穗长、穗粒数及食味值呈极显著正相关;食味值与整精米率、直链淀粉含量呈极显著正相关,与垩白粒率、垩白度呈极显著负相关。聚类分析将186份水稻种质分为4个类群,类群I占比最高且蛋白质含量平均值最高,食味值最低;类群II穗数、结实率、千粒重等产量因子优势明显;类群III占比最低,株高、穗长、穗粒数、产量、食味值及粒型性状(谷粒长宽比、谷粒长、精米长宽比、精米长)平均值最高;类群IV整精米率、垩白粒率、垩白度平均值最高。主成分分析提取的前6个主成分累计贡献率达85.233%,分别反映粒型、蒸煮食味品质、加工品质、外观品质、穗粒结构和粒重特性。基于综合评价结果筛选出中科804、中科发5、东富105等10份综合性状优异的种质。本研究结果为中国寒地稻区优良粳稻品种的筛选及亲本配制提供了理论依据和材料支撑,对推动粳稻新品种的选育具有重要参考价值。

**关键词:** 寒地粳稻; 种质资源; 数量性状; 遗传多样性;

**中图分类号:** S511.2<sup>+</sup>2;S324 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2026)05-0876-11

## Genetic diversity analysis and evaluation of quantitative traits in 186 cold-region japonica rice germplasm resources

LIU Youhong<sup>1,2,3</sup>, DONG Wenjun<sup>1,2,3</sup>, HE Shan<sup>1</sup>, MENG Ying<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Xijuan<sup>1,2,3</sup>, LIU Kai<sup>3,4</sup>,  
LENG Chunxu<sup>5</sup>, TANG Ao<sup>1,3</sup>, SHANG Quanyu<sup>3,6</sup>

收稿日期: 2025-12-22

**基金项目:** 黑龙江省自然科学基金项目(LH2023C098); 黑龙江省重点研发计划项目(GA23B002); 黑龙江省种业创新发展项目(2024HZYCXNK01); 黑龙江省博士后科学基金项目(LBH-Z22266); 黑龙江省农业科技新跨越工程农业科技基础创新优秀项目(CX22YQ07)

**作者简介:** 刘猷红(1985-),男,汉族,江西赣州人,博士,副研究员,主要研究方向为水稻遗传育种。(Tel) 0451-51127890; (E-mail) liuyouhong1011@126.com

**通讯作者:** 唐傲, (E-mail) neweric@126.com; 商全玉, (E-mail) shangquanyu11@163.com

(1. Institute of Crop Tillage and Cultivation, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150028, China; 2. Postdoctoral Scientific Research Station of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China; 3. Northeast Center of National Salt and Alkali Tolerant Rice Technology Innovation Center, Harbin 150086, China; 4. Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China; 5. Biotechnology Research Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150028, China; 6. Heihe Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Heihe 164300, China)

**Abstract:** To systematically evaluate the genetic diver-

sity of quantitative traits in cold-region *japonica* rice germplasm resources and clarify trait relationships to provide theoretical basis for excellent germplasm resource selection and parental combination, a total of 186 cold-region *japonica* rice germplasm resources were analyzed for 19 quantitative traits using quantitative genetics and multivariate statistical methods. The results indicated that all 19 traits exhibited abundant genetic variation, with coefficient of variation (*CV*) ranging from 1.24% to 75.73%. Chalky grain rate showed the highest *CV*, while brown rice rate showed the lowest *CV*. Correlation analysis revealed that plant height was significantly or extremely significantly correlated with the other 18 traits, demonstrating strong pleiotropy. Yield was extremely significantly positively correlated with panicle number, panicle length, growth number per panicle and taste value. Taste value was extremely significantly positively correlated with head rice rate and amylose starch content, but was extremely significantly negatively correlated with chalky grain rate and chalkiness degree. Cluster analysis classified the 186 rice germplasm resources into four groups: group I had the highest proportion and exhibited the highest protein content and the lowest taste value; group II showed advantages in panicle number, seed setting rate and 1 000-grain weight; group III displayed the lowest proportion and the highest mean values of plant height, panicle length, grain number per panicle, yield, taste value and grain shape traits (grain length-width ratio, grain length, milled rice length-width ratio, milled rice length); group IV had the highest head rice rate, chalky grain rate and chalkiness degree. Principal component analysis extracted six principal components with cumulative contribution of 85.233%, representing grain shape, cooking and eating quality, milling quality, appearance quality, panicle structure and grain weight, respectively. Ten excellent germplasm resource including Zhongke 804, Zhongkefa 5 and Dongfu 105 were identified through comprehensive evaluation. This study provides theoretical foundation and germplasm support for breeding superior *japonica* rice varieties in cold-region rice area of China, and has important reference value for promoting the breeding of new *japonica* rice varieties.

**Key words:** cold-region *japonica* rice; germplasm resources; quantitative traits; genetic diversity

水稻 (*Oryza sativa* L.) 作为全球重要的粮食作物, 在中国粮食安全战略中具有不可替代的核心作用<sup>[1-2]</sup>。随着人口增长和耕地减少, 提高水稻单产和稻米品质水平, 已成为保障国家粮食安全的关键举措。寒地粳稻作为中国东北地区特有的水稻生态类型, 具有耐寒性强、米质优、食味佳等独特优势, 是北方稻区的主栽品种类型<sup>[3-4]</sup>。然而, 寒地稻区生态条件特殊, 水稻生长期短, 有效积温低, 对品种的适应性要求高, 严重制约了粳稻产量的进一步提升<sup>[5-7]</sup>。

遗传多样性是作物育种的基础, 丰富的遗传变异为选择优良基因型提供了可能<sup>[8-9]</sup>。水稻产量的大幅度提升离不开水稻优异种质资源的发掘与利用<sup>[10]</sup>。针对当前水稻育种中遗传基础狭窄、优异种质稀缺及资源利用效能偏低等核心瓶颈, 学界已围绕水稻种质资源遗传多样性开展了系列研究工作<sup>[11-14]</sup>。通过表型性状分析, 筛选出综合性状优异的种质材料, 为粳稻育种提供了重要的亲本来源<sup>[15-17]</sup>。在品质性状遗传研究方面, 前人研究结果表明, 稻米品质性状间存在复杂的遗传相关性。吕靖芳等<sup>[18]</sup>研究发现, 不同粳稻品种的品质性状有较大差异, 且各指标间表现出不同程度的相关性。袁嘉琦等<sup>[19]</sup>的相关性分析结果表明, 所测定的 13 个品质指标之间存在不同程度的相关性。冯莹莹等<sup>[20]</sup>以东北南部产区优质粳稻为研究对象开展品质综合鉴定评价, 发现不同粳稻品种之

间的各项品质指标差异显著。

然而, 针对寒地粳稻种质资源的系统评价研究仍相对薄弱, 特别是对其数量性状的遗传变异规律及不同性状间的相互关系缺乏深入认识, 本研究拟以 186 份寒地粳稻种质资源为试验材料, 通过数量遗传学与多元统计分析方法, 对 19 个关键数量性状进行系统评价, 旨在明确寒地粳稻种质资源的表型遗传多样性水平, 揭示关键性状间的相互关系及遗传规律, 筛选综合性状优异的亲本材料, 为寒地粳稻育种改良提供理论依据和技术支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

186 份供试材料 (表 1) 均由黑龙江省农业科学院草业研究所国家寒地作物种质及大豆种质资源中期库提供。

### 1.2 试验设计

试验于 2023-2024 年在黑龙江省农业科学院国家农业示范园区水田试验基地 (45°49'N, 126°48'E) 进行。采用完全随机区组设计, 设置 3 次重复, 每份材料插植 4 行, 每穴插单苗, 每行 20 穴, 行株距为 30.0 cm×13.3 cm, 所有品种同期播种和移栽, 四周均设保护行, 4 月份育苗, 5 月份移栽, 栽培管理措施同当地大田生产。

表 1 供试水稻种质资源编号及名称

Table 1 The names and numbers of the tested rice germplasm resources

编号	品种名	编号	品种名	编号	品种名	编号	品种名
1	黑粳 9 号	48	合江 20 号	95	东农 415	142	东农 413
2	黑粳 1518	49	金禾 1 号	96	东农 419	143	龙粳 3 号
3	建航 1715	50	垦稻 8 号	97	东农 423	144	龙粳 2 号
4	龙庆稻 3 号	51	垦稻 12	98	东农 428	145	黑粳 4 号
5	龙梗香 1 号	52	苗稻 2 号	99	松粳 20	146	龙粳 1 号
6	龙庆稻 5	53	绥粳 3 号	100	松粳 2 号	147	合江 23 号
7	上育 397	54	绥粳 4 号	101	松粳 3	148	合江 22 号
8	垦稻 11	55	绥粳 5 号	102	松粳 5	149	合江 12 号
9	空育 131	56	绥粳 8	103	松粳 7	150	牡丹江 17
10	龙粳 18	57	绥粳 9	104	松粳 9	151	黑粳 2 号
11	龙粳 20	58	绥粳 12	105	松粳 11	152	国光
12	龙粳 21	59	绥粳 18	106	松粳 22	153	太阳 3 号
13	龙粳 25	60	绥粳 22	107	松粳 12	154	丰产 9 号
14	龙粳 26	61	绥粳 28	108	松粳 16	155	丰产 5 号
15	龙粳 27	62	绥粳 32	109	松粳 18	156	丰产 4 号
16	龙粳 29	63	绥粳 109	110	松粳 28	157	牡丹江 2 号
17	龙粳 30	64	绥粳 302	111	松粳 29	158	禹申龙白毛
18	龙粳 31	65	绥粳 10	112	中龙粳 2 号	159	合江 18 号
19	龙粳 36	66	垦稻 10	113	金禾 5	160	合江 16 号
20	龙粳 39	67	中龙香粳 1 号	114	中科发 5	161	合江 14 号
21	龙粳 42	68	富士光	115	五优稻 1 号	162	合江 13 号
22	龙粳 43	69	龙盾 104	116	五优稻 A	163	合江 11 号
23	龙粳 46	70	龙洋 16	117	五优稻 4 号	164	合江 10 号
24	龙粳 65	71	牡丹江 8 号	118	秋田小町	165	黑粳 11
25	龙粳 1437	72	牡丹江 19	119	黑粳 8 号	166	合江 6 号
26	龙粳 1525	73	牡丹江 22	120	奥羽 320	167	合江 5 号
27	龙粳 1539	74	牡丹江 27	121	京引 59	168	合江 4 号
28	石狩	75	牡丹江 29	122	秋光	169	合江 3 号
29	农林 11 号	76	牡丹江 31	123	京引 58	170	合江 1 号
30	合江 15 号	77	牡丹江 32	124	藤系 140	171	坊主
31	合江 19 号	78	松粳 8	125	藤系 138	172	富国
32	合江 21 号	79	松粳 10	126	黑粳 7 号	173	青森 5 号
33	普选 10	80	松粳 19	127	松粳 6	174	普优 17
34	莎莎妮	81	绿珠 2 号	128	牡丹江 26	175	松 98-131
35	龙稻 5	82	沃科收 1 号	129	牡丹江 21	176	空育 150
36	龙稻 11	83	兴国 1 号	130	牡丹江 20	177	龙粳 13 号
37	龙稻 18	84	中科 804	131	龙稻 1 号	178	公字 1 号
38	齐粳 10	85	龙香稻 2 号	132	龙粳 9 号	179	莲稻 1 号
39	绥粳 14	86	东富 105	133	龙粳 8 号	180	里歌
40	垦粳 8 号	87	哈粳稻 2 号	134	龙粳 7 号	181	东农 422
41	牡响 1 号	88	龙粳 40	135	中龙稻 1 号	182	藤系 168
42	绥粳 7 号	89	龙稻 3	136	龙盾 103	183	太阳 4 号
43	牡丹江 28	90	龙稻 4	137	北稻 2 号	184	新越光
44	三江 1 号	91	龙稻 124	138	东农 421	185	东农 3134
45	三江 6 号	92	龙稻 21	139	五优稻 3 号	186	石狩白毛
46	东农 416	93	龙稻 203	140	上育 418		
47	关东 58	94	龙稻 363	141	普选 27		

### 1.3 测定项目与方法

1.3.1 数量性状调查 参考《水稻种质资源鉴定技术规范》(NY/T4019-2021),在水稻成熟期测定株高、穗长、谷粒长宽比、谷粒长、精米长宽比、精米长等相关生物学性状,同时测定产量及产量相关构成因素(包括有效穗数、穗粒数、结实率、千粒重)。每个品种按平均有效穗数选取9株进行指标测定,3次重复。由于品种间生育期差异较大,适期收获,产量测定采用全小区收获法,收获后去除水分及杂质,经折算获得单位面积产量。

稻米品质的测定:糙米率采用大竹FC2K型磨谷机加工稻谷后称重计算;精米率采用Kett精米机加工糙米后称重计算;整精米率、垩白粒率和垩白度采用万深SC-E型稻米品质分析仪测定。直链淀粉含量、食味值及蛋白质含量采用佐竹RCTA11A型米粒食味计测定<sup>[21]</sup>。

1.3.2 数据处理与分析 使用Excel 2019统计分

析各数量性状数据,应用SPSS 20统计软件分析各性状之间的相关性并进行主成分分析,同时计算各主成分得分;采用Origin 2024作图软件绘图。所有数量性状数据均以连续2年测定结果的平均值用于后续统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 水稻品种遗传多样性分析

由表2可知,通过统计分析发现,19个数量性状均存在不同程度的变异,变异系数(CV)介于1.24%~75.73%,其中垩白粒率的变异系数最大,糙米率的变异系数最小。其余17个性状变异系数排序为垩白度>穗粒数>穗数>谷粒长宽比>精米长宽比>产量>穗长>精米长>整精米率>株高>蛋白质含量>谷粒长>结实率>千粒重>直链淀粉含量>食味值>精米率。

表2 供试材料遗传多样性分析及变异分析

Table 2 Analysis of genetic diversity and variation in the tested materials

性状	最大值	最小值	极差	平均值	标准差	性状	变异系数(%)
株高(cm)	122.92	76.62	46.30	96.13	9.83	株高	10.22
穗数(穗)	20.50	6.28	14.22	12.33	2.45	穗数	19.85
穗长(cm)	24.21	12.98	11.23	17.84	2.21	穗长	12.39
穗粒数(粒)	217.39	64.74	152.65	110.12	26.80	穗粒数	24.34
结实率(%)	97.19	77.83	19.35	88.70	7.48	结实率	8.43
千粒重(g)	31.53	22.07	9.45	26.75	1.71	千粒重	6.39
产量(t/hm <sup>2</sup> )	10.59	5.23	5.35	7.67	1.08	产量	14.12
糙米率(%)	84.41	80.21	4.20	82.13	1.02	糙米率	1.24
精米率(%)	76.71	66.47	10.23	71.74	2.30	精米率	3.21
整精米率(%)	75.36	43.86	31.50	62.80	6.63	整精米率	10.55
食味值	84.00	73.83	10.17	78.87	2.72	食味值	3.45
蛋白质含量(%)	10.83	7.22	3.62	8.54	0.84	蛋白质含量	9.78
直链淀粉含量(%)	19.58	15.85	3.73	17.41	1.04	直链淀粉含量	5.97
垩白粒率(%)	27.73	0.54	27.19	7.15	5.42	垩白粒率	75.73
垩白度(%)	6.64	0.10	6.54	1.66	1.23	垩白度	74.10
谷粒长宽比	3.61	1.91	1.71	2.44	0.41	谷粒长宽比	16.89
谷粒长(mm)	9.56	6.36	3.20	7.41	0.67	谷粒长	9.09
精米长宽比	2.34	1.38	0.96	1.71	0.25	精米长宽比	14.61
精米长(mm)	7.16	4.40	2.76	5.76	0.62	精米长	10.84

## 2.2 寒地粳稻种质资源数量性状的相关性分析

由表 3 可知,大多数数量性状间的相关性达显著水平,其中,株高性状与其他 18 个农艺性状间的相关性均达到显著或极显著水平;穗数与产量、糙米率、食味值呈极显著正相关,与穗长和穗粒数呈极显著负相关;穗长除了与千粒重相关性不显著外,与其他 17 个农艺性状呈极显著或显著相关,其中与产量呈极显著正相关;穗粒数与结实率、千粒重呈极显著负相关,与产量极显著正相关;结实率与千粒重、糙米率和精米率、蛋白质含量呈显著或极显著正相关。整精米率与食味值、直链淀粉含量、精米长宽比及精米长呈极显著正相关,与蛋白质含量、垩白粒率、垩白度呈极显著负相关;食味值与产量、直链淀粉含量呈极显著正相关,与蛋白质含量、垩白粒率、垩白度呈极显著负相关;蛋白质含量与产量、直链淀粉含量呈极显著负相关,与垩白粒率、垩白度呈极显著正相关。

综述所述,寒地粳稻产量与穗数、穗长、穗粒数及食味值存在极显著正相关,这一结果直接揭示了穗部关键性状对产量形成的正向贡献作用。同时,加工品质与食味品质、外观品质间存在紧密的协同关联:整精米率的提升会同步促进食味值增加;垩白粒率、垩白度的降低不仅优化了外观品质,也对食味值提升具有积极作用。

## 2.3 寒地粳稻种质资源数量性状的遗传多样性聚类分析

基于 19 个数量性状的调查数据,根据系统聚类分析结果可将 186 份寒地粳稻种质资源分为 4 大类(图 1),对测定性状进行统计(表 4 和表 5)分析可知,类群 I 包括以龙稻 5、松粳 29、龙粳 21 为代表的 76 份粳稻品种,占有品种的 40.9%,该类群的食味值的平均值在 4 个类群中最低,蛋白质含量平均值最高,株高、谷粒长、精米长的变异系数在 4 个类群中最大;类群 II 包含以绥粳 7 号、龙粳 31、空育 131、绥粳 18 为代表的 52 份粳稻品种,占有品种的 27.9%,该类群的穗数、结实率、千粒重、糙米率、精米率的平均值在 4 个类群中均最大。类群 III 包含中科 804、中科发 5、龙洋 16、五优稻 1 号为代表的 11 份粳稻品种,占有品种的 5.9%,类群 III 的株高、穗长、穗粒数、产量、食味值、直链淀粉含量、谷粒长宽比和精米长宽比、谷粒长和精米长的平均值在 4 个类群中均最大,除株高、蛋白质含量、直链淀粉

含量、谷粒长宽比、谷粒长、精米长、精米长宽比以外,其余性状的变异系数在 4 个类群中均达到最大值,品种类型丰富;类群 IV 共 47 份粳稻资源,包括龙稻 21、中龙粳 1 号、黑粳 8 号等水稻品种,占有品种的 25.3%,类群 IV 的整精米率、垩白粒率、垩白度的平均值在 4 个类群中均最大,蛋白质含量、直链淀粉含量、精米长宽比的变异系数最大。

## 2.4 寒地粳稻种质资源数量性状的主成分分析

由表 6 和表 7 可知,特征值 $\geq 1.000$ 的前 6 个主成分累积贡献率达 85.233%,该结果满足主成分分析累积贡献率 $\geq 85.000\%$ 的核心筛选标准,表明这 6 个主成分可有效提取供试材料数量性状的主要遗传变异信息。第 1 主成分的特征值为 7.196,贡献率达 37.876%,从对应的载荷值可知,株高、穗长、谷粒长、精米长及谷粒和精米长宽比是主导性状,其中精米长宽比、谷粒长、谷粒长宽比具有极强的正向载荷值。因此,第 1 主成分主要反映粒型形态发育的遗传特征;第 2 主成分贡献率为 16.728%,食味值、蛋白质含量具有极强的正向载荷,其次是产量,而直链淀粉含量具有最强的载荷,呈负向,说明第 2 主成分主要反映稻米蒸煮食味品质性状与营养品质的协同和拮抗关系;第 3 主成分贡献率为 11.609%,正向载荷值的大小为精米率 $>$ 整精米率 $>$ 糙米率 $>$ 结实率,说明第 3 主成分主要反映寒地粳稻种质稻米加工品质与籽粒结实特性的综合变异;第 4 主成分贡献率为 7.905%,其中垩白粒率和垩白度的正向载荷值显著高于其他性状,这 2 个性状是衡量稻米外观特性的核心指标,且两者遗传相关性强,说明第 4 主成分反映籽粒外观品质性状的遗传变异特征;第 5 主成分贡献率为 5.833%,其中穗数为极强的正向载荷,每穗粒数为极强的负向载荷,该反向关联揭示了水稻产量构成中穗数和每穗粒数的产量权衡效应,二者通过互相调控影响最终产量。因此,第 5 主成分反映群体穗数和个体穗粒数的遗传平衡机制。第 6 主成分的贡献率为 5.282%,千粒重的正向载荷值高达 0.945,显著高于其他性状,千粒重是产量构成的核心因子,其单独高载荷特征表明粒重因子与产量形成的遗传特性。综上所述,结合各主成分核心载荷值特征、遗传关联逻辑及生物学意义,前 6 个主成分可分别称为粒型因子、蒸煮食味品质因子、加工品质因子、外观品质因子、穗粒结构调控因子和粒重因子。

表3 186份寒地粳稻产量构成和稻米品质的相关性分析  
Table 3 Correlation analysis of yield components and rice quality in 186 cold-region japonica rice

性状	株高	穗数	穗长	穗粒数	结实率	千粒重	产量	糙米率	精米率	整精米率	食味值	蛋白质含量	直链淀粉含量	垩白粒率	垩白度	谷粒长宽比	谷粒长	精米长宽比	精米长	
株高	1.000																			
穗数	-0.201**	1.000																		
穗长	0.685**	-0.284**	1.000																	
穗粒数	0.602**	-0.565**	0.504**	1.000																
结实率	-0.460**	0.049	-0.331**	-0.574**	1.000															
千粒重	-0.215**	-0.053	-0.098	-0.307**	0.182*	1.000														
产量	0.367**	0.378**	0.217**	0.341**	-0.158*	0.011	1.000													
糙米率	-0.269**	0.263**	-0.381**	-0.302**	0.328**	0.122	0.114	1.000												
精米率	-0.275**	0.143	-0.258**	-0.383**	0.591**	-0.005	-0.074	0.589**	1.000											
整精米率	0.178*	0.067	0.172*	0.062	0.149*	-0.270**	0.144	0.157*	0.608**	1.000										
食味值	0.315**	0.222**	0.192**	0.192**	-0.069	-0.141	0.503**	-0.061	-0.010	0.306**	1.000									
蛋白质含量	-0.442**	-0.148*	-0.370**	-0.302**	0.182*	0.167*	-0.497**	0.125	-0.012	-0.456**	-0.920**	1.000								
直链淀粉含量	0.499**	0.137	0.423**	0.341**	-0.245**	-0.115	0.530**	-0.158*	-0.069	0.409**	0.844**	-0.960**	1.000							
垩白粒率	-0.217**	-0.009	-0.277**	-0.040	0.014	0.067	-0.011	0.149*	-0.042	-0.378**	-0.287**	0.443**	-0.431**	1.000						
垩白度	-0.240**	0.031	-0.313**	-0.037	-0.007	-0.018	-0.003	0.158*	-0.033	-0.341**	-0.239**	0.403**	-0.413**	0.968**	1.000					
谷粒长宽比	0.552**	-0.172*	0.725**	0.387**	-0.303**	-0.137	0.164*	-0.437**	-0.442**	-0.010	0.200**	-0.310**	0.364**	-0.460**	-0.507**	1.000				
谷粒长	0.535**	-0.184*	0.712**	0.334**	-0.278**	0.051	0.166*	-0.439**	-0.427**	-0.034	0.168*	-0.280**	0.342**	-0.429**	-0.492**	0.954**	1.000			
精米长宽比	0.616**	-0.169*	0.762**	0.450**	-0.271**	-0.222**	0.239**	-0.424**	-0.315**	0.211**	0.298**	-0.441**	0.484**	-0.506**	-0.534**	0.934**	0.892**	1.000		
精米长	0.548**	-0.101	0.673**	0.364**	-0.174*	-0.137	0.275**	-0.332**	-0.073	0.486**	0.350**	-0.517**	0.545**	-0.553**	-0.577**	0.753**	0.750**	0.896**	1.000	

\*\*和\* 分别表示在0.01和0.05水平上显著相关。



图中数字为水稻种质资源的编号,具体见表 1。

图 1 186 份寒地粳稻种质资源数量性状的聚类分析

Fig.1 Cluster analysis of quantitative traits in 186 cold-region japonica rice germplasm resources

### 2.5 寒地粳稻种质资源数量性状的综合评价

为了更加准确地评价数量性状的遗传特征,对 186 份粳稻种质资源的 19 项数量性状指标进行标准化处理,再依据各性状的主成分系数,计算前 6 个主成分的得分;同时,将主成分的贡献率换算为权重系数,分别为 0.444、0.196、0.136、0.093、0.068、0.062,将各品种对应的 6 个主成分得分与权重系数相乘,累加后得到供试种质资源的综合评价得分

(表 8),并依据该综合得分将种质材料排序。其中各品种的第一主成分得分计算公式如下:

$$F_{1j} = 0.636x_{1j} - 0.130x_{2j} + 0.810x_{3j} + 0.377x_{4j} - 0.214x_{5j} - 0.062x_{6j} + 0.300x_{7j} - 0.255x_{8j} - 0.224x_{9j} + 0.150x_{10j} + 0.050x_{11j} + 0.196x_{12j} - 0.266x_{13j} + 0.315x_{14j} + 0.378x_{15j} + 0.882x_{16j} + 0.885x_{17j} + 0.897x_{18j} + 0.810x_{19j}$$

式中,  $x_{1j} \sim x_{19j}$  分别代表各品种株高、精米长等 19 个数量性状,其他主成分得分的计算方式相同。

表4 4个类群寒地粳稻种质资源数量性状的统计分析

Table 4 Statistical analysis of quantitative traits of cold-region japonica rice germplasm resources in four groups

性状	I	II	III	IV
株高(cm)	97.49	88.28	103.33	100.94
穗数(穗)	12.09	14.35	10.80	10.85
穗长(cm)	17.87	16.52	19.51	18.86
穗粒数(粒)	105.92	81.05	170.62	134.89
结实率(%)	89.70	92.92	73.58	85.94
千粒重(g)	26.89	27.30	25.39	26.23
产量(t/hm <sup>2</sup> )	7.58	7.27	8.32	8.13
糙米率(%)	82.09	82.48	80.76	82.14
精米率(%)	71.51	72.96	67.93	71.68
整精米率(%)	61.74	63.42	60.93	64.25
食味值	78.52	78.77	80.52	79.15
蛋白质含量(%)	8.69	8.65	7.83	8.35
直链淀粉含量(%)	17.25	17.22	18.37	17.66
垩白粒率(%)	7.61	6.22	4.12	8.16
垩白度(%)	1.72	1.46	1.02	1.94
谷粒长宽比	2.48	2.25	2.91	2.47
谷粒长(mm)	7.49	7.13	8.09	7.45
精米长宽比	1.71	1.59	1.99	1.77
精米长(mm)	5.70	5.58	6.20	5.94

表5 4个类群寒地粳稻种质资源数量性状的变异系数统计分析

Table 5 Statistical analysis of coefficient of variation for quantitative traits of cold-region japonica rice germplasm resources in four groups

性状	变异系数(%)			
	I	II	III	IV
株高	9.98	7.88	5.24	8.01
穗数	17.21	16.62	18.77	14.12
穗长	11.52	8.11	15.12	12.05
穗粒数	8.81	9.33	11.39	7.95
结实率	7.28	2.69	16.22	6.71
千粒重	6.31	5.43	8.13	6.15
产量	13.36	12.98	18.54	12.52
糙米率	1.14	0.95	1.62	1.26
精米率	2.52	2.08	6.38	2.83
整精米率	10.12	10.31	14.47	10.25
食味值	3.43	2.67	5.41	3.57
蛋白质含量	9.31	7.91	10.38	11.18
直链淀粉含量	5.70	4.58	6.26	6.75
垩白粒率	81.19	62.54	95.49	68.33
垩白度	81.50	60.49	95.96	64.98
谷粒长宽比	16.88	9.32	17.18	17.78
谷粒长	9.66	5.51	9.44	9.14
精米长宽比	14.84	8.32	13.39	15.37
精米长	11.45	8.44	10.99	10.69

表6 寒地粳稻种质资源数量性状的主成分分析

Table 6 Principal component analysis of cold-region japonica rice germplasm resources

数量性状	载荷值					
	主成分1	主成分2	主成分3	主成分4	主成分5	主成分6
株高	<b>0.636</b>	0.378	-0.140	-0.132	-0.289	-0.196
穗数	-0.130	0.242	0.073	-0.076	<b>0.927</b>	-0.099
穗长	<b>0.810</b>	0.181	-0.094	0.008	-0.278	-0.050
穗粒数	0.377	0.309	-0.280	-0.236	<b>-0.653</b>	-0.272
结实率	-0.214	-0.212	<b>0.629</b>	0.177	0.154	0.303
千粒重	-0.062	-0.043	0.034	-0.008	-0.014	<b>0.945</b>
产量	0.300	<b>0.673</b>	0.050	-0.415	0.253	0.074
糙米率	-0.255	0.012	<b>0.648</b>	-0.280	0.212	0.129
精米率	-0.224	-0.006	<b>0.924</b>	0.074	0.036	-0.064
整精米率	0.150	0.343	<b>0.682</b>	0.264	-0.114	-0.389
食味值	0.050	<b>0.910</b>	-0.016	0.148	0.067	-0.035
蛋白质含量	0.196	<b>0.920</b>	0.026	0.246	-0.034	-0.102
直链淀粉含量	-0.266	<b>-0.901</b>	0.030	-0.209	0.038	0.057
垩白粒率	0.315	0.236	0.069	<b>0.842</b>	0.037	-0.041
垩白度	0.378	0.193	0.075	<b>0.829</b>	0.018	0.050
谷粒长宽比	<b>0.882</b>	0.065	-0.292	0.249	0.003	-0.022
谷粒长	<b>0.885</b>	0.055	-0.275	0.232	-0.009	0.148
精米长宽比	<b>0.897</b>	0.188	-0.142	0.260	-0.058	-0.135
精米长	<b>0.810</b>	0.286	0.103	0.319	-0.070	-0.124

绝对值大于0.500的因子载荷以粗体表示。

表 7 寒地粳稻种质资源的主成分统计分析

Table 7 Statistical analysis of principal components of cold-region japonica rice germplasm resources

项目	主成分 1	主成分 2	主成分 3	主成分 4	主成分 5	主成分 6
特征值	7.196	3.178	2.206	1.502	1.108	1.004
贡献率 (%)	37.876	16.728	11.609	7.905	5.833	5.282
累积贡献率 (%)	37.876	54.604	66.213	74.118	79.951	85.233

依据各主成分  $F$  值排名及各品种的  $D$  值综合排名(表 8),筛选出性状突出的优势品种,结合核心关联性状特征,对各主成分性状突出的种质资源进行评价;根据主成分 1 得分排名,筛选长粒型、株型协调的品种,适配优质长粒稻育种需求,中科发 5 与龙洋 16 的粒型性状遗传效应显著,穗长与株型协同性优,茎秆坚韧抗倒;龙香稻 2 号兼具粒型与外观品质优势,表现为“长粒+低垩白”双优。根据主成分 2 得分排名,筛选低蛋白质含量、高食味值、高产且直链淀粉含量适宜的品种,实现优质高产协同改良。中科 804、龙粳 40、中科发 5 的食味值与蛋白质含量、直链淀粉含量协同性较优。根据主成分 3 得分

排名,筛选出米率高、加工稳定性好的品种,满足粮食加工企业专用需求;垦粳 8 号、龙粳 25、龙粳 1539 具有加工品质特性好的优点。根据主成分 4 得分排名,筛选垩白粒率和垩白度低、外观品质好的品种,适配高端稻米市场需求;优势品种有松粳 29、龙香稻 2 号、三江 6 号。根据主成分 5 得分排名,筛选穗数与每穗粒数遗传平衡的品种,打破多穗少粒遗传补偿效应,上育 418、东农 3134、上育 397 可以作为穗粒结构改良亲本。根据主成分 6 得分排名,筛选千粒重高、籽粒充实度好的品种,直接优化产量构成,富国、龙粳 3 号、合江 19 号具有千粒重高的优势。

表 8 供试材料表型性状综合评价得分

Table 8 Comprehensive evaluation of phenotypic traits in the tested materials

排名	品种名	$D$ 值	主成分 1		主成分 2		主成分 3		主成分 4		主成分 5		主成分 6	
			品种名	$F$ 值	品种名	$F$ 值	品种名	$F$ 值	品种名	$F$ 值	品种名	$F$ 值	品种名	$F$ 值
1	中科 804	3.318	中科发 5	5.236	中科 804	3.948	垦粳 8 号	2.756	松粳 29	2.630	上育 418	1.150	富国	0.941
2	中科发 5	3.290	龙洋 16	5.231	龙粳 40	3.753	龙粳 25	2.664	龙香稻 2 号	2.605	东农 3134	1.141	龙粳 3 号	0.797
3	东富 105	3.268	龙香稻 2 号	5.079	中科发 5	3.695	龙粳 1539	2.636	三江 6 号	2.529	上育 397	1.114	合江 19 号	0.788
4	松粳 22	3.246	东富 105	4.882	松粳 28	3.688	空育 131	2.596	东富 105	2.519	龙粳 2 号	1.068	龙粳 1525	0.766
5	龙香稻 2 号	3.184	中科 804	4.855	松粳 22	3.601	牡丹江 28	2.530	龙稻 124	2.515	空育 131	1.058	建航 1715	0.752
6	龙洋 16	3.147	松粳 22	4.746	五优稻 1 号	3.563	龙粳 39	2.525	松粳 22	2.495	龙粳 1 号	1.012	合江 21 号	0.704
7	松粳 29	3.055	五优稻 1 号	4.690	龙稻 363	3.545	龙粳 65	2.509	中科发 5	2.481	藤系 140	1.011	绥梗 32	0.697
8	松粳 28	3.022	松粳 29	4.549	藤系 168	3.529	龙粳 46	2.482	中科 804	2.429	三江 1 号	0.977	龙粳 36	0.670
9	哈梗稻 2 号	3.007	松粳 3	4.549	东富 105	3.476	上育 418	2.466	绿珠 2 号	2.425	龙粳 25	0.956	合江 23 号	0.653
10	绿珠 2 号	2.974	绿珠 2 号	4.525	松粳 2 号	3.427	东农 3134	2.452	龙稻 18	2.414	龙粳 42	0.929	禹申龙白毛	0.649

$D$  值指寒地粳稻种质资源的综合评价得分。

计算 186 份寒地粳稻种质资源的表型性状  $F$  值后,将权重系数乘以各主成分的  $F$  值,代入权重模型  $D = 0.444F_1 + 0.196F_2 + 0.136F_3 + 0.093F_4 + 0.068F_5 + 0.062F_6$ ,最终获得了不同粳稻种质资源的综合评价价值,其中  $D$  值越大,表明表型综合性状越好。基于  $D$  值综合排名,位于前 10 位的水稻品种有中科 804、中科发 5、东富 105、松粳 22、龙香稻 2 号、龙洋 16、松粳 29、松粳 28、哈梗稻 2 号、绿珠 2 号。

### 3 讨论

#### 3.1 186 份寒地粳稻种质资源的表型多样性分析及遗传差异

本研究通过对 186 份寒地粳稻种质资源的 19 个数量性状进行系统分析,揭示了其丰富的表型遗传多样性。从分子遗传学角度分析,这种表型多样性的根本来源在于种质资源间 DNA 序列的差异,包括单核

苷酸多态性(SNP)、插入缺失(InDel)以及基因拷贝数变异等。变异系数的分析结果表明,垩白粒率表现出最大的变异程度,变异系数达75.73%。这一结果与冯莹莹等<sup>[20]</sup>的研究结果一致,说明外观品质性状在种质资源中存在广泛的遗传变异。从分子机制层面分析,垩白性状的形成涉及淀粉合成途径中多个关键基因的表达调控。研究表明,*Wx*基因编码的颗粒结合淀粉合成酶I(*GBSS I*)不仅影响直链淀粉含量,还通过调控淀粉颗粒的排列方式间接影响垩白度<sup>[22]</sup>。此外,碱消基因(*ALK*)通过控制支链淀粉的链长分布,影响淀粉的糊化特性和透明度,进而与垩白性状相关联<sup>[23]</sup>。本研究中垩白粒率的高变异系数表明,这些淀粉合成相关基因在寒地粳稻资源中存在丰富的等位变异,为外观品质改良提供了广阔的遗传空间。

相比之下,糙米率的变异系数最小,仅为1.24%,表明该性状在寒地粳稻资源中相对保守。糙米率主要由品种本身的基因型决定,遗传与环境互作的分析结果表明,糙米率主要受基因型影响,其遗传主效应在决定最终表现中起主导作用<sup>[24]</sup>。糙米率的遗传变异主要归因于母体加性效应和直接加性效应,且以母体加性效应为主<sup>[25]</sup>。这意味着糙米率的表现主要取决于亲本材料自身的基因构成,具有很高的遗传稳定性。

### 3.2 产量与品质性状相关性的遗传解析

相关性分析结果揭示了寒地粳稻各性状间高度复杂的关联网络。这种表型相关性的遗传本质在于基因的多效性和性状间的遗传连锁。株高作为核心农艺性状,与18个性状均呈显著或极显著相关,其分子基础在于株高调控基因*sd1*编码赤霉素合成酶的多效性作用<sup>[26]</sup>。研究表明,*sd1*不仅影响茎秆伸长,还通过调控碳氮代谢影响穗粒数和千粒重,体现了一因多效的遗传现象。特别值得注意的是,产量性状与食味值呈极显著正相关具有重要育种意义,从分子机制看,这种正相关可能与淀粉合成途径的协同调控有关。*Wx*基因的不同等位变异同时影响直链淀粉含量和籽粒充实度<sup>[27]</sup>。*Wxb*等位基因在粳稻中广泛分布,其表达水平适中,既能保证较高的籽粒产量,又能维持较低的直链淀粉含量,从而实现了产量与食味品质的协同改良。这一分子机制解释了为何本研究中寒地粳稻在保证一定产量的基础上,也可获得较好的品质。

蛋白质含量与产量、食味值的负相关则反映了碳氮代谢源与库的权衡关系。在分子水平上,转录因子*OsGATA7*和*SMOS1*通过抑制谷蛋白基因*OsGluA2*的表达,降低蛋白质含量,同时提高稻米风味品质<sup>[28]</sup>。本研究中类群I蛋白质含量最高而食味值最低,可能与其*OsGATA7/SMOS1*调控模块的等位变异有关。近年来发现的低谷蛋白*Lgc-1*等位基因为此类材料的食味改良提供了分子靶点<sup>[29]</sup>。

### 3.3 186份寒地粳稻种质资源数量性状综合评价

聚类分析将186份寒地粳稻资源划分为4个类群,各类群的性状分化反映了其不同的遗传背景和育种历史。类群I占比最高,达40.9%,且蛋白质含量平均值最高,这与李猛等<sup>[30]</sup>的研究结果一致。类群III虽然样本量最小,但其多数性状的均值及变异程度最大,表明这类材料具有独特的遗传背景,从群体遗传学角度分析,这可能源于地理隔离导致的遗传分化,部分材料可能来自不同的生态区;育种过程中引入了外源种质,如籼稻基因渗入;关键功能基因存在稀有等位变异。类群III中的中科发5是基于分子设计育种理论培育的突破性品种,其优异表现源于对抽穗期、稻瘟病抗性、抗倒伏性、粒型及籽粒产量等性状关键基因位点的系统聚合,为寒地粳稻分子设计育种提供了成功范例<sup>[31]</sup>。

主成分分析结果揭示,6个因子分别为粒型、蒸煮食味品质、加工品质、外观品质、穗粒结构、粒重,其累积贡献率达到85.233%,对应水稻重要性状的不同遗传模块。这种性状分组模式与其他学者的研究结果<sup>[32-33]</sup>相似,表明通过分别选择各主成分中的优异等位基因,可以实现性状的精准改良。

## 4 结论

本研究揭示了186份寒地粳稻种质资源的19个数量性状丰富的遗传多样性,变异系数介于1.24%~75.73%,外观品质性状变异系数大于加工品质性状,垩白粒率可作为外观品质改良的重点指标。产量与穗数、穗长、穗粒数、食味值呈极显著正相关;蛋白质含量与产量、食味值呈极显著负相关,反映碳氮代谢的权衡关系,说明优质高产协同改良具有可行性。聚类分析将186份寒地粳稻种质材料划分为4个类群,类群III遗传性状变异丰富、综合性状优异,是优质高产育种的核心材料;主成分分析提取的6个因子分别对应粒型、蒸煮食味品质、加工品

质、外观品质、穗粒结构和粒重,可作为寒地粳稻分类评价的标准体系。本研究筛选出中科804、中科发5、东富105等10份综合性状优良的品种,以及上育418、东农3134等穗粒结构改良亲本,为寒地粳稻分子设计育种提供了重要种质资源和基因靶点。

### 参考文献:

- [1] CHEN W F, XU Z J, TANG L. 20 years' development of super rice in China-The 20th anniversary of the super rice in China[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, 16(5):981-983.
- [2] LI P, CHEN Y H, LU J, et al. Genes and their molecular functions determining seed structure, components, and quality of rice [J]. *Rice*, 2022, 15(1):18.
- [3] 屈宝香,刘丽军,张 华. 我国粳稻优势区域布局与产业发展 [J]. *作物杂志*, 2006(6):11-13.
- [4] 孙岩松. 我国东北水稻种植快速发展的原因分析和思考 [J]. *中国稻米*, 2008(5):9-11.
- [5] 李红宇,侯昱铭,陈英华,等. 用SSR标记评估东北三省水稻推广品种的遗传多样性[J]. *中国水稻科学*, 2009, 23(4):383-390.
- [6] 刘猷红,张 俊,唐 傲,等. 播期对寒地粳稻产量及温光资源利用的影响[J]. *中国稻米*, 2022, 28(6):113-117.
- [7] 郭丽颖,耿艳秋,金 峰,等. 寒地水稻低温冷害防御栽培技术研究进展[J]. *作物杂志*, 2017(4):7-14.
- [8] ZHANG Y, HE Q Q, ZHOU X X, et al. Genetic diversity and population structure of 93 rice cultivars (lines) (*Oryza sativa* Xian group) in Qinba in China by 3 types of genetic markers[J]. *BMC Genomics*, 2022, 23(1):550.
- [9] 刘玉良,郑术芝. 水稻产量相关性状驯化研究进展[J]. *植物学报*, 2017, 52(1):113-121.
- [10] 魏兴华. 我国水稻品种资源研究进展与展望[J]. *中国稻米*, 2019, 25(5):8-11.
- [11] 刘 丹,王嘉宇,马殿荣,等. 东北地区杂草稻与栽培稻的遗传多样性及籼粳分化[J]. *植物遗传资源学报*, 2017, 18(2):217-224.
- [12] 马作斌,王昌华,王 辉,等. 不同国家水稻品种的遗传多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(3):540-545.
- [13] 汤翠凤,张恩来,董 超,等. 云南新收集水稻地方品种的表型多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(6):1106-1116.
- [14] 曹鹏辉,于雅洁,宋云生,等. 太湖地区粳稻地方种质资源的表型多样性分析与评价[J]. *江苏农业学报*, 2025, 41(7):1249-1259.
- [15] 张立娜,曹桂兰,韩龙植. 利用SSR标记揭示中国粳稻地方品种遗传多样性[J]. *中国农业科学*, 2012, 45(3):405-413.
- [16] 赵庆勇,张亚东,朱 镇,等. 采用SSR标记和表型性状聚类对杂交粳稻亲本的遗传多样性研究[J]. *杂交水稻*, 2010, 25(4):68-74.
- [17] 陈小龙,马利奋,李培富,等. 宁夏粳稻种质资源表型性状遗传多样性分析[J]. *中国农学通报*, 2013, 29(33):43-49.
- [18] 吕靖芳,孙秋敏,戴 芬,等. 基于主成分及聚类分析的粳稻品质综合评价[J]. *浙江农业科学*, 2026, 67(1):26-33.
- [19] 袁嘉琦,汪 波,杨毓琰,等. 基于主成分分析和聚类分析的江苏地区粳稻品质评价与分类研究[J]. *江西农业学报*, 2025, 37(9):1-9.
- [20] 冯莹莹,董立强,马 亮,等. 基于主成分及聚类分析的东北南部地区优质粳稻品质的综合评价[J]. *食品科学*, 2024, 45(18):17-24.
- [21] 刘猷红,唐 傲,董文军,等. 黑龙江不同育种阶段粳稻主要农艺性状演变规律[J]. *中国稻米*, 2025, 31(1):68-73.
- [22] FUJITA N, YOSHIDA M, ASAKURA N, et al. Function and characterization of starch synthase I using mutants in rice [J]. *Plant Physiology*, 2006, 140(3):1070-1084.
- [23] GAO Z Y, ZENG D L, CHENG F M, et al. *ALK*, the key gene for gelatinization temperature, is a modifier gene for gel consistency in rice[J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2011, 53(9):756-765.
- [24] 陈建国,宋国清,瞿绍洪,等. 杂交早稻米质性状的直接和母体遗传效应分析[J]. *中国水稻科学*, 1998(2):79-84.
- [25] 闵 捷,张伯平,朱智伟,等. 籼型杂交水稻米质指标测定值的差异分析[J]. *中国水稻科学*, 2007(1):107-110.
- [26] SASAKI A, ASHIKARI M, UEGUCHI-TANAKA M, et al. Green revolution; a mutant gibberellin-synthesis gene in rice[J]. *Nature*, 2002, 416(6882):701-702.
- [27] TIAN Z X, QIAN Q, LIU Q Q, et al. Allelic diversities in rice starch biosynthesis lead to a diverse array of rice eating and cooking qualities [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2009, 106(51):21760-21765.
- [28] CAO N, ZHOU W, ZHAO F L, et al. *OsGATA7* and *SMO1* cooperatively determine rice taste quality by repressing *OsGluA2* expression and protein biosynthesis[J]. *Nature Communications*, 2025, 16(1):3513.
- [29] HU S K, YANG L W, CAI J Y, et al. Production of grains with low glutelin and high eating quality by using dominant allele *Lgc-1* in three-line *japonica* hybrid rice[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2025, 23(2):374-376.
- [30] 李 猛,郭晓红,周 健,等. 寒地早粳稻种质资源品质性状研究[J]. *上海农业学报*, 2018, 34(4):53-57.
- [31] CHEN Z, BU Q Y, LIU G F, et al. Genomic decoding of breeding history to guide breeding-by-design in rice[J]. *National Science Review*, 2023, 10(5):nwad029.
- [32] 过俊俊,张 波,刘 莹,等. 香软型复壮水稻品种农艺和品质性状及其基因位点差异的分析[J]. *江苏农业科学*, 2025, 53(10):59-65.
- [33] 窦海珊,管俊娇,李小林,等. 云南省2008—2023年审定水稻品种品质及相关性状分析[J]. *中国种业*, 2024(5):62-72.

(责任编辑:陈海霞)