

云南边境地区稻种资源的 SSR 标记遗传多样性及其主要农艺性状关联性分析

汤翠凤¹ 阿新祥¹ 董超¹ 张斐斐¹ 杨雅云¹ 杨红梅² 戴陆园¹ 苏振喜³

(¹云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所/云南省农业生物技术重点实验室/农业农村部西南作物基因资源与种质创制重点实验室/农业农村部云南稻种资源科学观测实验站, 650032, 云南昆明;

²西双版纳州农业科学研究所, 666100, 云南西双版纳; ³云南省农业科学院粮食作物研究所, 650000, 云南昆明)

摘要 为分析我国云南边境地区稻种资源的遗传多样性, 并发掘与主要农艺性状密切相关的 SSR 标记, 以新收集自我国云南及毗邻的缅甸、老挝的 376 份稻种资源为材料, 分为 3 个分析单元, 观测 11 个表型性状, 采用 27 对 SSR 标记进行遗传多样性及与表型性状的关联性分析。结果显示, 共检测到 142 个等位变异位点, 其中 100 个为稀有等位变异位点, 9 个为特有等位变异位点; 基于 6 个遗传多样性参数的综合评估, 3 个分析单元稻种资源的得分排序为中国云南分析单元>缅甸分析单元>老挝分析单元; 在 27 对 SSR 标记中, RM214、RM1086、RM5481、RM6089、RM1509 和 RM7479 与表型性状的关联性较密切, 可解释穗长、穗抽出度、穗实粒数、穗粒数、穗粒数和千粒重等性状 10.0% 以上的变化。表型性状的主成分分析提取出 4 个主成分, 累计贡献率为 77.218%; 筛选出综合得分>1.000 的优异资源 36 份, 其中得分>2.000 的为花壳、纳列 5 和毫糯浪, 分别具有作为多穗大穗型、大穗型和糯性亲本的潜力。

关键词 云南边境地区; 稻种资源; 遗传多样性; SSR 标记; 关联性分析

我国主栽水稻品种的育种亲本来源较为单一, 遗传多样性匮乏^[1-4], 这成为新选育品种过程中产量、品质及抗性等方面实现突破的限制因素^[5-6]。我国选育品种的遗传多样性低于地方品种^[7], 水稻恢复系间的亲缘关系较国外水稻恢复系更为紧密^[4]。相较于日本水稻品种, 我国和韩国水稻品种的遗传多样性略高, 且粳稻的遗传多样性高于籼稻^[8]。东南亚国家稻种资源的农艺性状多样性极为丰富^[9], 但籼稻品种亲本间的亲缘关系较近, 遗传多样性较低^[10]。此外, 六大洲稻种资源的遗传多样性在洲际间差异明显^[11], 亲缘关系较远^[12]。水稻品种的遗传多样性与纬度、地理隔离等因素密切相关^[13-14]。综上, 有效利用地方稻种和外来稻种等资源, 可提升当地稻作生产的多样性水平, 为改良和提高水稻新品种的产量、品质及抗性提供理想材料。

我国云南及与其接壤的缅甸、老挝等国同为亚洲栽培稻的起源地, 这些区域稻种资源的主要性状及多样性程度备受关注。缅甸和老挝等国地处低纬度热带或亚热带季风气候区, 具有海拔低、温度高

和热量充足的特点, 十分适宜水稻尤其是籼稻品种的种植与生长。缅甸素有“稻米之国”之称, 是世界第七大稻谷生产国^[15]; 水稻亦是老挝的主要农作物, 其种植面积约占全国农作物种植总面积的 85%^[16], 且当地稻种资源中不乏抗病虫和耐贫瘠等优异特性品种, 是丰富和提高我国稻作资源多样性的理想引种来源。以往, 我国从印度、日本和韩国等国引进的稻种资源较多, 而从缅甸和老挝等国引进并加以利用的相对较少。目前, 鲜见关于我国云南及与其相邻的缅甸和老挝稻种资源多样性比较分析的研究报道。

性状表型能够直观呈现种质资源的表型多样性及变化丰富程度, 且与微卫星标记结果具有高度相关性^[17]。SSR 分子标记技术凭借等位变异丰富、灵敏度高、稳定性强和多态性信息量大等优势, 在作物种质资源遗传多样性评估中得到广泛应用^[18-19]。本研究以新引进的缅甸稻种资源、老挝稻种资源, 以及我国云南稻种资源为研究对象, 开展 SSR 分子遗传多样性分析, 运用相关性

作者简介: 汤翠凤, 主要从事稻类种质资源研究, E-mail: 741606821@qq.com

戴陆园为通信作者, 主要从事稻类种质资源与遗传育种研究, E-mail: Luyundai@163.com; 杨雅云为共同通信作者, 主要从事水稻种质资源研究, E-mail: yangyayun2002@163.com

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2021YFD1200505-1); 云南省种子种业联合实验室项目 (202205AR070001-11); 云南省重大科技专项计划 (202402AE090035); 丽江市苏振喜专家工作站

收稿日期: 2024-08-27; 修回日期: 2024-10-16; 网络出版日期: 2024-12-02

和回归分析法探究 SSR 标记与表型性状的相关性, 并采用主成分分析综合得分法筛选优异种质资源, 旨在为相关研究与开发利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

参试材料共 376 份。包括与我国云南西双版纳州相邻的老挝琅南塔省当地水稻品种 133 份; 缅甸北部掸邦、钦邦和克钦邦的水稻地方品种 56 份, 以及缅甸其他来源地的水稻品种 67 份; 我国云南西双版纳、普洱、德宏、临沧、保山和怒江 6 个边境州市当前水稻生产中种植利用的地方品种 120 份, 详见网络增强出版附加材料附表 1。为便于研究, 将上述 3 个不同来源地的稻种资源分别命名为“老挝分析单元”、“缅甸分析单元”和“中国云南分析单元”。

1.2 DNA 提取与 SSR 扩增

于水稻分蘖期取新鲜叶片, 采用 CTAB 法^[20]提取基因组 DNA, 使用前人^[14,21]报道及本团队筛选出的 27 对多态性好且带型清晰的 SSR 引物进行 DNA 扩增。PCR 扩增反应体系参考董超等^[22]的方法, 扩增产物采用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测。

1.3 田间种植与表型性状观测

于云南省西双版纳景洪市嘎洒镇州农业科学研究所试验基地 (20°57'22" N, 100°45'43" E) 进行田间种植并开展性状测定。该地属亚热带季风气候, 年均气温 21.7 °C, 年降水量 1209.3 mm, 年均日照时数 1692.7 h, 海拔 580.0 m。于当地晚稻季 7 月中旬播种, 8 月初移栽, 每份材料插栽 2 行, 每行 20 苗, 行距 20 cm、株距 13 cm, 田间管理按当地生产习惯进行。参照《水稻种质资源描述规范和数据标准》^[23], 观测株高、穗长、有效穗数、穗粒数、穗实粒数、穗秕粒数、结实率、千粒重、穗抽出度、剑叶长和剑叶宽 11 个主要农艺性状。因 13 份材料种植后未收回种子, 故共测定 363 份材料的表型性状。

1.4 数据统计与分析

在凝胶电泳图中, 将有条带记为“1”, 无带记为“0”。数据经转化后, 运用 Popgene 32 软件计算 3 个分析单元稻种资源的多态位点数 (number of polymorphic loci, *NPL*)、多态位点百分率 (percentage of polymorphic loci, *PPL*)、等位基

因数 (number of alleles, N_a)、有效等位基因数 (number of effective alleles, N_e)、基因多样性指数 (Nei's gene diversity, H) 和多样性信息指数 (Shannon's information index, I) 6 个遗传信息参数。对 6 个参数在 3 个分析单元的排名赋予相应分值, 排名第一得 3 分、第二得 2 分、第三得 1 分, 若排名相同则赋予相同分值。各分析单元 6 个参数的得分之和为该单元的遗传多样性综合得分, 以此作为评估各分析单元遗传多样性丰富程度的依据。采用 NTSYSpc 软件计算遗传相似系数, 采用 MEGA 6.0 软件进行聚类分析。

参照张海萍等^[24]的方法, 使用 SPSS 24 软件分析分子标记与表型性状值之间的相关性, 利用该软件的一般线性模型 (GLM) 分析分子标记与表型观测值的回归关系, 用回归方程的决定系数 (R^2) 评估标记对表型变异的作用大小, 即标记可解释的表型性状观测值变化百分率 (P), 公式为: $P(\%) = R^2 \times 100$, 并计算回归分析的测验值 (F)。用 SPSS 24 软件的方差分析模型分析表型性状值在标记呈现不同带型时等位变异类型间的差异性。采用主成分分析进行优异资源筛选, 使用 SPSS 24 软件进行观测原始数据标准化, 按特征值 ≥ 1 提取出主成分, 使用 Excel 2016 计算特征向量和主成分综合得分。主成分综合得分计算公式: $D = \lambda_1 / (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 + \lambda_4) \times D_1 + \dots + \lambda_4 / (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 + \lambda_4) \times D_4$, 式中, D 、 λ 、 D_1 、 \dots 、 D_4 分别表示主成分综合得分、特征值、第 1 至第 4 主成分得分。参试材料的主成分综合得分越高, 说明其表型性状的综合表现越好。

2 结果与分析

2.1 3 个分析单元稻种资源的遗传多样性

27 对 SSR 标记在 376 份稻种资源中共检测到 142 个等位基因或等位变异位点, 每个标记平均检测到的等位基因数为 5.26 个, 检测到等位基因数最多的标记是 RM3466, 达 11 个, 其次是 RM1986 (9 个)、RM434 (8 个) 和 RM7097 (7 个)。

2.1.1 稻种资源的遗传多样性分析 表 1 结果显示, 中国云南分析单元稻种资源的 6 项指标值均高于缅甸和老挝分析单元, 说明其稻种资源遗传多样性较老挝和缅甸分析单元更为丰富, 而老挝和缅甸分析单元基本相当。对各分析单元遗传多样性指标值的得分进行排序, 3 个分析单元参试稻种资源的

遗传多样性综合得分从大到小依次为中国云南分析单元>缅甸分析单元>老挝分析单元。

表 1 3 个分析单元稻种资源的遗传多样性指标及得分
Table 1 Genetic diversity index and score of rice germplasm in three analysis units

分析单元 Analysis unit	等位基因数 N_a	有效等位基因数 N_e	基因多样性指数 H	Shannon 多样性指数 I	多态位点数 NPL	多态位点百分率 $PPL (%)$	得分 Score
老挝 Laos	1.8803±0.3258	1.2424±0.3224	0.1526±0.1672	0.2510±0.2295	125	88.03	8
缅甸 Myanmar	1.9014±0.2992	1.2306±0.2847	0.1526±0.1538	0.2555±0.2141	128	90.14	11
中国云南 Yunnan, China	1.9437±0.2314	1.2487±0.2587	0.1704±0.1420	0.2871±0.1969	134	94.37	18

2.1.2 稀有等位变异位点与特有等位变异位点分析 在检测到的 142 个等位变异位点中，频率在 5.0% 及以下的稀有等位变异位点共 100 个，老挝、缅甸和中国云南分析单元分别有 62、59 和 49 个；3 个分析单元中同时出现的稀有等位变异位点共 19 个，如 RM1812A、B、C 和 RM3855A、C、D、G（表 2）。在老挝与缅甸分析单元、老挝与中国云南分析单元和缅甸与中国云南分析单元之间同时出现的稀有等位变异位点分别为 30、33 和 26 个。

仅在单个分析单元中出现的特有等位变异位点共 9 个，分别为中国云南分析单元的 RM551A、RM214D、RM214H、RM1986G 和缅甸分析单元的 RM574A、RM434A、RM3643E、RM5481F、RM15090C，未在老挝分析单元中发现特有等位变异位点。综上，缅甸和老挝稻种资源中可挖掘利用的等位变异位点较我国云南稻种资源更为丰富，但我国云南与缅甸稻种资源的特有等位变异位点数相近。

表 2 稀有等位变异、特有等位变异及其在 3 个分析单元中的分布
Table 2 Rare allelic variation, peculiar allelic variation and their distribution in three analysis units

标记 Marker	稀有等位变异位点 Rare allelic variation loci			特有等位变异位点 Peculiar allelic variation loci		
	老挝 Laos	缅甸 Myanmar	中国云南 Yunnan, China	老挝 Laos	缅甸 Myanmar	中国云南 Yunnan, China
RM1812	A、B、C、D	A、B、C、D、E	A、B、C			
RM574	B	A			A	
RM551	B、E	B、E	A、E			A
RM434	B	A、B	B		A	
RM214	A、B、C、F	A、C、E、F	A、C、E、F、H			D、H
RM202	A、F	B、C	B			
RM7097	C、D	C、D	D			
RM3395	A、D、E、G	A、D、G	A、D、E、G			
RM241	A、D	D				
RM10806		B				
RM8004	A、D	C	A			
RM471	A、B、D	E	D			
RM1986	A、B	A、B、C、D、E	A、B、G、H			G
RM3466	A、D	C	A、D			
RM3525		D	E			
RM3643	C、D、F、I、J、K	C、D、E、I、J	C、F		E	
RM3855	A、B、C、D、E、G	A、C、D、F、G	A、C、D、G			
RM5481	A、B、D	E、F	C、D		F	
RM5611	A、D	C	B			
RM6089	B、C	D	C			
RM3394	B、D、E	A、B、D、F、G	A、B、E、G			
RM7396	A、D	E	A、B、D、E			
RM7390	B、F	F	A、B、C			
RM8268	A、B	A、D、E	E			
RM15090		B、C			C	
RM3421	A、D	D	A			
RM7479	A					

2.1.3 基于 SSR 标记的聚类分析 计算遗传相似系数并进行聚类分析，376 份稻种资源可分为 3 个类群，类群 I、II 和 III 分别包含 59、28 和 289 份（图

1）。类群 I 和 II 共占总参试稻种资源的 23.1%，类群 III 占比达 76.9%，数量最多。每一类群均含有 3 个分析单元的参试材料，即各分析单元的稻种资源

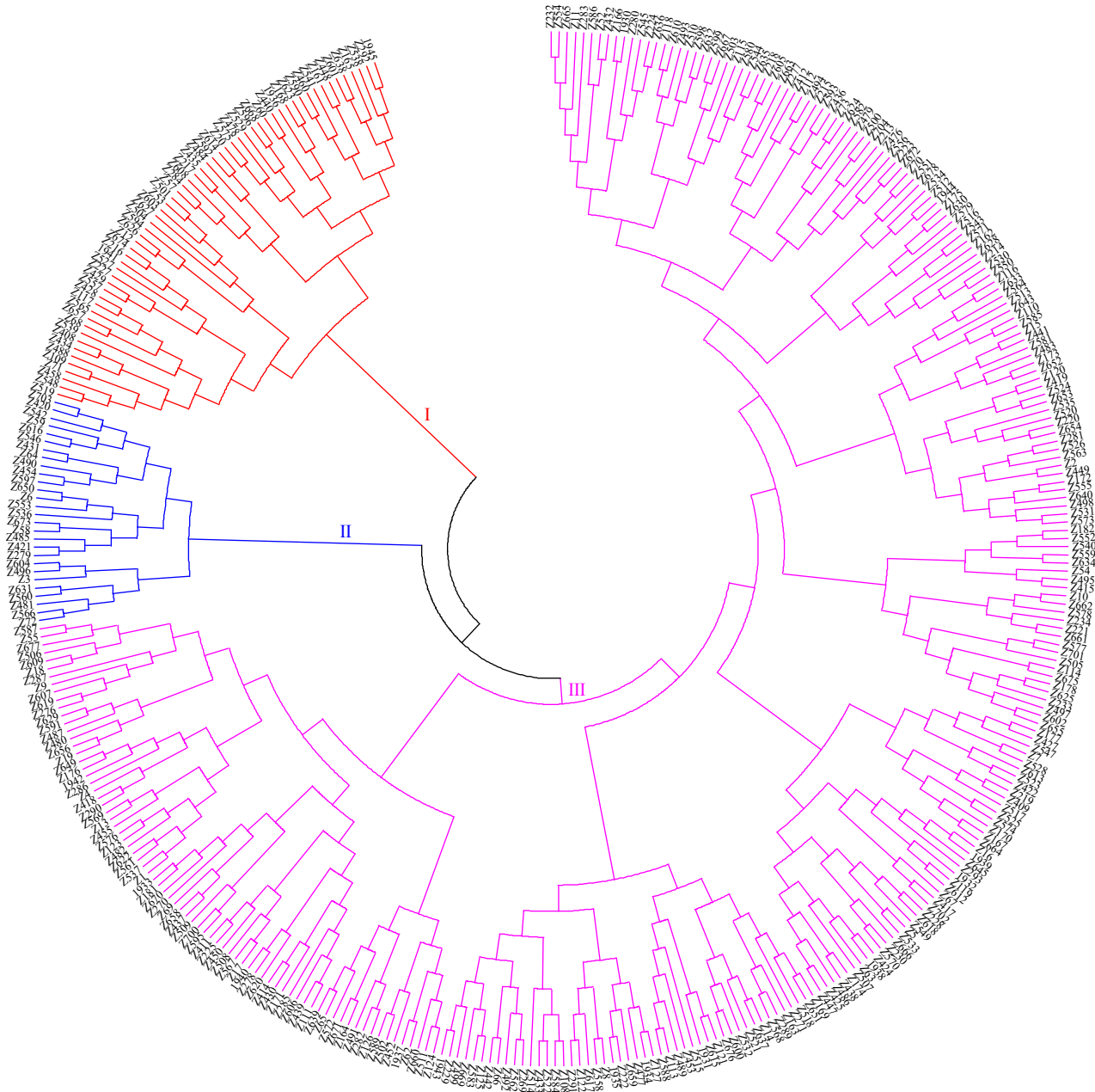


图 1 基于 SSR 遗传相似系数的 376 份稻种资源聚类分析
Fig.1 Cluster analysis of 376 rice germplasm resources based on SSR genetic similarity coefficient

关系较为复杂，可能存在民间种子交流行为。

2.2 SSR 标记与水稻表型性状的关系

2.2.1 SSR 标记与表型性状的关联分析 SSR 标记与表型性状的关联分析（表 3）表明，27 对 SSR 标记的不同等位变异与 11 个表型性状观测值之间存在不同程度的相关性，20 对 SSR 标记（RM574、RM434、RM551、RM214、RM7097、RM202、

RM1812、RM241、RM1086、RM8004、RM3466、RM3643、RM3855、RM5481、RM5611、RM6089、RM3394、RM7390、RM1509 和 RM7479）与多个表型性状有明显的相关性。

RM1086 有 2 个等位变异，A 类型与有效穗数、穗长和剑叶长等 6 个性状呈极显著负相关，与千粒重呈极显著正相关；B 类型与株高、穗长、剑叶长

表 3 SSR 标记等位变异与水稻表型性状的相关系数
Table 3 Correlation coefficient between allelic variation of SSR markers and phenotypic traits in rice

标记 Marker	等位 变异 Allelic variation	有效穗数 Effective panicle number per plant	株高 Plant height (cm)	穗长 Panicle length (cm)	穗抽出道 Panicle exsertion (cm)	剑叶长 Flag leaf length (cm)	剑叶宽 Flag leaf width (cm)	穗实粒数 Filled grain number per panicle	穗秕粒数 Unfilled grain number per panicle	穗粒数 Grains per panicle	结实率 Seed setting rate (%)	千粒重 1000-grain weight (g)
RM574	A	-0.092	0.098	-0.064	0.161**	-0.025	-0.015	-0.191**	-0.003	-0.145**	-0.124*	0.041
	B	-0.002	-0.100	0.078	-0.122*	0.121*	0.115*	0.210**	-0.053	0.129*	0.166**	-0.025
	C	0.093	0.015	-0.045	-0.014	-0.123*	-0.118*	-0.090	0.073	-0.027	-0.096	0.005
RM434	A	0.093	-0.115*	-0.060	-0.070	-0.080	-0.090	-0.020	-0.010	-0.030	-0.000	-0.060
	B	-0.076	0.086	0.077	0.019	0.137*	-0.002	0.040	-0.035	0.011	0.045	0.042
	C	-0.176**	-0.024	-0.179**	0.178**	-0.153**	0.026	-0.291**	-0.159**	-0.313**	-0.010	0.225**
	D	0.190**	0.022	0.164**	-0.163**	0.111*	-0.007	0.268**	0.173**	0.303**	-0.012	-0.225**
RM551	A	0.101	0.019	-0.012	-0.032	-0.078	-0.002	-0.058	-0.011	-0.051	-0.037	-0.048
	B	-0.095	-0.079	-0.357**	0.329**	-0.272**	-0.251**	-0.362**	-0.226**	-0.405**	-0.029	0.118*
	C	-0.093	0.008	0.045	0.079	0.081	-0.043	0.007	-0.049	-0.021	0.057	0.015
	D	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	E	0.029	0.080	0.066	-0.064	0.062	-0.029	0.005	-0.041	-0.020	0.040	0.022
RM214	A	-0.063	-0.038	-0.070	0.165**	0.000	0.010	-0.044	-0.099	-0.090	0.059	0.093
	B	-0.128*	-0.117*	-0.279**	0.163**	-0.240**	-0.178**	-0.246**	-0.190**	-0.293**	0.061	0.061
	C	-0.183**	-0.078	-0.148**	0.126*	-0.040	-0.005	-0.264**	-0.144**	-0.284**	0.000	0.272**
	D	-0.045	0.004	-0.171**	0.158**	-0.217**	-0.110*	-0.254**	-0.144**	-0.275**	-0.019	0.073
	E	0.031	0.045	-0.021	0.162**	-0.096	-0.054	-0.079	-0.048	-0.088	-0.048	-0.031
	F	0.031	0.011	0.015	0.081	0.076	-0.020	0.043	-0.054	0.001	0.080	0.061
	G	0.185**	0.058	0.328**	-0.415**	0.219**	0.186**	0.476**	0.340**	0.555**	-0.032	-0.273**
	H	-0.010	0.148**	0.126*	0.057	0.148**	0.041	-0.096	0.000	-0.074	-0.076	0.020
RM7097	A	-0.198**	-0.145**	-0.121*	-0.355**	0.052	0.095	-0.236**	-0.128*	-0.251**	0.047	-0.098
	B	-0.211**	0.138*	-0.069	0.188**	0.018	0.009	-0.188**	-0.138*	-0.221**	0.011	0.182**
	C	0.090	0.010	-0.119*	-0.181**	-0.110*	-0.155**	-0.134*	0.060	-0.068	-0.146**	-0.159**
	D	-0.093	0.014	0.009	0.222**	-0.044	-0.078	0.033	-0.059	-0.009	0.036	-0.008
RM202	A	-0.189**	-0.037	-0.114*	0.126*	-0.038	-0.060	-0.117*	-0.161**	-0.181**	0.120*	0.252**
	B	-0.129*	-0.016	-0.064	0.167**	0.013	-0.016	-0.101	-0.147**	-0.161**	0.083	0.218**
	C	-0.020	-0.023	-0.261**	0.153**	-0.275**	-0.185**	-0.266**	-0.113*	-0.267**	-0.093	-0.064
	D	-0.084	0.008	0.049	-0.086	-0.041	0.084	0.025	0.135*	0.098	-0.097	0.047
	E	0.078	-0.201**	0.146**	-0.179**	0.099	-0.021	0.095	0.039	0.094	0.004	0.054
	F	0.064	-0.004	-0.059	0.105	-0.044	0.011	-0.087	-0.105	-0.126*	0.061	-0.017
RM1812	A	0.059	0.067	0.086	-0.133*	0.080	0.060	0.081	0.129*	0.135*	-0.078	-0.158**
	B	0.068	-0.032	0.093	-0.053	0.081	0.066	0.096	0.053	0.104	0.005	0.038
	C	-0.134*	-0.002	-0.024	-0.002	0.051	-0.033	-0.077	0.031	-0.041	-0.055	-0.032
	D	-0.026	-0.051	-0.321**	0.191**	-0.262**	-0.187**	-0.285**	-0.154**	-0.306**	-0.040	0.008
	E	-0.126*	-0.037	-0.132*	0.190**	-0.119*	-0.102	-0.216**	-0.156**	-0.253**	0.028	0.162**
	F	0.151**	-0.063	0.121*	-0.073	0.078	-0.010	0.120*	0.057	0.125*	0.027	-0.076
RM3395	A	0.064	0.056	-0.038	-0.012	0.021	-0.026	0.005	0.145**	0.086	-0.098	-0.047
	B	0.106	-0.140*	-0.057	-0.043	0.024	-0.052	-0.106	0.061	-0.047	-0.142*	0.017
	C	0.019	0.118*	0.027	0.088	-0.093	-0.093	0.074	-0.069	0.019	0.077	-0.200**
	D	-0.246**	0.005	-0.002	0.019	0.015	0.039	-0.090	-0.101	-0.126*	0.059	0.211**
	E	0.062	-0.006	-0.090	0.076	-0.039	-0.002	-0.066	0.068	-0.011	-0.039	-0.018
	F	0.015	0.087	0.183**	-0.116*	0.056	0.132*	0.106	0.003	0.082	0.049	0.044
	G	-0.073	-0.128*	-0.170**	0.067	0.015	0.022	0.071	-0.092	0.002	0.134*	0.053
RM241	A	0.016	0.093	0.078	0.089	0.057	0.041	-0.075	0.064	-0.021	-0.013	-0.079
	B	0.073	-0.286**	-0.142*	-0.026	-0.268**	-0.131*	-0.228**	-0.041	-0.198**	-0.092	-0.087
	C	-0.028	0.116*	0.055	-0.076	0.154**	0.098	0.217**	0.027	0.180**	0.063	0.038
	D	-0.094	0.185**	0.060	0.076	0.124*	0.034	0.085	-0.042	0.043	0.056	0.175**
RM1086	A	-0.255**	-0.060	-0.198**	0.260**	-0.147**	-0.010	-0.416**	-0.233**	-0.447**	-0.022	0.377**
	B	-0.020	-0.127*	-0.348**	0.256**	-0.275**	-0.280**	-0.297**	-0.020	-0.237**	-0.168**	-0.090
RM8004	A	-0.255**	-0.058	-0.198**	0.260**	-0.147**	-0.013	-0.416**	-0.233**	-0.447**	-0.002	0.377**
	B	-0.021	-0.127*	-0.348**	0.256**	-0.275**	-0.280**	-0.297**	-0.019	-0.237**	-0.168**	-0.086

续表3 Table 3 (continued)

标记 Marker	等位 变异 Allelic variation	有效穗数 Effective panicle number per plant	株高 Plant height (cm)	穗长 Panicle length (cm)	穗抽出色 Panicle exsertion (cm)	剑叶长 Flag leaf length (cm)	剑叶宽 Flag leaf width (cm)	穗实粒数 Filled grain number per panicle	穗秕粒数 Unfilled grain number per panicle	穗粒数 Grains per panicle	结实率 Seed setting rate (%)	千粒重 1000-grain weight (g)
RM471	C	0.037	-0.018	-0.159**	0.164**	-0.096	-0.064	-0.084	-0.060	-0.099	0.030	0.037
	D	-0.176**	-0.036	-0.246**	0.244**	-0.176**	-0.133*	-0.285**	-0.162**	-0.310**	-0.011	0.224**
	E	0.186**	0.058	0.214**	-0.180**	0.167**	0.093	0.297**	0.152**	0.313**	0.025	-0.178**
	F	-0.076	-0.038	0.102	-0.101	0.031	0.094	-0.025	-0.015	-0.028	0.011	-0.008
	A	0.078	0.048	0.107	-0.004	0.022	-0.013	0.056	0.064	0.080	-0.002	-0.018
	B	-0.069	0.175**	-0.165**	0.130*	-0.113	-0.005	-0.060	-0.080	-0.092	0.029	0.004
RM1986	C	0.022	-0.003	0.011	0.066	0.109	-0.076	-0.049	-0.151*	-0.125*	0.063	0.160**
	D	0.064	0.063	-0.043	-0.071	0.023	0.080	-0.005	0.228**	0.127*	-0.164**	-0.171**
	E	-0.051	-0.227**	0.096	-0.156**	-0.054	0.057	0.081	0.080	0.110	-0.004	-0.085
	A	-0.037	0.042	-0.112	0.159**	-0.145*	-0.027	-0.122*	0.073	-0.052	-0.107	-0.056
	B	-0.111	0.061	-0.062	0.012	0.008	0.238**	0.117*	-0.017	0.080	0.053	0.139*
	C	-0.111	0.061	-0.062	0.012	0.008	0.238**	0.117*	-0.017	0.080	0.053	0.139*
RM3466	D	-0.034	-0.174**	-0.003	-0.126*	-0.072	0.059	0.042	-0.066	-0.006	0.105	0.083
	E	0.009	0.084	0.059	0.099	0.101	0.003	0.066	-0.071	0.009	0.105	0.136*
	F	0.046	-0.101	0.062	0.074	-0.060	-0.189**	-0.075	-0.094	-0.113	0.026	-0.123*
	A	-0.020	-0.208**	-0.346**	0.104	-0.117*	-0.110	-0.040	-0.146*	-0.110	0.168**	0.049
	B	-0.226**	-0.040	-0.155**	0.268**	-0.144*	-0.040	-0.380**	-0.195**	-0.404**	-0.030	0.276**
	C	0.181**	0.039	0.241**	0.289**	0.113	0.034	0.346**	0.236**	0.402**	-0.060	-0.272**
RM3525	D	0.048	0.200**	0.138*	0.031	0.132*	0.112	-0.020	-0.060	-0.050	0.020	0.067
	A	0.079	0.151*	0.130*	-0.040	0.236**	0.089	0.124*	0.115	0.161**	-0.060	-0.143*
	B	-0.060	0.022	-0.142*	-0.030	-0.100	-0.070	-0.050	-0.110	-0.110	0.065	0.071
	C	-0.121*	-0.080	0.004	-0.002	-0.030	-0.010	-0.060	-0.060	-0.080	-0.010	0.073
	D	-0.080	0.157**	-0.040	0.140*	-0.126*	0.029	-0.020	0.048	0.015	-0.100	-0.003
	E	-0.040	0.127*	-0.050	0.075	-0.030	0.042	-0.050	0.133*	0.040	-0.050	0.090
RM3643	A	0.180**	-0.196**	0.171**	-0.208**	0.103	0.092	0.248**	0.090	0.243**	0.043	-0.090
	B	-0.090	0.202**	0.136*	-0.159**	0.073	0.144*	0.211**	0.052	0.192**	0.076	0.017
	C	-0.040	0.241**	0.135*	-0.030	0.237**	-0.003	0.159**	0.214**	0.245**	-0.080	-0.206**
	D	-0.100	-0.020	0.058	-0.010	0.031	0.005	-0.070	0.006	-0.050	-0.020	0.075
	E	0.228**	-0.386**	-0.060	-0.178**	-0.127*	-0.050	0.115	0.036	0.110	0.009	-0.155**
	F	-0.050	0.244**	0.077	0.016	0.057	0.081	0.073	0.033	0.074	0.038	0.042
RM3855	G	0.013	0.241**	0.056	0.087	0.136*	-0.060	0.038	0.095	0.084	-0.060	-0.177**
	H	-0.020	-0.010	-0.080	0.095	-0.110	-0.050	-0.268**	-0.090	-0.258**	-0.110	0.114
	I	-0.309**	0.052	-0.010	0.126*	0.042	0.103	-0.135*	-0.166**	-0.199**	0.101	0.331**
	A	-0.273**	0.205**	0.067	0.204**	0.096	0.060	0.036	-0.070	-0.020	0.098	0.092
	B	-0.030	0.004	-0.030	-0.020	-0.040	0.004	0.030	-0.080	-0.020	0.013	0.109
	C	0.031	-0.100	-0.163**	0.067	-0.151*	-0.204**	-0.228**	-0.169**	-0.273**	0.016	-0.030
RM5481	D	-0.040	-0.030	-0.002	0.075	-0.030	-0.050	-0.020	-0.127*	-0.090	0.118*	0.129*
	E	0.041	-0.040	-0.170**	0.171**	-0.144*	-0.040	-0.260**	-0.128*	-0.273**	-0.010	0.068
	F	0.176**	-0.050	0.202**	-0.321**	0.154**	0.114	0.237**	0.319**	0.364**	-0.146*	-0.185**
	G	0.107	-0.117*	-0.149*	0.034	-0.100	-0.129*	-0.050	-0.070	-0.080	0.087	-0.110
	A	-0.259**	-0.002	-0.123*	0.149*	-0.090	0.010	-0.267**	-0.175**	-0.307**	-0.030	0.334**
	B	-0.100	-0.136*	-0.310**	0.331**	-0.245**	-0.251**	-0.347**	-0.238**	-0.401**	-0.001	0.137*
RM5611	C	0.044	-0.117*	-0.362**	0.166**	-0.359**	-0.313**	-0.245**	-0.118*	-0.256**	-0.026	-0.151*
	D	0.050	0.230**	0.112	-0.030	0.097	0.056	0.229**	0.150*	0.262**	0.014	-0.187**
	E	0.166**	-0.040	0.315**	-0.349**	0.243**	0.214**	0.308**	0.205**	0.353**	0.006	-0.125*
	A	0.078	-0.070	-0.249**	0.253**	-0.276**	-0.295**	-0.305**	-0.110	-0.296**	-0.070	-0.060
	B	-0.030	-0.060	-0.010	0.011	0.067	-0.010	0.091	-0.010	0.066	0.057	-0.040
	C	-0.060	0.058	0.173**	-0.266**	0.108	0.193**	0.074	0.146*	0.142*	-0.090	0.026
RM6089	D	0.051	0.009	-0.080	0.192**	-0.030	-0.030	0.015	-0.154**	-0.080	0.173**	0.081
	A	-0.151*	-0.138*	-0.409**	0.342**	-0.281**	-0.269**	-0.407**	-0.271**	-0.469**	0.015	0.140*
	B	-0.134*	-0.020	0.020	0.046	0.002	0.011	-0.010	-0.060	-0.040	0.048	0.154**
	C	-0.030	-0.002	0.002	0.036	0.069	0.050	0.012	-0.010	0.005	0.021	0.018

续表 3 Table 3 (continued)

标记 Marker	等位 变异 Allelic variation	有效穗数 Effective panicle number per plant	株高 Plant height (cm)	穗长 Panicle length (cm)	穗抽出度 Panicle exsertion (cm)	剑叶长 Flag leaf length (cm)	剑叶宽 Flag leaf width (cm)	穗实粒数 Filled grain number per panicle	穗秕粒数 Unfilled grain number per panicle	穗粒数 Grains per panicle	结实率 Seed setting rate (%)	千粒重 1000-grain weight (g)
RM3394	D	0.173**	0.124*	0.352**	-0.329**	0.205**	0.204**	0.349**	0.252**	0.414**	-0.030	-0.163**
	A	0.093	-0.070	-0.070	0.043	-0.090	-0.100	-0.060	0.022	-0.030	-0.050	-0.185**
	B	0.116*	-0.177**	-0.040	-0.001	-0.030	-0.040	-0.010	-0.050	-0.040	0.042	0.021
	C	0.112	-0.403**	-0.149*	-0.050	-0.137*	-0.232**	-0.060	-0.206**	-0.164**	0.153**	0.004
	D	-0.164**	-0.010	-0.100	0.190**	-0.145*	0.002	-0.297**	-0.120*	-0.298**	-0.080	0.158**
	E	-0.060	-0.110	-0.222**	0.098	-0.060	-0.030	-0.137*	-0.070	-0.144*	0.074	0.128*
	F	-0.050	0.305**	0.288**	-0.131*	0.233**	0.149*	0.185**	0.219**	0.269**	-0.118*	-0.020
RM7396	G	0.009	0.046	0.069	-0.010	0.089	0.035	-0.004	-0.030	-0.020	0.033	0.029
	A	0.058	-0.080	-0.110	0.020	-0.080	-0.080	-0.040	-0.050	-0.060	0.068	-0.070
	B	-0.123*	0.067	0.045	-0.060	0.128*	0.096	0.095	0.117*	0.140*	-0.050	-0.127*
RM7390	C	0.036	-0.070	-0.010	-0.060	-0.080	0.022	-0.080	-0.050	-0.090	-0.060	0.180**
	D	0.055	0.041	0.005	0.140*	-0.010	-0.110	0.052	-0.050	0.012	0.127*	-0.080
	A	-0.040	-0.060	-0.189**	0.028	-0.213**	-0.050	-0.200**	-0.080	-0.198**	-0.050	-0.050
	B	-0.148*	0.037	0.043	0.086	0.090	-0.002	0.016	-0.090	-0.040	0.098	0.085
	C	-0.080	0.082	-0.030	0.132*	-0.050	0.008	-0.144*	-0.135*	-0.189**	0.041	0.204**
	D	-0.040	-0.080	-0.237**	0.253**	-0.110	-0.133*	-0.197**	-0.070	-0.190**	-0.010	0.131*
	E	-0.158**	-0.117*	-0.256**	0.080	-0.238**	-0.143*	-0.360**	-0.040	-0.300**	-0.167**	0.096
RM8268	F	0.117*	0.123*	0.049	0.047	0.061	-0.030	0.002	0.017	0.011	-0.010	-0.119*
	A	-0.020	0.110	0.117*	-0.100	0.051	0.074	-0.010	0.045	0.015	-0.070	0.135*
	B	-0.030	-0.030	-0.120	0.083	-0.040	-0.060	-0.157**	-0.050	-0.151*	-0.010	0.000
	C	-0.133*	0.030	-0.119*	0.127*	-0.030	0.031	-0.195**	-0.040	-0.169**	-0.070	0.163**
RM1509	D	0.004	0.222**	0.197**	-0.080	0.057	0.122*	0.234**	0.130*	0.253**	0.010	-0.110
	E	0.166**	-0.340**	-0.070	-0.050	0.001	-0.139*	0.058	-0.110	-0.020	0.154**	-0.070
	A	-0.333**	-0.090	-0.225**	0.222**	-0.110	-0.110	-0.321**	-0.227**	-0.400**	0.074	0.360**
	B	0.353**	-0.030	0.152*	-0.262**	0.045	0.038	0.232**	0.081	0.231**	-0.001	-0.230**
	C	-0.110	0.234**	0.111	0.127	0.122	0.134*	0.127	0.266**	0.279**	-0.139*	-0.205**
RM3421	A	-0.090	-0.010	0.003	0.107	0.008	0.137*	-0.197**	-0.130	-0.207**	-0.020	0.259**
	B	-0.030	-0.010	-0.100	0.130	-0.168*	0.025	-0.100	-0.100	-0.120	0.094	0.039
	C	0.158*	-0.110	0.048	-0.207**	0.135	-0.110	0.181**	0.135	0.197**	-0.060	-0.163*
	D	-0.120	0.155*	0.014	0.059	0.011	0.025	-0.030	-0.020	-0.030	-0.030	0.009
RM7479	A	-0.030	-0.156*	-0.470**	0.426**	-0.384**	-0.338**	-0.363**	-0.228**	-0.418**	0.023	-0.040
	B	-0.204**	0.019	-0.243**	0.139*	-0.175**	-0.070	-0.319**	-0.181**	-0.356**	-0.050	0.311**
	C	0.183**	0.078	0.527**	-0.421**	0.403**	0.299**	0.532**	0.305**	0.596**	0.039	-0.217**

“*” 和 “**” 分别表示差异显著 ($P < 0.05$) 和极显著 ($P < 0.01$)。下同。

“*” and “**” indicate significant difference ($P < 0.05$) and extremely significant difference ($P < 0.01$), respectively. The same below.

和剑叶宽等 7 个性状呈显著或极显著负相关，与穗抽出度呈极显著正相关。RM5841 有 5 个等位变异，A 类型与有效穗数、穗长和穗实粒数等 5 个性状呈显著负相关，与穗抽出度和千粒重呈显著正相关；C 类型显著关联到 9 个性状，其中，与千粒重呈显著负相关；E 类型也显著关联到 9 个性状；D 类型关联到的性状数最少，为 5 个。RM6089 有 4 个等位变异，A 和 D 类型共同显著关联到 10 个性状，但作用相反；B 和 C 类型关联的性状数较少或无显著关联。RM1509 有 3 个等位变异，A、B 和 C 类型分别显著关联 7、6 和 6 个性状。RM7479 有 3 个等位变异，A、B 和 C 类型分别显著关联 8、8 和 9 个性状。

7 对 SSR 标记 (RM3395、RM471、RM1986、RM3525、RM7396、RM8268 和 RM3421) 与表型性状相关性较弱。RM3395 有 7 个等位变异，最多能与 3 个性状显著关联，其中 E 类型与所有观测性状均无显著相关性。RM471 有 5 个等位变异，每个类型显著关联的性状数均在 4 个以下，其中 A 类型与所有观测性状均无明显关联。RM1986 有 6 个等位变异，最多能与 3 个性状有明显的相关性。RM3525 有 5 个等位变异，只有 A 类型能显著关联到株高、穗长和剑叶长等 5 个性状，其他 4 个等位变异只能显著关联到 1 或 2 个性状。RM7396 有 4 个等位变异，除 B 类型与 5 个性状关联外，其他 3 个等位变异显著关联的性状数较少。RM8268 有 5

个等位变异,除 C 和 D 类型分别与 6 个性状显著关联外,其他 3 个等位变异显著关联的性状数较少。RM3421 有 4 个等位变异,但能显著关联的性状最多为 5 个。

SSR 标记可解释的性状观测值变化(表 4)表明,27 对标记可解释性状的观测值变化为 0.0%~33.5%。其中, RM214、RM1086、RM5481、

RM6089、RM1509 和 RM7479 共 6 对标记可解释多个性状观测值的变化百分率在 10.0%及以上, F 值达到极显著,对性状影响作用较大; RM202、RM8004、RM3466、RM3855 和 RM3394 等 5 对标记可解释多个性状值的变化百分率在 5.0%~10.0%,这些标记均与性状关联性紧密;其余标记可解释的性状观测值变化比例均较小。

表 4 分子标记解释的水稻性状观测值变化百分率

Table 4 Percentage change of observed values of rice traits explained by molecular markers

标记 Marker	指标 Index	有效穗数 Effective panicle number per plant	株高 Plant height	穗长 Panicle length	穗抽出度 Panicle exsertion	剑叶长 Flag leaf length	剑叶宽 Flag leaf width	穗实粒数 Filled grain number per panicle	穗秕粒数 Unfilled grain number per panicle	穗粒数 Grains per panicle	结实率 Seed- setting rate	千粒重 1000-grain weight
RM574	P (%)	1.4	0.3	0.0	1.2	0.4	0.5	0.4	0.3	0.5	0.0	0.1
	F	4.602*	0.859	0.034	3.934*	1.393	1.533	1.141	0.802	1.684	0.061	0.169
RM434	P (%)	2.2	0.0	1.6	1.5	0.6	0.0	4.8	2.3	6.5	0.0	3.2
	F	7.018**	0.159	5.267*	4.886*	1.950	0.098	16.157**	7.618**	22.132**	0.100	10.519**
RM551	P (%)	0.0	0.5	2.4	2.0	1.9	0.4	2.4	0.6	2.5	0.2	0.1
	F	0.100	1.389	7.224**	5.940*	5.752*	1.208	7.227**	1.857	7.496**	0.589	0.245
RM214	P (%)	5.3	2.3	16.5	13.1	8.6	3.4	19.3	11.1	27.4	0.6	7.2
	F	17.655**	7.498**	62.736**	48.014**	29.888**	11.036**	75.928**	39.613**	119.915**	1.772	24.803**
RM7097	P (%)	2.2	1.1	1.3	16.0	0.8	2.3	3.3	0.9	3.6	0.3	0.0
	F	7.199**	3.606	4.131*	61.081**	2.690	7.422**	10.845**	2.850	12.109**	1.126	0.030
RM202	P (%)	8.2	0.3	4.1	6.5	1.2	0.7	4.3	3.9	7.4	0.8	8.2
	F	18.939**	0.720	8.923**	14.640**	2.511	1.518	9.435**	8.492**	16.801**	1.647	18.829**
RM1812	P (%)	0.1	0.1	0.0	0.2	0.1	0.1	0.1	0.4	0.0	0.6	0.4
	F	0.227	0.411	0.040	0.627	0.216	0.234	0.147	1.248	0.115	1.783	1.062
RM3395	P (%)	0.9	0.1	0.2	0.0	0.1	1.6	1.2	0.8	0.1	2.6	0.8
	F	2.962	0.198	0.546	0.043	0.304	5.248*	3.941*	2.495	0.413	8.522**	2.676
RM241	P (%)	0.8	3.0	0.2	0.0	2.7	0.4	5.0	0.2	2.2	0.7	3.3
	F	2.717	9.882**	0.774	0.148	8.870**	1.370	16.722**	0.485	7.280**	2.340	10.809**
RM1086	P (%)	3.0	4.0	7.0	2.3	5.0	10.1	0.9	2.8	0.1	3.5	17.4
	F	2.855	3.873	6.914**	2.194	4.839*	10.356**	0.873	2.684	0.102	3.379	19.356**
RM8004	P (%)	0.4	0.0	8.8	8.6	3.3	2.9	5.1	1.7	6.1	0.0	3.0
	F	1.391	0.065	30.779**	30.042**	10.879**	9.507**	17.004**	5.511*	20.581**	0.002	9.794**
RM471	P (%)	0.1	5.0	0.4	2.7	0.0	0.4	0.2	1.0	0.9	0.2	0.8
	F	0.359	15.082**	1.139	7.830**	0.011	1.164	0.704	2.863	2.709	0.580	2.195
RM1986	P (%)	1.7	1.1	2.6	0.0	0.4	8.8	0.3	2.2	1.3	0.7	1.2
	F	3.742	2.449	5.735*	0.006	0.777	20.559**	0.654	4.868*	2.900	1.501	2.669
RM3466	P (%)	2.8	5.8	15.7	5.4	4.7	2.0	6.4	4.4	9.9	1.0	3.4
	F	8.187**	17.371**	52.774**	16.042**	13.904**	5.729*	19.361**	13.041**	31.221**	2.863	9.829*
RM3525	P (%)	1.1	0.1	0.7	1.7	3.5	0.0	1.0	0.3	0.2	0.3	1.6
	F	2.640	0.199	1.513	3.895*	8.213**	0.000	2.425	0.604	0.562	0.664	3.796
RM3643	P (%)	1.2	0.3	1.3	2.6	0.5	0.3	4.2	0.8	4.7	0.0	1.2
	F	5.961*	1.667	6.535*	13.156**	2.244	1.271	21.812**	4.119*	24.060**	0.181	5.955*
RM3855	P (%)	7.1	2.1	0.3	6.2	0.1	0.1	0.7	5.2	3.8	1.5	3.4
	F	21.356**	5.929*	0.729	18.638**	0.190	0.311	2.013	15.242**	11.111**	4.336*	9.789**
RM5481	P (%)	6.8	0.4	13.4	15.0	8.3	4.7	21.1	9.2	27.7	0.0	9.0
	F	20.714**	1.179	43.844**	49.916**	25.590**	13.936**	75.681**	28.778**	108.266**	0.127	29.119**
RM5611	P (%)	0.0	0.7	2.2	1.0	2.2	4.2	3.1	0.0	2.0	1.0	1.0
	F	0.097	1.922	6.295*	2.712	6.217*	12.165**	8.916**	0.021	5.605*	2.765	2.965
RM6089	P (%)	3.1	2.0	16.4	12.7	7.0	6.6	16.3	7.9	22.3	0.1	2.8
	F	9.133**	5.681*	55.593**	41.220**	21.420**	19.910**	55.326**	24.219**	81.372**	0.200	8.145**
RM3394	P (%)	2.2	21.5	6.5	0.5	6.2	5.7	2.6	4.6	6.5	1.0	0.3
	F	5.851*	69.705**	17.672**	1.344	16.917**	15.346**	6.927**	12.299**	17.670**	2.612	0.882

续表 4 Table 4 (continued)

标记 Marker	指标 Index	有效穗数 Effective panicle number per plant	株高 Plant height	穗长 Panicle length	穗抽出色度 Panicle exsertion	剑叶长 Flag leaf length	剑叶宽 Flag leaf width	穗实粒数 Filled grain number per panicle	穗秕粒数 Unfilled grain number per panicle	穗粒数 Grains per panicle	结实率 Seed- setting rate	千粒重 1000-grain weight
RM7396	P (%)	0.6	0.0	0.1	1.1	0.2	0.6	0.0	0.6	0.3	0.4	0.5
	F	1.655	0.124	0.247	3.146	0.466	1.648	0.024	1.611	0.718	1.162	1.388
RM7390	P (%)	2.8	0.1	0.1	0.7	0.3	0.4	0.1	4.1	2.8	1.6	3.2
	F	2.435	0.066	0.123	0.568	0.258	0.354	0.118	3.592	2.358	1.376	2.710
RM8268	P (%)	2.2	3.7	0.0	0.4	0.0	0.5	4.2	0.0	2.1	2.2	3.0
	F	6.450*	10.727**	0.109	1.175	0.026	1.537	12.482**	0.135	5.960*	6.410*	8.572**
RM1509	P (%)	5.8	3.4	6.0	1.8	2.4	2.5	11.3	10.1	22.3	1.6	16.3
	F	13.739**	8.035**	14.418**	4.165*	5.427*	5.742*	28.569**	25.198**	64.646**	3.719	43.945**
RM3421	P (%)	0.1	0.6	0.3	1.4	1.0	0.8	2.7	1.8	3.3	0.3	3.5
	F	0.139	1.217	0.685	2.883	1.942	1.709	5.564*	3.589	6.861**	0.648	7.239**
RM7479	P (%)	1.8	1.8	31.9	22.2	20.1	12.4	26.1	9.4	33.5	0.0	1.6
	F	4.203*	4.203*	105.892**	64.563**	56.990**	32.023**	79.993**	23.362**	113.933**	0.010	3.648

2.2.2 表型性状在 SSR 标记等位变异间的差异 部分表型性状在 SSR 标记不同等位变异间存在显著差异 (表 5)。标记 RM7479 的等位变异在 8 个表型性状上表现出差异, 其 3 个等位变异 A、B 和 C 对应的穗长分别为短 (20.352 cm)、中 (22.730 cm) 和长 (25.712 cm), 剑叶长分别为短 (23.981 cm)、中 (27.842 cm) 和长 (31.825 cm), 穗抽出色度分别为长 (8.782 cm)、中 (5.372 cm) 和短 (3.010 cm), 且差异均达显著水平; 剑叶宽分为窄 (1.385 cm) 和宽 (1.617、1.722 cm) 2 组, 穗实粒数、穗秕粒

数、穗粒数及千粒重亦表现为差异显著的 2 组。类似地, 标记 RM1509 的等位变异在 7 个表型性状上存在显著差异; RM3466、RM5611、RM5481 和 RM202 的等位变异分别在 5 个表型性状上表现出显著差异。RM7479、RM1509、RM3466、RM5481、RM202 和 RM3855 这 6 对标记同时也是解释性状变异比例较高的标记。此外, 虽然 RM8004、RM6089 和 RM3394 仅分别在 2、2 和 1 个性状上表现出等位变异间的显著差异, 但对性状变异的解释比例较高。

表 5 不同 SSR 标记等位变异间的水稻表型性状差异
Table 5 Differences of rice phenotypic traits among allelic variations of SSR markers

标记 Marker	性状 Trait	等位变异 Allelic variation						
		A	B	C	D	E	F	G
RM574	穗抽出色度(cm)	5.110a	3.634b	3.869b				
	穗实粒数	93.568b	118.674a	104.204b				
RM1509	有效穗数	5.241b	7.440a	5.867b				
	株高(cm)	114.975b	121.514b	158.033a				
	穗抽出色度(cm)	5.947a	3.068b	6.437a				
	剑叶宽(cm)	1.623b	1.710b	1.917a				
	穗实粒数	87.827b	126.353a	151.822a				
	穗秕粒数	22.179b	45.994b	100.388a				
	穗粒数	110.006c	172.432b	252.210a				
RM7479	穗长(cm)	20.352c	22.730b	25.712a				
	穗抽出色度(cm)	8.782a	5.372b	3.010c				
	剑叶长(cm)	23.981c	27.842b	31.825a				
	剑叶宽(cm)	1.385b	1.617a	1.722a				
	穗实粒数	64.971b	75.195b	122.804a				
	穗秕粒数	18.655b	25.032b	45.232a				
	穗粒数	83.627b	100.258b	168.135a				
	千粒重(g)	26.833b	30.986a	26.695b				
RM7097	穗抽出色度(cm)	2.589c	4.943b	6.834ab	8.553a			
RM241	株高(cm)	129.749ab	113.999c	126.473b	136.312a			
	剑叶长(cm)	31.926a	29.075b	32.040a	33.004a			

续表 5 Table 5 (continued)

标记 Marker	性状 Trait	等位变异 Allelic variation						
		A	B	C	D	E	F	G
M3466	千粒重(g)	25.527b	26.118b	26.860b	29.076a			
	株高(cm)	99.543c	120.741b	123.502b	149.720a			
	穗长(cm)	20.051c	23.708b	25.318b	27.194a			
	剑叶长(cm)	27.916b	28.890b	31.283b	34.952a			
	穗实粒数	105.561a	72.997b	120.944a	107.380a			
RM5611	结实率(%)	85.070a	72.790b	73.350b	75.400b			
	穗长(cm)	21.411b	24.795a	25.221a	23.095a			
	剑叶长(cm)	23.825b	31.995a	31.293a	30.354a			
	剑叶宽(cm)	1.300b	1.667a	1.705a	1.648a			
	穗实粒数	54.438b	123.596a	114.577a	114.779a			
RM6089	穗粒数	79.724b	163.798a	158.224a	139.047a			
	有效穗数	6.463a	3.900b	6.951a	7.349a			
RM8004	千粒重(g)	28.211b	35.575a	27.028b	26.250b			
	穗长(cm)	21.460c	23.502b	25.444a	25.987a			
RM3421	穗抽出度(cm)	8.813a	5.957b	3.494bc	2.686c			
	穗实粒数	75.087b	102.912a	118.110a	105.922a			
RM471	穗粒数	99.072b	135.735a	158.124a	141.240a			
	千粒重(g)	31.875a	27.465b	26.421b	27.288b			
	穗秕粒数	47.960b	35.188b	35.502b	69.342a	45.679b		
RM3525	千粒重(g)	26.393a	26.739a	27.525a	23.495b	25.918a		
	剑叶长(cm)	34.282a	29.566b	30.686b	28.836b	30.326b		
RM5481	穗长(cm)	23.661b	22.484b	15.225c	25.802a	25.686a		
	剑叶长(cm)	29.285ab	27.415b	13.325c	32.358a	32.039a		
	剑叶宽(cm)	1.681ab	1.496b	0.920c	1.713a	1.720a		
	穗粒数	98.766b	98.156b	32.300c	191.251a	169.199a		
	千粒重(g)	31.803a	28.320b	20.558d	24.384c	26.218bc		
RM8268	株高(cm)	137.000a	120.047b	124.452ab	128.778ab	104.802c		
RM202	穗长(cm)	23.607a	24.258a	20.758b	25.334a	25.682a	24.110a	
	剑叶长(cm)	30.124a	31.245a	22.711b	30.446a	31.836a	29.752a	
	剑叶宽(cm)	1.612a	1.662a	1.404b	1.732a	1.662a	1.692a	
	穗实粒数	92.390a	95.910a	52.414b	114.300a	118.600a	94.130a	
RM1812	穗粒数	112.411a	118.741a	73.673b	164.907a	160.624a	118.331a	
	穗长(cm)	26.100a	26.100a	24.681ab	21.746c	23.894b	25.330ab	
RM1986	千粒重(g)	23.331b	27.380a	25.980a	26.780a	28.780a	26.380a	
	穗抽出度(cm)	7.252a	4.249bc	4.249bc	2.568c	5.126b	4.922b	
RM3395	剑叶长(cm)	26.870b	31.026a	31.026a	29.636a	32.360a	30.001a	
	穗秕粒数	73.633a	42.805bc	36.777bc	28.864c	52.440b	40.561bc	27.626c
RM3855	有效穗数	5.706c	6.928bc	7.363bc	6.800bc	7.398bc	7.496b	9.267a
	株高(cm)	136.477a	123.272a	114.501a	120.412a	119.928a	121.798a	94.000b
	穗长(cm)	25.443a	24.607a	23.144a	24.865a	23.281a	25.514a	20.307b
	千粒重(g)	27.848a	28.396a	26.214a	29.181a	27.679a	25.833a	21.453b
RM3394	千粒重(g)	21.730b	27.043a	26.728a	29.020a	29.013a	26.546a	27.890a

不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平差异显著。

Different lowercase letters indicate significant difference at $P < 0.05$ level.

2.3 表型性状的主成分分析及优异稻种资源筛选

对 11 个表型性状的主成分分析显示, 特征值 > 1.000 的主成分共 4 个, 累计方差贡献率达 77.218% (表 6)。其中, PC1 贡献率为 34.510%, 特征向量最大值对应穗粒数, 其次为穗长、剑叶

长、剑叶宽及穗实粒数, 命名为叶穗因子; PC2 贡献率为 17.690%, 特征向量最大值对应结实率, 其次为穗秕粒数, 命名为结实因子; PC3 贡献率为 13.251%, 特征向量最大值对应有有效穗数, 命名为穗数因子; PC4 贡献率为 11.767%, 特征向量最大

表 6 稻种资源表型性状的主成分分析
Table 6 Principal component analysis of phenotypic traits of rice germplasm

项目 Item	主成分 Principle component			
	PC1	PC2	PC3	PC4
株高 Plant height (cm)	0.247	0.108	-0.372	0.606
穗长 Panicle length (cm)	0.400	0.126	-0.095	0.101
有效穗数 Effective panicle number per plant	-0.114	-0.125	0.507	0.254
穗实粒数 Filled grain number per panicle	0.369	0.268	0.392	0.071
穗秕粒数 Unfilled grain number per panicle	0.306	-0.537	-0.080	-0.008
穗粒数 Grains per panicle	0.455	-0.103	0.252	0.051
结实率 Seed setting rate (%)	-0.064	0.628	0.332	0.011
千粒重 1000-grain weight (g)	0.017	0.351	-0.380	-0.468
穗抽出度 Panicle exertion (cm)	-0.188	0.198	-0.295	0.607
剑叶长 Flag leaf length (cm)	0.391	0.132	-0.029	0.029
剑叶宽 Flag leaf width (cm)	0.370	0.109	-0.171	-0.211
特征值 Eigenvalue	3.796	1.946	1.458	1.294
方差贡献率 Variance contribution rate (%)	34.510	17.690	13.251	11.767
累计贡献率 Cumulative contribution rate (%)	34.510	52.200	65.451	77.218

值对应穗抽出度，其次为株高，命名为株高因子。

基于 363 份材料的主成分综合得分排序，筛选出综合得分 >1.000 的优异种质 36 份（表 7）。其中排名前 3 且得分 >2.000 的稻种分别为中国云南的花壳、毫糯浪及老挝的纳列 5。花壳源自中国云南德宏州芒市，株高 160 cm，穗粒数 210，结实率 85%，千粒重 24 g，有效穗数 11.4，穗长 30 cm，

属大穗型品种，可作为多穗大穗型亲本；毫糯浪源自中国云南德宏州芒市，株高 142 cm，穗长约 24 cm，有效穗数 5.4，结实率 90%，千粒重 27 g，株高适中、糯性优良，可作为糯稻新品种选育的亲本；纳列 5 源自老挝琅南塔省，株高 119 cm，穗长 27 cm，穗抽出度 1.3 cm，剑叶长 37 cm、宽 2.2 cm，有效穗数 5.6，穗粒数 310，可作为大穗

表 7 主成分综合得分 ≥1.000 的稻种资源
Table 7 Rice germplasm with comprehensive principal component score ≥1.000

编号 Code	分析单元 Analysis unit	种质名称 Germplasm name	PC1	PC2	PC3	PC4	D
Z7	中国云南	大白谷	2.385	1.095	-0.282	2.361	1.628
Z15	中国云南	huoheng	0.932	5.537	-0.718	1.370	1.771
Z21	中国云南	花壳	2.866	3.401	0.973	2.451	2.600
Z25	中国云南	小勐卯	2.282	-0.585	1.569	0.009	1.157
Z30	中国云南	毫糯浪	0.078	8.905	-0.693	0.838	2.084
Z82	中国云南	黄板所	1.882	1.099	0.308	-0.063	1.136
Z107	中国云南	桂朝糯	1.667	1.559	0.299	0.557	1.238
Z112	中国云南	红吊谷	2.336	0.581	0.745	2.510	1.687
Z113	中国云南	绿帮谷	1.727	1.038	0.595	2.181	1.444
Z143	老挝	纳列 3	3.113	0.772	0.249	-1.674	1.356
Z162	老挝	纳列 5	4.308	-0.336	1.730	-0.146	2.123
Z163	老挝	纳列 13	3.750	0.327	-0.228	-0.664	1.610
Z170	老挝	曼岛 9	2.126	2.077	0.050	1.961	1.733
Z173	老挝	曼岛 16	2.512	0.862	-0.003	0.266	1.360
Z194	老挝	纳列 9	1.571	1.956	-1.059	1.552	1.205
Z211	老挝	南元 Y10	2.240	0.576	-0.406	-0.415	1.000
Z213	老挝	南元 Y12	2.213	2.070	0.235	-0.259	1.464
Z232	老挝	BLKS1176	1.926	1.997	-0.336	-0.983	1.111
Z298	缅甸	Ssin thukha	1.984	-1.077	1.880	0.650	1.062
Z329	缅甸	Naung Tu Mee She	1.160	1.096	0.794	1.418	1.122
Z339	缅甸	Yakhine Bo	2.925	-0.637	1.196	1.038	1.524
Z341	缅甸	Kyun Put Gyi	2.753	-0.135	-0.939	1.952	1.335
Z342	缅甸	Saba Phyu	3.811	-1.893	-1.926	3.008	1.397

续表 7 Table 7 (continued)

编号 Code	分析单元 Analysis unit	种质名称 Germplasm name	PC1	PC2	PC3	PC4	D
Z343	缅甸	Shwe Pyi Aye	1.867	0.716	1.186	1.023	1.358
Z347	缅甸	Nga Hhmwe	1.384	0.774	1.542	1.142	1.234
Z349	缅甸	Man Sar	0.646	1.157	0.354	3.137	1.093
Z351	缅甸	Ta Yay Gyi	2.033	2.333	-1.360	3.814	1.791
Z352	缅甸	Kyaung Thwa	3.682	-1.981	-0.973	2.669	1.431
Z354	缅甸	Mayin Ni	1.874	0.799	0.394	0.156	1.112
Z356	缅甸	Lone Phyu	2.838	0.173	1.218	0.561	1.602
Z357	缅甸	Let Thae Gyan	2.531	1.097	-1.089	3.505	1.729
Z358	缅甸	Myin Thwa Gyi	2.001	0.870	-0.357	0.848	1.162
Z362	缅甸	Saw Pha Gyi	2.568	0.428	-1.080	1.645	1.311
Z363	缅甸	Khao La Shae	1.858	1.225	-0.348	0.463	1.122
Z364	缅甸	Khaw Ma Kyaw	3.820	-1.353	0.393	0.778	1.583
Z369	缅甸	Ye Tha	1.793	0.222	1.247	0.703	1.173

型亲本。363 份水稻材料的综合得分详见网络增强出版附加材料附表 1。

3 讨论

3.1 稻种资源的遗传多样性分析

遗传多样性是作物育种中亲本选配的重要考量因素，亲本材料遗传基础狭窄是当前作物育种难以取得突破性进展的主要原因之一^[25]。SSR 标记是近 20 年来水稻种质资源遗传多样性及性状研究的最佳标记^[26-28]。遗传多样性评价通常涉及 N_a 、 N_e 、 H 、 I 、 NPL 及 PPL 6 个参数，但单一指标存在明显局限性，当多个分析单元的指标相近时（如本研究中缅甸与老挝分析单元的 H 均为 0.1526），无法有效区分其遗传多样性丰度。因此，本研究采用 6 个参数的综合得分排名评估不同分析单元的遗传多样性丰度，该方法操作简便，相比单一指标评估更为全面。

3.2 SSR 标记等位变异与表型性状关联分析

关联分析是解析复杂性状遗传基础的重要方法^[29]，相较于连锁作图等传统 QTL 定位方法，其具有更高的准确率与研究效率，可通过整合表型与基因多样性信息挖掘更多的功能性基因位点^[30]。随着分子技术发展，采用关联分析开展表型性状与分子标记变异位点关系的研究日益增多，邹德堂等^[31]利用 SSR 标记在 108 个水稻品种中定位出 13 个与 4 种功能成分含量性状显著相关的位点，并挖掘出 29 个相关优异等位基因及代表性载体材料；夏秀忠等^[32]则通过 34 个 SSR 标记鉴定出 1 个同时与芽期和苗期耐冷性相关联的位点。本研究应用的 27 对 SSR 标记中，RM3395、RM471、RM1986、RM3525、

RM7396、RM8268 和 RM3421 共 7 对标记与观测性状的关联性较弱，其余 20 对标记与性状关联性密切，且能解释一定比例的性状变异。黎毛毛等^[33]发现标记 RM1812 与 11 号染色体上 RM1812~RM332 区间的碱消值 QTL (qADV11) 相关，本研究中 RM1812 的 D 和 A 等位变异可将穗长与剑叶长区分为差异明显的 2 类；方云霞^[34]指出 RM6089 与叶卷缩基因 $r1_{10(t)}$ 连锁（遗传距离 5.00 cm），本研究发现 RM6089 存在 4 个等位变异，其中 A 和 D 类型与除结实率外的 10 个性状呈显著或极显著相关，可解释穗长、穗抽出度、穗实粒数和穗粒数变异的 12.7%~22.3%，以及剑叶长、剑叶宽和穗粒数变异的 6.6%~7.9%。此外，RM7097 的 4 个等位变异中，A 类型与株高、穗长和穗抽出度呈显著或极显著负相关，与有效穗数、穗实粒数、穗粒数和穗粒数呈显著或极显著正相关，表明其可能与刘健等^[35]发现降低株高的 qPH3.1 及提高籽粒产量的 qGY3.2 存在关联的研究结果一致。

3.3 优异资源筛选

种质资源是生物遗传信息的载体，蕴藏着抗性、品质和高产等相关基因，表型性状评价是挖掘优异基因、选育与改良品种的有效途径^[36]。多性状研究中，性状数量多且存在相关性会导致观测值重叠，增加工作量，不利于高效鉴定。主成分分析通过降维将多个相关性状转化为少数的主成分，可识别关键指标、简化数据结构，更准确地反映农作物品种整体性能，提高评价的准确性与可靠性^[37]。品种优良性需通过各性状协调平衡体现，利用主成分得分评价综合表现的方法已在种质资源评价中广泛应用^[38-41]。宫彦龙等^[36]对 80 份粳稻种质资源进

行主成分分析与综合评价, 筛选出综合性状排名第 1 的毕大香 6 号; 陈丽等^[42]分析东北和宁夏等地水稻种质资源特征特性, 筛选出综合得分最高的前 10 份种质。本研究采用主成分分析法评价了供试稻种资源的 11 个表型性状, 提取了叶穗因子、结实因子、穗数因子和株高因子 4 个主成分, 累计贡献率达 77.218%, 可作为评价参试稻种主要表型性状的综合指标。实际应用中, 特征值 ≥ 1 ^[43]或累计方差贡献率 $\geq 75\%$ ^[44]即具有良好效果, 因此本研究选取的 4 个主成分合理。通过计算获得每份种质的综合得分, 可反映参试材料的整体性状表现, 得分越高综合性状越好, 这与庄巧生^[45]提出的骨干亲本需具备优良综合性状的定义一致。因此, 本研究筛选出综合得分 > 1.000 的优异种质 36 份, 其中排名前 3 且得分 > 2.000 的花壳(中国云南)、毫糯浪(中国云南)及纳列 5(老挝) 3 份种质可作为品种选育与遗传研究的候选资源。

4 结论

利用 27 对 SSR 标记对我国云南边境地区 3 个分析单元的 376 份稻种资源遗传多样性进行分析, 共检测到 142 个等位变异位点, 其中 100 个为稀有等位变异位点; 中国云南与缅甸分析单元共有 9 个特有等位变异位点。遗传多样性的 6 个参数综合得分排序为中国云南分析单元 $>$ 缅甸分析单元 $>$ 老挝分析单元。RM214、RM1086、RM5481、RM6089、RM1509 和 RM7479 与表型性状关联密切, 可解释穗长、穗抽度、穗实粒数、穗秕粒数、穗粒数及千粒重等性状 10.0% 以上的变异。主成分分析提取到 4 个主成分, 筛选出综合得分 > 2.000 的优异种质花壳(中国云南)、纳列 5(老挝)和毫糯浪(中国云南)。

参考文献

[1] 张科, 魏海锋, 卓大龙, 等. 黑龙江省近年审定水稻品种基于 SSR 标记的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2016, 17(3): 447-454.
 [2] 李洪亮, 柴永山, 孙玉友, 等. 寒地超级稻龙粳 31 祖先亲本追溯及遗传基础解析. 植物遗传资源学报, 2016, 17(3): 433-437, 446.
 [3] 陈于敏, 世荣, 刘吉新, 等. 基于 SSR 标记的高原粳稻品种遗传多样性分析. 分子植物育种, 2019, 17(12): 4102-4111.
 [4] 曹应江, 游书梅, 蒋开锋, 等. 利用产量位点标记分析中国水稻骨干恢复系与南亚及东南亚恢复系的遗传多样性. 植物遗传资源学报, 2017, 18(3): 396-403.
 [5] 赵一洲, 倪善君, 张战, 等. 辽宁省水稻品种品质性状及亲缘

关系变化分析. 植物遗传资源学报, 2017, 18(6): 1039-1045.
 [6] 陈兆贵, 邓汉超, 赵淑平. 47 份水稻品种资源的 ISSR 遗传多样性分析. 基因组学与应用生物学, 2009, 28(3): 498-502.
 [7] 邓宏中, 王彩红, 徐群, 等. 中国水稻地方品种与选育品种的遗传多样性比较分析. 植物遗传资源学报, 2015, 16(3): 433-442.
 [8] Zhao W G, Chung J W, Ma K H, et al. Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from Korea, China and Japan using SSR markers. Genes & Genomics, 2009, 31(4): 283-292.
 [9] 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. 西南农业学报, 2017, 30(12): 2617-2623.
 [10] 从夕汉, 施伏芝, 阮新民, 等. 东南亚 62 个籼型水稻亲本 SSR 遗传多样性分析. 核农学报, 2016, 30(5): 859-868.
 [11] 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. 作物学报, 2012, 38(5): 829-839.
 [12] 李振姣, 马斯霜, 部丽群, 等. 宁夏外引水稻种质资源表型性状遗传多样性分析. 江苏农业科学, 2016, 44(8): 117-121.
 [13] 杨文毅, 严红梅, 董超, 等. 不同地理来源水稻品种的 SSR 分子标记遗传相似性分析. 中国农学通报, 2011, 27(12): 24-30.
 [14] 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. 植物遗传资源学报, 2014, 15(3): 540-545.
 [15] 陈立, 胡继银, 妹妹, 等. 缅甸杂交水稻现状及发展对策. 杂交水稻, 2014, 29(2): 78-81, 83.
 [16] 周行, 毛昌祥, 吕荣华. 老挝的水稻生产现状. 世界农业, 2006(8): 49-50.
 [17] 齐永文, 张冬玲, 张洪亮, 等. 中国水稻选育品种遗传多样性及其近 50 年变化趋势. 科学通报, 2006, 51(6): 693-699.
 [18] 袁力行, 傅骏骅, Warburton M, 等. 利用 RFLP、SSR、AFLP 和 RAPD 标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究. 遗传学报, 2000, 27(8): 725-733, 756.
 [19] 王胜军, 陆作楣, 万建民. 采用表型和分子标记聚类研究杂交籼稻亲本的遗传多样性. 中国水稻科学, 2006, 20(5): 475-480.
 [20] 毛加宁, 段世华, 李绍清, 等. 利用 RAPD 分子标记对三组三系杂交水稻及亲本的遗传分析和鉴定. 遗传, 2002, 24(3): 283-287.
 [21] 李松, 张世成, 董云武, 等. 基于 SSR 标记的云南腾冲水稻的遗传多样性分析. 作物杂志, 2019(5): 15-21.
 [22] 董超, 徐福荣, 杨文毅, 等. 云南元阳哈尼梯田水稻地方品种月亮谷的遗传变异分析. 中国水稻科学, 2013, 27(2): 137-144.
 [23] 韩龙植, 魏兴华. 水稻种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006: 15-24.
 [24] 张海萍, 常成, 游光霞, 等. 中国小麦微核心种质及地方品种籽粒休眠特性的分子标记鉴定. 作物学报, 2010, 36(10): 1649-1656.
 [25] 戴冬青, 张华, 丽张萌, 等. 长江流域主要常规双季早籼稻的遗传相似性分析及指纹图谱构建. 中国水稻科学, 2017, 31(1): 40-49.
 [26] Choudhury B, Khan M L, Dayanandan S. Genetic structure and diversity of indigenous rice (*Oryza sativa*) varieties in the Eastern Himalayan region of Northeast India. SpringerPlus, 2013, 2(1): 228.
 [27] Garris A J, Tai T H, Coburn J, et al. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. Genetics, 2005, 169(3): 1631-1638.
 [28] Zhang P, Li J Q, Li X L, et al. Population structure and genetic diversity in a rice core collection (*Oryza sativa* L.) investigated with SSR markers. PLoS ONE, 2011, 6(12): e27565.
 [29] 金亮. 水稻关联定位群体的构建及若干品质性状的关联分析.

- 杭州: 浙江大学, 2009.
- [30] Famoso A N, Zhao K, Clark R T, et al. Genetic architecture of aluminum tolerance in rice (*Oryza sativa*) determined through genome-wide association analysis and QTL mapping. *PLoS Genetics*, 2011, 7(8): e1002221.
- [31] 邹德堂, 赵海彤, 孙健, 等. 水稻4种功能营养成分与SSR标记关联分析. *东北农业大学学报*, 2019, 50(12): 1-9.
- [32] 夏秀忠, 张宗琼, 杨行海, 等. 广西水稻地方品种耐冷性鉴定及相关分析. *植物遗传资源学报*, 2016, 17(6): 969-975.
- [33] 黎毛毛, 徐磊, 任军芳, 等. 粳稻米碱消值的数量性状基因座检测. *作物学报*, 2010, 36(1): 115-120.
- [34] 方云霞. 水稻卷叶基因 *rl10q* 的精细定位研究. 扬州: 扬州大学, 2007.
- [35] 刘健, 牛付安, 江建华, 等. 多环境下粳稻产量及其相关性状的条件和非条件 QTL 定位. *中国水稻科学*, 2012, 26(2): 144-154.
- [36] 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. *作物杂志*, 2020(5): 71-79.
- [37] Raj P, Kumar A, Satyendra S, et al. Principal component analysis for assessment of genetic diversity in rainfed shallow lowland rice (*Oryza sativa* L). *Current Journal of Applied Science and Technology*, 2020, 39(48): 256-261.
- [38] 孙博位, 孙怡宁, 原鹏强, 等. 基于主成分分析综合评价不同采收期五味子果实品质. *北方园艺*, 2024(11): 97-105.
- [39] 卫晓轶, 王稼苜, 马毅, 等. 玉米机械化籽粒收获组合鉴定与主成分分析. *作物杂志*, 2020(2): 48-53.
- [40] 吕建珍, 任莹, 王宏勇, 等. 264份谷子主要育成品种(系)表型多样性综合评价. *作物杂志*, 2022(4): 22-31.
- [41] 孙东雷, 卞能飞, 陈志德, 等. 花生种质资源表型性状的综合评价及指标筛选. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(5): 865-874.
- [42] 陈丽, 孙建昌. 60份不同来源源稻种质资源表型性状的多样性分析及综合评价. *中国稻米*, 2022, 28(6): 74-82.
- [43] 康丽, 袁建清, 高睿, 等. 高光谱成像的水稻稻瘟病早期分级检测. *光谱学与光谱分析*, 2021, 41(3): 898-902.
- [44] 纪龙, 申红芳, 徐春春, 等. 基于非线性主成分分析的绿色超级稻品种综合评价. *作物学报*, 2019, 45(7): 982-992.
- [45] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析. 北京: 中国农业出版社, 2003.

Analysis of Genetic Diversity by SSR Markers and Correlation of Main Agronomic Traits of Rice Germplasm Resources in Border Areas of Yunnan

Tang Cuifeng¹, A Xinxiang¹, Dong Chao¹, Zhang Feifei¹,
Yang Yayun¹, Yang Hongmei², Dai Luyuan¹, Su Zhenxi³

¹Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences/Yunnan Provincial Key Laboratory of Agricultural Biotechnology/Key Laboratory of Southwestern Crop Gene Resources and Germplasm Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Scientific Observation Station for Rice Germplasm Resources of Yunnan, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Kunming 650032, Yunnan, China;

²Institute of Agricultural Research of Xishuangbanna, Xishuangbanna 666100, Yunnan, China;

³Institute of Food Crops, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650000, Yunnan, China)

Abstract To analyze the genetic diversity of rice germplasm resources in the border areas of Yunnan Province and identify SSR markers closely related to major agronomic traits, a total of 376 newly collected rice germplasm resources from Yunnan (China), and its adjacent Myanmar and Laos were used as experimental materials. These resources were divided into three analysis units, and 11 phenotypic traits were investigated. Genetic diversity and association with phenotypic traits were analyzed using 27 pairs of SSR markers. Results showed that a total of 142 allelic variation loci were detected, including 100 rare allelic variation loci and nine peculiar allelic variation loci. Based on the comprehensive evaluation of six genetic diversity parameters, the scoring order of rice germplasm resources from the three analysis units was: Yunnan, China analysis unit > Myanmar analysis unit > Laos analysis unit. Among the 27 pairs of SSR markers, RM214, RM1086, RM5481, RM6089, RM1509, and RM7479 were closely associated with phenotypic traits, could explain more than 10.0% of the variation in panicle length, panicle exertion, filled grains per panicle, unfilled grains per panicle, grains per panicle, and 1000-grain weight. Principal component analysis of phenotypic traits extracted four principal components with a cumulative contribution rate of 77.218%. A total of 36 excellent germplasm resources (comprehensive score ≥ 1.000) were selected. Among these, Huake, Nalei 5, and Haonuolang had a score greater than 2.000. They demonstrated potential as parents for multiple-tillering and large-panicle type, large-panicle type, and glutinous type, respectively.

Key words Yunnan border areas; Rice germplasm resources; Genetic diversity; SSR marker; Correlation analysis