

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw201903001

唐如玉, 徐鹏, 余迪求. 水稻轮回选择群体 XTBG-HP1 表型遗传多样性分析 [J]. 广西植物, 2020, 40(2): 159–172.

TANG RY, XU P, YU DQ. Phenotypic diversity analysis of rice recurrent selection population XTBG-HP1 [J]. *Guihaia*, 2020, 40(2): 159–172.

# 水稻轮回选择群体 XTBG-HP1 表型遗传多样性分析

唐如玉<sup>1,2</sup>, 徐鹏<sup>1</sup>, 余迪求<sup>1\*</sup>

(1. 中国科学院西双版纳热带植物园 热带植物资源与可持续利用重点实验室, 昆明 650223; 2. 中国科学院大学 生命科学学院, 北京 100049)

**摘要:** 该研究基于 4 个陆稻群体及 172 个水稻品种或杂交组合, 构建了水稻多亲本隐性核不育轮回选择群体 XTBG-HP1, 并经过 4 次轮回重组, 采用 16 个表型性状对其进行了遗传多样性分析。结果表明: (1) 该群体 14 个数量性状符合正态分布, 各表型均存在极端性状个体。 (2) 数量性状变异系数范围为 0.08~0.41, 均值为 0.20; Shannon-Wiener 多样性指数范围为 0.72~1.92, 均值为 1.50。 (3) 群体在株型与产量构成因子性状方面有显著的相关性, 对株型的选择可以实现产量性状的改良。 (4) 剑叶长、每穗粒总数、千粒重、穗长、粒长、一次枝梗数、有效穗数、剑叶宽、二次枝梗数、抽穗期 10 个性状可作为群体综合评价指标。 (5) 剑叶长、二次枝梗数、每穗粒总数 3 个表型性状具有较高的遗传变异、丰富的遗传多样性及与综合得分 F 值相关系数较高。综合以上结果发现, 后期群体进行基因挖掘、品种改良以及优良育种材料的选育可以基于剑叶长、二次枝梗数及每穗粒总数 3 个表型性状, 同时要充分利用群体株型与产量构成因子性状间的显著相关性。此外, 该研究群体中极端单性状或综合得分 F 值较高的个体, 可进一步用于品种选育。

**关键词:** 水稻, 轮回选择, 表型性状, 群体遗传多样性, 群体改良

中图分类号: Q943 文献标识码: A

文章编号: 1000-3142(2020)02-0159-14

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



## Phenotypic diversity analysis of rice recurrent selection population XTBG-HP1

TANG Ruyi<sup>1,2</sup>, XU Peng<sup>1</sup>, YU Diqui<sup>1\*</sup>

(1. Key Laboratory of Tropical Plant Resources and Sustainable Use, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223, China; 2. College of Life Sciences, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

**Abstract:** Genetic diversity is the basis of gene mining, cultivars improvement and breeding, the genetic diversity analysis of recurrent selection population could provide reference and guidance for further population improvement and elite cultivars screening. In this study, we constructed the rice recurrent selection population XTBG-HP1 based on four upland rice populations and 172 rice cultivars or combination, and we evaluated the genetic diversity of the rice population, by using sixteen phenotypic traits after four recurrent combinations. The results were as follows: (1) The fourteen quantita-

收稿日期: 2019-05-21

基金项目: 中国科学院西双版纳热带植物园“十三五”重大突破专项项目(2017XTBG-TOP2) [Supported by the “13th five-year” Major Breakthrough in Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences (2017XTBG-TOP2)].

作者简介: 唐如玉(1993-), 女, 湖南衡阳人, 硕士研究生, 从事作物栽培及植物分子生物学研究, (E-mail) tangruiyu@xtbg.ac.cn。

\*通信作者: 余迪求, 博士, 研究员, 从事植物分子生物学研究, (E-mail) ydq@xtbg.ac.cn。

tive traits of study population were normal distribution, and there were extreme trait individuals in each phenotype. (2) The coefficient variation of fourteen quantitative traits ranged from 0.08 to 0.41 with a mean of 0.20. Shannon-Wiener diversity index of each trait ranged from 0.72 to 1.92 with a mean of 1.50. (3) There was significant correlation between plant type traits and yield components traits in population, indicating the selection of population plant type could improve population yield traits. (4) The ten traits of flag leaf length, total number of per panicle, 1 000-Grain weight, panicle length, grain length, primary branch number, effective panicle, flag leaf width, the secondary branch number and heading date could be used as indicators for population comprehensive evaluation. (5) The flag leaf length, the secondary branch number and total number of per panicle with high genetic variation, better genetic diversity and high correlation coefficient with composite scores F value. The results of comprehensive experiment analysis showed that the research population has abundant genetic diversities. The late population gene mining, selection of good breeding materials and varieties improvement can be place emphasis on flag leaf length, the secondary branch number, and total number of per panicle, and make the best of the correlation between plant type traits and yield components traits. In addition, individuals with extreme single trait or higher F value in the study population can also be further used for cultivars improvement.

**Key words:** rice, recurrent selection, phenotypic traits, population genetic diversity, group improvement

水稻是世界上主要的粮食作物,全球有 50% 以上的人以水稻为主食,在全世界广泛种植 (Ansari et al., 2017)。在水稻育种史上,水稻产量经历了两次飞跃:一次是从 20 世纪 50 年代末至 70 年代初,以半矮化品种应用为特征的水稻绿色革命使世界水稻增产 2 倍 (Jain, 2012);另一次是 20 世纪 70 年代至 80 年代,中国率先采用杂交水稻育种技术,使水稻产量潜力大约提高了 25% (Peng et al., 2008)。此后,新型超高产水稻育种,取得了显著进展 (Cheng et al., 2007; Peng et al., 2008)。然而,近十年来,水稻产量徘徊不前,似乎达到上限 (Ansari et al., 2017)。世界人口数量的持续增长、可用耕地面积和灌溉水资源的减少以及环境变化等都对水稻增产稳产提出了更高的要求和挑战 (Ansari et al., 2017)。传统育种由于杂交方式和杂交手段的限制,所以育成品种存在综合亲本少、遗传基础狭窄等问题,而以传统育种方法育成的不育系和恢复系本身存在上述问题,也反过来影响育种进程 (Li & Zhang, 2013; Müller et al., 2017)。此外,由于水稻育种对相同优异骨干亲本持续利用及品种推广的单一化,加之集中对杂交后代的关注性状进行选择,选育过程中必然会造成大量优良基因损失及遗传基础狭窄,进而造成水稻单产徘徊不前和抗性的遗传脆弱性 (胡标林等, 2012)。水稻大部分重要农艺性状均属于数量性状,受到多个微效基因的共同调控。此外,水稻众多基因间存在连锁现象,传统杂交育种方式难以对这些基因同时进行改良。随着水稻众多重要功能基因的克隆和分子解析以及分子生物学

技术的应用 (Jiang et al., 2012),水稻育种必然会朝着高产、多抗、优质、广泛适应性的目标发展 (万建民, 2007; Li & Zhang, 2013)。因此,对多基因、多性状同时改良的育种方式成为水稻育种发展的必然选择。

轮回选择基于遗传基础丰富的群体,经过多次选择、重组、选择,可打破基因间的连锁,增加有利基因重组机会,从而有效整合分布于不同亲本的优异性状,在改良群体的同时保持广泛的遗传多样性 (漆映雪和邹小云, 2008),这是一种理想的育种方式。轮回选择育种尤其适用于数量性状的改良,如产量、抗性等重要农艺性状 (Peng et al., 2008)。早在 1919 年, Hayes 等就提出了轮回选择的概念 (夏军红和郑用链, 2002)。由于杂交方式的限制,轮回选择最早用于异花授粉作物玉米 (Bolaños et al., 1993)。随着雄性不育株的发现,轮回选择得以在自花授粉作物中应用。目前,轮回选择已经在自花授粉作物大豆 (Brim & Stuber, 1973; Posadas et al., 2014)、小麦 (Marais et al., 2010; Ramya et al., 2016) 及水稻 (Fujimaki, 1979; Frouin et al., 2014; Grenier et al., 2015) 上广泛应用。

水稻雄性不育株的发现,促进了轮回选择在水稻上的应用 (Grenier et al., 2015; Morais et al., 2017; Pang et al., 2017)。Morais et al. (2017) 选取株高和产量两个性状,从基因和表型两方面对旱稻群体 CNA6 轮回选择群体 4 个周期的遗传变异情况进行分析,结果表明在 4 个轮回选择周期中,株高和产量性状都保持较好的遗传多样性。Morais et al. (2017) 选取产量、株高、开花天数 3 个

性状,通过对水稻群体进行 3 次轮回选择,从遗传进程、遗传变异、优选品系潜力三方面对轮回选择效率的研究表明,轮回选择具有促进遗传进程,维持群体遗传多样性,提高群体对单性状、双性状及三性状提取优势系的遗传潜力,是一种有效的育种方式。

遗传多样性研究的方法较为完善,主要有基于形态学的标记、细胞学的标记、生理生化标记以及分子标记等。表型性状是水稻育种和进行复杂性状机理解释的重要依据,能通过最直接的外观性状反映遗传,与微卫星标记具有很高的相似性(齐永文,2004)。当研究群体较大时,表型性状研究最为简单、经济,应用十分广泛,常用于遗传育种工作中(胡标林等,2012;王海岗等,2016)。李自超等(2001)和陈越等(2019)通过表型性状,对云南水稻种质资源进行了分析,结果发现云南省水稻种质资源具有丰富的遗传多样性和表型多样性。胡标林等(2012)选用 14 个表型性状,对美国农业部水稻核心种质表型性状遗传多样性进行了分析和综合评价。

轮回选择是改良群体、维持群体遗传多样性及筛选优良个体的有效育种方法。目前,水稻轮回选择育种方法及表型遗传多样性分析方法均较为成熟,为水稻轮回选择群体的构建及其遗传多样性分析提供了较好的基础。本研究通过 16 个表型性状对重组 4 次的水稻轮回选择群体 XTBG-HP1 的表型遗传多样性进行分析,从而明确群体的遗传多样性,为研究群体的进一步选育及优良个体的筛选提供方向和指导。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材 料

利用 4 个引自哥伦比亚国际农业研究中心(CTAT)含有隐性核不育基因的陆稻群体 SPACIR14、SPACIR16、SPACIR17、SPACIR18 中的不育株作为母本,4 个陆稻群体的亲本信息及来源如表 1 所示。172 个水稻品种或杂交组合作为重组亲本,亲本信息如表 2 所示,用于构建水稻多亲本隐性核不育轮回选择群体 XTBG-HP1。4 个陆稻群体不育株不育性来源于 IR36 的 EMS 突变体中的隐性核不育基因 TDR(Frouin,2014)。

### 1.2 研究群体构建

水稻轮回选择群体 XTBG-HP1 的构建流程与方法如图 1 所示。大量种植陆稻群体,172 个重组亲本分别与陆稻群体的每 5 株不育株进行杂交(亲本信息见表 2),共获得 2 827 株  $F_1$ (部分亲本只获得 1~4 个不育单株杂交),种植  $F_1$  并等量混合收取  $F_1$  种子,获得  $S_0$  群体,命名为 XTBG-HP1。隔离条件下单株种植  $S_0$  群体(面积大于 2 000  $m^2$ ),等量收取分离不育株上的重组种子,种植重组种子获得  $S_1$  重组群体,相同方法经过 4 次群体重组,得到  $S_4$  轮回重组群体。在  $S_4$  轮回重组群体中随机收取 2 000 株可育株种子,单粒传种植得到  $F_2$  群体,最终群体的有效数量为 1 395 株,作为本研究材料。

### 1.3 试验方法

2018 年 8 月,在中国科学院西双版纳热带植物园水稻育种试验基地单苗种植  $F_2$  群体,催芽育苗至三叶一心期移栽,株行距 20 cm × 30 cm,常规种植管理。参考 GB/T19557.7-2004《植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南-水稻》标准,对试验群体表型性状进行调查,并记录各指标。除了抽穗期于抽穗时调查以外,其他性状均于成熟期调查。总共调查 16 个表型性状,包括抽穗期、有效穗数、茎粗、株高、剑叶角度、剑叶长、剑叶宽、一次枝梗数、二次枝梗数、每穗粒总数、穗型、穗长、粒长、粒宽、粒长宽比、千粒重。对剑叶角度、穗型进行定级量化,剑叶角度分为直立、中间、平展、披垂,穗型分为密集、中间型、散开,它们都分别用数字 1、2、3、4 来表示。

### 1.4 数据分析

采用 Microsoft Excel 2013 进行数据的基本整理和分析。对所有表型性状数据进行标准化处理,即将各性状定义到 [0,1] 闭区间。

$$\mu(X_i) = (X_i - X_{\min}) / (X_{\max} - X_{\min}) \quad (i = 1, 2, 3, \dots, 1\ 395)$$

式中:  $\mu(X_i)$  为群体材料第  $i$  个性状的隶属函数值;  $X_i$  为第  $i$  个材料某一性状的测量值;  $X_{\max}$ 、 $X_{\min}$  分别为群体某一性状的最大值与最小值。

标准化处理后的数据,采用 Shannon-Wiener 多样性指数( $H'$ )计算群体各性状的表型多样性:

$$H' = -\sum_{i=1}^n P_i \ln P_i \quad (i = 1, 2, 3, \dots, 1\ 395)$$

式中:  $P_i$  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 SPSS 20.0 软件进行表型性状相关性分析、

表 1 4个陆稻群体的亲本信息及来源  
Table 1 Parental information and sources of the four upland rice populations

基础群体 Basic population	亲本 Parent	性状 Trait	来源 Origin
SPACIR14	PCT-12	雄性不育 Male sterile	
	BR-IRGA 417	产量 Yield	巴西 Brasil
	Inca	耐冷 Cold tolerance	智利 Chile
	IRAT 13	抗稻瘟病 Blast resistance	非洲 África
	Oryzica llanos 5	抗稻瘟病 Blast resistance	哥伦比亚 Colombia
SPACIR16	PCT-6	雄性不育 Male sterile	
	Oryzica Yacu 9	产量 Yield	哥伦比亚 Colombia
	FEDEARROZ 50	抗白叶病毒 White leaf vriusresistance	哥伦比亚 Colombia
	IRAT 13	抗稻瘟病 Blast resistance	非洲 Africa
	Oryzica llanos 5	抗稻瘟病 Blast resistance	哥伦比亚 Colombia
SPACIR17	PCT-6	雄性不育 Male sterile	
	CIRAD 445	产量 Yield	哥伦比亚 Colombia
	Inca	耐寒 Cold tolerance	智利 Chile
	IRAT 13	稻瘟病抗性 Blast resistance	非洲 Africa
	Oryzica llanos 5	稻瘟病抗性 Blast resistance	哥伦比亚 Colombia
SPACIR18	PCT-11	雄性不育 Male sterile	
	CIRAD 400	细粒 Fine grain	巴西 Brasil
	CIRAD 403	产量 Yield	巴西 Brasil
	CIRAD 409	早熟 Precocious	哥伦比亚 Colombia
	IRAT 13	稻瘟病抗性 Blast resistance	非洲 Africa
	Oryzica llanos 5	稻瘟病抗性 Blast resistance	哥伦比亚 Colombia

## 2 结果与分析

### 2.1 表型性状分布及变异分析

2.1.1 质量性状 研究群体剑叶角度包括4种类型(图2:A),即59.21%为直立类型、40.00%为中间型、0.65%为平展型、0.14%为披垂型,以直立和中间类型为主。穗型包括3种类型(图2:B),即5.58%为密集型、29.15%为中间型、65.00%为散开型,以散开型为主。

2.1.2 数量性状 由研究群体14个数量性状分布情况(图3:A-N)可知,14个数量性状均符合正态分布。各表型均存在极端差异性状,表明该群体内的个体可能进行了较充分的重组。

表型性状变异系数,可反应不同群体的均度。通过计算该群体14个数量性状的均值、标准差计算出相应变异系数,由表3可知群体的变异情况。群体抽穗期变幅为42~109 d,均值为 $71.54 \pm 8.22$ ,变异系数为0.12。有效穗数的变幅为1~22个,均值为 $6.98 \pm 2.85$ ,变异系数为0.41。茎粗变幅为0.80~16 mm,均值为 $5.51 \pm 1.18$ ,变异系数为0.22。株高变幅为34~187 cm,均值为 $113.25 \pm 20.99$ ,变异系数为0.19。剑叶长变幅为11.20~76.40 cm,均值为 $34.97 \pm 7.92$ ,变异系数为0.23。剑叶宽变幅为0.60~2.80 cm,均值为 $1.56 \pm 0.30$ ,变异系数为0.19。穗长变幅为8.50~41 cm,均值为 $25.52 \pm 3.76$ ,变异系数为0.15。一次枝梗数的变幅为1~33个,均值为 $11.77 \pm 2.56$ ,变异系数为0.22。二次枝梗数的变幅为5~110个,均值为 $44.74 \pm 15.16$ ,变异系数为0.34。每穗粒总数的变幅为34~462粒,均值为 $214.92 \pm 71.34$ ,变异系数为0.33。粒长变幅为7.60~15.22 mm,均值为 $9.83 \pm 0.91$ ,变异系数为0.090。粒宽变幅为2.28~4.87 mm,均值为 $2.95 \pm 0.24$ ,变异系数为0.080。粒长宽比变幅为2.19~4.87,均值为 $3.35 \pm 0.39$ ,变异系数为0.12。千粒重的变幅为13.61~39.40 g,均值为 $25.27 \pm 3.59$ ,变异系数为0.14。群体14个数量性状的变异系数范围为0.080~0.41,均值为0.20,说明群体具有丰富的遗传变异。其中:有效穗数(0.41)的变异系数最大;其次分别为二次枝梗数(0.34)、每穗粒总数(0.33);变异系数最小的分别为粒宽(0.080)、粒长(0.090)。

主成分分析。先基于主成分分析计算出各主成分得分,再利用逐步回归分析筛选指标性状。

表 2 轮回选择群体 XTBG-HP1 亲本名称  
Table 2 Parent name of recurrent population XTBG-HP1

序号 No.	品种名 Cultivar name	序号 No.	品种名 Cultivar name
1	九优 82 (Jiuyou 82)	87	广优 1328 (Guangyou 1328)
2	Y585/昌恢 T 1211 (Y585/ChanghuiT 1211)	88	野香优 2998 (Yexiangyou 2998)
3	镇粘优 182 (Zhenianyou182)	89	C 两优 1179 (Cliangyou 1179)
4	福龙两优 2163 (Fulongliangyou 2163)	90	Y 两优 800 (Yliangyou 800)
5	华珍优 8305 (Huazhenyou 8305)	91	Y58S/R46
6	特优 2813 (Teyou 2813)	92	极优 639 (Jiyou 639)
7	特优 71 (Teyou 71)	93	谷优 256 (Guyou 256)
8	福龙两优 3389 (Fulongliangyou 3389)	94	1892S/R800
9	欣荣 A/昌恢 851 (XinRong A / Changhui 851)	95	XCX1306
10	福龙两优 836 (Fulongliangyou 836)	96	福龙两优 3131 (Fulongliangyou 3131)
11	福龙两优 6387 (Fulongliangyou 6387)	977	深两优 800 (Shenliangyou 800)
12	C 两优 71 (Cliangyou 71)	98	N 两优 557 (Nliangyou 557)
13	泰昌 A/昌恢 T 1211 (Taichang / ChanghuiT 1211)	99	隆两优 6 号 (Longliangyou 6)
14	科金优 873 (Kejinyou 873)	100	新香优 1206 (Xinxiangyou 1206)
15	云粳 29 号 (YunGeng 29)	101	特优 3301 (Teyou 3301)
16	云粳 30 号 (YunGeng 30)	102	XCX 1302
17	云粳 25 号 (YunGeng 25)	103	龙 S/R078 (LongS /R 078)
18	云粳 26 号 (YunGeng 26)	104	特优 9846 (Teyou 9846)
19	云粳 31 号 (YunGeng 31)	105	1892S / TC189
20	云粳 32 号 (YunGeng 32)	106	隆两优 1377 (Longliangyou 1377)
21	兆西优 7213 (Zhaoxiyou 7213)	107	绿敏 S/44-2012 (LuminS / 44-2012)
22	特优 1208 (TeYou 1208)	108	特籼 25 号 (Texian 25)
23	N 两优 814 (Nliangyou 814)	109	深两优 7075 (Shenliangyou 7075)
24	香优 3093 (Xiangyou 3093)	110	特优 582 (Cliangyou 1179)
25	野香优 676 (Yexiangyou 676)	111	五丰优 615 (Wufengyou 615)
26	5841 Vonav haq	112	隆两优 2534 (Longliangyou 2534)
27	华优 1179 (Huayou 1179)	113	晶两优华占 (Jingliangyouhuazhan 1179)
28	两优 180 (Liangyou 180)	114	106A/228
29	XCX1308	115	野香优 2998 (Yexiangyou 2998)
30	凤 S/XC464 (FengS / XC464 180)	116	福龙两优 1036 (Fulongliangyou 1036)
31	深两优 5676 (Shenliangyou 5676)	117	福龙两优 9388 (Fulongliangyou 9388)
32	广优 1179 (Guangyou 1179)	118	农丰优 242 (Nongfengyou 1179)
33	C 两优 1231 (Cliangyou 1231)	119	18925/6C2332
34	谷优 32 (Guyou 32)	120	福龙两优 835 (Fulongliangyou 835)
35	红 3 优 3172 (Hong 3 you 3172)	121	香优 139 (Xiangyou 139)
36	N 两优 603 (Nliangyou 603)	122	五丰优 8604 (Wufengyou 8604)
37	隆两华华占 5009 (Longlianghuahuazhan 5009)	123	特 A/HL003-1 (TeA/HL 003-1)
38	1023/L 24	124	宁优 1179 (Ningyou 1179)
39	绿优 7185 (Luyou 7185)	125	C 两优 800 (Cliangyou 800)
40	Y 两优 3093 (Yliangyou 3093)	126	DYS/R1078
41	DYS/R1128	127	两优 8676 (Liangyou 8676)
42	徽两优 985 (Huiliangyou 985)	128	MS 团/凤恢 33 (MStuan / Fenghui 33)

续表 2

序号 No.	品种名 Specie name	序号 No.	品种名 Specie name
43	赣香优 2870 ( Ganxiangyou 2870)	129	沪优 11 ( Huyou 11)
44	宁优 1173 ( Ningyou 1173)	130	隆两优 800 ( Longliangyou 800)
45	野香优 863 ( Yexiangyou 863)	131	特优 37 ( Teyou 37)
46	粤优 3071 ( Yueyou 3071)	132	聚两优 751 ( Juliangyou 751)
47	丽两优 5 号 ( liliangyou 5)	133	农香优 101 ( Nongxiangyou 101)
48	102S/凤恢 35 ( 102S / Fenghui 35)	134	C 两优 671 ( Cliangyou 671)
49	Y 两优 372 ( Yliangyou 372)	135	天优 3618 ( Tianyou 3618)
50	隆两优 339 ( Longliangyou 339)	136	K 优 28 ( Kyou 28)
51	广优 3158 ( Guangyou 3158)	137	广优 985 ( Guangyou 985)
52	XCX1304	138	庆优 924 ( Qingyou 924)
53	Y 两优 33 ( Yliangyou 33)	139	特优 649 ( Teyou 649)
54	永丰红 2 号 ( Yongfenghong 2)	140	野香优 863 ( Yexiangyou 863)
55	XCX1301	141	特优 838 ( Teyou 838)
56	广抗优 985 ( Guangkangyou 985)	142	野香优 3 号 ( Yexiangyou 3)
57	中浙优 8 号 ( Zhongzheyou 8)	143	沪优 578 ( Huyou 578)
58	XCX 1303	144	五优 308 ( Wuyou 308)
59	丰田优 1173 ( Fengtianyou 1173)	145	美香占 ( Meixiangzhan 1179)
60	DYS/金谷 59 ( DYS / Jingu 59 )	146	Y 两优 1173 ( Yliangyou 1173)
61	广优 113 ( Guangyou 113)	147	永丰优 20 ( Yongfengyou 20)
62	XCX 1309	148	良丰 339 ( Liangfeng 339)
63	川优 6621 ( Chuanyou 6621)	149	赣香优 1326 ( Ganxiangyou 1326)
64	福农 I 优 7185 ( FulongI 优 7185)	150	金香糯 ( Jinxiangnuo)
65	XCX 1307	151	金丰 18 号 ( Jinfeng 18)
66	吉丰优 8062 ( Jifengyou 8062)	152	黄华占 ( Huanghuazhan)
67	XCX 1305	153	粤秀占 ( Yuexiuzhan)
68	中浙优 1 号 ( Zhongzheyou 1)	154	XCX 1310
69	乐源 001 ( Leyuan 001)	155	特优 7118 ( Teyou 7118)
70	广 4S/金谷 59 ( Guang 4S / Jingu 59)	156	云稻 1 号 ( Yundao 1)
71	华两优 338 ( Hualiangyou 338)	157	深两优 676 ( Shenliangyou 676)
72	永丰 8 号 ( Yongfeng 8)	158	广 8 优 2168 ( Guang 8 you 2168)
73	吉丰优 885 ( Jifengyou 885)	159	天优 390 ( Tianyou 390)
74	特优 1206 ( Teyou 1206)	160	福龙优 676 ( Fulongyou 676)
75	赣香优 8089 ( Ganxiangyou 8089)	161	五优 613 ( Wuyou 613)
76	Y 优 900 ( Yyou 900)	162	桂香 2 号 ( Guixiang 2)
77	蓉 18/R46 ( Rong 18 / R46)	163	广 8 优 676 ( Guang 8 you 676)
78	香优 3086 ( Xiangyou 3086)	164	吉丰优 1326 ( Jifengyou 1326)
79	永丰 505 ( Yongfeng 505)	165	天优 2168 ( Tianyou 2168)
80	天优 1173 ( Tianyou 1173)	166	Y58/151
ou81	丰优 3158 ( Fengyou 3158)	167	野香优 2 号 ( Yexiangyou 2)
82	DYS/R76	168	Y 两 439 ( Yliang 439)
83	DYS/R189	169	Y 两优 865 ( Yliangyou 868)
84	安引抗 ( Anyinkang)	170	特优 458 ( Teyou 458)
85	福龙两优 35 ( Fulongliangyou 35)	171	两优 389 ( Liangyou 389)
86	福龙两优 2929 ( Fulongliangyou 2929)	172	红米 ( Hongmi)

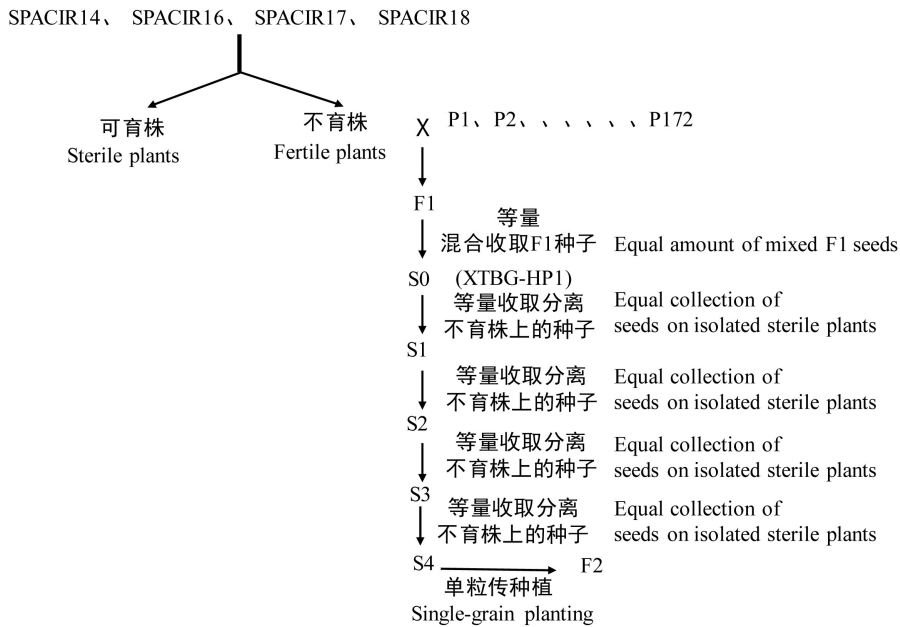


图 1 水稻轮回选择群体 XTBG-HP1 的构建流程及方法

Fig. 1 Construction process and method of rice recurrent selection population XTBG-HP1

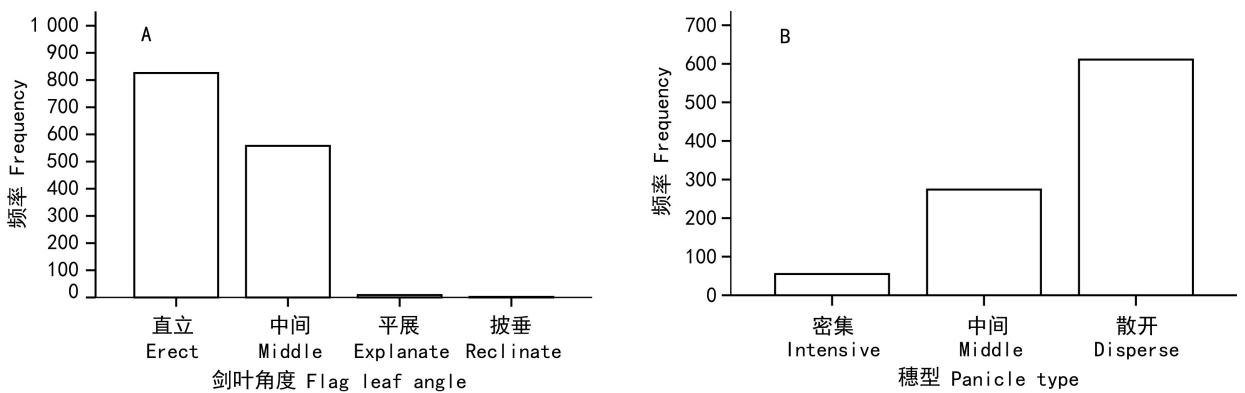


图 2 质量性状分布情况

Fig. 2 Distribution diagram of qualitative traits

## 2.2 表型性状多样性指数

通过对 16 个性状进行标准化处理,将各表型性状分为 10 个等级(图 4)。由图 4 可知,除了剑叶角度、穗型 2 个定级描述的性状,以及茎粗第 9 级、粒宽第 8 级以外,其他各性状在各等级上均有分布。抽穗期主要集中分布于 4~6 级,占群体 84.95%。有效穗数主要集中分布于 2~4 级,占群体 75.05%。茎粗主要集中分布于 3~4 级,占群体 83.23%。株高主要集中分布于 4~7 级,占群体 86.45%。剑叶角度主要集中分布于 1~2 级,占群体 99.21%。剑叶长主要集中分布于 3~5 级,占群

体 78.06%。剑叶宽主要集中分布于 4~5 级,占群体 62.01%。穗长主要集中分布于 5~7 级,占群体 81.65%。穗型主要集中分布于 2~3 级,占群体 94.15%。一次枝梗数主要集中分布于 3~5 级,占群体 97.66%。二次枝梗数主要集中分布于 3~5 级,占群体 72.45%。每穗粒总数主要集中分布于 3~6 级,占群体 83.40%。粒长主要集中分布于 2~4 级,占群体 87.26%。粒宽主要集中分布于 2~4 级,占群体 91.84%。粒长宽比主要集中分布于 3~6 级,占群体 70.28%。千粒重主要集中分布于 4~6 级,占群体 74.19%。为了研究各表型的遗

表 3 14 个数量性状的变异系数

Table 3 Coefficient variation (CV) of fourteen quantitative traits

性状 Trait	变幅 Range	平均值± 标准差 Mean± Standard deviation	变异 系数 CV
抽穗期 (d) Heading days (HD)	42~109	71.54± 8.22	0.12
有效穗数 Effective panicle number (EPN)	1~22	6.98± 2.85	0.41
茎粗 (mm) Diameter of main stem (DMS)	0.80~16	5.51± 1.18	0.22
株高 (cm) Plant height (PH)	34~187	113.25± 20.99	0.19
剑叶长 (cm) Flag leaf length (FLL)	11.20~76.40	34.97± 7.92	0.23
剑叶宽 (cm) Flag leaf width (FLW)	0.60~2.80	1.56± 0.30	0.19
穗长 (cm) Panicle length (PL)	8.50~41	25.52± 3.76	0.15
一次枝梗数 Primary branch number (PBN)	1~33	11.77± 2.56	0.22
二次枝梗数 Secondary branch number (SBN)	5~110	44.74± 15.16	0.34
每穗粒总数 Total number of per panicle (NPP)	34~462	214.92± 71.34	0.33
粒长 (mm) Grain length (GL)	7.60~15.22	9.83± 0.91	0.09
粒宽 (mm) Grain width (GW)	2.28~4.87	2.95± 0.24	0.08
粒长宽比 Grain length/width (GL/W)	2.19~4.87	3.35± 0.39	0.12
千粒重 (g) 1 000-Grain weight (1 000-GW)	13.61~39.40	25.27± 3.59	0.14
均值 Mean			0.20

1.50。其中;每穗粒总数(1.92)的多样性指数最高;其次为二次枝梗数(1.85);最低的分别为剑叶角度(0.72)、穗型(0.81)两个质量性状。数量性状中,以茎粗(1.19)、一次枝梗数(1.31)的多样指数最低。除了茎粗(1.19)、一次枝梗数(1.31)、粒宽(1.34)几个性状的遗传多样性指数低于均值以外,其他性状的遗传多样性指数都接近或高于均值,这更进一步说明了该群体的表型多样性丰富。

### 2.3 表型相关性分析

运用 SPSS 软件,对 14 个数量性状进行相关性分析结果(表 4)表明,14 个表型性状间存在不同程度的相关性,且大部分为显著或极显著相关。其中,株高与有效穗数、茎粗、剑叶长、剑叶宽、穗长呈极显著正相关,且与穗长(0.58)、茎粗(0.43)两者的相关系数较高,说明株高选育要兼顾穗长与茎粗两种性状。剑叶长、剑叶宽均与茎粗、穗长呈极显著正相关,说明对剑叶长宽性状的选择可以同时兼顾茎粗、穗长性状的选择。穗长与有效穗数、茎粗呈极显著正相关,说明穗长性状的改良要兼顾有效穗数和茎粗两种性状。二次枝梗数仅与一次枝梗数呈极显著正相关,且相关系数较高(0.55),说明二次枝梗数的改良,只能从一次枝梗数着手。粒长宽比与粒长、粒宽分别呈极显著正相关、负相关,与粒长的相关性系数高于粒宽,且与千粒重呈负相关。此外,千粒重与粒长(0.27)、粒宽(0.52)均呈极显著正相关,且与粒宽的相关系数大于粒长,说明选育高产品种应更加注重粒宽。以上相关性状中,株高、茎粗、剑叶长、剑叶宽属于株型性状,有效穗数、千粒重等属于产量相关性状,这表明株型性状、产量性状两类性状因子内及相互之间具有相关性。

### 2.4 表型主成分分析

主成分分析的 KMO 值为 0.73,在设置特征值为 0.8 时,主要包括 7 个主成分。由主成分得分系数矩阵(表 5)可知,前 7 个成分的累积贡献率达 79.34%,第 1 主成分的贡献率为 24.47%。剑叶长、二次枝梗数、每穗粒总数得分较高,表明第 1 主成分由剑叶长、二次枝梗数、每穗粒总数组成。第 2 主成分的贡献率为 13.38%,株高和茎粗的得分较高,说明第 2 主成分主要是由茎粗、株高组成。第 3 主成分的贡献率为 10.26%,粒宽、千粒重得分较高,说明第 3 主成分主要由粒宽和千粒重组成。第 4 主成分的贡献率为 8.73%,粒长得分较

传多样性和分布频率的平衡性,采用 Shannon-Wiener 多样性指数计算群体各表型性状的多样性指数。多样性分析结果(图 5)表明,各表型性状的多样性指数分布范围为 0.72~1.92,均值为



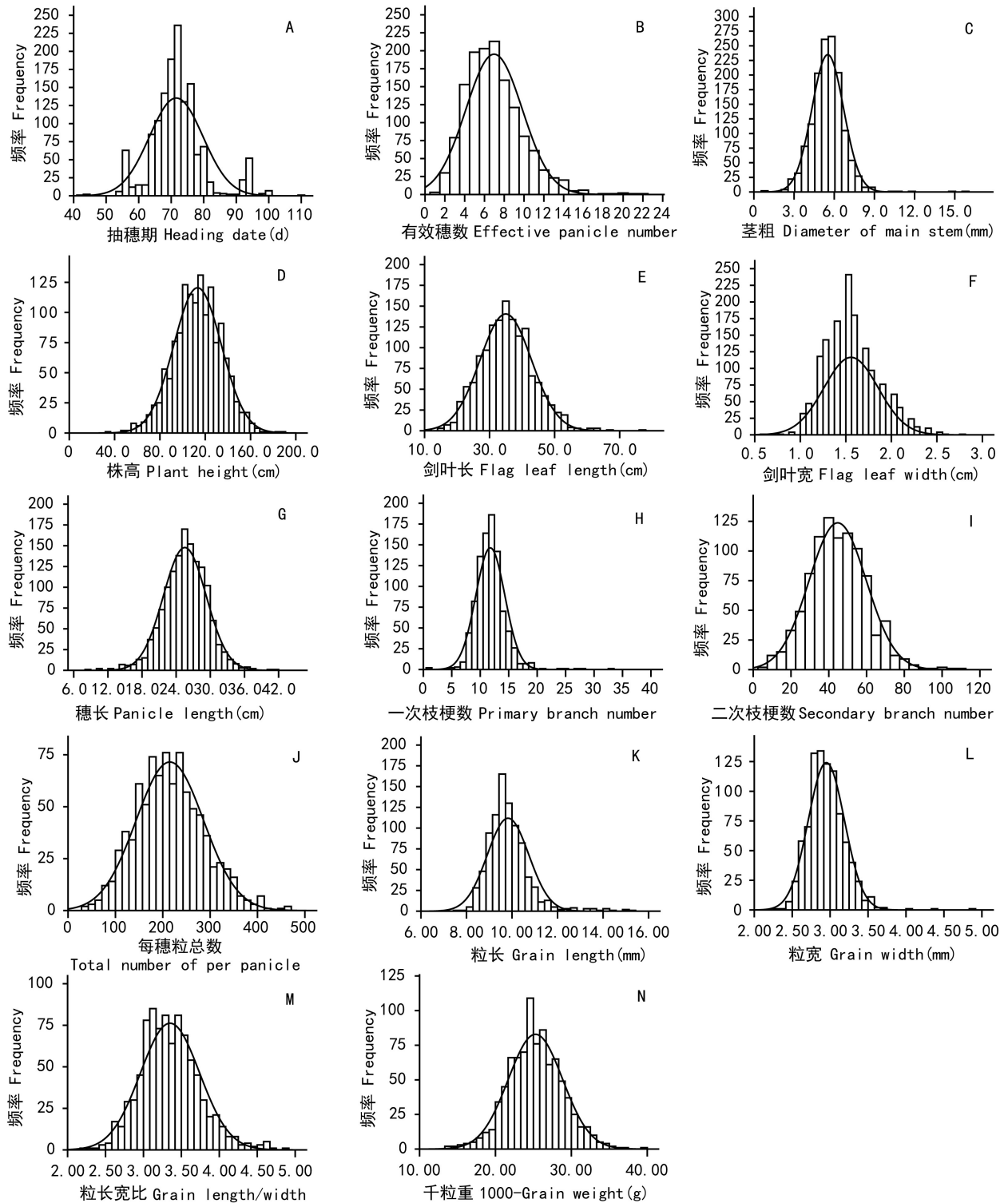
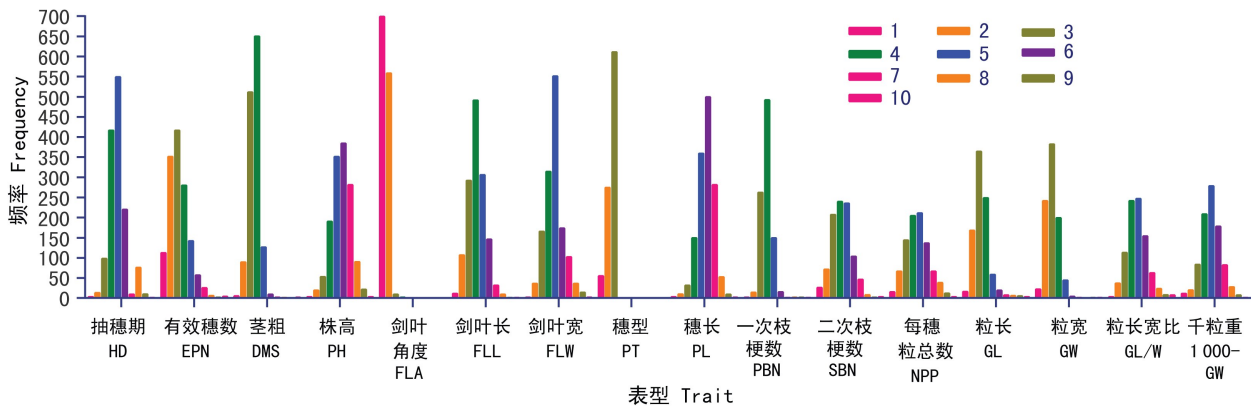


图 3 14 个数量性状分布情况 (A~J)

Fig. 3 Distribution diagram of 14 quantitative trait (A~J)

高,说明第4主成分主要由粒长组成。第5主成分的贡献率为7.54%,一次枝梗数的得分较高,第5主成分主要由一次枝梗数组成。第6主成分的贡

献率为6.80%,抽穗期的得分较高,说明第六主成分由抽穗期组成。第7主成分的贡献率为6.17%,有效穗数的得分较高,说明第7主成分由有效穗



1、2、3、4、5、6、7、8、9、10 分别代表性状标准化处理后的不同分级。HD. 抽穗期；EPN. 有效穗数；DMS. 茎粗；PH. 株高；FLA. 剑叶角度；FLL. 剑叶长；FLW. 剑叶宽；PT. 穗型；PL. 穗长；PBN. 一次枝梗数；SBN. 二次枝梗数；NPP. 每穗粒总数；GL. 粒长；GW. 粒宽；GL/W. 粒长宽比；1 000-GW. 千粒重。下同。

Different grades after standardization treatment of 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 and 10. HD. Heading date; EPN. Effective panicle number; DMS. Diameter of main stem; PH. Plant height; FLA. Flag leaf angle; FLL. Flag leaf length; FLW. Flag leaf width; PL. Panicle length; PBN. Primary branch number; SBN. Secondary branch number; NPP. Total number of per panicle; GL. Grain length; GW. Grain width; GL/W. Grain length/width; 1 000-GW. 1 000-Grain weight. The same below.

图 4 16 个表型性状隶属值分布

Fig. 4 Distribution diagram of subordinate function value of sixteen phenotypic traits

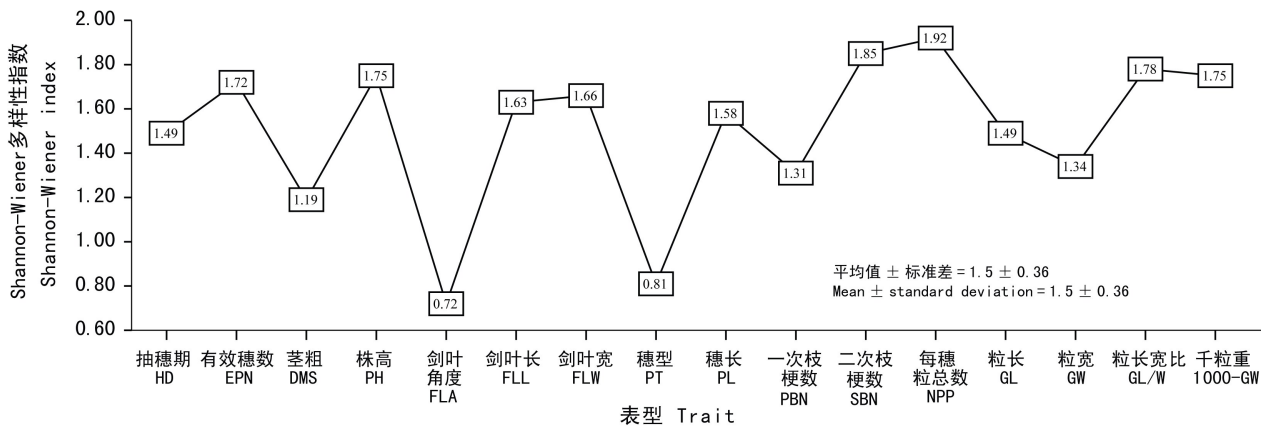


图 5 16 个表型性状多样性指数

Fig. 5 Shannon-Wiener diversity index of sixteen phenotypic traits

数组成。主成分分析结果表明,该群体 7 个主成分包含了剑叶长、二次枝梗数、每穗粒总数、株高、茎粗、粒宽、千粒重、粒长、一次枝梗数、抽穗期、有效穗数共 11 个性状因子。

2.5 群体表型性状的综合评价

将研究群体 13 个表型性状的标准值,代入上述 7 个主成分,求得研究群体的 7 个主成分得分。其中,第 1 主成分线性方程如下:

$$y_{1j} = -0.075X'_{1j} + 0.0060X'_{2j} - 0.12X'_{3j} - 0.25X'_{4j} +$$

$$0.61X'_{5j} + 0.017X'_{6j} + 0.096X'_{7j} - 0.055X'_{8j} + 0.36X'_{9j} + 0.32X'_{10j} + 0.015X'_{11j} + 0.022X'_{12j} - 0.051X'_{13j}$$

先利用模糊隶属函数将 7 个主成分得分归一化处理,再计算各主成分权重系数(0.33、0.17、0.13、0.11、0.10、0.090、0.080),最后求得群体的综合得分 F 值,进而对群体材料综合评价。群体平均 F 值为-0.000 15,其中综合得分 F 值大于均值的占群体总量的 48.30%,群体中含有较高的优良个体比例。

表 4 14 个表型性状相关系数  
Table 4 Correlative coefficient of fourteen phenotypic traits

表型 Trait	抽穗期 HD	有效穗数 EPN	茎粗 DMS	株高 PH	剑叶长 FLL	剑叶宽 FLW	穗长 PL	一次 枝梗 PBN	二次 枝梗 SBN	每穗 粒数 NPP	粒长 GL	粒宽 GW	粒长 宽比 GL/W	千粒重 1 000- GW
HD	1													
EPN	-0.056 *	1												
DMS	-0.008	0.059	1											
PH	-0.098 **	0.18 **	0.43 **	1										
FLL	0.079 **	0.073 **	0.29 **	0.22 **	1									
FLW	0.15 **	0.001	0.39 **	0.24 **	0.28 **	1								
PL	0.026	0.15 **	0.35 **	0.58 **	0.40 **	0.26 *	1							
PBN	0.024	-0.021	-0.045	-0.007	0.016	-0.025	-0.014	1						
SBN	-0.029	0.037	-0.058	-0.017	0.059	-0.009	0.013	0.55 **	1					
NPP	0.016	0.003	0.013	0.002	0.035	-0.001	-0.069 *	-0.027	-0.034	1				
GL	0.000	-0.004	-0.019	0.0030	-0.026	-0.008	-0.006	-0.027	-0.029	-0.11 *	1			
GW	-0.066 *	0.023	0.069 *	-0.040	-0.050	-0.040	-0.030	-0.040	0.029	0.009	0.052	1		
GL/W	0.044	-0.021	0.028	-0.025	0.015	0.026	0.011	0.002	-0.003	-0.097 **	0.74 **	-0.62 **	1	
1 000-GW	-0.001	0.011	-0.065	0.002	-0.10 **	0.002	-0.033	-0.042	-0.033	-0.030	0.26 **	0.51 **	-0.14 **	1

注: \* 表示显著相关( $P<0.05$ ); \*\* 表示极显著相关( $P<0.01$ )。下同。

Note: \* means significant correlations ( $P<0.05$ ); \*\* means extremely significant correlations ( $P<0.01$ ). The same below.

表 5 13 个表型性状的前 7 个主成分的特征向量、主成分特征值、贡献率及累积贡献率

Table 5 Power vector (PV), eigenvalues (E), contribution rate (CR) and cumulative contribution rate (CCR) of first seven principal components based on thirteen phenotypic traits

性状 Trait	PV(1) $a_{1i}$	PV(2) $a_{2i}$	PV(3) $a_{3i}$	PV(4) $a_{4i}$	PV(5) $a_{5i}$	PV(6) $a_{6i}$	PV(7) $a_{7i}$
抽穗期 HD	-0.075	-0.038	-0.045	0.003	-0.023	0.91	0.042
有效穗数 EPN	-0.006	-0.069	0.052	-0.11	0.071	0.040	0.93
茎粗 DMS	-0.12	0.41	0.021	-0.16	0.035	0.036	-0.21
株高 PH	-0.25	0.61	-0.070	0.079	-0.072	-0.087	0.018
剑叶长 FLL	0.61	-0.33	0.062	0.21	-0.19	-0.012	0.034
剑叶宽 FLW	0.017	0.088	0.21	-0.27	0.072	0.35	-0.11
穗长 PL	0.096	0.29	-0.034	0.19	-0.26	0.030	0.15
一次枝梗数 PBN	-0.055	-0.13	0.004	0.17	0.90	-0.032	0.081
二次枝梗数 SBN	0.34	-0.017	-0.093	-0.073	0.10	-0.11	0.006
每穗粒总数 NPP	0.32	0.027	-0.059	-0.10	0.097	-0.092	-0.017
粒长 GL	0.015	0.001	-0.033	0.76	0.16	-0.012	-0.11
粒宽 GW	0.022	-0.12	0.57	-0.16	-0.019	0.025	0.025
千粒重 1 000-GW	-0.051	0.047	0.48	0.16	0.042	-0.094	0.056
特征值 E	3.44	1.74	1.33	1.27	1.07	0.94	0.89
贡献率 CR (%)	24.47	13.38	10.26	8.73	7.54	6.80	6.17
累积贡献 CCR (%)	24.47	39.85	50.10	58.83	66.37	73.17	79.34

相关性分析结果(表 6)表明, F 值和各表型性状均为极显著正相关。利用综合得分 F 值和 13

个表型性状构建最优回归方程。利用已求得的综合得分 F 值和表型性状构建最优回归方程, 筛选

表 6 13 个表型性状与表型综合值(F 值)间的相关系数  
Table 6 Correlation coefficients between 13 phenotypic traits and comprehensive values (F-value)

性状 Trait	相关系数 Correlation coefficient	性状 Trait	相关系数 Correlation coefficient
抽穗期 HD	0.23 **	一次枝梗数 PBN	0.33 **
有效穗数 EPN	0.19 **	二次枝梗数 SBN	0.68 **
茎粗 DMS	0.46 **	每穗粒总数 NPP	0.70 **
株高 PH	0.45 **	粒长 GL	0.29 **
剑叶长 FLL	0.72 **	粒宽 GW	0.22 **
剑叶宽 FLW	0.50 **	千粒重 1 000-GW	0.37 **
穗长 PL	0.64 **		

群体综合性状评价指标。通过逐步回归分析构建的最优回归方程如下:

$$y = -4.56 + 0.021X_5 + 0.0010X_{10} + 0.027X_{13} + 0.025X_7 + 0.093X_{11} + 0.014X_8 + 0.024X_2 + 0.18X_6 + 0.0060X_9 + 0.0050X_1$$

式中,  $X_5$ 、 $X_{10}$ 、 $X_{13}$ 、 $X_7$ 、 $X_{11}$ 、 $X_8$ 、 $X_2$ 、 $X_6$ 、 $X_9$ 、 $X_1$  分别代表剑叶长、每穗粒总数、千粒重、穗长、粒长、一次枝梗数、有效穗数、剑叶宽、二次枝梗数、抽穗期。方程相关系数  $r$  和决定系数  $R^2$  分别为 0.997、0.993, 表明这 11 个自变量可以决定 F 值总变异的 99.30%, F 值为 9 826.46, 方程极显著。由回归方程可知, 剑叶长、每穗粒总数、千粒重、穗长、粒长、一次枝梗数、有效穗数、剑叶宽、二次枝梗数、抽穗期 10 个性状对群体表型性状多样性综合值影响显著, 可作为群体综合评价指标。

### 3 讨论

遗传多样性越丰富, 物种对环境变化的适应能力越强, 就作物育种而言用于改良栽培品种和选育新品种的潜力就越大。变异系数的大小可以反映群体性状的遗传变异程度, Shannon-Wiener 多样性指数能直观表示生物群落的多样性。变异系数及多样性指数常用于作物种质资源(李自超等, 2001; 胡标林等, 2012; 王海岗等, 2016) 及轮回选择群体遗传多样性分析(Morais JOP et al., 2017; Morais OP et al., 2017)。李自超等(2001)对云南不同地区稻种资源的多样性研究结果表明, 平均

Shannon-Wiener 指数为 1.203 6~1.273 5。贺治州等(2014)通过 15 个表型性状对热带优异种质资源进行遗传多样性分析, 数量性状变异系数范围为 0.070~0.24, 均值为 0.12, Shannon-Wiener 多样性指数范围为 0.603~2.066, 均值为 1.579。本研究中, 研究群体具有较大的遗传变异(变异系数范围为 0.080~0.41、均值为 0.20), 且遗传多样性丰富(Shannon-Wiener 指数分布范围为 0.72~1.92、均值为 1.50)。这与本研究群体在构建之时, 引入了大量国内外的种质材料, 亲本间遗传多样性丰富以及轮回选择育种方式在保持群体遗传多样性的同时, 能通过基因间的重组, 产生重组后代有关。

本研究中, 群体剑叶角度与穗型的 Shannon-Wiener 指数最低, 且明显低于其他数量性状, 这可能与属于分级描述的质量性状, 存在较小的变异范围有关。群体有效穗数、剑叶长、二次枝梗数、每穗粒总数的变异系数、多样性指数均高于其对应均值, 表明研究群体的这四个性状具有较大的遗传变异及丰富的遗传多样性。抽穗期、穗长、粒宽变异系数、多样性指数均低于其对应均值, 表明研究群体的这几个性状遗传多样性较低。

水稻表型繁多, 且彼此间存在着各种关联。轮回选择能打破不利基因间的连锁, 利于群体优良性状的重组(漆映雪和邹小云, 2008)。这几组表型性状的相关性, 可能为之后群体性状的改良提供依据。本研究综合各性状相关性分析, 茎粗、株高、剑叶长、剑叶宽为水稻株型决定因素, 有效穗数、千粒重为产量决定因素, 综合株型及产量性状相关性分析表明, 对株型选择可以兼顾产量相关性状。

本研究中, 表型主成分分析及综合评价结果均表明, 剑叶长、每穗粒总数、千粒重、穗长、粒长、一次枝梗数、有效穗数、剑叶宽、二次枝梗数、抽穗期 10 个性状可作为群体综合评价的指标, 这些性状可以大致分为株型及产量构成因子两类。株型及产量构成因子是水稻产量的重要决定因素, 对群体遗传变异、遗传多样性及综合评价主要基于这两类性状, 也与实验群体侧重于产量性状分析, 以及实验性状的选取上相一致。

本研究中, 群体各表型性状均存在极端个体, 其中极端性状个体可能是经轮回重组选择后多基因累加产生的超亲本个体, 多种优良性状的聚合

体将是育种选择的重要基础。综合得分 F 值, 能反映相应个体 10 个指标性状的综合表现, F 值越高, 综合表现越好, 本研究群体中鉴定出的一些高 F 值个体, 可直接用于后期品种选育。与 F 值相关极显著的 13 个表型性状中, 剑叶长 (0.72)、每穗粒总数 (0.70)、二次枝梗数 (0.68) 3 个性状相关系数相对较高, 说明这几个性状对群体评价较为重要, 在群体进一步选育及优良个体的筛选中应注重这些性状的选择。群体这几个性状同样具有较高的变异系数和 Shannon-Wiener 多样性指数, 这进一步表明本研究结果具有较好的可靠性。

本研究表型性状分析表明, 水稻轮回选择群体 XTBG-HP1 具有较好的遗传多样性。后期群体的改良可以侧重剑叶长、二次枝梗数、有效穗数等 3 个具有较高遗传变异、较好遗传多样性及与综合得分 F 值相关系数较高的 3 个表型性状。此外, 在群体的改良上, 还要注意株型与产量构成因子性状间的相关性, 并对这一表型相关性加以利用。各表型极端性状或综合得分 F 值较高的个体, 可用于后期基因挖掘、品种培育及筛选。陆稻群体及亲本, 包括产量、稻瘟病抗性、抗旱、陆生适应性、米质等多种优异农艺性状。本研究主要侧重于产量方面对群体表型性状遗传多样性进行了相关分析, 之后可以针对其他性状进行相关分析。由于轮回选择每次构建的群体均为一个动态群体, 本研究说明了该轮回选择群体的遗传多样性, 之后可以对轮回选择群体重组的过程进行一个动态分析, 以便对轮回选择育种过程中群体遗传多样性变化有更好的了解。此外, 水稻大部分农艺性状均属于数量性状, 难免受环境条件的影响。结合 SSR 分子标记的遗传多样性分析, 可以更加准确、全面地反应群体的遗传多样性。

## 参考文献:

ANSARI A, WANG CL, WANG J, et al., 2017. Engineered dwarf male-sterile rice: A promising genetic tool for facilitating recurrent selection in rice [J]. *Front Plant Sci*, 8(13): 1-11.

BOLAÑOS J, EDMEADES GO, MARTINEZ L, 1993. Eight cycles of selection for drought tolerance in lowland tropical maize III responses in drought-adaptive physiological and morphological traits [J]. *Field Crop Res*, 31(3): 269-286.

BRIM CA, STUBER CW, 1973. Application of genetic male

sterility to recurrent selection schemes in soybeans [J]. *Crop Sci*, 13(5): 528-530.

CHENG SH, ZHUANG JY, FAN YY, et al., 2007. Progress in research and development on hybrid rice: A super-domesticated in China [J]. *Ann Bot*, 100(5): 959-966.

CHEN Y, DING ML, ZHANG DY, et al., 2019. Phenotypic diversity analysis and comprehensive evaluation of agronomic characters of rice germplasm resources in Yunnan Province [J]. *J S Agric*, 50(9): 1922-1930. [陈越, 丁明亮, 张敦宇, 等, 2019. 云南水稻种质资源农艺性状表型多样性分析及综合评价[J]. *南方农业学报*, 50(9): 1922-1930.]

FROUIN J, FILLOUX D, TAILLEBOIS J, et al., 2014. Positional cloning of the rice male sterility gene ms-IR36, widely used in the inter-crossing phase of recurrent selection schemes [J]. *Mol Breed*, 33(3): 555-567.

FUJIMAKI H, 1979. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement [J]. *Jarq*, 13(3): 153-156.

GRENIER C, TUONG VC, YOLIMA O, et al., 2015. Accuracy of genomic selection in a rice synthetic population developed for recurrent selection breeding [J]. *PLoS ONE*, 11(5): 1-25.

JAIN HK, 2012. Transition to twenty-first century agriculture: Change of direction [J]. *Agric Res*, 1(1): 12-17.

JIANG Y, CAI Z, XIE W, et al., 2012. Rice functional genomics research: Progress and implications for crop genetic improvement [J]. *Biotechnol Adv*, 30(5): 1059-1070.

LI ZK, ZHANG F, 2013. Rice breeding in the post-genomics era: From concept to practice [J]. *Curr Opin Plant Biol*, 16(2): 261-269.

MARAIS GF, BOTES WC, LOUW JH, 2010. Recurrent selection using male sterility and hydroponic tiller culture in pedigree breeding of wheat [J]. *Plant Breed*, 119(5): 440-442.

MORAIS JOP, BRESEGHELLO F, BATISTA DJ, et al., 2017. Effectiveness of recurrent selection in irrigated rice breeding [J]. *Crop Sci*, 57(6): 3043-3058.

MORAIS OP, MELO PGS, MORAIS OP, et al., 2017. Genetic variability during four cycles of recurrent selection in rice [J]. *Pesqui Agrop Bra*, 52(11): 1033-1041.

MÜLLER D, SCHOPP P, MELCHINGER AE, 2017. Persistency of prediction accuracy and genetic gain in synthetic populations under recurrent genomic selection [J]. *Bethesda*, 7(3): 801-811.

PANG YL, CHEN K, WANG XQ, et al., 2017. Recurrent selection breeding by dominant male sterility for multiple abiotic stresses tolerant rice cultivars [J]. *Euphytica*, 12(1): 213-268.

PENG SB, KHUSH GS, VIRK P, et al., 2008. Progress in ideotype breeding to increase rice yield potential [J]. *Field Crop Res*, 108(1): 1-38.

- POSADAS LG, ESKRIDGE KM, SPECHT JE, et al., 2014. Elite performance for grain yield from unadapted exotic soybean germplasm in three cycles of a recurrent selection experiment [J]. *Crop Sci*, 54(6): 25-36.
- RAMYA P, SINGH GP, JAIN N, et al., 2016. Effect of recurrent selection on drought tolerance and related morpho-physiological traits in bread wheat [J]. *PLoS ONE*, 11(6): 1-17.
- HU BL, WAN Y, LI X, et al., 2012. Analysis on genetic diversity of phenotypic traits in rice (*Oryza sativa*) core collection and its comprehensive assessment [J]. *Acta Agr Sin*, 38(5): 829-839. [胡标林, 万勇, 李霞, 等, 2012. 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, 38(5): 829-839.]
- HE ZZ, YIN M, XIE ZY, et al., 2014. Genetic diversity of tropical rice germplasms measured by phenotypic traits [J]. *Chin J Trop Agric*, 34(9): 37-42. [贺治洲, 尹明, 谢振宇, 等, 2014. 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, 34(9): 37-42.]
- LI ZC, ZHANG HL, ZENG YW, et al., 2001. Studies on phenotypic diversity of rice germplasm in Yunnan, China [J]. *Acta Agr Sin*, 27(6): 832-837. [李自超, 张洪亮, 曾亚文, 等, 2001. 云南稻种资源表型遗传多样性的研究 [J]. 作物学报, 27(6): 832-837.]
- QI YW, 2004. Analysis of diversity and establishment of the core collection of improved rice varieties in China [D]. Beijing: China Agricultural University: 72-74. [齐永文, 2004. 中国水稻选育品种的遗传多样性分析及核心种质构建 [D]. 北京: 中国农业大学: 72-74.]
- QI YX, ZOU XY, 2008. Situation of recurrent selection applied in corp breeding [J]. *Acta Agric Jiangxi*, 20(6): 14-17. [漆映雪, 邹小云, 2008. 轮回选择在作物育种中的应用研究进展 [J]. 江西农业学报, 20(6): 14-17.]
- WAN JM, 2007. Present status and prospect of molecular breeding in rice [J]. *Rev Chin Agric Sci Technol*, 9(2): 1-9. [万建民, 2007. 中国水稻分子育种现状与展望 [J]. 中国农业科技导报, 9(2): 1-9.]
- WANG HG, JIA GQ, ZHI H, et al., 2016. Phenotypic diversity evaluations of foxtail millet core [J]. *Acta Agr Sin*, 42(1): 19-30. [王海岗, 贾冠清, 智慧, 等, 2016. 谷子核心种质表型遗传多样性分析及综合评价 [J]. 作物学报, 42(1): 19-30.]
- XIA JH, ZHENG YL, 2002. Molecular marker-assisted backcross breeding of maize Rf\_3 NIL and its efficient analysis [J]. *Acta Agr Sin*, 28(3): 339-344. [夏军红, 郑用璜, 2002. 玉米 Rf\_3 近等基因系的分子标记辅助回交选育与效益分析 [J]. 作物学报, 28(3): 339-334.]
- ZHU SS, ZHANG YS, 2004. Situation of recurrent selection applied in rice breeding [J]. *Guizhou Agric Sci*, 32(2): 62-64. [朱速松, 张玉珊, 2004. 轮回选择在水稻育种中的应用研究进展 [J]. 贵州农业科学, 32(2): 62-64.]

(责任编辑 蒋巧媛)