

镇江地区 5 个粳稻品种产量因素及穗粒数相关基因差异分析

殷从飞¹, 史培华¹, 张建祥¹, 赵艳岭¹, 崔晓霞¹, 李敏¹, 许金诺¹, 陆建康²

(1. 江苏农林职业技术学院农学院园艺学院, 江苏句容 212400; 2. 江苏中江种业股份有限公司, 江苏南京 211504)

摘要 研究镇江地区 5 个不同品种粳稻在产量及其构成因素上的差异, 并分析穗粒数相关基因序列对产量的影响。对镇稻 11、宁粳 3、宁粳 6、武运粳 24 和武运粳 23 品种进行田间试验, 结果显示, 武运粳 23 在一次枝梗数和穗粒数上表现优异, 产量最高。相关性分析显示, 参试品种株高与产量呈显著负相关, 而一次枝梗数和穗粒数与产量呈显著正相关。基因比较分析结果显示, 关键基因 *DEP1*、*Ghd7*、*Gn1a*、*OsGA20ox1* 和 *NOG1* 在参试品种与高产品种之间存在氨基酸变异, 但在参试品种内部无序列差异。5 个参试品种中, 在镇江地区推广武运粳 23 能够获得更高的产量效益。

关键词 粳稻; 产量; 一次枝梗数; 穗粒数; 序列比较

中图分类号 S511.2⁺2 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2025)05-0014-04

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2025.05.004

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Difference Analysis of Yield Factors and Spikelet Number-Related Genes of Five Japonica Rice Varieties in the Zhenjiang Region
YIN Cong-fei, SHI Pei-hua, ZHANG Jian-xiang et al (School of Agronomy and Horticulture, Jiangsu Vocational College of Agriculture and Forestry, Jurong, Jiangsu 212400)

Abstract We investigated the differences in yield and its component factors among five different Japonica rice varieties in the Zhenjiang region and analyzed the impact of spikelet number related gene sequences on yield. Field experiments were conducted on the varieties of Zhendao 11, Ningjing 3, Ningjing 6, Wuyunjing 24, and Wuyunjing 23. Results showed that Wuyunjing 23 exhibited excellent performance in terms of primary branch number and spikelet number per panicle, yielding the highest production. Correlation analysis revealed that plant height was significantly negatively correlated with yield, while primary branch number and spikelet number per panicle were significantly positively correlated with yield. Comparative gene analysis indicated that key genes *DEP1*, *Ghd7*, *Gn1a*, *OsGA20ox1*, and *NOG1* exhibited amino acid variations between the tested varieties and high-yield varieties, but there were no sequence differences within the tested varieties. Among the five tested varieties, Wuyunjing 23 in the Zhenjiang region could achieve higher yield benefits.

Key words Japonica rice; Yield; Primary branch number; Spikelet number; Sequence comparison

稻米是全球最重要的粮食作物之一, 尤其在中国, 担负着重要的粮食安全使命。随着人口的增长和经济的发展, 提高水稻产量已成为农业研究的热点问题。江苏是我国水稻主产区之一, 自 20 世纪 90 年代实施“粳改粳”工程以来, 近年全省粳稻种植面积约 190 万 hm^2 , 占全国粳稻总面积的 26%, 产量占江苏省水稻总产量的 85%^[1-3]。

当前粳稻的品质已经得到大幅度的提高, 但产量提高较难突破; 因此进一步培育高产优质的粳稻品种仍是江苏省急需解决的问题^[4]。单位面积穗数、每穗实粒数和千粒重这 3 个产量因素是影响水稻产量的重要因素^[5-6]。以上产量三因素中, 有效分蘖数决定了单株穗数; 一级枝梗数目和二级枝梗数目及小穗数共同决定了每穗粒数; 水稻种子粒重又直接受到粒长、粒宽、粒厚和籽粒灌浆程度的影响。这 3 个内部要素之间相辅相成, 共同决定水稻的产量。当前, 不同研究者对这 3 个构成因素的变化与产量的关系进行了大量的研究, 结果不尽一致。江银荣等^[7]通过对江苏省 14 个粳稻品种进行关联度分析, 发现单位面积穗数对产量的作用最大, 每穗实粒数和千粒重次之。陈伟等^[8]对 2012—2021 年江苏省审定的 164 个粳稻品种的产量构成因素与产量进行相关

分析, 发现产量构成因素的变异系数为穗粒数>穗数>千粒重; 产量构成因素与产量的相关程度为穗粒数>千粒重>穗数。王桂艳等^[9]对铁岭市农业科学院近 20 年审定的水稻品种分析发现, 株高与生物产量呈显著正相关, 有效穗数与产量呈正相关, 每穗粒数与产量呈极显著正相关。钱建南等^[10]对 14 个水稻品种进行分析后发现, 千粒重是影响东台推广水稻品种产量的主要因素, 成穗率对产量的影响较小。水稻产量性状是一个复杂综合的数量性状, 除与产量构成三要素相关外, 还受其他性状制约, 如不同品种、熟期及其肥力水平等^[11-13]。

关于镇江地区主栽粳稻品种产量性状及其相关因素和穗粒数相关基因的差异关系, 目前报道较少。鉴于此, 笔者以镇江地区主栽的 5 个粳稻品种为材料, 就产量构成因素与产量的相关关系进行分析, 并与穗粒数高产变异序列进行比较, 以期对镇江市粳稻高产育种与高产栽培及育种措施提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料 采用镇江地区常见的 5 个粳稻品种, 分别是镇稻 11(品种 1)、宁粳 3(品种 2)、宁粳 6(品种 3)、武运粳 23(品种 4)和武运粳 24(品种 5)。

1.2 试验设计 试验在江苏农林职业技术学院粮油基地实施, 采用随机区组设计, 共设 5 个水稻品种处理, 以镇稻 11 为对照品种, 3 次重复, 小区面积 5.6 m^2 。2021 年 5 月 8 日旱育秧, 苗床播量为 225 kg/hm^2 , 6 月 15 日移栽, 密度为 20 $\text{cm} \times 18 \text{ cm}$, 每穴栽插 2 株苗。整地时施三元复合肥 600 kg/hm^2 ,

基金项目 江苏省高职院校青年教师企业实践培训资助项目(2023Q-YSJ035); 江苏农林职业技术学院校企合作项目(2020kj022, 2023kj15); 江苏农林职业技术学院亚夫科技创新与服务项目(2023kj01)。

作者简介 殷从飞(1987—), 男, 江苏南京人, 讲师, 博士, 从事水稻抗逆分子机制研究。

收稿日期 2024-10-10; 修回日期 2024-11-08

尿素 150 kg/hm²,于大田分蘖始期、长穗期分别施尿素 150、75 kg/hm²。病虫害及水分等均统一管理,管理措施同大田生产。2022 年在同一地点进行重复试验。

1.3 测定项目与方法 蜡熟期对每小区进行单位面积有效穗数统计,完熟后每小区 3 点取样考察株高、穗部性状、产量构成因素等;分小区收割,脱粒计产。

1.4 穗粒数相关基因编码序列测定 水稻 RNA 提取按照 HiPure Universal RNA Mini Kit 说明进行,按照 MonScript™ RTIII Super Mix with dsDNase 要求进行 cDNA 反转。利用 Q5® 高保真 DNA 聚合酶进行 PCR 扩增,扩增引物见表 1;扩增得到的 PCR 产物经过验证后直接进行测序分析。

表 1 引物序列
Table 1 Primer sequene

序号 Code	引物名称 Primer	引物序列(5'—3') Primer sequence(5'—3')
1	DEP1-F	GGGGTGGTTCTGAGTTGGC
2	DEP1-R	GGCCTAACAACTAAAAATACAAGA
3	Ghd7-F	TAGTTGTTGTTTGTAGCTCGATCGA
4	Ghd7-R	AGTCAGTGGTATATACGCACGTGTA
5	Gn1a-F	CACACACTGACACACACAAACCG
6	Gn1a-R	CGCATGTAGATATGCATTTGCA
7	OsGA20ox1-F	TCTCCATCGGTTAATTAATTGATIG
8	OsGA20ox1-R	GGATGGATGGATGGATAATAGGAGCT
9	NOG1-F	CTCGAGCTGAGCTCCTTCC
10	NOG1-R	TGCTTGTGAGGATGATGAACATCTA

1.5 数据分析 采用 Excel 2010 进行数据整理及作图,使

用 SPSS Statistics 20 软件对数据进行方差分析及相关性分析,使用 SnapGene V5 进行序列整理及比对分析。

2 结果与分析

2.1 不同品种粳稻产量及其构成因素 5 个粳稻品种的产量及其构成因素见表 2。由表 2 可知,不同品种水稻产量之间差异显著($P<0.05$),从高到低依次是武运粳 23>镇稻 11>武运粳 24>宁粳 6>宁粳 3;5 个粳稻品种的平均产量为 6.85 kg/区,变化幅度为 5.88~8.03 kg/区。宁粳 3 和宁粳 6 的株高显著高于其他 3 个品种,分别为 108.01 和 110.01 cm,其余 3 个品种株高在 98.42~101.31 cm,无显著差异。从水稻单位面积的有效穗数来看,镇稻 11 有效穗数最多,达 325.71 个/m²,显著高于其他 4 个品种;宁粳 6 有效穗数最少,平均只有 253.21 个/m²,但宁粳 3、宁粳 6、武运粳 23 和武运粳 24 的有效穗数并无显著差异。参试的 5 个粳稻品种穗长之间无显著差异,均在 18.04~19.00 cm。从一次枝梗数来看,武运粳 23 和武运粳 24 一次枝梗数较多,并显著高于镇稻 11 和宁粳 3,其中武运粳 23 达 14.62 个,而宁粳 3 平均只有 9.02 个。穗粒数最多的是武运粳 23,达 181.53 粒;而宁粳 3 最少,只有 137.93 粒;武运粳 24 穗粒数平均有 169.21 粒,与武运粳 23、镇稻 11 和宁粳 6 差异不显著。5 个粳稻品种的粒长和粒宽无显著差异,分别在 7.23~7.44 和 3.17~3.28 mm;武运粳 23 粒厚最大,达 2.41 mm,显著高于镇稻 11、宁粳 3 和武运粳 24。

表 2 不同粳稻品种的产量及其构成因素比较

Table 2 Yield and its components in different Japonica rice cultivars

品种 Variety	产量 Yield /(kg/区)	株高 Plant height /cm	有效穗数 Effective ears /(个/m ²)	穗长 Ear length /cm	一次枝梗数 Primary branch number/个	穗粒数 Grains per ear/粒	粒长 Grain length /mm	粒宽 Grain width /mm	粒厚 Grain thickness /mm	千粒重 1 000- grain weight/g
镇稻 11	7.29±0.03 b	101.31±2.06 b	325.71±12.10 a	18.76±1.19 a	11.71±1.06 b	144.11±18.61 b	7.35±0.29 a	3.19±0.12 a	2.26±0.09 c	28.53±0.14 b
宁粳 3	5.88±0.05 e	108.01±2.83 a	264.31±12.50 b	18.30±1.24 a	9.02±1.15 c	137.93±33.57 b	7.37±0.24 a	3.22±0.25 a	2.29±0.12 bc	29.70±0.22 a
宁粳 6	6.09±0.01 d	110.01±2.83 a	253.21±13.20 b	18.04±1.30 a	13.51±1.35 ab	144.22±33.34 b	7.23±0.21 a	3.19±0.10 a	2.37±0.05 ab	29.79±0.05 a
武运粳 23	8.03±0.08 a	98.42±3.45 b	267.03±12.80 b	19.00±1.07 a	14.62±1.96 a	181.53±20.91 a	7.44±0.25 a	3.28±0.13 a	2.41±0.10 a	29.53±0.3 a
武运粳 24	6.94±0.01 c	98.51±1.29 b	276.01±13.80 b	19.00±1.07 a	14.43±1.58 a	169.21±34.08 ab	7.27±0.25 a	3.17±0.12 a	2.30±0.08 c	27.99±0.03 b

注:同列不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。
Note:Different lowercases in the same column indicated significant differences at 0.05 level.

2.2 水稻产量与其构成因素的相关性分析 水稻产量与其构成因素的相关分析结果见表 3。由表 3 可知,参试的 5 个粳稻品种的产量与水稻一次枝梗数和穗粒数均呈显著正相关关系,其中产量与穗粒数的相关系数最大($R=0.63$);穗粒数与穗长、一次枝梗数呈极显著正相关,相关系数分别为 0.66 和 0.63,这 5 个粳稻品种的粒形因素与产量不相关。此外,在 5 个测试的粳稻品种中,株高与产量呈极显著负相关($R=-0.75$);株高与穗长、一次枝梗数和穗粒数均呈极显著负相关,其相关系数分别为-0.39、-0.54 和-0.57。但对参试粳稻的株高和千粒重进行相关性分析发现,株高与千粒重呈极显著正相关($R=0.66$)。

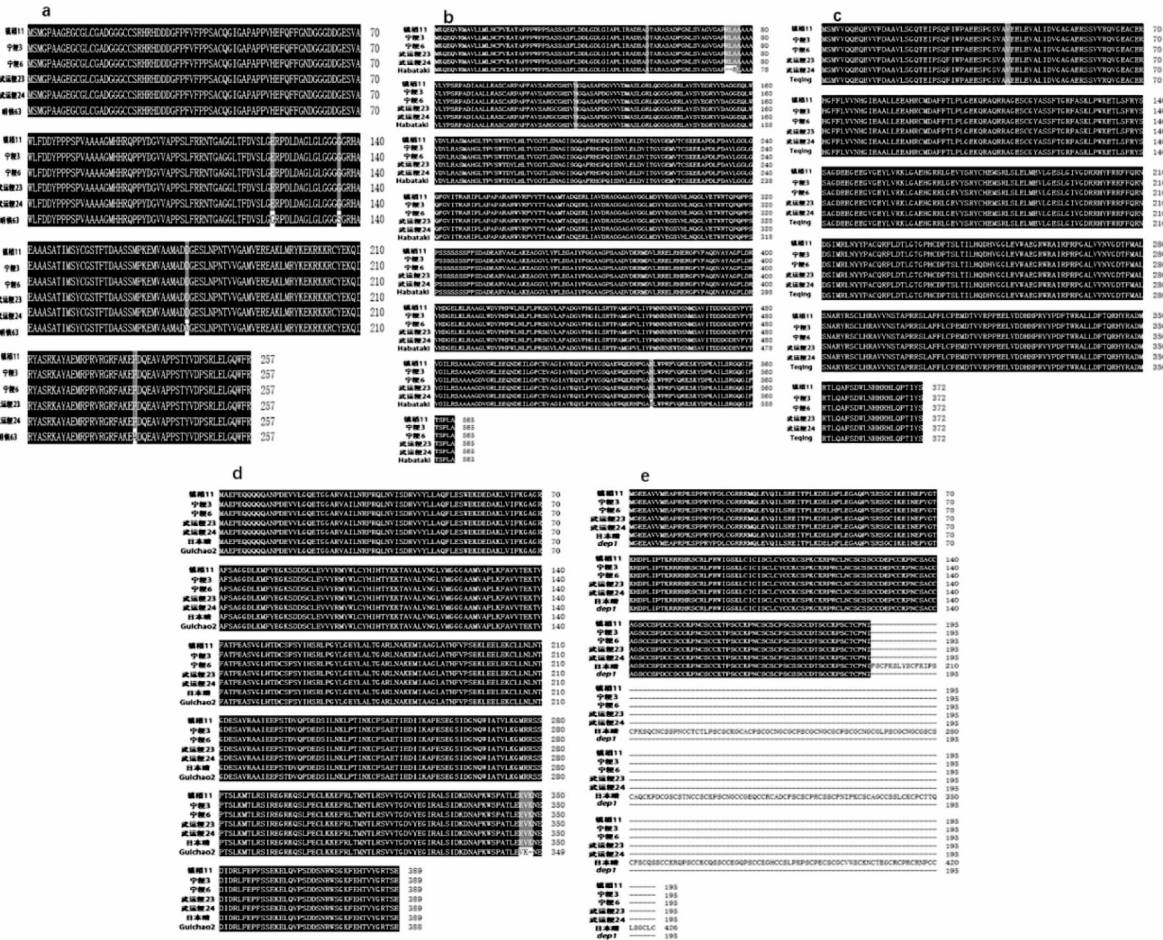
2.3 产量相关基因序列比较分析 当前,已经有大量研究对水稻产量相关基因进行了挖掘及功能分析,了解影响水稻产量的单倍型及其序列特征^[14-15]。鉴于 5 个粳稻品种在穗粒数这一产量因素上表现出最大差异,针对穗粒数有重要影响的 DEP1 (LOC_Os09g26999)、Ghd7 (LOC_Os07g15770)、Gn1a (LOC_Os01g10110)、OsGA20ox1 (Os03g0856700) 和 NOG1 (LOC_Os01g54860) 编码序列(CDS)进行测序,并与高产等位变异序列进行对比^[16-20]。结果表明,5 个参试粳稻品种的穗粒数相关基因 DEP1、Ghd7、Gn1a、OsGA20ox1 和 NOG1 的编码序列完全一致,但与高产等位变异均有不同程度的差异(图 1)。5 个粳稻品种的 Ghd7 基因编码的蛋白与来自明

表 3 水稻产量与其构成因素的相关性

Table 3 Correlation between rice yield and yield component factors

指标 Index	产量 Yield	株高 Plant height	有效穗数 Effective ears	穗长 Ear length	一次枝梗数 Primary branch number	穗粒数 Grains per ear	粒长 Grain length	粒宽 Grain width	粒厚 Grain thickness	千粒重 1 000- grain weight
产量 Yield	1									
株高 Plant height	-0.75**	1								
有效穗数 Effective ears	0.38	-0.35	1							
穗长 Ear length	0.44	-0.39**	0.44	1						
一次枝梗数 Primary branch number	0.58*	-0.54**	0.16	0.32*	1					
穗粒数 Grains per ear	0.63*	-0.57**	-0.03	0.66**	0.63**	1				
粒长 Grain length	0.26	-0.05	-0.030	-0.12	-0.12	0.06	1			
粒宽 Grain width	0.15	0.07	0.34	0.18	0.06	0.18	0.29**	1		
粒厚 Grain thickness	0.22	0.02	-0.04	-0.08	0.18	-0.05	-0.11	0.23*	1	
千粒重 1 000-grain weight	-0.37	0.66**	-0.59*	-0.32	-0.51	-0.39	0.05	-0.25	0.23	1

注: * 表示在 0.05 水平(双侧)显著相关; ** 表示在 0.01 水平(双侧)极显著相关。
Note: * indicated significant correlation at 0.05 level; ** indicated extremely significant correlation at 0.01 level.



注: a. *Ghd7* 编码序列比对分析; b. *Gln1a* 编码序列比对分析; c. *OsGA20ox1* 编码序列比对分析; d. *NOG1* 编码序列比对分析; e. *DEPI* 编码序列比对分析。
Note: a. *Ghd7* coding sequence alignment analysis; b. *Gln1a* coding sequence alignment analysis; c. *OsGA20ox1* coding sequence alignment analysis; d. *NOG1* coding sequence alignment analysis; e. *DEPI* coding sequence alignment analysis.

图 1 5 个参试粳稻品种的 *Ghd7*、*Gln1a*、*OsGA20ox1*、*NOG1* 和 *DEPI* 编码序列与高产品种编码序列比对

Fig. 1 *Ghd7*, *Gln1a*, *OsGA20ox1*, *NOG1* and *DEPI* coding sequences of 5 Japonica rice varieties and their comparison to high-yield variety coding sequence

恢 63 的高产等位基因编码的蛋白相比,在 122、136、174 和 233 位均发生了氨基酸变异(图 1a);5 个粳稻品种 *Gln1a* 编码的蛋白与高产品种 Habataki 相比,在 54、74、116 和 534 位发

生氨基酸的变异(图 1b);5 个粳稻品种 *OsGA20ox1* 编码的氨基酸序列与高产品种 Teqing 相比,仅在第 41 位有氨基酸的差异(图 1c);5 个粳稻品种 *NOG1* 编码的氨基酸序列与高产

品种 Guichao2 相比,其在第 346 位出现差异,表现为高产品种 Guichao2 在第 346 位缺失了 1 个谷氨酸(图 1d)。对 *DEP1* 基因分析发现,5 个梗稻品种与高产变异类型完全一致,但与日本晴有较大差异,均表现出提前终止的现象(图 1e)。

3 结论与讨论

近年来,关于不同地区常用水稻品种产量差异的研究已有较多报道^[4,7,21]。该研究对 5 个不同品种的梗稻进行了产量及其构成因素的分析,揭示了各品种之间在产量和生育性状上的显著差异,进一步加深了对水稻产量影响因素的理解。结果表明,武运梗 23 以其优越的有效穗数和每穗粒数表现出最高产量,这与以往研究结果一致,强调了有效穗数和每穗粒数在水稻产量中的关键角色^[14,22-23]。具体来说,每穗粒数达 181.5 粒,显著高于其他品种,表现出较高的产量优势。

该试验中,株高与水稻产量之间呈显著的负相关关系($R=-0.75$),一般认为,在一定范围内增加株高有利于产量的提高,在 95~105 cm 时,可达到较高产量^[24]。在参试品种中,宁梗 3 和宁梗 6 株高分别达 108.01 和 110.01 cm,其产量也显著低于高产品种武运梗 23。

当前,对水稻穗粒数相关基因的研究较多^[23,25-26]。该试验检测 5 个与穗粒数相关的基因编码序列在参试的 5 个梗稻品种中无差异;但 *Ghd7*、*Gn1a*、*OsGA20ox1* 和 *NOG1* 均与高产品种等位变异存在一定的氨基酸差异。然而,该试验尚未检测其他与穗粒数相关基因及穗粒数相关基因的表达水平,因此尚无法解释导致武运梗 23 较多一次枝梗数和穗粒数的遗传因素。

综上所述,该研究参试的 5 个梗稻品种中,武运梗 23 产量最高,而对其高产的主要贡献因素是较高的一次枝梗数和穗粒数;由于较少的穗粒数及较高的株高,宁梗 3 在该试验中产量最低。因此,在镇江地区种植武运梗 23 能够获得更高的产量效益。但影响武运梗 23 较高穗粒数的内在分子机制尚未清晰,在后续的相关试验中将更全面地对全部已知穗粒数相关基因序列及其表达情况进一步分析,了解其高产的内在分子机制,为今后高产育种提供新的思路。

参考文献

[1] 费永青,徐金海,张玉娥.江苏省稻米加工业发展现状、问题与对策[J].浙江农业科学,2023,64(5):1226-1229.

[2] 周成欣,张耗,董晶晶,等.江苏省梗稻品种演进过程中产量和米质的

变化[J].中国稻米,2013,19(6):11-16.

[3] 许明,吉健安,彭汉良.江苏省梗稻品种的选育现状分析与发展对策[J].江苏农业科学,2011,39(6):127-129.

[4] 张安存,王先如,邓世峰,等.江苏省近 17 年水稻品种产量性状相关及聚类分析[J].北方水稻,2018,48(5):30-33,44.

[5] 姚立生,高恒广,何顺祺.盐碱 156 产量构成因素分析[J].江苏农业学报,1988,4(1):43-45.

[6] 旷一相,肖宇龙.超级杂交稻产量构成因素的分析及其选育途径的探讨[J].江西农业学报,1999,11(2):15-19.

[7] 江银荣,潘宝国,陆虎华.江苏省水稻产量与产量性状的灰色关联分析[J].浙江农业科学,2009,50(6):1130-1132.

[8] 陈伟,宋锦花,夏中华,等.江苏省梗稻品种产量构成因素及抗病性与产量的相关分析[J].中国农学通报,2023,39(24):13-17.

[9] 王桂艳,李殿平,蒋昆炜,等.铁岭市农业科学院近 20 年审定水稻品种产量性状分析[J].辽宁农业科学,2023(4):12-16.

[10] 钱建南,丁颖,李玉杨,等.14 个水稻品种产量与农艺性状的灰色关联度分析[J].大麦与谷类科学,2022,39(5):37-41.

[11] 朱盈,徐剑,范鹏,等.2016—2020 年江苏省水稻主栽品种及其产量、品质特征研究[J].扬州大学学报(农业与生命科学版),2023,44(5):12-19,30.

[12] 李仁英,李霖,黄利东,等.不同品种水稻的产量构成因素及其对氮磷吸收的差异研究[J].土壤通报,2016,47(6):1418-1424.

[13] 陈青春,蓝盾,赵新飞,等.不同生育期水稻干物质质量与产量的关系研究[J].湖北农业科学,2017,56(7):1221-1227.

[14] 陈明亮,熊焕金,胡兰香,等.水稻产量相关数量性状基因研究进展[J].江西农业学报,2014,26(12):16-20.

[15] 李琼,姜雪.水稻产量相关性状的遗传研究[J].安徽农业科学,2022,50(13):10-13,20.

[16] WU Y, WANG Y, MI X F, et al. The QTL *GNP1* encodes *GA20ox1*, which increases grain number and yield by increasing cytokinin activity in rice panicle meristems[J]. PLoS Genet, 2016, 12(10): 1-21.

[17] XUE W Y, XING Y Z, WENG X Y, et al. Natural variation in *Ghd7* is an important regulator of heading date and yield potential in rice[J]. Nat Genet, 2008, 40(6): 761-767.

[18] ASHIKARI M, SAKAKIBARA H, LIN S, et al. Cytokinin oxidase regulates rice grain production[J]. Science, 2005, 309(5735): 741-745.

[19] HUO X, WU S, ZHU Z F, et al. *NOG1* increases grain production in rice[J]. Nat Commun, 2017, 8(1): 1-11.

[20] HUANG X Z, QIAN Q, LIU Z B, et al. Natural variation at the *DEP1* locus enhances grain yield in rice[J]. Nat Genet, 2009, 41(4): 494-497.

[21] 杨安中,吴文革,张玲,等.不同杂交水稻品种主要性状及产量差异的研究[J].安徽科技学院学报,2014,28(1):23-26.

[22] TAKAI T. Potential of rice tillering for sustainable food production[J]. J Exp Bot, 2024, 75(3): 708-720.

[23] 严语萍,俞晓晴,任德勇,等.水稻穗粒数遗传机制与育种利用[J].植物学报,2023,58(3):359-372.

[24] 唐甫林,胡石海,侯秀芳,等.水稻株高对经济系数及产量影响的初探[J].上海农业科技,2000(5):9.

[25] 董皓,李懿星,宋书锋,等.水稻穗粒数相关基因研究进展[J].分子植物育种,2021,19(18):6045-6050.

[26] 肖冬冬,宗伍斐,孙康莉,等.*Ghd7* 和 *DTH8* 协同调控水稻抽穗期和部分农艺性状[J].华南农业大学学报,2022,43(3):18-25.

(上接第 13 页)

[6] 陈振光,廖惠华.茶树花药培养诱导单倍体植株的研究[J].福建农业学报,1988,17(3):185-190.

[7] 屈文琦,陈兴琰,陈国本.茶树无性系品种的染色体组型及其变异性的研究[J].福建茶叶,1987(3):7-17.

[8] 王守生,梁国鲁,李晓林,等.自然四倍体“9006”茶树生物生化性状研究[J].西南农业大学学报,1995,17(1):45-48.

[9] 李素芳.茶种质资源中的非整倍体和三倍体鉴定初报[J].茶叶科学,1996,16(1):73-74.

[10] 李斌,陈国本,贺利雄,等.两广茶区 10 个茶树品种染色体数目研究[J].广西植物,1999,19(3):233-235.

[11] 王春梅,唐茜.崇州枇杷茶野生大茶树染色体核型分析[J].四川农业大学学报,2012,30(4):419-423,444.

[12] 李瑞琳.茶树倍性鉴定体系的建立[D].合肥:安徽农业大学,2015.

[13] COMAI L. The advantages and disadvantages of being polyploid[J]. Nat Rev Genet, 2005, 6: 836-846.

[14] 翟秀明,唐敏,邬秀宏,等.茶树腋芽多倍体诱导与快速鉴定方法研究[J].四川农业大学学报,2018,36(6):785-791,814.

[15] 梁月荣,石萌.茶树遗传育种研究进展[J].茶叶科学,2015,35(2):103-109.

[16] 黄海涛,余继忠,倪伯荣.茶树多倍体育种研究进展[J].茶叶,2006,32(1):14-17.

[17] 李娜娜,王璐,郝心愿,等.2023 年茶树遗传育种研究进展[J].中国茶叶,2024,46(3):1-11.

[18] 杨清淮.植物染色体倍性鉴定方法概述[J].现代园艺,2014(3):12-13.

[19] 鲁文英.浅谈植物多倍体鉴定方法[J].科技视界,2016(16):188,210.

[20] 赵孟良,任延靖,田闵玉,等.基于流式细胞仪鉴定菊芋倍性方法的建立及应用[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2021,49(3):138-146.

[21] 孟敏,王竹林,胡甘.同源多倍体诱导与鉴定实验中的问题探讨[J].实验科学与技术,2016,14(2):35-37.