董超，张斐斐，汤翠凤，阿新祥，甘树仙，杨雅云，刘自单，戴陆园 . 利用 SSR 标记分析普通野生稻遗传多样性［J］. 广东农业科学，2024，51（11）：28–38.

DONG Chao, ZHANG Feifei, TANG Cuifeng, A Xinxiang, GAN Shuxian, YANG Yayun, LIU Zidan, DAI Luyuan. Genetic diversity analysis of common wild rice by using SSR markers［J］. Guangdong Agricultural Sciences, 2024，51（11）：28–38.

专题：野生稻研究



董超，硕士，云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所副研究员，“农业农村部云南及周边作物种质资源评价创新团队”核心成员，云南省技术创新人才培养对象，云南省科技特派员。主要从事稻种资源收集与评价、基因挖掘与创新利用及绿色超级稻新品种选育研究。主持或参与国家及省级项目 8 项；以主要完成人承担农业农村部平台建设项目 3 项。在《Plant Disease》《Rice》《中国水稻科学》《植物遗传资源学报》等期刊发表学术论文 30 余篇；获授权国家发明专利 1 件、实用新型专利 7 件，软件著作权 5 项，审定水稻新品种 1 个，获植物新品种保护权 3 项；收集入库保存云南及周边作物种质资源 3 000 余份，鉴定评价与创制绿色新种质 2 000 余份，对外提供利用 1 245 份次；选育的新品种‘云资红 23 号’‘云资粳 25 号’获云南省作物学会首届优质米品鉴金奖。

利用 SSR 标记分析普通野生稻遗传多样性

董　超[1]，张斐斐[1]，汤翠凤[1]，阿新祥[1]，甘树仙[2]，杨雅云[1]，刘自单[1]，戴陆园[1]

（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，云南 昆明　650223；
2. 西双版纳傣族自治州农业科学研究所，云南 西双版纳　666100）

摘　要：【目的】揭示中国云南景洪、云南元江、江西东乡、缅甸普通野生稻（*Oryza rufipogen* Griff.）遗传多样性，以及云南景洪和元江普通野生稻原、异位保存下变异情况。【方法】利用 36 对 SSR 标记对来自云南景洪异位保护与原位保护区、云南元江异位保护与原位保护区、江西东乡及缅甸共 102 份普通野生稻进行检测，开展不同地理来源及不同保存方式下普通野生稻居群遗传多样性比较与聚类分析。【结果】供试普通野生稻检测出等位变异（Na）110 个，平均 3.056 个，变幅为 1~5 个；Nei's 基因多样性指数（I）平均为 0.448。不同地理来源 Nei's 基因多样性指数大小为：缅甸（0.561）> 云南景洪（0.437）> 云南元江（0.236）> 江西东乡（0.230），云南景洪和元江的普通野生稻 Nei's 基因多样性指数均表现为异位保护区大于原位保护区（云南景洪：0.498>0.131，云南元江：0.264>0.035）。聚类与遗传分化分析显示，供试材料平均遗传相似系数为 0.772，变幅 0.260~1.000；在遗传相似系数 0.635 处可将供试材料划分为云南景洪、云南元江、江西东乡及缅甸居群。云南景洪原位保护区与缅甸的普通野生稻遗传距离较近（0.560），云南元江原位保护区与江西东乡的普通野生稻遗传距离较近（0.552）；而云南元江原位保护区与景洪原位保护区的普通野生稻遗传距离为 0.748，表明云南元江和景洪普通野生稻有明显的遗传分化。【结论】不同地区的普通野生稻遗传分化有明显的地域性，云南景洪和元江普通野生稻遗传多样性因原生境居群减少而下降。

关键词：普通野生稻；SSR 标记；遗传多样性；居群；原位保护；异位保护；遗传分化

中图分类号：S511.9　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1004–874X（2024）11–0028–11

收稿日期：2024–05–23

基金项目：云南省重大科技专项（202302AE090011）；云南省科技人才与平台计划项目（202405AD350066）；云南省种子种业联合实验室项目（202205AR070001–07）；国家自然科学基金（32160455）；国家重点研发计划子课题项目（2021YFD1200505–1）

作者简介：董超（1984—），男，硕士，副研究员，研究方向为水稻种质资源，E–mail：cchaodong@126.com

通信作者：杨雅云（1980—），女，博士，研究员，研究方向为水稻种质资源，E–mail：yangyayun2002@163.com；
戴陆园（1962—），男，博士，研究员，研究方向为水稻遗传育种，E–mail：Luyuandai@163.com

Genetic Diversity Analysis of Common Wild Rice By Using SSR Markers

DONG Chao[1], ZHANG Feifei[1], TANG Cuifeng[1], A Xinxiang[1],
GAN Shuxian[2], YANG Yayun[1], LIU Zidan[1], DAI Luyuan[1]

（1. *Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences / Key Laboratory of Agricultural Biotechnology of Yunnan Province / Key Laboratory of the Southwestern Crop Gene Resources and Germplasm Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Kunming* 650223, *China*; 2. *Institute of Agricultural Sciences of Xishuangbanna Prefecture of Yunnan Province, Jinghong* 666100, *China*）

Abstract:【Objective】The study was conducted to reveal the genetic diversity of common wild rice (*Oryza rufipogen* Griff.) in Jinghong, Yuanjiang of Yunnan, Dongxiang of Jiangxi, and Myanmar, and the genetic variations of wild rice in Jinghong and Yuanjiang under *in-situ* and *ex-situ* conservation.【Method】We detected the genetic diversities of 102 *O. rufipogen* samples from Yunnan Jinghong *ex-situ* and *in-situ* conservation zone, Yunnan Yuanjiang *ex-situ* and *in-situ* conservation zone, Jiangxi Dongxiang and Myanmar with 36 pairs of SSR markers. A comparison and cluster analysis of genetic diversities of *O. rufipogen* from different geographical sources and under different conservation methods was conducted.【Result】A total of 110 allele variations were detected, with an average of 3.056, and a range from 1 to 5. The average of Nei's gene diversity indexes (I) was 0.448. The I of different geographical sources ranked as follows: Myanmar (0.561) > Yunnan Jinghong (0.437) > Yunnan Yuanjiang (0.236) > Jiangxi Dongxiang (0.230). The I of *O. rufipogen* under *ex-situ* conservation was higher than that under *in-situ* conservation in Jinghong (0.498 > 0.131) and Yuanjiang (0.264 > 0.035). Clustering and genetic differentiation analysis showed that the average genetic similarity coefficient (GS) of the tested materials was 0.772, with a range of 0.260–1.000. They were were divided into Yunnan Jinghong, Yunnan Yuanjiang, Jiangxi Dongxiang, and Myanmar populations at GS=0.635. The genetic distance of *O. rufipogen*e between Yunnan Jinghong *in-situ* conservation and Myanmar was close (0.560), and that between Yunnan Yuanjiang *in-situ* conservation and Jiangxi Dongxiang was close (0.552). And the genetic difference of *O. rufipogen*e between *in-situ* conservation of Yuanjiang and Jinghong was 0.748, indicating that there was obvious genetic differentiation between Yuanjiang and Jinghong.【Conclusion】The genetic differentiation of *O. rufipogen*e has obvious regionalism. The genetic diversity of *O. rufipogen*e decreased due to the decrease of *in-situ* conservation populations in Jinghong and Yuanjiang of Yunnan.

Key words: common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.); SSR marker; genetic diversity; population; in situ conservation; ex-situ conservation; genetic differentiation

【研究意义】普通野生稻（*Oryza rufipogen* Griff.）被公认为亚洲栽培稻（*Oryza sativa* L.）的祖先，同属 AA 基因组，保留了许多栽培稻不具备的优异基因[1-4]，在水稻（*Oryza sativa* L.）品种培育、改良及稻种起源、演化分类、水稻基因组学等研究中起重要作用。我国是世界上野生稻种质资源分布最丰富的国家之一，野生稻种质资源保护的技术、方法已有明显成效[5-6]，为稻种基础研究和开发利用储备了丰富的遗传物质基础。然而，受人类社会的经济活动、生态环境污染、气候变化等因素的影响，我国野生稻种质资源的生存生境受到前所未有的破坏，其遗传多样性有所下降[7]。因此，加强野生稻的基础性研究和完善其保护体系的任务越来越迫切。【前人研究进展】截至 2024 年 4 月，我国国家野生稻种质资源圃共保存 22 种野生稻、1.3 万份野生稻种质资源[8]。我国是普通野生稻的遗传多样性中心之一，其主要分布在云南、海南、广东、广西、福建、湖南、江西和台湾 8 个地区。已有不少学者对其进行了形态性状多样性[9-11]、基因多样性[12-14]及遗传多样性保护策略研究[15-18]，认为普通野生稻的植物学性状、生物学特性及等位变异均存在丰富的多样性，并挖掘出大量优异基因[5]，且居群内有较高的遗传多样性，居群间存在一定程度的分化[19]，其遗传分化与地理位置及水系（河流分布）密切相关[17]。已有研

究表明，亚洲 6 国普通野生稻香浓指数表现为老挝 > 中国 > 越南 > 缅甸 = 尼泊尔 > 柬埔寨[20]，中国普通野生稻的遗传多样性较老挝、越南和柬埔寨高[21]，中国广西普通野生稻的多态性比巴西高[22]，并且我国普通野生稻基因多样性表现为海南 > 广东 > 广西 > 福建 > 湖南 > 江西 > 云南[23]。云南元江普通野生稻和景洪普通野生稻是两个独特的居群，在地理分布、表型和分子水平上存在明显差异，可划分为元江型、景洪紫杆直立型、景洪绿杆直立型、景洪匍匐型 4 类[24]。其中，云南景洪普通野生稻与缅甸普通野生稻的遗传关系最近，云南元江普通野生稻与我国其他省份的普通野生稻之间的遗传关系较近[25]。原位保护和异位保护是有效保护野生资源遗传多样性的重要手段，已有研究指出，野生稻在原生境保护下较异位保存遗传多样性高[26-27]，保存完整的遗传多样性和其固有的遗传进化途径，有利于在未来的研究中源源不断地挖掘其潜在的功能基因[28]，但由于人为活动、外来种入侵和环境污染等因素导致一些重要居群濒临灭绝[29-30]。【本研究切入点】云南省及周边国家、地区地理生态环境复杂、气候类型多样、生物和物种资源多样，可能是普通野生稻的遗传多样性中心之一[25]，需要加强普通野生稻收集与保护，明确云南省及周边国家、地区普通野生稻遗传多样性。【拟解决的问题】本研究利用 36 对 SSR 标记分析来自云南景洪、云南元江、江西东乡及缅甸共计 102 份普通野生稻的遗传多样性，并对云南景洪和元江原位保护和异位保护下普通野生稻遗传多样性进行比较。阐述云南及周边国家、地区普通野生稻遗传多样性水平及其原位与异位保护下等位变异变化，为野生稻保护与基因挖掘提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为异位保护下（1988—1992 年采集并种植于昆明温室）的云南元江普通野生稻 81 份、云南景洪普通野生稻 4 份，原位保护下（2021 年采集元江原位保护点）的云南元江普通野生稻 4 份、云南景洪普通野生稻 8 份，及江西东乡普通野生稻 2 份（2011 年江西省农业科学院水稻研究所提供）和缅甸普通野生稻 3 份，共计 6 个群体（表 1）102 份普通野生稻。

表 1 供试材料及来源

Table 1 Test materials and sources

群体 Population	材料编号 Material No.	来源 Source
1	WR1–WR81	云南元江（异位保护）
2	WR82–WR85	云南景洪（异位保护）
3	WR86–WR89	云南元江（原位保护）
4	WR90–WR97	云南景洪（原位保护）
5	WR98–WR99	江西东乡
6	WR100–WR102	缅甸

1.2 试验方法

1.2.1 样品准备、DNA 提取及 PCR 扩增 云南异位保护下的普通野生稻自原位保护点采集后按来源种植于昆明温室水池中，1 丛/穴，株距和行距均为 40 cm；江西东乡普通野生稻于 2010 年桶栽种植于昆明温室，1 丛 / 桶；缅甸普通野生稻自 2018 年采集后桶栽种植于昆明温室，1 丛 / 桶；云南原位保护下的普通野生稻于 2021 年从原位保护点采集后，立即桶栽种植于昆明温室，1 丛 / 桶。2021 年 10 月统一采集幼嫩叶片，保存于 –20℃冰箱。

参考水稻基因组，选取分布于水稻 12 条染色体上的 36 对 SSR 标记（表 2）。引物序列由生工生物工程（上海）股份有限公司合成。采用 CTAB（2%）方法提取样品基因组 DNA，利用紫外分光光度计测定浓度。PCR 体系（总反应体积为 10 μL）：1.5 μL 10 × PCR buffer（含 Mg^{2+}），0.4 μL dNTPs（2.5 mmol/L），0.2 μL Taq (5 U/μL)，1.0 mL SSR 标记 (10 μmol/L)，2.0 μL DNA（20 ng/μL），4.9 μL ddH_2O。扩增程序为预变性：95℃ 5 min；变性：95℃ 30 s，退火：55~60℃ 30 s，延伸：72℃ 45 s，30~35 个循环；延伸：72℃ 10 min；待 4℃ 5 min 后，放 4℃冰箱保存备用。扩增产物在 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶中恒压电泳，银染检测。

1.2.2 聚类分析 SSR 扩增带型以 0、1 统计，在相同迁移率位置上，有带记为“1”，无带记为“0”。用 NTSYS pc V2.2 进行 UPGMA 聚类分析。将以上数据转换为 AA、AB、AC、AD、AE…

表 2　供试标记

Table 2　Test markers

标记 Marker	染色体 Chromosome	正向引物 Forward primer (5'—3')	反向引物 Reverse primer (5'—3')
RM1	1	GCGAAAACACAATGCAAAAA	GCGTTGGTTGGACCTGAC
RM212	1	CCACTTTCAGCTACTACCAG	CACCCATTTGTCTCTCATTATG
RM259	1	TGGAGTTTGAGAGGAGGG	CTTGTTGCATGGTGCCATGT
RM6	2	GGTGAATTCAGCCATGATCTCG	CCGAGAAATTTGGGAGGTAATGC
RM263	2	CCCAGGCTAGCTCATGAACC	GCTACGTTTGAGCTACCACG
RM324	2	CTGATTCCACACACTTGTGC	GATTCCACGTCAGGATCTTC
RM7	3	TTCGCCATGAAGTCTCTCG	CCTCCCATCATTTCGTTGTT
RM16	3	CGCTAGGGCAGCATCTAAA	AACACAGCAGGTACGCGC
RM85	3	AGTACATGAGGCTGGTGCTGAGG	CACCATTGACGCCACTCTTTCC
RM252	4	TTCGCTGACGTGATAGGTTG	ATGACTTGATCCCGAGAACG
RM303	4	GCATGGCCAAATATTAAAGG	GGTTGGAAATAGAAGTTCGGT
RM307	4	GTACTACCGACCTACCGTTCAC	CTGCTATGCATGAACTGCTC
RM161	5	GGCGGAGATAGAGGAGGAAGAGG	AGAAATAGTCCCACGTGTCAACTCC
RM289	5	TTCCATGGCACACAAGCC	CTGTGCACGAACTTCCAAAG
RM405	5	TCACACACTGACAGTCTGAC	AATGTGGCACGTGAGGTAAG
RM30	6	GGTTAGGCATCGTCACGG	TCACCTCACCACACGACACG
RM217	6	ATCGCAGCAATGCCTCGT	GGGTGTGAACAAAGACAC
RM528	6	GGCATCCAATTTTACCCCTC	AAATGGAGCATGGAGGTCAC
RM11	7	TCTCCTCTTCCCCCGATC	ATAGCGGGCGAGGCTTAG
RM336	7	CTTACAGAGAAACGGCATCG	GCTGGTTTGTTTCAGGTTCG
RM320	7	CAACGTGATCGAGGATAGATC	GGATTTGCTTACCACAGCTC
RM152	8	GAAACCACCACACCTCACCG	CCGTAGACCTTCTTGAAGTAG
RM210	8	TCACATTCGGTGGCATTG	CGAGGATGGTTGTTCACTTG
RM531	8	GAAACATCCCATGTTCCCAC	TCGGTTTTTCAGACTCGGTC
RM201	9	CTCGTTTATTACCTACAGTACC	CTACCTCCTTTCTAGACCGATA
RM219	9	CGTCGGATGATGTAAAGCCT	CATATCGGCATTCGCCTG
RM285	9	CTGTGGGCCCAATATGTCAC	GGCGGTGACATGGAGAAAG
RM222	10	CTTAAATGGGCCACATGCG	CAAAGCTTCCGGCCAAAAG
RM228	10	CTGGCCATTAGTCCTTGG	GCTTGCGGCTCTGCTTAC
RM258	10	TGCTGTATGTAGCTCGCACC	TGGCCTTTAAAGCTGTCGC
RM21	11	ACAGTATTCCGTAGGCACGG	GCTCCATGAGGGTGGTAGAG
RM224(1.0)	11	ATCGATCGATCTTCACGAGG	TGCTATAAAAGGCATTCGGG
RM286	11	GGCTTCATCTTTGGCGAC	CCGGATTCACGAGATAAACTC
RM17	12	TGCCCTGTTATTTTCTTCTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTTCA
RM247	12	TAGTGCCGATCGATGTAACG	CATATGGTTTTGACAAAGCG
RM463	12	TTCCCCTCCTTTTATGGTGC	TGTTCTCCTCAGTCACTGCG

BB、BC、BD、BE…CC、CD、CE…DD、DE…EE…，用 PopGene 32 计算等位变异（Na）、有效等位变异（Ne）、Nei's 基因多样性指数（I）、群体间的遗传距离并聚类。

2 结果与分析

2.1 102 份普通野生稻的 SSR 多态性比较

供试材料的遗传多样性指数见表 3，共检测出 110 个等位变异，平均 3.056 个，变幅为 1~5 个；有效等位变异数 49.485 个，平均为 1.375 个，变幅为 1.000~2.263；Nei's 基因多样性指数平均为 0.448，变幅为 0.000~1.009；表明供试材料有较丰富的遗传多样性。经分类统计分析显示，不同地理来源的普通野生稻遗传多样性表现为缅甸 > 云南景洪 > 云南元江 > 江西东乡；云南元江普通野生稻检测出的等位变异个数比云南景洪多 5 个，但有效等位变异、平均有效等位变异和 Nei's 基因多样性指数均比景洪普通野生稻要低，表明云南景洪普通野生稻较元江普通野生稻遗传多样性高；而原位保护下云南景洪和元江普通野生稻遗传多样性较异位保护低（0.131<0.498，0.035<0.264），表明云南景洪和元江普通野生稻在异位保护下遗传多样性在下降（表 4）。

2.2 102 份普通野生稻的遗传相似性及聚类分析

遗传相似性分析表明，供试材料遗传相似系数（Genetic similarity coefficient，GS）平均为 0.772，变幅为 0.260~1.000；GS 最小是来自元江异位保护的 WR75 与缅甸的 WR102；最大为 1.000，均为云南普通野生稻，共 14 组、包含了 46 份普通野生稻，其中 11 组包含了 31 份元江异位保护的普通野生稻，1 组包含 5 份元江异位保护和 1 份元江原位保护的普通野生稻，1 组包含 1 份元江异位保护和元江原位保护的普通野生稻，1 组包含了 6 份景洪原位保护的野生稻，表明元江异位保护和景洪原位保护的普通野生稻遗传相似性高。从聚类图（图 1）可见，在 GS=0.589 处可

表 3 102 份普通野生稻的 SSR 标记结果

Table 3 SSR marker results of 102 *Oryza rufipogon* Griff. samples

标记 Marker	染色体 Chromosome	等位变异数 Number of Na	有效等位变异数 Number of Ne	Nei's 基因多样性指数 I	标记 Marker	染色体 Chromosome	等位变异数 Number of Na	有效等位变异数 Number of Ne	Nei's 基因多样性指数 I
RM1	1	3	1.192	0.327	RM11	7	3	1.396	0.525
RM212	1	2	1.283	0.379	RM336	7	3	1.708	0.730
RM259	1	3	1.378	0.537	RM320	7	1	1.000	0.000
RM6	2	1	1.000	0.000	RM152	8	3	1.390	0.542
RM263	2	2	1.040	0.096	RM210	8	2	1.040	0.096
RM324	2	3	1.531	0.604	RM531	8	4	1.247	0.454
RM7	3	3	1.336	0.451	RM201	9	3	1.366	0.490
RM16	3	2	1.356	0.432	RM219	9	3	1.490	0.611
RM85	3	2	1.331	0.415	RM285	9	3	1.081	0.186
RM252	4	5	1.197	0.403	RM222	10	3	1.412	0.501
RM303	4	4	2.263	1.009	RM228	10	3	1.315	0.453
RM307	4	2	1.236	0.340	RM258	10	4	1.392	0.521
RM161	5	3	1.060	0.150	RM21	11	3	2.236	0.934
RM289	5	3	1.515	0.558	RM224	11	3	2.039	0.766
RM405	5	4	1.169	0.309	RM286	11	4	1.061	0.164
RM30	6	3	1.377	0.535	RM17	12	4	1.537	0.604
RM217	6	3	1.060	0.150	RM247	12	4	1.195	0.371
MR528	6	4	1.776	0.862	RM463	12	5	1.484	0.630
RM11	7	3	1.396	0.525	合计 Total		110	49.485	16.133
RM336	7	3	1.708	0.730	平均 Average		3.056	1.375	0.448

表 4　不同来源野生稻的多样性参数

Table 4　Genetic diversity parameters of *Oryza rufipogon* Griff. from different sources

来源 Source	等位变异数 Number of Na	平均等位变异数 Average of Na	有效等位变异数 Number of Ne	平均有效等位变异数 Average of Ne	Nei's 基因多样性指数 I
总供试材料 Total test materials	110	3.056	49.485	1.375	0.448
云南（异位保护） Yunnan (*Ex-situ* conservation)	77	2.139	43.708	1.214	0.273
云南（原位保护） Yunnan (*In-situ* conservation)	66	1.833	57.093	1.586	0.447
云南元江 Yuanjiang, Yunnan	76	2.111	42.676	1.185	0.236
云南景洪 Jinghong, Yunnan	71	1.972	53.419	1.484	0.437
元江（异位保护） Yuanjiang (*Ex-situ* conservation)	73	2.028	43.335	1.204	0.264
元江（原位保护） Yuanjiang (*In-situ* conservation)	38	1.056	37.600	1.044	0.035
景洪（异位保护） Jinghong (*Ex-situ* conservation)	66	1.833	60.845	1.690	0.498
景洪（原位保护） Jinghong (*In-situ* conservation)	46	1.278	41.498	1.1527	0.131
云南 Yunnan Province	80	2.222	47.198	1.311	0.364
江西东乡 Dongxiang, Jiangxi	49	1.361	47.467	1.319	0.230
缅甸 Myanmar	70	1.944	65.356	1.815	0.561

将供试材料分成Ⅰ和Ⅱ类，Ⅰ类中全部是来自中国（云南、江西）的普通野生稻，Ⅱ类中只有来自缅甸的 3 份普通野生稻，平均 GS 为 0.512。而在 GS=0.635 处可将Ⅰ类分成Ⅰ–1 和Ⅰ–2 类，Ⅰ–1 类包括江 2 份江西东乡普通野生稻、85 份云南元江普通野生稻，Ⅰ–2 类为云南景洪普通野生稻，原位保护的 8 份景洪普通野生稻平均 GS 为 0.993，异位保护的 4 份平均 GS 为 0.779；在 GS=0.699 处可进一步将Ⅰ–1 类分成Ⅰ–1–1 和Ⅰ–1–2 类，Ⅰ–1–1 类为云南元江普通野生稻，Ⅰ–1–2 类为江西东乡普通野生稻。可见，中国普通野生稻与缅甸普通野生稻遗传差异较大，云南元江普通野生稻与江西东乡普通野生稻遗传差异较小。

2.3　102 份普通野生稻的遗传分化分析

经 PopGene 32 对供试 6 个群体进行遗传分化分析，结果（表 5，图 2）显示，来自缅甸与江西东乡普通野生稻的遗传距离最大、为 0.802，与云南景洪异位保护的遗传距离最小、为 0.560。我国普通野生稻遗传距离则表现为江西东乡与云南景洪原位保护区的遗传距离最大，其次分别是元江原位保护、元江异位保护和景洪异位保护区。而云南普通野生稻之间遗传距离均较小，平均遗传距离为 0.087，云南元江原位保护与异位保护下的遗传距离为 0.027，云南景洪原位保护与异位保护下的遗传距离为 0.291；但云南元江原位保护与云南景洪原位保护下的遗传距离较大、为 0.748。表明供试材料之间的遗传距离与地理位置有很大的关联，存在明显的地域性。

3　讨论

自我国开展普通野生稻原生境保护工作以来，原生境保护的普通野生稻居群基本上能够代表中国普通野生稻的遗传多样性，并且保护了较多的等位变异[26]。但据报道我国 3 种野生稻原记载的 2 696 个居群现仅存 636 个，丧失率达 76.41%，其中普通野生稻的丧失率最高、达 78.53%，野生稻种质濒危状况极其严重[15]。梁新霞等[25]报道，20 世纪 80 年代以前，普通野生稻在西双版纳几乎随处可见，至 21 世纪初，云南原有 26 个普通野生稻分布点，仅剩下云南

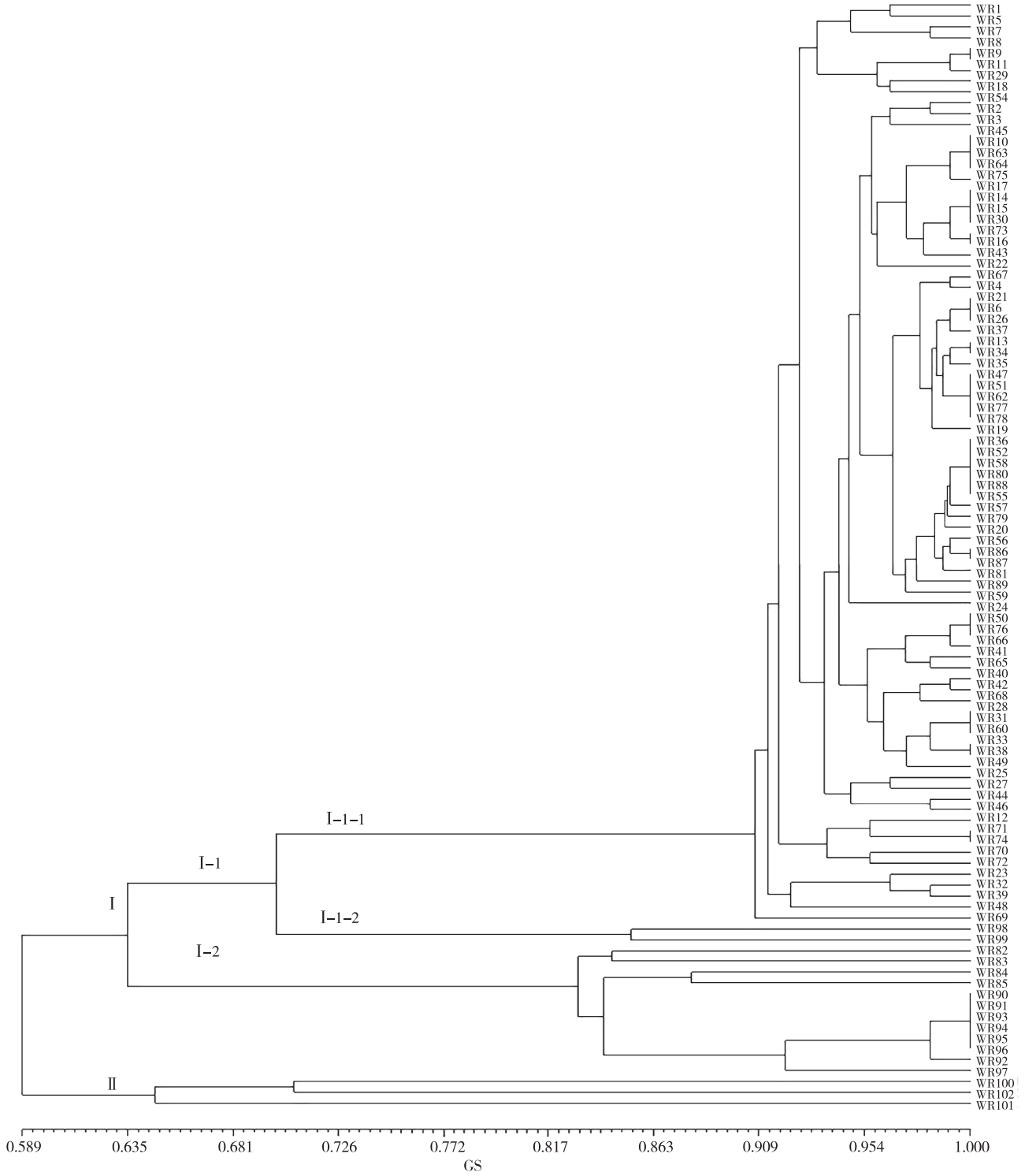

图 1　基于 SSR 分子标记数据的聚类分析

Fig. 1　Dendrogram of cluster analysis based on SSR markers data

表 5　不同来源普通野生稻群体间的遗传距离

Table 5　Genetic distance among populations of *Oryza rufipogon* Griff. from different sources

群体 Population	云南元江（异位保护） Yuanjiang, Yunnan (*Ex-situ* conservation)	云南景洪（异位保护） Jinghong, Yunnan (*Ex-situ* conservation)	云南元江（原位保护） Yuanjiang, Yunnan (*In-situ* conservation)	云南景洪（原位保护） Jinghong, Yunnan (*In-situ* conservation)	江西东乡 Dongxiang, Jiangxi	缅甸 Myanmar
云南元江（异位保护） Yuanjiang, Yunnan (*Ex-situ* conservation)	1.000					
云南景洪（异位保护） Jinghong, Yunnan (*Ex-situ* conservation)	0.099	1.000				
云南元江（原位保护） Yuanjiang, Yunnan (*In-situ* conservation)	0.027	0.135	1.000			
云南景洪（原位保护） Jinghong, Yunnan (*In-situ* conservation)	0.649	0.291	0.748	1.000		
江西东乡 Dongxiang, Jiangxi	0.486	0.481	0.552	0.702	1.000	
缅甸 Myanmar	0.724	0.560	0.778	0.606	0.802	1.000

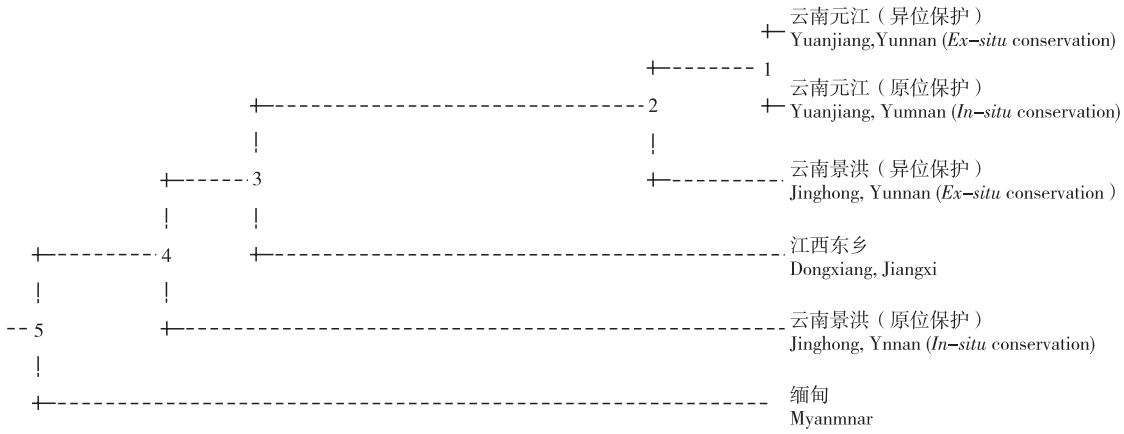

图 2　不同来源普通野生稻群体间聚类图

Fig. 2　Dendrogram of cluster analysis among populations of *Oryza rufipogon* Griff. from different sources

景洪和元江 2 个普通野生稻的分布点。本研究中，云南景洪普通野生稻原位保护点因机场扩建而被迫迁移，只采集到了仅存活的 8 株普通野生稻。结果显示，云南景洪原位保护区的 8 份普通野生稻遗传多样性（0.131）较异位保存区的 4 份（0.498）低，云南元江原位保护区的 4 份普通野生稻遗传多样性（0.035）较异位保存区的 81 份（0.264）低，这与李小湘等[19]、杨庆文等[28]得出的原位保护下普通野生稻遗传多样性高的结果不完全一致，其原因可能是原位保护与异位保护区取样数量不一致，或原位保护区的普通野生稻居群单一。居群数量及取样居群数与遗传多样性密切相关[31]，本研究中各来源的普通野生稻居群数量及取样数量不完全一致，并不能直接反映云南普通野生稻在原位保护下遗传多样性下降，但野生稻分布点正在急剧减少，从侧面可以推测云南普通野生稻原位居群减少会影响遗传多样性下降，为野生稻的原位保护发出警示。因此，建议完善原位保护管理机制，加强原生境保护点监测预警体系建设，对野生稻种质资源进行精准

全面的保护。

普通野生稻遗传分化表现出较为明显的地域性，且与地理位置及水系（河流）分布密切相关。黄娟等[20]研究表明，中国普通野生稻的遗传多样性较老挝、越南和柬埔寨高，但各地区的分布表现出明显的地域性，群体之间的遗传距离与地理位置及气候条件密切相关。梁新霞等[25]研究表明，缅甸的普通野生稻与云南景洪普通野生稻均在澜沧江流域，有着相似的气候，因此亲缘关系最近，红河流域（云南元江是红河上游）的云南元江普通野生稻与国内其他普通野生稻亲缘关系较近。柯学等[17]总结出水流系统对普通野生稻的遗传分化起着重要作用，云南境内的澜沧江、湄公河流向东南亚的缅甸、老挝，红河流向越南，珠江流向广西、广东，金沙江流向湖南和江西，形成了普通野生稻在中国及东南亚的分布。本研究聚类分析显示，在GS=0.635处可将供试材料划分为江西东乡普通野生稻、云南元江普通野生稻、云南景洪普通野生稻及缅甸普通野生稻居群，群体之间存在明显的地域性。云南元江和云南景洪普通野生稻一直被公认为是两个独特的居群，云南元江原位保护与景洪原位保护区的普通野生稻遗传距离为0.748，与江西东乡普通野生稻遗传距离为0.552，与缅甸普通野生稻遗传距离为0.778；而云南景洪原位保护区与缅甸普通野生稻遗传距离为0.606，与江西东乡普通野生稻遗传距离为0.702；表明云南景洪与缅甸普通野生稻遗传关系近，而云南元江与江西东乡普通野生稻遗传关系近。云南景洪和缅甸共属澜沧江、湄公河流域，主要为亚热带、热带气候；而云南元江虽属红河流域，分属红河水系，从地理位置上靠近红河北部，即靠近珠江水系，主要为干热气候；云南景洪和云南元江分属澜沧江－公河流流域和红河－珠江流域，气候差异也明显。这进一步印证了云南景洪和元江普通野生稻是连接中国和东南亚、南亚的一个过渡类型[25]等结论，对支持普通野生稻起源与进化的“印度阿萨姆邦—中国云南”学说具有一定的参考意义。

4 结论

供试102份普通野生稻具有丰富的遗传多样性，且在不同地区其多样性呈现出缅甸（0.561）>云南景洪（0.437）>云南元江（0.236）>江西东乡（0.230）的趋势，其遗传分化有明显的地域性，划分为缅甸、云南景洪、云南元江、江西东乡居群。云南元江与云南景洪普通野生稻之间的遗传距离为0.748，是两个独特的类型，表明两者有明显的遗传分化。

参考文献（References）：

[1] PAVNEET K, KUMARI N, PREETINDER S S, NAVNEET S S, YASHIKA W D, RENU K, YOGESH V, KULDEEP S. Mapping of a novel recessive brown planthopper resistance gene *bph46* from wild rice (*Oryza nivara*)[J]. *Euphytica*, 2024, 220(4):61–72. DOI:10.1007/s10681–024–03316–3.

[2] 翟李楠, 唐清杰, 周世圳, 周帮纪, 云勇, 王惠艰, 韩义胜, 邢福能, 严小微. 海南普通野生稻稻瘟病抗性鉴定与评价[J]. 植物遗传资源学报, 2024, 25(1):39–51. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20230523003.
ZHAI L N, TANG Q J, ZHOU S Z, ZHOU B J, YUN Y, WANG H J, HAN Y S, XING F N, YAN X W. Identification and evaluation of resistance to rice Blast in *Oryza rufipogon* Griff. in Hainan Province [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024, 25(1):39–51. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20230523003.

[3] 董丽英, 刘沛, 刘树芳, 张先闻, 杨勤忠. 云南元江普通野生稻稻瘟病菌无毒基因鉴定与分析[J]. 中国农学通报, 2023,39(18):117–122.
DONG L Y, LIU P, LIU S F, ZHANG X W, YANG Q Z. Analysis and identification of avirulence genes of magnaport from *Oryza rufipogon* Griff. in Yuanjiang of Yunnan Province[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2023,39(18):117–122.

[4] 卢源达, 钟巧芳, 王波, 张敦宇, 殷富有, 王玲仙, 程在全, 陈玲. 元江普通野生稻中抗白叶枯病基因鉴定与分析[J]. 华北农学报, 2023,38(2):199–205. DOI:10.7668/hbnxb.20193594.
LU Y D, ZHONG Q F, WANG B, ZHANG D Y, YIN F Y, WANG L X, CHENG Z Q, CHEN L. Identification and analysis of resistance genes to bacterial blight in Yuanjiang common wild rice[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2023, 38(2):199–205. DOI:10.7668/hbnxb.20193594.

[5] 杨庆文, 张万霞, 贺丹霞, 陈大洲, 戴陆园, 陈成斌, 黄坤德. 中国野生稻原生境保护方法研究[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(1): 63–67. DOI: 10.13430/j.cnki.jpgr.2003.01.013.
YANG Q W, ZHANG W X, HE D X, CHEN D Z, DAI L Y, CHEN C B, HUANG K D. Studies on *in-situ* conservation methods of wild rice in China[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2003, 4(1): 63–67. DOI: 10.13430/j.cnki.jpgr.2003.01.013.

[6] 徐志健, 王记林, 郑晓明, 范芝兰, 汤翠凤, 王新华, 刘文强, 朱业宝, 乔卫华, 杨庆文. 中国野生稻种质资源调查收集与保护[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(6):1337–1343. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20200420003.
XU Z J, WANG J L, ZHENG X M, FAN Z L, TANG C F, WANG X H, LIU W Q, ZHU Y B, QIAO W H, YANG Q W. Collection and

conservation of wild rice resources in China[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(6):1337–1343. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20200420003.

[7] 杨晓红, 周晋峰, 冯璐. 中国野生稻种质资源利用与保护[J]. 中国稻米, 2023, 29(1):1–8. DOI: 10.3969/j.issn.1006–8082.2023.01.001.
YANG X H, ZHOU J F, FENG L. Utilization and conservation of wild rice resources in China[J]. *China Rice*, 2023, 29(1):1–8. DOI: 10.3969/j.issn.1006–8082.2023.01.001.

[8] 邱江华. 野生稻的“芯”动力[N]. 海南日报, 2024–04–12(A06). DOI:10.28356/n.cnki.nhlrb.2024.001649.
QIU J H. The “chip” power of wild rice[N]. *Hainan Daily*, 2024–04–12(A06). DOI:10.28356/n.cnki.nhlrb.2024.001649.

[9] 宋明, 李飞, 王君瑞, 乔卫华, 王新华, 徐志健, 吕树伟, 汤翠凤, 王记林, 刘文强, 朱业宝, 郑晓明, 杨庆文. 中国普通野生稻重要农艺性状的遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(6):1512–1520. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20200206003.
SONG M, LI F, WANG J R, QIAO W H, WANG X H, XU Z J, LYU S W, TANG C F, WANG J L, LIU W Q, ZHU Y B, ZHENG X M, YANG Q W. Genetic diversity analysis of important agronomic traits of common wild rice germplasm accessions collected from China[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(6):1512–1520. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20200206003.

[10] 李杜娟, 陈雨, 潘大建, 曲延英, 陈全家, 范芝兰, 陈建酉, 李晨. 粤东地区普通野生稻表型多样性分析[J]. 广东农业科学, 2012, 39(2):13–17. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2012.02.053.
LI D J, CHEN Y, PAN D J, QU Y Y, CHEN Q J, FAN Z L, CHEN J Y, LI C. Phenotypic diversity of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in eastern region of Guangdong Province[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2012, 39(2):13–17. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2012.02.053.

[11] 刘维, 陈芬, 陈雨, 潘大建, 范芝兰, 陈建酉, 李晨. 粤北普通野生稻表型多样性研究[J]. 广东农业科学, 2010,37(8):21–24. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2010.08.029.
LIU W, CHEN F, CHEN Y, PAN D J, FAN Z L, CHEN J Y, LI C. Phenotypic diversity of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in northern region of Guangdong Province[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2010, 37(8):21–24. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2010.08.029.

[12] 郭辉, 陈灿, 夏秀忠, 杨行海, 梁树辉, 张晓丽, 徐志健, 农保选, 张宗琼, 冯锐. 广西普通野生稻种质资源抗褐飞虱评价与 SSR 遗传多样性分析[J]. 西南农业学报, 2023,36(11):2301–2310. DOI:10.16213/j.cnki.scjas.2023.11.001.
GUO H, CHEN C, XIA X Z, YANG X H, LIANG S H, ZHANG X L, XU Z J, NONG B X, ZHANG Z Q, FENG R. Evaluation of brown planthopper resistance and genetic diversity of *Oryza rufipogon* Griff. in Guangxi[J]. *Southwest ChinaJournal of Agricultural Sciences,* 2023, 36(11):2301–2310.DOI:10.16213/j.cnki.scjas.2023.11.001.

[13] 马小定, 唐江红, 张佳妮, 崔迪, 李慧, 黎毛毛, 韩龙植. 东乡野生稻与日本晴多态性标记的开发[J]. 作物学报, 2019,45(2):316–321. DOI:10.3724/SP.J.1006.2019.82037.
MA X D, TANG J H, ZHANG J N, CUI D, LI H, LI M M, HAN L Z. Development of molecular markers polymorphic between Dongxiang wild rice and *Geng* rice cultivar ‘Nipponbare’[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2019,45(2):316–321. DOI:10.3724/SP.J.1006.2019.82037.

[14] 江川, 朱业宝, 陈立喆, 张丹, 王金英. 漳浦野生稻表型遗传多样性分析及稻瘟病抗性评价[J]. 植物遗传资源学报, 2019, 20(5):1170–1177. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20190327003.
JIANG C, ZHU Y B, CHEN L Z, ZHANG D, WANG J Y. Phenotypic diversity analysis and resistance evaluation of riceblast in Zhangpu wild rice[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2019, 20(5):1170–1177. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20190327003.

[15] YANG Z Y, XU Z J, YANG Q W, QIAO W H. Conservation and utilization of genetic resources of wild rice in China[J]. *Rice Science*,2022,29(3):216–224. DOI: 10.1016/J.RSCI.2021.08.003.

[16] 潘大建, 范芝兰, 邹建运. 广东野生稻种质资源保护与育种利用[J]. 广东农业科学, 2022,49(9):92–104. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2022.09.010.
PAN D J, FAN Z L, ZOU J Y. Conservation and breeding utilization of wild rice germplasm resources in Guangdong Province[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2022,49(9):92–104. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2022.09.010.

[17] 柯学, 陈越, 殷富有, 钟巧芳, GHIDAN W, 阚东扬, 黄兴奇, 程在全. 普通野生稻在稻属中的分类进化及资源研究[J]. 分子植物育种, 2018, 16(4):1363–1376. DOI:10.13271/j.mpb.016.001363.
KE X, CHEN Y, YIN F Y, ZHONG Q F, GHIDAN W, KAN D Y, HUANG X Q, CHENG Z Q. Taxonomic evolution and resource research of *Oryza rufipogon* Griff. in phylogeny of *Oryza* and its advances[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2018,16(4):1363–1376. DOI:10.13271/j.mpb.016.001363.

[18] 杨庆文, 戴陆园, 时津霞, 张万霞, 任军方, 苗晗. 云南元江普通野生稻 (*Oryza ruf ipogon* Griff.) 遗传多样性分析及保护策略研究[J]. 植物遗传资源学报, 2004, 5(1): 1–5. DOI: 10.13430/j.cnki.jpgr.2004.01.001.
YANG Q W, DAI L Y, SHI J X, ZHANG W X, REN J F, MIAO H. Study of genetic diversity and conservation strategy of (*Oryza rufipogon* Griff.) in Yuanjiang[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2004, 5(1): 1–5. DOI: 10.13430/j.cnki.jpgr.2004.01.001.

[19] 李小湘, 段永红, 王淑红, 刘勇. 中国普通野生稻的原地保护及其遗传多样性研究进展[J]. 杂交水稻, 2007(5):1–6. DOI:10.16267/j.cnki.1005–3956.2007.05.002.
LI X X, DUAN Y H, WANG S H, LIU Y. Research progresses in the *in-situ* conservation and genetic diversity of the Chinese *Oryza rufipogon*[J]. *Hybrid Rice*, 2007(5):1–6. DOI:10.16267/j.cnki.1005–3956.2007.05.002.

[20] 黄娟, 高利军, 高菊, 卿冬进, 朱昌兰, 周维永. 亚洲 6 国普通野生稻群体遗传多样性分析[J]. 西南农业学报, 2019, 32(2):232–240. DOI:10.16213/j.cnki.scjas.2019.2.002.
HUANG J, GAO L J, GAO J, QIN D J, ZHU C L, ZHOU W Y. Analysis of genetic diversity on populations of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) from 6 countries in Asia[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2019, 32(2):232–240. DOI:10.16213/j.cnki.scjas.2019.2.002.

[21] 孙希平, 杨庆文. 中国与东南亚三国 (越、老、柬) 普通野生稻遗传多样性的比较研究[J]. 作物学报, 2009, 35(4): 679–684. DOI:

10. 3724/SP.J.1006.2009.00679.
SUN X P, YANG Q W. Comparative study on genetic diversity of wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in China and three countries in southeast Asia[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(4): 679–684. DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.00679.

[22] GE S, SCHAAL B A, GAO L Z, HONG D Y, OLIVEERA G C X. RAPD variation within and between natural populations of the wild rice *Oryza rufipogon* from China and Brazil[J]. *Heredity*, 1999, 82: 638–644. DOI: 10.1046/j.1365–2540.1999.00516.x.

[23] 王美兴,张洪亮,张冬玲,潘大建,李道远,范芝兰,齐永文,孙俊立,杨庆文, 李晨, 李自超 . 中国普通野生稻 (*O. rufipogon* Griff.) 的地理多样性与分化[J]. 科学通报, 2008, 53(22): 2768–2775.
WANG M C, ZHANG H L, ZHANG D L, PAN D J, LI D Y, FAN Z L, QI Y W, SUN J L, YANG Q W, LI C, LI Z C. Geographical diversity and differentiation of common wild rice (*O. rufipogon* Griff.) in China [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2008, 53(22): 2768–2775.

[24] 晏慧君, 付坚, 李俊, 黄兴奇, 王玲仙, 程在全 . 云南普通野生稻遗传多样性和亲缘关系[J]. 植物学通报, 2006, 23(6): 670–676. DOI: 10.3969/ j.issn.1674–3466.2006.06.008.
YAN H J, FU J, LI J, HUANG X Q, WANG L X, CHENG Z Q. Assessment of genetic diversity and relationship of *Oryza rufipogon* from Yunnan[J]. *Chinese Bulletin of Botany*, 2006, 23(6): 670–676. DOI: 10.3969/j.issn.1674–3466.2006.06.008.

[25] 梁新霞, 郑晓明, 刘莎, 王君瑞, 乔卫华, 张丽芳, 齐兰, 公婷婷, 苏龙, 丁鹰宾, 许睿, 程云连, 高爱农, 杨庆文 . 云南及周边普通野生稻遗传多样性及其分布特征研究[J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(3):390–395. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.2017.03.002.
LIANG X X, ZHENG X M, LIU S, WANG J R, QIAO W H, ZHANG L F, QI L, GONG T T, SU L, DING Y B, XU R, CHENG Y L, GAO A N, YANG Q W. Analysis on genetic diversity and the origin of *Oryza rufipogon* in Yunnan Province[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2017, 18(3):390–395. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.2017.03.002.

[26] 张师荣 . 蚕豆秸秆翻压还田对后作水稻化肥减施和产量的影响[J]. 江西农业学报, 2024,36(12):1–6.DOI:10.19386/j.cnki.jxnyxb.2024.12.001.
ZHANG S R. Effect of pressing and returning broad bean straw to field on fertilizer application reduction and yield in subsequent rice cultivation[J]. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2024,36(12):1–6. DOI:10.19386/j.cnki.jxnyxb.2024.12.001.

[27] 陈红萍, 刘金平, 刘素珍, 金兵华, 彭志勤, 高锦萍, 王记林, 王电文, 黄 成, 唐利娟, 邱在辉, 曹丰生 . 水稻耐淹基因的发掘及研究进展[J]. 江西农业学报, 2024,36(5):21–25.DOI:10.19386/j.cnki.jxnyxb.2024.05.004.
CHEN H P, LIU J P LIU S Z, JIN B H, PENG Z Q, GAO J P, WANG J L, WANG D W, HUANG C, TANG L J, QIU Z H, CAO F S. Discovery and research progress of submergence–tolerant genes in rice[J]. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2024,36(5):21–25.DOI:10.19386/j.cnki.jxnyxb.2024.05.004.

[28] 杨庆文, 余丽琴, 张万霞, 陈大洲, 时津霞, 任军方, 苗晗 . 原、异位保存普通野生稻种质资源的遗传多样性比较研究[J]. 中国农业科学, 2005, 38(6): 1073–1079.
YANG Q W, YU L Q, ZHANG W X, CHEN D Z, SHI J X, REN J F, MIAO H. Comparative studies on genetic diversities between *in-situ* and *ex-situ* conserved germplasm of *Oryza rufipogon*[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2005, 38(6): 1073–1079.

[20] WANG H R, VIEIRA F G, CRAWFORD J E, CHU C C, NIELSEN R. Asian wid ice is a hybrid swarm with extensive gene fiow and feralization from donesticated rice[J]. *Genome Research*, 2017, 27:1029–1038. DOI: 10.1101/gr.204800.116.

[30] 杨树明, 曾亚文, 罗小勇, 杜娟, 普晓英, 周国华, 李玉萍 . 农村经济活动对云南野生稻居群的影响[J]. 生态环境, 2007(3):1068–1072. DOI:10.16258/j.cnki.1674–5906.2007.03.070.
YANG S M, ZENG Y W, LUO X Y, DU J, PU X Y, ZHOU G H, LI Y P. Impact of the rural economic activity on the populations of Yunnan wild rice[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2007(3):1068–1072. DOI:10.16258/j.cnki.1674–5906.2007.03.070.

[31] 王效宁, 杨庆文, 云勇, 孟卫东 . 普通野生稻居群异位保护取样策略研究[J]. 中国农学通报, 2010, 26(7):303–306.
WANG X N, YANG Q W, YUN Y, MENG W D. Studies on the sampling strategy for *ex-situ* conservation of *Oryza rufipogon* Griff. [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2010, 26(7):303–306.

【责任编辑 马春敏】