

杂草稻、栽培稻及野生稻的遗传多样性比较

王黎明 李战胜 高旭华 沈雪峰 方越 陈勇

华南农业大学农学院, 广州 510642

摘要 用30对SSR引物比较来自不同省区的12份杂草稻、34份栽培稻及36份普通野生稻的遗传多样性,共检测出121个等位变异,每个SSR位点的等位变异数在2~6之间,平均为4.033个。杂草稻、栽培稻和野生稻的遗传多样性指数分别为0.288 2、0.351 5和0.489 9,每个位点在杂草稻、栽培稻、野生稻中的等位基因数平均值分别为2.10、2.27、3.53,说明野生稻的遗传多样性最大。杂草稻与栽培稻之间的遗传距离(0.049 4)明显小于其与普通野生稻间的遗传距离(0.583 8),表明杂草稻与栽培稻亲缘关系较近,而与野生稻的亲缘关系较远,即杂草稻很可能起源于栽培稻的返祖退化。

关键词 杂草稻;栽培稻;野生稻;遗传多样性;SSR

中图分类号 S 511 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2012)03-0275-06

杂草稻(*Oryza sativa* f. *spontanea*)是普通野生稻(*Oryza rufipogon*)和栽培稻(*Oryza sativa* L.)经过自然选择和人为干预产生的兼有野生稻和栽培稻特性的水稻类型,又叫杂草型稻或杂草种系^[1]。经过长期的自然选择,杂草稻积累了大量抗逆遗传因子,与栽培稻相比,杂草稻具有很强的竞争力,严重影响到水稻的产量和品质,给水稻生产带来巨大经济损失。杂草稻难于防除的原因之一是其与栽培稻具有相似的生物性状^[2]。作为稻种资源的一个特殊类型,相对于野生稻,杂草稻的特殊生物学性状和抗逆性等优良性状易于在育种中直接利用,是水稻品种改良的重要育种资源^[3]。杂草稻的遗传多样性越高,它对不同环境就可能具有更大的适应能力,也就越难获得有效的防除效果,因此杂草稻危害就会越大。

目前,杂草稻已广泛分布在世界各地的稻田中,随着近年来直播技术和免耕方式的推广,杂草稻对水稻的危害越来越大,寻找有效的治理杂草稻的措施已刻不容缓^[1]。要寻找防除杂草稻的有效措施,就必须充分掌握和理解杂草稻的遗传背景,包括遗传变异的大小,即遗传多样性和遗传结构。研究杂草稻的遗传多样性,并对其与栽培稻及野生稻之间的亲缘关系进行探讨,具有深远意义,不仅可以拓宽

栽培稻的遗传基础,更为杂草稻的起源问题提供参考依据。

SSR(simple sequence repeat)标记具有丰富的引物及较高的揭示多态性的能力,已成为目前水稻遗传多样性研究中最常用的一种分子标记方法。杂草稻SSR标记体系的建立并不困难,因为杂草稻与亚洲栽培稻属于同一物种,同一物种的SSR标记引物通常是保守的,甚至在同属的不同物种中都可以利用同样的SSR标记引物,如许多栽培稻的SSR引物可以直接用于普通野生稻的遗传分析^[4]。笔者用SSR标记对12份杂草稻和34份栽培稻以及36份普通野生稻的遗传多样性进行初步研究,探讨杂草稻与栽培稻、野生稻之间的亲缘关系,在此基础上进一步探讨了杂草稻的起源问题。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料共82份(表1),其中杂草稻12份(WR1~WR12),WR1~WR9的种子于2007年10月采自湛江雷州水田,编号为1~9,WR10~WR12由南京农业大学杂草研究室提供,编号为10~12;栽培稻34份,由广东省农业科学院水稻研究所和中国农业科学院作物科学研究所提供,编号13~46;

收稿日期:2011-05-16

基金项目:转基因生物新品种培育科技重大专项(2009ZX08012-020B)

王黎明,硕士研究生,研究方向:杂草稻的遗传特性。E-mail: liming189@163.com

通讯作者:陈勇,副教授,研究方向:杂草生物学与防治。E-mail: chenrong@scau.edu.cn

表 1 试验材料及来源

Table 1 Materials and sources

编号 No.	材料 Material	来源 Source	编号 No.	材料 Material	来源 Source
1	WR1	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	42	华粳 6 号 Huajing 6	江苏 Jiangsu
2	WR2	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	43	连粳 4 号 Lianjing 4	江苏 Jiangsu
3	WR3	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	44	华粳 5 号 Huajing 5	江苏 Jiangsu
4	WR4	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	45	南粳 42 Nanjing 42	江苏 Jiangsu
5	WR5	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	46	盐稻 8 号 Yandao 8	江苏 Jiangsu
6	WR6	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	47	S2060	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
7	WR7	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	48	S2061	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
8	WR8	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	49	S2035	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
9	WR9	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong	50	S2037	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
10	WR10	广东肇庆 Zhaoqing, Guangdong	51	S2033	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
11	WR11	江苏泰州 Taizhou, Jiangsu	52	S2040	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
12	WR12	辽宁丹东 Dandong, Liaoning	53	S2063	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
13	桂农占 Guinongzhan	广东 Guangdong	54	S2062	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
14	丰美占 Fengmeizhan	广东 Guangdong	55	S2047	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
15	合美占 Hemeizhan	广东 Guangdong	56	S2048	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
16	玉香油占 Yuxiangyouzhan	广东 Guangdong	57	S2049	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
17	银晶软占 Yinjingruanzhan	广东 Guangdong	58	S2055	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
18	细椽黄柳 Xizhuanhuangliu	华南地区 South China	59	S2056	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
19	尖头糯(占) Jiantounuozhan	华南地区 South China	60	S2039	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
20	糯(JG209) Nuo	华南地区 South China	61	S2051	广东湛江 Zhanjiang, Guangdong
21	大谷早 Daguzao	华南地区 South China	62	SXW003	广东遂溪 Suixi, Guangdong
22	白花儿 Baihuaer	华南地区 South China	63	SXW005	广东遂溪 Suixi, Guangdong
23	柳场籼 Liuchangxian	华南地区 South China	64	SXW006	广东遂溪 Suixi, Guangdong
24	白印 3 Baiyin 3	华南地区 South China	65	SXW008	广东遂溪 Suixi, Guangdong
25	增城香山占 Zengchengxiangshanzhan	华南地区 South China	66	SXW010	广东遂溪 Suixi, Guangdong
26	水早黄皮 Shuizaohuangpi	华南地区 South China	67	SXW012	广东遂溪 Suixi, Guangdong
27	印 2 东 7 Yin 2 dong 7	华南地区 South China	68	SXW015	广东遂溪 Suixi, Guangdong
28	迟毛占 Chimaozhan	华南地区 South China	69	GZW049	广东高州 Gaozhou, Guangdong
29	南雄苦瓜早 Nanxiongkuguazao	华南地区 South China	70	GZW054	广东高州 Gaozhou, Guangdong
30	良印 29 Yinyin 29	华南地区 South China	71	GZW057	广东高州 Gaozhou, Guangdong
31	东竹 2 号 Dongzhu 2	华南地区 South China	72	GZW062	广东高州 Gaozhou, Guangdong
32	洋占 3 Yangzhan 3	华南地区 South China	73	GZW064	广东高州 Gaozhou, Guangdong
33	长芒 Changmang	华南地区 South China	74	GZW067	广东高州 Gaozhou, Guangdong
34	光夜红米 Guangyehongmi	华南地区 South China	75	GZW072	广东高州 Gaozhou, Guangdong
35	细苗谷 Ximiaogu	华南地区 South China	76	QHW006	海南琼海 Qionghai, Hainan
36	大糯(占) Danuozhan	华南地区 South China	77	QHW009	海南琼海 Qionghai, Hainan
37	油占红 Youzhanhong	华南地区 South China	78	QHW010	海南琼海 Qionghai, Hainan
38	芽粳米 Yajingmi	华南地区 South China	79	QHW012	海南琼海 Qionghai, Hainan
39	油占 Youzhan	华南地区 South China	80	QHW014	海南琼海 Qionghai, Hainan
40	沈农 606 Shennong 606	辽宁 Liaoning	81	QHW017	海南琼海 Qionghai, Hainan
41	沈农 265 Shennong 265	辽宁 Liaoning	82	QHW027	海南琼海 Qionghai, Hainan

普通野生稻 36 份,由华南农业大学野生稻圃和广州野生稻圃提供,编号 47~82。

1.2 DNA 的提取

杂草稻、栽培稻和野生稻总 DNA 提取采用 SDS 法^[5]。

1.3 PCR 扩增反应

采用 20 μL 反应体系:10 \times Buffer 2 μL (含 15 mmol/ μL MgCl₂),Taq 酶 0.3 μL (5 U/ μL),0.4 μL (10 mmol/ μL) dNTPs,13 μL ddH₂O,引物 3 μL ,模板 DNA 50~100 ng。94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min,35 个循环,每循环 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 1 min,55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 1 min,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min,最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。引

物选用均匀分布于水稻 12 条染色体上、扩增效果好的 30 对 SSR 引物(表 2),由上海生工生物工程技术服务有限公司合成。

1.4 数据处理

PCR 扩增产物采用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,经银染、显影等程序获得扩增条带。根据朱作峰等^[6]统计方法,每对 SSR 引物检测 1 个位点,每条多态性带为 1 个等位基因,有此带时赋值“1”,无此带时赋值“0”。利用 POPGENE32 软件计算杂草稻、栽培稻、野生稻群体间遗传距离和各自群体内某一位点的等位基因数(A)、有效等位基因数(A_e)、遗传多样性指数(H_e)和 Shannon 多样性指数(I);利

表 2 引物序列

Table 2 The SSR primers used in this study

引物 Primers	染色体 Chromosome	引物序列(F,5'-3') Primers sequence	引物序列(R,5'-3') Primers sequence
RM9	1	GGTGCCATTGTGCGTCTC	ACGGCCCTCATCACCTTC
RM430	5	AAACAACGACGTCCCTGATC	GTGCCTCCGTGGTTATGAAC
RM500	7	GAGCTTGCCAGAGTGGAAG	GTTACACCGAGAGCCAGCTC
RM525	2	GGCCCGTCCAAGAAATATTG	CGGTGAGACAGAATCCTTACG
RM17	12	TGCCCTGTTATTTTCTTCTCTC	GGTGATCCTTTCCATTTC
RM164	5	TCTTGCCCGTCACTGCAGATATCC	GCAGCCCTAATGCTACAATTCTTC
RM206	11	CCCATGCGTTAACTATTCT	CGTTCCATCGATCCGTATGG
RM208	2	TCTGCAAGCCTGTCTGATG	TAAGTCGATCATTTGTGGACC
RM215	9	CAAAATGGAGCAGCAAGAGC	TGAGCACCTCCTTCTCTGTAG
RM217	6	ATCGCAGCAATGCCTCGT	GGGTGTGAACAAAGACAC
RM223	8	GAGTGAGCTTGGGCTGAAAC	GAAGGCAAGTCTTGGCACTG
RM224	11	ATCGATCGATCTTACGAGG	TGCTATAAAAGGCATTCGGG
RM226	4	AGCTAAGGTCTGGGAGAAACC	AAGTAGGATGGGGCACAAGCTC
RM228	10	CTGGCCATTAGTCCTTGG	GCTTGGCGCTCTGCTTAC
RM229	11	CACTCACAGAACGACTGAC	CGCAGGTTCTGTGAAATGT
RM231	3	CCAGATTATTTCTGAGGTC	CACTTGCATAGTTCTGCATTG
RM234	7	ACAGTATCCAAGGCCCTGG	CACGTGAGACAAAGACGGAG
RM241	4	GAGCCAAATAAGATCGCTGA	TGCAAGCAGCAGATTTAGTG
RM242	9	GGCCAACGTGTGATGTCTC	TATATGCCAAGACGGATGGG
RM249	5	GGCGTAAAGTTTTGCATGT	ATGATGCCATGAAGGTCAGC
RM253	6	TCCTTCAAGAGTGCAAAACC	GCATTGTCATGTGCAAGCC
RM262	2	CATTCCGTCTCGGCTCAACT	CAGAGCAAGGTGGCTTGC
RM304	10	TCAAACCGGCACATATAAGAC	GATAGGGAGCTGAAGGAGATG
RM321	7	CCAACACTGCCACTCTGTTC	GAGGATGGACACCTTGATCG
RM339	8	GTAATCGATGCTGTGGGAAG	GAGTCATGTGATAGCCGATATG
RM468	3	CCCTTCCTTGTGTGGCTAC	TGATTTCTGAGAGCCAACCC
RM515	8	TAGGACGACCAAAGGGTGAG	TGGCCTGTCTCTCTCTCTC
RM237	1	CAAATCCCGACTGTCTGTC	TGGGAAGAGAGCACTACAGC
RM519	12	AGAGAGCCCCTAAATTTCCG	AGGTACGCTCACCTGTGGAC
RM566	9	ACCCAACACTACGATCAGCTCG	CTCCAGGAACACGCTCTTTC

用 NTSYS 2.10 软件进行遗传距离分析,并绘制树状聚类图。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记位点多态性分析

30 对 SSR 标记引物对所有材料共检测到 121 条多态性带(表 3),由表 3 可以看出,每个位点的等位基因数变幅为 2~6 个,平均为 4.033 个。有效等位基因数最高为 4.034 5(RM206),最低为 1.159 6(RM215); Shannon 多样性指数变化范围为 0.302 9~1.515 7,说明不同位点在供试材料个体中分配的均匀性不同。

2.2 杂草稻、栽培稻及野生稻遗传多样性比较

每个 SSR 位点在杂草稻、栽培稻及野生稻中扩增出的平均等位基因数(A)、平均有效等位基因数(A_e)、遗传多样性指数(H_e)和 Shannon 多样性指数(I)等遗传多样性见表 4。杂草稻、栽培稻和野生稻

的遗传多样性表现出了较大差异,三者分别扩增出 22、26、30 个多态位点。野生稻的遗传多样性最高,多态位点百分率为 100%,各位点平均等位基因数为 3.533 3,遗传多样性指数为 0.489 9,Shannon 多样性指数为 0.862 2。杂草稻的遗传多样性最低,多态位点百分率只有 73.3%,各位点平均等位基因数为 2.100 0,遗传多样性指数为 0.288 2,Shannon 多样性指数为 0.447 2。栽培稻的遗传多样性介于野生稻和杂草稻之间。

2.3 杂草稻与栽培稻和野生稻之间的遗传距离

根据 SSR 分子标记结果,分别用“AA 或 BB(纯合子)”和“AB(杂合子)”记录条带。利用 POP-GENE32 软件计算杂草稻、栽培稻及野生稻三者群体之间的遗传距离(表 5)。杂草稻与栽培稻和野生稻之间的遗传距离分别是 0.049 4 和 0.583 8,遗传一致度分别是 0.951 8 和 0.557 8,表明杂草稻与栽培稻相似程度较高,亲缘关系较近。

表 3 不同位点相关参数¹⁾

Table 3 The relevant parameter of different locus

位点 Locus	染色体 Chromosome	A	A _e	I
RM9	1	6	2.787 2	1.293 1
RM430	5	5	1.299 8	0.491 0
RM500	7	6	1.729 1	0.892 4
RM525	2	4	1.412 8	0.557 7
RM17	12	4	2.432 8	1.024 8
RM164	5	4	2.619 9	1.071 8
RM206	11	6	4.034 5	1.515 7
RM208	2	4	1.954 4	0.780 7
RM215	9	3	1.159 6	0.302 9
RM217	6	4	2.538 3	1.085 5
RM223	8	3	2.280 6	0.944 4
RM224	11	4	3.073 1	1.164 5
RM226	4	3	2.704 2	1.042 6
RM228	10	5	3.559 0	1.396 9
RM229	11	5	2.026 8	1.009 3
RM231	3	4	1.418 4	0.556 9
RM234	7	3	1.526 9	0.620 4
RM241	4	6	2.967 0	1.320 9
RM242	9	2	1.926 6	0.674 0
RM249	5	4	1.559 9	0.706 4
RM253	6	4	2.543 7	1.053 4
RM262	2	3	2.516 0	0.986 0
RM304	10	6	3.214 2	1.411 7
RM321	7	3	1.160 5	0.312 5
RM339	8	5	2.391 2	1.159 8
RM468	3	3	1.745 6	0.688 5
RM515	8	2	1.945 9	0.679 2
RM237	1	3	2.147 0	0.849 6
RM519	12	3	2.018 3	0.743 0
RM566	9	3	2.225 7	1.240 6
平均 Mean		4.033 3	2.264 0	0.919 2

1)A:等位基因 Allele; A_e:有效等位基因数 The number effective allele; I:Shannon 指数 Shannon index. 下同 The same as below.

表 4 杂草稻、栽培稻和野生稻的遗传多样性参数¹⁾

Table 4 The parameter of genetic diversity about weedy rice, cultivated rice and wild rice

群体 Colony	PN	PNP	A	A _e	H _e	I
杂草稻 Weedy rice	22	73.3	2.100 0	1.475 7	0.288 2	0.447 2
栽培稻 Cultivated rice	26	86.7	2.266 7	1.656 2	0.351 5	0.545 7
野生稻 Wild rice	30	100.0	3.533 3	2.212 2	0.489 9	0.862 0

1)PN:多态位点数 Polymorphic site number; PNP:多态位点百分率 Polymorphic site number percent; H_e:遗传多样性指数 The index of genetic diversity.

表 5 Nei's 遗传距离和遗传一致度

Table 5 Nei's genetic distance and genetic identity

群体 Colony	杂草稻 Weedy rice	栽培稻 Cultivated rice	野生稻 Wild rice
杂草稻 Weedy rice	* * * *	0.951 8	0.557 8
栽培稻 Cultivated rice	0.049 4	* * * *	0.643 6
野生稻 Wild rice	0.583 8	0.440 7	* * * *

2.4 聚类分析

利用 NTSYS 2.10 软件对所有供试材料进行聚类分析,图 1 在一定程度上揭示了杂草稻与栽培稻、野生稻的遗传关系。整个聚类图可以明显地划分为两大类,第一大类为杂草稻和栽培稻材料,第二大类为野生稻材料,说明杂草稻和栽培稻遗传关系相对较近,与野生稻的遗传关系相对较远。由图 1 可以看出,以遗传距离 0.68 为界,第一大类又可明

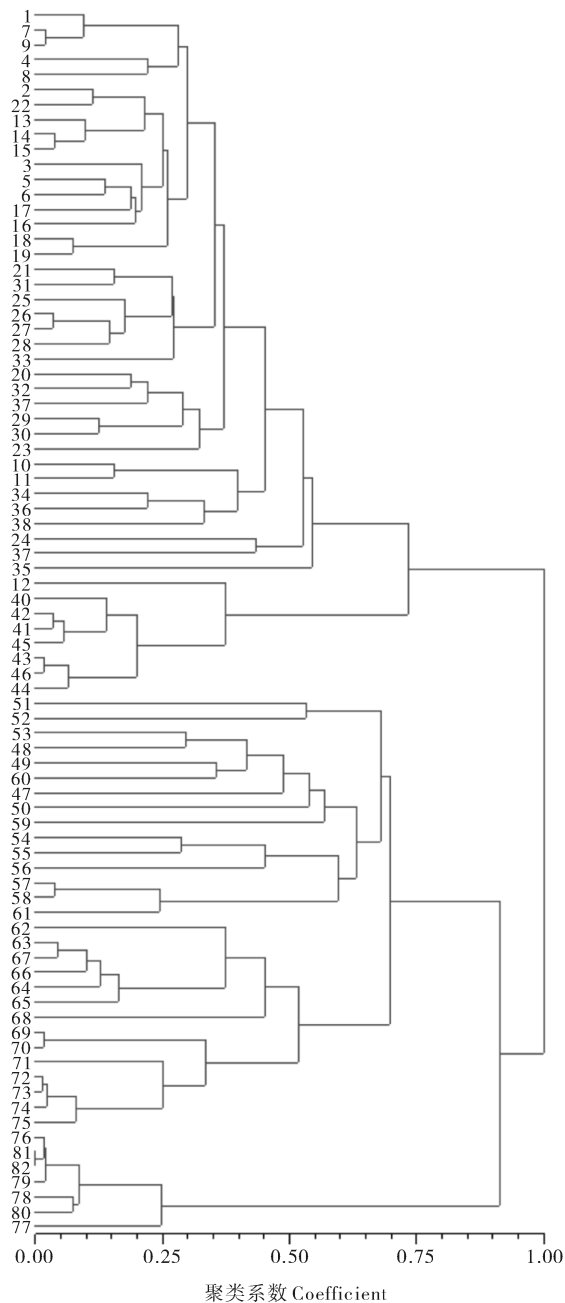


图 1 杂草稻、栽培稻和野生稻聚类关系图

Fig. 1 The clustering relationship about weedy rice, cultivated rice and wild rice

显的分为 2 组, 辽宁丹东杂草稻 WR12 单独与来自辽宁与江苏的栽培稻组成一组, 其余杂草稻和栽培稻材料组成一组, 其中来自广东湛江的 9 份杂草稻之间及其与广东地区栽培稻主栽品种之间遗传关系相对较近; 广东肇庆杂草稻 W10 与江苏泰州杂草稻 W11 距离最近, 二者与籼型栽培稻 R0196、R2011、

R2183 的遗传关系相对较近。

除去栽培稻, 将杂草稻与野生稻材料进行聚类分析, 由图 2 可以看到, 所有杂草稻材料中, 来自辽宁丹东的杂草稻 W12 与野生稻材料成为一组, 其余杂草稻材料则与野生稻遗传距离较远。

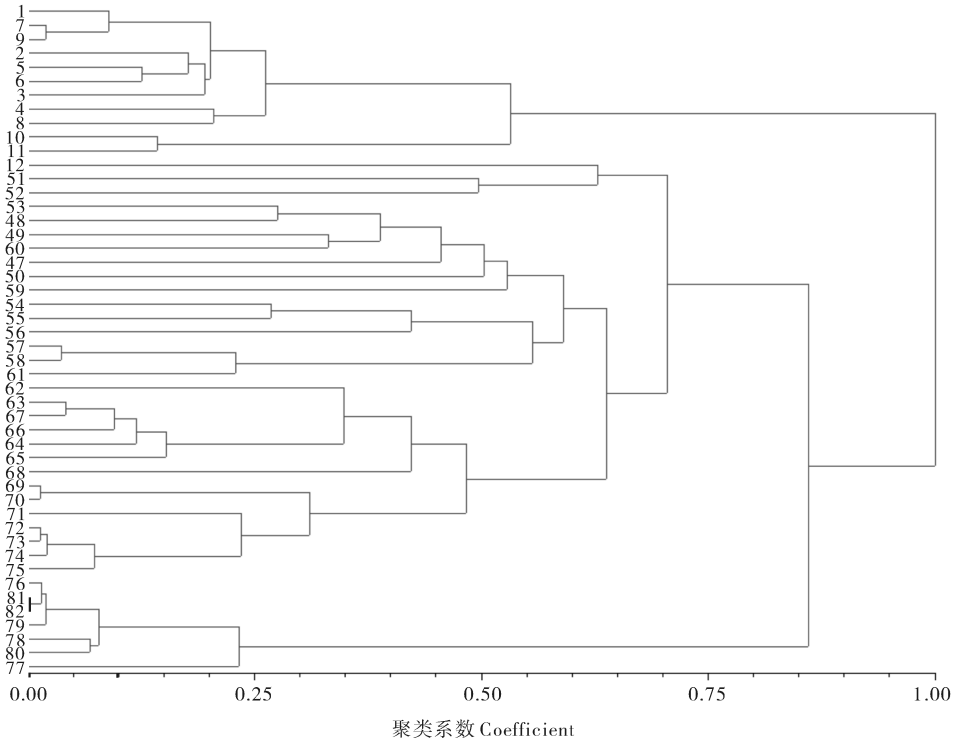


图 2 杂草稻和野生稻聚类关系图

Fig. 2 The clustering relationship about weedy rice and wild rice

3 讨论

本研究中的 30 个 SSR 位点检测结果表明, 野生稻的遗传多样性最高, 栽培稻次之。虽然杂草稻的遗传多样性没有栽培稻和野生稻高, 但其遗传多样性还是比较丰富的 (多态位点百分率 73.3%, $A_e = 1.4757$, $H_e = 0.2882$, $I = 0.4472$)。杂草稻的群体分化比较复杂, 不能按照地理分布进行区分, 如广东肇庆杂草稻 W10 与来自广东湛江的杂草稻遗传关系较远, 而与江苏泰州杂草稻 W11 遗传关系最近。本研究中杂草稻与栽培稻的遗传关系相对较近, 杂草稻个体和栽培稻个体之间遗传距离的远近与地理分布有一定的联系, 但也不是绝对的, 如来自广东的杂草稻 (W1~W10) 与广东省栽培稻主栽品种和华南地区栽培稻品种之间的遗传距离相对较近, 来自辽宁的杂草稻 W12 与辽宁栽培稻品种遗传

距离相对较近, 而来自江苏泰州的杂草稻 W11 与江苏栽培稻遗传距离相对较远, 与华南地区栽培稻遗传距离相对较近。

目前, 关于杂草稻的研究报道已有一百多年的历史, 但对于杂草稻的起源问题不是非常确切, 主要有以下观点: ①野生型稻和栽培稻之间的自然杂交^[7]; ②栽培稻的返祖退化类型^[8]; ③栽培稻离散型之间的杂交^[9]; ④栽培稻与野生稻之间的基因渗入^[10]。马殿荣等^[11]通过对中国辽宁稻区的杂草稻遗传多样性及群体分化的研究, 发现中国辽宁杂草稻与当地粳型栽培稻血缘关系很近, 与籼稻和野生稻的遗传关系较远, 很可能起源于当地栽培稻品种, 而在亚洲很可能是分散起源的^[12]。

本研究中, 广东湛江杂草稻 W1~W9 与广东肇庆杂草稻 W10 与当地栽培稻亲缘关系很近, 推测可能是当地栽培稻之间的杂交类型。江苏泰州杂草稻

W11 与当地栽培稻品种(粳型)遗传距离相对较远,而与华南地区籼型栽培稻品种 R0196、R2011 遗传距离相对较近,由于本研究中没有江苏地区的籼型栽培稻品种,无法知道 W11 与当地籼型栽培稻遗传距离的远近,因此推测其可能是由亲缘关系较远的栽培稻杂交而来。辽宁丹东杂草稻 W12 与当地栽培稻亲缘关系很近,并且与其他杂草稻相比,与野生稻的遗传距离相对较近,而辽宁省是没有野生稻分布的^[13],因此推测 W12 可能是当地栽培稻的返祖退化类型,这一结论与马殿荣等^[11]的结论相同。

参 考 文 献

- [1] SHIVRAIN V K, BURGOS N R, SCOTT R C, et al. Diversity of weedy red rice (*Oryza sativa* L.) in Arkansas, U. S. A. in relation to weed management [J]. *Crop Prot*, 2010, 29(7): 721-730.
- [2] OLGUIN E R, ARRIETA-ESPINOZA G, LOBO J, et al. Assessment of gene flow from a herbicide-resistant indica rice (*Oryza sativa* L.) to the Costa Rican weedy rice (*Oryza sativa*) in Tropical America: factors affecting hybridization rates and characterization of F₁ hybrids [J]. *Transgenic Res*, 2009, 18(4): 633-647.
- [3] SHIVRAIN V K, BURGOS N R, AGRAMA H A, et al. Genetic diversity of weedy red rice (*Oryza sativa*) in Arkansas, USA [J]. *Weed Res*, 2010, 50(4): 289-302.
- [4] CAO Q J, LU B R, XIA H, et al. Genetic diversity and origin of weedy rice (*Oryza sativa* f. spontanea) populations found in north-eastern China revealed by simple sequence repeat (SSR) markers [J]. *Ann Bot*, 2006, 98: 1241-1252.
- [5] CHEN H, RANGASAMY M, TAN S Y, et al. Evaluation of five methods for total DNA extraction from western corn root-worm beetles [J]. *PLoS one*, 2010, 5(8): e11963.
- [6] 朱作峰, 孙传清, 付永彩, 等. 用 SSR 标记比较亚洲栽培稻与普通野生稻的遗传多样性 [J]. *中国农业科学*, 2002, 35(12): 1437-1441.
- [7] BRES-PATRY C, ORIEUX M, LEMENT G, et al. Heredity and genetic mapping of domestication-related traits in a temperate japonica weedy rice [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 102(1): 118-126.
- [8] 程林, 韩飞, 袁潜华. 转基因稻向栽培稻及其稻属植物的基因漂流研究进展 [J]. *贵州科学*, 2007, 25(4): 42-46.
- [9] ISHIKAWA R, TOKI N, IMAI K, et al. Origin of weedy rice grown in Bhutan and the force of genetic diversity [J]. *Genet Resour Crop Ev*, 2005, 52(4): 395-403.
- [10] NOLAN C K, ERIC J B. The origins of weedy rice [J]. *Mol Ecol*, 2007, 16(21): 4423-4425.
- [11] 马殿荣, 李茂柏, 王楠, 等. 中国辽宁省杂草稻遗传多样性及群体分化研究 [J]. *作物学报*, 2008, 34(3): 403-411.
- [12] 黄燕红, 才宏伟, 王象坤. 亚洲栽培稻分散起源的研究 [J]. *植物遗传资源学报*, 2003, 4(3): 185-190.
- [13] YU G Q, BAO Y, SHI C H, et al. Genetic diversity and population differentiation of Liaoning weedy rice detected by RAPD and SSR markers [J]. *Biochem Genet*, 2005, 43(5/6): 261-270.

Genetic diversities among weedy rices, cultivated rices and wild rices

WANG Li-ming LI Zhan-sheng GAO Xu-hua SHEN Xue-feng FANG Yue CHEN Yong

College of Agronomy, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

Abstract The genetic diversities of 12 weedy rices, 34 cultivated rices and 36 wild rices were investigated by using 30 pairs of SSR primers, 121 polymorphic bands were found, each SSR loci has 2-6 alleles, with an average number of 4.03. The genetic diversity index of weedy rice, cultivated rice and wild rice was 0.288 2, 0.351 5 and 0.489 9, respectively. The average alleles of each loci were 2.1, 2.27 and 3.53, respectively. This indicated that the genetic diversity of weedy rice was lower than that of cultivated rice and wild rice. The genetic distance between weedy rice and cultivated rice (0.049 4) was smaller significantly than that between weedy rice and wild rice, suggesting that the genetic relationship between weedy rice and cultivated rice was relatively closer and that weedy rice was probably degenerated atavistically from cultivated rice.

Key words weedy rice; cultivated rice; wild rice; genetic diversities; SSR