

稻属 AA 染色体组 8 个种间 SSR 多样性与亲缘关系

杨致荣^{1,2} 李润植² 魏兴华^{1,*}

(¹中国水稻研究所 水稻生物学国家重点实验室, 浙江 杭州 310006; ²山西农业大学 生物工程中心, 山西 太谷 030801; * 通讯联系人)

SSR Analysis on Diversity and Genetic Relationship Among Eight AA genome *Oryza* Species

YANG Zhi rong^{1,2}, LI Run zhi², WEI Xing hua^{1,*}

(¹State Key Laboratory of Rice Biology, China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China; ²Center for Agricultural Biotechnology, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China; * Corresponding author)

Abstract: Genetic diversity and interrelationships among the eight AA genome *Oryza* species were investigated. A total of 42 accessions of 8 AA genome rice species were genotyped by using 30 simple sequence repeat (SSR) markers, which are evenly distributed throughout the rice genome. All of the 30 SSR markers generated polymorphic bands, revealing 100% polymorphism. The number of alleles (A) per locus ranged from 3 to 10 with an average of 7.47 alleles. Average effective allele number per locus (Ae) varied from 1.25 to 8.91 with a mean level of 5.45. Shannon's index (I) per locus averaged 1.826 and was various from 0.454 to 2.386, and Nei's gene diversity index (H_e) ranged from 0.199 to 0.888 with an average of 0.774. The 42 accessions were grouped into 3 major clusters (Africa, Asia and South America group) according to SSR-based dendrogram constructed by the unweighted pair group method with arithmetic average (UPGMA). Integrated analysis of clustering, Nei's genetic distance and SSR polymorphic band patterns in the tested rice materials revealed that the highest genetic relation was presented between *O. sativa* and *O. rufipogon*, *O. glaberrima* and *O. barthii*. Weedy rice (*O. spontanea*) had a closer genetic relationship with *O. rufipogon* and *O. sativa*, whereas *O. glumaepatula* and *O. longistaminata* are genetically distant to other AA genome *Oryza* species. The results also demonstrated that SSR analysis was a powerful method for detecting polymorphisms among the different AA genome *Oryza* accessions.

Key words: *Oryza*; AA genome; simple sequence repeat marker; diversity; genetic relationship

摘要: 选用平均分布于水稻基因组的 30 对 SSR 引物, 对 AA 染色体组 8 个野生稻种共 42 份材料的遗传多样性及遗传关系进行了研究。结果显示, 本试验选取的 30 个 SSR 标记均具有多态性, 多态性位点百分率为 100%。30 个多态性位点共扩增出的等位基因数为 224, 每个位点可扩增出 3~10 个等位基因, 平均 7.47 个; 等位基因有效数 (Ae) 变幅为 1.25~8.91, 平均 5.45。多样性指数中, Shannon 多样性指数 (I) 为 0.454~2.386, 平均 1.826; 而 Nei 基因多样性指数变幅为 0.199~0.888, 平均 0.774。系统聚类和带型分析结果表明, 亚洲栽培稻 (*Oryza sativa*) 与普通野生稻 (*O. rufipogon*) 的亲缘关系最近, 非洲栽培稻 (*O. glaberrima*) 则与巴蒂野生稻 (*O. barthii*) 关系最为密切, 杂草稻 (*O. spontanea*) 与普通野生稻 (*O. rufipogon*)、亚洲栽培稻 (*O. sativa*) 之间有较近的亲缘关系, 而展颖野生稻 (*O. glumaepatula*)、长雄蕊野生稻 (*O. longistaminata*) 与 AA 组其他稻种之间的亲缘关系较远。

关键词: 稻属; AA 染色体组; 简单重复序列标记; 多样性; 亲缘关系

中图分类号: Q943; S511.02

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2006)06-0589-07

水稻 (*Oryza sativa* L.) 是世界主要粮食作物和最古老的作物之一, 全球 1/2 以上人口以稻米作为主食^[1]。近年来, 由于改良品种的广泛应用和育种者对亲本选择的偏好, 造成水稻遗传基础狭窄和遗传脆弱性问题日渐突出。据估计, 从野生稻中发掘抗病虫基因的几率约为栽培稻的 50 倍, 而且野生稻可能是某种病虫害的惟一抗源^[2]。因此, 发掘利用野生稻有利基因, 拓宽栽培稻遗传基础, 已引起水稻育种家的普遍关注。研究表明, 稻属种间形态性状和基因型高度分化为 10 种染色体组型, 即 AA、BB、CC、BBCC、CCDD、EE、FF、GG、HHJJ 和 HHKK^[3-5], 其中亚洲栽培稻 (*O. sativa* L.)、非洲栽培稻 (*O. glaberrima* Steud.)、巴蒂野生稻 (*O.*

barthii A. Chev.)、展颖野生稻 (*O. glumaepatula* Steud.)、长雄蕊野生稻 (*O. longistaminata* Chev. et Roehr.)、南方野生稻 (*O. meridionalis* Ng.)、一年生野生稻 (*O. nivara* Sharma et Shastry)、普通野生稻 (*O. rufipogon* Griff.) 和一年生杂草稻 (*O. spontanea*) 同属分布甚广的稻属 AA 染色体组, 其中两个栽培种间亲缘关系较近。

目前, 国内外许多学者已用等位酶^[6]、RFLP^[7]、RAPD^[8-9]、AFLP^[10]、SSR^[9] 和 ISSR^[11] 等标记研究稻属尤其是普通野生稻和栽培稻间多样

收稿日期: 2006-03-16; 修改稿收到日期: 2006-05-17。

基金项目: 国家 973 计划资助项目 (2004CB117201)。

第一作者简介: 杨致荣 (1978-), 女, 硕士, 讲师。

性及其演化关系,取得了明显进展,但对其 AA 染色体组种间多样性及其与典型栽培稻间的系统报道甚少,普通野生稻(*O. rufipogon*)、尼瓦拉野生稻(*O. nivara*)和一年生杂草稻(*O. spontanea*)间的遗传关系仍存在争议^[3-5]。因此,本研究选用均匀分布于水稻 12 条染色体上多态性较好的 30 对 SSR 引物,研究来自不同国家和地区的稻属 AA 染色体组 8 个种(类型)42 份材料的遗传多样性及其亲缘关系。这不仅有利于提高稻属 AA 染色体组优异基因的利用效率,也为资源鉴定、保护和育种利用提供理

论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

选取稻属 AA 染色体组代表性强的 8 个种(类型)共 42 份材料(表 1),其中亚洲栽培稻籼、粳亚种各 5 个品种;非洲栽培稻、巴蒂野生稻、展颖野生稻、长雄蕊野生稻、一年生野生稻、一年生杂草稻和部分普通野生稻来自国际水稻研究所,其余材料由中国水稻研究所种质库提供。

表 1 试验材料

Table 1. List of rice materials tested.

样品名称 Sample	种 Species	原产地 Origin
Tob 15132	巴蒂野生稻 <i>O. barthii</i>	非洲 Africa
IRGC101196	巴蒂野生稻 <i>O. barthii</i>	喀麦隆 Cameroon
Acc.101242	巴蒂野生稻 <i>O. barthii</i>	非洲 Africa
IRGC103525	非洲栽培稻 <i>O. glaberrima</i>	马里 Mali
BARTA TAZO	非洲栽培稻 <i>O. glaberrima</i>	尼日利亚 Nigeria
IRGC102251	非洲栽培稻 <i>O. glaberrima</i>	利比亚 Libya
TOG7235	非洲栽培稻 <i>O. glaberrima</i>	马里 Mali
IRGC103810	展颖野生稻 <i>O. glaberrima</i>	委内瑞拉 Venezuela
IRGC104977	长雄蕊野生稻 <i>O. longistaminata</i>	肯尼亚 Kenya
IRGC104075	长雄蕊野生稻 <i>O. longistaminata</i>	尼日利亚 Nigeria
陆财号 Lucaihao	亚洲栽培稻籼亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>indica</i>	中国福建 Fujian, China
田基度 Tianjidu	亚洲栽培稻籼亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>indica</i>	中国广西 Guangxi, China
莲塘早 4 号 Liantangzao 4	亚洲栽培稻籼亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>indica</i>	中国江西 Jiangxi, China
Cisadane	亚洲栽培稻籼亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>indica</i>	印度尼西亚 Indonesia
SWARNALATA	亚洲栽培稻籼亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>indica</i>	孟加拉 Bengal
三粒寸 Sanlicun	亚洲栽培稻粳亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>japonica</i>	中国陕西 Shaanxi, China
三葵七十箩 Sanbangqishiluo	亚洲栽培稻粳亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>japonica</i>	中国云南 Yunnan, China
青稻 Qingdao	亚洲栽培稻粳亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>japonica</i>	中国浙江 Zhejiang, China
SABANA 6	亚洲栽培稻粳亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>japonica</i>	哥伦比亚 Columbia
MONEA	亚洲栽培稻粳亚种 <i>O. sativa</i> spp. <i>japonica</i>	印度尼西亚 Indonesia
CNW163	一年生野生稻 <i>O. nivara</i>	柬埔寨 Cambodia
CNW164	一年生野生稻 <i>O. nivara</i>	柬埔寨 Cambodia
CNW176	一年生野生稻 <i>O. nivara</i>	泰国 Thailand
CNW177	一年生野生稻 <i>O. nivara</i>	泰国 Thailand
IRGC106113	一年生野生稻 <i>O. nivara</i>	印度 India
IRGC106111	一年生野生稻 <i>O. nivara</i>	印度 India
FJ 1	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	中国福建 Fujian, China
R1-1	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	中国广东 Guangdong, China
GX-3000	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	中国广西 Guangxi, China
YD6 192	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	中国湖南 Hunan, China
D1-1	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	中国江西 Jiangxi, China
CNW242	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	菲律宾 Philippine
CNW222	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	柬埔寨 Cambodia
CNW217	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	马来西亚 Malaysia
CNW229	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	孟加拉 Bengal
CNW231	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	印度尼西亚 Indonesia
CNW149	一年生杂草稻 <i>O. spontanea</i>	孟加拉 Bengal
CNW150	一年生杂草稻 <i>O. spontanea</i>	孟加拉 Bengal
CNW148	一年生杂草稻 <i>O. spontanea</i>	泰国 Thailand
CNW146	一年生杂草稻 <i>O. spontanea</i>	泰国 Thailand
CNW151	一年生杂草稻 <i>O. spontanea</i>	印度 India
CNW194	一年生杂草稻 <i>O. spontanea</i>	印度 India

1.2 核基因组 DNA 的提取

在分蘖盛期取幼叶顶部约 2 cm,按郑康乐等^[12]的 DNA 微量提取法进行 DNA 的提取和纯化。

1.3 SSR 引物及 PCR 扩增

选取均匀分布于 12 条染色体上多态性较好的 30 对引物进行 SSR 分析。所有引物由上海生工生物工程技术有限公司合成,具体引物及所属染色体列于表 2。

采用 MJ Research 公司的 PTC-200 扩增仪进行 PCR 扩增。采用 10 μL 反应体系,包括:4.1 μL ddH₂O,1 μL 10 × PCR Buffer,0.8 μL MgCl₂ (25 mmol/L),1 μL dNTPs (2.0 mmol/L),1 μL 引物(33 μg/mL),0.1 μL Taq 酶(5 U/μL),1 μL DNA 模板(30 ~ 50 ng/μL)。反应程序为:94 下

预变性 1 min,94 下 45 s,55 下 45 s(退火温度随引物而变),72 下 1 min,30 个循环,最后 72 下延伸 8 min,10 保温。

扩增产物在 2.5% 的 Metaphor 琼脂糖凝胶上电泳分离,用溴化乙锭(EB)染色检测。若同一引物在不同的材料上呈现出两个或两个以上迁移率不同的带,视为具有多态性,该引物则为多态性引物。

1.4 统计分析

SSR 是共显性标记,同一引物扩增产物中电泳迁移率一致的条带被认为具有同源性。每个 SSR 引物作为一个位点,视每一扩增条带为一个性状,有此带记为 1,没有的记为 0。按照带的有无构建多态性条带个数和材料之间的二进制矩阵,将 1/0 形式进行数据转换。应用 POPGENE 32 统计软件^[13],计算多态性位点百分率(*P*)、等位基因观察数(*A*)、

表 2 不同 SSR 位点的相关遗传参数

Table 2. Genetic parameters of different SSR loci identified.

位点 Locus	染色体 Chromosome ¹⁾	等位基因数 Allele number (A)	等位基因有效数 Effective allele number (Ae)	Nei 基因多样性指数 Nei's gene diversity (He)	Shannon 多样性指数 Shannon's index (I)
RM1	1S	8	3.25	0.693	1.557
RM246	1L	8	5.51	0.819	1.902
RM71	2S	9	6.75	0.852	2.134
RM250	2L	7	3.66	0.727	1.582
RM22	3S	8	5.47	0.817	1.967
RM16	3L	7	4.27	0.766	1.740
RM273	4S	7	1.68	0.404	0.905
RM249	5S	7	6.30	0.841	2.104
RM13	5L	10	8.59	0.884	2.327
RM225	6S	7	4.34	0.770	1.693
RM343	6L	3	2.26	0.557	0.938
RM30	6L	7	5.25	0.810	1.948
RM70	7S	7	6.35	0.842	1.953
RM82	7S	7	5.69	0.824	1.966
RM192	7L	4	1.25	0.199	0.454
RM10	7L	6	3.26	0.693	1.348
RM25	8S	7	6.56	0.848	2.098
RM149	8L	9	8.56	0.883	2.295
RM264	8L	9	7.07	0.859	2.137
RM219	9S	8	5.55	0.820	1.905
RM201	9L	10	7.52	0.867	2.221
RM205	9L	10	7.24	0.862	2.264
RM228	10S	6	5.22	0.808	1.803
RM216	10S	8	4.31	0.768	1.773
RM244	10L	7	4.98	0.799	1.782
RM206	11S	8	5.83	0.828	1.857
RM167	11L	7	8.91	0.888	2.386
RM21	11L	8	6.90	0.855	2.030
RM17	12S	6	4.64	0.785	1.611
RM19	12L	9	6.30	0.841	2.104
Mean		7.47	5.45	0.774	1.826

S, Short arm of chromosome; L, Long arm of chromosome.

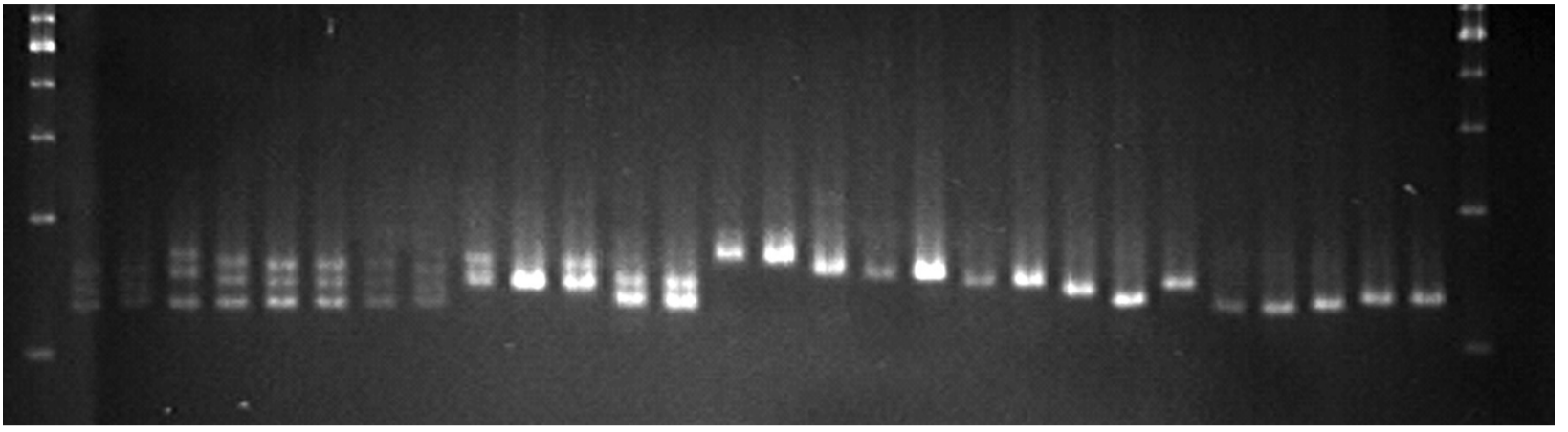


图 1 引物 RM13 在部分供试材料中的扩增结果

Fig. 1. Amplified products of RM13 in some rice materials tested.

等位基因有效数 (A_e)、Shannon 多样性指数 (D)、Nei 基因多样性指数 (H_e) 及 Nei 遗传距离^[14]。根据 Nei 遗传距离采用 Statistica 6.0 统计软件,按非加权配对算术平均法 (unweighted pair group method with arithmetic averaging, UPGMA) 进行聚类,分析个体间及种间的遗传关系。

2 结果与分析

2.1 稻属 AA 染色体组的 SSR 多态性

选用的 30 对 SSR 引物,在稻属 AA 染色体组 42 份材料中均检测出多态性(图 1),多态性位点百分率 (P) 为 100%。30 对引物在 42 份材料中共检测到 224 个等位基因,变幅为 3~10 个,平均为 7.47 个;平均等位基因有效数 (A_e) 为 5.45 个。Nei 基因多样性指数 (H_e) 和 Shannon 多样性指数 (D) 都以引物 RM167 最大(分别为 0.888 和 2.386)、RM192 最小(分别为 0.199 和 0.454),即 RM167 具较高的多态性检测效率。

2.2 栽培种与野生种的差异

在稻属 AA 组 42 份材料中,亚洲栽培稻 (*O. sativa*) 与一年生野生稻 (*O. nivara*)、普通野生稻 (*O. rufipogon*) 和一年生杂草稻 (*O. spontanea*) 在所用的 30 对引物中相同带型居多,尤其是与普通野生稻的共同带型高达 7 对,占总标记的 23.4%,提供了亚洲栽培稻源于普通野生稻的又一证据;非洲栽培稻 (*O. glaberrima*) 则与原产非洲的巴蒂野生稻 (*O. barthii*) 和长雄蕊野生稻 (*O. longistaminata*) 具有较多的共同带,其中,与巴蒂野生稻有共同带型的标记数为 11 对,与长雄蕊野生稻具有共同带型的标记数为 4 对,这显示巴蒂野生稻是非洲栽培稻的祖先种。30 对 SSR 引物中, RM225、RM228 和 RM13 标记在非洲类群(非洲栽培稻、巴蒂野生稻和长雄蕊野生稻)间具有较一致的等位基因; RM246、

RM71、RM16、RM13、RM201、RM244、RM19、RM30、RM10、RM21、RM22、RM225、RM250 和 RM70 标记则在亚洲类群(亚洲栽培稻、一年生野生稻、普通野生稻、一年生杂草稻)间具有较多的相同等位基因; RM1 和 RM70 标记在南美类群间等位基因较一致。这表明了稻属 AA 染色体组 8 个种(类型)间存在 SSR 标记的地理特异性差异。

对稻属 AA 染色体组 8 个种(类型)42 份试验材料用 30 对 SSR 引物分析,计算 Nei 遗传距离并作 UPGMA 聚类(图 2)。以遗传距离 1.2 为阈值时分成三大类,第一类为非洲类群,共 7 份,其中 3 份巴蒂野生稻、2 份非洲栽培稻和 2 份长雄蕊野生稻,均原产于非洲。第二类为亚洲类群,共 34 份,其中 32 份为原产亚洲的亚洲栽培稻、一年生野生稻、普通野生稻和一年生杂草稻,2 份为非洲栽培稻。我们发现这 2 份非洲栽培稻不仅含有仅存在于亚洲栽培稻 RM16、RM343 和 RM20 等标记的等位基因,还检测到 RM21 的非洲栽培稻特异性等位基因,这可能与亚洲栽培稻西非种植与非洲栽培稻间基因交流有关。第三类为南美类群,仅 1 份,独立于非洲和亚洲类群,为原产委内瑞拉的展颖野生稻。表 3 显示,亚洲栽培稻与普通野生稻遗传距离最小(0.5087),而非洲栽培稻则与巴蒂野生稻亲缘最近(Nei 遗传距离 0.6161),再次证实了普通野生稻和巴蒂野生稻分别是亚洲栽培稻和非洲栽培稻的祖先种。

2.3 一年生杂草稻与稻属 AA 染色体组种间的关系

一年生杂草稻 (*O. spontanea*) 最早指一年生草本野生种^[15]。图 2 揭示了一年生杂草稻与稻属 AA 染色体组种间的系统关系。当遗传距离为 1.0 时可分为 11 类,其中 6 份一年生杂草稻 (*O. spontanea*) 有 5 份(CNW148、149、150、151、194) 与 2 份非

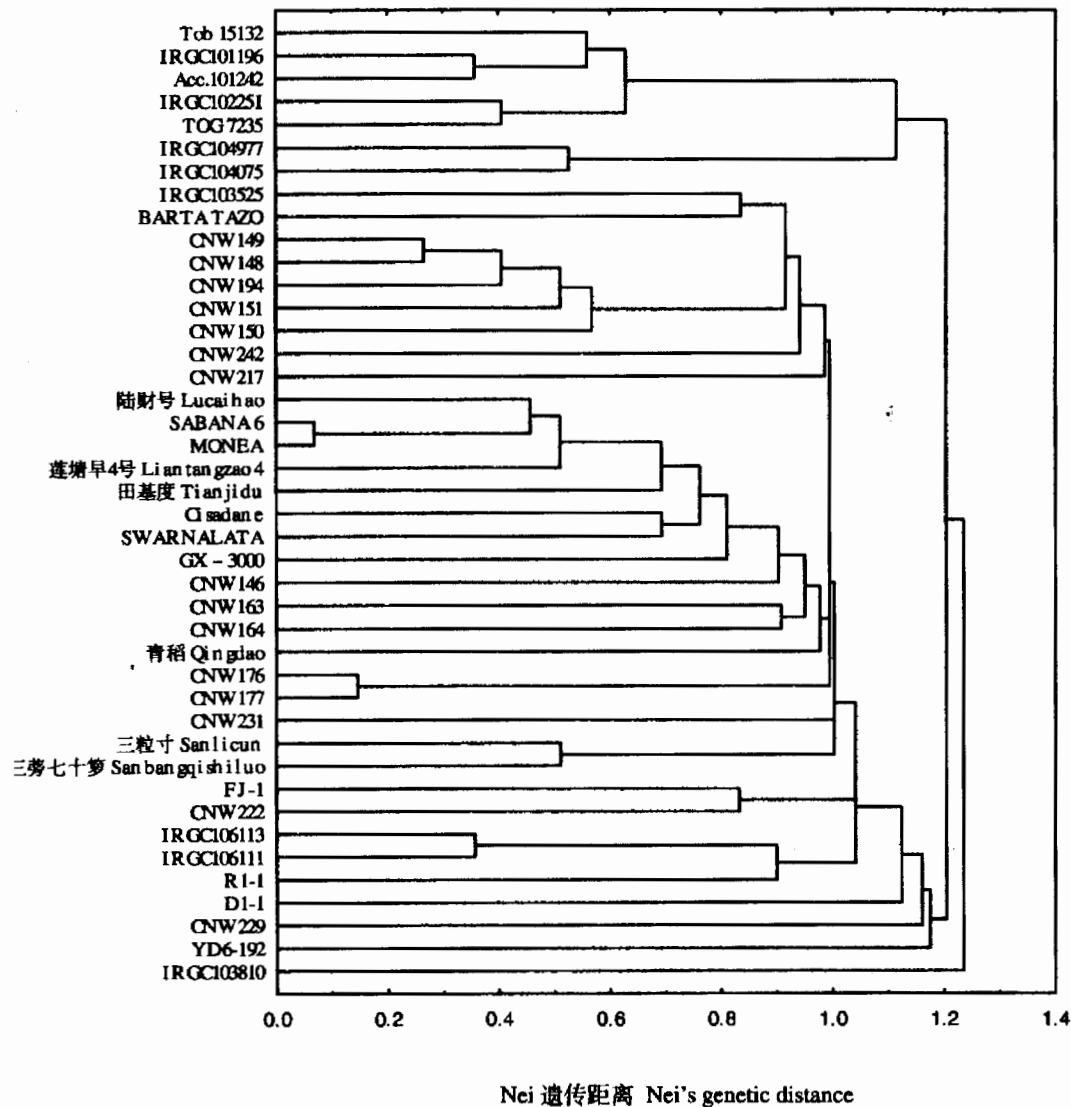


图 2 42 个材料的 UPGMA 聚类图

Fig. 2. Dendrogram of 42 rice populations based on SSR markers data.

洲栽培稻(BARTA TAZO 和 IRGC103525)、2 份普通野生稻(CNW217、242)属同一亚类,另 1 份(CNW146)与 8 份亚洲栽培稻(5 份籼亚种和 3 份粳亚种)、1 份广西普通野生稻(GX-3000)以及 2 份一年生野生稻(CNW163、164)属同一亚类,上述 2 亚类又与 2 份一年生野生稻(CNW176、177)归为一类。这表明一年生杂草稻既有与栽培稻相近的类型,也有与普通野生稻、一年生野生稻相近的类型。一年生杂草稻与亚洲栽培稻和普通野生稻遗传距离较小,分别为 0.5142 和 0.6734;与一年生野生稻和非洲栽培稻遗传距离居中,分别为 0.7437 和 1.0238;与其他 3 个种的遗传距离较远,为 1.2159~1.5560(表 3)。这为一年生杂草稻地位提供了依据。另外,它在 RM16、RM343、RM192、RM10、RM216、RM219、RM225、RM1、RM273 等 11 个标记中有特征带,占总标记数的 36.7%;其中 RM192 标记为亚洲栽培稻和一年生杂草稻的共同带;RM343 和 RM273 标记在亚洲栽培稻、一年生杂草

稻和一年生野生稻出现共同带。这与以往研究结果认为 *O. spontanea* 是栽培稻、野生稻之间渐渗杂交后代在田间形成的杂草稻^[16-17]相一致。

3 讨论

3.1 SSR 标记在遗传多样性研究中的应用

用 2.5% Metaphor 琼脂糖凝胶电泳可揭示稻属 AA 染色体组 8 个种(类型)间 42 份材料 30 个 SSR 标记的遗传多样性,即 SSR 标记具有高度的多态性。因此 SSR 标记是一种研究稻属 AA 染色体组种间遗传多样性的有效方法;SSR 标记无论在栽培稻还是野生稻中都具有较高的多态性。这与以往的研究结果大体相符^[9,18-20]。

3.2 稻属 AA 染色体组种间遗传关系

对稻属的分类研究早在 19 世纪末期就已开始,至今稻属的各种染色体组型已全部确定,并基本清楚了野生稻不同基因组种间的亲缘关系,但是在某些种的确定及亲缘关系上仍存在很大分歧^[3,5],特

表 3 不同种间的遗传距离矩阵

Table 3. Nei's unbiased measures of genetic distance between the eight rice species.

种(类型) Species	巴蒂野生稻 <i>O. barthii</i>	非洲栽培稻 <i>O. glaberrima</i>	展颖野生稻 <i>O. glumepatula</i>	长雄蕊野生稻 <i>O. longistaminata</i>	亚洲栽培稻 <i>O. sativa</i>	一年生杂草稻 <i>O. spontanea</i>	普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	一年生野生稻 <i>O. nivara</i>
<i>O. barthii</i>	0.0000							
<i>O. glaberrima</i>	0.6161	0.0000						
<i>O. glumepatula</i>	1.4480	1.1003	0.0000					
<i>O. longistaminata</i>	1.1489	1.1716	1.3481	0.0000				
<i>O. sativa</i>	1.1251	0.8573	1.1554	1.5119	0.0000			
<i>O. spontanea</i>	1.2159	1.0238	1.4944	1.5560	0.5142	0.0000		
<i>O. rufipogon</i>	0.9476	0.7725	1.1549	1.0388	0.5087	0.6734	0.0000	
<i>O. nivara</i>	1.0969	0.8465	1.1023	1.2541	0.6893	0.7437	0.5220	0.0000

别是 AA 染色体组栽培稻和野生稻之间以及普通野生稻、一年生野生稻和一年生杂草稻之间的亲缘关系。大量研究显示亚洲栽培稻与多年生普通野生稻的亲缘关系最近,而非洲栽培稻则与巴蒂野生稻关系最密切,普通野生稻和巴蒂野生稻分别被认为是亚洲栽培稻和非洲栽培稻的野生祖先种^[4,6,11,20],我们的研究结果也证实了这一结论。由于亚洲栽培稻、普通野生稻与一年生野生稻间亲缘相近,几乎不存在生殖隔离,卢宝荣等^[3]曾建议将该三个种合并为一个种。在我们的结果中,亚洲栽培稻、普通野生稻与一年生野生稻三者间具有很近的遗传距离(表 3),但是是否可以作为一个种处理还有待深入研究。

由于展颖野生稻与普通野生稻在形态上差异明显、种间杂种结实率仅为 0%~25%^[21]以及存在地理隔离,Morishima^[22]和 Chang^[23]将展颖野生稻定为独立的种;而 Tateoka^[24]、Second^[6]、Vaughan^[2]则认为展颖野生稻是普通野生稻引入南美的类型,可与普通野生稻合并为一个种。在我们的研究中,展颖野生稻与 AA 染色体组内其他种的遗传距离较大,聚类独立,是一个独立的种。Ge 等^[4]发现展颖野生稻与非洲类群亲缘较近。但在我们的结果中,展颖野生稻与亚洲类群的距离并不比非洲类群的大(表 3),这可能与研究方法和材料的差异有关。

长雄蕊野生稻具有较强的生殖隔离,与其他近缘种杂交相对较难。RFLP 结果表明,长雄蕊野生稻是较早从 *O. sativa* 群的共同祖先中分化出来的一个原始种^[7]。过氧化氢酶基因内含子的比较研究也证实了 AA 染色体组稻种均分化自长雄蕊野生稻的祖先^[25]。我们的研究结果也支持长雄蕊野生稻较为原始这一观点。

虽然研究材料的来源不同,许聪等^[26]认为 *O. spontanea* 是普通野生稻和亚洲栽培稻经过自然选择和人为干预产生的兼有两者特性的类型,这与本研究结果相近,即一年生杂草稻是栽培稻、野生稻

(包括普通野生稻和一年生野生稻)之间渐渗杂交后代在田间形成的杂草类型^[16,17],在亲缘上则更接近于亚洲栽培稻种。

谢辞:本文承蒙汤圣祥研究员修改指正,特此感谢。

参考文献:

- [1] Khush G S. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. *Plant Mol Biol*, 1997, 35(1/2): 25-34.
- [2] Vaughan D A. The Wild Relatives of Rice. Los Banos, Philippines: IRRI, 1994: 13.
- [3] 卢宝荣,葛 颂,桑 涛,等.稻属分类的现状及其存在问题.植物分类学报,2001,39(4): 373-388.
- [4] Ge S, Sang T, Lu B R, et al. Phylogeny of rice genomes with emphasis on origin of allotetraploid species. *PNAS*, 1999, 96(25): 14400-14405.
- [5] Sharma S D. Species of genus *Oryza* and their interrelationships // Nanda J S, Sharma S D. Monograph on Genus *Oryza*. Enfield: Science Publishers Inc, 2003: 73-111.
- [6] Second G. A new insight into the genome differentiation in *Oryza* L. through isozyme studies // Sharma A K, Sharma A. Advances in Chromosome and Cell Genetics. New Delhi: Oxford & IBH Publisher Co, 1984: 45-78.
- [7] Wang Z Y, Second G, Tanksley S D. Polymorphism and phylogenetic relationships among species in the genus *Oryza* as determined by analysis of nuclear RFLPs. *Theor Appl Genet*, 1991, 83: 565-581.
- [8] Ishii T, Nakano H, Maeda H, et al. Phylogenetic relationship in A genome species of rice as revealed by RAPD analysis. *Gene Genet Syst*, 1996, 71: 195-201.
- [9] Ren F G, Lu B R, Li S Q, et al. A comparative study of genetic relationships among the AA genome *Oryza* species using RAPD and SSR markers. *Theor Appl Genet*, 2003, 108(1): 113-120.
- [10] 祁仲夏,宋文芹,金 刚,等.稻属基因组间相关性的 AFLP 分析.南开大学学报:自然科学版,2001,34(3): 74-80.
- [11] Joshi S P, Gupta V S, Aggarwal R K, et al. Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. *Theor Appl Genet*, 2000, 100: 1311-1320.
- [12] Zheng K L, Huang N, Bennett J, et al. Rapid DNA isolation for marker-assisted selection in rice breeding. *Rice Genet*

- News*, 1995, 12: 255-258.
- [13] Francis C Y. POPGENE v 1.31. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/>.
- [14] Nei M. Genetic distance between populations. *Am Nat*, 1972, 106: 283-292.
- [15] Roschevce R J. A contribution to the knowledge of rice. *Appl Bull Bot Genet Pl Breed*, 1931, 27: 3-133.
- [16] Chang T T. The origin, evolution, cultivation, dissemination and diversification of Asian and Africa rices. *Euphytica*, 1976, 25: 435-441.
- [17] Oka H I, Chang W T. The impact of cultivation on populations of wild rice, *Oryza sativa* f. *spontanea*. *Phyton*, 1959, 13: 115-117.
- [18] 李亚莉, 杨晓曦, 赵丰萍, 等. 云南元江普通野生稻 (*Oryza rufipogon*) 群体籼粳分化的 SSR 分析. *中国水稻科学*, 2006, 20(2): 137-140.
- [19] 施勇峰, 应杰政, 王磊, 等. 鉴定水稻品种的微卫星标记筛选. *中国水稻科学*, 2005, 19(3): 195-201.
- [20] 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. *中国农业科学*, 2002, 35(12): 1437-1441.
- [21] Chu Y E, Morishima H, Oka H I. Reproductive barriers distributed in cultivated rice species and their wild relatives. *Jpn J Genet*, 1969, 44: 207-223.
- [22] Morishima H. Phenetic similarity and phylogenetic relationships among strains of *O. perennis* estimated by methods of numerical taxonomy. *Evolution*, 1969, 23: 428-443.
- [23] Chang T T. Crop history and genetic conservation: Rice - A case study. *Iowa State J Res*, 1985, 59: 425-456.
- [24] Tateoka T. Taxonomic studies of *Oryza*: Several species complexes. *Bot Mag*, 1962, 75: 455-461.
- [25] Iwamoto M, Nagashima H, Nagamine T, et al. p SINE 1 like intron of the CatA catalase homologs and phylogenetic relationships among AA genome *Oryza* and related species. *Theor Appl Genet*, 1999, 98: 853-861.
- [26] 许聪, 吴万春. 杂草稻的分类地位和利用. *海南大学学报: 自然科学版*, 1996, 14(2): 146-150.

《北方水稻》征订启事

《北方水稻》(原名《垦殖与稻作》)是由辽宁省农垦局主管、辽宁省盐碱地利用研究所主办的综合反映我国水稻产业发展的专业技术性期刊。辟有稻业论坛、专题研讨、研究报告、应用技术、稻·漫谈、分析预测、新品推介、国外水稻、点子吧等栏目。集前瞻性、导向性、知识性于一体,是水稻科研人员、院校师生、水稻生产、加工、销售、经营、管理等部门人员及水稻种田大户等的良师益友。

《北方水稻》为双月刊,国内外公开发行人。刊号:CN 21-1530/S、ISSN 1673-6737。单月 25 日出版,大 16 开本,内文 80 页,彩色四封带彩插。每期定价 6 元,全年 36 元。邮发代号:8-197,请到当地邮政局(所)订阅,也可直接汇款到编辑部订阅。欢迎投稿,刊登广告。

通讯地址:辽宁省盘锦市兴隆台区惠宾街 101 号《北方水稻》杂志社,邮编:124010。

电话:0427-2838609,3200365;联系人:宋双,刘研;E-mail:KZDZ@chinajournal.net.cn。

欢迎订阅 2007 年《山东农业科学》

《山东农业科学》是山东省农业科学院、山东省农学会、山东农业大学共同主办的综合性农业科技期刊,创刊于 1963 年 10 月。坚持提高与普及兼顾,学术与实用并举的办刊方针。办刊宗旨是报道农业科技成果,传播农业科学技术,促进农业科技交流,推动农业科技进步。除辟有遗传育种、生物技术、栽培生理、植物保护、土壤肥料、新品种新技术、畜牧兽医等固定栏目外,还不定期设农业科技论坛、超级麦论坛、农业信息技术、国外农业科技、文献综述等栏目,及时报道农业科研的新成果、新进展、新方法和新技术。主要读者对象是农业科研人员、农业院校师生、农业管理干部、农技推广人员、农村科技示范户等。

《山东农业科学》为山东省十佳期刊、华东地区最佳期刊、中国期刊方阵双百期刊、中国农学会优秀期刊、第二届和第三届国家期刊奖百种重点期刊。该刊为双月刊,大 16 开本,128 页,每期定价 10 元,全年定价 60 元,国内外公开发行,邮发代号 24-2,各地邮局及编辑部均可订阅。欢迎订阅,欢迎投稿。

地址:济南市桑园路 28 号;邮编:250100;电话:0531-83179268;E-mail:sdnykx@saas.ac.cn。