

广西药用野生稻重要农艺性状遗传多样性分析

郭 辉, 陈 灿, 张宗琼, 杨行海, 梁树辉, 张晓丽, 徐志健, 农保选,
李丹婷, 夏秀忠*, 冯 锐*

广西壮族自治区农业科学院水稻研究所/广西水稻遗传育种重点实验室, 广西南宁 530007

摘 要: 药用野生稻具有抗病虫、抗逆境、高生物产量、高光效等优良特性, 蕴藏有许多优良基因。本研究用广西所有药用野生稻分布点收集的代表性资源 199 份, 对抽穗期、花药长度、粒宽、粒长与粒重 5 个重要农艺性状进行遗传多样性、主成分等分析。结果表明: 广西药用野生稻具有丰富的遗传多样性, 抽穗期、花药长度、粒宽、粒长和粒重的变异系数分别为 9.12%、11.90%、3.39%、4.64%和 6.24%, 多样性指数分别为 1.4878、2.0453、1.7727、1.1567 和 2.0379。主成分分析表明: 第 1、第 2 主成分主要与产量性状相关, 累计贡献率达 63.759%, 第 3、第 4 主成分特征值相近, 贡献率分别为 16.306%和 15.542%, 抽穗期与花药长度是影响的决定因子, 主要反映植株的生长特征。7 个地理居群按遗传多样性大小排序为: 梧州市 (1.6731) > 玉林市 (1.5784) > 贵港市 (1.5070) > 南宁市 (1.3325) > 来宾市 (1.2131) > 贺州市 (0.9629) > 钦州市 (0.3819), 梧州市的多样性指数最高, 表明梧州市是广西药用野生稻表型遗传多样性的中心。
关键词: 种质资源; 药用野生稻; 农艺性状; 遗传多样性

中图分类号: S511.9 文献标志码: A

Genetic Diversity Analysis of Important Agronomic Characters of *Oryza officinalis* Wall ex G. Watt from Guangxi, China

GUO Hui, CHEN Can, ZHANG Zongqiong, YANG Xinghai, LIANG Shuhui, ZHANG Xiaoli, XU Zhijian,
NONG Baoxuan, LI Danting, XIA Xiuzhong*, FENG Rui*

Rice Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences / Guangxi Key Laboratory of Rice Genetics and Breeding, Nanning, Guangxi 530007, China

Abstract: *Oryza officinalis* Wall. ex G. Watt has excellent characteristics such as disease and insect resistance, stress tolerance, high biological yield and high light efficiency, and contains many excellent genes. In this study, 199 representative resources collected from all *Oryza officinalis* distribution sites in Guangxi were used to analyze the genetic diversity and principal components for five important agronomic traits, including heading stage, anther length, grain width, grain length and grain weight. The results showed that *O. officinalis* from Guangxi had rich genetic diversity, with coefficients of variation of 9.12%, 11.90%, 3.39%, 4.64% and 6.24% for heading stage, anther length, grain width, grain length and grain weight, respectively, and diversity index was 1.4878, 2.0453, 1.7727, 1.1567 and 2.0379, respectively. Principal component analysis showed that the first and second principal components were mainly related to yield traits, with a cumulative contribution rate of 63.759%. The third and fourth principal components had a cumulative contribution rate 16.306% and 15.542%, respectively. The heading stage and anther length were the influential determinants, mainly reflecting the plant growth characteristics. According to the genetic diversity, the seven geographic populations are ranked as follows: Wuzhou (1.6731) > Yulin (1.5784) > Guigang (1.5070) > Nanning (1.3325) > Laibin (1.2131) > Hezhou (0.9629) > Qinzhou (0.3819), and Wuzhou had the highest diversity index, indicating that Wuzhou was the phenotypic diversity center of *Oryza officinalis* in Guangxi.

收稿日期 2022-11-22; 修回日期 2022-12-08

基金项目 国家自然科学基金项目 (No. 32160436); 广西重大科技创新基地建设项目 (No. 2022-36-Z01); 广西自然科学基金面上项目 (No. 2021GXNSFAA220026)。

作者简介 郭 辉 (1982—), 男, 硕士, 副研究员, 研究方向: 水稻抗性资源保存与利用。*通信作者 (Corresponding author): 夏秀忠 (XIA Xiuzhong), E-mail: xiaxiuzhong@163.com; 冯 锐 (FENG Rui), E-mail: fengrui@gxaas.net。

Keywords: germplasm resource; *Oryza officinalis* Wall. ex G. Watt; agronomic characters; genetic diversity
DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2024.05.005

野生稻是水稻育种的宝贵种质资源，药用野生稻（*Oryza officinalis* Wall. ex G. Watt）是我国境内分布的 3 种野生稻之一，主要分布在广西、广东、云南和海南，具有抗病虫、抗逆境、高生物产量、高光效等优良特性^[1-7]。HUANG 等^[8]与 TAN 等^[9]从广西药用野生稻渗入系 B5 中鉴定到褐飞虱与白背飞虱的抗性基因，并完成了抗褐飞虱基因 *Bph14* 的克隆验证^[10]；BAO 等^[11]通过 RNA-seq 揭示药用野生稻中 476 个抗病相关基因；DEVANNA 等^[12]从药用野生稻中同源克隆 *Pi54of*，对稻瘟病具有高抗性；陈玲等^[13]鉴定发现云南药用野生稻对当前云南流行的白叶枯病小种及国内外部分强致病菌整体抗性较好；说明药用野生稻携带的优良基因在遗传研究和品种改良上具有较大应用潜力，是宝贵的水稻育种资源。

遗传多样性是生物多样性的基础与核心，而种质资源的多样性表型一直是育种家搜集材料的重要关注点^[14-15]。国内外研究者对野生稻的遗传多样性和群体结构进行了大量研究^[16-19]。陈新立等^[20]对 680 份栽培稻和 88 份中国普通野生稻进行同工酶基因多样性分析，发现野生稻多样性大于栽培稻。朱作峰等^[21]利用 SSR 标记比较不同地区的栽培稻与普通野生稻，也得到相同结果。SUN 等^[22]利用 RFLP 标记对来自 11 个亚洲国家 122 份

普通野生稻进行分析，发现来自中国的遗传多样性最高。陈成斌等^[23]用 RAPD 标记对 116 份广西药用野生稻分析表明，广西药用野生稻遗传多样性明显。苏龙等^[24]采用 25 对 SSR 标记对 1610 份广西药用野生稻进行了分析，也得到同样的结果。这些研究阐明了野生稻丰富的遗传变异，并提出了保护策略^[25]。然而，目前国内外对于药用野生稻多样性研究主要为分子标记分析或多地少量的形态分析，而针对广西药用野生稻农艺性状多样性的研究还较少。

药用野生稻为自花授粉植物，植株间基本不存在花粉传播，居群间和居群内的遗传变异主要来自基因突变^[26]。对种质资源的表型多样性评价分析不仅是遗传演化研究和育种理论的基础，也为重要相关基因挖掘与利用提供最基础的材料和指导意义^[27]。本研究选取广西 16 个县所有分布点收集的代表性药用野生稻资源 199 份，对其重要农艺性状进行遗传多样性分析，可为广西药用野生稻优异资源发掘与利用奠定科学基础。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为广西 16 个县收集的药用野生稻资源，共 199 份。样品地理分布与数量详见表 1。

表 1 材料数量和地理来源信息
Tab. 1 Information of genotypes and collection sites

城市 City	县 County	经度 Longitude	纬度 Latitude	样本数量 No. of samples	多样性指数 H'
南宁市	横县	109°15'E	22°41'N	19	1.3325
	邕宁县	108°29'E	22°43'N	3	
贵港市	贵县	109°36'E	23°07'N	1	1.5070
	桂平县	110°05'E	23°22'N	16	
	平南县	110°24'E	23°33'N	5	
贺州市	贺县	111°34'E	24°24'N	3	0.9629
	昭平县	110°49'E	24°10'N	3	
来宾市	武宣县	109°40'E	23°36'N	19	1.2131
钦州市	灵山县	109°18'E	22°25'N	3	0.3819
梧州市	苍梧县	111°13'E	23°25'N	48	1.6731
	岑溪县	111°00'E	22°55'N	11	
	藤县	110°55'E	23°22'N	22	
	梧州市	111°17'E	23°29'N	19	
玉林市	北流县	110°24'E	22°43'N	5	1.5784
	容县	110°33'E	22°21'N	7	
	玉林县	110°10'E	22°38'N	15	

1.2 方法

参照《野生稻种质资源描述规范和数据标准》^[28]，对抽穗期、花药长度、粒长、粒宽、粒长宽比、粒重、生长习性、叶舌形状、柱头颜色、外观品质等 10 个重要农艺性状进行调查分析。方法如下：（1）抽穗期（d）。从播种到第一个穗子顶端露出叶鞘的天数；（2）花药长度。在抽穗期随机选取 10 个穗子，用游标卡尺各测量 3 枚花药的长度，取平均值，单位为 mm，精确至 0.1 mm；（3）粒长。随机选取成熟饱满谷粒 10 粒，用游标卡尺测量谷粒内外颖底部到颖尖的长度，取平均值，单位为 mm，精确至 0.1 mm；（4）粒宽。随机选取成熟饱满谷粒 10 粒，用游标卡尺测量谷粒内外颖底部到颖尖的长度，取平均值，单位为 mm，精确至 0.1 mm；（5）粒长宽比。粒长与粒宽的比值，精确至 0.01；（6）粒重。每份种质随机取 3 份样本各 100 粒称重量，单位为 g，精确至 0.01 g。

1.3 数据处理

采用 Excel 软件进行数据整理，采用 SPSS 18 软件计算平均值、标准差、变异系数，并进行相关性与主成分分析，用 Origin2021 软件绘制箱线图及聚类分析图。对数据进行标准化处理，即将各性状数据根据标准差（ σ ）与均值（ $\bar{X}$ ）分为 10

级，1 级为 $X_i \leq \bar{X} - 2\sigma$ ，10 级为 $X_i \geq \bar{X} + 2\sigma$ ，中间每级差为 0.5σ 。采用 Shannon-Weiner 多样性指数（ H' ）评价群体遗传多样性大小，计算公式^[29]如下：

$$H' = -\sum p_i \ln p_i$$

式中， p_i 表示某一性状第 i 个级别内材料数占总数的百分比， $\ln$ 表示自然对数。

2 结果与分析

2.1 广西药用野生稻重要农艺性状的多样性分析

199 份广西药用野生稻种质资源的 5 个重要农艺性状统计结果见表 2。不同性状的变异系数范围为 3.39%~11.90%，从大到小依次为：花药长度（11.90%）>抽穗期（9.12%）>粒重（6.24%）>粒长（4.64%）>粒宽（3.39%）。

199 份广西药用野生稻种质资源 5 个重要农艺性状的遗传多样性指数范围为 1.1567~2.0453，从大到小依次为花药长度（2.0453）>粒重（2.0379）>粒长（1.7727）>抽穗期（1.4878）>粒宽（1.1567）。除抽穗期外，其他 4 个性状的变异系数与遗传多样性指数趋势相同。5 个重要农艺性状均有丰富的变异与遗传多样性，具有较大的挖掘潜力，可对水稻多样化育种与改良提供优异的种质资源。

表 2 广西药用野生稻重要农艺性状变异和多样性
Tab. 2 Variation and diversity of important agronomic traits of *O. officinalis* in Guangxi

性状 Trait	极小值 Min.	极大值 Max.	均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV/%	多样性指数 H'
抽穗期/d	95	164	122.74	11.19	9.12	1.4878
花药长度/mm	1.8	3.4	2.63	0.31	11.90	2.0453
粒长/mm	4.8	6.0	5.35	0.25	4.64	1.7727
粒宽/mm	2.2	2.7	2.43	0.08	3.39	1.1567
粒重/g	0.74	0.97	0.84	0.05	6.24	2.0379

2.2 表型性状间的相关性分析

广西药用野生稻 199 份广西药用野生稻种质资源 5 个重要性状相关性分析结果见表 3，粒重与粒长、粒宽相关系数（ r ）分别为 0.659、0.543，呈极显著正相关；粒长与粒宽相关系数为 0.257，呈极显著正相关；粒长与花药长相关系数为 0.144，粒宽与抽穗期相关系数为 0.151，均呈显著正相关。

2.3 广西药用野生稻重要农艺性状主成分分析

利用 SPSS 软件对 199 份广西药用野生稻的 5

个重要农艺性状进行主成分分析，各主成分因子载荷和贡献率见表 4。结果表明，前 2 个主成分特征值在 1.0 以上，贡献率分别为 36.968%和 26.791%。粒长、粒重是影响主成分 1 的决定因子，粒宽是影响主成分 2 的决定因子，主成分 1、2 主要反映粒型与产量特征，主成分贡献率累积达 63.759%。主成分 3、4 特征值相近，贡献率分别为 16.306%和 15.542%，抽穗期与花药长度是影响的决定因子，主要反映植株的生长性情况特征。前 4 个主成分贡献率累积达 95.606%。

表 3 199 份药用野生稻资源主要性状的相关性分析
Tab. 3 Correlation analysis among major agronomic traits in 199 *O. officinalis* resources

性状 Trait	抽穗期 Heading date	花药长 Anther length	粒长 Grain length	粒宽 Grain width
花药长	-0.021			
粒长	0.113	0.144*		
粒宽	0.151*	-0.021	0.257**	
粒重	0.088	0.064	0.659**	0.543**

注：*表示显著相关（ $P<0.05$ ），**表示极显著相关（ $P<0.01$ ）。
Note: * indicates significant correlation ($P<0.05$), ** indicates extremely significant correlation ($P<0.01$).

表 4 广西药用野生稻重要农艺性状的主成分分析
Tab. 4 Principal component analysis of important agronomic traits of *O. officinalis* in Guangxi

性状 Trait	主成分 1 PC1	主成分 2 PC2	主成分 3 PC3	主成分 4 PC4	主成分 5 PC5
抽穗期	0.186	0.258	0.704	0.634	-0.038
花药长度	0.225	-0.215	-0.642	0.700	-0.013
粒长	0.958	-0.144	0.054	-0.092	0.223
粒宽	0.352	0.887	-0.170	-0.023	0.243
粒重	0.823	0.368	-0.103	-0.162	-0.388
粒长宽比	0.643	-0.743	0.166	-0.072	0.046
特征值	2.218	1.607	0.978	0.933	0.263
贡献率/%	36.968	26.791	16.306	15.542	4.385
累计贡献率/%	36.968	63.759	80.064	95.606	99.991

2.4 广西药用野生稻重要农艺性状的聚类分析

将 5 个农艺性状的调查观测值标准化后，采用 Ward 法、Euclidean 距离进行聚类分析，可以把 199 份广西药用野生稻分成 3 个类群（图 1）。同时，分别计算了 3 个类群的遗传多样性指数（表 5），第Ⅰ类群包含 57 份，抽穗期多为中间类型，粒重以偏大为主；花药长度的遗传多样性指数最大为 2.0834，粒宽的遗传多样性指数最小为 0.9507。第Ⅱ类群包含 121 份，抽穗期多较长，粒重以偏小为主，遗传多样性指数仍以花药长度最大为 1.9978，粒宽的遗传多样性指数最小为 1.042。第Ⅲ类群包含 21 份，抽穗期全部为 95 d；遗传多样性指数以粒重最大为 1.8725。

2.5 广西药用野生稻重要农艺性状不同居群间差异

将 199 份广西药用野生稻按地理居群进行分析，结果如图 2 所示。钦州居群和来宾居群的药用野生稻抽穗期多数小于其他 5 个市的居群。花药平均长度以南宁居群最长，为 2.79 mm，钦州与梧州居群相近，分别为 2.67 mm 与 2.68 mm，贺州居群最短，为 2.38 mm。钦州居群药用野生稻的平均粒长明显大于其他 6 市居群，为 5.70 mm，来宾居群最小，为 5.17 mm。钦州居群

药用野生稻的平均粒宽亦明显大于其他 6 市居群，为 2.70 mm，贵港居群最小，为 2.40 mm，其他 5 市居群的平均粒宽相近。广西药用野生稻各地居群种子长宽比均值在 2.11~2.26 之间，钦州居群的粒长与粒宽都大，体积最大，平均粒重亦最大，贵港居群最小，为 0.81 g，其他 5 市居群相近。

2.6 广西药用野生稻 7 个居群遗传多样性分析

广西药用野生稻 7 个居群的多样性结果见表 1，各居群的遗传多样性指数范围在 0.3819~1.6731 之间，从大到小依次为梧州市（1.6731）>玉林市（1.5784）>贵港市（1.5070）>南宁市（1.3325）>来宾市（1.2131）>贺州市（0.9629）>钦州市（0.3819）。各市样本数量与多样性指数之间的相关性系数为 0.6435，但差异不显著。梧州市居群及样本数最多，且多样性指数最高，表明梧州市是广西药用野生稻表型遗传多样性中心。

3 讨论

3.1 广西药用野生稻的遗传多样性丰富

植物表型性状是基因与环境共同作用的结果，对表型性状的分析可从整体上了解种质资源的多样性程度^[30-31]。相对于普通野生稻，广西

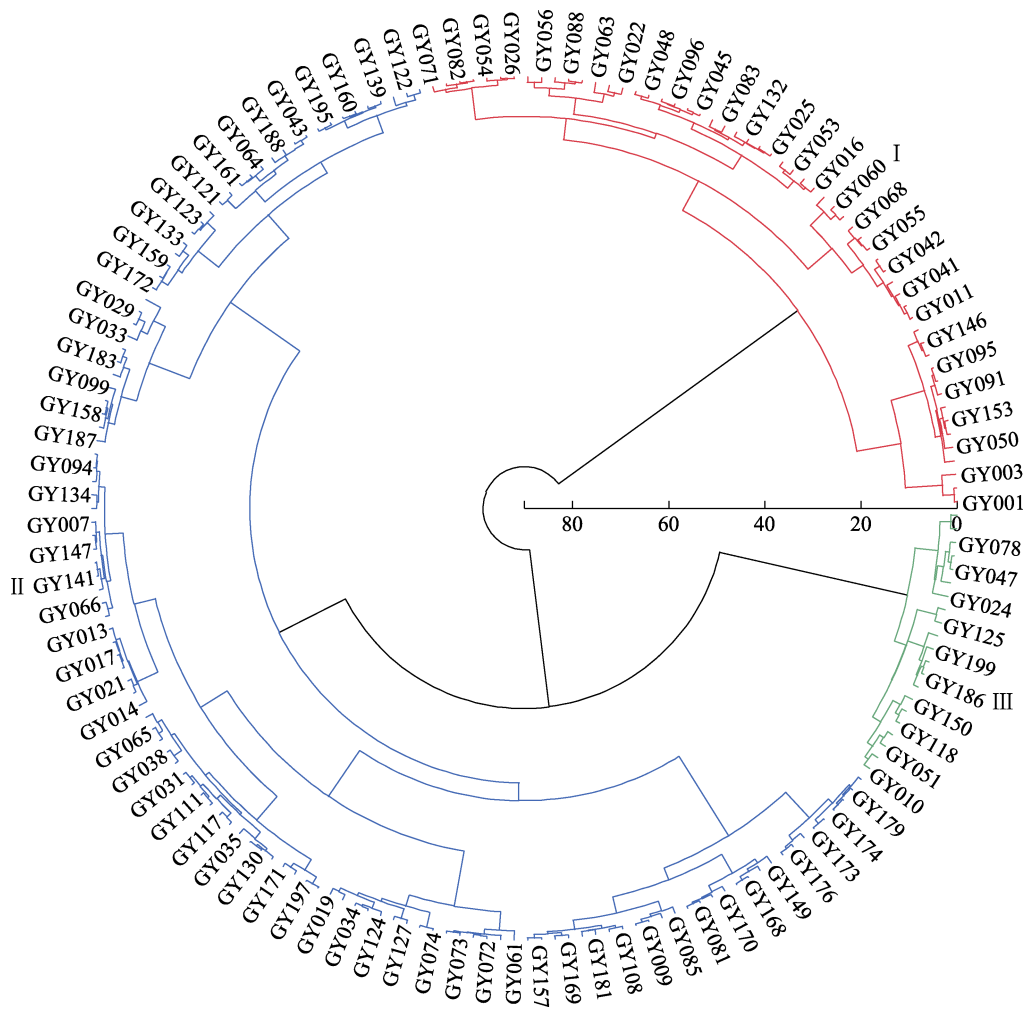


图 1 广西药用野生稻种质资源聚类图

Fig. 1 Cluster analysis in Guangxi *Oryza officinalis* Wall accessions map

表 5 类群遗传多样性指数

Tab. 5 Group genetic diversity index

性状 Trait	第 I 类群 Group I	第 II 类群 Group II	第 III 类群 Group III
抽穗期	1.2712	1.3559	0
花药长度	2.0834	1.9978	1.5539
粒长	1.4414	1.3444	1.6084
粒宽	0.9507	1.0420	1.0466
粒重	1.4062	1.7028	1.8725

药用野生稻的多个表型是相对稳定的，如本调查对象的生长习性（株型）都为倾斜，叶舌白色且为圆顶或平状，柱头为紫色，种皮均为红色，成熟期内外颖有斑点黑色，均有短芒或部分芒，所以前人多认为其形态较单一^[23]。本研究对广西 7 市 16 县 199 份药用野生稻 5 个重要表型性状进行调查分析，各性状的变异系数范围为 3.39%~11.90%，平均为 7.06%，表型多样性指数变异幅

度为 1.1807~2.9818，平均为 2.3366。二者的结果表明，广西药用野生稻 5 个表型性状变异类型丰富，种质各具特色。陈成斌等^[23]采用 RAPD 标记对广西药用野生稻资源进行分析，结果表明广西药用野生稻 DNA 多态性丰富，遗传多样性明显。NAREDO 等^[32]研究表明中国药用野生稻遗传多样性丰富，与印度、缅甸、泰国北部聚在同一类群。GAO^[33]对中国 4 省 18 个居群 442 个药用野生稻进行的 SSR 标记分析；苏龙等^[24]用 25 对 SSR 标记对广西 1610 份药用野生稻进行多样性分析，均表明广西药用野生稻遗传多样性丰富。本研究结果是在表型上对前人在分子标记方面研究结果的进一步证实。

3.2 广西药用野生稻表型遗传多样性中心探讨

我国野生稻主在分布在广东、广西、云南、海南、江西等地，各地区都具有丰富的遗传多样性，并表现出各自的特点^[17, 19, 27, 34-35]。多个研究者认为

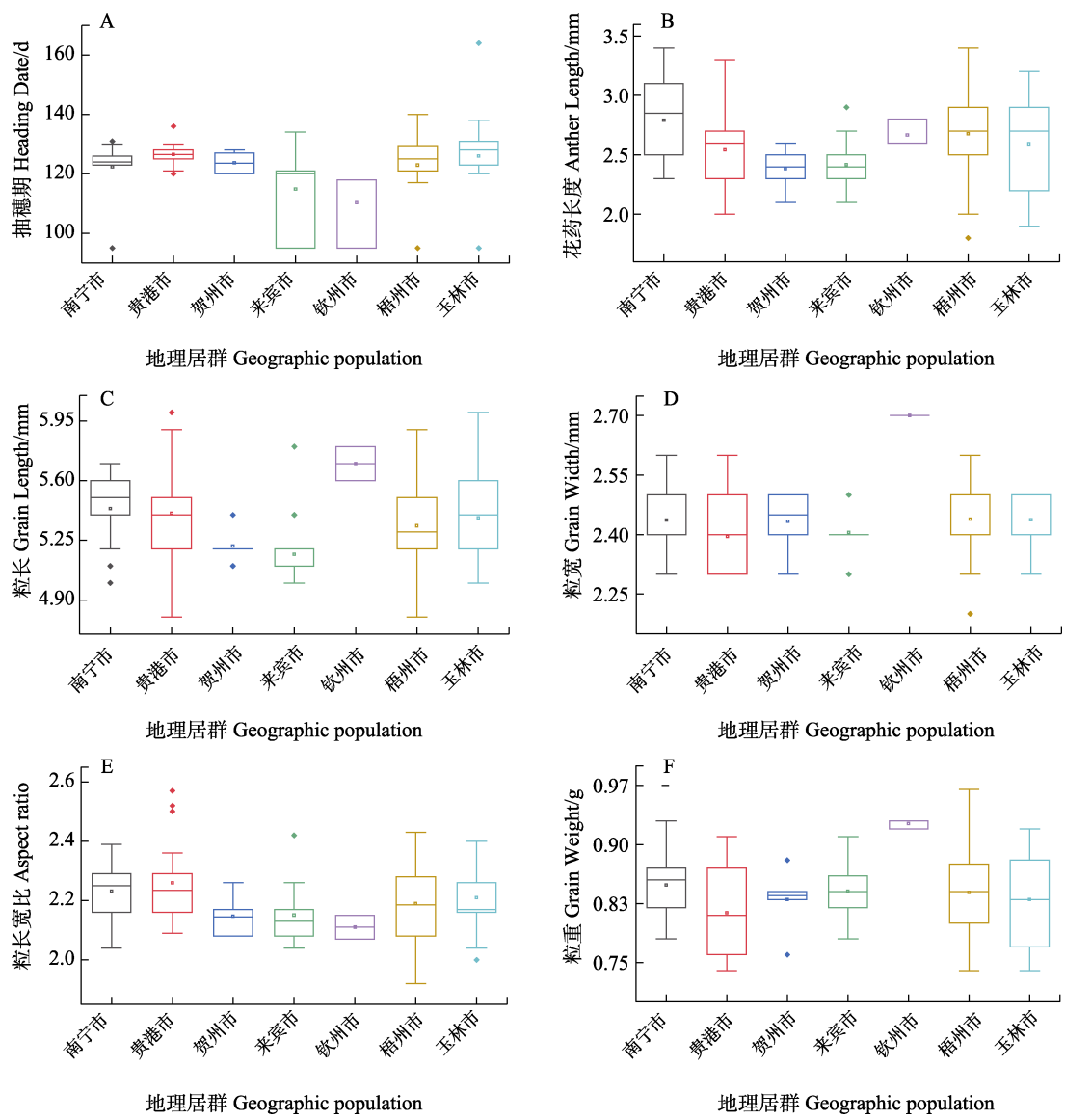


图 2 广西 7 个居群药用野生稻 5 个重要农艺性状箱线图

Fig. 2 Box Plot of five important agronomic traits of sevne population in Guangxi

广东、广西是中国普通野生稻遗传多样性中心^[36-37]，尤其是北回归线附近的地区^[38]。HUANG 等^[39]研究认为广西是我国普通野生稻遗传多样性中心和栽培稻的起源中心。薛艳霞等^[40]研究认为郁江流域是广西普通野生稻多样性中心。对于药用野生稻，苏龙等^[24]研究认为，梧州市与南宁市是遗传多样性指数最高的 2 个居群，因此确定这两地为广西药用野生稻的遗传多样性中心。而本研究表明，梧州市居群表型遗传多样性最高，是广西药用野生稻表型遗传多样性中心，南宁市居群表型遗传多样性居中，与苏龙等的研究结果部分相同。而余萍等^[37]对 223 份广西普通野生稻在表型和 SSR 多样性进行分析，结果表明，北纬 22°~23°

和 23°~24°范围内的 2 个区域内所包含的普通野生稻数量多，遗传多样性大，在 DNA 水平上是广西普通野生稻的遗传多样性中心，而表型性状多样性中心是在北纬 21°~22°和 22°~23°，所以表型多样性分布与 DNA 水平多样性并不完全一致。本研究中，虽然梧州市的居群多，样本量大，但样本量与多样性指数相关性不显著，而廖辉^[41]研究也认为普通野生稻种群大小与遗传多样性水平无显著相关性。所以本研究认为梧州市是广西药用野生稻表型遗传多样性中心。

参考文献

[1] 范芝兰, 陈文丰, 陈雨, 张静, 李晨, 孙炳蕊, 江立群, 吕

- 树伟, 吴柔贤, 潘大建. 广东省药用野生稻的调查收集与保护[J]. 植物遗传资源学报, 2022, 23(2): 368-375.
- FAN Z L, CHEN W F, CHEN Y, ZHANG J, LI C, SUN B R, JIANG L Q, LYU S W, WU R X, PAN D J. Field survey and conservation of *Oryza officinalis* in Guangdong province[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(2): 368-375. (in Chinese)
- [2] 王琳, 戴陆园, 吴丽华, 杨庆文, 徐福荣, 余腾琼, 汤翠凤. 云南三种野生稻原生境植物种群的调查及比较分析[J]. 中国水稻科学, 2006, 20(1): 47-52.
- WANG L, DAI L Y, WU L H, YANG Q W, XU F R, YU T Q, TANG C F. Comparative analysis and investigation on plants growing in *in situ* environments of three wild rice species in Yunnan province[J]. Chinese Journal of Rice Science, 2006, 20(1): 47-52. (in Chinese)
- [3] 秦学毅, 韦素美, 武波, 黄凤宽, 覃祖芳. 药用野生稻抗源对褐稻虱的抗性遗传及利用研究[J]. 西南农业学报, 2002, 15(4): 62-64.
- QIN X Y, WEI S M, WU B, HUANG F K, QIN Z F. Inheritance of resistance to brown planthopper in *Oryza officinalis* and its utilization[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2002, 15(4): 62-64. (in Chinese)
- [4] 梁世春, 陈成斌, 梁云涛, 杨庆文, 乔卫华, 曾华忠, 徐志健, 黄娟, 张烨. 广西药用野生稻资源调查收集与保护建议[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(6): 991-995.
- LIANG S C, CHEN C B, LIANG Y T, YANG Q W, QIAO W H, ZENG H Z, XU Z J, HUANG J, ZHANG Y. Collection and conservation strategies of *Oryza officinalis* Wall in Guangxi[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2013, 14(6): 991-995. (in Chinese)
- [5] 王玲仙, 陈玲, 陈越, 王波, 付坚, 肖素勤, 柯学, 钟巧芳, 雷涌涛, 余腾琼, 程在全. 云南药用野生稻快繁苗在育种中的利用研究[J]. 辽宁农业科学, 2019(5): 7-11.
- WANG L X, CHEN L, CHEN Y, WANG B, FU J, XIAO S Q, KE X, ZHONG Q F, LEI Y T, YU T Q, CHENG Z Q. Application of rapid propagation seedlings of Yunnan medicinal *Oryza officinalis* Wall. ex wstt in breeding[J]. Liaoning Agricultural Sciences, 2019(5): 7-11. (in Chinese)
- [6] 郭辉, 陈灿, 张晓丽, 秦学毅, 冯锐. 广西野生稻耐冷性鉴定与遗传纯合研究[J]. 西南农业学报, 2017, 30(6): 1245-1250.
- GUO H, CHEN C, ZHANG X L, QIN X Y, FENG R. Study on cold tolerance identification and genetic homozygosity of wild rice in Guangxi[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2017, 30(6): 1245-1250. (in Chinese)
- [7] DU B, CHEN R Z, GUO J P, HE G C. Current understanding of the genomic, genetic, and molecular control of insect resistance in rice[J]. Molecular Breeding, 2020, 40(2): 24.
- [8] HUANG Z, HE G, SHU L, LI X, ZHANG Q. Identification and mapping of two brown planthopper resistance genes in rice[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 102(6): 929-934.
- [9] TAN G X, WENG Q M, REN X, HUANG Z, ZHU L L, HE G C. Two whitebacked planthopper resistance genes in rice share the same loci with those for brown planthopper resistance[J]. Heredity, 2004, 92(3): 212-217.
- [10] DU B, ZHANG W L, LIU B F, HU J, WEI Z, SHI Z Y, HE R F, ZHU L L, CHEN R Z, HAN B, HE G C. Identification and characterization of *Bph14*, a gene conferring resistance to brown planthopper in rice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2009, 106(52): 22163-22168.
- [11] BAO Y, XU S, JING X, MENG L, QIN Z Y. De novo assembly and characterization of *Oryza officinalis* leaf transcriptome by using RNA-Seq[J]. BioMed Research International, 2015, 2015: 982065.
- [12] DEVANNA N B, VIJAYAN J, SHARMA T R. The blast resistance gene *Pi54of* cloned from *Oryza officinalis* interacts with *Avr-Pi54* through its novel non-LRR domains[J]. PLoS One, 2014, 9(8): e104840.
- [13] 陈玲, 张敦宇, 陈越, 付坚, 王波, 钟巧芳, 余腾琼, 肖素勤, 柯学, 殷富有, 王玲仙, 程在全. 云南药用野生稻种质资源的白叶枯病抗性评价[J]. 南方农业学报, 2019, 50(7): 1417-1425.
- CHEN L, ZHANG D Y, CHEN Y, FU J, WANG B, ZHONG Q F, YU T Q, XIAO S Q, KE X, YIN F Y, WANG L X, CHENG Z Q. Evaluation of *Oryza officinalis* Wall. germplasm in Yunnan for resistance to bacterial blight[J]. Journal of Southern Agriculture, 2019, 50(7): 1417-1425. (in Chinese)
- [14] 徐志军, 李亚波, 欧阳红军, 徐磊, 安东升, 刘洋. 80 份陆稻晚稻农家种资源的遗传多样性综合分析[J]. 热带作物学报, 2022, 43(5): 930-939.
- XU Z J, LI Y B, OYANG H J, XU L, AN D S, LIU Y. Comprehensive genetic diversity analysis of eighty late upland rice landrace[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2022, 43(5): 930-939. (in Chinese)
- [15] 马克平. 试论生物多样性的概念[J]. 生物多样性, 1993(1): 20-22.
- MA K P. Experimental discussion on the concept of biodiversity[J]. Chinese Biodiversity, 1993(1): 20-22. (in Chinese)
- [16] 张晓丽, 郭辉, 王海岗, 吕建珍, 袁筱萍, 彭锁堂, 魏兴华. 中国普通野生稻与栽培稻种 SSR 多样性的比较分析[J]. 作物学报, 2008, 34(4): 591-597.
- ZHANG X L, GUO H, WANG H G, LYU J Z, YUAN X P, PENG S T, WEI X H. Comparative assessment of SSR allelic diversity in wild and cultivated rice in China[J]. Acta Agronomica Sinica, 2008, 34(4): 591-597. (in Chinese)

- [17] 陈雨, 潘大建, 杨庆文, 范芝兰, 陈建酉, 李晨. 中国野生稻多样性的评价与保护研究进展[J]. 广东农业科学, 2009(5): 9-15.
CHEN Y, PAN D J, YANG Q W, FAN Z L, CHEN J Y, LI C. Advances of diversity evaluation and protection in wild rice in China[J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2009(5): 9-15. (in Chinese)
- [18] 朱勋格. 中国的普通野生稻(*Oryza rufipogon* Griff.)天然居群表型多样性研究[D]. 昆明: 云南大学, 2018.
ZHU X G. Phenotypic diversity of natural populations of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in China[D]. Kunming: Yunnan University, 2018. (in Chinese)
- [19] WANG J R, SHI J X, LIU S, SUN X P, HUANG J, QIAO W H, CHENG Y L, ZHANG L F, ZHENG X M, YANG Q W. Conservation recommendations for *Oryza rufipogon* Griff. in China based on genetic diversity analysis[J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 14375.
- [20] 孙新立, 才宏伟. 水稻同工酶基因多样性及非随机组合现象的研究[J]. 遗传学报, 1996, 23(4): 276-285.
SUN X L, CAI H W. Diversity and nonrandom association of rice isozyme genes[J]. Journal of Genetics and Genomics, 1996, 23(4): 276-285. (in Chinese)
- [21] 朱作峰, 孙传清, 付永彩, 张培江, 王象坤. 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.
ZHU Z F, SUN C Q, FU Y C, ZHANG P J, WANG X K. Comparison of the genetic diversity of common wild rice and cultivated rice using SSR markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2002, 35(12): 1437-1441. (in Chinese)
- [22] SUN C Q, WANG X K, LI Z C, YOSHIMURA A, IWATA N. Comparison of the genetic diversity of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) and cultivated rice (*O. sativa* L.) using RFLP markers[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 102(1): 157-162.
- [23] 陈成斌, 黄娟, 徐志健, 梁世春. 广西药用野生稻遗传多样性的分子评价[J]. 中国农学通报, 2002, 18(3): 13-16, 29.
CHEN C B, HUANG J, XU Z J, LIANG S C. Molecular appraisal of the genetic diversity of the *O. officinalis* in Guangxi[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2002, 18(3): 13-16, 29. (in Chinese)
- [24] 苏龙, 徐志健, 乔卫华, 郑晓明, 梁云涛, 丁膺宾, 刘莎, 齐兰, 公婷婷, 梁新霞, 王君瑞, 张丽芳, 程云连, 兰进好, 杨庆文. 广西药用野生稻遗传多样性分析及 SSR 引物数量对遗传多样性结果的影响研究[J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(4): 603-610.
SU L, XU Z J, QIAO W H, ZHENG X M, LIANG Y T, DING Y B, LIU S, QI L, GONG T T, LIANG X X, WANG J R, ZHANG L F, CHENG Y L, LAN J H, YANG Q W. Study on genetic diversity of *Oryza officinalis* in Guangxi province and the effect of the number of SSR primers on genetic diversity analysis[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2017, 18(4): 603-610. (in Chinese)
- [25] 杨庆文, 黄娟. 中国普通野生稻遗传多样性研究进展[J]. 作物学报, 2013, 39(4): 580-588.
YANG Q W, HUANG J. Research progress on genetic diversity of *Oryza rufipogon* in China[J]. Acta Agronomica Sinica, 2013, 39(4): 580-588. (in Chinese)
- [26] 孙希平, 杨庆文, 李润植, 王效宁. 海南三种野生稻遗传多样性的比较研究[J]. 作物学报, 2007, 33(7): 1100-1107.
SUN X P, YANG Q W, LI R Z, WANG X N. Genetic diversity of three wild rice species in Hainan province[J]. Acta Agronomica Sinica, 2007, 33(7): 1100-1107. (in Chinese)
- [27] 宋玥, 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.
SONG Y, 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. (in Chinese)
- [28] 陈成斌, 潘大建. 野生稻种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
CHEN C B, PAN D J. Descriptors and data standard for wild rice (*Oryza* spp.)[M]. Beijing: China Agricultural Press, 2006. (in Chinese)
- [29] 沈甲诚, 焦越佳, 张可可, 何穗华, 金雨晴. 籼杜鹃种质资源表型性状的遗传多样性分析[J]. 热带作物学报, 2022, 43(9): 1801-1811.
SHEN J C, JIAO Y J, ZHANG K K, HE S H, JIN Y Q. Analysis of genetic diversity of phenotypic traits of *Bougainvillea* germplasm resources[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2022, 43(9): 1801-1811. (in Chinese)
- [30] 袁东升, 王晓敏, 赵宇飞, 潘兵青, 白熔熔, 胡新华, 付金军, 高艳明, 李建设. 100份番茄种质资源表型性状的遗传多样性分析[J]. 西北农业学报, 2019, 28(4): 594-601.
YUAN D S, WANG X M, ZHAO Y F, PAN B Q, BAI R R, HU X H, FU J J, GAO Y M, LI J S. Genetic diversity analysis of 100 tomato germplasm resources based on phenotypic traits[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2019, 28(4): 594-601. (in Chinese)
- [31] 孙珍珠, 李秋月, 王小柯, 赵婉彤, 薛杨, 冯锦英, 刘小丰, 刘梦雨, 江东. 宽皮柑橘种质资源表型多样性分析及综合评价[J]. 中国农业科学, 2017, 50(22): 4362-4372.
SUN Z Z, LI Q Y, WANG X K, ZHAO W T, XUE Y,

- FENG J Y, LIU X F, LIU M Y, JIANG D. Comprehensive evaluation and phenotypic diversity analysis of germplasm resources in mandarin[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2017, 50(22): 4362-4372. (in Chinese)
- [32] NAREDO M E B, MERCADO S M Q, BANATICLA-HILARIO M C N, BERDOS M L, RODRIGUEZ M A, MCNALLY K L, HAMILTON R S. Genetic diversity patterns in *ex situ* collections of *Oryza officinalis* Wall. ex G. Watt revealed by morphological and microsatellite markers[J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2017, 64(4): 733-744.
- [33] GAO L Z. Microsatellite variation within and among populations of *Oryza officinalis* (Poaceae), an endangered wild rice from China[J]. *Molecular Ecology*, 2005, 14(14): 4287-4297.
- [34] ZHANG J, PAN D J, FAN Z L, YU H, JIANG L Q, LV S W, SUN B R, CHEN W F, MAO X X, LIU Q, LI C. Genetic diversity of wild rice accessions (*Oryza rufipogon* Griff.) in Guangdong and Hainan provinces, China, and construction of a wild rice core collection[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 999454.
- [35] LIU W, SHAHID M Q, BAI L, LU Z Z, CHEN Y H, JIANG L, DIAO M Y, LIU X D, LU Y G. Evaluation of genetic diversity and development of a core collection of wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) populations in China[J]. *PLoS One*, 2015, 10(12): e0145990.
- [36] 高立志, 周毅, 葛颂, 洪德元, 梁耀懋, 林登豪, 陈成斌, 吴妙坐, 黄德爱. 广西普通野生稻(*Oryza rufipogon* Griff.) 的遗传资源现状及其保护对策[J]. *中国农业科学*, 1998, 31(1): 33-40.
- GAO L Z, ZHOU Y, GE S, HONG D Y, LIANG Y M, LIN D H, CHEN C B, WU M Z, HUANG D A. Current status of the genetic resources of *Oryza rufipogon* Griff. and its conservation strategies in Guangxi[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 1998, 31(1): 33-40. (in Chinese)
- [37] 余萍, 李自超, 张洪亮, 李道远, 王美兴, 孙俊立, 王象坤. 广西普通野生稻(*Oryza rufipogon* Griff.)表型性状和 SSR 多样性研究[J]. *遗传学报*, 2004, 31(9): 934-940.
- YU P, LI Z C, ZHANG H L, LI D Y, WANG M X, SUN J L, WANG X K. Genetic diversity of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) by using SSR markers and phenotypic traits in Guangxi province[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2004, 31(9): 934-940. (in Chinese)
- [38] 王美兴. 中国普通野生稻遗传多样性及核心种质构建[D]. 北京: 中国农业大学, 2008.
- WANG M X. Genetic diversity and core collection construction of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in China[D]. Beijing: China Agricultural University, 2008. (in Chinese)
- [39] HUANG X H, KURATA N, WEI X H, WANG Z X, WANG A H, ZHAO Q, ZHAO Y, LIU K Y, LU H Y, LI W J, GUO Y L, LU Y Q, ZHOU C C, FAN D L, WENG Q J, ZHU C R, HUANG T, ZHANG L, WANG Y C, FENG L, FURUUMI H, KUBO T, MIYABAYASHI T, YUAN X P, XU Q, DONG G J, ZHAN Q L, LI C Y, FUJIYAMA A, TOYODA A, LU T T, FENG Q, QIAN Q, LI J Y, HAN B. A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice[J]. *Nature*, 2012, 490(7421): 497-501.
- [40] 薛艳霞, 梁燕理, 冯璇, 黄金艳, 刘芳, 覃宝祥, 邱永福, 李容柏. 广西普通野生稻遗传多样性中心的确定与核心种质构建[J]. *华南农业大学学报*, 2016, 37(5): 24-30.
- XUE Y X, LIANG Y L, FENG X, HUANG J Y, LIU F, QIN B X, QIU Y F, LI R B. Center of genetic diversity and core collection of common wild rice, *Oryza rufipogon* Griff., in Guangxi[J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2016, 37(5): 24-30. (in Chinese)
- [41] 廖辉. 种群大小对普通野生稻(*Oryza rufipogon* Griff.)遗传多样性的影响[D]. 上海: 复旦大学, 2011.
- LIAO H. Effect of population size on genetic diversity in common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.)[D]. Shanghai: Fudan University, 2011. (in Chinese)