

# 31份藜麦种质农艺性状及ISSR遗传多样性分析

姚佳<sup>1</sup>, 杨发荣<sup>2</sup>, 刘文瑜<sup>2</sup>, 黄杰<sup>2</sup>, 魏玉明<sup>2</sup>, 杨超<sup>3</sup>, 刘欢<sup>1\*</sup>

(1. 甘肃农业大学草业学院, 草业生态系统教育部重点实验室, 甘肃省草业工程实验室, 中-美草地畜牧业可持续发展研究中心, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃省农业科学院畜牧与绿色农业研究所, 甘肃 兰州 730070; 3. 甘肃农业大学食品科学与工程学院, 甘肃 兰州 730070)

**摘要:**【目的】筛选西北干旱及半干旱地区不同利用价值藜麦种质, 为藜麦种质资源的保护与利用奠定基础。【方法】以种植于甘肃临夏东乡县的31份藜麦种质资源为材料, 分析其农艺性状, 利用ISSR引物进行分子标记PCR扩增, 阐明其遗传多样性及特点。【结果】株高、茎粗、鲜干比、茎叶比、单株产量5个农艺性状的变异系数在14.41%~63.30%, 其中株高与茎粗、鲜干比呈极显著正相关, 与单株产量呈显著正相关。茎粗与单株产量呈极显著正相关, 与鲜干比呈显著正相关。鲜干比与单株产量呈极显著正相关。筛选出8条多态性高且清晰的ISSR引物, 扩增出63条条带, 其中多态性条带55条, 多态性位点比率为83.70%, 有效等位基因数( $N_e$ )为1.4515, 基因多样性( $H$ )为0.2731, 香农信息指数( $I$ )为0.4174。根据UPGMA聚类分析结果, 在遗传相似系数为0.72时, 31份藜麦种质可分为5个类群。第1类群为已选育的陇藜1号、陇藜7号, 抗倒伏性、抗病虫害好; 第2类群株高较低, 可作为抗倒伏材料进一步选育; 第3类群株高高、单株产量大、鲜干比适中、茎叶比小, 可作为鲜喂材料进一步选育; 第4类群鲜干比最大, 且与台湾红藜LQ-223的亲缘关系相近; 第5类群具有茎叶比最大、中熟品种的特性。【结论】31份藜麦种质资源具有较高的遗传多样性, 可为藜麦种质资源创新、遗传育种提供优质材料和科学依据。

**关键词:** 藜麦; 农艺性状; 遗传多样性; ISSR分子标记; 聚类分析

**中图分类号:** S519 **文献标志码:** A **文章编号:** 1009-5500(2024)03-0043-09

**DOI:** 10.13817/j.cnki.cyycp.2024.03.006



藜麦 (*Chenopodium quinoa*) 为苋科 (Amaranthaceae) 藜亚科一年生草本植物, 对盐碱、干旱、霜冻、病虫害等具有较强的抗性能力<sup>[1]</sup>。藜麦的籽粒和其收

获、加工后的副产品, 如麸皮、秸秆等可作为饲草利用<sup>[2]</sup>。籽粒中富含氨基酸且组成均衡, 尤其含有其他谷物缺少的蛋氨酸、赖氨酸和组氨酸, 在饲料中添加一定比例的藜麦籽粒可以改善动物饲料中氨基酸的平衡<sup>[3]</sup>。藜麦的纤维含量较低, 粗蛋白含量较高, 且富含丰富的矿质元素, 对动物饲料中的矿物质含量具有很好的调节作用<sup>[4-5]</sup>。有研究表明, 藜麦全株及其秸秆营养价值与紫花苜蓿、甜高粱、全株玉米相当, 消化转化率高, 木质素含量低于玉米秸秆, 适用于牛、羊等反刍动物粗饲料生产<sup>[6]</sup>, 但从产量来说, 在西北冷凉地区, 藜麦秸秆的饲用价值高于苜蓿干草<sup>[7]</sup>。种质农艺性状是评价作物后期发展潜力和研究深度的首要指标, 对作物的分类、鉴定和良种选育具有重要作用<sup>[8]</sup>。Fuentes等<sup>[9]</sup>从智利北部选取的28种藜麦材料进行分

**收稿日期:** 2022-10-25; **修回日期:** 2023-03-14

**基金资助:** 国家自然科学基金项目(31660357); 中央引导地方科技发展专项; 甘肃省科技支撑计划项目(21JR7RA730); 甘肃省农业科学院农业科技创新专项(2022GASS07); 甘肃省农业科学院重点研发计划(2020GAAS31); 甘肃省自然科学基金项目(21JR7RA824); 草业生态系统教育部重点实验室开放课题(KLGE-2022-16)

**作者简介:** 姚佳(1999-), 女, 黑龙江大庆人, 硕士研究生。

E-mail: 604050128@qq.com

\*通信作者。E-mail: liuhuan@gsau.edu.cn

析后发现第1个主成分占总变异的36%，其中茎粗越粗，植株越高，产量越高。王艳青<sup>[10-11]</sup>对135份藜麦材料进行分析发现生育期与株高、茎粗呈极显著正相关，且发现株高和茎粗是直接影响藜麦单株产量的主要性状。

ISSR(inter-simple sequence repeats,简单重复序列)是由Zietkiewicz等<sup>[12]</sup>基于SSR创建的一种以PCR为基础的新型的微卫星类分子标记技术。具有重复性好、稳定性高、多态性高、操作简便等优点<sup>[13]</sup>，已广泛应用于物种分类、品种鉴定及遗传多样性等方面<sup>[14]</sup>。目前，ISSR分子标记技术运用于甘薯<sup>[15]</sup>(*Ipomoea batatas*)、紫花苜蓿<sup>[16]</sup>(*Medicago sativa*)和红砂<sup>[17]</sup>(*Reaumuria soongorica*)等植物种质资源的遗传多样性研究中。Coronado等<sup>[18]</sup>利用7对ISSR标记对81份藜麦材料进行探究，发现在遗传相似指数为0.65时可分为4个类群，平均杂合度为0.38，且81份藜麦材料的遗传变异主要发生在组内，占比78%。Naggar等<sup>[19]</sup>利用10对ISSR分子标记对5份藜麦材料进行分析，得到多态性百分比为61.83%，平均遗传相似度约为59%。而国内ISSR分子标记的藜麦遗传多样性分析目前相关报道较少。基于我国藜麦种质材料遗传背景、亲缘关系尚不明确，本研究通过调查31份藜麦种质资源的农艺性状并利用ISSR分子标记进行遗传差异分析，为筛选出适合甘肃地区可用于推广种植的藜麦种质，并为今后扩展藜麦的应用范围、栽培与育种提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

供试藜麦材料31份，其中陇藜1号、陇藜7号由甘肃省农业科学院畜草与绿色农业研究所提供，LQ-223为台湾红藜，CHLI-006、CHLI-913由中国科学院分子植物科学卓越创新中心提供。

### 1.2 试验地概况及试验设计

试验于2021年在甘肃省临夏州东乡族自治县进行。采用随机区组设计，小区面积1 m×3 m，3次重复，小区间隔1 m，前茬作物为马铃薯。2021年5月20日播种。播前对土地进行深耕耙磨，一次性施入藜麦专用肥600 kg/hm<sup>2</sup>(N+P+K≥45%，N:P:K=13:22:10)，采用覆膜人工点播的种植方式，播深2 cm，株

表1 31份藜麦材料概况

Table 1 Overview of 31 quinoa materials

编号	种质资源代码	来源
1	LQ-078	
2	LQ-149	
3	LQ-148	
4	LQ-159	
5	LQ-169	
6	LQ-173	
7	LQ-175	
8	LQ-127	
9	LQ-119	
10	LQ-118	
11	LQ-109	
12	LQ-047	
13	LQ-029	
14	LQ-063	甘肃省农业科学院 畜草与绿色农业研 究所
15	陇藜7号	
16	LQ-020	
17	LQ-016	
18	LQ-012	
19	LQ-082	
20	LQ-086	
21	LQ-105	
22	LQ-182	
23	LQ-241	
24	LQ-257	
25	LQ-279	
26	LQ-223	
27	LQ-266	
28	LQ-297	
29	陇藜1号	
30	CHLI-006	中国科学院分子植 物卓越创新中心
31	CHLI-013	

距25 cm，行距30 cm。生育期内不追肥、不灌水，田间管理措施等同大田。

### 1.3 测定项目及方法

1.3.1 测定指标与方法 2021年9月在每个处理中随机选取9株藜麦，对其生育期、株高、茎粗、茎色、穗色、单株产量等调查统计和测定分析。并采摘新鲜藜麦主穗下第一片幼嫩叶片，液氮速冻后做好标记于-80℃冰箱保存备用。

1.3.2 藜麦基因组DNA提取 采用植物基因组DNA提取试剂盒(TIANGEN, DP305)提取藜麦叶片DNA。用1%的琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量，通

表2 试验地土壤养分概况  
Table 2 Soil nutrient of the test site

	有机质/ (g·kg <sup>-1</sup> )	速效钾/ (mg·kg <sup>-1</sup> )	有效磷/ (mg·kg <sup>-1</sup> )	碱解氮/ (mg·kg <sup>-1</sup> )	pH值	全氮/ (g·kg <sup>-1</sup> )	全磷/ (g·kg <sup>-1</sup> )	全盐/ (g·kg <sup>-1</sup> )	含水量/%
处理土样	8.08± 0.044	141± 0.087	9.2± 0.052	28.8± 0.66	8.7± 0.005	0.41±0.008	1.13±0.017	0.071± 0.018	3.20±0.018

过凝胶电泳图筛选出条带清晰、质量达标的DNA,放于-20℃冰箱保存。

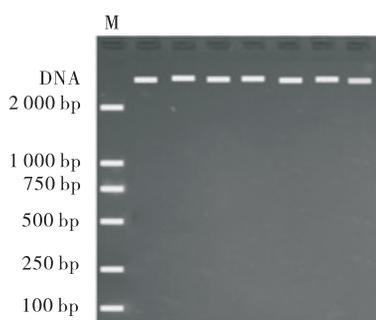


图1 部分DNA琼脂糖凝胶电泳检测结果

Fig. 1 Results of partial DNA agarose gel electrophoresis

1.3.3 ISSR-PCR反应体系和ISSR引物的筛选根据房孝迪<sup>[20]</sup>、王普昶<sup>[21]</sup>、雷雪峰<sup>[22]</sup>对藜科植物进行ISSR扩增的文中引物进行筛选,引物由上海生工合成。PCR体系应用参考燕麦<sup>[23]</sup>扩增程序并改良(表3),采用2.0%的琼脂糖凝胶电泳检测PCR产物,以2000 bp Marker(天根生化科技)为参照,电压90 V,电流80 mA,电泳1 h,20 min,AI680化学发光成像仪凝胶成像系统拍照保存。

表3 PCR扩增体系  
Table 3 PCR amplification system

	PCR反应体系	
预变性	94℃	5 min
变性	94℃	30 s
退火	50~60℃	30 s
延伸	72℃	1 min
终延伸	72℃	10 min
保存	4℃	∞

#### 1.4 数据统计分析

采用Microsoft Excel 2010、SPSS 22.0对农艺性状进行数据整理与分析,电泳成像后有条带的记作“1”,没有条带的记作“0”,记录清晰电泳谱带,得到ISSR表型数据矩阵,运用NTSYS 2.1、POPGENE 32构建聚类树状图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同藜麦种质的农艺性状分析

对31份藜麦种质的5个性状进行分析(表4),不同藜麦种质材料的株高、茎粗、鲜干比、茎叶比、单株产量均有明显差异( $P<0.05$ )。株高变化幅度为108.7~217.67 cm,平均值为 $178.75\pm 2.67$  cm,变异系数为14.41%,其中最小值为LQ-109( $108.70\pm 4.20$  cm),最大值为CHLI-006( $217.67\pm 13.78$  cm),CHLI-006与LQ-109、LQ-016差异显著( $P<0.05$ )。茎粗变化幅度14.40~23.08 mm之间,平均值 $17.87\pm 0.30$  mm,变异系数为16.23%,其中最小值为LQ-109( $14.40\pm 0.32$  mm),最大值为陇藜1号 $23.08\pm 2.20$  mm;陇藜1号、LQ-158、LQ-086均大于20 mm,陇藜1号、LQ-159与LQ-109差异显著( $P<0.05$ )。鲜干比在2.19~4.85,平均值为 $3.55\pm 0.09$ ,变异系数为23.94%,其中最大值为LQ-223( $4.85\pm 0.39$ ),最小值为LQ-119( $2.19\pm 0.06$ ),LQ-223与LQ-119差异显著( $P<0.05$ )。茎叶比未表现出明显差异,茎叶比在1.57~6.53之间,平均值为 $2.69\pm 0.42$ ,变异系数为70.26%,其中最大值为LQ-119( $6.53\pm 2.03$ ),最小值为LQ-223( $1.57\pm 0.13$ )。单株产量在0.30~1.36,平均值为( $0.72\pm 0.03$ )kg,变异系数为40.28%,其中最大值为LQ-266( $1.36\pm 0.2$ )kg,最小值为LQ-016( $0.30\pm 0.01$ )kg,LQ-266与LQ-016、LQ-118差异显著( $P<0.05$ )。

### 2.2 藜麦农艺性状相关性分析

整体来看,藜麦种质5个农艺性状间大多呈显著( $P<0.05$ )或极显著( $P<0.01$ )相关(表5)。其中株高与茎粗、鲜干比呈极显著正相关,与单株产量呈显著正相关。茎粗与单株产量呈极显著正相关,与鲜干比呈显著正相关。鲜干比与单株产量呈极显著正相关(表5)。

表4 31份藜麦农艺性状评价

Table 4 Agronomic traits evaluation of 31 quinoa cultivars

编号	株高/cm	茎粗/mm	鲜干比	茎叶比	单株产量/kg
陇黎1号	198.67±18.44 <sup>abcde</sup>	23.08±2.20 <sup>a</sup>	3.65±0.19 <sup>abcdef</sup>	2.31±0.25 <sup>a</sup>	0.89±0.05 <sup>abc</sup>
陇黎7号	163.03±5.65 <sup>feh</sup>	17.81±0.73 <sup>ab</sup>	2.87±0.20 <sup>defg</sup>	2.53±0.74 <sup>a</sup>	0.56±0.05 <sup>bc</sup>
CHLI-006	217.67±13.78 <sup>a</sup>	19.96±2.00 <sup>ab</sup>	4.33±0.13 <sup>abcd</sup>	2.18±0.25 <sup>a</sup>	0.93±0.13 <sup>abc</sup>
CHLI-013	173.87±5.32 <sup>cdefg</sup>	18.05±2.26 <sup>ab</sup>	3.83±0.16 <sup>abcde</sup>	2.12±0.36 <sup>a</sup>	0.67±0.11 <sup>bc</sup>
LQ-012	202.67±5.61 <sup>abcd</sup>	18.99±2.19 <sup>ab</sup>	4.68±0.20 <sup>ab</sup>	1.60±0.17 <sup>a</sup>	0.63±0.14 <sup>bc</sup>
LQ-016	122.80±2.25 <sup>i</sup>	15.71±1.58 <sup>ab</sup>	2.28±0.11 <sup>fg</sup>	2.64±0.70 <sup>a</sup>	0.30±0.01 <sup>c</sup>
LQ-020	183.80±5.93 <sup>bcddefg</sup>	17.27±0.70 <sup>ab</sup>	3.29±0.17 <sup>bcddefg</sup>	3.19±.056 <sup>a</sup>	0.67±0.12 <sup>bc</sup>
LQ-029	210.47±6.52 <sup>ab</sup>	19.11±1.70 <sup>ab</sup>	4.15±0.17 <sup>abcd</sup>	1.98±0.12 <sup>a</sup>	0.70±0.17 <sup>bc</sup>
LQ-047	184.53±6.01 <sup>abcdefg</sup>	17.68±0.60 <sup>ab</sup>	4.02±0.18 <sup>abcde</sup>	1.64±0.22 <sup>a</sup>	0.90±0.23 <sup>abc</sup>
LQ-063	192.63±3.68 <sup>bcdef</sup>	16.59±1.35 <sup>ab</sup>	3.61±0.14 <sup>abcdefg</sup>	1.64±0.55 <sup>a</sup>	0.70±0.11 <sup>bc</sup>
LQ-078	160.23±3.20 <sup>figh</sup>	16.69±3.08 <sup>ab</sup>	3.34±0.07 <sup>bcddefg</sup>	2.04±0.33 <sup>a</sup>	0.75±0.24 <sup>bc</sup>
LQ-082	185.60±5.35 <sup>abcdefg</sup>	17.88±1.53 <sup>ab</sup>	3.27±0.07 <sup>bcddefg</sup>	2.68±0.39 <sup>a</sup>	0.51±0.05 <sup>bc</sup>
LQ-086	198.80±9.90 <sup>abcd</sup>	20.25±0.87 <sup>ab</sup>	3.35±0.07 <sup>bcddefg</sup>	1.76±0.32 <sup>a</sup>	0.99±0.13 <sup>abc</sup>
LQ-105	186.53±1.08 <sup>abcdefg</sup>	18.54±0.32 <sup>ab</sup>	2.91±0.14 <sup>defg</sup>	2.17±0.13 <sup>a</sup>	0.65±0.04 <sup>bc</sup>
LQ-109	108.70±4.20 <sup>i</sup>	14.40±0.32 <sup>b</sup>	2.36±0.05 <sup>fg</sup>	3.51±0.50 <sup>a</sup>	0.48±0.06 <sup>bc</sup>
LQ-118	143.37±7.65 <sup>h</sup>	15.16±1.09 <sup>ab</sup>	2.26±0.09 <sup>fg</sup>	3.55±0.93 <sup>a</sup>	0.33±0.00 <sup>bc</sup>
LQ-119	167.30±1.57 <sup>efgh</sup>	17.71±1.63 <sup>ab</sup>	2.19±0.06 <sup>g</sup>	6.53±2.03 <sup>a</sup>	0.38±0.08 <sup>bc</sup>
LQ-127	194.50±2.88 <sup>abcdef</sup>	17.45±0.53 <sup>ab</sup>	2.72±0.07 <sup>efg</sup>	2.48±0.04 <sup>a</sup>	0.53±0.03 <sup>bc</sup>
LQ-148	181.57±3.10 <sup>bcddefg</sup>	18.31±0.19 <sup>ab</sup>	3.35±0.13 <sup>bcddefg</sup>	2.18±0.09 <sup>a</sup>	0.66±0.06 <sup>bc</sup>
LQ-149	185.00±7.09 <sup>abcdefg</sup>	16.21±1.30 <sup>ab</sup>	4.64±1.19 <sup>abc</sup>	5.87±4.07 <sup>a</sup>	0.63±0.09 <sup>bc</sup>
LQ-159	181.93±0.28 <sup>bcddefg</sup>	22.53±0.53 <sup>a</sup>	4.57±0.38 <sup>abc</sup>	1.71±0.29 <sup>a</sup>	1.05±0.03 <sup>ab</sup>
LQ-169	207.17±8.39 <sup>abc</sup>	19.99±1.00 <sup>ab</sup>	3.81±0.24 <sup>abcde</sup>	2.33±0.12 <sup>a</sup>	0.85±0.13 <sup>abc</sup>
LQ-173	206.10±10.44 <sup>abc</sup>	17.56±1.62 <sup>ab</sup>	4.25±0.08 <sup>abcd</sup>	5.20±2.70 <sup>a</sup>	0.91±0.22 <sup>abc</sup>
LQ-175	185.33±6.76 <sup>abcdefg</sup>	15.44±1.02 <sup>ab</sup>	3.47±0.18 <sup>abcdefg</sup>	3.41±1.10 <sup>a</sup>	0.47±0.09 <sup>bc</sup>
LQ-182	192.87±3.52 <sup>abcdef</sup>	19.92±1.16 <sup>ab</sup>	4.20±0.07 <sup>abcd</sup>	2.57±0.22 <sup>a</sup>	1.03±0.19 <sup>ab</sup>
LQ-223	176.67±2.40 <sup>ghijkl</sup>	16.17±0.81 <sup>ab</sup>	4.85±0.39 <sup>a</sup>	1.57±0.13 <sup>a</sup>	0.67±0.12 <sup>bc</sup>
LQ-241	165.00±6.66 <sup>efgh</sup>	18.32±2.33 <sup>ab</sup>	4.20±0.31 <sup>abcd</sup>	2.03±0.19 <sup>a</sup>	0.83±0.20 <sup>abc</sup>
LQ-257	162.40±3.86 <sup>figh</sup>	15.93±1.16 <sup>ab</sup>	3.21±0.22 <sup>cdefg</sup>	2.79±0.25 <sup>a</sup>	0.73±0.08 <sup>bc</sup>
LQ-266	169.00±3.51 <sup>defgh</sup>	19.86±1.77 <sup>ab</sup>	3.02±0.03 <sup>defg</sup>	2.45±0.23 <sup>a</sup>	1.36±0.21 <sup>a</sup>
LQ-279	153.00±2.52 <sup>gh</sup>	16.12±1.18 <sup>ab</sup>	4.20±0.19 <sup>abcd</sup>	2.02±0.21 <sup>a</sup>	0.97±0.12 <sup>abc</sup>
LQ-297	180.00±3.06 <sup>bcddefg</sup>	15.19±0.80 <sup>ab</sup>	3.21±0.21 <sup>cdefg</sup>	2.76±0.43 <sup>a</sup>	0.58±0.06 <sup>bc</sup>
平均值	178.75±16.02	17.87±1.8	3.55±0.54	2.69±0.42	0.72±0.18
变异系数/%	14.41	16.23	23.94	70.26	40.28

注:同列不同字母表示处理间差异显著( $P<0.05$ )。

表5 藜麦品种不同性状间的相关性分析

Table 5 Correlation analysis between different traits of quinoa varieties

	株高/cm	茎粗/mm	鲜干比	茎叶比	单株产量/kg
株高/cm	1				
茎粗/mm	0.586**	1			
鲜干比	0.567**	0.355*	1		
茎叶比	-0.144	-0.310	-0.272	1	
单株产量/kg	0.396*	0.630**	0.518**	-0.347	1

注:\*代表差异显著( $P<0.05$ );\*\*代表差异极显著( $P<0.01$ )。

### 2.3 藜麦基因组DNA质量和纯度检测

用1%琼脂糖凝胶电泳检测总DNA,结果表明,

$D_{260\text{nm}}/D_{280\text{nm}}$ 介于1.8~2.0,所提取的DNA质量较好,条带清晰、均匀,没有杂质污染,无DNA大量降解现象。

## 2.4 供试藜麦种质 ISSR-PCR 扩增结果

将筛选获得的8条ISSR引物分别进行PCR扩增实验(模板为31份藜麦种质DNA),共扩增出63个条带,其中多态性条带55条,总多态性百分率为

87.30%。引物UBC816、UBC868藜麦扩增电泳图谱分别如图2—3所示。引物UBC816扩增出来的藜麦基因组片段长度主要集中在250~2 000 bp;引物UBC855扩增片段长度主要集中在100~1 000 bp。

表6 ISSR引物扩增结果及其多态性

Table 6 Amplification results and polymorphism of ISSR primers used in this study

引物	序列(5'-3')	退火温度/℃	扩增条带	多态性条带	多态性百分率/%
UBC810	(GA)8T	51	8	8	100.00
UBC812	(GA)8A	54	8	8	100.00
UBC816	(CA)8T	51	10	6	60.00
UBC843	(CT)8RA	51	6	5	83.33
UBC846	(CA)8RT	54	6	5	83.33
UBC848	(CA)8RG	53	7	7	100.00
UBC855	(AC)8YT	51	9	9	100.00
UBC868	(GAA)6	51	9	7	77.78
总计			63	55	87.30

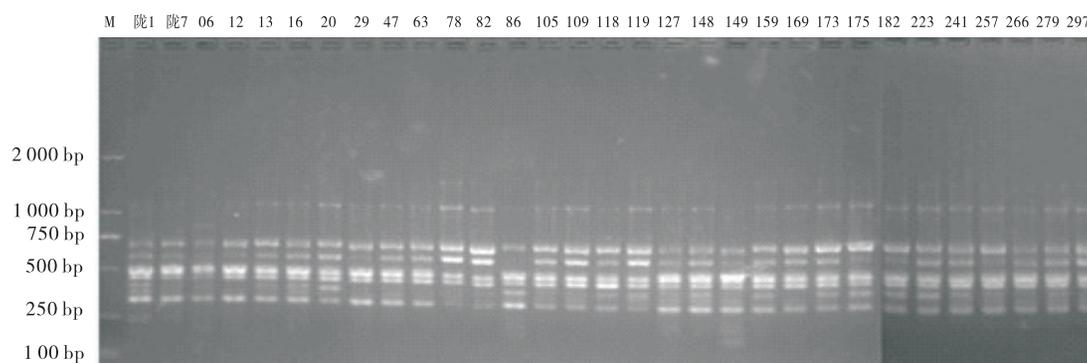


图2 引物UBC816的ISSR扩增结果

Fig. 2 ISSR amplification results of primer UBC816

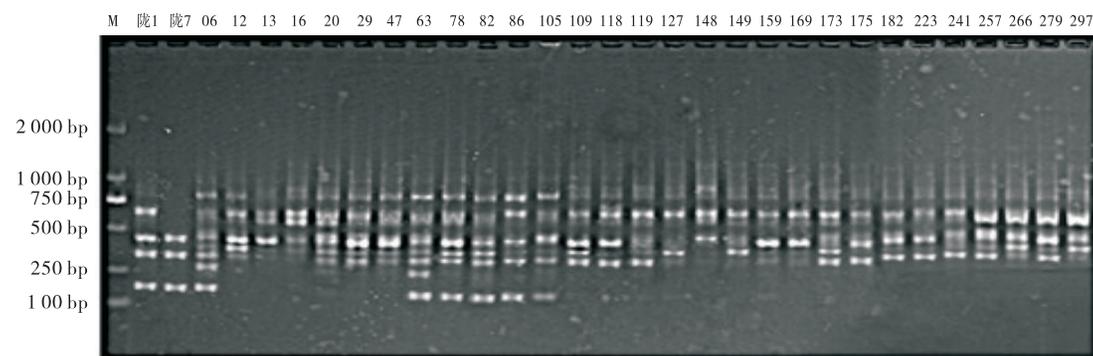


图3 引物UBC855的ISSR扩增结果

Fig. 3 ISSR amplification results of primer UBC855

## 2.4 藜麦种质之间的遗传多样性分析

31份藜麦种质资源间的遗传相似系数(GS)变化范围为0.460 3~0.936 5(表7),遗传多样性较高。等位基因数( $N_e$ )为1.873 0±0.335 6;有效等位基因数

( $N_e$ )为1.451 5±0.336 1;Nei's基因多样性指数( $H$ )为0.273 1±0.169 8;香农信息指数( $I$ )为0.417 4±0.230 1,香农指数较高,31份种质资源遗传多样性较高。

表7 31份藜麦种质遗传多样性参数

Table 7 Genetic diversity of 31 quinoa germplasm resources

等位基因数( $N_a$ )	有效等位基因数( $N_e$ )	Nei's基因多样性指数( $H$ )	香农信息指数( $I$ )
1.873 0±0.335 6	1.451 5±0.336 1	0.273 1±0.169 8	0.417 4±0.230 1

对31份藜麦种质资源的2个定性性状进行每一性状群体之间分析表明(表8),茎色的遗传多样性指数为0.286 5,以绿色占比例最高,为51.61%;红色占

比最少,为6.45%。穗色的遗传多样性指数为0.2765,以黄绿色占比例最高,为38.72%;红色和绿色占比最少,为12.90%。

表8 31份藜麦种质资源茎色、穗色定性性状的遗传多样性分析

Table 8 Genetic diversity analysis of two qualitative traits in 31 quinoa germplasm resources

性状	Nei's基因多样性指数( $H$ )	频率分布/%				
		0	1	2	3	4
茎色	0.2865	0	6.45	12.91	29.03	51.61
穗色	0.2765	12.90	12.90	19.35	38.72	16.13

注:茎色1为红色,2为红绿色,3为黄绿色,4为绿色;穗色:0为红色,1为红绿色,2.绿色,3为黄绿色,4为黄色。

## 2.5 藜麦种质之间的聚类分析

根据8条ISSR引物扩增结果的数据统计,利用NTSYS对31份藜麦材料的遗传距离进行计算和聚类分析(图4)。结果表明,31份藜麦种质材料之间的遗传相似系数为0.63~0.94。其中遗传相似性最高的是CHLI-12和LQ-029,遗传相似系数为0.936 5,说明这两个藜麦品种的亲缘关系较接近。当遗传相似系数为0.63时,31份材料可聚为2个类群:第1类群共包括29份种质资源,第2类群包括LQ-020和LQ-082共2个种质资源。第二类群茎叶比最大,均为中熟品种;且说明LQ-020和LQ-082与其种质间遗传关系较远,其余29份种质间遗传距离较小,遗传相似度较高,亲缘关系较接近。在遗传相似系数为0.72时,可将29份种质资源分成4大亚类类群,第1大亚类包括:陇藜1号和陇藜7号是2个已培育品种,这一类群平均茎粗值最大,鲜干比最小,且均为中熟材

料(表4);第2大亚类包括:CHLI-012、LQ-029、LQ-047、LQ-063、LQ-078、LQ-013、LQ-118、LQ-159、LQ-169、LQ-127、LQ-148、LQ-119、LQ-149、LQ-016、LQ-105、LQ-109共16个种质材料,本类群株高值最小,茎粗适中,藜麦适当降低高度,增加茎秆粗度有利于提高抗倒伏能力<sup>[24]</sup>,这一类群可进一步筛选为抗倒伏材料,包括早熟材料、中熟材料、晚熟材料;第3大亚类包括:CHLI-006、LQ-086共2个种质资源,本类群株高、单株产量最大,茎叶比最小,包括早熟材料、晚熟材料;第4大亚类包括:LQ-173、LQ-175、LQ-182、LQ-223、LQ-241、LQ-257、LQ-279、LQ-266、LQ-297共9个种质资源,LQ-223为台湾红藜,本类群鲜干比最大,茎粗值最小,多数为中熟材料,少数为早熟材料、晚熟材料。第4大亚类可作为鲜喂、产量高的材料进行选育。

表9 聚类后5类藜麦种质的主要农艺性状统计

Table 9 Statistics of major agronomic traits in five groups of quinoa accessions

种质类群	种质数	株高/cm	茎粗/mm	鲜干比	茎叶比	单株产量/kg
I	2	180.85	20.45	3.25	2.42	0.73
II	16	175.20	17.70	3.42	2.75	0.64
III	2	208.24	20.11	3.84	2.14	0.96
IV	9	176.71	17.17	3.85	2.76	0.84
V	2	184.70	17.58	3.30	2.94	0.59

注:第1类群包括I、II、III和IV亚类,第2类群为V。

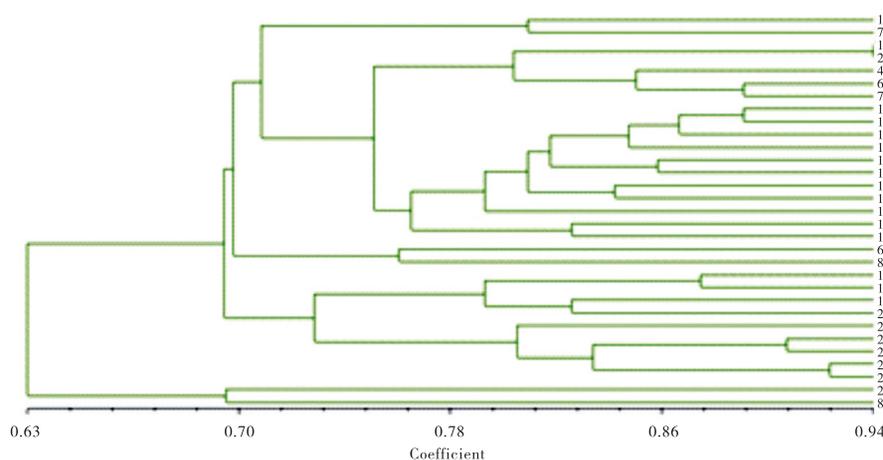


图4 基于ISSR分子标记的31份藜麦材料聚类分析

Fig. 4 Cluster analysis of 31 quinoa materials based on ISSR molecular markers

### 3 讨论

种质资源是一个物种性状的基因载体,是品种选育的物质基础<sup>[23]</sup>。农艺性状是描述和鉴定牧草种质资源的重要方法,也是评价牧草生产性能的重要依据<sup>[25]</sup>。本研究中的5个农艺性状的变异系数范围在14.41%~70.26%,均大于10%,说明供试藜麦种质之间存在的差异大,资源类型丰富,有利于特异种质材料的比较和筛选<sup>[8]</sup>。株高最小值为LQ-109(108.70 cm),且产量适中。有研究表明,株高是影响倒伏的重要因素,适当降低株高是提高倒伏性的有效措施之一<sup>[26]</sup>,而甘肃地区种植条件导致植株水分含量增高,株高攀升,倒伏率大幅提高,最高可达50%<sup>[27]</sup>,但倒伏率还与栽培环境和调控技术相关;该材料有株高较低的优势,可进一步进行抗倒伏试验,查证倒伏率。茎粗最大值为陇藜1号(23.08 mm),该品种作为已选育品种抗倒伏、各个农艺性状良好<sup>[28]</sup>,可作为选育其他种质的依据。鲜草产量和干草产量高的饲草其生产利用率高,对于饲料生产和选育新品种具有重要的参考价值<sup>[29]</sup>。茎叶比和鲜干比大小直接影响其适口性和干草品质,与牧草干物质累积程度及利用价值相关<sup>[30]</sup>。鲜干比最大为种质LQ-223(4.85),晾晒干草的性能较差,宜于鲜喂<sup>[31]</sup>;最小为种质LQ-119(2.19),晾晒干草能力强,干物质含量高,营养物质含量也高<sup>[31]</sup>。茎叶比最小为种质LQ-223(1.57),茎叶比越小,则其含叶量越丰富,粗蛋白、粗脂肪含量越高,牧草适口性及营养品质越高<sup>[32]</sup>。株高与茎粗呈极显著正相关,与袁佳红等<sup>[8]</sup>的研究结果一致。

我国多用传统育种方法进行作物育种,通过性状、生化指标来进行鉴定,再进行杂交育种,这种方法简单,可培育出产量高、抗性好的优良品种,但也有难以改善的缺点<sup>[33]</sup>。藜麦引入国内时间较短,研究基础薄弱、品种来源与遗传背景不明,不利于藜麦新品种选育与开发。ISSR分子标记技术为遗传多样性、物种鉴定等提供了更方便、快捷的方法。本研究中筛选获得的8条引物,共扩增出63条条带,其中多态性条带55条,总多态性百分率为87.30%,高于埃及Naggar等<sup>[19]</sup>的平均多态率61.83%,低于美国NCoronado等<sup>[18]</sup>的平均多态率99.44%。在遗传相似系数为0.72时,可将第1类群分为4大亚类,LQ-223为台湾红藜在第IV类群中,这个类群中的其他种质与台湾红藜亲缘关系非常接近,且本类群的鲜干比最大,可作为选育鲜喂的材料进一步选育。胡一波等<sup>[34]</sup>研究提出台湾藜麦材料与南美洲北部藜麦居群关系较近,推测这些种质可能是从南美洲引种的藜麦改良成现有的品种。LQ-012和LQ-029遗传相似性约达94%,可能存在相近的亲缘关系或来源地。

### 4 结论

本研究从31份藜麦种质材料中筛选出5个农艺性状较好的种质,可进一步研究其营养品质,进行后期工作的选育。通过ISSR扩增可将31份藜麦种质分为5大类,这31份藜麦种质具有较高的遗传多样性,可为甘肃藜麦种质资源遗传多样性分析、遗传育种等工作提供理论依据。

## 参考文献:

- [1] Jacobsen S E, Mujica A, Jensen C R. The Resistance of Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) to Adverse Abiotic Factors[J]. Food Reviews International, 2003, 19(1/2): 99-109.
- [2] 刘敏国,杨倩,杨梅,等. 藜麦的饲用潜力及适应性[J]. 草业科学, 2017, 34(6): 1264-1271.
- [3] 董扬. 饲用藜麦应用潜力分析[J]. 现代畜牧科技, 2022(1): 25-26.
- [4] 高睿,李志坚,秦培友,等. 藜麦的发展与应用潜力分析[J]. 饲料研究, 2019, 42(12): 77-80.
- [5] 李星. 藜麦在吉林西部的适应性及饲用潜力研究[D]. 长春: 东北师范大学, 2019.
- [6] 崔晓琴,庞鹤鸣,杨志娟,等. 藜麦饲草饲喂肉羊育肥效果试验研究[J]. 畜牧兽医杂志, 2021, 40(1): 16-19.
- [7] 王伟,邵燕,庞鹤鸣,等. 藜麦营养功能及饲料化利用发展前景[J]. 养殖与饲料, 2021, 20(10): 78-81.
- [8] 袁加红,刘正杰,吴慧琳,等. 111份藜麦种质资源农艺性状分析[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2020, 35(4): 572-580+650.
- [9] Fuentes F, Bhargava A. Morphological Analysis of Quinoa Germplasm Grown Under Lowland Desert Conditions[J]. Journal of Agronomy and Crop Science, 2011, 197(2): 124-134.
- [10] 王艳青,李勇军,李春花,等. 藜麦主要农艺性状与单株产量的相关和通径分析[J]. 作物杂志, 2019(6): 156-161.
- [11] 王艳青,李春花,卢文洁,孙道旺,尹桂芳,陆平,王莉花. 135份国外藜麦种质主要农艺性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2018, 19(5): 887-894.
- [12] Zietkiewicz E, Rafalskia A, Labudad D. Genome Fingerprinting by Simple Sequence Repeat (SSR) - Anchored-Polymerase Chain Reaction Amplification[J]. Genomics, 1994, 20(2): 176-183.
- [13] 陈兆贵,张荃锋,卢晓琪,等. 基于ISSR分子标记的冬种马铃薯品种遗传多样性分析[J]. 湖南农业科学, 2022(1): 8-11.
- [14] 袁红,王羽玥,郭爱强,等. 野牛草ISSR分子标记体系的优化及遗传多样性分析[J]. 草原与草坪, 2022, 42(3): 9-15.
- [15] 崔晨珂,林涛,安艳波,等. 不同类型甘薯品种遗传多样性的ISSR分析[J]. 中国农业科技导报, 2022, 24(5): 68-75.
- [16] 魏双霞,师尚礼,康文娟,等. 抗寒苜蓿品系生产性能评价及ISSR遗传多样性分析[J]. 草原与草坪, 2019, 39(3): 15-25.
- [17] 张旭,苏世平,师微柠,等. 不同居群红砂的遗传多样性分析[J/OL]. 草地学报, 2022, 30(9): 2336-2344.
- [18] Morillo Coronado Ana Cruz, Manjarres Elsa Helena, Morillo Coronado Yacenia. Molecular characterization of *Chenopodium quinoa* Willd. using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers[J]. African Journal of Biotechnology, 2017, 16(10): 10143-10148.
- [19] A. M. M. Al-Naggat, R. M. Abd El-Salam, A. E. E. Badran, Mai M. A. El-Moghazi. Molecular Differentiation of Five Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) Genotypes Using Inter-simple Sequence Repeat (ISSR) Markers[J]. Biotechnology Journal International, 2017, 20(1): 1-12.
- [20] 房孝迪. 海岛与大陆藜种群遗传多样性的ISSR分析[D]. 大连: 辽宁师范大学, 2012.
- [21] 王普昶. 华北驼绒藜种群生殖生态学研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2009.
- [22] 雷雪峰. 北美驼绒藜不同世代群体遗传变异规律研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2008.
- [23] 宋吉玲,王伟科,陆娜,等. 基于农艺性状和ISSR标记的秀珍菇遗传多样性分析[J]. 南方农业学报, 2022, 53(1): 173-181.
- [24] 马立堂. 藜麦倒伏成因调查和调控技术研究[J]. 青海农林科技, 2022(2): 53-56.
- [25] 王娟,李荫藩,梁秀芝,等. 北方主栽燕麦品种种质资源形态多样性分析[J]. 作物杂志, 2017(4): 27-32.
- [26] 郭建芳,武小平,丁健. 静乐县藜麦抗倒伏试验[J]. 现代农业科技, 2019(15): 18-19.
- [27] 金茜,杨发荣,魏玉明,等. 外源植物生长调节剂作用下藜麦株高的响应性变化[J]. 甘肃农业科技, 2018(6): 50-52.
- [28] 杨发荣. 藜麦新品种陇藜1号的选育及应用前景[J]. 甘肃农业科技, 2015(12): 1-5.
- [29] 杨娟弟,祁娟,贾燕伟,等. 10个披碱草属野生植物材料生产性能综合评价[J]. 草原与草坪, 2022, 42(5): 54-61.
- [30] 南铭,景芳,边芳,等. 6个裸燕麦品种在甘肃中部引洮灌区的生产性能及饲用价值比较[J]. 草地学报, 2020, 28(6): 1635-1642.
- [31] 刘洋,崔凤娟,吕静波,等. 不同种植模式下饲草饲用品质及生长性状评价[J]. 农业科技通讯, 2022(8): 91-96.
- [32] 姜慧敏,布仁图雅. 豆科牧草与禾本科牧草的营养品质

- 指标的比较研究[J]. 环境与发展, 2014, 26(8): 65—72.
- [33] 陈兆贵, 张荃锋, 卢晓琪, 等. 基于ISSR分子标记的冬种马铃薯品种遗传多样性分析[J]. 湖南农业科学, 2022 (1): 8—11.
- [34] 胡一波. 藜麦品质性状评价与遗传多样性分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2017.

## Agronomic traits and ISSR genetic diversity analysis of thirty one quinoa germplasm

YAO Jia<sup>1</sup>, YANG Fa-rong<sup>2</sup>, LIU Wen-yu<sup>2</sup>, HUANG Jie<sup>2</sup>, WEI Yu-ming<sup>2</sup>,

YANG Chao<sup>3</sup>, LIU Huan<sup>1\*</sup>

(1. College of Grassland Science, Gansu Agricultural University, Key Laboratory for Grassland Ecosystem, Ministry of Education, Grassland Engineering Laboratory of Gansu Province, Sino-U. S. Centers for Grazing Land Ecosystem Sustainability, Lanzhou 730070, China; 2. Institute of Livestock, Grass and Green Agriculture, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, China; 3. College of Food Science and Engineering, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

**Abstract:** [Objective] This research was conducted to screen quinoa germplasm of different utilization values in arid and semi-arid regions of northwest China and to lay the foundation for the conservation and utilization of quinoa germplasm resources. [Method] Thirty-one quinoa germplasm resources collected from Dongxiang County, Linxia, Gansu Province were analyzed for their agronomic traits. Molecular marker PCR amplification was performed using ISSR primers to elucidate their genetic diversity and characteristics. [Result] The coefficients of variation for the five agronomic traits, such as plant height, stem thickness, fresh to dry ratio, stem to leaf ratio and yield per plant, ranged from 14.41% to 63.30%. Plant height showed a highly significant positive correlation with stem thickness, fresh to dry ratio and with yield per plant. Stem thickness was significantly positively correlated with yield per plant and fresh to dry ratio. Fresh to dry ratio was highly significantly correlated with yield per plant. Eight ISSR primers with high and clear polymorphism were selected and 63 bands were amplified, including 55 polymorphic bands. The ratio of polymorphic loci was 83.70%, the number of effective alleles ( $N_e$ ) was 1.451 5, the genetic diversity ( $H$ ) was 0.273 1 and the Shannon information index ( $I$ ) was 0.417 4. With a genetic similarity coefficient of 0.72, the 31 quinoa germplasm could be classified into five clusters. The first group was the selected longli 1 and longli 7, which have good resistance to lodging, and pests and diseases. The second group had low plant height which can be further selected as lodging resistant material. The third group had high plant height, high yield per plant, moderate fresh to dry ratio and small stem to leaf ratio. This group can be further selected as fresh fodder material. The fourth group had the largest fresh to dry ratio and was related to Taiwan Red Quinoa LQ-223. The fifth group had the largest fresh to dry ratio and was closely related to Taiwan Red Quinoa LQ-223. The fifth group was characterised by the largest stem to leaf ratio and medium maturity varieties. [Conclusion] The 31 quinoa germplasm resources in this experiment showed high genetic diversity, which can provide high-quality materials and scientific basis for quinoa germplasm resource innovation and genetic breeding.

**Key words:** *Chenopodium quinoa*; agronomic traits; genetic diversity; ISSR molecular markers; cluster analysis

(责任编辑 靳奇峰)