

陈翠萍,刘 洋. 基于 SSR 标记的藜麦种质资源遗传多样性分析与指纹图谱构建[J]. 江苏农业科学,2022,50(13):26-31.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.13.005

# 基于 SSR 标记的藜麦种质资源遗传多样性分析与指纹图谱构建

陈翠萍<sup>1,2</sup>, 刘 洋<sup>1,2</sup>

[1. 青海大学农林科学院,青海西宁 810016; 2. 农业农村部植物新品种测试(西宁)分中心,青海西宁 810016]

**摘要:**为了分析藜麦种质资源的遗传基础和遗传多样性,为藜麦种质资源的保护与高效利用提供理论依据。本研究以收集到的 48 份国内外藜麦种质资源为材料,采用简单重复序列(SSR)标记的方法,分析了藜麦种质资源的遗传多样性并构建 DNA 指纹数据库。结果表明,共筛选出 25 对多态性 SSR 分子标记,所有标记共检测到 134 个等位变异,每对引物检测出 3~13 个等位变异;Nei's 基因多样性指数( $H$ )为 0.107 5~0.368 7,均值为 0.242 4;Shannon 信息指数( $I$ )为 0.204 3~0.551 6,均值为 0.383 3;多态性信息含量( $PIC$ )为 0.378 8~0.852 2,均值为 0.604 2。聚类分析结果表明,48 份藜麦种质资源被分为 4 个组,相近地区或生态环境的种质资源多聚在一组;利用 3 对 SSR 引物组合,构建了 48 份藜麦资源数字指纹图谱。本研究结果表明 48 份藜麦种质资源遗传多样性丰富;所筛选的 SSR 标记用于藜麦种质资源遗传多样性分析及品种鉴定是可行的。

**关键词:**藜麦;SSR 标记;遗传多样性;聚类分析;指纹图谱

**中图分类号:** S519.032 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2022)13-0026-06

藜麦(*Chenopodium quinoa* Willd), 苋科藜属植物,异源四倍体( $2n = 4x = 36$ ),原产于南美洲安第斯山区,具有耐寒、耐盐、耐干旱的生长特性。因含有丰富而全面的营养价值,被印加人称为“粮食之母”<sup>[1-3]</sup>。我国于 20 世纪 90 年代从国外引入藜麦并进行适应性栽培,先后在我国西藏<sup>[4]</sup>、甘肃<sup>[5]</sup>、青海<sup>[6]</sup>等地<sup>[7-9]</sup>进行引种、新品种选育及适应性评价等工作。对藜麦分子标记和遗传多样性方面已有部分研究。陆敏佳等利用 16 对 SSR 标记对 41 个藜麦种质的多态性及其亲缘关系进行分析,16 对引物的平均多态信息含量为 0.366<sup>[10]</sup>。宋娇利用 46 对简单重复序列(SSR)标记对 114 份藜麦材料共扩增出 165 条多态性条带,聚类分析表明不同来源地的种质具有一定的遗传相似性,相同来源地的材料也分到了不同组群<sup>[11]</sup>。孙梦涵等利用 66 对 SSR 标记对 163 份藜麦种质和 3 份中国台湾红种质进行种质

群体的多态性和亲缘关系分析,结果表明玻利维亚和秘鲁种质与美国和智利种质的遗传信息存在明显区分,青海和云南的藜麦种质在亲缘关系上接近安第斯高原型,河北、山西的藜麦种质更接近智利低海拔型,台湾红藜为台湾本土种质<sup>[12]</sup>。吴文强等利用 18 对 SSR 标记在 96 份藜麦上共检测出 192 个等位基因条带,遗传相似系数平均值为 0.789 5,可为筛选适合贵州地区有效推广、种植、应用的藜麦材料提供参考<sup>[13]</sup>。大量研究表明,SSR 分子标记对评价藜麦种质资源遗传多样性的可行性具有重要意义,但对所选择的藜麦 SSR 分子标记的染色体位置是否分布均匀等信息均不明确,不利于所选 SSR 标记的广泛推广和利用。Jarvis 等公布了高质量的藜麦全基因组序列<sup>[14]</sup>。藜麦全基因组序列的测序完成成为分子标记的开发、基因定位和基因功能等提供了极有利的条件。本研究基于前人研究的基础对藜麦 SSR 的多态性信息及分布位置进行进一步研究。

作物品种鉴定是农业生产环节必不可少的关键步骤,是保证品种优良遗传性状能够充分发挥的重要举措,也是名优品种保护、防止种子混杂退化的有效手段。DNA 指纹图谱技术具有丰富的多态性和显著的个体特异性,能够在分子水平上识别品种间的差异,不易受外界环境影响,可快速、准确地完成品种鉴定。随藜麦种植面积的逐年扩大,对品

收稿日期:2021-09-17

基金项目:农业农村部 2019 年申请保护品种 DUS 测试及已知品种库维护项目(2020 年)。

作者简介:陈翠萍(1989—),女,陕西渭南人,博士,助理研究员,主要从事分子生物学和植物新品种 DUS 测试研究。E-mail: chencuiyang@126.com。

通信作者:刘 洋,硕士,研究员,主要从事植物新品种 DUS 测试研究。E-mail:yal559966@163.com。

种鉴定的需求也在增加,因此开展藜麦品种的鉴定是必需的。随分子生物学的发展,分子鉴定逐渐用于已知品种库维护和近似品种筛选工作中。SSR 标记在单个位点上多态性高,技术成熟且利于推广应用,因此作为构建 DNA 指纹数据库的首选标记。目前,SSR 标记已成功应用在亚麻<sup>[15]</sup>、棉花<sup>[16]</sup>、小麦<sup>[17]</sup>、玉米<sup>[18]</sup>、水稻<sup>[19]</sup>、藕莲<sup>[20]</sup>等作物指纹图谱构建上,但目前在藜麦品种鉴定中尚未见研究。

本研究利用 SSR 分子标记的方法对 48 份藜麦种质资源进行遗传多样性分析并构建 DNA 指纹图

谱,确定藜麦种质资源的遗传基础和遗传多样性,为藜麦遗传育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验收集国内外藜麦种质资源共计 48 份,其中 LM-BZ-47 为青海西宁野生种。所有 48 份藜麦种质资源均由青海省农林科学院作物育种栽培研究所提供,种质资源编号和来源信息见表 1。

表 1 48 份藜麦种质资源编号及来源

编号	来源	编号	来源	编号	来源	编号	来源
LM-BZ-01	青海西宁	LM-BZ-13	青海西宁	LM-BZ-25	阿根廷	LM-BZ-37	阿根廷
LM-BZ-02	甘肃	LM-BZ-14	青海西宁	LM-BZ-26	青海西宁	LM-BZ-38	阿根廷
LM-BZ-03	甘肃	LM-BZ-15	青海西宁	LM-BZ-27	青海西宁	LM-BZ-39	阿根廷
LM-BZ-04	青海海西	LM-BZ-16	青海西宁	LM-BZ-28	青海海西	LM-BZ-40	阿根廷
LM-BZ-05	青海海西	LM-BZ-17	青海西宁	LM-BZ-29	青海海西	LM-BZ-41	阿根廷
LM-BZ-06	青海海西	LM-BZ-18	青海西宁	LM-BZ-30	甘肃	LM-BZ-42	阿根廷
LM-BZ-07	阿根廷	LM-BZ-19	青海海西	LM-BZ-31	甘肃	LM-BZ-43	阿根廷
LM-BZ-08	青海西宁	LM-BZ-20	青海海西	LM-BZ-32	青海西宁	LM-BZ-44	阿根廷
LM-BZ-09	青海西宁	LM-BZ-21	青海西宁	LM-BZ-33	阿根廷	LM-BZ-45	青海海西
LM-BZ-10	青海海西	LM-BZ-22	青海西宁	LM-BZ-34	青海西宁	LM-BZ-46	青海海西
LM-BZ-11	青海海西	LM-BZ-23	青海西宁	LM-BZ-35	阿根廷	LM-BZ-47	青海西宁
LM-BZ-12	青海西宁	LM-BZ-24	青海海西	LM-BZ-36	阿根廷	LM-BZ-48	青海西宁

1.2 DNA 提取

藜麦于 2020 年 3 月在青海省农林科学院试验基地种植,海拔 2 309 m 左右,年均气温 6 ℃ 左右,年均降水量约为 380 mm。在藜麦苗期,选取 5 株长相一致的植株,等量混合叶片,利用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法提取植物总 DNA<sup>[21]</sup>,检测 DNA 质量及浓度,稀释到 50 ng/μL, -20 ℃ 保存备用。

1.3 引物来源及 PCR 检测

引物(表 2)一部分来源于 Jarvis 公布的已知引物<sup>[22]</sup>,一部分根据 Jarvis 公布的藜麦基因组测序结果<sup>[14]</sup>开发新的 SSR 分子标记,用于 PCR 扩增。引物由上海捷瑞生物工程有限公司合成。PCR 扩增体系:DNA 2 μL,10 × Buffer 1 μL,2.5 mmol/L each 的 dNTPs 0.8 μL,5 U/μL 的 *Taq* E 0.2 μL,Primer-F 0.5 μL,Primer-R 0.5 μL,ddH<sub>2</sub>O 5 μL,总体积 10 μL。反应程序:94 ℃ 2 min;94 ℃ 30 s,60 ℃ (每个循环降低 0.5 ℃) 45 s,72 ℃ 45 s,10 个循环;94 ℃ 30 s,55 ℃ 45 s,72 ℃ 45 s,30 个循环;72 ℃ 5 min,10 ℃ 保存。PCR 结束后在扩增产物

中加入适量的 Loading Buffer,进行变性聚丙烯酰胺凝胶电泳。电泳结束后将胶块银染显色、拍照并读带。

将特异片段利用 San-Prep 柱式 DNA 胶回收试剂盒[购自生工生物工程(上海)股份有限公司]回收,与 pMD18-T Vector[购自宝生物工程(大连)有限公司]连接、转入 DH5 α 大肠杆菌感受态细胞[购自天根生化科技(北京)有限公司]并送往生工生物(上海)股份有限公司进行测序。随后与 Jarvis 公布的基因组<sup>[14]</sup>进行比对。

1.4 数据处理

根据 PCR 扩增结果,对将同一引物扩增出的大小相同的目的条带视为 1 个等位变异,并进行记录。有条带的记为 1,无条带的或无法辨别的带型记为 0,构建[0,1]矩阵。利用 Popgene 32 软件计算 Nei's 的基因多样性指数(*H*)、Shannon 信息指数(*I*)、扩增总条带数等遗传参数。使用 PIC\_calc 0.6 软件计算各引物位点的多态信息含量(PIC)。利用 DPS 软件 UPGMA 方法进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 引物筛选与验证

利用地理来源远、形态差异较大的 6 份藜麦种质资源对收集和开发的 SSR 引物进行 PCR 扩增,并

对扩增产物进行变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,淘汰不具多态性或多态性差的引物,最终筛选出 25 对条带清晰、多态性较高、扩增稳定的 SSR 引物(表 2)。利用这 25 对 SSR 引物在 48 个藜麦种质资源中扩增(图 1)。

表 2 引物筛选结果

标记名称	重复基序	正向引物(5'→3')	反向引物(5'→3')
CQ5	(AAAT) <sub>5</sub>	CCTGCATCTTCTCTAGTTCC	CTTCCTTCGTTCCACTAGAT
CQ6	(AAAT) <sub>6</sub>	GGTTTCCAAGCAGATTTGTA	CACTACATTGTGCCACATGC
CQ15	(TA) <sub>6</sub>	AAGGTGTTGATTGTCGTTCA	GGAGAGGAGTTGTAATAATTGC
CQ27	(AAT) <sub>5</sub>	TTCAAACCTTGTAATAAGCA	TCAAACCATCTCAGAGCAAA
CQ62	(TTA) <sub>10</sub>	GGAATCGTAGCTTCTGTGAT	TAAACCCAACTCTTCACCAC
CQ72	(CCT) <sub>9</sub>	TCGTGCTACATCTAATCAC	TTCACCCATAAATCACCTCG
CQ135	(TA) <sub>35</sub>	TCGAATGAACAAATGGGGTT	AGAGTGTATCCTTGGTTTC
CQ143	(ACA) <sub>6</sub>	TGGTGATCTTTTCTCTTGCT	AGCACAAGATTTTCAAAGCC
CQ152	(AT) <sub>7</sub>	TTGATGTATCCCTGCGAAAA	CGTGGTTAAATTTCAAGCCA
CQ4-7	(TTA) <sub>15</sub>	CCACTTTTGCCAATCTCCTA	GGTTACCTCAATCCCCTTTT
CQ4-10	(GA) <sub>7</sub>	AAAGGGGAAGAGAGAGAACT	TCTCTCTTTCTCTTTCTAGCA
CQ9-3	(TAA) <sub>13</sub>	TATGTACGGTATTCCTGCTG	AGCCAAGATCACGTACTTTT
CQ11-2	(AAT) <sub>5</sub>	ACGCTCTCAAATTAATGTCT	AGATAATAAGACATCCAGTGCA
CQ13-5	(TAA) <sub>5</sub>	AACGAGAGAACTTTTCTGT	GAGGTGGTAGTGCTAGAGAT
KAAT001	(ATT) <sub>5</sub> GTT(ATT) <sub>3</sub> GTT(ATT) <sub>13</sub>	TGGCTATATCATATGCGTAATGTG	GGGCTCAGATTGTATCTCGAC
KAAT007	(AAT) <sub>30</sub>	AGGTACAGGCGCAAGGATAC	CGGTAGCATAGCACAGAACG
KAAT018	(ATT) <sub>11</sub>	GCACCAACCTGAGTCCTAGC	CGTGTGCTGCTCATATTGT
KAAT037	(TAA) <sub>19</sub>	TCAACCTCCGAATCCTATCAA	GGATGCTGATTGGTGGATAAA
KAAT041	(ATT) <sub>13</sub> AG(TAT) <sub>4</sub> TAG(TAT) <sub>5</sub> TG(TTA) <sub>5</sub>	TGGGACTTCCATAAGGCAAC	ATATTGCATGTCGAGCACCA
KAAT043	(AAT) <sub>24</sub>	GGCTCCCCTAATTTCTTGTG	TCATGCGGCTTGAGTAGTTT
KCAA015	(GTT) <sub>7</sub>	TGGTTGGAGGCAACATACC	TGAGGGTGAAGAGGAGGATG
KCAA078	(CAA) <sub>3</sub> AAA(CAA) <sub>9</sub>	AGGCGAGGATAACATGATCG	AAGAAGCCATACCTCCCTCAC
KGA010	(TC) <sub>11</sub>	TGTTTCTGCGTCCCTATTC	GCTGAAGTGAAATAGTGGA
KGA145	(AG) <sub>12</sub>	CCAGGGTGAATCAGGGAATA	CTGGCAGGTGGGTCTTCTAT
BGA200	(GA) <sub>20</sub>	ACCAGCCACTTTGTCAATTAGG	GCCATGTTGATGAATGAGA

注:有标记名称的引物来源于 Jarvis<sup>[22]</sup> 公布的已知引物,其余引物是根据藜麦基因组测序结果新开发的 SSR 分子标记。

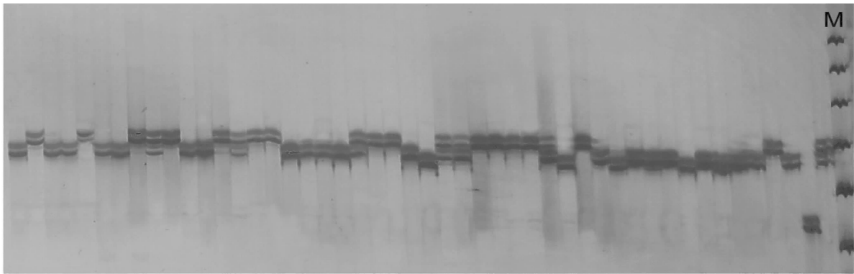


图1 引物 CQ62 对 48 份藜麦种质资源的扩增结果

2.2 遗传多样性分析

对筛选出的具有多态性的引物进行统计,见表 3。25 对引物共扩增多态性条带 134 条,其中每对引物等位基因数位于 3~13 之间,平均值为 5;其中

KAAT007 的等位基因较多,为 13 个,CQ5、CQ6、CQ15、CQ27、CQ4-10、CQ9-3、CQ11-2、KCAA015 和 KGA010 等位基因最少,仅 3 个。多态性信息含量(PIC)介于 0.378 8~0.852 2,均值为 0.604 2,仅

CQ15、CQ27、CQ9-3、KGA010 和 BGA200 的 *PIC* 小于 0.5,说明绝大部分引物多态性信息良好。

通过挖胶测序并与藜麦基因组比对后发现,25 对引物较为均匀地分布在 15 条藜麦染色体上(表 3),除 6 号和 12 号染色体无引物外,其余染色体至少 1 对引物,这为筛选出的 25 对分子标记的使用提

供了更加完善的信息。遗传多样性分析表明,Nei's 基因多样性指数(*H*)为 0.107 5~0.368 7,均值为 0.242 4。Shannon 信息指数(*I*)为 0.204 3~0.551 6,均值为 0.383 3。表明 48 份藜麦种质资源遗传多样性丰富。

表 3 多态性引物信息

标记名称	等位基因数目	Nei's 基因多样性指数 ( <i>H</i> )	Shannon 指数 ( <i>I</i> )	多态性信息含量 ( <i>PIC</i> )	染色体位置
CQ5	3	0.347 3	0.523 6	0.527 1	1
CQ6	3	0.368 7	0.550 5	0.534 6	1
CQ15	3	0.278 6	0.428 4	0.430 9	2
CQ27	3	0.250 9	0.402 8	0.378 8	3
CQ62	4	0.236 3	0.369 6	0.511 4	7
CQ72	4	0.325 3	0.488 5	0.621 7	8
CQ135	6	0.178 6	0.310 4	0.727 4	14
CQ143	8	0.267 2	0.419 1	0.814 6	15
CQ152	4	0.241 4	0.378 3	0.529 0	16
CQ4-7	7	0.151 6	0.254 3	0.621 8	4
CQ4-10	3	0.298 8	0.474 9	0.587 4	4
CQ9-3	3	0.279 5	0.431 3	0.453 7	9
CQ11-2	3	0.365 8	0.551 6	0.588 0	11
CQ13-5	4	0.272 7	0.420 8	0.551 1	13
KAAT001	8	0.163 4	0.284 2	0.779 5	2
KAAT007	13	0.107 5	0.204 3	0.852 2	14
KAAT018	7	0.187 3	0.314 2	0.716 8	17
KAAT037	9	0.143 0	0.245 9	0.721 7	13
KAAT041	7	0.160 3	0.282 5	0.762 8	5
KAAT043	10	0.142 0	0.252 8	0.812 2	7
KCAA015	3	0.341 2	0.517 5	0.519 3	11
KCAA078	6	0.185 8	0.298 8	0.543 4	5
KGA010	3	0.296 4	0.452 7	0.423 0	10
KGA145	5	0.304 0	0.464 1	0.686 7	10
BGA200	5	0.167 0	0.262 8	0.410 3	3
均值	5	0.242 4	0.383 3	0.604 2	
最大值	13	0.368 7	0.551 6	0.852 2	
最小值	3	0.107 5	0.204 3	0.378 8	

2.3 聚类分析

利用 25 对引物的 134 条条带对 48 份藜麦种质资源进行聚类分析,结果见图 2。由图 2 可知,在遗传相似系数 0.706 处,48 份藜麦种质资源可聚为 4 个组。第Ⅰ组包括 19 份藜麦种质资源,主要是来自于青海和甘肃的藜麦种质资源,青海与甘肃地理环境相邻,藜麦种质资源的遗传背景也表现得较为相似;第Ⅱ组包括 19 份种质资源,主要是青海和阿根

廷藜麦种质资源,青海与阿根廷藜麦生态条件相近,所种植的藜麦种质资源的遗传背景也较为相似;第Ⅲ组包括 9 个种质资源,除 LM-BZ-46 外,其余均为阿根廷藜麦,表现为遗传背景相似;第Ⅳ组包括 1 个种质资源,LM-BZ-47,为青海野生种质资源,与其他种质资源遗传背景差异较大。

2.4 指纹图谱构建

在 25 对多态性引物中,CQ135、CQ143、KAAT001、

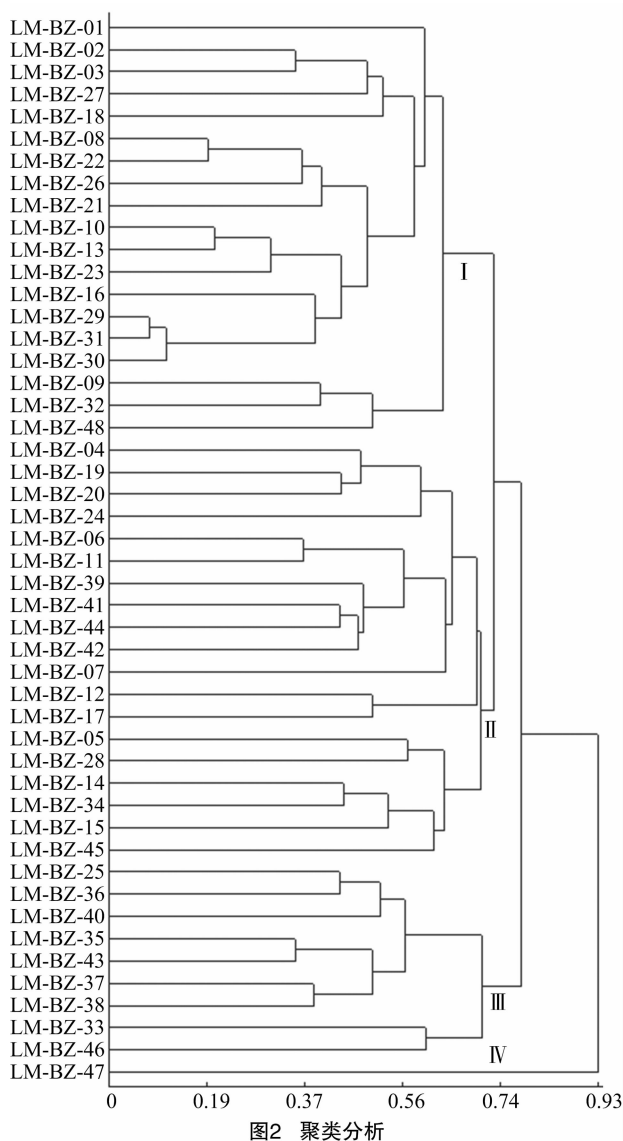


图2 聚类分析

KAAT007、KAAT018、KAAT037、KAAT041、KAAT043 的多态性指数较高,且均能鉴定出多个藜麦种质资源,可用来构建藜麦指纹图谱。基于快速、经济的检测要求,对引物进行组合设计。根据利用最少引物鉴定最多品种的指纹图谱构建原则,48 份藜麦种质资源通过 3 对 SSR 引物组合即可完全被区分开,即 KAAT001、KAAT007、KAAT043 引物组合。对每对引物所扩增的条带进行统计,得到每个品种的 DNA 指纹图谱数据库(表 4)。

### 3 讨论与结论

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。藜麦品种间遗传差异的研究对于藜麦遗传改良具有重要意义。SSR 分子标记被广泛地用于作物

遗传多样性研究。一般认为,当  $PIC < 0.25$  时,引物的多态性信息较低;当  $PIC > 0.50$  时,引物的多态性信息较高。陆敏佳等从 54 对 SSR 引物中筛选出 16 对能明显扩增出稳定的多态性条带的引物, $PIC$  变幅为 0.208 ~ 0.432,平均为 0.366<sup>[10]</sup>。孙梦涵等利用 66 对 SSR 标记在 166 份种质材料中检测到 327 个等位位点,平均多态性信息含量为 0.524,但是多态性信息含量均较少<sup>[12]</sup>。本研究利用 25 对 SSR 引物对 48 份藜麦种质资源进行遗传多样性分析, $PIC$  介于 0.378 8 ~ 0.852 2,均值为 0.604 2,说明绝大部分引物多态性信息良好,且本研究通过测序明确每对引物在藜麦染色体上的位置,为藜麦种质资源的鉴定和研究提供更加完善的信息。聚类分析将 48 份藜麦种质资源聚为 4 个组。第 I 组 19 份种质资源,第 II 组 19 份种质资源,第 III 组 9 份种质资源,第 IV 组 1 份青海野生藜麦种质资源。聚类分析结果与藜麦种质资源的来源、地理分布等信息大体相似,少部分聚类结果与农艺性状表现有差异,这可能与所选分子标记的数量较少等原因有关,后续还需增加分子标记的数目。同时,聚类分析结果对于藜麦育种中材料的选择有一定的指导和借鉴作用。

SSR 标记已经成功应用于多个作物的指纹图谱构建<sup>[23]</sup>。潘根等利用 SSR 引物对 24 份来源于中国的亚麻品种进行 DNA 指纹数据库构建<sup>[15]</sup>;胡文斌等利用引物-带型组合法,选取 9 对 SSR 引物构建了 58 个火龙果品种的指纹图谱<sup>[24]</sup>,为品种鉴定提供依据。在藜麦研究方面,SSR 技术多用于遗传多样性分析,而用于藜麦指纹图谱构建的则鲜有研究。本研究利用聚丙烯酰胺凝胶电泳首先筛选 SSR 引物,然后再进行重复性和稳定性检测,具有易操作、成本低的特点,为藜麦种质分类、品种鉴定和品种权保护提供重要的理论依据与技术支撑。

### 参考文献:

- [1] Vega - Gálvez A, Miranda M, Vergara J, et al. Nutrition facts and functional potential of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.), an ancient Andean grain; a review[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2010, 90(15): 2541 - 2547.
- [2] Bhargava A, Shukla S, Ohri D. *Chenopodium quinoa*—an Indian perspective[J]. Industrial Crops and Products, 2006, 23(1): 73 - 87.
- [3] Filho A M M, Pirozi M R, da Silva Borges J T, et al. Quinoa: nutritional, functional, and antinutritional aspects [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2017, 57(8): 1618 - 1630.
- [4] 降志兵, 禹代林, 徐平, 等. 西藏藜麦栽培技术[J]. 西藏农业

表 3 48 份藜麦种质资源 SSR 数字指纹图谱构建

材料编号	SSR 数字指纹			材料编号	SSR 数字指纹		
	KAAT001	KAAT007	KAAT043		KAAT001	KAAT007	KAAT043
LM-BZ-01	00010000	0000000000100	1001000000	LM-BZ-25	00100000	0000010000000	0000000100
LM-BZ-02	00001000	0000000000100	0001000000	LM-BZ-26	00100000	0000000100001	0010010000
LM-BZ-03	00001000	0000000000100	0010000000	LM-BZ-27	00010000	0000000000101	0100000000
LM-BZ-04	00001000	0000000000100	0010000100	LM-BZ-28	00010000	0000000100000	0001000000
LM-BZ-05	10010000	0000000000101	0000000001	LM-BZ-29	00110000	0000000000011	0110000000
LM-BZ-06	01001001	0100000000101	0010000001	LM-BZ-30	00010000	0000000000011	0110000000
LM-BZ-07	00000001	0000100000000	0000000100	LM-BZ-31	00101000	0000000000011	0110000000
LM-BZ-08	00100000	0000000000001	0010000000	LM-BZ-32	00010000	0010000000101	0110000000
LM-BZ-09	00101000	0000000000110	0100010000	LM-BZ-33	00011000	0000000000001	0000000100
LM-BZ-10	00010000	0000000000010	0100000000	LM-BZ-34	00001001	0000000100000	1001000000
LM-BZ-11	00000001	0100000000010	0010000000	LM-BZ-35	00000001	0000110000000	0100000000
LM-BZ-12	00011000	0000000100000	0000011000	LM-BZ-36	00001001	00000000000100	0001000100
LM-BZ-13	00010000	0000000000010	1000000000	LM-BZ-37	00001001	0010000000000	0100000000
LM-BZ-14	00001000	0000000100010	1000000000	LM-BZ-38	00100110	0000110000000	0000000100
LM-BZ-15	00000100	0000000100000	1010000000	LM-BZ-39	00000100	1100000000000	0001000100
LM-BZ-16	00000100	0000000000100	0010001000	LM-BZ-40	00000010	0001000000000	0000000100
LM-BZ-17	00010000	0000000100000	0000010000	LM-BZ-41	00001001	1000000000000	0001000000
LM-BZ-18	00001000	0000000100000	0000010000	LM-BZ-42	00001001	0110100000000	0001000100
LM-BZ-19	00011000	1000000000100	0000000010	LM-BZ-43	00000011	0000010000001	0100000000
LM-BZ-20	00010000	0000000000010	0110000010	LM-BZ-44	00100000	1000000000000	0101000000
LM-BZ-21	00010000	0000000000010	0110000000	LM-BZ-45	00001000	0000000001000	0010000000
LM-BZ-22	00100100	0000000000100	0110000000	LM-BZ-46	00000001	0000000000100	0000100000
LM-BZ-23	00010000	0000000010011	0110000000	LM-BZ-47	00101000	0000000000000	0011000100
LM-BZ-24	00001000	0000001000000	0010000100	LM-BZ-48	01000100	0000000000100	0011000000

科技,2019,41(增刊1):121-123.

[5]魏玉明,黄杰,顾炯,等. 甘肃省藜麦产业现状及发展思路[J]. 作物杂志,2016(1):12-15.

[6]刘洋,熊国富,闫殿海,等. “粮食之母”“超级食物”:藜麦“落户”青海[J]. 青海农林科技,2014(4):95-98.

[7]韩利红,谢晶. 山西省藜麦产业现状与发展思路[J]. 农业技术与装备,2019(12):30-31.

[8]李成虎,马维亮,崔建荣,等. 多个藜麦品种在宁夏海原的种植表现初报[J]. 中国农技推广,2019,35(2):20-21.

[9]周海涛,刘浩,么杨,等. 藜麦在张家口地区试种的表现与评价[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(1):222-227.

[10]陆敏佳,蒋玉蓉,陆国权,等. 利用 SSR 标记分析藜麦品种的遗传多样性[J]. 核农学报,2015,29(2):260-269.

[11]宋娇. 藜麦种质资源遗传多样性研究及藜麦品种(系)变异率分析[D]. 西宁:青海大学,2018.

[12]孙梦涵,邢宝,崔宏亮,等. 藜麦种质资源遗传多样性 SSR 标记分析[J]. 植物遗传资源学报,2021,22(3):625-637.

[13]吴文强,杨箐,陈天青,等. 藜麦种质资源的遗传多样性分析[J]. 种子,2021,40(2):13-19.

[14]Jarvis D E, Ho Y S, Lightfoot D J, et al. The genome of *Chenopodium quinoa*[J]. Nature,2017,542(7641):307-312.

[15]潘根,张义,赵立宁,等. 利用 SSR 标记构建我国亚麻品种 DNA 指纹图谱及遗传多样性分析[J]. 中国麻业科学,2019,41(4):145-150.

[16]李婧慧. 新疆陆地棉品种 DNA 指纹图谱构建与遗传多样性分析[D]. 石河子:石河子大学,2020.

[17]刘丽华,刘阳娜,张明明,等. 我国 75 份小麦品种 SNP 和 SSR 指纹图谱构建与比较分析[J]. 中国农业科技导报,2020,22(5):15-23.

[18]张瑞平,王文洁,王蕊,等. 玉米杂交种新科 910 指纹图谱构建及其纯度鉴定[J]. 安徽农业科学,2020,48(9):27-29,33.

[19]陈越,陈玲,李春花,等. 中国南方地区水稻资源 SSR 指纹数据库的构建及遗传多样性分析[J]. 分子植物育种,2020,18(19):6502-6517.

[20]孙亚林,朱红莲,刘正位,等. 基于 SSR 的藕莲新品种(系)指纹图谱构建[J]. 安徽农业科学,2020,48(4):96-99.

[21]Doyle J J. Isolation of plant DNA from fresh tissue[J]. Focus, 1990,12(1):13-15.

[22]Jarvis D E, Kopp O R, Jellen E N, et al. Simple sequence repeat marker development and genetic mapping in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.)[J]. Journal of Genetics,2008,87(1):39-51.

[23]徐君,尹江海,李欣,等. 基于 SSR 标记的野生荷花遗传多样性分析及指纹编码构建[J]. 江苏农业科学,2020,48(19):35-40.

[24]胡文斌,洪青梅,李婧,等. 火龙果主要商业品种 SSR 指纹图谱构建和遗传多样性分析[J]. 热带作物学报,2021,42(5):1310-1317.