

管俊娇, 杨晓洪, 王江民, 等. 云粳系列水稻品种分子身份证的构建[J]. 江苏农业学报, 2018, 34( 6 ): 1201-1206.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2018.06.001

## 云粳系列水稻品种分子身份证的构建

管俊娇<sup>1</sup>, 杨晓洪<sup>1</sup>, 王江民<sup>1</sup>, 张 鹏<sup>1</sup>, 黄清梅<sup>1</sup>, 白 洁<sup>2</sup>, 余志慧<sup>3</sup>, 张建华<sup>1</sup>

(1. 云南省农业科学院质量标准与检测技术研究所, 云南 昆明 650205; 2. 云南省农产品质量安全中心, 云南 昆明 650223;  
3. 云南省农业科学院农业经济与信息研究所, 云南 昆明 650205)

**摘要:** 采用 SSR 分子标记技术建立云南省 163 个粳稻品种指纹图谱, 针对云粳系列水稻品种进行二次引物筛选, 筛选出最佳引物组合, 构建 35 个云粳系列水稻品种的分子身份证。利用 30 对 SSR 多态性引物, 对 35 个云粳系列水稻品种进行等位基因多样性和聚类分析。共检测到等位基因 133 个, 每对引物检测到的等位基因数为 1~9 个之间, 平均为 4 个。基因多样性指数变异范围为 0~0.74, 平均为 0.40; 多态信息含量 (PIC) 的变异范围为 0~0.72, 平均为 0.36。根据引物扩增等位基因数和多态信息含量 (PIC) 指数, 从 1 对引物开始逐步增加引物数量筛选可将供试材料全部区分的引物组合, 最终确定 5 对核心引物可以区分全部供试品种。基于供试品种 5 个 SSR 位点指纹图谱的编码和品种商品信息, 构建云粳系列水稻品种分子身份证, 使每份种质具有可辨的分子身份证, 达到了利用最少引物区分云粳系列水稻品种的目的。

**关键词:** 水稻; SSR 分子标记; 品种分子身份证

**中图分类号:** S511.023

**文献标识码:** A

**文章编号:** 1000-4440(2018)06-1201-06

## Establishment of molecular identity for rice variety of Yunjing series

GUAN Jun-jiao<sup>1</sup>, YANG Xiao-hong<sup>1</sup>, WANG Jiang-min<sup>1</sup>, ZHANG Peng<sup>1</sup>, HUANG Qing-mei<sup>1</sup>, BAI Jie<sup>2</sup>,  
YU Zhi-hui<sup>3</sup>, ZHANG Jian-hua<sup>1</sup>

(1. Institute of Quality Standard and Testing Technology, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China; 2. Yunnan Agricultural Products Quality and Safety Center, Kunming 650223, China; 3. Institute of Agricultural Economy and Information, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Yunnan Kunming 650205, China)

**Abstract:** A fingerprinting database was established containing 163 japonica rice varieties from different breeding organizations of Yunnan province with microsatellite markers. Based on genetic fingerprints, the best primer combinations were selected for Yunjing series rice varieties, then the molecular identity (ID) of 35 Yunjing series rice varieties was constructed. The genetic diversity and cluster analysis of 35 varieties were discussed using 30 pairs of polymorphic SSR markers. The total number of alleles detected from all tested 35 accessions was 133, and the alleles per locus ranged from one to nine with the mean value of four. The Nei's gene diversity indices varied from 0 to 0.74 with an average of 0.40. The polymorphism information content (PIC) ranged from 0 to 0.72 with the average of 0.36. Based on number of alleles and PIC index, more and more loci were added to distinguish all the accessions, and five core primers were used to establish molecular

ID of all tested varieties. Based on the codes of genetic fingerprints at five loci and the variety commodity information, a molecular ID was established. Therefore, each germplasm has identifiable molecular ID, and the purpose of distinguishing the Yunjing series rice varieties using the least primers is achieved.

**Key words:** rice; SSR molecular marker; variety molecular identity

**收稿日期:** 2018-03-06

**基金项目:** 云南省科技人才和平台计划项目 (2017HB087); 云南省农业基础研究联合专项 (YJQ201703); 植物品种 DUS 测试能力提升项目 (2017YB26405)

**作者简介:** 管俊娇 (1985-), 女, 云南石屏人, 硕士, 副研究员, 主要从事作物品种与种子质量检测技术研究。(E-mail) guanjun-jiao@163.com

**通讯作者:** 张建华, (E-mail) zhjhua6748@163.com

得天独厚的自然环境造就了云南省丰富的稻种资源,同时多样的民族文化又不断促进稻种资源的丰富和发展,使云南省成为中国栽培稻的遗传多样性中心<sup>[1-2]</sup>。利用丰富的水稻资源选育出了大量优良品种,其中以高产、优质、抗病、抗倒伏为特点的云粳系列新品种在云南省及周边省份得到了大面积推广应用。但随着品种数量的增多和频繁的种质交流,种子市场中的“多、乱、杂”现象和“品种同质化”现象并存,制假、售假事件时有发生,使国家和农民利益受到很大的损害,给品种管理和知识产权保护带来诸多困难。因此,快速、准确地鉴别品种显得尤为重要。

传统的品种鉴定方法为田间种植鉴定,主要依据形态学性状对品种进行鉴别区分。DNA 分子标记技术由于不受环境条件的影响,可从分子水平上对品种的遗传特异性进行快速、准确地鉴定,克服了传统形态标记鉴定周期长、误差大、性状差异小的缺点<sup>[3-6]</sup>。其中 SSR 标记因具有多态性高、重复性好、共显性遗传和易于检测等优点<sup>[7]</sup>,被植物新品种保护联盟(UPOV)生物化学和分子技术工作组用作植物新品种保护最广泛应用的标记体系,也被广泛用于作物多样性分析及构建指纹图谱<sup>[8]</sup>。

作物分子身份证是品种特异识别的一个标准,以分子标记的多态性检测手段为基础,将 DNA 指纹进行数字化编码赋值<sup>[9]</sup>,利用最简引物组合实现作物种质资源最大程度区分<sup>[10]</sup>。自 2007 年起陆续开展了大豆<sup>[11-13]</sup>、桃<sup>[14]</sup>、高粱<sup>[15]</sup>、甘蓝型油菜<sup>[16]</sup>、梨<sup>[17]</sup>、萝卜<sup>[18]</sup>、葡萄<sup>[19]</sup>、苹果<sup>[20]</sup>等作物分子身份证的研究工作。在水稻方面,陆徐忠等<sup>[21]</sup>、颜静婉等<sup>[22]</sup>利用 SSR 标记分别构建了水稻杂交种或亲本材料的分子身份证,这些研究对水稻品种资源评价、利用和保护等起到了重要作用。但是对于遗传背景较相似的一系列品种的分子身份证构建还未见报道。

本研究以云南省农业科学院选育的 35 份云粳系列水稻品种为研究材料,采用 SSR 分子标记技术和荧光测序技术建立云南省粳稻品种指纹图谱,筛选最佳引物组合,构建 35 份云粳系列水稻品种的分子身份证,以期用最简引物组合实现品种的最大程度区分,减少繁复的工作量和高昂的检测成本,为云粳系列水稻品种的快速识别提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

选取云南省 7 个育种单位近年来育成的 163 份粳稻品种、品系作为试验材料,其中包括 35 份云粳系列水稻品种。

### 1.2 DNA 的提取

每份试验材料取 100 粒种子,经催芽播种于苗床上,在塑料大棚内进行育苗。当幼苗长到四叶一心时,混合取 20 个单株的叶片,用改良的 CTAB 法<sup>[18]</sup>提取 DNA。

### 1.3 SSR 标记检测

依据国家农业行业标准<sup>[23-24]</sup>公布的水稻微卫星遗传标记,经过初筛选,在每条染色体上均匀选择 1~3 对,共 30 对 SSR 荧光标记引物用于遗传多样性检测。PCR 总反应体系为 10  $\mu$ l,采用 2×Mix 混合液,10.0  $\mu$ l 的反应体积包括 5.0  $\mu$ l 2×Mix 混合液、0.6  $\mu$ l 5  $\mu$ mol/L 正向引物、0.6  $\mu$ l 5  $\mu$ mol/L 反向引物、1.0  $\mu$ l 样品 DNA、2.8  $\mu$ l 超纯水。扩增程序为 94  $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94  $^{\circ}$ C 变性 45 s,55  $^{\circ}$ C 退火 45 s,72  $^{\circ}$ C 延伸 1 min,循环 30 次;72  $^{\circ}$ C 下延伸 10 min,4  $^{\circ}$ C 保存。

扩增产物在毛细管荧光电泳系统 AB 3730XL DNA 分析仪(Applied Biosystems, USA)上检测。用 GeneMapper Ver.3.7(Applied Biosystems, USA)对原始数据进行统计和校正,读出每个位点每个样品的等位变异片段大小数据。

### 1.4 品种分子身份证的构建

用 POWERMARKER Version3.25 软件分析供试材料指纹图谱数据,获得引物多态性,并按非加权配对法(UPGMA)采用 Nei's 遗传距离进行聚类分析。筛选出鉴别云粳系列水稻品种的核心引物,读取云粳系列水稻品种的核心 SSR 荧光标记的指纹数据,并对指纹数据进行数字化编码。再结合品种的基本信息利用二维码生成软件将编码字符串转化成每份材料独特的条码标识即分子身份证。

## 2 结果

### 2.1 云南省粳稻品种 SSR 标记多态性

用 30 对 SSR 引物,对 163 份粳稻品种进行遗传多样性检测。检测结果(表 1)表明,30 个多态性位点共检测到等位基因 207 个,每对引物等位基因变

幅为2~17,平均等位基因数为 6.6。基因多样性指数变异范围为 0.024 4~0.823 9,平均为0.479 8;多态信息含量(*PIC*)的变异范围为 0.02~0.80,平均为 0.44。其中,在 *RM8277*、*RM336*、*RM72*、*RM297* 和 *RM219* 等位点所检测到的多态信息指数较大。

表 1 云南省梗稻品种 SSR 标记遗传多样性参数  
Table 1 The genetic diversity parameter values of SSR markers in japonica rice varieties from Yunnan province

| 位点            | 染色体 | 等位基因数 | 基因多样性指数 | 多态信息含量( <i>PIC</i> ) |
|---------------|-----|-------|---------|----------------------|
| <i>RM583</i>  | 1   | 6     | 0.51    | 0.46                 |
| <i>RM208</i>  | 2   | 5     | 0.71    | 0.65                 |
| <i>RM8277</i> | 3   | 9     | 0.80    | 0.77                 |
| <i>RM471</i>  | 4   | 5     | 0.63    | 0.58                 |
| <i>RM274</i>  | 5   | 2     | 0.02    | 0.02                 |
| <i>RM190</i>  | 6   | 7     | 0.59    | 0.51                 |
| <i>RM336</i>  | 7   | 14    | 0.82    | 0.80                 |
| <i>RM72</i>   | 8   | 12    | 0.74    | 0.71                 |
| <i>RM278</i>  | 9   | 5     | 0.15    | 0.15                 |
| <i>RM258</i>  | 10  | 4     | 0.10    | 0.09                 |
| <i>RM224</i>  | 11  | 5     | 0.46    | 0.39                 |
| <i>RM19</i>   | 12  | 6     | 0.14    | 0.14                 |
| <i>RM1</i>    | 1   | 6     | 0.70    | 0.65                 |
| <i>RM423</i>  | 2   | 6     | 0.62    | 0.56                 |
| <i>RM85</i>   | 3   | 3     | 0.46    | 0.39                 |
| <i>RM551</i>  | 4   | 10    | 0.72    | 0.68                 |
| <i>RM267</i>  | 5   | 7     | 0.52    | 0.41                 |
| <i>RM253</i>  | 6   | 6     | 0.54    | 0.44                 |
| <i>RM432</i>  | 7   | 5     | 0.63    | 0.56                 |
| <i>RM331</i>  | 8   | 5     | 0.09    | 0.09                 |
| <i>RM219</i>  | 9   | 6     | 0.73    | 0.69                 |
| <i>RM311</i>  | 10  | 4     | 0.21    | 0.19                 |
| <i>RM209</i>  | 11  | 7     | 0.51    | 0.48                 |
| <i>RM17</i>   | 12  | 4     | 0.59    | 0.51                 |
| <i>RM1306</i> | 7   | 13    | 0.71    | 0.67                 |
| <i>OSR28</i>  | 9   | 7     | 0.53    | 0.49                 |
| <i>RM297</i>  | 1   | 17    | 0.75    | 0.73                 |
| <i>RM222</i>  | 10  | 8     | 0.33    | 0.31                 |
| <i>RM254</i>  | 11  | 8     | 0.70    | 0.65                 |
| <i>RM7102</i> | 12  | 5     | 0.48    | 0.42                 |

分子身份证的构建既要满足唯一性和可识别(鉴别)性,又要满足最简引物组合的要求,否则将会造成构建的分子身份证过于冗繁。因此,有必要单独对云

梗系列水稻品种的指纹图谱进行分析,筛选可以区分供试品种的最简引物组合。云梗系列水稻品种 SSR 标记多态性分析结果(表 2)显示,30 对 SSR 引物在 35 份材料中共检测到等位基因 133 个,每对引物检测到的等位基因数为1~9 个,平均为 4 个。基因多样性指数变异范围为0~0.74,平均为 0.40;多态信息含量(*PIC*)的变异范围为 0~0.72,平均为 0.36。在 *RM8277*、*RM336*、*RM1*、*RM551*、*RM219*、*RM1306* 和 *RM254* 等位点所检测到的遗传多样性参数值较大。对比表 1 和表 2 可知,对于不同的群体,引物的多态信息含量指数差异较大。

表 2 云梗系列水稻品种 SSR 标记遗传多样性参数  
Table 2 The genetic diversity parameter values of SSR markers in japonica rice varieties of Yunjing series

| 位点            | 染色体 | 等位基因数 | 基因多样性指数 | 多态信息含量( <i>PIC</i> ) |
|---------------|-----|-------|---------|----------------------|
| <i>RM583</i>  | 1   | 6     | 0.28    | 0.27                 |
| <i>RM208</i>  | 2   | 4     | 0.42    | 0.38                 |
| <i>RM8277</i> | 3   | 8     | 0.72    | 0.69                 |
| <i>RM471</i>  | 4   | 4     | 0.55    | 0.48                 |
| <i>RM274</i>  | 5   | 1     | 0.00    | 0.00                 |
| <i>RM190</i>  | 6   | 4     | 0.59    | 0.50                 |
| <i>RM336</i>  | 7   | 9     | 0.74    | 0.72                 |
| <i>RM72</i>   | 8   | 5     | 0.56    | 0.48                 |
| <i>RM278</i>  | 9   | 2     | 0.11    | 0.10                 |
| <i>RM258</i>  | 10  | 3     | 0.11    | 0.11                 |
| <i>RM224</i>  | 11  | 2     | 0.49    | 0.37                 |
| <i>RM19</i>   | 12  | 3     | 0.18    | 0.18                 |
| <i>RM1</i>    | 1   | 6     | 0.62    | 0.55                 |
| <i>RM423</i>  | 2   | 3     | 0.54    | 0.46                 |
| <i>RM85</i>   | 3   | 2     | 0.41    | 0.32                 |
| <i>RM551</i>  | 4   | 8     | 0.64    | 0.60                 |
| <i>RM267</i>  | 5   | 4     | 0.42    | 0.36                 |
| <i>RM253</i>  | 6   | 4     | 0.54    | 0.44                 |
| <i>RM432</i>  | 7   | 5     | 0.53    | 0.49                 |
| <i>RM331</i>  | 8   | 1     | 0.00    | 0.00                 |
| <i>RM219</i>  | 9   | 6     | 0.65    | 0.60                 |
| <i>RM311</i>  | 10  | 2     | 0.06    | 0.06                 |
| <i>RM209</i>  | 11  | 5     | 0.37    | 0.33                 |
| <i>RM17</i>   | 12  | 4     | 0.23    | 0.22                 |
| <i>RM1306</i> | 7   | 9     | 0.67    | 0.64                 |
| <i>OSR28</i>  | 9   | 5     | 0.56    | 0.50                 |
| <i>RM297</i>  | 1   | 6     | 0.48    | 0.46                 |
| <i>RM222</i>  | 10  | 4     | 0.46    | 0.40                 |
| <i>RM254</i>  | 11  | 5     | 0.69    | 0.65                 |
| <i>RM7102</i> | 12  | 3     | 0.47    | 0.40                 |

## 2.2 鉴别云梗系列水稻品种的最佳引物组合

用 1 对 SSR 引物难以将全部云梗系列水稻品种分开,因此选取多态性信息含量较高的引物(RM8277、RM336、RM551、RM219、RM254、RM1)6 对两两组合,分析其对云梗系列水稻品种的区分率。RM336 和 RM551 引物组合分辨率最高,可以区分 17 个品种;其次是 RM551 和 RM1 引物组合,可以区分 16 个品种;再次是 RM336 和 RM219 引物组合,可以区分 15 个品种。根据 2 对引物组合的区分结果,继续增加引物组合的数量。在增加到 5 对引物时,可将全部云梗系列水稻品种区分开来,5 对引物为 RM8277、RM336、RM551、RM254、RM1。用以上 5 对引物对供试的 163 个云南梗稻品种进行分析,该组引物能把云梗系列品种与其他梗稻品种区分开来。于是利用这 5 对引物构建云梗系列品种的分子身份证,既满足唯一性和可识别(鉴别)性,又满足了最简引物组合的要求。

## 2.3 云梗系列水稻品种分子身份证编码

利用可将全部供试云梗系列水稻品种区分的 5

对引物进行扩增,构建分子指纹图谱,图 1 为云梗 39 号在 5 个 SSR 位点的分子指纹图谱。读取 35 份水稻品种的 5 个 SSR 荧光标记的指纹数据,按标记所在染色体由小到大排序,即按照 RM1、RM8277、RM551、RM336、RM254 的顺序依次排列。例如,云梗 39 号的扩增产物在毛细管荧光电泳系统检测得到的片段大小(bp)为 82/84、215/215、171/193、154/154、142/142(水稻为二倍体,SSR 扩增只有 1 条主带时,须重复记录一次)。随着条码技术的发展,尤其是二维码的出现,条码可容纳的数据量增加,因此直接用按顺序排列的片段大小作为品种的分子指纹信息(表 3)。再加上水稻品种的基本商品信息,包括作物种类、品种植物学类型、品种繁殖类型、品种名称、生产经营者名称、审定区域和审定的年份。最后利用二维码技术将每份材料的按相同顺序排列的字符串转化成每份材料独特的二维码标识即分子身份证。例如:云梗 39 号的二维码分子身份证见图 2,扫码后内容如图 3。

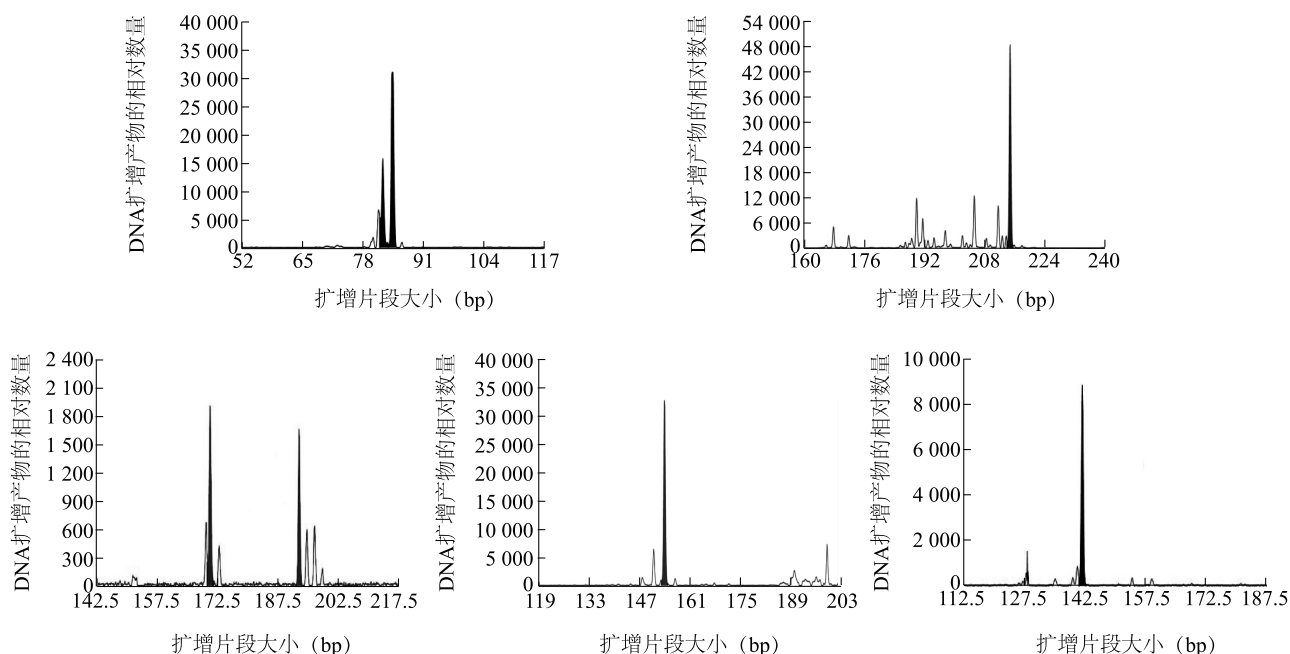


图 1 云梗 39 号水稻的 5 个 SSR 分子标记指纹图谱

Fig.1 The SSR fingerprinting of rice Yunjing 39 at five SSR loci

## 3 讨论

### 3.1 分子身份证核心引物的选择

分子身份证的构建既要满足唯一性和可识别

(鉴别)性,同时要满足最简引物组合的要求,以免造成构建的分子身份证冗余。引物检测到的等位基因数、基因型数越多, PIC 值越高,表明其区分品种的能力也越强,在分子身份证构建中具有的价值也



表 3 35 个云粳系列水稻品种分子指纹信息  
Table 3 The molecular fingerprinting information of 35 japonica rice varieties of Yunjing series

| 编号 | 品种名称     | 分子指纹(bp)                              |
|----|----------|---------------------------------------|
| 1  | 云粳 9 号   | 82/82、196/196、191/191、141/141、169/169 |
| 2  | 云粳 136 号 | 70/72、172/172、193/193、141/141、169/169 |
| 3  | 云粳 1 号   | 82/84、196/196、193/193、141/141、171/171 |
| 4  | 云粳 2 号   | 82/86、215/215、193/193、138/138、163/163 |
| 5  | 云粳 3 号   | 79/82、212/212、193/193、157/160、171/171 |
| 6  | 云粳 4 号   | 82/84、212/212、181/193、166/166、135/135 |
| 7  | 云粳 5 号   | 82/84、215/215、191/191、151/154、135/135 |
| 8  | 云粳 6 号   | 82/84、215/215、193/193、151/154、142/142 |
| 9  | 云粳 7 号   | 82/84、215/215、193/193、138/141、163/163 |
| 10 | 云粳 10 号  | 82/84、215/215、191/191、166/166、135/135 |
| 11 | 云粳 12 号  | 82/84、212/212、193/193、166/166、135/135 |
| 12 | 云粳 14 号  | 72/86、212/212、193/193、138/138、135/135 |
| 13 | 云粳 15 号  | 82/84、212/212、193/193、163/166、135/135 |
| 14 | 云粳 16 号  | 82/84、184/184、193/193、172/172、169/169 |
| 15 | 云粳 17 号  | 82/84、212/212、193/193、163/166、163/163 |
| 16 | 云粳 18 号  | 84/84、215/215、193/193、166/166、135/135 |
| 17 | 云粳 19 号  | 84/84、190/212、193/193、166/166、135/135 |
| 18 | 云粳 20 号  | 82/84、212/212、193/193、166/166、142/142 |
| 19 | 云粳 21 号  | 84/84、212/212、193/193、166/166、135/135 |
| 20 | 云粳优 1 号  | 84/86、199/199、191/191、141/141、142/142 |
| 21 | 云粳优 5 号  | 82/84、199/199、191/191、163/166、142/142 |
| 22 | 云粳优 8 号  | 82/84、212/212、195/195、166/166、142/142 |
| 23 | 云粳优 9 号  | 82/84、212/212、195/195、163/166、142/142 |
| 24 | 云粳优 10 号 | 84/84、212/212、191/191、166/166、135/135 |
| 25 | 云粳优 15 号 | 82/84、212/212、193/193、163/166、142/142 |
| 26 | 云粳 8 号   | 86/86、205/215、187/193、141/141、163/163 |
| 27 | 云粳 25 号  | 84/84、212/212、187/191、166/166、142/142 |
| 28 | 云粳 26 号  | 84/84、212/212、187/193、166/166、142/142 |
| 29 | 云粳 29 号  | 82/82、215/215、187/191、154/154、135/135 |
| 30 | 云粳 31 号  | 82/84、172/172、187/193、166/166、135/135 |
| 31 | 云粳 32 号  | 82/84、212/212、187/193、138/138、135/135 |
| 32 | 云粳 34 号  | 82/84、199/199、189/197、163/166、135/135 |
| 33 | 云粳 36 号  | 79/82、190/205、189/197、166/166、135/135 |
| 34 | 云粳 37 号  | 82/84、199/199、189/193、154/154、142/142 |
| 35 | 云粳 39 号  | 82/84、215/215、171/193、154/154、142/142 |



图 2 云粳 39 号的二维码分子身份证  
Fig.2 The molecular identity card of rice Yunjing 39

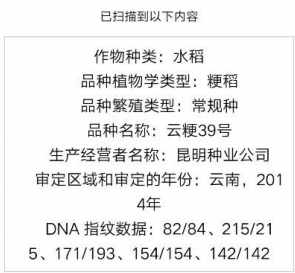


图 3 云粳 39 号的分子身份证内容  
Fig.3 The contents of the molecular identity card of rice Yunjing 39

料的遗传背景有关,对于不同遗传背景的群体,引物的多态信息含量指数差异较大,即引物区分品种的能力差异较大。因此,本研究单独对云粳系列水稻品种的指纹图谱进行分析,筛选可以区分供试品种的最简引物组合。筛选的 5 对核心引物组合可以把来自同一育种单位、遗传背景较近的云粳系列水稻品种有效区分,而且能把云粳系列品种与云南省目前主要粳稻品种区别开来,说明用这 5 对引物构建云粳系列品种分子身份证既保证了身份证的唯一性,又达到了以最少标记区分品种的目的,减少了指纹分析的工作量,可作为快速鉴别水稻品种的一种有效方法。

3.2 分子身份证的编码

目前构建分子身份证的编码方法主要有 3 类<sup>[9]</sup>,都是以给基因位点扩增 DNA 条带赋值为基础,按一定顺序进行编码,串联起来形成一组数据。不管研究者选择哪种编码方法,最终都要通过条码技术将其转换为可用机器识别的条码或二维码,才可利用扫描器进行扫描实现快速识别品种,摆脱人工读取字符串式分子身份证的麻烦。随着二维码技

越高<sup>[14]</sup>。SSR 引物检测到的等位基因数与所用材

术的发展,一个二维码可容纳的数据大幅增加,加之荧光测序技术在 SSR 技术中的应用,SSR 扩增产物通过荧光测序的检测体系可以直接得出不同等位基因的片段大小<sup>[25-26]</sup>。本研究中直接用按序排列等位基因片段大小作为某一品种的分子身份标识,再加上该品种的基本商品信息,构成了此品种的分子身份证,使得使用者可直接获得不同品种之间分子差异,也省去了在有新等位基因出现时重新对带型编码的麻烦。

### 3.3 分子身份证的用途

分子身份证与指纹图谱的功能相同,但分子身份证原则上是以最少特异变异位点或标记为基础,提取每份种质特异的遗传信息,并通过数字化处理和软件分析建立分辨不同种质的字符串形式,以达到简单明了地区分品种间差异,在品种检索时更直观的目的<sup>[14]</sup>。本研究构建的品种分子身份证可以通过制作标签,标识于商品种子包装上,直接用于优良品种种子的防伪和溯源,使用者可用读码器获得品种信息。分子身份证对水稻品种识别鉴定,品种标识,假冒伪劣品种鉴定,品种推广等具有重要的意义和实际应用价值。

### 参考文献:

- [1] 刘承晨,赵富伟,吴晓霞,等.云南哈尼梯田当前栽培水稻遗传多样性及群体结构分析[J].中国水稻科学,2015,29(1):28-34.
- [2] 涂敏,王云月,卢宝荣,等.云南省不同地理位置水稻品种遗传多样性分析[J].热带作物学报,2011,32(6):998-1003.
- [3] 许园园,刘哲,娄丽娜,等.基于 MCID 法的萝卜品种快速鉴定[J].江苏农业学报,2016,32(6):1384-1389.
- [4] 袁美,王传堂,韩锁义,等.花生杂种分子鉴定和 *ahFAD2* 基因分型技术研究进展[J].山东农业科学,2017,49(10):143-150.
- [5] 曾晓珊,彭丹,石媛媛,等.利用 SSR 标记构建水稻核心亲本指纹图谱[J].作物研究,2016,30(5):481-486.
- [6] 李贝贝,刘崇怀,姜建福,等.葡萄品种分子鉴定研究进展及展望[J].江苏农业科学,2017,45(15):15-20.
- [7] 王风格,田红丽,赵久然,等.中国 328 个玉米品种(组合)SSR 标记遗传多样性分析[J].中国农业科学,2014,47(5):856-864.
- [8] 滕海涛,吕波,赵久然,等.利用 DNA 指纹图谱辅助植物新品种保护的可能性[J].生物技术通报,2009(1):1-6.
- [9] 徐雷锋,葛亮,袁素霞,等.利用荧光标记 SSR 构建百合种质资源分子身份证[J].园艺学报,2014,41(10):2055-2064.
- [10] 胡振帮,高运来,齐照明,等.作物分子身份证构建软件 ID analysis 的编制[J].中国农业科学,2016,49(12):2255-2266.
- [11] 高运来,朱荣胜,刘春燕,等.黑龙江部分大豆品种分子 ID 的构建[J].作物学报,2009,35(2):211-218.
- [12] 丁俊杰,姜翠兰,顾鑫,等.利用与大豆灰斑病抗性基因连锁的 SSR 标记构建大豆品种(系)的分子身份证[J].作物学报,2012,38(12):2206-2216.
- [13] 郭怡璠,张宏纪,张举梅,等.俄引大豆种质遗传多样性及分子 ID 的构建[J].中国油料作物学报,2016,38(3):313-320.
- [14] 陈昌文,曹珂,王力荣,等.中国桃主要品种资源及其野生近缘种的分子身份证构建[J].中国农业科学,2011,44(10):2081-2093.
- [15] 王黎明,焦少杰,姜艳喜,等.142 份甜高粱品种的分子身份证构建[J].作物学报,2011,37(11):1975-1983.
- [16] 马琳,刘海珍,陆徐忠.130 份甘蓝型油菜品种分子身份证的构建[J].中国油料作物学报,2013,35(3):231-239.
- [17] 张靖国,田瑞,陈启亮,等.基于 SSR 标记的梨栽培品种分子身份证的构建[J].华中农业大学学报,2014,33(1):12-17.
- [18] 邱杨,李锡香,李清霞,等.利用 SSR 标记构建萝卜种质资源分子身份证[J].植物遗传资源学报,2014,15(3):648-654.
- [19] 杜晶晶,刘国银,魏军亚,等.基于 SSR 标记构建葡萄种质资源分子身份证[J].植物研究,2013,33(2):232-237.
- [20] 高源,刘凤之,王昆,等.苹果部分种质资源分子身份证的构建[J].中国农业科学,2015,48(19):3887-3898.
- [21] 陆徐忠,倪金龙,李莉,等.利用 SSR 分子指纹和商品信息构建水稻品种身份证[J].作物学报,2014,40(5):823-829.
- [22] 颜静宛,田大刚,许彦,等.杂交稻主要亲本的 SSR 分子身份证数据库的构建[J].福建农业学报,2011,26(2):148-152.
- [23] 徐群,魏新华,庄杰云,等.水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法[M].北京:中国农业出版社,2007:7.
- [24] 徐群,魏新华,庄杰云,等.水稻品种鉴定 DNA 指纹方法[M].北京:中国农业出版社,2014:9-13.
- [25] 高源,王昆,王大江,等.利用 TP-M13-SSR 标记构建苹果栽培品种的分子身份证[J].园艺学报,2016,43(1):25-37.
- [26] 程本义,夏俊辉,龚俊义,等.SSR 荧光标记毛细管电泳检测法在水稻 DNA 指纹鉴定中的应用[J].中国水稻科学,2011,25(6):672-676.

(责任编辑:张震林)