

# 2014–2019 年国家玉米区域试验参试组合 DNA 指纹检测及遗传多样性分析

易红梅<sup>1,2</sup>, 任 洁<sup>2</sup>, 王 璐<sup>2</sup>, 王 蕊<sup>2</sup>,  
葛建镛<sup>2</sup>, 王凤格<sup>2</sup>, 赵久然<sup>2</sup>, 徐明良<sup>1</sup>

(1. 中国农业大学 国家玉米改良中心, 北京 100094; 2. 北京市农林科学院 玉米研究中心, 玉米 DNA 指纹及分子育种北京市重点实验室, 北京 100097)

**摘要:** 随着我国玉米品种审定制度的改革和参试渠道的扩宽, 近年来玉米参试组合年均近 8 000 份, 为了解我国近几年育种水平、发展趋势和存在的问题, 对 2014–2019 年共计 2 949 份国家玉米品种试验参试组合进行 DNA 指纹检测和遗传多样性分析。40 个 SSR 位点, 平均每个位点检测到 14.55 个等位变异, 平均遗传多样性和 PIC(多样性信息)分别为 0.71 和 0.67。2014–2019 年不同年份参试组合的遗传多样性基本一致, 其中爆裂组遗传多样性最低, 鲜食玉米组遗传多样性最高, 生态种植区上从北向南多样性有上升趋势。遗传聚类结果表明, 爆裂、鲜食、热带和亚热带、极早熟几个组别分别归属不同的亚类, 遗传背景与其他组别差异较大, 其他区组的遗传背景相互渗透, 东华北和西北组之间遗传关系最近。DNA 指纹真实性检测结果表明, 参试组合与数据库比对筛查出 DNA 指纹差异位点在 5 个以内的样品数量逐年下降。近 10 a 来我国玉米区域试验参试组合遗传多样性日趋丰富, SSR 技术在玉米品种区域试验中发挥了重要的作用, 随着育种新技术的不断发展, 建议加快 SNP 等新技术在区域试验中的研究和应用。

**关键词:** 玉米; 国家区试; SSR; 遗传多样性; DNA 指纹

中图分类号: S513.03 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2020)03-0087-07

doi: 10.7668/hbxb.20191055



## DNA Fingerprinting and Genetic Diversity Analysis of National Maize Regional Trials in 2014–2019

YI Hongmei<sup>1,2</sup>, REN Jie<sup>2</sup>, WANG Lu<sup>2</sup>, WANG Rui<sup>2</sup>, GE Jianrong<sup>2</sup>,  
WANG Fengge<sup>2</sup>, ZHAO Jiuran<sup>2</sup>, XU Mingliang<sup>1</sup>

(1. National Maize Improvement Center of China, China Agricultural University, Beijing 100094, China;

2. Maize Research Center, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing Key Laboratory of Maize DNA Fingerprinting and Molecular Breeding, Beijing 100097, China)

**Abstract:** With the reform of maize variety approval system and the expansion of trial channels in China, nearly 8 000 maize combinations are tested every year. In order to understand the breeding level, development trend and existing problems in recent years, 2 949 national regional trials combinations in 2014–2019 were analyzed for genetic diversity and DNA fingerprinting. With an average of 14.55 alleles per locus were detected in 40 SSR loci. The average gene diversity and PIC were 0.71 and 0.67, respectively. In 2014–2019, the genetic diversity of the trial combinations was basically the same, the lowest in the pop corn, and the highest in the fresh corn, and the increasing trend from north to south in the ecological planting area. The results of group heterotic grouping and principal coordinates analysis showed that the groups of pop corn, tropical and subtropical, fresh corn, early maturity and Southwest group belonged to different subclasses respectively. The genetic background of other groups mixed with each other, the genetic relationship between Northeast and Northwest was the closest. The results of DNA fingerprint authenticity test showed that the number of samples with less than 5 different loci com-

收稿日期: 2020-01-06

基金项目: 北京市农林科学院农业科研基础性数据平台建设项目

作者简介: 易红梅(1982-), 女, 湖北石首人, 副研究员, 硕士, 主要从事玉米品种分子鉴定研究。

通讯作者: 徐明良(1964-), 男, 浙江宁波人, 教授, 博士, 博士生导师, 主要从事玉米功能基因组学研究。

pared between the combinations and database decreased year by year. In the past ten years, the genetic diversity of the combinations in the maize regional trials had been increasing, SSR technology played an important role in the regional trails, with the development of new breeding techniques, it is recommended to accelerate the research and application of new technologies such as SNP in regional trials.

**Key words:** Maize; National regional trial; SSR; Genetic diversity; DNA fingerprint

玉米目前是全球第一大作物,也已跃升为我国第一大作物,经济地位和战略地位日益提升,成为政府保证粮食持续增产的最大战略需求。随着我国种业的快速发展,玉米审定品种数量呈逐年上升趋势,目前我国已通过国家或省级审定的品种近 1.3 万个(截止到 2019 年),尤其是近几年随着深化种业“放、管、服”,激发育种人员快速释放科技创新积极性,新品种审定进入了快车道,2016 - 2019 年审定玉米品种近 5 700 个,国家及各省区试、联合体、绿色通道参试品种数量每年接近 8 000 个。随着玉米品种数量逐年增多,少数骨干亲本的集中应用,品种间的遗传差异越来越小,难以进行有效甄别,如何从源头控制品种多、乱、杂,并有效地管理和甄别数量庞大的玉米品种成为管理的难题<sup>[1]</sup>。

我国从 2002 年起开始开展 DNA 指纹在国家玉米区域试验样品真实性检测中的研究与应用<sup>[2-3]</sup>,2005 年辽宁、吉林、河北、河南、山东、四川等重要玉米种植地区开始采用 DNA 检测参试组合真实性,2012 年基本覆盖到全国各省、自治区。2016 年随着农作物品种审定制度的改革和参试渠道的扩宽,国家区试和国家联合体、省区试和省联合、绿色通道、自主试验等参试渠道参试的组合数量出现了爆发式的增长,2002 年至今已累计检测 42 826 个玉米参试组合样品的 DNA 真实性。水稻<sup>[4]</sup>、小麦<sup>[5-6]</sup>、大豆<sup>[7-8]</sup>、油菜<sup>[9-10]</sup>、棉花<sup>[11]</sup>、马铃薯<sup>[12]</sup>、花生<sup>[13]</sup>、芝麻<sup>[14]</sup>等作物区域试验也在采用 DNA 指纹技术对参试组合进行检测,并作为品种审定的依据和参考。

分子标记在区域试验参试组合检测中发挥以下作用:一是构建参试组合 DNA 指纹数据库,分析参试组合的遗传多样性以及品种选育趋势;二是检测同一参试组合不同年份、不同组别是否存在同名更换;三是对每一份参试组合进行特异性检测,与所有已知品种及同时参试的组合进行比对,从分子水平检测是否具备特异性;四是对参试组合进行一致性、稳定性、纯度测试。DNA 指纹在我国品种区域试验中的深入应用,为我国品种管理提供了有效的技术支持,防止参试组合更换亲本,以及与已知品种相近的问题,从源头解决品种的多、乱、杂的问题。本研究对 2014 - 2019 年国家玉米区域试验样品进行

DNA 指纹的检测和遗传多样性分析,全面了解我国近几年国家玉米参试组合的多样性、选育水平、发展趋势和存在的问题。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

2014 - 2019 年国家区试参试组合 2 949 份,其中 2014 年 294 份,2015 年 430 份,2016 年 524 份,2017 年 576 份,2018 年 538 份,2019 年 587 份。包括青贮组(QZ)、西南组(XN)、东南组(DN)、爆裂组(BL)、极早熟组(JZS)、东华北组(DHB)、西北组(XB)、黄淮海组(HHH)、鲜食玉米组(包括甜玉米和糯玉米)(XS)、机收组(JS)、热带和亚热带组(RD)。样品信息详见表 1,其中鲜食玉米组参试组合包括糯玉米和甜玉米,虽然甜玉米与糯玉米的遗传背景不同,但两者与其他组别遗传背景差异较大,合并为鲜食组进行分析。

表 1 样品信息表

Tab. 1 Sample information sheet

组别 Group	年份 Year					
	2014	2015	2016	2017	2018	2019
爆裂 BL	12	11	11	11	9	12
东南 DN	9	10	13	13	8	13
极早熟 JZS	10	18	25	25	16	16
东华北 DHB	85	90	146	157	132	146
西北 XB	25	23	31	27	15	18
青贮 QZ	11	16	19	31	27	23
黄淮海 HHH	50	58	98	98	103	107
西南 XN	34	43	65	66	57	49
鲜食 XS	58	54	59	73	95	112
机收 JS	-	107	57	75	64	73
热带亚热带 RD	-	-	-	-	12	18
总计 Total	294	430	524	576	538	587

### 1.2 试验方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 每份供试样品均随机抽取 50 粒种子形成混合样品,采用 CTAB 法提取 DNA。

1.2.2 PCR 扩增 模板 DNA 3  $\mu$ L, 0.25  $\mu$ mol/L 引物, 1  $\times$  PCR Buffer, 0.15  $\mu$ mol/L dNTP, 2.5  $\mu$ mol/L  $MgCl_2$ , 1 U *Taq* 酶,反应总体积为 20  $\mu$ L。每对引物中的一条 5' 端用荧光染料标记,选用 PET、NED、VIC、FAM 4 种荧光染料 (Applied Biosystems, USA

公司合成)。PCR 反应程序:94 ℃ 预变性 5 min, 1 个循环;94 ℃ 变性 40 s,60 ℃ 退火 35 s,72 ℃ 延伸 45 s,共 35 个循环;72 ℃ 延伸 10 min,4 ℃ 保存。

1.2.3 检测扩增产物 毛细管电泳:PCR 产物在毛细管荧光电泳系统 ABI 3730XL DNA 分析仪 (Applied Biosystems, USA) 上进行电泳,在 96 孔电泳板的单个孔中分别加入 1.5 μL PCR 产物、9 μL 甲酰胺、0.1 μL 分子量内标 (GeneScanTM-500 LIZ)。95 ℃ 变性 5 min,4 ℃ 保存 10 min,1 000 r/min 离心 1 min 后,于 AB 3730XL DNA 分析仪上进行电泳。预电泳时间为 15 kV,2 min;电泳时间为 15 kV,20 min。用 Data Collection V1.0 软件收集原始数据。

1.2.4 真实性检测 参试组合真实性检测参考 NY/T 1432-2014《玉米品种鉴定规程 SSR 标记法》。参试组合近似品种筛查对照样品库包括 6 039 份农业部征集审定品种标准样品、1 861 份农业部品种权保护标准样品、同年度及上一年度的参试样品。

1.2.5 遗传分析 采用 PowerMarker V3.25 软件对等位变异数、基因多样性、杂合率和多样性信息 (Polymorphism information content, PIC) 进行分析,基于 UPGMA (Unweighted pair-group method with arithmetic means) 方法的 Nei's (1972) 遗传距离进行不同区组的聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同年份和不同区组多样性的比较

不同年份参试组合多样性分析结果表明 (表 2),2014-2019 年国家区试参试组合年际间的 PIC、杂合率和遗传多样性基本一致,由于 2014 和 2015 年样品数量较少,2014 和 2015 年参试组合的平均基因型数略低于 2016-2019 年。不同组别参试组合多样性分析结果表明 (表 3),爆裂组和西北组的 PIC 和遗传多样性较低,尤其是爆裂组,各指标都低于其他组别;鲜食、青贮和西南 3 个组别的 PIC 和遗传多样性较高。

表 2 2014-2019 年不同年份参试组合多样性比较

Tab.2 Genetic diversity comparison of national regional trail in 2014-2019

年份 Year	基因型数 Genotype number	等位基因数 Allele number	遗传多样性 Gene diversity	杂合率 Heterozygosity	多态性 PIC
2014	36.08	13.55	0.72	0.65	0.69
2015	42.55	14.20	0.71	0.68	0.67
2016	45.35	15.00	0.69	0.64	0.66
2017	47.28	14.58	0.70	0.66	0.67
2018	47.23	14.93	0.71	0.63	0.67
2019	49.38	15.03	0.72	0.64	0.68
平均 Average	44.65	14.55	0.71	0.65	0.67

表 3 不同区组参试组合多样性比较

Tab.3 Genetic diversity comparison among different regional trail group

组别 Group	基因型数 Genotype number	等位基因数 Allele number	遗传多样性 Gene diversity	杂合率 Heterozygosity	多态性 PIC
爆裂 BL	7.30	5.10	0.43	0.40	0.39
西北 XB	16.35	8.45	0.62	0.66	0.57
东华北 DHB	31.03	12.33	0.64	0.66	0.59
黄淮海 HHH	25.95	10.68	0.64	0.66	0.60
机收 JS	19.31	9.10	0.65	0.66	0.60
东南 DN	14.00	7.28	0.69	0.68	0.65
极早熟 JZS	20.05	9.58	0.70	0.66	0.66
热带亚热带 RD	11.58	7.85	0.70	0.61	0.66
西南 XN	35.05	12.20	0.73	0.66	0.69
青贮 QZ	24.20	11.13	0.72	0.68	0.69
鲜食 XS	42.23	13.58	0.74	0.62	0.72

### 2.2 不同区组之间的遗传距离与聚类分析

分析各区组之间的遗传距离和遗传聚类图,结果 (表 4,图 1) 表明,爆裂组与其他区组遗传距离最远,遗传聚类时单独成群,其次是热带亚热带、鲜食和极早熟组,东华北和西北之间遗传距离最小。机

收组分为机收东北组和机收黄淮海组,2 个不同区域机收组之间的遗传差异低于 2 个区域的常规品种。黄淮海、东华北、西北、机收几个组别之间遗传背景有一定的差异,但遗传背景相似比例明显高于其他组别。

表 4 不同组别之间的 Nei's (1972) 遗传距离

Tab. 4 Nei's (1972) genetic distance among different regional trail groups

组别 Group	爆裂 BL	机收 JS	热带亚热带 RD	东南 DR	极早熟 JZS	东华北 DHB	西北 XB	青贮 QZ	黄淮海 HHH	西南 XN	鲜食 XS
爆裂 BL	0.000 0										
机收 JS	0.613 7	0.000 0									
热带亚热带 RD	0.588 3	0.341 5	0.000 0								
东南 DN	0.568 0	0.091 1	0.238 3	0.000 0							
极早熟 JZS	0.548 4	0.154 2	0.358 9	0.230 0	0.000 0						
东华北 DHB	0.622 5	0.011 1	0.336 4	0.087 8	0.175 4	0.000 0					
西北 XB	0.663 0	0.026 1	0.333 5	0.087 2	0.211 6	0.010 0	0.000 0				
青贮 QZ	0.542 8	0.161 5	0.109 9	0.084 0	0.221 0	0.159 5	0.160 9	0.000 0			
黄淮海 HHH	0.646 7	0.030 1	0.316 6	0.062 7	0.200 5	0.024 0	0.022 8	0.140 7	0.000 0		
西南 XN	0.497 9	0.110 1	0.108 6	0.064 7	0.203 9	0.105 2	0.109 5	0.040 4	0.100 8	0.000 0	
鲜食 XS	0.460 3	0.316 6	0.235 1	0.241 5	0.254 9	0.332 1	0.349 5	0.167 1	0.293 0	0.187 2	0.000 0

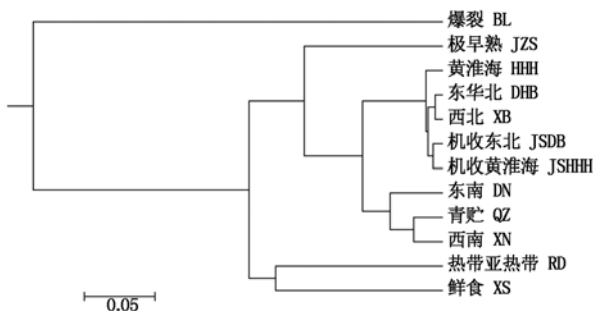


图 1 不同区组之间基于 UPGMA 法的 Nei's 遗传聚类图

Fig. 1 UPGMA cluster diagram of different trail group (Nei's)

### 2.3 参试组合 DNA 指纹检测与分析

2014 - 2019 年 2 949 份参试组合共检测出

1 152 组同名组合, 其中 1 088 组不同来源的同名组合 DNA 指纹一致, 64 组不同来源的同名组合 DNA 指纹差异位点  $\geq 2$ , 说明亲本组合发生更换, 更换组合的样品占比 2.17%。更换组合的样品与对照差异位点大部分在 6 个以上, 表明大部分更换的组合与原组合差异明显。2 949 份参试组合与已审定、品种权保护、同一年度及上一年度参试组合比较, 共筛查出 187 套相似品种信息, 即 6.30% 的参试组合与其他品种或组合 DNA 指纹无明显差异, 西北组、东华北组和黄淮海组筛查出的相似品种比例较高, 分别为 12.90%, 10.30%, 7.80%, 东南组、鲜食组和爆裂组筛查出的相似品种比例较低, 分别为 1.50%, 0.70%, 0 (图 2)。

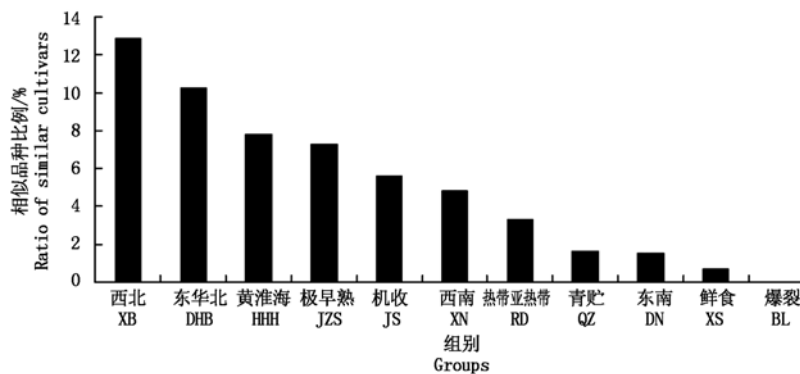


图 2 不同区组筛查出的近似品种比例

Fig. 2 Proportion of similar varieties detected in different groups

### 2.4 参试样品与数据库比较差异位点分布

2014 - 2019 年国家区试参试组合与已审定品种、品种权保护品种以及同一年度和上一年度所有参试组合两两比对, 年际间随机 2 个品种的差异位点的分布基本一致, 主要分布在 28 ~ 36 个位点之间, 表明参试组合整体具有较高的多样性 (图 3)。2014 - 2019 年的参试组合与数据库比对筛查最近

似品种, DNA 指纹差异位点在 5 个以内的品种数呈逐渐下降趋势, 表明遗传背景相近的品种比例逐年降低。与数据库比较筛查每个参试组合的最近似品种信息, 2014 年参试组合与最近似品种比较, 频率最高的 DNA 指纹差异位点为 16 个, 2015 - 2016 年为 15 个, 2017 - 2019 年为 13 个, 表明参试组合之间及与已知品种遗传背景相似性逐年提高 (图 4)。

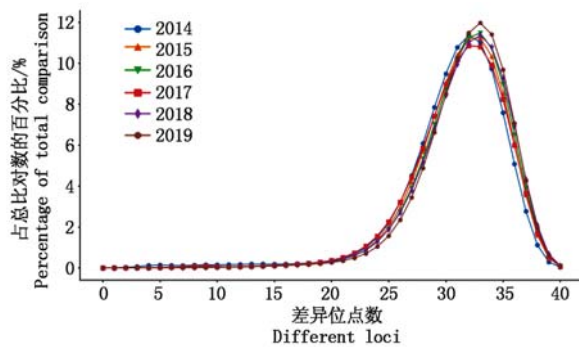


图3 不同年份国家区试参试组合间差异位点数分布  
Fig.3 Distribution of the number of differential sites among the national regional trail varieties in different years

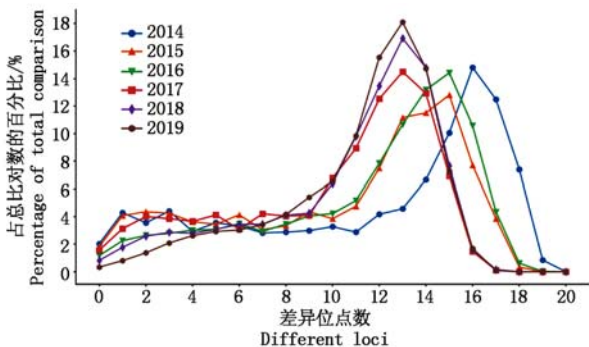


图4 不同年份参试组合与最近似品种比较差异位点分布  
Fig.4 Distribution of the most similar variety difference sites in different years

### 3 结论与讨论

#### 3.1 2014-2019 年国家区试参试组合遗传背景的变化趋势

本研究结果表明,随着玉米区域试验持续采用 DNA 指纹进行检测同名更换和非同名相近的问题,遗传背景相近的参试组合比例在逐年降低,表明直接拿其他品种换名参试或进行高度模仿育种的比例在减少,DNA 指纹的持续监控能从源头发挥清理品种多、乱、杂的作用。与王风格等<sup>[15]</sup>研究结果比较,本研究分析的 2014-2019 年国家区试参试组合的基因型数量、等位基因数量、基因多样性、PIC、杂合率均有所提高,表明近 10 a 来我国玉米选育品种遗传变异和遗传多样性日趋丰富。2014-2019 年不同年间国家区试玉米参试组合之间遗传多样性和差异位点分布基本一致,说明近几年国家区域试验参试组合遗传多样性变化不大,但参试组合与数据库比对最近似品种的差异位点数在减少,侧面反映了近几年来,其他来源参试组合的遗传背景相似度提高了,表明参试组合的激增并未带来种质的创新,参试组合间的遗传背景在逐渐变窄。在不同区组的参试组合中,爆裂组的参试组合多样性水平最低,可能是由于爆裂玉米参试品种参试单位和参试品种较

少,关键种质资源相似所致。

#### 3.2 DNA 指纹在玉米区域试验中的应用

区域试验是品种审定的重要依据,近几年我国玉米参试组合数量年均达到 8 000 份,如何准确检测每个品种是否具有特异性,是我国目前品种管理面临的难题,也给 DNA 指纹技术在区域试验中的应用带来了挑战。虽然 2014-2019 年检测出的近似品种比率呈现逐年下降的趋势,但由于参试组合数量的大幅增加,每年检测出的 DNA 指纹相近的品种绝对数量增加幅度较大。随着分子标记辅助育种技术的不断发展,以及转基因、基因编辑品种的研发,在原有优异品种基础上进行微改良的新品种成为 DNA 鉴定的难点。随着我国知识产权保护力度的不断增加,为了鼓励原始创新,行业内人士提出将现行行业标准 DNA 指纹差异位点判定阈值从“2”调整到“4”。根据近年国家及各省区试、联合体、绿色通道的参试品种信息,SSR 差异位点每提高 1 个将影响约 5% 的参试组合,根据近几年的参数组合数量计算,1 个位点将影响约 400 个参试组合。DNA 指纹差异位点阈值的调整对我国玉米品种选育影响较大,差异位点的提高能抑制大量品种同质化的问题,提高品种原始创新水平。面对新技术、新形式的挑战,需要不断发展和完善 DNA 指纹技术。

#### 3.3 SNP 技术在玉米区域试验中的应用展望

由于 SSR 只采用了 40 个位点进行检测,对相似品种的遗传背景扫描标记密度较低,每个位点占比 2.50%,不能精确评估相似品种间的遗传关系。SNP 作为新一代 DNA 指纹技术,与其他遗传标记相比,SNP 具有以下几个突出的优势:一是在基因组中标记密度更高,分布也更均匀,候选位点多;二是 SNP 通常为二态位点,数据统计容易,不同来源数据易实现整合和共享,而且试验流程易于自动化;三是单个位点基因分型成本较低;四是具有高通量样品和高通量位点检测的优势。随着技术的不断发展,SNP 基因分型成本越来越低,各种 SNP 基因分型平台已广泛应用于遗传研究和分子标记辅助育种中,包括基于芯片的多位点 SNP 检测,单 SNP 基因分型和测序。SNP 芯片具有高密度的位点,能更精准地评估相似品种间的遗传背景,适用于区域试验参试组合的特异性筛查。目前多种作物已开发不同通量的 SNP 芯片<sup>[16-21]</sup>,我国已开发出 200K、90K、60K、55K、3 072、384 等不同通量的玉米 SNP 芯片。建议加快 SNP 芯片鉴定技术在各农作物品种区域试验中的应用研究,为区域试验品种真实性和特异性检测提供更有效的技术方案。

参考文献:

- [1] 王风格, 易红梅, 赵久然, 孙世贤, 杨国航, 任洁, 王璐. DNA 指纹技术在玉米区域试验品种真实性及一致性检测中的应用[J]. 分子植物育种, 2016, 14(2): 456-461. doi:10.13271/j.mpb.014.000456. Wang F G, Yi H M, Zhao J R, Sun S X, Yang G H, Ren J, Wang L. The application of DNA fingerprint technology in maize varieties' authenticity and consistency identification in maize regional test[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2016, 14(2): 456-461.
- [2] 王风格, 赵久然, 戴景瑞, 王璐, 易红梅, 郭景伦, 孙世贤, 廖琴, 杨国航. 利用 SSR 标记进行玉米品种一致性检测研究[J]. 分子植物育种, 2007, 5(1): 95-104. doi:10.3969/j.issn.1672-416X.2007.01.018. Wang F G, Zhao J R, Dai J R, Wang L, Yi H M, Guo J L, Sun S X, Liao Q, Yang G H. Uniformity analysis of maize varieties by a set of SSR markers[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2007, 5(1): 95-104.
- [3] 陈发波, 杨克诚, 荣廷昭, 潘光堂. 西南及四川区试玉米组合遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2007, 33(6): 991-998. doi:10.3321/j.issn:0496-3490.2007.06.021. Chen F B, Yang K C, Rong T Z, Pan G T. Analysis of genetic diversity of maize hybrids in the regional tests of Sichuan and Southwest China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2007, 33(6): 991-998.
- [4] 贺国良, 付高平, 彭从胜, 邓伟, 朱珊, 杨宙, 魏永清, 陈丽妹, 沈林军, 沈显华, 黄仁良. 江西省 2018 年晚粳区试品种的 DNA 指纹图谱以及遗传相似性分析[J]. 江西农业大学学报, 2019, 41(5): 843-852. doi:10.13836/j.jjau.2019097. He G L, Fu G P, Peng C S, Deng W, Zhu S, Yang Z, Wei Y Q, Chen L M, Shen L J, Shen X H, Huang R L. DNA fingerprint map and analysis of genetic diversity of the japonica rice varieties in the regional test in Jiangxi province in 2018 [J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2019, 41(5): 843-852.
- [5] 刘丽华, 庞斌双, 刘阳娜, 邱军, 李宏博, 张欣, 王娜, 赵昌平. 2009-2014 年国家冬小麦区域试验品系的遗传多样性及群体结构分析[J]. 麦类作物学报, 2016, 36(2): 165-171. doi:10.7606/j.issn.1009-1041.2016.02.06. Liu L H, Pang B S, Liu Y N, Qiu J, Li H B, Zhang X, Wang N, Zhao C P. Genetic diversity and population structure analysis of winter wheat lines from recent national regional trials in China[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2016, 36(2): 165-171.
- [6] 陈先红, 徐利远, 彭正松, 杜文平, 余桂蓉, 钟昌松, 曲继鹏, 胡凤林. 四川省 2005-2006 年区试小麦品种(系)的 SSR 遗传多样性[J]. 分子植物育种, 2007, 5(6): 843-848. doi:10.3969/j.issn.1672-416X.2007.06.015. Chen X H, Xu L Y, Peng Z S, Du W P, Yu G R, Zhong C S, Qu J P, Hu F L. Genetic diversity of wheat lines from Sichuan field trial in 2005-2006 revealed by SSR markers[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2007, 5(6): 843-848.
- [7] 关荣霞, 方宏亮, 何艳琴, 常汝镇, 邱丽娟. 国家大豆区域试验品种(系)SSR 位点纯合度分析[J]. 作物学报, 2012, 38(10): 1760-1765. doi:10.3724/SP.J.1006.2012.01760. Guan R X, Fang H L, He Y Q, Chang R Z, Qiu L J. Molecular homozygosity analysis of soybean varieties (lines) in regional test of China by using SSR markers [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38(10): 1760-1765.
- [8] 何琳, 何艳琴, 刘业丽, 邱强, 栾怀海, 韩雪, 胡国华. 2012 年北方春大豆国家区试大豆品种纯度鉴定、分子 ID 构建及遗传多样性分析[J]. 中国农学通报, 2014, 30(18): 277-282. He L, He Y Q, Liu Y L, Qiu Q, Luan H H, Han X, Hu G H. Purity identification, molecular ID establishment and genetic diversity analysis of soybeans attending national regional test of North spring soybean in 2012 [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2014, 30(18): 277-282.
- [9] 陆光远, 伍晓明, 张冬晓, 刘凤兰, 陈碧云, 高桂珍, 许鲲. SSR 标记分析国家油菜区试品种的特异性和一致性[J]. 中国农业科学, 2008, 41(1): 32-42. doi:10.3864/j.issn.0578-1752.2008.01.005. Lu G Y, Wu X M, Zhang D X, Liu F L, Chen B Y, Gao G Z, Xu K. SSR-based evaluation of distinctness, uniformity and stability (DUS) of rapeseed (*Brassica napus* L.) varieties being subjected to national official field tests[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41(1): 32-42.
- [10] 陈碧云, 伍晓明, 张冬晓, 刘凤兰, 陆光远, 许鲲, 高桂珍. 国家冬油菜区试新品种的 SSR 指纹图谱分析[J]. 分子植物育种, 2008, 6(4): 709-716. Chen B Y, Wu X M, Zhang D X, Liu F L, Lu G Y, Xu K, Gao G Z. SSR marker fingerprinting of winter rapeseed varieties in national field trails[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2008, 6(4): 709-716.
- [11] 孙宁, 杨付新, 付小琼, 王秀玲, 刘逢举, 李亚丽, 汤磊鹏. 国家棉花区试新品种的 SSR 指纹图谱分析[J]. 棉花学报, 2011, 23(3): 279-283. doi:10.3969/j.issn.1002-7807.2011.03.015. Sun N, Yang F X, Fu X Q, Wang X L, Liu F J, Li Y L, Tang L P. SSR marker fingerprinting of cotton varieties in national regional trails [J]. *Cotton Science*, 2011, 23(3): 279-283.
- [12] 李丽, 黄先群, 何天久, 雷尊国, 李其义, 彭义, 黄贵民. 贵州马铃薯审定品种及区试材料的 SSR 遗传多样性分析[J]. 西南农业学报, 2013, 26(3): 909-913. doi:10.16213/j.cnki.scjas.2013.03.052. Li L, Huang X Q, He T J, Lei Z G, Li Q Y, Peng Y, Huang G M. Genetic diversity analysis of Guizhou approved and attending regional tests potato by SSR marker [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2013, 26(3): 909-913.
- [13] 陈静, 胡晓辉, 苗华荣, 石运庆, 禹山林. SSR 标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 360-366. doi:10.13430/j.cnki.jpgr.2009.03.004. Chen J, Hu X H, Miao H R, Shi Y Q, Yu S L. Analysis of genetic diversity of peanut (*Arachis hypogaea* L.) varieties under the region tests of North China based on SSR marker [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2009, 10(3): 360-366.
- [14] 刘红艳, 吴坤, 杨敏敏, 左阳, 赵应忠. 国家芝麻区域试验新品种(系)的 DNA 指纹分析[J]. 作物学

- 报, 2012, 38(4): 596-605. doi:10.3724/SP.J.1006.2012.00596.
- Liu H Y, Wu K, Yang M M, Zuo Y, Zhao Y Z. DNA fingerprinting of sesame (*Sesamum indicum* L.) varieties (lines) from recent national regional trials in China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38(4): 596-605.
- [15] 王凤格, 田红丽, 赵久然, 王璐, 易红梅, 宋伟, 高玉倩, 杨国航. 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. doi:10.3864/j.issn.0578-1752.2014.05.003.
- Wang F G, Tian H L, Zhao J R, Wang L, Yi H M, Song W, Gao Y Q, Yang G H. Genetic diversity analysis of 328 maize varieties (hybridized combinations) using SSR markers [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2014, 47(5): 856-864.
- [16] Wang Y P, Cheng X, Shan Q W, Zhang Y, Liu J X, Gao C X, Qiu J L. Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew [J]. *Nat Biotechnol*, 2014, 32(9):947-951. doi:10.1038/nbt.2969.
- [17] Singh N, Jayaswal P K, Panda K, Mandal P, Kumar V, Singh B, Mishra S, Singh Y, Singh R, Rai V, Gupta A, Sharma T R, Singh N K. Single-copy gene based 50K SNP chip for genetic studies and molecular breeding in rice [J]. *Sci Rep*, 2015, 5: 11600. doi:10.1038/srep11600.
- [18] Lee Y G, Jeong N, Kim J H, Lee K, Kim K H, Pirani A, Ha B K, Kang S T, Park B S, Moon J K, Kim N, Jeong S C. Development, validation and genetic analysis of a large soybean SNP genotyping array [J]. *Plant J*, 2015, 81(4): 625-636. doi:10.1111/tpj.12755.
- [19] Hulse-Kemp A M, Lemm J, Plieske J, Ashrafi H, Buyyarapu R, Fang D D, Frelichowski J, Giband M, Hague S, Hinze L L, Kochan K J, Riggs P K, Scheffler J A, Udall J A, Ulloa M, Wang S S, Zhu Q H, Bag S K, Bhardwaj A, Burke J J, Byers R L, Claverie M, Gore M A, Harker D B, Islam M S, Jenkins J N, Jones D C, Lacape J M, Llewellyn D J, Percy R G, Pepper A E, Poland J A, Rai K M, Sawant S V, Singh S K, Spriggs A, Taylor J M, Wang F, Yourstone S M, Zheng X T, Lawley C T, Ganal M W, Van Deynze A, Wilson I W, Stelly D M. Development of a 63K SNP array for cotton and high-density mapping of intraspecific and interspecific populations of *Gossypium* spp. [J]. *G3 (Bethesda)*, 2015, 5(6): 1187-1209. doi:10.1534/g3.115.018416.
- [20] Ganal M W, Durstewitz G, Polley A, Bérard A, Buckler E S, Charcosset A, Clarke J D, Graner E M, Hansen M, Joets J, Paslier M L, McMullen M D, Montalent P, Rose M, Schon C C, Sun Q, Walter H, Martin O C, Falque M. A large maize (*Zea mays* L.) SNP genotyping array: development and germplasm genotyping, and genetic mapping to compare with the B73 reference genome [J]. *PLoS One*, 2011, 6(12): e28334. doi:10.1371/journal.pone.0028334.
- [21] Xu C, Ren Y H, Jian Y Q, Guo Z F, Zhang Y, Xie C X, Fu J J, Wang H W, Wang G Y, Xu Y B, Li P, Zou C. Development of a maize 55K SNP array with improved genome coverage for molecular breeding [J]. *Mol Breed*, 2017, 37(31):20. doi:10.1007/s11032-017-0622-z.