

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2025.05.009

李月仙, 姜太玲, 严炜, 等. 基于 SNP 标记的云南黄连分子身份证构建 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2025, 47(5): 103-112.

基于 SNP 标记的云南黄连分子身份证构建

李月仙, 姜太玲, 严炜, 沈绍斌, 肖明昆,
白丽娜, 段春芳, 罗鑫, 车彬, 张林辉

云南省农业科学院 热带亚热带经济作物研究所, 云南 保山 678000

摘要: 为了开发能够精准鉴别云南黄连不同基因型的分子标记以便为种质真实性鉴定提供依据, 利用 5 个云南黄连群体的简化基因组重测序数据, 筛选获得 34 891 个有变异的单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphism, SNP)标记。基于所有的 SNP 位点信息构建的系统发育树表明: 来自福贡县鹿马登乡的群体 2 和福贡县石月亮乡的群体 3 之间的亲缘关系较近; 来自贡山县独龙江乡的群体 1 与来自泸水市老窝镇的群体 5 以及福贡县上帕镇的群体 4 的亲缘关系均较远。筛选出 10 个核心 SNP 标记, 成功构建了 5 个云南黄连群体的分子身份编码和二维码, 可用于鉴别不同基因型的云南黄连。

关键词: 云南黄连; 简化基因组重测序; 单核苷酸多态性;
系统发育树; 分子身份证

中图分类号: R282.5

文献标志码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



文章编号: 1673-9868(2025)05-0103-10

Construction of Molecular Identity of *Coptis teeta* Wall. Based on SNP Markers

LI Yuexian, JIANG Tailing, YAN Wei, SHEN Shaobin,
XIAO Mingkun, BAI Lina, DUAN Chunfang,
LUO Xin, CHE Bin, ZHANG Linhui

Tropical and Subtropical Economic Crops Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Baoshan Yunnan 678000, China

Abstract: To develop molecular markers capable of accurately discriminating among different genotypes of

收稿日期: 2024-11-14

基金项目: 云南省重点研发计划项目(201203AC100003-1-6)。

作者简介: 李月仙, 硕士研究生, 主要从事中药材资源与育种研究。

通信作者: 张林辉, 研究员。

Coptis teeta and thereby provide a basis for germplasm authenticity verification, using the reduced-representation genome resequencing data from five populations of *Coptis teeta*, and 34 891 Single Nucleotide Polymorphism (SNP) markers with variations were screened and obtained. The phylogenetic tree constructed based on all SNP locus information indicated that Population 2 from Lumadeng Township, Fugong County, and Population 3 from Shiyueliang Township, Fugong County was relatively close. Population 1 from Dulongjiang Township, Gongshan County, exhibited a relatively distant genetic relationship with both Population 5 from Laowo Town, Lushui City, and Population 4 from Shangpa Town, Fugong County. Ten core SNP markers were selected, and molecular identity codes along with QR codes were successfully established for the five *Coptis teeta* populations, which can be used to identify different genotypes of this species.

Key words: *Coptis teeta* Wall. ; simplified genome resequencing; single nucleotide polymorphism; phylogenetic tree; molecular identity

云南黄连(*Coptis teeta* Wall.)俗称云连,是产自高黎贡山的重要药用植物,含小檗碱、药根碱和其他化合物^[1-2]。云南黄连在我国主要分布在云南的西北部腾冲、福贡、维西、德钦等地^[3]。云南黄连繁殖方式兼具有性生殖和无性繁殖,具有高度杂合性^[4-5]。自然传播和人为传播使得云南黄连积累了自然演化和人工选择的变异,形成了多样性的云南黄连资源^[6]。云南黄连在居群内和居群间均存在丰富的表型变异^[7]。

目前,云南黄连的研究主要集中在资源调查、栽培技术、传粉生态学、成分含量、药理等方面^[5, 8-12]。伴随着分子标记技术的发展,在黄连属物种的遗传多样性、亲缘关系和物种鉴定方面取得了一定进展。早期随机扩增多态性 DNA(Random Amplified Polymorphic DNA, RAPD)、简单重复序列间扩增(Inter Simple Sequence Repeat, ISSR)、相关序列扩增多态性(Sequence-Related Amplified Polymorphism, SRAP)标记被开发用于研究黄连属种间和种内的遗传多样性^[13-15]。伴随着测序技术的发展,基于转录组序列开发了黄连属的简单重复序列(Simple Sequence Repeats, SSR)标记^[16]。常用的叶绿体和细胞核条形码 DNA 的基因片段被开发用于鉴定黄连属的种间亲缘关系和进化关系分析^[17-18]。然而,这些标记均未能有效鉴别黄连属的种间差异,难以用于品种鉴定,不利于黄连种质资源的保护、开发和利用。DNA 分子身份证可用于快速准确地鉴定种内不同的个体,能为种质资源的鉴定和保护提供科学依据。构建 DNA 分子身份证的分子标记主要有 SSR 和单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphism, SNP)。SNP 标记作为第三代分子标记,多态性位点数量庞大,能有效地区分不同种质资源。目前,基于 SNP 构建指纹图谱或者分子身份证的作物越来越多,包括水稻^[19]、玉米^[20]、大豆^[21]、肉苁蓉^[22]、山核桃^[23]等。

云南黄连资源存在种群间差异。过去由于不规范引种及频繁交换传播,造成生产上同名异物或同物异名的现象,不仅给云南黄连资源的收集保护利用带来诸多困难,也损害了消费者的权益。云南黄连传统的鉴定依据主要是叶片的形状、小叶的疏密程度及花萼的长度等形态学性状。不同种群间存在特征性状交叉重叠,难以快速准确地鉴别。黄连属的基础研究薄弱,尚未见开发 SNP 标记和分子身份证构建的研究报道。因此,本研究拟对来自云南高黎贡山不同区域的 5 个云南黄连群体开展简化基因组重测序,开发 SNP 标记,构建 DNA 分子身份证。研究将有助于区分不同的云南黄连种群,为黄连属的物种分类、品种鉴别、遗传演化、遗传多样性等研究提供技术支持和理论依据。

1 材料与方法

供试材料为采自云南高黎贡山区域的 5 个云南黄连群体, 采集信息见表 1。

1.1 材料

表 1 云南黄连种群采集信息

群体编号	来源地	海拔/m	群体编号	来源地	海拔/m
1	贡山县独龙江乡	2 230	4	福贡县上帕镇	1 720
2	福贡县鹿马登乡	1 920	5	泸水市老窝镇	1 730
3	福贡县石月亮乡	1 895			

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取及质量检测

武汉基诺赛克科技有限公司负责云南黄连基因组 DNA 提取及质量检测。使用北京全式金生物技术有限公司开发的植物基因组 DNA 提取试剂盒(EE111)提取云南黄连叶片基因组 DNA。采用 1% 琼脂糖凝胶电泳和 Nanodrop 检测基因组 DNA 的完整性和纯度。使用荧光计 Qubit 3.0 进行核酸定量, 浓度大于 50 ng/ μ L, 总量大于 2 μ g。

1.2.2 简化基因组测序

在武汉基诺赛克科技有限公司对提取的基因组 DNA 进行简化基因组测序, 流程包括文库构建、文库质控和上机测序。

1) 文库构建

群体基因组 DNA 检测合格后, 严格按照武汉基诺赛克科技有限公司开发的 ddRADseq 流程进行文库构建。将 200 ng 基因组 DNA 用限制性内切酶 Mse I 和 Sac I (New England Biolabs 公司)完全酶切。将酶切产物用自主设计的特异性接头连接后取特定量的连接产物进行等量混合并用磁珠 (AMPure XP 公司)纯化。用高保真聚合酶 KOD-Plus-Neo(TOYOBO 公司)进行 PCR 富集。将所有产物等量混合并用低熔点的琼脂糖 (Bio-Rad 公司)低压过夜电泳, 选取 300~400 bp 的范围, 然后用琼脂糖凝胶回收试剂盒(QIAGEN 公司)进行纯化。

2) 文库质控

使用荧光计 Qubit3.0 进行初步定量。使用 Agilent 2100 对文库的插入片段进行检测, 插入片段符合预期且无接头污染后才可进行下一步实验。用 QTOWER 实时荧光定量 PCR 仪 (ANALYTIKJENA 公司)对文库的有效浓度进行准确定量, 有效浓度不低于 2 nmol/ μ L 为合格文库。

3) 测序及数据质控

按照目标下机数据量对文库进行混合, 用 Illumina HiSeq 平台进行 Paired-end 150 bp(PE150)测序。将得到的原始图像数据文件经过碱基识别(Base Calling)分析转化为原始测序序列(Raw Reads), 结果以 FASTQ(简称为 fq)文件格式存储。碱基的质量数以不同的字符来表示(每个字符对应的 ASCII 值减去 33, 即为对应碱基的质量数)。如果 Illumina HiSeq 的碱基质量数用 Q 表示, 测序错误率用 E 表示, 则 $Q = -\log(E)$ 。对测序得到的原始测序序列进行质控过滤以后得到的序列(去掉接头的序列, Clean Reads), 使用软件 fastp 0.23.0 去除原始测序序列中含有的接头序列及低质量碱基(以 4 bp 的滑动窗口计算平均质量数, 若碱基质量数低于 15 则去除其后的所有碱基); 原始测序序列的长度必须大于 50 bp。

1.2.3 多态性标记的开发

Stacks 高通量测序软件根据测序序列的相似性生成测序序列的标签, 每个标签相当于一个 ddRAD 测序位点, 然后比较不同群体间的测序序列的标签来开发多态性标记。对 Stacks 的原始输出结果进行筛选获得可用的 SNP 分子标记。

1.2.4 系统发生树分析

使用软件 MEGA 7 中的邻接法构建系统发生树, 并使用软件 ggtree 1.7.10 进行可视化。

1.2.5 分子身份证构建

对筛选获得的能够区分所有群体的 10 个 SNP 数据进行数字编码, 作为构建分子身份证的基本信息。SNP 标记有 0/0、0/1 和 1/1 共 3 种基因型, 分别用 0、1 和 2 表示, 10 个 SNP 就可以获得 10 位数字的编码, 以群体 1 为例, 在 V01 处的基因型为 0/1, 对应编码为 1。以此类推, 将基因型全部转换成 10 位数字编码 1111102212, 将数字编码转化成二维码。

2 结果与分析

2.1 测序数据质控与统计

为了保证后续分析的正常进行, 测序数据的碱基质量数应该主要分布在 30 以上。结果表明: 5 个群体测序数据碱基质量数均分布在 30 以上(图 1)。测序数据中碱基 A、T、C、G、N 的分布是评估数据质量的重要指标。N 的含量反映了测序质量的好坏。从图 2、表 2 看出, 5 个群体单核苷酸 GC 含量平均值为 41.30%, Q20 和 Q30 平均含量分别为 98.12%、94.10%, N 含量接近 0, 因此, 测序数据中碱基含量分布及质量分布均符合预期要求。

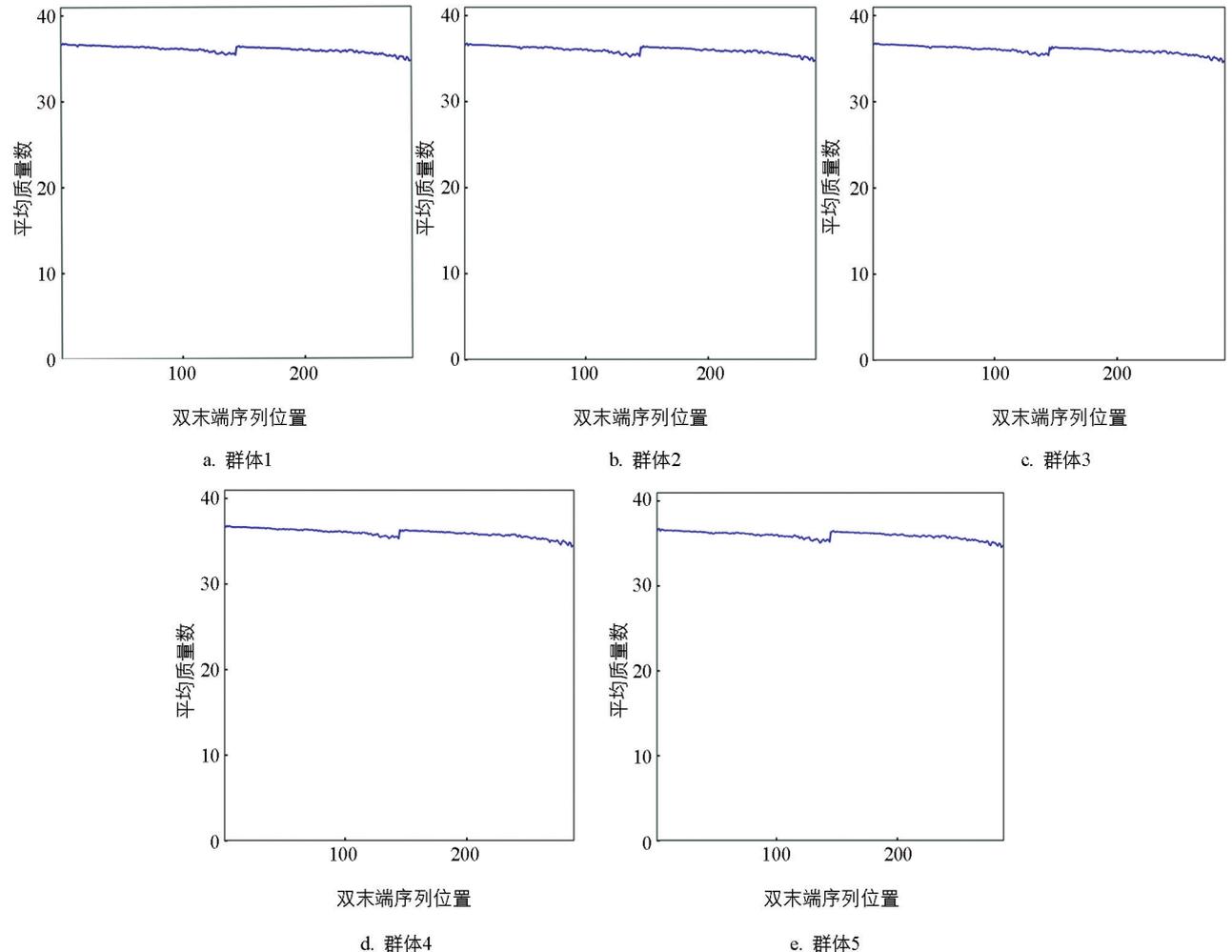


图 1 5 个群体测序数据碱基质量数分布

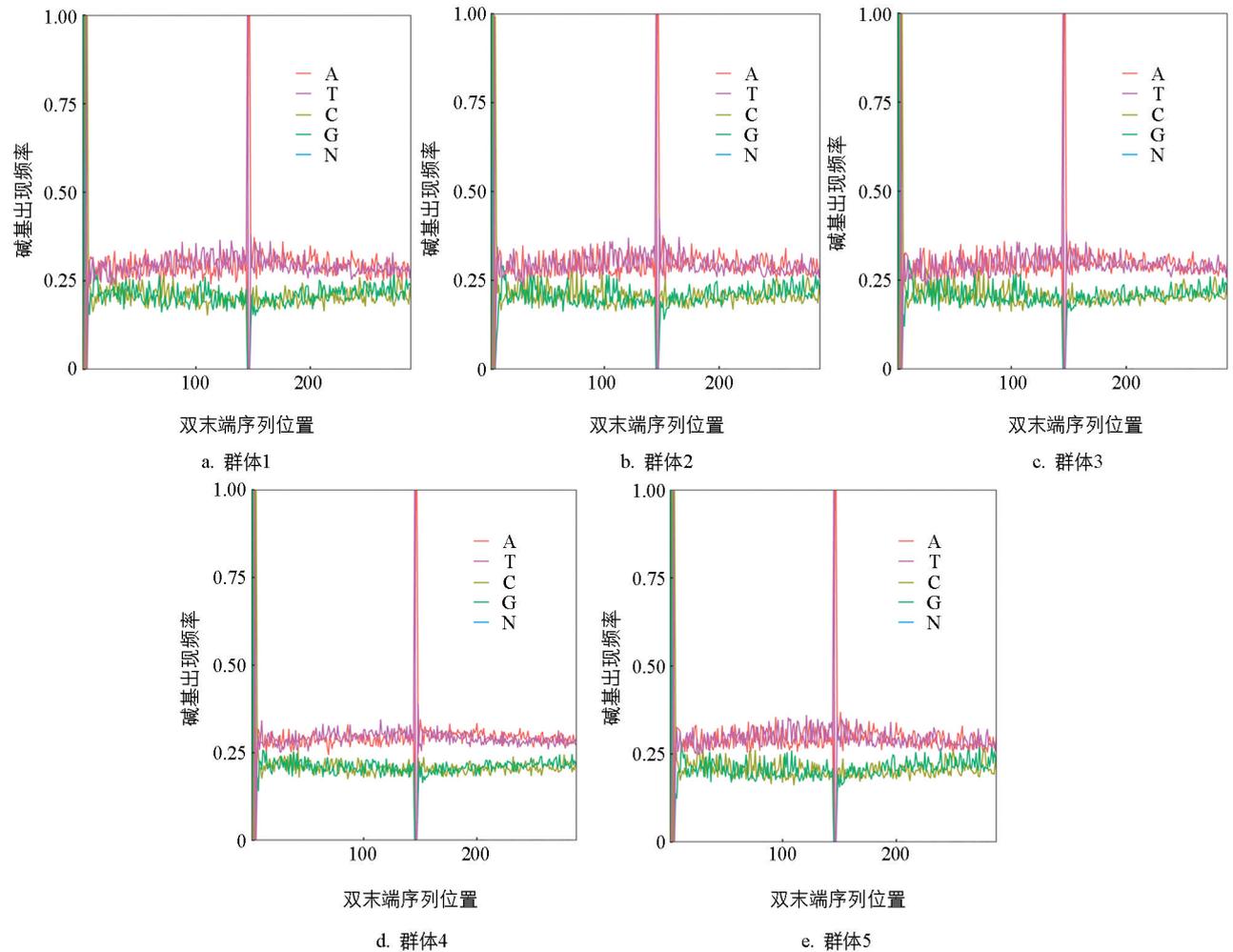


图 2 5 个群体测序数据碱基含量分布图

表 2 5 个群体测序数据量和数据质量统计表

群体	Reads	Bases	GC/%	Q20/%	Q30/%
1	6 598 047	1 742 192 533	41.32	98.14	94.15
2	6 142 023	1 607 551 320	41.19	98.16	94.17
3	6 080 465	1 656 213 286	41.22	98.10	94.03
4	6 135 730	1 548 617 237	41.58	98.08	94.07
5	6 008 614	1 455 548 945	41.17	98.11	94.08
平均值	6 192 976	1 602 024 664	41.30	98.12	94.10
总和	30 964 879	8 010 123 321	/	/	/

注: Reads 为每个群体所测质控过滤后的配对末端(Clean PE Reads)数; Bases 为每个群体所测的高质量数; GC 为每个群体的 GC 含量; Q20 为质量数大于 20 的碱基所占的百分比; Q30 为质量数大于 30 的碱基所占的百分比。

2.2 多态性标记的开发

比较不同云南黄连群体间标签来开发多态性标记, 统计每个群体中标签的数量以及平均测序深度(表 3)。5 个群体平均测序标签数为 140 908, 平均测序深度为 41.42。对 Stacks 的原始输出结果进

行筛选后,共获得 34 891 个可用 SNP 分子标记(表 4),表明云南黄连具有丰富的分子变异位点,这为云南黄连的 SNP 分子标记的开发、遗传多样性分析、遗传演化分析等研究提供了理论参考。

表 3 群体标签数及测序深度统计表

群体	测序序列标签数量/个	平均测序深度	群体	测序序列标签数量/个	平均测序深度
1	148 634	45.05	4	146 381	32.57
2	124 094	48.96	5	132 455	39.64
3	152 974	40.88	平均	140 908	41.42

表 4 SNP 标记类型分布统计表

SNP 标记类型	对应类型的标记数量/个	SNP 标记类型	对应类型的标记数量/个
A/G	11 205	C/G	2 276
C/T	11 451	G/T	3 245
A/C	3 239	合计	34 891
A/T	3 475		

2.3 系统发生树分析

为研究 5 个云南黄连群体的进化关系,基于测序后获得的所有有效的 SNP 位点,使用 MEGA 7 构建系统发生树,并使用 gtree 1.7.10 进行可视化(图 3)。结果表明,群体 2(福贡县鹿马登乡)和群体 3(福贡县石月亮乡)聚在一起,表明这两个群体亲缘关系较近,可能是起源于同一个居群,再传播至不同地方;群体 4(福贡县上帕镇)和群体 5(泸水市老窝镇)各聚为一类,说明它们的亲缘关系较远,群体 1(贡山县独龙江乡)与群体 2、3 亲缘关系相对较近,与群体 4、5 较远。

2.4 DNA 分子身份证构建

在染色体不同位置选择能够区分 5 个群体的 10 个 SNP 标记(表 5),基于其序列信息组合,分别构建了 5 个群体的分子身份证(图 4),并生成了每个群体的二维码(图 5)。这 10 个 SNP 标记具有较好的基因分

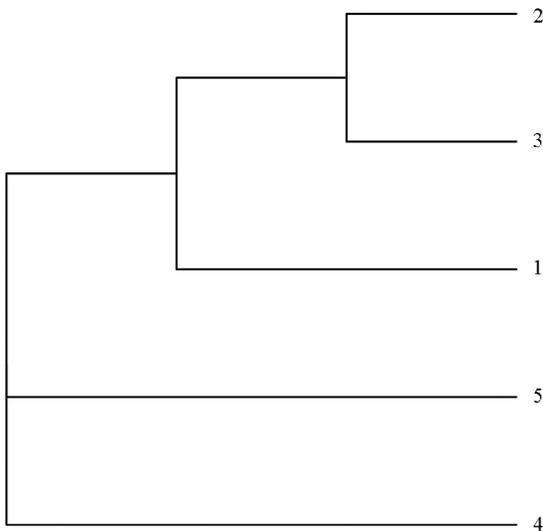


图 3 系统发育树

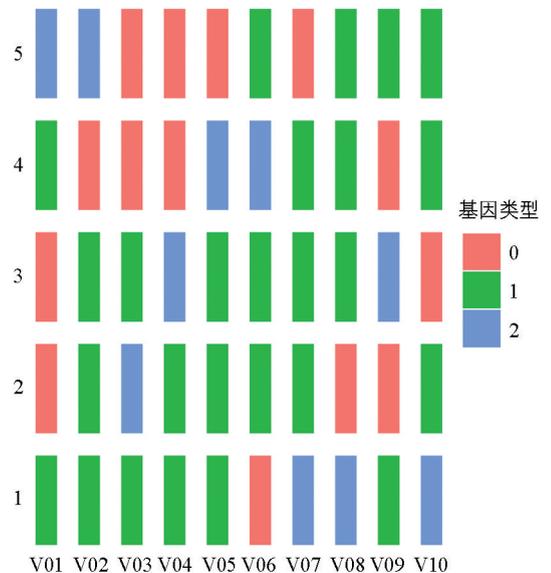


图 4 5 个群体分子身份证编码展示

型效果。群体 2 和群体 3 在 V01、V02、V05、V06、V07 标记中表现出同样的基因分型, 与其他群体相比, 它们之间有更多的相似性, 这与系统发育树的结果一致。开发的 10 个 SNP 标记后续可用于云南黄连的种质鉴别、亲缘关系分析、亲本选择等, 方便查看各种质的遗传信息。

表 5 用于构建分子身份证的 SNP 信息及在各群体中的基因型

染色体编号	染色体 位置(Pos)	参考系列对应 等位基因(Ref)	非参考系列 等位基因(Alt)	群体号				
				1	2	3	4	5
Locus7732	6	T	C	0/1	0/0	0/0	0/1	1/1
Locus8626	30	C	T	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1
Locus11326	10	C	T	0/1	1/1	0/1	0/0	0/0
Locus14484	61	C	T	0/1	0/1	1/1	0/0	0/0
Locus23512	3	C	T	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0
Locus25773	100	C	T	0/0	0/1	0/1	1/1	0/1
Locus37776	28	C	T	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0
Locus47930	31	C	T	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1
Locus79720	103	C	T	0/1	0/0	1/1	0/0	0/1
Locus139627	87	A	G	1/1	0/1	0/0	0/1	0/1

注: 0 对应 Ref 型等位基因, 1 对应 Alt 型等位基因, Ref 表示为 A, Alt 表示为 T, 则 0/0 对应的基因型为 A/A, 1/1 对应的基因型为 T/T, 0/1 表示杂合 A/T。

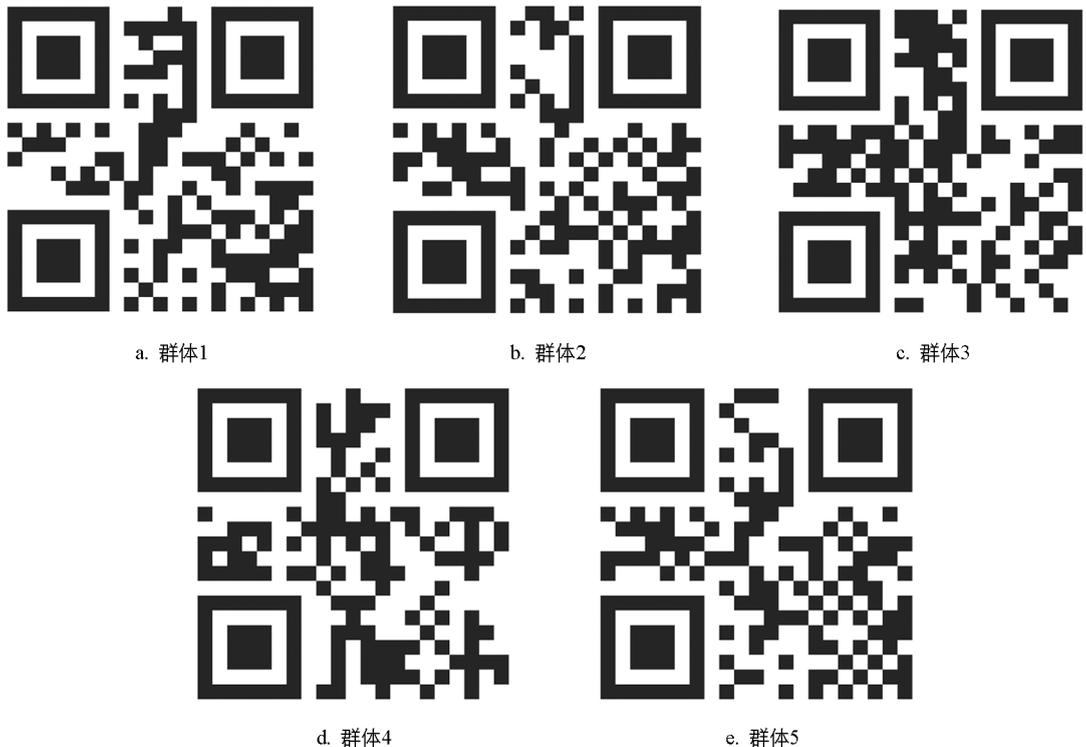


图 5 5 个群体分子身份证二维码

3 讨论与结论

3.1 讨论

本研究利用高通量的简化基因组测序技术获取了云南黄连大量的多态性 SNP 变异位点, 基于 10 个 SNP 标记成功构建了 5 个云南黄连群体的分子身份证, 有助于后续种源鉴定和真伪鉴定。基于序列信息构建的系统发育树也成功地揭示了 5 个群体的不同亲缘关系, 为云南黄连的演化和地理分布特征提供了参考。

过去, 由于黄连属的遗传基础研究薄弱, 大多采用传统的表型鉴定方法来区分不同物种。但是这种方法不仅需要较强的植物学分类能力, 且较难用于区分种以下水平的基因型差异。近年来, 基于测序的分子标记技术在黄连属物种鉴别中的应用有所增加。文献[24]采用 PCR 和测序技术获取黄连属 4 个种和 1 个变种(黄连、峨眉黄连、三角叶黄连、云南黄连、短萼黄连)共计 230 株个体的 4 个基因片段(*rbcL4*, *ITS*, *trnH-psbA* 和 *matK*)的序列信息, 但是仅能将云南黄连与其他种区分, *ITS* 的鉴别能力仅为 20%~40%。可见, 这 4 个常用的 DNA 条形码片段信息难以区分黄连属种间差异, 同时也说明了云南黄连与其他物种间有较明显的差异。文献[25]采用 *psbA-trnH*、*ycf1*、*ITS* 和 *ETS* 序列信息鉴别来自世界的 16 个种和 3 个变种共计 39 份黄连属群体, 其中 *ITS+ycf1* 组合具有高达 79% 的分辨率, 开发的条形码成功地鉴别了黄连、云南黄连和三角叶黄连。但是, 有个别物种仍无法鉴别, 且种以下水平的材料鉴别依然较难。可见, 基于少数几个基因片段的测序分析并不能满足黄连属的物种精准鉴别的需求。本研究首次成功地采用 SNP 分子标记有效地鉴别了黄连属中云南黄连不同地理区域的 5 个基因型的材料, 这对黄连属种以下水平的物种鉴别具有重要的指导作用。此外, 基于所有 SNPs 位点构建的 5 个云南黄连群体的系统发育树聚类的结果与基于 10 个 SNP 基因分型数据构建的分子身份证编码的结果一致, 可见筛选的 10 个 SNP 标记具有较好的代表性, 可作为其他黄连物种的分子分类依据。

2016 年我国公布的《植物品种鉴定 DNA 指纹方法总则》^[26] 优先推荐 SSR 和 SNP 标记用于构建植物指纹图谱^[27]。近年来, 由于简化基因组测序技术成本的下降, SNP 分子标记以高通量、分型稳定等优点逐渐成为农作物品种真实性鉴定、指纹图谱和身份证构建的主流方法^[28]。竞争性等位基因特异性 PCR (Competitive Allele Specific PCR, KASP) 是由英国 LGC 公司开发的 SNP 基因分型技术, 使用起来更加便捷, 成本更低, 已发展成为全球标杆技术^[29]。目前, 基于 SNP 开发的 KASP 技术已广泛应用于物种的基因分型、指纹图谱和身份证构建、遗传多样性分析等^[27,30-31], SNP 标记转化为 KASP 标记后使用起来更加便捷, 也为本研究的后续开发应用提供了重要思路。本研究成功地开发出 10 个核心 SNP 标记, 并直接用于构建云南黄连的分子身份证, 后续可将 SNP 标记转化成 KASP 标记, 用于鉴别云南黄连的真伪。

然而, 群体数量和地理覆盖范围的限制可能会制约 SNP 标记的普适性应用。本研究的云南黄连作为中国西南地区高黎贡山的特有药用植物, 野生种群受地理隔离、生境破碎化影响, 可能导致与其他地域的居群间存在显著遗传分化。5 份样本也难以覆盖该地区云南黄连物种水平的等位基因多样性, 可能遗漏低频但具有种群特异性的 SNP 位点, 导致分子身份证在区分近缘居群或个体时出现“标记盲区”。筛选出的 SNP 标记可能只是富集局部适应性变异, 而对其他地理单元的鉴别能力较弱。因此, 后续将在保护生物学原则的基础上, 非损伤性采样收集高黎贡山不同海拔更多地域的云南黄连 DNA 群体, 采用 SNP 分子标记进行群体遗传结构的分析, 深度挖掘该地区云南黄连的核心变异区域。结合其他地区的黄连资源, 进一步

筛选跨居群通用的核心 SNP。

此外, SNP 标记不仅可用于构建分子身份证, 还可用于挖掘功能基因。在玉米、水稻等大宗作物上定位了大量与重要农艺性状、抗逆性及品质相关的 SNP 位点^[32-36], 并挖掘出关键功能基因。云南黄连的药效成分(如小檗碱、巴马汀)合成依赖复杂的代谢通路, 将来也可通过高密度 SNP 标记的全基因组关联分析并快速定位药用成分, 合成相关的功能基因并解析其遗传机理, 为云南黄连的遗传改良提供分子靶点。

3.2 结论

利用简化基因组重测序技术获得大量的云南黄连 SNP 差异位点, 基于 SNP 序列成功构建了 5 个云南黄连群体的系统发育树, 筛选出 10 个核心 SNP 标记用于构建云南黄连的分子身份证及二维码, 为后续的不同云南黄连资源的鉴别提供了技术支持。

参考文献:

- [1] 王永占, 沈勇, 史晓倩, 等. HPLC 法同时测定云黄连中四种生物碱的含量 [J]. 中国药师, 2013, 16(7): 947-949.
- [2] 孟凡成, 王磊, 张健, 等. 云南黄连中非生物碱类化学成分的研究 [J]. 中国药科大学学报, 2013, 44(4): 307-310.
- [3] 陈璐. 西藏黄连和云南黄连的生药学与 RAPD 分析研究 [D]. 成都: 四川大学, 2006.
- [4] 黄骥, 龙春林. 云南黄连的传统种植及其在生物多样性保护中的价值 [J]. 生物多样性, 2006, 14(1): 79-86.
- [5] 汪建云, 刘经伦, 施晓春, 等. 云南黄连生物学特性和栽培管理初探 [J]. 保山学院学报, 2013, 32(2): 1-3.
- [6] 杨艳娟, 谢世清, 杨生超, 等. 云南黄连的研究进展 [J]. 安徽农业科学, 2011, 39(23): 14037-14038, 14085.
- [7] 杨维泽, 金航, 李晚谊, 等. 濒危植物云南黄连不同居群表型多样性研究 [J]. 云南大学学报(自然科学版), 2013, 35(5): 719-726.
- [8] 杨林. 云南黄连和西藏黄连的 HPLC 指纹图谱研究 [D]. 成都: 四川大学, 2007.
- [9] 杨艳娟, 谢世清, 孟珍贵, 等. 濒危药用植物云南黄连传粉生态学研究 [J]. 西北植物学报, 2012, 32(7): 1372-1376.
- [10] 乔玉文. 泸水县称杆乡云黄连种植技术 [J]. 农民致富之友, 2015(8): 152-153.
- [11] GOSWAMI A K, SHARMA H K, GOGOIN, et al. In Vitro Evaluation and Molecular Dynamics, DFT Guided Investigation of Antimalarial Activity of Ethnomedicinally Used *Coptis teeta* Wall. [J]. Combinatorial Chemistry & High Throughput Screening, 2022, 25(2): 292-306.
- [12] 余成华, 朱春艳, 段绍凤, 等. 比较转录组分析云南黄连开花过程对低温的应答 [J]. 分子植物育种, 2022, 20(14): 4642-4653.
- [13] 常艳波. 黄连属药用植物 RAPD 鉴定与亲缘关系研究 [D]. 成都: 四川大学, 2005.
- [14] 陈大霞, 李隆云, 瞿显友, 等. 栽培黄连群体遗传关系的 SRAP 分析 [J]. 中草药, 2008, 39(10): 1552-1556.
- [15] 张春平, 何平, 胡世俊, 等. 黄连遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 中草药, 2009, 40(10): 1630-1634.
- [16] 丛琨, 杨生超, 张广辉, 等. 两种黄连转录组中 SSR 位点信息分析与多态性引物开发 [J]. 基因组学与应用生物学, 2018, 37(5): 2034-2042.
- [17] 赵振宇. 黄连属植物物种鉴定及 mini-barcode 研究 [D]. 北京: 中国中医科学院, 2019.
- [18] 袁婧. 黄连属植物叶绿体基因组序列分析及系统进化研究 [D]. 重庆: 西南大学, 2020.
- [19] 李兰芝, 李梓榕, 袁雄. 一种基于全基因组 SNP 高效精准鉴定水稻品种的方法: CN109022611B [P]. 2021-07-30.
- [20] 张茗起, 王蕊, 张春宵, 等. 吉林省玉米种质资源 SSR 和 SNP 分子身份证的构建及应用 [J]. 中国农业科学, 2024, 57(2): 236-249.
- [21] 魏中艳, 李慧慧, 李骏, 等. 应用 SNP 精准鉴定大豆种质及构建可扫描身份证 [J]. 作物学报, 2018, 44(3): 315-323.

- [22] 王晓玥. 当归、肉苁蓉“分子身份证”建立及太白贝母异甾体类生物碱合成相关基因挖掘 [D]. 北京: 北京协和医学院, 2019.
- [23] 张成才, 王亚萍, 王开良, 等. 利用 SSR 构建薄壳山核桃主要品种的分子身份证 [J]. 植物遗传资源学报, 2022, 23(6): 1835-1846.
- [24] 刘晓光. 基于群体遗传学的黄连属 DNA 条形码研究 [D]. 济南: 山东中医药大学, 2012.
- [25] 李波, 刘俊, 闵道长, 等. 黄连属植物 DNA 条形码研究 [J]. 江西农业大学学报, 2017, 39(6): 1089-1095.
- [26] 中华人民共和国农业农村部. 植物品种鉴定 DNA 分子标记法总则: NY/T 2594—2016 [S/OL]. (2016-05-23) [2024-05-29]. <https://std.samr.gov.cn/hb/search/stdHBDetailed?id=A9BDB521ADCEC449E05397BE0A0A5352>.
- [27] 王富强. 葡萄 KASP 标记的开发及在种质资源鉴定中的应用 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2021.
- [28] 任海龙, 许东林, 张晶, 等. 菜薹 KASP-SNP 指纹图谱构建及品种鉴定 [J]. 园艺学报, 2023, 50(2): 307-318.
- [29] SEMAGN K, BABU R, HEARNE S, et al. Single Nucleotide Polymorphism Genotyping Using Kompetitive Allele Specific PCR (KASP): Overview of the Technology and Its Application in Crop Improvement [J]. Molecular Breeding, 2014, 33(1): 1-14.
- [30] 刘欣, 程瑞, 徐兵划, 等. 基于 KASP 技术的 SNP 标记用于西瓜品种指纹图谱构建和种子纯度检测 [J]. 江苏农业学报, 2022, 38(5): 1348-1356.
- [31] 李书情. 基于全基因组 SNP 的桂花品种精准鉴定体系的构建及应用 [D]. 郑州: 河南农业大学, 2023.
- [32] LU X F, LIU P F, TU L, et al. Joint-GWAS, Linkage Mapping, and Transcriptome Analysis to Reveal the Genetic Basis of Plant Architecture-Related Traits in Maize [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2024, 25(5): 2694.
- [33] DOSSA E N, SHIMELIS H, SHAYANOWAKO A I T. Genetic Diversity Analysis of Tropical and Sub-Tropical Maize Germplasm for Striga Resistance and Agronomic Traits with SNP Markers [J]. PLoS One, 2024, 19(8): e0306263.
- [34] SARKER M H, HUSSAIN M H, NEIK T X, et al. Screening of Heat Stress-Tolerant Weedy Rice and SNP Identification of Heat-Tolerance-Related Genes [J]. Plant Biotechnology Reports, 2024, 18(5): 659-672.
- [35] HANLON M T, VEJCHASARN P, FONTA J E, et al. Genome Wide Association Analysis of Root Hair Traits in Rice Reveals Novel Genomic Regions Controlling Epidermal Cell Differentiation [J]. BMC Plant Biology, 2023, 23(1): 6.
- [36] XIANG X, LIU S H, HE Y W, et al. Genome Wide Association Study Reveals New Genes for Resistance to Striped Stem Borer in Rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1466857.

责任编辑 张枸

