



中华人民共和国国家标准

GB/T 38551—2020

植物品种鉴定 MNP 标记法

Identification of plant varieties—MNP marker method

2020-03-06 发布

2020-10-01 实施

国家市场监督管理总局
国家标准化管理委员会 发布

目 次

前言	III
1 范围	1
2 规范性引用文件	1
3 术语和定义	1
4 原理	2
5 试剂或材料	2
6 仪器设备	2
7 测定步骤	2
7.1 操作要求	2
7.2 取样	2
7.3 DNA 提取	2
7.4 多重 PCR 扩增与文库构建	2
7.5 高通量测序	2
7.6 测序数据质量控制	3
8 结果分析	3
8.1 结果计算	3
8.2 结果判定	3
附录 A (规范性附录) MNP 标记引物	5
A.1 水稻 MNP 标记引物	5
A.2 玉米 MNP 标记引物	35
A.3 大豆 MNP 标记引物	63
A.4 棉花 MNP 标记引物	78
A.5 花生 MNP 标记引物	109
A.6 谷子 MNP 标记引物	124
A.7 西瓜 MNP 标记引物	148
A.8 甜瓜 MNP 标记引物	171
A.9 黄瓜 MNP 标记引物	192
A.10 艾草 MNP 标记引物	208
A.11 番茄 MNP 标记引物	218
A.12 辣椒 MNP 标记引物	235
A.13 白菜 MNP 标记引物	260
A.14 龙眼 MNP 标记引物	275
A.15 荔枝 MNP 标记引物	294
A.16 猕猴桃 MNP 标记引物	312

前 言

本标准按照 GB/T 1.1—2009 给出的规则起草。

本标准由中国标准化研究院提出并归口。

本标准起草单位：江汉大学、武汉明了生物科技有限公司、中国标准化研究院、农业农村部科技发展中心、北京工商大学、北京市农林科学院蔬菜研究中心、湖南杂交水稻研究中心、华南农业大学、张家口市农业科学院、深圳华大智造科技有限公司。

本标准主要起草人：彭海、方治伟、李论、马爱进、周俊飞、温常龙、李甜甜、唐浩、陈红、崔野韩、张嘉楠、贾英民、许娜、宋书锋、胡美霞、符习勤、赵治海、梁勇、徐振江、高利芬、陈利红、韩瑞玺、张蝶、张静、余进文。

植物品种鉴定 MNP 标记法

1 范围

本标准规定了植物品种鉴定多核苷酸多态性(MNP)标记法的原理、试剂或材料、仪器设备、测定步骤、结果分析。

本标准适用于水稻(*Oryza sativa* L.)、玉米(*Zea mays* L.)、大豆[*Glycine max* (Linn.) Merr.]、棉花(*Gossypium* spp.)、花生(*Arachis hypogaea* L.)、谷子(*Setaria italica*)、西瓜(*Citrullus lanatus*)、甜瓜(*Cucumis melo* L.)、黄瓜(*Cucumis sativus* L.)、艾草(*Artemisia argyi*)、番茄(*Lycopersicon esculentum* Mill.)、辣椒(*Capsicum annuum* L.)、白菜[*Brassica pekinensis* (Lour.) Rupr.]、龙眼(*Dimocarpus longan* Lour.)、荔枝(*Litchi chinensis* Sonn.)、猕猴桃(*Actinidia Chinensis*)的原始品种鉴定、实质性派生品种鉴定和品种真实性鉴定。其他植物品种鉴定可参考本标准。

2 规范性引用文件

下列文件对于本文件的应用是必不可少的。凡是注日期的引用文件,仅注日期的版本适用于本文件。凡是不注日期的引用文件,其最新版本(包括所有的修改单)适用于本文件。

GB/T 3543.2 农作物种子检验规程 扦样

GB/T 6882 声学 声压法测定噪声源声功率级和声能量级 消声室和半消声室精密法

GB/T 19557.1 植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 总则

NY/T 2594 植物品种鉴定 DNA 分子标记法 总则

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

多核苷酸多态性 multiple nucleotide polymorphism; MNP

在基因组水平上由多个核苷酸引起的序列多态性。

3.2

实质性派生品种 essential derived variety; EDV

由原始品种派生或者由原始品种的实质性派生品种再次派生,且保留了原始品种的基因型或基因型组合产生的基本特性,但与原始品种存在明显差别的品种。

3.3

变异度 degree of variance

异型株(非典型植物)占总观测植株的百分率。

3.4

平均覆盖倍数 average coverage

比对到标记位点上的测序片段数目与标记位点数目的比值。

3.5

检出的标记位点 detected markers

至少有一个等位基因型有 20 条及以上测序片段支持的标记位点。