

# 适于玉米杂交种复杂样品纯度鉴定的 SSR 复合检测方案的建立

施昕晨, 王蕊, 葛建镭, 张云龙, 任洁,  
王璐, 易红梅, 王凤格

(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:** 为了解决玉米复杂样品纯度中存在遗传不稳定及回交株等难以鉴定的问题, 通过分析 3 998 份国家和省级审定玉米品种, 结合快速提取、多重扩增体系等技术, 构建一套适用于复杂样品纯度检测的复合检测方案。分析 53 份不同来源的郑单 958 纯度测试样品, 结果表明, 对于复杂样品使用单个位点进行纯度判定时, 不同位点间结果会有较大差别, 使用 3 个或 3 个以上位点综合判定时能够有效获得准确稳定的纯度检测结果。复合检测方案能够在时间和成本未大幅增加、仅增加少数引物的条件下获得多个 SSR 标记指纹, 使复杂样品得到更加全面、精准解析, 从而为种子生产中复杂样品的质量问题提供解决方案。

**关键词:** 玉米; 杂交种; 复杂样品; 纯度; SSR 标记; 复合检测方案

**中图分类号:** S513.037

**文献标识码:** A

## Identification of the Purity of Complex Samples by SSR Multiplexed Reaction System

SHI Xin-chen, WANG Rui, GE Jian-rong, ZHANG Yun-long, REN Jie,  
WANG Lu, YI Hong-mei, WANG Feng-ge

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

**Abstract:** To address the issue of difficult purity identification in complex maize samples, including genetic instability and backcross plants, a comprehensive detection scheme for purity detection in complex samples was developed. This scheme was constructed by analyzing 3,998 national and provincial approved maize varieties, and incorporating techniques such as rapid extraction and multiple amplification systems. By analyzing 53 samples of maize hybrid Zhengdan958 from different sources, it was found that when using a single locus for purity determination, there were significant differences in results among different loci due to genetic instability. However, when three or more loci were used for comprehensive determination, accurate and stable purity detection results could be obtained. The comprehensive detection scheme allows for the generation of multiple SSR marker fingerprints with minimal increase in time and cost, using only a few additional primers. This enables a more comprehensive and accurate analysis of complex samples, providing solutions for quality issues in seed production involving complex samples.

**Key words:** Maize; Hybrid; Complex sample; Purity; SSR marker; Multiplexed reaction system

玉米是我国第一大粮食作物, 纯度是玉米种子主要的质量指标之一。在我国玉米生产中, 每年因

种子纯度低而导致的经济损失十分惊人, 每 1% 的种子纯度差值, 会直接导致玉米产量差 3.7% ~ 5.0%<sup>[1,2]</sup>。因此玉米种子的纯度鉴定就变得愈发重要。目前, 纯度鉴定主要采用形态学鉴定、蛋白电泳分析法和分子标记鉴定法。SSR 标记作为目前应用广泛的纯度鉴定技术, 在玉米杂交种的纯度鉴定方面具有可靠性强、重复性高、多态性丰富等优点<sup>[3~9]</sup>。

在使用 SSR 标记鉴定杂交种纯度时, 主要目的

录用日期: 2022-08-11

作者简介: 施昕晨(1998-), 山西临汾人, 主要从事玉米分子鉴定工作。E-mail: doulr@outlook.com

王蕊为并列第一作者。

王凤格为本文通信作者。E-mail: gege0106@163.com

是检测异常个体。异常个体主要包含自交株、异交株与混杂株3种类型<sup>[10]</sup>,对于仅包含这3种异常个体的样品统称为简单样品。为了高效区分此类样品中存在的异常个体,通常筛选1~2个表现为双亲互补带型的位点进行鉴定<sup>[11]</sup>。在实际纯度鉴定中样品的纯度情况更加复杂,此类样品简称为复杂样品。在《主要农作物品种真实性和纯度SSR分子标记检测—玉米》(GB/T 39914-2021)中明确,鉴定时样品在个别位点存在严重遗传不稳定现象可将其剔除,若样品在多个位点存在严重遗传不稳定现象可终止纯度测定。因此遗传不稳定现象是导致样品复杂难以鉴定的重要原因之一,遗传不稳定产生的主要原因是亲本的基因在某位点不纯合,导致其子代在该位点出现基因分离<sup>[12]</sup>。这种现象在各类作物中均有发现<sup>[13-16]</sup>。在鉴定复杂样品时回交株也较为常见<sup>[17]</sup>,回交株在田间表现为长势比亲本株好但弱于子代,在SSR指纹中表现为既有纯合位点、又有杂合位点的情况<sup>[18]</sup>,导致使用少量位点难以准确鉴定,所以回交株也是导致复杂样品难以鉴定的原因之一。

为了解决复杂样品难以做出准确、统一判断的问题,本研究通过分析3 998份国家和省级审定玉米品种,筛选出具有杂合率高且可以进行组合的SSR标记纯度核心位点,结合快速提取、多重扩增体系等技术<sup>[19]</sup>,构建一套适用于复杂样品纯度检测的复合检测方案,为使用SSR标记进行复杂样品纯度鉴定提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

选用53份不同来源的郑单958纯度测试样品及制种亲本进行纯度结果分析。

### 1.2 DNA提取

对纯度测试样品及制种亲本采用单粒种子快速提取方法<sup>[20]</sup>提取DNA。

### 1.3 SSR标记筛选

利用3 998份国家和省级审定玉米品种SSR指纹库<sup>[21]</sup>筛选确定复杂样品纯度检测SSR标记。

### 1.4 PCR体系与程序

对纯度测试样品及制种亲本进行多重PCR扩增。

反应体系:DNA模板2  $\mu\text{L}$ 、引物0.25  $\mu\text{mol/L}$ 、2 $\times$  Taq Plus Master Mix 10  $\mu\text{L}$ ,总体积20  $\mu\text{L}$ 。

多重反应程序:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性5 min;95 $^{\circ}\text{C}$ 变性40 s,60 $^{\circ}\text{C}$ 退火35 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸45 s,共进行30个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸10 min,4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。

### 1.5 毛细管电泳检测

取扩增产物2  $\mu\text{L}$ 加入9.9  $\mu\text{L}$ 去离子甲酰胺与0.1  $\mu\text{L}$ 分子量内标后变性,在ABI3730 XL DNA分析仪上进行荧光毛细管电泳检测。

### 1.6 数据收集

采用Date Collection软件收集原始数据。使用SSR Analyser分析软件(软件登记号:2015SR161217)进行SSR指纹采集<sup>[22]</sup>。

### 1.7 数据分析

位点杂合率计算方法:位点杂合率=杂合位点数/分析位点数 $\times 100\%$ 。

复杂样品纯度鉴定阈值评估:在入选的位点中,分别使用2~5个位点对53份待测样品进行纯度鉴定并统计结果,其中,随机抽取5次2、3、4个位点的组合且组合方式不重复,5对引物只有1种组合方式,再分别进行纯度鉴定,计算出2~5个位点的纯度鉴定结果的平均值。

使用SPSS对多位点鉴定结果进行显著性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 纯度位点筛选及复合检测方案的建立

分析3 998份国家和省级审定玉米品种SSR核心位点的位点杂合率与基因型数量,综合选择位点杂合率高且基因型数量多的位点。位点杂合率越高,说明在此位点的杂交种双亲互补比率越高,用于纯度鉴定的可能性越高;基因型数量越多,位点区分异形株的能力越强。综合考虑位点多态性、双亲互补率、引物片段大小及颜色 and 多重组合扩增的情况,筛选出10个位点以构建10重复合检测方案(表1),其中P17、P20位点因鉴定自交株能力较强入选。

使用复合检测方案对供试材料进行扩增获得指纹数据,扩增结果见图1。其中,P01、P03、P05、P08、P09、P11、P13、P17这8个位点具有双亲互补特征,利于进行杂交种的纯度判定暂时保留;P16和P20位点上表现为单带,不利于判定自交株,因此剔除此类位点。

观察图1中位点的峰型发现以下3种位点特征:P03等位点的双峰表现为峰高比值约为1:1的等高峰,峰形直观不易产生误判,是进行纯度鉴定的理想位点;P09等位点的双峰表现为峰高差距略大的高低峰,易造成数据错误读取从而影响到纯度的鉴定,可作为纯度鉴定的备选位点;P05位点上存在连续增高的连续峰,此现象是由于Taq酶在模板链上滑动造成的,连续峰的峰值累加后与单峰比值约为1:1,因此也可作为纯度鉴定的备选位点;P16位

点为N+1峰并非双峰,表现为同一等位基因位置出现相差1 bp的2个峰,是由于Taq酶在非模板扩增片段3'端自动加1个腺苷酸引起的,所以在数据采集时需要甄别并且在读取时需统一读左峰或右峰。

表 1 位点杂合率及基因型统计表  
Table 1 Statistical table of locus heterozygosity rate and genotypes

| 位 点   | 杂合率(%)         | 基因型数(个)       | 等位基因数(个)   | 位 点   | 杂合率(%)         | 基因型数(个)       | 等位基因数(个)   |
|-------|----------------|---------------|------------|-------|----------------|---------------|------------|
| Locus | Heterozygosity | Genotypes No. | Allele No. | Locus | Heterozygosity | Genotypes No. | Allele No. |
| P01   | 81             | 160           | 26         | P11   | 92             | 253           | 33         |
| P03   | 84             | 202           | 29         | P13   | 79             | 133           | 22         |
| P05   | 72             | 220           | 30         | P16   | 51             | 36            | 11         |
| P08   | 79             | 145           | 25         | P17   | 67             | 9             | 4          |
| P09   | 76             | 166           | 32         | P20   | 74             | 50            | 13         |

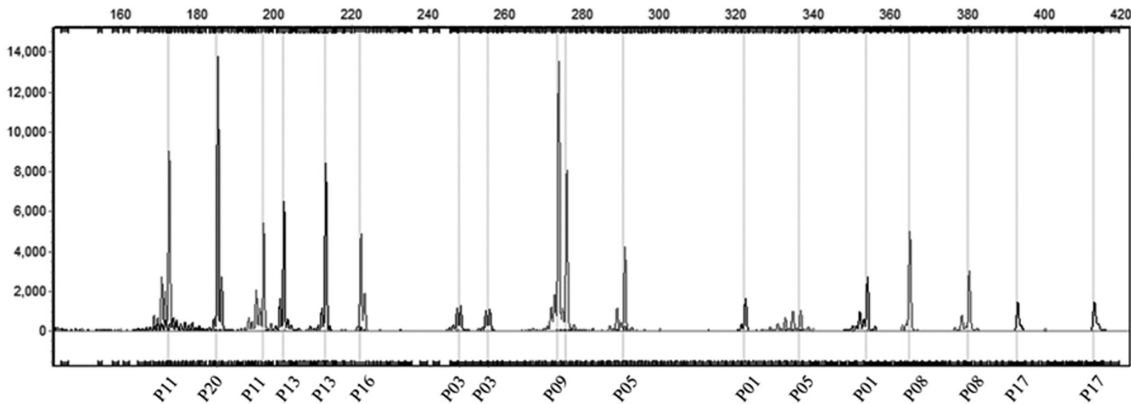


图1 复合检测方案扩增结果图  
Fig.1 Composite detection protocol amplification result plot

2.2 严重遗传不稳定和随机突变

表 2 单个位点统计表  
Table 2 Statistical table of single locus

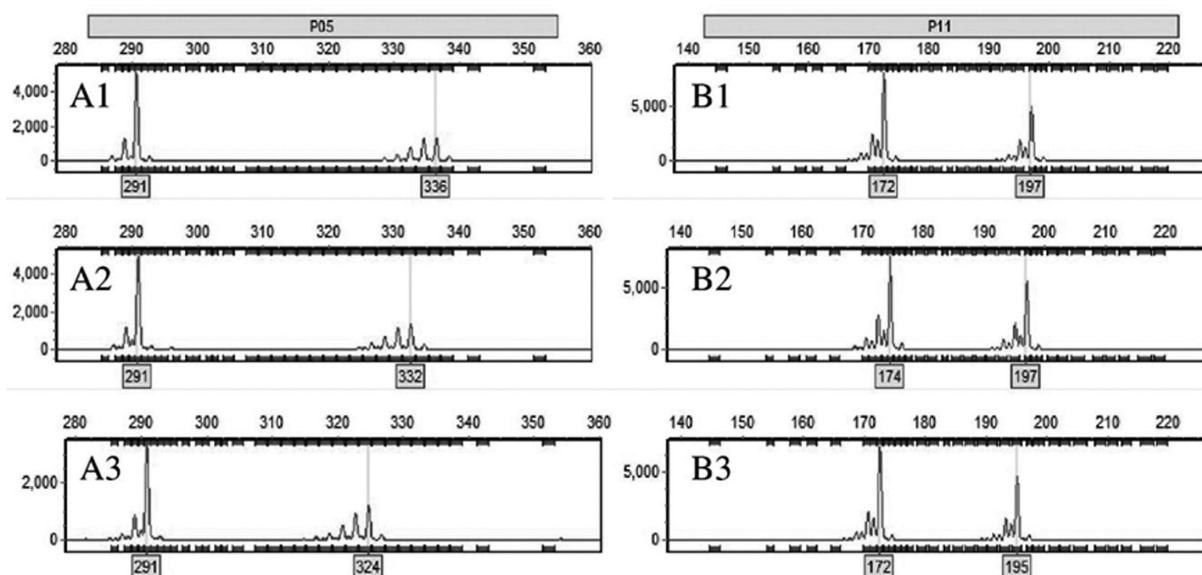
| 位 点   | 制种亲本基因型                                                      | 预期基因型                        | 突变基因型                      | 正常个体占比                                     | 杂合异常个体占比(%)                                           | 纯合个体占比(%)                                         |
|-------|--------------------------------------------------------------|------------------------------|----------------------------|--------------------------------------------|-------------------------------------------------------|---------------------------------------------------|
| Locus | (bp)<br>Parental genotype at seed<br>production              | (bp)<br>Expected<br>genotype | (bp)<br>Mutant<br>genotype | (%)<br>Percentage of<br>normal individuals | Percentage of<br>heterozygous abnormal<br>individuals | Percentage of<br>purely congenital<br>individuals |
| P03   | 父本:248/248<br>母本:254/254                                     | 248/256                      | 248/254                    | 92.67                                      | 4.58                                                  | 2.75                                              |
| P05   | 父本:336/336、336/338、332/332、<br>334/336、332/336<br>母本:291/291 | 291/336                      | 289/336<br>293/336         | 81.80                                      | 13.42                                                 | 4.79                                              |
| P08   | 父本:380/380<br>母本:364/364                                     | 364/380                      | 364/378                    | 93.15                                      | 3.55                                                  | 3.31                                              |
| P09   | 父本:275/275<br>母本:273/273                                     | 273/275                      | 273/278                    | 90.81                                      | 7.58                                                  | 1.61                                              |
| P11   | 父本:197/197、195/197<br>母本:172/172                             | 172/197                      | 172/199<br>170/197         | 88.80                                      | 8.71                                                  | 2.49                                              |
| P13   | 父本:202/202<br>母本:213/213                                     | 202/213                      | 204/213                    | 90.98                                      | 6.60                                                  | 2.42                                              |
| 平均值   | /                                                            | /                            | /                          | 89.70                                      | 7.41                                                  | 2.90                                              |

统计扩增指纹数据,在剔除缺失较多的单株及位点后,共筛选出5 214个单株的6个位点进行下一步分析(表2)。根据亲本基因型特征分析,P05位点的父本存在336/336、336/338、332/332、334/336等多种基因型,造成杂交种中存在291/332、291/334、291/336、291/338等多种基因型,符合位点遗传不稳定现象的特征,并且对统计正常个体与杂合异常个体有较大的影响,因此在纯度鉴定时应剔除(图2)。P11位点也存在遗传不稳定现象,但涉及个体较少,因此保留P11位点进一步对纯度判定。

在P08、P11位点上存在与正常个体相差2 bp的等位基因,且与另一亲本基因型一致,推测应为检测标记区域内代际间出现增加或减少1个重复单元的

随机突变现象,在各个位点上都可能发生但发生概率低,故其引起的基因型变化不应计入到杂合异常个体。

利用单个位点进行纯度分析见表2,正常个体占比平均为89.70%,纯合个体占比平均为2.90%。P08位点的正常个体占比最高,P05位点的正常个体占比最低,两者相差11.35个百分点;P05位点的杂合异常个体占比最高,P08位点的杂合异常个体占比最低,两者杂合异常个体比例相差约3倍;P05位点纯合个体占比最高,P09位点的纯合个体占比最低,两者纯合个体比例相差约2倍。因此使用单一位点进行纯度鉴定,受遗传不稳定等因素的影响不同位点间判定结果相差较大。



注:A1是正常个体,基因型为291/336;A2是遗传不稳定个体,基因型为291/332;A3是杂合异常个体,基因型为291/324;B1是正常个体,基因型为172/197;B2是突变个体,基因型为174/197;B3是突变个体,基因型为172/195。

Note: A1 is normal individuals, genotype for 291/336; A2 is individual genetic instability, genotype for 291/332; A3 is abnormal hybrid individuals, genotype is 291/324; B1 is normal individuals, genotype for 172/197; B2 is random mutation individual genotypes 174/197; B3 is random mutation individuals, genotype is 172/195.

图2 遗传不稳定与随机突变的特征

Fig.2 The features between genetic instability and random mutation

### 2.3 回交株对纯度鉴定的影响及多位点判定纯度结果

在纯度测试样品单株检测结果中选取100个单株的多位点检测结果作为示例(图3),用来表现出在玉米品种纯度鉴定中可能出现的个体类型。自交株:多个位点均为纯合基因型;杂株:在判定的引物上并非都为杂合异常基因型,可能包括预期基因型、杂合异常基因型、纯合基因型等多种基因型;遗传不稳定:杂合异常个体在同一单株的其他位点上均表现为正常个体且出现的频率较大;回交株:基因型表

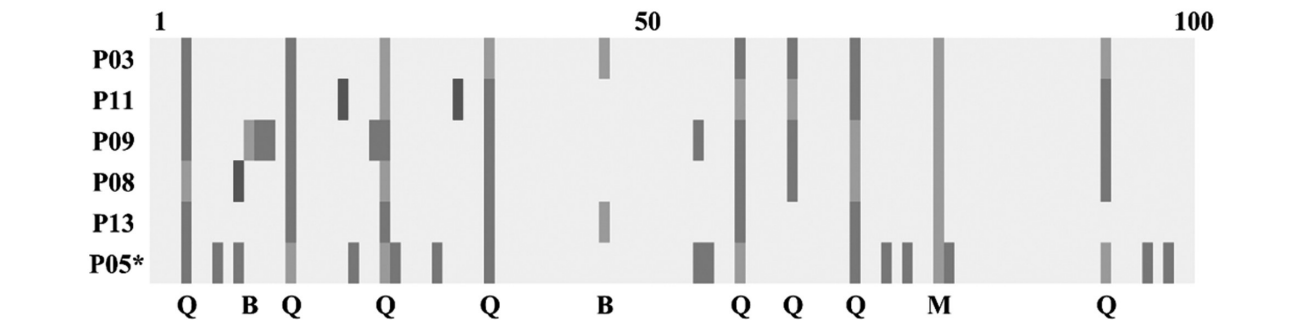
现为正常基因型与纯合基因型的比值接近1:1且不存在其他基因型,属于异常个体;稀有突变:只发生在个别个体的个别位点上的突变,数量少且不影响品种纯度属于正常个体。

回交株在SSR核心位点上表现为正常基因型与纯合基因型的比值约为1:1,且不同回交株的正常基因型或纯合基因型所在的位点并非相同(图3)。但在纯度鉴定时通常选用少量位点进行判定,导致在鉴定时回交株的正常基因型与纯合基因型的数量相差稍大。在使用单个位点鉴定时,受回交株影响

不同位点间纯合个体的判定结果有较大差别。在使用少数位点进行鉴定时个别回交株可能表现为正常株或自交株,从而导致判断错误影响鉴定结果,因此需要利用多个位点进行综合判定才能准确鉴定出回交株。

使用多个位点进行纯度鉴定,统计结果见图4。随着位点数量的增加,正常个体与纯合个体的数量逐渐稳定,无法判定个体与缺失的数量逐渐减少,不同组合方式间杂株数量的误差逐渐减少,遗传不

稳定等现象对纯度鉴定造成的影响逐渐减小。自交株的数量逐渐稳定,回交株现象对纯度鉴定的影响逐渐减少。使用SPSS对鉴定结果进行显著性分析,使用2个位点的鉴定结果与3、4、5个位点的鉴定结果有明显差异( $P=0.05$ ),3、4、5个位点的鉴定结果之间无明显差异。因此,在剔除严重遗传不稳定位点后,使用3个或3个以上位点时能够减少遗传不稳定和自交株等现象对复杂样品纯度鉴定的影响。



注:灰白色代表正常个体;深灰色代表杂合异常个体;浅灰色代表纯合个体;黑色代表突变个体。Q代表此株判定为杂株;M代表此株鉴定为自交株;B代表此株鉴定为回交株;未做标记代表鉴定为正常株。标记“\*”的引物仅作参考不参与鉴定。

Note: Gray represents normal individuals; Dark gray represents abnormal hybrid individuals; Light gray represents inbred individuals; Black represents mutant. Q represents that this plant is judged to be a hybrid plant; M represents this strain identified as an inbred strain; B represents that this strain was identified as a backcross; No marker means that the plant is identified as normal. Primers marked "\*" are just for show not for identification

图3 100个单株纯度鉴定结果

Fig.3 Sample diagram of purity identification results of 100 individuals

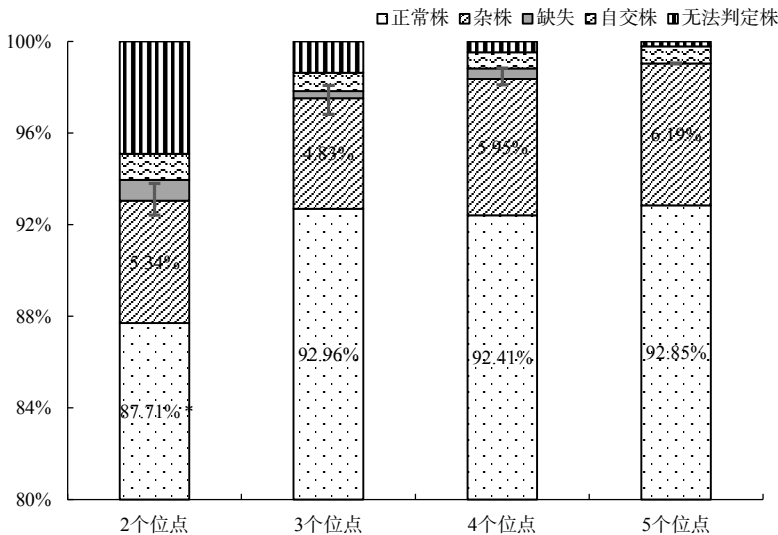


图4 在5 214份郑单958样品中使用不同位点数的纯度鉴定结果比较

Fig.4 Comparison of purity identification results using different threshold in 5 214 individuals

### 3 讨论

#### 3.1 SSR标记进行纯度鉴定的优势

SSR标记与SNP标记相比在纯度鉴定上具有多

个优势<sup>[23]</sup>。在技术方案选择上,通过筛选引物范围不重合的多个引物,即可通过1次复合扩增和电泳,快速获得多个引物的基因型结果。结合使用快速提取方法、多重PCR体系和快速PCR程序等试验环

节,使得虽然选择使用多个SSR标记进行纯度检测,但在时间成本未变、试剂成本仅增加了少数引物的情况下,获得相较于单引物鉴定数据量更多、准确率更高的纯度结果。在位点选择上,SSR标记的多态性高,玉米核心引物的平均等位基因数为18个,更容易获得双亲互补位点。另外,SSR标记能够更加容易鉴别遗传不稳定的位点,因为SSR标记具有高多态性,1个位点可产生几十至几百种基因型,并且杂合基因型占绝大部分,对各类复杂情况更容易得到精准分析。SNP标记仅有2个纯合基因型和1个杂合基因型,统计遗传不稳定的位点难度增加,需要更多的位点数来综合判断。因此,使用不同类型分子标记进行纯度鉴定,与标记特点、检测平台特点密切相关。因此,应根据具体的样品类型、样品规模和基本预期结果进行纯度检测平台和方案的选择<sup>[24]</sup>。当目标仅需要检测自交株或者样品量大时,使用SNP标记检测能够快速得到大量样品的基因型,对于纯合、杂合位点的判断快速准确;当样品情况复杂或样品规模中等时,选择SSR标记检测能够获得更好更稳定的结果<sup>[25,26]</sup>。

### 3.2 建立SSR复合检测方案的意义

在纯度鉴定中对仅包含自交株、异交株、混杂株等情况的简单样品进行鉴定时,仅用1~2个位点即可准确区分出这3种异常个体。但对于包含遗传不稳定、突变、回交苗等多种情况的复杂样品,用单个位点或少数位点进行鉴定时,鉴定为杂合异常个体的比例会大幅增加,对结果准确性影响较大。通过5214份单株样品的大数据结果显示,当使用3个及3个以上的位点综合判断样品纯度时才能够有效减少遗传不稳定等现象的影响,使纯度检测结果趋于稳定以及准确地得出复杂样品的纯度结果,从而判断出纯度降低的具体原因。若在位点不足的情况下进行判定,使用不同位点或在不同实验室甚至不同实验员之间鉴定得出的结果会有较大的误差<sup>[27]</sup>。因此,建立标准的纯度鉴定规范能够有效提升使用分子标记鉴定纯度结果的一致性,并获得更加全面、精准的品种纯度个体特征信息,进一步为种子生产中遇到的复杂质量问题分析产生原因、提供解决方案<sup>[28,29]</sup>。

基于本研究发现和SSR标记特点,建立纯度多重检测方案能有效减少位点遗传不稳定对复杂样品纯度结果的鉴定误差,准确区分正常株、杂株、自交株、回交株等多种情况。纯度多重鉴定方案在保证检测通量的前提下,既能获得多个SSR位点分型结果又能有效降低位点遗传不稳定对纯度鉴定结果的

影响,具有通量高、速度快、判定准确、试验结果易整合等优点,并且仅通过3个步骤即可计算样品的纯度结果,使用筛选出的位点对样品进行多重扩增和电泳。分析原始数据剔除遗传不稳定的位点与非双亲互补位点,基于不少于3个位点的指纹数据综合进行判定,若该样品有指纹数据或在指纹库中存在指纹,也可直接筛选双亲互补位点进行扩增,综合筛选出的位点对每个单株进行鉴定。

### 3.3 导致样品纯度情况复杂的原因

遗传不稳定是导致样品纯度情况复杂的重要原因之一,是由于亲本未完全纯合导致子代产生分离的现象即亲本一致性差。亲本一致性差的原因,亲本回交的代数不足,部分位点仍是杂合位点,这种原因导致的一致性差在复杂样品中出现的概率较大,影响的单株较多对纯度判定的影响较大;亲本位点均已纯合但在育种过程中亲本的个别单株在个别位点上发生突变,导致亲本中混有在个别位点上杂合的单株,这种原因导致的一致性差在复杂样品中出现的概率小,影响的单株少,对纯度鉴定的影响小。回交株也是导致样品复杂的原因之一,此类单株是由于在生产结束后为降低成本而回收父本在过程中混杂了部分子代,在单繁时去杂不彻底,从而导致下次生产时父本中混杂的子代与母本回交而产生回交株。

市场上不同的育种企业、使用不同的亲本、采用不同的管理措施都使传统的纯度检测方案面临巨大的挑战。因此,使用固定的、多态性高、分辨力强的一套标记及稳定可靠的复合检测体系可以为复杂样品的纯度需求提供快速有效的检测手段,实现筛检合一的检测目的。可以建立兼容多平台高通量纯度检测方案,将为复杂样品、简单样品等不同检测需求提供更加通用快速的检测方案。

#### 参考文献:

- [1] 任星旭,易红梅,刘丰泽,等.快速多重SSR法在玉米种子纯度鉴定中的分析[J].分子植物育种,2022,20(3):880-886.  
REN X X, YI H M, LIU F Z, et al. Analysis of identification of maize seed purity by rapid multiple SSR[J]. Molecular Plant Breeding, 2022, 20(3): 880-886. (in Chinese)
- [2] 曾国强.纯度对玉米产量的影响程度试验[J].现代农业,2020(3):49.  
ZENG G Q. Effect of purity on maize yield[J]. Modern Agriculture, 2020(3): 49. (in Chinese)
- [3] YANG X, XU Y, SHAH T, et al. Comparison of SSRs and SNPs in assessment of genetic relatedness in maize[J]. Genetica, 2011, 139(8): 1045-1054.
- [4] VAN I D, MELCHINGER A E, LEBRETON C, et al. Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding pro-

- gram assessed with SSR and SNP markers[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 120(7): 1289–1299.
- [5] SINCHAN A, SOUMEN S, ARIJIT B, et al. Application of molecular markers in plant genome analysis: a review[J]. Nucleus, 2017, 60(3): 283–297.
- [6] 沈童伟, 陆徐忠, 刘勋辉, 等. SSR标记鉴定玉米品种真实性及纯度的研究[J]. 安徽农业科学, 2009, 37(19): 8904–8908.
- SHEN T W, LU X Z, LIU X H, et al. Studies on identifying authenticity and purity of corn variety by using SSR markers[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2009, 37(19): 8904–8908. (in Chinese)
- [7] 常宏, 王汉宁, 张金文, 等. 玉米品种真实性和纯度鉴定的SSR标记多重PCR体系优化[J]. 草业学报, 2010, 19(2): 204–211.
- CHANG H, WANG H N, ZHANG J W, et al. Optimization on multiplex PCR amplification system of SSR marker for authenticity and purity identification of maize varieties[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2010, 19(2): 204–211. (in Chinese)
- [8] 王风格, 赵久然, 戴景瑞, 等. 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(1): 95–104.
- WANG F G, ZHAO J R, DAI J R, et al. Uniformity analysis of maize varieties by a set of SSR markers[J]. Molecular Plant Breeding, 2007 (1): 95–104. (in Chinese)
- [9] 李雪, 田红丽, 王风格, 等. SSR和SNP两种标记技术在玉米品种真实性鉴定中的比较分析[J]. 分子植物育种, 2014, 12(5): 1000–1004.
- LI X, TIAN H L, WANG F G, et al. Comparison of SSR and SNP markers in maize varieties genuineness identification[J]. Molecular Plant Breeding, 2014, 12(5): 1000–1004. (in Chinese)
- [10] 尹祥佳, 郝楠, 南铭, 等. SSR分子标记鉴定玉米杂交种纯度的研究及应用综述[J]. 甘肃农业科技, 2018(11): 97–102.
- YIN X J, HAO N, NAN M. Research and Application of SSR molecular markers to identify purity of corn hybrid[J]. Gansu Agricultural Science and Technology, 2018(11): 97–102. (in Chinese)
- [11] 王风格, 易红梅, 赵久然. 玉米纯度分子鉴定标准研制相关问题的探讨[J]. 玉米科学, 2015, 23(4): 48–53.
- WANG F G, YI H M, ZHAO J R. Discussion about the purity of maize standard molecular identification development[J]. Journal of Maize Sciences, 2015, 23(4): 48–53. (in Chinese)
- [12] 王风格, 赵久然. 玉米品种DNA指纹鉴定技术: SSR标记的研究与应用[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2011.
- [13] 王风格, 赵久然, 王璐, 等. 适于玉米杂交种纯度鉴定的SSR核心引物的确定[J]. 农业生物技术学报, 2007(6): 964–969.
- WANG F G, ZHAO J R, WANG L, et al. Determination of SSR core primers for maize hybrid purity identification[J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2007(6): 964–969. (in Chinese)
- [14] 刘国栋, 王芙蓉, 宫永超, 等. 棉花品种遗传纯度的SSR分子标记鉴定技术研究[J]. 棉花学报, 2013, 25(5): 382–387.
- LIU G D, WANG F R, GONG Y C, et al. A new method for identification of the genetic purity of cotton varieties by SSR markers[J]. Cotton Science, 2013, 25(5): 382–387. (in Chinese)
- [15] 刘丽华, 庞斌双, 刘阳娜, 等. 利用SSR标记正确判断小麦杂交种中的杂株[J]. 科技导报, 2015, 33(16): 39–45.
- LIU L H, PANG B S, LIU Y N, et al. Correct judgment method of contaminated plants in hybrid wheat using SSR markers[J]. Science & Technology Review, 2015, 33(16): 39–45. (in Chinese)
- [16] 王立新, 季伟, 李宏博, 等. 以DNA位点纯合率评价小麦品种的一致性和稳定性[J]. 作物学报, 2009, 35(12): 2197–2204.
- WANG L X, JI W, LI H B, et al. Evaluating uniformity and stability of wheat cultivars based on ratio of homozygous DNA locus[J]. Acta Agronomica Sinica, 2009, 35(12): 2197–2204. (in Chinese)
- [17] 颜群. 浅谈如何提高玉米杂交制种的产量和质量[J]. 现代农业, 2014(6): 50–51.
- YAN Q. How to improve the yield and quality of maize hybrid seed production[J]. Modern Agriculture, 2014(6): 50–51. (in Chinese)
- [18] 王培育, 郑世仲, 叶炜, 等. 铁皮石斛与金钗石斛杂交及回交后代的SSR鉴定[J]. 亚热带农业研究, 2019, 15(4): 251–256.
- WANG P Y, ZHENG S Z, YE W, et al. Identification of (*Dendrobium catenatum* × *D. nobile*)  $F_1$  hybrids and their backcross progenies by SSR markers[J]. Subtropical Agriculture Research, 2019, 15(4): 251–256. (in Chinese)
- [19] 王风格, 赵久然, 余花娣, 等. 中国玉米新品种DNA指纹库建立系列研究 III. 多重PCR技术在玉米SSR引物扩增中的应用[J]. 玉米科学, 2003(4): 3–6.
- WANG F G, ZHAO J R, SHE H D, et al. Series of research on establishing DNA fingerprinting database of Chinese new maize cultivars III. Multiplex PCR applied in maize SSR amplification[J]. Journal of Maize Sciences, 2003(4): 3–6. (in Chinese)
- [20] 郭景伦, 赵久然, 王风格. 适用于SSR分子标记的玉米单粒种子DNA快速提取新方法[J]. 玉米科学, 2005(2): 16–17.
- GUO J L, ZHAO J R, WANG F G. A new rapid DNA extraction method from maize single dry seed suitable for SSR analysis[J]. Journal of Maize Sciences, 2005(2): 16–17. (in Chinese)
- [21] 王风格, 杨扬, 易红梅, 等. 中国玉米审定品种标准SSR指纹库的构建[J]. 中国农业科学, 2017, 50(1): 1–14.
- WANG F G, YANG Y, YI H M, et al. Construction of an SSR-Based standard fingerprint database for corn variety authorized in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2017, 50(1): 1–14. (in Chinese)
- [22] 王风格, 李欣, 杨扬, 等. 植物品种SSR指纹分析专用软件SSR Analyser的研发[J]. 中国农业科学, 2018, 51(12): 2248–2262.
- WANG F G, LI X, YANG Y, et al. SSR Analyser: A special software suitable for SSR fingerprinting of plant varieties[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2018, 51(12): 2248–2262. (in Chinese)
- [23] 李雪, 田红丽, 王风格, 等. SSR和SNP两种标记技术在玉米品种真实性鉴定中的比较分析[J]. 分子植物育种, 2014, 12(5): 1000–1004.
- LI X, TIAN H L, WANG F G, et al. Comparison of SSR and SNP markers in maize varieties genuineness identification[J]. Molecular Plant Breeding, 2014, 12(5): 1000–1004. (in Chinese)
- [24] 刘子记, 曹振木, 杨衍. 应用分子标记检测作物杂交种纯度研究现状及比较分析[J]. 长江蔬菜, 2013(12): 10–15.
- LIU Z J, CAO Z M, YANG Y. Research progress and comparative analysis on purity identification of crop hybrids by using molecular marker technology[J]. Journal of Changjiang Vegetables, 2013(12): 10–15. (in Chinese)
- [25] 匡猛, 王延琴, 周大云, 等. 基于单拷贝SNP标记的棉花杂交

- 种纯度高通量检测技术[J]. 棉花学报, 2016, 28(3): 227-233.
- KUANG M, WANG Y Q, ZHOU D Y, et al. High-throughput genotyping assay technology for cotton hybrid purity based on Single-copies SNP markers[J]. Cotton Science, 2016, 28(3): 227-233. (in Chinese)
- [26] 尹祥佳, 李 晶, 王雅琳, 等. 基于SNP分子标记的玉米杂交种基因型分析与纯度鉴定[J]. 现代农业研究, 2021, 27(6): 102-104.
- YIN X J, LI J, WANG Y L, et al. The genotype analysis and purity identification by SNP markers in maize(*Zea mays* L.) Hybrids[J]. Modern Agriculture Research, 2021, 27(6): 102-104. (in Chinese)
- [27] 白占兵, 李雪峰, 谭新跃, 等. 辣椒杂交种纯度快速鉴定体系建立与应用分析[J]. 中国农学通报, 2012, 28(16): 277-281.
- BAI Z B, LI X F, TAN X Y, et al. Rapid identification of hybrid pepper purity establishment and application system[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2012, 28(16): 277-281. (in Chinese)
- [28] 张爽爽, 张 悦, 王健鹏, 等. ‘吉椒15号’和‘吉椒16号’辣椒种子纯度SSR分子标记鉴定体系的初步建立[J]. 辣椒杂志, 2020, 18(2): 18-21.
- ZHANG S S, ZHANG Y, WANG J L, et al. Preliminary establishment of seed purity identification system for pepper varieties ‘Jilin pepper15’ and ‘Jilin pepper16’ using SSR markers[J]. Journal of China Capsicum, 2020, 18(2): 18-21. (in Chinese)
- [29] 姚艳梅. 甘蓝型油菜青杂7号实验室快速纯度鉴定技术体系的建立[J]. 青海大学学报(自然科学版), 2015, 33(3): 32-35.
- YAO Y M. Construction of seed purity inspection technology system of rapeseed hybrid (*Brassica napus* L.) Qingza No.7[J]. Journal of Qinghai University, 2015, 33(3): 32-35. (in Chinese)
- (责任编辑: 朴红梅)

(上接第73页)

- [34] ZHANG P P, WANG H, QIN X E, et al. Genome-wide identification, phylogeny and expression analysis of the PME and PME1 gene families in maize[J]. Scientific Reports, 2019, 9(1): 19918.
- [35] 陈晶晶, 胡玉林, 胡会刚, 等. 植物矮化相关基因的研究进展[J]. 广东农业科学, 2014, 41(15): 126-132.
- CHEN J J, HU Y L, HU H G, et al. Research advances on dwarfing genes in plants[J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2014, 41(15): 126-132. (in Chinese)
- [36] WORMIT A, USADEL B. The multifaceted role of pectin methyl-esterase inhibitors(PMEIs)[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2018, 19(10): 2878.
- [37] HANDFORD M G, SICILIA F, BRANDIZZI F. et al. Arabidopsis thaliana expresses multiple Golgi-localised nucleotide-sugar transporters related to GONST1[J]. Molecular Genetics and Genomics, 2004, 272(4): 397-410.
- [38] SECHET J, HTWE S, URBANOWICZ B, et al. Suppression of arabidopsis *GGLT1* affects growth by reducing the L-galactose content and borate cross-linking of rhamnogalacturonan-II[J]. Plant Journal, 2018, 96(5): 1036-1050.
- (责任编辑: 朴红梅)