植物遗传资源学报
Journal of Plant Genetic Resources DOI：10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001

基于 SNP 构建芋种质资源的分子身份证

王直新，孙亚林，王海宁，王　莹，黄新芳，李　峰，刘玉平，匡　晶，柯卫东，朱红莲
（武汉市农业科学院蔬菜研究所，武汉 430207）

摘要：芋（*Colocasia esculenta* (L.) Schott）是世界第五大根茎类作物，其种质资源以地方品种为主。由于不同地区间引种频繁，以及长期依赖球茎进行无性繁殖，芋品种类型多且存在大量表型相似的材料。仅依赖表型性状鉴定已难以满足准确鉴别和高效管理的需求。为提升芋种质资源管理的精准度与数字化水平，基于前期重测序数据开发了覆盖全基因组的 695 对特异性引物。利用该引物体系对 193 份芋种质资源进行靶向测序，共检测到 2317 个高可信度 SNP 位点。基于遗传聚类分析，这些材料被清晰地划分为 6 个类群。计算样品间 SNP 差异位点所反映的遗传相似度，结果显示 79.57%的样品对集中在 0.45~0.65 区间；同时发现 8 个样品对的遗传相似度高达 98%以上，可能为同物异名或遗传背景高度相近的材料。此外，还进一步筛选出 17 个核心 SNP 位点，构建了芋种质资源的分子指纹图谱，并结合其地理来源和品种类型信息，建立了每份材料唯一的分子身份证。本研究建立的方法体系，为芋种质资源的精准区分、鉴定及基因型数据的数字化管理提供了有力的技术支撑，对种质资源的保护和高效利用具有重要的理论意义和应用价值。

关键词：芋；单核苷酸多态性；多重PCR；靶向测序；指纹图谱

Construction of Molecular ID in Taro Germplasm Using SNP Markers

WANG Zhixin, SUN Yalin, WANG Haining, WANG Ying, HUANG Xinfang, LI Feng, LIU Yuping, KUANG Jing, KE Weidong, ZHU Honglian
（*Institute of Vegetables, Wuhan Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430207*）

Abstract: Taro [*Colocasia esculenta* (L.) Schott] is the fifth most important cultivated tuber crop in the world. Its germplasm resources consist predominantly of local landraces, which are frequently exchanged across regions and primarily propagated through clonal reproduction via cormels. These practices have resulted in high degree of genetic diversity coupled with often minimal morphological differentiation, making it difficult to achieve accurate identification and efficient management using conventional phenotypic descriptors alone. To enhance the precision and efficiency of germplasm management, we developed a molecular system based on genome-wide SNP markers. A total of 695 primer pairs covering the entire genome were designed from previous resequencing data to enable targeted resequencing. Using the primer set, 2,317 high-confidence SNPs were identified across 193 taro germplasm accessions. Genetic clustering analysis resolved these 193 accessions into six distinct clusters. Pairwise comparisons of SNP differences revealed that 79.57% of accession pairs exhibited genetic similarity values between 0.45 and 0.65, whereas eight pairs exhibited very high similarity (>98%), suggesting the presence of putative duplicates or materials with highly similar genetic backgrounds. Furthermore, a core set of 17 informative SNP markers was selected to generate molecular fingerprints for all 193 accessions. These fingerprints, integrated with geographical origin and varietal type, formed the basis of individual molecular IDs. This study demonstrates a robust and efficient approach for the accurate discrimination, precise identification, and digital management of taro germplasm, offering significant theoretical insights and practical applications for its conservation and utilization.

Key words: *Colocasia esculenta*; SNP; multiplex PCR; target-sequencing; DNA fingerprint

芋[*Colocasia esculenta* (L.) Schott]，又名芋艿、芋头、毛芋等，是天南星科芋属多年生湿生草本植物。芋头是世界上最古老的球茎栽培作物之一，栽培历史超过 28000 年[1]。芋起源于中国、印度及马来半岛等热带沼泽地区，目前广泛种植于非洲、亚洲、太平洋岛屿、加勒比海等热带和亚热带地区，是仅次于马铃薯、木薯、甘薯和山药的全球第五大根茎类作物[2]。

收稿日期：2025-10-15　　**网络出版日期：**2025-12-19
URL：https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001
第一作者研究方向为水生蔬菜种质资源与育种利用，E-mail: watc1989@163.com
通信作者：朱红莲，研究方向为水生蔬菜种质资源与育种利用，E-mail: zhuhonglian2014@163.com
基金项目：国家现代农业产业技术体系（CARS-24）；国家园艺种质资源库（NHGRC）
Foundation projects：National Modern Agricultural Industry Technology System (CARS-24); National Horticultural Germplasm Resource Center (NHGRC)

芋在我国栽培历史悠久，种植区域广泛，种质资源十分丰富。园艺学上，球茎用芋主要分为魁芋、多子芋和多头芋等类型[3]。芋主要通过球茎进行无性繁殖，种质资源中普遍存在“同名异物”和“同物异名”现象。此外，受环境因素制约，仅凭表型性状观察难以完全区分不同品种。相比而言，分子标记技术不受环境影响和季节限制，在品种鉴定中表现出重复性高、稳定性好、检测通量大等优势，可作为表型考察的重要补充。单核苷酸多态性（SNP, single-nucleotide polymorphism）和简单序列重复（SSR, simple sequence repeat）是品种鉴定中广泛应用的两类分子标记。SNP 标记具有基因组上密度高、数量多、分布广、信息量丰富等特点，更适合大规模群体检测[4]。近年来，随着测序成本下降，分子标记从传统的 SSR 转向高通量的 SNP、InDel-SSR 等高分辨率平台，为芋种质资源遗传多样性分析、品种鉴定和优异基因挖掘提供了有力工具。Wu 等[5]基于全基因组重测序数据开发了 PARMS-SNP 标记，构建了 72 份芋种质资源的指纹图谱，并依据遗传结构将其划分为 6 组。Fufa 等[6]基于 DArTseq 开发的全基因 SNP 标记，对尼日利亚的 92 份芋的气候适应性进行了关联分析，鉴定出 9 个与环境变量相关的 SNP。Pan 等[7]从全基因重测序数据中筛选 219 个 InDel-SSR 标记，将 121 份芋种质资源分为 3 组，并通过关联分析挖掘到与球茎产量等性状相关的候选基因。

靶向测序（tNGS, targeted next-generation sequencing）是通过多重引物 PCR 扩增或探针杂交捕获等靶向富集技术与高通量测序技术而形成的二代测序技术[8]。其中基于多重引物 PCR 的靶向测序（又称扩增子测序）主要技术原理在于设计多对跨多态性区间的引物进行 PCR 扩增，富集多态性片段并构建文库，随后进行高通量测序获得序列信息，再比对至参考序列以鉴定区间内的 SNP 信息[9]。由于靶向测序具有高效、经济等优势，已广泛应用于多种蔬菜种质资源的品种鉴定和基因组选择等领域[10-12]，但截至目前，尚未出现基于靶向测序构建芋种质资源分子身份证的报道。

本研究以国家水生蔬菜种质资源圃（武汉）保存的 193 份芋地方品种及野生材料为试材，利用从基因组重测序数据筛选出的高多态性 SNP，结合靶向测序技术开展聚类和遗传相似度等分析，进一步筛选核心 SNP 标记绘制芋种质资源的 SNP 指纹图谱，并结合品种类型、地理来源等信息，构建这些种质资源专属的分子身份证。在此基础上，建立标准化的品种鉴定与基因型数据数字化体系，为芋种质资源的精准评价、高效利用及知识产权保护提供技术支撑与科学依据，以期推动芋遗传育种研究，为种质资源的创新应用与权益保障筑牢基础。

1 材料与方法

1.1 芋种质资源的定植与管理

选取的 193 份芋种质资源，按品种类型划分为魁芋 70 份、多头芋 6 份、多子芋 99 份、野芋 18 份（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001，附表 1）。所有材料均保存于国家水生蔬菜种质资源圃（武汉），海拔约 32 m，按行距 60 cm、株距 45 cm 进行隔离种植。

1.2 田间取样与 DNA 提取

每份种质资源取新鲜幼嫩叶片，采用 CTAB 法提取基因组 DNA。采用 NanoDrop 2000（Thermo Scientific, USA）和 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量与浓度，DNA 质检合格后用于后续建库测序。

1.3 靶向测序

基于前期 36 份芋代表性样品的重测序数据（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001，附表 2），筛选多态性高的 SNP 标记，设计开发并筛选 695 对多重 PCR 引物（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001，附表 3），扩增目标 SNP 位点，添加测序接头和样品标签，构建好 193 个样品文库利用 BGI-T7（深圳华大智造科技股份有限公司，中国）平台进行测序，使用 pTrimmer 软件去除扩增引物序列后，采用 bwa 软件将高质量 read 比对至芋参考基因组（https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCA_014218235.1），基于比对结果文件，使用 GATK（4.8.0.0）对样本进行 SNP 变异检测。

1.4 聚类树构建与遗传相似度计算

使用 VCFtools 软件按最小等位基因频率（MAF, minor allele frequency）>0.05 和完整度>0.8 对获得的 SNP 位点进行初步过滤筛选，获得 SNP 标记用于进一步筛选。然后利用 Plink 软件进行连锁不平衡（LD, linkage disequilibrium）过滤。利用 MEGA7.0.14 软件计算材料的遗传距离，构建基于 SNP 的系统发育树。系统发育树采用 NJ（Neighbor-Joining）法，Bootstrap 值设置为 1000，使用 ggtree 完成进化树的可视化。

基于 SNP 标记，根据公式 $LS_{ij}=n_{ij}/N_{ij}$ 计算样品间遗传相似度。式中，LS_{ij} 表示品种 i 与品种 j 间的遗传相似度；n_{ij} 表示品种 i 与品种 j 中均检测到的且基因型相同的 SNP 位点数；N_{ij} 表示品种 i 与品种 j 中均检测到的 SNP 位点数。

1.5 核心 SNP 筛选与分子身份证构建

对获得的 SNP 位点进行初步筛选，要求单个位点在各样品的测序深度不低于 20、基因型缺失比例不超过 20%、最小等位基因频率不低于 5%，且覆盖所有染色体。基础初筛位点，采用贪心算法（即从第 1 个标记开始逐一增加标记，并统计能区分的总样品对数，直至区分样品总对数不再增加）并综合考虑染色体分布和冗余编写程序脚本，筛选能区分所有样品 SNP 作为核心 SNP。基于筛选得到的核心 SNP 位点，使用 VCF2Dis（https://github.com/BGI-shenzhen/VCF2Dis）计算样品间的遗传距离。将各位点碱基 A、T、C、G 依次转换为 1、2、3、4，基因型缺失位点用 0 表示，构建每个品种特异的分子指纹图谱，分别用条码生成器和二维码生成器（http://qr-batch.com/），将指纹图谱信息转化为对应的条码与二维码，以此构建芋种质资源的分子身份证。

2 结果与分析

2.1 SNP 位点初步筛选及靶向测序验证

通过 695 对扩增特异的引物对 193 份芋 DNA 进行超多重 PCR 扩增，PCR 产物富集后连接测序接头构建文库进行测序。将靶向测序数据比对至芋参考基因组，过滤后得到 2317 个 SNP（图 1），各染色体上 SNP 分布密度为 0.53~1.69 个/Mb，标记间最小间隔 0.62 Mb，分布较为均匀。

LG01~LG14 为芋染色体编号

LG01-LG14 are the chromosome numbers of taro

图 1 2317 个 SNP 在染色体上的分布

Fig. 1 The chromosomal distribution of the 2317 SNPs

2.2 聚类树与遗传相似度分析

基于靶向测序的 SNP 分型结果构建聚类树（图 2），193 份芋种质资源可聚类为 6 个类群，其中类群 I 包含 62 份魁芋，类群 II 包括 23 份多子芋，类群 III 包含 5 份魁芋、11 份野芋和 14 份多子芋，类群 IV 包含 5 份多头芋和 23 份多子芋，类群 V 包含 7 份野芋、1 份多子芋、3 份魁芋、1 份多头芋，类群 VI 包含 38 份多子芋。对 6 个类群内种质资源来源地进行分析（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001，附表 1），芋种质资源的聚类与其地理来源无显著相关性。

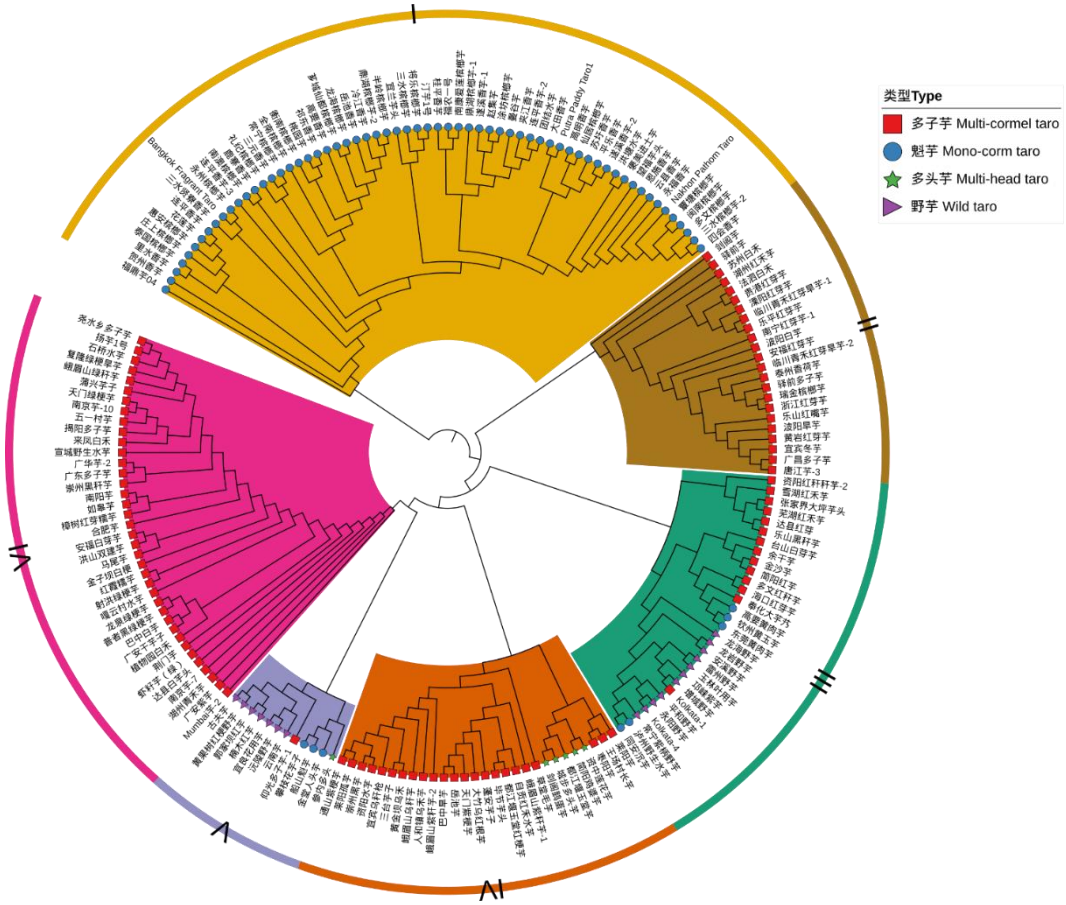
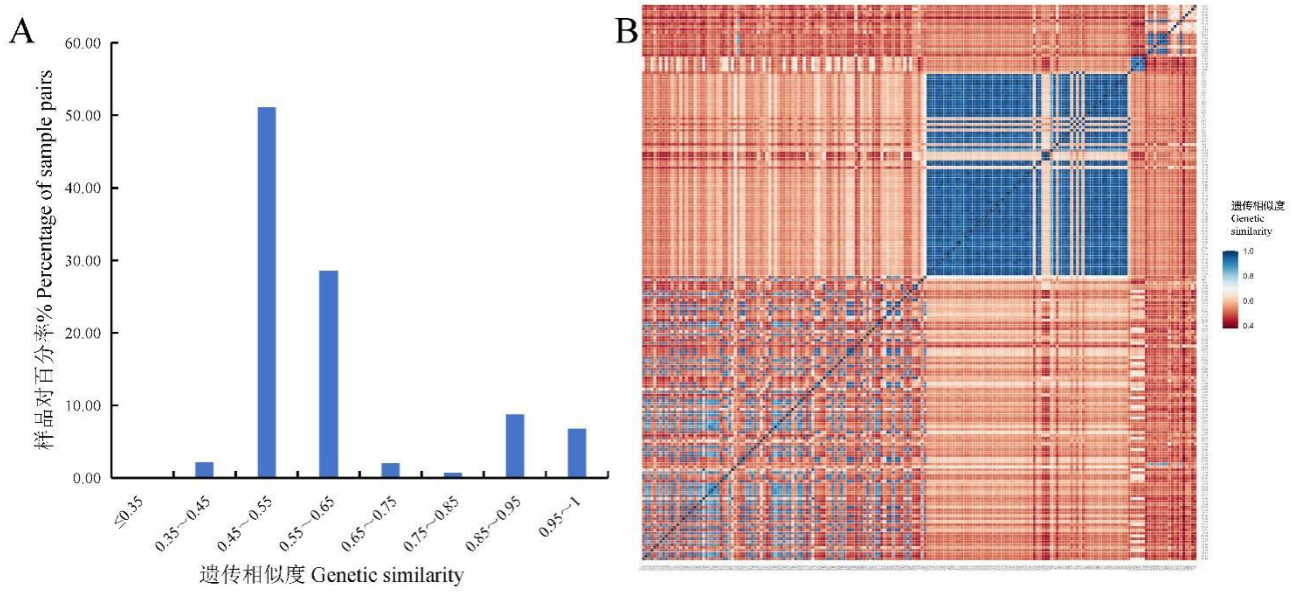


图 2 193 份芋种质资源的聚类树

Fig. 2 Dendrogram of the 193 taro germplasm accessions

两两样品间的遗传相似度结果表明，193 份种质资源间遗传相似度在 0.38~0.99 之间，79%的样品对间的遗传相似度在 0.45~0.65 之间（图 3A）。15.53%样品对的遗传相似度在 0.95 以上，其中 98%是魁芋样品对。遗传相似度在 0.980 以上的样品对共有 8 对，分别是遂溪香芋-1、涂坊槟榔芋、赵集芋两两间，高要黄肉芋与东莞黄肉芋，高要黄肉芋与钦州黄玉芋，龙海槟榔芋与高要香芋，常宁槟榔芋与三元香芋，褒美进士芋与洪塘水芋，其中涉及到 5 组（12 份）魁芋类型资源（图 3B）。



A：193 份芋种质资源两两间遗传相似度百分率分布图；B：193 份芋种质资源两两间遗传相似度热图

A: The percentage distribution plot of pairwise genetic similarity among 193 taro germplasm accessions; B: Heat map of genetic similarity among 193 taro germplasm resources

图 3 193 份芋种质资源两两间遗传相似度

Fig. 3 Pairwise genetic similarity among 193 taro germplasm accessions

2.3 核心 SNP 筛选及种质资源分子身份证构建

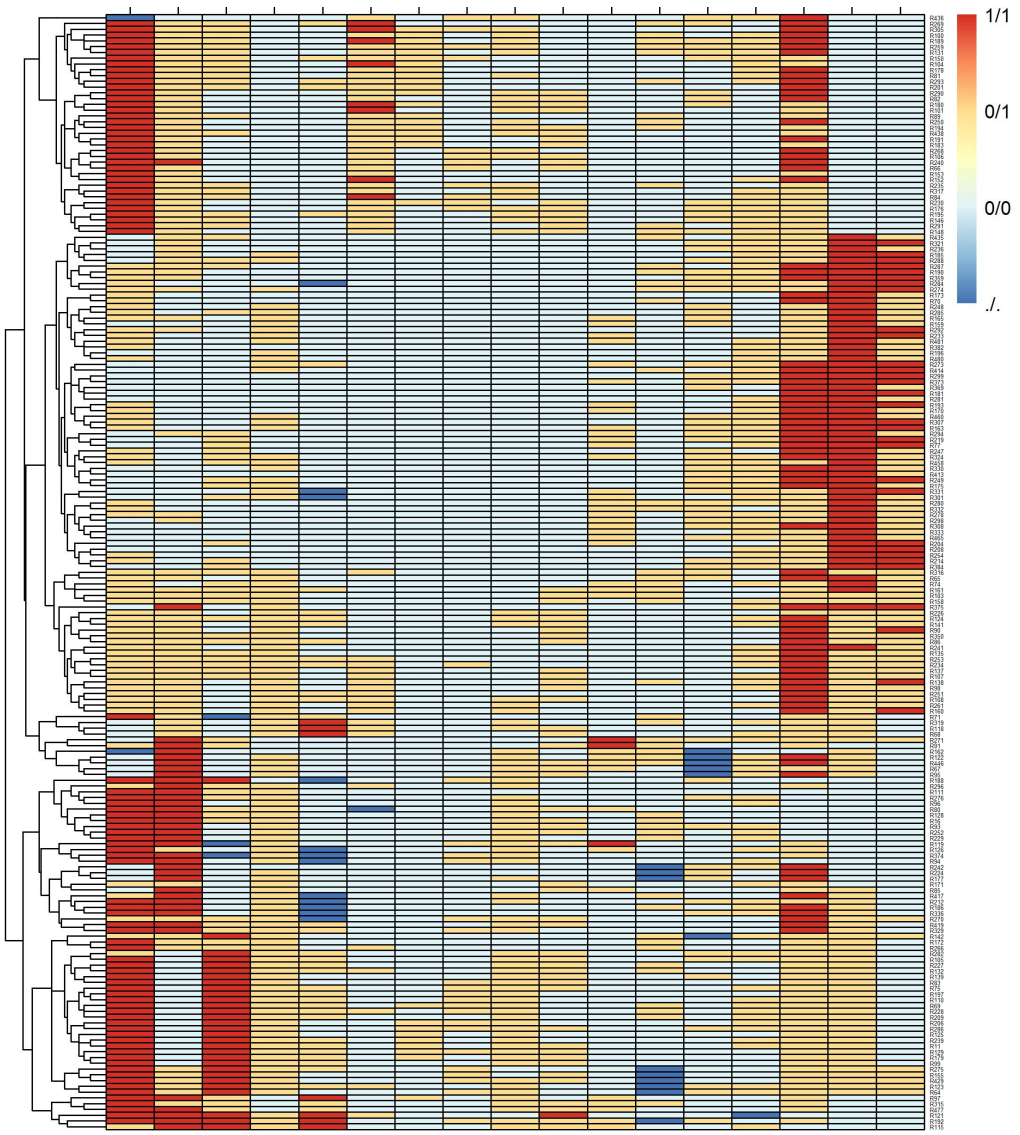
按照贪心算法区分所有样品并兼顾冗余进行标记筛选，获得核心 SNP 位点 17 个，均为中度多态性，多态性信息含量介于 0.1293~0.3750 之间，缺失率在 0~6.22%之间，分布于芋基因组 12 条染色体上（表 1）。根据 17 个核心 SNP 的基因分型结果，构建了 193 份芋种质资源的基因型热图（图 4），可将所有种质资源区分开，两两之间的最小遗传距离为 0.029（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001，附表 4），表明这 17 个 SNP 有较好的区分能力。

表 1 17 个核心 SNP 位点及其详细信息

Table 1 The detailed information of the 17 core SNP loci

序号 No.	SNP 编号 SNP number	染色体 Chromosome	SNP 位置 SNP position	多态性信息含量 PIC	缺失率（%） Missing rate	等位基因 Allele	正向引物序列（5′-3′） Forward primer sequence（5′-3′）	反向引物序列（5′-3′） Reverse primer sequence（5′-3′）	产物长度（bp） Length of product
1	LG01_57418972	LG01	57418972	0.2825	0	T/G	TCACACAAAACACACTTTGCAGAT	AGTGTCCTTAAGGGGGATTTTACC	185
2	LG01_85321461	LG01	85321461	0.3607	1.04	A/G	GTAGACAATATCGATTGGTGACGC	CCGTCACGATTATCTTAAAAGCGA	248
3	LG01_113573577	LG01	113573577	0.2532	3.11	A/C	AAAGGACGCGAAGATTTGCTAAAA	TATGACTCCTTTGACTCGGACAAC	231
4	LG02_45063681	LG02	45063681	0.1293	0	A/G	GGTTGTTGTCAATTCCTTGTAGGG	TTCTTGGTGAGATTTATTGCGCTC	215
5	LG02_122679700	LG02	122679700	0.2128	6.22	C/G	TCTTCTTCCTCTCCTTTGCGG	GAAGAGAACGAAGAGGATCTCGAA	264
6	LG02_189408645	LG02	189408645	0.3440	1.55	A/G	TTTTCAATATACCCCCTTCCTCCC	AGTGAAAAGTTGTTGAAGAGCCTG	247
7	LG03_118417651	LG03	118417651	0.1816	0	T/A	AACGGTCCATGTCTAACATCTCTC	CTCTCTTAGCTATGTCTAGGACGC	208
8	LG04_89598004	LG04	89598004	0.2103	4.66	T/A	TGATTCTGATGTAGGGGGAAACTG	GCTTAACAACACACAACAAAGCAC	186
9	LG06_76043389	LG06	76043389	0.3697	0	C/G	TAACTGCATTCAAACGTCCAAGAC	CATAGACAAGAGGGTCAAAGTGGA	218
10	LG07_47551938	LG07	47551938	0.3266	0.52	T/G	TCAGAGACAGAAATGTGACAGAGG	CGAGGTCAAATTGAGTCAAACCAA	268
11	LG08_26536049	LG08	26536049	0.3750	0	C/T	CTTTGTCCTAGAATGCTGGATTGC	GGATGTTACACTCAGTTGCTCTCT	194
12	LG08_161781387	LG08	161781387	0.1441	0	T/C	TATGTGTAAATTGCAGGTTCTGGC	CCAAGATCCGTCGTGTTCTGA	237
13	LG09_107825404	LG09	107825404	0.3450	0	A/G	TATGCTCCACATCTCATAGCCTTG	TCCAGATTGTTGAACTTTTGAGGC	249
14	LG10_137499099	LG10	137499099	0.3389	0	C/T	GAACTACTTGGAGGATGCCGAATA	CATCATGGCTTGGAGGACAGG	210
15	LG11_49555253	LG11	49555253	0.2442	0.52	C/T	GAGGGGATCAAGGTCTACTCAAAG	AGTTGGAAGAGAGAGGGACTCTTA	259
16	LG12_51047203	LG12	51047203	0.2433	0	T/A	GTCCCACCCGAAGATTCAATACTA	ATTTACACGGACTGTGGTTTGGTA	261
17	LG13_38462567	LG13	38462567	0.3283	0	G/A	AAGCAACCTACGAAGTTCCTGTTA	GAGATCATAGAACCTCCTTGAGGG	217

PIC: Polymorphism information content



横坐标展示 17 个核心 SNP 位点，纵坐标展示 193 份种质资源。深蓝色表示缺失位点（./.）；浅蓝色表示与参考基因型相同（0/0）；黄色表示杂合突变（0/1）；红色表示纯合突变（1/1）

The horizontal axis represents 17 core SNP loci and the longitudinal axis represents193 germplasm resources. Dark blue indicates the missing site (./.); Light blue indicates the same (0/0) as the reference genome; Yellow indicates heterozygous mutation (0/1); Red indicates homozygous mutation (1/1)

图 4 基于核心 SNP 构建的 193 份芋种质基因型热图

Fig. 4 Genotype heatmap of 193 taro accessions constructed based on core SNPs

根据 17 个核心 SNP 位点在 193 个芋种质资源的基因型，将碱基 A、T、C、G 依次转换为 1、2、3 和 4，缺失位点赋值为 0，分别构建每份种质资源特异的分子指纹图谱，进一步将 17 个核心位点在各个种质资源中的基因型转化为 34 位数字的指纹码，并与种质信息编码一同构建品种特异的 37 位分子身份证码。种质信息编码共有 3 位数字，分为 2 个部分：第 1—2 位数字参考 GB/T2260-2007 《中华人民共和国行政区划代码》的前 2 位数字，表示种质资源原产地省份信息，国外资源以 00 表示，其他或不详以 XX 表示；第 3 位为品种类型，1 多子芋，2 表魁芋，3 表多头

芋，4 其他。最终利用每份种质资源的 37 位分子身份证编号，分别制作成如图 5 所示特异的条形码和二维码（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251015001，附图 1）。

图 5 汀芋 1 号的分子身份证

Fig. 5 The molecular ID of Tingyu No. 1

3 讨论

随着分子生物学的飞速发展，SNP 标记已成为农作物品种鉴定和分子育种中的重要工具。SNP 广泛分布于基因组，属于共显性标记，具有重复性好、易于批量检测等优势，因而成为动植物品种鉴定中应用最广泛的分子标记之一[13]。靶向测序是基于多重 PCR 扩增和高通量测序相结合的 SNP 鉴定技术，目前已在白菜[14]、葡萄[15]、菊花[16]等作物上应用。相较于全基因组重测序，靶向测序成本更低，而测序深度、变异检测的灵敏度和准确度均有所提升，产生数据量相对小，分析相对简便，计算资源需求亦较低。芋参考基因组大小约为 2.41 Gb[17]，若采用覆盖 5 倍基因组的重测序技术分析，则需约序 12.05 Gb 数据；而本研究开发的 695 对引物，每个样品测序深度为 200×，仅需约 0.42 Gb 数据，显著降低了测序与分析成本。

目前国家水生蔬菜种质资源圃（武汉）保存芋种质资源份数超过 1000 份，其中约 90%为地方品种。芋为无性繁殖，跨地区间引种频繁，导致种质资源中不可避免出现重复。建立较为完善的品种鉴定技术体系，有助于减少后续资源编目与繁殖保存中的重复工作。表型鉴定高度依赖工作人员经验，且易受环境影响，存在效率低、准确度差的问题。相较于表型鉴定，分子标记在品种鉴定方面具有数量多、分布广泛、多态性高、稳定性好的优势，可作为表型鉴定的有力补充。本研究中，8 个样品对的遗传相似度在 0.98 以上，且全部为魁芋类。对 8 个样品对涉及到的 5 组（12

份）种质资源进行表型性状调查鉴定，未发现组内种质资源在性状上有显著的差异，确认其为重复资源。本研究还发现，瑞金槟榔芋所在聚类树的类群 II 中所有种质均为多子芋；槟榔芋为魁芋类的一种副型，结合表型调查，瑞金槟榔芋确实属于红芽多子芋类型，说明该份种质名称与实际类型不符。

本研究聚类分析显示，地理来源相近的芋种质资源并未聚为同一类群，可能与芋作为无性繁殖器官的食用部位在不同地区间的频繁引种有关[18]。依据张志[3]的分类标准，魁芋可细分为多个副型及品种群，本研究中类群 I 的 62 份魁芋，其球茎均具紫色纤维，对应粗魁芋副型—槟榔芋品种群；类群 III 的 5 份魁芋中，2 份为匍匐茎魁芋副型（母芋粗壮，芋肉纤维呈黄色，子芋呈匍匐状），其余 3 份为特异的黄肉魁芋（芋肉呈黄色，而多数品种芋肉为白色）；类群 V 包含的 3 份魁芋均属于长魁芋副型。类群 II 和 VI 尽管全部为多子芋，但类群 II 主要为红芽多子芋，类群 VI 主要为白芽多子芋[19]；表明分子聚类与表型性状分类大致吻合。多个类群中（II、III、IV、V 和 VI）均包含多子芋，暗示多子芋具有较高的遗传多样性[18]。

分子身份证是在指纹图谱的基础上运用不同的编码方式把图谱或条带数字化，使得种质资源鉴定和检索更加便捷，植物品种分子身份证构建已经在糜黍[20]、小麦[21]、甘蓝型油菜[22]、藜麦[23]、山核桃[24]、板栗[25]等作物中得到广泛应用，但在芋种质资源中尚缺乏相关报道。本研究基于芋全基因组重测序鉴定的 SNP 标记，从筛选的 695 对靶向测序引物中精选出 17 对，绘制了 193 份芋种质资源的分子指纹图谱，并结合其地理来源、品种类型等信息，将其转换成相应的条形码和二维码，构建每份资源唯一的分子身份证。该分子身份证兼容不同扫码设备，识别快捷，可显著降低信息录入和比对的时间成本。未来可将芋分子身份证系统整合进国家水生蔬菜种质资源管理数据库，通过扫描二维码即可快速调取种质资源的基因型、表型及来源地等全方位信息，实现“一码溯源”，从而大幅提升种质资源共享、交换和知识产权保护等工作的效率和准确性。

参考文献

[1] Loy T H, Spriggs M, Wickler S. Direct evidence for human use of plants 28,000 years ago: Starch residues on stone artefacts from the northern Solomon Islands. Antiquity, 1992, 66: 898-912

[2] Matthews P J, Nguyen D V. Taro: Origins and development. In: Smith C ed., Encyclopedia of Global Archaeology. New York, NY: Springer New York, 7237-7240, 2014

[3] 张志. 芋的园艺学分类初探. 中国蔬菜, 1984(1): 30-32, 63

Zhang Z. A preliminary study on the horticultural classification of taro. China Vegetables, 1984(1): 30-32, 63

[4] 甘斌, 田宇豪, 熊兴耀, 胡新喜, 秦玉芝. 单核苷酸多态性(SNP)及其在作物中的研究与应用. 分子植物育种, 2024, 22(9): 2987-2995

Gan B, Tian Y H, Xiong X Y, Hu X X, Qin Y Z. Single nucleotide polymorphism and its research and application in crops. Molecular Plant Breeding, 2024, 22(9): 2987-2995

[5] Wu S H, Chen T X, Li Q, Wang X, Yang J G, Wang D H. Construction of SNP-PARMS fingerprints and analysis of genetic diversity in taro (*Colocasia esculenta*). Horticulturae, 2025, 11(10): 1224

[6] Fufa T W, Menamo T M, Abtew W G, Amadi C O, Oselebe H O. Detection of the local adaptive and genome-wide associated loci in southeast Nigerian taro (*Colocasia esculenta* (L.) Schott) populations. BMC Genomics, 2023, 24(1): 39

[7] Pan R, Zhu Q L, Jia X B, Li B C, Li Z H, Xiao Y, Luo S, Wang S L, Shan N, Sun J Y, Zhou Q H, Huang Y J. Genome-wide development of INDEL-SSRs and association analysis of important agronomic traits of taro (*Colocasia esculenta*) in China. Current Issues in Molecular Biology, 2024, 46(12): 13347-13363

[8] Wei X M, Dai Y, Yu P, Qu N, Lan Z Z, Hong X F, Sun Y, Yang G H, Xie S Q, Shi Q, Zhou H L, Zhu Q, Chu Y X, Yao F X, Wang J M, He J N, Yang Y, Liang Y, Yang Y, Qi M, Yang L, Wang W, Wu H T, Duan J, Shen C, Wang J, Cui L Y, Yi X. Targeted next-generation sequencing as a comprehensive test for patients with and female carriers of DMD/BMD: A multi-population diagnostic study. European Journal of Human Genetics, 2014, 22(1): 110-118

[9] Ballester L Y, Luthra R, Kanagal-Shamanna R, Singh R R. Advances in clinical next-generation sequencing: Target enrichment and sequencing technologies. Expert Review of Molecular Diagnostics, 2016, 16(3): 357-372

[10] Gazendam I, Mojapelo P, Bairu M W. Potato cultivar identification in south Africa using a custom SNP panel. Plants, 2022, 11(12): 1546

[11] 李志远, 于海龙, 方智远, 杨丽梅, 刘玉梅, 庄木, 吕红豪, 张扬勇. 甘蓝SNP标记开发及主要品种的DNA指纹图谱构建. 中国农业科学, 2018, 51(14): 2771-2788

Li Z Y, Yu H L, Fang Z Y, Yang L M, Liu Y M, Zhuang M, Lyu H H, Zhang Y Y. Development of SNP markers in cabbage and construction of DNA fingerprinting of main varieties. Scientia Agricultura Sinica, 2018, 51(14): 2771-2788

[12] 任海龙, 许东林, 张晶, 邹集文, 李光光, 周贤玉, 肖婉钰, 孙艺嘉. 菜薹KASP-SNP指纹图谱构建及品种鉴定. 园艺学报, 2023, 50(2): 307-318

Ren H L, Xu D L, Zhang J, Zou J W, Li G G, Zhou X Y, Xiao W Y, Sun Y J. Establishment of SNP fingerprinting and identification of Chinese flowering cabbage varieties based on KASP genotyping. Acta Horticulturae Sinica, 2023, 50(2): 307-318

[13] 王凤格, 赵久然, 田红丽, 杨扬, 易红梅. 农作物品种DNA指纹库构建研究进展. 分子植物育种, 2015, 13(9): 2118-2126

Wang F G, Zhao J R, Tian H L, Yang Y, Yi H M. The progress of the crop varieties DNA fingerprint database construction. Molecular Plant Breeding, 2015, 13(9): 2118-2126

[14] 胡文浩. 白菜全基因组SNP-Panel的开发及不结球白菜的遗传多样性研究. 武汉: 华中农业大学, 2022

Hu W H. Development of genome-wide SNP Panels in *Brassica rapa* and their application for genetic diversity analysis in non-heading Chinese cabbage. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2022

[15] Liu J H, Wang H, Fan X C, Zhang Y, Sun L, Liu C H, Fang Z W, Zhou J F, Peng H, Jiang J F. Establishment and application of a multiple nucleotide polymorphism molecular identification system for grape cultivars. Scientia Horticulturae, 2024, 325: 112642

[16] Liu Y F, Zhao Q, Li T T, Teng C L, Peng H, Yao Z Z, Fang Z W, Zhou J F, Yang X H, Qiao J X, Mao J, Guan Z Y, Hu Q. Availability evaluation and application of MNP (multiple nucleotide polymorphism) markers in variety identification of chrysanthemum. Horticulturae, 2024, 10(8): 845

[17] Yin J M, Jiang L, Wang L, Han X, Guo W, Li C, Zhou Y, Denton M, Zhang P T. A high-quality genome of taro (*Colocasia esculenta* (L.)

Schott), one of the world′s oldest crops. Molecular Ecology Resources, 2021, 21(1): 68-77

[18] Wang Z X, Sun Y L, Huang X F, Li F, Liu Y P, Zhu H L, Liu Z W, Ke W D. Genetic diversity and population structure of eddoe taro in China using genome-wide SNP markers. PeerJ, 2020, 8: e10485

[19] 黄新芳, 孙亚林, 董红霞, 刘玉平, 柯卫东, 刘义满, 李双梅, 叶元英, 彭静, 李峰, 朱红莲, 黄来春, 李明华, 王芸, 钟兰, 周凯, 刘正位, 匡晶. 芋种质资源颜色性状多样性观察. 中国蔬菜, 2016(3): 31-36

Huang X F, Sun Y L, Dong H X, Liu Y P, Ke W D, Liu Y M, Li S M, Ye Y Y, Peng J, Li F, Zhu H L, Huang L C, Li M H, Wang Y, Zhong L, Zhou K, Liu Z W, Kuang J. Observation on diversity of color characters of taro germplasm resource. China Vegetables, 2016(3): 31-36

[20] 冯智尊, 辛旭霞, 曹越, 郭娟, 王晓丹, 曹晓宁, Santra Dipak K, 陈凌, 乔治军, 王瑞云. 内蒙古糜黍资源 DNA 分子身份证的构建. 植物遗传资源学报, 2025, 26(1): 133-147

Feng Z Z, Xin X X, Cao Y, Guo J, Wang X D, Cao X N, Santra D K, Chen L, Qiao Z J, Wang R Y. Construction of DNA molecular identity card of broomcorn millet resources in Inner Mongolia. Journal of Plant Genetic Resources, 2025, 26(1): 133-147

[21] 李红琴, 刘宝龙, 张波, 张怀刚. 青海省审定小麦品种 SSR 遗传多样性分析及分子身份证的建立. 作物杂志, 2020(3): 60-65

Li H Q, Liu B L, Zhang B, Zhang H G. Analysis of genetic diversity and establishment of molecular ID of the wheat cultivars registered in Qinghai using SSR. Crops, 2020(3): 60-65

[22] 倪西源, 柳寒, 黄吉祥, 石江华, 赵坚义. 利用 InDel 标记构建甘蓝型油菜的分子身份证. 分子植物育种, 2020, 18(14): 4671-4679

Ni X Y, Liu H, Huang J X, Shi J H, Zhao J Y. Molecular identifies establishment for rapeseed (*Brassica napus* L.) accessions using InDel markers. Molecular Plant Breeding, 2020, 18(14): 4671-4679

[23] 刘彬, 赵雨露, 杨鑫雷, 张建恒, 孙鑫博, 刘晓清, 温晓敏, 耿艳楼, 李悦有, 穆国俊, 吕玮. 251 份藜麦种质资源遗传多样性及分子身份证构建. 植物遗传资源学报, 2022, 23(3): 706-721

Liu B, Zhao Y L, Yang X L, Zhang J H, Sun X B, Liu X Q, Wen X M, Geng Y L, Li Y Y, Mu G J, Lyu W. Genetic diversity of 251 germplasm accessions and construction of molecular ID in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(3): 706-721

[24] 张成才, 王亚萍, 王开良, 常君, 任华东, 姚小华. 利用 SSR 构建薄壳山核桃主要品种的分子身份证. 植物遗传资源学报, 2022, 23(6): 1835-1846

Zhang C C, Wang Y P, Wang K L, Chang J, Ren H D, Yao X H. Construction of molecular IDs for major cultivars in pecan (*Carya illinoinensis*) using SSR markers. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(6): 1835-1846

[25] 白晓倩, 陈于, 张仕杰, 赵玉强, 王武, 朱灿灿. 基于表型性状和 SSR 标记的板栗品种遗传多样性分析及分子身份证构建. 植物遗传资源学报, 2022, 23(4): 972-984

Bai X Q, Chen Y, Zhang S J, Zhao Y Q, Wang W, Zhu C C. Genetic diversity analysis and fingerprinting of chestnut varieties based on phenotypic traits and SSR markers. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(4): 972-984