

《谷子品种及其实质性派生品种鉴定 MNP 标记法》 (征求意见稿) 编制说明

江汉大学
农业农村部科技发展中心
华智生物技术有限公司
武汉明了生物科技有限公司

起草单位:	江汉大学
负 责 人:	万人静
联系电话:	15827641187
邮 箱:	rjwan@jhun.edu.cn

2026 年 9 月

《谷子品种及其实质性派生品种鉴定 MNP 标记法》农业农村行业标准（征求意见稿）编制说明

一、工作简况，包括任务来源、制定背景、起草过程等

（一）任务来源

为保障《种子法》实质性派生品种制度的科学实施，为国务院制定实施步骤和办法提供技术支撑，急需制定实质性派生品种（EDV）鉴定技术标准。根据农业农村部农产品质量安全监管司《关于下达 2025 年第二批农业国家和行业标准制修订项目计划的通知》（农质标函〔2025〕96 号），由江汉大学承担《谷子品种及其实质性派生品种鉴定 MNP 标记法》的制定工作，项目编号 NYB-25325，技术归口单位为全国植物新品种测试标准化技术委员会。

谷子（*Setaria italica*）是我国重要的传统杂粮作物，年种植面积约 150 万公顷（约 2000 万亩），总产量约 1000 万吨，生产及消费规模均位居世界首位。然而，谷子品种同质化问题日益突出，当前品种间遗传背景狭窄，给品种测试、市场监管和品种权保护带来较大困难。2026 年 7 月 27 日，农业农村部正式公布第一批农业植物实质性派生品种制度实施目录，谷子被列入实施范围，判定阈值设定为 90%。制定本标准，是保障 EDV 制度在谷子领域有效实施的紧迫需求。

目前，与谷子品种鉴定直接相关的现行标准为 GB/T 38551—2020《植物品种鉴定 MNP 标记法》。该标准适用于包括谷子在内的 16 种植物的原始品种鉴定、实质性派生品种鉴定和品种真实性鉴定，规定了 MNP 标记法的原理、试剂或材料、仪器设备、测定步骤和结果分析，并给出了适用于谷子的 MNP 标记引物。本标准直接采用 GB/T 38551—2020 中适用于谷子的 MNP 标记引物，确保与国家标准在技术路线和核心标记体系上完全一致。在此基础上，本标准针对谷子实质性派生品种鉴定的特殊需求，进一步明确了 EDV 判定阈值（遗传相似度 90%）、结果判定描述及质量控制要求等操作细则，属于 GB/T 38551—

2020 在谷子 EDV 鉴定领域的具体化应用标准。二者在技术内容上协调一致，本标准技术要求不低于 GB/T 38551—2020。

（二）制定背景

1. 立项必要性和依据

谷子又称粟，是我国重要的传统杂粮作物，具有抗旱耐瘠薄、营养丰富、粮饲兼用等特点，是旱作农业的代表性作物。我国保存谷子种质资源28915份，占世界谷子资源总量的70%。截至2026年，谷子新品种登记数量1088个，植物新品种权数量超过754个（数据来源于中国种业大数据平台）。

从品种现状来看，由于谷子具有自花授粉的特性，自然异交率小于0.03%，且具有优良性状的栽培品种遗传背景狭窄，育种工作者在育种时可利用的亲本材料有限，加之传统育种技术仍占主导地位，导致了谷子新品种在外观、品质、抗性等方面趋于同质化。优良品种的培育是一个系统工程，需耗费大量的人力、物力去选育和纯化。目前大多数育种者多选用传统的育种技术，如通过系统选育、杂交、自交等手段开展育种工作，其中系统选育是当前谷子品种权申请中最主要的选育方式。大量品种共用一个亲本，同质化现象越来越严重，这对于品种测试和品种权的保护造成了较大的困难。

2005—2021年全国申请谷子新品种权379件，获得授权75件，授权率仅为19.8%。从申请主体来看，科研单位申请296件，授权59件；公司申请68件，授权15件，科研单位在谷子新品种权申请和授权方面分别占78.1%和78.7%，表明企业育种研发能力较弱，商业化育种体系不健全的局面仍然没有根本改变。当前谷子品种仍以常规种为主，而常规种的选育大量依赖系统选育，从现有品种群体中筛选优良变异单株，经连续多代自交纯化和定向选择形成新品种。这种育种方式本质上是对已有遗传背景的微调，品种间遗传差异有限，加剧了同质化风险。

谷子已列入首批EDV制度实施目录，判定阈值为90%。判定指南将“派生行为”界定为利用自然突变、诱变、系统选育、多次回交、转基因、基因编辑等易产生EDV的育种方法培育新品种的行为。在谷子育种实践中，系统选育作为最主要的选育方式，恰恰是最容易产生EDV的途径之一。从已授权品种中筛选自然变异单株，经多代自交纯化形成新品种——这一过程不涉及新的亲本组

合，新品种的遗传背景高度继承自原始品种，仅因个别性状的变异而与原始品种存在差异。若该新品种与原始品种的遗传相似度达到90%阈值，即触发EDV判定，被控品种一方须自证其品种并非派生自原始品种。然而，当前谷子品种权申请中系统选育品种的原始品种来源信息往往不完整，系谱记录不规范，一旦发生EDV争议，原始品种权人取证难、被控方举证更难的问题十分突出。因此，建立谷子品种及其实质性派生品种鉴定技术标准，已成为强化品种权保护和规范市场秩序的迫切需求。

2. 国家政策依据

党中央、国务院高度重视种业知识产权保护。2021年12月24日，第十三届全国人民代表大会常务委员会第三十二次会议通过修改《种子法》的决定，自2022年3月1日起施行，建立实质性派生品种（EDV）制度，规定其实施步骤和办法由国务院规定。2025年新修订的《植物新品种保护条例》进一步明确了EDV制度以目录形式分步实施的具体安排。

2026年7月27日，农业农村部发布公告第1034号，公布《农业植物实质性派生品种制度实施目录（第一批）》，将水稻、小麦、棉花、油菜、花生、大白菜、辣椒、谷子、蚕豆、桃等10种作物列入EDV制度实施范围，同步配套发布判定指南、判定阈值、鉴定机构条件和专家库。判定指南明确，EDV判定以分子检测为主（优先高通量技术），分作物设定遗传相似度阈值。其中，谷子判定阈值设定为90%，该阈值是基于MNP（多核苷酸多态性）标记法对125份谷子纯系常规品种进行科学分析，并结合产业现状确定。谷子作为首批纳入EDV制度的作物之一，其鉴定技术标准的配套完善是制度有效实施的关键环节。

3. 技术依据

本标准采用MNP标记法。该技术由江汉大学和农业农村部科技发展中心合作原创发明，经多位院士和专家鉴定评价，认为填补了国内外实用、精准、高效的植物品种DNA鉴定技术空白，整体达到国际领先水平。MNP标记法采用多重PCR结合高通量测序技术，单个PCR反应可同时扩增500个以上的MNP标记，扩增效率显著提升；采用高通量测序和计算机软件分析技术，单次可自动检测和分析数百个以上品种、数十万个以上的标记，检测与分析的效率和自动化水平显著提高；每个标记位点的测序数据平均覆盖达到500条序列以上，每条序列

精确到单个碱基，检测结果高度精准，准确率达99.98%以上；检测过程不需要标准样品实物和参照品种实物进行平行实验，检测结果在不同实验室间高度一致，极大方便了DNA指纹在实验室间的共建、共享和共用。

依托该原创技术，已制定国家标准GB/T 38551—2020《植物品种鉴定MNP标记法》，该标准适用于包括谷子在内的16种植物的原始品种鉴定、实质性派生品种鉴定和品种真实性鉴定。但GB/T 38551—2020作为通用性国家标准，主要规定MNP标记法的基础原理和通用操作流程，针对谷子这一具体作物的EDV判定阈值的确定及操作细化仍需进一步制定专项标准。

4.拟解决的主要问题

当前，谷子已列入首批EDV制度实施目录，判定阈值为90%，但品种同质化严重、配套鉴定技术标准缺失，制度实施面临多重挑战：一是品种同质化严重，快速准确鉴定手段缺乏，谷子“同名异物”和“同物异名”现象频发，DUS测试近似品种表型差异不明显，品种权审查与侵权判定缺乏快速准确的技术手段；二是EDV制度配套专项标准缺失，谷子已列入首批EDV制度实施目录，判定阈值为90%，但尚无针对谷子的MNP标记法专项标准，难以为EDV判定提供标准化、可操作的技术依据；三是DNA指纹数据共享机制不健全，检测结果跨实验室可比性不足，制约谷子品种DNA身份证数据库构建和共享共用。

制定本标准的意义在于：制定《谷子品种及其实质性派生品种鉴定 MNP标记法》行业标准，是落实《种子法》EDV制度在谷子领域落地实施的关键技术支撑，可为谷子品种真实性鉴定、实质性派生品种判定、品种权审查、DUS测试近似品种筛选及种子市场执法提供标准化依据，有效遏制“修饰性育种”“模仿性育种”行为，激励原始育种创新，保护育种者合法权益，规范种业市场秩序，同时有助于构建谷子品种DNA身份证数据库，推动检测结果跨实验室共享共用，提升种业知识产权保护水平，促进谷子产业高质量发展，对保障国家粮食安全和旱作农业可持续发展具有重要意义。

5.预期效益

经济效益方面，本标准实施后，可为谷子品种权转让和许可提供快速、准确的技术支撑，促进品种权价值合理评估和有序流转。基于MNP标记法的鉴定

技术检测效率高、成本可控，单次可检测数百个品种，能够显著降低品种鉴定成本，提高育种者和种子企业的运营效率，推动谷子种业商业化进程加快。

社会效益方面，本标准为《种子法》EDV制度在谷子领域的落地实施提供关键技术支撑，可有效遏制“修饰性育种”和“模仿性育种”行为，激励原始育种创新，保护育种者合法权益。标准实施后，可为种子市场执法、品种权纠纷仲裁、DUS测试近似品种筛选等提供统一、权威的技术依据，规范种业市场秩序，维护农民和消费者利益，促进谷子产业健康可持续发展。

生态效益方面，谷子是旱作农业的代表性作物，具有抗旱节水、耐瘠薄的特点。本标准通过强化品种知识产权保护、激励突破性品种培育，有助于推广优质、高产、抗逆性强的谷子品种，促进旱作农业可持续发展，对保障国家粮食安全和农业生态安全具有积极意义。

(三) 起草过程

1.起草阶段

1.1 起草单位

本标准起草单位为：江汉大学，农业农村部科技发展中心，华智生物技术有限公司，武汉明了生物科技有限公司。各起草单位参与人员姓名、职务/职称及任务分工见表1。

表 1 主要起草人员信息及任务分工

序号	姓名	工作单位	职务/职称	任务分工
1	万人静	江汉大学	副教授	标准申请、制定鉴定技术研发方案、起草标准文本
2	张秀杰	农业农村部科技发展中心	处长/正高级农艺师	统筹协调、组织实施
3	梁晋刚	农业农村部科技发展中心	正高级农艺师	标记评价、实验室比对
4	陈向阳	农业农村部科技发展中心	农艺师	方法验证，文本修改
5	荆若男	农业农村部科技发展中心	农艺师	方法验证，文本修改
6	邓伟	农业农村部科技发展中心	农艺师	方法验证，文本修改
7	张凯浙	农业农村部科技发展中心	农艺师	方法验证，文本修改
8	马莹雪	农业农村部科技发展中心	农艺师	技术验证
9	田冰川	华智生物技术有	董事长兼总裁	资料收集与整理、外部验证

序号	姓名	工作单位	职务/职称	任务分工
		限公司		
10	彭海	江汉大学	教授	制定鉴定技术研发方案
11	方治伟	江汉大学	高级实验师	标记评价、数据分析与处理
12	陈莹	华智生物技术有 限公司	首席营销官兼北方销 售事业部总经理	资料收集与整理
13	樊殿峰	华智生物技术有 限公司	实验员	标记评价、实验室比对
14	周俊飞	江汉大学	高级实验师	指纹数据库构建、数据分析
15	张静	武汉明了生物科 技有限公司	正高级实验师	指纹数据库构建、数据分析
16	陈利红	江汉大学	研究员	标记评价、实验室比对
17	李论	江汉大学	副研究员	数据分析
18	高利芬	江汉大学	副研究员	标记评价、实验室比对
19	李甜甜	江汉大学	副研究员	标记评价、指纹数据库构建
20	肖华锋	江汉大学	实验员	标记评价、实验室比对
21	宋会银	江汉大学	副研究员	数据分析
22	朱召禄	江汉大学	讲师	数据分析
23	张娜	江汉大学	副研究员	指纹数据库构建
24	张宝龙	江汉大学	实验师	指纹数据库构建
25	肖紫兰	江汉大学	实验师	指纹数据库构建
26	蔡鹭	江汉大学	实验师	指纹数据库构建
27	张思淼	江汉大学	实验师	指纹数据库构建

1.2 前期准备

起草单位江汉大学联合农业农村部科技发展中心等单位，系统开展了谷子品种 MNP 标记开发与实质性派生品种鉴定技术预研。依托相关种质资源平台，收集了覆盖我国谷子主产区的代表性品种资源，为标记开发和验证提供了材料基础。

2019 年，基于 86 份谷子品种样品进行了 MNP 标记开发，筛选出一批多态性高、稳定性好的核心标记。2025 年，基于 125 份谷子授权品种（纯系常规品种）进行了 EDV 分析和评估，系统验证了遗传相似度阈值，为确定谷子 EDV 判定阈值 90%提供了科学依据。125 份授权品种覆盖了我国谷子主产区的主要品种类型，按品种类型可分为：常规种（如济谷系列、豫谷系列、冀谷系列、中谷系列、公谷系列、龙谷系列、长农系列、长生系列、赤谷系列、衡谷系列等）、特色专用品种（如济糯谷 2 号、赤优红谷等）以及育种中间材料（如 AL2、A2、wpem1、M1508、K1174 等）。按育种来源覆盖了济谷、豫谷、冀谷、中谷、公谷、龙谷、长农、长生、赤谷、衡谷、金苗、华谷、晋汾等主要育种系列，涉及华北夏谷区、东北春谷区、西北春谷区和山西中晚熟区

等生态区，品种类型丰富，遗传背景多样，能够满足 MNP 标记开发和 EDV 阈值验证的代表性要求。样品类型涵盖 DUS 测试品种及近似品种、育种材料和野生材料等，群体覆盖了不同类型的主栽品种、代表新品种选育趋势的测试品种以及不同地域来源的种质资源，实现了品种类型全覆盖。

任务下达后，由江汉大学牵头成立标准起草工作组，确定了起草组成员，由长期从事植物品种 DNA 鉴定技术研究、DUS 测试等相关工作的成员组成，并明确了工作组职责和任务分工，制定了工作原则和详细实施方案。在标准制定过程中，与武汉明了生物科技有限公司、华智生物技术有限公司等单位合作，坚持科研与实践相结合，对谷子品种资源进行收集、性状调查和分子标记分析，经过科学验证、补充和完善，使技术方案规范化和标准化。

在查阅大量文献资料和参考同类作物相关标准的基础上，项目组构建了谷子品种及实质性派生品种鉴定 MNP 标记法的基本框架，设计了试验方案，筛选了核心 MNP 标记组合，进行了实验室间比对验证和结果分析，编写了标准草案，并于 2026 年完成了标准征求意见稿的初步编制。

1.3 技术确定

2019 年 1 月至 6 月，为设计谷子 MNP 标记引物，起草人员选择了种质资源中遗传背景具有较大差异的 86 份谷子品种样品（包括栽培品种和野生/地方品种），将其基因组重测序（测序深度设置为 50 倍）结果与谷子参考基因组（GCF_000263155.2_Setaria_italica_v2.0_genomic.fna.gz）进行比对，采用 Samtools 和 BCFtools 获取谷子全基因组上的 SNP 位点。根据扩增区多态性高、引物区保守、扩增区单拷贝、扩增区包含 2 个及以上的不连续的 SNP 标记、引物退火温度保持一致、分布均匀、标记序列和引物序列之间相互不干扰等标记筛选与引物设计原则，共筛选得到 1147 个候选 MNP 标记位点并设计引物。引物合成后，进行筛选最终得到 800 对引物，其序列见标准中附录 A；2025 年 9 至 12 月，利用 125 份谷子授权品种作为测试样品进行实测，根据实测数据分析所设计引物和标记位点的检出率、非特异性扩增、标记分型重现性等指标。利用开发的 800 对 MNP 引物进行了标记检出率、多态性等评价，实现了对 125 份谷子授权品种的有效区分，并建立了相应的质量控制体系。在此

基础上综合提出了谷子品种和实质性派生品种的判定阈值（遗传相似度90%）。

1.4 技术验证

2026年7月至9月，委托5家单位对标准的可操作性和检测数据的可重现性进行了验证。5家单位分别对5个代表性谷子品种的800个MNP位点进行了技术验证。经验证，该标准草案具备适用性。依据该标准草案规定的DNA提取方法、PCR扩增反应条件、扩增片段检测方法等，可在不同实验室间得出高度一致的品种鉴定和实质性派生品种鉴定结论。

具体而言，验证工作围绕以下环节展开：一是DNA提取方法的重复性，确认不同操作人员、不同批次提取的DNA质量稳定，满足后续PCR扩增要求；二是PCR扩增反应条件的稳定性，验证同一引物组合在不同实验室、不同型号PCR仪上的扩增效率一致；三是扩增片段检测方法的可靠性，确认高通量测序及数据分析流程在800个MNP位点上的分型结果可重现；四是品种鉴定和EDV判定结论的一致性，通过对5个谷子品种的800个MNP位点进行实验室间比对，确认各实验室得出的遗传相似度及EDV判定结论高度一致。上述验证结果表明，本标准草案技术路线成熟、操作规范明确、质量控制体系有效，具备在全国范围内推广应用的技术条件。

2. 征求意见阶段

现向各位专家征求意见及挂网公开征求意见。

二、标准编制原则、主要内容及其确定依据

（一）标准编制原则

按照农业农村部制定的NY/T 2594《植物品种鉴定 DNA 分子标记法 总则》标准编写要求，编制说明按照《农业农村部标准化管理办法》（农办质〔2026〕4号）第二十二条款起草，标准文本按照《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》（GB/T 1.1-2020）进行编写，采用以下原则编写《谷子品种及其实质性派生品种鉴定 MNP 标记法》：

规范性原则：本标准的制定要求符合法律法规，符合有关标准要求，包括 GB/T 1.1-2020《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》、GB/T 6682《分析实验室用水规格和试验方法》、GB/T 38551—2020《植物品种鉴定 MNP 标记法》等。

适用性原则：本标准适用于谷子品种鉴定及实质性派生品种鉴定；对操作人员主观判定经验要求少，适用于所有谷子育种机构、种业检验机构和种业企业。

统一性原则：本标准要求与现行相关标准协调统一，不发生冲突。本标准实质性派生品种鉴定指标与品种鉴定要求保持了统一性，有助于标准使用者理解。

先进性原则：本标准采用 MNP 标记法，经过多位专家鉴定评价，认为该技术填补了国内外实用精准高效植物品种 DNA 鉴定技术空白，整体达到国际领先水平；本标准采用多重 PCR 结合高通量测序技术，单个 PCR 反应可同时扩增 800 个谷子 MNP 标记，扩增效率高；本标准采用高通量测序技术和计算机软件分析技术，单次可自动检测和分析数百个以上的品种和数十万个以上的标记，检测和分析的效率高，自动化水平高；每个标记位点的测序数据平均覆盖达到 500 条序列以上，每条序列精确到单个碱基，检测结果高度精准，准确率达 99.98% 以上；检测过程不需要标准样品实物和参照品种实物进行平行实验，检测结果在不同实验室间高度一致，实现了 DNA 指纹在实验室间的共建、共享和共用。

（二）标准主要内容及其确定依据

MNP 标记作为一类新型分子标记，其核心特征在于一段连续核酸序列中包含多个非连续分布的单核苷酸多态性（SNP）位点。该标记技术通过整合多重 PCR 扩增、高通量测序平台及生物信息学分析工具，可实现标记位点的高通量筛选与验证。实质性派生品种鉴定对标记位点的数量和密度有较高要求。传统 DNA 标记需逐个开发和验证，标记开发效率低、验证工作繁重，难以在短时间内获得足量标记以满足 EDV 鉴定的需求。MNP 标记法则通过多重扩增、高通量测序和生物信息学软件，实现了标记位点的高通量开发，显著提升了标

记开发效率，能够快速满足 EDV 鉴定对大规模、高密度标记位点的需求，为实质性派生品种鉴定与规范化应用提供了更优的技术解决方案，也更适用于制定实质性派生品种鉴定标准。

1. 谷子 MNP 标记开发

为开发谷子 MNP 标记，起草人员选择了种质资源中遗传背景具有较大差异的 86 份谷子品种样品（包括栽培品种和野生/地方品种），将其基因组重测序（测序深度设置为 50 倍）结果与谷子参考基因组进行比对（基因组版本：GCF_000263155.2_Setaria_italica_v2.0_genomic.fna.gz）。本标准以谷子基因组重测序数据为基础，采用 Samtools 和 BCFtools 获取谷子全基因组上的 SNP 位点；基于全部 SNP 位点，以一定窗口大小和步长在谷子参考基因组上移动，筛选候选 MNP 标记并设计引物。每个候选标记和扩增引物应同时满足以下原则：（1）每个 MNP 标记含有的 SNP 数量 ≥ 1 个；（2）标记在基因组上均匀分布；（3）标记引物能够且仅能够在谷子中特异扩增；（4）不同标记引物在同一个反应中不会产生竞争性扩增，以便在单个反应中同时扩增所有标记位点；（5）根据引物设计原则确定标记扩增的引物序列，引物间相互不形成二聚体，扩增产物长度在 300 bp—350 bp 之间。此外，还需满足扩增区多态性高、引物区保守、扩增区单拷贝、扩增区包含 2 个及以上的不连续的 SNP 标记、引物退火温度保持一致、标记序列和引物序列之间相互不干扰等标记筛选与引物设计原则。依据上述原则，共筛选得到候选 MNP 标记位点并初步设计 1147 对 MNP 标记引物。

引物合成后，进行筛选得到 800 对引物。进一步利用 125 份谷子授权品种作为测试样品，对 800 对引物的检出率、非特异性扩增、标记分型重现性等指标进行实测评估。结果表明，800 对引物在 125 份测试样品中均能有效扩增和分型，检出率高，重现性好，能够满足谷子品种鉴定及实质性派生品种分析的需求。因此，本标准最终确定采用 800 对引物，其序列见标准中附录 A。

依据上述原则并结合实测评估，本标准最终确定 800 个谷子 MNP 标记及其超多重扩增引物用于谷子品种及实质性派生品种鉴定，平均每条染色体上含有约 89 个标记位点，每条染色体上的标记位点数分布如图 1 所示。利用该套引

物进行了标记检出率、多态性等评价，实现了对 125 份谷子授权品种的有效区分。

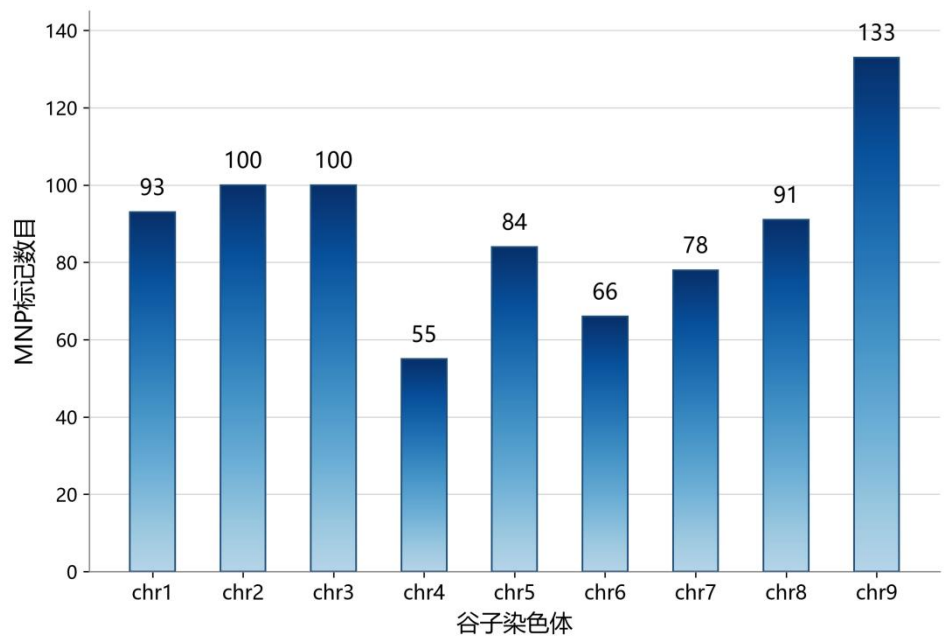


图 1 MNP 标记在谷子染色体上的分布

注：谷子为二倍体，染色体基数 n=9；图中标注各染色体上 MNP 标记位点数

上述 800 个 MNP 标记覆盖了谷子全部 9 条染色体，分布较为均匀，为谷子品种鉴定和实质性派生品种鉴定提供了充足的标记基础。

2.谷子 MNP 标记验证

利用设计合成的 800 个谷子 MNP 标记引物，对 125 份谷子品种（表 2）进行了多重扩增、二代高通量测序与数据分析，每个样品的测序平均覆盖倍数达 1243 倍。对样品的 MNP-Seq 数据进行分析，所筛选的 800 个标记均能被检出，其中平均每个样品可以检出约 781 个（97.6%）MNP 标记。所有样品的检出率均保持在较高水平，表明该套 MNP 标记在谷子品种中具有高度的通用性和稳定性，能够实现对谷子品种的有效区分和准确鉴定（图 2 MNP 标记检出率分布图）。

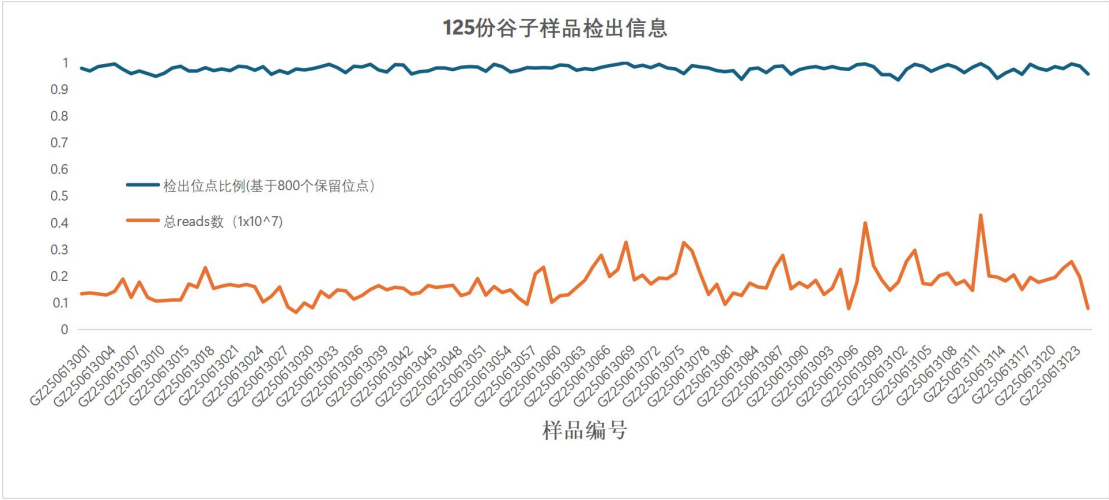


图 2 谷子 MNP 标记检出率分布图

表 2 125 份谷子品种样品的基本信息

序号	样品编号	品种暂定名称	来源	区域
1	GZ250613001	济 1165	品种保护	山东
2	GZ250613002	济谷 29	品种保护	山东
3	GZ250613003	济谷 26	品种保护	山东
4	GZ250613004	嫩选 19	品种保护	黑龙江
5	GZ250613005	公谷 89	品种保护	吉林
6	GZ250613006	济谷 28	品种保护	山东
7	GZ250613007	长谷 478	品种保护	山西
8	GZ250613008	张青谷 5 号	品种保护	河北
9	GZ250613009	龙谷 38	品种保护	黑龙江
10	GZ250613010	龙谷 37	品种保护	黑龙江省
11	GZ250613011	中谷 9	品种保护	北京
12	GZ250613012	长生 16	品种保护	山西
13	GZ250613013	AL2	品种保护	河北
14	GZ250613014	A2	品种保护	河北
15	GZ250613015	豫谷 29	品种保护	河南
16	GZ250613016	龙谷 44	品种保护	黑龙江
17	GZ250613017	龙谷 39	品种保护	黑龙江
18	GZ250613018	冀杂金苗 4 号	品种保护	河北
19	GZ250613019	冀杂金苗 2 号	品种保护	河北
20	GZ250613020	冀谷 47	品种保护	河北
21	GZ250613021	冀谷 49	品种保护	河北
22	GZ250613022	冀杂金苗 3 号	品种保护	河北
23	GZ250613023	晋汾 107	品种保护	山西
24	GZ250613024	济谷 27	品种保护	山东
25	GZ250613025	济谷 25	品种保护	山东
26	GZ250613026	嫩选 18	品种保护	黑龙江
27	GZ250613027	巡谷早熟 2 号	品种保护	河北
28	GZ250613028	巡谷早熟 1 号	品种保护	河北
29	GZ250613029	济谷 24	品种保护	山东
30	GZ250613030	赤谷 25	品种保护	内蒙古
31	GZ250613031	济糯谷 1 号	品种保护	山东
32	GZ250613032	公谷 85	品种保护	吉林

序号	样品编号	品种暂定名称	来源	区域
33	GZ250613033	公谷 86	品种保护	吉林
34	GZ250613034	晋汾系 92A	品种保护	山西
35	GZ250613035	晋汾系 21A6	品种保护	山西
36	GZ250613036	公谷 88	品种保护	吉林
37	GZ250613037	公谷 80	品种保护	吉林
38	GZ250613038	公谷 83	品种保护	吉林
39	GZ250613039	公谷 84	品种保护	吉林
40	GZ250613040	金苗 K3	品种保护	内蒙古
41	GZ250613041	赤谷 K3	品种保护	内蒙古
42	GZ250613042	济谷 22	品种保护	山东
43	GZ250613043	长农 47 号	品种保护	山西
44	GZ250613044	华谷 14	品种保护	深圳
45	GZ250613045	华谷 13	品种保护	深圳
46	GZ250613046	金苗 K2	品种保护	内蒙古
47	GZ250613047	冀杂金苗 1 号	品种保护	河北
48	GZ250613048	金苗 K1	品种保护	内蒙古
49	GZ250613049	冀谷 168	品种保护	河北
50	GZ250613050	冀谷 45	品种保护	河北
51	GZ250613051	冀早金苗 1 号	品种保护	河北
52	GZ250613052	赤优红谷	品种保护	内蒙古
53	GZ250613053	济糯谷 2 号	品种保护	山东
54	GZ250613054	神谷八号	品种保护	吉林
55	GZ250613055	太空黄 4 号	品种保护	山西
56	GZ250613056	豫谷 41	品种保护	河南
57	GZ250613057	豫谷 40	品种保护	河南
58	GZ250613058	豫谷 35	品种保护	河南
59	GZ250613059	豫谷 34	品种保护	河南
60	GZ250613060	豫谷 33	品种保护	河南
61	GZ250613061	豫谷 28	品种保护	河南
62	GZ250613062	赤谷 K1	品种保护	内蒙古
63	GZ250613063	赤优金谷	品种保护	内蒙古
64	GZ250613064	峰红 4 号	品种保护	内蒙古
65	GZ250613065	济谷 23	品种保护	山东
66	GZ250613066	冀谷 42	品种保护	河北
67	GZ250613067	冀谷 43	品种保护	河北
68	GZ250613068	冀谷 41	品种保护	河北
69	GZ250613069	冀谷 T7	品种保护	河北
70	GZ250613070	豫谷 32	品种保护	河南
71	GZ250613071	豫谷 31	品种保护	河南
72	GZ250613072	豫谷 26	品种保护	河南
73	GZ250613073	京丰 30	品种保护	北京
74	GZ250613074	安 6178	品种保护	河南
75	GZ250613075	安 5415	品种保护	河南
76	GZ250613076	衡谷 19 号	品种保护	河北
77	GZ250613077	赤早 1 号	品种保护	内蒙古
78	GZ250613078	中谷 8	品种保护	北京
79	GZ250613079	中谷 7	品种保护	北京
80	GZ250613080	济谷 21	品种保护	山东

序号	样品编号	品种暂定名称	来源	区域
81	GZ250613081	冀谷 T6	品种保护	河北
82	GZ250613082	冀谷 40	品种保护	河北
83	GZ250613083	冀谷 39	品种保护	河北
84	GZ250613084	长生 13	品种保护	山西
85	GZ250613085	济绿谷 1 号	品种保护	山东
86	GZ250613086	保谷 22	品种保护	河北
87	GZ250613087	榆谷 A1	品种保护	陕西
88	GZ250613088	衡绿谷 1 号	品种保护	河北
89	GZ250613089	HH0819	品种保护	河北
90	GZ250613090	敖谷 1 号	品种保护	内蒙古
91	GZ250613091	中谷 5	品种保护	北京
92	GZ250613092	中谷 2	品种保护	北京
93	GZ250613093	中谷 1	品种保护	北京
94	GZ250613094	华谷 S1	品种保护	深圳
95	GZ250613095	济谷 20	品种保护	山东
96	GZ250613096	济谷 19	品种保护	山东
97	GZ250613097	冀创 1	品种保护	河北
98	GZ250613098	衡谷 15 号	品种保护	河北
99	GZ250613099	豫谷 23	品种保护	河南
100	GZ250613100	豫谷 17	品种保护	河南
101	GZ250613101	长农 44 号	品种保护	山西
102	GZ250613102	长农 41 号	品种保护	山西
103	GZ250613103	赤谷 16	品种保护	内蒙古
104	GZ250613104	冀谷 38	品种保护	河北
105	GZ250613105	冀谷 37	品种保护	河北
106	GZ250613106	冀谷 36	品种保护	河北
107	GZ250613107	冀谷 35	品种保护	河北
108	GZ250613108	长生 11	品种保护	山西
109	GZ250613109	wpem1	品种保护	河北
110	GZ250613110	L526	品种保护	河北
111	GZ250613111	晋谷 59 号	品种保护	山西
112	GZ250613112	衡谷 12 号	品种保护	河北
113	GZ250613113	济谷 18	品种保护	山东
114	GZ250613114	济谷 17	品种保护	山东
115	GZ250613115	峰红谷	品种保护	内蒙古
116	GZ250613116	太空白露黄	品种保护	山西
117	GZ250613117	衡谷 13 号	品种保护	河北
118	GZ250613118	龙谷 35	品种保护	黑龙江
119	GZ250613119	胜谷 1 号	品种保护	黑龙江
120	GZ250613120	M1508	品种保护	河北
121	GZ250613121	K1174	品种保护	河北
122	GZ250613122	豫谷 19	品种保护	河南
123	GZ250613123	豫谷 18	品种保护	河南
124	GZ250613124	道谷 6 号	品种保护	北京
125	GZ250613178	冀张谷 A2	品种保护	河北

3.关于本标准中的标记数量

《最高人民法院关于审理侵害植物新品种权纠纷案件具体应用法律问题的若干规定（二）》规定在品种 DNA 鉴定中可以扩大检测位点进行加测，是希望通过更多的标记数量，提升品种鉴定准确性。

根据实测结果，待测品种 A 与对照品种 B 之间的遗传相似系数检测结果为 94.42%，假定以 90%为实质性派生品种的判定阈值，判定结论应为“待测品种与对照品种疑似存在实质性派生关系”。假设标准采用的标记数量为 N 个，那么，仅当从基因组上抽取的 N 个标记位点中，有大于或等于 $N \times 90\%$ 个标记位点在待测品种和对照品种中相同时，才不会因为标记位点抽样误差导致判定结论错误，其概率= $\sum_{i=N \times 90\%}^N C_N^i (94.42\%)^i \times (1 - 94.42\%)^{(N-i)}$ 。

根据上述概率方程获得图 3。从图 3 可看出，随着标记数量增加，正确判定概率迅速上升。当 N=10 时，正确概率仅约 89.6%；N=60 时约 95.1%；N=100 时约 98.4%；N=150 时约 99.0%；而本标准采用的 800 个标记，正确概率接近 100%。这从统计学上证明，采用 800 个 MNP 标记进行谷子 EDV 鉴定，能够有效避免因标记抽样误差导致的误判，满足实质性派生品种鉴定对准确性和可靠性的要求。需要特别说明的是，图 3 只针对本实例，随着实质性派生品种判定阈值的不同，以及待测品种与对照品种遗传相似系数的不同，该图表现可能差异较大。

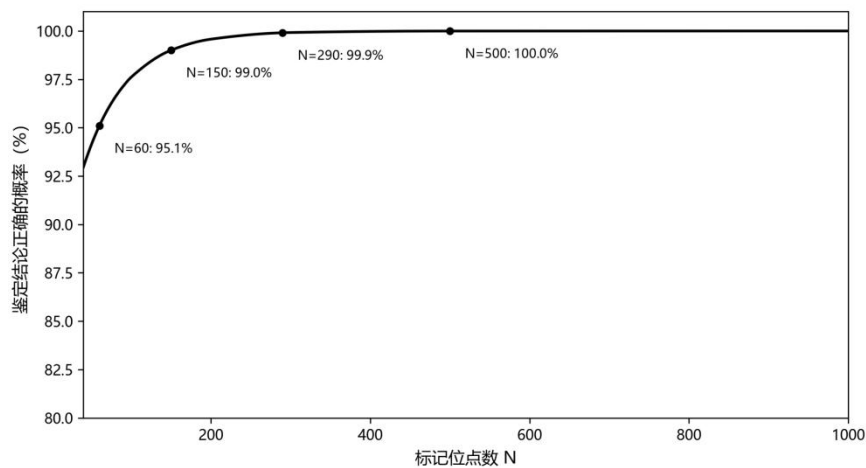


图 3 不同标记数量下实质性派生品种鉴定结论正确的概率

下面举例定量说明标记数量与标记抽样误差对品种鉴定结论准确性的影响。根据实测结果，待测品种 C 与对照品种 D 遗传相似度检测为 98.59%，由

于该遗传相似度大于 96%，品种鉴定的判定结论为“待测品种与对照品种为疑同品种”。按与上述实质性派生品种鉴定类似的推理可以获得图 4。

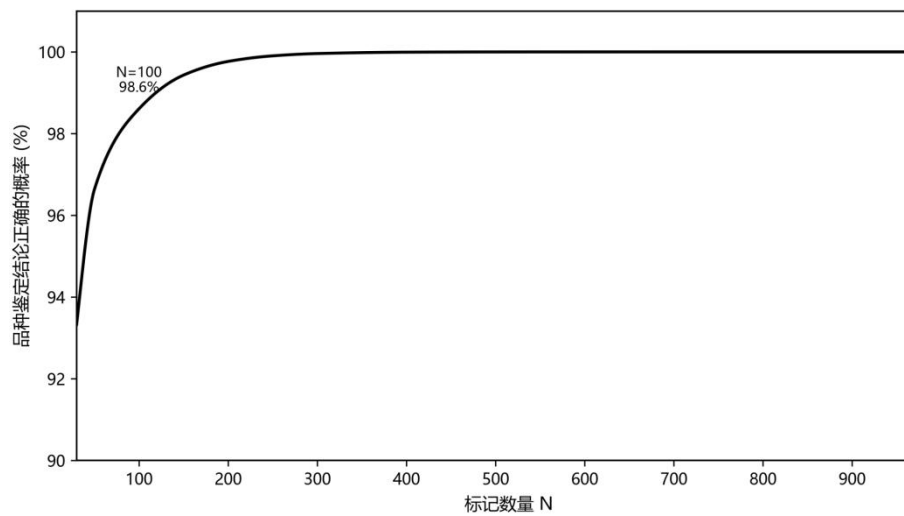


图 4 不同标记数量下品种鉴定结论正确的概率

从图 4 可以看出，由于品种鉴定判定阈值与品种间遗传相似系数较为接近，只有当标准中使用的标记数量达到 500 个及以上时，在本实例中品种鉴定的判定结论才接近 100%。按本标准中采用的 800 个标记进行检测，在本实例中不会因为标记位点抽样误差导致判定品种鉴定结论错误的概率为 100%。需要特别说明的是，图 4 只针对本实例实用，随着品种鉴定判定阈值的不同，以及待测品种与对照品种遗传相似系数的不同，该图可能出现完全不同的表现。

4.关于样本抽样量的确定

谷子是有性繁殖群体，可能存在基因变异单株，需要利用抽取的多个样本按统计方法加以排除。本标准具体规定了抽样样本数量应大于 30，主要理由如下：（1）统计学上，30 个个体为大样本；（2）现有植物品种 DNA 鉴定标准抽样量大多为 30 以下；（3）谷子种子小，抽取 30 个样本是容易达到的；

（4）MNP 标记法采用混合样本检测，多抽取一些样本对检测工作量影响不大；（5）30 个样本中的杂株基因型要被误判为真实基因型，杂株基因型测序片段的比例需要超过 20%；假定杂株率为 5%，由于 MNP 标记法 PCR 扩增产物处于线性增长期，因此，杂株基因型测序片段服从于实验次数为测序深度，发生率为 5%的二项分布；根据二项分布模型计算，杂株基因型测序片段的比例超过 20%的概率，即被误判为品种中真实等位基因型的概率为

$$\sum_{i=30 \times 20\%}^{30} C_i^{30} (5\%)^i (1 - 5\%)^{(30-i)} = 0.057\%;$$

（6）我们随机选取了 5 个杂交谷

子品种和 5 个常规谷子品种，分别从中抽取 10 个、20 个、30 个和 40 个单株的叶片进行等量混合，共获得 40 个混合样本；对每个混合样本按本标准进行检测。结果表明：采用不同数量样本混合，所获得的结果重现性影响不大，其中，采用 30 个单株时，一共比较了 5938 个位点分型，其中仅有 1 个位点分型结果不可重现，比例为 0.017%。

表 3 不同样本数量对样品分型结果的影响

	10 个单株		20 个单株		30 个单株		40 个单株	
	比较位点数	差异位点数	比较位点数	差异位点数	比较位点数	差异位点数	比较位点数	差异位点数
样品 1	800	0	800	0	800	0	800	0
样品 2	800	0	800	0	800	1	800	0
样品 3	800	1	799	0	800	0	800	0
样品 4	799	0	800	0	799	0	800	0
样品 5	800	0	800	0	800	0	800	0
样品 6	799	0	799	0	800	0	799	0
样品 7	800	0	800	0	800	0	800	0
样品 8	798	0	800	0	800	0	800	0
样品 9	800	1	800	1	800	0	800	0
样品 10	800	0	800	0	799	0	800	0
合计	7996	2	7998	1	7998	1	7999	0

5.高通量测序平均覆盖倍数和测序数据量质量控制

本标准规定高通量测序的平均覆盖倍数设置为 700 倍以上，其理由如下。

（1）该覆盖倍数保障了测序数据量可以通过质量控制

按本标准检测了 125 份谷子样品，它们的测序覆盖倍数均设置为 700 倍以上，其中共有 125 个最后获得的平均覆盖倍数都达到了质量控制中规定的 500 倍以上，其比例为 100%（图 5）。说明在该覆盖倍数上能较好的保障数据通过质量控制。

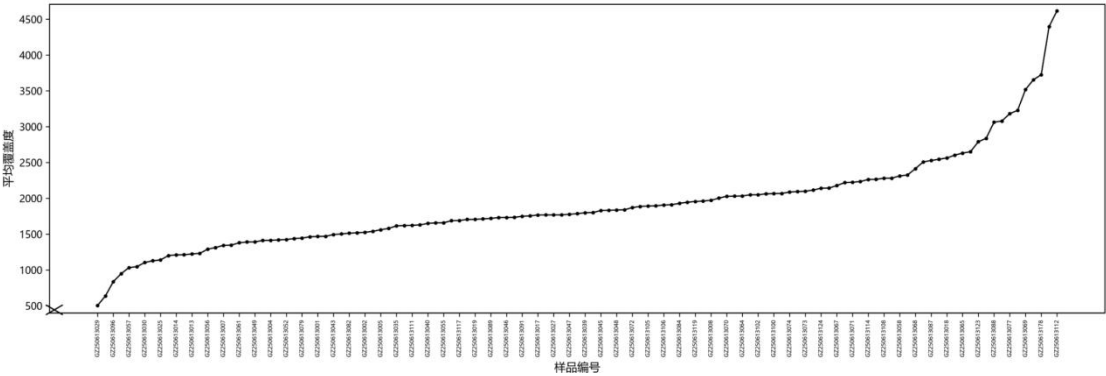


图 5 谷子标记测序覆盖倍数（注：横坐标为样品）

(2) 该覆盖倍数在测序成本上可接受

本标准共有 800 个位点，每个位点长度按 300 bp 计算，700 倍的测序覆盖倍数需要 0.17G 的测序数据量；每个品种按重复检测 2 次计算，总共需要 0.34G 的测序数据量；每个 G 的商业测序费用按 60 元计算，每个品种高通量测序检测需要费用共计 20.4 元，是可以接受的。

6.关于质控参数 R1 的设置

本标准中的 R1 指样品中检出标记位点的比例，标准规定 R1 大于或等于 95%时，判定测序数据合格，其理由如下：

位点检出率对鉴定结论影响见表 4。我们按 800 个位点中最大缺失率 5%计算，缺失位点数目为 40 个；缺失位点中，差异位点分布服从实验次数为 40 且发生频率为（1-真实的遗传相似度）的二项分布；根据二项分布，计算获得在 95%的概率保障下，缺失位点中的差异位点的最小值和最大值分别为 4 个和 13 个，观察到的遗传相似度介于 79.47%和 80.66%之间；最终推断出遗传相似度的最大偏差为 0.66%，表明在 R1 大于或等于 95%时，检出位点缺失率对鉴定结论的重现性影响不大。

表 4 位点检出率对鉴定结论稳定性影响

检测位点总数	真实的遗传相似度 (GS)	真实差异位点数 (nij)	缺失率	检出位点数 (Nij)	缺失位点数
800	80%	160	5%	760	40
缺失位点中的差异位点			观察到的差异位点数 (nij)		
概率保障	最小值	最大值	最小值	最大值	
95%	4	13	147	156	
观察到的遗传相似度 (GS)		遗传相似度 (GS) 偏差			
最大值	最小值	最小值	最大值		
80.66%	79.47%	0.53%	0.66%		

7. 关于质控参数 R2 的设置

本标准中 R2 指样品的两次重现性实验中，检出标记位点的重现率。本标准规定 R2 大于或等于 95%时，判定测序数据合格。对于该参数设置的理由如下：

(1) 设置该参数是满足标准范围的需要

标准引物在开发和验证过程中，不能穷尽现有全部谷子品种或者未来可能出现的谷子品种。可能存在与标准开发过程中使用的谷子品种在遗传上有巨大差异的品种，进而导致较多引物无法扩增，出现较多数据缺失。为应对这种情况，需要设置 R2 作为样品数据质量的控制参数。

(2) 该阈值为鉴定结论重现性提供了有效保障

位点检出稳定性（R2 的值）对鉴定结论稳定性的影响见表 5。当 R1 值较低时，表明存在大量位点不可检出，假设检出位点数量为 750 个；当 R2 值为 95%时，那么，非共同检出位点数量为 37.50 个；根据二项分布，在 95%的概率保障下，非共同检出位点中，差异位点最多为 4 个，由此观察到的遗传相似度最大值为 95.30%，遗传相似度（GS）偏差为 0.30%。由此可见，R2 值确保了遗传相似度的稳定性，保障了检出位点缺失率对鉴定结论重现性影响不大。

表 5 位点检出稳定性对鉴定结论稳定性的影响

可检测位点总数	真实的遗传相似度（GS）	真实差异位点数（nij）	R2 的值	共同检出位点数（Nij）	非共同检出位点数
750	95%	37.5	95%	712.5	37.50
非共同位点中，差异位点数			观察到的遗传相似度（GS）		遗传相似度（GS）偏差最大值
概率保障	最小值	最大值	最小值	最大值	
95%	0	4	94.74%	95.30%	

8 关于谷子品种的判定阈值

《中华人民共和国种子法》明确指出，一个新品种特异性是指一个植物品种有一个以上性状明显区别于已知品种。然而，分子标记差异与性状差异大多不存在一一对应关系，只能在一定概率保障下具有对应关系。当分子标记差异较大时，至少有一个性状差异的概率也高，判定其为不同品种的概率保障也高；同理，当分子标记差异较小时，至少有一个性状差异的概率就低，可以有一定的概率保障判定它们为相同品种。需要指出的是，即分子标记差异为 0，也可能因为差异基因不是检测标记等原因导致待测品种与对照品种存在性状差异，难以绝对保障两个品种间没有性状差异。

基于上述理由，并综合考虑品种培育过程中可能出现的突变、退化等因素，

本标准中将不同品种间的遗传相似度阈值确定为 96%，主要有以下几个方面的依据：

（1）当前行业内的品种鉴定标准以及采用 MNP 标记法的国家标准中，普遍将 96%作为判定不同品种的遗传相似度阈值，这个阈值既体现了对品种稳定性的要求，又兼顾了品种间的差异性。

（2）我们检测了 125 份谷子品种（申请授权品种）的 DNA 指纹。将品种进行两两分析，结果显示 7750（占比 99.99%）对品种间遗传相似系数低于 96%。说明现有申请授权的品种中，99.99%不同品种间遗传相似系数均低于 96%。可见 96%的判定阈值下，绝大部分不同品种（授权品种）可以被判定为不同品种。

（3）通过大量实验验证与实际应用，96%的遗传相似度阈值在品种判定中具有较高的准确性与可靠性。2021 年至 2026 年期间，已成功开展超过 200 次谷子品种鉴定服务，均采用 96%的遗传相似度阈值。表 6 展示了不同单位委托的 10 对代表性谷子品种的鉴定结果。迄今为止，未出现任何判定错误，有力地证明了该阈值在实际应用中的准确性和适用性。

表 6 代表性谷子品种鉴定服务结果

序号	待测样品	对照样品	鉴定结果			
			比较位点数	差异位点数目	遗传相似度 (GS)	结论
1	GZ001	GZ002	774	15	98.06%	疑同品种
2	GZ003	GZ004	788	0	100.00%	疑同品种
3	GZ005	GZ006	782	0	100.00%	疑同品种
4	GZ007	GZ008	769	43	94.41%	不同品种
5	GZ009	GZ010	791	0	100.00%	疑同品种
6	GZ011	GZ012	776	15	98.07%	疑同品种
7	GZ013	GZ014	772	52	93.26%	不同品种
8	GZ015	GZ016	771	146	81.06%	不同品种
9	GZ017	GZ018	762	282	62.99%	不同品种
10	GZ019	GZ020	765	1	99.87%	疑同品种

9 关于谷子实质性派生品种判定阈值的确定

本标准将遗传相似度（GS）大于或等于 90%的品种判定为“待测品种与对照品种为疑似实质性派生品种”，其依据与相关重要说明如下。

（1）综合考虑科学、现状、需求等因素的基本原则，本标准将实质性派生品种判定阈值确定为 90%

根据农业农村部公告及《农业植物实质性派生品种判定指南》的规定，经国务院同意，第一批农业植物实质性派生品种（EDV）制度实施目录已将谷子纳入实施范围，并配套发布了判定阈值等文件。判定指南明确，EDV 判定以分子检测为主，分作物设定遗传相似度阈值，谷子判定阈值设定为 90%，达到阈值即判定为 EDV。该 90%阈值正是依据本标准所采用的 MNP 标记法，对 125 份谷子申请保护的纯系常规品种进行科学分析，并结合产业现状确定的。本标准直接采用 GB/T 38551—2020 中适用于谷子的 MNP 标记引物，与国家标准在技术路线和核心标记体系上完全一致，确保了阈值确定的科学性和权威性。

在此基础上，从科学依据、育种现状和产业需求三个维度对 90%阈值的合理性进行进一步论证：

科学依据方面，基于本标准检测的 125 份谷子品种数据，任意两个可杂交谷子品种之间的平均遗传差异为 33.33%，在 800 个标记位点对应约 267 个差异标记位点。据此建立二项分布模型，计算正常杂交选育模式下后代被判定为非 EDV 的概率。结果表明，当 EDV 判定阈值大于 85.6%时，正常杂交后代可在 99%以上的概率保障下被判定为非 EDV；同时，基于 148 份经 3—4 代以上回交育种产生的实质性派生材料分析，其与原始品种间的遗传相似系数 99%分位值为 93.74%，即阈值若高于 93.74%，将导致多代回交选育产生的实质性派生品种被漏判。由此推断，科学合理的阈值区间为 85.6%—93.74%，90%阈值位于该区间内，兼顾了正常杂交后代不被误判与实质性派生品种不被漏判的双重要求。

育种现状方面，当前谷子品种权申请以系统选育为主要选育方式，从现有品种群体中筛选优良变异单株经多代自交纯化形成新品种，新品种的遗传背景高度继承自原始品种。90%阈值的设定能够在保护原始品种权人合法权益与鼓励育种创新之间取得合理平衡。

产业需求方面，谷子已列入首批 EDV 制度实施目录，判定阈值的统一设定为育种者、农业农村部门和司法机关判定 EDV 提供了明确的工作指引，有助于规范种业市场秩序，强化种业知识产权保护，激励原始育种创新。

(2) 根据校对规则，谷子实质性派生品种的判定阈值应该介于 85.60% 到 93.74%之间

“校对规则”要求实质性派生品种判定阈值将实质性派生育种行为和非实质性派生育种行为产生的品种分别判定为实质性派生品种和非实质性派生品种，而实质性派生品种育种行为和非实质性派生品种育种行为在 UPOV 中已有较明确的描述，是一种客观的，可以操作的方法。例如，Vosman 等于 2004 年首先利用 AFLP 技术探讨了月季品种的实质性派生品种判定阈值。在 Vosman 的实验中，检测了 83 对月季品种，其中包括独立品种（非实质性派生品种）和突变品种（实质性派生品种），结果表明，独立品种和它们的突变体（实质性派生品种）间的遗传相似系数大于 96%，而独立品种间（非实质性派生品种间）的遗传相似系数小于 80%。因此，在该实例中，实质性派生品种的判定阈值可以在 80%-96%之间选择，具体值需要综合考虑该国育种现状、行业共识、创新要求等因素。

由于采用“校对规则”制定实质性派生品种判定阈值具有客观性和可操作性，本标准采用“校对规则”来确定实质性派生品种的判定阈值。利用校对规则，并结合二项式分布统计理论分析不同育种单位超过 140 个育种实例的结果，推断谷子实质性派生品种的判定阈值应设置在 81.37%到 92.78%之间，以实现在 99%的概率保障下，将容易产生实质性派生品种的育种行为（多代回交等）的育成品种判定为实质性派生品种，同时将不容易产生实质性派生品种的育种行为（正常杂交选育）的育成品种判定为非实质性派生品种。

a) 按照“校对规则”，实质性派生品种判定阈值的下限为 85.60%

UPOV 认为，正常杂交选育为非实质性派生品种育种行为。根据 UPOV 在 2023 年 10 月 27 日发布的文件《EXPLANATORY NOTES ON ESSENTIALLY DERIVED VARIETIES UNDER THE 1991 ACT OF THE UPOV CONVENTION》，正常杂交选育指表型和遗传上均不相同的两个亲本杂交后，以创造分离群体为选择目的育种行为。该定义有两个要点，一是亲本间要有一定的遗传距离，不能选用遗传上近似的品种进行杂交，二是选育时要以创新分离群体为目的，不能有意选择与亲本相似的后代。由于正常杂交选育为非

实质性派生品种育种行为，因此，可以根据校对规则，获得谷子实质性派生品种判定阈值下限。

实质性派生品种判定阈值下限的理论推断。利用本标准检测了 125 个申请授权的谷子品种，任意两个可杂交的谷子品种之间的平均遗传差异为 33.33%，那么，在本标准检测的 800 个标记位点中，它们之间有 $800 \times 33.33\% = 267$ 个差异标记位点；设实质性派生品种的遗传相似系数判定阈值为 x ，那么，当后代与亲本的差异位点数量小于 $800 \times (1 - x)$ ，后代将被判定为实质性派生品种；在正常杂交选育模式下，差异标记在亲本与后代间是否相同服从于实验次为 267 次，发生频率为 50% 的二项分布；按二项分布计算正常杂交选育模式下，常规谷子品种杂交后代为非实质性派生品种的平均概率 $p = 1 - \text{BINOM.DIST}(800 \times (1 - x), 267, 0.5, \text{TRUE})$ ；根据上述公式，计算了实质性派生品种发生概率 p 与其判定阈值 x 间对应的关系，其结果显示，谷子品种在正常杂交选育模式下，若实质性派生品种判定阈值大于 85.60% 时，杂交选育后代就可以在 99% 以上的概率保障下，被判定为非实质性派生品种。

实质性派生品种判定阈值下限的育种检验。根据河北、山西某育种团队利用冀张谷 1 号、冀张谷 4 号、冀张谷 5 号、8311、晋谷 21 等 25 个育种亲本进行杂交，所选用亲本组合的遗传距离介于 18% 到 52% 之间，基本涵盖了中国可杂交的常规谷子间的距离分布。按照正常杂交选育的要求，从这些杂交组合的 F₂ 代中随机选取了 100 个后代，并利用本标准方法检测了它们与亲本的遗传相似系数介于 54.75%-86.26% 之间，其 99% 的分位值为 84.73%。即若谷子实质性派生品种判定阈值大于 84.73%，可以在 99% 的概率保障下，将容易产生非实质性派生品种的育种行为（正常杂交选育）产生的后代判定为非实质性派生品种。

综上实质性派生品种判定阈值下限的统计推断和育种实例，谷子的实质性派生品种判定阈值下限为 85.60%。

b) 按照“校对规则”，实质性派生品种判定阈值的上限为 93.74%

实质性派生品种判定阈值上限的理论推断。根据 UPOV 有关文件描述，多代回交育种、诱变育种、转基因育种、基因编辑育种等通过现代生物技术进行

的快速品种改良行为容易产生实质性派生品种，因此被认为是实质性派生品种育种行为。在本标准中，实质性派生品种的判定阈值为 90%，相当于在 800 个标记位点中，有 10%即 80 个位点存在差异。现有的定向改良技术一般是定向改良 1 个或少数几个基因，要定向改 80 个基因位点的难度是很大的。因此，从技术难度上讲，90%的判定阈值基本排除了由现有实质性派生行为产生的品种。

实质性派生品种判定阈值上限的育种检验。生产上，谷子核心育种材料的创制和新品种培育大部分通过优异材料的杂交聚合、分子标记辅助选择等方式获得。其中，4 代以上的回交育种行为是产生谷子实质性派生品种的主要方式之一。从某育种团队获得了 148 份通过 3—4 代以上回交育种产生的实质性派生材料，其与原始品种间的遗传相似系数为 93.15%—98.73%，99%分位值为 93.74%。这意味着，若谷子实质性派生品种判定阈值小于 93.74%，则可以在 99%的概率保障下，将多代回交选育产生的后代判定为实质性派生品种。因此，93.74%是谷子 EDV 判定阈值的理论上限，阈值设置不应高于该值，否则将导致回交选育产生的实质性派生品种被漏判。

我们从某育种团队获得了 148 份通过 3-4 代以上的回交育种获得实质性派生育种方式产生的育种材料。其与原始品种间的遗传相似系数为 93.15%-98.73%，其 99%的分位值为 93.74%。即若谷子实质性派生品种判定阈值小于 93.74%，可以在 99%的概率保障下，将容易产生实质性派生品种的育种行为（多代回交选育）产生的后代判定为实质性派生品种。

综上实质性派生品种判定阈值上限的统计推断和育种实例，谷子的实质性派生品种判定阈值上限为 93.74%。

（3）根据实质性派生品种为新品种的基本要求，实质性派生品种判定阈值应该小于 96%

依据《种子法》和国际植物新品种保护联盟（UPOV）对实质性派生品种所下的定义，实质性派生品种必须是新品种。因此，实质性派生品种的判定阈值应当低于植物新品种的判定阈值。谷子新品种的判定阈值设定为 96%，因此，谷子实质性派生品种的判定阈值理应小于 96%。

（4）在我国过往的谷子育种创新水平下，不同的实质性派生品种判定阈值对育成品种的影响程度

我国当前品种同质化现象严重，亟需激励原始创新。实质性派生品种判定阈值越严格，激励种业原始创新的力度就越大，但较微小的创新又可能会被人为淘汰。因此，实质性派生品种判定阈值应在创新与稳定间寻求平衡。利用本标准检测了 125 份申请授权的谷子品种，从中任选一对品种组合，判定它们的遗传相似系数；若遗传相似系数大于或等于表 7 中所设定的实质性派生品种判定阈值，则判定授权日期更晚的品种可能为实质性派生品种。从表 7 可以看出，当实质性派生品种判定阈值为 90%时，有 30 个品种可能为实质性派生品种，占比 24.0%。

- 对于 24.0 现有育成品种可能被判定为实质性派生品种，有两点关键说明：
- a) 实质性派生品种制度设计的初衷是改变中国当前品种同质化严重的现象，因此，有一定比例的创新性不足的品种被判定为实质性派生品种是符合实质性派生品种制度的初衷的；
 - b) 实质性派生品种制度实施后，模仿式育种行为预期会显著减少，因此，未来新育成品种被判定为实质性派生品种的比例会低于 24.0%。

表 7 现有谷子品种在各种判定阈值下，可能为实质性派生品种的数量与比例					
实质性派生品种阈值	96%	95%	94%	93%	92%
实质性派生品种数量	18	21	23	26	27
实质性派生品种比例	14.4%	16.8%	18.4%	20.8%	21.6%
实质性派生品种阈值	91%	90%	89%	88%	87%
实质性派生品种数量	28	30	45	51	53
实质性派生品种比例	22.4%	24.0%	36.0%	40.8%	42.4%
实质性派生品种阈值	86%	85%	84%	83%	82%
实质性派生品种数量	59	69	73	79	84
实质性派生品种比例	47.2%	55.2%	58.4%	63.2%	67.2%
实质性派生品种阈值	81%	80%	79%	78%	77%
实质性派生品种数量	90	104	105	105	108
实质性派生品种比例	72.0%	83.2%	84.0%	84.0%	86.4%
实质性派生品种阈值	76%	75%	74%	73%	72%
实质性派生品种数量	109	112	114	117	120
实质性派生品种比例	87.2%	89.6%	91.2%	93.6%	96.0%

综上，本标准将谷子实质性派生品种判定阈值确定为 90%，与农业农村部公告的判定阈值保持一致，并具有充分的科学依据和产业实践支撑，兼顾了育种创新保护与品种权合理界定。

10.关于实质性派生品种判定的结果表述

本标准规定，当遗传相似度（GS）大于或等于 90%时，结果表述为待测品种与对照品种为“疑似实质性派生品种”。采用“疑似”一词是因为存在例外，例如：（1）若待测品种培育时间早于对照品种，则不是对照品种的实质性派生品种；（2）若待测品种和对照品种均来源于同一杂交组合分离后代的姊妹系，也不是对照品种的实质性派生品种；（3）《种子法》依据性状来定义实质性派生品种，且分子与性状并非一一对应，因此，分子不能作为实质性派生品种判定的充分条件。在国际实质性派生品种司法实践中，遗传相似度常用于确定举证责任，而非作为判定实质性派生品种的充分证据。

11. 关于数据分析软件

标准文本“8 质量控制”和“9 数据分析”中，已经公开了数据比对、记录和计算的规则与公式，并在附录 B 中以示例形式详细阐述了分析的流程，有专业背景的标准使用者可以自行按规则与公式编制软件。对于数据分析能力较弱的使用者，研制单位已经上线数据分析软件，网址为 <http://mnp.molecularbreeding.cn/>，用户只须上传待测样品和对照样品的高通量测序数据，即可获得数据分析结果和品种鉴定结论，因此，不影响标准使用。

三、试验验证的分析、综述报告，技术经济论证，预期的经济效益、社会效益和生态效益

（一）试验验证的分析、综述报告

为验证《谷子品种及其实质性派生品种鉴定 MNP 标记法》标准草案的适用性，崖州湾分子检测鉴定中心等 5 家单位参与了验证。各单位统一采用 5 个品种，按照标准草案规定的 DNA 提取、PCR 扩增、高通量测序和数据分析流程开展试验，并将检测结果与江汉大学的检测结果进行比较。

验证结果显示：基于该标准草案，获得的样品测序数据全部通过标准草案规定的质量控制标准，通过率均为 100%；标记检出率为 96.67%—99.24%；标记分型重现率为 99.78%—99.92%；品种鉴定和实质性派生品种判定结论重现率均为 100%。

5家单位一致认为，该标准草案具备适用性。依据标准草案规定的DNA提取方法、PCR扩增反应条件、扩增片段检测方法等，不同实验室间可以得出高度一致的品种鉴定和实质性派生品种鉴定结论。

（二）技术经济论证

本标准采用MNP标记法，经过多位院士和专家鉴定评价，认为该技术填补了国内外实用精准高效植物品种DNA鉴定技术空白，整体达到国际领先水平。相比于其它品种鉴定行业标准一次只能扩增一个或少量几个标记，本标准采用超多重扩增，800个标记仅需要2次PCR扩增和纯化程序即可，工作效率提升数百倍；传统方法需要逐个检测和分析，本标准采用高通量测序技术和计算机软件分析技术，单次可自动检测和分析数百个以上的品种和十万个以上的标记，检测和分析的效率高，自动化水平高；每个标记位点的测序数据量平均覆盖达到500条序列以上，每条序列精确到单个碱基，检测结果准确率达99.98%以上，首次突破了品种鉴定精准数字化的技术难题，不再需要统一实验条件，不再要求实验技术人员具有丰富的经验，也不要求标准样品实物或参照样品实物进行平行实验，有利于检测结果的数字化、网络化和智能化，有利于本标准在种业行业的推广应用。

此外，本标准实施只要求实验区域分区、过程单向流动、设备器具专用且保持通风，这些要求在普通实验室可以满足，提高了本标准实施可行性，可以在更多实验室更方便地实施。

（三）预期的经济效益、社会效益和生态效益

本标准发布实施后，将规范谷子品种及实质性派生品种鉴定的测试方法与判定规则，为谷子新品种权保护提供有效的技术依据，支撑《种子法》实质性派生品种制度的落地实施。具体效益可从经济、社会、生态三个层面体现：

经济效益方面，本标准可为谷子品种权转让、许可和商业化开发提供快速、准确的技术支撑，促进品种权价值合理评估和有序流转；同时，可规范国外谷子品种的引进与利用管理，减少因品种权不清引发的贸易纠纷，促进谷子新品种贸易，推动谷子种业商业化进程加快。

社会效益方面，本标准有助于保护我国拥有自主知识产权的谷子新品种，激励原始育种创新，遏制“修饰性育种”“模仿性育种”行为；同时，为种子市场执法、品种权纠纷仲裁和 DUS 测试近似品种筛选提供统一、权威的技术依据，规范种业市场秩序，保护育种者、农民和消费者合法权益，促进我国谷子育种和知识产权保护工作持续发展。

生态效益方面，本标准通过强化品种知识产权保护、激励突破性品种培育，有助于推广优质、高产、抗逆性强的谷子品种，促进旱作农业可持续发展，对保障国家粮食安全和农业生态安全具有积极意义。

四、与国际、国外同类标准技术内容的对比情况，或者与测试的国外样品、样机的有关数据对比情况

目前，国际、国外尚未有系统、高效、准确的谷子实质性派生品种分子标记鉴定技术体系（含判定阈值）的报道。

国内方面，已发布国家标准 GB/T 38551—2020《植物品种鉴定 MNP 标记法》，该标准适用于包括谷子在内的 16 种植物的原始品种鉴定、实质性派生品种鉴定和品种真实性鉴定，规定了 MNP 标记法的原理、试剂或材料、仪器设备、测定步骤和结果分析。然而，该标准作为通用性国家标准，未针对谷子设定专门的 EDV 判定阈值。

本标准在 GB/T 38551—2020 框架下，直接采用其中适用于谷子的 MNP 标记引物，确保与国家标准在技术路线和核心标记体系上完全一致。在此基础上，本标准针对谷子 EDV 鉴定的特殊需求，进一步明确了判定阈值（90%）、结果判定描述及质量控制要求等操作细则，填补了谷子 EDV 鉴定标准的空白。

与国际同类标准相比，本标准采用的 MNP 标记法在标记数量、检测通量、实验室间重现性和数据共享性等方面具有显著技术优势，整体达到国际领先水平。本标准的制定不仅为谷子 EDV 鉴定提供了标准化技术依据，也为国际上其他作物 EDV 分子鉴定标准的制定提供了可借鉴的技术范式。

五、以国际标准为基础的起草情况，以及是否合规引用或者采用国际国外标准，并说明未采用国际标准的原因

未以国际标准为基础起草。

六、与有关法律、行政法规及相关标准的关系

在本标准的制订过程中，严格贯彻国家有关方针、政策、法律和规章等，严格执行强制性国家标准和行业标准；与相关的各种基础标准相衔接，遵循了政策性和协调统一性的原则。

本标准与有关的现行法律、法规和强制性标准不存在冲突。

七、重大分歧意见的处理经过和依据

本标准制定过程无重大分歧意见。

八、涉及专利的有关说明

截至目前，尚未识别出本标准内容涉及必要专利。若在后续标准制修订或实施过程中识别出涉及专利，将按照有关规定及时处理：由专利持有人或申请人出具专利实施许可声明，明确许可条件，且许可条件要求公平合理无歧视；未作出许可声明的，标准中不纳入该专利技术内容。必要时，将按程序暂停标准制定或对标准文本进行相应修改。

九、实施国家标准的要求，以及组织措施、技术措施、过渡期和实施日期的建议等措施建议

标准发布实施后，建议开展标准的培训工作，使相关机构和相关实施单位技术人员掌握技术办法；根据标准实施情况，适时对本标准进行修订和完善。

十、其他应当说明的事项

无。