农业行业标准

《芒果品种鉴定 MNP标记法》

（征求意见稿）

编

制

说

明

《芒果品种鉴定 MNP标记法》起草组

2021年09月

**一、工作简况**

**（一）任务来源**

（1）立项理由

2018 年4 月13 日，习近平总书记在海南省暨海南经济特区30周年大会上郑重宣布，党中央决定支持海南全岛建设自由贸易试验区。随后，中共中央、国务院批复同意设立海南自贸区，并印发了《中国（海南）自由贸易试验区总体方案》，其中明确将在海南自贸区开展全球动植物种质资源引进和中转等业务。2020 年6 月1日，中共中央、国务院印发了《海南自由贸易港建设总体方案》，提出“发挥国家南繁科研育种基地优势，建设全球热带农业中心和全球动植物种质资源引进中转基地。” 2020 年国务院办公厅发布了《国务院办公厅关于加强农业种质资源保护与利用的意见》，明确指出“以优势科研院所、高等院校为依托，搭建专业化、智能化资源鉴定评价与基因发掘平台，建立全国统筹、分工协作的农业种质资源鉴定评价体系。深化重要经济性状形成机制、群体协同进化规律、基因组结构和功能多样性等研究，加快高通量鉴定、等位基因规模化发掘等技术应用”。

目前，通过分子生物学和生物信息学相结合的方法在基因水平对种质资源生物多样性进行鉴定已经成为作物学领域研究热点。2015 年4月，农业部印发《农作物品种 DNA 身份鉴定体系构建实施方案》中指出“现代种业是国家战略性、基础性核心产业，品种创新是现代种业发展的核心，品种保护与管理是品种创新的必要保障。目前，生物技术的快速发展，移动互联、大数据引发的产业变革，为品种管理 向田间表型身份鉴定与室内基因型（DNA，即脱氧核糖核酸）身份鉴定相结合的方向发展提供了有力的技术支撑。”，因此构建品种 DNA 身份鉴定体系是加强种子管理的需要、保障市场公平竞争的需要、保护农民合法权益的需要、提升品种创新能力的需要、推进种业信息化发展的需要。

芒果（Mangifera indica L.）素有“热带果王”之美誉，是世界上著名的热带水果，据世界粮农组织（FAO）统计，2016 年全世界芒果实际收获面积和产量分别为9616.6 万亩和5127.9万吨；芒果亦是我国重要的热带水果之一，在面积上仅次于香蕉、荔枝和龙眼，居第四位，据农业部南亚办数据，2019 年全国芒果种植面积达484.2万亩，产量278.2 万吨（台湾未计入），产值190.3 亿元。

但是我国在种业知识产权保护上落后，尤其热带作物大多属于长期栽培作物(乔木、灌木)，按常规DUS 测试方法，一个新品种从申请到授予新品种权会长达3～5 年甚至更长时间，大部分热带作物尚未将分子标记、 DNA 指纹图谱等现代生物技术应用在热带作物新品种测试中。因此，本标准利用一种新型的分子标记技术—多核苷酸多态性（multiple nucleotide polymorphism，MNP）标记法，MNP 标记法具有准确、高效、通用等特点，可以用于植物品种权精准授权、打假与维权，为《种子法》的实施提供了可靠的标准手段。将品种真实性鉴定与实质性派生品种鉴定合二为一，有助于规范了种业知识产权、市场秩序、提升中国种业育种水平和国际竞争力。

（2）任务来源

根据农业农村部农产品质量安全监管司下达的关于2021年第一批农业国家和行业标准制修订项目计划的通知(农质标函[2021]76号)，承担《芒果品质鉴定 MNP标记法》行业标准制定（项目编号NYB-21062），由中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所承担行业标准的制定工作。

**（二）主要起草单位**

本标准由中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所、江汉大学为主要起草单位。

**（三）标准主要起草人及其所做的工作**

中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所、江汉大学等单位的人员参与了市场调研、文献查新、资料的收集整理、标记位点开发、检测技术研发、实验室比对、外部验证、田间表型与分子数据相关性验证、数据分析与处理、文本撰写等工作。

**表1. 主要起草人员信息及任务分工**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **姓名** | **单位** | **职称** | **分工** |
| 李琼 | 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所 | 研究员 | 标准申请、制定鉴定技术研发方案、起草标准文本。 |
| 何云 | 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所 | 副研究员 | 材料收集、标准修改。 |
| 洪青梅 | 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所 | 助理研究员 | 文献查新、外部验证、标准文本修改。 |
| 濮文辉 | 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所 | 副研究员 | 指纹数据库构建、数据分析与处理。 |
| 黄建峰 | 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所 | 副研究员 | 表型与分子数据验证、实验室比对、数据处理。 |
| 彭海 | 江汉大学 | 教授 | 分子育种/资料收集与整理、标记评价、标准修改。 |

**（四）主要工作过程**

中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所于2018年启动了芒果品种鉴定 MNP标记法研究工作，在海南省重点研发计划等项目的资助下，历经4年科学研究，通过芒果高通量化测序数据大规模筛选高多态性MNP标记，开发出了654个芒果MNP标记位点，建立起基于MNP标记的芒果品种鉴定技术体系。

2021年7月标准起草小组起草了《芒果品种鉴定 MNP标记法》初稿，起草过程中征询并吸收了检验、育种、企业、管理等各领域专家的意见。

**二、标准编制原则和确定标准主要内容**

**（一）标准编制原则**

**规范性原则：**本标准的制定符合法律法规，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 3543.1农作物种子检验规程 总则、NY/T 2440-2013植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 芒果、GB/T 6682 分析实验室用水规格和试验方法。

**适用性原则：**本规程的全部内容具有可操作性和适用性。

**统一性原则：**本规程与现行相关标准协调统一，不发生冲突。

**先进性原则：**本规程采用目前国际领先的品种鉴定技术MNP标记法，MNP标记法已应用于水稻、玉米、棉花、番茄、龙眼、猕猴桃等16种植物，具有普适性，成为了首个涵盖16种植物的国家标准，得到了管理部门、企业及科研单位的认可。MNP标记法结合多重PCR扩增和高通量测序技术，检测通量高、检测数据溯源性强；鉴定结果重复性和准确性高、不依赖于平行实验、实现了鉴定数据的共享。同时MNP标记法鉴定的知识产权、试剂及仪器等全链条实现了国产化，保证了我国品种DNA指纹鉴定领域不被国外卡脖子。

**（二）主要技术内容**

1、芒果MNP标记位点的筛选

芒果的基因组复杂，常规的SSR标记、SNP标记开发效率低、验证工作繁重，导致目前基于SSR标记的芒果品种鉴定还停留于科研阶段，满足不了品种真实性鉴定及实质性派生品种鉴定对标记准确性及标记数量的要求。

在芒果MNP标记筛选中，遵守扩增区多态性高、引物区保守、扩增区尽量选择单拷贝区域等引物筛选的通用原则；引物在参考基因组上的扩增长度不超过250 bp等其它特殊要求。以芒果基因组版本号GCA\_011075055.1为参考基因组序列，利用53个品种的重测序数据，一共筛选到654个MNP标记位点，平均每条染色体上含有31.4个标记位点，每条染色体上的标记位点数分布如图1所示。对这654个标记位点设计引物，引物详细信息见标准文本附录A中表A.1 芒果MNP标记引物。

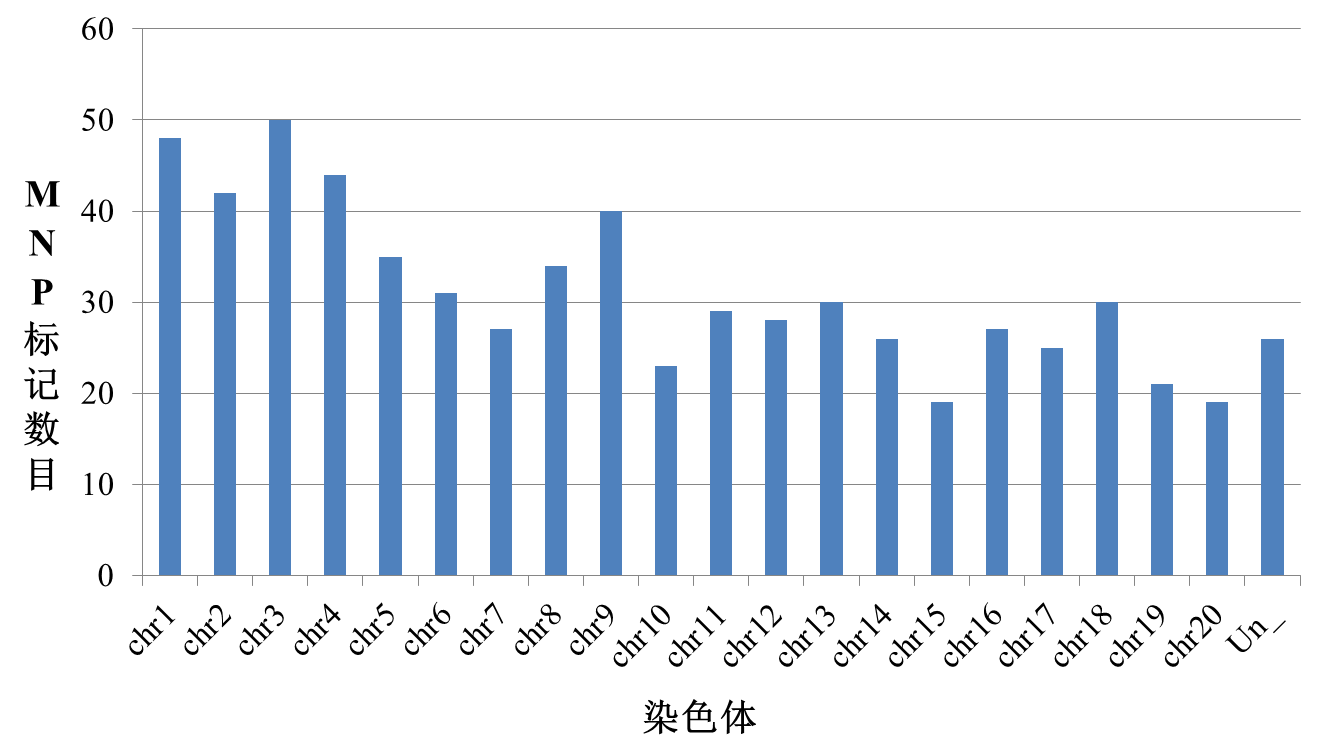


图1 MNP标记在芒果染色体上的分布数量（Un 表示未定位到染色体上的序列）

2、实验操作

本标准中多重扩增循环数在20个以下，处于线性增长期。采用二代高通量测序对扩增的线性产物进行检测，可以实现等位基因型间的相对定量。利用定量结果，可以排除实验室的气溶胶污染和少量杂株的影响。因此，本标准对防止气溶胶的污染要求并不是十分严格，只要求实验分区、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，降低了本标准实施条件的要求，使得本标准可以在更多实验室更方便地实施。

3、多重PCR扩增循环数

根据我们前期大量实验的结果，PCR循环数≤20个时，等位基因型的比例在重现性实验中保持稳定，可以避免由于过度扩增导致杂株等位基因型被判定为主基因型的问题，因此，本标准规定多重PCR循环数≤20个。

在标准制定过程中，人为地混合了将一个品种的DNA按1%，3%和5%三个比例混入到另一个品种1中，获得模拟混合品种2-4。利用本标准文本的方法，以品种1为对照品种，鉴定了品种2-4的真实性，结论均为“极近似品种或相同品种”，表明品种中5%以内的变异度基本不影响品种鉴定结果。

4、测序量与质量控制

《植物品种鉴定MNP标记法》国家标准（GB/T 38551-2020）已广泛应用于16中作物。该国家标准将测序量设置为700倍覆盖，在此覆盖倍数下，江汉大学已经检测了2万多份植物品种，几乎所有的植物品种的标记位点检出率都满足标准的要求。因此，本标准参照GB/T 38551-2020设置700倍的覆盖深度，在所检测的60个芒果品种中，标记检出率最低也达到了96.18%（图2和表2）。

图2 芒果的测序片段数量和标记位点的检出率。

设置检出位点的比例不低于95%以上，是为了防止在不同的实验中，检出位点变异较大，从而导致遗传相似系数计数在不同实验中相差较大，最终导致品种鉴定结论由于位点抽样的原因导致偏差较大。为了防止这一问题，本标准规定了样品测序数据对样品的标记位点的平均测序覆盖倍数不低于500倍，此时，测序的抽样误差已经很少，PCR扩增成功的位点基本被检出，可以保证不同实验的检出的标记位点基本没有抽样误差。

对于芒果这样的物种，目前遗传学研究还不够清楚，可能存在遗传结构上较为特殊的种质资源或品种，导致一次实验中检出率低于95%。为了应对这种可能出现的情况，本标准规定对于检出的标记位点低于95%的样品，要求从DNA提取开始重新实验，要求在两次不同的实验中，共同检出的标记位点的比例不低于95%，从而确保检出率低不是实验造成，而是由于遗传结构特殊造成，确保检出率的可重现性，从而控制标记位点的抽样偏差，保证利用本标准获得的品种鉴定实验结论的一致性。

5、本标准规定的MNP标记法的准确性

本标准的品种鉴定结论以遗传相似系数作为的依据，而遗传相似系数的计算又是根据品种间具有差异和相同基因型的标记位点的数目进行计算的。因此，品种鉴定的准确性最终取决于标记位点基因型分型的准确性。

由于真实值是未知的，因此，任何方法的绝对准确率是不可计算的。在实践中，要么将参考值假定为真实值计算准确率，要么利用精确度估计准确率。由于品种的标记位点基因型的参考值也是未知的，因此，我们利用三次重现性实验来计算精确度，进而计算分型的准确率，准确率=1-（1-精确度）/2。其中，精确度是指两次实验的分型结果一致的标记位点占所有标记位点的比例，重现性实验指不同人员、不同批次试剂、不同实验室下所做的两次独立实验。重现性实验模拟了不同批次的鉴定，重现率高意味着不同实验室的鉴定结果可以相互进行准确的比较。

为了检验芒果MNP标记法的准确性，对16个品种进行了重现性实验，重现性实验分别在江汉大学、热带作物科学院和三亚崖洲湾科技城共3家单位完成，每份品种分别构建了3次文库，编号-1、-2、-3；对不同实验室的文库测序分型结果进行两两比较。从表1可以看出，本项目重现性试验中共比较30976个MNP标记，MNP标记法对标记位点分型的准确率为99.99%。

本标准规定鉴定MNP标记位点为654个，那么在一次鉴定中，分型错误的标记位点不超过654×（1-99.99%）=0.07个，与遗传相似系数真实值比较，其偏差不超过0.01%。因此，采用本标准，不同实验室或者同一实验室的不同批次间的品种鉴定结论一致性高，因此，不必采用平行实验来降低实验误差。

不必采用平行实验来降低实验误差，意味着可以在不同来源的DNA指纹数据间进行精准比较，对于品种鉴定提供了极大的方便。首先，标准品种只需要检测一次获得DNA指纹后，就可以与标准品种DNA指纹进行比较，而不必反复提取标准品种，导致鉴定成本过高，程度过于复杂和时间过于漫长的问题，以及导致标准品种消耗过大和无标准品种可用的情况。第二，实现了待测品种DNA指纹与DNA指纹数据库中的成千上万个品种的精准比对，极大地方便了近似品种的准确筛选、品种权侵权对象鉴定、原始品种鉴定等应用。按传统方法，上述应用需要成千上万次平行实验，才能达到精准比对的效果，不具有现实可行性。

表1 芒果标记位点分型结果的重现性

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 品种名称 | 基于3个实验室的检测分型结果 | | | | |
| 比较的标记位点数目 | 基因型不同的标记位点数目 | 可重现的标记位点数目数 | 分型的精确度 | 分型的准确率 |
| 田阳香芒 | 1924 | 2 | 1922 | 99.90% | 99.95% |
| 金穗芒 | 1923 | 2 | 1921 | 99.90% | 99.95% |
| 秋芒 | 1932 | 0 | 1932 | 100.00% | 100.00% |
| 斯里兰卡芒811号 | 1944 | 0 | 1944 | 100.00% | 100.00% |
| 粤西1号 | 1944 | 0 | 1944 | 100.00% | 100.00% |
| 肯辛顿芒 | 1944 | 0 | 1944 | 100.00% | 100.00% |
| 扁桃芒 | 1909 | 2 | 1907 | 99.90% | 99.95% |
| 红象牙芒 | 1945 | 1 | 1944 | 99.95% | 99.97% |
| 白象牙芒 | 1937 | 1 | 1936 | 99.95% | 99.97% |
| 三年杧 | 1941 | 0 | 1941 | 100.00% | 100.00% |
| 黄象牙芒 | 1928 | 2 | 1926 | 99.90% | 99.95% |
| 台农1号 | 1956 | 0 | 1956 | 100.00% | 100.00% |
| 红芒6号（吉禄、吉尔） | 1947 |  | 1947 | 100.00% | 100.00% |
| 台农2 | 1950 | 0 | 1950 | 100.00% | 100.00% |
| 吕宋芒 | 1926 | 2 | 1924 | 99.90% | 99.95% |
| 串芒 | 1926 | 0 | 1926 | 100.00% | 100.00% |
| 合计 | 30976 | 8 | 30968 | 99.97% | 99.99% |

6、本标准规定的MNP标记法的芒果品种鉴定能力

品种鉴定标准的核心任务是利用检测的标记位点对待测品种和对照品种进行区分。有两个重要因素影响了品种鉴定的核心任务，第一，单个标记的区分能力越强，该标记法区分品种的能力就越强；第二，使用的标记数目越多，该标记法的品种区分能力就越强。

我们利用60个芒果品种，分析这654个MNP标记位点的等位基因型数量，其结果见图3。从图3可以看出，MNP标记的等位基因型数最大值为14个，平均每个MNP标记拥有6.75个等位基因型，显示了MNP标记具很高的多态性，说明MNP标记具有很强的品种区分能力。

图3 芒果MNP标记等位基因型数目分布

实践中，我们利用MNP标记法对54份主栽芒果品种进行真实性鉴定，平均每个品种中检出646个MNP标记，平均检出率为98.72%（表2），满足标准规定的要求；分析每对芒果品种间差异的MNP标记比例，共得到1431对比较结果。将每对品种间差异的MNP标记的比例称为品种间距离，品种间距离直接显示了MNP标记对品种的区分能力。结果显示，除吕宋芒与其实生后代田阳香芒差异1个MNP标记位点外，任意品种间至少差异205个MNP标记，品种间平均距离达77.49%（图4），说明该套芒果MNP标记具有很强的品种区分能力，可以区分99.93%的任意品种组合。

实质性派生品种的鉴定需要计算遗传相似系数，因此，使用的标记位点数目要足够才能准确计算遗传相似系数。国际种子联盟（ISF）要求使用300个以上的SSR标记用于实质性派生品种判定。在水稻品种中已经证明MNP标记多态性高于SSR标记，且本标准中使用的标准数量达到654个，因此，对于实质性派生品种的判定也是足够的。

表2 54个主栽芒果品种中MNP标记位点检出情况统计表

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **品种名称** | **MNP标记位点** | |
| **检出数目** | **检出率** |
| 金穗芒 | 642 | 98.17% |
| 秋芒 | 645 | 98.62% |
| 斯里兰卡芒811号 | 648 | 99.08% |
| 粤西1号 | 648 | 99.08% |
| 肯辛顿芒 | 649 | 99.24% |
| 扁桃芒 | 636 | 97.25% |
| 红象牙芒 | 648 | 99.08% |
| 白象牙芒 | 646 | 98.78% |
| 三年杧 | 647 | 98.93% |
| 黄象牙芒 | 644 | 98.47% |
| 台农1号 | 652 | 99.69% |
| 红芒6号(吉禄、吉尔) | 649 | 99.24% |
| 吕宋芒 | 642 | 98.17% |
| 串芒 | 644 | 98.47% |
| 贵妃芒 | 647 | 98.93% |
| 绿皮芒 | 646 | 98.78% |
| 小鸡芒 | 642 | 98.17% |
| 矮芒 | 647 | 98.93% |
| 景东晚芒 | 646 | 98.78% |
| 台农2 | 650 | 99.39% |
| 澳芒 | 651 | 99.54% |
| 汤米·阿京斯 | 644 | 98.47% |
| A4 | 646 | 98.78% |
| 椰香芒 | 648 | 99.08% |
| 红玉 | 645 | 98.62% |
| 白玉芒 | 643 | 98.32% |
| 四季芒 | 646 | 98.78% |
| 香花芒 | 644 | 98.47% |
| 桂热82（桂七芒） | 643 | 98.32% |
| 冬芒 | 632 | 96.64% |
| 桂热芒10号 | 648 | 99.08% |
| 东镇红芒 | 649 | 99.24% |
| 凯特芒 | 648 | 99.08% |
| 海南土芒 | 647 | 98.93% |
| 紫花芒 | 646 | 98.78% |
| 8017 | 645 | 98.62% |
| 田阳香芒 | 641 | 98.01% |
| 海豹 | 646 | 98.78% |
| 玉文 | 651 | 99.54% |
| 马切苏 | 649 | 99.24% |
| 桂香杧 | 644 | 98.47% |
| 南逗芒 | 645 | 98.62% |
| 海豹牙 | 648 | 99.08% |
| 龙眼香芒 | 645 | 98.62% |
| 乳芒 | 646 | 98.78% |
| 红凯特 | 648 | 99.08% |
| 杉林1号 | 649 | 99.24% |
| 苹果芒 | 646 | 98.78% |
| 玛丽卡 | 648 | 99.08% |
| 爱文杧 | 649 | 99.24% |
| 林生芒 | 629 | 96.18% |
| 龙井 | 641 | 98.01% |
| 金兴 | 650 | 99.39% |
| 金煌芒 | 647 | 98.93% |
| 平均值 | 646 | 98.72% |

图4 芒果品种间差异MNP标记比例分布

7、品种鉴定的遗传相似度判定阈值

（1）实质性派生品种的判定阈值

实质性派生品种的概念是由植物新品种保护联盟（UPOV）提出来的，UPOV以及我国立法的目的是鼓励品种的原始创新，解决模仿育种日趋严重的问题。其中，UPOV指出的模仿育种包括转基因、基因打靶、回交育种、从群体中选育突变体等方式培育的新品种。芒果一个世代的生长周期较长，因此，很难采用回交育种的方式培育实质性派生品种；芒果的遗传转化体系也还没有建立，因此，也没有办法采用转基因和基因打靶的方式培育实质性派生品种；根据育种实践，从芒果群体中选育突变体的育种方式也很少采用，主要采用开放授权后的实生苗进行育种。因此，综合来说，以目前的育种水平，几乎杜绝了芒果实质性派生品种的产生方式，绝大部分都是UPOV规则中认为不容易产生实质性派生品种的方式。事实性，从图4也可以看出，除一对芒果品种的差异0.5%外，其它芒果品种间的分子差异都在30%以上，因此，从目前的芒果品种来说，1%-30%都可以作为实质性派生品种的判定阈值。

ISF利用SSR标记判定玉米、大豆等物种的实质性派生品种时，较多采用遗传相似系数90%左右作为判定阈值。随着芒果育种技术的发展，未来也可能发展出来转基因、基因打靶等实质性派生品种育种技术，从而导致实质性派生品种的产生。然而，不论是转基因还是基因打靶，要在检测的654个标记位点中产生10%的变异，即意味着要定点改变65.4个标记位点，这是几乎不可能的。因此，利用10%的阈值作为实质性派生品种的判定标准，不仅可以适应当下，也可以适应未来，基本可以达到限制模仿育种，鼓励原始创新的立法目的。

值得说明的是，大多数作物如水稻品种生长周期短，回交育种容易，导致品种间遗传相似系数的分布是连续的，不能完全从科学上来制定实质性派生品种的判定阈值，需要在种业创新与种业稳定方面平衡，是一个自然科学加社会科学的综合性问题。最后，从目前的情况来看，芒果间遗传差异大，模仿育种不严重，因此，现在是实施实质性派生品种制度较好的时机，可以很好的达到“预防”模仿育种的效果；等到已有大量模仿育种出现（如水稻），再实施实质性派生品种制度，这种“治疗”式地解决模仿育种的方式对现有种业造成的冲击会大很多，实施的阻力也大很多。

(2) 品种真实性的判定阈值

《种子法》依据性状对新品种进行定义，即与已知品种间至少有一个性状的差异称为新品种。由于分子标记的差异与性状的差异之间的关系不是一一对应的关系，只能在一定概率保障下具有对应关系，即当分子标记差异较大时，高概率地保证至少有一个性状的差异，从而判定其为不同的品种。当分子标记差异较小时，有一定的概率保障为相同品种。然而，即使是差异为0个标记，也不能绝对保障两个品种间没有性状差异，因为分子标记是基因组上标记位点的抽样，可能还存在没有抽到的差异标记位点。事实上，即使从哲学的角度看，不存在绝对相同的两个品种，性状鉴定也不能保证鉴定完所有的性状。

基于以上理由，分子标记的判定阈值实际上就是一定概率保障的阈值，不是绝对意义上的相同品种与不同品种的划分界线，事实上，并没有一条可以完全区分相同与不同品种的阈值界线，因为二者的分布是部分重叠的。

因此，遗传相似度的阈值划分是具有一定的主观性的，除了与性状的关联因素考虑外，还需要考虑多种因素进行综合平衡，再取一个相对能够接受的值。我们在不同实验室由不同人采用不同的试剂和仪器按本标准的方法，验证了大量标记位点的分型数据的重现性，每个品种的标记分型重现性至少达到了99.95%（表1）。因此，若排除品种在种植过程中的自然遗传变异，两个品种判定为相同的阈值可以严格到99.95%。然而，品种培育出来后，在繁殖与生产过程中，总是存在遗传变异的，而且一定程度内的遗传变异是被容许的。因此，考虑到可容许的遗传变异，品种真实性的判定阈值应该低于99.95%。

现有的品种行业标准与国家标准的品种真实性的判定阈值大多为96%左右。从图4可以看出，在该阈值下，绝大部分（1430/1431=99.93%）不同芒果品种被判定为了“不同品种”，另有1（0.07%）对判定为了“极近似品种或相同品种”。如上所述，由于突变与诱变育种、转基因育种等方式的存在，确实存在性状上有明显差异但DNA上差异不明显的品种，从科学上是无法避免的。为了解决DNA鉴定与性状DUS测试之间的矛盾，在标准中规定了：对“近似品种”或“极近似品种或相同品种”的样品，可按NY/T 2440-2013进一步进行田间种植鉴定。上述解决方式也是DNA指纹鉴定中通用解决方式。

**三、主要试验（或验证）的分析、综合报告，技术经济论证，预期的经济效果**

1、主要实验（验证）结果分析

本标准的验证单位包括三亚明了生物科技有限公司、江汉大学和石家庄博瑞迪生物技术有限公司。三家单位根据标准中的方法分别对16个芒果品种的654个标记位点进行了检测，获得每个品种的每个位点的分型结果，将分型结果与中国热带农业科学院的分型结果进行比对，分型结果的重现率超过99.9%。

三家单位使用的试剂耗材、仪器设备等均不相同，说明本标准所列的方法在不同的实验室与实验条件下，结果具有高度可重现性，可以相互比对，十分有助于近似品种筛选、品种权侵权对象的鉴定、实质性派生品种的鉴定。

2、技术经济论证

本标准方法采用654个MNP标记位点对芒果品种进行真实性及实质性派生品种鉴定，用到的仪器设备除了高通量测序仪外都为实验室常规仪器，如离心机、PCR仪、移液器等，在目前测序服务日益普及的情况下，依据鉴定需求一次可以检测几个至成百上千个样品，使得鉴定工作灵活性强且效率高；同时MNP标记鉴定结果准确、重现性高，不同实验室的检测结果可相互比较，此外还能极大地调动企业、科研单位间共享构建的品种DNA指纹数据库，降低重复建库带来的资源浪费。所以本标准方法能为管理机构及企业在品种的授权、审定和市场监管等方面提供重要的技术支撑。

3、预期经济效果

2021年7月9日习近平总书记于中央全面深化改革委员会第二十次会议上通过的《种业振兴行动方案》中指出要加强种业知识产权保护，对假冒伪劣、套牌侵权等突出问题要重拳出击。2021年8月20日，种子法（修正草案）发布，修正草案重点扩大植物新品种权的保护范围及保护环节，并建立实质性派生品种制度，以从源头解决品种同质化问题。在此背景下，品种鉴定中迫切需要能同时满足品种真实性鉴定及实质性派生鉴定的分子标记鉴定方法。芒果MNP标记法及基于本标记方法构建的DNA指纹数据库将在我国芒果育种、新品种保护、市场监管、行政执法、企业质控等相关领域中推广应用，将大幅提高种子质量检验机构的检测收入水平。同时提高我国芒果产业的自主创新能力，提升我国芒果品种知识产权保护水平，提高执法的时效性和高效性，为我国热带水果产业的健康发展提供必要的技术支撑，进而产生较大的经济效益。

**四、采用国际标准和国外先进标准的程度**

无。

**五、与有关的现行法律法规和强制性标准的关系**

本标准编制过程中，与现行法律、法规和强制性标准不发生冲突，符合我国有关法律、法规和经济发展、科学技术发展的方针、政策的要求。目前国内暂无与本文件内容相关的强制性标准。

**六、重大分歧意见的处理经过和依据**

该标准在编制过程中无重大分歧意见。

**七、标准作为强制性标准或推荐性标准的建议**

建议作为推荐性标准予以颁布实施。

**八、贯彻标准的要求和措施建议**

本标准规定了利用MNP标记法检测芒果真实性时所采用的样本量、位点数、标记引物、仪器设备和检测及分析方法。为了使检测人员理解标准中的要求，最好由本文件的起草单位对检测人员进行理论和实操的培训，以更好地实施和应用标准。

**九、废止现行有关标准的建议**

无。

**十、其它需要说明的事项**

无。