

中国检验检疫科学研究院

项目进展简报

项目管理办公室 2012BAK11B00 第9期 2013年6月10日

“ 检疫性有害生物 DNA 条形码检测数据库建设及应用 ”

项目研究进展

本项目于 2013 年 5 月份，在数据库平台建设、序列获取、研究方法等方面都取得了一些成绩，部分课题内部还召开了年度小结与部署会议，现将工作进展分述如下：

一、项目组织与协调

1. “ 检疫性有害生物 DNA 条形码数据库平台建设及新型条形码技术研发 ” 到账经费 99 万，组织申报 14 项通用标准与规范，上传项目建议书与标准草案（2012BAK11B01）。

2. 2013 年 5 月 30 日，“ 植物检疫性昆虫、线虫与杂草 DNA 条形码检测技术与示范应用 ” 在宁波举办了研究进展汇报会，江苏局、上海局和宁波局课题主要参加人员参会。昆虫、杂草、线虫各小组总结了近期的研究进展，讨论存在的问题、下一阶段工作计划和经费使用管理情况，课题组成员达成共识，保障了课题的顺利进行（2012BAK11B03）。

二、样品收集情况

1. 2013年6月赴湖南采集植物病原真菌以及细菌样品，并新引进真菌菌株30株（2012BAK11B02）。

2. 2013年4月下旬，赴陕西采集昆虫标本，并与西北农林科技大学植保学院陈茂华教授开展检疫性蛾类DNA条码研究进展研讨（2012BAK11B03）。

3. 收集旋毛虫材料5份（2012BAK11B04）。

4. 赴海南尖峰岭、七仙岭、吊罗山、三亚采样，获得蝇类三个科，共8500余头；获得蜚蠊十个属，30余种，500余头。赴二连浩特采集鼠类样品6个种，20只（2012BAK11B05）。

5. 收集检疫性实蝇和真菌样品20余种（2012BAK11B06）。

三、研究进展

1. 完成了条码数据单独录入工作，目前处于测试阶段。批量录入数据部分由微生物所继续开发。后续工作已全部交接给中科院微生物所（2012BAK11B01）。

2. 对病菌的ITS基因、EF基因进行测序，新测得序列50条，并在以往测序基础上基于ITS基因、EF基因对*Leptosphaeria lindquistii*进行初步的系统进化和亲缘地理分析。根据QBOL植物病原细菌鉴定分类标准，针对Gyrb、Rbol基因验证在不同属内进行细菌鉴定分类的可行性。利用本课题筛选的Cpn60基因从台湾进境石斛兰中检测到**burklolder gladioli**病原细菌。针对五个病毒属设计了通用引物序列并正在开展验证工作。

(2012BAK11B02)。

3. 获得检疫性蛾类及近似种标本 11 种，测得序列 45 条

(2012BAK11B03)。

4. 获取异尖线虫、对盲囊线虫、宫脂线虫等材料的 ITS2 序列 82 条，ITS1 序列 84 条，COI 序列 66 条，18S rRNA 序列 53 条，COII 序列 89 条 (2012BAK11B04)。

5. 提取蝇类以及蜚蠊样品 42 头，测序 126 条，分析序列 300 余条。获得鼠类 DNA 条形码 31 条 (2012BAK11B05)。

6. 整理昆虫、真菌已有 ITS、COI 序列，准备提交；继续优化真菌、昆虫微量核酸扩增方法 (2012BAK11B06)。

四、研究成果

1. 投稿论文 1 篇 (Forest Pathology 杂志)，并已接受 (2012BAK11B02)。

2. 预备申请专利 3 个，撰写论文 4 篇 (2012BAK11B05)。