



# 中华人民共和国出入境检验检疫行业标准

SN/T 5133—2019

## 枣大球蚧及近似种 DNA 条形码鉴定方法

DNA barcoding for *Eulecanium gigantea* and related species

行业标准信息服务平台

2019-09-03 发布

2020-03-01 实施

中华人民共和国海关总署 发布

## 前　　言

本标准按照 GB/T 1.1—2009 给出的规则起草。

本标准由中华人民共和国海关总署提出并归口。

本标准起草单位：中华人民共和国太原海关、中华人民共和国运城海关、山西省运城市盐湖区植物保护检疫站。

本标准主要起草人：李惠萍、刘晓琳、刘艳俊、高媛惠、杨营业、王琳、毛本前、高浩、刘海峰。

行业标准信息服务平台

# 枣大球蚧及近似种 DNA 条形码鉴定方法

## 1 范围

本标准规定了枣大球蚧及近似种 DNA 条形码鉴定方法。

本标准适用于枣大球蚧及近似种基因组的提取、DNA 条形码序列的扩增、序列核查比对及基于 DNA 条形码的种类鉴定。

## 2 规范性引用文件

下列文件对于本文件的应用是必不可少的。凡是注日期的引用文件,仅注日期的版本适用于本文件。凡是不注日期的引用文件,其最新版本(包括所有的修改单)适用于本文件。

GB/T 6682 分析实验室用水规格和试验方法

## 3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

### 3.1

#### DNA 条形码 DNA barcodes

DNA 条形码是生物体内一段较短的、标准的、有足够变异的且易扩增的基因片段,在昆虫中,一般是指线粒体 COI 基因上 5' 端的一段序列。

### 3.2

#### COI 基因 COI gene

COI 基因是线粒体基因组的细胞色素 C 氧化酶亚基 I(Cytochrome c oxidase subunit I)的编码基因,该基因进化速率较快,常用于分析亲缘关系密切的种、亚种及地理种群之间的系统关系。

### 3.3

#### DNA 条形码鉴定 DNA barcoding

通过对 DNA 条形码基因片段的扩增和序列比对,进行生物物种的区分和鉴定。

### 3.4

#### 序列相似性 Similarity of the sequences

反映序列间相似程度的数值,一般以百分数表示。

## 4 缩略语

下列缩略语适用于本标准

CTAB:Cetyltrimethylammonium bromide,十六烷基三甲基溴化铵。

PCR:Polymerase chain reaction,聚合酶链式反应。

DNA:Deoxyribonucleic acid,脱氧核糖核酸。

COI: Cytochrome C Oxidase I,线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I。

## 5 枣大球蚧及近似种的基本信息

中文名:枣大球蚧

学名:*Eulecanium gigantea*

英文名:Gigantic globular scale

近似种:皱大球蚧 *Eulecanium kuwanai*、朝鲜毛球蚧 *Didesmococcus koreanus*、沙里院褐球蚧 *Rhodococcus sariuoni*、水木坚蚧 *Parthenolecanium corni*。

分类地位:枣大球蚧属半翅目 Hemiptera,蚧科 Coccidae,大球蚧属 *Eulecanium* Cockerell。

枣大球蚧与皱大球蚧 *E. kuwanai*、朝鲜毛球蚧 *D. koreanus*、沙里院褐球蚧 *R. sariuoni*、水木坚蚧 *P. corni* 在形态上相似,难以区分,这类蚧虫多分布于温带地区,主要危害经济林木、绿化植物、景观花卉等,通过吸食植物汁液,分泌蜜露,导致植物生长衰弱和枯死,枣大球蚧与近似种均固定在寄主植物上危害,可随寄主作远距离传播。

## 6 方法原理

利用一对特定引物对球蚧类蚧虫线粒体 DNA 中的 COI 基因片段进行扩增和测序,获得到长度约为 750 bp 的 DNA 序列,对该序列进行核查、校对和处理后得到有效序列,跟 NCBI 数据库中相应的序列进行比对,根据序列的相似度实现物种确定的目的。

## 7 仪器及试剂耗材

### 7.1 仪器

常规 PCR 仪、核酸蛋白分析仪、电泳仪、凝胶成像系统、生物安全柜、高压灭菌锅、显微镜、电子天平(量程 1/10 000)、眼科手术剪(10 cm 直尖头)、水浴锅、恒温磁力搅拌器、漩涡混合仪、制冰机、纯水仪、干燥箱、冰箱、离心机(最大离心力大于 14 000 g)、微量移液器(0.5 μL, 2 μL, 10 μL, 20 μL, 100 μL, 200 μL, 1 000 μL)。

### 7.2 试剂、耗材

除另有规定外,所有试剂均为分析纯或生化试剂。

CTAB 提取液(参见附录 A)、超纯水(应符合 GB/T 6682)、无水乙醇、Tris 饱和酚、TE 缓冲液、蛋白酶 K、氯仿、异戊醇、异丙醇、75% 乙醇、DNA 聚合酶、dNTP、6× DNA 上样缓冲液、DNA 分子量标准、琼脂糖、溴化乙锭(EB)、TAE 电泳液、胶回收试剂盒。

PCR 管(0.2 mL, 1.5 mL)、无粉一次性手套。

### 7.3 引物

目标基因	引物名称	引物序列(5'-3')	扩增片段
COI	C1-1554_F	CAGGAATAATAGGAACATCAATAAG	750 bp 左右
	C1-2342_R	ATCAATGTCTAATCCGATAGTAAATA	

## 8 核酸提取与浓度、纯度测定

### 8.1 样品处理

在显微镜下,取单头未被寄生的虫体(无水乙醇中保存),用无水乙醇洗净,常温晾干。

### 8.2 DNA 提取

将上述样品置于已灭菌的 1.5 mL 洁净离心管中,加入 CTAB 提取液 180 $\mu$ L,充分剪碎,加入 20  $\mu$ L 蛋白酶 K,按酚氯法(参见附录 B)或试剂盒进行基因组 DNA 的提取。

### 8.3 DNA 纯度与浓度的测定

用微量核酸蛋白分析仪测定 DNA 的纯度与浓度,选择浓度为 50 ng/ $\mu$ L~200 ng/ $\mu$ L,纯度 OD260/OD280 比值为 1.8~2.0 的 DNA 进行扩增反应。

## 9 PCR 扩增与序列分析

### 9.1 PCR 扩增

PCR 扩增反应体系为 25  $\mu$ L,体系配制(参见附录 C)。PCR 反应条件为:95 °C 3 min 预变性;5 个循环(94 °C 40 s,41 °C 40 s,72 °C 60 s),35 个循环(94 °C 30 s,52 °C 50 s,72 °C 60 s);72 °C 10 min 延伸。PCR 产物于 4 °C 冰箱保存,如放置时间较长可放-20 °C 保存备用。

### 9.2 琼脂糖凝胶电泳

取 3xDNA 上样缓冲液 4 $\mu$ L,与 2  $\mu$ LPCR 产物混匀,用 1% 琼脂糖凝胶,在电压 140V 条件下,电泳 35 min~40 min,EB 染色,通过凝胶成像系统观察、拍照。

### 9.3 PCR 产物回收和测序

将电泳检测后以相同模板扩增的两管 PCR 剩余产物合并共计 46  $\mu$ L,进行电泳,利用胶回收试剂盒纯化回收,将回收产物或 PCR 扩增原液送测序公司测序。

### 9.4 序列数据的处理

测序获得长度约 750 bp 的序列,通过序列编辑软件(MEGA 6.0)对该序列进行碱基核对,去除两端峰形杂乱的序列,选择峰形整齐的、方向与 PCR 扩增正向引物方向一致的一段序列,作为确定物种的查询序列(参见附录 D)。

## 10 结果判定

将查询序列与 NCBI 数据库中序列比对,相似度最高的 10 条序列为相同物种,且最大相似度在 98%以上(见附录 E),可判定为该物种。

## 11 标本及原始数据保存

### 11.1 标本保存

虫样标本置于无水乙醇中,在 4 °C 保存;核酸样品在-20 °C 条件下保存。样品要标明来源,寄主,

采集时间、地点及采集者。

## 11.2 原始数据保存

样品检测结束后,其原始记录单和检验报告或证书须归档,妥善保管,以备复验、谈判和仲裁。

行业标准信息服务平台

附录 A  
(资料性附录)  
**CTAB 提取液配制方法**

- A.1 称取 6.00 g 固体 CTAB( $W/V=3\%$ )，16.36g 固体 NaCl( $1.4 \text{ mol} * \text{L}^{-1}$ )，2.00 g 固体 PVP(聚乙烯吡咯烷酮)( $W/V=1\%$ )于 300 mL 烧杯中。
- A.2 加 150 mL 水于前述，在恒温磁力搅拌器上，遂渐加热，同时连续搅拌，待固体充分溶解后，再加入 8 mL EDTA-Na( $0.5 \text{ mol} * \text{L}^{-1}$   $\text{PH}=8.0$ )，20 mL Tris-HCl( $1 \text{ mol} * \text{L}^{-1}$   $\text{PH}=8.0$ )，充分混匀。
- A.3 将烧杯中液体转入 200 mL 容量瓶中，加入 0.4 mL  $\beta$ -巯基乙醇( $V/V=0.2\%$ )，定容至 200 mL，混匀。
- A.4 将容量瓶中的液体转入试剂瓶，高压蒸汽灭菌后，室温保存。

行业标准信息服务平台

## 附录 B

(资料性附录)

### 酚氯法提取蚧虫基因组 DNA 的操作程序

- B.1** 取单头虫体(无水乙醇中保存)在显微镜下用无水乙醇洗净虫体;常温下晾干虫体。用 70% 酒精棉擦拭干净眼科手术剪,晾干手术剪后备用。
- B.2** 将晾干的虫体置于 1.5 mL 离心管中,加入 180  $\mu$ L CTAB 提取液,再用眼科手术剪充分剪碎虫体。
- B.3** 加入 20  $\mu$ L 蛋白酶 K,于 65 ℃ 左右水浴过夜或 12h,期间可振荡数次,充分裂解。温浴结束,10 000 r/min 离心 15 min。
- B.4** 取上清液至新的 1.5 mL 离心管中,分别加入上清液的一半体积的氯仿异戊醇(氯仿 : 异戊醇 = 24 : 1)和一半体积的 Tris 饱和酚,12 000 r/min 离心 10 min。
- B.5** 取上清液于新的 1.5 mL 离心管中,重复 B.4 一次。
- B.6** 取上清液于新的 1.5 mL 离心管中,加入等体积的异丙醇(异丙醇实验前放入 -20 ℃ 冰箱冷冻),轻微混匀放入 -20 ℃,30 min 后,12 000 r/min 离心 20 min;弃液。
- B.7** 加入 500  $\mu$ L 75% 乙醇洗涤沉淀,12 000 r/min 离心 5 min,如有明未洗干净的杂质,再重复洗 1—2 次,晾干后用 30  $\mu$ L~50  $\mu$ L TE 缓冲液溶解沉淀,4 ℃ 保存,不立即使用的可 -20 ℃ 保存备用。

**附录 C**  
**(资料性附录)**  
**枣大球蚧及近似种 DNA 条形码扩增体系配制**

C.1 枣大球蚧及近似种扩增试剂采用的是 TaKaRa LA Taq 酶,体系体积为 25  $\mu\text{L}$ 。

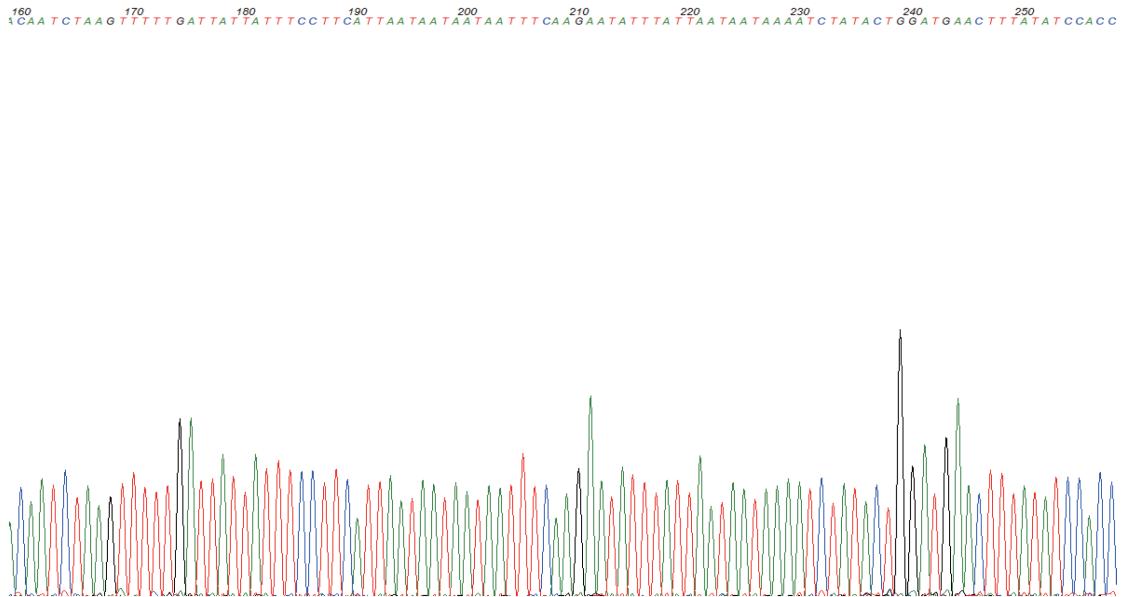
C.2 25  $\mu\text{L}$  体系各组分配比见表 C.1

**表 C.1 体系各组成成份及配比**

组分名称	体积 $\mu\text{L}$
10xLA PCR Buffer II ( $\text{Mg}^{2+}$ free)	2.5
Mgcl <sub>2</sub>	2.5
dNTP	4
正向引物(10 pmol/ $\mu\text{L}$ )	1.5
反向引物(10 pmol/ $\mu\text{L}$ )	1.5
Taq DNA 聚合酶(5 U/ $\mu\text{L}$ )	0.25
模板(50~200 ng/ $\mu\text{L}$ )	2
ddH <sub>2</sub> O	10.75

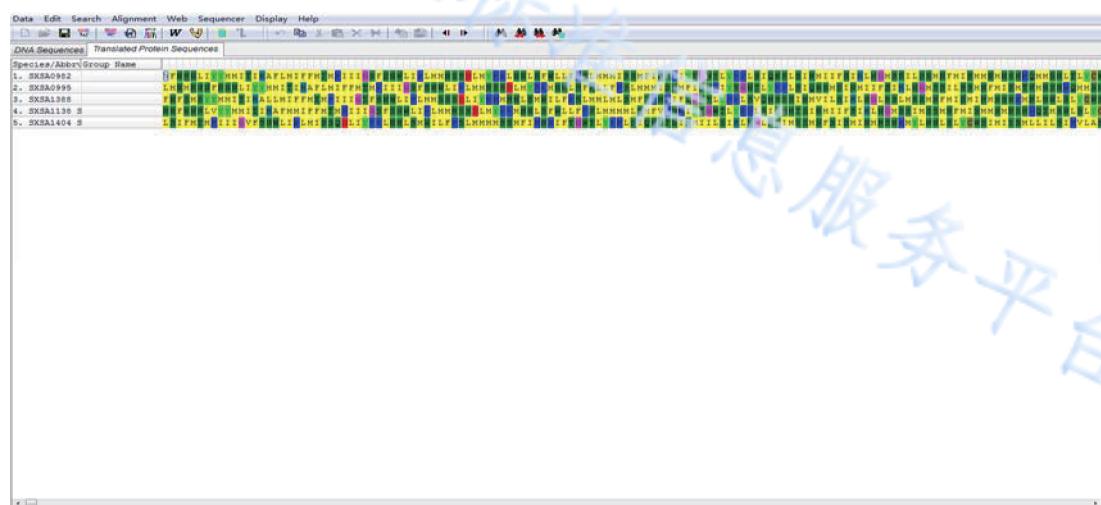
**附录 D**  
**(资料性附录)**  
**序列有效性**

**D.1** 如图 D.1 所示,有效序列段峰高、基部杂峰少且低的序列,且长度 750 bp 左右。



**图 D.1 原始峰图**

**D.2** 通过对原始序列进行处理,获取有效序列后,打开 MEGA 软件选择 Align 进入 Edit/Build Alignment 选择 creat a new alignment 点击 OK 进入 DNA。调入有效序列后选择 Translated Protein Sequences 进入 Invertebrate Mitochondrial 点击 OK,完全翻译成氨基酸见图 D.2。



**图 D.2 有效序列完全翻译成氨基酸图**

**附录 E**  
**(规范性附录)**  
**枣大球蚧及近似种 COI 参考序列**

**国际通用数据库中枣大球蚧及近似种 DNA 条形码序列**

中文名	学名	GenBank 登陆号	变异范围
枣大球蚧	<i>Eulecanium gigantea</i>	KJ98521.1、KJ98531.1、 KJ908511.1、KJ908489.1、 KR001893.1、MG674175、 MG674176、MG674177、 MG674178、MG674179	99.8%~100%
皱大球蚧	<i>Eulecanium kuwanai</i>	KJ908609、KJ908635.1、 KJ908645.1、KJ905603.1、 KJ908597.1、KJ908585.1、 KP189954.1、KP189964.1、 KP189962.1、KP189953.1	98.9%~100%
沙里院褐球蚧	<i>Rhodococcus sariuoni</i>	KP189909.1、KP189921.1、 KP189916.1、KP189911.1 MG817435、MG817436 MG817437、MG817438 MG817439、MG817440	99.4%~100%
朝鲜毛球蚧	<i>Didesmococcus koreanus</i>	KP189907.1、KP189895.1 KP189906.1、KP189900.1 MG817428、MG817429 MG817430、MG817431 MG817432、MG817433	99.9%~100%
水木坚蚧	<i>Parthenolecanium corni</i>	KY085291.1、KY085296.1、 KY085133.1、KY085132.1 KY085284.1、KY085283.1 JQ795616.1、KP189848.1 MG817447、MG817446	99.4%~100%

## 参 考 文 献

- [1] Ratnasingham S, Hebert P. Bold: The Barcode of Life Data System. Molecular Ecology Notes. 2007, 7(3): 355-364.
- [2] Ratnasingham S & Hebert PDN. BOLD: The barcode of life data system (<http://www.barcodinglife.org>). Molecular Ecology Notes, 2007, 7 (3): 355-364.
- [3] Hebert P, Ratnasingham S, deWard J. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proc. R. Soc. Lond. B Biol Sci. 2003, 270: S96-S99.
- [4] Deng J, Yu F, Zhang T X, et al. DNA barcoding of six Ceroplastes species (Hemiptera: Coccoidea: Coccidae) from China. Molecular Ecology Resources, 2012, 12(5): 791-796.
- [5] Park D S, Suh S J, Oh H W, et al. Recovery of the mitochondrial COI barcode region in diverse Hexapoda through tRNA-based primers. BMC Genomics, 2010, 11(1): 1-7.
- [6] 汤枋德,1991.中国蚧科.山西:山西高校联合出版社.145-221.
- [7] 谢映平,1998.山西林果蚧虫.北京:中国林业出版社. 22-65.
- [8] 李惠萍,王静慧,张龙霞,刘海峰,刘晓琳.一种球蚧类蚧虫基因组DNA提取方法[J].环境昆虫学报,2014,36(2) :182-187.
- [9] 石晶晶,李惠萍,谢映平,林彦伯,刘艳俊,毛本前.基于分子标记COI、28S和18S对新菠萝灰粉蚧与菠萝灰粉蚧的识别鉴定[J].植物检疫,2016,30(3) :48-52.