

SN

中华人民共和国出入境检验检疫行业标准

SN/T 4626—2016

DNA 条形码物种鉴定操作规程

Protocol for species identification based on DNA barcode databases

2016-08-23 发布

2017-03-01 实施



中 华 人 民 共 和 国
国家质量监督检验检疫总局 发 布

前 言

本标准按照 GB/T 1.1—2009 给出的规则起草。

本标准由国家认证认可监督管理委员会提出并归口。

本标准起草单位：中国检验检疫科学研究院、国家质检总局信息中心、山东出入境检验检疫局。

本标准主要起草人：陈岩、张燕平、迟海英、赵文军、吴绍强、朱水芳。

DNA 条形码物种鉴定操作规程

1 范围

本标准规定了我国检疫性有害生物 DNA 条形码鉴定系统的鉴定流程。

本标准适用于我国动物、植物与口岸卫生检疫性有害生物的 DNA 条形码物种鉴定。

2 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

2.1

DNA 条形码技术 DNA barcoding

利用标准化的、有足够变异的、易扩增且相对较短的基因片段,用于物种鉴定和新种发现的生物身份识别技术。

2.2

中国检疫性有害生物 DNA 条形码鉴定系统 DNA barcode appraisal system on Chinese quarantine pests

网址 <http://www.qbol.org.cn>。

2.3

S 值与 E 值 S-score and E-value

S 值(S-score)表示两条 DNA 序列(查询序列和目标序列)的相似程度,分值越高表明它们之间相似的程度越大。E 值(E-value)是 S 值可靠性的评价。E 值表示在随机情况下,其他目标序列与查询序列的相似度要高于查询序列和目标序列相似度的可能性。E 值越低,S 值越可靠,也就是说目标序列和查询序列相似度越高。当 E 值小于 10^{-5} 时,表明两序列有较高的相似性。

2.4

FASTA 格式 FASTA format

在生物信息学中,一种基于文本用于表示核苷酸序列或氨基酸序列的格式。在这种格式中碱基对或氨基酸用单个字母来编码,且允许在序列前添加序列名和注释。序列文件的第一行是由大于号“>”开始,用于序列标记。从第二行开始为序列信息,只允许使用既定的核苷酸或氨基酸编码符号。通常核苷酸符号大小写均可,而氨基酸只用大写字母。

注:示例参见附录 A。

2.5

DNA 条形码 DNA barcodes

CO1:线粒体细胞色素 c 氧化酶亚基 1,动物 DNA 条形码

ITS:内转录间隔区,真菌和植物 DNA 条形码

rbcL:叶绿体基因,植物 DNA 条形码

matK:叶绿体基因,植物 DNA 条形码

16S:16S 核糖体 RNA,细菌 DNA 条形码

3 DNA 条形码物种鉴定策略

3.1 Blast 鉴定

BLAST(Basic Local Alignment Search Tool)基于局部序列比对,对数据库进行快速搜索,其特点是仅搜索序列之间高度相似的区域,可以兼顾到搜索的精确性和搜索速度,是目前应用最广泛的序列相似性搜索工具之一。BLAST 的运行方式是先用目标序列建立数据库,数据库里面的每一条序列为目标序列,然后用查询序列与数据库中的目标序列做两两序列局部比对,从而得到全部比对结果。

3.2 BLAST 判定标准

首先构建标准的参考数据库,参考数据库需包含要鉴定物种的样品,在一定的 E 值下对数据库进行 BLAST 搜索,如果查询序列的最佳匹配均为目标物种的不同样品,不包含其他物种的样品,则认为与该查询序列最接近的物种是目标物种。

4 系统鉴定流程

4.1 登录平台主页 <http://www.qbol.org.cn>,点击“物种识别”导航条,进入物种识别页面。参见附录 B。

4.2 在鉴定框内输入 FASTA 格式(或纯文本格式)序列后,点击“提交鉴定”,系统进行 BLAST 后,自动生成鉴定结果。参见附录 C。

4.3 研究结果判定: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,可明确判定为该物种;否则辅以其他鉴定方法。

附 录 A
(资料性附录)
FASTA 格式文件

FASTA 格式文件示例如下:

>*Solenopsis invicta*

```
TGGTCAACCAAACATAAAGATATTGGAATTTTATATTTTATTCTTGCAATTTGAGCAGG
AATAATTGGATCATCTATAAGAATAATCATCCGATTAGAACTAGGATCTTGTAATTCTC
TAATTAATAATGATCAAATCTACAACCTTAGTTACTAGACACGCTTTTATTATAATT
TTTTTTATAGTTATGCCCTTCATAATTGGAGGATTTGGAAATTTCTTAGTGCCCTTAATA
CTTGGGTCCCCCGATATGGCCTATCCTCGAATAAATAATATAAGATTTTGACTTCTGCCAC
CTTCTCTAACTCTTTTACTTATCAGAAGATTTATTAACAGAGGAGTAGGAACAGGATGAA
CTATCTACCCACCATTAGCCTCCAATATTTTTTCACAGAGGGGGCTCTATTGATCTATCTAT
TTTTTCCTTACATATCGCCGGAATATCATCAATTTTAGGAGCTATTAATTTTATTTCTAC
AATCATTAACATACACCATAAAAAATTTTACTATAGATAAAAATCCCCCTACTAGTTTGAT
CTATCCTTATTACAGCCATTCTTCTTTTACTTTCACTCCCAGTTCTTGCAGGAGCTATTA
CAATATTACTAACTGACCGTAATTTAAACACCTCCTTCTTCGATCCCTCAGGAGGAGGA
GATCCCATTTCTATACCAACATTTATTCTGATTTTTTTGGTCACCTGAAAGTTAAA
```



SN/T 4626—2016

附 录 B
(资料性附录)
物种识别页面

物种识别页面示例如图 B.1 所示。

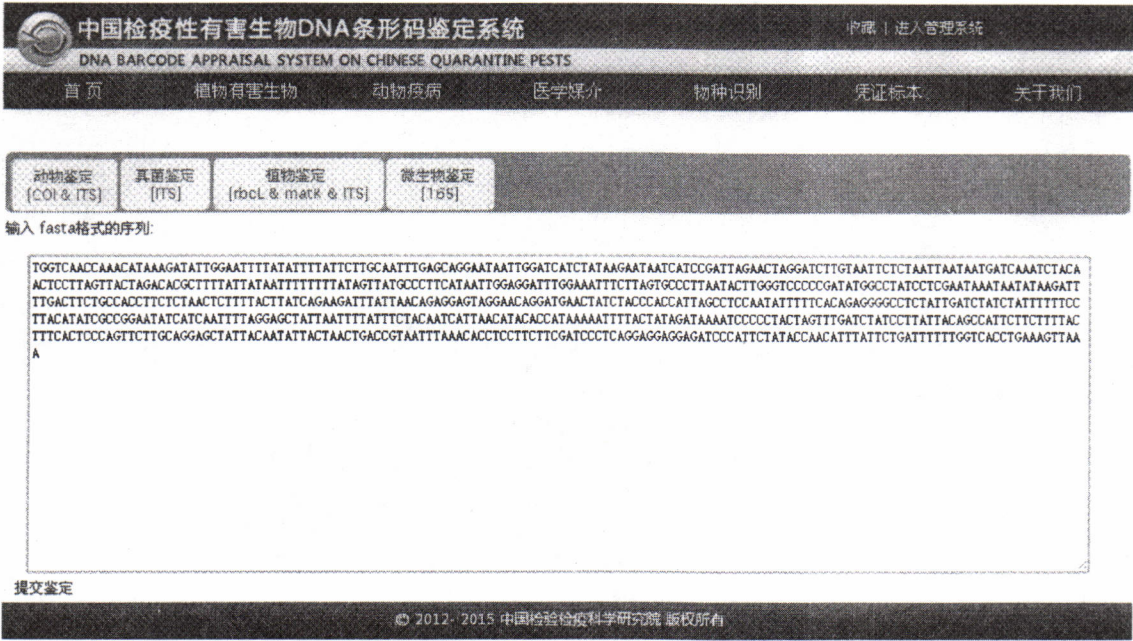


图 B.1 物种识别页面示例

附 录 C
(资料性附录)
鉴定结果页面

鉴定结果页面示例如图 C.1 所示。

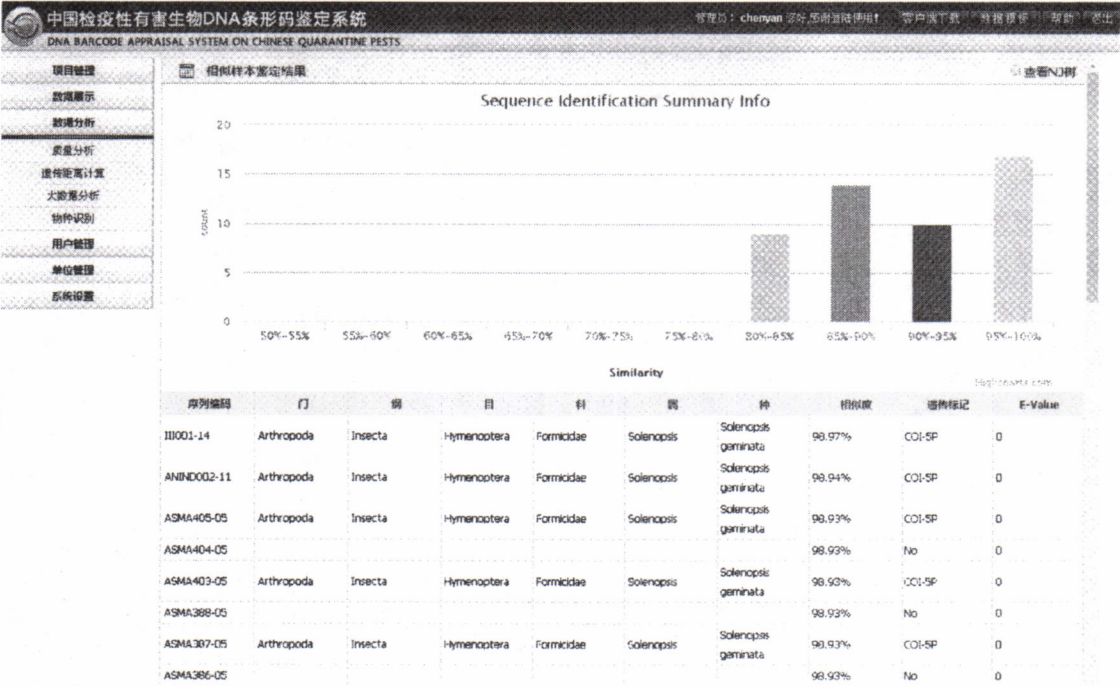


图 C.1 鉴定结果页面示例

SN/T 4626—2016

参 考 文 献

- [1] Tautz D., Arctander P., Minelli A. et al. A plea for DNA taxonomy. *TRENDS in Ecology and Evolution*. 2003, 18(2): 70-74.
 - [2] Hebert P., Ratnasingham S., de Waard 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.
 - [3] Hebert P., Cywinska A., Ball S., et al. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lond. B Biol Sci.* 2003, 270: 313-321.
 - [4] Ratnasingham S., Hebert P. Bold: The Barcode of Life Data System. *Molecular ecology notes*. 2007, 7(3): 355-364.
 - [5] <http://www.boldsystems.org/>
 - [6] <http://www.q-bank.eu/>
-

中华人民共和国出入境检验检疫
行 业 标 准
DNA 条形码物种鉴定操作规程
SN/T 4626—2016

*

中国标准出版社出版
北京市朝阳区和平里西街甲2号(100029)
北京市西城区三里河北街16号(100045)
总编室:(010)68533533

网址 www.spc.net.cn

中国标准出版社秦皇岛印刷厂印刷

*

开本 880×1230 1/16 印张 0.75 字数 14 千字
2017 年 12 月第一版 2017 年 12 月第一次印刷
印数 1—500

*

书号: 155066 · 2-32283 定价 16.00 元



SN/T 4626—2016