

SN

中华人民共和国出入境检验检疫行业标准

SN/T 4280.1—2015

国境口岸红头丽蝇 DNA 条形码鉴定方法

**DNA barcoding identification of *Calliphora vicina* Robineau-Desvoidy,
1830 at the frontier port**

2015-05-26 发布

2016-01-01 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

本部分按照 GB/T 1.1—2009 给出的规则起草。

本部分由国家认证认可监督管理委员会提出并归口。

本部分起草单位：中华人民共和国广东出入境检验检疫局、中华人民共和国河北出入境检验检疫局。

本部分主要起草人：邱德义、岳巧云、张宪臣、刘德星、聂维忠、陈健、魏晓雅、吴可量、胡佳。

国境口岸红头丽蝇 DNA 条形码鉴定方法

1 范围

SN/T 4280 的本部分规定了红头丽蝇的 DNA 条形码鉴定程序和结果判定。

本部分适用于对红头丽蝇的成虫(包括肢体不全的成虫),以及蛹、幼虫、卵等 DNA 条形码鉴定的工作。

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 19489 实验室 生物安全通用要求

SN/T 1876 医学媒介生物标本采集、制作及保存规程

SN/T 2752.4 卫生检疫人员的自我防护规范 第 4 部分:实验室人员

WS/T 230 临床诊断中聚合酶链反应(PCR)技术的应用

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

红头丽蝇 *Calliphora vicina* Robineau-Desvoidy, 1830

丽蝇科,丽蝇属。因为腹部呈青色,俗名为“blue blowfly”或者“blue bottle”,因其颊部橙红色,所以中文名为红头丽蝇,为重要的媒介生物和法医昆虫。

3.2

DNA 条形码 DNA barcode

生物体内能够代表该物种的、标准的、有足够变异的、易扩增且相对较短的 DNA 片段。DNA 条形码已经成为物种鉴定的重要工具,在节肢动物尤其是昆虫中,一般是指线粒体 COI(线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I)上的 658 bp 的标准片段。

3.3

DNA 条形码鉴定技术 DNA barcoding identification technology

一种利用 DNA 条形码基因片段进行生物物种鉴定和系统进化关系研究的技术,建立在基因扩增和序列比对的基础之上,它具有不受物种发育状态、性别及形态特征完整与否的限制、减少对形态分类专家的依赖、不受主观因素影响、准确率高、借助互联网可以实现数据共享等特点。

3.4

空白对照 blank control

从基因组 DNA 提取步骤开始至 PCR 扩增和 PCR 产物检测整个过程,没有加入任何医学媒介昆虫组织的空白,与其他受试的昆虫平行进行操作以观察实验是否处于正常状态。空白对照应没有 PCR 产物条带产生。

3.5

阳性对照 **positive control**

在 PCR 扩增过程中,与受试样品平行进行的,在正常反应情况下,一定能产生 PCR 产物的 DNA 为反应模板,用于观察整个反应体系和反应过程是否正常,阳性对照应有 PCR 产物带产生。

3.6

阴性对照 **negative control**

在 PCR 扩增过程中,与受试样品平行进行的,用 ddH₂O 代替模板 DNA 而进行的对照反应,用于观察整个反应体系是否正常,确认没有受到污染,阴性对照应没有 PCR 产物条带产生。

3.7

凭证标本 **voucher specimen**

获取 DNA 条形码等分子数据的来源(母体)标本。凭证标本可以是不完整的标本,但与本标本的 DNA 条形码数据等分子凭证必须是一一对应的关系。凭证标本的保存非常重要,必须有唯一性标识如:标本编号、存放、鉴定以及采集等详细信息。

3.8

分子凭证 **molecular voucher**

与凭证标本相对应的基因组 DNA、PCR 产物、DNA 条形码序列及峰图,做克隆还应包括含 DNA 条形码片段的阳性转化子。分子凭证的保存非常重要,必须有唯一性的编号、存放等详细信息,以便于日后查证。

4 缩略语

下列缩略语适用于本文件。

BOLD:生物条形码数据系统(barcoding of life data system)

注: 网址:<http://www.boldsystems.org>。

5 原理

利用线粒体 DNA 中的 COI 基因的通用引物对受试样品基因组 DNA 进行扩增,PCR 产物测序后,得到长度约为 658 bp(不包含引物的序列)的 DNA 片段,跟 BOLD 数据库进行比对,根据序列的相似度实现物种鉴定的目的。

6 引物

LCO1490 5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'

HCO2198 5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'

7 鉴定程序

7.1 准备

实验室需具备的设备和试剂参见附录 A,实验室生物安全应符合 GB 19489 要求,人员防护应符合 SN/T 2752.4 的规定;PCR 防污染措施遵照 WS/T 230 执行。

7.2 标本的处理

7.2.1 取样

对所检测的标本进行唯一性标识。新鲜标本(包括卵、幼虫、蛹及成虫)及时冷冻或者置于毒瓶处死后,投入大于75%的乙醇固定;截获的干燥标本和死标本直接投入大于75%的乙醇固定。取样时,尽量减小组织块的大小,尽可能保持凭证标本的形态完整性,尤其是避免破坏具有重要分类意义的形态特征。

7.2.2 凭证标本的制作

将取样后的标本制作成凭证标本,标本的制作按照SN/T 1876执行。

7.3 基因组DNA的抽提

7.3.1 取样

取成虫左侧前足或中足,若左侧前、中足缺失,可取右侧;或一个蛹、一头幼虫的一部分、一只卵,置于灭菌的洁净1.5mL离心管中,加入50μL裂解液研磨至糜状,根据实验室实际情况,选择试剂盒法或者酚-三氯甲烷法抽提DNA。提取时应设置空白对照。

7.3.2 试剂盒法

按动物组织基因组DNA提取试剂盒的操作指导书进行基因组DNA的抽提。

7.3.3 酚-三氯甲烷法

细胞裂解后离心分离含核酸的水相,然后再加入等体积三氯甲烷:异戊醇(24:1),14 000g离心5min~10min,取上清液至一新的离心管中;加入等体积的饱和酚,14 000g离心5min,转移上清液至一新的离心管;加入等体积的饱和酚/三氯甲烷/异戊醇(25:24:1),14 000g离心5min,转移上清液至一新的离心管;加入等体积的饱和酚,14 000g离心5min,转移上清液至一新的离心管;加入2倍体积的无水乙醇,14 000g离心5min,弃上清液;加入500μL的70%乙醇,14 000g离心1min,弃上清液,重复该步骤一次;室温或者37℃彻底干燥离心管,加入50μL经高压灭菌的ddH₂O溶解DNA;提取的DNA保存在4℃备用,长期保存应置于-20℃或以下冷冻保存。

7.4 PCR扩增

7.4.1 PCR扩增体系

根据实际情况,可以选择50μL体系,或者25μL体系。为了验证PCR体系有无污染,需同时设置阴性对照。为了验证PCR反应正常,需要设置阳性对照。

50μL体系:缓冲液(10×)5μL,dNTP(各2.5mmol/L)2μL,正反引物(20μmol/L)各1μL,Taq DNA聚合酶(5U/μL)0.5μL,模板50ng/μL~100ng/μL 3μL,ddH₂O 37.5μL。

25μL体系各组分减半。

7.4.2 PCR扩增条件

94℃预变性3min;94℃变性30s,50℃退火30s,72℃延伸30s,30个循环;72℃延伸10min;10℃保温30min。

SN/T 4280.1—2015

7.5 PCR 产物的检测

用 1×TAE 缓冲液与琼脂糖配成 1% 的琼脂糖凝胶, 检测是否有 PCR 产物及产物的质量。TAE 缓冲液的配制参见附录 B, PCR 产物检测过程参见附录 C。

7.6 PCR 产物的纯化

如需要纯化, 选用胶孔大的梳子(如: 厚度 1.5 mm, 13 齿), 重新制胶、跑胶, 将目的片段连胶一起割下, 按 PCR 产物纯化试剂盒的操作指导书进行 PCR 产物的纯化。也可根据实际情况, 委托测序公司进行纯化。

7.7 PCR 纯化产物的测序

委托专业的测序公司进行 PCR 产物的直接测序, 按照所选公司的特定要求进行送样。要求两端测序或测通。实验室也可以选择克隆后测序, 克隆测序流程参见附录 D。

7.8 序列的分析和比对

7.8.1 序列的有效性

序列长度应为 658 bp 左右。通过查看序列的原始峰图, 有效序列段峰高、基部杂峰少且低的序列为有效序列(参见附录 E 中的 E.1)。将符合要求的序列进行拼接, 去除引物片段, 拼接后的序列可翻译成通顺的蛋白质序列, 反之序列仅可供为参考(参见附录 E 中的 E.2)。

7.8.2 序列比对

与 BOLD 系统的序列进行比对。具体操作见附录 F。

比对序列时, 引物序列不包含在内。红头丽蝇的 DNA 条形码序列参见附录 G。

8 结果判定

BOLD 系统给出最大相似种为红头丽蝇并且相似度大于 99.0% 者, DNA 条形码方法鉴定为红头丽蝇。若大于 98%, 小于 99.0%, 需参考形态学特征进行综合判断, 小于 98% 者, 不予与种类判定。

附录 A
(资料性附录)
主要设备和试剂

A.1 仪器和用具

普通台式离心机(相对离心力大于 14 000 g)、各量程(2 μL、10 μL、20 μL、100 μL、200 μL、1 000 μL)可调移液器、可调式恒温浴、PCR 工作站或者超净工作台、PCR 扩增仪、电泳仪、凝胶成像系统、冰箱。

A.2 耗材

1.5 mL 离心管、0.2 mL PCR 管、各量程的移液器 TIPS、无粉一次性手套。

A.3 试剂

除另有规定外,所有试剂均采用分析纯。

乙醇、动物组织基因组 DNA 提取试剂盒、*Taq* 酶、dNTP、PCR 产物纯化试剂盒、琼脂糖、DNA 分子量标准、核酸染料、TAE 电泳液、上样缓冲液等。

使用酚-三氯甲烷法提取 DNA 需要饱和酚、三氯甲烷、异戊醇等试剂。

附录 B
(资料性附录)
TAE 缓冲液的配制

B.1 50×储存液(1 L)的配制

B.1.1 称量试剂

Tris(三羟甲基氨基甲烷)	242 g
Na ₂ EDTA • 2H ₂ O(乙二胺四乙酸二钠 • 2H ₂ O)	37.2 g

B.1.2 配制

加入 800 mL 的去离子水,充分搅拌溶解,加入 57.1 mL 的醋酸,充分混匀。用去离子水定容至 1 L,室温保存备用。

B.2 1×工作液的配制

用去离子水稀释 50×储存液成 1×工作液。

示例:配制 1 L 1×的工作液,取 50×储存液 20 mL,加入 980 mL 去离子水,混匀即可。

附录 C
(资料性附录)
PCR 产物检测过程

C.1 制胶

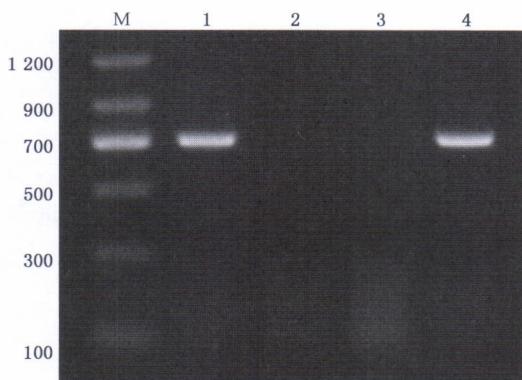
用 1×TAE 缓冲液与琼脂糖配成 1% 的琼脂糖凝胶, 加热煮沸充分溶解后, 降温至 50 ℃左右, 或者用手背碰触烧瓶可以忍受的温度, 按照核酸染料的说明加入适量的核酸染料, 混匀。在制胶板上加入梳子, 倒入适量的琼脂糖凝胶, 室温凝固备用。

C.2 点样

将制胶板和胶一起放入电泳槽内, 带胶孔的一端位于负电极端, 加入 1 倍的 TAE 电泳缓冲液至完全浸没制胶板和胶。一个胶孔中加入 6 μL 的 DNA 分子量标准, 另一胶孔中加入 6 μL 混入上样缓冲液的 PCR 产物(5 μL 的 PCR 产物中加入 1 μL 的 6 倍上样缓冲液)。

C.3 跑胶

电压 5 V/cm, 依据胶块的大小, 时间在 20 min~40 min 之间。将胶块整个移入凝胶成像仪, 检查有无目的片段, 片段的大小约为 710 bp 左右, PCR 产物胶图参见图 C.1。



说明:

M——DNA 分子量标准;

1——阳性对照;

2——阴性对照;

3——空白对照;

4——目的片段。

图 C.1 PCR 产物胶图

附录 D
(资料性附录)
PCR 纯化产物的克隆测序流程

D.1 纯化产物的连接

将 DNA 纯化产物 50 ng 用连接酶连接到 50 ng 载体中。具体操作方法参考连接酶说明书。

D.2 转化

D.2.1 转化平板的制备

向铺好的含有 100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 相应抗生素的 LB 固体培养基表面加入 5 μL 的 IPTG(异丙基硫代半乳糖苷, 50 mg/mL) 和 20 μL 的 X-Gal(5-溴-4-氯-3-吲哚- β -D-半乳糖苷, 20 mg/mL), 使用无菌的弯头玻璃棒将其均匀涂布, 避光置于 37 °C 放置 1 h~3 h, 使溶解 X-Gal 的二甲基甲酰胺尽量挥发干净。

D.2.2 转化

将感受态细胞从 -80 °C 冰箱取出放于冰浴上, 取 10 μL 连接产物加入到 100 μL 刚刚解冻的感受态细胞中。轻弹混匀, 冰浴 30 min, 置于 42 °C 水浴 90 s, 取出后立即置于冰浴中放置 2 min~3 min, 期间不要摇动离心管。向离心管中加入 500 μL 37 °C 预热的培养基(不含抗生素), 150 r/min、37 °C 振荡培养 45 min。将离心管中的菌液混匀, 加到已制备好的转化平板中, 用无菌的弯头玻璃棒轻轻的将细胞均匀涂布。待平板表面干燥后, 倒置平板, 37 °C 培养 12 h~16 h。

D.3 挑取阳性克隆

将过夜培养生长出的白色菌落可根据载体特性选择 PCR 或酶切方法鉴定插入片段是否正确。挑取判断为阳性的克隆用 5 mL LB 液体培养基(含有 100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 相应抗生素), 37 °C 过夜培养后提取质粒, 送测序公司进行测序。

D.4 阳性转化子的保存

将经序列比对分析确定无污染的阳性克隆重组菌落(转化子)保存于终浓度为 15%~20% 的甘油中, 置于 -80 °C 冷冻保存。

附录 E
(资料性附录)
序列的有效性判断

E.1 通过原始峰图判断

见图 E.1。

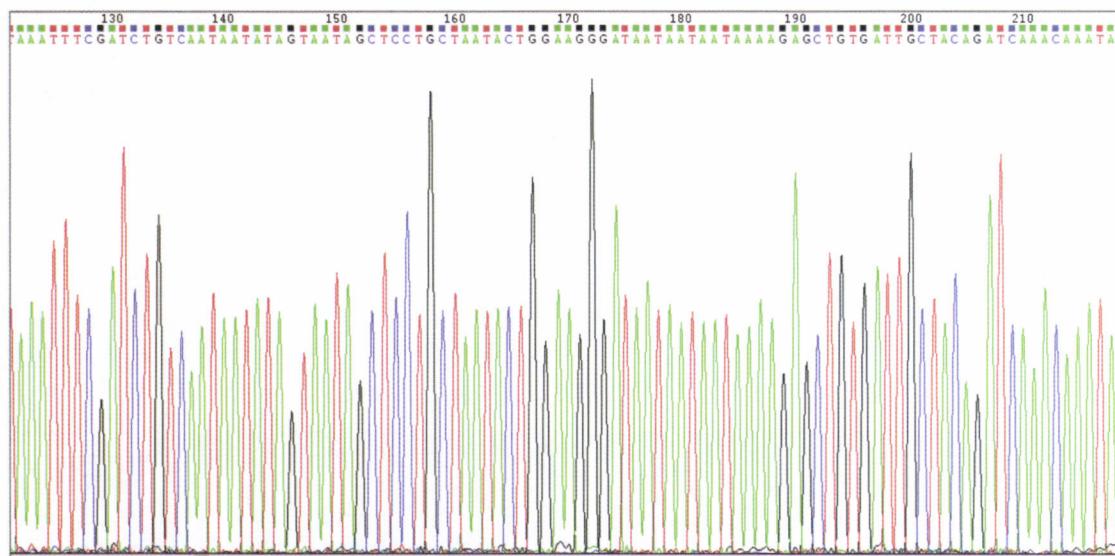


图 E.1 原始峰图

E.2 通过翻译成氨基酸判断

E.2.1 登陆网址：www.ebi.ac.uk/Tools/st/emboss_transeq。

The screenshot shows the EMBOSS Transeq input interface. At the top, there are tabs for Input form, Web services, Help & Documentation, and a navigation bar with links for Services, Research, Training, Industry, and About us. Below the navigation bar, it says "Tools > Sequence Translation > EMBOSS Transeq". The main area is titled "EMBOSS Transeq" and describes its function: "EMBOSS Transeq translates nucleic acid sequences to their corresponding peptide sequences. It can translate to the three forward and three reverse frames, and output multiple frame translations at once." There are three main steps: Step 1 (Enter your input sequence), Step 2 (Select Parameters), and Step 3 (Submit your job). In Step 1, there is a text area for pasting DNA/RNA sequences and a file upload option. In Step 2, the "Frame" dropdown is set to "6 (All six frames)" and the "Codon Table" dropdown is set to "Invertebrate Mitochondrial". Step 3 includes a checkbox for being notified by email and a "Submit" button.

图 E.2 序列输入窗口截图

E.2.2 将序列复制至图 E.2 Step 1 中的空格处, Step 2 中的 Frame 栏中选择 6(All Frame), Codon Table 中选择“invertebrate mitochondrial”, 点击 Submit, 得到以下画面(见图 E.3)。

The screenshot shows the EMBOSS Transeq output interface. At the top, it displays the results for job "emboos_transeq-l20130922-090847-0462-34402697-oy". The main content area shows the translated sequence, which is a long string of amino acids. The sequence starts with "EMBOSS_001_1" and ends with "EMBOSS_001_8". The sequence is composed of various amino acids, including I, V, L, F, M, C, Y, H, D, E, S, T, N, Q, K, R, P, G, W, A, and others, separated by hyphens and underscores.

图 E.3 输出的翻译蛋白质序列窗口截图

E.2.3 给出的六条氨基酸序列中,只要有一条没有星号,能翻译通顺,即为好的序列,否则序列仅供参考。

附录 F
(规范性附录)
DNA 条形码在 BOLD 系统中物种鉴定流程

F.1 鉴定流程

F.1.1 登陆网站 <http://www.boldsystems.org>, 进入画面, 见图 F.1。

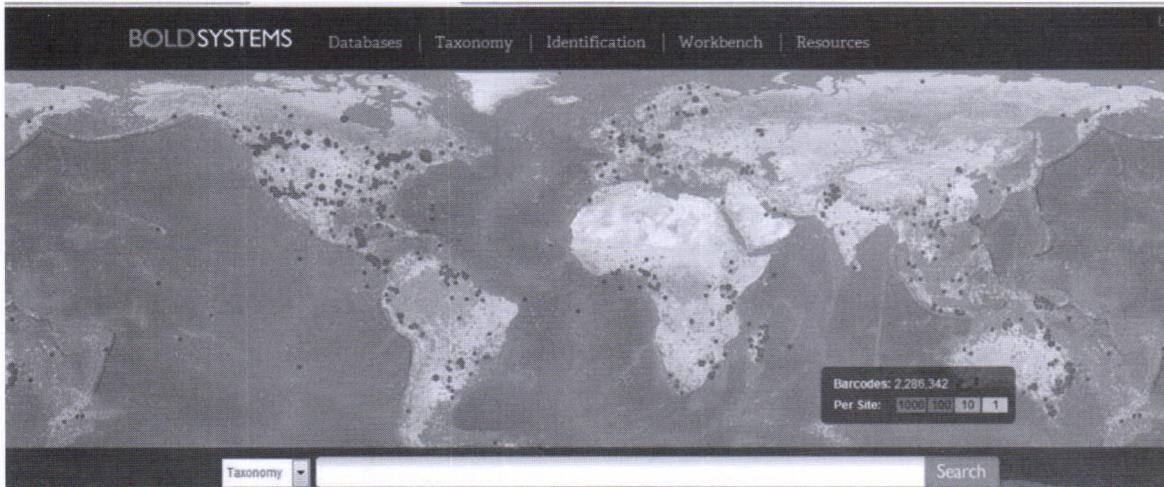


图 F.1 BOLD 登陆窗口截图

F.1.2 点击 Identification 进入以下画面, 见图 F.2。

图 F.2 序列输入窗口截图

将序列以 Fasta 格式黏在上面的空格内,点击 Submit。

F.1.3 得到以下报告,见图 F.3。

Identification Summary :

Taxonomic Level	Taxon Assignment	Probability of Placement (%)
phylum	Arthropoda	100
class	Insecta	100
order	Diptera	100
family	Calliphoridae	100
genus	Calliphora	100
species	Calliphora vicina	100

图 F.3 鉴定结果窗口截图

F.2 结果判定

相似度最高且大于 99% 者,直接鉴定为查询结果所示种类。小于 99% 大于 98% 者,需参考形态学特征进行综合判断,结论可做参考。小于 98% 者,不进行种类判断。

附录 G
(资料性附录)
红头丽蝇的 DNA 条形码鉴定参考序列

GGTCAACAAATCATAAAGATATTGGTACTTTATACTTTATTTTGAGCTGATCGGGAA
TAATTGGAACCTCATTAAGAATTCTAATTGAGCCGAACCTAGGACATCCTGGAGCATTAA
TTGGAGATGACCAAATTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTATTATAATTTTT
TTATAGTAATACCAATTATAATTGGAGGATTGGTAATTGATTAGTCCTTAATATTAG
GAGCTCCAGATATAGCCTCCCTCGGATAAACAAATATAAGTCTCTGACTTTACCTCCTGC
ATTAACCTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGGAGCTGGAACAGGATGAACGT
TTTACCCACCTTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGGAGCTCTGTTGATTTAGCTATT
TTTCTTACACTTAGCAGGAATTCTTCATTTAGGAGCTGTAATTTATTACTACAG
TTATTAATATACGATCACAGGAATTACATTCGACCGAATACCATTATTGTTGATCTG
TAGTAATTACAGCTTATTACTTTATTATCTTACCAAGTATTAGCAGGTGCTATTACTA
TATTATTAACAGATCGAAATCTTAATACATCATTCTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGACC
CAATCTTGTACCAA CATTATTT **TGA TTT TTGGTICACCTGAAGTTA**

注：粗体斜体为引物序列，序列比对时不包括在内。BOLD 序列号为“GBDP 4486-08”。

