

立项书平台申报(2)

【原文对照报告-大学生版】

报告编号: f381cbeb574ae86a

检测时间: 2024-06-30 12:11:51

检测字符数: 7809

作者姓名: 佚名

所属单位:

检测结论: 全文总相似比 = 复写率 + 他引率 + 自引率 + 专业术语
16.66% = **12.38%** + **4.28%** + **0.0%** + **0.0%**

其他指标: 自写率: 83.34%

高频词: 鉴定, 研究, 进行, 形态学, 项目

典型相似文章: 无

疑似文字图片: 0

指标说明: 复写率: 相似或疑似重复内容占全文的比重

他引率: 引用他人的部分占全文的比重

自引率: 引用自己已发表部分占全文的比重

自写率: 原创内容占全文的比重

典型相似性: 相似或疑似重复内容占全文总相似比超过30% 专业术语: 公式定理、法律条文、行业用语等占全文的比重

相似片段: 总相似片段 15
期刊: 3 博硕: 3 综合: 0
外文: 0 自建库: 0 互联网: 9

检测范围: 中文科技期刊论文全文数据库 中文主要报纸全文数据库 中国专利特色数据库
博士/硕士学位论文全文数据库 中国主要会议论文特色数据库 港澳台文献资源
外文特色文献数据全库 维普优先出版论文全文数据库 互联网数据资源/互联网文档资源
高校自建资源库 图书资源 古籍文献资源
个人自建资源库 年鉴资源 IPUB原创作品

时间范围: 1989-01-01至2024-06-30

原文对照

颜色标注说明:

- 自写片段
- 复写片段（相似或疑似重复）
- 引用片段（引用）
- 专业术语（公式定理、法律条文、行业用语等）

黑龙江八一农垦大学大学生创新训练项目计划申请书

项目编号			
项目名称	大庆市牛虻的分类学鉴定及病原携带情况调查		
项目负责人	娜木汗	联系电话	18647500628
所在学院	动物科技学院		
学号	202350320522	专业班级	动物医学
指导教师	邱鸿宇		
E-mail	202350320522@byau.edu.cn		
申请日期	2024年6月25日		
项目期限	二年期		

黑龙江八一农垦大学 教务处

填写说明

1. 本申请书所列各项内容均须实事求是，认真填写，表达明确严谨，简明扼要。
2. 申请人可以是个人，也可为创新团队，首页只填负责人。“项目编号”一栏不填。
3. 本申请书为大16开本（A4），左侧装订成册。可网上下载、自行复印或加页，但格式、内容、大小均须与原件一致。
4. 负责人所在学院认真审核，经初评和答辩，签署意见后，将申请书（一式两份）报送项目管理办公室。

一、基本情况

项目名称	黑龙江省牛虻的分类学鉴定及病原携带情况调查
所属学科	学科一级门： 农学 学科二级类： 动物医学类
	A、学生自主选题，来源于自己对课题的长期积累与兴趣

项目来源	<input type="checkbox"/> B、学生来源于教师科研项目选题 <input type="checkbox"/> C、学生承担社会、企业委托项目选题 <input type="checkbox"/> D、拔尖专项 <input type="checkbox"/> E、竞赛专项 <input type="checkbox"/> F、研修专项 <input type="checkbox"/> G、其他						
申请金额	20000.00 元	项目期限	二年期	拟申报项目级别			省级
负责人	娜木汗	性别	女	民族	蒙古族	出生年月	2005年6月
学号	202350320522	联系电话	宅： 18647500628 手机： 18647500628				
指导教师	邱鸿宇	联系电话	宅：13614612020 手机：13614612020				
项目简介	虻虫是一类能吸血的昆虫，其中牛虻最为常见。在黑龙江省牛虻分布广，种类较，它通过机械性吸血传播疾病，危害人畜。本项目旨在用形态学与分子生物学相结合的方法，对采集得到的牛虻进行分类鉴定，并扩增六种牛虻的线粒体基因组序列，以此推进虻科的基因组数据库的建立。此方法有效的解决了形态学文献中图片数据不足和 Genbank 中缺乏虻类序列信息的问题，同时结合的分子技术可以弥补了形态学的限制性。						
负责人曾经参与科研的情况	无						
指导教师承担科研课题情况	无						
指导教师对本项目的支持情况	指导教师一直从事人兽共患寄生虫方面的研究，在实验设计方面提供了大量建议，也为本项目实验的进行提供了实验室并配备专业仪器；在团队中注重对成员创新意识、合作能力的培养，在撰写项目申请书中提出专业性的建议。						
项目组主要成员	姓名	学号	学院	专业班级	联系电话	项目分工	
	娜木汗	202350320522	动物科技学院	动物医学	18647500628	虻的分子生物学鉴定	
	时千惠	202350320422	动物科技学院	动物医学	13309429428	虻的形态学鉴定	
	付辰涛	202350320205	动物科技学院	动物医学（创新人才班）	15663537283	相关因素统计学分析	
	冯帅	202350320204	动物科技学院	动物医学（创新人才班）	19845973662	样品采集	
	刘天贺	202350320214	动物科技学院	动物医学（创新人才班）	17861724468	虻所携带的病原流行病学检测	
指导教师	姓名	工号	学院/部门	职称	联系电话	电子邮件	
	邱鸿宇	010920	动物科技学院	中级	13614612020	QiuHongyu95@163.com	

二、 立项依据（可加页）

（1）研究目的

虻类是重要医学和兽医学昆虫，不仅能够通过叮咬、吸血等方式骚扰人畜，还能作为人畜之间的传播媒介传播多种疾病，它以医学昆虫最典型的机械性吸血传播为显著特征。由于虻个体较大、口器粗大，在被它叮咬的时候，会非常疼痛，在虻类吸血被打断后，会重新寻找宿主，所以中断的次数越多越增加了机械传播的机会。虻还可以生物性地传播疾病。虻类在我国主要传播锥虫、野兔热、马传染性贫血和炭疽等。虽然中国虻科区系研究已经取得了重要进展，物种数量已经达到了世界上已知物种总数的百分之十，但仍远未全面覆盖中国虻科区系。目前，虻相关的分类研究资料和数据还相对较少，虻科线粒体全基因组序列不足十个。寄生虫的有效鉴定对当前寄生虫的防控至关重要，同时，不同吸血节肢动物所携带病原具有一定宿主特异性。分子生物学发展至今，寄生虫的鉴定已经将传统形态学与分子生物学慢慢结合，极大地增加了鉴定的准确率。而对虻的鉴定以及物种描述相关研究报道较少，多通过文字对其进行简单的形态描述，少有关于形态学图片的相关数据。同时，线粒体基因序列在寄生虫鉴定中多有应用，已经称为标准的分子 marker，可以减少形态学方法单一使用的局限性。因此，本研究拟采用形态学与分子生物学方法，对牛虻进行种属分类鉴定。并扩增牛虻的线粒体基因序列，填补虻科基因组数据库，为探究虻科分类以及深入研究奠定基础。同时检测虻所携带病原情况，并对其感染因素进行分析，为虻传疾病防控奠定基础。

（2）研究内容

- （1）样品的采集
 - （2）虻的形态学鉴定
 - （3）虻的分子生物学鉴定
 - （4）虻所携带病原的流行病学检测
 - （5）相关因素统计学分析
- （3）国、内外研究现状和发展动态

虻，俗称马蝇，瞎虻，属于虻科，是双翅目的吸血节肢动物(BFA)，包括 4 个亚科 144 属。它们通过机械和生物手段传播疾病，影响野生动物、家畜和人类的重要病原传播媒介。虻科成员可传播 80 多种病毒、细菌和原生动物，对牲畜和野生动物构成重大风险，因此具有显著的兽医学和公共卫生意义。虻科成员具有丰富的物种多样性，包括 4500 多个种和亚种，广泛分布在世界各地。在亚热带和热带地区尤其丰富。它们主要在夏季白天在动物周围活动。雌性虻需要血餐来维持产卵所需营养。叮咬家畜后，含有各种抗凝血剂和过敏原的唾液被注射到宿主体内，导致过敏反应和疼痛。早期的虻科分类主要依据其后足胫节末端是否存在刺距结构，进而划分为距虻亚科

(Pangoninae)与虻亚科(Tabaninae)。后又经 Mackerras 对外生殖器进行了系统研究并形成了目前所使用的三个亚科分类体系。中国有 3 个亚科 14 个属，458 种，东北三省有 2 个亚科，6 个属，88 种[1]。虻属

(Tabanus)的首次建立于瑞典学者 Linnaeus 在十八世纪五十年代末，随后学者们便展开了对虻科的系统分类的研究。形态学鉴定主要基于头部结构，特别是愈合组织、触角、眼睛、翅膀和胡须的特征，以及身体、腿和翅膀的颜色和图案。具体特征包括：是否存在后足胫节末端刺距；外生殖器特征之间的差异等特征。现如今，从事虻相关形态学鉴定的科研工作者多采用 3 亚科分类法对虻进行分类研究，分别为距虻亚科，虻亚科和斑虻亚科。其中，距虻亚科包含 3 个族，包括距虻族，长喙虻族和枝虻族[4]。除了经典的形态学鉴定之外，序列分析可提供高度重复且信息丰富的数据，且对于不同的阶元或物种可选择合适的分子标记进行分类群的系统学研究。目前在双翅目系统发育研究中常用的分子标记一个为核糖体 DNA (rDNA) 28S 的 D3 序列；另一个是线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I (Cytochrome C oxidase subunit I, COX1) 基因前半部分的一段包含 650bp 的这特定区段。因此，有必要以核糖体 28S 的 D3 序列和线粒体 COX1 为分子 marker 对虻进行物种鉴定。应用分子方法进行调查的过程中会获得大量的可靠序列，这些序列可以丰富现有的分子数据库，为进一步鉴定提供可靠基础序列数据。这些数据可以用来研究分子遗传、进化的规律和种群分布特点。而进行相关研究采用的方法主要有三种，分别是最大可能性法(ML)、贝叶斯法(Bayesian)和最大似然法(MP)。因此有必要在获得可靠数据的基础上应用上述方法进行遗传进化分析。斑虻亚科与虻亚科、距虻亚科具有很多类似的特点[5]。以往，来自世界各地的专家学者对虻科进行分类进行过广泛的调查研究[6]，特别是 Ricardo, G.A.[7]、Stekhevn, S.[8]和 Philip, C.B.等[9]，其他外国学者先后在尼泊尔[10]，韩国[11]，朝鲜[12]，日本[13]，印度[14]，和东亚地区[15]以及北美和欧洲等地对虻科种类作过调查，并增添了不少新虻种。截至到现在全世界已经有 144 属约 4 455 种虻科昆虫被记录在册。到目前为止，目前已知的牛虻有 458 种，其中有 258 种在中国分布，约为 56%。部分新种已报道于华南及

西南地区，并可能在南边的邻国也有分布。又或许虻科为一个较为演化的类群，中国特有种应该更多一些。虽然中国虻科区系研究已经取得了重要进展，物种数量已经达到了世界上已知物种总数的百分之十，但仍远未全面覆盖中国虻科区系。虻类对动物的叮咬不仅会造成剧烈的疼痛或皮炎，引起继发感染，还骚扰动物使动物不停移动、动荡不安，为了躲避牛虻的叮咬也会造成牲畜能量和精力的巨大损耗，使其不能得到充分的休息和采食。虻类还能传播许多疾病[16]，如炭疽、野兔热、马传染性贫血等[17]。如牛虻未吸饱血液前被宿主或饲养者驱赶走，随后又不断向其他宿主吸血，从而机械性地传播细菌或病毒而引起疾病[18]。每个虻都吸入了大量的血液，这使得血液中浓度较低的微生物可以在牛虻体内进行繁殖，提高了虻类传播细菌或病毒的有效性[19]。某些哺乳动物锥虫还能经虻类机械性地或生物性地传播，亚洲文献曾报导马、大象及其他哺乳动物的某种苏拉病也能经虻类传播。相关文献报导寄生于麋鹿和绵羊的施氏血管线虫，也需要在虻类的体内进行发育[20]。

(四) 创新点与项目特色

虻的有效精准确鉴定，对当前的寄生虫防控与科学研究的基础，主要依赖于相关从业人员通过传统的形态学方法对其进行鉴定。分子生物学鉴定在绝大多数寄生虫鉴定中具有较大的优势，但目前有关虻类的基因组数据相关研究相对较少。因此，本研究拟综合应用形态学和分子生物学鉴定两种方法对采集到的虻进行鉴定，为虻的深入研究奠定基础。同时，不同种吸血节肢动物所携带病原具有宿主特异性，对所采集样本进行病原检测有助于我们对虻所传播病原进一步了解，并为虻传病原防控奠定基础。

参考文献：

- [1] 许荣满. 黑龙江省虻类采集 [C] // 医学昆虫调查集刊. 北京: 中国人民解放军战士出版社, 1983: 101 — 105.
- [2] Moucha J. Horse-flies (Diptera: Tabanidae) of the world synoptic catalogue[J]. Acta Ent. Mus. Nat. Pragae, Suppl.
- [3] Baldacchino F, Desquesnes M, Mihok S, et al. Tabanids: neglected subjects of research, but important vectors of disease agents[J]. Infect. Genet. Evol, 2014; 28: 596-615.
- [4] 陆宝麟, 吴厚永. 中国重要医学昆虫分类与鉴别[M]. 郑州: 河南科学技术出版社, 2003
- [5] Gonzalez C R. Dasybasis elquiensis, a new species of horse fly from Northern Chile (Diptera: Tabanidae: Diachlorini)[J]. Mem Inst Oswaldo Cruz, 2000, 95(5): 629-632.
- [6] Morita S I, Bayless K M, Yeates D K. et al. Molecular phylogeny of the horse flies: a framework for renewing tabanid taxonomy[J]. Systematic Entomology, 2016, 41: 56-72.
- [7] Coher E I. Species related to Tabanus basalis Macquart, with the description of a new species from Nepal[J]. Bull. Brooklyn Ent. Soc, 1962, 107: 157-162.
- [8] Coher E I. Asian biting fly studies II. Tabanidae species related to Tabanus birmanicus (Bigot), 1892, with the description of a new species from Nepal[J]. Pacif. Ins, 1971a, 13(2): 321-323.
- [9] Chainey J. Horse-flies, deer-flies and clegs (Tabanidae). In: Kirk-Sprogs AH, Sinclair BJ (Eds) Manual of Afrotropical Diptera, Nematoceros Diptera and lower Brachycera[J]. South African National Biodiversity Institute, Pretoria, 2017 893-913
- [10] Coher E I. Asian biting fly studies III. Tabanidae species related to Tabanus caerulescens Macquart, 1838, with the description of a new species from Nepal[J]. Pacif. Ins, 1971b, 13(2): 325-328.
- [11] Ouchi Y. On some horseflies belonging to the subfamily Pangoniinae from Eastern and Northern Korea[J]. Shanghai Sci. Inst. Sect. III. 1939, 4: 175-189.
- [12] Murdoch W P, Takahasi. The female Tabanidae of Japan, Korea and Manchuria[J]. Mem. Ent. Soc. Wash, 1969, 6: 230.
- [13] Watanabe M. Studies on bionomics of deer fly, Chrysops suavis Loew (Tabanidae, Diptera)[J]. Jpn. Sanit. Zool, 1968, 19(2): 87-92.
- [14] Stekhev S. Tabanids from Sumatra and Borneo[J]. Tijdschr, Ent, 1932b, 75: 78-8
- [15] Philip C B. Further notes on Far Eastern Tabanidae VII new Generalized Oriental species of Unusual Zoogeographic interest[J]. Pan-Pacif. Entomologist, 1980, 56(1): 77-78.
- [16] Bogitsh B J, Carter C E, Oeltmann T N. Chapter 18-Arthropods as Vectors. In B. J. Bogitsh, C.

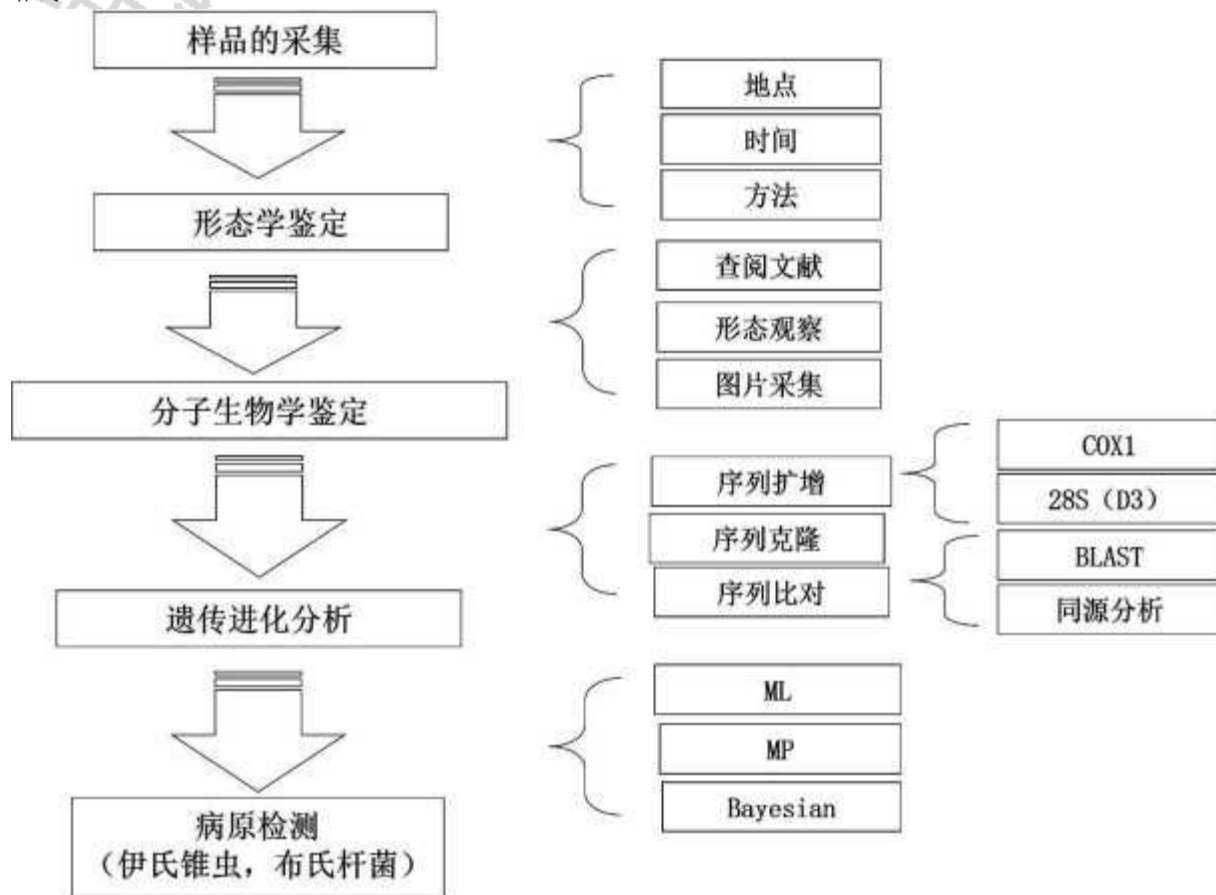
- E. Carter, & T. N. Oeltmann (Eds.) [M]. Human Parasitology (Fifth Edition): Academic Press, 2019;
- [17] David T J, William A P. Med Vet Entomol. Saunders Elsevier, St. Louis, Missouri. 2006.
- [18] 何静, 刘增加, 徐宏江. 青海省双翅目虻科昆虫研究[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2016, 27 (06) :573-576.
- [19] 刘增加, 石淑珍, 宫占威. 甘肃虻科小志[C]. 甘肃省动物学会学术讨论论文. 2001:1-7.
- [20] 高远. 马五种盅口亚科线虫线粒体全基因组比较与进化分析[D]. 黑龙江八一农垦大学, 2018.

(4) 创新点与项目特色

虻的有效精准确鉴定, 对当前的寄生虫防控与科学研究的基础, 主要依赖于相关从业人员 通过传统的形态学方法对其进行鉴定。分子生物学鉴定在绝大多数寄生虫鉴定中具有较大的优势, 但目前有关虻类的基因组数据相关研究相对较少。因此, 本研究拟综合应用形态学和分子 生物学鉴定两种方法对采集到的虻进行鉴定, 为虻的深入研究奠定基础。同时, 不同种吸血节肢动物所携带病原具有宿主特异性, 对所采集样本进行病原检测有助于我们对虻所传播病原进一步了解, 并为虻传病原防控奠定基础。

(5) 技术路线、拟解决的问题及预期成果

1) 技术路线



2) 拟解决的问题以及预期成果

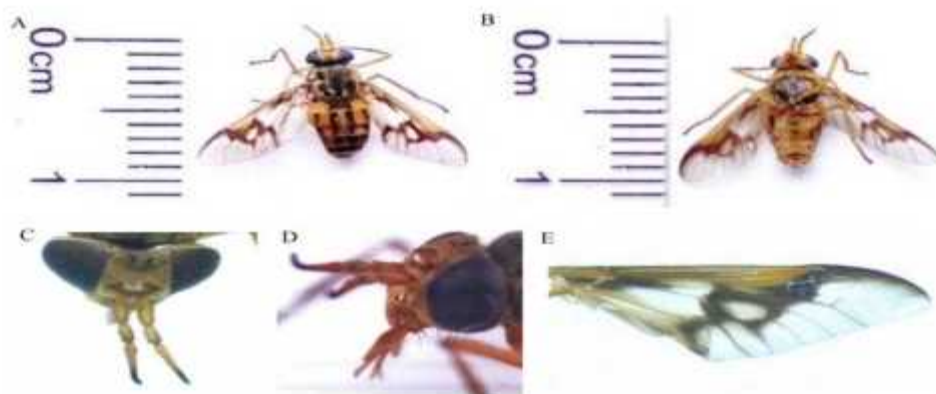
当前虻的分类学以形态学特种为主, 相关研究很少, 同时形态学图片过于老旧; 相关虻传病原虽在黑龙江有散发病例, 但缺少系统的流行病学调查。本研究以形态学和分子生物学相结合的方法, 更新形态学数据, 扩充虻科基因库, 并为相关虻传病原的防控奠定基础。

(6) 项目研究进度安排

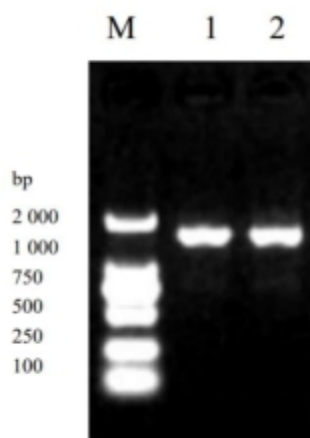
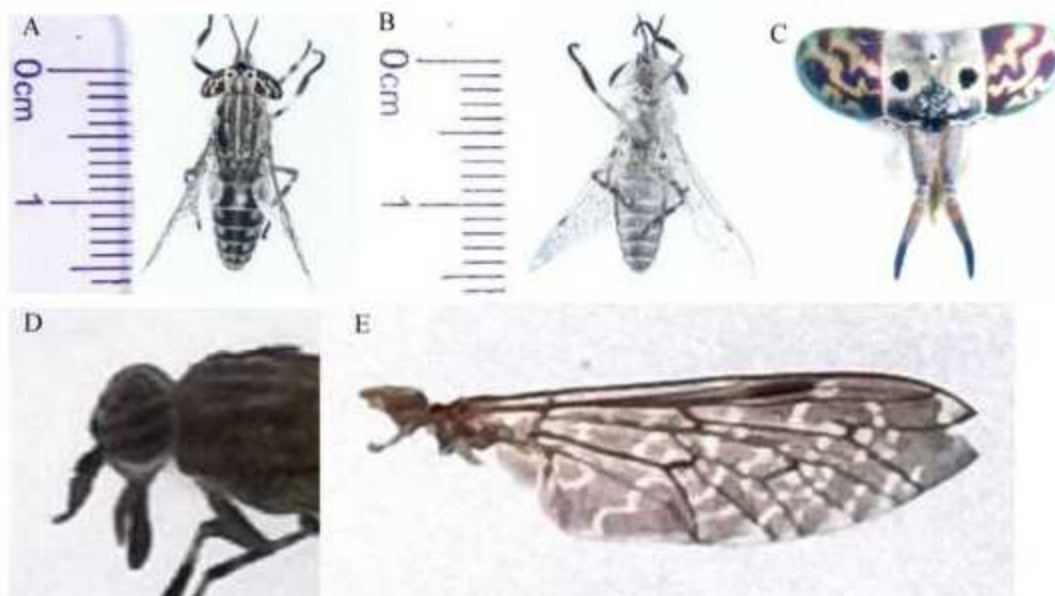
- (1) 2024. 06 - 2024. 07, 查阅相关文献, 引物的设计与合成, 样品采集;
- (2) 2024. 08- 2024. 12, 样品采集, 形态学鉴定, 核酸的提取、PCR扩增、序列分析;
- (3) 2025. 01- 2025. 02, 遗传进化分析;
- (4) 2025. 03 - 2025. 06, 形成报告并撰写论文。

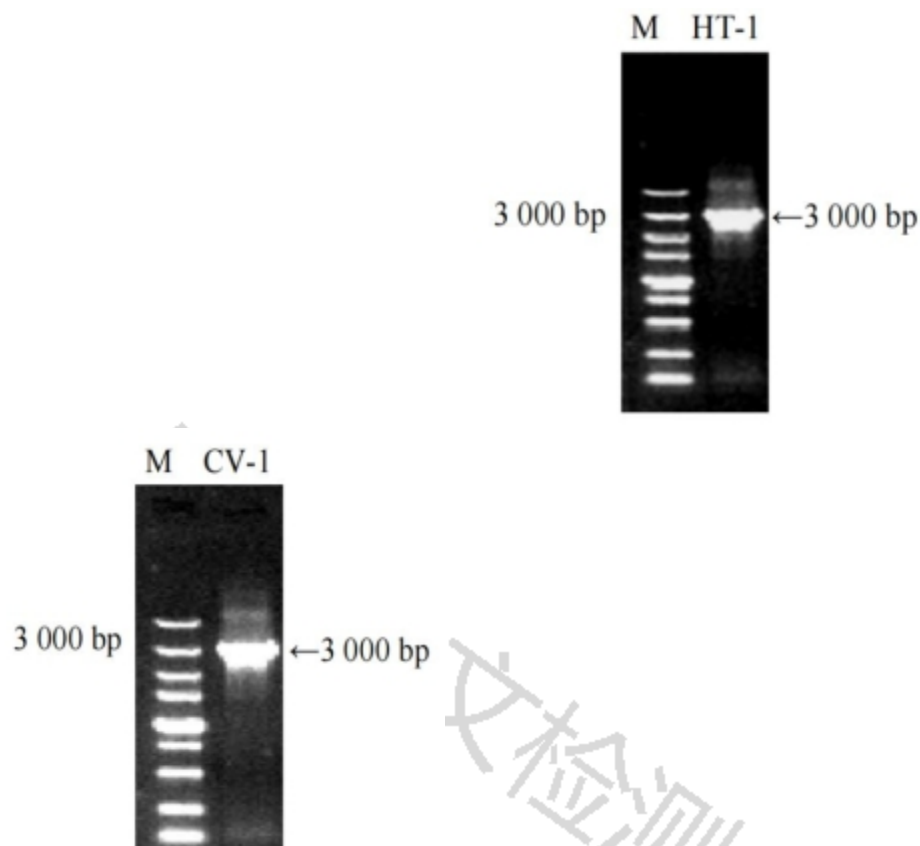
(7) 已有基础

1. 与本项目有关的研究积累和已取得的成绩



课题组前期已经对大庆市内的主要牛虻进行了形态学鉴定(图 1、图 2)和分子鉴定,应用 引物扩增线粒体 COXI, PCR 结果显示 COXI 约 1500bp(图 3), 两种牛虻线粒体基因组的扩增 结果(图 4、图 5), 进一步进行测序及进化分析表明这两种虻分别为范式斑虻(*Chrysops vanderwulpi*)和土耳其麻虻(*Haematopota turkestanica*)





2. 已具备的条件，尚缺少的条件及解决方法

大创项目所依托课题组自 2011 年一直从事媒介节肢动物以及其传播病原的相关研究，已发表相关的学术论文 50 余篇，其中一区论文 3 篇、二区论文 6 篇。获黑龙江省自然科学三等奖 1 项，授权发明专利 3 项，出版专著 2 部近年来，获批国家自然科学基金项目 2 项。在前期课题的资助下，项目主持人参与研究课题所撰写文章《Microbiota profile in organs of the Horsefly (Diptera: Tabanidae) in Northeastern China》投稿在 Science of the Total Environment。申请人请人已掌握蛇种鉴定、肠道菌群分离、生物信息学分析等技术，为本项目的顺利实施提供了坚实的技术保障。

三、经费预算

开支科目	预算经费（元）	主要用途	阶段下达经费计划（元）	
			前半阶段	后半阶段
预算经费总额	20000.00	无	8200.00	11800.00
1. 业务费	16000.00	无	4700.00	11300.00
（1）计算、分析、测试费	3500.00	购买辅助工具	2000.00	1500.00
（2）能源动力费	0.00	无	0.00	0.00
（3）会议、差旅费	3000.00	交通、住宿费	1000.00	2000.00
（4）文献检索费	3500.00	论文专利检索	1700.00	1800.00
（5）论文出版费	6000.00	投稿论文	0.00	6000.00
2. 仪器设备购置费	1500.00	购买仪器、设备	1500.00	0.00
3. 实验装置试制费	1000.00	测试实验装置	1000.00	0.00
4. 材料费	1500.00	提供实验材料补给	1000.00	500.00
学校拨款				
财政拨款				

四、项目组成员签名

五、 指导教师意见

导师（签章）：
年 月 日

六、 院系大学生创新创业训练计划专家组意见

教学负责人（签章）：
年 月 日

七、 学校大学生创新创业训练计划专家组意见

负责人（签章）：
年 月 日

相似片段说明

相似片段中“综合”包括：《中文主要报纸全文数据库》《中国专利特色数据库》《中国主要会议论文特色数据库》《港澳台文献资源》《图书资源》《维普优先出版论文全文数据库》《年鉴资源》《古籍文献资源》《IPUB原创作品》

须知

- 1、报告编号系送检论文检测报告在本系统中的唯一编号。
- 2、本报告为维普论文检测系统算法自动生成，仅对您所选择比对资源范围内检验结果负责，仅供参考。

客服热线：400-607-5550、客服QQ：4006075550、客服邮箱：vpcs@fanyu.com

唯一官方网站：<https://vpcs.fanyu.com>



关注微信公众号