

采用DNA条形码技术检测马铃薯4种细菌病害

魏琪*, 闵凡祥, 张抒, 高云飞, 董学志, 王文重, 杨帅

(黑龙江省农业科学院植物脱毒苗木研究所, 黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要: 马铃薯易受到多种细菌病害的侵染, 特别是检疫性病害和土传性病害, 对马铃薯种薯进行全面的细菌病害检测势在必行。将检测检疫性细菌病害的DNA条形码技术应用在马铃薯4种细菌性病害(环腐病、青枯病、疮痂病和黑胫病)的检测中, 探讨该项技术的应用可行性。采用已知菌株以明确该项技术的应用效果, 结果表明, 该项DNA条形码技术检测马铃薯环腐病和疮痂病的结果良好; 检测青枯病可以确定到属; 检测黑胫病时配合特异性基因, 可获得良好的检测结果。该DNA条形码技术是标准性操作规程与测序技术相结合的一种方法, 检测结果的准确性高, 同时可以在大规模样品的检测工作中缩减工作量, 提高检测效率。

关键词: DNA条形码技术; 马铃薯; 环腐病; 青枯病; 疮痂病; 黑胫病

Detection of Four Bacterial Diseases of Potato by DNA Barcoding

WEI Qi*, MIN Fanxiang, ZHANG Shu, GAO Yunfei, DONG Xuezhi, WANG Wenzhong, YANG Shuai

(Virus-free Seedling Research Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang 150086, China)

Abstract: Potato is vulnerable to infection by a variety of bacterial diseases, especially quarantine diseases and soil-borne diseases, and to advance a comprehensive detection of bacterial diseases for seed potato bacterial disease is imperative. In this research, four bacterial diseases of potato, including potato ring rot, bacterial wilt, potato common scab, and black leg, were detected using DNA barcoding technique to investigate the application feasibility of the technology for potato bacterial disease testing. Known strains were used to assess the detection results. The DNA barcoding technique was good for potato ring rot and potato scab detection. Bacterial wilt was determined to genus level. Black leg could also be detected by combination of DNA barcode technology and specific gene. The DNA barcoding technique includes a standard method of operating procedures, and sequencing technology, which could achieve high accuracy of testing, reduce the workload of large-scale work in potato bacterial diseases testing, and improve the detection efficiency.

Key Words: DNA barcoding; potato; ring rot; bacterial wilt; common scab; black leg

中国是世界第一大马铃薯生产国。马铃薯在实际生产中会受到多种病原细菌的影响而导致减产、甚至绝产。这些病原细菌引起的马铃薯病害分为2类: 一类为允许率为“0”检疫性病害, 如马铃薯环

腐病和青枯病; 另一类为非检疫性病害, 但严重影响马铃薯生产的病害, 如马铃薯黑胫病、软腐病及疮痂病。马铃薯种薯传播方式是上述细菌性病害大范围传播的重要途径之一。因此, 对于马铃薯种薯进行

收稿日期: 2016-01-15

基金项目: 黑龙江省青年科学基金项目(QC2012C063); 现代农业产业技术体系专项资金资助(CARS-10-P14); 国际合作项目(2013DFA31970); 国家科技支撑项目(2012BAD06B02); 公益性行业科研专项经费项目(201303015-9)。

作者简介: 魏琪(1981-), 女, 博士, 副研究员, 主要从事马铃薯病害检测技术的研发工作。

*通信作者(Corresponding author): 魏琪, E-mail: weiqi1981917@126.com。

主要细菌病害的检测势在必行。

DNA 条形码技术是2003年由加拿大动物学家 Hebert 等^[1]提出, 利用基因组中一段或几段公认的、相对较短的 DNA 片段来进行物种鉴定的诊断技术。该技术是集合了分类学、遗传学和计算机科学的革命性技术, 受到了国际上的高度关注, 已成为物种分类和鉴定领域的研究热点。然而, 该项技术多集中应用在动物^[2-5]、植物^[6-8]和真菌^[9,10]等方面, 而对于细菌的应用研究, 国外的文献报道相对较少, 国内文献以综述为主, 应用研究少^[11,12]。本

研究将欧洲建立的检疫性有害生物 DNA Barcoding 数据库及其推荐的鉴定检测流程应用在马铃薯 4 种主要细菌性病害(马铃薯环腐病、青枯病、疮痂病和黑胫病)的检测中, 探讨该项技术的可行性, 为提高中国的马铃薯种薯检测技术水平提供参考。

1 材料与amp;方法

1.1 材料

供试菌株及待检马铃薯样品来源见表 1。

表 1 样品来源
Table 1 Source of sample

样品编号 No. of sample	样品状态 Form of sample	病害类型 Type of disease	来源 Source of sample
HF1	菌液	马铃薯环腐病	保存
YA-3	块茎(腐烂)	待检	黑龙江依安
YA-4	块茎(腐烂)	待检	黑龙江依安
YA-5	块茎(腐烂)	待检	黑龙江依安
YA-6	块茎(未腐烂)	待检	黑龙江依安
QK1	菌液	马铃薯青枯病	保存
QK3	植株茎部菌脓	待检	广东惠州
HJ1	块茎(腐烂)	待检	黑龙江克山
HJ2	菌液	马铃薯软腐病	保存
FL-1	植株(茎腐烂)	待检	广东湛江
ZN-1	植株(茎腐烂)	待检	广东湛江
28-2	菌株	马铃薯疮痂病	保存
1-1	块茎(腐烂)	待检	广西武鸣

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取、PCR 扩增及测序

采用北京天根生化科技(北京)有限公司的新型植物基因组提取试剂盒(DP320)提取所有样品的 DNA。分子生物学试剂均为 Takara 公司产品。

扩增及测序引物、扩增体系及扩增条件参考欧盟内检疫性有害生物 DNA Barcoding 数据库网站(www.q-bank.eu)内细菌鉴定流程中所推荐的方法, 并进行必要的调整。所用引物均由英潍捷基(上海)贸易有限公司合成, 其序列见表 2 和表 3。

获得的扩增序列由英潍捷基(上海)贸易有限公司和华大基因科技股份有限公司进行测序。

1.2.2 病害检测流程

本研究中主要检测的马铃薯细菌性病害种类有

环腐病、青枯病、黑胫病和疮痂病, 引起这 4 种病害的病原菌分别来自 *Clavibacter* 属、*Ralstonia* 属、*Pectobacterium* 属和 *Streptomyces* 属。研究中采用欧盟内检疫性有害生物 DNA Barcoding 数据库网站(www.q-bank.eu)推荐的病害检测流程见图 1。首先, 根据 16S rDNA 的测序及 Blast 比对结果, 初步判断各样品所含病原菌的属。在这个结果的基础上, 分别使用其他基因, 进行病原菌的进一步鉴定。其中, *Clavibacter* 属和 *Streptomyces* 属采用 DNA 促旋酶 B 亚单位基因(*GyrB*); *Ralstonia* 属采用 DNA 错配修复基因(*mutS*), *Pectobacterium* 属采用基因组的基因。

1.2.3 序列比对及同源性分析

由于采用的检测样品存在多种病原菌共同侵袭

表2 3种细菌扩增引物及测序引物
Table 2 Three kinds of primers used for PCR – sequencing bacteria

方法 Method	引物名称 Primer name	引物序列(5'-3') Primer sequence (5'-3')	PCR扩增引物 Primer for PCR	测序引物 Primer for sequencing
扩增1500 bp的16S rRNA序列,分别用2条引物对其测序,取二者重合区约340~350 bp的片段。	pA	AGAGTTTGATCCTGGCTCAG	✓	
	pH	AAGGAGGTGATCCAGCCGCA	✓	
	Reverse 358-339	ACTGCTGCCTCCCGTAGGAG		✓
	Reverse 536-519	GTATTACCGCGGCTGCTG		✓
PCR扩增及测定 <i>GyrB</i> 基因:(1)550 bp的序列以鉴定 <i>Clavibacter michiganensis</i> ssp.的菌株;	<i>GyrB</i> 2F	ACCGTCGAGTTCGACTACGA	✓	✓
	<i>GyrB</i> 4R	CCTCGGTGTTGCCSARCTT	✓	✓
(2)370 bp的序列以鉴定 <i>Streptomyces</i> 属的菌株。				
PCR扩增及测定767 bp的 <i>mutS</i> 基因以鉴定 <i>Ralstonia</i> 属的菌株。	MutS-RsF	ACAGCGCCTTGAGCCGTACA	✓	✓
	MutS-RsR	GCTGATCACCGGCCGAACAT	✓	✓

注: 上述引物序列引自欧盟内检疫性有害生物DNA Barcoding数据库网站(www.q-bank.eu)。

Note: Primers are taken from DNA Barcoding data of "Q-bank" (www.q-bank.eu).

表3 *Pectobacterium* 属细菌扩增引物及测序引物
Table 3 Primers used for PCR – sequencing *Pectobacterium*

引物名称 Primer name	引物序列(5'-3') Primer sequence (5'-3')	片段长度(bp) Length	目的基因 Target gene	参考文献 Reference
ECA1f	CGGCATCATAAAAACACG	690	<i>Pectobacterium atrosepticum</i>	[13]
ECA2r	GCACACTTCATCCAGCGA		基因组	
EXPCCF	GAACTTCGCACCGCCGACCTTCTA	550	<i>P. carotovorum</i> 基因组	
EXPCCR	GCCGTAATGCTACCTGCTTAAG			

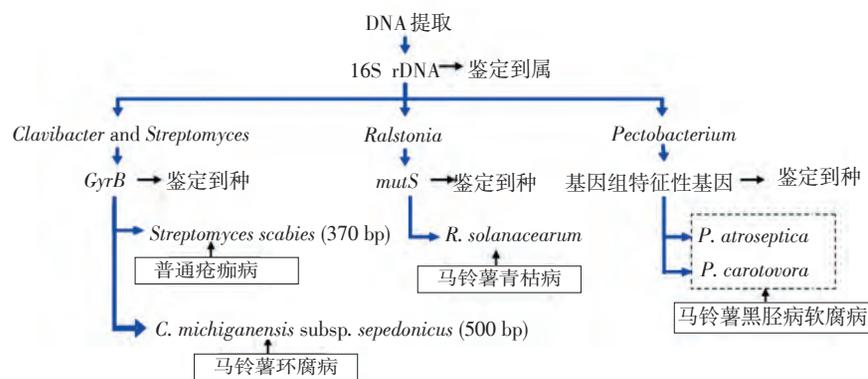


图1 马铃薯细菌病害检测方案

Figure 1 Detection scheme for potato bacterial diseases

的情况以及马铃薯块茎组织内含物相对复杂等情况下,因此在DNA提取、PCR扩增和测序的过程中,均有可能出现结果不佳的情况,所以本研究对结果不佳的样品进行汰出,以最终获得有效的病

原菌基因序列的个体来进行分析。

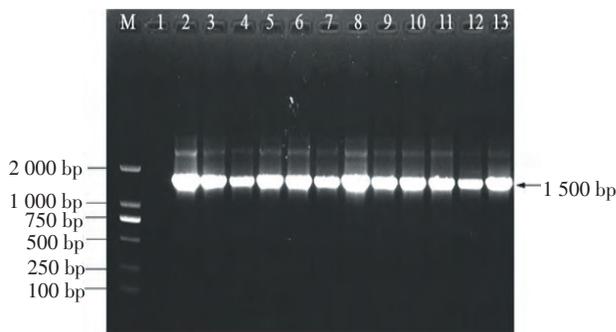
采用Chromas软件对获得的碱基序列进行峰值图的检查,确定序列的准确性及截取有效片段长度,将确定有效测序结果与GenBank中的现有数

数据库进行 Blast 比对和分类学比较, 判断被测样品中病原菌的属。利用 MEGA6 软件分析序列间的相似度, 并构建系统发生树。

2 结果与分析

2.1 16S rDNA 检测结果及分析

将供试样品进行 16S rDNA 序列扩增, YA-6 无 PCR 产物, 其他样品经琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物情况(图 2)。每个样品的 PCR 产物分别经过 2 条引物进行测序后, 分析二者的重合序列, 用该重合序列进行 Blast 比对, 比对结果见表 4。其中, 样品 1-1、HJ1、QK3、YA-4、ZN-1 的测序结果不能获得有效的重合序列, 因此不能进行 16S rDNA 的比对分析。



M: Marker DL2 000; 1: 水对照; 2: HF1; 3~5: YA-3~5; 6: QK1; 7: QK3; 8: HJ1; 9: HJ2; 10: FL-1; 11: ZN-1; 12: 28-2; 13: 1-1。

M: Marker DL2 000; 1: blank control; 2: HF1; 3~5: YA-3 to 5; 6: QK1; 7: QK3; 8: HJ1; 9: HJ2; 10: FL-1; 11: ZN-1; 12: 28-2 and 13: 1-1.

图 2 供试样品 16S rDNA-PCR 结果

Figure 2 16S rDNA-PCR results

2.2 后续基因扩增及测序

根据表 4 中所示的 16S rDNA 序列比对结果, 进行后续基因检测分析。

2.2.1 *Clavibacter* 属和 *Streptomyce* 属的 *GyrB* 基因扩增

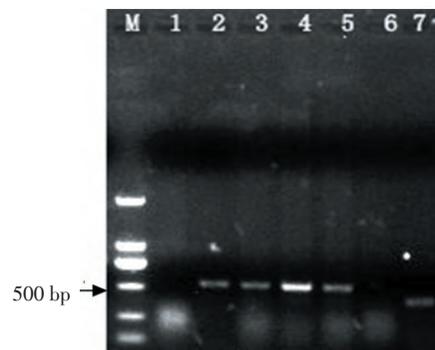
样品 HF1、YA-3、YA-5、28-2、YA-4 进行 550 bp 的 *GyrB* 基因扩增, 电泳结果见图 3, 从图 3 中可知, *Streptomyce* 属的 28-2 也获得了扩增产物, 其条带大小明显小于 500 bp; *Clavibacter* 属的 HF1、YA-3、YA-5 及 YA-4 均获得了 550 bp 左右的产物。YA-4 的 16S rDNA 未获得重合序列, 因此, 仅进行

GyrB 基因的 PCR 扩增, 未测序。样品 HF1、YA-3、YA-5 以及 28-2 进行 *GyrB* 基因序列测定。

表 4 7 个样品的 16S rDNA 序列比对结果

Table 4 Blast comparison with 16S rDNA sequences of seven samples

样品编号 No. of sample	匹配结果 Matching result	相似度 (%) Ident	覆盖率(%) Query cover	参考数据 Accession
HF1	<i>C. michiganensis</i>	100	100	NR_074600.1
YA-3	<i>Streptomyces</i>	99	100	KJ573803.1
YA-4	无法获得重合序列			
YA-5	<i>Uncultured bacterium</i>	100	100	JQ966224.1
QK1	<i>Ralstonia</i>	100	100	KP189379.1
QK3	无法获得重合序列			
HJ1	无法获得重合序列			
HJ2	<i>P. atrosepticum</i>	100	100	CP009125.1
ZN-1	无法获得重合序列			
FL-1	<i>P. carotovorum</i>	99	100	FJ593027.1
28-2	<i>Streptomyces</i>	100	100	KJ573803.1
1-1	无法获得重合序列			



M: Marker DL2 000; 1: 水对照; 2~7: HF1, YA-3, YA-5, YA-4, YA-6 和 28-2。

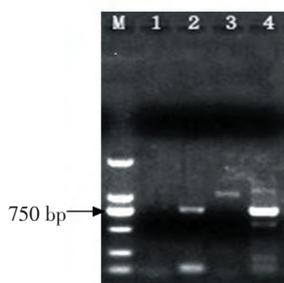
M: Marker DL2 000; 1: blank control; 2~7: HF1, YA-3, YA-5, YA-4, YA-6 and 28-2, respectively.

图 3 *Clavibacter* 属和 *Streptomyce* 属的 *GyrB* 基因扩增

Figure 3 *GyrB*-PCR results of *Clavibacter* and *Streptomyce*

2.2.2 *Ralstonia* 属的 *mutS* 基因扩增

样品 QK1、QK3 及 1-1 进行 767 bp 的 *mutS* 基因扩增, 电泳结果见图 4, 从图 4 中可知, 1-1 未产生目的条带, 而 QK1 和 QK3 均获得了与预期相似的目的条带, 其中对 QK1 的 *mutS* 基因扩增产物进行测序分析。



M: Marker DL2 000; 1: 水对照; 2~4: QK3, 1-1, QK1。

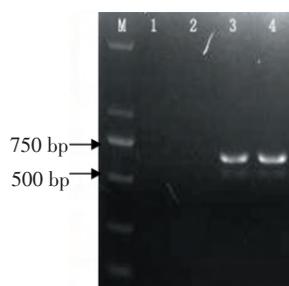
M: Marker DL2 000; 1: blank control; 2-4: QK3, 1-1 and QK1, respectively.

图4 *Ralstonia* 属的 *mutS* 基因扩增

Figure 4 *mutS*-PCR results of *Ralstonia*

2.2.3 *Pectobacterium* 属的基因扩增

样品 HJ2 和 FL-1 分别进行 *P. atrosepticum* 基因组和 *P. carotovorum* 基因组的特异性引物扩增及测



M: Marker DL2 000; 1: 水对照; 2~3: FL-1 和 HJ2; 4: 阳性菌株对照。

M: Marker DL2 000; 1: blank control; 2-3: FL-1 and HJ2; 4: positive control.

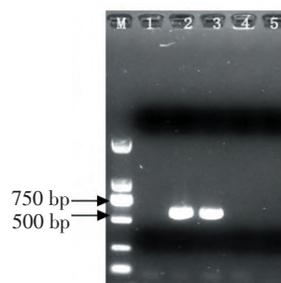
图5 *P. atrosepticum* 基因组特异性扩增

Figure 5 PCR of *P. atrosepticum* by special primers

序, 电泳结果见图5和图6。从电泳图5中可知, HJ2 扩增出 *P. atrosepticum* 基因组的特异性目的片段, 而 FL-1 并未获得任何 PCR 产物。因此, HJ2 的 *P. atrosepticum*-PCR 产物进行测序。从电泳图6中可知, 样品 HJ2 和 FL-1 均未扩增出 *P. carotovorum* 基因组的特异性片段。

2.2.4 序列比对分析

将样品 HF1、YA-3、YA-5 和 28-2 的 *GyrB* 基因序列测定结果、QK1 的 *mutS* 基因测序结果和 HJ2 的 *P. atrosepticum* 基因组 PCR 产物的测序结果在 GenBank 进行 Blast 的比对分析, 分析结果见表5。从表5可知, 样品 HF1、YA-3、YA-5 的病害类型均为 *C. michiganensis* subsp. *sepedonicus*; 样品 QK1 为 *R. pickettii*; 样品 HJ2 为 *P. atrosepticum*; 样品 28-2 为 *S. scabiei*。



M: Marker DL2 000; 1: 水对照; 2~3: 阳性菌株对照; 4~5: FL-1 和 HJ2。

M: Marker DL2 000; 1: blank control; 2-3: positive control; 4-5: FL-1 and HJ2.

图6 *P. carotovorum* 基因组特异性扩增

Figure 6 PCR of *P. carotovorum* by special primers

表5 6个样品的其他基因序列比对结果

Table 5 Blast comparison with other gene sequences of six samples

样品编号 No. of sample	匹配结果 Matching result	序列长度(bp) Length of sequence	相似度(%) Ident	E 值 E value	覆盖率(%) Query cover	参考数据 Accession
HF1	<i>C. michiganensis</i> subsp. <i>sepedonicus</i>	489	100	0.0	100	JX890008.1 AM849034.1
YA-3	<i>C. michiganensis</i> subsp. <i>sepedonicus</i>	496	100	0.0	100	JX890008.1 AM849034.1
YA-5	<i>C. michiganensis</i> subsp. <i>sepedonicus</i>	493	100	0.0	100	JX890008.1 AM849034.1
28-2	<i>S. scabiei</i>	374	99	0.0	100	FN554889.1
QK1	<i>R. pickettii</i>	729	99	0.0	100	CP001644.1
HJ2	<i>P. atrosepticum</i>	631	99	0.0	100	CP009125.1

3 讨论

3.1 DNA 条形码技术检测结果的比较

4种病害的已知菌液中, HF1、HJ2和28-2的16S rDNA序列比对结果、*GyrB*基因鉴定结果与已知结果相一致; QK1的样品原为*R. solanacearum*, 而本研究所使用的条码技术鉴定结果却为*R. pickettii*, 该样品在“种”鉴定方面存在差异。

在病害待检的样品鉴定中, YA-3的16S rDNA序列比对结果与*GyrB*基因扩增及测序结果差异很大, YA-5的16S rDNA序列比对结果是未知菌株, 但是, YA-3和YA-5的*GyrB*基因扩增的电泳图中可明显看出二者与HF1一致, 经过测序后比对发现, 二者确实为*C. michiganensis* subsp. *sepedonicus*, 与HF1结果一致。而且, YA-3、YA-4和YA-5经环腐病Real-Time PCR方法验证均为*C. michiganensis* subsp. *sepedonicus*^[14], 与应用DNA条形码技术的检测结果一致。因此, 本研究应用的DNA条形码技术检测*C. michiganensis* subsp. *sepedonicus*时, 采用16S rDNA序列与*GyrB*基因相结合, 其中*GyrB*基因鉴定结果良好, 田茜等^[12]的分析认为*cpn60*基因具备作为*Clavibacter*属内亚种级别区分鉴定用基因的潜力。但是, 在实际应用中, *GyrB*基因即可满足马铃薯病害检测的要求。主要原因是, 该基因可以将2种革兰氏阳性菌引起的马铃薯环腐病和疮痂病区分开来, 获得准确的可马铃薯疮痂病检测结果。

3.2 复合侵染样品对DNA条形码技术检测结果的影响

DNA条形码技术在应用的过程中对被测样品的DNA质量要求较高, 特别是在16S rDNA序列的比对中^[12]。在本研究中, 采用的供试马铃薯块茎样品可能存在多种细菌病害复合侵染的情况, 导致16S rDNA序列的测定后无法获得足够长度的重合序列。因此, 在应用该DNA条形码技术检测马铃薯细菌病害时, 需要对待检样品提取DNA时应确保是单一菌株侵染并保证提取的DNA质量良好。如果无法保证待检样品是单一病害侵染时, 应先对待检样品进行菌株的分离培养, 再逐一挑取病原菌进行16S rDNA序列的扩增等检测工作。同

时, 在检测过程中务必设立空白对照, 以保证PCR反应未发生污染现象。

3.3 DNA条形码技术检测马铃薯细菌病害的可行性

本文所应用DNA条形码技术是根据欧盟地区的检疫性细菌病害DNA条形码技术进行必要的改良后建立的。在本研究中, 该技术在马铃薯环腐病检测的应用效果良好, 可以作为马铃薯环腐病的一种检测体系在实际工作中应用。然而, 该DNA条形码技术检测马铃薯青枯病时, 可以获得“属”的鉴定结果, 但是在“种”的鉴定中未能获得理想的检测结果, 因此, 该方法需要进一步对*mutS*基因或其他特异性基因进行筛选研究后, 以获得更加准确的检测鉴定结果。

在马铃薯疮痂病的检测上, 借鉴了马铃薯环腐病的检测方法, 本研究发现该方法可检测*S. scabiei*(马铃薯普通疮痂病菌), 而对于其他种的可马铃薯疮痂病菌还将继续进行应用研究。在马铃薯黑胫病的检测中, 虽然已知样品在16S rDNA序列中获得了准确的检测结果, 但是在待检样品的检测中未获得良好的检测结果, 因此, 该DNA条形码技术在马铃薯黑胫病检测中应用需要配合以该病原菌特异性基因。

除2种马铃薯检疫性病害之外, 本研究拓展了该DNA条形码技术的检测范围, 将其应用在非检疫性病害的病原细菌(疮痂病和黑胫病菌)等方面。本研究初步构建的可马铃薯4种细菌病害DNA条形码技术检测流程使得马铃薯种薯质量检测中独立的待检样品进行多种细菌性病害检测得以实施, 待检样品首先经过16S rDNA序列的分类后, 再进行具体病原菌种类的鉴定。而且标准操作和测序技术的相结合使得检测结果准确性高, 还可以避免待检样品按照不同病害种类多次进行特异性PCR扩增的工作, 大大缩减工作量。该项技术既可保证操作的标准性和结果的准确性, 还大大提高马铃薯病害的检测效率, 因此, 该项技术在马铃薯种薯生产中应用潜力巨大。

[参 考 文 献]

[1] Hebert P D, Ratnasingham S, Waard J R. Barcoding animal life:

- cytochrome oxidase subunit 1 divergences among closely related species [J]. *Proc Biol Sci*, 2003, 270(s1): 96–99.
- [2] Jordaens K, Goergen G, Virgilio M, *et al.* DNA barcoding to improve the taxonomy of the *Afrotropical hoverflies* (Insecta: Diptera: Syrphidae) [J]. *PLoS One*, 2015, 10: 1–15.
- [3] Sizhu Z, Jialin L, Yihan W, *et al.* DNA barcoding identification of *Dermestidae* species [J]. *Mitochondrial DNA*, 2015, 5: 1–5.
- [4] 朱惠敏, 连一阳, 王中锋, 等. 基于 *cox1* 条形码的鱼肚 DNA 分子鉴定 [J]. *广东海洋大学学报*, 2014, 34(6): 1–5.
- [5] 周美玉, 陈骁, 杨圣云. 采用 DNA 条形码技术对厦门海域鱼卵、仔稚鱼种类的鉴定 [J]. *海洋环境科学*, 2015, 34(1): 120–125, 135.
- [6] 王晓明, 姬可平, 牛宪力, 等. DNA 条形码与动植物分类学的研究 [J]. *生物信息学*, 2012, 10(2): 83–86.
- [7] 陈士林, 庞晓慧, 罗焜, 等. 生物资源的 DNA 条形码技术 [J]. *生命科学*, 2013, 25(5): 458–466.
- [8] Liu Y, Sun W, Liu C, *et al.* Identification of *Hippophae* species (Shaji) through DNA barcodes [J]. *Chin Med*, 2015, 10: 1–11.
- [9] Andreakis N, Høj L, Kearns P, *et al.* Diversity of marine-derived fungal cultures exposed by DNA barcodes: the algorithm matters [J]. *PLoS One*, 2015, 10: 1–22.
- [10] 陈岩, 张立, 刘力, 等. 我国检疫性有害生物 DNA 条形码信息系统建设 [J]. *植物检疫*, 2014, 28(1): 1–5.
- [11] 张德生, 陈英, 陈小玲. 微生物 DNA 条形码技术的研究进展 [J]. *广西科学*, 2015, 22(1): 27–30.
- [12] 田茜, 张美, 胡洁, 等. 植物病原细菌 DNA 条形码检测技术 [J]. *植物检疫*, 2014, 28(6): 1–7.
- [13] Humphris S N, Cahill G, Elphinstone J G, *et al.* Detection of the bacterial potato pathogens *Pectobacterium* and *Dickeya* spp. using conventional and Real-time PCR [J]. *Plant Pathology: Method in Molecular Biology*, 2015, 1302: 1–16.
- [14] 魏琪, 胡林双, 董学志, 等. 马铃薯环腐病菌 Real-time Taqman-PCR 检测体系的建立 [J]. *中国马铃薯*, 2010, 24(5): 301–305.

中国科学家金黎平首获“ISTRC 终身成就奖”

在 2016 年 1 月 18~22 日, 由 21 世纪全球木薯合作团队和国际块根类作物学会 (The International Society for Tropical Root Crops, ISTRC) 共同于南宁市召开的“21 世纪全球木薯合作团队第 3 次会议暨国际块根块茎类作物学会第 17 次会议”上, 国际块根类作物学会授予金黎平研究员终身成就奖, 以表彰她在块茎类作物方面的贡献。同时获奖的还有我国著名的甘薯专家马代夫先生。

金黎平研究员是国家马铃薯产业技术体系首席科学家、农业部薯类作物生物学与遗传育种重点实验室主任、中国作物学会马铃薯专业委员会副主任委员。主持完成了国家科技支撑和 863 计划、农业部项目、国际合作项目、国家自然科学基金等 20 多项科研课题。主持育成了从‘中薯 3 号’到‘中薯 21 号’的系列马铃薯品种 19 个, 其中 18 个品种通过国家级审定, 并在全国范围内大面积推广应用。获得国家级或省部级科技奖励多次, 其中 2015 年获得中华农业科技一等奖, 2011 年被评为全国农业科研杰出人才、农业部“十位优秀农业科技专家”之一。2006 年被评为宁夏先进科技工作者。获国家发明专利 2 项, 发表学术论文 100 余篇, 主编和参编著作 10 余部, 培养了 20 余名研究生和其他专业技术人员。她长期组织协调全国马铃薯产业各领域的研发工作; 为国家、地方和企业制订马铃薯种业及产业发展规划; 提供产业发展咨询和技术培训, 在推动产业发展, 提高地方和农户效益等方面做出了巨大贡献并获得了同行的高度评价。

国际块根类作物学会于 1967 年成立, 是世界上从事块根块茎类作物研究、生产和利用单位及个人的联系、合作和交流的工作平台, 致力于相关作物的改良, 定期出版国际期刊并举办国际会议, 与国际热带农业中心、国际马铃薯中心以及其他国际机构有紧密的合作。国际块根类作物学会颁发“终身成就奖”以向那些为块根块茎类作物的发展做出杰出贡献的科学家致敬。金黎平研究员和马代夫先生是首次获得此殊荣的中国人。