

【航空管理与安全】

基于 DNA 条形码技术的机场鸟击
物种鉴定研究进展

邵 燕, 王 君, 尚 帅, 李琳琦, 刘军鹏, 王彦美, 刘云鹏

(山东航空学院 生物与医药工程学院, 山东 滨州 256603)

摘 要: 鸟击事件严重威胁航空安全, 精准鉴定肇事鸟类物种是制定有效防控措施的关键。DNA 条形码技术通过分析特定基因序列实现物种快速、准确鉴别, 能够克服传统形态学鉴定的局限性。鸟类 mtDNA 具有母系遗传、进化速率快等特点, 其中, *COI*、*Cyt b*、*12S rRNA* 和 *16S rRNA* 基因是常用分子标记。DNA 条形码技术可精准区分形态相似物种、特殊生理状态个体及雏鸟、羽毛和血迹等残缺样本, 在机场鸟击鉴定中优势显著。目前, 基于 DNA 条形码技术的鸟击物种鉴定已被广泛应用, 为鸟击溯源和防控提供了科学依据。随着测序技术发展和数据库完善, 该技术将在准确性、效率及适用范围上进一步提升, 为航空安全管理提供更大助力。

关键词: 机场; 鸟击; DNA 条形码; 物种鉴定; 航空安全

中图分类号: V 328.2; Q 959.7 **文献标识码:** A DOI:10.13486/j.issn.2097-4973.2026.02.004

0 引言

鸟击(bird strike)又称鸟撞, 是指飞行器在起飞、爬升、巡航或降落过程中被鸟类或蝙蝠等撞击而发生的影影响飞行安全的事件、事故或事故征候^[1]。航空安全是航空运输发展的生命线和根本保障。随着航空运输量的持续增长和空域资源的日益紧张, 航空运行安全压力不断加剧, 其中鸟击事件已成为威胁航空安全的重要隐患。据统计显示, 近年来全球范围内航空器鸟击事件发生率呈显著上升趋势^[2]。鸟击严重影响航空安全, 轻则致使飞机外壳严重凹陷、挡风玻璃破裂、航空器损坏等, 重则引发灾难性事故, 在导致机毁人亡的飞行事故中, 约有 20% 是由于鸟击事件造成^[3], 国际航空联合会将鸟击列为 A 级航空灾难^[4]。因此, 随着鸟击事件数量持续增加, 并长期居于航空事故征候的首位^[5], 深入分析和掌握飞机鸟击安全状况对于保障航空安全具有重要的现实意义。

在机场鸟击防范中, 鸟情信息的获取是基础和关键, 是鸟击防范体系的核心支撑。精确识别所涉及的鸟类物种更是制定缓解策略的关键^[2]。目前, 通过雷达探测^[6]、图像识别^[7]、生物声学监测^[8]、热红外成像^[9]等信息技术可以快速识别和检测飞行中的鸟类, 提取宏观尺度上的鸟类行为信息, 获得有关鸟类种类、飞行高度和迁徙模式等特征^[10]。但是, 宏观尺度上的机场鸟情监测数据虽能反映鸟类活动趋势, 却与实际引发鸟击的具体物种信息存在偏差, 对于机场而言, 精确的鸟类信息才能帮助其更有针对性地提前预警并采取飞行避让等措施, 直接降低鸟击事件的概率^[11]。所以, 准确掌握鸟击事件中的确切物种信息对制定有效风险防控管理策略计划是至关重要的^[12-13]。通过分析确切鸟类的生态习性及与机场环境的互动

收稿日期: 2025-03-30

基金项目: 2024 年山东省研究生教育教学资源建设项目(机场生态学)

第一作者简介: 邵 燕(1979—), 女, 山东莱阳人, 副教授, 博士, 主要从事动物学研究。E-mail: shaoyan79@163.com

关系,除了有助于制定精准的驱鸟策略、优化航线净空管理外,还可以大大推动鸟击防空从被动应对转向主动预防,在保障航空安全的同时减少对生态环境的干扰,以实现航空安全与生态保护的和谐与平衡。然而,在鸟击事件发生时,由于强大的撞击力导致获取完整的鸟类标本往往十分困难,这使得依赖传统形态学方法精确鉴别鸟击物种变得极具挑战性。虽然可以通过羽毛等特征进行初步判断,但这需要专业人员具备深厚的分类学知识,对于仅存的血迹或组织碎片,传统方法更是无能为力。此时,分子生物学技术成为关键手段,它能够通过 DNA 分析快速且精准地识别鸟击物种,为鸟击防范提供科学依据,弥补传统方法的局限性。

1 DNA 条形码技术

2003 年意大利生物学家 Paul Hebert 首次提出了 DNA 条形码一词^[14],DNA 由 4 种碱基(A/T/C/G)构成,仅需 15 个碱基位点($4^{15} \approx 10$ 亿组合)即可覆盖已知物种(约 200 万种描述物种,实际可能存在 1 000 万种以上)。

DNA 条形码技术指的是利用特定基因片段的碱基序列作为物种的“分子身份证”进行鉴定,其核心原理是利用基因组中一段具有中变异速率的 DNA 序列,来区分不同物种并保证种内个体的一致性^[14]。在自然进化过程中,DNA 序列会发生变异,这些变异主要来源于基因突变、重组以及基因流等。自然选择和中性选择过程共同作用于这些变异,影响物种的遗传组成。自然选择会保留对生物有利的变异,淘汰不利的变异,从而影响种群的遗传组成和适应性。中性选择则是在自然选择压力较弱的情况下,随机的出生、死亡和后代分散等事件导致的序列变异的随机固定。这些变异在种群中积累,为物种鉴定提供了基础^[15]。DNA 条形码是一段标准化、较短的 DNA 序列片段,其核苷酸的特异性变异可以作为物种鉴定的分子标记^[16]。该序列的突变速率需保持适中,以平衡种内保守性和种间差异性,从而确保物种鉴定的准确性和有效性。突变速率过快会导致种内变异过大,难以区分不同个体;而突变速率过慢则可能导致种间差异不够明显,无法准确区分不同物种。理想的 DNA 条形码基因需满足的条件见表 1。

表 1 DNA 条形码基因需满足的条件

特性	条件	示例基因
普遍性	所有目标物种均存在该基因	<i>COI</i> (动物)、 <i>rbcL</i> (植物)
序列保守性	编码区功能重要,突变受选择压力限制	避免高变区(如 D-loop)
变异适度	种间差异 > 种内差异(Barcoding Gap)	<i>COI</i> 在动物中通常 2%~3%
易于扩增	通用引物可 PCR 扩增	短片段(~650 bp)

在中国知网数据库中,以“主题=DNA 条形码+鉴定+物种”为检索公式,选择“学术期刊”来源,对 2015—2024 年文献进行检索,共得到中文文献 776 篇,外文文献记录 1645 篇(图 1)。近十年来,DNA 条形码技术在物种鉴定领域的文献数量呈现出平缓但维持高位的态势,表明该技术已经发展成为物种鉴定领域的成熟主流工具。

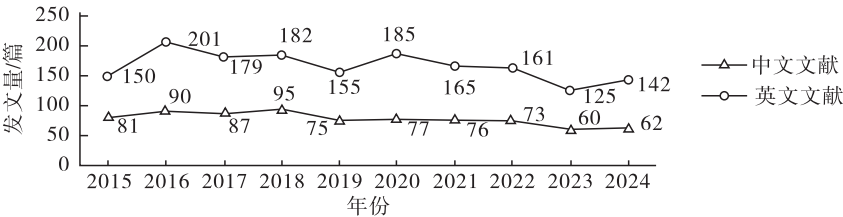


图 1 基于 DNA 条形码技术的物种鉴定文献数量

DNA 条形码技术流程包括样本预处理、DNA 提取、PCR 扩增、产物检测与纯化、序列测定及质量评估、序列比对与鉴定等(图 2)。把来自不同生物个体的同源 DNA 序列进行 PCR 扩增与测序,随后对测得

的序列进行多重序列比对和聚类分析,从而将某个个体精确定位到一个已描述过的分类群中^[17-25]。线粒体 DNA(mitochondrial DNA, mtDNA)序列是物种鉴定最重要的遗传标记^[26-27]。

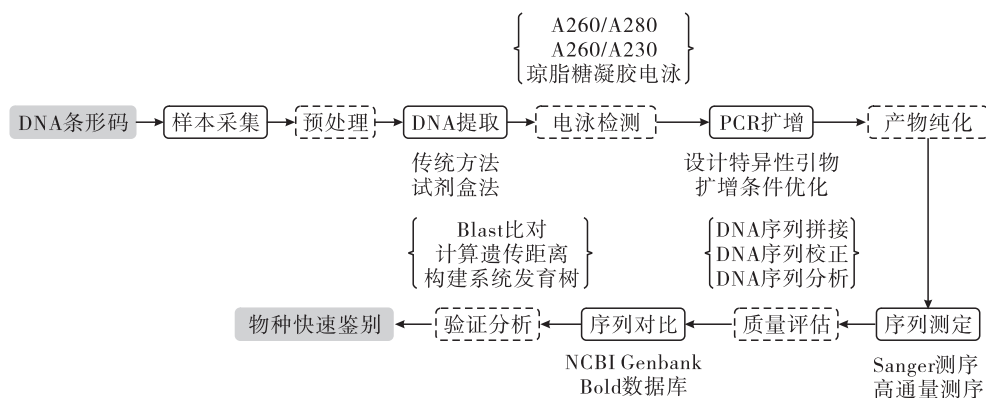


图 2 DNA 条形码技术流程简图

2 鸟类 mtDNA

鸟类线粒体同其他脊椎动物的一样,也是细胞能量代谢中心。mtDNA 编码的蛋白质和酶主要在氧化磷酸化中的电子传递和 ATP 合成发挥关键作用,并为鸟类飞行等高能耗活动提供重要能量支持。鸟类 mtDNA 是一种存在细胞核外具有自主复制、转录和翻译能力的共价闭合双链环状 DNA,其大小多在 14 899~22 737 bp,长度差异主要在于重复序列。鸟类 mtDNA 有 37 个基因(包含 13 个蛋白质编码基因、2 个 rRNA 基因、22 个 tRNA 基因)和一个非编码控制区。13 个蛋白质编码基因:细胞色素 b (*cytochrome b*, *Cyt b*),细胞色素 c 氧化酶的 3 个亚基[*COI*(*COX1*)、*COII*(*COX2*)、*COIII*(*COX3*)], NADH 脱氢酶的 7 个亚基(*ND1*、*ND2*、*ND3*、*ND4*、*ND4L*、*ND5*、*ND6*),ATP 合成酶(ATPase)的 2 个亚基(*ATP6* 和 *ATP8*)。2 个能与蛋白质结合形成核糖体的 rRNA 基因(*12S rRNA* 和 *16S rRNA*)。22 个具有携带并转运氨基酸功能的 tRNA 基因,及一个非编码控制区[(D 环区 D-loop)也称控制区(control region,CR)]。鸟类 mtDNA 双链的外环为重链(H 链)、内环为轻链(L 链),大多数基因由 H 链编码,只有少数基因如 *ND6* 和 6 个 tRNA 基因(*tRNA-Glu*、*tRNA-Gln*、*tRNA-Ala*、*tRNA-Asn*、*tRNA-Cys* 和 *tRNA-Tyr*)由 L 链编码。1990 年,科学家利用 Sanger 测序技术首次完成了家鸡(*Gallus gallus domesticus*)的 mtDNA 全基因组测序(图 3),这是鸟类中首个被测定完整线粒体基因组的物种^[28]。截至 2025 年 2 月,GenBank 收录了鸟类线粒体全基因组序列 5 287 条,涵盖了 29 个目,684 种(图 4)。

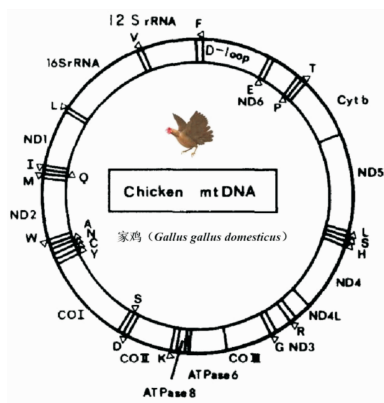


图 3 家鸡 mtDNA 基因组模式图^[28]

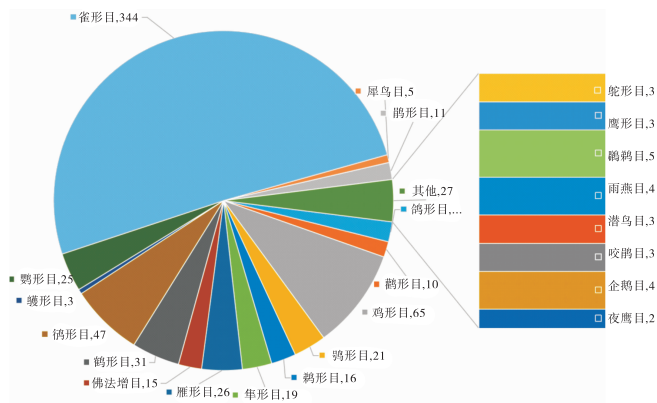


图4 鸟类线粒体全基因组测序完成情况

雀形目最多(344 种),其次为鸡形目(65 种),另外,鸛形目(白尾鸛 *Phaethon lepturus*)、鸞形目(白眉

棕啄木鸟 *Sasia ochracea*)、鸵鸟目(非洲鸵鸟 *Struthio camelus*)、美洲鸵鸟目(大美洲鸵 *Rhea americana*)、鹤鸵目(双锤鹤鸵 *Casuaris Casuaris*)、无翼鸟目(褐几维鸟 *Apteryx australis*)都只有 1 种完成线粒体全基因组测序,还有个别已灭绝的鸟类。尽管已完成的线粒体全基因组测序数量较其他类群仍显不足,但目前已取得的进展依旧可以为相关研究提供重要数据支撑。

鸟类 mtDNA 基因组具有高度紧凑的基因排列特征,表现为基因间区极短或缺失;所有基因均不含内含子;除 1 kb~2 kb 的非编码区外,基因组几乎全部具有编码功能。鸟类 mtDNA 还表现出显著的基因重排现象,尤其是在 *Cyt b* 和 12S *rRNA* 基因之间。在多数鸟类中,*Cyt b* 和 12S *rRNA* 之间的基因顺序为 *Cyt b*→*tRNA-Thr*→*tRNA-Pro*→*NAD6*→*tRNA-Glu*→D-loop→*RNA-Phe*→12S *rRNA*。紫红头鹦鹉(*Psittacula cyanocephala*)是该分类排列中的典型代表(图 5)^[29]。

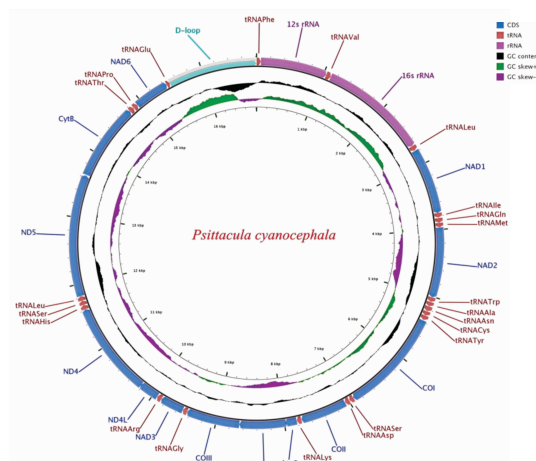


图 5 紫红头鹦鹉线粒体全基因组图谱^[29]

3 基于 mtDNA 基因的动物物种鉴定

mtDNA 因其母系遗传、进化速率适中、拷贝数高及结构稳定等特点,成为物种分类鉴定的重要分子标记。常用的基因标记有 *COI*、*COII*、*Cyt b*、12S *rRNA*、16S *rRNA* 和 D-loop 等。基于 mtDNA 基因的 DNA 条形码技术开创了物种鉴定新时代,不仅在鉴别物种方面快速准确,而且在幼残体鉴定、区分近缘种、发现隐存种等方面具备绝对优势^[30-31]。

3.1 形态相似物种的精准鉴别

在生物分类中,形态相似的物种往往难以通过传统的形态学方法进行区分,利用 mtDNA 基因的高变异性性和母系遗传特性,可以对形态相似的物种进行精准鉴别。例如,在南极鱼亚目中,鱼类种类繁多,且同科鱼类在形态特征上存在高度相似性,导致仅凭外观难以进行精确区分,王晓谕等采用 12S *rRNA* 基因作为 DNA 条形码,对南极鱼亚目鱼类进行了物种鉴定,结果显示了较高的总体置信度^[32]。李蓉等基于线粒体 *COI* 基因,对壮真蝎(*Euscorpiops validus*)与普洱真蝎(*E. puerensis*)进行了有效的物种鉴定,显著降低了由于二者形态特征极为相似导致的物种划分和鉴定难度^[33]。此外,曾韵颖应用 *COI* 基因和 16S *rRNA* 基因条形码在海马中建立了快速有效的物种鉴定方法,解决了海马的形态十分相似,外观差异不显著,鉴别难度较大的问题^[34]。

3.2 早期发育阶段物种的识别

DNA 条形码技术亦可超越物种性别及发育阶段的限制,通过卵、幼虫或缺失虫体实现物种鉴定,显著缩短物种鉴定所需的时间。针对完全变态物种的幼虫与成虫差别很大,基于外部形态学精准鉴定极其困难,杜思乐等应用 3 对通用引物(*Cyt b*、*COI*、16S *rRNA*)对未知昆虫幼虫 3 个部位进行核酸提取及基因扩增,最后精准鉴定为白腹皮蠹(*Dermestes maculatus*)^[35]。DNA 条形码技术也在鱼卵鉴定领域被广泛应用,解决了依赖形态特征准确界定鱼卵和仔稚鱼种类的困难,确认了基于线粒体的 DNA 条形码在鱼卵和仔稚鱼种类鉴定中的适用性^[24,36-37]。

3.3 特殊生理状态物种的鉴定

在动物物种鉴定领域,基于 mtDNA 的基因分析技术因其高灵敏度和准确性,被广泛应用于动物残体、残迹及加工制品的物种识别。该技术尤其适用于形态特征被严重破坏或完全丧失的样本。邵建宏等通过熊 *COX2* 基因分析,成功鉴定出 9 份走私离体组织均属于熊科物种^[38]。朱弘等利用 *COI* 基因对 1 例

亚洲黑熊残体进行了分子鉴定^[39];利用 16S *rRNA* 基因序列对 15 只鸟类残体进行分析,共鉴定出 6 种鸟类,隶属 2 目 6 科 6 属,且均为国家“三有名录”保护物种^[40]。刘大伟等利用线粒体 *COI* 和 16S *rRNA* 基因鉴定某公安机关查获的 1 件鸟类残体,发现为白枕鹤^[41]。黄涛华等以 42 份未知来源的家畜动物血液为检测对象,通过线粒体 *COI* 片段检测发现分别属于黄牛 (*Bos taurus*)、瘤牛 (*B. indicus*) 和牦牛 (*B. grunniens*)^[42]。陆琪等通过采集粪便样本并提取 DNA,扩增 mtDNA 中的 16S *rRNA* 基因片段进行分子物种鉴定,成功确定了 22 份样本属于雪豹 (*Panthera uncia*)^[43]。以上案例充分证实了 mtDNA 基因标记(如 *COX2*、*COI* 和 16S *rRNA*)在利用动物遗骸、遗迹等特殊生理状态样本进行物种鉴定过程中的关键作用。

4 基于 mtDNA 条形码技术的物种鉴定

4.1 mtDNA 条形码技术与传统分类方法的比较

在鸟击事件发生时,由于撞击力的剧烈作用,往往难以获取完整的鸟类样本,尤其是在航空器飞行过程中,残留物通常仅限于羽毛碎片、血迹或其他组织残骸,传统形态学鉴定方法通常无法实现精确的物种鉴定,因此,必须借助分子生物学技术来实现可靠的物种鉴定。mtDNA 条形码技术相比较于传统形态分类学方法的核心优势分析见表 2。

表 2 mtDNA 条形码技术与传统形态分类法特征比较

核心特征	mtDNA 条形码技术	传统形态分类学方法	分子检测的核心优势
分辨率	高(可区分相似种、近缘种、隐存种、幼体、卵等)	低(易受形态相似性干扰)	突破形态限制,精准区分物种
检测速度	快(高通量测序,可批量处理样本)	慢(依赖人工观察)	大幅提升鉴定效率
自动化程度	高(标准化流程,减少人为误差)	低(依赖专家经验)	减少主观偏差,结果可重复
样本适应性	强(可检测微量、降解、碎片化样本)	弱(需完整形态特征)	适用于复杂样本(如加工食品、环境 DNA)
数据库支持	全球共享(BOLD、GenBank 等)	依赖本地标本库	标准化数据,便于全球比对
隐存种鉴定	可发现(基于遗传差异)	难以识别	揭示传统方法无法检测的多样性
发育阶段影响	无影响(DNA 序列稳定)	受幼虫/成虫形态差异干扰	幼体、卵等均可鉴定
应用扩展性	广(环境 DNA、法医、食品安全等)	较局限(依赖形态特征)	适用于新兴领域(如 eDNA 监测)

4.2 机场鸟击中物种鉴定的线粒体基因标记

目前在机场鸟击物种鉴定中,应用的基因标记仅有 *COI*、12S *rRNA*、*Cyt b*、16S *rRNA* 和 *ND2*,PCR 扩增时其部分相关引物信息见表 3。

这些基因标记在鸟类物种鉴定中各具优势,在通用性上的优势依次为 *COI* > *Cyt b* > 12S *rRNA* > *ND2* > 16S *rRNA*;在分辨率上的优势依次为 *ND2* > *COI* > *Cyt b* > 12S *rRNA* > 16S *rRNA*;数据库完备性上的优势依次为 *COI* > *Cyt b* > 12S *rRNA* > *ND2* > 16S *rRNA*。虽然它们具有一定的鉴别能力,但其在鸟类物种鉴定中的分辨效率和适用范围仍需进一步评估和优化,根据具体研究目的(物种鉴定、系统发育、种群遗传等)选择合适的标记组合。今后还须挖掘更多线粒体基因标记的应用潜力,或结合核基因标

记以提高鉴定准确率。同时,建立更完善的机场常见鸟类 DNA 条形码参考数据库,将有助于提升鸟击物种鉴定的效率和可靠性。

表 3 机场鸟击物种鉴定用的线粒体基因引物信息

特征基因	引物名称	引物序列	退火温度/℃	产物大小/bp	参考文献
COI	COIbF	TTTCAACCAACCACAAAGACATCGG	50/55	650	[2,44-45]
	COIbR	TATACTTCAGGGTGTCCAAAGAATCA			
	AWCF1	CGCYTWAACAYTCYGCCATCTTACC	52	848	[46-47]
	AWCR6	ATTCTATGTAGCCGAATGGTTCTTT			
	BirdF1	TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC	55	746	[46,48]
	BirdR1	ACGTGGGAGATAATTCCAAATCCTG			
	BirdF1	TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC	55	749	[46,48]
	BirdR2	ACTACATGTGAGATGATTCCGAATCCAG			
	L6615	CCTCTATAAAAAGGTCTACAGCC	44	749	[49-50]
	H7956	GGGTAGTCCGAGTATCGTCG			
	LCO1490	GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG	50	650	[14,45]
	HCO2198	TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA			
12S rRNA	L1091	AAAAAGCTTCAAACCTGGGATTAGATA	55	400	[51]
	H1478	CCCACTAT TGA CTGCAGAGGGTGACGGGGCGGTGTGT			
16S rRNA	LE2190-F	GTAGGCCTCAAAGCAGCCAC	55	500	[52-53]
	HO3056-R	CCGGTCTGAACTCAGATCACG			
Cyt b	L14851	CCTACTTAGGATCATCGCCCT	55	965	[49]
	H16065	GTCTTCATCTCCGGTTTACAAGAC			
ND2	L5215	TATCGGGCCCATACCCGAAAAT	57	1041	[54-55]
	H1064	CTTTGAAGGCCTTCGGTTTA			
	L5219	CCCATACCCCGAAAATGATG	59	1041	[54]
	H6313	CCTTTATTTAAGGCTTTGAAGGC			

4.3 机场鸟击物种鉴定的研究进展

在 DNA 测序技术出现之前,约有四分之一的鸟击事件无法通过形态学方法进行物种鉴定^[2]。如今,国内外机场应用 DNA 条形码技术进行鸟击物种鉴定的研究已取得显著进展。乔艳江等创新性地采用线粒体 12S rRNA 基因作为分子标记,运用 DNA 条形码技术对两起鸟击事件中的微量残留物(包括发动机叶片上的数根绒羽和一根破碎的正羽)进行系统分析,通过 PCR 扩增、测序及 NCBI 数据库比对,结合系统发育树构建,准确鉴定两例样本均为山斑鸠(*Streptopelia orientalis*),证实了分子鉴定技术在航空鸟击事件中的可靠性,且特别适用于微量、降解羽毛样本的物种鉴定,同时分子鉴定技术在纠正传统形态学鉴定误差方面展现出独特优势^[51]。冯慧等通过 Cyt b 和 COI 基因分析,成功纠正了形态学鉴定结果,确认鸟击残体为家燕(*Hirundo rustica*)而非原先判定的金腰燕^[49]。王业等通过对某机场 138 份鸟类撞击残留物样本进行基于 COI 基因的 DNA 条形码技术鉴定,成功鉴定出 61 种鸟类,其中雀形目鸟类占比最高(74.64%),以云雀(*Alauda arvensis*)和金腰燕(*Cecropis daurica*)为代表物种,时序分析显示,鸟击事件

呈现明显的季节性特征,其发生高峰与鸟类迁徙季节(特别是10月份)及夜间活动时段高度重合,这一发现为该机场制定针对性的鸟击防控策略提供了重要科学依据^[48]。类似的分子鉴定技术已在国内很多航空枢纽得到广泛应用^[56-59]。特别值得关注的是某机场通过整合16S rRNA基因序列分析和形态学特征比对,准确鉴定一起航空撞击事件中的蝙蝠物种为大棕蝠(*Eptesicus serotinus*),遗传距离分析显示,该样本与近缘种之间的遗传差异显著,进一步验证了分子鉴定技术在航空生物撞击事件物种鉴定中的准确性和可靠性^[53]。Chen等利用COI和12S rRNA基因作为DNA条形码,对303份收集于某国际机场的鸟击残留物进行了物种鉴定,成功检测出13目32科82种鸟类和8种蝙蝠,有助于机场管理者明确高流量区域的保护重点,通过对高度脆弱的物种进行保护,最终实现有限资源的优化配置,而非由于无法精确识别物种,而不得不采取随机管理方法^[46]。Dove等基于mtDNA ND2基因序列分析,对2012年10月4日发生于美国某国际机场的一起F-15C战机鸟击事件中的生物样本(羽毛及组织)进行了分子鉴定,确认为濒危亚种条纹角百灵(*Eremophila alpestris strigata*),提出关于条纹角百灵的保护建议以及基于mtDNA的分子鉴定方案,强调需对条纹角百灵更广泛分布区开展深入研究,明确鸟击问题最严重的空域范围,以兼顾航空安全与生物多样性保护的管理^[55]。在南非某国际机场,一架飞机在3 353 m高空遭遇鸟击,降落后在发动机整流罩中发现羽毛和组织样本,经COI条形码鉴定确认为白鹳(*Ciconia ciconia*),这是南非首次记录到白鹳造成的高空鸟击事件,具有重要的科学价值,为鸟类在极端高度活动提供了直接的证据支持,此事件说明某些鸟类(如白鹳)可能具备远高于预期的飞行能力,这对航空安全管理也提出了新的挑战^[2]。

5 展望与讨论

随着航空运输业的快速发展,鸟击事件的发生频率逐年增加,对飞行安全构成严重威胁。传统的鸟击物种鉴定主要依赖形态学方法,但在羽毛、组织碎片等样本不完整的情况下,其准确性受到极大限制。DNA条形码技术通过分子水平的物种鉴定,为机场鸟击事件的精准溯源提供了新的技术手段。然而,该技术在实际应用中仍面临一些挑战,未来的研究可以考虑从以下几个方面进一步优化和拓展。

5.1 数据库的完善与标准化

目前,DNA条形码技术的准确性高度依赖于参考数据库的覆盖度和质量。尽管GenBank、BOLD等数据库已收录大量鸟类物种的基因序列信息,但仍存在部分物种数据缺失、序列错误或命名混乱等问题。未来需要加强全球范围内的物种DNA条形码测序工作,尤其是对区域性常见鸟类DNA的测序,以提高数据库的代表性。此外,建立标准化的数据提交和审核机制,确保序列信息的准确性和一致性,对于提升鉴定可靠性至关重要。

5.2 多基因联合分析与新分子标记的开发

目前,COI、Cyt b、12S rRNA和16S rRNA是鸟类物种鉴定的常用基因,但单一基因在某些近缘物种的区分上仍存在局限性。未来可探索多基因联合分析策略,结合核基因(如ITS、RAG1等)来提高分辨率。此外,随着高通量测序技术的发展,全基因组或线粒体基因组测序成本降低,可能成为更精准的鉴定手段。开发适用于快速检测的新型分子标记(如SNP、InDel等)也是未来研究的重点方向。

5.3 快速检测技术的优化

机场鸟击事件发生后,须尽快确定肇事物种以采取针对性防控措施。传统的测序方法耗时较长,而基于实时荧光PCR、环介导等温扩增(LAMP)等技术的快速检测方法可大幅缩短鉴定时间。未来可研发便携式检测设备,实现机场现场快速筛查,提高应急响应能力。此外,结合人工智能技术,开发自动化数据分析平台,可进一步提升鉴定效率和准确性。

5.4 生态与防控策略的结合

DNA条形码技术不仅能鉴定鸟击物种,还能为生态学研究提供数据支持。通过长期监测,可分析机场周边鸟类的群落结构、迁徙规律及季节变化,从而预测高风险物种和时段。结合地理信息系统和遥感技

术,可建立鸟击风险预警模型,优化驱鸟策略(如声光威慑、栖息地管理等)。未来研究应加强分子鉴定与生态学、行为学的跨学科融合,为鸟击防控提供更科学的依据。

5.5 法规与行业标准的制定

目前,DNA 条形码技术在鸟击鉴定中的应用尚未形成统一的行业标准,不同机构采用的实验流程和分析方法存在差异,可能影响结果的可比性。未来须推动国际民航组织、各国航空管理部门及相关科研机构合作,制定标准化的鸟击物种分子鉴定指南,确保数据的可靠性和可重复性。此外,加强机场、实验室和科研单位的数据共享,建立全球鸟击数据库,将有助于长期趋势分析和风险管理。

6 结论

DNA 条形码技术在机场鸟击物种鉴定中展现出显著优势,但其广泛应用仍面临数据库覆盖不足、技术标准欠缺、快速检测需求等挑战。未来通过完善参考数据库、开发新型分子标记、优化快速检测技术、结合生态学分析及推动行业标准制定,可使该技术在航空安全管理中发挥更大作用。随着分子生物学和生物信息学的进步,DNA 条形码技术有望成为鸟击防控体系的核心工具,为全球航空安全提供更可靠的技术支撑。

参考文献:

- [1] DOLBEER R A. Height distribution of birds recorded by collisions with civil aircraft[J]. The journal of wildlife management,2006,70(5):1345-1350.
- [2] DALTON D L,DE BRUYN M,MWALE M,et al. First record of white stork in a birdstrike in South Africa above 3,300 m AGL[J]. Human wildlife interactions,2019,13(1):150-157.
- [3] 王超. 黑龙江省机场鸟类调查与鸟击防范对策[D]. 哈尔滨:东北林业大学,2013.
- [4] 李玉龙,石膏鹏. 民用飞机鸟撞研究现状[J]. 航空学报,2012,33(2):189-198.
- [5] 高占华. 机场鸟击防范体系信息化建设构想[J]. 中国民航飞行学院学报,2024,35(4):49-54.
- [6] CHEN W,NING H,LI J,et al. Flight path detection of bird targets in radar images[J]. Chinese journal of electronics,2009,18(1):192-194.
- [7] RAI B K,SHARMA S,KUMAR G,et al. Recognition of different bird category using image processing [J]. International journal of online & biomedical engineering,2022,18(7):101-114.
- [8] YANG F,JIANG Y,XU Y. Design of bird sound recognition model based on lightweight[J]. IEEE access,2022,10:85189-85198.
- [9] 王秀磊,徐俊泉,张圣发,等. 基于红外相机技术的阿尔金山保护区祁曼塔格山兽类和鸟类多样性监测的初步研究[J]. 干旱区地理,2024,47(10):1662-1673.
- [10] LIN C W,HONG S,LIN M,et al. Bird posture recognition based on target keypoints estimation in dual-task convolutional neural networks[J]. Ecological indicators,2022,135:108506.
- [11] ARSHAD S,MALIK A M. Bird species richness,evenness and habitat management around airports;a case study of Benazir Bhutto International Airport Islamabad, Pakistan [J]. Asian journal of agriculture and biology,2020,8(4):413-421.
- [12] DORAN H J,CROSS T F,KELLY T C. Electrophoretic identification of bird species involved in collisions with aircraft[J]. Comparative biochemistry and physiology part B: comparative biochemistry, 1990,97(1):171-175.
- [13] DOVE C J. A descriptive and phylogenetic analysis of plumulaceous feather characters in Charadriiformes[M]. Lawrence:Allen Press Inc. ,2000.

- [14] HEBERT P D N, CYWINSKA A, BALL S L, et al. Biological identifications through DNA barcodes[J]. Proceedings of the Royal Society of London. series B: biological sciences, 2003, 270(1512): 313-321.
- [15] 王瑞武, 于云云, 朱其凯, 等. 路径依赖的选择: 统一自然选择与中性选择[J]. 生物多样性, 2024, 32(7): 180-192.
- [16] PATEL S, WAUGH J, MILLAR C D, et al. Conserved primers for DNA barcoding historical and modern samples from New Zealand and Antarctic birds[J]. Molecular ecology resources, 2010, 10(3): 431-438.
- [17] CHAVES P B, GRAEFF V G, LION M B, et al. DNA barcoding meets molecular scatology: short mtDNA sequences for standardized species assignment of carnivore noninvasive samples[J]. Molecular ecology resources, 2012, 12(1): 18-35.
- [18] 韩松霖. 适用于 *Cyt b* 基因短片段的高分辨率物种鉴定算法的研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2024.
- [19] CLARE E L, LIM B K, ENGSTROM M D, et al. DNA barcoding of Neotropical bats: species identification and discovery within Guyana[J]. Molecular ecology notes, 2007, 7(2): 184-190.
- [20] EURLINGS M C M, LENS F, PAKUSZA C, et al. Forensic identification of Indian snakeroot (*Rauvolfia serpentina* Benth. ex Kurz) using DNA barcoding[J]. Journal of forensic sciences, 2013, 58(3): 822-830.
- [21] MEGANATHAN P R, DUBEY B, JOGAYYA K N, et al. Identification of Indian crocodile species through DNA barcodes[J]. Journal of forensic sciences, 2013, 58(4): 993-998.
- [22] PANDAY R, JHA D K, THAPA N, et al. Forensic wildlife parts and their product identification and individualization using DNA barcoding[J]. The open forensic science journal, 2014, 7(1): 6-13.
- [23] YAN D, LUO J Y, HAN Y M, et al. Forensic DNA barcoding and bio-response studies of animal horn products used in traditional medicine[J]. Plos one, 2013, 8(2): e55854.
- [24] 孔啸兰, 张帅, 陈作志, 等. 基于DNA条形码技术的珠江口春季鱼卵和仔稚鱼种类组成和分布特征的研究[J]. 海洋学报, 2023, 45(3): 52-65.
- [25] 王佳雯, 邢冉冉, 葛毅强, 等. 鹿茸物种来源 DNA 条形码鉴定技术研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2022, 13(10): 3198-3205.
- [26] 王开杰, 徐永江, 崔爱君, 等. 基于 *Cyt b*、*ND1* 及 *ND2* 的 DNA 条形码在鲈属鱼类物种鉴定中的应用[J]. 渔业科学进展, 2022, 43(6): 89-101.
- [27] 辛翠娜, 彭建军, 王莹, 等. *Cyt b* 分子标记技术在物种鉴定中的应用[J]. 野生动物, 2009, 30(4): 217-221.
- [28] DESJARDINS P, MORAIS R. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome: a novel gene order in higher vertebrates[J]. Journal of molecular biology, 1990, 212(4): 599-634.
- [29] DEY P, SHARMA S K, SARKAR I, et al. Complete mitogenome of endemic plum headed parakeet *Psittacula cyanocephala* characterization and phylogenetic analysis[J]. Plos one, 2021, 16(4): e0241098.
- [30] 江颖, 张仪, 郭云海. DNA 条形码技术在软体动物分类学中的研究进展[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2016, 34(1): 80-83.
- [31] 何锴, 王文智, 李权, 等. DNA 条形码技术在小型兽类鉴定中的探索: 以甘肃莲花山为例[J]. 生物多

- 样性,2013,21(2):197-205.
- [32] 王晓谕,彭祖焜,朱久阳,等. 线粒体 12S rRNA 在南极鱼亚目物种鉴定中的应用[J/OL]. 海洋渔业, (2024-08-29)[2025-02-12]. <https://doi.org/10.13233/j.cnki.mar.fish.20240828.001>.
- [33] 李蓉,郑雨田,李春青,等. 基于线粒体 COI 基因的云南真蝎属(*Euscorplops*)两个物种的分子鉴定[C]//中国遗传学会. 中国的遗传学研究:遗传多样性:前沿与挑战:2015 中国遗传学会大会论文摘要汇编,2015:214.
- [34] 曾韵颖,陈信忠,朱黄鑫,等. DNA 条形码技术在海马物种鉴定中的应用分析[J]. 现代农业科技, 2023(16):176-180.
- [35] 杜思乐,刘朋朋,汪琳,等. 形态学和 DNA 条形码的白腹皮蠹幼虫鉴定[J]. 中国口岸科学技术, 2024,6(增刊 2):62-70.
- [36] COSTA A C P, GARCIA T M, TAVARES T C L, et al. DNA barcoding reveals cryptic diversity of fish eggs in Equatorial Southwestern Atlantic[J]. Regional studies in marine science, 2023, 65: 103-109.
- [37] 卢芷程,李敏,张俊,等. 基于 DNA 条形码的南海美济礁潟湖鱼卵种类鉴定与组成初探[J]. 南方水产科学, 2021, 17(6):12-21.
- [38] 邵建宏,蒋晓霞,张洪,等. 熊科动物 COX2 基因 DNA 条形码鉴定方法的建立[J]. 中国口岸科学技术, 2025, 7(2):80-88.
- [39] 朱弘,曹件生,尚素微,等. 亚洲黑熊残体的 DNA 分子物种鉴定 1 例[J]. 中国法医学杂志, 2024, 39(5):640-641.
- [40] 朱弘,曹件生,尚素微,等. 应用 16S rRNA 基因序列鉴定 15 只鸟类残体[J]. 中国法医学杂志, 2023, 38(6):702-704.
- [41] 刘大伟,应耿迪,周用武,等. 基于 COI 和 16S rRNA 基因的涉案鸟类残体鉴定[J]. 野生动物学报, 2022, 43(3):715-724.
- [42] 黄涛华,杜春红,高子厚,等. DNA 条形码技术在鉴定血液样品来源中的应用[J]. 基因组学与应用生物学, 2016, 35(5):1097-1100.
- [43] 陆琪,胡强,施小刚,等. 基于分子宏条形码分析四川卧龙国家级自然保护区雪豹的食性[J]. 生物多样性, 2019, 27(9):960-969.
- [44] BITANYI S, BJØRNSTAD G R O, ERNEST E M, et al. Species identification of Tanzanian antelopes using DNA barcoding[J]. Molecular ecology resources, 2011, 11(3):442-449.
- [45] HEBERT P D N, STOECKLE M Y, ZEMLAK T S, et al. Identification of birds through DNA barcodes[J]. Plos biology, 2004, 2(10):e312.
- [46] CHEN W, MIAO K, LIU Y Z, et al. Using DNA barcoding and field surveys to guide wildlife management at Nanjing Lukou International Airport, China[J]. Ecology and evolution, 2023, 13(4):e10005.
- [47] WAUGH J, EVANS M W, MILLAR C D, et al. Birdstrikes and barcoding: can DNA methods help make the airways safer[J]. Molecular ecology resources, 2011, 11(1):38-45.
- [48] 王业,李壹,徐静,等. 北京首都国际机场鸟击物种鉴定及防控建议[J]. 野生动物学报, 2023, 44(4): 911-918.
- [49] 冯慧,王璐,冯成利. 利用线粒体 DNA 对飞机撞击后鸟类残体的分子鉴定[J]. 生物学杂志, 2020, 37(5):62-65.
- [50] 陈文婧. 20 种雀形目鸟类 COI 基因序列扩增及亲缘关系分析[D]. 呼和浩特:内蒙古大学, 2012.

- [51] 乔艳江,王慧,彭昭杰,等.应用DNA条形码技术对鸟撞残留物的检测和鉴定[C]//陆秀明.航空安全与装备维修技术.北京:国防工业出版社,2014:408-414.
- [52] PAVLICEV M, MAYER W. Fast radiation of the subfamily Lacertinae (Reptilia: Lacertidae): history or methodical artefact? [J]. Molecular phylogenetics and evolution, 2009, 52(3): 727-734.
- [53] 陈曦,丁鹏,高为震,等.基于DNA条形码技术鉴定库尔勒机场的蝙蝠物种[J].生物资源,2024,46(2):203-209.
- [54] LUTTRELL S A M, DROVETSKI S, DAHLAN N F, et al. ND2 as an additional genetic marker to improve identification of diving ducks involved in bird strikes[J]. Human-wildlife interactions, 2020, 14(3): 365-375.
- [55] DOVE C J, DAHLAN N F, DROVETSKI S V. MtDNA ND2 sequence identifies Streaked Horned Lark (*Eremophila alpestris strigata*) from birdstrike to US Air Force F-15 at Portland International Airport, Oregon[J]. Conservation genetics resources, 2013, 5: 997-999.
- [56] 李晓娟,周材权.重庆江北机场鸟击特点分析及防范建议[J].四川动物,2016,35(1):154-160.
- [57] 薛委委,唐洁蓉.合肥新桥国际机场鸟击事件肇事物种及防范对策[J].民航学报,2020,4(5):28-31.
- [58] 柳毅,刘建平.银川河东国际机场鸟击特点研究及防范对策[J].民航学报,2023,7(4):60-63.
- [59] 高云.武汉天河国际机场鸟击特点分析及防范对策[J].野生动物学报,2018,39(4):820-826.

Advances in species identification of bird strike at airports based on DNA barcoding technology

SHAO Yan, WANG Jun, SHANG Shuai, LI Linqi, LIU Junpeng, WANG Yanmei, LIU Yunpeng
(College of Biological and Pharmaceutical Engineering, Shandong University of Aeronautics,
Binzhou 256603, China)

Abstract: Bird strike incident is a serious threat to aviation safety, and accurate identification of bird species is the key to formulate effective prevention and control measures. DNA barcoding technology enables rapid and accurate species identification by analyzing specific gene sequences, overcoming the limitations of traditional morphological identification. Bird mitochondrial DNA (mtDNA) is characterized by maternal inheritance and fast evolutionary rate, among which *COI*, *Cyt b*, *12S rRNA* and *16S rRNA* genes are commonly used as molecular markers. This technology can accurately distinguish species with similar morphology, individuals with special physiological states, and incomplete samples such as chicks, feathers and blood stain, has significant advantages in the identification of airport bird strike. At present, bird strike species identification based on DNA barcoding has been widely used to provide scientific basis for the traceability and prevention of bird strike. With the development of sequencing technology and the improvement of database, the technology will further improve the accuracy, efficiency and scope of application, and provide more help for aviation safety management.

Keywords: airport; bird strike; DNA barcoding; species identification; aviation safety

(责任编辑:王新亮)

引用格式 邵燕,王君,尚帅,等.基于DNA条形码技术的机场鸟击物种鉴定研究进展[J].山东航空学院学报,2026,43(2):27-37.

SHAO Y, WANG J, SHANG S, et al. Advances in species identification of bird strike at airports based on DNA barcoding technology[J]. Journal of Shandong University of Aeronautics, 2026, 43(2): 27-37.