

食品中植物源性过敏原成分的 DNA 条形码鉴定

易 姿¹ 杨丽霞¹ 钟菲菲¹ 李 奔¹ 秦寄军¹ 李 莎²

(1. 长沙市食品药品检验所, 湖南 长沙 410036; 2. 长沙市疾病预防控制中心, 湖南 长沙 410004)

摘要: [目的] 建立食品中植物源性过敏原鉴定的 DNA 条形码检测方法。[方法] 采用 *psbA-trnH*、*trnI* 和 *rbcl* 3 种分子标记对榛果、巴西坚果、澳洲坚果、核桃、山核桃、杏仁、扁桃仁、腰果、开心果、花生和大豆共 11 个植物源性过敏原物种进行鉴定。从 GenBank 获取各物种的 *psbA-trnH*、*trnI* 和 *rbcl* 基因序列, 使用 MEGA 11 软件进行序列比对、遗传距离计算、系统发育树构建。[结果] 在 *psbA-trnH*、*trnI* 和 *rbcl* 3 个基因序列中, *psbA-trnH* 序列的种间遗传距离差异最大, 平均种间遗传距离达 0.527 3, 高于 *trnI* 和 *rbcl* 基因序列的。从邻接法 (NJ) 构建的系统发育树分析结果来看, 基于 *psbA-trnH* 和 *trnI* 序列构建的系统发育树具有良好的分支结构, 不同物种能够准确聚类。相比之下, *rbcl* 序列构建的系统发育树无法实现核桃和山核桃、杏仁和扁桃仁的有效区分。综合分析, *psbA-trnH* 序列是区分坚果、花生和大豆等 11 个物种的最优 DNA 条形码。将 *psbA-trnH* 条形码检测与高通量测序技术相结合用于 15 个实际样品检测, 可以同时检测出多种过敏原成分。[结论] *psbA-trnH* 序列作为 DNA 条形码, 能够精准识别常见植物源性过敏原成分。

关键词: DNA 条形码; 过敏原; 鉴定

Component identification of plant-derived allergens in food based on DNA barcoding

YI Zi¹ YANG Lixia¹ ZHONG Feifei¹ LI Ben¹ QIN Jijun¹ LI Sha²

(1. Changsha Institute for Food and Drug Control, Changsha, Hunan 410036, China;

2. Changsha Center for Diseases Prevention and Control, Changsha, Hunan 410004, China)

Abstract: [Objective] A method for the identification of plant-derived allergens in food by using DNA barcoding technology was established. [Methods] *psbA-trnH*, *trnI*, and *rbcl* molecular markers were used to identify 11 plant-derived allergen species, including hazelnut, Brazil nut, macadamia nut, walnut, pecan, almond, sweet almond, cashew, pistachio, peanut, and soybean. The *psbA-trnH*, *trnI*, and *rbcl* gene sequences of each species were downloaded from GenBank, and sequence alignment, genetic distance calculation, and phylogenetic tree construction were performed using MEGA 11 software. [Results] Among the three gene sequences, the *psbA-trnH* sequence exhibits the most significant genetic distance variation, with an average interspecies genetic distance of 0.527 3, which is greater than those of the *trnI* and *rbcl* sequences. The analysis results of the phylogenetic trees constructed by the neighbor joining (NJ) method show that the phylogenetic trees constructed based on the *psbA-trnH* and *trnI* sequences have a good branching structure, and different species can be accurately clustered. In contrast, the phylogenetic tree constructed based on the *rbcl* sequence can not distinguish walnut from pecan or almond from sweet almond. Therefore, the *psbA-trnH* sequence is the optimal barcode for the identification of the 11 species. Combining the *psbA-trnH* barcode detection with high-throughput sequencing technology for the detection of 15 practical samples allows for the simultaneous detection of multiple allergen components. [Conclusion] The *psbA-trnH* sequence, as a DNA barcode, can accurately identify components of common plant-derived allergens.

Keywords: DNA barcode; allergen; identification

基金项目: 湖南省自然科学基金部门联合基金项目 (编号: 2024JJ8269)

通信作者: 李莎 (1981—), 女, 长沙市疾病预防控制中心副主任技师, 硕士。E-mail: 7699459@qq.com

收稿日期: 2025-04-25 改回日期: 2025-09-29

引用格式: 易姿, 杨丽霞, 钟菲菲, 等. 食品中植物源性过敏原成分的 DNA 条形码鉴定[J]. 食品与机械, 2025, 41(10): 20-26.

Citation: YI Zi, YANG Lixia, ZHONG Feifei, et al. Component identification of plant-derived allergens in food based on DNA barcoding [J]. Food & Machinery, 2025, 41(10): 20-26.

食物过敏是全球公共卫生领域最紧迫的问题之一。近年来过敏易感人群持续扩大,新发现的致敏物质数量也在逐年递增。以世界卫生组织/国际免疫学会联盟(WHO/IUIS)过敏原命名数据库为例,2019年1月—2021年3月,该数据库新增106种过敏原(年均47种);而2008—2018年年均新增数量仅为33种^[1]。中国《食品安全国家标准 预包装食品标签通则》(GB 7718—2011)中列出了常见的八大类致敏物质,包括甲壳纲类动物、鱼类、蛋类、花生、大豆、乳类、坚果及含有麸质的谷物等,规定了如将上述八类食品及其制品用作配料或加工过程中可能带入,均应在标签上提示。欧盟、美国、日本等都对食品中过敏原的标注方式作出了规定。在这些过敏原中坚果和花生因其高致敏性、潜在致死性及低触发阈值备受关注。接触低剂量的过敏原会引起敏感人群的严重反应,预防这种反应的唯一有效方法是避免食用可能含有此类过敏原的食物。为保障消费者安全,食品中过敏原的精准检测与标识成为食品安全监管的核心环节。

现有的过敏原检测技术中,蛋白质组学技术是识别新型致敏蛋白的最佳选择,与免疫检测方法联用时,能更有效检出致敏成分^[2-3]。另一方面,基于DNA的聚合酶链式反应技术(PCR)及其衍生方法已被应用于检测编码致敏蛋白的基因组片段,并已实现食品过敏原的半定量/定量检测分析^[4-5]。DNA条形码(DNA barcoding)技术通过扩增特定短片段DNA,结合数据库(如生命条形码数据库BOLD和NCBI GenBank)比对实现物种精准识别,能识别食品中任何生物来源(包括标签未声明的成分)。近年来,DNA条形码技术凭借其高特异性、标准化及高通量优势,已被广泛应用于肉类^[6]、坚果^[7]、真菌^[8]、鱼类^[9-11]等原料及加工食品的食品成分鉴定和中药材^[12-13]的真伪鉴别。在过敏原检测领域,DNA条形码技术展现出独特潜力:其不受蛋白质构象影响,可有效检测高温、高压加工后残留的微量DNA;同时,通过与二代测序技术(NGS)联用,可同步筛查多种过敏原成分,显著提升检测效率。作为操作简便、成本低廉的分析方法,DNA条形码技术特别适合食品企业的常规检测。政府部门已逐步认可DNA条形码技术的应用价值,美国食品药品监督管理局(FDA)已将其列为鱼类制品鉴定的官方方法^[14]。中国国家市场监督管理总局发布的食品补充检验方法中将条形码用于肉类、谷物和淀粉的源性成分鉴定。该技术的鉴别效率与目标物种的系统发育特征密切相关:当物种间遗传差异显著而种内变异较小时,鉴定效果最佳^[15-16]。

研究拟将*psbA-trnH*、*trnL*和*rbcl*序列应用于9种坚果和2种籽类食品的鉴定,旨在为食品中过敏原的高通量分

子检测提供技术支撑。

1 材料与方法

1.1 仪器与设备

电子天平:CP225D型,德国赛多利斯股份公司;

核酸蛋白定量仪:Nanodrop one型,赛默飞世尔科技(中国)有限公司;

PCR仪:S1000型,伯乐生命医学产品(上海)有限公司;

全自动核酸分析系统:QIAxcel Connect型,凯杰生物工程(深圳)有限公司。

1.2 材料与试剂

榛果、巴西坚果、澳洲坚果、核桃、山核桃、杏仁、扁桃仁、腰果、开心果、花生、大豆和15个实际样品:市售;

Premix Taq:宝日医生物技术(北京)有限公司;

引物:生工生物工程(上海)股份有限公司;

DNeasy mericon Food Kit提取试剂:凯杰生物工程(深圳)有限公司。

1.3 序列获得与比对

从NCBI GenBank数据库中下载11个物种分类群的*psbA-trnH*、*trnL*和*rbcl*序列(共获得128条基因序列,其中*psbA-trnH*序列40条,*trnL*序列42条,*rbcl*序列46条,样本详细信息见表1),通过BLAST功能对序列进行同源性对比筛查,剔除可靠性存疑序列后,共获得有效序列128条。利用MEGA 11生物信息学分析软件,对全部序列进行比对,并去除两端碱基排列不整齐片段。

1.4 遗传距离计算

运用MEGA11软件对序列进行系统分析,基于Kimura2-Parameter模型,精确计算各物种的种内及种间遗传距离。

1.5 NJ系统发育树构建

运用MEGA11软件中的邻接法(NJ)构建系统发育树,进行基因序列聚类分析,并通过Bootstrap 1 000次重复检验,评估各分支系统发育关系的可靠性,确保结果的科学性与稳健性。

1.6 样品检测

利用筛选出来的*psbA-trnH*条形码基因的通用引物F: 5'-GTTATGCATGAACGTAATGCTC-3'、R: 5'CGCGCATGGTGGATTACACAATCC-3'^[17],对市售标识含有过敏原成分或标识可能含有过敏原成分的样品进行检测。样品粉碎后,称取200 mg采用DNA提取试剂盒提取DNA,进行PCR扩增后,送生工生物工程(上海)股份有限公司进行高通量测序,测序结果在NCBI(National Center for Biotechnology Information)网站进行比对分析。

表 1 样本基因序列号信息

Table 1 Sample gene sequence information

序号	物种名	拉丁学名	序列号
psbA-trnH	榛果	<i>Corylus heterophylla</i>	KX822769.2、NC_031856.1、MH628447.1
	巴西坚果	<i>Bertholletia excelsa</i>	NC_036412.1、AY172783.1
	澳洲坚果	<i>Macadamia integrifolia</i>	NC_025288.1、MW566570.1、NC_058888.1
	核桃	<i>Juglans regia</i> L	MF167463.1、KT963008.1、MN397934.1、OR026838.1、MN397932.1
	山核桃	<i>Carya illinoensis</i>	MW410238.1、MW357075.1、MH909600.1、MH188302.1、MN977124.1
	杏仁	<i>Prunus armeniaca</i> L	NC_043901.1、KY420025.1、MH700954.1
	扁桃仁	<i>Amygdalus communis</i> L	KY101152.1、OR227913.1、MT019559.1
	腰果	<i>Anacardium occidentale</i> L	NC_035235.1、KR075989.1
	开心果	<i>Pistacia vera</i> L	MN551174.1、KF664307.1、NC_034998.1、MK578167.1
	花生	<i>Arachis hypogaea</i> L	MG814007.1、MW167286.1、MW167273.1、MW167280.1、OK012094.1、
	大豆	<i>Glycine max</i>	MW357268.1、MZ964143.1、NC_007942.1、MW357266.1、MZ964144.1
trnI	榛果	<i>Corylus heterophylla</i>	NC_031856.1、KX822769.2
	巴西坚果	<i>Bertholletia excelsa</i>	NC_036412.1、AY172767.1、DQ417933.1、JN221844.1、JN221870.1
	澳洲坚果	<i>Macadamia integrifolia</i>	NC_025288.1、AF482140.1
	核桃	<i>Juglans regia</i> L	NC_028617.1、MF167463.1、MN397934.1、OQ706220.1、KT963008.1、OR026794.1
	山核桃	<i>Carya illinoensis</i>	MW357074.1、MW357076.1、NC_041449.1、MH188302.1、MW410238.1、OP837960.1、MN977124.1
	杏仁	<i>Prunus armeniaca</i> L	MH700954.1、NC_043901.1
	扁桃仁	<i>Amygdalus communis</i> L	NC_034696.1、OR227913.1、MT019559.1、KY101152.1
	腰果	<i>Anacardium occidentale</i> L	PV239785.1、NC_035235.1
	开心果	<i>Pistacia vera</i> L	NC_034998.1、MN551174.1
	花生	<i>Arachis hypogaea</i> L	MW167273.1、MW167286.1、OK012094.1、MW167287.1
	大豆	<i>Glycine max</i>	MW357268.1、MW357265.1、ON470218.1、MW357264.1、OR834482.1、OR664111.1
rbcl	榛果	<i>Corylus heterophylla</i>	MH657234.1、X822769.2、MN722363.1、KF418952.1、MH713957.1
	巴西坚果	<i>Bertholletia excelsa</i>	Z80178.1、NC_036412.1
	澳洲坚果	<i>Macadamia integrifolia</i>	KM896169.1、NC_025288.1、JX571862.1
	核桃	<i>Juglans regia</i> L	OQ706220.1、KT963008.1、MF167464.1、NC_035967.1、MN397928.1
	山核桃	<i>Carya illinoensis</i>	MW357076.1、KY627158.1、MN977124.1
	杏仁	<i>Prunus armeniaca</i> L	OR420115.1、KY101151.1、MG247779.1、MZ779175.1、MW960601.1
	扁桃仁	<i>Amygdalus communis</i> L	XM_034370184.1、OR227912.1、OR227915.1
	腰果	<i>Anacardium occidentale</i> L	MN394900.1、MH113360.1、KX618219.1、NC_035235.1、KU559209.1
	开心果	<i>Pistacia vera</i> L	MT239303.1、MK468869.1、AJ235786.1、MN974373.1、NC_034998.1
	花生	<i>Arachis hypogaea</i> L	OQ446848.1、PP971501.1、MW167286.1、MW167281.1、MW167287.1
	大豆	<i>Glycine max</i>	KR073298.1、MW412444.1、KR073306.1、GQ436762.1、MG246403.1

2 结果与分析

2.1 3 种候选条形码的遗传距离分析比较

基于 MEGA11 软件的 Kimura2-parameter 距离模型进行遗传距离计算,结果显示,在 *psbA-trnH* 序列中(表 2),各物种的种内遗传距离均为 0,种间遗传距离介于 0.015 2 与 1.050 7 之间,种间平均遗传距离为 0.527 3,种间最小遗传距离大于种内最大距离,即种内、种间存在显著的

barcoding gap。*trnI* 序列中(表 3),除澳洲坚果的种内遗传距离为 0.006 0 外,其他均为 0;种间遗传距离范围为 0.014 3~1.336 6,种间平均遗传距离为 0.507 6,同样存在 barcoding gap。而 *rbcl* 序列(表 4)的种内遗传距离均为 0,种间遗传距离介于 0 与 0.101 0 区间,其中杏仁与扁桃仁、核桃与山核桃的种间遗传距离为 0,种间平均遗传距离为 0.070 3。综合比较(表 5)发现,3 种序列的种间平均遗传

表2 *psbA-trnH*基因序列种内种间遗传距离Table 2 Intraspecific and interspecific genetic distance of *psbA-trnH* sequence

物种	榛果	巴西坚果	澳洲坚果	核桃	山核桃	杏仁	扁桃仁	腰果	开心果	花生	大豆
榛果	0.000 0										
巴西坚果	0.530 6	0.000 0									
澳洲坚果	0.304 6	0.531 7	0.000 0								
核桃	0.511 9	0.554 6	0.594 0	0.000 0							
山核桃	0.533 2	0.593 1	0.582 7	0.015 2	0.000 0						
杏仁	0.562 7	0.563 5	0.585 7	0.268 1	0.268 1	0.000 0					
扁桃仁	0.552 4	0.544 2	0.552 6	0.254 5	0.254 5	0.035 8	0.000 0				
腰果	0.508 2	0.512 0	0.468 9	0.551 3	0.574 3	0.562 7	0.550 4	0.000 0			
开心果	0.471 9	0.534 3	0.453 0	0.544 2	0.566 9	0.553 3	0.541 6	0.085 5	0.000 0		
花生	1.050 7	0.846 4	0.929 4	0.471 5	0.500 3	0.435 4	0.426 6	0.782 2	0.795 4	0.000 0	
大豆	0.955 7	0.791 8	0.861 7	0.476 2	0.466 1	0.427 6	0.428 3	0.678 3	0.687 2	0.319 8	0.000 0

表3 *trnI*基因序列种内种间遗传距离Table 3 Intraspecific and interspecific genetic distance of *trnI* sequence

物种	榛果	巴西坚果	澳洲坚果	核桃	山核桃	杏仁	扁桃仁	腰果	开心果	花生	大豆
榛果	0.000 0										
巴西坚果	0.097 2	0.000 0									
澳洲坚果	0.120 3	0.116 4	0.006 0								
核桃	0.046 4	0.119 2	0.141 2	0.000 0							
山核桃	0.041 3	0.108 2	0.131 4	0.014 3	0.000 0						
杏仁	0.090 5	0.127 8	0.148 0	0.082 4	0.077 2	0.000 0					
扁桃仁	0.095 9	0.133 6	0.148 0	0.087 8	0.082 5	0.004 8	0.000 0				
腰果	0.163 3	0.194 0	0.213 8	0.169 2	0.157 5	0.193 7	0.196 9	0.000 0			
开心果	0.170 0	0.198 2	0.214 8	0.164 0	0.152 4	0.194 7	0.197 8	0.021 7	0.000 0		
花生	1.237 3	1.256 5	1.333 3	1.303 0	1.270 4	1.242 0	1.242 0	1.307 9	1.308 3	0.000 0	
大豆	1.285 3	1.314 4	1.318 0	1.336 6	1.319 2	1.264 9	1.264 9	1.289 4	1.290 0	0.120 4	0.000 0

表4 *rbcl*基因序列种内种间遗传距离Table 4 Intraspecific and interspecific genetic distance of *rbcl* sequence

物种	榛果	巴西坚果	澳洲坚果	核桃	山核桃	杏仁	扁桃仁	腰果	开心果	花生	大豆
榛果	0.000 0										
巴西坚果	0.073 1	0.000 0									
澳洲坚果	0.042 4	0.059 5	0.000 0								
核桃	0.016 5	0.082 2	0.051 1	0.000 0							
山核桃	0.016 5	0.082 2	0.051 1	0.000 0	0.000 0						
杏仁	0.050 9	0.077 7	0.073 8	0.059 8	0.059 8	0.000 0					
扁桃仁	0.050 9	0.077 7	0.073 8	0.059 8	0.059 8	0.000 0	0.000 0				
腰果	0.077 2	0.072 8	0.050 4	0.077 1	0.077 1	0.086 5	0.086 5	0.000 0			
开心果	0.081 7	0.077 2	0.054 8	0.081 6	0.081 6	0.091 0	0.091 0	0.004 1	0.000 0		
花生	0.091 2	0.077 1	0.063 7	0.091 0	0.091 0	0.095 6	0.095 6	0.077 1	0.081 6	0.000 0	
大豆	0.091 4	0.082 2	0.077 4	0.091 2	0.091 2	0.101 0	0.101 0	0.091 4	0.095 9	0.072 8	0.000 0

表 5 3 个候选条形码的种内和种间遗传距离差异比较
Table 5 Comparison of intraspecific and interspecific genetic distance among three candidate barcodes

DNA 条形码	种内遗传距离			种间遗传距离		
	最小值	最大值	平均值	最小值	最大值	平均值
<i>psbA-trnH</i>	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.015 2	1.050 7	0.527 3
<i>trnI</i>	0.000 0	0.006 0	0.000 1	0.014 3	1.336 6	0.507 6
<i>rbcl</i>	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.101 0	0.070 3

距离呈现 $psbA-trnH > trnI > rbcl$ 的递减趋势,种间与种内遗传距离差值排序为 $psbA-trnH > trnI > rbcl$ 。此外,3 种条形码的平均种间遗传距离均大于平均种内遗传距离,表明 *psbA-trnH* 序列在物种区分能力上显著优于 *trnI* 和 *rbcl* 序列,后者区分能力依次减弱。

2.2 NJ 系统发育树分析

基于 11 个物种的 40 条 *psbA-trnH* 基因序列,采用邻接法(NJ)构建的系统发育树如图 1 所示。结果显示,同一物种的不同个体均紧密聚类,物种间界限清晰可辨。各分支自展支持率均高于 91%,其中多数物种(除扁桃仁、杏仁、山核桃、开心果外)的自展支持率都高达 100%,表明该树型结构具有高度可靠性。

trnI 和 *rbcl* 基因序列的系统发育树如图 2 和图 3 所

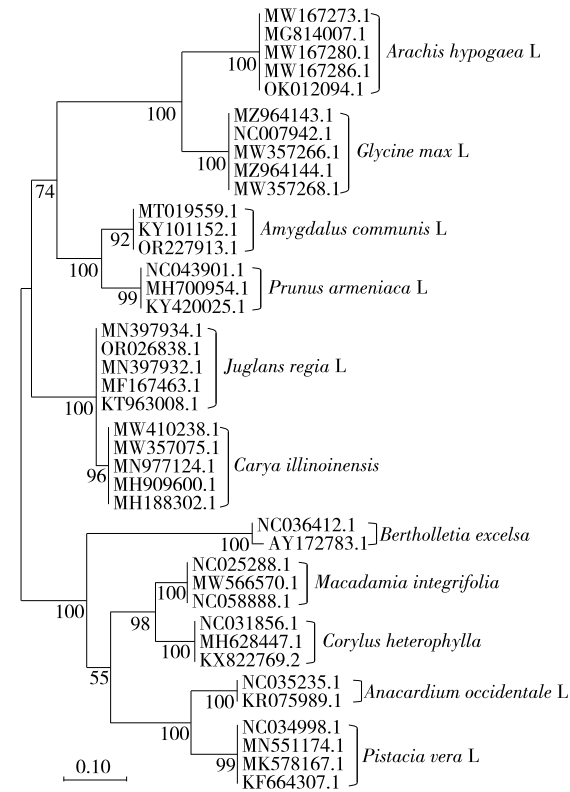


图 1 过敏原物种的 *psbA-trnH* NJ 树

Figure 1 *psbA-trnH* NJ tree of allergen species

示,分析表明,在基于 *rbcl* 序列构建的系统树中,杏仁和扁桃仁聚于同一分支,核桃和山核桃也聚于同一分支,而其他物种均能独立聚类,形成清晰的物种特异性分支结构。从分类学上看,杏仁和扁桃仁同属于蔷薇科,核桃和山核桃同属于胡桃科,它们之间亲缘关系较近,这也导致 *rbcl* 条形码无法对杏仁和扁桃仁、核桃和山核桃进行有效区分。上述结果表明,物种间的亲缘关系越近,可采用的条形码就越少,要找到合适的条形码就需要进行更多的筛选。

2.3 实际样品检测

为评估研究筛选出的条形码的实用性,收集含有不同类型的植物源性过敏原的常见食品样品,采用 *psbA-trnH* 条形码序列通用引物对收集的 15 个样品进行检测,结果见表 6。表中标识过敏原成分是指标签中标识的可能引发过敏反应的特定成分,标识可能含有过敏原成分是指因食品生产共用生产线导致食品中意外包含的可能引发过敏反应的特定成分。研究建立的方法可以检测到的过敏原成分一部分与样品标签标识一致,如样品 YP-1 中标识存在蛋类、麸质、坚果成分,实际检出扁桃成分;YP-3 标识存在乳、大豆、麸质成分,实际检出大豆成分。

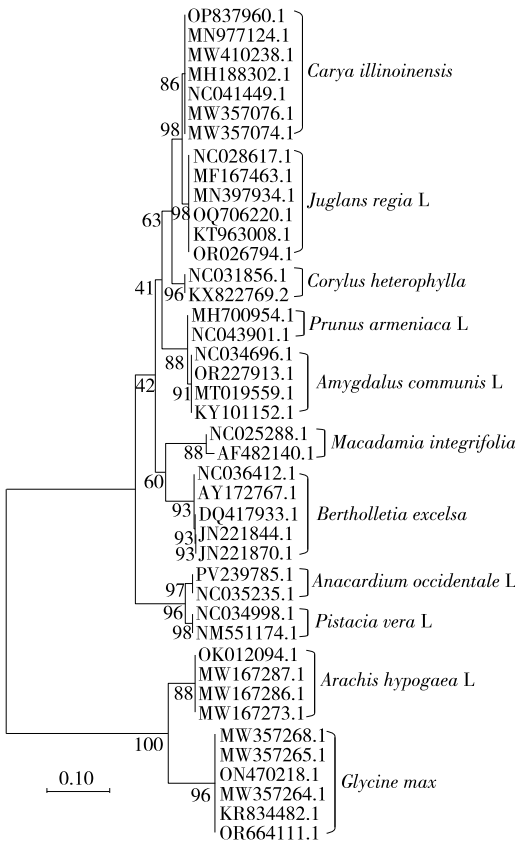
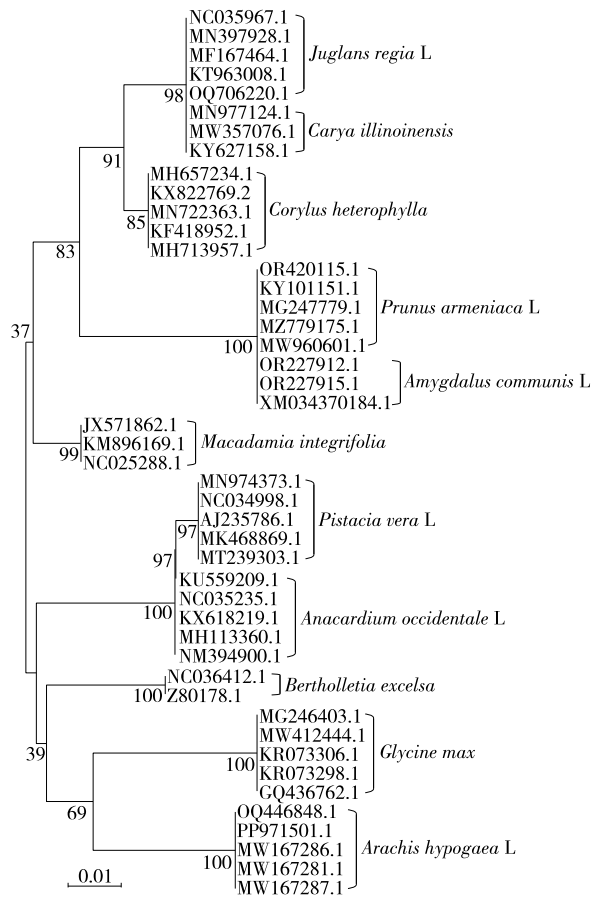


图 2 过敏原物种的 *trnI* NJ 树

Figure 2 *trnI* NJ tree of allergen species

图3 过敏原物种的 *rbcl* NJ树Figure 3 *rbcl* NJ tree of allergen species

有一些样品包装上标识的部分过敏原成分未被检出,如样品 YP-2 标识存在麸质、蛋类、坚果、花生、大豆,只检出花生、核桃,未检出大豆成分。也存在检出未在标签中标识的过敏原成分,如样品 YP-5 标识存在大豆、坚果,实际检出大豆、花生成分;样品 YP-7 标识存在乳、大豆成分,实际检出花生、大豆成分。以上结果表明,市售食品样品存在部分过敏原标签与实际检测结果不一致的现象。

3 结论

DNA 条形码的核心评价标准在于其对物种的鉴别能力,要求不同物种间具有显著的遗传差异。该研究对 *psbA-trnH*、*trnL* 和 *rbcl* 3 个基因序列进行分析,结果显示:*psbA-trnH* 序列的种间遗传距离差异最大,平均种间遗传距离高于 *trnL* 和 *rbcl* 序列;而 *rbcl* 序列在区分核桃与山核桃、杏仁与扁桃仁时表现出局限性。聚类分析结果进一步佐证,基于 *psbA-trnH* 和 *trnL* 序列构建的邻接法系统发育树,各物种能够清晰聚类;反观 *rbcl* 序列,同样无法有效区分核桃与山核桃、杏仁与扁桃仁。综合各项指标,*psbA-trnH* 序列被确认为鉴别坚果、花生和大豆等 11 个物种的

表6 实际样品检测结果

Table 6 Detection results of actual samples

样品编号	标识过敏原成分	标识可能含有过敏原成分	检出的过敏原成分
YP-1	蛋类、麸质、坚果	/	扁桃
YP-2	麸质、蛋类、坚果、花生、大豆	/	花生、核桃
YP-3	乳、大豆、麸质	花生、甲壳类、鱼类、蛋类	大豆
YP-4	小麦、大豆、乳	/	大豆
YP-5	大豆、坚果	/	大豆、花生
YP-6	大豆、乳	/	大豆
YP-7	乳、大豆	/	花生、大豆
YP-8	麸质、大豆、蛋类、花生、坚果	乳	核桃、花生、杏仁
YP-9	麸质、蛋类、坚果、大豆、花生	/	核桃、花生
YP-10	蛋类、坚果	小麦、乳	核桃
YP-11	麸质、坚果	/	核桃
YP-12	花生、大豆	/	花生
YP-13	小麦、大豆、鸡蛋	/	大豆、小麦
YP-14	麸质、坚果	/	花生、腰果
YP-15	麸质、蛋类、大豆、乳	/	核桃、大豆、花生

最佳 DNA 条形码。将 *psbA-trnH* 条形码检测与高通量测序技术相结合用于实际样品检测,可以同时检测出多种过敏原成分。部分样品的过敏原检测结果与标签一致,也存在检出标签未标识的过敏原成分的情况,但也有部分过敏原成分未被检出,如果采用多种条形码相结合的检测方法,应该可以检测出更多种过敏原成分。

参考文献

- [1] SUDHARSON S, KALIC T, HAFNER C, et al. Newly defined allergens in the WHO/IUIS allergen nomenclature database during 01/2019-03/2021[J]. Allergy, 2021, 76(11): 3 359-3 373.
- [2] FRIGERIO J, PELLESI R, MEZZASALMA V, et al. Development of a DNA barcoding-like approach to detect mustard allergens in wheat flours[J]. Genes, 2019, 10(3): 234.
- [3] DHONDALAY G K, RAEL E, ACHARYA S, et al. Food allergy and omics[J]. Journal of Allergy and Clinical Immunology, 2018, 141(1): 20-29.
- [4] GRAZIANO S, GULLÌ M, MARMIROLI N. Detection of allergen coding sequences of kiwi, peach, and apple in processed food by qPCR[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2018, 98(8): 3 129-3 139.
- [5] EISCHEID A C, STADIG S R. A group-specific, quantitative real-time PCR assay for detection of crab, a crustacean shellfish

- allergen, in complex food matrices[J]. Food Chemistry, 2018, 244: 224-231.
- [6] HELLBERG R S, HERNANDEZ B C, HERNANDEZ E L. Identification of meat and poultry species in food products using DNA barcoding[J]. Food Control, 2017, 80: 23-28.
- [7] DING Y F, JIANG G Z, HUANG L H, et al. DNA barcoding coupled with high-resolution melting analysis for nut species and walnut milk beverage authentication[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2020, 100(6): 2 372-2 379.
- [8] 杨爱馥, 万超, 齐欣, 等. 基于 TaqMan 实时荧光聚合酶链式反应和 DNA 条形码技术鉴别松茸及其伪品[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(7): 12-18.
- YANG A F, WAN C, QI X, et al. Identification of *Tricholoma matsutake* and its counterfeits based on TaqMan real-time fluorescence polymerase chain reaction technology and DNA barcoding technology[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(7): 12-18.
- [9] CUTARELLI A, AMOROSO M G, DE ROMA A, et al. Italian market fish species identification and commercial frauds revealing by DNA sequencing[J]. Food Control, 2014, 37: 46-50.
- [10] WONG E H K, HANNER R H. DNA barcoding detects market substitution in North American seafood[J]. Food Research International, 2008, 41: 828-837.
- [11] KHAKSAR R, CARLSON T, SCHAFFNER D W, et al. Unmasking seafood mislabeling in U. S. markets: DNA barcoding as a unique technology for food authentication and quality control[J]. Food Control, 2015, 56: 71-76.
- [12] VASSOU S L, NITHANIYAL S, RAJU B, et al. Creation of reference DNA barcode library and authentication of medicinal plant raw drugs used in Ayurvedic medicine[J]. BMC Complementary and Alternative Medicine, 2016, 16(S1): 186.
- [13] SAFHI F A, ALSHAMRANI S M, BOGMAZA A F M, et al. DNA barcoding of wild plants with potential medicinal properties from faifa mountains in Saudi Arabia[J]. Genes, 2023, 14(2): 469.
- [14] HANDY S M, DEEDS J R, IVANOVA N V, et al. A single-laboratory validated method for the generation of DNA barcodes for the identification of fish for regulatory compliance [J]. Journal of AOAC International, 2011, 94(1): 201-210.
- [15] FEDERICI S, GALIMBERTI A, BARTOLUCCI F, et al. DNA barcoding to analyse taxonomically complex groups in plants: the case of Thymus (Lamiaceae) [J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 2013, 171(15): 687-699.
- [16] BARBUTO M, GALIMBERTI A, FERRI E, et al. DNA barcoding reveals fraudulent substitutions in shark seafood products: the Italian case of "palombo" (*Mustelus spp.*) [J]. Food Research International, 2010, 43: 376-381.
- [17] RAVEENDAR S, LEE G A, LEE K J, et al. DNA barcoding for efficient identification of *Triticum* subspecies: evaluation of four candidate loci on phylogenetic relationships[J]. Plant Breeding and Biotechnology, 2019, 7(3): 220-228.