DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20250925002
**引用格式**: 易姿, 杨丽霞, 刘腊兰, 等. 麸质过敏原成分的 DNA 条形码鉴定方法研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(5): 37–43.
YI Z, YANG LX, LIU LL, *et al*. Research on DNA barcoding identification method for gluten allergen components [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(5): 37–43. (in Chinese with English abstract).

# 麸质过敏原成分的 DNA 条形码鉴定方法研究

易　姿, 杨丽霞*, 刘腊兰, 钟菲菲, 李　奔, 秦寄军
(长沙市食品药品检验所, 长沙　410036)

**摘　要: 目的**　建立食品中麸质过敏原的 DNA 条形码鉴定方法。**方法**　选取 *psbA-trnH*、*trnl*、*rbcl* 和 *ITS2* 4 种分子标记, 对小麦、大麦、燕麦、黑麦、荞麦 5 个麸质过敏原物种进行鉴定。从 GenBank 数据库获取上述物种的 4 种基因序列后, 利用 MEGA 11 软件完成序列比对、遗传距离计算及系统发育树构建。**结果**　在 4 种基因序列中, 仅 *trnl* 序列的种间最小遗传距离大于种内最大遗传距离, 存在显著的条形码间隙。通过邻接法构建的系统发育树显示, 基于 *trnl* 和 *rbcl* 序列的系统发育树分支结构清晰, 可实现不同物种的准确聚类。综合分析表明, *trnl* 序列是区分上述 5 个麸质过敏原物种的最优 DNA 条形码。将 *trnl* 条形码检测与高通量测序技术相结合用于 7 个实际样品检测, 可同时检测出多种过敏原成分。**结论**　*trnl* 序列作为 DNA 条形码, 可精准识别食品中的麸质过敏原成分。

**关键词:** DNA 条形码; 麸质过敏原; 鉴定

## Research on DNA barcoding identification method for gluten allergen components

YI Zi, YANG Li-Xia*, LIU La-Lan, ZHONG Fei-Fei, LI Ben, QIN Ji-Jun
(*Changsha Institute for Food and Drug Control*, *Changsha* 410036, *China*)

**ABSTRACT: Objective**　To establish a method for identification of gluten allergens in food by DNA barcoding technology. **Methods**　The 4 kinds of molecular markers (*psbA-trnH*, *trnl*, *rbcl* and *ITS2*) were used to identify 5 gluten allergen species, including wheat, barley, oat, rye and buckwheat. The 4 kinds of gene sequences of each species were obtained from GenBank, and sequence alignment, genetic distance calculation and phylogenetic tree construction were performed using MEGA 11 software. **Results**　Among the 4 kinds of gene sequences, only the minimum interspecific genetic distance of the *trnl* sequence was greater than the maximum intraspecific genetic distance, showing a significant barcoding gap. The analysis results of the phylogenetic trees constructed by the neighbor joining method showed that the phylogenetic trees constructed based on *trnl* and *rbcl* sequences had clear branching structures, and different species could be accurately clustered. Therefore, the *trnl* sequence was the optimal

**收稿日期:** 2025-09-25
**基金项目:** 湖南省自然科学基金项目(2024JJ8269)
**第一作者:** 易姿(1985—), 女, 博士, 高级工程师, 主要研究方向为食品安全检测及研究。E-mail: 348783998@qq.com
***通信作者:** 杨丽霞(1981—), 女, 博士, 正高级工程师, 主要研究方向为食品安全检测及研究。E-mail: yanglixia612@163.com

DNA barcode for identification of the 5 gluten allergen species. Combining the *trnl* barcoding detection and high-throughput sequencing technology for the detection of 7 actual samples allows for simultaneous detection of multiple allergen components. **Conclusion** The *trnl* sequence, as a DNA barcode, can accurately identify gluten allergen components in food.

**KEY WORDS:** DNA barcoding; gluten allergen; identification

## 0 引 言

食物过敏已成为全球关注的公共卫生问题，据统计，全球约有 1%的成年人和 2.5%的儿童受食物过敏困扰[1]，其中麸质过敏(如乳糜泻)因其引发的免疫反应可导致严重肠道损伤甚至并发症[2]，受到广泛关注。麸质主要存在于小麦、大麦、黑麦等谷物中，其含有的麦醇溶蛋白是引发乳糜泻的关键致敏原[3–4]。全球范围内，乳糜泻影响 1%~2%的人口[5]，且诊断率持续上升。对于患者而言，严格避免摄入含麸质食品是唯一有效的治疗手段。因此，食品中麸质成分的精准检测，是保障过敏人群健康权益、确保食品安全标签合规性的核心科技支撑，具有极其重要的社会意义和经济价值。

当前，麸质过敏原的检测方法主要包括免疫学方法(如酶联免疫吸附测定法)[6–8]和基于蛋白质组学的质谱分析方法[9–11]。GARCIA-CALVO 等[7]制备了谷蛋白抗体并采用酶联免疫吸附法检测谷蛋白，检出限为 15 mg/kg。但食品加工过程中的高温、高压、水解等处理会严重破坏麸质蛋白的天然构象和表位结构，导致免疫学方法灵敏度大幅下降甚至失效；同时不同谷物来源的麸质蛋白具有同源性，现有抗体可能发生交叉反应，难以精确区分具体谷物种类，进而影响溯源与风险评估。JIRA 等[10]采用液相色谱-质谱法检测谷物蛋白，检出限为 10 μg/kg，而热加工食品的检出限会降低。总体来看，基于蛋白质的检测技术仅能检测已知过敏原蛋白，其中免疫学检测需要制备抗体，周期长达数月；质谱法检测则受食品深加工导致的蛋白变性影响，灵敏度降低，且对样品前处理要求高、仪器成本昂贵。

面对上述技术瓶颈，DNA 分子相较于蛋白质具有更高的热稳定性和化学稳定性，更能耐受食品加工过程的严苛条件，已成为食品源性成分检测的优选目标，为精准溯源提供了分子基础。白朵兰等[12]采用实时荧光定量聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)检测虹鳟源性成分，陈茵茵等[13]采用多重实时荧光定量 PCR 检测芝麻酱中花生、大豆等源性成分，金萍等[14]采用膜芯片技术检测常见食源性过敏原成分，周臣清等[15]采用等温扩增技术检测食品中骆驼源性成分。但普通 PCR 技术只能检测一个物种，多重 PCR 也仅能检测少数目标物种[16–17]，无法实现广泛筛查。DNA 条形码技术作为一种新兴生物物种鉴定方法，通过分析多个目标生物的特定基因片段序列，可实现对多个物种的快速、准确识别[18–19]，目前已在多领域得到应用。在食品检测领域，钟文涛等[20]采用该技术建立肉制品动物源成分检测方法，邱希斌[21]建立基于 ITS 条形码的保健品中植物源性成分鉴定方法；在植物研究领域，宁轩铎等[22]将其用于森林植物物种鉴定与多样性研究；在中药材鉴别领域，该技术也已用于忍冬[23]、狗脊[24]、益母草[25]、竹茹[26]等中药材及其伪品的鉴别研究。鉴于 DNA 条形码技术具有不受样品加工状态影响、检测灵敏度高等优势，本研究旨在探索适用于麸质过敏原成分的 DNA 条形码鉴定方法，通过筛选特异性基因标记和实际样品检测，为麸质过敏原精准检测提供新技术手段，这对于完善食品安全监管体系、保障消费者健康具有重要的理论与实践意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 仪器与设备

CP225D 电子天平(精度 0.0001 g，德国赛多利斯股份公司)；Nanodrop one 型核酸蛋白定量仪[赛默飞世尔科技(中国)有限公司]；S1000 型 PCR 仪[伯乐生命医学产品(上海)有限公司]；QIAxcel Connect 型全自动核酸分析系统[凯杰生物工程(深圳)有限公司]。

### 1.2 材料与试剂

大麦(*Hordeum vulgare*)、小麦(*Triticum aestivum* L.)、燕麦(*Avena sativa* L.)、黑麦(*Secale cereale* L.)、荞麦(*Fagopyrum esculentum*)和 7 个实际样品(市售)。

Premix Ex Taq Mix[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]；DNA 提取试剂盒[凯杰生物工程(深圳)有限公司]。

### 1.3 序列获得与比对

本研究从 GenBank 数据库中下载了 5 个物种分类群的 *psbA-trnH*、*trnl*、*rbcl* 及 *ITS2* 序列(*psbA-trnH* 序列 13 条，*trnl* 序列 30 条，*rbcl* 序列 23 条，*ITS2* 序列 40 条，样本详细信息见表 1)，通过基于局部序列比对算法的搜索(basic local alignment search tool, BLAST)功能进行序列同源性对比与筛查，剔除可靠性存疑的序列后，共获得有效序列 106 条。利用 MEGA 11 生物信息学分析软件对所有有效序列进行比对，并去除两端碱基排列不整齐的片段。

表 1　样本基因序列号信息
Table 1　Information of sample gene serial number

| 基因 | 物种名 | 序列号 |
|---|---|---|
| *psbA-trnH* | 小麦 | OZ253662.1 |
| | 大麦 | MN171383.1、OZ243444.1、MN171392.1、HQ600125.1 |
| | 燕麦 | KJ477761.1、KM538882.1 |
| | 黑麦 | HQ600151.1 |
| | 荞麦 | NC_064334.1、MT572344.1、NC_010776.1、MT668925.1、KY206922.1 |
| *rbcl* | 小麦 | MZ230675.1、MW889059.1、LC377169.1、KM668209.1、MK348610.1 |
| | 大麦 | OX338151.1、OX337649.1、OX337900.1、OX337889.1、OX338333.1 |
| | 燕麦 | MN192754.1、PQ605487.1、L15300.1、NC_027468.1、MK525268.1 |
| | 黑麦 | MF597037.1、KY636136.1、MK526649.1 |
| | 荞麦 | NC_064334.1、AB000310.1、MG249568.1、MN204819.1、MN192588.1 |
| *trnl* | 小麦 | MZ230675.1、MW889059.1、MW889060.1、KJ592713.1 、MH051715.1 |
| | 大麦 | OX337900.1、OX338307.1、OX337505.1、OX338490.1、OX337664.1 |
| | 燕麦 | GU367245.1、MK336398.1、EU276603.1、GU367244.1、GU367243.1、EU276606.1 |
| | 黑麦 | MZ507427.1、LC645358.1、AF519162.1、NC_021761.1、OL688773.1、KY636133.1 |
| | 荞麦 | NC_064334.1、MT572344.1、NC_010776.1、EU024792.1、EF653788.1、JQ041838.1、EU109605.1、EU840543.1 |
| *ITS2* | 小麦 | AJ301799.1、PQ860599.1、KF482108.1、AY346115.1、FM998862.1、FM998871.1、AY346119.1 |
| | 大麦 | MW506987.1、KM252859.1、AJ608147.1、AF438194.1、MW506797.1、KC193783.1 |
| | 燕麦 | AY520821.1、EU833797.1、KX872934.1、MH808787.1、EU833800.1、EU833798.1 |
| | 黑麦 | HQ600533.1、MW509895.1、OQ506348.1、MW509903.1、KP296112.1、KF482106.1 |
| | 荞麦 | KY945305.1、KY945332.1、KY945285.1、KY945325.1、KY945327.1、KY945334.1、KY945330.1、KY945277.1、KY945300.1、AB000331.1、JN083792.1、OQ629348.1、JF829995.1、EF653685.1、JN187114.1 |

### 1.4　遗传距离计算

运用 MEGA 11 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　邻接法系统发育树构建

运用 MEGA 11 软件中的邻接法构建系统发育树, 进行基因序列聚类分析, 并通过 Bootstrap 1000 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 *trnl* 条形码基因的通用引物 (F: 5'-CGAAATCGGTAGACGCTACG-3'; R: 5'-GGGGATAGAGGGACTTGA AC-3')[27], 对 7 个市售样品进行过敏原成分检测。样品粉碎后, 称取 200 mg 采用 DNA 提取试剂盒提取 DNA。PCR 扩增体系为: Premix Ex Taq Mix(2×) 12.5 μL、上、下游引物 10 μmol/L 各 0.5 μL, DNA (10~50 ng/μL) 2 μL, 用 $ddH_2O$ 9.5 μL。PCR 扩增条件: 95 ℃ 30 s; 95 ℃ 5 s, 60 ℃ 30 s, 72 ℃ 30 s, 40 个循环; 72 ℃ 5 min。扩增产物送生工生物工程(上海)股份有限公司进行高通量测序, 测序结果在 GenBank 数据库进行比对分析。

## 2　结果与分析

### 2.1　4 种候选条形码的遗传距离分析比较

采用 MEGA 11 软件的 Kimura2-Parameter 距离模型对 *psbA-trnH*、*trnl*、*rbcl* 及 *ITS2* 序列进行遗传距离计算, 结果显示, 在 *psbA-trnH* 序列中(表 2), 各物种的种内遗传距离为 0~0.8966, 种间遗传距离波动于 0.0563~1.1584 之间, 种间平均遗传距离为 0.8776。*trnl* 序列中(表 3), 除燕麦、荞麦的种内遗传距离分别为 0.0053、0.0163 外, 其他均为 0(表示无差异); 种间遗传距离范围为 0.0292~0.5788, 种间平均遗传距离为 0.3074, 种间最小遗传距离大于种内最大遗传距离, 即种内、种间存在显著的条形码间隙。而 *rbcl* 序列(表 4)的种内遗传距离除荞麦为 0.0049 外, 其他均为 0, 种间遗传距离处于 0.0041~0.1120 区间。*ITS2* 序列中(表 5), 种内遗传距离为 0.0016~0.0213; 种间遗传距离范围为 0.0141~1.0213, 种间平均遗传距离为 0.5195。*psbA-trnH*、*rbcl*、*ITS2* 3 个基因序列的种间最小遗传距离小于种内最大遗传距离, 即种内、种间无条形码间隙。综合比较发现(表 6), 虽然 4 种序列的种间平均遗传距离呈现 *psbA-trnH*>*ITS2*>*trnl*>*rbcl* 的递减趋势, 但 4 种条形码中只有 *trnl* 序列的种间最小遗传距离大于种内最大遗传距离,

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* gene sequence

| 种类 | 小麦 | 大麦 | 燕麦 | 黑麦 | 荞麦 |
|---|---|---|---|---|---|
| 小麦 | 0.0000 | | | | |
| 大麦 | 0.2984 | 0.5728 | | | |
| 燕麦 | 1.1447 | 0.8576 | 0.0026 | | |
| 黑麦 | 1.1584 | 0.8558 | 0.0563 | 0.0000 | |
| 荞麦 | 0.9821 | 0.9978 | 1.0835 | 1.0619 | 0.8966 |

表 3 *trnl* 基因序列种内、种间遗传距离

Table 3 Intraspecific and interspecific genetic distance of *trnl* gene sequence

| 种类 | 小麦 | 大麦 | 燕麦 | 黑麦 | 荞麦 |
|---|---|---|---|---|---|
| 小麦 | 0.0000 | | | | |
| 大麦 | 0.0825 | 0.0000 | | | |
| 燕麦 | 0.5234 | 0.5673 | 0.0053 | | |
| 黑麦 | 0.0292 | 0.0624 | 0.5350 | 0.0000 | |
| 荞麦 | 0.3742 | 0.3981 | 0.5788 | 0.3694 | 0.0163 |

表 4 *rbcl* 基因序列种内、种间遗传距离

Table 4 Intraspecific and interspecific genetic distance of *rbcl* gene sequence

| 种类 | 小麦 | 大麦 | 燕麦 | 黑麦 | 荞麦 |
|---|---|---|---|---|---|
| 小麦 | 0.0000 | | | | |
| 大麦 | 0.0041 | 0.0000 | | | |
| 燕麦 | 0.0164 | 0.0206 | 0.0000 | | |
| 黑麦 | 0.0041 | 0.0082 | 0.0123 | 0.0000 | |
| 荞麦 | 0.1071 | 0.1120 | 0.0932 | 0.1023 | 0.0049 |

表 5 *ITS2* 基因序列种间遗传距离

Table 5 Intraspecific and interspecific genetic distance of *ITS2* gene sequence

| 种类 | 小麦 | 大麦 | 燕麦 | 黑麦 | 荞麦 |
|---|---|---|---|---|---|
| 小麦 | 0.0213 | | | | |
| 大麦 | 0.1308 | 0.0064 | | | |
| 燕麦 | 0.2638 | 0.2953 | 0.0016 | | |
| 黑麦 | 0.0141 | 0.1263 | 0.2546 | 0.0026 | |
| 荞麦 | 0.9272 | 1.0213 | 0.9760 | 0.9306 | 0.0209 |

表 6 4 个候选条形码的种内和种间遗传距离差异比较

Table 6 Comparison of intraspecific and interspecific genetic distances differences among 4 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 |
| *psbA-trnH* | 0.0000 | 0.8966 | 0.2944 | 0.0563 | 1.1584 | 0.8776 |
| *trnl* | 0.0000 | 0.0163 | 0.0043 | 0.0292 | 0.5788 | 0.3074 |
| *rbcl* | 0.0000 | 0.0049 | 0.0010 | 0.0041 | 0.1120 | 0.0426 |
| *ITS2* | 0.0016 | 0.0213 | 0.0106 | 0.0141 | 1.0213 | 0.5195 |

适合用于这 5 个物种的条形码鉴别。

## 2.2 邻接法系统发育树分析

基于 5 个物种的 30 条 *trnl* 基因序列, 采用邻接法(neighbor joining, NJ)构建的系统发育树如图 1A 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 96%, 其中大麦的自展支持率高达 100%, 表明该系统发育树的结构具有高度可靠性。

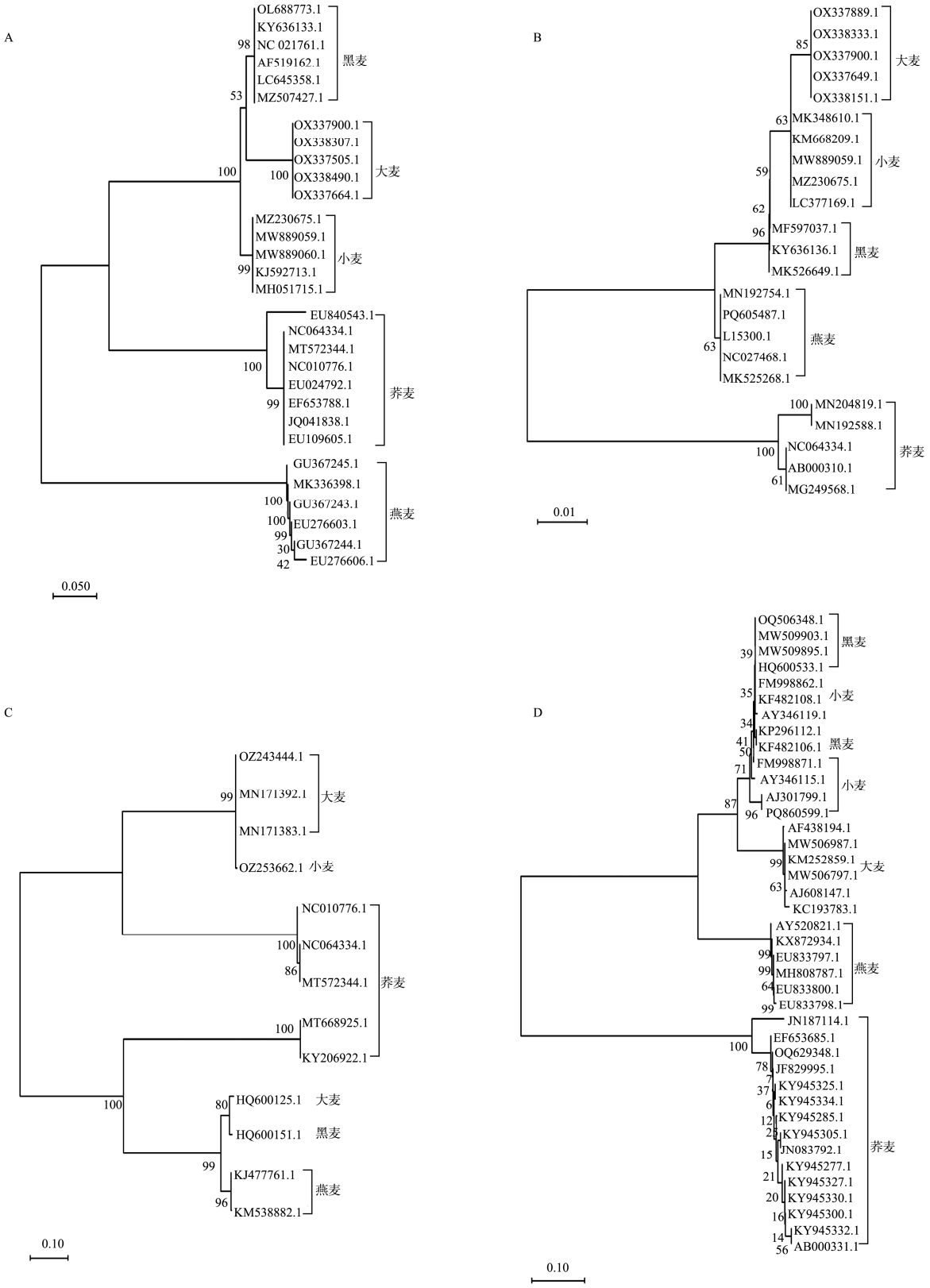
*rbcl* 基因序列的系统发育树如图 1B 所示, 同一物种的不同个体可实现聚类, 物种间界限清晰, 但各分支自展支持率相对较低。

*psbA-trnH* 和 *ITS2* 基因序列的系统发育树如图 1C、1D 所示。分析结果显示, 相同物种未完全聚于同一分支: 小麦、荞麦、大麦的 *psbA-trnH* 基因序列未形成单一聚类分支, 小麦、黑麦的 *ITS2* 基因序列在同一大分支内呈现交叉分布。

上述结果表明, 在 4 个基因序列中, *trnl* 基因序列作为 DNA 条形码, 是区分 5 个麸质类过敏原的最优选择。

## 2.3 样品检测结果

为评估本研究筛选出的条形码的实用价值, 本研究收集了含有不同类型植物源性过敏原的常见食品样品, 采用 *trnl* 条形码序列通用引物对 7 个样品进行检测, 结果详见表 7。其中, YP-1、YP-2、YP-3、YP-5、YP-6 这 5 个样品中标注的麸质过敏原只有一种, 分别是小麦、燕麦、小麦、小麦和燕麦, 检测结果中均能对应检测出这些过敏原成分; YP-4 样品标签标注含燕麦、黑麦、荞麦 3 种麸质过敏原, 仅检测出燕麦, 未检出黑麦、荞麦; YP-7 样品标签标注含小麦、燕麦两种麸质过敏原, 仅检出小麦, 未检出燕麦。此外, 该方法还检测出花生、腰果、大豆等其他过敏原, 以及标签标注的玉米、草莓、椰子等多种植物源性成分。值得注意的是, YP-4 和 YP-7 均检出了标签中排序靠前的燕麦、小麦成分, 未检出的麸质过敏原成分在标签中位置相对靠后。推测未检出的原因可能是: 样品中植物源性成分丰富, 所用引物对其他物种也有扩增, 从而影响了目标麸质过敏原成分的有效检测。分析结果表明, 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。由于实际样品中含有多种植物源性成分, 条形码检测方法更易检出含量较高的过敏原成分及非过敏原成分, 而含量较低的过敏原成分则存在检不出的情况。




注: A. *trnl*; B. *rbcl*; C. *psbA-trnH*; D. *ITS2*。

图 1　过敏原物种的 4 种基因 NJ 树

Fig.1　NJ tree of 4 kinds of genes in allergen species

表 7 实际样品检测结果
Table 7 Detection results of actual samples

| 样品编号 | 声称过敏原成分 | 标识可能含有过敏原成分 | 标签中的成分 | 检出的过敏原成分 |
|---|---|---|---|---|
| YP-1 | 小麦、鸡蛋、花生、乳制品、核桃 | 大豆、芝麻 | 小麦粉、花生、起酥油、鸡蛋、核桃、全脂乳粉 | 花生、小麦、腰果、大豆 |
| YP-2 | 麸质、坚果 | / | 花生仁、腰果仁、南瓜籽仁、红葡萄干、脆米、燕麦片 | 燕麦、大米、腰果、大豆、澳洲坚果 |
| YP-3 | 小麦、大豆、乳 | / | 玉米粉、小麦粉、木薯淀粉、马铃薯全粉 | 玉米、小麦、大豆 |
| YP-4 | 麸质、坚果 | / | 燕麦、蓝莓干、核桃仁、椰子片、南瓜籽、草莓干、黑麦粉、荞麦粉、玉米粉 | 燕麦、草莓、椰子、南瓜、玉米 |
| YP-5 | 小麦、乳 | 鸡蛋、大豆 | 小麦、植物油、马铃薯全粉、乳粉、洋葱粉、大蒜粉 | 大豆、小麦 |
| YP-6 | / | / | 大米(95%)、谷物颗粒(3%, 玉米粉、大米、燕麦粉、藜麦粉) | 玉米、燕麦、大米 |
| YP-7 | 小麦、大豆、鸡蛋 | / | 小麦粉、植物油、麦芽糖浆、鲜鸡蛋、玉米粉、小米粉、燕麦粉、黑芝麻 | 大豆、小麦 |

注: /表示未有相关内容。

## 3 结 论

本研究通过分析 *psbA-trnH*、*trnl*、*rbcl* 和 *ITS2* 4 个基因序列发现, 尽管 *trnl* 序列的种内种间遗传距离差异不是最大, 但只有其种间最小遗传距离大于种内最大距离, 即种内、种间存在显著的条形码间隙, 而其余 3 个基因序列无此特征。聚类分析结果进一步验证了这一结论: 基于 *trnl*、*rbcl* 序列构建的 NJ 系统发育树, 各物种能够清晰聚类, 且 *trnl* 的分支自展支持率明显高于 *rbcl*; 相比之下, *psbA-trnH* 和 *ITS2* 序列存在物种交叉聚类现象。综合上述指标, *trnl* 序列被确认为是鉴别小麦、大麦、燕麦、黑麦和荞麦这 5 个麸质物种的最佳 DNA 条形码。

将 *trnl* 条形码序列与高通量测序技术相结合用于实际样品检测, 可以检测出单个麸质过敏原, 同时可检测出大豆、花生和坚果类过敏原。由于食品样品含有多种植物源性成分, 所用引物无法扩增所有麸质类过敏原, 这可能与各植物源性成分含量有一定关系, 含量较少的成分可能存在检不出的情况。鉴于已有报道采用多个条形码组合的方式对药用菊[28]、沉香属[29]和红景天属[30]的植物进行鉴定, 课题组在后续研究中也可采用多条形码联合的方法提高过敏原成分的检出效率, 为条形码在过敏原检测方面提供更多的实践支持。

## 参考文献


[1] 肖静, 邹萍萍, 田琳, 等. 动物性食品过敏导致的食品安全风险及其控制措施[J]. 食品工业, 2020, 41(5): 245–249.
XIAO J, ZOU PP, TIAN L, *et al*. Food safety risks caused by animal food allergies and the control measures [J]. The Food Industry, 2020, 41(5): 245–249.

[2] 时浚元, 田海芝, 任正楠, 等. 肠道菌群对膳食麸质所致乳糜泻的影响[J]. 中国食品学报, 2024, 24(11): 377–387.
SHI JY, TIAN HZ, REN ZN, *et al*. Impact of gut microbiota on celiac disease induced by dietary gluten [J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2024, 24(11): 377–387.

[3] 吴星星, 吴静, 单兆伟. 乳糜泻中麦胶与消化道菌群相关性研究进展[J]. 大连医科大学学报, 2021(3): 251–256.
WU XX, WU J, SHAN ZW. Research progress on the relationship between gluten and gastrointestinal microbiome in celiac disease [J]. Journal of Dalian Medical University, 2021(3): 251–256.

[4] ANGÉLA JUHÁSZ, COLGRAVE ML, HOWITT CA. Developing gluten-free cereals and the role of proteomics in product safety [J]. Journal of Cereal Science, 2020, 93: 102932.

[5] WEAVER KN, HERFARTH H. Gluten-free diet in IBD: Time for a recommendation? [J]. Molecular Nutrition & Food Research, 2021, 65(5): e1901274.

[6] XHAFERAJ M, ALVES TO, FERREIRA MFL, *et al*. Recent progress in analytical method development to ensure the safety of gluten-free foods for celiac disease patients [J]. Journal of Cereal Science, 2020, 96. DOI: 10.1016/j.jcs.2020.103114

[7] GARCIA-CALVO E, GARCÍA-GARCÍA A, RODRÍGUEZ-GÓMEZ S, *et al*. Development of a new recombinant antibody, selected by phage-display technology from a celiac patient library, for detection of gluten in foods [J]. Current Research in Food Science, 2023, 7: 100578.

[8] SCHERF KA. Gluten analysis of wheat starches with seven commercial ELISA test kits-up to six different values [J]. Food Analytical Methods, 2017, 10(1): 234–246.

[9] FERRANTI P, MAMONE G, PICARIELO G, *et al*. Mass spectrometry analysis of gliadins in celiac disease [J]. Journal of Mass Spectrometry, 2007, 42(12): 1531–1548.

[10] JIRA W, MÜNCH S. A sensitive HPLC-MS/MS screening method for the simultaneous detection of barley, maize, oats, rice, rye and wheat proteins in meat products [J]. Food Chemistry, 2019, 275: 214–223.

[11] SEKI Y, NAKAMURA K, ARIMOTO C, *et al*. Development of a simple and reliable high-performance liquid chromatogiaphy-tandem mass spectrometry approach to simultaneously detect grains specified in food allergen labeling regulation on processed food commodities [J]. Journal of

chromatography A, 2021, 1639: 461877.

[12] 白朵兰, 洪麟, 杨滴, 等. 基于改进的预扩增实时荧光定量聚合酶链式反应法检验虹鳟源性成分[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(13): 18–25.
BAI DL, HONG L, YANG D, *et al*. Detection of *Oncorhynchus mykiss* source components based on improved pre-amplification real-time quantitative polymerase chain reaction method [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(13): 18–25.

[13] 陈茵茵, 梁颖思, 陈宝欣, 等. 多重实时荧光定量聚合酶链式反应在芝麻酱掺假鉴别中的应用[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(12): 199–209.
CHEN YY, LIANG YS, CHEN BX, *et al*. Application of multiplex real-time polymerase chain reaction for adulteration identification in sesame sauce [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(12): 199–209.

[14] 金萍, 丁洪流, 金晓红, 等. 可视化膜芯片技术检测常见食源性过敏原成分[J]. 食品安全质量检测学报, 2023, 14(2): 66–74.
JIN P, DING HL, JIN XH, *et al*. Detection of common food-borne allergens components by visual membrane chip technology [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2023, 14(2): 66–74.

[15] 周臣清, 张娟, 綦艳, 等. 基于重组酶介导等温核酸扩增技术快速检测食品中骆驼源性成分的方法建立及评价[J]. 中国乳品工业, 2025, 53(2): 75–80.
ZHOU CQ, ZHANG J, QI Y, *et al*. Establishing and evaluating a rapid detection method for camel-derived ingredients in food based on recombinase polymerase amplification technology [J]. China Dairy Industry, 2025, 53(2): 75–80.

[16] MIYAZAKI A, WATANABE S, OGATA K, *et al*. Real-time PCR detection methods for food allergens (wheat, buckwheat, and peanuts) using reference plasmids [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2019, 67(19): 5680–5686.

[17] AHMED N, MENG M. Detection of gluten-rich cereals in processed foods with enhanced sensitivity by targeting mitochondrial DNA using PCR [J]. Food Analytical Methods, 2019, 12: 811–825.

[18] 潘影俊男, 苗雅倩, 陈凤明, 等. 微型 DNA 条形码技术鉴定鱼胶物种[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(18): 298–305.
PAN YJN, MIAO YQ, CHEN FM, *et al*. Species identification of fish maw by mini-DNA barcoding technology [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(18): 298–305.

[19] 姚丽锋, 张娟, 黎财慧, 等. 鱼胶品种的 DNA 条形码鉴定方法研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(3): 232–239.
YAO LF, ZHANG J, LI CH, *et al*. Study of the molecular identification for isinglass on DNA [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(3): 232–239.

[20] 钟文涛, 王芳妹, 李白玉, 等. DNA 条形码在肉制品掺伪中非定向筛查技术的研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2017, 8(5): 1547–1551.
ZHONG WT, WANG FM, LI BY, *et al*. Research on the non-directional test in meat adulteration based on DNA barcode [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2017, 8(5): 1547–1551.

[21] 邱希斌. 基于 *ITS* 基因条码的保健食品中植物源性成分的鉴定[J]. 福建农业学报, 2023, 38(8): 989–1003.
QIU XB. Utilization of *ITS* gene barcodes for identifying plant-derived functional ingredients in health food products [J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2023, 38(8): 989–1003.

[22] 宁轩铎, 杨焕斌, 徐欣. 基于 DNA 条形码技术的森林植物物种鉴定与多样性研究[J]. 农业灾害研究, 2024, 14(4): 82–84.
NING XD, YANG HB, XU X. Research on species identification and diversity of forest plants based on DNA barcoding technology [J]. Journal of Agricultural Catastrophology, 2024, 14(4): 82–84.

[23] 方鑫杰, 徐礼煜, 张治东, 等. 基于 DNA 条形码 ITS2 及其二级结构对忍冬属药材进行鉴定[J]. 内蒙古中医药, 2025, 44(5): 155–158.
FANG XJ, XU LY, ZHANG ZD, *et al*. Identification of *Lonicera* medicinal materials based on DNA barcode ITS2 and its secondary structure [J]. Inner Mongolia Journal of Traditional Chinese Medicine, 2025, 44(5): 155–158.

[24] 赵梓颐, 武佳文, 胡琦敏, 等. *rbcL* 条形码在药材狗脊及其混伪品的序列分析[J]. 时珍国医国药, 2025, 36(11): 2099–2103.
ZHAO ZY, WU JW, HU QM, *et al*. Sequence analysis of the *rbcL* barcode in *Cibotii rhizoma* and its adulterants [J]. Journal of Li-shizhen Traditional Chinese Medicine, 2025, 36(11): 2099–2103.

[25] 孟祥松, 王雨朦, 王孟虎, 等. 基于 DNA 条形码、特异性引物鉴定益母草及其易混淆品[J]. 中国现代应用药学, 2025, 42(11): 1896–1907.
MENG XS, WANG YM, WANG MH, *et al*. Identification of *Leonurus japonicus* and its confounding products based on dna barcoding and specific primers [J]. Chinese Journal of Modern Applied Pharmacy, 2025, 42(11): 1896–1907.

[26] 陈秋霞, 马志国, 张英, 等. 市售竹茹及其混伪品的 DNA 条形码研究[J]. 中国药学杂志, 2025, 60(10): 1033–1038.
CHEN QX, MA ZG, ZHANG Y, *et al*. DNA barcode of commercial *Bambusae caulis* in taenias and its adulterants [J]. Chinese Pharmaceutical Journal, 2025, 60(10): 1033–1038.

[27] TABERLET P, COISSAC E, POMPANON F, *et al*. Power and limitations of the chloroplast *trnL* (UAA) intron for plant DNA barcoding [J]. Nucleic Acids Research, 2007; 35(3): e14.

[28] 陈芙蓉, 汪涛, 郭巧生, 等. 基于 DNA 条形码 *psbA-trnH*, *matK*, *trnL* 对不同地理居群野菊和药用菊的鉴定研究[J]. 中国中药杂志, 2019, 44(4): 660–665.
CHEN FR, WANG T, GUO QS, *et al*. Identification of *Chrysanthemum indicum* in different geographical populations and *Ch. morifolium* based on DNA barcodes of *psbA-trnH*, *matK* and *trnL*[J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2019, 44(4): 660–665.

[29] 康勇, 刘杨, 杨云, 等. 应用于多个沉香属物种鉴定的 DNA 条形码序列筛选[J]. 中国药学杂志, 2019, 54(23): 1926–1932.
KANG Y, LIU Y, YANG Y, *et al*. Screening of DNA barcoding sequences for identification of multiple species of *Aquilaria* L. [J]. Chinese Pharmaceutical Journal, 2019, 54(23): 1926–1932.

[30] 张力鹏, 滕彦娇, 宋文芹, 等. 西藏地区红景天属植物 ITS, rbcL, trns-G 序列多态性分析[J]. 南开大学学报(自然科学版), 2019, 52(5): 93–101.
ZHANG LP, TENG YJ, SONG WQ, *et al*. Polymorphism of sequences of *ITS*, *rbcL* and *trnS-G* in *Tibet rhodiola* [J]. Journal of Nankai University (Natural Science), 2019, 52(5): 93–101.

(责任编辑: 韩晓红　安香玉)