

基于 DNA barcoding(条形码)技术的中药材鉴定*

陈士林** 姚 辉 宋经元** 李西文

(中国医学科学院 药用植物研究所 北京 100094)
(中国协和医科大学)

刘 昶 (香港大学李嘉诚医学院分子中药实验室 香港)

陆建伟 (国家中医药管理局科技司 北京 100026)

摘 要: DNA条形码(DNA barcoding)是根据对一段标准的DNA序列的分析来鉴定物种,已成为生物物种鉴定的新方向,受到世界40多个国家130多个组织中传统生物分类学家、分子生物学家和生物信息学家等多学科专家的关注。本文通过介绍DNA条形码的产生、发展和研究现状,探讨其在中药材鉴定中应用的技术方法、技术路线、关键问题以及应用范围,并展望了DNA条形码在中药材鉴定中的应用前景。

关键词: 中药材 DNA条形码 鉴定

条形码技术(Barcode techniques)是为实现对信息的自动扫描而设计的,它在零售业的发展过程中起到了重要作用,节省了交易时间,提高了销售效率。随着分子生物学技术和生物信息学的发展,基于DNA barcoding技术进行鉴定和分类的研究已成为生物分类学研究中引人注目的新方向和研究热点。关于DNA barcoding的大量报道见诸于相关学术刊物和其他媒体上,如Science^[1,2], Nature^[3,4], PNAS^[5,6], The New York Times^[7], National Geographic News^[8]等。生物条形码协会(Consortium for the Barcode of Life)已有40个国家的130多个研究单位参与其中^[9]。生物条形码网站 <http://www.barcodinglife.com>, 真菌编码网站 <http://www.allfungi.org/>, 鳞翅目编码网站 <http://www.lepbarcoding.org/>, 鱼类编码网站 <http://www.fishbol.org/>等网站相继建立,2007年5月10日,世界上第一个DNA barcoding鉴定中心在加拿大University of Guelph成立^[10]。本文综述了DNA barcoding技术的研究现状,并就该技术在中药材鉴定中应用的技术方法、技术路线、关键问题以及应用范围等方面开展研究进行了论述,为建立中药材DNA barcoding鉴定技术奠定基础。

lepbarcoding.org/, 鱼类编码网站 <http://www.fishbol.org/>等网站相继建立,2007年5月10日,世界上第一个DNA barcoding鉴定中心在加拿大University of Guelph成立^[10]。本文综述了DNA barcoding技术的研究现状,并就该技术在中药材鉴定中应用的技术方法、技术路线、关键问题以及应用范围等方面开展研究进行了论述,为建立中药材DNA barcoding鉴定技术奠定基础。

一、DNA条形码及其研究现状

1. DNA条形码的定义

在DNA分类学(DNA Taxonomy,即以DNA序列作为生物分类系统平台)的基础上^[7,8],加拿大动物学家Paul Hebert等对动物界,包括脊椎动物和无脊椎动物共11门13320个物种的线粒体细胞色素c氧化酶亚基1(Cytochrome c oxidase I, CO I)基因序列比较分

收稿日期:2006-09-12

修回日期:2007-03-15

* 国家自然科学基金项目(30572324):濒危品种川贝母光合蒸腾特性与野生抚育生态因子的相关性研究,负责人:陈士林。

** 宋经元,博士,主要研究方向:中药资源, Tel: 010-628114481, E-mail: jysong@implad.ac.cn; 陈士林,研究员,本刊学术副主编,主要研究方向:中药资源。

析,除腔肠动物 Cnidaria外,98%的物种遗传距离差异在种内 0% ~ 2%,种间平均可达到 11.3%,据此提出可以用单一的小片段基因来代表物种,作为物种的条形码编码,为全球生物编码^[9,10],即 DNA barcoding(DNA 条形码)是利用一段标准 DNA 序列作为标记来实现快速、准确和自动化的物种鉴定,类似于超市利用条形码扫描区分成千上万种不同的商品。由于 Paul Hebert 首先倡导将条形码编码技术应用到生物物种鉴定中,因此他被称为 DNA 条形码之父。

2 作为 DNA 条形码序列的特点及与基因组序列的关系

理想的 DNA barcoding 应当符合下列标准:(1)具有足够的变异性以区分不同的物种,同时具有相对的保守性;(2)必须是一段标准的 DNA 区来尽可能鉴别不同的分类群;(3)目标 DNA 区应当包含足够的系统进化信息以定位物种在分类系统(科、属等)中的位置;(4)应该是高度保守的引物设计区以便于通用引物的设计;(5)目标 DNA 区应该足够的短以便于有部分降解的 DNA 的扩增^[11]。

DNA barcoding 作为生物“种水平 species-level”鉴定的工具引人注目,Genbank 数据库中 CO I 序列正在快速增加。Min 等分析了 CO I 序列及其来源基因组核苷酸含量之间的关系,结果表明 849 个 CO I 基因的 5 端的 DNA barcoding 序列令人惊奇地准确地代表了其来源完整线粒体基因 mtDNA 的重要信息,也就是说对于未测序的基因组,从 DNA barcoding 能快速预知完整基因组的组成^[12]。

3 DNA 条形码的发展及研究进展

2003 年 3 月,20 多位分类专家、分子生物学家和生物信息学家会聚美国冷泉港,召开了题为“Taxonomy and DNA”的会议,提出对全球所有生物种的某个特定基因进行大规模测序,以期实现物种鉴定的目标,进而推进生物进化历史的研究。9 月,在冷泉港再次召开题为“Taxonomy, DNA and the Barcode of Life”的会议,对 DNA 条形码所有真核生物的科学性、社会利益有了更深入的讨论和确定,并且还提出了组织策略及国际生物条形码计划(International Barcode of Life Project)的发展蓝图^[9]。

利用 DNA barcoding 可以进行物种的鉴定、发现新种和隐存种,如巨藻^[17]、马达加斯加蚂蚁^[18]、蝴

蝶^[19]、热带鳞翅类^[6]、澳大利亚鱼^[20]、显花植物^[5]等。Hebert 等对鳞翅目(Lepidoptera)昆虫 200 个密切相关的种进行 CO I 基因特定片段分析的结果表明该特定片段可以 100% 成功地鉴定每一个个体^[21]。Yoo 等运用 CO I 作为条形码对韩国 92 种鸟类物种进行了有效鉴定。同时,CO I 基因特定片段作为 DNA barcoding 在真菌的鉴定研究中也取得了有价值的结果^[22]。Min 等对 Ascomycota, Basidiomycota, Chytridiomycota 的 31 个真菌物种 CO I 进行了研究,结果显示约 600 bp 的 CO I 基因片段长度可以准确进行鉴定^[23]。

由于 CO I 基因在植物中的进化速率远慢于在动物中的进化速率,不适合作为大多数植物的编码基因,许多学者对植物中适合作为 DNA barcoding 的基因进行了积极的探索。Kress 等应用 rDNA ITS 序列和质体 *trnH-psaI* 基因间序列对 53 个科 88 个属 99 个物种的进行研究,结果表明 rDNA ITS 序列和质体 *trnH-psaI* 基因间序列可以对植物物种进行 DNA 条形码^[5]。Chase 等评价了叶绿体 *trnD* 序列和 rDNA ITS 序列,并提出在陆地植物长期的 DNA 条形码目标研究中,需要进行更为精确的多标记序列条形码研究^[24]。Taberlet 等研究认为叶绿体 *trnL* (UAA) 内含子全序列(254 - 767 bp)及其 P6 环(10 - 143 bp)在作为 DNA 条形码中虽有不足,但仍具有许多优势,如引物高度保守,扩增体系稳定,P6 环在高度降解的 DNA 样本中仍然可以扩增出来,在食品行业,法医鉴定和永冻层中的样品的鉴定研究中优势明显^[11]。

由此可见,DNA barcoding 技术可以利用一段或几段标准 DNA 序列实现动物、植物和真菌物种的快速鉴定,该技术将是今后生物物种鉴定发展的必然趋势^[4]。

二、中药材 DNA barcoding 鉴定方法研究

1. 与现有鉴定方法相比较的区别和优势

中药材传统鉴定方法如形态、显微结构、超微结构和化学指纹图谱等鉴定方法,在中药材鉴定和评价其质量研究中发挥了重要作用,但随着现代分子生物学技术的快速发展,涌现了一批中药材 DNA 分子鉴定技术,如 RFLP、RAPD、AP-PCR 等^[25]以及基因芯片技术^[26,27],中药材 DNA barcoding 鉴定技术与上述技术相比,其主要区别在于:(1)DNA barcoding 直接利用

DNA序列进行物种的鉴定,具有独一无二的可重复性;(2)DNA barcoding序列具有通用性,在不同物种之间具有可比性,在全球物种鉴定中可以形成统一的标准,也更利于对植物系统进化的研究,而其它DNA分子鉴定技术通常针对特定物种选择特定DNA序列或应用特定的分子标记进行研究,结果缺乏通用性,数据库不能集成;(3)DNA barcoding只需一对或几对通用引物,而其它DNA分子鉴定技术需要十几甚至几十对引物;(4)在技术发展成熟的基础上,根据DNA barcoding鉴定技术可以设计生产“便携式中药鉴定分析扫描仪”,任何人可以实时完成物种鉴定工作,而其它DNA分子鉴定技术包括传统鉴定方法要求鉴定人员具有很高的专业知识和技术能力。

根据以上区别,中药材DNA barcoding鉴定方法具有三大优势:(1)技术的简便性,易于实现,易于操作,易于构建统一的DNA barcoding序列数据库;(2)鉴定的准确性,DNA barcoding序列可以实现门、纲、目、科、属、种、变种等不同分类水平物种的鉴定,且具有独一无二的可重复性;(3)使用的方便性,任何人可以利用DNA barcoding序列数据库,方便地进行数据比对完成鉴定工作。

2 技术方法

综合多学科的知识和方法,包括:植物系统进化学方法;生物统计学方法;生物信息学方法;基因组学方法,即应用分子系统进化的方法对特定植物物种进行研究;应用生物信息学对已获取的分子系统进化的数据进行处理分析。DNA barcoding的基本操作过程包括以下几个步骤:设计通用引物,提取DNA,利用通用引物进行PCR扩增、纯化PCR产物、测序以及序列分析。具体方法包括:

(1)通用引物的设计方法。

研究分析NCBI和GenBank数据库中的DNA序列,确定GenBank数据库中可以用做条形码的基因区的序列数量,确定不同分子标记DNA序列用于PCR通用引物的设计,如对于动物来源的药材可以根据COI基因设计通用引物,植物来源的药材可以根据rDNA ITS序列,18S rDNA,叶绿体*matK*,*rbcL*和*trnH-psbA*等多个标记基因设计通用引物。

(2)中药材样品DNA的提取方法。

利用各种成熟的方法如CTAB法、Qiagen DNeasy

kit等提取样品的DNA。

(3)PCR扩增的方法。

根据目标产物的长度设计PCR的条件,以样品DNA为模板,以通用引物进行PCR扩增,如果扩增失败,需要重新进行引物设计和改变PCR的条件,直到获得扩增条带。此步成功的关键在于样品DNA的完整性。如果样品DNA降解严重,可以根据标记基因叶绿体*trnL(UAA)*内含子的短片段设计通用引物,有利于获得扩增条带^[15]。

(4)PCR产物的序列测定方法。

利用AB B730 sequencers (Applied Biosystems) 等对PCR产物直接进行双向测序或克隆后测序。

(5)中药材DNA条形码的确定与聚类分析方法。

测序结果经过校正,确定待分析的序列,采用Blast比较分析确定多位点的DNA分子标记中适合作为DNA条形码的序列,构建所研究物种的DNA条形码序列数据库;采用UPGMA法进行聚类分析构建物种的亲缘关系树。

3 技术路线

见图1。

4 关键问题

DNA barcoding从提出后就在国际上引起了热烈的讨论,讨论的焦点主要集中在“是否单一的小片段COI基因序列能给全球的物种编码”^[28]。Sperring根

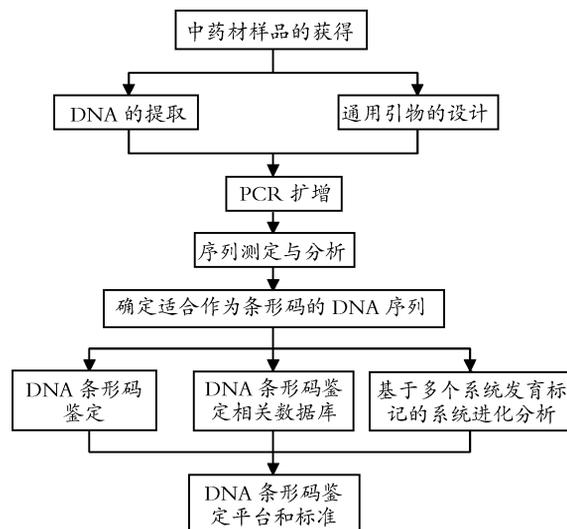


图1 技术路线示意图

据其所在实验室一系列昆虫 CO I 序列的数据,认为至少 1/4 的物种是不容易用 DNA barcoding 的方法来区分^[29]。腔肠动物 Cnidaria 94.1% CO I 序列差异小于 2% 的结果表明 CO I 不适于该类群的鉴定^[14]。Lambert 等就 DNA barcoding 能否对古生物进行条形码编码提出质疑^[30]。Min 等对 31 个真菌物种的研究,结果显示作为 DNA barcoding 长度的 CO I 基因 (648 bp) 不适于其系统发育关系的研究,约 1200 bp 的 CO I 基因片段长度能准确用于鉴定和系统发育关系的研究^[23]。Mallet 等建议最好应用多个基因片段区分形态相近的物种,而不是单一的基因^[31]。DNA 条形码仅靠单个基因片断可能会显得力度不够,同时要跟形态学数据结合起来,不能完全抛弃形态学手段^[12]。有学者认为对于脊椎动物尤其是系统发生关系远的物种,最好将 16S rRNA 和 CO I 一起作为 DNA 条形码的标记基因^[32]。此外,要尝试多个分子标记的结合使用,而且在选取除 CO I 之外的基因时,也决不能仅仅局限于现行通用的分子标记,要大胆尝试一些新的有潜力解决问题的基因。

在中药材样品 DNA 条形码鉴定中,应用生物信息学分析方法解决通用引物设计是中药材 DNA 条形码鉴定可行性的第一大关键问题。采用 DNA 序列测定和 Blast 比较分析解决确定多位点的 DNA 分子标记中适合作为中药材样品 DNA 条形码的序列是中药材 DNA 条形码鉴定可行性的第二大关键问题。上述两大关键问题已经在动植物 DNA 条形码鉴定与分类的研究中得到很好解决^[5,13,14,15],为研究中药材 DNA 条形码鉴定与亲缘关系研究提供了有益的借鉴。另外,中药材加工成饮片或粉末后,DNA 降解较严重,需要探索多个以短的 DNA 模板进行有效扩增的标记基因,Taberlet 等已报道用叶绿体 *trnL* (UAA) 内含子 P6 环 (10 - 143 bp) 作为 DNA 条形码鉴定食品工业中已加工的 23 种主要植物,包括小麦、水稻、茄子、草莓等^[15],当然还需要研究和探索基因组中更适合作为 DNA barcoding 的 DNA 序列。

三、DNA barcoding 在中药材鉴定与分类的应用范围

1. 植物、动物来源中药材的物种鉴定研究

据第三次全国中草药资源普查统计,我国现有中草药资源 12 807 种,其中药用植物 11 146 种 (383 科 2

309 属),药用动物 1 581 种。由于药用植物形态的多样性,即使专业的鉴定与分类人员也难以将如此众多的物种进行准确鉴定,特别对药用真菌的鉴定必须诱导出子实体进一步增加了鉴定的难度。已有一些文献报道利用 DNA 序列鉴定药用植物,但是这些研究通常针对特定物种选择不同的分子标记。因此,结果缺乏通用性。DNA barcoding 的提出,运用统一的 DNA 序列进行研究对分子系统学的研究将具有重要意义。

DNA barcoding 鉴定技术为动植物来源中药材的物种鉴定研究提供了方便快捷的方法,以药用植物的部分叶片、种子或其它部位,以药用真菌的菌丝、孢子,以药用动物的毛发、血液或部分组织等,甚至对保存的标本和冰冻的组织,均可方便地提取较为完整的 DNA,利用通用引物扩增短的 DNA barcoding 序列来实现动植物物种的快速准确鉴定。

2 中药饮片、粉末及传统中成药鉴定研究

对于加工后的中药饮片、粉末和含有生药原型的传统中成药 (丸剂、散剂等) 的鉴定,形态鉴定已经无能为力,传统上采用显微结构、超微结构和化学指纹图谱研究进行鉴定,结构鉴定多为描述性,化学指纹图谱鉴定受到干扰的因素较多,有一定局限性。

DNA barcoding 鉴定技术实现鉴定的数字化和量化,易于成为国际上通行的鉴定标准,针对加工后的中药饮片、粉末和以粉末入药的传统中成药的鉴定,可根据 DNA 存在部分降解的特点,设计通用引物扩增更短的 DNA barcoding 序列来实现动植物物种的快速准确鉴定。

3 促进药用植物亲缘学和植物化学分类学的研究

药用植物亲缘学 (Pharmaphylogeny) 是研究药用植物的植物亲缘关系 - 化学成分 - 疗效 (药理活性及传统疗效) 间的相关性的一门新兴的边缘学科,它对于开发药用植物资源具有重要指导意义^[33]。植物化学分类学 (Chemotaxonomy) 研究植物化学成分在植物界的分布,分析植物化学成分与植物亲缘系统的相关性,探讨植物界的演化规律并为植物的开发利用提供科学依据^[34]。DNA barcoding 技术获得的标准 DNA 序列不仅可以有效地进行药用动植物的鉴定,而且可以基于多个系统发育标记进行药用动植物的系统进化分析,比单位点得到的系统进化树更为可靠,结合传统的动植物形态分类学,与植物化学分类学、药用植物亲

缘学共同促进药用动植物的系统进化树的构建,有助于科学地研究药用动植物的系统发育关系,进而推动植物化学分类学和药用植物亲缘学的发展和深入。

四、中药材 DNA barcoding 鉴定研究的发展前景与展望

Paul Hebert 称假如目前的技术研制成功,将未知生物的一部分放进一种掌上型扫描仪中进行分析,稍后就可以鉴定出该生物物种,并配以图片说明,知道其是否有危险。利用该技术,快速分析一小段 DNA 片段,可以鉴定出地球上每一个植物和动物物种,这与商场中扫描仪检测条形码的方式几乎完全一样。任何人都能简单地用这种技术来检测其所遇到的任何生物体,而且只需要一小块组织,如一块皮、一根头发或一片叶子,一旦输入掌上型 DNA 扫描仪,通过这些组织片断就可以检测出任何生物体。

我们有理由相信,如果专门针对中药材的 DNA barcoding Scanner 研制成功,将未知药材的一部分放进微型分析扫描仪中进行分析,就可以鉴定出该中药材生物物种,并配以图片说明,还可以了解其在全世界的分布、资源量、所含主要化学成分及其主要功效,是否具有毒性和成瘾性。任何人都能简单地用这种技术,而且只需要一小块组织即可检测。目前,课题组正积极开展 DNA barcoding 鉴定方法的研究,中国医学科学院药用植物研究所与香港大学李嘉诚医学院分子中药实验室联合开展应用 DNA barcoding 对贝母属中药进行鉴定研究。中国医学科学院药用植物研究所与英国皇家植物园 Royal Botanic Gardens, Kew 已经联合建立了“中草药鉴定中心”(The Chinese Medicinal Plants Authentication Centre, CMPAC),针对英国草药市场开展了中药鉴定的研究^[35]。英国皇家植物园 Chase 等发表“陆地植物与 DNA barcodes 的近期和远期目标”等论文^[24]。

目前,国内学者也开始关注该项技术,肖金花、王鑫、王剑锋等^[36-38]分别对 DNA 条形码及其在相关学科中应用的可行性进行了综述。潘程莹等以我国常见的斑腿蝗科(Catantopidae) 7 种蝗虫为对象测定了 CO I 基因序列,探讨了 CO I 基因作为 DNA 条形码在识别蝗虫物种方面的可行性^[39]。虽然 DNA 条形码技术还受到部分专家的置疑以及存在一定的缺陷,但

DNA 序列信息的丰富性,以及独一无二的可重复性,都将使 DNA 条形码成为分类学家的有用工具^[41],DNA 条形码技术也将成为生物分类发展的大势所趋。

参考文献

- 1 Pennisi E. Modernizing the tree of life. *Science*, 2003, 300: 1692 ~ 1697.
- 2 Marshall E. Taxonomy. Will DNA barcodes breathe life into classification? *Science*, 2005, 307: 1037.
- 3 Blaxter M. Molecular systematics: counting angels with DNA. *Nature*, 2003, 421: 122 ~ 124.
- 4 Schindel DE, Miller SE. DNA barcoding, a useful tool for taxonomists. *Nature*, 2005, 435: 17.
- 5 Kress WJ, Wurdack KJ, Zimmer EA, et al. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2005, 102: 8369 ~ 8374.
- 6 Hajibabaei M, Janzen DH, Bums JM, et al. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2006, 103: 968 ~ 971.
- 7 Tautz D, Arctander P, Minelli A, et al. DNA points the way ahead in taxonomy. *Nature*, 2002, 418: 479.
- 8 Tautz D, Arctander P, Minelli A, et al. A plea for DNA taxonomy. *Trends in Ecology & Evolution*. 2003, 18: 70 ~ 74.
- 9 Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, et al. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc R Soc Lond B*. 2003a, 270: 313 ~ 321.
- 10 Hebert PDN, Ratnasingham S, Dewaard JR. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit I divergences among closely related species. *Proc R Soc Lond B (Suppl)*. 2003b, 270: S96 ~ S99.
- 11 Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, et al. Power and limitations of the chloroplast trnL (UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Research*, 2007, 35(3): e14.
- 12 Min XJ, Hickey DA. DNA barcodes provide a quick preview of mitochondrial genome composition. *PLoS one*, 2007a, 3: e325.
- 13 Saunders GW. Applying DNA barcoding to red macroalgae: a preliminary appraisal holds promise for future applications. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2005, 360: 1879 ~ 1888.
- 14 Smith MA, Fisher BL, Hebert PD. DNA barcoding for effective biodiversity assessment of a hyperdiverse arthropod group: the ants of Madagascar. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2005, 360: 1825 ~ 1834.
- 15 Hebert PDN, Penton EH, Bums JM, et al. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2004, 101(41): 14812 ~ 14817.
- 16 Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, et al. DNA barcoding Australia's fish species. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2005, 360: 1 ~ 11.

- 17 Hebert PDN, Gregory TR. The promise of DNA barcoding for taxonomy *Syst Biol*, 2005, 54, 852 ~ 859.
- 18 Yoo HS, Eah JY, Kim JS, *et al* DNA barcoding Korean birds *Mol Cells*, 2006, 22 (3) 323 ~ 327.
- 19 Min XJ, Hickey DA. Assessing the effect of varying sequence length on DNA barcoding of fungi *Molecular Ecology Notes*, 2007b, doi: 10.1111/j.1471-8286.2007.01698.x
- 20 Chase MW, Salamin N, Wilkinson M, *et al* Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals *Philos Trans R. Soc B Biol Sci*, 2005, 360, 1889 ~ 1895.
- 21 徐红, 王峰涛, 胡之璧. 中药 DNA 分子鉴定技术的发展与应用. *世界科学技术*, 2003, 5 (2) 24 ~ 30.
- 22 Tso Pui-yan, Woo Hok-sin, Wong Man-sau, *et al* Genotype and species identification of *Fritillaria* by DNA chips *Acta Pharmaceutica Sinica*. 2003, 38 (3) 185 ~ 190.
- 23 邵鹏柱, 曹晖. 中药分子鉴定. 上海: 复旦大学出版社, 2004, 229 ~ 247.
- 24 Morita C, Cicero C. DNA barcoding: Promise and pitfalls *PLoS Biology*, 2004, 2 (10) 1529 ~ 1531.
- 25 Sperling F. DNA Barcoding: deus ex machina *Newsletter of the Biological Survey of Canada (Terrestrial Arthropods)*, 2003, 22 (1): Opinion Page
- 26 Lambert DM, Baker A, Huynen L, *et al* Is a large-scale DNA-based inventory of ancient life possible? *Journal of Heredity*, 2005, 96 (3) 279 ~ 284.
- 27 Mallet J, Wilmott K. Taxonomy: renaissance or Tower of Babel? *Trends in Ecology & Evolution*. 2003, 18 (2) 57 ~ 59.
- 28 Vences M, Thomas M, van der Meijden A, *et al* Comparative performance of the 16S rRNA gene in DNA barcoding of amphibians *Front Zool*, 2005, 2, 5.
- 29 陈四保, 彭勇, 陈士林, 等. 药用植物亲缘学. *世界科学技术*, 2005, 7 (6) 97 ~ 103.
- 30 周荣汉, 段金殿主编. 植物化学分类学. 上海: 上海科学技术出版社, 2005.
- 31 Leon, C. J., Simmonds, M. S. J., Lin, Y. L., *et al* Authenticating Chinese medicinal plants on the UK market: Issues, needs and developments *Drug Safety*, 2006, 29 (4) 347.
- 32 肖金花, 肖晖, 黄大卫. 生物分类学的新动向 - DNA 条形码. *动物学报*, 2004, 50 (5) 852 ~ 855.
- 33 王鑫, 黄兵. DNA 条形码编码技术在动物分类中的研究进展. *生物技术通报*, 2006, 4 67 ~ 72.
- 34 王剑锋, 乔格侠. DNA 条形码编码在蚜虫类昆虫中的应用. *动物分类学报*, 2007, 32 (1) 153 ~ 159.
- 35 潘程莹, 胡婧, 张霞, 等. 斑腿蝗科 Catantopidae 七种蝗虫线粒体 CO I 基因的 DNA 条形码研究. *昆虫分类学报*, 2006, 28 (2) 103 ~ 110.

Use of DNA barcoding to identify Chinese medicinal materials

Chen Shilin, Yao Hui, Song Jingyuan*, Li Xiwen

(Institute of Medicinal Plant Development, Chinese Academy of Medical Sciences, Peking Union Medical College, Beijing 100094, China)

Liu Chang

(Molecular Chinese Medicine Laboratory, Li Ka Shing Faculty of Medicine, The University of Hong Kong, 21 Sassoon Road, Pok Fu Lam, Hong Kong)

Lu Jianwei

(State administration of traditional Chinese medicine of P. R. China, Beijing 100026)

To identify biological species, DNA barcoding as a new technique is developed. DNA barcoding sequences from a standardized and agreed-upon position in the genome are very short relative to the entire genome and they can be obtained reasonably quickly and cheaply, which attracted more than 130 organizations from 40 countries in the globe. This paper reviews the appearance and development of DNA barcoding. Simultaneously, we study the methods, stepwise technique map and key questions of DNA barcoding which was used to identify Chinese medicinal materials. In conclusion, DNA barcoding has a good prospect in authentication of Chinese medicinal materials.

Keywords: Chinese medicinal materials; DNA barcoding; Identification

(责任编辑: 王 瑀, 郭 屹)