

基于DNA条形码的13种唇形科药食两用香料植物的鉴别

郑梦迪^{1*}, 王明璐², 于佳琦¹

(1. 西安医学院药学院, 陕西西安 710021) (2. 莫纳什大学药学与药物科学学院, 墨尔本 VIC3052)

摘要: 该研究采用 ITS2、*matK* 及 *PsbA-trnH* 分子标记对 13 种常见香料植物罗勒及其近缘种灰罗勒、丁香罗勒、圣罗勒与牛至、薄荷、留兰香、香薷、藿香、荆芥、香蜂花、迷迭香、百里香进行鉴定, 为药食两用香料植物的快速精准鉴别提供更科学的方法。从 GenBank 获取各物种的 ITS2、*matK* 及 *PsbA-trnH* 序列, 使用 MEGA 7.0 软件进行序列比对、遗传距离计算、NJ 系统发育树构建。并结合 ITS2 序列二级结构, 构建 PNJ 进化树。遗传距离结果显示: ITS2 种内遗传距离最大为 0, 种间最小遗传距离为 0.070; *matK* 的种内遗传距离为 0.000, 最小种间遗传距离为 0.002; ITS2 和 *matK* 均存在 Barcoding gap; 而 *PsbA-trnH* 序列的种内最大遗传距离与种间最小遗传距离相同为 0.000。同时根据 NJ 进化树结果, ITS2 和 *matK* 序列可将各物种区分开, 且各物种均各聚为一支, 可与其他种明显区分。而 *PsbA-trnH* 序列能够区分不同属的样品植物, 但不能将罗勒与近缘种灰罗勒区分开。因此, 该研究建议以 ITS2 为主的 DNA 条形码应用于 13 种药食两用香料植物的鉴定, 为香料的来源追溯及食品和药品安全保障提供科学依据。

关键词: 香料植物; 分子鉴定; DNA 条形码

文章编号: 1673-9078(2025)04-341-348

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2025.4.0225

Identification of 13 Medicinal and Edible Aromatic Plants from Labiatae Based on DNA Barcodes

ZHENG Mengdi^{1*}, WANG Mingluo², YU Jiaqi¹

(1. School of Pharmacy, Xi'an Medical University, Xi'an 710021, China)

(2. Faculty of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, Monash University, Melbourne VIC3052, Australia)

Abstract: ITS2, *matK*, and *PsbA-trnH* molecular markers were used to identify 13 common aromatic plants, including *Ocimum basilicum* and its relatives, *Ocimum americanum*, *Ocimum gratissimum*, *Ocimum tenuiflorum* and *Origanum vulgare*, *Mentha canadensis*, *Mentha spicata*, *Elsholtzia ciliata*, *Agastache rugosa*, *Nepeta cataria*, *Melissa officinalis*, *Rosmarinus officinalis*, and *Thymus mongolicus*, to provide a more scientific method for rapid and accurate identification of medicinal and edible aromatic plants. The ITS2, *matK*, and *PsbA-trnH* sequences of each species were downloaded from GenBank. The sequence alignment, genetic distance calculation, and neighbor-joining (NJ) phylogenetic tree construction

引文格式:

郑梦迪, 王明璐, 于佳琦. 基于DNA条形码的13种唇形科药食两用香料植物的鉴别[J]. 现代食品科技, 2025, 41(4): 341-348.

ZHENG Mengdi, WANG Mingluo, YU Jiaqi. Identification of 13 medicinal and edible aromatic plants from labiatae based on DNA barcodes [J]. Modern Food Science and Technology, 2025, 41(4): 341-348.

收稿日期: 2024-02-27

基金项目: 陕西省自然科学基金基础研究计划项目(2021JQ-782); 西安医学院科研能力提升计划项目(2022NLTS084); 西安医学院大学生开放实验科研基金项目(2021DXS55; 2021DXS72)

通讯作者: 郑梦迪(1988-), 女, 博士, 副教授, 研究方向: 生物资源评价与开发利用, E-mail: 670677492@qq.com

were performed using MEGA7.0 software. The parallel neighbor-joining (PNJ) evolutionary tree was also constructed in combination with the secondary structure of ITS2. The results showed that the maximum intraspecific genetic distance of ITS2 was 0, and the minimum interspecific genetic distance was 0.070. The maximum intraspecific genetic distance of *matK* was 0.000, and the minimum interspecific genetic distance was 0.002. The maximum intraspecific genetic distance of the *PsbA-trnH* sequence was 0.000, the same as the minimum interspecific genetic distance. Simultaneously, according to the results of the NJ phylogenetic tree, ITS2 and *matK* barcodes can distinguish all species, with each species forming a distinct clade, clearly separable from other species. *PsbA-trnH* could distinguish plants at the genus level but failed to distinguish *Ocimum basilicum* from the closely related species *Ocimum americanum*. Therefore, the differential effect of the three molecular markers was as follows: ITS2 was the best, *matK* was the second, and *PsbA-trnH* was weak. Thus, ITS2 was suggested for the identification of 13 medicinal and edible spice plants in this study, providing a scientific basis for the traceability of spice origins and ensuring safety in food and pharmaceutical applications.

Key words: spice plants; molecular identification; DNA barcodes

我国药食两用香料植物资源十分丰富，唇形科常见兼具观赏性和实用性的香料植物，不仅能用作食品的调味料，更被广泛用于食品、医药、保健、化工、园艺、化妆品和香水等行业^[1,2]。由于唇形科植物表型相似或俗称别名导致的同名异物，使得物种之间常发生混淆或使用错误。如罗勒 (*Ocimum basilicum* L.) 与牛至 (*Origanum vulgare* L.)，二者植株高度相似，全株都有稀疏柔毛；花冠均呈紫色或紫红色；叶片卵圆形或长圆形，边缘带齿且香味浓郁^[3]。罗勒又称“千层塔”、“九层塔”等，作为香辛调味的蔬菜及佐料，在烹饪中扮演着至关重要的角色；罗勒变种繁多，有灰罗勒 (*Ocimum americanum* L.)、丁香罗勒 (*Ocimum gratissimum* L.)、圣罗勒 (*Ocimum tenuiflorum* Burm. f.) 等^[4]。牛至又名“土香薷”、“小叶薄荷”等，同时它也是一种传统中草药，内服外用皆可，主治中暑、头痛、感冒发热、胸膈胀满、恶心腹泻等诸多病症^[5]。薄荷 (*Mentha Canadensis* Linnaeus)、留兰香 (*Mentha spicata* L.) 与香蜂花 (*Melissa officinalis* L.)，三者表型相似，均为草本；茎直立，四棱形；叶片长椭圆形或卵形，边缘具圆齿或钝锯齿；均为轮伞花序，花萼钟形；且含有相似的活性成分：薄荷酮、香叶醇等，因此具有相似的香气。其中留兰香又名“绿薄荷”、“香薄荷”、“青薄荷”等；香蜂花俗名“柠檬薄荷”等^[3]。迷迭香 (*Rosmarinus officinalis* L.) 与百里香 (*Thymus mongolicus* Ronn.)，它们都具细长的叶片和浓郁的芳香，在外观形态上难以区

分；但迷迭香特有的活性成分迷迭香酸，具有抗癌抗肿瘤活性，而百里香的主要成分百里香酚，主要用作食品添加剂^[6-8]。另外，藿香 [*Agastache rugosa* (Fisch.et Mey.) O.Ktze.] 又名“山薄荷”、“大叶薄荷”，荆芥 (*Nepeta cataria* L.)，又称为“猫薄荷”等^[9,10]。唇形科香料植物种类繁多，应用领域广泛且使用形式多样，易产生混用乱用情况导致其功效缺失。且传统鉴别方法受人的主观意识影响较大，容易出现鉴别错误的现象，因此需要一种更加精准快速的鉴别方法。近年来 DNA 分子条形码技术在生物资源鉴定领域得到了广泛的应用^[11-13]。DNA 分子条形码技术不受个体形态和发育阶段限制，不受药材完整状态限制，鉴定过程数字化、标准，不受分类学专业知识限制等优势^[14]。本研究首次将 ITS2、*matK* 和 *psbA-trnH* 分子标记应用于 13 种易混香料植物的鉴定，为香料植物的食品安全、工业生产和临床用药合理性等提供指导。

1 材料与方法

1.1 研究对象

本研究对象包含罗勒、灰罗勒、丁香罗勒、圣罗勒、牛至、薄荷、留兰香、香薷、藿香、荆芥、香蜂花、迷迭香和百里香共 13 个物种 156 条序列 (ITS2 : 51 条, *PsbA-trnH* : 50 条, *matK* : 55 条)，详细信息见表 1。

表 1 样本信息

Table 1 Detailed sample information

物种名	拉丁学名缩写	序列号
罗勒	<i>Ocimum basilicum</i> L.	MT338840.1; MT338841.1; MH612944.1
灰罗勒	<i>Ocimum americanum</i> L.	OR546446.1; OR546445.1; OR546444.1
丁香罗勒	<i>Ocimum gratissimum</i> L.	MF468217.1; MF468218.1; MF468216.1
圣罗勒	<i>Ocimum tenuiflorum</i> Burm. f.	OL536579.1; MK087938.1; KT235956.1
牛至	<i>Origanum vulgare</i> L.	MT804626.1; MT804625.1; MT804622.1; MT804624.1; MT804621.1
薄荷	<i>Mentha canadensis</i> L.	MH711578.1; MH703325.1; MT808916.1
ITS2	留兰香 <i>Mentha spicata</i> L.	DQ667244.1; MW915784.1; MW915775.1; MW915727.1; MW915726.1
	香薷 <i>Elsholtzia ciliate</i> (Thunb.) Hyland.	JN578062.1; JN578061.1; JN578060.1; MH117517.1; MH117518.1
	藿香 <i>Agastache rugosa</i> (Fisch. et Mey.) O. Ktze.	MT622824.1; KP058324.1; JF708195.1; KY197932.1
	荆芥 <i>Nepeta cataria</i> L.	JQ669126.1; MH808589.1; DQ667301.1; AJ515313.1
	香蜂花 <i>Melissa officinalis</i> L.	DQ667291.1; DQ189090.1; MK087933.1; MG256281.1
	迷迭香 <i>Rosmarinus officinalis</i> L.	OQ165223.1; OL536639.1; EU796893.1; MK087953.1
	百里香 <i>Thymus mongolicus</i> Ronn.	KC295045.1; KC295046.1; MG256334.1; MH688886.1; MZ191048.1
	罗勒 <i>Ocimum basilicum</i> L.	MK414465.1; KC755404.1; AY177670.1; KC755403.1; KC755402.1
	灰罗勒 <i>Ocimum americanum</i> L.	KC755400.1; KP172062.1; JX465686.1; JX465683.1
	丁香罗勒 <i>Ocimum gratissimum</i> L.	MF468167.2; JX465684.1; MW150013.1; MK290479.1; MF468169.2
	圣罗勒 <i>Ocimum tenuiflorum</i> Burm. f.	OL690083.1; MW150017.1; MF468156.2; MF468148.2; JF357829.1
	牛至 <i>Origanum vulgare</i> L.	MT679152.1; MF694869.1; HQ593372.1; KJ204514.1; MN311850.1
	薄荷 <i>Mentha canadensis</i> Linnaeus	JN966367.1; MZ540176.1; MH714150.1
matK	留兰香 <i>Mentha spicata</i> L.	KX783714.1; KX879087.1; KX879086.1; LC385925.1
	香薷 <i>Elsholtzia ciliate</i> (Thunb.) Hyland.	MH116629.1; MH116628.1; KY624878.1
	藿香 <i>Agastache rugosa</i> (Fisch. et Mey.) O. Ktze.	MH659892.1; NC_053706.1; OM457823.1; MW760849.1
	荆芥 <i>Nepeta cataria</i> L.	MG224812.1; HQ593369.1; MN311849.1; MK520352.1; MG947045.1
	香蜂花 <i>Melissa officinalis</i> L.	MF694864.1; KP172051.1; HM850795.1; NC_066033.1
	迷迭香 <i>Rosmarinus officinalis</i> L.	KP172065.1; HE967477.1; FR719114.1; FR719113.1; FR719112.1
	百里香 <i>Thymus mongolicus</i> Ronn.	MN433407.1; MN317518.1; NC046520.1
	罗勒 <i>Ocimum basilicum</i> L.	KP218938.1; KP218939.1; JQ339256.1; HM590118.1; KF855613.1
	灰罗勒 <i>Ocimum americanum</i> L.	MK261026.1; MK260875.1; KT338804.1
	丁香罗勒 <i>Ocimum gratissimum</i> L.	MN816239.1; KT338808.1; FR726109.1; KR735412.1; JX262181.1
	圣罗勒 <i>Ocimum tenuiflorum</i> Burm. f.	KT338810.1; KT338800.1; KT338799.1; KX953726.1; KX096041.1
	牛至 <i>Origanum vulgare</i> L.	KC138347.1; KC138241.1; KC138239.1; ON641323.1; ON641374.1
PsbA-trnH	薄荷 <i>Mentha canadensis</i> Linnaeus	JN406992.2; KY197902.1; GQ434942.1; JN406991.2; LC125225.1
	留兰香 <i>Mentha spicata</i> L.	AY643678.1; AY643677.1; AY643676.1; AY643675.1; AY643674.1
	香薷 <i>Elsholtzia ciliate</i> (Thunb.) Hyland.	LC605901.1; LC605900.1; LC605899.1; LC605898.1; LC605897.1
	藿香 <i>Agastache rugosa</i> (Fisch. et Mey.) O. Ktze.	KC832494.1; KC832493.1; JQ339252.1; EU590857.1; MW760849.1
	香蜂花 <i>Melissa officinalis</i> L.	KP643311.1; LS999865.1; MH781964.1
	迷迭香 <i>Rosmarinus officinalis</i> L.	HE966779.1; FJ493283.1; OL312128.1; FR726154.1

1.2 序列获得、筛选和比对

从 NCBI Nucleotide 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) 中下载 13 个分类群的 ITS2、PsbA-trnH 和 *matK* 序列, 利用 BLAST 功能筛选剔除可疑序列, 共获得 154 条序列。将下载所得序列在 ITS2 Database (<http://its2.bioapps.biozentrum.uni-wuerzburg.de/>) 中基于隐马尔可夫模型 (HMM) 对数据进行分析, 去除序列两端的 5.8S 和 28S 基因区, 获得标准的 ITS2 基因间隔区序列。另外, 根据 GenBank 数据库中同属物种 PsbA-trnH 的注释, 去除序列两端的 *psbA* 和 *trnH* 基因, 获得标准的 PsbA-trnH 基因间隔区。同时, 注释并获得标准的 *matK* 片段。利用 Clustal Omega (<http://www.clustal.org/omega/>) 在线软件对所有 ITS2、PsbA-trnH 和 *matK* 序列进行比对校正。

1.3 序列分析、遗传距离计算及NJ进化树构建

采用 MEGA 11 软件分析比对所得序列, 统计 GC 含量、序列长度、变异位点等序列特征信息。基于 K2P (Kimura 2-Parameter) 模型计算各物种的种内、种间遗传距离, 构建 NJ (Neighbor Joining) 系统发育树, Bootstrap 1000 次重复检验分支系统发育的可靠性。

1.4 ITS2 二级结构预测及PNJ系统发育树构建

利用 ITS2 Database 预测各物种的 ITS2 二级结构, 获得一级结构和二级结构的联合矩阵, 将所有

研究材料的联合矩阵输入 4Sale 1.7.1 软件中进行比对, 将比对好的结果导入 ProfDist 0.9.9 软件基于距离法构建 PNJ 系统发育树, Bootstrap 1000 次重复检验分支系统发育的可靠性。

2 结果与讨论

2.1 3种候选条形码的遗传距离分析比较

基于 MEGA7.0 软件中 K2P (Kimura2-parameter) 距离模型计算种内种间遗传距离, 表 2 显示各物种 ITS2 序列的种内遗传距离均为 0, 种间最小遗传距离为罗勒与灰罗勒 0.070, 种间最大遗传距离为迷迭香与香薷 0.310, 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。各分类群 *matK* 序列的种内遗传距离均为 0, 种间遗传距离为 0.002~0.088, 种间平均遗传距离为 0.049, 存在 barcoding gap; 其中罗勒与灰罗勒、薄荷与留兰香的种间遗传距离均为 0.002 (表 3)。所分析物种的 PsbA-trnH 种内遗传距离均为 0.000, PsbA-trnH 种间遗传距离在 0~0.977, 其中罗勒与灰罗勒的种间遗传距离为 0, 种间平均遗传距离为 0.381 (表 4)。如表 5 所示, 平均种间遗传距离从大到小的顺序为 PsbA-trnH > ITS2 > *matK*, 种内与种间遗传距离相差由大到小的顺序为 PsbA-trnH > ITS2 > *matK*, 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, 物种间区分度 PsbA-trnH > ITS2 > *matK*; 但 PsbA-trnH 的罗勒与灰罗勒的种间遗传距离为 0。

表 2 香料植物的ITS2序列种内种间遗传距离

Table 2 Intraspecific and interspecific genetic distance of ITS2 sequence of spice plants

	罗勒	灰罗勒	丁香罗勒	圣罗勒	牛至	薄荷	留兰香	香薷	藿香	荆芥	香蜂花	迷迭香	百里香
罗勒	0.000												
灰罗勒	0.070	0.000											
丁香罗勒	0.133	0.133	0.000										
圣罗勒	0.147	0.169	0.095	0.000									
牛至	0.288	0.289	0.209	0.279	0.000								
薄荷	0.240	0.256	0.202	0.239	0.148	0.000							
留兰香	0.272	0.291	0.210	0.247	0.129	0.095	0.000						
香薷	0.209	0.224	0.216	0.239	0.296	0.262	0.304	0.000					
藿香	0.219	0.228	0.174	0.232	0.197	0.175	0.168	0.240	0.000				
荆芥	0.196	0.226	0.160	0.202	0.251	0.167	0.174	0.239	0.115	0.000			
香蜂花	0.278	0.289	0.190	0.250	0.140	0.182	0.183	0.288	0.113	0.177	0.000		
迷迭香	0.267	0.302	0.234	0.298	0.205	0.229	0.199	0.310	0.141	0.199	0.155	0.000	
百里香	0.272	0.280	0.224	0.278	0.094	0.120	0.113	0.289	0.219	0.218	0.175	0.198	0.000

表 3 香料植物的*matK*序列种内种间遗传距离

Table 3 Intraspecific and interspecific genetic distance of *matK* sequence of spice plants

	罗勒	灰罗勒	丁香罗勒	圣罗勒	牛至	薄荷	留兰香	香蒿	藿香	荆芥	香蜂花	迷迭香	百里香
罗勒	0.000												
灰罗勒	0.002	0.000											
丁香罗勒	0.011	0.013	0.000										
圣罗勒	0.014	0.016	0.011	0.000									
牛至	0.063	0.065	0.063	0.067	0.000								
薄荷	0.051	0.053	0.051	0.055	0.014	0.000							
留兰香	0.053	0.055	0.053	0.057	0.016	0.002	0.000						
香蒿	0.067	0.067	0.067	0.065	0.074	0.059	0.061	0.000					
藿香	0.067	0.069	0.067	0.071	0.053	0.042	0.044	0.076	0.000				
荆芥	0.086	0.088	0.086	0.086	0.070	0.059	0.059	0.080	0.053	0.000			
香蜂花	0.038	0.040	0.038	0.042	0.031	0.020	0.022	0.049	0.038	0.057	0.000		
迷迭香	0.051	0.051	0.051	0.055	0.047	0.036	0.038	0.057	0.051	0.070	0.023	0.000	
百里香	0.065	0.067	0.065	0.069	0.005	0.016	0.018	0.074	0.055	0.072	0.033	0.047	0.000

表 4 香料植物的PsbA-trnH序列种内种间遗传距离

Table 4 Intraspecific and interspecific genetic distance of PsbA-trnH sequence of spice plants

	罗勒	灰罗勒	丁香罗勒	圣罗勒	牛至	薄荷	留兰香	香蒿	藿香	香蜂花	迷迭香
罗勒	0.000										
灰罗勒	0.000	0.000									
丁香罗勒	0.016	0.016	0.000								
圣罗勒	0.032	0.032	0.016	0.000							
牛至	0.131	0.131	0.113	0.119	0.000						
薄荷	0.144	0.144	0.125	0.131	0.032	0.000					
留兰香	0.977	0.977	0.973	0.954	0.934	0.936	0.000				
香蒿	0.964	0.964	0.957	0.938	0.898	0.916	0.144	0.000			
藿香	0.190	0.190	0.176	0.176	0.107	0.131	0.882	0.849	0.000		
香蜂花	0.113	0.113	0.095	0.101	0.054	0.066	0.898	0.882	0.138	0.000	
迷迭香	0.217	0.217	0.196	0.196	0.163	0.177	0.850	0.849	0.107	0.119	0.000

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 distances among 3 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
ITS2	0	0	0	0.070	0.310	0.210
<i>matK</i>	0	0	0	0.002	0.088	0.049
PsbA-trnH	0	0	0	0	0.977	0.381

2.2 ITS2二级结构预测及分析

通过 ITS2 数据库预测罗勒等香料植物的 ITS2 二级结构 (图 1), 所有物种的 ITS2 二级结构均符合

“一环四臂”的特征, 各物种的中心环的结构, 及 4 个螺旋区的发卡环、内环数目、大小、位置以及螺旋的角度位置均有明显差异。罗勒与其三个近缘种的二

级结构差异显著，其中罗勒与丁香罗勒均有一个较大的自由单链结构，但丁香罗勒四个臂上的内环数量均多于罗勒，且在臂IV上有一个较大的发卡环；灰罗勒的四个臂上均存在5个以上内环；而圣罗勒与罗勒相比，其中心环上多了1个自由单链结构，另在臂I上有一个较大的凸环。牛至、薄荷、香薷以及百里香在中心环上均有1个自由单链和2个凸环，但大小以及各臂的茎环数量、大小和位置均有差异。另外留兰香、藿香、荆芥、香蜂花和迷迭香的臂II结构相对保守，均为1个发卡环和1个内环；但I、III、IV区茎环数目、大小存在明显差异。所以根据 ITS2 序列预测的二级结构，可以将几种常见药食两用香料植物区分开，对于物种鉴定有一定参考价值。

2.3 ITS2 聚类分析

基于 ITS2 序列构建的 NJ 树显示，唇形科各香料植物均可以单独聚为一支，且自展支持率均大于 91%，其中除罗勒和丁香罗勒外，其他物种的单系支持率均高达 100%，并且留兰香与薄荷、藿香与

荆芥的亲缘关系较近（图 2a）。ITS2 一级序列与二级结构联合矩阵构建的 PNJ 发育树（图 2b）结果表明，除了得到与 NJ 树基本一致的拓扑结构外，还对同属植物的亲缘关系得到了进一步的体现，将罗勒属和薄荷属单独分为不同的支系。因此，在使用 ITS2 进行物种鉴别时结合二级结构信息可以提升 ITS2 条形码的物种分辨率。

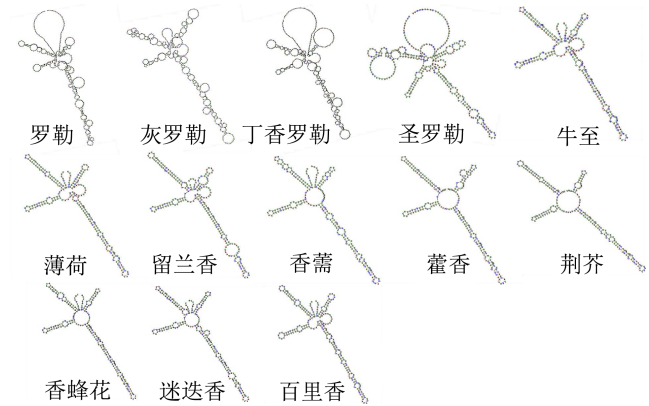


图 1 各物种 ITS2 二级结构图

Fig.1 ITS2 secondary structure of all species

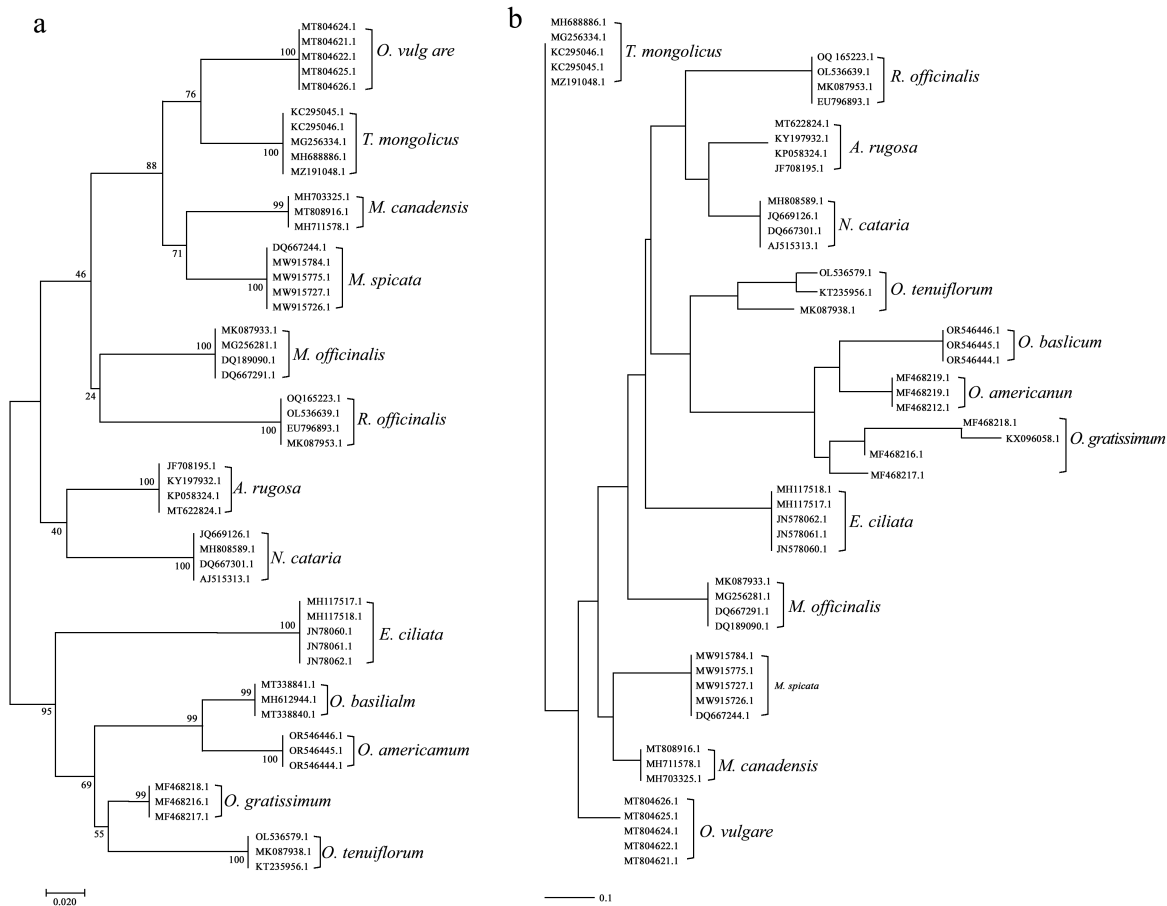


图 2 所有物种的系统发育树

Fig.2 Phylogenetic tree of all species

注：(a) 基于 ITS2 序列的 NJ 树，(b) ITS2 一级序列和二级结构联合矩阵的 PNJ 树。

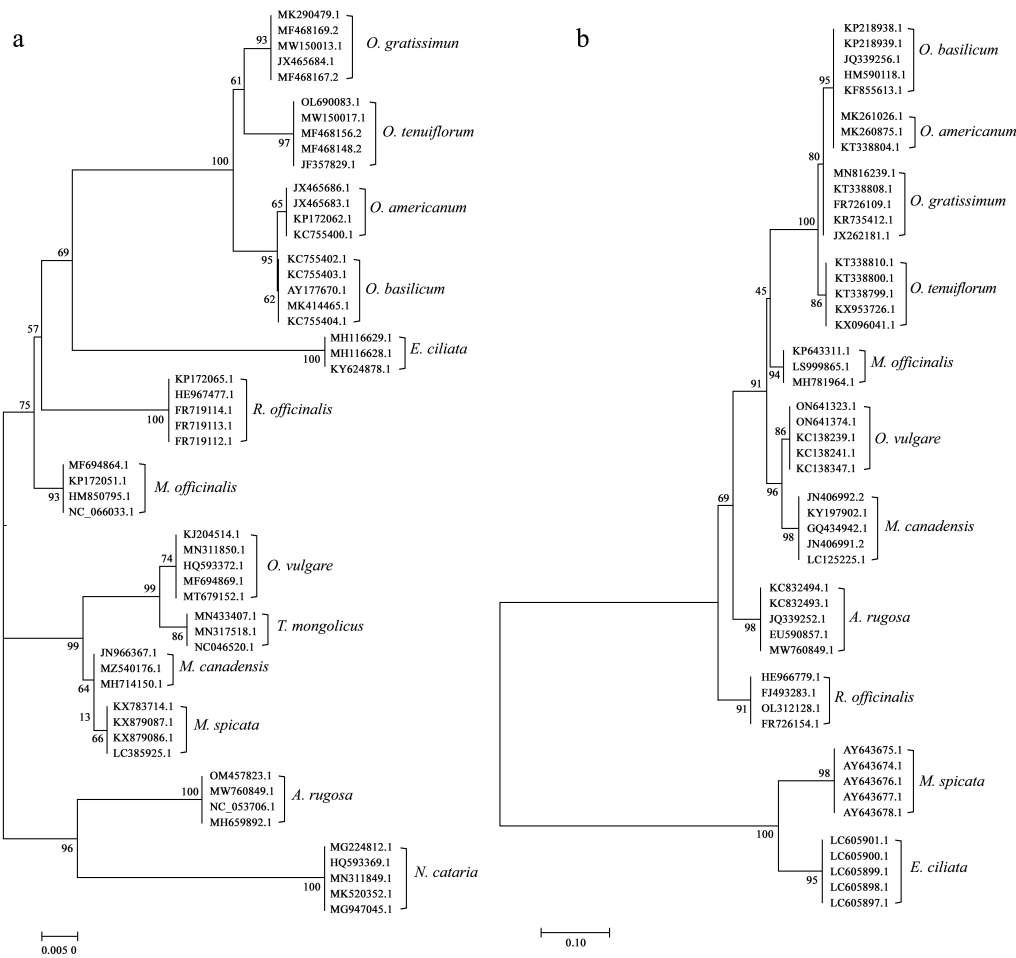


图3 香料植物样本的 matK NJ 树 (a) 和 PsbA-trnH NJ 树 (b)

Fig.3 Phylogenetic tree of all species. NJ tree based on the matK sequence (a) and PsbA-trnH sequence (b)

2.4 基于 matK 和 PsbA-trnH 序列聚类分析

matK 序列的系统发育树 (图 3a) 显示, 同属物种聚为一大支、各物种均分别聚为一小支, 其中薄荷与留兰香、罗勒与灰罗勒的自展支持率低于 70%。以邻接法构建的 PsbA-trnH 序列 NJ 系统发育树 (图 3b) 表现为, 除罗勒与灰罗勒两个物种聚在同一分支外, 其他各物种均各自聚为一支。

3 结论

序列在种内不同个体之间变异小, 但不同种之间存在足够大的差异, 以便区分不同的物种, 是评价 DNA 条形码序列的重要指标。在本研究中, 从遗传距离的角度来看, 差异最显著的为 PsbA-trnH 序列, 其平均种间遗传距离远大于 ITS2 序列和 matK 序列; 但 PsbA-trnH 序列无法区分罗勒与灰罗勒, 而 ITS2 序列和 matK 序列物种间存在明显的条

形码间隔, 可以完全区分不同种植物。根据聚类分析结果来看, ITS2 序列的 NJ 树和 PNJ 树分支情况良好, 结果不仅将各物种分别聚为一支, 表现出单系性, 同时也将罗勒属的四个物种 (罗勒、灰罗勒、丁香罗勒和圣罗勒) 以及薄荷属的两个物种 (薄荷和留兰香) 分别聚为一大支, 其拓扑结构和遗传距离结果更加吻合。另外 ITS2 二级结构信息亦能灵活运用在各植物物种的鉴定中, 增加分子鉴定的可信度。matK 序列的聚类分析结果可区分开不同种唇形科香料植物, 但其种间变异差异较小 (种间遗传距离 0.002~0.088), 与 ITS2 标记相比, matK 在区分薄荷与留兰香、罗勒与灰罗勒时自展支持率低于 70%, 即 matK 的鉴别效力低于 ITS2。PsbA-trnH 序列的种间变异虽大但是不能准确鉴别出罗勒与灰罗勒。综上所述, ITS2 分子标记的物种分辨率最佳, 可独立作为 DNA 条形码用于本研究中常见药食两用香料植物的鉴定标记。

参考文献

- [1] 胡玫, 黄艳波, 孔羽, 等. 种芳香植物挥发性萜类化合物比较研究[J]. 西南林业大学学报, 2023, 43(5): 164-170.
- [2] AYZAZ M, SADIQ A, JUNAID M, et al. Neuroprotective and anti-aging potentials of essential oils from aromatic and medicinal plants [J]. *Frontiers in Aging Neuroscience*, 2017, 9: 168.
- [3] 中国科学院中国植物志编辑委员会, 中国植物志[M]. 北京: 科学出版社, 1977.
- [4] 张亚娇, 于福来, 元超, 等. 基于植物性状和挥发性成分的罗勒种质资源遗传多样性分析[J]. 热带作物学报, 2024, 45(4): 825-836.
- [5] 王东东, 沙拉买提·艾力, 徐海燕, 等. 维吾尔族药牛至药材质量标准[J]. 中国实验方剂学杂志, 2015, 21(16): 32-35.
- [6] AZIZ E, BATOOL R, AKHTAR W, et al. Rosemary species: a review of phytochemicals, bioactivities and industrial applications [J]. *South African Journal of Botany*, 2022, 151(PB): 3-18.
- [7] RIVERA-PÉREZ A, GARCÍA-PÉREZ P, ROMERO-GONZÁLEZ R, et al. UHPLC-QTOF-HRMS metabolomics insight on the origin and processing authentication of thyme by comprehensive fingerprinting and chemometrics [J]. *Food Chemistry*, 2022, 407(2023): 135123-135123.
- [8] SÁNCHEZMARTÍN V, HAZA ANA I, IRIONDODEHOND A, et al. Protective effect of thyme and chestnut honeys enriched with bee products against benzo(a)pyrene-induced DNA damage [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2022, 19 (24): 16969.
- [9] 顾艳, 梅瑜, 徐世强, 等. 广藿香种质资源及栽培技术研究进展[J]. 热带作物学报, 2022, 43(8): 1595-1603.
- [10] 丁笑颖, 李恒阳, 安琪, 等. 经典名方中荆芥的本草考证[J]. 中国实验方剂学杂志, 2022, 28(10): 92-101.
- [11] 郑梦迪, 贺紫涵, 张春, 等. 基于ITS2序列及二级结构对紫苏与其变种、紫苏子与其混伪品的鉴别[J]. 食品与生物技术学报, 2022, 41(4): 93-101.
- [12] 郑梦迪, 张春, 马瑞龙, 等. 基于matK和ITS2及二级结构对药材香薷及其混伪品的鉴别研究[J]. 中国现代应用药学, 2022, 39(17): 2222-2228.
- [13] 郑梦迪, 孙咪咪, 贺紫涵, 等. 2021b. 基于ITS2序列及二级结构对相似泻药材牛尾独活、当归、独活和羌活的鉴别研究[J]. 药学报, 2021, 56(8): 2289-2294.
- [14] CHEN S L, YAO H, HAN J P, et al. Principles for molecular identification of traditional Chinese materia medica using DNA barcoding [J]. *China J Chin Mater Med*, 2013, 2: 141-148.