



# 杂草疫情分析在大豆产地溯源中的辅助性应用研究

袁俊杰<sup>1</sup>, 马新华<sup>1</sup>, 田 琼<sup>1</sup>, 魏 霜<sup>2</sup>, 卢乃会<sup>1</sup>, 杨卓瑜<sup>1</sup>, 陈 文<sup>1</sup>, 龙 阳<sup>1</sup>

(1. 湛江海关, 广东 湛江 524000; 2. 广州海关, 广东 广州 510000)

**摘 要:**中国是进口大豆主要消费国,近 15 年,累计进口大豆 90 875 万 t。由于各国大豆品质不一,征税标准不同,国际大豆贸易中的掺假行为日益凸显。为了进一步完善大豆溯源技术,本研究对 2005 – 2019 年进口大豆中携带杂草籽的种类、截获频次、来源国等信息进行整合分析,采用主成分分析和聚类分析方法提取累计贡献率高的主成分,并分析各类杂草是否存在地域差异。结果显示:确定杂草种类 981 种,其中单一来源国杂草 251 种。主成分分析提取的前 2 个因子贡献率达 95.41%,可反映进口大豆中携带杂草疫情的绝大多数信息。以上述 2 个因子为分类变量,对综合因子得分前 100 的杂草进行聚类分析的结果显示,进口大豆携带的部分杂草地域特征明显,杂草种类与地理位置密切相关,按其来源特征可分为一般性杂草、南美区和北美区 3 类。如圆叶牵牛(*Ipomoea purpurea*)等 24 种杂草在北美洲国家进口大豆中截获率更高,而苘麻(*Abutilon theophrasti*)等 14 种杂草在北美洲国家进口大豆中则更加常见,可为进口大豆产地溯源提供辅助性指标,为商品归类属性鉴别业务提供参考依据。

**关键词:**大豆;杂草;主成分分析;聚类分析;产地溯源

## Study on the Auxiliary Application of Weed Epidemic Analysis to Trace Soybean Origin

YUAN Jun-jie<sup>1</sup>, MA Xin-hua<sup>1</sup>, TIAN Qiong<sup>1</sup>, WEI Shuang<sup>2</sup>, LU Nai-hui<sup>1</sup>, YANG Zhuo-yu<sup>1</sup>, CHEN Wen<sup>1</sup>, LONG Yang<sup>1</sup>

(1. Zhanjiang Customs, Zhanjiang 524000, China; 2. Guangzhou Customs, Guangzhou 510000, China)

**Abstract:** China is a major consumer of imported soybean, with a total of 908.75 million t imported in the past 15 years. The quality and the tax standard of soybean varies from countries makes adulteration profitable in global trade. So it is of great significance for traceability technology. This study integrated and analyzed the data of weeds carried in imported soybean such as species, intercepted frequency and country of origin from 2005 to 2019. Principal component analysis and cluster analysis were used to extract principal components with a high cumulative contribution and to analyse whether there were geographical differences between the various types of weeds. The result showed that, 981 weed species were screened from the imported soybean from 2005 to 2019, including 251 species from a single source country. The contribution rate of the first two factors extracted by principal component analysis was 95.41%, reflecting most of the information. The results of cluster analysis showed that the top 100 weed species could be divided into three categories: General, South American and North American. Part of the weed species had obvious regional characteristics in this study, such as *Ipomoea purpurea* and *Abutilon theophrasti* were common in imported soybeans from South America and North America respectively. Therefore, the weeds data analysis can be support to trace soybean origin, and provide reference to the commodity classification and attribute identification.

**Keywords:** Soybean; Weeds; Principal component analysis; Cluster analysis; Origin traceability

大豆(*Glycine max*)具有蛋白质食物原料和油料双重属性,是中国重要的农产品之一,在中国食品行业和食品加工业占有重要的地位。改革开放以来,中国大豆产业发生了巨大的变化。与美国相比,中国的优势地位发生了转变,从大豆出口国变为全球第一大进口国,2017 年中国大豆进口量实现 6 连涨,达到 9 553 万 t,创历史新高。2018 年 3 月

中美贸易摩擦开始以后,大豆进口量才相对降低<sup>[1-4]</sup>。据海关统计,2005—2019 年,中国共进口大豆 90 875 万 t,随着物流体系日益庞大,大豆的安全及真伪鉴定等问题也层出不穷。

农食产品溯源技术在维护国家利益、人民健康、打击不法行为,规范市场等方面发挥着重要的作用。研究人员一直尝试运用稳定同位素技

收稿日期:2020-06-20

基金项目:海关总署科研项目(2019HK052)。

第一作者:袁俊杰(1986—),女,硕士,农艺师,主要从事植物检疫研究。E-mail:253348110@qq.com。

通讯作者:龙阳(1983—),男,硕士,高级农艺师,主要从事植物检疫研究。E-mail:461351@qq.com。



术<sup>[5-6]</sup>、近红外光谱技术<sup>[7-8]</sup>、元素指纹分析<sup>[9-10]</sup>以及DNA 指纹图谱技术<sup>[11-12]</sup>等多种技术分析不同产地产品的差异,以达到确定原产地的目的。基于各种技术的农食产品溯源技术虽然取得了一定的成果,但各方法仍存在一定的局限性。稳定同位素受外界环境条件如产地距离、化肥施用、产地气候等影响<sup>[13]</sup>;近红外光谱技术受所建立的分析模型影响<sup>[14]</sup>;元素指纹图谱容易受到栽培管理措施如肥料施放等一些方面影响<sup>[15]</sup>;DNA 指纹图谱对样本新鲜度有要求<sup>[16]</sup>。单一分析技术难以代表样本的全部信息,导致产地识别率不高,因此有必要利用更多的辅助技术对产地溯源结果进行支持和校准。

进口大豆中通常携带有大量杂草籽,如美国大豆中携带种子高达0.2%<sup>[17]</sup>,同时每种杂草都有其适生区域,如进口南美洲大豆中携带的白苞猩猩草含量较多,而在美国大豆中却较少被截获,曾思海等<sup>[18]</sup>通过对2007—2014年泉州口岸进口美洲大豆的杂草进行分析后发现,长芒苋及西部苋主要截获于美国大豆中,而美丽猪屎豆在巴西大豆都出现概率较大。所以从进口的植物产品中截获的有害生物在原产国之间存在一定的差异,通过对截获数据的深度挖掘,可作为鉴别植物产品原产地的辅助手段。

本研究系统分析2005—2019年进口大豆携带的杂草疫情情况,以期在提高口岸疫情截获率的同时将杂草疫情分析作为辅助性指标应用于大豆产地溯源。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

2005—2019年进口大豆携带的杂草疫情数据来源于动植物检验检疫信息资源共享服务平台(<http://www.apqchina.org/>),主要国家大豆贸易量数据来源于联合国商品贸易统计数据库(<https://comtrade.un.org/data/>)。

### 1.2 方法

1.2.1 数据整理 使用Excel 2019对所有数据进行整合梳理,剔除不完整的、错报的、重复报的、未定种、同种异名等数据。

1.2.2 单一来源杂草分析 使用Excel 2019筛选功能对各国截获杂草进行筛选,获取在各国大豆中仅在1国大豆中截获的杂草名录。

1.2.3 主成分分析 采用SAS 8.0对梳理后的数据进行主成分分析,以综合因子得分评估进口大豆中各类杂草出现的概率;同时采用最大方差旋转法建立因子载荷矩阵以观察主成分反映的各指标在

各来源中所起作用是否存在差异。

1.2.4 聚类分析 为进一步确定各类杂草是否存在国别差异,使用SAS 8.0软件以1.2.3中获得的因子为变量,对得分前100的杂草进行K-means聚类分析<sup>[19]</sup>。指定聚类数 $k=3$ ,由系统自动指定初始聚类中心,使用默认迭代次数和收敛标准,使用运行平均值,为避免有序数据造成的聚类误差,将杂草随机排序打乱因子得分顺序。

## 2 结果与分析

### 2.1 杂草疫情概况

经统计,2005—2019年,中国口岸从巴西、美国、阿根廷、乌拉圭、俄罗斯、加拿大、乌克兰、埃塞俄比亚、韩国、澳大利亚、日本、哈萨克斯坦、瑞士、荷兰、泰国、朝鲜、印度尼西亚、新加坡、印度、尼泊尔、越南、苏丹、阿联酋、希腊、意大利、约旦和赞比亚等27个国家/地区进境的大豆中截获杂草种类共981种,截获杂草疫情超过135万种次,平均每年超过9万种次(含旅、邮检截获)。其中,乌克兰、埃塞俄比亚、澳大利亚等21个国家/地区进口大豆数量及杂草疫情截获数据较少,仅占总进口量的0.37%,以及总截获种次的0.21%,在此不做进一步分析。

研究进一步对从巴西、美国、阿根廷、乌拉圭、俄罗斯和加拿大等6个大豆主要进口国进口大豆的杂草疫情数据作具体分析。对主要贸易国进口大豆贸易量及其杂草疫情截获量的比对结果如图1所示,总体上杂草种类、杂草疫情截获量与大豆贸易量密切相关。俄罗斯贸易量较少,但杂草截获量相对贸易量更大的加拿大截获量高,这可能与两国贸易运输方式有关,加拿大大豆主要通过船舶运输,总量多但批次少,俄罗斯大豆主要通过陆路口岸进境,总量少但批次多<sup>[20]</sup>,一般情况下,货物的批次越多,可截获的杂草种次就越多,因此俄罗斯杂草疫情截获次数相对更多。俄罗斯杂草截获种类少可能与其大豆产区生物多样性有关。

### 2.2 主要大豆进口国单一来源杂草分析

对单一来源杂草进行筛查的结果显示,巴西筛查获得127种,美国100种、阿根廷15种、乌拉圭6种以及俄罗斯3种,加拿大未获得,各国具体代表性种类详见表1。阿根廷、乌拉圭和俄罗斯次数较少;虽然巴西、美国两国截获的单一来源杂草种类较多,分别占该国总截获种类数的16.0%及13.3%,但总截获次数不多、种次较少,代表性不强,大多数情况下难以单独应用于大豆原产地溯源中。

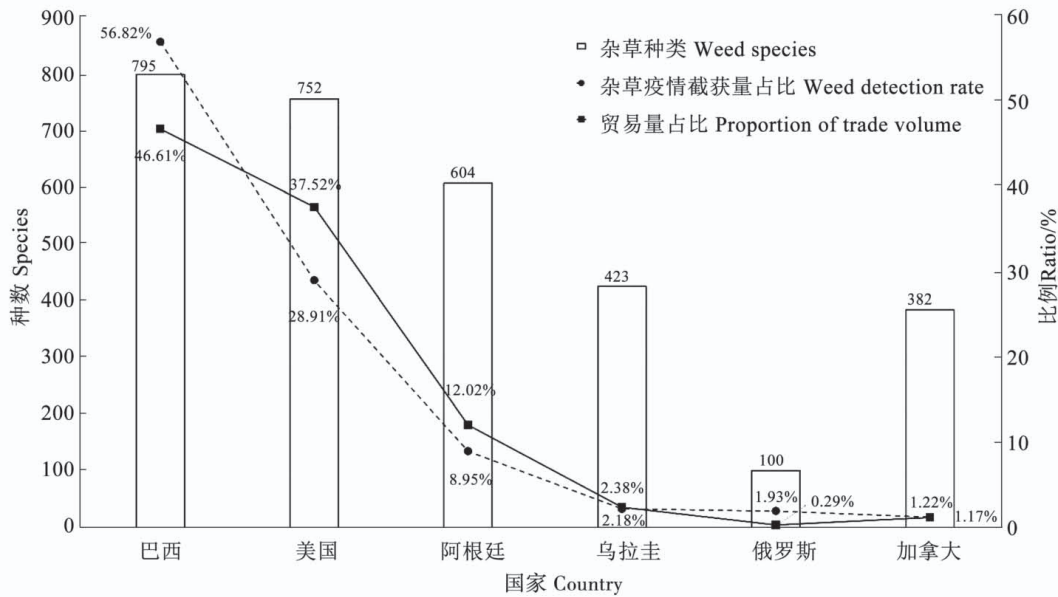


图 1 大豆贸易量及其携带杂草疫情情况  
Fig. 1 Soybean trade volume and weed carrying situation

表 1 主要大豆输出国单一来源杂草截获情况

Table 1 Weed interception from a single source in major soybean exporting countries

| 国别<br>Country       | 种数<br>Species | 截获次数<br>Count | 代表性杂草种类<br>Weed species                                      |   |   |
|---------------------|---------------|---------------|--|---|---|
| 巴西<br>Brazil        | 127           | 1553          | <i>Acalypha brachystachya</i><br><i>Achillea millefolium</i> | <i>Aeschynomene americana</i><br><i>Antirrhinum majus</i> | <i>Arnica chamissonis</i><br><i>Alopecurus pratensis</i> 等  |
| 美国<br>United States | 100           | 672           | <i>Abelmoschus manihot</i><br><i>Acacia glauca</i>           | <i>Acalypha ostryifolia</i><br><i>Agropyron cristatum</i> | <i>Anchusa azurea</i><br><i>Alnus sibirica</i> 等            |
| 阿根廷<br>Argentina    | 15            | 30            | <i>Arenaria serpyllifolia</i><br><i>Artemisia annua</i>      | <i>Centaurea benedicta</i><br><i>Conium maculatum</i>     | <i>Heliotropium europaeum</i><br><i>Consolida regalis</i> 等 |
| 乌拉圭<br>Uruguay      | 6             | 13            | <i>Alopecurus arundinaceus</i><br><i>Ammi visnaga</i>        | <i>Cyperus orthostachyus</i><br><i>Vulpia myuros</i>      | <i>Polygonum plebeium</i><br><i>Ranunculus sceleratus</i>   |
| 俄罗斯<br>Russia       | 3             | 7             | <i>Erysimum × cheiri</i>                                     | <i>Cuscuta approximate</i>                                | <i>Stellaria radians</i>                                    |
| 加拿大<br>Canada       | 0             | 0             | -  |   |   |

2.3 主要大豆进口国杂草主成分分析

对主要贸易国进口大豆携带杂草疫情的主成分分析结果如表 2 所示,前两个主成分 PC1 和 PC2 的贡献率分别为 72.47% 和 22.95%,累计贡献率达到 95.41%,能够反映各国杂草疫情截获情况的大部分信息,说明 PC1 及 PC2 起的作用最为重要。以综合因子得分评估进口大豆中各类杂草出现的概率,综合因子得分 = 72.47% × PC1 + 22.95% × PC2。

表 2 主成分综合评价结果

Table 2 Results of principal component analysis

| 主成分<br>Principal component | 特征值<br>Eigen value | 贡献度<br>Proportion/% | 累计贡献度<br>Cumulative/% |
|----------------------------|--------------------|---------------------|-----------------------|
| PC1                        | 1.51               | 72.47               | 72.47                 |
| PC2                        | 0.48               | 22.95               | 95.41                 |
| PC3                        | 0.05               | 2.48                | 97.90                 |
| PC4                        | 0.02               | 1.12                | 99.02                 |
| PC5                        | 0.01               | 0.70                | 99.72                 |
| PC6                        | 0.01               | 0.28                | 100.00                |



为观察前 2 个主成分反映的各指标在各来源中所起作用是否存在差异,采用最大方差旋转法建立因子载荷矩阵的结果如表 3 所示,PC1 主要由南美洲的巴西、阿根廷、乌拉圭 3 国携带杂草疫情决定,它们作用在第 1 因子的载荷分别为 0.811,0.848 和 0.890;PC2 主要由北美洲的美国、加拿大两国携带杂草疫情决定,它们作用在第 2 因子的载荷分别为 0.705 及 0.730。因此认为 PC1 和 PC2 分别表征北美洲和南美洲大豆携带杂草疫情的情况。俄罗斯由于杂草疫情截获种类及种次较少,对各因子均无法起决定性作用。

2.4 主要大豆进口国杂草聚类分析

聚类分析结果如表 4 所示,进口大豆携带的 100 种主要杂草可以按国家来源特征分为 3 类,根

据各类别对应的类中心,Ⅱ类杂草在南美区截获率突出,Ⅲ类杂草在北美区截获率突出,I 类杂草在南美区及北美区截获率无明显差异,将 I 类杂草归类于一般性杂草。

表 3 主成分分析主要因子载荷矩阵  
Table 3 Factor loading matrix of main component in principal component analysis

| 国家 Country       | PC1   | PC2   |
|------------------|-------|-------|
| 巴西 Brazil        | 0.811 | 0.305 |
| 美国 United States | 0.606 | 0.705 |
| 阿根廷 Argentina    | 0.848 | 0.436 |
| 乌拉圭 Uruguay      | 0.890 | 0.399 |
| 俄罗斯 Russia       | 0.079 | 0.256 |
| 加拿大 Canada       | 0.517 | 0.730 |

表 4 进口大豆携带主要杂草国别特征聚类分析结果

Table 4 Results of clustering analysis of the country characteristics of main weeds in imported soybean

| 类别<br>Category | 种数<br>Species | 杂草种类<br>Weed species          |                                  |  | 类中心 Class center |         |
|----------------|---------------|-------------------------------|----------------------------------|--|------------------|---------|
|                |               |                               |                                  |  | PC1              | PC2     |
| I              | 63            | <i>Senna tora</i>             | <i>Ipomoea nil</i>               | <i>Sorghum × alnum</i>                         | 0.90487          | 0.58700 |
|                |               | <i>Sorghum sudanense</i>      | <i>Paspalum plicatulum</i>       | <i>Commelina communis</i>                      |                  |         |
|                |               | <i>Echinochloa colonum</i>    | <i>Alternanthera sessilis</i>    | <i>Galium aparine</i>                          |                  |         |
|                |               | <i>Lolium perenne</i>         | <i>Digitaria ciliaris</i>        | <i>Phytolacca americana</i>                    |                  |         |
|                |               | <i>Datura stramonium</i>      | <i>Hibiscus trionum</i>          | <i>Digitaria violascens</i>                    |                  |         |
|                |               | <i>Amaranthus viridis</i>     | <i>Datura ferox</i>              | <i>Polygonum caespitosum</i>                   |                  |         |
|                |               | <i>Rumex acetosa</i>          | <i>Panicum miliaceum</i>         | <i>Convolvulus arvensis</i>                    |                  |         |
|                |               | <i>Panicum bisulcatum</i>     | <i>Cenchrus longispinus</i>      | <i>Panicum capillare</i>                       |                  |         |
|                |               | <i>Oryza sativa</i>           | <i>Plantago asiatica</i>         | <i>Brassica rapa</i>                           |                  |         |
|                |               | <i>Rapistrum rugosum</i>      | <i>Chenopodium serotinum</i>     | <i>Phalaris canariensis</i>                    |                  |         |
|                |               | <i>Malva parviflora</i>       | <i>Thlaspi arvense</i>           | <i>Cenchrus tribuloides</i>                    |                  |         |
|                |               | <i>Sesbania exaltata</i>      | <i>Amaranthus spinosus</i>       | <i>Ipomoea leptophylla</i>                     |                  |         |
|                |               | <i>Polygonum aviculare</i>    | <i>Setaria geniculata</i>        | <i>Xanthium cavanillesii</i>                   |                  |         |
|                |               | <i>Sesbania cannabina</i>     | <i>Amaranthus tricolor</i>       | <i>Amaranthus albus</i>                        |                  |         |
|                |               | <i>Amaranthus palmeri</i>     | <i>Amaranthus graecizans</i>     | <i>Ipomoea triloba</i>                         |                  |         |
|                |               | <i>Pennisetum glaucum</i>     | <i>Setaria glauca</i>            | <i>Bidens pilosa</i>                           |                  |         |
|                |               | <i>Xanthium sibiricum</i>     | <i>Croton glandulosus</i>        | <i>Avena strigosa</i>                          |                  |         |
|                |               | <i>Avena sativa</i>           | <i>Plantago lanceolata</i>       | <i>Brassica campestris</i>                     |                  |         |
|                |               | <i>Anoda cristata</i>         | <i>Medicago lupulina</i>         | <i>Setaria lutescens</i>                       |                  |         |
|                |               | <i>Amaranthus lividus</i>     | <i>Cardiospermum halicacabum</i> | <i>Panicum dichotomiflorum</i>                 |                  |         |
| II             | 24            | <i>Commelina benghalensis</i> | <i>Xanthium pensylvanicum</i>    | <i>Echinochloa crusgalli</i> var. <i>mitis</i> | 5.13769          | 1.07109 |
|                |               | <i>Ipomoea purpurea</i>       | <i>Hordeum vulgare</i>           | <i>Cenchrus spinifex</i>                       |                  |         |
|                |               | <i>Avena fatua</i>            | <i>Xanthium spinosum</i>         | <i>Sorghum bicolor</i>                         |                  |         |
|                |               | <i>Zea mays</i>               | <i>Sorghum halepense</i>         | <i>Chenopodium album</i>                       |                  |         |
|                |               | <i>Sida spinosa</i>           | <i>Ipomoea lacunose</i>          | <i>Amaranthus retroflexus</i>                  |                  |         |
|                |               | <i>Bidens bipinnata</i>       | <i>Echinochloa crus-galli</i>    | <i>Digitaria sanguinalis</i>                   |                  |         |
|                |               | <i>Triticum aestivum</i>      | <i>Raphanus raphanistrum</i>     | <i>Sida rhombifolia</i>                        |                  |         |
|                |               | <i>Eriochloa villosa</i>      | <i>Eleusine indica</i>           | <i>Cenchrus echinatus</i>                      |                  |         |
|                |               | <i>Helianthus annuus</i>      | <i>Euphorbia dentata</i>         | <i>Euphorbia heterophylla</i>                  |                  |         |
|                |               |                               |                                  |  |                  |         |

续表 4

| 类别<br>Category | 种数<br>Species | 杂草种类<br>Weed species        |                                |                                | 类中心 Class center |         |
|----------------|---------------|-----------------------------|--------------------------------|--------------------------------|------------------|---------|
|                |               |                             |                                |                                | PC1              | PC2     |
| Ⅲ              | 14            | <i>Abutilon theophrasti</i> | <i>Xanthium chinense</i>       | <i>Ambrosia artemisiifolia</i> | 0.36814          | 5.32799 |
|                |               | <i>Linum usitatissimum</i>  | <i>Setaria viridis</i>         | <i>Ambrosia trifida</i>        |                  |         |
|                |               | <i>Fallopia convolvulus</i> | <i>Brassica rapa</i>           | <i>Malva pusilla</i>           |                  |         |
|                |               | <i>Persicaria maculosa</i>  | <i>Persicaria lapathifolia</i> | <i>Persicaria pensylvanica</i> |                  |         |
|                |               | <i>Linum usitatissimum</i>  | <i>Bassia scoparia</i>         |                                |                  |         |

3 讨 论

目前针对大豆产地溯源的研究很多,矿物元素指纹图谱、大豆异黄酮含量、脂肪酸组成和有机成分等分析方式在一定程度上可以应用于大豆产地区分<sup>[21-25]</sup>。但这些方法主要针对国产大豆的产地溯源,鲜有研究涉及对进口大豆的溯源分析。2020年,张勇等<sup>[26]</sup>虽然建立了基于大豆脂肪酸组成的进口大豆鉴别技术,但仅用于区分进口大豆与国产大豆,未对进口大豆的产地进一步细分。因此有必要进一步研究进口大豆产地溯源技术。产地溯源的关键是样本来源,相对于国产大豆,进口大豆产地溯源技术的研究存在两方面的掣肘,一方面无法保证样本标称来源是否为其真实来源,无法从源头上确保数据的真实可靠;另一方面进口大豆运输过程中一般是多个产区产品拼合而成,难以获得对样本来源产区的定位,难以进一步对各国大豆产区溯源。因此,为建立准确的进口大豆产地溯源方法,打击国际贸易中的不法行为,建议从国家层面组织人手赴各主要贸易国大豆产区取样,收集产区信息,从源头保证样本的准确性。同时,开发更多有效的检测手段也是产地溯源的技术保证,由于各种杂草均有其适生区域,所以进口大豆中截获的有害生物的原产国存在一定的规律性,因而在提高口岸疫情截获率的同时杂草疫情分析可以作为辅助性指标应用于大豆产地溯源。

本研究证明了通过进口大豆来源国杂草疫情辅助鉴别大豆产地的可行性。研究结果表明进口大豆携带的主要杂草中有相当一部分地域特征明显,按来源可分为南美区杂草(巴西、阿根廷、乌拉圭)及北美区杂草(美国、加拿大),杂草种类与地理位置密切相关,可为今后开展进口大豆产地溯源工作提供辅助性指标,为海关一线执法人员的商品归类属性鉴别提供参考依据。本研究中,俄罗斯由于杂草疫情截获种类数量较少,较难通过杂草疫情数据对其区分,但现阶段俄罗斯大豆主要为非转基因大豆,可以简单地通过转基因成分的鉴定与其它主要贸易国大豆产品进行区分。同时,有必要进一步

完善相关数据库,从杂草生境、大豆产区分布、种子形态等多方面特征着手,从而总结出针对性更强的辅助鉴定指标,更好地应用于大豆产地溯源分析中。

4 结 论

本研究对 2005—2019 年进口大豆中携带杂草籽种类、截获频次、来源国等信息进行整合分析,采用主成分分析和聚类分析方法提取累计贡献率高的主成分,并分析各类杂草是否存在地域差异,结果显示进口大豆中携带的主要杂草中有相当一部分具有明显的地域特征,如圆叶牵牛(*Ipomoea purpurea*)、野燕麦(*Avena fatua*)等在南美洲国家进口大豆中截获率更高,而苘麻(*Abutilon theophrasti*)、亚麻(*Linum usitatissimum*)等杂草在北美洲国家进口大豆中则更加常见,因此将杂草信息用于辅助大豆产地鉴别具有一定的可行性,可以为商品归类属性鉴别业务提供参考依据。

参考文献

[1] 石慧,王思明. 相对优势地位的转变:中美大豆发展比较研究[J]. 中国农史, 2018, 37(5): 56-62. (Shi H, Wang S M. Shift of status: Comparative study on the development of soybean in China and the United States[J]. Agricultural History of China, 2018, 37(5): 56-62.)

[2] 翟涛,吴玲. 开放视角下中国大豆产业发展态势与振兴策略研究[J]. 大豆科学, 2020, 39(3): 472-478. (Zhai T, Wu L. Study on development situation and revitalization strategy of soybean industry in china from an open perspective[J]. Soybean Science, 2020, 39(3): 472-478.)

[3] 马英辉. 中国大豆目标价格政策的经济效应分析[D]. 北京: 中国农业大学, 2018: 16-23. (Ma Y H. Analysis on the economic effect of China's soybean target price policy [D]. Beijing: China Agricultural University, 2018: 16-23.)

[4] 程遥,马禹,宁健康. 中美贸易争端背景下中国大豆产业发展研究[J]. 大豆科学, 2020, 39(2): 311-316. (Cheng Y, Ma Y, Ning J K. Research on the development of China's soybean industry under the background of the trade disputes between China and the United States[J]. Soybean Science, 2020, 39(2): 311-316.)

[5] Takashi K. Traceability studies for analyzing the geographical origin of rice by isotope ratio mass spectrometry [J]. Bunseki



- Kagaku, 2014, 63(3): 233-244.
- [6] 蒋越, 李安, 靳欣欣, 等. 基于稳定性同位素技术的水果及其制品产地溯源研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(1): 121-127. (Jiang Y, Li A, Jin X X, et al. Research progress on origin tracing of fruit and its products based on stable isotope technology[J]. Journal of Food Safety and Quality, 2020, 11(1): 121-127.)
- [7] Eisenstecken D, Stürz B, Robatscher P, et al. The potential of near infrared spectroscopy (NIRS) to trace apple origin; Study on different cultivars and orchard elevations[J]. Postharvest Biology and Technology, 2019, 147:123-131.
- [8] Manfredi M, Robotti E, Quasso F, et al. Fast classification of hazelnut cultivars through portable infrared spectroscopy and chemometrics [J]. Molecular and Biomolecular Spectroscopy, 2018, 189:427-435.
- [9] 李瑞琴, 白滨, 于安芬, 等. 基于矿物元素指纹分析的药食兼用百合产地溯源[J]. 中国食物与营养, 2019, 25(12): 15-18. (Li R Q, Bai B, Yu A F, et al. Traceability of origin of medicine and edible lily based on fingerprint analysis on mineral elements[J]. Food and Nutrition in China, 2019, 25(12): 15-18.)
- [10] Batista B L, da Silva L R S, Rocha B A, et al. Multi-element determination in Brazilian honey samples by inductively coupled plasma mass spectrometry and estimation of geographic origin with data mining techniques[J]. Food Research International, 2012, 49(1): 209-215.
- [11] 陈丽萍, 杨玲春, 陈芸, 等. 云南出口新鲜松茸产地属性 DNA 指纹图谱构建[J]. 中国食用菌, 2014, 33(5): 43-50. (Chen L P, Yang L C, Chen Y, et al. The establishment of DNA fingerprint illustrations of Yunnan *T. matsutake* for commercial export [J]. Edible Fungi of China, 2014, 33(5): 43-50.)
- [12] 田新权, 付小琼, 时萌, 等. 棉纤维 DNA 的提取及其在品种溯源中的尝试[J]. 棉花学报, 2019, 31(2): 156-162. (Tian X Q, Fu X Q, Shi M, et al. Extraction of cotton fiber DNA and its application in traceability[J]. Cotton Science, 2019, 31(2): 156-162.)
- [13] 胡圣英, 任红波, 张军, 等. 大米产地溯源方法研究进展[J]. 中国农学通报, 2020, 36(14): 148-155. (Hu S Y, Ren H B, Zhang J, et al. Traceability method of rice origin: Research progress[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2020, 36(14): 148-155.)
- [14] Wu Y, Luo D, Dong H, et al. Geographical origin of cereal grains based on element analyser-stable isotope ratio mass spectrometry (EA-SIRMS)[J]. Food Chemistry, 2015, 174: 553-557.
- [15] Li G, Nunes L, Wang Y J, et al. Profiling the ionome of rice and its use in discriminating geographical origins at the regional scale, China[J]. Journal of Environmental Sciences, 2013, 25(1): 144-154.
- [16] 宋君, 雷绍荣, 郭灵安, 等. DNA 指纹技术在食品掺假、产地溯源检验中的应用[J]. 安徽农业科学, 2012, 40(6): 3226-3228, 3233. (Song J, Lei S R, Guo L A, et al. Application of DNA fingerprint technique in identification of adulterate food and food traceability [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2012, 40(6): 3226-3228, 3233.)
- [17] 胡文多, 宋志刚, 赵曙国. 进口大豆中杂草种子含量检测及分析[J]. 植物检疫, 2004, 18(3): 173-174. (Hu W D, Song Z G, Zhao S G. Detection and analysis of weed seed content in imported soybean [J]. Plant Quarantine, 2004, 18(3): 173-174.)
- [18] 曾思海, 陈劲松, 吴斌彬. 泉州口岸进口美洲大豆检出杂草情况分析[J]. 福建农业科技, 2015(4): 7-9. (Zeng S H, Chen J S, Wu B B. Case analysis on detecting weeds from imported American soybean in Quanzhou port [J]. Fujian Agricultural Science and Technology, 2015(4): 7-9.)
- [19] 李瑞法, 楚伟, 柳之光, 等. 2003—2014 年进境大豆携带杂草疫情分析[J]. 中国植保导刊, 2015, 35(11): 64-69. (Li R F, Chu W, Liu Z G, et al. Analysis on epidemic situation of quarantine weed seeds in imported soybeans from 2003 to 2014 [J]. China Plant Protection, 2015, 35(11): 64-69.)
- [20] 龙阳, 马新华, 袁俊杰, 等. 我国进口油菜籽中截获苋属杂草情况概述[J]. 中国植保导刊, 2019, 39(3): 75-78. (Long Y, Ma X H, Yuan J J, et al. Overview of amaranth weeds intercepted from imported rapeseed in China [J]. China Plant Protection, 2019, 39(3): 75-78.)
- [21] 鹿保鑫, 马楠, 王霞, 等. 基于电感耦合等离子体质谱仪分析矿物元素含量的大豆产地溯源[J]. 食品科学, 2018, 39(8): 288-294. (Lu B X, Ma N, Wang X, et al. Tracing the geographical origin of soybeans based on inductively coupled plasma mass spectrometry (ICP-MS) analysis of mineral elements [J]. Food Science, 2018, 39(8): 288-294.)
- [22] 卢锡纯. 基于脂肪酸含量的大豆产地溯源的研究[J]. 食品研究与开发, 2018, 39(16): 55-59. (Lu X C. Study on origin identification traceability based on contents of soybean fatty acid content components[J]. Food Research and Development, 2018, 39(16): 55-59.)
- [23] 刘文静. 基于大豆异黄酮特征的大豆产地溯源研究[D]. 大庆: 黑龙江八一农垦大学, 2018: 10-12. (Liu W J. Origin traceability of soybean based on soybean isoflavone features[D]. Daqing: Heilongjiang Bayi Agricultural University, 2018: 10-12.)
- [24] 鹿保鑫, 马楠, 王霞, 等. 大豆有机成分辅助矿物元素指纹特征产地溯源[J]. 食品科学, 2019, 40(4): 338-344. (Lu B X, Ma N, Wang X, et al. Geographical traceability of soybeans by organic composition combined with mineral element fingerprint [J]. Food Science, 2019, 40(4): 338-344.)
- [25] 沈丹萍. 不同产地大豆中矿物质元素及异黄酮含量分析[D]. 苏州: 苏州大学, 2014: 4-6. (Shen D P. Analysis of the contents of mineral elements and isoflavones in soybeans produced in the different regions[D]. Suzhou: Soochow University, 2014: 4-6.)
- [26] 张勇, 李雪, 汪雪芳, 等. 基于脂肪酸组成的进口大豆鉴别技术研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(8): 2375-2379. (Zhang Y, Li X, Wang X F, et al. Research on identification of imported soybean based on fatty acid composition [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2020, 11(8): 2375-2379.)