

进口原木木种鉴定技术综述*

单振菊¹ 杨雷亮¹ 陈志云² 管维¹ 王章根¹

(1. 中山出入境检验检疫局检验检疫技术中心, 广东 中山 528403; 2. 中山市林业有害生物防治检疫站, 广东 中山 528403)

摘要 原木在我国木材产业发展过程中具有基础性作用, 随着木材加工业的发展, 原木进口量逐年上升。目前进口原木存在着进口木种种类多、进口国家多、木种价格差异大、木种鉴定难度大等特点, 导致进口商为了追求利益虚报木种、逃避关税等现象越来越严重。文章概述了进口原木的现状与存在问题, 重点总结分析了当前木种鉴定方法的优点和缺点, 并对今后木种鉴定方向提出了建议。

关键词 原木; 木种; 鉴定

中图分类号: TS67 **文献标识码:** A **文章编号:** 2096-2053 (2017) 06-0119-05

Analysis in Identification of Imported Log Trees

SHAN Zhenju¹ YANG Leiliang¹ CHEN Zhiyun² GUAN Wei¹
WANG Zhanggen¹

(1. Zhongshan Entry-Exit Inspection and Quarantine Technology Center, Zhongshan, Guangdong 528403, China; 2. Zhongshan Forestry Pest Control and Quarantine Station, Zhongshan, Guangdong 528403, China)

Abstract Log plays a fundamental role in the development of wood industry in China. With the development of wood processing industry, the import of logs increases gradually. At present, there are many kinds of imported logs, such as many kinds of imported wood, many importing countries, big difference in price of wood species and difficulty in identification of wood species. The phenomenon is becoming more and more serious which of importers in order to pursue profits and avoid customs duties. This paper summarizes the current situation and existing problems of imported logs, summarizes and analyzes the advantages and disadvantages of some current wood identification methods, and puts forward suggestions for future identification of wood species.

Key words log; wood species; identification

近年来, 我国进口木材数量与日俱增, 涉及国家和地区也越来越广, 主要来自东南亚、南美、非洲和俄罗斯等地区。进口原木的品种包括桃花心木 (*Swietenia mahagoni*)、红木、柚木 (*Tectona grandis*)、亚花梨和铁刀木 (*Cassia siamea*) 等, 总体呈现出品种新、材种多、材质差异大、价格差异大的趋势^[1-2]。同时, 由于涉及的树种和进口国家较多、国内外标准不同、货物来源复杂,

以及进口商逃避关税、贸易欺诈等原因, 造成货物口岸申报不实现象时有发生, 给检验检疫部门的木种鉴定工作带来了很大的挑战。新的形势下, 加强进口木材木种鉴定和检验技术的研究, 对于稳定市场、维护消费者利益至关重要。本文就目前木种鉴定采用的方法和存在问题做了概括和分析, 并就进口原木木种鉴定技术的发展趋势进行了展望。

* 基金项目: 广东省中山市社会公益科技项目“磨刀岛检疫性外来有害生物本底调查及其对游艇码头的影响分析”(2017B1160)、“基于16SrRNA基因二代高通量测序法分析中山市PM2.5细菌群落特征”(2017B1161)。

第一作者: 单振菊(1977—), 女, 农艺师, 主要从事植物病虫害检疫鉴定, E-mail: 173465531@qq.com。

通信作者: 杨雷亮(1980—), 男, 高级农艺师, 主要从事植物病害及微生物检疫鉴定, E-mail: yangll@zs.gdcic.gov.cn。

1 进口原木的木种鉴定方法

目前,进口原木的木种鉴定主要通过传统的形态学方法,即通过专家对其形态的宏观和微观结构进行观察并与标准物质或鉴定资料所描述的特征进行比较而确定^[3-5]。随着科学技术的发展,一些物理、化学等方法及新技术越来越多的被应用于木材识别中,特别是DNA条形码技术的出现,给木种鉴定带来了新的曙光^[6-11]。

1.1 形态学鉴定方法

木种的形态学鉴定一般运用宏观及微观的形态特征相结合,宏观是将样品横切面用清水润湿后,借助放大镜,用肉眼观察其管孔、生长轮、边心材及射线与轴向薄壁细胞大小及排列方式等宏观特征进行识别鉴定,同时也可根据木种具有的物理特性,例如木种纹理、花纹、气味、密度和硬度等进行综合判断。宏观识别方法简单易行,但不能鉴定到种^[12]。微观鉴定技术是将样品切成横、径和弦切面的切片,通过染色等方式制成木样切片,然后置于光学显微镜下,观察各组织细胞的形态。利用微观切片能观察到更多木材的结构特征,提高鉴定的准确性。传统的形态鉴定方法是目前物种鉴定的主要方法,但相对较复杂,对于相似种很难区分。另外,形态鉴定对专业技术要求高,不仅需要具有丰富经验的专家而且需要丰富的鉴定标本和资料作为参考。目前检验检疫等部门的木种鉴定专家及其鉴定资料非常缺乏,鉴定难度大,鉴定周期长。

1.2 物理或化学识别方法

物理或化学识别方法是根据木种的特性,利用物理或化学的方法进行种类的鉴定。例如异色桉(*Eucalyptus* sp.)和边缘桉(*E. marginata*)可通过燃烧的灰烬进行识别;紫檀属木材可利用其木屑浸出液在阳光下反射光的颜色进行识别;大叶南洋杉(*Araucaria bidwillii*)和南洋杉(*A. cunninghamii*)通过浸出液和浓硫酸反应的结果进行识别等^[1]。大部分木材仅通过物理和化学方法无法区分,只能作为木种鉴定的辅助方法,当用形态鉴定不能完全确定时,可利用该方法进行验证以确定结果准确性。

1.3 利用高光谱成像技术进行木种鉴定

高光谱成像技术是近年来研究较为广泛的无损检测技术,是图像技术与光谱技术的完美结

合,它可以同时获取被测对象的图像及光谱信息^[13-15]。2011年,Pastore等^[16]采用近红外光谱技术成功识别4种常用的珍贵木材:桃花心木、苏里南苦油楝(*Carapa guianensis*)、加拿大香杉木(*Cedrela odorata*)、南美桃花心木(*Micropholis melinoniana*)。倪茜茜等^[17]2016年也利用该技术对红酸枝木材种类识别进行了研究。由于红木价值高,而该技术是一种无损检测技术,因此将该技术应用用于红木种类的鉴定具有更加重要的意义。

1.4 利用气相色谱质谱联用技术进行木种鉴定

木材提取物主要存在于树皮和心材中,不同树种其组成和含量有显著差异。因此,木材提取物可作为木种鉴定的依据。近年来,研究人员根据不同木材所含化学主要成分的种类及相对含量的差异,实现对不同种木材的识别鉴定。朱涛等^[18]2017年从化学分类的角度,利用气象色谱技术识别木材,为树种鉴定提供了一个新思路,但该项研究尚处于起步阶段,还有待于今后进一步研究。

1.5 分子生物学方法

随着分子生物学技术的发展,DNA分子标记及DNA条形码等技术开始应用于木材树种的分子鉴定,给木材鉴定技术带来了新突破。

1.5.1 利用微卫星标记鉴别木种 微卫星,最初是由Tautz等^[19]在1984年发现,1989年Litt等^[20]命名为微卫星(microsatellite)。微卫星DNA是高等真核生物基因组中种类多、分布广、具有高度多态性和杂合度的分子标记,具有检出率高、信息量大、实验操作简单、结果稳定可靠等优点,主要用于遗传多样性分析、基因定位、DNA指纹和品种鉴定、种质资源保存和标记辅助育种等方面,尤其适用于生物群体内的遗传多样性研究,因而成为目前遗传标记的研究热点。近年来,微卫星技术已被广泛应用于植物种质资源的鉴定,同时也是木材树种鉴定的有效工具^[21]。现已在许多树种中发现有微卫星,如:松树(*Pinus* sp.)、杨树(*Populus* sp.)、桉树(*Eucalyptus* sp.)、果树、栎树(*Quercus* sp.)等,并且已用于指纹分析、构建遗传连锁图谱、群体遗传结构和进化分析^[22]。王源秀^[22]2004年对杞柳(*Salix integra*)和簸箕柳(*S. suchowensis*)SSR遗传多样性进行了研究;贾宝光^[23]2015年利用SSR技术对油桐(*Vernicia fordii*)的遗传多样性进行了研究。田路明

等^[24]2013年利用SSR技术对梨的种质资源进行了研究。SSR标记具有比其他分子标记(如等位酶、RFLP、RAPD等)更多可检测的等位基因,能够提供更细致的基因变化分析范围;具有多态性高、重复性和稳定性好,遗传信息量大,且成本低;对DNA质量要求不高,且用量少、操作简单、建立在PCR基础上等优点。然而对于缺少数据资源的物种来说,这种方法具有很大的局限性。

1.5.2 利用单核苷酸多态性鉴别木材树种 单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphisms, SNPs),指在基因组水平上单个核苷酸碱基的变异而导致的核苷酸序列多态性。1996年,由Lander^[25]首先正式提出使用SNPs为新一代分子标记,随后在物种鉴定、物种起源与亲缘关系、遗传育种等领域得到了广泛的应用。目前利用该技术已对很多属树种进行了区别鉴定。1999年,Germano等^[26]利用SNPs技术成功区分了在形态上难以区分的红云杉(*Picea rubens*),黑云杉(*P. mariana*)和白云杉(*P. glauca*)等3个近缘种。Fladung等^[27]利用SNPs将杨属不同种及其杂交种成功区分开来。2008年,Ogden等^[28]通过扩增matK, ropC1, ropB, accD和ndhJ等5个叶绿体基因片段,发现棱柱木属多个SNPs位点,筛选出该属7个种共有的1个SNP位点,根据该位点设计探针和引物,将该属的木材与其他属木材区分开来。该方法主要优点在于操作简便、快速,终点判断准确。主要缺点在于酶切位点的选择,并不是所有的SNP位点都可以使用该方法来鉴别,而且,部分内切酶价格昂贵,难以接受。

1.5.3 利用DNA条形码技术进行木种鉴定 DNA条形码(DNA barcoding)是指生物体内能够代表该物种的、标准的、有足够变异的、易扩增且相对较短的DNA片段。该概念最早由加拿大学者Hebert提出^[29]。由于DNA条形码技术具有操作简单、鉴定快速准确等诸多优点,该技术目前已在动植物分类鉴定研究中得到较为广泛的应用^[30-33]。Liepelt等^[34]利用该技术将1万年前的古木鉴定到属的水平,Asif等^[33]和Tang等^[6]用该方法实现了对干燥或处理过的木材树种进行了初步鉴定。利用DNA条形码技术对新鲜木质进行种类鉴定已是比较成熟的方法,但由于木材DNA含量低、降解严重、含有抑制聚合酶链式反应(PCR)扩增物质等多方面的原因,高质量木材DNA的提取一直

是一个很难突破的技术瓶颈。因此利用DNA条形码技术进行木种鉴定的研究较少。随着De Filippis等^[29]和Dumolin Lapgue等^[30]分别从新鲜和干燥的木材中提取出可用于普通PCR扩增的DNA后,关于木材DNA提取的文章及报道越来越多,但是由于不同种类木材的物理结构及所含的化学物质存在一定的差异,适合某一树种木材DNA提取的方法也不一样。据报道,目前已从壳斗科^[29-30],龙脑科^[31],松科^[32],豆科^[35],瑞香科^[33],杉科^[6],木犀科^[6]等多个科的木材中提取出可用于PCR扩增的DNA;2013年伏建国等^[36]对进口黄檀木木材DNA提取进行了研究;2015年张蓉等^[37]对木材的DNA提取方法进行了比较研究,均取得了一定的进展;2016年王娟^[38]也研究了不同温度干燥处理下降香黄檀木材(*Dalbergia odorifera*)DNA的提取方法。近期中国林业科学研究院木材研究所利用DNA条形码技术对海关部门截获的一批进口木材进行了分析,准确鉴定出送检的木材为豆科紫檀属的刺猬紫檀(*Pterocarpus erinaceus*),并正式出具了我国首份木材DNA权威鉴定报告^[39]。进一步推进了DNA条形码技术在木材鉴定领域的应用。

另外,对不同木种DNA条形码基因片段的选取也是木种鉴定的关键,目前植物物种通用条形码使用的叶绿体片断有:matK, ropC1, ropB, ITS, ITS2, trnh-psbA, robc等^[40],针对不同的树种需要筛选不同的基因组合来进行种类的鉴定。2013年曹海丹^[40]对河北省杨树品种DNA条形码鉴定进行了研究;2015年余敏^[41]研究了降香黄檀与越南黄檀(*D. tonkinensis*)木材DNA条形码筛选与鉴定;2015年莫文娟^[42]研究了泡桐属树种DNA条形码筛选与鉴定;目前,还没有发现一个通用的基因片段或组合能用于所有木材DNA条形码的鉴定。因此,亟需建立一套基因片段组合和相应的引物组合体系用于绝大多数乃至所有木种的DNA条形码的鉴定,同时也要针对贵重和形态鉴定困难的木种建立模式标本库和DNA条形码数据库。

2 进口原木鉴定存在的问题

2.1 传统形态鉴定

进口原木数量逐渐上升,进口来源国越来越多,品种也越来越丰富,且进口原木多为不带树叶的干燥树干,其形态鉴定主要通过宏观结构和

微观切片来鉴别,这种方法耗时长、鉴定难度大。在各地直属检验检疫局和分支局等一线检验部门,由于专家缺乏,导致木种鉴定准确率下降,原木进口商故意用低价值树种申报高价值树种以偷逃国家增值税及检验检疫费用等现象时有发生。

2.2 气相色谱质谱联用技术鉴定

与传统木材鉴定方法相比,该方法不需要鉴定人员具有丰富的鉴定知识和经验,在一定程度上,能够解决木材鉴定到种的问题。但不同种木材特征性化学成分数据库的建立将是一个漫长的过程,有待于进一步的研究。

2.3 DNA条形码鉴定

原木DNA提取难度大,进口原木多为干燥不带枝叶的木材,有些不带树皮甚至经过了一些除害处理,DNA降解比较严重,导致DNA提取难度非常大。目前木种DNA的提取方法主要有试剂盒法、CTAB法、苯酚抽提法、磁珠法等,木材DNA的提取根据木材种类的不同所选取的提取部位和方法也不一致,需要针对不同的木种去摸索或将常用的方法进行优化和改进,这是木种DNA条形码鉴定最关键的一步,有待于进一步研究。

动物DNA条形码序列已经得到长足稳定的发展,即通过单一的COI基因片段即可鉴别不同的种,而由于植物的多样性等原因,公认统一的植物DNA条形码序列鉴别效率低,需多个候选条形码序列的联合应用。

3 展望

目前进境原木种类繁多、出口国范围扩大,一线检验检疫人员对越来越多的树种和各国所采取的各种检测方法不熟悉,这使得进口木材品质低劣、树种虚报、进口商逃避关税、贸易欺诈等问题比较严重。今后,检验检疫部门应提高木种鉴定的准确性,在鉴定过程中以形态鉴定为主,以木种物理、化学特性和DNA条形码技术为辅。由于木种形态鉴定需要具有丰富经验的专家来完成,而培养一名木种鉴定专家需要一定时间的积累,耗时较长,因此DNA条形码技术也是目前鉴定的主要手段,在今后应进一步摸索高质量原木DNA的提取方法,特别是针对DNA降解较为严重的木材。同时,建立一套通用的基因片段组合和相应的引物组合体系。进一步完善数据库中木种DNA的条形码数据,加强木种DNA平台数

据的积累,为DNA条形码鉴定提供强大的数据保障。随着分子生物学技术的发展,利用DNA条形码和高通量测序技术进行植物种类鉴定面临的问题将会被逐步突破,木材分子识别也将会成为一种成熟的技术而被广泛应用。

参考文献

- [1] 陈莹,靳帅,李瑞法,等.浅谈进境原木分类的鉴定方法[J].绿色科技,2017(7):278-281.
- [2] 关存核.80年代亚洲的圆木生产及贸易状况浅析[J].广东林业科技,1994,10(3):51-53.
- [3] 潘彪,翟胜丞,樊昌生,等.李洲坳东周古墓棺木用材树种鉴定及材性分析[J].南京林业大学学报(自然科学版),2013,37(3):87-91.
- [4] 陈瑞英,郭晶贞,祝田心.小果润楠和闽楠木材的构造特征[J].森林与环境学报,2015,35(4):358-363.
- [5] TANG X, ZHAO G, PING L, et al. Wood identification with PCR targeting noncoding chloroplast DNA[J]. PLANT MOL BIOL, 2011, 77(6): 609-617.
- [6] 张国武,张沛健,刘学锋,等.引种蓝花楹木材结构特性[J].林业与环境科学,2016,32(2):27-30.
- [7] ZHAO P, CAO J, et al. Wood species identification using spectral reflectance feature and optimal illumination radiation design[J]. J FORESTRY RES, 2015, 27(1): 219-224.
- [8] 王学顺,孙一丹,黄敏高,等.基于BP神经网络的木材近红外光谱树种识别[J].东北林业大学学报,2015,43(12):82-85.
- [9] 孙伶俐,汪杭军,祁亨年,等.基于分块LBP的树种识别研究[J].北京林业大学学报,2011,33(4):107-112.
- [10] 王志辉,丁丽霞.基于叶片高光谱特性分析的树种识别[J].光谱学与光谱分析,2010,30(7):1825-1829.
- [11] 沈明月,章启元,朱仲良,等.基于HPLC技术及模式识别方法鉴别4种红木[J].林业科学,2012,48(5):168-172.
- [12] 姜笑梅,殷亚方,刘波,等.木材树种识别技术现状、发展与展望[J].木材工业,2010,24(4):36-38.
- [13] 周竹,李小昱,陶海龙,等.基于高光谱成像技术的马铃薯外部缺陷检测[J].农业工程学报,2012,28(21):221-228.
- [14] WU D, SHI H, HE Y, et al. Potential of hyperspectral imaging and multivariate analysis for rapid and non-invasive detection of gelatin adulteration in prawn[J]. J Food Eng, 2013, 119(3): 680-686.
- [15] LEIVA-VALENZUELA G A, LU R, AGUILERA J M. Assessment of internal quality of blueberries using hy-

- perspectival transmittance and reflectance images with whole spectra or selected wavelengths[J]. *Innov Food Sci Emerg*, 2014, 24(8) : 2-13.
- [16] PASTORE T C M, BRAGA J W B, CORADM V T R, et al. Near infrared spectroscopy (NIRS) as a potential tool for monitoring trade of similar woods: Discrimination of true mahogany, cedar, andiroba, and curupix[J]. *HOLZ-FORSCHUNG*, 2011, 65(1) : 73-80.
- [17] 倪茜茜, 祁亨年, 周竹, 等. 基于高光谱成像技术的红酸枝木材种类识别[J]. *浙江农林大学学报*, 2016, 33(3): 489-494.
- [18] 朱涛, 林金国. 气相色谱质谱联用技术在木材识别中的应用[J]. *木材工业*, 2017, 31(2): 57-60.
- [19] TAUTZ D, RENZ M. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes[J]. *Nucleic Acids Res*, 1984, 12(10) : 4127-4138.
- [20] LITT M, LUTY J A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene[J]. *Am J Human Genet*, 1989, 44(3) : 397-401.
- [21] 伏建国, 刘金良, 杨晓军, 等. 分子生物学技术应用于木材识别的研究进展[J]. *浙江农林大学学报*, 2013, 30(3): 438-443.
- [22] 王源秀. 杞柳和簸箕柳SSR指纹图谱及遗传多样性分析[D]. 南京: 南京林业大学, 2004.
- [23] 贾宝光. 油桐SSR分子标记的开发与遗传多样性研究[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2015.
- [24] 田路明, 曹玉芬, 董星光, 等. SSR分子标记在梨种质资源研究中的应用[J]. *生物学杂志*, 2013, 30(6) : 91-93.
- [25] LANDER E S. The new genomics: global views of biology[J]. *Science*, 1996, 274(5287) : 536-539.
- [26] GERMANO J, KLEIN A S. Species-specific nuclear and chloroplast single nucleotide polymorphisms to distinguish *Picea glauca*, *P. mariana* and *P. rubens*[J]. *Theor Appl Genet*, 1999, 99(1-2) : 109 - 111.
- [27] FLADUNG M, BUSCHBOM J. Identification of single nucleotides polymorphisms in different *Populus* species[J]. *Trees*, 2009, 23(6) : 1199 - 1212.
- [28] OGDEN R, MCGOUGH H N, COWAN R S, et al. SNP-based method for the genetic identification of ramin *Gonystylus* spp. timber and products: applied research meeting CITES enforcement needs[J]. *Endangered Species Res*, 2008, 9(3) : 255-261.
- [29] DE FILIPPIS L, MAGEL E. Differences in genomic DNA extracted from bark and from wood of different zones in *Robinia* trees using RAPD-PCR[J]. *Trees*, 1998, 12(6) : 377-384.
- [30] DUMOLIN-LAPEGUE S, PEMONGE M H, GIELLY L, et al. Amplification of oak DNA from ancient and modern wood[J]. *Mol Ecol*, 1999, 8(12) : 2137 - 2140.
- [31] RACHMAYANTI Y, LEINEMANN L, GAILING O, et al. Extraction, amplification and characterization of wood DNA from Dipterocarpaceae[J]. *Plant Mol Biol Report*, 2006, 24(1) : 45 - 55.
- [32] REYNOLDS M M, WILLIAMS C G. Extracting DNA from submerged pine wood[J]. *Genome*, 2004, 47(5) : 994-997.
- [33] ASIF M J, CANNON C H. DNA extraction from processed wood: a case study for the identification of an endangered timber species(*Gonystylus bancanus*) [J]. *Plant Mol Biol Report*, 2005, 23(2) : 185-192.
- [34] LIEPELT S, SPERISEN C, DEGUILLOUX M F, et al. Authenticated DNA from ancient wood remains[J]. *Ann Bot*, 2006, 98(5) : 1107 - 1111.
- [35] FINKELDEY R, LEINEMANN L, GAILING O. Molecular genetic tools to infer the origin of forest plants and wood[J]. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2010, 85(5) : 1251-1258.
- [36] 伏建国, 刘金良, 杨晓军, 等. 进口黄檀属木材DNA提取与分子鉴定方法初步研究[J]. *浙江农林大学学报*, 2013, 30(4) : 627-632.
- [37] 张蓉. 基于DNA的木材鉴别方法初步研究[D]. 南京: 南京林业大学, 2015.
- [38] 王娟. 不同温度干燥处理下的降香黄檀木材DNA提取方法研究[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2016.
- [39] 中国林科院木材所出具我国首份木材DNA鉴定报告[EB/OL].(2017-9-20) [2017-12-11]. www.forestry.gov.cn.
- [40] 曹海丹. 河北地区主栽杨树品种DNA条形码研究[D]. 长春: 长春理工大学, 2013.
- [41] 余敏. 降香黄檀与越南黄檀木材DNA条形码筛选与鉴定研究[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2015.
- [42] 莫文娟. 泡桐属DNA条形码的筛选与鉴定研究[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2015.