

T/BPSPA

北京民营科技促进会团体标准

T/BPSPA XXXX—XXXX

食品基因溯源验证性检验技术规程

Technical Regulations for Verification Testing of Food Genetic Traceability

（征求意见稿）

（本草案完成时间：2024年10月12日）

在提交反馈意见时，请将您知道的相关专利连同支持性文件一并附上。

XXXX—XX—XX 发布

XXXX—XX—XX 实施

北京民营科技促进会 发布

目 次

前 言 III

引 言 IV

1 范围 1

2 规范性引用文件 1

3 术语和定义 1

4 符号和缩略语 2

5 检测原理 2

6 主要试剂 3

7 主要仪器设备 3

8 检测方法 3

 8.1 样本采集 3

 8.2 DNA 提取 3

 8.3 DNA 浓度和纯度检测 3

 8.4 DNA 的保存 3

 8.5 多态性 SNP 标记的筛选原则及组合策略 3

 8.5.1 用于基因溯源的 SNP 遗传标记需要具有高度的多态性 3

 8.5.2 用于基因溯源的 SNP 遗传标记应表现出遗传稳定性，并呈现共显性 3

 8.5.3 用于基因溯源的 SNP 遗传标记应不受动植物性状的影响 4

 8.5.4 用于基因溯源的 SNP 遗传标记应能够均匀分布于整个基因组 4

 8.5.5 用于基因溯源的 SNP 遗传标记组合应具备高鉴定效力和低检测成本 4

 8.6 测序分析 4

 8.7 数据质量控制与清理 4

9 结果分析 4

 9.1 结果计算 4

 9.2 验证结果判定要求 4

 9.3 基因测序结果的验证 4

 9.3.1 设置对照样品和盲样 4

 9.3.2 测序质量检查 4

 9.3.3 GC 含量分析 5

 9.3.4 比对分析 5

 9.3.5 重复性及准确性验证 5

 9.3.6 样本一致性验证 5

 9.4 出具检测报告 5

10 食品基因溯源信息总体框架 5

 10.1 概述 错误！未定义书签。

 10.2 基因溯源信息 5

10.2.1 数据主体描述信息	5
10.2.2 数据集描述信息	5
10.2.3 数据流转活动描述	6
10.3 基因溯源信息管理活动	6
10.4 基因溯源信息管理活动参与方	6
10.5 基因溯源信息管理平台	6
10.5.1 农产品个体	6
10.5.2 溯源公司	7
10.5.3 政府用户	7
10.5.4 企业用户	7
10.5.5 标识认证机构	7
10.5.6 消费者用户	7
10.5.7 银行用户	7
11 基于基因信息的可溯标志使用	7
11.1 符合授予基因可溯标志的食品产品要求	7
11.1.1 应经过食品基因溯源检测	7
11.1.2 应将食品基本基因溯源信息上传至基因溯源信息管理平台	8
11.1.3 应在基因溯源信息管理平台完善食品产品的其他关键信息	8
11.2 基因可溯标志的生成与管理	8
11.2.1 唯一性原则	8
11.2.2 全性原则	8
11.2.3 信息完整性原则	8
11.3 基因可溯标志的使用	8
11.3.1 强制使用规则	8
11.3.2 正确使用规则	8
11.3.3 信息更新规则	8
11.4 基因可溯标志信息查询与展示	8
11.4.1 公开透明原则	8
11.4.2 信息展示规则	8
11.5 基因可溯标志监管	8
11.5.1 监管责任原则	8
11.5.2 违规行为处罚规则	9
11.6 可溯标志的技更新与维护	9
11.6.1 技术更新原则	9
11.6.2 系统维护规则	9
附 录 A （资料性） 主要试剂	10
附 录 B （资料性） 主要仪器设备	11
附 录 C （规范性） 食品基因溯源验证性检验报告模版（初级农产品、药食同源中药材、动植物 抵押物、动植物标的物）	12
附 录 D （规范性） 食品基因溯源验证性检验报告模版（加工食品）	13
附 录 E （资料性） 主要植物、动物、微生物参考基因组数据库	14
参 考 文 献	17

前 言

本文件按照GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

请注意本文件的某些内容可能涉及专利。本文件的发布机构不承担识别专利的责任。

本文件由北京民营科技促进会标准化工作委员会提出。

本文件由北京民营科技促进会归口。

本文件起草单位：北京艾格瑞吉数据科技有限公司、山东大学微生物国家重点实验室、中国农业大学生物学院、西北农林科技大学动物科技学院。

本文件主要起草人：

引 言

长期以来，中国食品行业饱受优质食品质优价低、生产者积极性差、食品分级混乱、伪劣食品鱼目混珠和市场缺乏优质食品购销渠道等社会现实问题困扰。中国农产品及食品品牌竞争力弱，高持续影响力、高价值品牌稀缺。同时，主体结构分布不合理，品牌规模小，初加工产品品牌多且同质化严重，阻碍了农产品及食品品牌整体实力的发挥。区域公用品牌重打造，轻监管，对区域公用品牌的授权、监督、管理滞后，相应的监管制度和授权与退出机制尚未健全，存在区域公用品牌“泛用”和未授权生产经营单位“滥用”等问题。

为此，食品产品溯源管理被认为是在当前越来越复杂的食物供应链中可以有效监控各种危害因素、定期召回问题食品、最大限度降低危害、准确定位责任主体的重要手段。

本文件提供的食品基因溯源技术是利用生物基因组水平上DNA存在丰富的多态性，对生物体无影响、不丢失、不可更改，且在生物体的每个细胞中均可被检测到的特征。同时具有较好的热稳定性，不受食品热加工工艺影响。基因溯源技术不但可以实现植物、动物、微生物源性食品从种养到餐桌的全程溯源，且可以实现对个体、种群、物种的准确鉴定。

本文件可为地理标志产品、原产地保护产品的品牌保护提供基于基因信息溯源的参考方案，在食品安全性检测验证的基础上，为食品真实性检测验证提供标准依据，为保证农业高质量发展和人民生活幸福提供更加可靠的保证，也为中国农产品的品牌国际化，提高中国农产品在国际市场的地位和信誉提供助力。

食品基因溯源验证性检验技术规程

1 范围

本文件规定了食品基因溯源验证性检验的范围、术语和定义、符号和缩略语、检测原理、主要试剂、主要仪器设备、检测方法、结果分析、基因溯源信息总体框架、基于基因信息的可溯标志使用等内容。

本文件适用于动物、植物、微生物源性食材及药食同源类中药材的认证产品检测验证和原产地检测验证，加工食品的混合物种成分验证检测和食品有害微生物检测，药食同源类中药材的违禁野生动植物成分检测、动物/植物的活动物抵押贷款抵押物身份检测验证、农业保险标的物（活动物和果树）身份检测验证和无害化处理病死畜禽身份检测验证等。

2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中，注日期的引用文件，仅该日期对应的版本适用于本文件；不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GB/T 29859-2013 生物信息学术语

GB/T 30989-2014 高通量基因测序技术规程

GB/T 35537-2017 高通量基因测序结果评价要求

GB/T 35890-2018 高通量测序数据系列格式规范

GB/T 34796 水溶液中核酸的浓度和纯度检测 紫外分光光度法

GB/T 33767.14-2023 信息技术 生物特征样本质量 第14部分：DNA数据

GB/T 38157-2019 重要产品追溯—追溯管理平台建设规范

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

基因 gene

位于细胞染色体上具有遗传效应的DNA片段，是调控生物性状的基本遗传单位。

3.2

食品 food

本标准文件所述食品是指包括动物、植物、微生物源性的食用农产品、畜肉产品及药食同源类中药材在内的各种可食用产品。

3.3

基因溯源 genetic traceability

利用基因检测和生物信息学的分析手段对生物性样本的基因组序列进行检测和分析，获得该生物样本的个体基因信息特点和系统进化关系，并明确其个体、种群及物种来源。

3.4

验证性检验 verification inspection

由生产单位联合第三方检测机构提出，由通过检验检测认证并具备相应能力等级的单位对涉及重要信息和主要功能项目进行的复核性全部样本或抽样检验。

3.5

食品基因溯源系统 food gene trace-back system

基于基因信息的食品溯源方案包括：获取农产品、食品监控大数据；根据所述农产品、食品监控大数据确定异常信息，将所述异常信息发送至与所述异常信息关联的监管终端；接收从所述监管终端反馈

的农产品、食品基因检测数据；将所述基因检测数据与标准数据库进行比对，根据比对结果判定所述农产品、食品的假冒情况。

系统包括：处理模块、存储模块、通信模块、监管终端，处理模块分别与存储模块和通信模块连接，通信模块与监管终端连接。存储模块用于存储可执行的计算机程序代码；通信模块用于获取农产品、食品监控大数据，以及实现处理模块与监管终端的通信；处理模块用于通过调用存储模块中的可执行的计算机程序代码，执行基于基因信息的溯源验证程序。

3.6

基因组测序 high-throughput sequencing

区别于传统Sanger(双脱氧链末端终止法)测序,能够一次并行对大量核酸分子进行平行序列测定的技术。

3.7

目标区域测序 target region sequencing

目标区域测序是一种高通量测序技术,专注于对特定的基因或染色体区域进行测序。与全基因组测序相比,目标区域测序具有成本低、数据量少、分析简单等优点,在疾病研究、遗传学研究和个性化医学等领域得到了广泛的应用。

3.8

基本基因溯源信息 basic genetic traceability data

能够实现食品溯源组织间和组织内各环节间有效连接的最少基因信息。

3.9

扩展基因溯源信息 extended genetic traceability data

除基本基因溯源信息外,与农产品或食品相关的其他具备特殊性生物特征的关联基因信息,可以是产品生物安全、质量安全或用于商业目的的信息。

3.10

耦合概率值 match probability value

两个随机个体具有相同基因型的概率,该值是用以评估位点及符合对于个体有效区分能力的一个重要参数。该值越小,对其个体区分能力越强,反之,区分能力越弱。

3.11

基因可溯标志 genetic traceable identification

将产品和具备产品基因溯源信息关联的载体。

3.12

溯源参与方 traceability party

从事与农产品或食品生产、加工、运输、销售相关业务的企业和组织,从事农业和食品业服务的企业和单位(包括但不限于涉农银行及保险公司)以及政府相关职能部门(包括但不限于国家食品药品监督管理局及其下属机构、农业农村部及其下属机构、国家知识产权局及其下属机构、国家市场监督管理总局及其下属机构、生态环境部及其下属机构)

4 符号和缩略语

下列缩略语适用于本文件。

DNA: 脱氧核糖核酸 (Deoxyribonucleic Acid)

SNP: 单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism)

IISNPs: 个体识别SNP (Individual Identification SNPs)

5 检测原理

根据食品基因溯源验证性检验的具体目的,充分考虑目标样本原材料的物种、品种和个体差异,及目标样品中所含微生物情况,科学、合理的选择所要采集基因信息的目标物种(包括微生物)的基因组区域和范围。根据确定要采集的目标物种(包括微生物)的基因组区域和范围和所需要的准确度确定SNP位点组合,设计开发专用的目标区域测序试剂盒或固/液相芯片。根据不同种类食品及其原材料的特性选择合适的样本采集方法并提取样本DNA,使用试剂盒或者固/液相基因芯片对样本进行检测,通过高通

量测序技术检测获得特定目标区域的基因信息。将测序得到的DNA序列与参考基因组或已知的相关序列进行比对，分析序列的变异、多态性及耦合概率值等信息，并形成样本的LISNPs基因信息。

以基因信息对食品进行溯源检测流程图见图1。

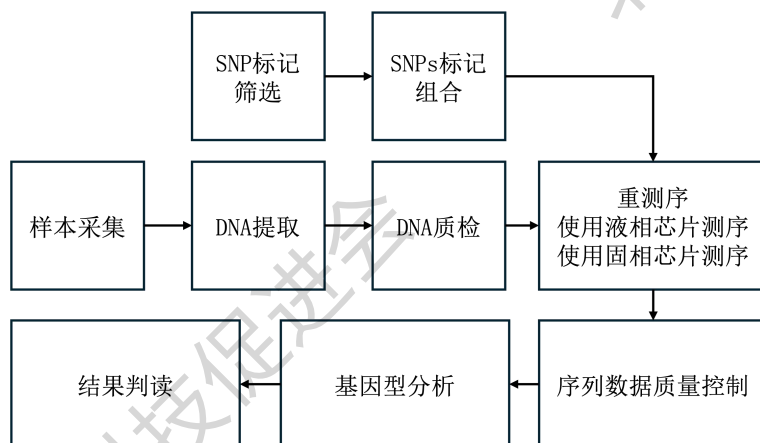


图1 食品基因溯源检测流程图

6 主要试剂

主要试剂见附录A。

7 主要仪器设备

主要仪器设备见附录B。

8 检测方法

8.1 样本采集

对于植物产品，可以采集叶片、果实或种子。

对于动物产品，可以采集血液、组织或毛发等。采集血样3mL–5mL，添加抗凝剂，–20℃保存。0.1g–0.3g组织（耳组织、肌肉）或带毛囊的毛发浸入75%的酒精，–20℃保存备用。

8.2 DNA提取

根据不同的样本类型，推荐使用对应样本DNA提取专用商品试剂盒，具体方法参考试剂盒使用说明。

8.3 DNA浓度和纯度检测

按照GB/T 34796方法，测定DNA浓度，并判定DNA纯度。

8.4 DNA的保存

对有DNA保存必要的样本，将装有总DNA的离心管保存在–20℃冰箱备用；或在–80℃超低温冰箱中长期保存。

8.5 多态性SNP标记的筛选原则及组合策略

8.5.1 用于基因溯源的SNP遗传标记需要具有高度的多态性

多态性是指在一个群体中，某一遗传位点上存在多个等位基因的现象。多态性高的遗传标记可以提供更多的遗传信息，增加可追溯体系的精确性和分辨率。这有助于准确地区分不同来源的地理标志产品，确保产品的真实性和质量。

8.5.2 用于基因溯源的SNP遗传标记应表现出遗传稳定性，并呈现共显性

用于基因溯源的遗传标记在遗传过程中能够稳定传递，且不同等位基因的表达能够清晰区分，不受环境或其他因素的影响。这样的遗传标记能够提供可靠和一致的追溯信息，确保追溯结果的准确性。

8.5.3 用于基因溯源的 SNP 遗传标记应不受动植物性状的影响

为了避免遗传标记与产品的农艺性状产生关联，用于基因溯源的遗传标记应选取受农艺性状影响差异不显著的SNP标记，以确保追溯体系主要关注产品的个体、种群或物种来源，而非其他非关键性状。

8.5.4 用于基因溯源的 SNP 遗传标记应能够均匀分布于整个基因组

所选的遗传标记应覆盖产品的整个基因组范围，以便全面反映产品的遗传信息。这有助于确保追溯体系能够捕捉到产品基因组中的细微差异，进一步提高追溯的准确性。

8.5.5 用于基因溯源的 SNP 遗传标记组合应具备高鉴定效力和低检测成本

用于基因溯源的SNP遗传标记的组合和分析过程应相对简单、快速且成本较低，以便在实际应用中广泛推广和使用。

8.6 测序分析

利用高通量测序技术，如二代测序或三代测序技术，对目标区域的DNA进行测序。高通量测序能够产生大量的序列数据，为后续的基因分析和溯源提供丰富的信息。

8.7 数据质量控制与清理

对测序产生的原始数据进行质量控制和清理，去除低质量序列、重复序列和测序错误等，确保数据的准确性和可靠性。

9 结果分析

9.1 结果计算

遗传相似度按公式（1）计算：

$$GS = \frac{n_{ij}}{N_{ij}} \times 100\% \quad (1)$$

式中：

GS-待验证样本与已知样本的遗传相似度；

n_{ij} -待验证样本与已知样本中均检出的但基因型无差异的标记位点的数目；

N_{ij} -待验证样本与已知样本中均检出的标记位点的数量。

9.2 验证结果判定要求

食品基因溯源验证结果判定要求如下：

当待验证样本与已知样本遗传相似度GS小于 α 时，则判定待检测样本和已知样本在基因水平差异极不显著，验证通过，反之为不通过。

在不同的物种、品种和个体间，若有相关法规规定的 α 判定阈值，则采用相应法规规定的数值来判定；若没有相关法规规定的 α 判定阈值，可根据生物基因组特性，结合普遍采用具备科学性的数值来进行判定，并报告比对试验情况。

对于存在不可避免的交叉反应，比对结果难以判定时，可视为可以，但应报告比对试验情况。

9.3 基因测序结果的验证

9.3.1 设置对照样品和盲样

通过科学设置对照样品和盲样的方法可以科学、准确、充分的验证基因测序结果的准确性和可靠性。

9.3.2 测序质量检查

通过检查测序质量指标如Q20和N的数量，可以评估测序数据的准确性。Q20是指测序质量得分大于20的碱基数占总碱基数的比例，而N则代表测序数据中无法确定的碱基数量。通过分析这些指标，可以初步判断测序数据的准确性。

9.3.3 GC 含量分析

GC含量是测序数据中鸟嘌呤（G）和胞嘧啶（C）的含量比例，通过比较测序数据的GC含量与参考基因组的GC含量，可以评估测序数据是否与参考基因组一致，从而验证测序的准确性。

9.3.4 比对分析

如果有参考基因组可用，可以将测序数据与参考基因组进行比对，通过比对效率的高低来判断测序数据的准确性。高比对效率意味着测序数据与参考基因组高度一致，从而增加了测序结果的可靠性。

9.3.5 重复性及准确性验证

通过构建多个文库并进行多次实验，比较测序结果的一致性，可以评估测序技术的重复性和准确性。例如，一项研究通过构建3份文库并在一次实验中以及在3次不同实验中分别构建文库进行测序，结果显示STR、SNP、线粒体DNA分型结果完全一致，验证了检测体系的可靠性和准确性。

9.3.6 样本一致性验证

通过使用特定的命名指南对测序结果进行命名，可以确保不同实验之间的样本一致性。

9.4 出具检测报告

根据生物信息学分析结果判断送检样品类型并出具检测报告。模版见附录C、附录D。

10 食品基因溯源信息总体框架

食品基因溯源信息总体框架包括基因溯源信息、基因溯源信息管理活动、基因溯源信息管理活动相关方、基因溯源信息管理平台四类主要构建，如图2所示。

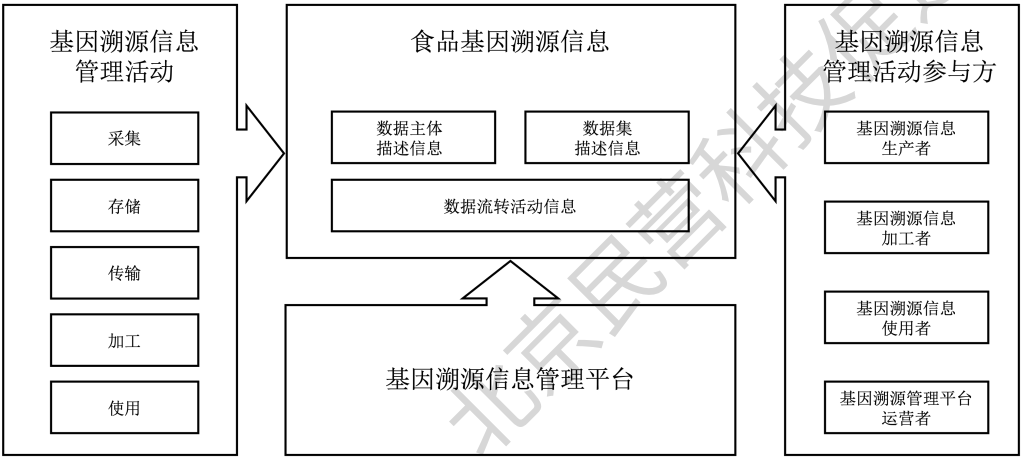


图2 食品基因溯源信息总体框架

10.1 基因溯源信息

基因溯源信息包括数据主体描述信息、数据集描述信息、数据流转活动描述信息。其中：

10.1.1 数据主体描述信息

对参与食品基因溯源数据流转活动的政府部门、企业或者社会组织的描述。

10.1.2 数据集描述信息

对不同数据主体之间流转的基因数据内容的描述，数据集可以是基本溯源基因信息或扩展溯源基因信息，也可以是原始基因信息经过生物信息学分析处理后生成的衍生数据。

10.1.3 数据流转活动描述

数据流转活动描述信息是对数据从一个单一的数据主体向另一个单一数据主体的流转过程的描述。

10.2 基因溯源信息管理活动

围绕着食品基因溯源信息，各参与方依托基因溯源信息管理平台，开展基因溯源信息的采集、存储、传输、加工和使用等管理活动。

10.3 基因溯源信息管理活动参与方

根据参与方在基因溯源信息管理活动中的角色类型，可分为基因溯源信息产生者、基因溯源信息加工者、基因溯源信息使用者和基因溯源信息管理平台运营者。

基因溯源信息管理活动参与方的定义、参与环节和示例单位见表1。

表 1 基因溯源信息管理活动参与方

名称	定义	参与环节
基因溯源信息产生者	收集、生产基因溯源信息的组织、个人	基因溯源信息的采集和使用
基因溯源信息加工者	分析、提取、融合基因溯源信息的组织、个人	基因溯源信息加工
基因溯源信息使用者	使用基因溯源信息的组织、个人	基因溯源信息使用
基因溯源信息管理平台运营者	溯源信息管理平台的所有者和管理者	溯源信息全过程环节

10.4 基因溯源信息管理平台

基因溯源管理平台应符合《重要产品追溯—追溯管理平台建设规范》（GB/T 38157-2019）。基因溯源信息管理平台可由独立第三方机构开发，依托现有的国家级、省级、市级智慧农业大数据平台构建，包括基因溯源信息的采集、存储、传输、加工和使用等溯源信息功能组件，支撑基因溯源信息管理活动。

基因溯源信息管理平台为不同的参与方主体提供多种信息管理活动，以保证食品基因溯源在生态中充分发挥作用，如图3所示。

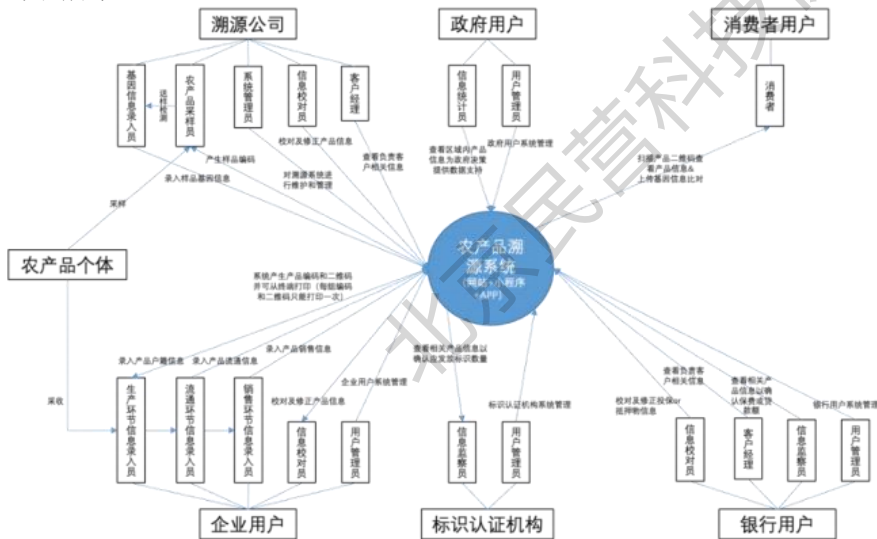


图 3 基因溯源信息管理活动参与方通过管理平台的功能实现

10.4.1 农产品个体

——基因信息记录：农产品个体作为溯源的起点，其基因信息（如 DNA 序列）是溯源的基础。在种植或养殖过程中，可以通过采集样本并提取 DNA，记录农产品的遗传特征。

- 信息保护：农产品个体的基因信息属于敏感数据，需要妥善保护，防止泄露给未经授权的第三方。

10.4.2 溯源公司

- 技术提供：溯源公司负责提供基因溯源技术解决方案，包括 DNA 提取、测序、数据分析等。
- 信息审核：溯源公司应对采集到的基因信息进行审核，确保其真实性和准确性。同时，建立严格的数据管理制度，防止信息被篡改或滥用。
- 平台建设：建设基因溯源信息系统，将农产品的基因信息与生产、加工、流通等环节的信息进行关联，实现全程追溯。

10.4.3 政府用户

- 政策制定：政府应制定相关政策和法规，规范基因溯源信息的管理和使用，确保溯源体系的合法性和有效性。
- 监管与执法：政府监管部门应对溯源公司和企业的溯源活动进行监督和检查，确保溯源信息的真实性和准确性。对于违规行为，应依法进行处罚。
- 信息统计：管辖行政区域内产品溯源信息，为政府决策提供数据支持。
- 用户管理数据共享：推动建立跨部门、跨地区的基因溯源信息共享机制，提高监管效率和准确性。

10.4.4 企业用户

- 信息录入：企业应按照溯源体系的要求，将农产品的基因信息及其他相关信息录入溯源平台。
- 内部管理：建立内部管理制度，确保溯源信息的准确性和完整性。同时，加强员工培训，提高员工对溯源体系的认识和操作能力。
- 市场营销：利用溯源信息提升产品信誉和市场竞争能力，向消费者展示产品的安全性和可追溯性。

10.4.5 标识认证机构

- 信息监管与检查：查看相关产品信息及以确认标识发放的数量。
- 用户管理：标志认证、发放及年审，实现有效监控和高效管理及不断改进、改善准入和退出制度。

10.4.6 消费者用户

- 信息查询：消费者可以通过溯源平台或相关应用程序查询农产品的基因溯源信息，了解产品的来源、品质和安全状况。
- 权益保护：在发现产品质量问题时，消费者可以依据溯源信息向企业索赔或向监管部门举报。
- 消费决策：溯源信息为消费者提供了更加透明和可靠的消费决策依据，有助于提升消费者的信任度和满意度。

10.4.7 银行用户

- 风险评估：银行在为企业提供贷款或融资服务时，可以利用基因溯源信息评估企业生物资产的信用风险和经营风险。
- 供应链金融：结合溯源信息，银行可以开发供应链金融产品，为农产品供应链上的各个环节提供金融支持。

11 基于基因信息的可溯标志使用

11.1 符合授予基因可溯标志的食品产品要求

11.1.1 应经过食品基因溯源检测

食品产品应经过的食品基因溯源检测并获得完整食品基因溯源检测验证报告,以确保其基因组成与所声称的相符。

11.1.2 应将食品基本基因溯源信息上传至基因溯源信息管理平台

食品产品应将产品基本基因溯源信息上传至基因溯源信息管理平台并通过平台运营机构的审核和认证,并接受平台将这些信息与权威的参考基因组数据库(见附录E)进行比对以验证食品的真实性。

11.1.3 应在基因溯源信息管理平台完善食品产品的其他关键信息

如生产日期、批次号、生产地点、原料来源等,以确保可以追溯到产品生产-加工-流通-销售的每一个环节。

11.2 基因可溯标志的生成与管理

11.2.1 唯一性原则

每个食品类产品都应拥有唯一的基因可溯标志,确保基因信息的准确性和追溯的唯一性。

11.2.2 全性原则

基因可溯标志应采用加密技术,确保其不易被伪造或篡改,保障信息的真实性和可信度。

11.2.3 信息完整性原则

基因可溯标志应完整记录产品的基因信息、生产、加工、流通等全过程信息,确保信息的完整性和连贯性。

11.3 基因可溯标志的使用

11.3.1 强制使用规则

通过基因溯源检测并符合授予可溯标志要求的食品类产品的生产、加工、流通、销售等环节必须使用基因可溯标志,确保产品信息的可追溯性。

11.3.2 正确使用规则

相关人员应正确操作基因可溯标志使用,不得随意更改或删除基因可溯标志信息,确保信息的真实性和准确性。

11.3.3 信息更新规则

当产品的生产、加工、流通、销售等环节发生变化时,应及时更新基因可溯标志信息,确保信息的时效性和准确性。

11.4 基因可溯标志信息查询与展示

11.4.1 公开透明原则

基因可溯标志信息应公开透明,消费者、生产者和监管部门可通过扫描可溯标志或访问相关网站或小程序查询产品信息。

11.4.2 信息展示规则

基因可溯标志应清晰、准确地展示在产品包装或相关宣传资料上,方便市场监管部门、消费者识别和查询。

11.5 基因可溯标志监管

11.5.1 监管责任原则

相关部门可通过基因溯源信息管理平台对基因可溯标志使用情况的监管,确保基因可溯标志的规范使用和信息的真实可靠。

11.5.2 违规行为处罚规则

对于违反基因可溯标志使用规则的行为，应依规进行处罚，并公开曝光，以维护食品产品的声誉和生产者、消费者的权益。

11.6 可溯标志的技更新与维护

11.6.1 技术更新原则

随着科技的进步和市场需求的变化，应及时更新基因溯源标志技术，提高溯源效率和准确性。

11.6.2 系统维护规则

应定期对基因溯源信息管理平台上的基因溯源标识管理模块进行维护，确保其稳定运行和数据安全。

附录 A (资料性) 主要试剂

A.1 DNA 提取试剂盒

用于释放、分离获得各类生物样本中的所有DNA并进行纯化。

A.2 大规模平行扩增试剂盒

用于对构建好的基因文库进行大规模平行扩增,得到用于高通量基因测序的测序文库,试剂盒内至少应包含扩增引物、高效扩增酶及缓冲液。

A.3 建库试剂盒

用于核酸样品的基因文库构建,试剂盒内至少应包含:连接头、DNA连接酶/DNA聚合酶、缓冲液。

A.4 高通量基因测序试剂盒

用于对测序文库进行高通量基因测序,试剂盒内至少应包含测序引物、高效测序反应酶、缓冲液。

附 录 B
(资料性)
主要仪器设备

- B.1 离心机
- B.2 低温离心机
- B.3 微量移液器
- B.4 紫外分光光度计
- B.5 荧光定量仪
- B.6 电泳仪
- B.7 凝胶成像仪
- B.8 水浴锅
- B.9 低温冰箱：-20℃和-80℃
- B.10 PCR 仪器
- B.11 基因测序仪
- B.12 高通量基因分型芯片
- B.13 高通量芯片扫描仪

附录 C

(规范性)

食品基因溯源验证性检验报告模版（初级农产品、药食同源中药材、动植物抵押物、动植物标的物）

第 页 共 页

检验项目	食品基因溯源			
联系人		送样日期		
委托单位				
送检样品信息				
序号	样品编号	样品原编号	样品名称	样品描述
1				
2				
3				
4				
.....				
检验依据	《食品基因溯源验证性检验技术规程》			
所用主要仪器设备	基因测序仪型号：			

检验结果及结论

序号	样品编号	物种 1	物种 2	品种 1	品种 2	群体	个体	微生物
1								
2								
3								
4								
...								

注：检验结果及结论部分具体内容可根据实际需要合理调整。

编制人(签字)：

审核人(签字)：

批准人(签字)：

签 发 日 期： 年 月 日

单位(公章)：

附录 D
(规范性)
食品基因溯源验证性检验报告模版（加工食品）

第 页 共 页

检验项目	食品基因溯源			
联系人		送样日期		
委托单位				
送检样品信息				
序号	样品编号	样品原编号	样品名称	样品描述
1				
2				
3				
4				
.....				
检验依据	《食品基因溯源验证性检验技术规程》			
所用主要仪器设备	基因测序仪型号：			

检验结果及结论

序号	样品编号	物种 1	物种 2	品种 1	品种 2	群体	个体	微生物
1								
2								
3								
4								
...								

注：检验结果及结论部分具体内容可根据实际需要合理调整。

编制人(签字)： 审核人(签字)： 批准人(签字)：

签 发 日 期： 年 月 日

单位(公章)：

附 录 E
(资料性)
主要植物、动物、微生物参考基因组数据库

物种	基因组大小	公开基因数据库名称	数据库下载网址		其他相关信息
奶牛	3.1 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	荷斯坦牛、娟姗牛等	包含奶牛的基因信息
肉牛	3.0 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	西门塔尔牛、利木赞牛等	包含肉牛的基因信息
山羊	3.0 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	奶山羊、绒山羊等	包含山羊的基因信息
绵羊	2.7 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	藏绵羊、东佛里生绵羊等	包含绵羊的基因信息
绵羊	2.7 Gb	Ensembl Genomes	http://ensemblgenomes.org/	藏绵羊、东佛里生绵羊等	包含绵羊的基因组数据
猪	2.9 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	杜洛克猪、长白猪等	包含猪的基因信息
鸡	1.2 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	白羽肉鸡、黄羽肉鸡等	包含鸡的基因信息
鸡	1.2 Gb	Ensembl Genomes	http://ensemblgenomes.org/	白羽肉鸡、黄羽肉鸡等	包含鸡的基因组数据
鸭	1.3 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	北京鸭、樱桃谷鸭等	包含鸭的基因信息(可能较为有限, 需具体搜索)
鹅	1.3 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	四川白鹅、狮头鹅等	包含鹅的基因信息(可能较为有限, 需具体搜索)
虾	多样	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	凡纳滨对虾、中国对虾等	包含虾类的基因信息

鱼	多样	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/	斑马鱼、鲤鱼、鲑鱼等	包含多种鱼类的基因信息
鱼	多样	Ensembl Genomes	http://ensemblgenomes.org/	斑马鱼、鲤鱼、鲑鱼等	包含多种鱼类的基因组数据
鱼	多样	Zebrafish Information Network (ZFIN)	http://zfin.org/	斑马鱼	专注于斑马鱼的基因组数据和信息
水稻	430 Mb	Rice Annotation Project (RAP)	https://rapdb.dna.affrc.go.jp/		日本晴品种的基因组注释
小麦	16 Gb	International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC)	https://www.wheatgenome.org/		多种小麦品种的基因组数据
棉花	2.5 Gb	Cotton Functional Genomics Database (CottonFGD)	https://cottonfgd.net/		包含基因组、转录组数据和分析工具
大豆	1.1 Gb	SoyBase	https://www.soybase.org/		遗传信息、基因组序列、转录组数据等
油菜	1.1 Gb	BnIR (油菜多组学数据库)	https://yanglab.hzau.edu.cn/BnIR		甘蓝型油菜的基因组信息
番茄	-	Sol Genomics Network (SGN)	https://solgenomics.net/		茄科植物基因组信息
葡萄	487 Mb	Vitis Genome Database (VitisGDB)	http://vitisgdb.ynau.edu.cn/		葡萄属物种的基因组数据
谷子	-	Setaria italica Functional Genomics Database (SIFGD)	http://structuralbiology.cau.edu.cn/SIFGD/index.html		谷子的功能基因组学数据
拟南芥	125 Mb	The Arabidopsis Information Resource (TAIR)	http://www.arabidopsis.org/		模式植物拟南芥的基因组资源
人类	3.2 Gb	NCBI Gene	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/		提供人类基因信息
小鼠	2.7 Gb	Mouse Genome Informatics (MGI)	http://www.informatics.jax.org/		小鼠基因组和相关数据
果蝇	180 Mb	FlyBase	http://flybase.org/		果蝇基因组和遗传信息

斑马鱼	1.4 Gb	The Zebrafish Information Network (ZFIN)	http://zfin.org/		斑马鱼基因组和发育信息
细菌	多样	NCBI Genome	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/		美国国立生物技术信息中心提供的细菌基因组数据
真菌	多样	JGI MycoCosm	https://mycocosm.jgi.doe.gov/		真菌基因组数据库，由DOE联合基因组研究所维护
病毒	多样	Virological Data Resources (ViPR)	https://www.viprbrc.org/		病毒序列和基因信息数据库
多物种	-	Ensembl Genomes	http://ensemblgenomes.org/		包括植物、动物、真菌和原生生物的基因组数据
多物种	-	Phytozome	https://phytozome.jgi.doe.gov/		绿色植物比较基因组学数据库
多物种	-	miRBase	http://www.mirbase.org/		收录 miRNA 信息的综合型公共数据库

参 考 文 献

- [1] 《环境微生物宏基因组检测高通量测序法》（GB/T 40226-2021）
- [2] 《高通量基因测序技术规程》（GB/T 30989-2014）
- [3] 《用于病原微生物高通量检测的核酸提取技术规范》（GB/T 40458-2021）。
- [4] 《植物品种鉴定MNP标记法》（GB/T 38551—2020）
- [5] 全球首个针对基因测序仪的行业标准——《高通量测序仪标准》（YY/T 1723-2020）
- [6] 《高通量基因测序项目分类》（T/GDPMAA 0012—2023）广东省精准医学应用学会团体标准
- [7] 动物制品中动物源性检测基因条码技术Sanger测序法（GB/T 35918-2018）
- [8] 地理标志产品标准通用要求（GB/T 17924）
- [9] 国家知识产权局2024年第80号《地理标志产品保护办法》