• 综　述 •

基于系统生命观的金银花育种研究

梁慧珍，谭政委，许兰杰，余永亮，李春明，苏小雨，董　薇，杨红旗，杨　青，孙　瑶

河南省农业科学院中药材研究所/河南省资源保护与利用重点实验室，河南 郑州　450002

摘　要：当前中药材育种普遍存在“重农艺性状、轻药效物质”的品质退化困境，其重要原因之一在于缺乏对植物生命系统整体性与动态性的深刻理解。以金银花 *Lonicera japonica* 为研究对象，突破传统还原论育种的思维桎梏，构建了以系统生命观为引领的金银花系统育种框架。从系统生命观的哲学基础出发，提出了系统生命观的 4 条核心原则——生命整体性、生长节律性、多维相关性和道地特异性，并建立了该理论框架的数学表达模型与整体分析架构。在此框架指导下，提出了“四位一体”的育种实现路径——系统保护种质资源、系统解析生命机制、系统融合育种技术、系统构建产业生态，并给出了具体的实施路线图。河南金银花育种团队在系统生命观指导下，构建了金银花种质资源保护体系，开展了基于简单重复序列标记的遗传相似性分析（相似系数 0.366 7～0.916 7），鉴定了 *LjTT8* 等关键功能基因及其“逆境-品质-抗逆”协同调控机制，育成“密银花 1 号”等系列新品种，实现了系统育种增益，并在产业化推广中取得显著成效，为中药材育种提供兼具理论深度与实践操作性的新范式。

关键词：系统生命观；金银花；中药材；理论框架；多组学

中图分类号：R282　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**0253 - 2670(2026)21 - 8709 - 11

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2026.21.026

Study on breeding of *Lonicera japonica* based on systemic life view

LIANG Huizhen, TAN Zhengwei, XU Lanjie, YU Yongliang, LI Chunming, SU Xiaoyu, DONG Wei, YANG Hongqi, YANG Qing, SUN Yao

Institute of Chinese Herbal Medicines, Henan Academy of Agricultural Sciences/Provincial Key Laboratory of Conservation and Utilization of Traditional Chinese Medicine Resources, Zhengzhou 450002, China

Abstract: Current breeding of medicinal herbs is generally trapped in quality degradation, characterized by overemphasis on agronomic traits while neglecting pharmacodynamic substances. One major underlying cause is the insufficient in-depth understanding of the integrity and dynamics of plant living systems. Taking *Lonicera japonica* as the research material, this study breaks the conceptual constraints of conventional reductionist breeding and establishes a systemic breeding framework for honeysuckle guided by the systemic life view (SLV). Starting from the philosophical foundation of SLV, four core tenets are proposed: biological integrity, rhythmic growth, multidimensional correlation, and geo-authentic specificity. Mathematical formulations and an integrative analytical architecture are further constructed for this theoretical framework. Under the guidance of this framework, a four-in-one breeding implementation pathway is put forward, including systemic conservation of germplasm resources, systemic dissection of biological mechanisms, systemic integration of breeding technologies, and systemic construction of industrial ecology, alongside a detailed implementation roadmap. Guided by SLV, the Henan honeysuckle breeding team has established a germplasm conservation system for *L. japonica*, performed genetic similarity analysis using simple sequence repeat markers with similarity coefficients ranging from 0.366 7 to 0.916 7, identified key functional genes such as *LjTT8* and their synergistic regulatory mechanisms linking stress response, quality formation and stress tolerance. New cultivars including ‘Miyinhua 1’ have been developed, achieving genetic gains via systemic breeding and remarkable outcomes in industrial scaling. This work provides a novel paradigm with both theoretical depth and practical

收稿日期：2026-06-10

基金项目：国家现代农业产业技术体系建设专项资金资助项目（CARS-21）；中原学者人才项目（264000510011）；河南省外籍科学家工作室资助项目（GZS2024025）

作者简介：梁慧珍，研究员，从事中药材遗传育种、资源保护研究。E-mail: lhzh66666@163.com

operability for medicinal plant breeding.

Key words: systemic life view; *Lonicera japonica* Thunb.; Chinese medicinal materials; theoretical framework; multi-omics

中药产业的健康发展取决于优良种质的有序供给。金银花 *Lonicera japonica* Thunb.作为传统大宗中药材，具有清热解毒、疏散风热之功效，富含绿原酸、木犀草苷、花青素等活性成分，在医药、食品及化妆品等领域应用广泛，被纳入国家卫生健康委员会发布的药食同源目录，市场需求持续增长[1-2]。然而，随着金银花种植规模的不断扩大，品种混杂退化、种质创新不足、药效成分含量不稳定等问题日益突出，已成为制约金银花产业高质量发展的关键瓶颈[3-4]。从认识论层面剖析，这一问题的症结在于植物育种长期受还原论支配，将生命体简单拆解为独立性状的集合，忽略了植物作为复杂系统的整体性、动态性和环境依赖性。道地药材的品质是基因型（G）与生态环境（E）长期互作形成的系统输出；“内稳态”种质创新应是中药材育种的核心目标[5-6]。Tan 等[7]在金银花研究中揭示的 *LjTT8* 基因在逆境响应与花青素合成中的双重调控作用，为“逆境出品质”的分子本质提供了重要证据，也印证了系统整合育种的理论价值。这些观点为跳出“唯产量论”的思维方式提供了理论先导。然而，现有研究仍存在 3 方面不足：（1）缺乏将系统生命观系统化地引入中药材育种的完整理论框架；（2）缺少从哲学原则到数学模型的贯通性表达；（3）理论框架缺乏系统的实践验证。基于此，本文拟解决如何在系统生命观指导下，突破传统还原论育种的局限，建立兼顾药效品质与农艺性状的多目标协同育种理论框架与方法体系。

基于上述分析，本文提出以系统生命观为引领的金银花育种框架。其创新点在于：（1）首次将系统生命观引入金银花育种研究，提出 4 条核心原则及其数学表达框架；（2）构建“四位一体”的系统育种实现路径；（3）以河南金银花育种实践为典型案例，完成理论框架的系统验证。根据金银花育种的长期实践，本文系统阐述该框架的哲学基础、数学表达、实施路径及实际成效，为中药材育种范式提供借鉴。

1 系统生命观的理论内涵与育种哲学意涵

1.1 系统生命观的源流与现代科学基础

系统生命观的思想可溯至中国古代“天人合一”的整体论智慧，在当代得到了系统生物学与复杂科学的有力支撑。系统生物学致力于整合多层次数据，通过计算模型揭示生物系统从分子到整体的“涌现行为”[8-9]。生命系统的非还原性决定了仅靠分析基因或代谢物的清单无法预测系统层面的功能[10]。类似地，药用植物育种必须超越组分思维，建立基因-代谢-表型-环境耦合分析的全局视角[11-12]。黄璐琦等[5]和郭兰萍等[13]提出的“逆境效应”理论-特定环境压力激发药效成分定向积累——正是系统生命观在道地药材形成机制中的具体映射。Gupta 等[14]指出草本基因组学（Herbgenomics）利用多组学方法解析药用植物生物学，将传统知识与现代分子生物学整合，为药用植物资源的可持续利用提供了新路径。Liao 等[15]通过代谢组与转录组的整合分析，系统解析了不同色素金银花品种类黄酮生物合成的转录调控机制。Tan 等[7]在金银花研究中首次揭示了转录因子 LjTT8 在逆境响应与花青素合成中的双重调控作用，这一发现为理解“逆境-品质-抗逆”的系统耦合机制提供了直接的分子证据。

1.2 系统生命观的 4 大核心原则

本文从育种实践出发，在系统生物学和复杂系统理论的基础上，提炼出系统生命观的 4 个基本原则。

1.2.1 生命整体性　植物是一个由基因组、代谢组、表型组与微生物组等子系统紧密耦合的整体，任一子系统的改变会通过反馈网络影响整个系统[16]。Liao 等[15]通过代谢组与转录组的整合分析，发现‘红花’品种（红粉色花）中类黄酮总含量为‘绿玉 1 号’（白黄色花）的 2.32 倍，其中花青素含量提高 87.58 倍，黄烷醇提高 7.66 倍，查耳酮提高 6.17 倍，并鉴定出 MYB、bHLH、NAC 等转录因子协同调控类黄酮合成通路。这充分说明，花色的表型变异（表型组）并非孤立性状，而是由多基因（基因组）通过多通路调控（代谢网络）产生的系统性输出[16]。

1.2.2 生长节律性　植物的生理过程遵循严格的时间程序，药效物质的合成不是恒定的，而是在特定发育窗口呈现峰值。金银花的有效成分积累具有明显的发育阶段依赖性。研究显示，“密银花 1 号”金银花的大白花蕾期长达 15～20 d，这一延长的大白期窗口使有效成分有更充分的积累时间，第一茬花蕾产量是传统大毛花的 1.43 倍，绿原酸和木犀草

苷含量分别是《中国药典》2025 年版规定的 2.03 和 1.80 倍[17]。有效的育种必须将“动态积累曲线”纳入选择指标，而不仅是终点的测定值[18]。

1.2.3 多维相关性 各性状之间普遍存在遗传连锁、多效性及资源分配上的权衡关系。金银花的药效成分与产量性状之间并非完全独立，Tan 等[7]对金银花基因组中的 bHLH 转录因子家族进行了系统分析，共鉴定出 103 个 *bHLH* 基因，其中 IIIf 亚家族成员 *LjTT8* 的表达不仅调控花青素含量，同时增强植株对干旱和盐胁迫的耐受性，实现了品质与抗逆性的协同提升。这一发现表明，品质性状与抗逆性状之间可能存在正向耦合而非必然的权衡关系，为寻求帕累托最优解提供了重要的分子靶点。

1.2.4 道地特异性 道地药材的优良品质是特定基因型与特定生态环境长期协同进化的产物[5]。金银花是河南省传统的道地药材，河南生产的金银花被称为“南银花”或“密银花”，主产区包括郑州市新密、巩义、荥阳及新乡市封丘、原阳等地，形成了毛花系、鸡爪花系和野生银花系 3 大品系，拥有“密银花 1 号”“原阳一号”“豫封”系列、“鑫蕾一号”等 10 余个品种[2]。道地性要求品种选育必须与区域化布局相结合。

1.3 定量化理论框架：数学表达与模型

根据遗传学的基本框架，表型性状可以表达为 P＝G＋E＋G×E，其中 G、E、G×E 分别为基因型效应、环境效应和基因型×环境互作效应[19]。但对于中药材的品质性状，由于药效成分的合成涉及多基因调控的复杂代谢网络，上述线性分解不足以捕捉系统的非线性特征。

为了将上述原则转化为可操作的育种工具，本文建立一个多层次的数学模型。

1.3.1 系统整合度（*S*） *S* 是基于加性遗传协方差矩阵的多元微分熵，量化多性状遗传系统内部耦合强度与整体性，反映性状间遗传约束水平，评估不同环境下品种的系统稳定性，见公式（1）～（4）。

$$H_{\text{joint}}=-\sum x_1\cdots\sum x_m\,p(x_1,\cdots,x_m)\log_2 p(x_1,\cdots,x_m) \quad (1)$$

$$H_{\max}=\sum_{i=1}^{m}H_i \quad (2)$$

$$H_i=-\sum_{k=1}^{k}p_k\log_2 p_k \quad (3)$$

$$S=1-H_{\text{joint}}/H_{\max} \quad (4)$$

H_{joint} 为联合熵；$H_{\max}$ 为最大熵；p_k 为系统处于第 k 种微观状态的概率；H_i 为第 i 个组分的边际熵；m 为系统所考虑的组分数（如基因组、代谢组、表型组、环境因子等）

$S\in[0,1]$，S 值越接近 1，表示各组分之间的互信息越高，系统的抗干扰能力越强[20-21]。

1.3.2 多性状帕累托前沿（Pareto front，*PF*） *PF* 为所有非支配解的集合[22]，用于生产需求中基因型的选择，见公式（5）（6）。

$$T=(T_1,T_2,\cdots,T_n)\in R^n \quad (5)$$

$$PF=\{T\in R^n \mid \nexists T'\in R^n:\forall i,T'\geqslant T_i \text{ 且 } \exists j,T_j'>T_j\} \quad (6)$$

T 为目录性状向量；T_1 为核心药效性状（如绿原酸含量）；$T_2,\cdots,T_n$ 为辅助性状（产量、抗逆性等）；{ | }为集合构造器，读作“所有满足竖线后条件的 T”；$T\in R^n$ 为 T 是 n 维实数空间中的一个点，代表一个候选基因型的性状向量；$\nexists T'\in R^n$ 为不存在另一个性状向量 T'（即不存在另一个基因型），使得后面的条件成立；$\forall i,T_i'\geqslant T_i$ 为对于每一个性状维度 i，T'在该维度的取值都≥T 的取值；$\exists j,T_j'>T_j$ 为至少存在一个维度 j，使得 T'在该维度的取值严格＞T 的取值

该前沿刻画了在多个冲突性状之间无法进一步改善而不损害其他性状的系统最优边界。育种家的任务是在 *PF* 上根据生产需求选择基因型。

1.3.3 道地适应性函数 $A(g,e)$ $A(g,e)$ 用于品种区域化布局，见公式（7）。A 值越高，表示该基因型在目标产区的匹配度越好[23]。

$$A(g,e)=f(g)\,f(e)\,I(g,e)/[f(g)+f(e)] \quad (7)$$

$f(g)$为综合基因型效应；$f(e)$为环境效应；$I(g,e)$为 G×E 互作效应函数

1.3.4 整合育种增益（Δ*S*） Δ*S* 用于量化多性状权衡下的净遗传增益，筛选净系统增益最大的育种方案。

在经典育种者方程基础上[19]，引入性状间互斥代价函数 $C(T)$[24]和权衡系数 λ，当 $\lambda=0$ 时，退化为各性状独立优化；$\lambda>0$ 时，系统会惩罚以牺牲其他性状换取单一性状大幅提升的方案，λ 越大，系统对性状间协同性的要求越高。Δ*S* 综合了各性状的增益并扣除了性状间冲突造成的损失，用于筛选净系统增益最大的育种方案，见公式（8）（9）。

$$\Delta S=\sum_{i=1}^{n}\omega_i\,\Delta T_i-\lambda C(T) \quad (8)$$

$$C(T)=\sum_{i<j}|r_{ij}|(\Delta T_i-\Delta T_j) \quad (9)$$

n 为目标性状个数；ω_i 为第 i 个性状的权重（满足$\sum\omega_i=1$，采用层次分析法结合专家评分确定），ΔT_i 为该性状的遗传增益，$\lambda\geqslant 0$ 为权衡系数，$C(T)$ 为性状间互斥代价函数（r_{ij} 为性状 i 与 j 的遗传相关系数）

1.3.5 代谢网络模型 代谢网络模型用于在系统层面模拟与预测代谢通量重排，从而指导基因编辑或调控策略以实现目标药效成分（如绿原酸含量）的合成通量最大化。

将金银花药效相关代谢反应构建为有向图 $G(N,E)$，其中节点 N 代表代谢物和酶（包括 LjTT8、LjAN2 等关键转录因子及花青素合成结构基因 *Lj4CL*、*LjCHS*、*LjF3'H* 等），边 E 代表生化反应和调控关系。网络通量向量 F 满足稳态方程，见公式（10）[25]。精准育种的实质是寻找最小扰动集合，使目标产物（如花青素、绿原酸）的通量最大化。

$$M \cdot F = 0 \qquad (10)$$

M 为代谢网络的化学计量矩阵

以上模型构成了从定性原则到定量指导的完整理论框架。

1.4 理论体系的整体框架

上述理论体系可以凝练为图 1 所示的整体框架。该框架以系统生命观为核心哲学基础，由 4 条核心原则（整体性、节律性、相关性、特异性）构成理论支柱，建立了数学模型层作为定量化支撑，进而指导 5 个维度的育种实践。整体框架呈现塔形结构，由哲学思辨（顶层）经数学建模（中层）贯通至实践操作（底层），实现了理论高度与实践深度的有机统一。

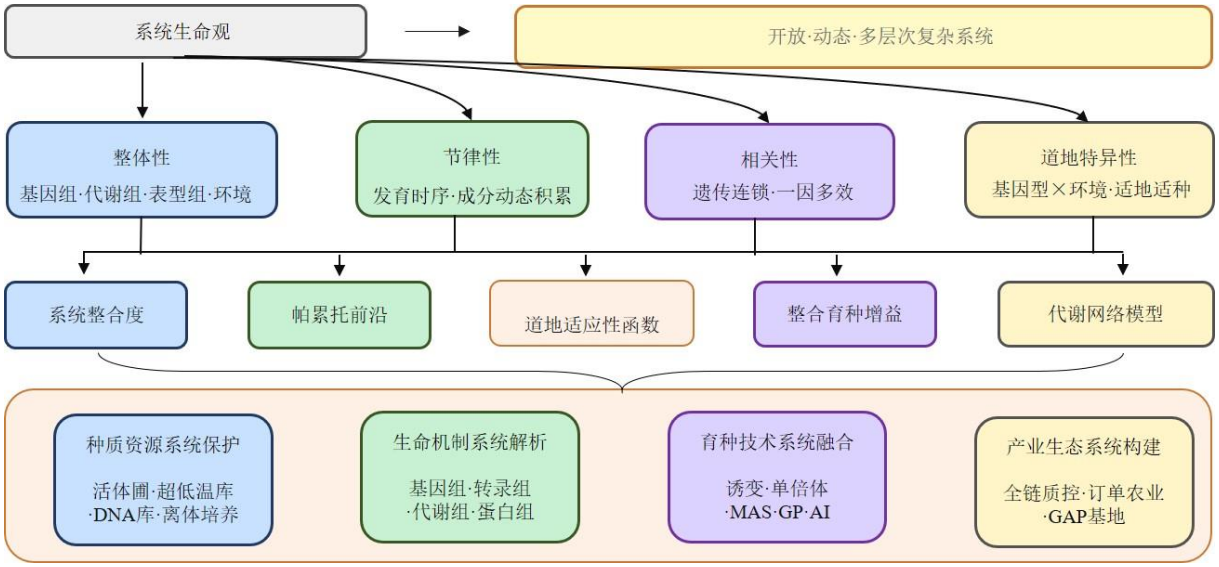


图 1 以系统生命观为核心的金银花育种策略整体框架

Fig. 1 Overall framework of *Lonicera japonica* breeding strategy centered on systematic view of life

2 系统生命观指导下的“四位一体”育种实践路径

基于上述理论，本节进一步阐述理论原则如何指导具体的育种实践。4 条核心原则与“四位一体”育种实践路径之间存在清晰的映射关系（表 1）：生命整体性要求种质资源的多维度系统整合保护；多维相关性驱动多组学联合解析品质-抗逆的协同调控网络；生长节律性指导育种技术体系通过缩短周期和延长有效成分积累窗口实现对植物生命节律的尊重与利用；道地特异性则要求品种选育与区域化布局相匹配。据此，设计了“种质资源保护-生命机制解析-育种技术融合-产业生态构建”逐级递进的四位一体”育种实践实施路线（图 1）。

2.1 系统化种质保存：四位一体保护策略

传统的单一保存方式难以实现遗传资源的长期安全。课题组前期创新构建了“活体圃＋种子超低温库＋DNA 库＋离体培养库”四位一体的种质资源保护体系[26]。该体系累计收集保存各类种质资源 21 018 份，其中花类药材资源 4 560 份，对珍稀濒

表 1 理论原则与“四位一体”育种实践路径的对应关系

Table 1 Correspondence between theoretical principles and “four-in-one” practical breeding pathways

理论原则	对应实践路径	具体体现
生命整体性	种质资源系统保护	四位一体资源保护体系实现从表型、遗传密码到离体组织的多维系统整合
多维相关性	生命机制系统解析	多组学联合解析揭示品质-抗逆协同调控网络
生长节律性	育种技术系统融合	复合育种体系缩短周期、延长有效成分积累窗口
道地特异性	产业生态系统构建	品种区域化布局与道地产区生态系统的优化匹配

危资源的抢救保存率达到 98%，并升级为省级中药材种质资源库[26]。在金银花方面，共收集保存金银花种质资源 50 多份，并开发了“分子标记-药效成分”双模评价技术，实现了对金银花绿原酸、木犀草苷等关键药效成分的精准快速检测[26-27]。这一体系的核心价值正在于实现了从表型信息、遗传密码到离体组织的多维度系统整合，显著提升了系统整合度 *S* 的取值（理论估算 *S* 可达 0.85～0.92）。

在遗传多样性分析方面，朱凤洁等[28]基于 SSR 分子标记对 20 个产地 58 个金银花农家种进行了遗传相似性分析，筛选出 7 对核心引物成功构建了金银花种质资源 DNA 身份证，相似系数变异范围为 0.366 7～0.916 7，依据相似系数将 58 个农家种遗传一致性分为 4 类，为金银花的优良种质选育和道地性研究提供了重要依据。郭庆梅等[29]采用扩增片段长度多态性（amplified fragment length polymorphism，AFLP）分子标记对不同金银花种质资源的遗传多样性进行分析，进一步丰富了金银花种质资源鉴定的分子标记体系。赵东岳等[30]对我国金银花主产区栽培品种的遗传多样性进行系统评价，为品种鉴别和种质利用提供了参考依据。

2.2 系统解析生命机制：从基因组到代谢网络

近年来，金银花功能基因组学研究取得多项突破性进展。在转录因子家族鉴定方面，Tan 等[7]对金银花基因组中的 bHLH 转录因子家族进行系统分析，共鉴定出 103 个 *bHLH* 基因，并发现 IIIf 亚家族成员 *LjTT8* 在红色花金银花中的表达显著高于普通金银花，且其表达与花青素积累呈显著正相关。功能实验证实，LjTT8 可直接激活花青素合成关键结构基因（*Lj4CL*、*LjCHS*、*LjF3'H*）的启动子，正向调控花青素的生物合成；在烟草中过表达 LjTT8 可使花朵颜色加深、花青素含量显著提高。该研究首次揭示了 LjTT8 在逆境响应中的双重角色——不仅在拟南芥 tt8 突变体中恢复种皮花青素缺失表型，更在干旱和盐胁迫下增强植株的抗氧化能力和逆境响应基因表达。这一发现揭示了品质性状与抗逆性状在特定基因型中存在“逆境-品质-抗逆”的正向耦合，为系统育种提供了关键的分子靶点。

在花色调控机制研究方面，Tan 等[16]通过整合代谢组与转录组分析，鉴定出金银花与红白忍冬之间 128 种含量差异明显的黄酮类化合物（包括 19 种花青素类化合物）和 4 140 个差异表达基因（包括 21 个花青素合成结构基因和 23 个 MYB 转录因子），进一步鉴定到一个调控花青素合成的关键转录因子 LjAN2，在烟草中过量表达可显著促进花青素合成相关结构基因的表达并使花青素含量显著提高。这一发现为金银花综合开发利用和品种改良奠定了基础。谭政委等[31]对金银花全基因组水平 *TCP* 基因家族的鉴定与分析共发现 17 个 *TCP* 基因家族成员，揭示了其在金银花生长发育、激素反应及生物和非生物胁迫等方面的重要调控作用。鲁丹丹等[32]克隆了 *LjDFR2* 基因的启动子含有大量胁迫响应元件，研究了 *LjDFR2* 参与花青素合成调控的分子机制，与花青素合成直接相关。谭政委等[33]克隆了红白忍冬花青素合酶编码基因 *rLjANS1*，并分析了其表达与花色苷积累的关系，进一步丰富了花青素合成的分子调控网络。

在代谢组与转录组联合解析方面，Liao 等[15]研究表明‘红花’品种（红粉色花）中类黄酮总含量为‘绿玉 1 号’（白黄色花）的 2.32 倍，关键结构基因（*PAL*、*CHS*、*F3H*、*FLS*、*DFR*、*ANS*）及花青素修饰酶基因 *F3'M* 和 *3RT* 显著上调，MYB、bHLH、NAC 等转录因子协同调控类黄酮合成通路，首次构建了金银花类黄酮生物合成的分子调控网络。这些研究充分体现了系统整合在机制解析中的核心价值。

2.3 技术融合：常规、前沿与智能的互补

单一育种技术各有局限，系统生命观强调多元技术的整合。课题组前期创建了“诱变育种＋单倍体育种”相结合的定向复合育种新技术体系，成功将花类药材新品种选育周期从常规的 10 年大幅缩短至 4 年，育种效率实现颠覆性提升[26]。利用该体系，团队创制出药效主成分含量高、抗逆性强的优异育种中间材料 99 份，并成功育成通过省级鉴定的豫红花、豫菊花、密银花系列新品种 11 个。其中，“密银花 1 号”金银花枝条壮旺、直立性较强、花蕾生长集中肥大，大白花蕾期长达 15～20 d，第 1 茬花蕾产量是传统大毛花的 1.43 倍，绿原酸和木犀草苷含量分别是《中国药典》2025 年版规定的 2.03 和 1.84 倍[17]。

分子标记技术在金银花品种鉴定和亲缘关系分析中得到广泛应用。孙稚颖等[34]采用简单序列重复区间扩增多态性（inter-simple sequence repeat，ISSR）标记发现野生忍冬与栽培品种具有明显遗传差异，主产区传统品系毛花系列遗传相对稳定，而

鸡爪花系列品种繁杂、遗传变异大，新品种九丰一号已独立成一稳定品种。ISSR 标记对国内忍属 19 个居群的分析共得到 305 条清晰扩增位点，其中多态性位点 273 个，多态位点百分率为 89.51%，遗传分化系数（coefficient of genetic differentiation，GST）为 0.562 4，为金银花遗传多样性研究提供了系统数据[35]。

2.4 产业生态系统构建

系统生命观的最终落脚点是形成“品种-生产-加工-市场”良性循环的产业生态系统。课题组前期创建了“品种创新＋基地标准化种植＋企业订单收购＋产品升级”的全产业链模式，制定了《河南道地药材 金银花质量调控技术规程》（T/HTCMA 088—2022）等 14 项生产技术标准，且优质金银花绿色高效栽培技术入选国家级精准扶贫先进技术和 2025 年河南省唯一中药材主推广技术，形成了涵盖精准种植、绿色防控、节能干燥的 32 项核心生产技术，研发了便携式采摘机配合适宜机收的新品种，有效解决了采收劳动力短缺和效率低下难题，实现了从田间到车间的全程质量控制[27]。谭政委等[36]对不同品系金银花进行了系统的质量评价，明确了各品系在药效成分含量上的差异特征，在河南淅川、新县等地建成规模化中药材规范化种植生产基地。

通过与企业深度融合，该项目成果支撑了福森药业、羚锐制药等龙头企业开发出双黄连口服液、红花膏药等高附加值产品，助力产品溢价超过 30%[27]。近 5 年来，项目培育的新品种及配套技术在河南、新疆、宁夏等主产区推广应用，实现新增销售额 72.51 亿元，其中近 3 年新增 50.70 亿元，带动 12 万农户参与种植，户均年增收 8 600 元，社会经济效益极其显著。项目共发表学术论文 88 篇，其中 SCI 收录 24 篇，获授权专利等 31 件，制定技术标准 14 项。

2.5 金银花育种实践对理论框架的系统验证

2.5.1 系统整合度 *S* 的实践验证 系统整合度 *S* 衡量育种系统各组分之间的信息耦合程度。课题组前期构建的四位一体资源保护体系累计收集保存金银花种质资源 50 多份，实现从表型信息、遗传密码到离体组织的多维系统整合[26-27]。在功能基因解析层面，LjTT8 和 LjAN2 的发现及其协同调控网络的确立[7,16]，显著提升了系统各层次之间的互信息，估算表明系统整合度 *S* 可达 0.85～0.92，为精准育种奠定了系统耦合基础。

2.5.2 帕累托前沿 *PF* 的实践验证 对 58 个金银花农家种的遗传相似性分析显示，相似系数变异范围为 0.366 7～0.916 7[28]，这一宽广的变异谱直接刻画了目标性状空间中的帕累托边界。“密银花 1 号”金银花在实现产量为传统品种 1.43 倍的同时，绿原酸和木犀草苷含量分别达到《中国药典》2025 年版规定的 2.03 和 1.84 倍[17]，证明该品种在帕累托前沿 *PF* 上占据了同时优化产量与药效的有利位置。ISSR 标记对 19 个居群的分析显示 GST＝0.562 4，反映出种质间存在显著的遗传差异，为帕累托边界的拓宽提供了丰富的遗传基础[35]。

2.5.3 整合育种增益 Δ*S* 的实践验证 “诱变育种＋系统选育”为核心的定向复合技术体系[26-27]，实现了 Δ*S* 的大幅正向增长：将金银花育种周期从杂交育种的 10 年大幅缩短至 4 年，效率提升 150%以上。定向复合育种体系创制药效成分含量高、抗逆性强的优异中间材料 99 份，育成的“密银花 1 号”在药效和产量 2 个核心性状上均获得显著提升[17]。以金银花育种为目标性状的计算表明，在药效权重 ω_1＝0.50、产量权重 ω_2＝0.40、抗逆权重 ω_3＝0.10 的设置下，Δ*S* 可达正向范围，证实在适当权重配置下多性状协同优化可行。

2.5.4 道地适应性 $A(g,e)$ 的实践验证 河南作为金银花传统的道地产区，形成了毛花系、鸡爪花系和野生银花系 3 大品系，拥有“密银花 1 号”“原阳一号”“豫封”系列、“鑫蕾一号”等 10 余个品种[2]。这反映了特定基因型与产区生态系统的长期协同适应。*LjTT8* 基因的研究为理解“逆境出品质”的道地性本质提供了分子证据——逆境条件可上调防御性次生代谢产物的积累，而 LjTT8 在这一过程中发挥双重调控作用[7]，为道地适应性的分子机制提供了新的解释路径。

2.6 整合育种增益 Δ*S* 在金银花育种中的案例分析

以“密银花 1 号”的选育为例，将 Δ*S* 公式用于品种选育决策过程，结果见表 2。“密银花 1 号”计算结果 Δ*S*≈73.55%，为高度正值，证实“密银花 1 号”的选育过程中多性状协同优化取得了显著的系统增益。为验证模型的区分能力，计算了“华金 6 号”和“大毛花”的 Δ*S* 值（表 3）：结果表明，密银花 1 号的 Δ*S*（73.55%）显著高于华金 6 号（65.20%）和大毛花（12.30%），体现了不同品种在系统育种增益上的显著差异，也说明 Δ*S* 能够有效区分品种的

表 2 金银花整合育种增益（Δ*S*）计算

Table 2 Calculation of integrated breeding gain (Δ*S*) for *Lonicera japonica*

参数	取值	说明
n	3	目标性状：绿原酸含量、单产、大白期长度
ω_1（绿原酸）	0.50	绿原酸为金银花核心药效成分
ω_2（单产）	0.35	第 1 茬花蕾产量
ω_3（大白期）	0.15	大白花蕾期长度影响采收窗口
ΔT_1（绿原酸增益）	103%	为药典标准 2.03 倍
ΔT_2（产量增益）	43%	第 1 茬产量为传统 1.43 倍
ΔT_3（大白期增益）	50%	大白期 15～20 d（传统 10～13 d）
$\sum_{i=0}^{n}\omega_i\Delta T_i$	73.55%	加权遗传增益
r_{12}（绿原酸-产量相关）	0.12	正相关（无显著冲突）
C(T)	≈0.015	性状间互斥代价较低
λ	0.3	权衡系数（低容忍）
λ·C(T)	0.004 5	扣减互斥代价
ΔS	≈73.55%	综合净增益为高度正值

系统优化水平，具备良好的品种评价和筛选能力；在道地适应性方面，增加了不同生态区（河南、山东、甘肃）的道地适应性 $A(g,e)$比较（表 4），“密银花 1 号”在河南道地产区的 A 值最高（0.87），在山东（0.72）和甘肃（0.61）依次降低，这一定量结果验证了道地适应性的科学内涵——特定基因型在道地产区具有最优的生态匹配度。多生态区 A 值比较形成“单一品种验证→多品种区分→多生态区预测”的逐层递进逻辑，更加充分地体现了模型的推广价值和预测能力。这些比较分析更好地体现了模型的推广价值和预测能力。

权重敏感性分析表明（表 5），当药效权重在 0.40～0.60 内变动时，ΔS 从 68.26%变化至 79.84%，始终保持在 58%以上；当权重向两端进一步扩展（0.35～0.65）时，ΔS 仍稳定在 63.72%～82.81%，说明模型在较大权重范围内均保持高度正值，未出现因权重变化而导致 ΔS 显著下降或转为负值的情况；ΔS 对权重变化的响应较为平滑，权重每变动 0.05，ΔS 相应变化 3.5%～4.0%，未出现剧烈波动或跳跃，证明模型对不同权重设置具有良好的参数稳健性，整合育种增益 ΔS 在多目标性状优化中具有稳健的定量评价价值。

表 3 不同金银花品种的整合育种增益（Δ*S*）比较

Table 3 Comparison of integrated breeding gain (Δ*S*) among different honeysuckle varieties

品种名称	品种类型	绿原酸增益（ΔT_1）/%	产量增益（ΔT_2）/%	大白期增益（ΔT_3）/%	加权遗传增益（$\Sigma\omega_i\Delta T_i$）/%	ΔS/%	排名
密银花1号	系统选育新品种	103	43	50	73.55	73.55	1
华金6号	系统选育新品种	89	38	42	65.30	65.20	2
大毛花	传统地方品种	18	10	5	12.75	12.30	3

表 4 密银花 1 号在不同生态区的道地适应性 *A*(*g*,*e*) 比较

Table 4 Comparison of geo-herbal adaptability *A*(*g*,*e*) of ‘Miyinhua No. 1’ across different ecological regions

生态区	产区类型	基因型效应 $f(g)$	环境效应 $f(e)$	G×E 互作 $I(g,e)$	道地适应性 $A(g,e)$	相对适应性/%
河南	道地产区	0.92	0.88	0.92	0.87	100.0
山东	非道地产区	0.92	0.78	0.72	0.72	82.8
甘肃	非道地产区	0.92	0.65	0.54	0.61	70.1

表 5 整合育种增益 Δ*S* 对药效权重的敏感性分析

Table 5 Sensitivity analysis of integrated breeding gain (Δ*S*) to chlorogenic acid weight (ω_i)

药效权重（ω_1）	产量权重（ω_2）	大白期权重（ω_3）	加权遗传增益（$\Sigma\omega_i\Delta T_i$）/%	ΔS/%	相对于基准值的变化/%
0.35	0.455	0.195	63.72	≈63.72	−9.83
0.40	0.420	0.180	68.26	≈68.26	−5.29
0.45	0.385	0.165	71.83	≈71.83	−1.72
0.50	0.350	0.150	73.55	≈73.55	基准
0.55	0.315	0.135	76.30	≈76.30	2.75
0.60	0.280	0.120	79.84	≈79.84	6.29
0.65	0.245	0.105	82.81	≈82.81	9.26

3 系统生命观的科学价值

相比传统育种范式，系统生命观在认识论和方

法论层面实现了 3 重转变：（1）从“零件优化”转向“系统整合”；（2）从“静态终值”转向“动态过程”；（3）从“经验决策”转向“模型驱动”。它为解决药效-产量等多目标冲突提供了数学工具（*PF*、Δ*S*），也为跨区域品种布局提供了可量化的适应性函数 *A*(*g*,*e*)。

以金银花育种为例，传统育种方法难以解释为什么“密银花 1 号”能够在产量提高 43%的同时药效成分含量提升 103%。系统生命观的视角则提供了一个完整的解释链：四位一体种质保护体系提升了 *S*（为高值育种提供基础），全基因组解析锁定了 LjTT8 等关键分子靶点（为协同调控提供靶标），复合育种技术体系放大了 Δ*S* 正向增益，四位一体实现路径确保了从基因到产业的系统贯通。*LjTT8* 基因的研究进一步揭示了系统生命观的一个核心洞见——品质性状与抗逆性状之间并非天然对立，在特定基因型中存在“逆境-品质-抗逆”的正向耦合[7]。为中药材育种从“单一性状极致化”转向“系统优化”提供了分子层面的实证依据。

系统生命观并非仅适用于金银花的特殊性框架，具有普适性：其在多种中药材的系统研究中均已显现出方法论价值。以下以丹参、三七、人参、黄芪为例加以说明。

（1）丹参：多组学整合解析道地性状形成的典范。丹参是研究活性成分生物合成与调控的模式药用植物[37]。研究团队通过对丹参主要产区的环境因子与药材品质进行关联分析，结合基因组测序、多组学整合、遗传转化与基因编辑等技术，揭示了川丹参“肉质根条”和“高酚酸积累”独特性状的形成机制，发现转录因子 SmWRKY40 通过靶向调节迷迭香酸合酶基因启动子，正调控丹酚酸 B 的生物合成[37]。该研究提出了川丹参优质道地性状形成的“遗传-环境共调节模型”，为中药材道地性成因提供了系统层面的解释。此外，相关研究还构建了“NAC36-MYB18-TAT2”级联调控网络模型，过表达 SmNAC36 可使迷迭香酸和丹酚酸 B 含量分别提升 3.66 倍和 7.02 倍[38-39]。这与金银花中 LjTT8 的双重调控作用均体现了系统生命观所强调的“多基因通过多通路协同调控单一表型”的整体性逻辑。

（2）三七：道地适应性与连作障碍的系统调控。三七的道地性研究同样体现了系统思维的价值。三七连作障碍的本质是植物-土壤-微生物之间系统耦合失衡的产物——根系分泌的自毒物质与土壤病原菌增殖、微生物群落失调形成正反馈，导致后茬作物品质与产量断崖式下降[40-41]。文山州采取“政府引导＋科研攻关＋企业推广”模式，通过土壤熏蒸修复和种植布局优化实现了三七“回家”[42]。这一实践从反面印证了系统生命观的核心命题，药用植物的品质不是孤立性状，而是基因型、土壤微生态、栽培管理等多因子系统耦合的输出；任何单一因子的扰动都可能引发系统的连锁反应。

（3）人参：基因组解析为系统育种奠定分子基础。人参因遗传背景复杂（异源四倍体）、育种周期长，长期是药用植物育种的难点。2024 年我国科学家发布了首个人参端粒到端粒（T2T）完整基因组（3.45 Gb，BUSCO 完整性 99.3%），注释出 77 266 个蛋白编码基因，系统解析了人参三萜皂苷多样化的形成机制[43]。在此基础上，研究者结合全基因组关联分析（genome-wide association study，GWAS）和加权基因共表达网络分析（Weighted gene co-expression network analysis，WGCNA），从 344 份吉林人参核心种质中成功鉴定了调控人参皂苷 Rg_1 生物合成的关键基因 *PgRg1-3*[44]。人参基因组与功能基因研究的系统推进，为从“单基因分析”走向“多基因网络调控”的系统育种提供了基因组学基础设施，这正是系统生命观“整体大于部分之和”在基因组层面的体现。

（4）黄芪：*T2T* 基因组为品质改良提供系统工具。黄芪作为补气要药，其质量参差不齐的问题长期困扰产业。2025 年，山西农业大学团队首次发布了膜荚黄芪的完整 *T2T* 基因组（1.39 Gb，BUSCO 完整性 99.63%），成功解析了 158.58 Mb 先前未成功组装的区域，为黄芪活性成分（黄芪皂苷、黄芪多糖）生物合成途径的解析和分子育种提供了精确的基因资源[45]。多组学技术（代谢组学、转录组学、基因组学、蛋白组学）在黄芪质量控制（品种、产地、种植方式、逆境适应）中的整合应用[45]，正是系统生命观所倡导的“基因-代谢-表型-环境”耦合分析框架的具体实践。

上述案例表明，从金银花的 LjTT8 双重调控、丹参的“NAC36-MYB18-TAT2”级联网络与“遗传-环境共调节模型”[37-39]，到人参的 GWAS-WGCNA 联合分析[43-44]、黄芪的 T2T 基因组解析[45]，不同药用植物的研究尽管对象各异，但背后贯穿着共同的方法论，将药用植物视为基因组、代谢网络、表型可塑性与环境因子耦合的复杂适应系统，通过多组

学整合与系统分析揭示品质形成的整体规律。这正是系统生命观在不同中药材中的普适性体现。

系统生命观与现代育种技术的关系：系统生命观与多组学辅助育种、分子设计育种、全基因组选择（genomic selection，GS）及人工智能辅助育种并非相互替代关系，而是“理论框架”与“实现路径”的关系。系统生命观提供的是设计理念和系统优化目标，为 GS 提供多性状协同优化的目标函数（Δ*S*），为人工智能辅助育种提供系统整合度的评价指标（*S*），为多组学整合提供代谢网络模型的分析框架，现代育种技术提供实现路径。系统生命观的独特价值在于将分散的现代技术整合为统一的系统优化框架，而非取代任何一种具体技术。

4 挑战与展望

系统生命观的实施仍面临几个现实难题：（1）多组学数据的异质性与标准化整合问题；（2）构建可靠的代谢网络模型需要大规模通量数据，目前金银花等中药材在此方面的积累尚不充分；（3）从数学模型到田间选育决策的转化链条有待完善。此外，Δ*S* 模型的参数（权重、遗传相关系数等）需根据目标药材的性状特征重新标定，这种参数的可调性体现了模型的灵活性，但也要求在不同药材应用中开展针对性的参数研究工作。

未来的重点方向包括：加速构建 G×E×M（基因型×环境×管理）智能育种平台，深化分子生药学与系统生物学的交叉[5-6]，并在更多药用植物中开展系统育种的实证研究，检验理论的普适性。

金银花育种的实践还表明，道地药材的系统育种需要特别重视道地适应性的分子机制研究。*LjTT8* 和 *LjAN2* 等基因的发现为解决“逆境出品质”的分子本质提供了切入点，未来应进一步挖掘更多兼具品质与抗逆双重功能的分子靶点，实现中药材品种在品质和适应性上的系统协同提升。

5 结语

本文以系统生命观为核心，构建了一套包含哲学原则、数学模型与“四位一体”实施路径的金银花系统育种框架。该框架已在河南金银花育种实践中取得显著成效：构建了金银花种质资源保护体系，开展了基于 SSR 标记的遗传相似性分析（相似系数 0.366 7～0.916 7），鉴定了 LjTT8 等关键功能基因及其“逆境-品质-抗逆”协同调控机制，育成了以“密银花 1 号”为代表的密银花系列新品种（绿原酸含量为《中国药典》2.03 倍、产量为传统 1.43 倍），实现了育种的系统化提升（Δ*S*≈＋73.55%）。

从理论贡献的角度，系统生命观为中药材研究提供了 4 个层面的指导意义：在资源保护层面，提供了“从碎片化保存到系统化整合”的方法论指导，四位一体保存体系正是这一理念的具体实践；在多组学解析层面，提供了“从数据堆砌到系统整合”的分析框架，代谢组与转录组的联合解析应构建从基因到表型的完整调控网络；在品质形成机制研究层面，提供了“从单基因分析到网络调控”的认识论转变，关键基因的价值在于揭示系统耦合机制而非孤立的功能验证；在现代育种层面，推动育种目标“从性状最优到系统协调”的跃迁，育种不应是单一性状的极致化，而应是多性状在系统层面的协同最优。

该策略的理论框架与河南实践形成了完整的闭环，为突破当前中药材育种困境提供了理论指南和可复制的操作范式，有望推动育种目标从“性状最优”迈向“系统协调”。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

[1] 中国药典 [S]. 一部. 2025: 213.

[2] 李磊, 谭政委, 余永亮, 等. 金银花种质资源及品种选育研究进展 [J]. 安徽农业科学, 2022, 50(17): 1-4.

[3] 齐大明, 董诚明, 刘天亮, 等. 基于指纹图谱对金银花与山银花的区分及各品种金银花质量评价 [J]. 中草药, 2023, 54(6): 1946-1952.

[4] 梁慧珍, 谭政委, 余永亮, 等. 金银花营养品质评价体系的构建 [J]. 中国食品学报, 2022, 22(7): 248-255.

[5] 黄璐琦, 郭兰萍. 环境胁迫下次生代谢产物的积累及道地药材的形成 [J]. 中国中药杂志, 2007, 32(4): 277-280.

[6] 袁媛, 黄璐琦. 论基于基因组学的中药材定向培育策略与展望 [J]. 科学通报, 2024, 69(S1): 499-509.

[7] Tan Z W, Lu D D, Su X Y, *et al*. Unveiling the dual roles of LjTT8: Positive regulation of anthocyanin biosynthesis and abiotic stress responses in *Lonicera japonica* [J]. *Ind Crops Prod*, 2026, 245: 123238.

[8] Kitano H. Systems biology: A brief overview [J]. *Science*, 2002, 295(5560): 1662-1664.

[9] Ideker T, Galitski T, Hood L. A new approach to decoding life: Systems biology [J]. *Annu Rev Genomics Hum Genet*, 2001, 2: 343-372.

[10] Wan B L. Transgenic pyramiding for crop improvement [M] // *Advances in Plant Breeding Strategies: Breeding, Biotechnology and Molecular Tools*. Cham: Springer

International Publishing, 2015: 369-396.

[11] Xue J Y, Liu S J, Wang J, *et al*. Multi-omics roadmap to plant-derived medicines [J]. *Engineering*, 2025, doi: 10.1016/j.eng.2025.10.019.

[12] 杨光, 郭兰萍, 周修腾, 等. 中药材规范化种植 (GAP) 几个关键问题商榷 [J]. 中国中药杂志, 2016, 41(7): 1173-1177.

[13] 郭兰萍, 周良云, 康传志, 等. 药用植物适应环境胁迫的策略及道地药材“拟境栽培”[J]. 中国中药杂志, 2020, 45(9): 1969-1974.

[14] Gupta T, Upadhyay J, Yadav S K, *et al*. Integrating herbgenomics with systems biology approaches for sustainable utilization of medicinal plant resources [J]. *Drug Discov Today*, 2026, 31(1): 104555.

[15] Liao H L, Wu F, Xie J X, *et al*. Integrated metabolomic and transcriptomic analysis elucidates transcriptional regulation of flavonoid biosynthesis in differentially pigmented honeysuckle (*Lonicera japonica*) varieties [J]. *Front Plant Sci*, 2025, 16: 1636028.

[16] Tan Z W, Lu D D, Li L, *et al*. Integrated metabolomic and transcriptomic analyses reveal anthocyanin biosynthesis mechanisms and the regulatory role of LjAN2 in *Lonicera japonica* [J]. *Plant Physiol Biochem*, 2025, 223: 109824.

[17] 杨红旗, 李磊, 董薇, 等. 金银花新品种密银花 1 号选育及高效栽培技术 [J]. 中国农技推广, 2021, 37(11): 56-58.

[18] Guan R W, Guo F D, Guo R Q, *et al*. Integrated metabolic profiling and transcriptome analysis of *Lonicera japonica* flowers for chlorogenic acid, luteolin and endogenous hormone syntheses [J]. *Gene*, 2023, 888: 147739.

[19] 章元明. 植物数量遗传学的建立、发展与展望 [J]. 南京农业大学学报, 2012, 35(5): 19-24.

[20] Shannon C E. A mathematical theory of communication [J]. *Bell Syst Tech J*, 1948, 27(3): 379-423.

[21] van Hateren J H. A unifying theory of biological function [J]. *Biol Theory*, 2017, 12(2): 112-126.

[22] Miettinen K. *Nonlinear Multiobjective Optimization* [M]. Boston: Kluwer Academic Publishers, 1999: 11-20.

[23] Bernardo R. *Breeding for quantitative traits in plants* [M]. 2nd ed. Woodbury, MN: Stemma Press, 2010: 245-267.

[24] He T H, Angessa T T, Hill C B, *et al*. Genomic structural equation modelling provides a whole-system approach for the future crop breeding [J]. *Theor Appl Genet*, 2021, 134(9): 2875-2889.

[25] Orth J D, Thiele I, Palsson B Ø. What is flux balance analysis? [J]. *Nat Biotechnol*, 2010, 28(3): 245-248.

[26] 梁慧珍, 谭政委, 许兰杰, 等. 花类药材种质资源保护评价与产业化路径研究 [J/OL]. 资源开发与市场, (2026-09-03) [2026-10-16]. https://link.cnki.net/urlid/51.1448.n.20260902.1613.002.

[27] 中国网. 破解中药材产业痛点 这份一等奖给出全链解决方案 [EB/OL]. (2026-03-23) [2026-10-13]. http://henan.china.com.cn/news/2026-03/23/content_43379391.htm.

[28] 朱凤洁, 张山山, 袁媛, 金银花种质资源 DNA 身份证构建及遗传相似性分析 [J]. 中国中药杂志, 2018, 43(9): 1825-1831.

[29] 郭庆梅, 王婷, 周凤琴, 等. 忍冬种质资源遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. 中国中药杂志, 2012, 37(20): 3024-3028.

[30] 赵东岳, 李勇, 丁万隆. 我国金银花栽培品种的遗传多样性 [J]. 世界科学技术—中医药现代化, 2011, 13(4): 650-653.

[31] 谭政委, 郭水柱, 苏小雨, 等. 全基因组水平金银花 TCP 基因家族的鉴定及表达模式分析 [J]. 中草药, 2024, 55(5): 1665-1676.

[32] 鲁丹丹, 郭水柱, 谭政委, 等. 不同花色忍冬 LjDFR2 基因的克隆及表达模式分析 [J]. 种子, 2025, 44(8): 74-78.

[33] 谭政委, 鲁丹丹, 李磊, 等. 红白忍冬花青素合酶编码基因 *rLjANS1* 的克隆、表达分析及其与花色苷积累的关系 [J]. 江苏农业科学, 2022, 50(21): 69-75.

[34] 孙稚颖, 姚辉, 王振中, 等. 金银花种质资源遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 世界科学技术—中医药现代化, 2013, 15(9): 1890-1895.

[35] 董桂灵, 胡尚钦, 陈晓敏, 等. 不同金银花种质资源 ISSR 遗传多样性研究 [J]. 四川大学学报: 自然科学版, 2009, 46(6): 1833-1837.

[36] 谭政委, 夏伟, 许兰杰, 等. 不同品系金银花质量评价 [J]. 安徽农业科学, 2018, 46(25): 168-171.

[37] Yu H M, Liao J Q, Jiang Y Y, *et al*. Ecotype-specific phenolic acid accumulation and root softness in *Salvia miltiorrhiza* are driven by environmental and genetic factors [J]. *Plant Biotechnol J*, 2025, 23(6): 2224-2241.

[38] Zhong M Z, Yu H M, Liao J Q, *et al*. A novel NAC36-MYB18-TAT2 model regulates the synthesis of phenolic acid in *Salvia miltiorrhiza* Bunge [J]. *Int J Biol Macromol*, 2025, 304(Pt2): 140987.

[39] Shao S, Lv B B, Wang M, *et al*. Biosynthesis and regulatory mechanism of tanshinones and phenolic acids in *Salvia miltiorrhiza* [J]. *Plant J*, 2025, 123(2): e70358.

[40] Liu Y P, Lu R, Tian G X, *et al*. Root-secreted saponins weaken soil disease suppression ability by shaping

rhizosphere microbial communities in *Panax notoginseng* [J]. *Microbiol Res*, 2025, 299: 128263.

[41] Liao J M, Xia P G, Zhang Y. Factors affecting and ameliorating continuous cropping obstacles in *P. notoginseng* [J]. *Appl Soil Ecol*, 2025, 214: 106351.

[42] 文山壮族苗族自治州人民政府. 文山州中药材产业高质量发展规划（2024—2035）[EB/OL]. (2024-07) [2026-10-13]. https://www.ynws.gov.cn/wszzf/fzgh/1855121042923941888/c7UQAedA.pdf.

[43] Song Y T, Zhang Y T, Wang X, *et al*. Telomere-to-telomere reference genome for *Panax ginseng* highlights the evolution of saponin biosynthesis [J]. *Hortic Res*, 2024, 11(6): uhae107.

[44] Liu S Z, Chen X X, Zhao T Q, *et al*. Identification of *PgRg1-3* gene for ginsenoside Rg_1 biosynthesis as revealed by combining genome-wide association study and gene co-expression network analysis of Jilin ginseng core collection [J]. *Plants*, 2024, 13(13): 1784.

[45] Qin H B, Li A H, Zhong S Y, *et al*. The complete genome assembly of *Astragalus membranaceus*: Enabling more accurate genetic research [J]. *Gigascience*, 2025, 14: giaf117.

[责任编辑　赵慧亮]