

不同种植模式下黄芪根际环境与活性成分相关性研究

关佳莉, 丛悦*, 徐媛媛, 拱健婷, 张林华, 董臣林, 韩旭阳, 彭冰, 李莉

首都医科大学附属北京中医医院 北京市中医药研究所, 北京 100010

摘要: **目的** 研究移栽和仿野生种植模式下土壤理化性质、根际微生物及对黄芪活性成分的影响, 阐明种植模式对黄芪品质的影响。 **方法** 采用高通量测序技术分析甘肃 2 年生育苗移栽黄芪、2 年生和 3 年生仿野生黄芪根际土壤微生物群落结构。采用高效液相色谱法测定黄芪中 4 个黄酮类成分和 4 个皂苷类成分, 紫外分光光度法检测总黄酮、总皂苷和总多糖含量。采用常规方法测定黄芪土壤理化性质。采用多变量相关分析, 考察根际细菌和真菌、土壤性质及黄芪活性成分之间的相关性。 **结果** 育苗移栽黄芪土壤有机质、全氮、氨氮、总磷、速效钾、有效硼含量显著高于仿野生黄芪。育苗移栽黄芪根际细菌和真菌菌落丰富性指标 Sobs 和 Chao1 显著高于仿野生黄芪, 细菌菌落的多样性指标 Shannon 显著高于仿野生黄芪。维什尼亚科齐马菌属 *Vishniacozyma* 是育苗移栽黄芪根际真菌菌落的优势菌属, 菌镰孢属 *Fusarium* 是仿野生黄芪根际真菌菌落的优势菌属。育苗移栽黄芪芒柄花素、毛蕊异黄酮和总多糖含量显著高于仿野生黄芪。相关性分析显示黄芪中总黄酮、毛蕊异黄酮、芒柄花苷、芒柄花素、黄芪皂苷 I、黄芪甲苷、总多糖与土壤理化因子较为相关。土壤氨氮、有机质、全氮、总磷、有效硅、有效磷、有效钾、有效硼和锰是影响不同种植模式黄芪根系细菌和真菌群落结构和多样性的主要影响因素。细菌菌落 Sobs、Chao1 和 Shannon 与芒柄花素呈显著正相关, Sobs 和 Chao1 与总黄酮、毛蕊异黄酮呈显著正相关, 真菌菌落 Chao1 与毛蕊异黄酮苷呈显著负相关。 **结论** 黄芪活性成分受土壤理化因子和根际微生物群落的综合影响, 通过分析土壤-微生物-药用植物相互作用机制, 可为提高不同种植模式下黄芪产量和质量提供科学依据。

关键词: 黄芪; 种植模式; 根际土壤; 理化性质; 总黄酮; 毛蕊异黄酮; 芒柄花苷; 芒柄花素; 黄芪皂苷 I; 黄芪甲苷; 微生物多样性

中图分类号: R286.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-2670(2025)12-4399-11

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2025.12.022

Correlation between rhizosphere environment and contents of active components of *Astragali Radix* from different cropping modes

GUAN Jiali, CONG Yue, XU Yuanyuan, GONG Jianting, ZHANG Linhua, DONG Chenlin, HAN Xuyang, PENG Bing, LI Li

Beijing Hospital of Traditional Chinese Medicine, Capital Medical University, Beijing Institute of Traditional Chinese Medicine, Beijing 100010, China

Abstract: Objective Seedling transplantation and wild-simulated planting are the two primary cropping modes for Huangqi (*Astragali Radix*). To elucidate the effects of planting methods on the quality of *Astragali Radix*, this study analyzed the soil physicochemical properties, the rhizosphere microbial communities, and the bioactive ingredients of *Astragali Radix* under different planting modes. **Methods** High-throughput sequencing technology was employed to analyze the structure of the bacterial and fungal communities in the rhizosphere soil of 2-year-old transplanted *Astragali Radix* (TA) and 2-year-old and 3-year-old wild-simulated *Astragali Radix* (WA) from Gansu. High-performance liquid chromatography was utilized to determine the contents of four flavonoid compounds and four saponin compounds. Total flavonoid, total saponin, and total polysaccharide contents were measured using ultraviolet-visible spectrophotometry. Conventional methods were applied to assess the soil physicochemical properties. The correlation among root-associated bacteria and fungi, soil properties, and eleven main bioactive ingredients were examined using multivariate correlation analysis. **Results** The soil organic matter (SOM), total nitrogen (TN), ammonium nitrogen ($\text{NH}_4^{+}\text{-N}$), total phosphorus (TP), available potassium (AK), and available boron (AB) contents were significantly higher in TA compared to WA. The

收稿日期: 2025-02-02

基金项目: 国家重点研发计划 (2020YFC1712700)

作者简介: 关佳莉 (1995—), 女, 硕士, 研究实习生, 研究方向中药品质评价。E-mail: jlguan02@163.com

*通信作者: 丛悦 (1978—), 女, 博士, 副研究员, 从事中药资源与中药药理研究。E-mail: dove0260@163.com

richness indices (Sobs and Chao1) of the bacterial and fungal communities in the rhizosphere of TA were significantly higher than those of WA, and the diversity index (Shannon) of the bacterial communities was also significantly higher. The genus *Vishniacozyma* was identified as the dominant fungal colony in the rhizosphere of TA, while the genus *Fusarium* was dominant of WA. The contents of formononetin, calycosin, and total polysaccharides in TA were significantly higher than those in WA. Correlation analysis showed that the contents of total flavonoid, calycosin, ononin, formononetin, astragaloside I, astragaloside IV and total polysaccharides were correlated with soil physicochemical factors. Soil $\text{NH}_4^{+}\text{-N}$, SOM, TN, TP, AS, AP, AK, AB, and manganese (Mn) were the main factors that affected the structure and diversity of bacterial and fungal communities in the rhizosphere under different planting patterns. The bacterial community Sobs, Chao1, and Shannon were significantly positively correlated with formononetin, and both Sobs and Chao1 were significantly positively correlated with total flavonoids. The fungal community Chao1, was significantly negatively correlated with calycosin-7-glucoside. **Conclusion** The active components of *Astragali Radix* are influenced by a combination of soil physicochemical factors and the rhizosphere microbial community. By analyzing the mechanism of interaction between soil, microbes and medicinal plants, it is possible to provide a scientific basis for improving the yield and quality of *Astragali Radix* under different planting patterns.

Key words: *Astragali Radix*; cropping modes; rhizosphere soil; physicochemical properties; total flavonoid; calycosin; ononin; formononetin; astragaloside I; astragaloside IV; microbial diversity

黄芪为豆科多年生草本植物蒙古黄芪 *Astragalus membranaceus* (Fisch.) Bge. var. *mongholicus* (Bge.) Hsiao 或膜荚黄芪 *A. membranaceus* (Fisch.) Bge. 的干燥根, 具有补气固表、利尿生津、托毒排脓、敛疮生肌之功效^[1]。黄芪的药用价值主要取决于其根部所含的黄酮类、皂苷类、多糖类等活性成分^[2]。随着市场对黄芪的需求量日益增加, 由于过度采挖, 较大面积的野生黄芪资源已少见。黄芪主产区内蒙古、陕西、甘肃等地对蒙古黄芪进行了大规模的引种栽培, 目前主要以育苗移栽和仿野生栽培 2 种方式种植。育苗移栽黄芪由于成活率高, 适应性强, 生长周期短等优势, 极大地增加了黄芪的产量。仿野生栽培是将黄芪种子直播于适宜地域, 让其自然生长、粗放管理的半野生种植方式, 通常生长 4 年以上才进行采收, 价格较高且供不应求, 仿野生黄芪在抗疲劳及抗心衰药效方面要优于移栽芪^[3]。因此, 采用科学种植方式提高黄芪产量和活性成分含量, 对于保证临床用药具有重要意义。

根际是植物与土壤的界面, 是植物根系微生物招募的首要部位。药用植物根际微生物组在植物进化过程中具有一系列有益的功能, 包括获取养分、抵抗病原体和耐受不良环境胁迫等^[4]。药用植物的次生代谢产物通常具有特定的生物活性, 是中药发挥其治疗作用的药效物质基础。近年来, 土壤根际微生物多样性与药用植物次生代谢之间的关系受到广泛关注。研究发现, 根际微生物可通过调控植物激素水平、诱导抗性等方式影响药用植物的生长和代谢^[5]。土壤理化性质如 pH 值、有机质含量、养

分状况是药用植物生长发育和次生代谢产物合成的关键因素, 同时也影响着土壤微生态系统, 导致不同条件下土壤菌群组成和结构差异很大, 从而间接影响药材的质量^[6]。基于此, 本研究比较育苗移栽和仿野生种植黄芪的土壤理化性质、活性成分含量以及根际土壤微生物多样性, 探讨土壤环境与黄芪活性成分之间的相关性, 旨在阐明种植模式对黄芪品质的影响, 为揭示土壤-微生物-植物互作机制提供新的思路和方法。

1 材料

1.1 样品采集

黄芪和土壤样品于 2021 年采自甘肃省华池县 (海拔 1 122~1 352 m, 经度 107.8° N~108.4° N, 纬度 36.2° E~36.41° E)。黄芪样品均由北京市中医药研究所李莉研究员鉴定为蒙古黄芪 *A. membranaceus* (Fisch.) Bge. var. *mongholicus* (Bge.) Hsiao 的根。分别采挖 2 年生移栽蒙古黄芪、2 年生仿野生蒙古黄芪、3 年生仿野生蒙古黄芪, 分组标记为 GQH-1、GQH-2、GQH-3。2 年生移栽黄芪的种植方式为育苗 1 年后移栽, 进行田间管理, 移栽 1 年后采收; 2、3 年生仿野生黄芪的种植方式为黄芪种子直播, 生长 2、3 年后采收。

1.2 仪器与试剂

8900 型四极杆串联电感耦合等离子体质谱仪 (美国安捷伦科技公司); vario isotope cube 型元素分析仪 (德国 Elementar 公司); ETHOSUP 型高压微波消解装置 (意大利 Milestone 公司); MS204S 型电子分析天平 (瑞士梅特勒-托利多); 1260 型高效液相色谱仪 (美国安捷伦科技公司) 配备

ELSD3200(安徽皖仪科技股份有限公司); LC-20AT 型高效液相色谱仪(日本岛津公司); BXH-65 型电热鼓风干燥箱(上海博迅医疗生物仪器股份有限公司); Pico-21 型台式离心机(美国 Thermo Fisher 公司); Qubit® 3.0 荧光计(美国 Invitrogen 公司); Illumina HiSeq 2500 高通量测序仪(美国 Illumina 公司); ETC 811 PCR 扩增仪(北京东胜创新生物科技有限公司)。甲酸、乙腈(色谱纯, Fisher Scientific 公司); 对照品毛蕊异黄酮苷(批号 201207, 质量分数 >98.00%)、毛蕊异黄酮(批号 200924, 质量分数 >98.00%)、芒柄花苷(批号 200903, 质量分数 >98.00%)、芒柄花素(批号 200627, 质量分数 >98.00%)、黄芪皂苷 I(批号 200329, 质量分数 >98.00%)、黄芪皂苷 II(批号 200331, 质量分数 >98.00%)、黄芪皂苷 III(批号 200728, 质量分数 >98.00%)、黄芪甲苷(批号 200820, 质量分数 >98.00%)、D-无水葡萄糖(批号 200826, 质量分数 >99.00%) 均购自上海融禾科技发展有限公司; E.Z.N.A™ Mag-Bind Soil DNA Kit(OMEGA 公司, 美国, 批号 M5635-02); Qubit3.0 DNA 检测试剂盒(Life 公司, 美国, 批号 Q10212); 2×Hieff® Robust PCR Master Mix(上海翌圣生物科技有限公司, 批号 10105ES03); Hieff NGS™ DNA Selection Beads(上海翌圣生物科技有限公司, 批号 12601ES56)。

2 方法

2.1 样品处理

采集不同种植方式和年限黄芪药用部位根、根区土和根际土壤。采样时, 每块样地随机设置 6 个样方(3 m×3 m), 每个样方内随机选取 5 株药材, 挖取完整根系, 混合为 1 份药材样品, 带回实验室蒸馏水洗净, 晾干表面水分, 50 ℃ 鼓风干燥箱中烘干至恒重后, 分别粉碎, 过 60 目或 100 目筛, 备用。根际土采用“抖根法”取样, 先将植物根系从土壤中挖出, 抖掉与根系结合松散的土壤和杂质, 用无菌毛刷轻刷距离根部 2.5 mm 处与根系表面黏附性较强的土壤作为根际土壤, 装入无菌袋中置于低温保藏箱, 全程干冰运输带回实验室于 -80 ℃ 保存, 用于高通量测序。收集距离根部约 10 cm 处根区土, 去除植物组织和碎石, 自然风干后, 分别过 10 目或 100 目尼龙筛, 用于测定土壤理化性质。

2.2 土壤理化性质测定

所有土壤理化性质测定方法参考《土壤农化分析》^[7]。土壤 pH 值采用 pH 计测定; 水溶性盐采用

电导法测定; 阳离子交换量采用三氯化六氨合钴浸提-分光光度法测定; 有机质采用重铬酸钾外加热法测定; 全氮采用浓硫酸-催化剂-凯氏定氮法测定; 氨氮、硝态氮采用氯化钾溶液提取-分光光度法测定; 有效磷采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定; 速效钾含量采用醋酸铵浸提-火焰光度法测定; 有效硼采用沸水浸提-甲亚胺比色法测定; 有效硅采用乙酸缓冲液提取-钼蓝比色; 铁(Fe)、锰(Mn)、铜(Cu)、锌(Zn) 矿质元素的全量含量采用微波消解-电感耦合等离子体质谱法测定。

2.3 黄酮类成分含量测定^[1]

2.3.1 对照品溶液的制备 分别精密称取毛蕊异黄酮苷、毛蕊异黄酮、芒柄花苷、芒柄花素 4 种成分对照品, 用甲醇各自溶解, 摇匀, 分别制成质量浓度为 3.402、3.094、3.604、1.798 mg/mL 的对照品溶液。

2.3.2 供试品溶液的制备 取样品粉末约 1.5 g, 精密称定, 置圆底烧瓶中, 精密加入甲醇 50 mL, 称定质量, 加热回流 4 h, 放冷, 再称定质量, 用甲醇补足减失的质量, 摇匀, 滤过, 精密量取续滤液 25 mL, 回收溶剂至干, 残渣加甲醇溶解, 转移至 5 mL 量瓶中, 加甲醇至刻度, 摇匀, 过 0.22 μm 微孔滤膜即得。

2.3.3 色谱条件 色谱柱 GS-120-5-C₁₈-AP(250 mm×4.6 mm, 5 μm), 紫外检测波长 260 nm, 柱温 35 ℃, 进样量 20 μL, 流动相为乙腈(B)-0.2% 甲酸溶液(A), 体积流量 1.0 mL/min; 梯度洗脱: 0~20 min, 20%~40% B; 20~30 min, 40% B; 30~40 min, 40%~20% B。

2.3.4 线性回归方程的绘制 将以上配制的对照品溶液分别逐级稀释制成不同浓度梯度的对照品溶液。按照“2.3.3”项下色谱条件进行分析, 以浓度为横坐标(X)、峰面积为纵坐标(Y)绘制标准曲线, 黄酮类成分在各自范围内线性关系良好, 回归方程见表 1。

2.3.5 方法学考察 毛蕊异黄酮苷、芒柄花苷、毛蕊异黄酮、芒柄花素的精密度考察结果 RSD 值分别为 0.47%、0.32%、0.11%、0.60%, 重复性考察结果 RSD 值分别为 0.68%、2.85%、1.79%、2.44%, 24 h 内稳定性考察结果 RSD 值分别为 0.38%、1.31%、0.52%、0.96%。毛蕊异黄酮苷的 50%、100% 和 150% 平均加样回收率分别为 94.28%、99.97%、104.03%, RSD 值分别为 2.4%、0.03%、0.73%; 芒柄花苷的 50%、100% 和 150% 平均加样回收率分别

表 1 4 种黄酮类成分的线性回归分析

Table 1 Regression analysis of four flavonoid compounds

化合物	回归方程	r^2	线性范围/($\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$)
毛蕊异黄酮苷	$Y=59\,279.9\,X-104\,994$	0.999 6	10~400
芒柄花苷	$Y=58\,836.9\,X+23\,110.8$	0.999 9	10~200
毛蕊异黄酮	$Y=64\,054.0\,X+6\,300.78$	0.999 9	1~50
芒柄花素	$Y=151\,430\,X-6\,827.18$	0.999 6	0.2~10

为 93.31%、102.66%、104.01%，RSD 值分别为 0.09%、0.02%、2.99%；毛蕊异黄酮的 50%、100% 和 150% 平均加样回收率分别为 105.82%、107.91%、89.16%，RSD 值分别为 2.73%、1.34%、1.87%；芒柄花素的 50%、100% 和 150% 平均加样回收率分别为 93.33%、106.67%、86.22%，RSD 值分别为 2.47%、1.08%、0.90%。表明仪器精密度、方法重复性、样品 24 h 内稳定性和方法准确度均良好。

2.3.6 样品测定 按“2.3.2”项方法制备供试品溶液，在“2.3.3”项条件下进样分析，记录峰面积，计算黄酮类成分含量。

2.4 皂苷类成分含量测定^[1]

2.4.1 对照品溶液的制备 分别精密称取对照品黄芪皂苷 I、黄芪皂苷 II、黄芪皂苷 III、黄芪甲苷，用甲醇各自溶解，摇匀，分别制成质量浓度为 3.85、3.35、3.35、3.14 mg/mL 的对照品溶液。

2.4.2 供试品溶液的制备 取本品粉末约 1.5 g，精密称定，置圆底烧瓶中，精密加入含 4% 氨水的 80%

甲醇 50 mL，称定质量，加热回流 1 h，放冷，再称定质量，用含 4% 氨水的 80% 甲醇补足减失的质量，摇匀，滤过，精密量取续滤液 25 mL，回收溶剂至干，残渣加 80% 甲醇溶解，转移至 5 mL 量瓶中，加 80% 甲醇至刻度，摇匀，过 0.22 μm 微孔滤膜，即得。

2.4.3 HPLC-ELSD 色谱条件 流动相为水 (A)-乙腈 (B)，体积流量 1.0 mL/min；色谱柱 GS-120-S-C₁₈-AP (250 mm×4.6 mm, 5 μm)，柱温 30 $^{\circ}\text{C}$ ，进样量 20 μL 。梯度洗脱：0~8 min, 20% B；8~15 min, 20%~30% B，15~30 min, 30%~43% B，30~40 min, 43%~60% B，40~50 min, 60%~95% B，50~60 min, 95% B，60~66 min, 95%~20% B。

2.4.4 线性回归方程的绘制 将以上配制的对照品溶液分别逐级稀释制成不同浓度梯度的对照品溶液。按照“2.4.3”项下色谱条件进行分析，以质量浓度为横坐标 (X)、峰面积为纵坐标 (Y) 绘制标准曲线，皂苷类成分在各自范围内线性关系良好，回归方程见表 2。

表 2 4 种皂苷类成分的线性回归分析

Table 2 Regression analysis of four saponin compounds

化合物	回归方程	r^2	线性范围/($\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$)
黄芪皂苷 I	$Y=585.433\,4\,X-2.989\,2$	0.998 5	10~100
黄芪皂苷 II	$Y=1217.110\,3\,X-14.157\,8$	0.994 8	10~100
黄芪皂苷 III	$Y=671.509\,2\,X-3.635\,8$	0.994 0	10~100
黄芪甲苷	$Y=1.374\,0\,X+3.694\,6$	0.995 0	50~800

2.4.5 方法学考察 根据《中国药典》2020 年版^[1]方法测定，黄芪甲苷、黄芪皂苷 I、黄芪皂苷 II、黄芪皂苷 III 的精密度、重复性、稳定性的 RSD 值均小于 2.0%，平均加样回收率分别为 105.96%、97.47%、99.36%，102.96%，RSD 值分别为 3.86%、7.08%、5.19%、3.60%。表明仪器精密度、方法重复性、样品 24 h 内稳定性和方法准确度均良好。

2.4.6 样品测定 取各批次样品按“2.4.2”项方法制备，在“2.4.3”项条件下进样分析，记录峰面积，

计算皂苷类成分含量。

2.5 总黄酮含量测定^[8]

2.5.1 对照品溶液制备 取毛蕊异黄酮苷对照品适量，精密称定，加甲醇制成含 0.25 mg/mL 毛蕊异黄酮苷的对照品溶液。

2.5.2 供试品溶液制备 精密称取黄芪药材粉末 2 g，70% 乙醇加 34 mL，冷浸 1 h，水浴回流提取 75 min，放凉，滤过，滤液浓缩并定容至 25 mL 量瓶中，得供试品溶液。

2.5.3 标准曲线的制备 分别吸取对照品溶液 0.2、0.4、0.6、0.8、1.0 mL 于 25 mL 量瓶中，加甲醇定容。以空白溶剂为对照，以吸光度 (A) 值为纵坐标 (Y)，对照品质量浓度为横坐标 (X)，绘制标准曲线，进行线性拟合，得回归方程 $Y=0.044\ 615\ 9X-0.011$ ， $r^2=0.997\ 0$ ，在 2~10 $\mu\text{g/mL}$ 线性关系良好。

2.5.4 样品测定 取 1 mL 供试品溶液于 50 mL 量瓶中，加甲醇定容。以甲醇为空白对照，加入石英比色池中，于 280 nm 处测定 A 值，通过回归方程计算黄芪总黄酮含量。

2.6 总皂苷含量测定^[8]

2.6.1 对照品溶液的制备 精密称取黄芪甲苷对照品适量，加甲醇配制成含 0.204 mg/mL 黄芪甲苷的对照品溶液。

2.6.2 供试品溶液制备 精密称取黄芪药材粉末 0.5 g，加甲醇 25 mL，加热回流 1 h，滤过，减压回收甲醇 (65 $^{\circ}\text{C}$)，残渣用 25 mL 水饱和正丁醇分 3 次转移至分液漏斗中，氨试液洗涤 3 次，每次 15 mL，正丁醇层减压回收至干，甲醇溶解，溶液转移至 25 mL 量瓶并定容至刻度，摇匀，即得供试品溶液。

2.6.3 标准曲线的制备 精密量取对照品溶液 0、0.2、0.4、0.6、0.8、1.0 mL 于具塞玻璃试管中，空气吹干溶剂，加入质量分数为 5% 香草醛-冰醋酸溶液 0.2 mL，高氯酸溶液 0.8 mL，涡旋混匀，60 $^{\circ}\text{C}$ 水浴加热 20 min。取出冰浴至室温。快速加入冰醋酸 5 mL，涡旋混匀，539 nm 波长下测定 A 值。以 A 值为纵坐标 (Y)，对照品质量为横坐标 (X)，绘制标准曲线，得回归方程 $Y=3.945\ 61X-0.014\ 782\ 1$ ， $r^2=0.998\ 1$ ，在 0~0.2 mg 关系良好。

2.6.4 样品测定 精密量取供试品溶液各 0.5 mL 于具塞玻璃试管中，空气吹干后，加质量分数为 5% 香草醛-冰醋酸溶液 0.2 mL，高氯酸溶液 0.8 mL，60 $^{\circ}\text{C}$ 水浴加热 20 min，取出后立即冰浴，冷却至室温，再加入冰醋酸 5 mL，摇匀，于 539 nm 波长下测定 A 值，通过回归方程计算黄芪总皂苷含量。

2.7 总多糖含量测定^[8]

2.7.1 对照品溶液制备 精密称取 105 $^{\circ}\text{C}$ 下干燥至恒定质量的无水葡萄糖适量，配制成含 0.103 mg/mL 葡萄糖的对照品溶液。

2.7.2 供试品溶液制备 精密称取黄芪药材粉末 1 g，加入纯化水 12 mL，超声提取，超声温度 65 $^{\circ}\text{C}$ ，超声时间 13 min，功率 300 W，频率 40 kHz。提取

结束后 11 000 r/min 离心 5 min，取上清液 1 mL，加入无水乙醇 4 mL，4 $^{\circ}\text{C}$ 冰箱冷藏放置过夜。次日，11 000 r/min 离心 5 min，弃去上清液，沉淀加纯化水溶解，定容至 100 mL 量瓶，摇匀，即为供试品溶液。

2.7.3 标准曲线的制备 分别取对照品溶液 0、0.2、0.4、0.6、0.8、1.0 mL 对照品溶液于 15 mL 离心管中，加蒸馏水至 1 mL，加入 5% 苯酚溶液 1 mL，摇匀，再快速加入 95% 浓硫酸 5 mL，涡旋均匀。于 30 $^{\circ}\text{C}$ 下反应 20 min，流水浴冷却至室温，于 485 nm 处测定 A 值。以 A 值为纵坐标 (Y)，对照品质量为横坐标 (X)，绘制标准曲线，得回归方程 $Y=10.556\ 2X-0.019\ 984\ 7$ ， $r^2=0.998\ 9$ ，在 0~0.10 mg 内线性关系良好。

2.7.4 样品测定 取供试品溶液 0.5 mL 于 15 mL 离心管中，加入 5% 苯酚溶液 1 mL，再快速加入浓硫酸 5 mL，涡旋均匀，30 $^{\circ}\text{C}$ 下反应 20 min，流水浴冷却至室温，于 485 nm 处测定 A 值，通过回归方程计算黄芪总多糖含量。

2.8 根际土壤微生物测定

采用 OMEGA E.Z.N.ATM Mag-Bind Soil DNA Kit 的试剂盒 (Omega 生物技术有限公司，美国) 抽提土壤微生物总 DNA。采用细菌通用引物 (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3'; 5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3') 扩增 16S V3~V4 区。真菌通用引物 (5'-CTTGGTCATTTAGA GGAAGTAA-3'; 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3') 扩增 ITS1-ITS2 区。采用 2 步 PCR 扩增方法。首先采用特异引物扩增目的片段，反应体系包括 2 $\times$ Hieff® Robust PCR Master Mix 15 μL ，Bar-PCR primer F 1 μL ，Primer R 1 μL ，模板 DNA 10 ng，补水至 30 μL 。扩增程序：94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min，5 个循环 (94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s，45 $^{\circ}\text{C}$ 退火 20 s，65 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s)，20 个循环 (94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 20 s，55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 20 s，72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s)，72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。将目的片段进行胶回收，引入 Illumina 桥式 PCR 兼容引物，将回收产物作为模板进行第 2 次 PCR 扩增，扩增体系包括 2 $\times$ Hieff® Robust PCR Master Mix 15 μL ，primer F 1 μL ，Index-PCR Primer R 1 μL ，模板 DNA 20 ng，补水至 30 μL 。扩增程序：95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min，5 个循环 (94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 20 s，55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 20 s，72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s)，72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。扩增产物经纯化、定量和均一化后构建测序文库，质检合格的文库于 Illumina MiSeq 平台

上进行高通量测序。

2.9 数据处理

2.9.1 根际土壤微生物数据 原始数据经质控、去噪、拼接、去嵌合体、聚类处理后获得有效数据，默认以 97% 的一致性将有效序列聚类成为 OTUs。筛选 OTUs 中出现频数最高的序列作为 OTUs 的代表序列。基于 Silva 数据库、UNITE 数据库，进行物种分类学注释，并对各样本进行抽平处理。使用 QIIME2 软件进行 Alpha 多样性、Beta 多样性、物种分类学组成、群落差异性等分析，采用 R 软件绘图。

2.9.2 土壤理化性质及黄芪活性成分含量数据 计量资料用 ($\bar{x} \pm s$) 表示，采用 SPSS 26.0 进行数据分析。

3 结果与分析

3.1 土壤理化性质分析

土壤肥力是影响作物产量高低、品质优劣的关键因素，土壤中氮、磷、钾及有机质可以为植物的生长提供必要营养。土壤微量元素虽然含量较低，但与药

材品质和其活性成分密切相关。对甘肃不同种植模式黄芪土壤理化性质分析见表 3。2 年生移栽黄芪土壤的有机质、全氮、氨氮、速效钾、有效硼均显著高于 2、3 年生仿野生黄芪土壤 ($P < 0.05$)，总磷含量显著高于 3 年生仿野生黄芪土壤 ($P < 0.05$)，但土壤中铜和锰含量低于仿野生黄芪土壤。2 年生仿野生黄芪土壤中总磷和有效磷含量显著高于 3 年生仿野生黄芪土壤 ($P < 0.05$)，其他营养元素和微量元素含量相近。

3.2 黄芪活性成分含量分析

甘肃不同种植模式黄芪的活性成分含量测定结果见表 4。2 年生移栽黄芪中的芒柄花素含量显著高于 2 年生和 3 年生仿野生黄芪，总多糖、毛蕊异黄酮含量显著高于 2 年生仿野生黄芪 ($P < 0.05$)，其他活性成分含量与仿野生种植黄芪相近。2 年生仿野生黄芪中的总皂苷及总多糖含量低于 3 年生仿野生黄芪，总黄酮含量高于 3 年生仿野生黄芪。3 年生仿野生黄芪中的黄芪皂苷 I、黄芪皂苷 II、黄芪皂苷 III、黄芪甲苷含量均略高于 2 年生仿野生黄芪，但无显著差异。

表 3 黄芪根际土壤理化性质 ($\bar{x} \pm s, n=6$)

Table 3 Physicol-chemical factors of rhizosphere soil of *Astragali Radix* ($\bar{x} \pm s, n=6$)

指标	pH	水溶性盐/(g·kg ⁻¹)	阳离子交换量/(cmol ⁺ /kg)	有机质/(g·kg ⁻¹)	全氮/(g·kg ⁻¹)	硝态氮/(mg·kg ⁻¹)	氨氮/(mg·kg ⁻¹)	总磷/(g·kg ⁻¹)	有效磷/(mg·kg ⁻¹)
GQH-18.34±0.32 a	0.98±0.67a		7.58±1.57a	12.85±1.45a	0.97±0.17a	2.20±2.30a	2.22±1.05a	0.59±0.05a	4.35±1.96a
GQH-28.53±0.19 a	1.03±0.35a		8.70±0.70a	5.41±0.63b	0.33±0.02b	1.03±0.69a	1.06±0.61b	0.56±0.04a	3.85±1.13a
GQH-38.51±0.21 a	1.17±0.34a		7.60±1.11a	5.63±1.16b	0.39±0.15b	0.92±0.48a	0.84±0.22b	0.46±0.03b	1.13±1.21b
F 值	1.068	0.235	1.758	83.794	44.208	1.529	6.511	20.349	8.21
P 值	0.368	0.793	0.206	0	0	0.249	0.009	0	0.004

指标	总钾/(g·kg ⁻¹)	速效钾/(mg·kg ⁻¹)	有效硅/(mg·kg ⁻¹)	有效硼/(mg·kg ⁻¹)	铜/(mg·kg ⁻¹)	锌/(mg·kg ⁻¹)	铁/(g·kg ⁻¹)	锰/(mg·kg ⁻¹)
GQH-114.50±1.01a	225.73±61.8a		83.92±15.2a	1.08±0.37a	17.94±1.81b	64.48±24.08a	18.87±1.85a	459.63±34.63b
GQH-215.09±0.47a	79.79±9.61b		65.02±11.63b	0.32±0.16b	18.86±1.17ab	60.39±5.55a	20.37±1.85a	509.60±24.12a
GQH-314.54±1.55a	76.40±12.43b		77.70±8.65ab	0.38±0.30b	20.40±1.04a	67.51±8.00a	20.82±1.73a	492.34±30.29ab
F 值	0.537	32.179	3.785	12.327	4.839	0.341	1.914	4.296
P 值	0.595	0	0.047	0.001	0.024	0.716	0.182	0.033

同列中数值后面的不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)；下同。

Different lowercase letters after the values in the same line indicate significant differences. ANOVA: $P < 0.05$, same as below.

表 4 黄芪活性成分含量分析 ($\bar{x} \pm s, n=6$)

Table 4 Content of active components of *Astragali Radix* ($\bar{x} \pm s, n=6$)

指标	质量分数/(mg·g ⁻¹)										
	总黄酮	毛蕊异黄酮苷	毛蕊异黄酮	芒柄花苷	芒柄花素	总皂苷	黄芪皂苷 I	黄芪皂苷 II	黄芪皂苷 III	黄芪甲苷	总多糖
GQH-1	2.00±0.29a	0.57±0.29a	0.09±0.04a	0.82±0.80a	0.017±0.004a	16.23±1.12a	0.26±0.08a	0.48±0.34a	0.12±0.04a	1.91±0.83a	25.65±3.86a
GQH-2	1.93±0.55a	0.74±0.18a	0.04±0.02b	0.37±0.14a	0.012±0.003b	13.58±3.08b	0.21±0.07a	0.31±0.11a	0.09±0.06a	1.27±0.29a	17.60±4.36b
GQH-3	1.62±0.24a	0.69±0.22a	0.05±0.03ab	0.44±0.22a	0.009±0.002b	15.79±1.21ab	0.23±0.08a	0.51±0.45a	0.14±0.05a	2.34±1.45a	22.59±3.29a
F 值	1.667	0.765	3.407	1.462	10.693	2.971	0.734	0.64	1.646	1.813	6.648
P 值	0.222	0.483	0.06	0.263	0.001	0.082	0.497	0.541	0.226	0.197	0.009

3.3 黄芪根际土壤微生物分析

3.3.1 Alpha 多样性分析 对黄芪根际土壤进行细菌 16S 和真菌 ITS 高通量测序,不同种植模式下 18 个土壤样品获得的有效序列数差异明显。3 组样品细菌有效序列数在 53 706~177 944 条,OTUs 代表序列经对比鉴定得到 24 门、76 纲、118 目、218 科、457 属的土壤细菌物种信息。3 组样品真菌有效序列数在 37 057~63 932 条,OTUs 代表序列经对比鉴定得到 16 门、52 纲、124 目、274 科、579 属的土壤真菌物种信息。

表 5 黄芪根际土壤微生物 Alpha 多样性指数

Table 5 Microbial Alpha diversity indexes of rhizosphere soil of *Astragali Radix*

项目	细菌			真菌		
	Sobs	Chao1	Shannon	Sobs	Chao1	Shannon
GQH-1	2 635.33±98.22 a	3 074.29±94.47 a	6.18±0.17a	872.00±145.51a	1 080.15±103.66a	3.76±1.17a
GQH-2	2 315.50±226.95 b	2 740.43±181.21 b	5.73±0.15b	498.67±166.44b	667.71±277.66b	2.70±0.71a
GQH-3	1 641±266.90 c	2 074.55±291.42 c	5.40±0.40b	380±324.34b	499.81±455.35b	2.98±0.65a
F值	35.031	36.807	12.652	7.701	5.438	2.357
P值	0	0	0.001	0.005	0.017	0.129

3.3.2 Beta 多样性分析 各样品细菌和真菌在 OTUs 水平上,采用基于 Unifrac 距离算法的主坐标分析 (principal co-ordinates analysis, PCoA) 比较黄芪根际土壤微生物群落结构差异 (图 1)。移栽黄芪和仿野生黄芪细菌菌落可明显分开,2 年生和 3 年生仿野生黄芪细菌菌落也出现明显分离。真菌菌落结构显示,移栽黄芪和仿野生黄芪部分样品聚集,无法明显区分。表明 2 种植模式下细菌组成结构差异较大,但真菌组成结构相近。

3.3.3 物种组成分析 不同模式黄芪根际土细菌和真菌群落门水平物种组成分析见图 2。由图 2 可

知,在门水平上细菌菌群落组成在不同种植模式下的丰度差异不大,各组占比前 5 位的分别是变形菌门 Proteobacteria、拟杆菌门 Bacteroidetes、酸杆菌门 Acidobacteria、放线菌门 Actinobacteria、疣微菌门 Verrucomicrobia。各组真菌菌群落占比前 5 位的分别是子囊菌门 Ascomycota、担子菌门 Basidiomycota、被孢霉门 Mortierellomycota、球囊菌门 Glomeromycota、和分类地位未鉴定真菌 unclassified-k-fungi。种植模式显著影响真菌优势菌群相对丰度。与移栽黄芪相比,仿野生黄芪土壤中子囊菌门 Ascomycota 丰度较高 (66.29%、88.55%、71.62%)。

不同模式黄芪根际土细菌和真菌群落属水平物种组成分析见图 3。由图 3 可知,在属水平上细菌菌群落组成在不同种植模式下的丰度变化较大,占比前 5 位的分别是 GQH-1 组:鞘氨醇单胞菌属 *Sphingomonas* (5.47%) > 酸杆菌 -Gp4 (4.14%) > 酸杆菌 -Gp6 (3.79%) > 假单胞菌属 *Pseudomonas* (2.48%) > 土壤杆菌属 *Pedobacter* (2.19%) ; GQH-2 组:假黄单胞菌属 *Pseudoxanthomonas* (6.34%) > 假单胞菌属 *Pseudomonas* (3.41%) > 酸杆菌 -Gp6 (2.94%) > 酸杆菌 -Gp4 (2.37%) > 干燥杆菌属 *Aridibacter* (2.33%) ; GQH-3 组:酸杆菌 -Gp6 (3.53%) >

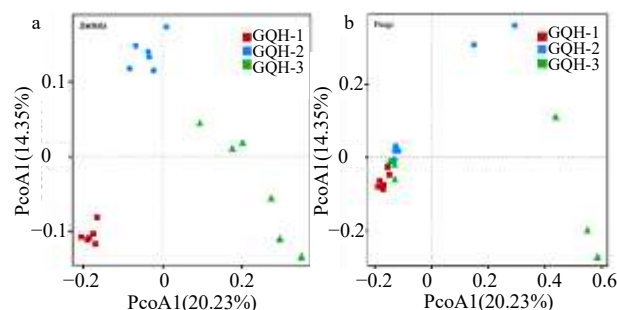


图 1 基于 Unifrac 距离的细菌 (a)、真菌 (b) 菌落 PCoA 分析

Fig. 1 Principal coordinates analysis of bacteria (a) and fungi (b) composition based on Unifrac distance

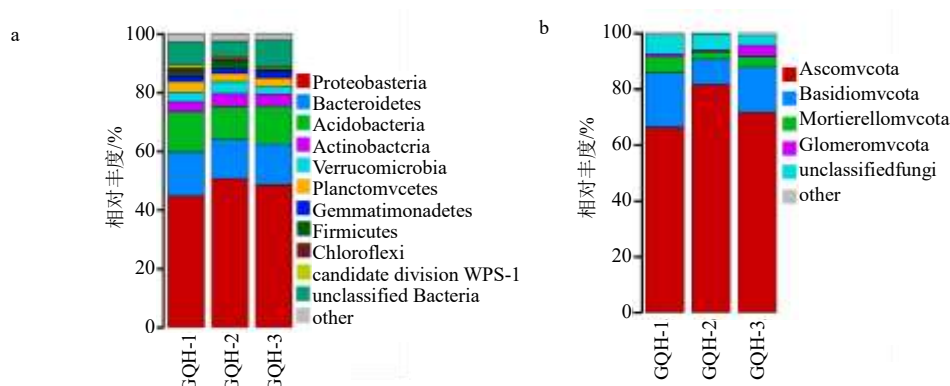


图 2 门水平根际土细菌 (a) 和真菌 (b) 的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of the dominant bacteria (a) and fungi (b) phyla

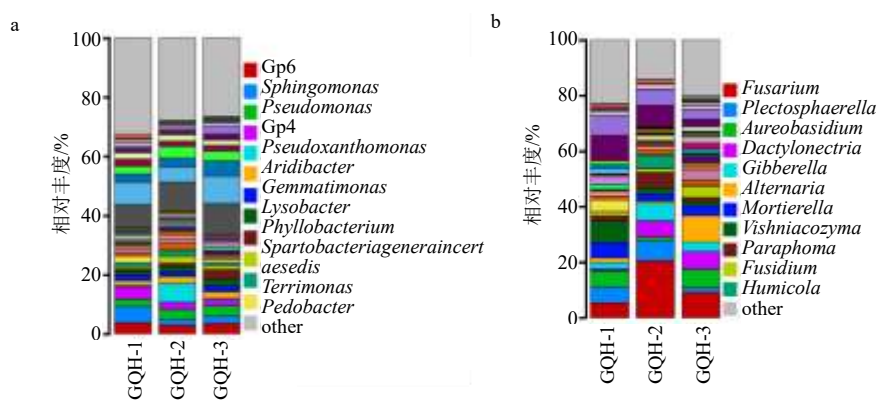


图 3 属水平根际土细菌 (a) 和真菌 (b) 的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of dominant bacteria (a) and fungi (b) genera

假单胞菌属 *Pseudomonas* (3.44%) > *Phyllobacterium* (3.25%) > 鞘氨醇单胞菌属 *Sphingomonas* (2.51%) > 干燥杆菌属 *Aridibacter* (2.23%)。3 个组真菌菌群组成丰度变化差异较大, 占比前 5 位的分别是 GQH-1 组: 维什尼亚科齐马菌属 *Vishniacozyma* (7.73%) > 短柄霉属 *Aureobasidium* (5.79%) > 附球菌属 *Plectosphaerella* (5.69%) > 被孢霉属 *Mortierella* (5.56%) > 镰孢属 *Fusarium* (5.34%); GQH-2 组: 镰孢属 *Fusarium* (20.57%) > 附球菌属 *Plectosphaerella* (7.07%) > 赤霉菌属 *Gibberella* (6.39%) > *Dactylonectria* (5.83%) > 异茎点霉属 *Paraphoma* (5.60%); GQH-3 组: 链格孢属 *Alternaria* (9.44%) > 镰孢属 *Fusarium* (9.18%) > 短柄霉属 *Aureobasidium* (6.73%) > *Dactylonectria* (6.36%) > 梭孢霉属 *Fusidium* (4.17%)。

3.4 根际环境与黄芪药材质量相关性

3.4.1 土壤理化因子与黄芪活性成分相关分析 将土壤理化因子及黄芪活性成分进行相关分析, 结果见图 4。黄芪中总黄酮、毛蕊异黄酮、芒柄花苷、芒

柄花素、黄芪皂苷 I、黄芪甲苷、总多糖与土壤理化因子较为相关。总黄酮与速效钾呈显著正相关 ($P < 0.05$)。毛蕊异黄酮与速效钾呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与有机质呈显著正相关 ($P < 0.05$)。芒柄花苷与有机质呈显著正相关 ($P < 0.05$)。芒柄花素与氨氮、总磷呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与有机质、全氮、硝态氮、速效钾、有效硼呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与铜、锌元素呈显著负相关 ($P < 0.05$)。

黄芪皂苷 I 与有效磷呈显著正相关 ($P < 0.05$)。黄芪皂苷 III 与锰元素呈显著负相关 ($P < 0.05$)。黄芪甲苷与全氮呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与土壤阳离子交换量、锰元素呈显著负相关 ($P < 0.05$)。总多糖与氨氮呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与有机质、全氮、有效硅呈显著正相关 ($P < 0.05$)。

3.4.2 根际微生物与土壤理化因子相关分析 采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 研究土壤微生物菌群与土壤理化因子之间的关系, 结果表明黄芪根际土壤理化性质对细菌群落和真菌菌落结构有显著性影响, 见表 6。土壤各理化因子对土壤

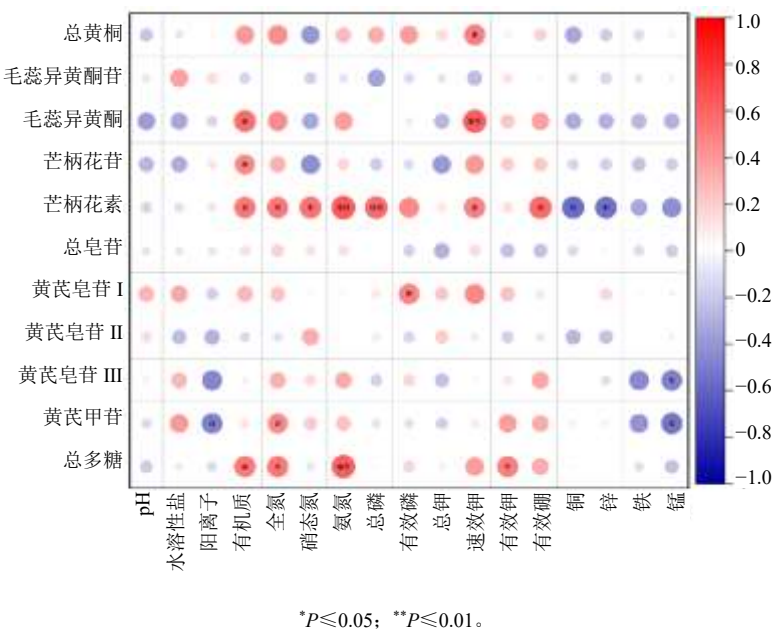


图 4 土壤理化性质与黄芪活性成分相关性
Fig. 4 Correlation of soil physico-chemical properties and active components of *Astragali Radix*

表 6 微生物群落组成与土壤理化因子的 RDA 分析

Table 6 Redundancy analysis between physical-chemical factors and soil microbial community								
项目	细菌				真菌			
	RDA1	RDA2	R^2	P 值	RDA1	RDA2	R^2	P 值
pH	0.606	-0.796	0.158	0.264	0.339	-0.941	0.06	0.613
水溶性盐	0.989	0.145	0.071	0.571	0.475	0.880	0.085	0.533
阳离子交换量	-0.321	-0.947	0.293	0.070	-0.242	-0.970	0.305	0.061
有机质	-0.621	0.784	0.852	0.001	-0.670	0.742	0.666	0.002
全氮	-0.514	0.858	0.826	0.001	-0.556	0.831	0.678	0.002
硝态氮	-0.553	-0.833	0.128	0.332	-0.068	-0.998	0.144	0.318
氨氮	-0.657	0.753	0.863	0.001	-0.733	0.680	0.765	0.002
总磷	-1.000	0.031	0.718	0.002	-1.000	0.010	0.602	0.003
有效磷	-0.999	-0.051	0.472	0.014	-0.997	0.071	0.462	0.013
总钾	-0.608	0.794	0.154	0.261	-0.783	0.622	0.171	0.254
速效钾	-0.755	0.655	0.430	0.011	-0.839	0.545	0.273	0.088
有效硅	-0.552	0.834	0.572	0.002	-0.498	0.867	0.532	0.006
有效硼	-0.192	0.981	0.352	0.038	-0.048	0.999	0.275	0.102
铜	0.928	-0.372	0.269	0.083	0.958	-0.288	0.314	0.062
锌	0.916	0.402	0.020	0.879	0.929	0.370	0.019	0.892
铁	0.629	-0.778	0.168	0.237	0.641	-0.767	0.189	0.207
锰	0.131	-0.991	0.339	0.043	0.302	-0.953	0.318	0.059

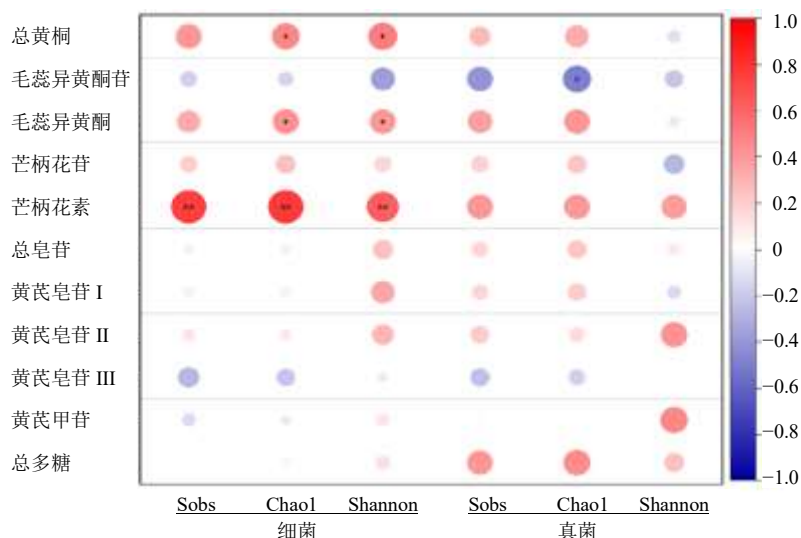
细菌 OTUs 群落的影响顺序为氨氮>有机质>全氮>总磷>有效硅>有效磷>有效钾>有效硼>锰, 对土壤真菌 OTUs 群落的影响顺序为氨氮>全氮>有机质>有效硼>有效磷。

3.4.3 根际微生物与黄芪活性成分相关分析 采用线性回归分析研究际土微生物群落的 α 多样性与黄芪活性成分之间的关系, 结果表明, 细菌菌落丰富度指数 Sobs、Chao1 和多样性指数 Shannon 与芒柄花素含量呈显著正相关, Chao1 和 Shannon 与总

黄酮、毛蕊异黄酮呈显著正相关。真菌菌落丰富度指数 Chao1 与毛蕊异黄酮苷呈显著负相关, 见图 5。

4 讨论

药材品质除受自身遗传因素决定外, 土壤因子是直接影响药用植物生长发育和品质形成的重要因素之一。本研究发现, 移栽黄芪与仿野生黄芪土壤的理化性质存在显著差异, 移栽黄芪土壤中有有机质、全氮、氨氮、速效钾、有效硼均显著高于仿野生黄芪土壤。移栽黄芪在人工控制的环境条件下种植,

图 5 土壤微生物 α 多样性指数与黄芪活性成分相关性图Fig. 5 Correlation diagram of microbial alpha diversity indices and active components of *Astragali Radix*

通过施肥、灌溉等技术手段促进黄芪生长，仿野生黄芪则是模拟野生黄芪自然生长状态，无人为田间管理，因此移栽黄芪土壤中各项营养因子极大地高于仿野生黄芪。黄芪活性成分主要包括多糖类、皂苷类和黄酮类化合物，这些成分共同作用使得黄芪在免疫调节、抗肿瘤、抗病毒、抗衰老等方面有重要作用，可作为评价黄芪品质的客观指标^[9]。本研究中，移栽黄芪中芒柄花素、毛蕊异黄酮和总多糖含量高于仿野生黄芪，总皂苷和皂苷类成分的含量也高于 2 年生仿野生黄芪。土壤理化因子和药材活性成分的相关分析显示，芒柄花素与多项土壤理化因子（土壤有机质、全氮、硝态氮、氨氮、总磷、速效钾、有效硼）呈正相关，毛蕊异黄酮与有机质和速效钾呈正相关，总多糖与有机质、全氮、氨氮、有效硅呈正相关。由此可见，移栽黄芪土壤良好的营养状况有利于芒柄花素、毛蕊异黄酮、总多糖等活性成分的积累，移栽黄芪中这些活性成分含量显著高于仿野生黄芪。仿野生黄芪中多种活性成分含量虽然不及移栽黄芪，但 3 年生仿野生黄芪的总皂苷、总多糖和 4 种皂苷类成分的含量高于 2 年生仿野生黄芪，与移栽黄芪的含量接近，仿野生黄芪在较少的人工干预措施下生长，其次生代谢产物合成积累较慢，一般在种植 4 年以上采收，随着种植年限的增加，仿野生黄芪中部分活性成分的含量在逐渐增加。

根际微生物群落是评价土壤状况的重要指标，根际微生物对植物的养分循环、生长发育、产量提

升、病虫害防御等具有重要作用^[10]。本研究发现，黄芪根际土壤微生物群落与土壤理化性质具有一定相关性，黄芪根际土壤的细菌群落与土壤氨氮、有机质、全氮、总磷、有效硅、有效磷、有效钾、有效硼和锰显著相关，真菌群落与土壤氨氮、全氮、有机质、有效硼、有效磷显著相关。在移栽黄芪根际土壤中，代表细菌群落丰富度和多样性的 Sobs、Shannon 及 Chao1 指数均显著高于仿野生黄芪，真菌菌落 Sobs 和 Chao1 指数也高于仿野生黄芪。移栽黄芪根际具有更多样化和数量更丰富的微生物群落，可能是由于其土壤养分高，土壤结构良好，能够为根际微生物群落提供较多的营养和适宜的生存环境。本研究中仿野生黄芪随着种植年限的增加，根际土壤细菌多样性降低。有研究表明，多年生药用植物如贝母、枸杞等随着生长年限的增加，根际土壤细菌多样性整体上呈现递减趋势^[11-12]。这可能是由于土壤肥力降低，抑制了根际土壤微生物的生长和繁殖，同时也抑制了细菌的多样性。土壤微生物多样性的提高会影响药用植物次生代谢产物的合成和积累。Liu 等^[13]发现根际土细菌菌落 Shannon 指数与甘草中次生代谢产物甘草苷呈显著正相关。在本研究中，黄芪根际土壤中细菌菌落 Sobs、Chao1 和 Shannon 与黄芪中芒柄花素含量呈显著正相关，Chao1 和 Shannon 与总黄酮、毛蕊异黄酮呈显著正相关，移栽黄芪中芒柄花素、总黄酮、毛蕊异黄酮含量均高于仿野生黄芪，移栽黄芪根际较高的细菌菌落多样性可能是促进黄芪中部分黄

酮类成分合成的影响因素之一。

移栽黄芪与仿野生黄芪的根际微生物群落结构存在显著差异,可能是由于 2 种模式下黄芪的生长阶段、环境不同,其根系分泌物存在差异,通过抑制或促进某一类群微生物的生长,最终导致土壤微生物群落结构的差异^[14-15]。在属水平上,维什尼亚科齐马菌属 *Vishniacozyma* 是移栽黄芪根际真菌菌落的优势菌属。研究发现维什尼亚科齐马菌属 *Vishniacozyma* 在自然环境中广泛分布,参与有机物质的分解和营养物质的循环,对生态系统的健康和稳定有一定的促进作用,一些 *Vishniacozyma* 属的酵母菌具有生物防治潜力,例如 *Vishniacozyma victoriae* 能增强植物对灰霉病菌的抗性,从而减少植物病害的发生^[16]。部分镰孢属 *Fusarium* 物种是重要的植物病原体,引起枯萎病、根腐病和茎腐病等多种病害^[17]。仿野生黄芪根际土中镰孢属 *Fusarium* 丰度显著高于移栽黄芪,提示仿野生黄芪更易遭受病原体感染,移栽黄芪比仿野生种植黄芪有更强抵御病害的能力。有效利用根际微生物对植物病虫害的生物防治作用,对提高植物的产量和品质具有重要意义^[17]。

综上所述,土壤是影响黄芪次生代谢产物合成的关键因素,黄芪活性成分受土壤理化因子和根际微生物群落的综合影响。在不同种植模式下,黄芪土壤理化因子与土壤微生物群落组成和结构的差异较大。移栽黄芪土壤的营养状况优于仿野生黄芪土壤,移栽黄芪土壤比仿野生黄芪土壤具有更多样化和数量更丰富的微生物群落,从而有利于黄芪中部分活性成分的积累,影响黄芪药材的质量。

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. 2020: 315.
- [2] Fu J, Wang Z H, Huang L F, *et al.* Review of the botanical characteristics, phytochemistry, and pharmacology of *Astragalus membranaceus* (Huangqi) [J]. *Phytother Res*, 2014, 28(9): 1275-1283.
- [3] 王祯, 张俊令, 焦宏基, 等. 黄芪有效成分的药理作用与质量控制研究进展 [J]. *药物评价研究*, 2023, 46(4): 917-924.
- [4] Sharma M, Sudheer S, Usmani Z, *et al.* Deciphering the omics of plant-microbe interaction: Perspectives and new insights [J]. *Curr Genomics*, 2020, 21(5): 343-362.
- [5] Yuan Y D, Zuo J J, Zhang H Y, *et al.* The Chinese medicinal plants rhizosphere: Metabolites, microorganisms, and interaction [J]. *Rhizosphere*, 2022, 22: 100540.
- [6] 钟霞军, 谈远锋. 土壤因素对道地药材品质影响的研究进展 [J]. *南方农业学报*, 2012, 43(11): 1708-1711.
- [7] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 第 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 1-114.
- [8] 杨志城, 孙彩虹, 鄂秀辉, 等. 基于响应面及加权评分的黄芪蜜炙工艺优化 [J]. *中草药*, 2021, 52(8): 2247-2256.
- [9] 张淑娟, 张育贵, 牛江涛, 等. 黄芪的研究进展及其质量标志物预测分析 [J]. *中华中医药学刊*, 2022, 40(2): 151-155.
- [10] Mendes R, Garbeva P, Raaijmakers J M. The rhizosphere microbiome: Significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms [J]. *FEMS Microbiol Rev*, 2013, 37(5): 634-663.
- [11] 武睿, 陈垣, 郭凤霞, 等. 生长年限对甘肃贝母根际土壤细菌群落结构的影响 [J]. *干旱地区农业研究*, 2021, 39(6): 153-161.
- [12] 肖龙敏, 唐明, 张好强. 不同种植年限宁夏枸杞根际微生物的群落多样性 [J]. *西北林学院学报*, 2018, 33(6): 31-39.
- [13] Liu Y, Wang H, Peng Z H, *et al.* Regulation of root secondary metabolites by partial root-associated microbiotas under the shaping of licorice ecotypic differentiation in northwest China [J]. *J Integr Plant Biol*, 2021, 63(12): 2093-2109.
- [14] Wei Z, Yu D. Analysis of the succession of structure of the bacteria community in soil from long-term continuous cotton cropping in Xinjiang using high-throughput sequencing [J]. *Arch Microbiol*, 2018, 200(4): 653-662.
- [15] 王娟英, 许佳慧, 吴林坤, 等. 不同连作年限怀牛膝根际土壤理化性质及微生物多样性 [J]. *生态学报*, 2017, 37(17): 5621-5629.
- [16] Nian L Y, Xie Y, Zhang H Z, *et al.* *Vishniacozyma victoriae*: An endophytic antagonist yeast of kiwifruit with biocontrol effect to *Botrytis cinerea* [J]. *Food Chem*, 2023, 411: 135442.
- [17] 祝蕾, 严辉, 刘培, 等. 药用植物根际微生物对其品质形成的影响及其作用机制的研究进展 [J]. *中草药*, 2021, 52(13): 4064-4073.

[责任编辑 时圣明]