

## 多因子互作下黄精品质形成机制的研究进展

陈芬<sup>1</sup>, 余高<sup>1,2\*</sup>, 王海<sup>3</sup>, 杨忠华<sup>1</sup>, 吴昌梅<sup>1</sup>

1. 铜仁学院 贵州省梵净山地区生物多样性保护与利用重点实验室, 贵州 铜仁 554300

2. 贵州精源科技有限公司, 贵州 铜仁 554100

3. 铜仁市农业科教信息站, 贵州 铜仁 554300

**摘要:** 黄精 *Polygonati Rhizoma* 的品质核心在于内在药效品质, 以多糖、皂苷等为主要表征。然而, 这些活性成分的含量与组成易受种质、产地生态环境及加工方式等影响, 导致商品药材质量波动, 已成为制约产业标准化发展的关键瓶颈。传统研究多聚焦于单一生态或农艺因子的表观影响, 缺乏对品质形成复杂系统的整体解析。聚焦内在药效品质, 构建“遗传-环境-管理”多因子互作的系统性理论框架, 系统阐明黄精品质形成的多维调控网络。全文从内在遗传基础(种质资源与代谢调控网络)、外在环境调控(气候因子与根际微生态互作)以及人为生产干预(精准栽培与采后加工)3个维度, 系统梳理各因子及其互作对黄精品质性状的协同调控机制。在此基础上, 提出未来应聚焦多组学整合的系统生物学解析、全产业链智能化精准管理、加工工艺现代化与高值化转型, 以及覆盖全程的质量标准体系构建。为深入理解黄精道地性品质形成机制提供了整合性理论框架, 也为指导其标准化生产与产业高质量发展提供理论依据。

**关键词:** 黄精; 品质形成; 多因子互作; 根际微生态; 遗传调控; 分子机制

中图分类号: R282.6 文献标志码: A 文章编号: 0253-2670(2026)11-4494-15

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2026.11.034

## Molecular mechanisms underpinning *Polygonati Rhizoma* quality formation: A systems view of multifactorial interactions

CHEN Fen<sup>1</sup>, YU Gao<sup>1,2</sup>, WANG Hai<sup>3</sup>, YANG Zhonghua<sup>1</sup>, WU Changmei<sup>1</sup>

1. Guizhou Provincial Key Laboratory for Biodiversity Conservation and Utilization in Fanjing Mountain Region, Tongren University, Tongren 554300, China

2. Guizhou Jingyuan Technology Co., Ltd., Tongren 554100, China

3. Tongren Agricultural Science, Education and Information Station, Tongren 554300, China

**Abstract:** Huangjing (*Polygonati Rhizoma*) is a medicinal and edible herb whose quality is primarily determined by its intrinsic medicinal properties, mainly characterized by polysaccharides and saponins. However, the content and composition of these bioactive constituents are highly susceptible to variations in germplasm, ecological conditions, and processing methods, leading to significant fluctuations in commercial product quality—a critical bottleneck impeding the standardized development of the industry. Traditional research has predominantly focused on the apparent effects of individual ecological or agronomic factors, lacking a holistic analysis of the complex system governing quality formation. This review focuses on the intrinsic medicinal quality of *Polygonati Rhizoma* and constructs a systematic theoretical framework of “genetic-environment-management” multifactorial interactions to elucidate the multidimensional regulatory network underlying its quality formation. The article comprehensively reviews and analyzes the synergistic regulatory mechanisms of various factors and their interactions on quality traits from three dimensions: intrinsic genetic basis (germplasm resources and metabolic regulatory networks), extrinsic environmental regulation (climatic factors and rhizosphere microecological interactions), and anthropogenic production interventions (precision cultivation and post-harvest processing). On this

收稿日期: 2025-12-02

基金项目: 贵州省基础研究计划(自然科学)面上项目(黔科合基础 MS[2025]097); 贵州省高层次创新型人才培养项目(千层次)[2024-(2022)-046; 2024-(2022)-049]; 贵州省教育厅自然科学研究项目(黔教技[2024]218号); 国家级大学生创新创业训练计划项目(2024106650742); 铜仁学院研究生教育创新计划项目(trxyycjs-202405)

作者简介: 陈芬, 教授, 硕士生导师, 从事药用植物栽培与土壤生态环境调控研究。E-mail: chenfen2018@126.com

\*通信作者: 余高, 副教授, 硕士生导师, 从事药用植物栽培与土壤肥力研究。E-mail: httywwwyu1014@sina.com

basis, we propose that future research should prioritize systems biology analysis through multi-omics integration, intelligent and precise management across the entire industrial chain, modernization and value-added transformation of processing technologies, and the establishment of a whole-process quality standard system. This review provides an integrated theoretical framework for understanding the formation mechanism of the geo-authentic medicinal quality of *Polygonati Rhizoma* and offers a theoretical foundation for guiding its standardized production and high-quality industrial development.

**Key words:** *Polygonati Rhizoma*; quality formation; multifactorial interactions; rhizosphere microecology; genetic regulation; molecular mechanisms

黄精 *Polygonati Rhizoma* 作为一种重要的药食同源药材,在世界各地均有广泛种植,主要分布于中国、日本、印度、俄罗斯、韩国、欧洲和北美等温带北半球地区<sup>[1-2]</sup>。黄精根茎含有丰富的多糖、皂苷、生物碱、黄酮、类固醇皂苷、木脂素以及多种有益氨基酸等药理活性成分<sup>[3-5]</sup>,具有抗衰老、增强免疫力、神经保护、预防骨质疏松和抗癌等功效,已被广泛用于脂肪肝、性功能障碍、阿尔茨海默病、食欲不振、糖尿病和癌症等疾病的临床治疗<sup>[6]</sup>。中国是世界上黄精品种最多、种植面积和产量最大的国家,全国各地均有种植,主要分布于湖南、云南、贵州、福建等地,《中国药典》2025年版收录的黄精为百合科植物滇黄精 *Polygonatum kingianum* Coll. et Hemsl.、黄精 *P. sibiricum* Red.或多花黄精 *P. cyrtonema* Hua 3种基原<sup>[7]</sup>。

中药材黄精“品质”是1个多维复合概念,涵盖外观商品品质(根茎形态与折干率)、内在药效品质(多糖、皂苷为核心)与安全性品质(农残、重金属)<sup>[8-9]</sup>,其品质的核心在于内在药效品质。随着大健康产业的蓬勃发展,国内外市场对高品质黄精原料的需求激增,驱动其种植面积快速扩张,然而,产业可持续发展的关键制约因素在于黄精药用品质的高度异质性。不同种源、产地及加工方式获得的黄精产品,其核心药效成分(如多糖、皂苷等)含量可存在数倍之差<sup>[10-11]</sup>,严重影响了临床疗效的稳定性与可控性<sup>[12]</sup>。这种品质变异本质上是其药用价值(次生代谢产物)的形成与积累受到复杂内外因素调控的体现。因此,系统阐明黄精品质形成的分子生理机制与调控网络,已成为实现其标准化生产与品质精准调控的关键科学前提与理论基础。

近年来,国内外学者在黄精品质形成机制的研究上取得了显著进展,在表型与成分层面积累了丰富的数据,涵盖了种质资源多样性、光温水肥等环境因子调控及其与产量、个别活性成分(如多糖)含量的关联<sup>[9, 13-15]</sup>。随着高通量测序等技术的应用,研究深度得以拓展,初步揭示了黄精根际、根茎等部

位具有组织特异性的内生真菌群落结构,并在根腐病胁迫等模型中观察到微生物组的重组规律,筛选出具有生防潜力的功能菌株,为基于微生态的病害防控提供了初步依据<sup>[16]</sup>。然而,现有研究多停留在“现象-结果”的相关性描述层面,对驱动品质变异的上游信号传导途径、关键基因的调控网络以及蛋白质水平的生物学功能验证,仍缺乏系统而深入的解析。尽管微生物群落组成得以解析,但特定功能微生物(如根际促生菌、丛枝菌根真菌)与黄精宿主之间如何通过精确的“分子对话”调控特定次生代谢通路(如多糖、皂苷合成)的深层机制,目前仍限于假设与相关性推断,缺乏确凿的因果性实验证据。尤为重要的是,黄精品质的形成并非各因素的简单加和,遗传基础决定了黄精品质的内在潜能与物质基础,生态环境则构成了该潜能得以实现的外部约束条件,而栽培管理作为关键的人为干预手段,能够主动调节遗传与环境的互作关系,进而影响品质的最终表达。然而,基因型与环境的互作如何塑造不同产区的品质特征,特定的栽培措施(如施肥)又是如何通过重塑根际微生态,进而反馈调节次生代谢,采前生长条件与采后加工工艺之间是否存在适配性互作,对这些跨维度、跨阶段的协同与拮抗机制缺乏整合性认识,已成为制约黄精品质实现精准调控的理论瓶颈。

本文立足于“遗传-环境-管理”互作的整合性视角,构建一个系统性的黄精品质形成解析框架,特别关注遗传与环境互作、根际微生态与栽培措施的协同、以及采前-采后关联等核心互作层面。从内在遗传基础(种质资源与代谢调控网络)、外在环境调控(气候因子与根际微生态互作)以及人为生产干预(精准栽培与采后加工)3个维度,系统梳理并深度解析黄精品质形成的多重机制及其协同互作关系。在此基础上,本文将对未来关键研究方向进行展望,重点探讨多组学整合分析、根际微生态定向调控等前沿领域,以期为深化黄精品质形成理论、指导产业标准化与高质量发展提供学术参考与

思路借鉴。

## 1 黄精品质形成与种质及代谢调控的关系

### 1.1 种质资源多样性是品质形成的遗传基础

种质资源作为承载物种全部遗传信息的载体，是决定中药材内在品质的根本遗传基础<sup>[14, 17]</sup>。对于黄精而言，其属内显著的物种多样性以及种内存在的丰富遗传变异，直接构成了不同种质间药用品质（如活性成分种类、含量与比例）差异化的遗传本源<sup>[18]</sup>。这种由基因型所决定的品质潜能，是其一切环境因子调控与栽培管理措施能够发挥作用的内在依据。因此，系统阐明黄精种质资源的多样性，是解析其品质形成规律、进而实现优良品种定向选育的关键科学基础。

**1.1.1 表型与化学多样性及其与品质的关联** 不同黄精种质在形态特征和化学成分上均呈现显著差异，这直接体现了其内在的遗传多样性<sup>[9]</sup>。在形

态上，除“姜形黄精”“鸡头黄精”等基于根茎形状的传统经验分类外，解剖学研究进一步证实，不同物种在薄壁细胞形态、维管束排列等显微结构上也存在明显分化<sup>[19]</sup>，更为关键的是，这些形态差异与药材核心活性成分的积累具有高度关联性<sup>[20]</sup>。近期一项整合转录组与代谢组的系统研究表明，《中国药典》收录的黄精、多花黄精与滇黄精在化学组成上存在明显差异<sup>[21]</sup>（表 1）。该研究共鉴定出 672 种代谢物，其中黄酮类化合物相对丰度最高。多元统计分析显示，3 种黄精的代谢物谱呈明显分离，各自具有特异性的代谢轮廓。其中，滇黄精的特征体现为多种黄酮类成分的特异性富集。这种化学组成的种质特异性，不仅为物种鉴别提供了可靠的化学分类依据，更与其差异化的药理活性导向直接相关，从而从物质基础上解释了“同源不同效”的现象。

表 1 3 种《中国药典》黄精核心品质性状比较<sup>[21]</sup>

Table 1 Comparison of key quality traits among three official *Polygonati Rhizoma* species

物种	产地	代表形态	多糖含量趋势	黄酮类含量趋势	关键化学特征
黄精	陕西商洛	鸡头形	最高	中等	偏好积累糖类化合物；木脂素合成通路相对活跃
多花黄精	安徽九华山	姜形	中等	较低	代谢谱介于另两者之间；是地道药材“湘黄精”的基原
滇黄精	云南文山	姜形/大黄精	较高	最高	特异地富集异黄酮、黄酮醇；含有多种罕见黄酮成分

**1.1.2 遗传多样性的分子解析与鉴定技术** 为克服传统形态学鉴定易受环境与发育阶段干扰的局限性，基于 DNA 多态性的分子标记技术已成为揭示黄精遗传本质、实现精准物种鉴定的关键技术体系<sup>[14, 22-23]</sup>。近年来，多种分子标记技术被成功开发并应用于黄精属种质资源的鉴定与遗传评价中<sup>[24]</sup>。苏海兰等<sup>[25]</sup>对来源于 5 个地理来源的 31 份种质的分析表明，其遗传相似系数介于 0.076 9~0.750 0，证实了该属在 DNA 水平上存在广泛的遗传变异，并据此构建了可用于身份鉴别的 DNA 指纹图谱。目标起始密码子多态性标记是另一种高效的分析工具，朱珏等<sup>[26]</sup>最新研究显示，在 34 种黄精属植物中可检测到高达 94.45% 的多态性，基于此的聚类分析为厘清黄精属不同种质之间的亲缘关系及遗传多样性提供了关键的分子系统学证据。此外，插入缺失多态性标记也表现出 93.30% 的高多态性，适用于更大规模种质资源的遗传关系评估<sup>[27]</sup>。这些研究从分子层面系统解析了黄精种质资源的遗传结构与多样性，为种质的精准鉴定、有效保护及核心种质库的构建提供了分子生物学依据，标志着黄精

种质研究从表型描述深入至基因型解析的新阶段。

**1.1.3 从遗传多样性解析到分子设计育种的理论路径** 种质资源鉴评的理论体系已从依赖形态和化学标记，演进为整合基因组、转录组与代谢组等多组学数据的多维评价体系<sup>[28]</sup>。分子标记技术为构建核心种质库与解析群体结构提供了基础工具，而多组学分析技术进一步从系统生物学层面，深入揭示了不同种质所特有的“代谢指纹”图谱<sup>[29]</sup>。Liu 等<sup>[21]</sup>运用 LC-MS/MS 技术对黄精、多花黄精与滇黄精进行非靶向代谢组学分析，共鉴定出 672 种代谢物，其代谢谱呈现显著分离，其中黄酮类化合物的组成差异尤为突出，这一发现从分子层面系统阐释了“同源不同效”现象的物质基础，这标志着种质资源评价从单一性状筛选转向了面向特定药用功能的系统性代谢轮廓筛选<sup>[30]</sup>。因此，解析多糖、皂苷等关键药用活性成分的生物合成与调控网络，已成为黄精品质形成机制研究的核心方向，基于转录组学的规模化筛选，已鉴定出大量参与上述代谢通路的候选基因，为机制解析提供了基础<sup>[31]</sup>。研究正进一步从基因筛查深入到关键调控节点的功能验证，如多组

学联合分析结果发现,阿魏酸 5-羟化酶(ferulate 5-hydroxylase, F5H)基因在代谢网络中扮演着枢纽角色,它通过竞争性调控碳源向木脂素或黄酮合成途径的分配,从而影响次生代谢流的走向,初步的功能研究也证实了该基因对黄酮积累的调控作用<sup>[21, 24]</sup>。基于这些进展,一条融合了遗传定位-功能解析-标记开发-精准编辑的分子设计育种理论路径已清晰呈现,即通过多组学关联分析定位关键基因,深入阐明其功能与调控网络,开发功能性分子标记进行高效辅助选择,并最终借助基因编辑等前沿技术实现目标性状的定向改良与聚合。这预示着黄精遗传育种研究范式,正经历从传统经验性表型选择向基于基因型与调控机制认知的现代分子设计育种的深刻转变。

## 1.2 黄精多糖与皂苷生物合成的分子通路

黄精内在药效品质的核心是多糖与皂苷,其生物合成通路是品质形成的分子基础<sup>[8]</sup>。解析黄精核心活性成分(多糖与皂苷)的生物合成分子通路,是从遗传本质上阐明其品质形成机制并实现精准分子育种的基础。近年来,随着基因组、转录组、代谢组等多组学技术的整合应用,这些复杂次生代谢途径中的关键酶基因与调控网络正被逐步揭示<sup>[32-33]</sup>。

**1.2.1 黄精多糖的生物合成与调控通路** 黄精多糖主要包括果聚糖、葡甘露聚糖等多种结构类型,其生物合成始于光合作用固定的碳源,并以蔗糖为关键前体之一<sup>[34-35]</sup>。该通路主要涉及“淀粉与蔗糖代谢”以及“果糖和甘露糖代谢”等相关生化途径<sup>[36]</sup>,转录组学研究显示,在黄精、多花黄精和滇黄精的根茎组织中,已鉴定出一系列与多糖合成相关的差异表达基因,这些基因编码包括蔗糖合酶(sucrose synthase, SUS)、尿苷二磷酸葡萄糖焦磷酸化酶(UDP-glucose pyrophosphorylase, UGPase)、糖基转移酶(glycosyltransferases, GTs)等多种关键酶。其中, $\beta$ -果糖苷酶( $\beta$ -fructosidase, sacA)被证实是影响不同黄精品种多糖含量差异的核心酶基因,其表达水平与多糖积累呈显著正相关,这从分子层面解释了黄精多糖主要为果聚糖结构的重要原因。通过比较根茎中高、低多糖含量部位的转录组数据,研究共鉴定出 17 个与多糖积累密切相关的候选基因,功能富集分析表明,这些基因主要参与糖核苷酸转化与糖链延伸等生物过程,该发现为系统解析多糖生物合成的精细调控网络

提供了关键分子靶点<sup>[37]</sup>。

**1.2.2 黄精皂苷的生物合成与修饰** 黄精皂苷属于甾体皂苷类化合物,其生物合成遵循植物典型的类异戊二烯代谢途径,包括胞质中的甲羟戊酸(mevalonic acid, MVA)途径和质体中的甲基赤藓糖醇磷酸(methylerythritol phosphate, MEP)途径。该过程以乙酰辅酶 A 为起始底物,经一系列高度保守的酶促反应生成关键中间体 2,3-氧化鲨烯,随后氧化鲨烯在特定环化酶作用下形成基本的甾体皂苷元骨架,此骨架再经历包括羟基化、环氧化以及糖基化在内的多种氧化与修饰反应,最终形成结构多样的皂苷分子,这是其丰富药理活性的化学基础<sup>[31]</sup>。近年来,通过整合转录组学与代谢组学等系统生物学方法,对黄精皂苷合成分子机制的解析取得了显著进展。崔泓实等<sup>[38]</sup>通过双组学关联分析系统揭示了大叶黄精皂苷合成的基因表达与代谢物积累网络,共鉴定出 33 个在皂苷生物合成通路中显著富集并差异表达的关键酶基因。这些基因主要分布于甾醇合成、萜类骨架构建以及皂苷元修饰这 3 条相关联的生物合成通路中,所涉及的关键酶主要包括鲨烯合酶(squalene synthase, SS)、鲨烯环氧酶(squalene epoxidase, SE),以及多种细胞色素 P450 氧化酶(cytochrome P450 monooxygenases, CYPs)和糖基转移酶(GTs),它们共同调控着皂苷碳骨架的形成、甾核的氧化修饰以及糖苷配基的添加,最终决定了皂苷的结构多样性与相应的药理活性,这也为后续通过合成生物学或代谢工程策略定向改良黄精皂苷成分提供了关键的候选基因库与调控靶点。

**1.2.3 次生代谢的转录调控网络** 黄精活性成分的生物合成不仅受到相关结构基因表达的调控,更受其上游转录因子(transcription factors, TFs)所构成的复杂调控网络的精细调控<sup>[33]</sup>。研究表明,碱性螺旋-环-螺旋(basic Helix-Loop-Helix, bHLH)转录因子家族在黄精多糖生物合成中发挥关键作用<sup>[39]</sup>。王郅炜等<sup>[40]</sup>通过全转录组分析从多花黄精中鉴定出 235 个 bHLH 家族成员,其中 15 个被预测参与多糖生物合成途径,且多数在根茎组织中特异性高表达,进一步的蛋白质互作网络分析表明,这些 bHLH 转录因子可能与多糖合成途径中的 5 个关键酶存在直接或间接的互作关系,揭示了其通过调控下游靶基因转录以影响多糖生物合成通量的潜在机制,除 bHLH 家族外,MYB 转录因子、NAC 转

录因子及 WRKY 转录因子等常见于植物次生代谢调控的转录因子家族, 也被预测可能参与黄精活性成分的生物合成调控, 但其具体的分子调控机制尚待进一步通过实验验证。

综上所述, 遗传基础决定了黄精内在药效品质(多糖、皂苷等)的合成潜能, 同时也塑造了根茎形态等外观品质的种间差异。然而, 这些由基因编码的代谢蓝图, 其最终表达效率和产物形式, 将严格受到后续种植环境中光、温、水、土以及根际微生物等生态因子的调控与筛选。这正是遗传与环境互作的核心内涵, 也是下一部分将要探讨的重点。

## 2 黄精品质形成与生态环境及根际微生态的关系

### 2.1 气候因子的综合调控效应

气候因子是决定黄精地理分布格局、调控其生长发育周期与次生代谢活动的关键环境变量<sup>[41]</sup>。作为一种典型的喜阴凉湿润环境的林下药用植物, 黄精对光照、温度及水分等气候要素的响应构成一个动态且相互关联的复杂调控网络<sup>[42]</sup>。该网络通过调控光合碳同化效率、胁迫响应信号传导以及细胞内代谢流分配等核心生理过程, 最终影响其生物量积累与药用活性成分的合成。

**2.1.1 光照强度对光合作用与次生代谢的调控** 光照是黄精进行能量代谢与碳同化的首要环境因子。作为典型的阴生植物, 黄精对光环境具有特定需求与敏感阈值, 表现为适宜中等偏低光强、而易受强光抑制的特性<sup>[43]</sup>, 通常 30%~50%的透光率是其最适宜的光照条件。在此范围内, 林冠层形成的漫射光既能满足其光合作用所需的光量子通量, 又可有效避免因强光直射造成的光系统II损伤与光抑制现象。肖良俊等<sup>[44]</sup>研究表明, 林下光环境可直接调控黄精的光合性能, 光合有效辐射是决定滇黄精净光合速率的主要驱动因子, 最优的光合效率直接关联于植株干物质的积累, 其中净光合速率可以解释滇黄精多糖含量变化的 51.0%, 是影响多糖积累的主导因子。这证实了适宜的光照条件通过保障高效的光合碳固定, 为多糖等次生代谢产物的生物合成提供了必要的碳骨架与前体物质。相反, 当遮阴过度导致光照严重不足时, 光合同化能力受到限制, 同化产物合成减少, 常伴随植株徒长与生物量积累低下, 而过高的光照则引发光氧化胁迫, 导致叶绿体结构损伤与光合机能衰退, 同样不利于其正常生长与品质形成<sup>[45]</sup>。因此, 在黄精生产中, 光照管理的关键在于通过调节遮阴度, 将光环境维持

在既能最大化光合效率、又能最小化光胁迫的平衡区间。

**2.1.2 温度与水分协同调控生长与胁迫响应** 温度和水分是协同调控黄精生长发育与次生代谢的关键环境因子<sup>[46]</sup>。温度通过影响酶动力学特性, 直接调控其物候进程与代谢网络整体速率, 黄精根茎的快速生长期与温暖季节同步, 有效积温是驱动其地下生物量积累的核心气候因子<sup>[47]</sup>。当遭遇极端高温胁迫时, 会触发复杂的分子响应机制, 使得多花黄精中的 *PcWRKYI* 转录因子基因表达显著下调, 表明 WRKY 等转录因子家族在热应激信号传导中扮演重要角色, 这类转录因子是植物响应环境胁迫、重编程次生代谢通路的核心调控组件<sup>[48]</sup>。与此同时, 水分条件与温度紧密偶联, 共同塑造胁迫环境, 黄精对水分的响应存在明确阈值, 生态位模型分析表明, 最湿月降水量是预测其潜在分布的主导变量。适宜水分保障正常生长, 而轻度干旱胁迫作为一种常见的“逆境激发”因子, 可诱导防御性代谢重编程, 促进多糖、皂苷等活性成分的积累<sup>[49]</sup>。高温与干旱复合胁迫会进一步加剧对光合机构的抑制, 并可能引导代谢流向合成具膜稳定和抗氧化功能的次生代谢产物。因此, 温度与水分构成的复合胁迫环境, 是通过激活特定的转录调控网络, 驱动黄精次生代谢产物积累、进而影响其“道地性”品质形成的重要环境诱因。

**2.1.3 气候因子互作及气候变化的影响** 在自然生境中, 光、温、水等气候因子并非独立作用, 而是通过协同与拮抗等相互作用, 共同构成影响黄精生长的复合环境梯度<sup>[46]</sup>(表 2)。森林冠层作为关键生物调节者, 其类型与郁闭度能显著塑造林下微气候, 具体表现为降低光合有效辐射、缓冲气温波动(减小日较差)、提高空气湿度并减少土壤水分蒸散, 从而为黄精创造稳定、湿润的微生境<sup>[50]</sup>。研究证实, 在物种分布模型中整合此类林分结构微气候因子, 能显著提升对黄精适生区预测的精度, 这揭示黄精的实际分布精准响应由地形、植被和区域气候共同界定的局部小气候条件, 各因子间存在显著的交互效应<sup>[49]</sup>。全球气候变化正系统性地扰动这一既有的微生境平衡, 长期的气温升高与降水格局改变, 预计将重塑黄精传统适生区的生态适宜性格局<sup>[51]</sup>。基于生态位模型的未来情景模拟表明, 气候变化可能导致其适生区范围发生迁移、收缩或破碎化, 部分区域的适宜性将显著下降<sup>[52]</sup>, 这对于许多林下植物

表 2 主要气候因子对黄精生长与品质形成的综合调控机制

Table 2 Comprehensive regulatory mechanisms of key climatic factors on growth and quality formation of *Polygonati Rhizoma*

气候因子	最适范围/特征	主要调控机制	对品质形成的影响	文献
光照	30%~50%透光率, 散射光为主	驱动光合作用, 提供合成前体; 过量则导致光抑制	净光合速率与根茎产量、多糖含量显著正相关; 光强影响黄酮等光保护物质合成。	45
温度	年均温13~15 °C (如滇黄精); 特定有效积温	影响酶活性, 调控生长节律与代谢速率; 极端温度引发胁迫响应	有效积温是根茎产量积累的关键因子; 高温胁迫可能诱导防御性次生代谢	47
水分	充足且均衡, 忌干旱与涝渍; 最湿月降水量是关键	作为生化反应介质和溶剂; 水分胁迫触发渗透调节与防御反应	影响物质运输与代谢; 适度干旱胁迫可能“激发”多糖等活性成分的积累	49
因子互作	林下微气候 (光、温、湿润协同)	森林冠层缓冲极端气候, 创造稳定、湿润的微环境	综合决定生境适宜性, 是“道地性”形成的微气候基础	46

而言, 气候变化不仅直接改变水热条件, 更可能通过影响森林群落结构与功能, 间接改变其赖以生存的荫蔽、湿润环境, 从而加剧其生存压力。这意味着, 当前主要依据历史气候数据建立的栽培产区, 在未来可能面临气候适宜性降低的风险。因此, 深入理解气候因子间的互作机制及其在气候变化背景下的动态变化, 对于科学评估黄精的潜在分布变迁、指导栽培产区的适应性规划以及制定前瞻性的资源保护与产业风险管理策略, 具有至关重要的意义。

## 2.2 土壤微生态系统的作用机制

土壤微生态系统是调控黄精基因型向药用品质表现型转化的核心界面与关键驱动力, 该系统并非惰性生长基质, 而是由土壤物理化学性质、酶活性动态及根际微生物群落共同构成的复杂互作体系<sup>[53-55]</sup>。通过驱动养分循环、能量转换及生物信号交流, 该体系深度影响黄精的养分获取效率、非生物胁迫适应能力以及次生代谢产物的合成与积累, 是阐明其“道地性”品质形成过程中环境塑造机制的核心研究环节<sup>[50]</sup>。

### 2.2.1 土壤理化性质对品质形成的直接驱动

土壤理化性质与生化活性共同构成了微生态系统的非生物基础, 直接决定了黄精的生长环境并影响其初级代谢过程<sup>[50]</sup>。黄精根茎的多种品质指标 (如折干率、浸出物含量及多糖含量) 与根际土壤环境因子显著相关, 土壤蔗糖酶活性、过氧化氢酶活性、pH、有机质、全氮、碱解氮、酸性磷酸酶活性及速效磷含量是影响黄精根茎品质的关键土壤驱动因子<sup>[56]</sup>。这些因子构成一个协同调控网络: 蔗糖酶与酸性磷酸酶活性分别表征土壤碳和磷循环的强度, 直接影响植物对同化产物及合成前体的可利用性;

过氧化氢酶活性指示土壤的氧化还原状态与生态健康度; 而土壤 pH、有机质及氮磷养分则通过调节根系构型与离子吸收效率, 为品质形成奠定物质基础。此外, 黄精植株本身也对根际微环境具有显著的反馈调节作用, 可选择性富集其根际土壤中的被孢霉门真菌, 该类真菌与土壤有机质含量呈显著正相关, 其增殖有助于改善根际微生态条件<sup>[57]</sup>。在干旱胁迫等逆境条件下, 土壤水分的亏缺会触发黄精一系列复杂的生理与分子响应, 这种逆境作为一种有效的“激发”因子, 能够显著调控其次生代谢产物的合成与积累, 最终影响药材品质<sup>[58-59]</sup>。这些指标涵盖了外观品质 (折干率) 与内在药效品质 (浸出物、多糖) 的核心内容, 表明土壤微生态通过多途径协同调控黄精的综合品质。

### 2.2.2 根际微生物群落的结构与功能特征

根际与植物内生微生物群落是土壤微生态系统的生物核心组成部分, 其群落结构呈现出高度的空间异质性及功能多样性<sup>[60-63]</sup> (表 3)。高通量测序分析表明, 黄精根际土壤、根茎组织及根内部位的真菌群落结构存在显著差异, 各自形成了具有组织特异性的菌群组合<sup>[19]</sup>。其中, 根际土壤的真菌物种多样性最高, 而根茎与根内则定殖着更为专一的内生真菌群落。功能预测分析显示, 这些内生真菌可能承担多种生态功能, 包括腐生、菌寄生、动植物病原、丛枝菌根共生以及地衣共生等<sup>[64-65]</sup>。值得注意的是, 根茎中的优势内生真菌类群 (如 *Setophoma*、*Neocosmospora* 等), 被认为可能直接或间接参与宿主活性代谢产物的生物合成过程<sup>[19]</sup>。这种从根际到根内微生物群落组成的梯度分异表明, 黄精能够对其根区微生态系统进行主动的选择性塑造, 通过从土壤微生物库中筛选、富集并组装形成一个对其生

表 3 影响黄精品质的典型根际微生物及其功能

Table 3 Typical rhizosphere microorganisms affecting quality of *Polygonati Rhizoma* and their functions

微生物种类/类型	主要功能	对黄精品质的潜在影响	文献
被孢霉门菌	富集于根际，与有机质含量正相关；可能参与养分循环与土壤改良	改善根际微生态，促进健康生长，为品质形成提供良好基础	61
内生真菌	定殖于根茎内部，功能多样（包括潜在共生）	可能与宿主活性代谢产物（如多糖、皂苷）的生物合成直接或间接相关	62-63
生防链霉菌	抑制根腐病病原菌（尖孢镰刀菌、炭疽菌）	减少病害导致的产量与品质损失，保障药材健康与安全	64
益生菌肥菌种	促进植株生长，增加土壤有益菌数量，提高土壤酶活性	显著提升根茎生物量及多糖、皂苷等活性成分含量	66

长发育有益的功能性微生物群落。

**2.2.3 黄精-土壤微生物双向互作的分子机制** 药用植物与土壤微生物之间的相互作用是一个动态、化学信号介导的双向过程，其分子机制深刻影响药用植物的生理状态与品质形成<sup>[6,67]</sup>。一方面，黄精通过根系分泌物主动调节其根际微生物群落组装，形成特异的互作格局<sup>[68]</sup>。研究表明，黄精根系分泌物能够特异性地富集有益细菌（如 *Bacillus*、*Sphingomonas*），同时抑制病原真菌（如 *Ilyonectria*）的相对丰度，从而构建有利于自身健康的根际微环境<sup>[69-70]</sup>，这种由植物主导的微生物群落组装，是连接黄精特定代谢表型与特定微生物群落结构的基础，其分子基础在于根系分泌物中的特异性代谢物（如有机酸、氨基酸、酚类等）作为信号分子，被根际微生物膜上的化学受体特异性识别，介导并重塑微生物群落结构与功能，进而调控药用活性成分的积累<sup>[71]</sup>。另一方面，被富集的功能微生物通过多种分子途径反馈调控宿主次生代谢。研究表明，特定功能微生物可直接参与或间接调控黄精活性成分的合成。在滇黄精中，接种丛枝菌根真菌（arbuscular mycorrhizal fungi, AMF）显著促进根茎多糖与薯蓣皂苷元积累，转录组分析显示皂苷生物合成通路关键酶基因如 1-脱氧-D-木酮糖-5-磷酸合酶（1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase, DXS）、法尼基焦磷酸合酶（farnesyl diphosphate synthase, FPS）、环阿屯醇合酶（cycloartenol synthase, CAS）、SS、SE 响应 AMF 诱导而上调表达，且低磷胁迫下诱导效应更为显著；qPCR 验证进一步表明，*PkFPS1*、*PkCAS1*、*PkSS1* 等基因在不同组织部位对 AMF 表现出特异性响应，表达量与功效成分含量变化趋势一致<sup>[72]</sup>。黄精根茎中优势内生真菌（如 *Setophoma*、*Neocosmospora*）亦被发现与活性成分积

累密切相关，且真菌群落与代谢产物的正相关性强于细菌群落，提示其在品质形成中可能发挥更直接的作用<sup>[73]</sup>。这些微生物信号分子被宿主细胞膜上的模式识别受体感知后，通过丝裂原活化蛋白激酶级联（mitogen-activated protein kinase, MAPK）和钙信号转导，最终作用于 WRKY、MYB、bHLH 等转录因子家族，调控多糖、皂苷合成通路关键酶基因的表达。黄精中已鉴定出参与多糖生物合成调控的 bHLH 转录因子家族成员，但其响应微生物信号的具体机制尚待深入解析。

除上述分子调控机制外，根际有益微生物还通过多种途径协同调控黄精生长与品质：一是通过营养竞争、产生抗菌物质或诱导系统抗性等方式直接抑制病原菌<sup>[70]</sup>；二是通过分泌植物激素、促进土壤养分矿化与有效性增强黄精生长<sup>[74]</sup>；三是可能通过释放信号分子影响黄精的次生代谢通路的活性<sup>[74]</sup>。此外，黄精植株对根际微环境具有显著的反馈调节作用，种植滇黄精可主动改变根区土壤的理化性质与酶活性，提高生物多样性，这一反馈过程受土壤 pH、速效氮、脲酶等多因子驱动<sup>[62]</sup>。综上所述，黄精-土壤微生物双向互作的核心在于化学信号的识别、转导以及由此引发的宿主与微生物双方基因表达谱和代谢网络的协同重塑。为了更清晰地展示这一复杂互作网络的不同层面，图 1 总结了其中的关键机制与功能。

由此可见，生态环境尤其是根际微生态系统，作为植物基因型与土壤环境相互作用的核心界面，对黄精内在药效品质（多糖、皂苷）及外观品质（如折干率）的形成具有深刻影响。然而，环境因子的调控效应并非完全由自然条件决定，栽培管理措施可通过改变土壤理化性质，实现对微生态系统的主动干预与定向重塑，进而调节品质相关代谢产物的合成与积累。

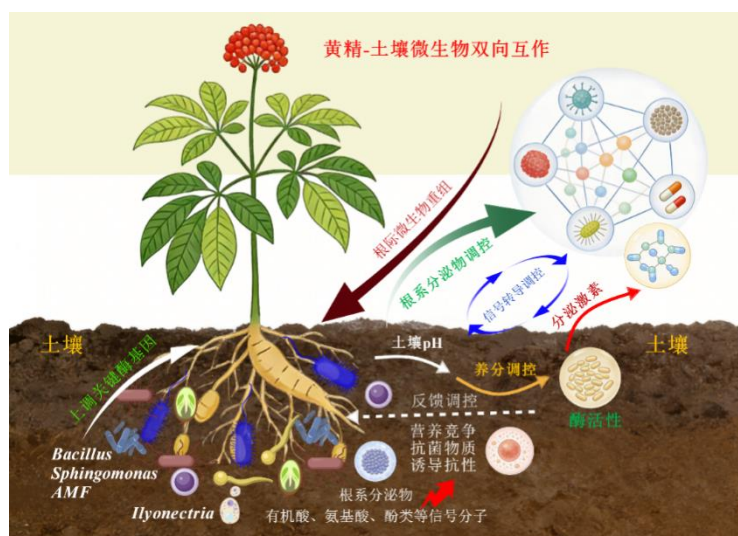


图1 黄精-土壤微生物双向互作的分子机制

Fig. 1 Molecular mechanisms underlying bidirectional interaction between *Polygonati Rhizoma* and soil microbiota

### 3 黄精品质形成与栽培及采后加工措施的关系

#### 3.1 栽培措施对品质形成的影响

在黄精品质形成的内在遗传基础与外在环境条件共同作用下，人为栽培管理是将其遗传潜力与生态适宜性转化为稳定优质药材产出的决定性调控环节<sup>[75]</sup>。传统依赖自然条件的粗放种植模式，已难以满足现代中药材产业对品质一致性、用药安全性及生产稳定性的要求。因此，基于对黄精生长发育规律与品质形成机制的深入解析，建立涵盖种苗繁育、生境调控、养分供给及整体生产模式的全程化、可量化精准栽培技术体系，是实现黄精产业高质量发展的必然需求与关键路径。

**3.1.1 种苗繁育的精准化技术** 优质、整齐且健康的种苗是实施黄精精准栽培的源头保障与品质形成的首要基础<sup>[76]</sup>。现代种苗工程通过整合遗传改良、高效繁育与精准鉴别技术，旨在系统性解决产业中存在的繁殖系数低、生长周期长以及种源混杂等关键制约问题<sup>[77]</sup>。在遗传改良与高效繁育方面，运用多倍体育种等生物技术是突破黄精繁殖障碍的重要策略之一，其核心理论依据在于“多倍体效应”，即通过秋水仙素等诱导获得的同源四倍体植株，在维持遗传背景稳定的前提下，通过基因剂量效应使植株获得器官巨型性与更高生物量，从而潜在地实现增产与缩短生长周期<sup>[78]</sup>；同时，采用赤霉素、6-苄氨基腺嘌呤与水杨酸等外源植物生长调节剂组合处理，能够有效打破种子的深度生理休眠，将发芽时间从自然条件下的约 18 个月大幅缩短至 60 d 左右<sup>[79]</sup>。在无性快繁技术体系方面，黄精的组

织培养快繁技术体系已趋成熟，其核心主要以 MS 为基本培养基，普遍采用带芽根茎段作为外植体，并通过添加适宜浓度的萘乙酸（1-naphthaleneacetic acid, NAA）等生长素诱导生根，在约 35 d 生根培养及短期炼苗后，即可实现种苗的规模化、标准化生产，为产业应用提供了可靠方法<sup>[80-81]</sup>。与此同时，品种的精准鉴定与定向选育是保障种质纯度和性状稳定的核心环节，分子标记技术已深度融入该流程，现有研究表明，尽管通用 DNA 条形码如内转录间隔区 2（internal transcribed spacer 2, ITS2）、trnH-psbA 间隔区（trnH-psbA intergenic spacer）、成熟酶 K 基因（maturase K, *matK*）、核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶大亚基基因（Rubisco large subunit gene, *rbcl*）单独用于黄精属物种鉴定的分辨能力有限，但多序列联合分析（如 ITS 与 psbA-trnH 片段组合）仍可有效鉴别多花黄精的不同地理种源<sup>[23, 82]</sup>。在此类分子鉴定技术支撑下，结合系统的种质资源综合评价，已成功筛选出具有明确药用或药食兼用价值的优良品系或类型，从而为面向特定生产目标的精准种源选择奠定了材料与科学基础<sup>[83]</sup>。

**3.1.2 栽培环境的精准调控策略** 黄精栽培环境的精准调控，核心在于通过量化的人工干预，在栽培生境中复现或优化其最适的微域生态条件<sup>[84]</sup>。这一定量管理过程，基于黄精喜阴凉、湿润、忌涝渍的生态生理特性，实现了对关键环境因子的动态协同调控，其中以光照和水管理最为关键<sup>[85-86]</sup>。研究证实，黄精作为典型的林下药用植物，其生物量积累与药用成分合成与林下遮荫度密切相关，适

度的林下遮荫（通常将透光率控制在 30%~50%）能有效调节其光合生理，避免强光抑制，并为药用成分的合成积累提供适宜条件<sup>[45]</sup>。在水分管理方面，黄精对土壤水分存在非线性响应阈值，适度的水分胁迫（如土壤相对含水量降至 65%左右）可能短暂诱导部分防御性次生代谢物的合成，但持续的干旱胁迫会显著抑制光合作用，导致根茎生物量与核心药效成分（如多糖）的积累下降<sup>[57]</sup>，相反，土壤渍水条件则会引发根系缺氧，破坏根际微生态平衡。因此，将土壤水分精准调控在适宜区间（如相对含水量 65%~80%），是协同提升黄精产量与品质的关键<sup>[87]</sup>。实现这一目标，需依托基于实时监测的智能灌溉技术，在此基础上，林下复合经营模式能充分利用森林冠层形成的稳定微环境，对光、温、湿进行协同调控，为黄精创造最适生长条件<sup>[88]</sup>。

**3.1.3 养分的精准管理与配方优化** 养分供给的精准管理是实现黄精产量与品质协同提升的核心栽培策略，其本质在于突破传统经验施肥模式，通过对氮、磷、钾等关键营养元素的定量调控，定向引导植株的生长分配与次生代谢流向<sup>[89]</sup>。研究表明，不同营养元素对黄精生长及品质形成的调控效应存在显著异质性，氮素是其生物量（包括地上部与地下部）积累的关键限制因子，磷肥对块茎产量有积极作用，但其效应常随施磷量增加呈先增后减的趋势，在特定土壤条件下，钾肥甚至可能抑制生物量积累<sup>[90]</sup>。对四年生多花黄精的研究显示，高氮、中磷、无钾处理可获得最大生物量及最高总皂苷含量，而多糖和总酚含量则在其他氮磷钾配比下达到峰值<sup>[91]</sup>，这揭示了在追求高产与特定高品质目标之间可能存在的生理权衡。代谢组学证据进一步表明，施肥促进块茎生长的同时，可能导致黄酮等重要次生代谢物含量下降，证实生物量积累与药用成分合成并非总是同步<sup>[16]</sup>。因此，实现黄精产量与品质的协同提升，需转向以特定生产目标为导向的精准养分管理，即通过动态优化养分配方，并结合有机无机肥配施、微生物菌肥协同等综合策略，实现对养分供应的精确调控。

### 3.2 采后加工的化学转化机制

采后加工是决定黄精药材最终药用属性与食用安全性的关键环节，其核心在于通过一系列定向的物理与化学处理，引发药材内部复杂的化学成分转化与重组<sup>[13,92]</sup>。该过程不仅能够消除或降低生鲜药材的刺激性，更重要的是可以显著改变其核心活

性成分的化学结构，进而增强其生物活性与功能特性，从而实现将内在品质潜力转化为稳定、高效的产品价值<sup>[93]</sup>。

**3.2.1 传统炮制工艺的化学转化机制** 传统“九蒸九晒”炮制工艺通过反复的湿热处理，深度驱动黄精化学成分的转化，是影响其最终药性物质基础的关键环节，该过程不仅引起活性成分含量的变化，更导致了多糖等大分子物质的结构重塑<sup>[94-96]</sup>。有研究表明，炮制后黄精多糖含量常呈现规律性下降<sup>[97]</sup>。然而，更显著的转化在于多糖分子结构的根本性重构<sup>[98]</sup>。研究证实，“九蒸九晒”能够促使黄精多糖的主链结构发生根本性改变，从生品中主要存在的、以  $\beta$ -(2 $\rightarrow$ 1)和  $\beta$ -(2 $\rightarrow$ 6)糖苷键连接的高度支化果聚糖，转变为炮制品中以  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 4)糖苷键连接的半乳聚糖<sup>[99]</sup>。这一转变揭示了炮制并非简单降解，而是涉及细胞壁多糖的溶出与分子链的再组装，明确了果聚糖作为重要贮藏物质和活性前体的地位<sup>[100]</sup>。同时，炮制过程中的湿热环境也为美拉德反应和焦糖化反应等非酶促褐变创造了条件，这些反应是炮制品颜色加深、特征性风味形成的主要化学基础，并可能生成新的具有生物活性的小分子化合物，共同构成了黄精炮制后药性改变的化学本质<sup>[94-95]</sup>。

**3.2.2 不同加工技术对成分与活性的调控** 不同的加工方法及其工艺参数（如温度、时间及加工介质）对黄精化学成分的影响具有显著差异<sup>[13,101-102]</sup>，这为实现加工过程的定向调控提供了理论依据。以采后晾晒这一常见初级加工方式为例，其会诱导药材成分发生持续动态变化<sup>[103]</sup>。研究显示，随着晾晒时间延长至 9 d，多花黄精中黄酮及多酚类物质的含量下降幅度可达 17.1%~64.6%，多糖含量亦呈下降趋势，并导致其提取物体外抗氧化与抗糖基化活性相应减弱，相较之下，碱液处理作为一种前处理手段，能在有效去除须根的同时，对黄精的主要内在品质指标未产生显著负面影响，表明其具有实际应用的可行性<sup>[104]</sup>。此外，现代微生物发酵技术已被应用于黄精加工，并展现出独特的生物转化潜力。研究发现，利用植物乳杆菌等益生菌进行发酵，可将黄精中的大分子多糖酶解为低相对分子质量功能性寡糖，这些寡糖不仅更易于被机体吸收，其本身及发酵代谢产物还能选择性促进肠道益生菌的生长，从而同步实现改善风味、提高生物利用度与增强益生功能的综合效果<sup>[105]</sup>。

**3.2.3 加工诱导的化学转化与药效关联** 加工诱导的化学成分转化,其根本目的在于实现黄精药理学活性与保健功能的定向增强与优化<sup>[106]</sup>。大量研究证实,“九蒸九晒”炮制导致的多糖结构重塑与其抗衰老活性的综合提升密切相关<sup>[96,99]</sup>。研究表明,炮制后生成的半乳聚糖,在缓解氧化应激、抑制衰老相关 $\beta$ -半乳糖苷酶(senescence-associated  $\beta$ -galactosidase, SA- $\beta$ -gal)活性、维持线粒体功能稳态、调控细胞周期进程以及抑制衰老相关分泌表型(senescence-associated secretory phenotype, SASP)等多个生理病理环节,均表现出优于生品中果聚糖的生物学效应<sup>[99]</sup>。这一发现从分子与细胞水平为传统炮制工艺“增效减毒”的效应提供了机制性解释。此外,加工过程中产生的寡糖、小分子肽类以及美拉德反应产物等,也可能协同作用于黄精调节肠道微生物群、增强免疫及抗疲劳等多种功能的发挥<sup>[107]</sup>。因此,现代黄精加工研究正逐渐从基于经验的过程控制,转向以特定功能为导向的精准化学调控。通过系统解析“加工参数-化学转化-结构变化-功能表达”之间的级联关系,为开发高附加值、可定制的黄精产品奠定了坚实的科学基础。

上述分析表明,精准的栽培管理能够调控环境,优化基因型的表达。更为重要的是,栽培措施(如养分管理)不仅影响收获时的产量和成分,还可能通过改变植株的生理状态,间接影响后续采收加工过程中的化学转化效率。因此,建立“采前-采后”关联的全局观,是实现黄精全产业链品质控制的关键。

#### 4 结语与展望

黄精药用品质的形成是一个受遗传基础、生态环境与人为农艺措施共同调控的复杂系统工程。从解析多糖与皂苷生物合成的分子机制,到阐明气候、土壤微生态等外部因子对次生代谢通路的调控,再到通过精准栽培与定向加工技术实现对品质性状的最终调控,现代研究正逐步揭示这一传统药材品质形成的多维网络与整合机制。尽管在种质资源评价、生态种植模式、化学成分解析及炮制原理等方面已取得重要进展,但面向产业高质量发展与可持续发展的目标,黄精的研究与实践仍需在以下关键领域寻求突破并实现深度交叉融合。

##### 4.1 深化多组学研究,解析品质形成的系统网络

未来研究需超越对单一因子或孤立通路的探讨,致力于构建黄精品质形成的全系统调控网络。这需要进一步整合基因组学、转录组学、代谢组学、

蛋白质组学及微生物组学等多组学技术,以系统性阐释从遗传信息解码到终产物积累的完整调控级联。研究的核心在于解析关键环境信号(如特定光质、水分胁迫)如何通过上游转录因子网络,精确调控下游次生代谢关键酶基因的表达,并阐明根际核心功能微生物在此信号传导与整合中的枢纽作用。同时,必须强化对多因子互作效应的深入研究,探究不同氮、磷、钾养分管理模式如何影响黄精根系分泌物的化学组成,进而重塑根际微生物群落结构,并通过微生物-植物互作反馈调节宿主的养分吸收效率与皂苷等特定代谢通路。最终,从“植物基因型-环境-微生物组”多维互作的层面,特别是结合遗传-环境互作模型和微生物组-代谢组关联分析,系统阐明黄精从外观品质到内在药效品质形成的分子生态学机制,建立涵盖多糖、皂苷等多指标的质量评价体系,为后续种质改良与精准调控提供理论依据。

##### 4.2 创新精准调控技术,实现从种植到采收的定向设计

“精准农业”的理念应系统性地融入黄精全产业链管理。在栽培环节,需着力推动集成了物联网传感、人工智能与作物生长模型的智能化管理平台从试验示范向规模化、标准化应用转化。此类数据驱动的管理决策系统,不仅能实现对光照、温度、水分及养分等环境因子的实时监测与动态优化,其长期运行积累的多源数据,还可用于构建和校准不同生态产区的数字化黄精生长模型,从而为产量与品质的预测性栽培以及自然灾害的早期预警提供核心技术支持。在种质改良方面,应充分利用已开展的多组学研究基础,进一步深化对关键功能基因(如F5H等)的挖掘与功能验证,明确其调控多糖、皂苷等活性成分合成的分子机制。在此基础上,开发与目标性状紧密连锁的功能性分子标记,建立基于基因型的分子标记辅助育种技术体系,实现优良种质的早期筛选与定向聚合。同时,随着关键调控位点的逐步解析,可探索将基因编辑等前沿生物技术应用于黄精的精准分子设计育种,为突破传统育种周期长、效率低的瓶颈提供新路径。

##### 4.3 突破加工技术瓶颈,驱动产业高值化与多元化发展

采收加工是提升黄精产品附加值的关键环节,其技术创新范式需从基于经验的工艺复现,转向以目标功能为导向的定向设计。一方面,需在分子层

面深入阐明“九蒸九晒”等传统工艺驱动化学成分转化并增强药效的普遍性科学机制,精确解析多糖结构从果聚糖向半乳聚糖转变的生化路径,并建立其与抗衰老等特定生物活性的构效关系,从而为传统工艺的标准化与优化提供核心科学依据。另一方面,应着力开发新型智能化加工技术,包括探索可控微波、远红外等物理场技术在定向转化稀有活性成分(特定皂苷)以及高效灭菌等方面的应用潜力。同时创新酶工程与微生物发酵等生物转化技术,以改善产品风味、提高生物利用度的同时,最大限度地保留其固有活性。基于对黄精核心功能成分(比如果聚糖)的深入理解—其不仅是一种膳食纤维,更是一种兼具缓释能量供给与代谢调节潜力的独特碳水化合物,未来的产品开发应朝向“精准营养”方向推进。即针对特定的健康需求(如血糖调节、衰老延缓、肠道菌群改善),开发功能因子明确、剂型与载体多元化的第3代保健食品及特殊膳食食品,从而实现黄精资源的高值化利用。

#### 4.4 构建全产业链标准体系,保障品质均一与产业健康发展

产业的现代化发展亟需标准化体系的规范与引领。目前,黄精全产业链各环节仍存在标准缺失、体系碎片化或衔接不畅等问题。未来应加快推进覆盖“种子种苗-规范化种植-产地加工-质量检测-产品流通”的全产业链标准体系构建。该体系应包括品种分子鉴定规范、生态种植技术规程、鲜药材分级标准、智能化加工工艺参数,以及基于特征指纹图谱与多指标含量测定的质量控制标准。尤为重要的是,应推动生产管理数字化与全过程质量追溯体系的深度融合,借助区块链等信息技术保障从种植到消费终端各环节数据的真实性、连续性与不可篡改性,从而为建立基于品质差异的优质优价市场机制奠定可靠基础。

综上所述,黄精产业的未来发展,根本上取决于基础研究的深度、技术创新的精度与产业链融合的广度三者之间的协同与整合。只有坚持以科技创新为驱动,实现从农业种植到健康产品开发的全产业链贯通,才能充分释放这一传统资源的潜力,为提升公共健康水平、助力乡村产业振兴及推动中医药国际化进程贡献实质性力量。

**利益冲突** 所有作者均声明不存在利益冲突

#### 参考文献

[1] 姜武,李亚萍,陈家栋,等. 基于 ISSR 和 SRAP 分子

标记的黄精种质遗传多样性研究 [J]. 中草药, 2022, 53(21): 6865-6873.

- [2] Zhao P, Zhao C C, Li X, *et al.* The genus *Polygonatum*: A review of ethnopharmacology, phytochemistry and pharmacology [J]. *J Ethnopharmacol*, 2018, 214: 274-291.
- [3] 陆佳岑, 薛畅, 姜程曦. 黄精及有效成分抗衰老作用机制的研究进展 [J]. 中草药, 2023, 54(14): 4732-4739.
- [4] Liu R L, Zhang X L, Cai Y H, *et al.* Research progress on medicinal components and pharmacological activities of *Polygonatum sibiricum* [J]. *J Ethnopharmacol*, 2024, 328: 118024.
- [5] Yang Y J, Yang Y F, Wang W L, *et al.* Evolutionary research trends of polysaccharides from *Polygonatum* genus: A comprehensive review of its isolation, structure, health benefits, and applications [J]. *Int J Biol Macromol*, 2025, 306: 141566.
- [6] Xu Q B, Lv Q Y, Yang Z, *et al.* Research progress on the extraction, structure elucidation, biological activities, and drug carrier applications of *Polygonati Rhizoma* polysaccharides [J]. *J Food Biochem*, 2025, 2025: 5515295.
- [7] 中国药典 [S]. 一部. 2025: 328.
- [8] Song Y J, Guo T, Liu S J, *et al.* Identification of *Polygonati Rhizoma* in three species and from different producing areas of each species using HS-GC-IMS [J]. *LWT*, 2022, 172: 114142.
- [9] Liu Z G, Zhang W, Wang B. Discrimination of *Polygonatum* species via polysaccharide fingerprinting: Integrating their chemometrics, antioxidant activity, and potential as functional foods [J]. *Foods*, 2025, 14(13): 2385.
- [10] Hu Y, Yin M Z, Bai Y J, *et al.* An evaluation of traits, nutritional, and medicinal component quality of *Polygonatum cyrtoneuma* Hua and *P. sibiricum* red [J]. *Front Plant Sci*, 2022, 13: 891775.
- [11] Wang Y, Wang Y Z. Preparation, analysis, biological activity of *Polygonati Rhizoma* polysaccharides: A review [J]. *J Mol Struct*, 2025, 1328: 141368.
- [12] Li Y H, Lu M, Yang Q Q, *et al.* Comparison of major nutritional components in *Polygonatum* germplasm resources from different origins [J]. *Foods*, 2025, 14(21): 3663.
- [13] Li Y K, Chen Z, Zhang C. Historical evolution and processing mechanism of ‘nine steaming and nine drying’ of traditional Chinese medicine preparation [J]. *Pharm Biol*, 2024, 62(1): 436-446.
- [14] Jiao J, Jia X R, Liu P, *et al.* Species identification of *Polygonati Rhizoma* in China by both morphological and

- molecular marker methods [J]. *Comptes Rendus Biol*, 2018, 341(2): 102-110.
- [15] Sebastin R, Kim K H, Shin H R, *et al.* Development of polymorphic simple sequence repeat markers for assessing genetic diversity and cross-species transferability in *Polygonatum* species [J]. *J Appl Res Med Aromat Plants*, 2025, 49: 100681.
- [16] Zhang Q Y, Cai Y Z, Zhang L P, *et al.* The accumulation of active ingredients of *Polygonatum cyrtoneuma* Hua is associated with soil characteristics and bacterial community [J]. *Front Microbiol*, 2024, 15: 1347204.
- [17] 肖水明, 初昉, 廖保生, 等. 本草基因组学在中药材质量均一性评价与控制中的应用 [J]. 中草药, 2025, 56(9): 3291-3304.
- [18] Zhou K X, Liu M Q, Gao J, *et al.* Discrimination of polygonati rhizoma species: An investigation utilizing high-performance liquid chromatography fingerprints and chemometrics [J]. *Chem Biodivers*, 2023, 20(7): e202300458.
- [19] 宋思情, 马英姿, 宋荣, 等. 11种黄精属植物根和根状茎显微结构的比较 [J]. 经济林研究, 2023, 41(2): 214-222.
- [20] 樊霞霞, 孙涛, 何蓓蓓, 等. 中药材内在品质和外在性状结合的研究现状及对策 [J]. 世界科学技术—中医药现代化, 2023, 25(9): 2914-2923.
- [21] Liu R, Wang P T, Lu P J, *et al.* Combined transcriptome and metabolome analysis reveal the chemical composition diversity and ferulate 5-hydroxylase mediated metabolite regulatory mechanism in *Polygonatum* [J]. *Curr Plant Biol*, 2025, 43: 100527.
- [22] Jiao J, Bai Z Q, Huang W L, *et al.* Evaluation of genetic diversity and population structure of *Polygonati Rhizoma* germplasms: Implications for better crop development and conservation of a traditional Chinese medicine [J]. *Acta Physiol Plant*, 2018, 40(10): 184.
- [23] Jiao J, Huang W L, Bai Z Q, *et al.* DNA barcoding for the efficient and accurate identification of medicinal *Polygonati Rhizoma* in China [J]. *PLoS One*, 2018, 13(7): e0201015.
- [24] Lu J M, Yao J C, Pu J Z, *et al.* Transcriptome analysis of three medicinal plants of the genus *Polygonatum*: Identification of genes involved in polysaccharide and steroidal saponins biosynthesis [J]. *Front Plant Sci*, 2023, 14: 1293411.
- [25] 苏海兰, 江保东, 朱雁鸣, 等. 黄精转录组 SSR 分子标记开发及种质遗传多样性分析 [J]. 中国农学通报, 2024, 40(26): 192-201.
- [26] 朱珏, 石雨荷, 侯超文, 等. 基于 SCoT 分子标记的黄精属不同种质遗传多样性研究 [J]. 中草药, 2025, 56(3): 966-974.
- [27] Ren F X, Wang D K, Jia Q J. Evaluation of genetic diversity and construction of DNA fingerprinting in *Polygonatum* Mill. based on InDel molecular markers [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2025, 72(6): 7453-7464.
- [28] He Y, Wang H L, Leng Y X, *et al.* Development of inter-retrotransposon amplified polymorphism (IRAP) markers and germplasm DNA fingerprinting of *Polygonatum sibiricum*: A well-known medicinal species in China [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2025, 72(5): 5939-5952.
- [29] Pan G, Xie J, Qin Y H, *et al.* Development of SSR markers for genetic diversity analysis and species identification in *Polygonatum odoratum* (Mill.) Druce based on transcriptome sequences [J]. *PLoS One*, 2024, 19(9): e0308316.
- [30] 蔡允璋, 贾巧君. 药食同源植物有效化学成分合成途径基因的组学研究进展 [J]. 天然产物研究与开发, 2025, 37(1): 182-193.
- [31] Li Z H, Hu Z X, Zhao Y K, *et al.* Geographical variations in *Polygonatum* polysaccharides and saponins biosynthesis in *Polygonatum* species [J]. *Ind Crops Prod*, 2025, 227: 120814.
- [32] Jia N, Jiang J L, Ye W, *et al.* Metabolic signatures of four *Polygonatum Rhizoma* species mapped using untargeted metabolomics [J]. *Metabolites*, 2025, 15(11): 682.
- [33] Pan M, Wu Y J, Sun C Y, *et al.* *Polygonati Rhizoma*: A review on the extraction, purification, structural characterization, biosynthesis of the main secondary metabolites and anti-aging effects [J]. *J Ethnopharmacol*, 2024, 327: 118002.
- [34] Gong H, Gan X N, Li Y Z, *et al.* Review on the genus *Polygonatum* polysaccharides: Extraction, purification, structural characteristics and bioactivities [J]. *Int J Biol Macromol*, 2023, 229: 909-930.
- [35] Yang M H, Chen R H, Zhou X, *et al.* Research progress on pharmacological effects and mechanism of *Polygonatum sibiricum* polysaccharides [J]. *Starch Stärke*, 2024, 76(9/10): 2300168.
- [36] Ye X P, Hu Y Y, Chen Y X, *et al.* Flavonoids from the genus *Polygonatum*: Biological activities and biosynthesis mechanism [J]. *Front Nutr*, 2025, 12: 1574182.
- [37] Feng T H, Jiang Y J, Jia Q J, *et al.* Transcriptome analysis of different sections of rhizome in *Polygonatum sibiricum* Red. and mining putative genes participate in polysaccharide biosynthesis [J]. *Biochem Genet*, 2022, 60(5): 1547-1566.
- [38] 崔泓实, 梁思琪, 石广地, 等. 转录组和代谢组联合分

- 析揭示大叶黄精皂苷生物合成相关酶基因 [J]. 湖北民族大学学报: 自然科学版, 2024, 42(1): 1-10.
- [39] Chen L S, Xu S W, Liu Y J, *et al.* Identification of key gene networks controlling polysaccharide accumulation in different tissues of *Polygonatum cyrtonema* Hua by integrating metabolic phenotypes and gene expression profiles [J]. *Front Plant Sci*, 2022, 13: 1012231.
- [40] 王郅炜, 张京晶, 单婷玉, 等. 多花黄精调控多糖生物合成途径的bHLH转录因子家族鉴定与分析 [J]. 生物学杂志, 2025, 42(3): 51-58.
- [41] Hu X Y, Yang S B, Li Z M, *et al.* Predicting the suitable habitat distribution of *Polygonatum kingianum* under current and future climate scenarios in southwestern Yunnan, China [J]. *Flora*, 2025, 323: 152677.
- [42] Guo Y X, Zhang S Y, Tang S C, *et al.* Analysis of the prediction of the suitable distribution of *Polygonatum kingianum* under different climatic conditions based on the MaxEnt model [J]. *Front Earth Sci*, 2023, 11: 1111878.
- [43] 龚慧婷, 宋荣, 唐艳梅, 等. 补充不同光质对多花黄精生长生理及主要药用成分积累的影响 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2025, 53(12): 208-216.
- [44] 肖良俊, 武建林, 肖靖秀. 核桃林下环境因子对滇黄精光合、产量及品质的影响 [J]. 西北林学院学报, 2024, 39(1): 108-116.
- [45] 徐哲, 王进, 郭兰萍, 等. 光照胁迫对滇黄精多糖代谢酶活性的影响 [J]. 分子植物育种, 2024, 22(10): 3374-3381.
- [46] Zhang X F, Li G, Gao P, *et al.* Combined analysis of potential distribution prediction and phenotypic data of *Polygonatum sibiricum* in China [J]. *Plant Ecol*, 2023, 224(6): 591-603.
- [47] 刘跃钧, 王声淼, 吴应齐, 等. 多花黄精根茎生长规律及产量的回归与通径分析 [J]. 中药材, 2018, 41(12): 2727-2732.
- [48] 贾慧, 赵玉龙, 郭晓阳, 等. 多花黄精 *PcWRKY1* 基因的克隆及响应高温胁迫功能分析 [J]. 江苏农业科学, 2025, 53(4): 200-208.
- [49] 冯子航, 吴勇, 于志博, 等. 整合气候数据和林分条件的云南5种典型中药材的林下种植适生区选择 [J]. 西南林业大学学报, 2025, 45(11): 165-172.
- [50] Xu H, Wang F, Hu Z X, *et al.* Moso bamboo-*Polygonatum cyrtonema* agroforestry systems: Evaluation of soil quality and *Polygonatum* yield [J]. *Forests*, 2023, 14(7): 1426.
- [51] Huang S Y, Zhang W C, Hong Z Y, *et al.* Geographic distribution and impacts of climate change on the suitable habitats of *Glycyrrhiza* species in China [J]. *Environ Sci Pollut Res*, 2023, 30(19): 55625-55634.
- [52] Schnitzler A, Carbiener R. Ecophysiological responses of the forest vernal synusia to climate changes over a decade (1979-1989) [J]. *Acta Oecol Internat J Ecology*, 1991, 12(3): 411-425.
- [53] Zheng H Y, Zhu Y M, Liao P H, *et al.* Intercropping with *Paris polyphylla* and *Ganoderma lucidum*: Regulatory effects on the rhizosphere microbial community and the quality of *Polygonatum cyrtonema* [J]. *Front Microbiol*, 2025, 16: 1711104.
- [54] 任玲慧, 郭星好, 郭宜欣, 等. 林下种植滇黄精对土壤理化性状及微生物群落的影响 [J]. 中国现代中药, 2024, 26(6): 1015-1023.
- [55] Wang Q C, Peng X J, Yuan Y X, *et al.* The effect of *Torreya grandis* inter-cropping with *Polygonatum sibiricum* on soil microbial community [J]. *Front Microbiol*, 2024, 15: 1487619.
- [56] 余高, 王海, 莫忠妹, 等. 不同生境黄精根茎品质特性及根际土壤环境驱动因子 [J]. 河南农业科学, 2023, 52(12): 57-68.
- [57] Liu F, Dong W L, An Y, *et al.* Pilot investigation of the rhizosphere microbial communities and metabolism of two cultivars of *Polygonatum cyrtonema* Hua [J]. *Front Microbiol*, 2025, 16: 1615900.
- [58] Qian H L, Xu Z, Cong K, *et al.* Transcriptomic responses to drought stress in *Polygonatum kingianum* Tuber [J]. *BMC Plant Biol*, 2021, 21(1): 537.
- [59] 韩贝贝, 曾文斌, 杨媛媛, 等. 腐殖质对干旱胁迫下多花黄精叶片生理生化特性的影响 [J]. 中南林业科技大学学报, 2024, 44(3): 65-74.
- [60] Wang Y, Zhang J, Sun J B, *et al.* Insights into the mechanisms of microbiome and metabolome changes mediated by understory interplanting mode in *Polygonatum sibiricum* [J]. *Front Microbiol*, 2023, 17: 1218595.
- [61] 彭翠仙, 王灿, 蔡群虎, 等. 滇黄精对土壤真菌群落结构的影响 [J]. 农学学报, 2024, 14(1): 53-58.
- [62] Chen M J, Han Y R, Hu J X, *et al.* *Tolypocladium rhizomatum* sp. nov.: An endophytic species isolated from the rhizome of *Polygonatum cyrtonema* [J]. *Phytotaxa*, 2023, 606(3): 201-210.
- [63] Cao G H, Li X G, Zhang C R, *et al.* Physiological response mechanism of heavy metal-resistant endophytic fungi isolated from the roots of *Polygonatum kingianum* [J]. *Environ Microbiol Rep*, 2023, 15(6): 568-581.
- [64] Guo S Y, Liu C X, Liu S H, *et al.* *Streptomyces polygonati* sp. nov., an endophytic actinomycete isolated from a root of *Polygonatum odoratum* (Mill.) [J]. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2016, 66(3): 1488-1493.
- [65] Shi J B, Chen P, Zhu M M, *et al.* Adaptation of

- Polygonatum* genotypes to the areas of transplantation greatly influences the rhizospheric microbial community [J]. *Plant Soil*, 2025, 510(1): 183-203.
- [66] 沈波, 邬玉芬, 王豪, 等. 生物菌肥及土壤调理剂对黄精生长、品质及根际土壤肥力的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2025(8): 164-170.
- [67] 吕柏辰, 孙海, 钱佳奇, 等. 药用植物根系分泌物与根际微生物相互作用及其在中药材生态种植中的应用 [J]. 中国中药杂志, 2024, 49(8): 2128-2137.
- [68] Schütz V, Frindte K, Cui J X, *et al.* Differential impact of plant secondary metabolites on the soil microbiota [J]. *Front Microbiol*, 2021, 12: 666010.
- [69] 程龙媛, 张国卉, 孙燕, 等. 药用植物-内生菌-根际微生物互作研究进展 [J]. 中草药, 2024, 55(15): 5264-5273.
- [70] Pang Z Q, Mao X Y, Xia Y, *et al.* Multiomics reveals the effect of root rot on *Polygonati rhizome* and identifies pathogens and biocontrol strain [J]. *Microbiol Spectr*, 2022, 10(2): e02385-e02321.
- [71] Li J N, Wang B, Ma H Y, *et al.* Root exudates drive plant-microbiome interactions influencing the quality of cultivated *Rheum tanguticum* during different growth development stages [J]. *Ind Crops Prod*, 2025, 237: 122157.
- [72] 张雪. 不同磷水平下接种 AMF 对滇黄精功效成分积累的影响及调控机制研究 [D]. 昆明: 云南中医药大学, 2021.
- [73] 程子洋, 柯仲成, 吴永祥. 多花黄精内生真菌 *Aspergillus ochraceus* 的代谢产物研究 [J]. 中草药, 2019, 50(22): 5424-5428.
- [74] Liu J H, Qian Y, Yang W Q, *et al.* Elucidating the interaction of rhizosphere microorganisms and environmental factors influencing the quality of *Polygonatum kingianum* Coll. et Hemsl [J]. *Sci Rep*, 2024, 14: 19092.
- [75] Cheng W Q, Pan Z B, Zheng H J, *et al.* Characterization of phytochemical profile of rhizome of artificial cultured *Polygonatum sibiricum* with multiple rhizome buds [J]. *Appl Biol Chem*, 2023, 66(1): 35.
- [76] 韩艳蕾, 任艳, 曹也, 等. 药用蕨类植物资源现状和人工栽培研究进展 [J]. 中草药, 2026, 57(2): 778-788.
- [77] 王洁, 陈江, 鲜彬, 等. 中药品种选育与“中药品质育种”研究思路 [J]. 中草药, 2023, 54(6): 2012-2020.
- [78] Iannicelli J, Guariniello J, Tossi V E, *et al.* The “polyploid effect” in the breeding of aromatic and medicinal species [J]. *Sci Hort*, 2020, 260: 108854.
- [79] 樊建, 沈莹, 邓代千, 等. 植物生长调节剂在中药材生产中的应用进展 [J]. 中国实验方剂学杂志, 2022, 28(3): 234-240.
- [80] 董薇, 余永亮, 许兰杰, 等. 伏牛山野生黄精组培快繁体系建立及组培苗质量评估 [J]. 种子, 2024, 43(10): 142-147.
- [81] Yang G Q, Huang L J, Jiang D, *et al.* Development of indirect somatic embryogenesis and plant regeneration system with immature embryos of the cultivated traditional Chinese medicinal herb *Polygonatum cyrtonema* [J]. *Ind Crops Prod*, 2024, 214: 118557.
- [82] 张国林, 邢以文, 薛满. DNA 条形码等分子鉴定技术与动植物类中药材的鉴定 [J]. 中国现代中药, 2021, 23(2): 381-388.
- [83] 赵露颖, 施梦瑶, 张巧艳, 等. 道地药材品质特征及形成机制研究进展 [J]. 中草药, 2022, 53(21): 6931-6947.
- [84] Li Y L, Zhao W, Zuo X H, *et al.* Habitat changes due to cultivation alter the genetic diversity and secondary metabolic changes of medicinal plants [J]. *Sci Rep*, 2025, 15: 36185.
- [85] 贾向荣, 焦劼, 马存德, 等. 不同土壤水分含量对黄精生长及多糖含量影响 [J]. 中药材, 2017, 40(9): 2007-2012.
- [86] Liu J, Mei M Y, He A N, *et al.* Influence of light quality on photosynthesis and plant morphology of *Polygonatum cyrtonema* Hua and *Polygonatum sibiricum* Delar. ex Redoute [J]. *Pak J Bot*, 2025, 57(3): 78-86.
- [87] 闫莉, 刘玉翠, 王晓光, 等. 适度干旱和低养分投入促进黄精生长发育与黄精多糖累积 [J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(8): 1468-1476.
- [88] 卢玉鹏, 高柱, 朱玉麟, 等. 基于生长生理适应性的多花黄精复合种植模式构建与评价 [J]. 植物科学学报, 2025, 43(2): 253-264.
- [89] 刘宇航, 邓远苇, 刘亚敏, 等. 氮磷钾配施对多花黄精产量品质及养分吸收的影响 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2022, 50(10): 97-105.
- [90] Deng Y W, Guo N, Liu Y M. Influence of fertilizer rates, planting density and light transmittance on yield and quality of *P. cyrtonema* [J]. *Int J Agric Sustain*, 2024, 22(1): 2409490.
- [91] 杨欣霖, 曹基武, 彭翠英, 等. 基于产量与品质的多花黄精配方施肥优化设计 [J]. 湖南生态科学学报, 2025, 12(2): 66-73.
- [92] Cheng Y, Huang X Y, Li L X, *et al.* Effects of solid fermentation on *Polygonatum cyrtonema* polysaccharides: Isolation, characterization and bioactivities [J]. *Molecules*, 2023, 28(14): 5498.
- [93] Shen J J, Pu W T, Song Q Y, *et al.* Traditional processing can enhance the medicinal effects of *Polygonatum cyrtonema* by inducing significant chemical changes in the

- functional components in its *Rhizomes* [J]. *Pharmaceuticals*, 2024, 17(8): 1074.
- [94] 秦宇雯, 张丽萍, 赵祺, 等. 九蒸九晒黄精炮制工艺的研究进展 [J]. *中草药*, 2020, 51(21): 5631-5637.
- [95] Mei X Y, Xia J B, Li W Q, *et al.* Glycan degradation in *Polygonati Rhizoma*: Effects of traditional ‘nine steaming and nine basking’ on low molecular weight fructans and polysaccharides [J]. *Food Chem X*, 2025, 25: 102131.
- [96] Zhang Q H, Lin X Y, Su W K. Study on the components changes of polysaccharides and saponins during nine steaming and drying of *Polygonatum sibiricum* [J]. *J Sci Food Agric*, 2024, 104(11): 6862-6874.
- [97] 吴伟菁, 陈家凤, 赵海军, 等. 加工方式对黄精多糖的结构和活性影响的研究进展 [J]. *食品工业科技*, 2022, 43(17): 98-106.
- [98] Wu W J, Huang N W, Huang J P, *et al.* Effects of the steaming process on the structural properties and immunological activities of polysaccharides from *Polygonatum cyrtonema* [J]. *J Funct Foods*, 2022, 88: 104866.
- [99] Guan Y H, Li R Y, Lv Z, *et al.* The change in structure and improvement of anti-aging effects of polysaccharides in *Polygonati Rhizoma* after the traditional “nine steaming-nine sun-drying” [J]. *Carbohydr Polym*, 2026, 373: 124597.
- [100] 郑梅霞, 刘伟, 侯国华, 等. 九蒸九制多花黄精化学成分、抗氧化活性及挥发性风味的动态变化及其机制 [J]. *中草药*, 2025, 56(20): 7332-7343.
- [101] Su L L, Li X M, Guo Z J, *et al.* Effects of different steaming times on the composition, structure and immune activity of *Polygonatum* polysaccharide [J]. *J Ethnopharmacol*, 2023, 310: 116351.
- [102] Guan Y H, Liang Z W, Li R Y, *et al.* Chemical composition and antioxidant activity of *Polygonatum kingianum* processed by the traditional method of “nine cycles of steaming and sun-drying” [J]. *Food Chem X*, 2024, 22: 101292.
- [103] 朱晓慧, 王锋, 苏小军, 等. 采后晾晒及碱液处理对黄精质量和抗氧化活性的影响 [J]. *食品研究与开发*, 2023, 44(8): 38-45.
- [104] Wang J J, Zhang W W, Guan Z J, *et al.* Exploring the effects of the fermentation method on the quality of *Lycium barbarum* and *Polygonatum cyrtonema* compound wine based on LC-MS metabolomics [J]. *Food Chem*, 2023, 428: 136770.
- [105] 班世栋, 宗春阳, 王晓丹, 等. 植物乳植杆菌降解黄精多糖产寡糖发酵条件优化及对益生菌生长的影响 [J]. *中国酿造*, 2025, 44(9): 123-132.
- [106] Wang J, Du Z F, Yang Q S, *et al.* Investigation of chemical changes in *Polygonatum kingianum* after traditional processing by multiple fingerprint profiles in combination with multivariate methods [J]. *Biomed Chromatogr*, 2022, 36(4): e5320.
- [107] Si D, Liu J J, Shi Y, *et al.* Huangjing fructan: A kind of novel active carbohydrate with energy-supply function [J]. *Trends Food Sci Technol*, 2025, 162: 105097.

[责任编辑 时圣明]