

根际微生物对药用植物品质影响的研究进展

何嘉琪¹, 刘贤许欣¹, 付金金¹, 马岁洋¹, 郑品康¹, 刘韶楠¹, 张雅婷¹, 吕俊杰¹, 王智勇⁴, 杨秀娟^{1,2,3}, 李 硕^{1,2,3*}, 段国建^{1,2,3*}

1. 甘肃中医药大学, 甘肃 兰州 730000
2. 西北中藏药省部共建协同创新中心, 甘肃 兰州 730000
3. 陇药产业创新研究院, 甘肃 兰州 730000
4. 甘肃省中药现代制药工程研究院有限公司, 甘肃 兰州 730000

摘 要: 根际微生物作为植物根系区域的核心生态因子, 其群落结构与功能多样性直接影响药用植物养分利用、逆境响应及次生代谢产物合成。系统阐明根际微生物调控药用植物品质的作用机制, 对发展基于微生态调控的生态化栽培技术、稳定药材道地性具有重要意义。系统综述了根际微生物通过改善营养吸收、调控内源激素平衡、诱导系统抗性(induced systemic resistance, ISR)及直接参与活性成分合成等途径影响药用植物品质的核心机制, 总结根系分泌物介导的根际微生态调控、微生物菌剂改良及合成菌群构建等应用策略, 并剖析功能菌剂田间定殖不稳定、与土著微生物竞争等实际瓶颈, 旨在为药用植物根际微生态与道地药材绿色生产提供理论参考。

关键词: 药用植物; 根际微生物; 根系分泌物; 微生物菌剂; 合成菌群

中图分类号: R282 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-2670(2026)19-7913-09

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2026.19.033

Research progress on effects of rhizosphere microorganisms on quality of medicinal plants

HE Jiaqi¹, LIU Xianxuxin¹, FU Jinjin¹, MA Suiyang¹, ZHENG Pinkang¹, LIU Shaonan¹, ZHANG Yating¹, LYU Junjie¹, WANG Zhiyong⁴, YANG Xiujuan^{1,2,3}, LI Shuo^{1,2,3}, DUAN Guojian^{1,2,3}

1. Gansu University of Chinese Medicine, Lanzhou 730000, China
2. Collaborative Innovation Center for Tibetan Medicine Co-construction by Ministry and Province, Lanzhou 730000, China
3. Longyao Industry Innovation Research Institute, Lanzhou 730000, China
4. Gansu Provincial Institute of Modern Chinese Medicine Pharmaceutical Engineering Co., Ltd., Lanzhou 730000, China

Abstract: As a core ecological factor in the root zone of plants, rhizosphere microorganisms' community structure and functional diversity directly affect medicinal plants' nutrient utilization, stress response, and secondary metabolite synthesis. Systematically elucidating the mechanisms by which rhizosphere microorganisms regulate medicinal plant quality is of great significance for developing ecological cultivation techniques based on microecological regulation and stabilizing the genuine characteristics of medicinal herbs. This paper systematically reviews the core mechanisms by which rhizosphere microorganisms influence medicinal plant quality through improving nutrient absorption, regulating endogenous hormone balance, inducing systemic resistance (ISR), and directly participating in the synthesis of active compounds. It also summarizes application strategies such as rhizosphere microecological regulation mediated by root exudates, microbial inoculant improvement, and construction of synthetic microbial communities, while analyzing practical bottlenecks such as unstable field colonization of functional microbial inoculants and competition with native microorganisms, aiming to provide a theoretical reference for the rhizosphere microecology of medicinal plants

收稿日期: 2026-02-03

基金项目: 甘肃省高校产业支撑计划项目(2025CYZC-050); 甘肃省联合科研基金一般项目(24JRRA883); 甘肃省联合科研基金一般项目(25JRRA1179); 甘肃省青年博士基金项目(2024QB-089); 甘肃中医药大学研究生创新创业基金项目(2026CXCY-329, 2026CXCY-339)

作者简介: 何嘉琪, 男, 硕士研究生, 研究方向为中药鉴定及其品质评价。E-mail: 2799495506@qq.com

***通信作者:** 李 硕, 女, 博士, 教授, 从事中药品种鉴定、质量评价及产品开发研究。E-mail: 290608323@qq.com

段国建, 男, 博士, 副教授, 从事中藏药成分及活性研究与开发。E-mail: duangji@gszy.edu.cn

and the green production of authentic medicinal herbs.

Key words: medicinal plants; rhizosphere microorganisms; root exudates; microbial inoculants; synthetic communities

越来越多的研究揭示,根际微环境是塑造药用植物品质不可或缺的关键环节^[1]。根际作为受根系活动强烈影响的狭窄土壤区域,是植物与土壤微生物进行物质、能量和信息交换的核心界面^[2]。定植于此的细菌、真菌、放线菌等微生物,与植物根系共同构成了一个复杂的共生生态系统。它们通过促进养分活化与吸收分泌生长调节物质、诱导系统抗性等方式,深刻调控着寄主植物的生长发育与代谢活动^[3]。其中,根际微生物群落的结构与功能多样性,是影响植物养分利用、逆境响应及次生代谢产物合成的关键生物学驱动力^[4]。大量研究表明,特定药用植物的根际微生物区系与其生物量积累和活性成分含量存在显著相关性^[5-6]。当前,高通量测序与多组学联用技术揭示了根系分泌物驱动微生物组装、微生物信号触发宿主代谢重编程的路径,明确了丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)、植物根际促生菌(plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR)等功能类群通过改善矿质营养、重塑激素平衡、激活 MAPK/WRKY 等防御通路,定向调控苯丙烷、萜类、生物碱等核心代谢途径。与此同时,连作障碍与道地性形成研究进一步证实,根际微生态失衡的表现为有益功能群衰减、病原菌富集及化感自毒物质累积,其是导致药材产量与品质同步下降的核心机制,而微生物菌剂或合成菌群的定向引入可有效修复此类失衡^[7]。基于此,本文系统阐释根际微生物通过营养改善、激素重编程、系统抗性诱导及直接参与代谢 4 条路径协同塑造药材品质的机制;同时,聚焦根系分泌物介导的定向调控、合成菌群构建及菌剂改良等前沿策略,并针对田间定殖不稳定、土著微生物竞争等实际应用瓶颈提出策略。本研究以人参、三七、黄芪等根及根茎类药材为核心对象,旨在为提升此类药材的品质、克服连作障碍、解析与维持道地性提供理论参考。

1 药用植物栽培面临的问题

在药用植物的传统栽培模式中,集约化、高密度及长期单一种植方式引发了诸多生态与农学问题,严重制约了药材的产量与品质提升^[7]。其中,连作障碍是许多药用植物,特别是块根、块茎类药材可持续生产面临的最严峻的挑战^[8]。连作障碍的

形成是多重因素协同作用的结果,而根际微生态失衡被认为是其核心机制^[9]。长期单一种植导致植物根系分泌物(如特定有机酸)持续在根际土壤中积累,常引起土壤 pH 值下降,即土壤酸化^[10]。土壤酸化会改变金属元素的有效性,既影响植物对必需矿质元素的吸收,也可能提高铝、锰等有毒元素的活性,进而抑制根系发育与养分吸收过程^[11]。同时,根际微生物群落结构的失调会直接干扰氮、磷、硫等关键元素的生物地球化学循环效率。

此外,药用植物在生长过程中分泌至根际的次生代谢产物,在连作条件下不断累积,可形成具有化感自毒作用的物质,抑制同种植物种子萌发与幼苗生长^[12]。研究发现人参根系分泌物中的某些氨基酸和糖类可作为趋化物,促进连作障碍形成,同时导致土传病原微生物持续增殖,病害发生频率与严重程度显著增加^[13]。连作障碍的直接表现是药用植物产量与品质的同步下降^[14]。品质退化主要体现在主要活性成分含量降低、各成分比例失调以及药材“道地性”特征的丧失。有学者发现,在党参的连作地块中,其标志性活性成分如炔萜和多糖的积累均受到显著抑制^[15]。这种品质衰退与根际微生态的恶化直接相关:持续的单一栽培破坏了土壤微生物群落的多样性及功能稳定性,导致有益微生物丰度与功能下降,而潜在病原菌或有害菌群比例上升,根际微生态平衡由此被打破^[16]。

2 根际微生物对药用植物形成的影响

根际微生物调控药用植物品质的过程具有多层面、系统性的特点,二者相互作用,互利互惠,其作用机制涉及植物基因驱动根际微生物群落自组装、养分循环调控、免疫应答诱导以及活性成分积累等多个生物学层面。这些机制相互关联、协同作用,共同影响药用植物的生长发育及其活性成分的积累,具体调控网络如图 1 所示。

2.1 改善营养吸收与水分利用,促进基础生长

土壤中的氮、磷、钾等矿质营养元素多以植物难以直接吸收的化合物形式存在。根际微生物通过其独特的生理生化功能,将这些营养物质转化为植物可利用的有效形态,从而为药用植物的旺盛生长和次生代谢产物的合成提供充足的物质和能量。AMF 的菌丝网络可以延伸至植物根系难以触及的

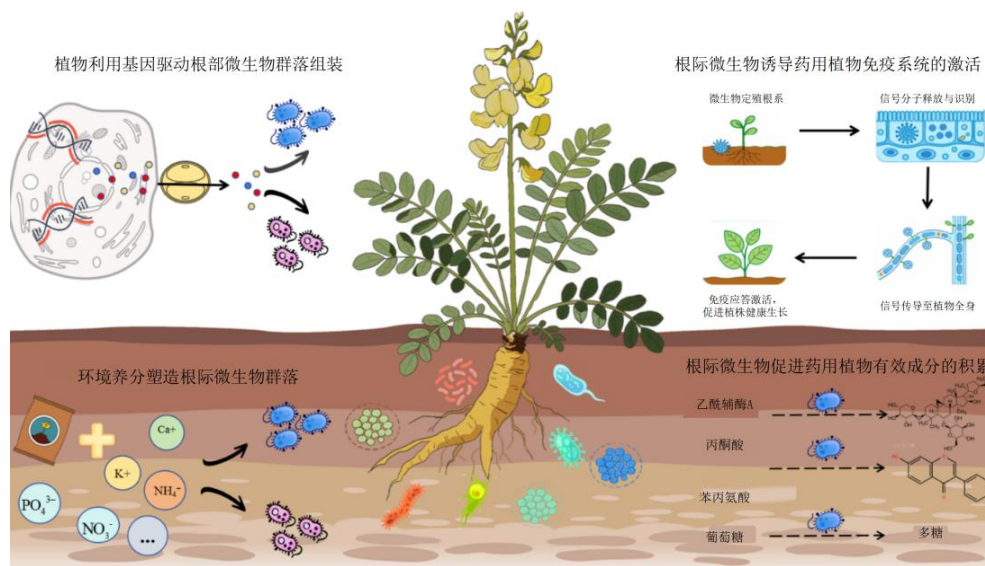


图 1 根际微生物与药用植物互作机制

Fig. 1 Mechanism of rhizosphere microorganisms interacting with medicinal plants

土壤区域，极大地增加了养分吸收的表面积。特别是对于磷元素的吸收，AMF 通过分泌磷酸酶和有机酸来活化土壤中被固定的磷，显著提高植物对磷的吸收效率^[17]。接种 AM 真菌能促进丹参对 N、P 等矿质元素的吸收和药用成分的积累^[18]。AM 真菌形成的外生菌丝扩大了黄芩根系吸收范围，内生菌丝在黄芩根皮层细胞间隙和细胞内形成泡囊和丛枝结构，加快了根系对土壤营养物质（特别是 P）的吸收和运输，从而促进黄芩生长^[19]。植物根际促生菌（plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR）是一类定居于植物根际，能够通过直接或间接方式促进植物生长的有益细菌。它们可以通过固氮作用将空气中的氮气转化为植物可利用的氨，通过解磷、解钾作用将土壤中难溶的磷、钾元素释放出来^[20]。此外，许多 PGPR 还能产生铁载体，通过与 Fe^{3+} 高亲和性地螯合，促进植物对铁元素的吸收，缓解因缺铁导致的生理胁迫^[21]。在干旱等非生物胁迫条件下，AMF 的菌丝网络如同一个天然的“水分泵”，增加了水分吸收，改善了植物体内的矿质营养。AMF 感染后植物的光合作用、蒸腾作用以及气孔导度都得到增强，促进植物对水分的吸收^[22]。根际微生物通过改善植物的矿质营养和水分状况，不仅直接促进了植物的生物量积累，更为次生代谢产物的合成提供了充足的原料和能量，从而在基础上保障和提升了药用植物的产量与品质。

2.2 调控植物内源激素平衡，影响次生代谢流向

在药用植物的栽培与品质形成过程中，根际微

生物通过调控宿主的内源激素平衡，进而影响其次生代谢产物的合成与积累，这一机制是连接土壤微环境与药材道地性的关键生理环节。药用植物的有效成分生物碱、醌类、萜类等，其生物合成途径受结构基因和转录因子的严格调控，基因的表达在很大程度上受到内源激素信号网络的支配^[23-24]。根际有益微生物假单胞菌属、芽孢杆菌属及丛枝菌根真菌等，能够通过直接合成植物激素类似物生长素 IAA、细胞分裂素 CKs 等，或通过诱导植物自身激素信号通路的变化，重塑宿主体内的激素稳态^[25]。当微生物源 IAA 的输入在促进根系生长的同时，可通过与茉莉酸（jasmonic acid, JA）、水杨酸（salicylic acid, SA）等防御激素信号的交叉对话，引导植物的资源分配从初级生长转向次生防御代谢^[26]。当根际微生物激活植物的 JA 或 SA 信号通路时，会诱导 MYC2 等防御相关转录因子表达，这些因子可直接结合并激活萜类合成酶（terpene synthase, TPS）、苯丙氨酸解氨酶（*L*-phenylalanine ammonia-lyase, PAL）等关键次生代谢合成酶基因的启动子，从而定向驱动碳流和能量流向特定产物的生物合成^[27]。这一调控机制具有普适性，人参中接种促生菌或菌根真菌提升了根系 JA 和 SA 水平，从而强烈刺激人参皂苷生物合成途径中达玛烯二醇合成酶等关键酶的基因表达，增加皂苷总量及稀有皂苷比例^[25]。根际微生物作为关键生态因子，通过激素介导的分子重编程来优化药用植物次生代谢品质的作用模式，为开发基于微生物组管理的药材生态

化、定向化栽培技术提供了坚实的科学依据。除激素调控外,根际微生物还能通过诱导宿主产生系统抗性,进一步强化抗氧化防御能力,进一步激活次生代谢相关通路,为药用植物次生产物的高效积累提供双重保障。

2.3 诱导系统抗性(induced systemic resistance, ISR)与抗氧化防御,影响次生代谢产物积累

在自然环境中,植物不可避免地会遭受各种生物和非生物胁迫,而根际微生物诱导的系统抗性能够激活药用植物抗氧化防御体系,并通过转录因子与表观遗传编辑驱动次生代谢产物的积累,实现“胁迫诱导的品质提升”^[27]。在生理层面,解淀粉芽孢杆菌 HK34 处理人参可上调病程相关蛋白基因及过氧化氢酶基因,对疫霉病防效达 85% 以上^[28];由寡养单胞菌、根瘤菌等组成的人工合成菌群通过协同抑菌与诱导 ISR,显著提升黄芪中苯丙氨酸解氨酶、过氧化物酶等防御酶活性,有效防控根腐病^[29]。此外,化感物质 2 茨醇不仅直接激活人参防御通路,还可诱导根系分泌皂苷以富集有益微生物,触发 ISR 协同抵御黑斑病^[30]。在转录调控层面,贝莱斯芽孢杆菌 GJ 7 通过上调 WRKY22/33、ERF1 等转录因子激活 MAPK 与乙烯信号通路,增强三七对根结线虫的抗性并驱动苯丙烷代谢^[31];蜡质芽孢杆菌 AR156 则依赖转录因子 WRKY33 实现染色质水平的防御的防御预激活,促使植物抗毒素亚麻荠素在病原菌二次侵袭时爆发性合成,实现抗氧化防御与次生代谢的协同增效^[32]。表观遗传学证据进一步揭示,根际促生菌可作为“表观编辑器”,通过诱导宿主防御基因启动子区域的组蛋白乙酰化或 DNA 去甲基化,解除异染色质的转录抑制状态,进而激活下游核心转录因子的特异性表达,驱动药用植物次生代谢产物的定向富集^[33]。

2.4 直接参与或影响活性成分的合成与积累

根际微生物不仅通过传统促生途径间接影响药用植物,更能深入宿主次生代谢网络,对活性成分的合成与积累进行显著影响。部分根际微生物甚至可直接合成与宿主相似的活性化合物^[34]。例如,三七道地产区中放线菌门和酸杆菌门相对丰度与总皂苷含量正相关,链霉菌属等通过合成皂苷前体或信号分子正向调控皂苷生物合成^[35]。关佳莉等^[36]在黄芪中发现芽生球菌属和微枝形杆菌属与芒柄花素、毛蕊异黄酮的积累正相关,推测其通过固氮、溶磷等途径参与黄酮合成。廉冬等^[37]报道猪苓生境

土壤中的微生物可分别提高菌丝生物量和胞外多糖产量,提示菌物类药材更依赖微生物直接分泌代谢产物来促进有效物质积累。然而,微生物的调控并非始终正向,不同生活型药用植物的响应差异显著。Li 等^[38]在木本药用植物米槁中发现根际细菌硝化螺旋菌属 *Nitrospira* 和 α -变形菌纲对 1,8-桉叶素、柠檬烯等成分的积累呈抑制作用。肖香^[39]研究盐胁迫下内生细菌 *Bacillus cereus* G2 对甘草活性成分的调控效应时发现, *Bacillus cereus* G2 能显著提高甘草幼苗的生理指标,并增加异甘草素和甘草酸的含量,但同时降低了甘草苷的含量, Wu 等^[40]在丹参中接种不同丛枝菌根真菌菌株,部分菌株显著降低了总酚酸含量,呈现菌株特异性负效应。当促生效应带来的生物量增幅超过次生代谢物合成速率时,还可能导致药效成分的相对稀释。因此,根际微生物对活性成分的调控具有物种及菌株选择性,评估其药效品质效应应兼顾促进与抑制两方面。

综上所述,根际微生物与药用植物之间构成了一个多层次、紧密协作的互作网络。从改善基础生长的营养供给,到重塑内源信号的代谢流向,再到激发系统性的防御响应,直到直接介入特定的合成途径,微生物群落通过多种机制协同作用于宿主植物,共同塑造了其次生代谢产物的最终组成与含量。这一多维度的系统调控视角,为从根际微生态层面精准提升药用植物品质奠定了坚实的理论基础。

3 药用植物品质提升的根际调控策略

在药用植物栽培研究中,提升药材品质、保持其道地性已成为重要的行业诉求。“优形优质”与“优效”理念的提出,为高品质药材的培育提供了明确的质量标准^[41]。如何在实际生产中系统且稳定地实现这一标准,是当前栽培研究面临的关键挑战。近年来,随着对道地性形成机制的深入理解,特别是认识到环境因子可通过“拟境栽培”等方式进行模拟与调控,为人工定向提升药材品质开辟了新的技术路径^[42]。根际调控作为一种直接靶向植物-土壤界面的策略,其在协调植株生长、次生代谢与道地性形成具有很大的潜力。

3.1 根系分泌物驱动根际微生态调控

根系分泌物作为植物主动释放的复杂代谢物混合物,是连接植物基因型与根际微生物组的关键桥梁,直接塑造了影响药材道地性形成的微环境^[43]。根系分泌物作为趋化信号,可以选择性招募有益功能微生物。如玉米根系分泌的黄酮类物质能显著上调

间作苍术中倍半萜合成关键基因的表达,从而促进挥发油含量倍增^[44];乌拉尔甘草通过分泌苹果酸实现对有益根际细菌的定向招募,而这些根际细菌可从离子平衡、渗透调节、抗氧化系统及植物激素调控等多个层面发挥功能,有效增强乌拉尔甘草的耐盐能力^[45]。其次,作为关键的化学信号,通过招募有益微生物和活化土壤养分,构建了利于药用植物次生代谢产物合成的根际微环境,是提升其道地性品质的核心调控靶点^[25,46]。根系分泌的低分子量有机酸可通过螯合作用,有效活化土壤中的难溶性磷、铁等元素,从而增加其生物有效性,为植物合成药用活性成分提供必需的前体物质。更重要的是,根系分泌物的组成并非一成不变,其动态变化是塑造根际微生物群落结构的关键驱动力,而特定的微生物群落构成又直接反馈并调控着植物的生长发育与健康状况,形成一个紧密的互作循环^[47-48]。唐古特大黄的研究揭示,随着生长发育,根系分泌物从初级代谢物有机酸、氨基酸等向次级代谢物苯甲酸苄酯的转变,会抑制丙酸杆菌科等有益菌,同时促进假散囊菌科等潜在病原菌,最终形成导致品质下降的负反馈循环^[49]。这凸显了维持分泌物平衡的重要性。

因此,针对根系分泌物,通过信号干预和生态重塑来调控根际微环境,已成为突破药用植物栽培瓶颈的前沿策略。其信号干预旨在定向调控植物的分泌表型,例如通过间作系统中伴生植物根系释放的特定黄酮或独脚金内酯类似物,或外源施用茉莉酸甲酯等诱导子,从而调控宿主植物根系分泌物的化学组成,从源头上阻断化感自毒物质积累的负反馈路径^[50-51]。而生态重塑则侧重于利用微生物的生命活动主动构建有益微环境,接种丛枝菌根真菌或构建基于功能互补的合成微生物群落,这些微生物不仅能通过趋化感应特异性根系分泌物定殖根际,其自身代谢产物和形成的生物膜还能进一步改变根际土壤理化环境,从而抑制病原微生物、增强植物的系统抗性并促进次生代谢^[52-53]。

3.2 微生物菌剂的改良

微生物菌剂的应用旨在引入具有明确促生、生防或代谢调控功能的有益微生物,直接靶向改善根际微环境,以应对连作障碍、提升药材产量与道地品质,是实现绿色可持续栽培的重要途径^[54]。其核心作用机制在于功能微生物通过溶磷^[55]、固氮^[56]、产植物激素^[57]与宿主建立共生关系,增强植物养分

获取与利用效率,为次生代谢产物的合成提供物质与能量基础。部分功能菌剂还能作为激发子激活植物防御与次生代谢相关信号通路,直接上调关键合成酶基因的表达,从而调控特定药效成分的生物合成^[58-60]。例如,具有溶磷与产植物激素能力的 *Rahnella aquatilis* 菌株可提升藏红花子球茎产量与藏花素含量^[61],枯草芽孢杆菌颗粒剂能够显著增强甘草的养分吸收效率并提高甘草酸和甘草苷含量^[62],娄彻氏链霉菌 D74 菌剂则通过改善绞股蓝连作土壤微生态失衡,增加生物量并调控总多糖、总黄酮等药效成分的含量^[63]。

然而,微生物菌剂在复杂田间环境中面临的挑战是定殖成功率与功能稳定性的问题^[64]。菌剂从实验室到田间的转化鸿沟长期制约其大规模应用,实验室表现优异的菌株在大田中往往难以稳定发挥功效^[65]。就定殖失败的生态学机制而言,引入的外源菌株面临土著微生物群落的强烈定殖抗性,二者在营养资源和空间生态位上存在直接竞争。例如,在当归栽培中单接种 *Rahnella aquatilis* 后,由于土著微生物的竞争排斥,其根际存活数量在数周内显著下降,难以持续发挥促生效应^[66]。最新研究进一步揭示,外源菌剂还可能通过无意中促进土著微生物的生长而间接丧失竞争力—菌剂分泌的代谢产物被土著类群吸收利用后,反而强化了后者的竞争能力^[67]。此外,土壤理化性质的异质性以及环境因子的波动,均可显著影响引入菌株的存活与功能表达^[68]。针对上述问题,菌剂改良策略应从单一菌株筛选向多维度精准调控方向演进。首先,微胶囊包埋技术可以将功能菌株封装于海藻酸盐、壳聚糖或纳米黏土等载体中,能够有效提高菌体的存活性、稳定性和缓释性,显著增强其在根际的定殖效率^[69-70]。其次,可以将益生菌与特异性益生元复配成合生元,可为引入菌株创造竞争优势,促进其优先定殖与增殖,达到削减土壤障碍的目的^[71]。最后在菌群构建层面,合成菌群(SynComs)的设计正逐步替代单一菌株接种的传统模式。其核心机制在于利用菌株间的代谢分工与生态位互补,最大限度降低成员间的资源竞争重叠,从而拓宽群落的基础生态位宽度。这种结构优化不仅增强了菌群在异质性环境下的功能冗余度,还显著提升了其在根际的定殖稳定性。这一方法已在当归^[66]、黄芪^[72]、孩儿参^[73]等药用植物栽培体系中得到验证,能够同步实现植株促生与药效品质的提升。

4 结语与展望

药用植物品质的形成，是对复杂生境长期适应的结果，更是植物遗传背景与根际微生态系统协同进化的综合体现。本文以人参、三七、黄芪等药用植物为实证案例，系统表明根际微生物作为这一系统的核心驱动力，主要通过改善矿质营养、重塑激素平衡、诱导系统抗性等多路径协同机制，对药用

植物活性成分积累产生显著且具菌株特异性的双向调控（表 1）。然而，面对集约化栽培引发的连作障碍与品质退化，单纯依靠传统经验或单一接种的改良模式已难以为继，亟需向精准生态调控范式转变。尽管现有策略初见成效，但受限于田间定殖效率与微生态互作机制的复杂性，实验室成果向田间应用的转化速度仍显滞后。

表 1 不同微生物调控药用植物品质案例
Table 1 Cases of different microorganisms regulating quality of medicinal plants

菌群类型	代表药用植物	关键调控机制	核心品质效应	文献
AMF	丹参	菌丝网络扩展氮、磷、钾元素吸收；激活茉莉酸信号通路	提高丹丹酚酸 B、迷迭香酸、丹酚酸 B、咖啡酸、丹参酮I、丹参酮IIA 含量	74
	甘草	摩西漏斗菌 <i>Funneliformis mosseae</i> 激活了 bAS 和 P450 等关键基因	增加脯氨酸、甘草酸含量	75
PGPR	青蒿	摩西管柄囊霉 <i>Funneliformis mosseae</i> 和芽孢杆菌 <i>Bacillus</i> 二者协同作用，使其芽孢杆菌固氮活性显著增强，导致大量光合产物导向次生代谢途径，促进生长	提高青蒿素含量	76
	当归	枯草芽孢杆菌可以固氮、磷溶解以及影响吲哚乙酸（indole-3-acetic acid, IAA）生物合成活性	丁烯基苯酞量增加、藁本内酯含量降低	77
益生真菌 （木霉菌）	三七	上调参与苯丙素、单萜和二萜生物合成以及茉莉酸信号传导的关键基因	显著提升关键农艺性状、植物生长促进激素浓度以及生物活性皂苷的积累	78
	党参	激活植株体内 SA-JA-ABA 交叉信号通路，诱导植物系统抗性；上调党参多糖合成、甲羟戊酸（mevalonic acid, MVA）途径、苯丙烷途径关键酶基因与蛋白表达	显著促进党参生理指标提升；上调党参多糖、甾醇皂苷、总酚核心药效成分积累；增强植株抗旱、耐盐及抗根腐病能力	79
放线菌	番红花	植株中分离得链霉菌 <i>Streptomyces</i> 分泌蛋白酶、葡聚糖酶直接裂解病原菌细胞壁，利用基因簇合成广谱抗生素；产生 IAA 及 ACC 脱氨酶促生	高效防治由镰刀菌等引起的藏红花球茎腐烂病，显著降低病情指数	80

为此，未来研究应着力于以下方向：（1）应从单一菌株接种转向代谢分工明确、生态位互补的合成菌群（SynComs）构建，利用菌株间的功能冗余增强群落在异质环境中的适应性与定殖稳定性。同时，利用根系分泌物信号分子与益生元复配开发合生元，可提升外源菌群在土著微生物竞争中的定殖成功率。结合间作、轮作等农艺措施调节根系分泌物组成，从源头阻断化感自毒物质的负反馈积累，实现根际微生态的主动修复；（2）借助宏基因组、转录组、代谢组等多组学技术，系统厘清植物基因、根系分泌物、微生物功能组、植物代谢组间的互作网络机制。当前该领域面临 3 大瓶颈：一是田间数据异质性高，土壤、气候及品种差异显著；二是大量未培养土壤微生物的基因组信息缺失，导致其功

能基因无法被现有数据库有效注释；三是机器学习模型固有的黑箱特性，制约了从关联分析向因果机制解析的跨越。未来需建立标准化多组学数据库与知识图谱，发展可解释性 AI 算法，以破解上述困境；（3）针对生产环节中的关键胁迫因子干旱、盐碱、根腐病及土传病原菌等，定向筛选具有多重功能的菌株资源，基于不同区域的土壤微生态环境，优先筛选本土核心菌群并进行驯化改良，并深入解析其在环境胁迫下的定殖策略、与宿主免疫系统的对话机制以及拮抗病原体的分子基础，为合成菌群的组配提供理论依据。通过以上途径的协同推进，有望实现药用植物根际微生态从经验管理向可预测、可设计的精准调控跨越，为中药材的生态化、标准化与智能化生产提供科学支撑。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] 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.
- [2] Wu W, Chen W H, Liu S Y, *et al.* Beneficial relationships between endophytic bacteria and medicinal plants [J]. *Front Plant Sci*, 2021, 12: 646146.
- [3] 魏祯, 莫传鑫, 王田斌, 等. 柴胡根部细菌群落的生态位富集特征与柴胡皂苷积累的关联分析 [J]. *中草药*, 2026, 57(8): 3142-3153.
- [4] Korenblum E, Dong Y H, Szymanski J, *et al.* Rhizosphere microbiome mediates systemic root metabolite exudation by root-to-root signaling [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2020, 117(7): 3874-3883.
- [5] Lin Y X, Zhang H, Li P R, *et al.* The bacterial consortia promote plant growth and secondary metabolite accumulation in *Astragalus mongholicus* under drought stress [J]. *BMC Plant Biol*, 2022, 22(1): 475.
- [6] Dong L L, Li Y, Xu J, *et al.* Biofertilizers regulate the soil microbial community and enhance *Panax ginseng* yields [J]. *Chin Med*, 2019, 14: 20.
- [7] Zeeshan Ul Haq M, Yu J, Yao G L, *et al.* A systematic review on the continuous cropping obstacles and control strategies in medicinal plants [J]. *Int J Mol Sci*, 2023, 24(15): 12470.
- [8] 饶之望, 孙祎洋, 郭军玲, 等. 根及根茎类道地药材连作障碍研究进展 [J]. *中国土壤与肥料*, 2025(4): 258-272.
- [9] Haq M Z U, Bai Z Q, Gu G T, *et al.* Continuous cropping obstacles in medicinal plants: Driven by soil microbial communities and root exudates. A review [J]. *Plant Sci*, 2025, 359: 112686.
- [10] 吴红森, 林文雄. 药用植物连作障碍研究评述和发展透视 [J]. *中国生态农业学报: 中英文*, 2020, 28(6): 775-793.
- [11] Dong L L, Xu J, Zhang L J, *et al.* High-throughput sequencing technology reveals that continuous cropping of American ginseng results in changes in the microbial community in arable soil [J]. *Chin Med*, 2017, 12: 18.
- [12] 邱亚娟, 邵晓龄, 陈莺宇, 等. 连作对纹党生长、生理特性及自毒物质的影响研究 [J]. *草业学报*, 2025, 34(1): 107-117.
- [13] 徐周洋. 人参根系分泌物对其病原菌的化学趋向性的影响及人参属植物种子种苗的化感作用研究 [D]. 长春: 吉林农业大学, 2021.
- [14] 谭勇. 三七连作障碍根内生与根际土壤微生物群落多样性变化研究 [D]. 昆明: 昆明理工大学, 2017.
- [15] 许玲. 基于转录组和微生物组学探究党参连作障碍成因 [D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2025.
- [16] Wang G, Ren Y, Bai X J, *et al.* Contributions of beneficial microorganisms in soil remediation and quality improvement of medicinal plants [J]. *Plants*, 2022, 11(23): 3200.
- [17] 王希付, 张雪, 赵荣华, 等. 丛枝菌根真菌在药用植物中的作用及机制研究进展 [J]. *中国实验方剂学杂志*, 2020, 26(11): 217-226.
- [18] 齐俊香, 杨晓宇, 王紫月, 等. AM 真菌、水分和施磷水平对丹参生长及品质的影响 [J]. *河北大学学报: 自然科学版*, 2016, 36(5): 509-516.
- [19] 贺学礼, 马丽, 王平, 等. AM 真菌和施 P 量对黄芩生长、养分吸收和微量元素的影响 [J]. *中国中药杂志*, 2011, 36(16): 2170-2175.
- [20] Vaghela N, Gohel S. Medicinal plant-associated rhizobacteria enhance the production of pharmaceutically important bioactive compounds under abiotic stress conditions [J]. *J Basic Microbiol*, 2023, 63(3/4): 308-325.
- [21] 马雪晴, 冀傲冉, 郑娇莉, 等. 植物根际促生菌促生机制及其应用研究进展 [J]. *中国农业科技导报*, 2025, 27(2): 13-23.
- [22] 蒲子天, 张林, 张弛, 等. 丛枝菌根真菌与植物共生影响植物水分状态的研究进展 [J]. *土壤*, 2022, 54(5): 882-889.
- [23] 刘玉婷, 郭静, 张重义, 等. 根际微生态视角下的中药材道地性研究进展 [J]. *中国现代中药*, 2025, 27(8): 1594-1602.
- [24] Sun R T, Feng X C, Zhang Z Z, *et al.* Root endophytic fungi regulate changes in sugar and medicinal compositions of *Polygonum cuspidatum* [J]. *Front Plant Sci*, 2022, 13: 818909.
- [25] Yu J B, Bai M, Wang C Y, *et al.* Regulation of secondary metabolites accumulation in medicinal plants by rhizospheric and endophytic microorganisms [J]. *Medicinal Plant Biology*, 2024, 3(1): 563.
- [26] Yang Y, Zhang C C, Wang Y P, *et al.* Multi-omics to hormonal signaling networks: Decoding growth-defense trade-offs underlying growth-retardation in two-year-old cultivated ginseng (*Panax ginseng* C. A. Mey.) [J]. *Ind Crops Prod*, 2025, 236: 121873.
- [27] Zeng T, Su H, Wang M Y, *et al.* The role of MYC₂ transcription factors in plant secondary metabolism and stress response mechanisms [J]. *Plants*, 2025, 14(8): 1255.
- [28] Lee B D, Dutta S, Ryu H, *et al.* Induction of systemic resistance in *Panax ginseng* against *Phytophthora*

- cactorum by native *Bacillus amyloliquefaciens* HK34 [J]. *J Ginseng Res*, 2015, 39(3): 213-220.
- [29] Li Z F, Bai X L, Jiao S, *et al.* A simplified synthetic community rescues *Astragalus mongholicus* from root rot disease by activating plant-induced systemic resistance [J]. *Microbiome*, 2021, 9(1): 217.
- [30] Ji X Y, Ye C, Kang W T, *et al.* Interspecific allelopathic interaction primes direct and indirect resistance in neighboring plants within agroforestry systems [J]. *Plant Commun*, 2025, 6(1): 101173.
- [31] Wu W T, Wang J J, Wang Z H, *et al.* Comparative transcriptome analysis reveals the molecular mechanism of *Bacillus velezensis* GJ-7 assisting *Panax notoginseng* against *Meloidogyne hapla* [J]. *Int J Mol Sci*, 2023, 24(24): 17581.
- [32] Li Z J, Tang S Y, Gao H S, *et al.* Plant growth-promoting rhizobacterium *Bacillus cereus* AR156 induced systemic resistance against multiple pathogens by priming of camalexin synthesis [J]. *Plant Cell Environ*, 2024, 47(1): 337-353.
- [33] Zou R, Lu Z H, Djamei A, *et al.* The roles of epigenetics in the interplay between beneficial rhizobacteria and plants [J]. *Mod Agric*, 2025, 3(1): e70017.
- [34] Gao Z Q, Zhu N, Yang M H, *et al.* Integrating transcriptome, metabolome and microbiome to explore the interaction mechanism between secondary metabolites and root-associated bacteria of *Codonopsis pilosula* [J]. *Ind Crops Prod*, 2025, 227: 120790.
- [35] Xia Q, Wang B Y, Liu Z H, *et al.* Deciphering the key soil microbial taxa that contribute to saponin accumulation in a geo-authentic Sanqi ginseng production area: Evidence from four different varieties [J]. *Appl Soil Ecol*, 2024, 201: 105470.
- [36] 关佳莉, 丛悦, 徐媛媛, 等. 不同种植模式下黄芪根际环境与活性成分相关性研究 [J]. 中草药, 2025, 56(12): 4399-4409.
- [37] 廉冬, 徐梦馨, 马珍璐, 等. 土壤微生物发酵液对猪苓菌丝生长的影响 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2019, 47(10): 80-86.
- [38] Li L X, Yang X D, Tong B L, *et al.* Rhizobacterial compositions and their relationships with soil properties and medicinal bioactive ingredients in *Cinnamomum migao* [J]. *Front Microbiol*, 2023, 14: 1078886.
- [39] 肖香. 基于碳代谢的内生细菌 *Bacillus cereus* G2 调控盐胁迫下甘草活性成分合成和积累的机制研究 [D]. 银川: 宁夏医科大学, 2022.
- [40] Wu Y H, Wang H, Liu M, *et al.* Effects of native arbuscular mycorrhizae isolated on root biomass and secondary metabolites of *Salvia miltiorrhiza* Bge. [J]. *Front Plant Sci*, 2021, 12: 617892.
- [41] 张成才, 孙嘉惠, 汪奕衡, 等. 道地药材“优形、优质”形成的微进化机制研究进展 [J]. 中国中药杂志, 2023, 48(22): 6021-6029.
- [42] 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): 789-796.
- [43] 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.
- [44] Peng Z, Cao M Y, Zhu S D, *et al.* Interspecific rhizosphere interactions enhance secondary metabolite synthesis and volatile oil content in *Atractylodes lancea* through root exudates [J]. *Ind Crops Prod*, 2025, 236: 122084.
- [45] Ullah I, Zhou D L, Khan A R, *et al.* Unveiling the adaptation mechanisms of symbiotic microbial communities in *Glycyrrhiza glabra* under extreme environmental conditions [J]. *J Appl Microbiol*, 2025, 136(12): 1xaf291.
- [46] Yang H, Zhang P P, Wang G R, *et al.* Root exudate chemodiversity bridges acquisitive-conservative strategy synergy between roots and rhizosphere microbes in a subtropical forest [J]. *Ecol Lett*, 2026, 29(1): e70323.
- [47] 田江, 梁翠月, 陆星, 等. 根系分泌物调控植物适应低磷胁迫的机制 [J]. 华南农业大学学报, 2019, 40(5): 175-185.
- [48] 李石力, 陈允衡, 杨冠羽, 等. 根系分泌物在调控根际健康中的趋化信号功能研究进展 [J]. 植物医学, 2025, 4(5): 7-14.
- [49] 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.
- [50] 王亚, 冯发运, 葛静, 等. 植物根系分泌物对土壤污染修复的作用及影响机理 [J]. 生态学报, 2022, 42(3): 829-842.
- [51] Yu H W, He Y Y, Zhang W, *et al.* Greater chemical signaling in root exudates enhances soil mutualistic associations in invasive plants compared to natives [J]. *New Phytol*, 2022, 236(3): 1140-1153.
- [52] 谢伟. 丛枝菌根对甘草根系次生代谢产物积累的影响机制研究 [D]. 北京: 中国科学院大学, 2020.
- [53] Cartabia A, Tsiokanos E, Tsafantakis N, *et al.* The arbuscular mycorrhizal fungus *Rhizophagus irregularis* MUCL 41833 modulates metabolites production of *Anchusa officinalis* L. under semi-hydroponic cultivation [J]. *Front Plant Sci*, 2021, 12: 724352.
- [54] 郝珂, 杨雨泽, 赵育嘉, 等. 常见药用植物连作障碍原

- 因及防治措施研究进展 [J]. 农业科学研究, 2026, 47(1): 64-73.
- [55] 张艺灿, 刘凤之, 王海波. 根际溶磷微生物促生机制研究进展 [J]. 中国土壤与肥料, 2020(2): 1-9.
- [56] Shi Z Y, Guo Y X, Liu H J, *et al.* Unveiling microbial-plant interactions via multi-omics: A nitrogen-fixing agent enhances *Astragalus mongholicus* growth and medicinal properties for sustainable culture [J]. *Ind Crops Prod*, 2026, 239: 122415.
- [57] Giri S, Virk V. Root driven hormones and plant growth promoting rhizobacteria as natural biostimulants for sustainable crop growth [J]. *Discov Plants*, 2025, 2(1): 360.
- [58] 孙天驰, 董诗慧, 余佳琰, 等. 真菌诱导子对白术悬浮细胞生长与次生代谢的影响 [J]. 河南农业科学, 2023, 52(4): 60-65.
- [59] Chamkhi I, Benali T, Aanniz T, *et al.* Plant-microbial interaction: The mechanism and the application of microbial elicitor induced secondary metabolites biosynthesis in medicinal plants [J]. *Plant Physiol Biochem*, 2021, 167: 269-295.
- [60] 周冬宇, 李杨, 邢咏梅, 等. 药用植物微生物组及其与药用植物次生代谢产物的关系 [J]. 微生物学通报, 2022, 49(9): 3989-4003.
- [61] Chamkhi I, Sbabou L, Aurag J. Improved growth and quality of saffron (*Crocus sativus* L.) in the field conditions through inoculation with selected native plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) [J]. *Ind Crops Prod*, 2023, 197: 116606.
- [62] 王雪, 邱黛玉, 包芳, 等. 微生物菌剂配施对连作甘草及其土壤养分的影响 [J]. 核农学报, 2025, 39(6): 1300-1311.
- [63] 曹麟, 王宇龙, 卜俊文, 等. 微生物菌剂对绞股蓝药效成分及根际细菌群落的影响 [J]. 微生物学报, 2024, 64(7): 2323-2336.
- [64] Adeniji A, Fadiji A E, Li S D, *et al.* From lab bench to farmers' fields: Co-creating microbial inoculants with farmers input [J]. *Rhizosphere*, 2024, 31: 100920.
- [65] Wang M J, Xu Z M. PGPR-mediated enhancement of soil nutrients, rhizosphere microbial ecology, and plant growth: A review [J]. *NPJ Biofilms Microbiomes*, 2026, 12(1): 95.
- [66] Zhang Z Y, Wang Y, Zhao J C, *et al.* Functionally complementary bacterial inoculant coordinates arbuscular mycorrhizal fungi to improve *Angelica sinensis* root yield and quality [J]. *iMetaOmics*, 2026, 3(2): e70091.
- [67] Čaušević S, Dubey M, Morales M, *et al.* Niche availability and competitive loss by facilitation control proliferation of bacterial strains intended for soil microbiome interventions [J]. *Nat Commun*, 2024, 15(1): 2557.
- [68] Huang Y X, Tang S Y, Liu R M, *et al.* Soil organic carbon mediates plant immunity-rhizosphere microbiome interactions and controls colonization resistance to microbial inoculants [J]. *Cell Host Microbe*, 2025, 33(11): 1929-1944.
- [69] 刘耀予. 黄芪根腐病生防菌剂的研制及应用 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.
- [70] 董羽嘉, 何艳慧, 武占省. 微胶囊化植物根际促生菌剂的研究进展 [J]. 生物加工过程, 2021, 19(4): 404-412.
- [71] 韦中, 杨天杰, 王孝芳, 等. 基于根际互惠功能体的微生物肥料研发思考 [J]. 植物营养与肥料学报, 2024, 30(12): 2403-2409.
- [72] 张慧. 合成菌群对黄芪生长及抗旱能力的影响 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2021.
- [73] Yan W K, Liu Y T, Malacrino A, *et al.* Combination of biochar and PGPBs amendment suppresses soil-borne pathogens by modifying plant-associated microbiome [J]. *Appl Soil Ecol*, 2024, 193: 105162.
- [74] 郑玲玲, 陈美兰, 康利平, 等. 根内根孢囊霉 *Rhizophagus intraradices* 对丹参生长作用的研究 [J]. 中国中药杂志, 2023, 48(2): 349-355.
- [75] Amanifar S, Khodabandeloo M, Mohseni Fard E, *et al.* Alleviation of salt stress and changes in glycyrrhizin accumulation by arbuscular mycorrhiza in liquorice (*Glycyrrhiza glabra*) grown under salinity stress [J]. *Environ Exp Bot*, 2019, 160: 25-34.
- [76] Nath A, Sharma A, Singh S K, *et al.* Bio prospecting of endophytes and PGPRs in artemisinin production for the socio-economic advancement [J]. *Curr Microbiol*, 2023, 81(1): 4.
- [77] Feng W M, Liu P, Yan H, *et al.* Impact of *Bacillus* on phthalides accumulation in *Angelica sinensis* (Oliv.) by stoichiometry and microbial diversity analysis [J]. *Front Microbiol*, 2021, 11: 611143.
- [78] Gu Y, Deng J, Li Y Y, *et al.* *Trichoderma asperellum* Ta1 alleviates root rot caused by *Fusarium solani* and promotes the growth of *Panax notoginseng* [J]. *J Fungi*, 2025, 11(12): 879.
- [79] Gao P F, Zhang H, Zhu N, *et al.* Effects of *Trichoderma* and salicylic acid/methyl jasmonate on the growth, development, and lipid metabolism of *Codonopsis pilosula* [J]. *J Plant Physiol*, 2026, 322: 154774.
- [80] Tian L, Hu S, Wang X X, *et al.* Antagonism of rhizosphere *Streptomyces yangpuensis* CM253 against the pathogenic fungi causing corm rot in saffron (*Crocus sativus* L.) [J]. *Pathogens*, 2022, 11(10): 1195.

[责任编辑 时圣明]