

天冬根际微生态研究进展与展望

刘春雷¹ 陈艾萌^{2*} 吕向阳² 吴佳慧² 晏飞利²

1 重庆中医药学院

2 四川省内江市农业科学院

DOI:10.32629/fcmr.v8i3.21802

[摘要] 天冬是我国传统药用植物,其活性成分积累与根际微生物群落密切相关。近年来,研究人员在天冬根际微生物群落解析、土壤驱动机制、有益微生物资源挖掘、栽培模式调控及逆境响应等方面积累了大量数据,但缺乏系统性整合。本文围绕群落结构、土壤环境、有益微生物及栽培模式四个维度综述进展,提出六大关键科学问题,指出当前研究正处于从“群落描述”向“功能解析”过渡的关键阶段,为天冬微生态精准调控提供理论框架。

[关键词] 天冬; 根际微生物; 群落结构; 研究展望

中图分类号: Q93 文献标识码: A

Progress and Prospects of Microecological Research on the Rhizosphere of *Asparagus cochinchinensis*(Lour.)Merr.

Chunlei Liu¹ Aimeng Chen^{2*} Xiangyang Lv² Jiahui Wu² Feili Yan²

1 Chongqing University of Chinese Medicine

2 Neijiang Academy of Agricultural Sciences

[Abstract] *Asparagus cochinchinensis* (Lour.)Merr. is a traditional medicinal plant in China. The accumulation of its active constituents is closely associated with the rhizosphere microbial community. Researchers have generated a substantial body of data on the characterization of the rhizosphere microbiome, soil driving mechanisms, mining of beneficial microbial resources, regulation by cultivation practices, and stress responses in *A. cochinchinensis*. However, a systematic integration of these findings is still lacking. This article reviews the progress in four dimensions: community structure, soil environment, beneficial microorganisms, and cultivation mode. It proposes six key scientific questions and points out that current research is at a critical stage of transition from community description to functional analysis. This provides a theoretical framework for precise regulation of *A. cochinchinensis*.

[Key words] *Asparagus cochinchinensis*(Lour.)Merr.; Rhizosphere microorganisms; Community structure; Research Prospects

天冬(*Asparagus cochinchinensis*(Lour.)Merr.)为百合科天门冬属多年生草本植物,块根富含多糖、皂苷、氨基酸等活性成分,具有养阴润燥、清肺生津、抗氧化、抗炎及免疫调节等功效^[1]。当前天冬野生资源日趋枯竭,人工栽培已成为主要供给途径,但栽培天冬的产量、品质不稳定已成为产业发展的核心瓶颈。植物根际微生物作为植物“第二基因组”,在促进养分吸收、增强抗逆性及调控次生代谢等方面发挥关键作用^[2]。根际微生物可影响当归、甘草、铁皮石斛中苯酞类、甘草酸与多糖等活性成分积累^[3,4],表明根际微生物可能是连接栽培措施与药材品质的关键枢纽。

天冬根际微生物研究起步较晚,近年来在天冬群落解析、土壤因子关联、栽培模式优化、逆境生理响应及内生真菌挖掘等方面取得阶段性进展,但群落结构、功能及其与品质的关联尚无

系统梳理。本文整合当前研究成果,系统阐述天冬根际微生态的研究现状与关键科学问题,以期为天冬优质栽培和微生物菌剂开发提供依据。

1 天冬根际微生物群落的结构特征

1.1 核心组成与多样性。基于宏基因组学对四川天冬主产区根际细菌群落分析共鉴定得到75门、1565属、4424种,其多样性水平在已报道药用植物中较高^[5],该特征可能与天冬块根富含多糖、皂苷等分泌物的化学多样性有关。在门水平上,变形菌门、放线菌门和假单胞菌门为优势类群,该组成特征与多数药用植物研究结果一致,但天冬根际优势菌门相对丰度波动大,未检测到跨区域稳定存在的核心菌门,表明天冬根际细菌群落结构受微环境调控作用较强。在属水平上,分枝杆菌属占主导,该特征

在其他药用植物中不占优势,可能是天冬根际微生物群落的独有特征。同时,假单胞菌属、慢生根瘤菌属等植物促生根际细菌高度富集。基于16S rRNA扩增子测序分析显示, RB41是丰度最高的类群^[6],两种技术结果差异源于分枝杆菌细胞壁难以裂解及扩增引物的偏好性,表示天冬根际微生物群落解析需采用多技术交叉验证。固氮、解磷与生防功能菌在天冬根际的共存表明天冬根际具备较高的促生与抗逆潜力。

目前天冬根际微生物研究几乎集中于细菌类群。根际真菌作为有机质分解和养分循环的关键驱动者,相关数据完全缺失;古菌在根际丰度较低,但在氮循环中承担独特功能,相关研究也未见报道。这种系统性研究缺失导致天冬根际微生物组整体认知存在明显缺口。

1.2根际效应的定向塑造。根际土细菌 α 多样性显著低于非根际土,但偶发分枝杆菌、热带根瘤菌和林氏假单胞菌等功能菌种特异性富集^[5],呈现“多样性降低、功能富集”模式,与黄芪、三七等研究结果一致,可能代表药用植物根际微生物组装的共性规律。根际上调基因富集于植物-病原互作和灵菌红素等次生代谢通路,表明根际微生物不仅被动响应,还可能通过分泌抗菌物质和诱导免疫主动参与宿主健康调控。然而,当前群落结构数据多来自单次采样,缺乏生育期内动态信息,难以区分稳态群落特征与瞬时响应,限制了对群落组装过程的理解。

1.3群落构建的驱动因子与网络特异性。 β 多样性显示不同产区群落显著差异,郭北镇样本独立成簇, pH和速效钾为关键驱动因子^[6]。共现网络呈区域特异性, RB41在某产区为正向核心,在他处则丧失该地位,正负相关类群随环境重组,表明不存在稳定的“核心枢纽”物种,功能菌株推广应用须考虑环境匹配。现有网络分析仍停留在“节点-边”的拓扑描述层面,尚未结合代谢模型或功能基因数据解析互作关系的生化基础。

1.4内生真菌的结构延伸。天冬微生物组认知已由根际拓展至内生生态位。从茎、叶分离的5株内生真菌分属曲霉、木霉和间座壳属,其中刺孢曲霉TD103分泌多种胞外酶,发酵后菰萆皂苷元含量增加2.86倍, DPPH清除率降低42%,细胞内ROS降低61.38%,且无耐药性和毒素风险^[7]。这揭示了内生真菌对活性成分的生物转化潜力,但与根际细菌的系统解析相比,仅5株菌的认知远远达不到根际深度解析要求。

2 土壤环境对根际微生物群落的驱动机制

2.1适生土壤化学背景。野生天冬分布于海拔560~1600 m阔叶林下,适生土壤为砂质黏土或砂质黏壤土, pH 6.0~6.9,有机质160~190 g/kg,属高有机质、中氮、低有效磷、中钾的营养格局^[8]。该本底构成微生物群落自然组装的参照基准,低有效磷常态暗示天冬在进化中可能形成了依赖微生物活化磷素的适应策略。

2.2理化因子的定向筛选。不同产区土壤pH、有机碳、交换性镁和有效磷差异显著,群落结构与pH、速效钾呈极显著正相关^[5]。属水平生态位分化清晰: *Pseudomonas*偏好高钾, *Streptomyces*富集于中性偏碱环境, *Rhodanobacter*与有效磷正相关, *Burkholderia*与交换性镁正相关。但这类相关性分析多基于单次采

样,是土壤因子塑造了群落还是微生物活动改变了土壤性质的因果方向难以区分,需开展长期定位试验或土壤移植实验确定。

2.3土壤类型介导的功能活性变化。黑色砂质土中脲酶、过氧化氢酶、蔗糖酶和磷酸酶活性最高,天冬皂苷、可溶性糖及块根增重亦居首位^[9],酶活与品质指标同步升高指示微生物功能的正向促进。松林下种植180天后有机质提升94.86%,有效磷积累131.36%而全磷消耗57.50%^[10],全磷与有效磷的逆向变化强烈暗示根系与溶磷微生物协同活化了难溶性磷库,其调控本质在于改变微生物代谢强度与养分转化功能。

3 天冬有益微生物资源的挖掘与功能验证

3.1根际可培养细菌资源库。可培养组学从根际分离获得103株细菌,涵盖30种,包括*Arthrobacter pascens*、*Pseudomonas lini*、*Bacillus coreansis*等5。其中11株文献报道具促生、抗逆或生防功能,如*A. pascens*促小麦生长耐盐, *P. lini*具生防潜力, *F. anhuiense*产挥发性抑菌物质。但上述功能均来自其他植物体系,这些菌株在天冬中的实际促生效果、定殖能力及互作机制尚未验证,功能注释仍处于推测层面。且可培养组学仅能覆盖根际总细菌的1%~10%,大量不可培养类群的功能信息完全缺失,应结合宏基因组学指导的定向富集培养策略来拓展资源覆盖度。

3.2内生真菌的功能转化潜力。内生真菌TD103是当前最具转化潜力的功能菌株,发酵天冬提取物使菰萆皂苷元含量增加2.86倍,多靶点激活抗氧化通路、抑制基质金属蛋白酶表达,安全性评价满足开发要求^[7]。此外木霉属TD108、TD27及间座壳属TD62、TD40等菌株亦待解析。内生真菌虽总量有限,但因其组织内共生特性,在活性成分转化上具独特优势。TD103转化菰萆皂苷元的分子机制仍未阐明,解析其转化途径将为工业化应用奠定基础。

4 栽培模式与逆境胁迫对根际微生物的调控

4.1养分管理协同调控群落与品质。4 mmol/L的低氮促进天冬皂苷积累,12~16 mmol/L的高氮促进可溶性糖和块根增重,品质差异可能由氮循环菌群和病原菌群落差异介导^[11]。有机肥配施50%化肥可提高块根鲜重和多糖含量,土壤微生物多样性同步提升;生物炭可特异性提高黄酮含量。外源硒呈“低促高抑”,30 mg/L综合品质最佳^[12]。然而,当前证据多为“栽培措施→品质变化”与“栽培措施→微生物变化”的平行描述,缺乏“栽培措施→微生物变化→品质响应”的完整验证链。可通过土壤移植、特定菌群消除或添加实验,检验微生物是否为品质调控的关键因子。

4.2栽培模式重塑根际群落。油茶-天冬间作可提升蔗糖酶和酸性磷酸酶活性^[13],根系互作区微生物代谢增强;高床种植可增加土壤含氧量,降低根腐病发病率,通过通气调节了好氧和厌氧菌比例12;木荷纯林下多糖和皂苷含量最高,凋落物与根系分泌物差异驱动群落分化^[14]。栽培调控的本质在于改变土壤物理结构、养分有效性和根系分泌物组成,间接重塑群落结构,但因果链的定量验证仍是薄弱环节。

4.3根际微生物对逆境胁迫的缓解效应。盐胁迫下天冬耐盐阈值约0.3%,接种AMF或PGPR可促进可溶性蛋白积累、提高抗氧化酶活性并降低乙烯水平^[15]。镉胁迫下根细胞壁固定70%以上Cd,

协同SOD-CAT-皂苷网络解毒,但微生物是否参与增强解毒尚无研究。干旱下块根短粗化、抗氧化酶成倍升高、多糖积累,石漠化种植后土壤有机质和全氮显著增加。总体而言,逆境条件下根际微生物的响应与功能是有待开拓的重要方向,现有研究仅报道了植物自身的生理响应,微生物维度的数据完全空白。

5 研究展望与关键科学问题

当前天冬根际微生物研究整体仍处于群落描述阶段,诸多关键科学问题亟待突破。根系分泌物组成、时空动态及调控功能未知,需借助代谢组学解析组分变化并通过单体添加实验验证。已分离103株细菌中11株具文献报道的功能,但在天冬中的定殖、促生效果与机制未验证,应开展盆栽与田间接种并标记追踪,同时整合宏基因组学发掘不可培养菌群。AMF与80%陆生植物共生且能促生耐盐,而天冬AMF群落结构与功能完全空白,亟待高通量测序与接种验证。连作障碍机制需比较不同年限根际菌群差异,鉴定富集病原菌,解析酚酸、皂苷等自毒物质积累与菌群演替的关联,并评估轮间作修复效应。多糖、皂苷等活性成分的微生物调控缺乏因果证据,须整合宏基因组、宏转录组与代谢组构建多组学网络,并通过无菌体系接种验证因果关系。天冬对镉、盐、干旱的生理响应虽已较清楚,但微生物角色缺失,应从污染或盐碱地筛选功能菌株,评估其抗逆与污染物积累调控效应。此外,应弥补三个系统性短板:开展根际真菌与古菌群落解析,填补认知空白;开展贵州、广西等跨产区比较,检验结论普适性;建立不同生育期采样体系,区分稳态特征与瞬时响应,捕捉群落组装关键窗口。

6 结论

天冬根际微生态研究已初步构建“群落组成-环境驱动-资源挖掘-栽培调控”的知识框架。明确了变形菌门与放线菌门的核心地位,揭示了“多样性降低、功能富集”的根际效应及互作网络区域特异性;鉴定pH和速效钾为关键驱动因子,证实土壤类型通过酶活性间接调控品质;建立了103株细菌资源库,获得具显著转化潜力的内生真菌TD103。然而,与多数药用植物相比,天冬根际微生物研究在功能验证深度、因果链完整性和数据系统性方面仍有显著差距。根系分泌物招募机制、PGPR功能验证、AMF作用解析、连作微生物机制、代谢通路分子对话及逆境微生物角色等核心问题均未获得明确答案。未来应从群落描述走向功能解析,从相关性走向因果验证,通过多组学整合、无菌体系接种和合成菌群构建,系统解析天冬-微生物互作的分子机制,推动天冬栽培从经验管理迈向微生态精准调控。

[基金项目]

重庆市教委项目(KJQN202415115)。

[参考文献]

- [1]Wang M,Wang S,Hu W,et al.*Asparagus cochinchinensis*: A review of its botany, traditional uses, phytochemistry, pharmacology, and applications[J].Frontiers in Pharmacology,2022,13:1068858.
- [2]Yu JS,Zheng YX,Song C,et al.New insights into the r

oles of fungi and bacteria in the development of medicinal plant[J].Journal of Advanced Research,2024,65:137-152.

[3]Feng WM,Liu P,Yan H,et al.Impact of *Bacillus* on phthalides accumulation in *Angelica sinensis*(Oliv.)by stoichiometry and microbial diversity analysis[J].Frontiers in Microbiology,2021,11:611143.

[4]Zhu H,Mo Z,Wang Y,et al.The accumulation of polysaccharides in *Dendrobium officinale* is closely related to rhizosphere bacteria[J].International Microbiology,2025,28.

[5]Yu JS,Yang S,Zhang XY,et al.Integrating metagenomics and culturomics to uncover the soil bacterial community in *Asparagus cochinchinensis* cultivation[J].Frontiers in Microbiology,2024,28:1467864.

[6]Zhang XY,Yang S,Yu JS,et al.Integrated amplicon sequencing and transcriptomic sequencing technology reveals changes in the bacterial community and gene expression in the rhizosphere soil of *Asparagus cochinchinensis*[J].Medicinal Plant Biology,2025,4:e003.

[7]Wang X,Lv T,Zhang C,et al.Fermentation of *Asparagus cochinchinensis* extracts with endophytic *Aspergillus aculeatus* TD103 enhanced their photo-protective effects against UVB radiation[J].BMC Biotechnology,2025,25:96.

[8]曾桂萍,刘红昌,张先.贵州天门冬适生环境的调查研究[J].贵州农业科学,2010,38(2):48-50.

[9]姚元枝,欧立军.不同土壤对天门冬生长的影响[J].中药材,2015,38(2):234-236.

[10]杨开太,韩小美,梁燕芳,等.林下种植3种药材对土壤理化性质和养分的影响[J].安徽农业科学,2023,51(9):83-86.

[11]梁娟,胡海丽,杨伟.不同供氮水平对天门冬生长和品质的影响[J].中国土壤与肥料,2016(1):53-56.

[12]Chen J.Effects of Soil Nutrients,Cultivation Duration, and Planting Methods on Polysaccharides, Saponins, and Flavonoids in *Asparagus cochinchinensis* (Lour.)Merr[J].HortScience,2025,60(6):824-831.

[13]黄天忠,曹国璠.油茶间作天门冬的土壤养分和酶活性变化及其关系研究[J].山地农业生物学报,2019,38(5):37-41.

[14]王家妍,蒋丰璟,李青春.人工林种植模式对天门冬生物量、养分含量及品质的影响[J].经济林研究,2024,42(4):145-154.

[15]王巨媛,张敏,郑丽英,等.盐胁迫对天门冬根系生理指标的影响[J].贵州农业科学,2010,38(4):45-46.

作者简介:

刘春雷(1987--),男,汉族,四川眉山人,硕士研究生,副研究员,从事的研究方向:中药栽培、鉴定。

*通讯作者:

陈艾萌(1989--),女,汉族,四川雅安人,硕士研究生,助理研究员,从事的研究方向:中药材栽培、育种、品质评价。