

DOI:10.3969/j.issn.1000-9760.2024.02.002

不同产地山药根际土壤微生物群落结构及多糖含量的差异性

刘慧娟¹ 吴其国¹ 郭晓军² 曹富¹ 余水红¹⁽¹ 安庆医药高等专科学校药学院, 安庆 246052; ² 河北农业大学生命科学学院, 保定 071001)

摘要 **目的** 揭示不同产地山药根际土壤微生物群落结构及多糖含量的差异性。**方法** 采用高通量测序, 对不同产地成熟期山药的根际土壤进行微生物群落结构分析及 KEGG、FUNGuild 代谢功能预测, 同时对山药进行多糖含量测定。**结果** 放线菌门(Actinobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)在不同产地样本细菌分类中均占绝对优势。子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota)为优势真菌菌群。河南焦作细菌群落结构的丰富度和多样性指数最高, 河北蠡县的真菌群落结构丰富度和多样性指数最高; 河北蠡县的细菌以及真菌群落的功能预测丰度均最高, 优势菌群是主要的微生物功能预测种群; 河北蠡县山药多糖含量最高, 湖北武穴次之。**结论** 山药多糖含量差异性与根际土壤微生物群落结构尤其是优势真菌菌群的代谢功能关联密切。

关键词 山药; 根际土壤; 微生物群落结构; 高通量测序; 多糖含量

中图分类号: R932 文献标识码: A 文章编号: 1000-9760(2024)04-083-07

Differences of rhizosphere soil microbial community structure and polysaccharide content of Chinese yam from different origins

LIU Huijuan¹, WU Qiguo¹, GUO Xiaojun², CAO Fu¹, YU Shuihong¹⁽¹ School of Pharmacy, Anqing Medical and Pharmaceutical College, Anqing 246052, China;² College of Life Sciences, Hebei Agricultural University, Baoding 071001, China)

Abstract: Objective To reveal the differences in microbial community structure of rhizosphere soil and polysaccharide content in yam from different origins. **Methods** High-throughput sequencing was used to analyze the microbial community structure and predict the metabolic functions of KEGG and FUNGuild in the rhizosphere soil of yam at maturity from different origins, while the polysaccharide content of yam was measured. **Results** Actinobacteriota, Proteobacteria and Firmicutes are absolutely dominant in the bacterial classification of samples from different origins. Ascomycota, Mortierellomycota and Basidiomycota are the dominant fungal groups. Chinese yam in Jiaozuo, Henan province, has the highest abundance and diversity index of bacterial community structure, and the yam in Lixian, Hebei province, have the highest abundance and diversity index of fungal community structure; the yam in Lixian, Hebei province, has the highest functional predicted abundance of both bacterial as well as fungal communities, and the dominant bacterial group is the main microbial functionally predicted group; The yam in Lixian, Hebes province has the highest polysaccharide content, followed by Wuxue, Hubei province. **Conclusion** Differential analysis of the polysaccharide content of yam showed that it was closely related to the structure of the rhizosphere soil microbial community, especially the metabolic function of the dominant fungal flora.

Keywords: Chinese yam; Rhizosphere soil; Microbial community structure; High-throughput sequencing; polysaccharide content

山药(*Dioscorea opposita* Thunb) 是我国传统的

药食同源性植物^[1], 为薯蓣(*Dioscoreaceae*) 地下块茎, 国内种植十分广泛^[2], 富含多糖、尿囊素、维生素、微量元素、氨基酸、胆碱等多种功能性成分^[3-5], 其中多糖类被认为是最主要的活性成分^[6], 具有

[基金项目] 安徽省高校自然科学研究项目(KJ2021A1297); 安徽省高校自然科学研究重大项目(2022AH040323)

抗氧化、抗衰老、防癌、免疫调节、降血糖、调血脂等功效^[7],常用于中药组方和保健食品开发。

药用植物的产量和质量不仅与品种、气候条件以及生态环境有关,还与根际土壤微生物的多样性及丰富度密切相关^[8],根际土壤微生物可以通过改善土壤的理化性质^[9]、调节土壤营养^[10],进而影响药用植物功能性成分的积累^[11-12]。

本研究选用不同产地成熟期的山药作为研究对象,采用高通量测序技术分析根际土壤中细菌和真菌多样性,并对其进行功能预测,结合各产地山药多糖含量的测定结果,揭示山药根际土壤微生物的优势功能菌群的种类及与多糖积累之间的关联,对于促进药用植物的优质高产、增强抗逆能力及抵御病原菌侵害等具有现实指导意义。

1 材料与方法

1.1 样本采集

本研究选用国家地理标志产品原产地河北蠡县、河南焦作和湖北武穴成熟期(9~10月份)的山药作为研究对象,“抖根法”采集不同产地山药种植地块的根际土壤^[13],同地块“五点采样法”采集土壤样品,3次重复,将混合均匀的土壤样品,装入无菌自封袋,同时收集新鲜山药根茎,冷链带回实验室,并保存于-80℃冰箱^[14];不同产地的山药饮片由安庆医药高等专科学校中药鉴定与炮制教研室提供并鉴定。采样信息见表1。

1.2 方法

1.2.1 微生物多样性分析 用CTAB法进行土壤总DNA抽提,DNA浓度和纯度检测合格后,对DNA进行扩增,细菌16S rRNA引物使用338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'),真菌ITS使用ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和ITS2R(5'-GCTGCGTCTTCATCGATGC-3')。扩增参数:95℃预变性3min,27个循环(95℃变性30s,55℃退火30s,72℃延伸45s,真菌片段扩增35个循环数),72℃稳定延伸10min,最后在4℃进行保存(PCR仪:ABI GeneAmp® 9700型)。每个样本3个重复,将同一样本的PCR产物混合后用2%琼脂糖凝胶电泳检测,使用AxyPrepDNA凝胶回收试剂盒(AXYGEN公司)切胶回收,Tris_HCl洗脱,检测合格后将回收产物用QuantiFluor™-ST蓝色荧光定量系统(Promega公司)进行定量。

表1 不同山药种植地区土壤样本信息表

样本编号	样品名称	采样地	经度	纬度
HW	土壤样品,细菌/真菌分析 别命名为HWX/HWZ	湖北武穴 梅川镇	115°00'76"	30°11'01"
HWX	武穴新鲜山药			
HWY	武穴山药饮片			
HJ	土壤样品,细菌/真菌分析 别命名为HJX/HJZ	河南焦作 温县	113°08'05"	34°94'01"
HJX	焦作新鲜山药			
HJY	焦作山药饮片			
HL	土壤样品,细菌/真菌分析 别命名为HLX/HLZ	河北蠡县 南庄镇	115°04'86"	38°42'28"
HLX	蠡县新鲜山药			
HLY	蠡县山药饮片			

在Illumina MiSeq平台(PE300)(上海美吉生物医药科技有限公司)构建文库,对原始测序序列质控、拼接后,使用UPARSE软件对97%的相似度的序列进行OTU聚类并剔除嵌合体,利用RDP classifier对每条序列进行物种分类注释,分类置信度阈值为0.7。比对Silva数据库和Unite数据库,并进行功能预测。测序序列已提交至NCBI, BioProject登录号为PRJNA936564。

1.2.2 多糖含量测定及差异性分析 新鲜山药洗净去皮,称取50g左右的样品,打碎后移入500mL圆底烧瓶中加入约200mL的无水乙醇,在90℃的恒温水浴锅中回流提取3h,然后用布氏漏斗抽滤,取沉淀。重复一次后,合并沉淀并放入90℃烘箱中烘干至恒重,放入干燥箱中保存备用;饮片进行打粉后干燥处理。

取1g粉末,加入30mL蒸馏水,超声提取(时间120min、功率100W,温度75℃)离心过滤,取上清液,减压浓缩后,加入4倍体积95%的乙醇,4℃中放置24h,收集多糖沉淀,置于60℃烘箱中干燥2d。

取40μg/mL的葡萄糖标准溶液(0.00、0.20、0.40、0.60、0.80、1.00、1.20、1.40、1.60mL)均加水至2mL,分别加入1mL 6%的苯酚溶液,混匀,再加入5mL浓硫酸充分混匀后,置于30℃水中反应20min,在490nm处测定其吸光值,以0.0mL管为对照,以葡萄糖含量为横坐标,吸光值A为纵坐标,绘制标准曲线并得出曲线方程用于计算。取浓度为1mg/mL的山药多糖200μL,其余步骤同标准曲线,根据吸光度平均值计算含量。

不同产地山药多糖含量利用SPSS22.0软件

进行统计分析,采用单因素方差分析和 *t* 检验,用 F-test 检验正态性, $P < 0.05$ 表示差异有统计学意义,随机进行 LSD (Least Significant Difference) 多重比较,考查不同产地样本之间多糖含量的显著差异。

2 结果与分析

2.1 微生物群落多样性与组成

2.1.1 Alpha 多样性分析 HJX 细菌的 ACE 指数、Chao 指数和 OTUs 数量均最大,说明河南焦作种植区的山药根际土壤细菌群落丰富度和多样性均高于其他样本;HLZ 真菌的 Simpson 指数、ACE 指数、Chao 指数以及 OTUs 数量均最大,说明河北蠡县种植区的山药根际土壤真菌群落丰富度和多样性高于其他样本。见表 2。

表 2 土壤微生物 Alpha 多样性指数分析

分析类别	样品	OTUs 数量	Shannon 指数	Simpson 指数	ACE 指数	Chao 指数	覆盖度 /%
细菌	HWX	985	5.26	0.02	1022.90	1022.36	0.9980
	HJX	1070	5.05	0.03	1121.43	1115.52	0.9972
	HLX	995	4.65	0.05	1072.60	1064.00	0.9964
真菌	HWZ	226	3.03	0.12	231.69	230.55	0.9997
	HJZ	238	3.13	0.09	247.63	245.00	0.9996
	HLZ	337	2.80	0.21	345.11	343.60	0.9996

2.1.2 细菌群落结构组成 物种注释细菌分属于 35 个门,109 个纲,232 个目,350 个科,617 个属,OTUs 2010 个。见表 3。

表 3 不同样本根际土壤细菌在分类水平上的物种分布

样本	界	门	纲	目	科	属	种
HWX	1	29	85	171	242	379	590
HJX	1	29	75	161	233	390	621
HLX	1	25	59	147	222	390	630

不同地区样本细菌的优势菌群为放线菌门 (Actinobacteriota)、变形菌门 (Proteobacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes);纲水平的优势菌群为放线菌纲 (Actinobacteria) 和 γ -变形菌纲 (Gammaproteobacteria);优势菌在不同样本中的相对丰度差异较大。除共有的主要优势菌以外,不同分类水平上 HLX 样本主要优势菌还包括拟杆菌门 (Bacteroidota),拟杆菌纲 (Bacteroidia);HWX 还包括纤维杆菌纲 (Ktedonobacteria),HJX 优势菌还包括嗜热油菌纲 (Thermoleophilia),HLX 的绝对优势细菌放线

菌门 (Actinobacteriota) 和放线菌纲 (Actinobacteria) 丰度均最高。根据属水平相对丰度热图可知属水平的优势菌群为节杆菌属 (*Arthrobacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 和单胞菌属 (*Sinomonas*)。见表 4,图 1。

表 4 优势细菌的物种分布

样品	门水平的	相对丰度	纲水平的	相对丰度
	优势群落	/%	优势群落	/%
HWX	Actinobacteriota	39.73	Actinobacteria	34.00
	Proteobacteria	21.51	Gammaproteobacteria	11.64
	Chloroflexi	14.22	Acidobacteriae	10.91
	Acidobacteriota	11.46	Alphaproteobacteria	9.87
	Firmicutes	5.03	Ktedonobacteria	7.02
HJX	Proteobacteria	38.00	Gammaproteobacteria	29.02
	Actinobacteriota	26.94	Actinobacteria	17.69
	Firmicutes	9.57	Alphaproteobacteria	8.98
	Chloroflexi	6.38	Bacilli	7.58
HLX	Acidobacteriota	4.91	Thermoleophilia	5.96
	Actinobacteriota	41.71	Actinobacteria	40.03
	Proteobacteria	35.07	Gammaproteobacteria	22.82
	Firmicutes	8.83	Alphaproteobacteria	12.25
	Bacteroidota	6.14	Bacilli	8.55
	Acidobacteriota	2.33	Bacteroidia	6.10
	Chloroflexi	2.33		

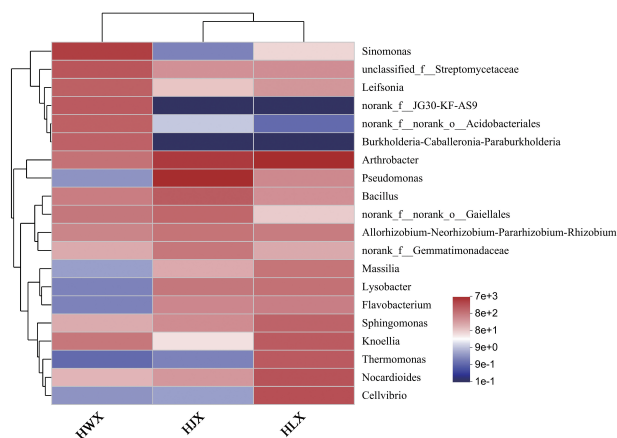


图 1 细菌群落属水平的丰度热图

2.1.3 真菌群落结构组成 物种注释根际土壤中真菌分属于 9 个门,29 个纲,46 个目,130 个科,248 个属,OTUs 579 个。见表 5,图 2。

表 5 不同样本根际土壤真菌在分类水平上的物种分布

样品	界	门	纲	目	科	属	种
HWZ	1	8	24	51	89	141	175
HJZ	1	5	19	41	78	117	163
HLZ	1	7	22	45	91	168	240

从表 6 可知,不同地区样本根际土壤真菌的优势菌群为子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)和担子菌门(Basidiomycota);纲水平的优势菌群为粪壳菌纲(Sordariomycetes)、被孢霉纲(Mortierellomycetes)、散囊菌纲(Eurotiomycetes)、座囊菌纲(Dothideomycetes)、银耳纲(Tremellomycetes);除共有优势菌粪壳菌纲(Sordariomycetes)和座囊菌纲(Dothideomycetes)以外,HWZ 和 HLZ 优势菌均包括散囊菌纲(Eurotiomycetes),HWZ 和 HJZ 均包括锤舌菌纲(Leotiomycetes),HJZ 和 HLZ 均包括伞菌纲(Agaricomycetes);HWZ 独有银耳纲(Tremellomycetes);HJZ 独有被孢霉纲(Mortierellomycetes),HLZ 独有虫囊菌纲(Laboulbeniomycetes)。HLZ 的绝对优势菌群子囊菌门(Ascomycota)和粪壳菌纲(Sordariomycetes)丰度均最高。

属水平的优势菌群为头束霉属(*Cephalotrichum*)、被孢霉属(*Mortierella*)、黄丝曲霉属(*Talaromyces*)、沙蜥属(*Saitozyma*)、青霉菌属(*Penicillium*)。HWZ 样本的优势菌属及相对丰度主要为沙蜥属(*Saitozyma*) (22.41%),黄丝曲霉属(*Talaromyces*) (22.41%),青霉素属(*Penicillium*) (12.47%),镰孢菌属(*Fusarium*) (8.46%);HJZ 主要为被孢霉属(*Mortierella*) (43.24%),*Cephalotrichum* (8.07%),*Setophoma* (6.41%);HLZ 主要为头束霉属(*Cephalotrichum*) (44.67%),*Coprinellus* (8.34%)。

2.2 微生物群落结构

2.2.1 微生物群落的 Beta 多样性 根据 Beta 多样性分析构建层级聚类树,可知 HJX 和 HLX 的细菌群落结构聚类相似性高于 HWX,HWZ 和 HLZ 的真菌群落结构聚类相似性高于 HJZ。

2.2.2 微生物群落的 OTUs 根据根际土壤微生物的 OTUs 韦恩图,HWX、HJX、HLX 样本中检测到细菌 OTUs 分别有 985、1070、995 个,其中共有 OTUs 为 220 个。HWZ、HJZ、HLZ 样本中检测到真菌 OTUs 分别有 226、238、337 个,其中共有 OTUs 为 46 个。湖北武穴的细菌特有 OTUs 数量最多;河北蠡县的真菌特有 OTUs 数量最多,表明湖北武穴样本的细菌群落结构和河北蠡县样本的真菌群落结构特异性更强。

从图 3 可知,HJZ 和 HLZ 2 个样本的细菌共有 OTUs 有 731(占比 24.25%)个,真菌共有 OTUs 有 141 个(占比 36.37%),均高于其他样本交集,说明

两地样本细菌和真菌的群落组成呈现相似性,其次为湖北武穴和河北蠡县的样本细菌和真菌的共有 OTUs 数量。

表 6 优势真菌在分类水平上的物种分布

样品	门水平的	相对丰度	纲水平的	相对丰度
	优势群落	/%	优势群落	/%
HWZ	Ascomycota	70.94	Eurotiomycetes	35.13
	Basidiomycota	25.94	Tremellomycetes	24.33
	Mortierellomycota	2.74	Sordariomycetes	21.19
	unclassified_k_Fungi	0.23	Dothideomycetes	8.22
	others	0.15	Leotiomycetes	5.67
HJZ	Ascomycota	50.70	Mortierellomycetes	43.24
	Mortierellomycota	43.24	Sordariomycetes	23.11
	Basidiomycota	5.49	Dothideomycetes	17.97
	unclassified_k_Fungi	0.56	Leotiomycetes	5.62
	others	0.00	Agaricomycetes	2.79
HLZ	Ascomycota	84.95	Sordariomycetes	61.28
	Basidiomycota	12.03	Dothideomycetes	14.05
	Mortierellomycota	1.42	Agaricomycetes	10.90
	unclassified_k_Fungi	1.45	Eurotiomycetes	5.69
	others	0.15	Laboulbeniomycetes	1.48

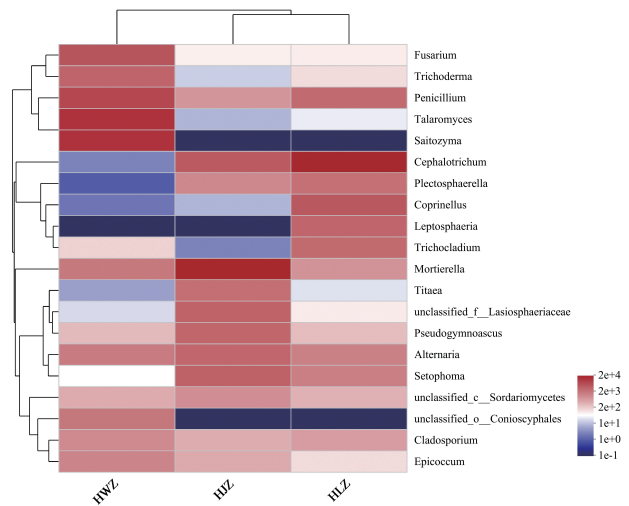


图 2 真菌群落属水平的丰度热图

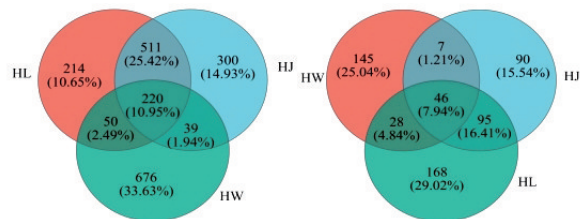


图 3 根际土壤细菌(左)和真菌(右)的 OTUs venn 图

2.3 多糖含量的差异性

山药多糖测定得到的标准曲线方程: $y = 0.0072x - 0.0154$, R^2 值为 0.9952。将测得的吸光度平均值 (RSD 值均小于 3%) 带入标准曲线中计算, 乘以 0.9 进行换算校正^[15]。由表 7 可知, 不同产地的新鲜山药和饮片测得的多糖含量均呈现: 河北蠡县 > 湖北武穴 > 河南焦作, 且新鲜山药多糖含量均高于饮片。差异性分析结果显示 $P < 0.05$, 具体统计学意义, LSD 多重比较表明不同产地样本在含量上两两之间均存在显著差异。

表 7 不同产地新鲜山药以及饮片的
多糖含量差异性分析

样品	多糖含量/(mg · g ⁻¹)	F 值	P 值
HJX	33.11 ± 1.26 ^e	157.427	<0.001
HJY	28.74 ± 1.09 ^f		
HLX	44.24 ± 0.76 ^a		
HLY	36.67 ± 2.16 ^c		
HWX	39.96 ± 1.36 ^b		
HWY	35.40 ± 0.73 ^d		

注: 多糖含量后缀字母表示 6 组数据两两多重比较存在显著差异。

2.4 微生物群落功能预测

2.4.1 细菌群落功能预测

利用 PICRUST2 对细菌群落进行功能预测, 获得 OTUs 在 COG、KEGG 各功能水平的注释信息, 功能预测共有新陈代谢、环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、有机系统和与人类疾病有关的 6 大类, 包括 46 个二级功能, 其中新陈代谢是相对丰度最高的一级代谢通路, 在 HWX、HJX、HLX 中分别可达 42.5%、41.0% 和 40.7%, 包含的二级功能主要为碳水化合物代谢、氨基酸代谢、脂类代谢、能量代谢、维生素的代谢、核苷酸代谢、萜类化合物和聚酮的代谢以及其他次级代谢产物的生物合成等。预测得到 Enzyme/KO 的丰度热图得出河北蠡县的细菌群落各项功能的丰度均高于湖北武穴和河南焦作, 结合多糖含量测定结果, 推测细菌群落结构与多糖含量相关联。如图 4。

2.4.2 真菌群落功能预测

利用 FUNGuild 可获得样本中真菌群落的功能分类及丰度信息, 从图 5 看出不同样本真菌群落功能预测结果差异较大, 腐生营养型 (saprotroph) 的功能丰度最高, 且河北蠡县的样本真菌群落功能预测腐生营养型 (saprotroph) 丰度高于湖北武穴和河南焦作; 其次为病理营

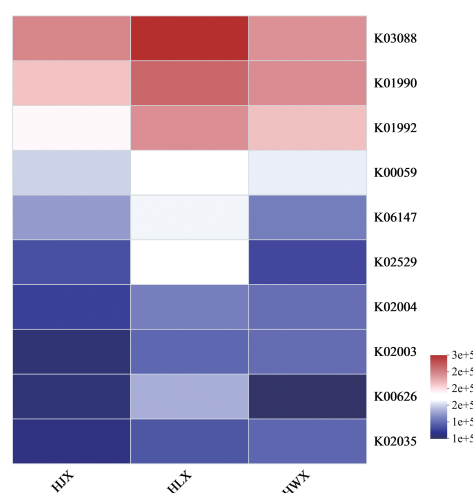


图 4 细菌群落 KO 功能分布热图

养型 (pathotroph), 对应的预测优势类群有 Undefined Saprotroph、Fungal Parasite-Undefined Saprotroph、Fungal Parasite-Plant Pathogen-Plant Saprotroph、Animal Pathogen-Endophyte-Lichen Parasite-Plant Pathogen-Soil Saprotroph-Wood Saprotroph、Plant Pathogen、Dung Saprotroph-Plant Saprotroph-Wood Saprotroph。腐生营养型 (saprotroph) 预测的真菌群落可促进活性物质的积累, 与河北蠡县多糖含量最高保持一致。

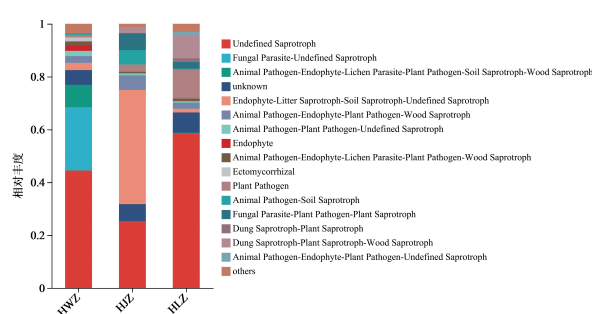


图 5 FUNGuild 功能分类统计柱状图

河北蠡县和湖北武穴丰度最高的功能预测结果均为未定义腐生真菌 (undefined saprotrophs); 河北蠡县预测结果丰度较高的还包括 Plant Pathogen (1280) 和 Dung Saprotroph-Plant Saprotroph-Wood Saprotroph (1129); 湖北武穴预测结果丰度较高的还包括 Fungal Parasite-Undefined Saprotroph (13326) 和 Animal Pathogen-Endophyte-Lichen Parasite-Plant Pathogen-Soil Saprotroph-Wood Saprotroph (4706); 河南焦作功能丰度最高为 Endophyte-Litter Saprotroph-Soil Saprotroph-Undefined Saprotroph (21400),

其次为 Undefined Saprotroph (12383) 和 Fungal Parasite-Plant Pathogen-Plant Saprotroph (3219)。

对应的真菌种类有被孢霉属 (*Mortierella*)、镰孢霉属 (*Fusarium*)、小球腔菌属 (*Leptosphaeria*) 与沙蜥属 (*Saitozyma*) 等,其功能预测的高丰度表现与其在微生物群落组成中较高的相对丰度相对应,说明微生物群落中的优势菌群是代谢过程中的主要功能菌群。河北蠡县预测结果高丰度类型对应真菌有 *Coprinopsis*, 不属于群落结构中的优势菌群,说明群落结构中低丰度的菌群也可能会参与代谢过程,在后续研究中需要关注低丰度的微生物菌群的功能分类。

3 讨论

通过高通量测序分析河南焦作、河北蠡县和湖北武穴 3 个产地山药根际土壤微生物群落结构组成,结果表明河南焦作种植区的山药根际土壤细菌多样性最丰富,河北蠡县种植区的山药根际土壤真菌多样性最丰富。不同种植区样本土壤细菌群落结构中优势细菌类别一致,但是相对丰度差别较大;真菌群落结构中优势菌类别组成和相对丰度呈现明显差异。根据微生物的 OTUs 韦恩图分析,河南焦作和河北蠡县产区的土壤细菌和真菌共有 OTUs 均占比最大,湖北武穴的细菌特有 OTUs 和河北蠡县的真菌特有 OTUs 数量均最多。细菌层级聚类河南焦作和河北蠡县相似性最高,真菌群落结构呈现湖北武穴和河北蠡县聚类相似性最高。

放线菌门 (*Actinobacteriota*)、变形菌门 (*Proteobacteria*) 和厚壁菌门 (*Firmicutes*) 在不同产地样本细菌分类中均占绝对优势,其中河北蠡县样本的放线菌门 (*Actinobacteriota*) 和变形菌门 (*Proteobacteria*) 的相对丰度均最高。有研究发现,放线菌门 (*Actinobacteriota*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*) 可以产生抗菌物质,有益于药用植物根际土壤的生态稳定性以及病原菌危害的生物防治^[16]。变形菌门 (*Proteobacteria*) 在各种植物根际均比较活跃^[17],是多种药用植物以及农作物^[18-21] 根际微生物研究中的优势菌群。放线菌纲 (*Actinobacteria*) 和 γ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 是最优势菌纲,变形菌门 (*Proteobacteria*) 分类下的 γ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 和 α -变形菌纲 (*Alphaproteobacteria*) 作为优势菌被报道具有许多促生长细菌 (PGPR) 种属^[22] 和大量能与植物共生的其他固氮细菌^[23],可

以释放植物激素、促进植株生产和代谢,以及抵抗病原菌危害^[24]。与其他两地样本不同,河北蠡县土壤样本主要优势菌中包含拟杆菌门 (*Bacteroidota*),曾被报道会影响土壤的电导率等理化性质,改变整体细菌的群落结构,进而参与植物活性物质代谢和积累^[25]。

子囊菌门 (*Ascomycota*)、被孢霉门 (*Mortierellomycota*)、担子菌门 (*Basidiomycota*) 相对丰度总和均占各地区样本中真菌群落总丰度的 95% 以上,占明显优势,作为河北蠡县样本中的优势菌群,头束霉属 (*Cephalotrichum*) 能产生多种有益的次级代谢产物^[26],被孢霉属 (*Mortierella*) 是土壤中常见的有益微生物,据报道能产生多种生物活性物质,能促进土壤肥力提升,有助于改善土壤微环境,有效促进药用植物活性物质的积累^[27]。

多糖含量测定结果表明,不同产地新鲜山药以及山药饮片多糖含量均呈现显著差异,且河北蠡县多糖含量均最高,湖北武穴次之。功能预测显示河北蠡县的微生物群落丰度高于湖北武穴和河南焦作。不同样本真菌群落功能预测结果呈现功能分类及丰度信息差异较大,总体表现为腐生营养型 (*saprotroph*) 和病理营养型 (*pathotroph*) 为主要类型,对应真菌种类分析表明土壤根际的优势菌群是主要的功能预测菌群。河北蠡县的样本腐生营养型 (*saprotroph*) 的丰度最高,河北蠡县和湖北武穴丰度最高的功能预测结果均为未定义腐生真菌 (*undefined saprotrophs*),说明土壤样本中腐生营养型 (*saprotroph*) 所对应微生物种群越丰富,越利于山药根茎生长及活性物质积累等代谢过程,并且与真菌菌群的功能相关性更大。已有研究表明药用植物根系与多种真菌可以形成菌根共生体系,通过调节活性物质生物合成关键酶基因的表达^[28],从而增加萜烯类、类黄酮类等活性物质^[29] 的积累,药用植物可溶性蛋白和可溶性糖的积累明显上升^[30]。

总之,河北蠡县样本中优势细菌放线菌门 (*Actinobacteriota*)、变形菌门 (*Proteobacteria*) 和拟杆菌门 (*Bacteroidota*),以及优势真菌头束霉属 (*Cephalotrichum*) 均具有促进药用植物生长代谢的功能,并与功能预测对应类群相一致。河北蠡县与湖北武穴的聚类分析真菌菌群相似度高,多糖含量上保持接近,说明山药活性成分的积累与根际土壤微生物多样性尤其是真菌群落结构组成有关,对于

后期山药种植过程中从根际微生物角度调节土壤养分,为优质高产植株的选育,促生产物菌剂的开发提供理论依据。

利益冲突:所有作者均申明不存在利益冲突。

参考文献:

- [1] Buckman ES, Oduro I, Plahar WA, et al. Determination of the chemical and functional properties of yam bean (*Pachyrhizus erosus* (L.) Urban) flour for food systems[J]. *Food Sci Nutri*, 2017, 6(2) : 457-463. DOI: 10. 1002/lsn3. 574.
- [2] 王宁宁,戴莹,袁一平,等. 山药历史源流分析及其标准体系构建[J]. *中国实验方剂学杂志*, 2018, 24(4) : 222-228. DOI: 10. 13422/j. cnki. syfjx. 2018040222.
- [3] 陈梦雨,刘伟,俞桂新,等. 山药化学成分与药理活性研究进展[J]. *中医药学报*, 2020, 48(2) : 62-66. DOI: 10. 19664/j. cnki. 1002-2392. 200035.
- [4] Zhang B, Guo K, Lin L, et al. Comparison of structural and functional properties of starches from the rhizome and bulbil of Chinese yam[J]. *Molecules*, 2018, 23(2) : 427. DOI: 10. 3390/molecules23020427.
- [5] Hu GJ, Zhao Y, Gao Q, et al. Functional properties of Chinese yam (*Dioscorea opposita* Thunb. cv. Baiyu) soluble protein[J]. *J Food Sci Technol*, 2018, 55(1) : 381-388. DOI: 10. 1007/s13197-017-2948-2.
- [6] 黄少杰,黎攀,杜冰. 山药多糖的纯化、结构及生物活性研究进展[J]. *食品研究与开发*, 2022, 43(16) : 209-215.
- [7] 梁杉,王琨,刘佩瑶,等. 山药多糖结构、生物活性及其机制研究进展[J]. *食品科学*, 2022, 43(23) : 296-304.
- [8] 彭政,郭秀芝,徐扬,等. 药用植物与根际微生物互作的研究进展与展望[J]. *中国中药杂志*, 2020, 45(9) : 2023-2030. DOI: 10. 19540/j. cnki. cjmm. 20200302. 116.
- [9] 洗康华,苏江,付传明,等. 不同菌肥对华重楼根际土壤微生物多样性及理化性质的影响[J]. *广西科学*, 2021, 28(6) : 616-625. DOI: 10. 13656/j. cnki. gxkx. 20220117. 002.
- [10] 姚小东,李孝刚,丁昌峰,等. 连作和轮作模式下花生土壤微生物群落不同微域分布特征[J]. *土壤学报*, 2019, 56(4) : 975-985.
- [11] 牟建平,滕宝霞,史中飞,等. 基于高通量测序考察甘肃黄芪种植区根际土壤微生物群落结构及多样性[J]. *中国野生植物资源*, 2022, 41(3) : 15-24.
- [12] 罗影子,黄明进,王大昌,等. 不同产量下天麻根际土壤微生物多样性分析[J]. *中国实验方剂学杂志*, 2023, 29(1) : 133-140. DOI: 10. 13422/j. cnki. syfjx. 20221515.
- [13] 孔亚东. 耐盐碱根际促生菌的分离鉴定及对玉米植株生长的影响[D]. 济南:山东农业大学, 2022.
- [14] 肖苗苗,张红娟,赵芳,等. 小麦/玉米轮作田根际微生物多样性分析[J]. *微生物学通报*, 2021, 48(12) : 4612-4623. DOI: 10. 13344/j. microbiol. china. 210360.
- [15] 郑丽萍,朱重阳,张小梅. 山药多糖含量测定方法优化的研究[J]. *中州大学学报*, 2021, 38(5) : 116-119. DOI: 10. 13783/j. cnki. cn41-1275/g4. 2021. 05. 023.
- [16] Xiong W, Zhao Q, Zhao J, et al. Different continuous cropping spans significantly affect microbial community membership and structure in a vanilla-grown soil as revealed by deep pyrosequencing[J]. *Microb Ecol*, 2015, 70(1) : 209-218. DOI: 10. 1007/s00248-014-0516-0.
- [17] 杜滢鑫,谢宝明,蔡洪生,等. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. *生态学报*, 2016, 36(3) : 740-747.
- [18] 李岩,何学敏,杨晓东,等. 不同生境黑果枸杞根际与非根际土壤微生物群落多样性[J]. *生态学报*, 2018, 38(17) : 5983-5995.
- [19] 刘鹏远,张海坤,陈琳,等. 黄渤海海草分布区日本鳗草根际微生物群落结构特征及其功能分析[J]. *微生物学报*, 2019, 59(8) : 1484-1499. DOI: 10. 13343/j. cnki. wsxb. 20180432.
- [20] 王明元,侯式贞,董涛,等. 香蕉假茎生物炭对根际土壤细菌丰度和群落结构的影响[J]. *微生物学报*, 2019, 59(7) : 1363-1372. DOI: 10. 13343/j. cnki. wsxb. 20180437.
- [21] 刘泉成. 玉米根际微生物群落特征分析及生防菌筛选[D]. 北京:中国农业科学院, 2018.
- [22] Palaniyandi SA, Damodharan K, Yang SH, et al. *Streptomyces* sp. strain PGPA39 alleviates salt stress and promotes growth of 'Micro Tom' tomato plants[J]. *J Appl Microbiol*, 2014, 117(3) : 766-773. DOI: 10. 1111/jam. 12563.
- [23] Dedysh SN, Ricke P, Liesack W. Nif H and Nif D phylogenies: an evolutionary basis for understanding nitrogen fixation capabilities of methanotrophic bacteria[J]. *Microbiology*, 2004, 150(5) : 1301-1313. DOI: 10. 1099/mic. 0. 26585-0.
- [24] 张平究,梁川,陈芳,等. 退耕还湿后土壤细菌群落结构和生物量变化过程研究[J]. *生态学报*, 2023(11) : 1-13.
- [25] 李卓然,张子怡,阮爱东,等. 基于高通量测序技术的新疆哈密地区盐碱地土壤细菌群落结构分析[J]. *湖北农业科学*, 2022, 61(11) : 54-61. DOI: 10. 14088/j. cnki. issn0439-8114. 2022. 11. 010.
- [26] 张欣. 头束霉属和帚霉属的分类研究[D]. 贵阳:贵州大学, 2020.
- [27] Li F, Chen L, Redmile-Gordon M, et al. *Mortierella elongata*'s roles in organic agriculture and crop growth promotion in a mineral soil[J]. *Land Degrad Dev*, 2018, 29(6) : 1642-1651. DOI: 10. 1002/ldr. 2965.
- [28] Dao TTH, Linthorst HJM, Verpoorte R. Chalcone synthase and its functions in plant resistance[J]. *Phytochem Rev*, 2011, 10(3) : 397-412.
- [29] 贺学礼,李君,贺超. AM 真菌与施氮量对丹参幼苗化学成分的影响[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(14) : 182-185.
- [30] 卢彦琦,王东雪,路向丽,等. 丛枝菌根真菌对白术生理特性和植株成分的影响[J]. *西北植物学报*, 2011, 31(2) : 351-356.

(收稿日期 2023-07-06)

(本文编辑:石俊强)