



微生物组和土壤环境的综合影响 促进苍术化学型的分化

王红阳^{1,2,3#}, 彭政^{1,2,3#}, 张成才^{1,2,3#}, 康传志^{1,2}, 张燕^{1,2,3}, 郭秀芝^{1,2},
汪奕衡^{1,2}, 杨光^{1,2}, 向增旭⁴, 周利^{1,2}, 景志贤^{1,2}, 刘大会⁵,
王升^{1,2,3*}, 黄璐琦^{1,2*}, 郭兰萍^{1,2*}

¹中国中医科学院中药资源中心, 道地药材品质保障与资源持续利用全国重点实验室

²农业农村部中药材生物学与栽培重点实验室

³中国中医科学院(德兴)试验培训基地

⁴南京农业大学, 园艺学院

⁵湖北中医药大学, 药学院



Hongyang Wang, Zheng Peng, Chengcai Zhang, Chuanzhi Kang, Yan Zhang, Xiuzhi Guo, Yiheng Wang, et al. 2025.
The combined influence of microbiome and soil environment contributes to the chemotype differentiation in *Atractylodes lancea*.
iMetaOmics 2: e70058. <https://doi.org/10.1002/imo2.70058>

简介



苍术 *Atractylodes lancea*

- ❑ 苍术是菊科苍术属多年生草本植物，在我国分布广泛。
- ❑ 苍术的挥发油成分，尤其是茅术醇、 β -桉叶醇、苍术酮和苍术素是主要的药效活性成分，具有燥湿、健脾、抗菌和抗炎等功效。
- ❑ 先前的研究已经将苍术分为三个基因型：茅山-大别山基因型（MA），燕山北部基因型（NA）和秦岭-太行山基因型（SA）；
- ❑ 苍术又可以被分为两个化学型：茅山苍术化学型（MSA）和湖北苍术化学型（HBA）。



亮点

- ❑ 随着海拔和气候的梯度变化，苍术基因型产生MA和SA的遗传分化。
- ❑ 苍术的化学型分化不是由其基因型决定，而是受土壤环境和微生物组的影响。
- ❑ 根际和内生核心微生物驱动苍术的化学型分化。



第一部分实验设计

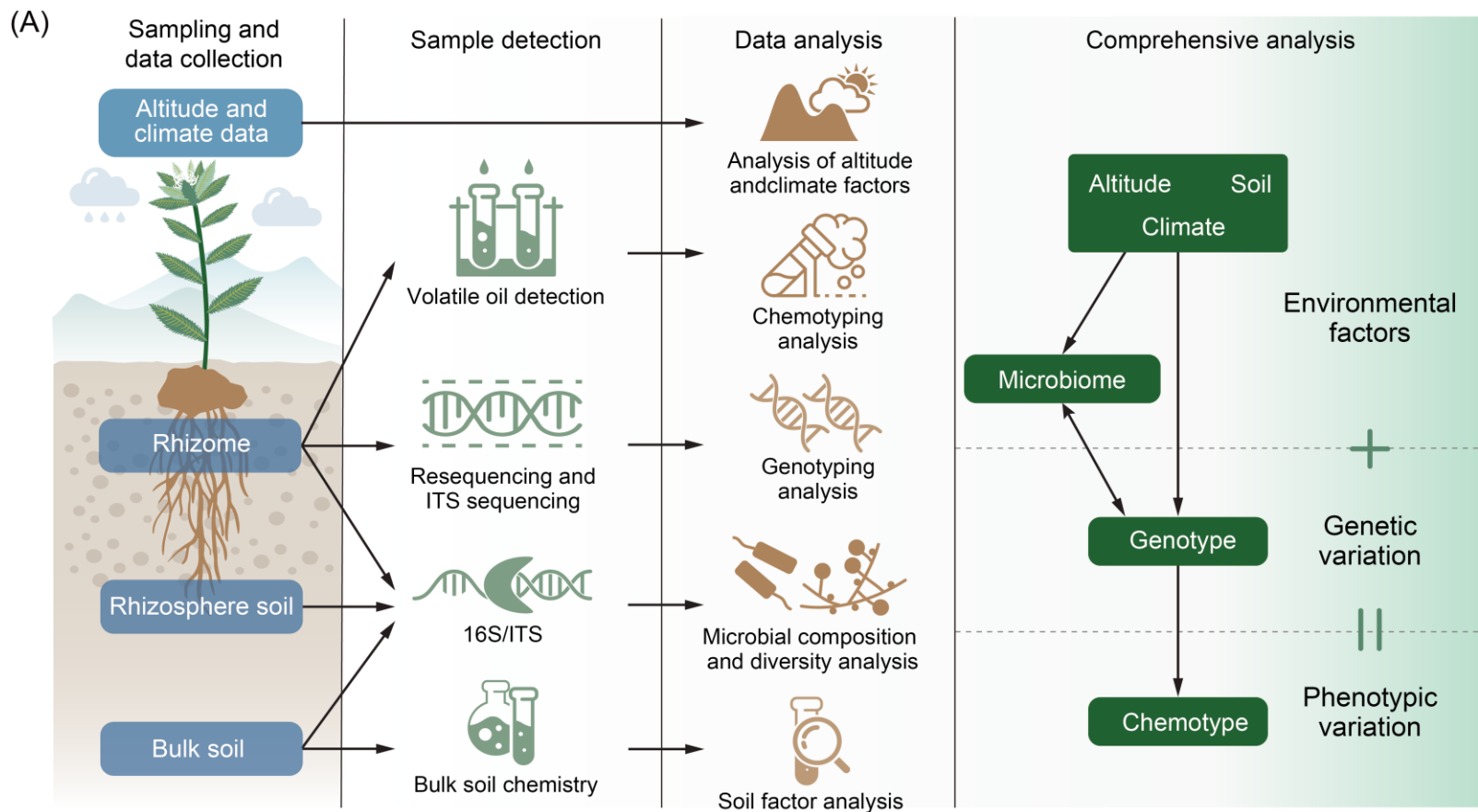


图1A 样品采集和数据分析流程图

- ❑ 采集来自全国5个省份，16个居群的187株野生和栽培苍术，包括江苏省、安徽省、湖北省、河南省和陕西省。这些样品当中有109个野生苍术根茎被用于重测序，用来研究苍术的基因型变异。
- ❑ 其余的78个苍术根茎用于检测挥发油、ITS序列、内生微生物的16S/ITS。这些根茎对应的根际土壤和对照土壤用于微生物和土壤本底营养成分含量检测。
- ❑ 最终综合分析这些因子（海拔、气候、土壤和微生物）对苍术基因型和化学型形成的影响。



第一部分实验结果：苍术基因型变异

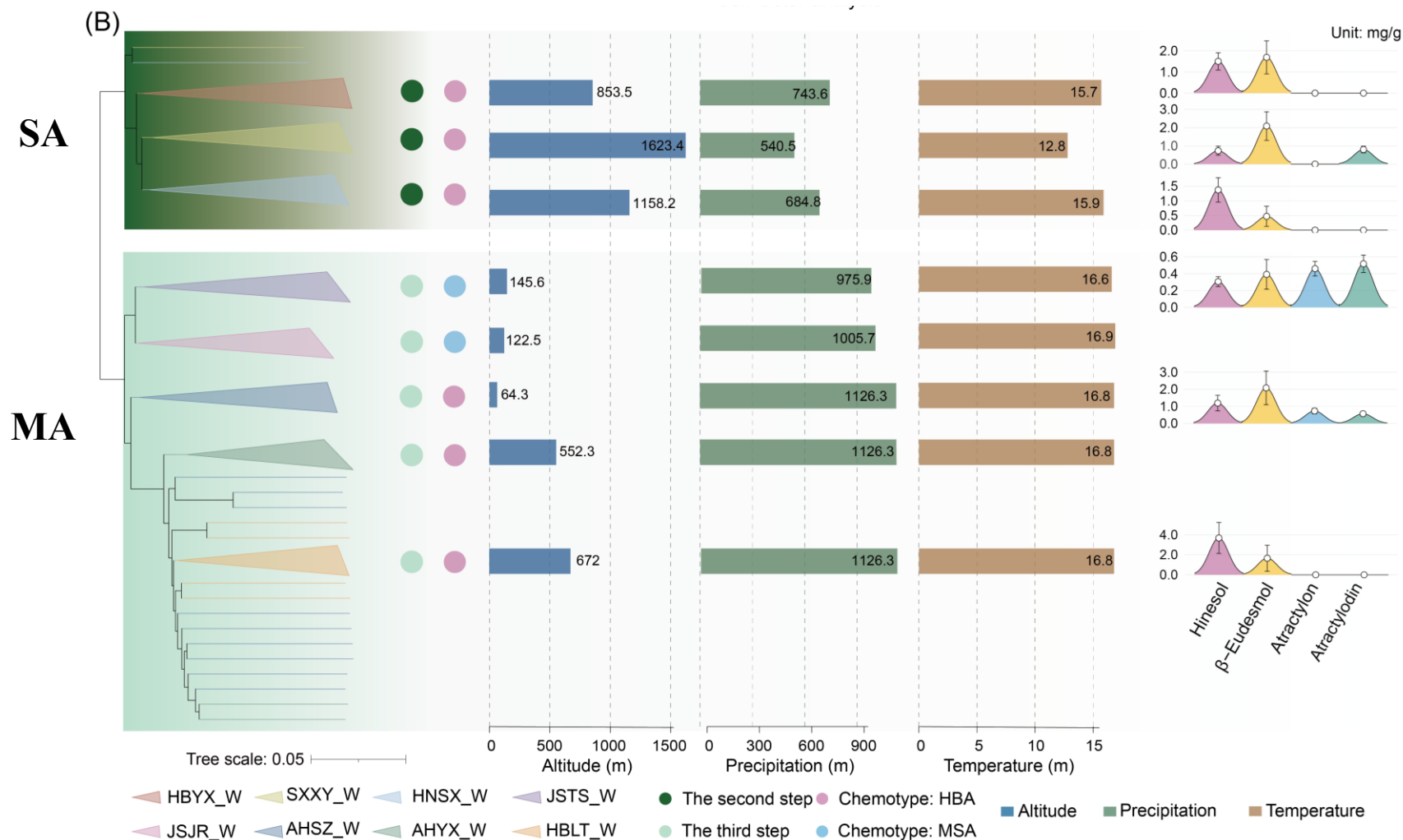


图1B 苍术基因型的系统发育聚类

- 根据109个野生苍术的重测序结果显示：5个产地苍术可以分为两个基因型：MA和SA。
- SA基因型均分布在高海拔地区（中国的第二阶梯），而MA基因型均分布在低海拔地区（中国的第三阶梯）。



第一部分实验结果：苍术分布的地理环境和化学型变异

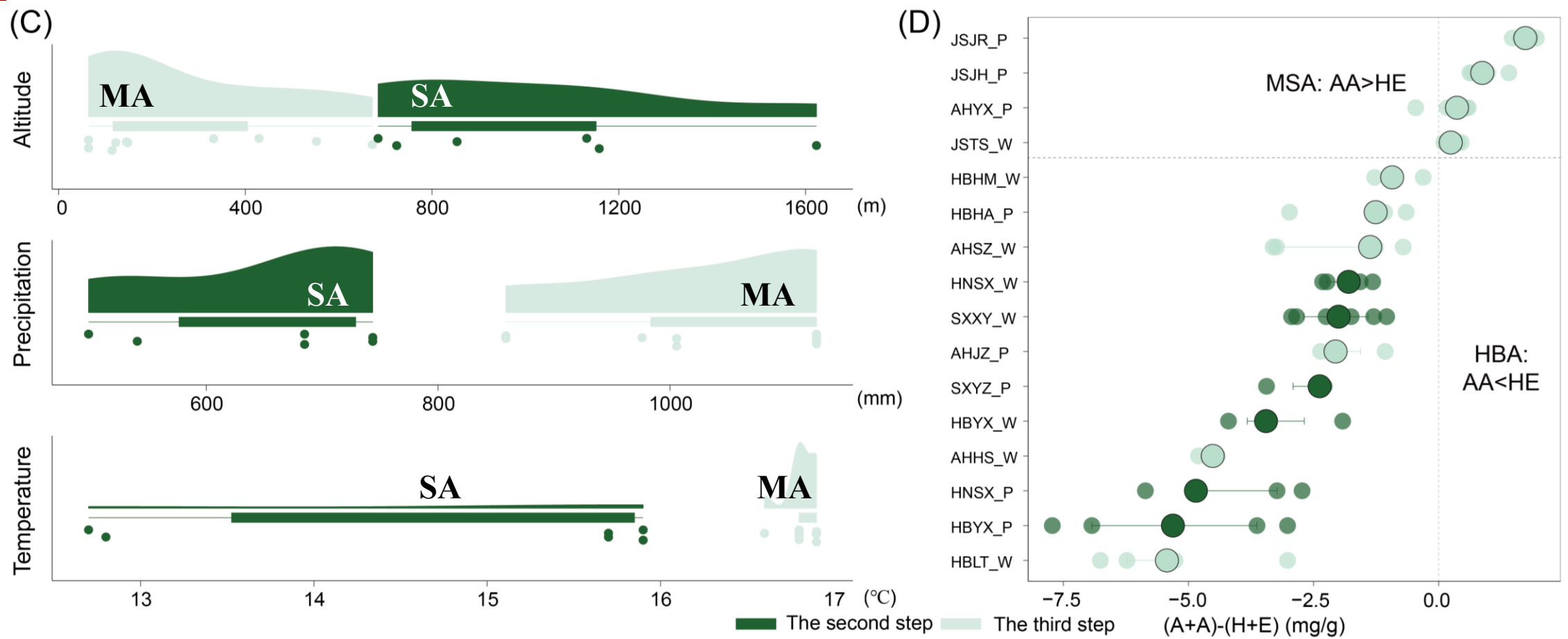


图1C和D 苍术分布的地理环境和化学型变异

- ❑ SA分布区与高海拔相对应的气候具有较低的降雨量和温度；相反MA分布区与低海拔相对应的气候具有较高的降雨量和温度。
- ❑ 挥发油检测结果显示5个产地苍术又可以分为两个化学型：MSA和HBA。
- ❑ 苍术的基因型分化与海拔和气候影响有关；但是基因型并不能完全决定化学型，MA基因型里既有MSA又有HBA，而SA基因型里只有HBA。



第一部分实验结果：微生物组分析

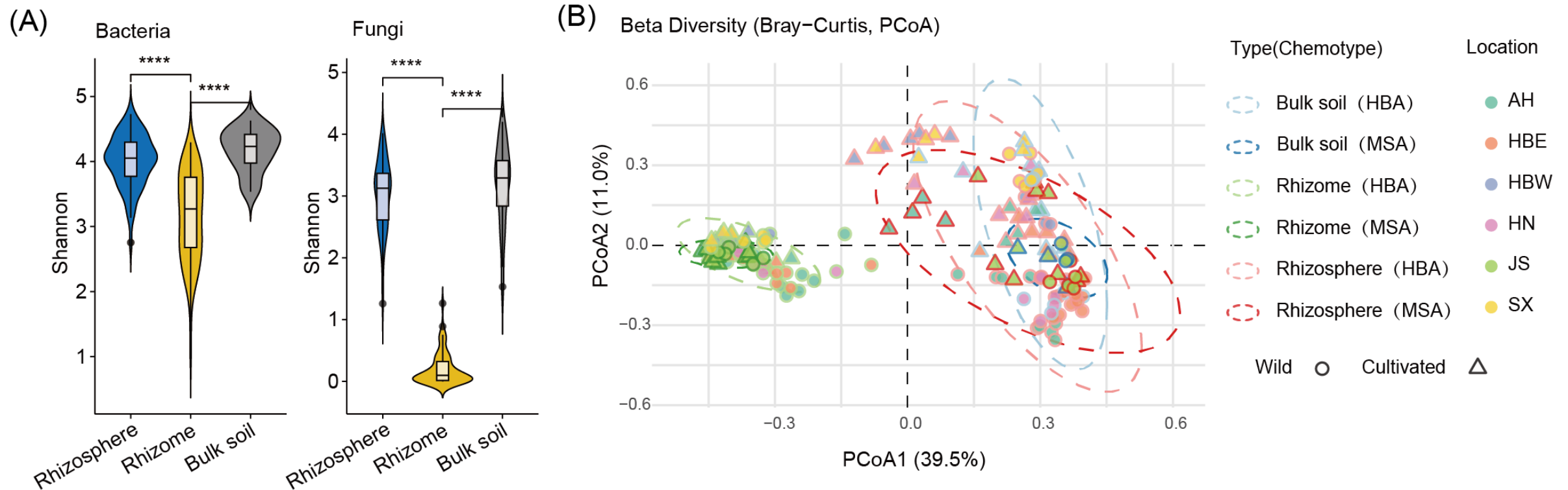


图2A和B 不同产地苍术根际和内生微生物 α 多样性和PCOA分析

- 不同产地苍术对照土壤和根际土壤的细菌和真菌多样性均显著高于根茎内生菌，而且根际土壤的微生物群落组成与对照土壤相似。
- 苍术根茎内形成特异的微生物群落。



第一部分实验结果：微生物组分析

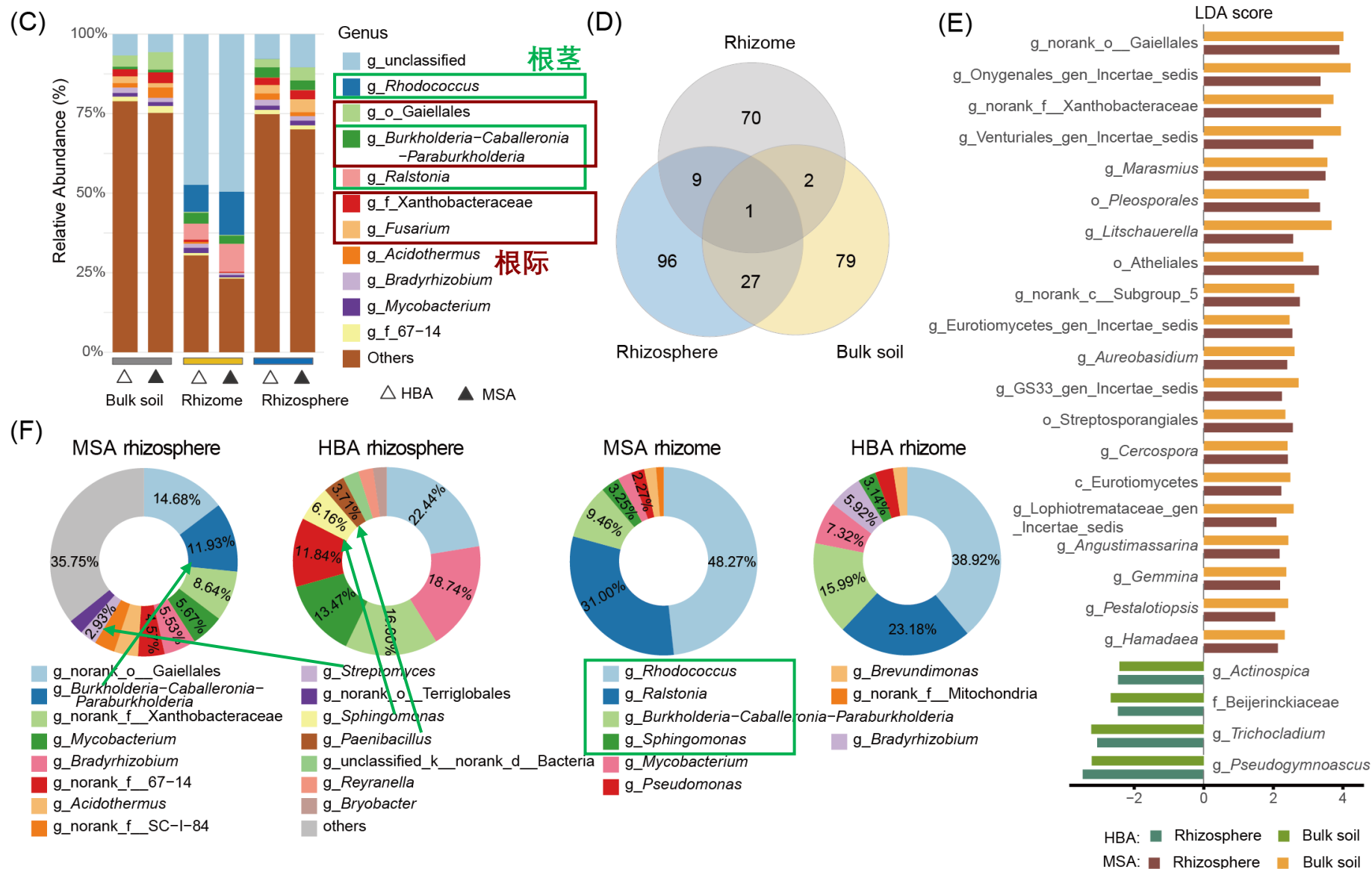


图2C-F 不同产地苍术根际和内生微生物组成



第一部分实验结果：微生物组分析

(G) Top 15 Significant EC

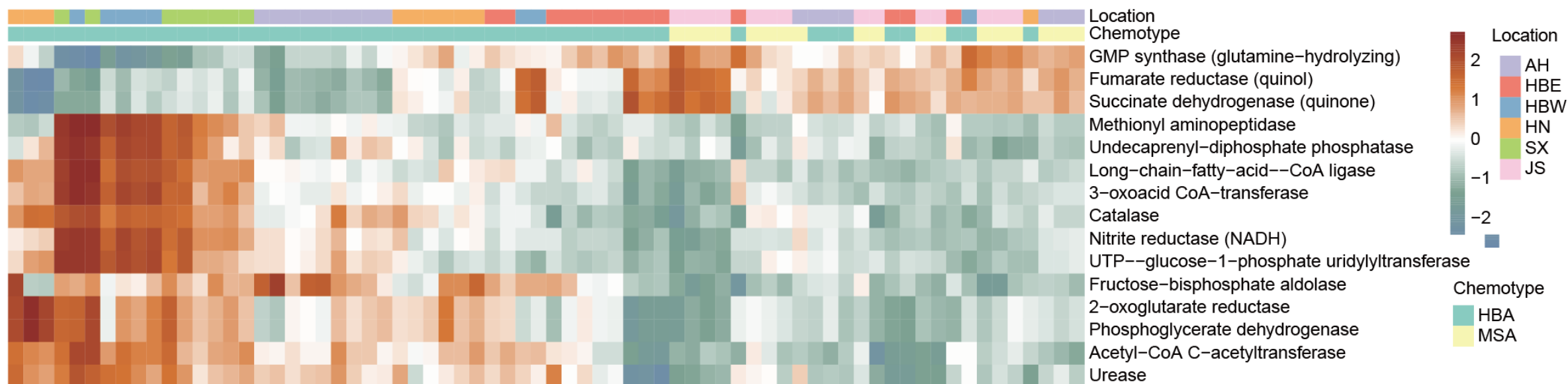


图2G 根际细菌中前15个显著富集的EC功能类别热图

- 功能预测分析发现在MSA化学型中GMP synthase、fumarate reductase和succinate dehydrogenase的丰度较高，而在HBA化学型中Methionyl aminopeptidase等的相对丰度较高，表现出HBA和MSA两个化学型苍术微生物组的功能差异。



第二部分结果：不同化学型苍术微生物交互接种

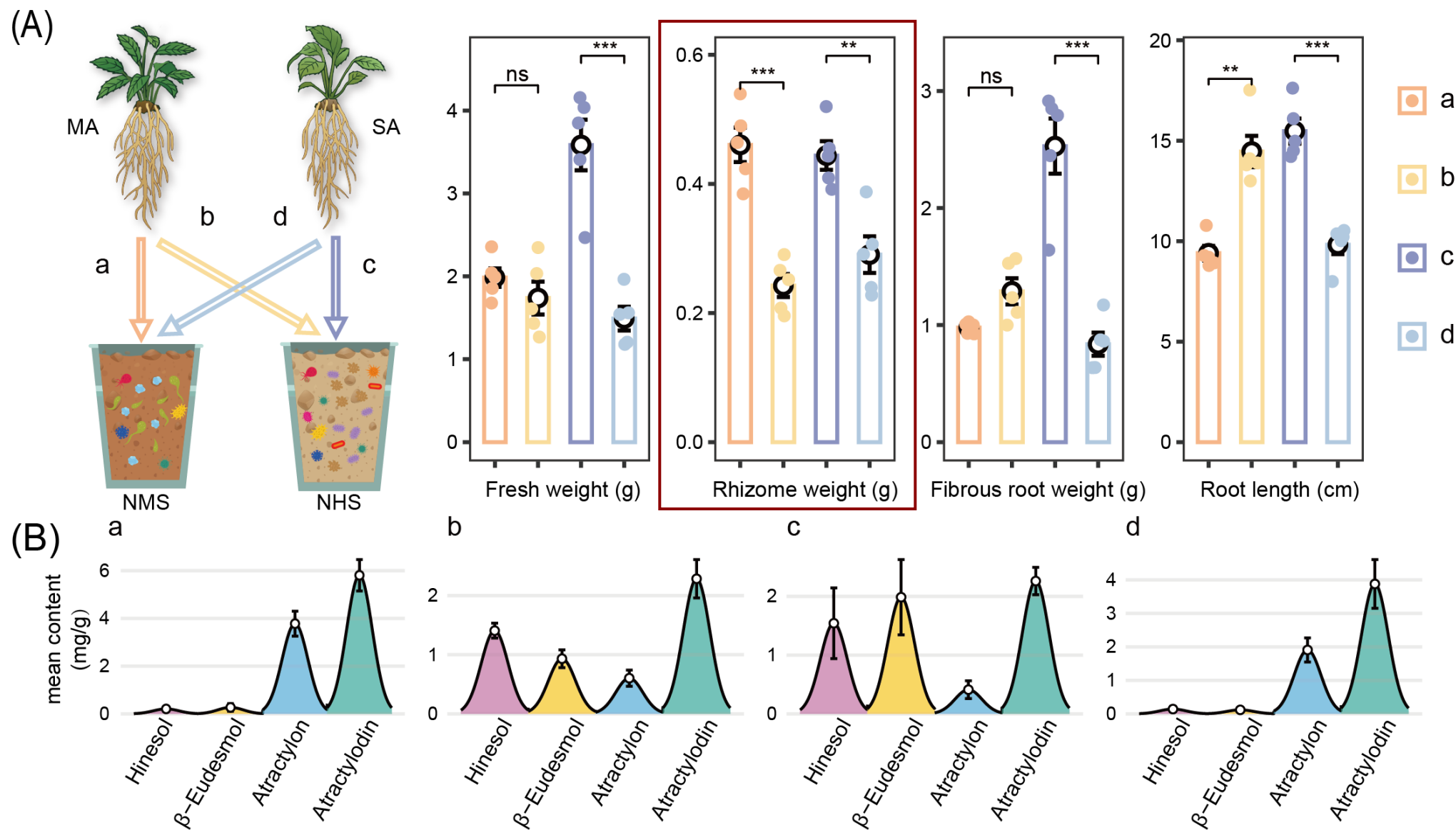


图3A和B 不同基因型苍术种植在未处理的不同化学型苍术产地土壤中的生物量和挥发油含量



第二部分结果：不同化学型苍术微生物交互接种

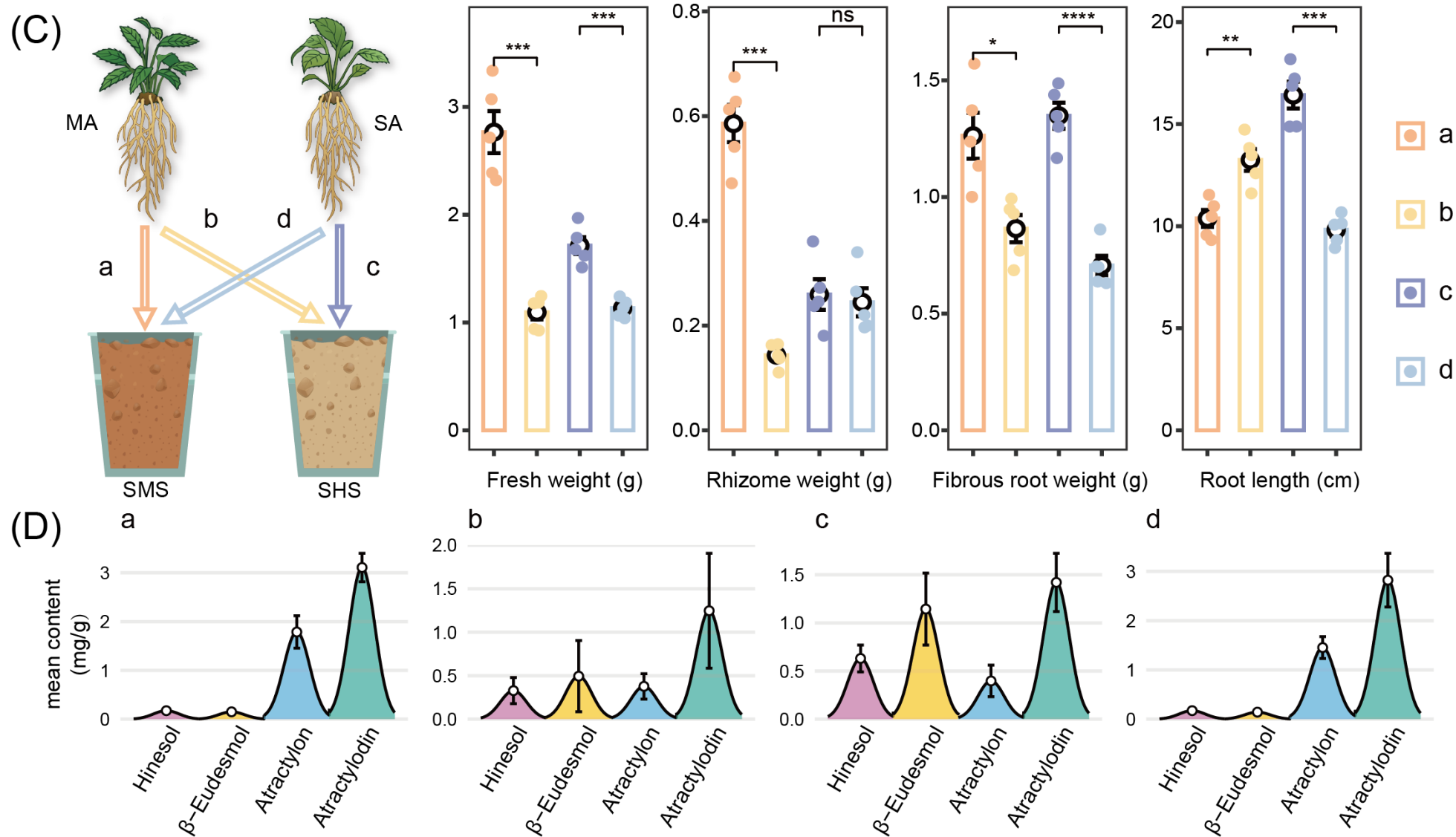


图3C和D 不同基因型苍术种植在灭菌的不同化学型苍术产地土壤中的生物量和挥发油含量



第二部分结果：不同化学型苍术微生物交互接种

(E)

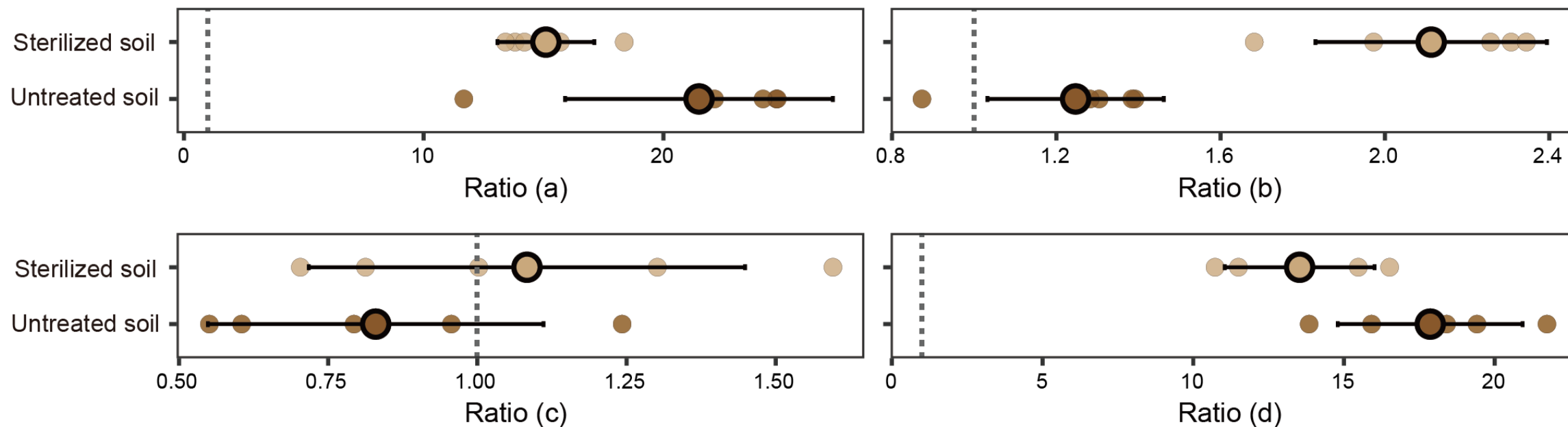


图3E 灭菌（上）和未处理（下）土壤种植的苍术根茎中（苍术酮+苍术素）/（茅术醇+β-桉叶醇）的比率

❑ 灭菌土壤对苍术挥发油的组成没有未灭菌土壤效果显著。



第三部分结果：核心微生物功能验证

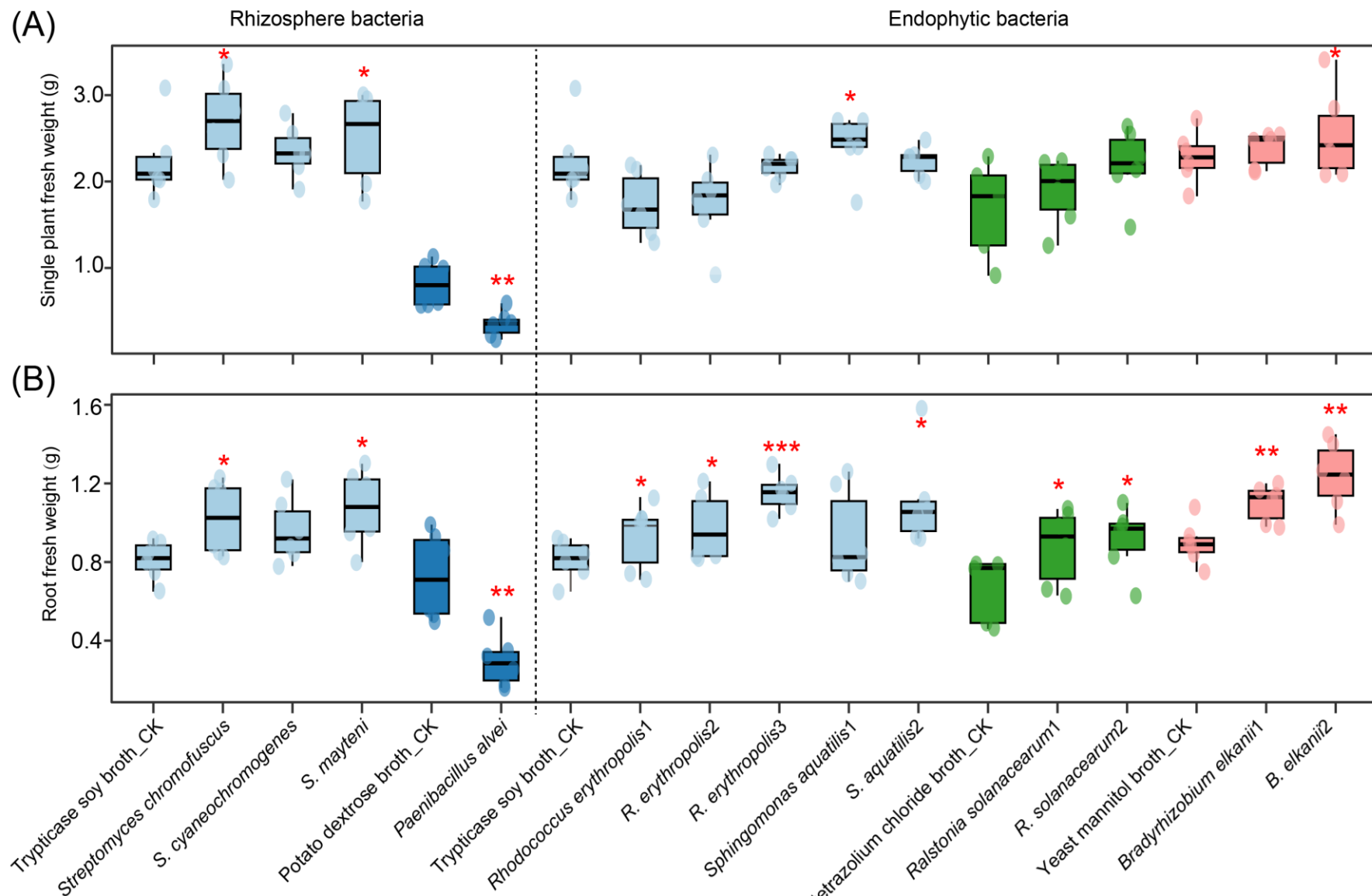


图4A和B 根际和内生特异性核心细菌对苍术生物量的影响



第三部分结果：核心微生物功能验证

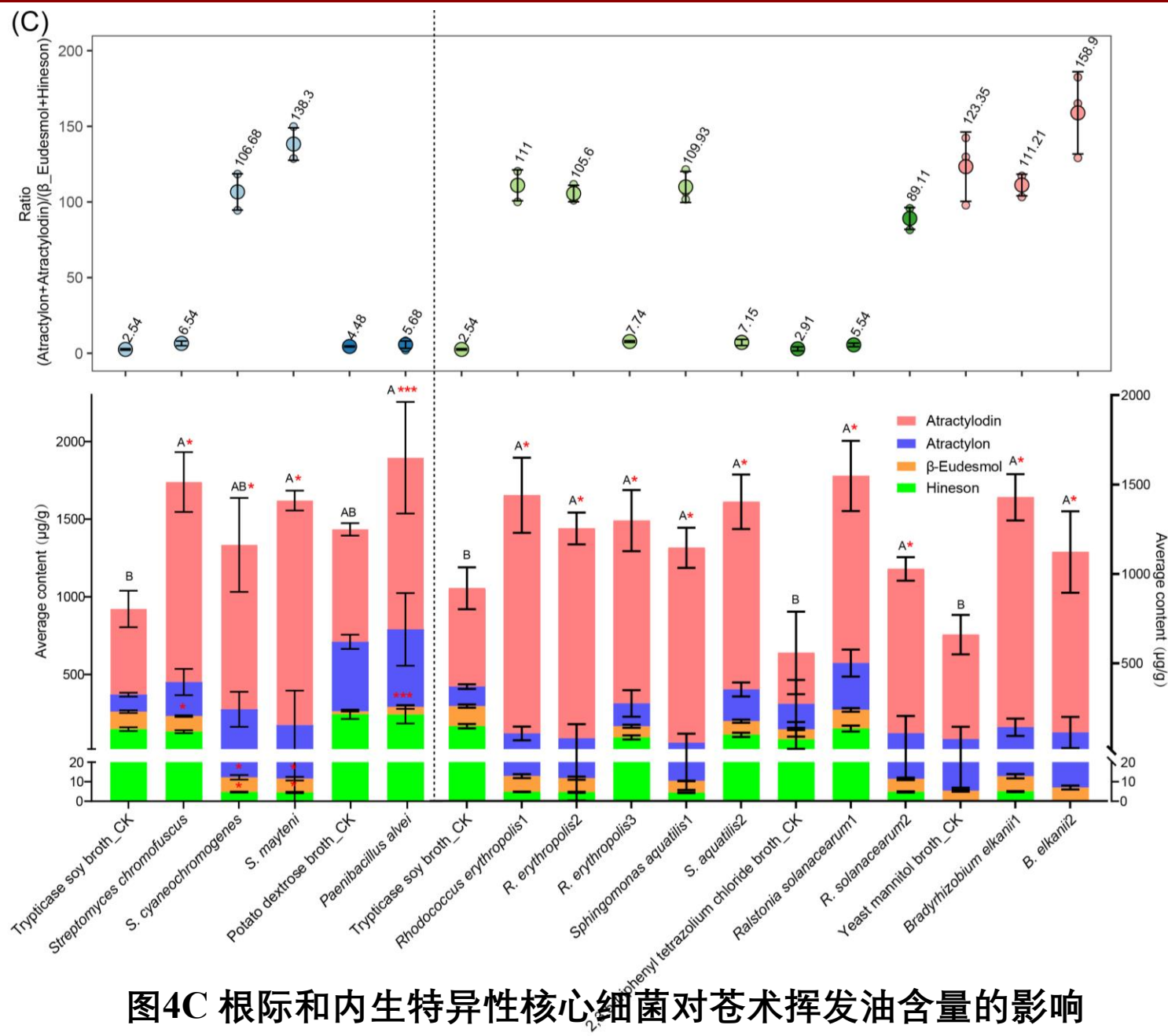


图4C 根际和内生特异性核心细菌对苍术挥发油含量的影响



第四部分：综合分析

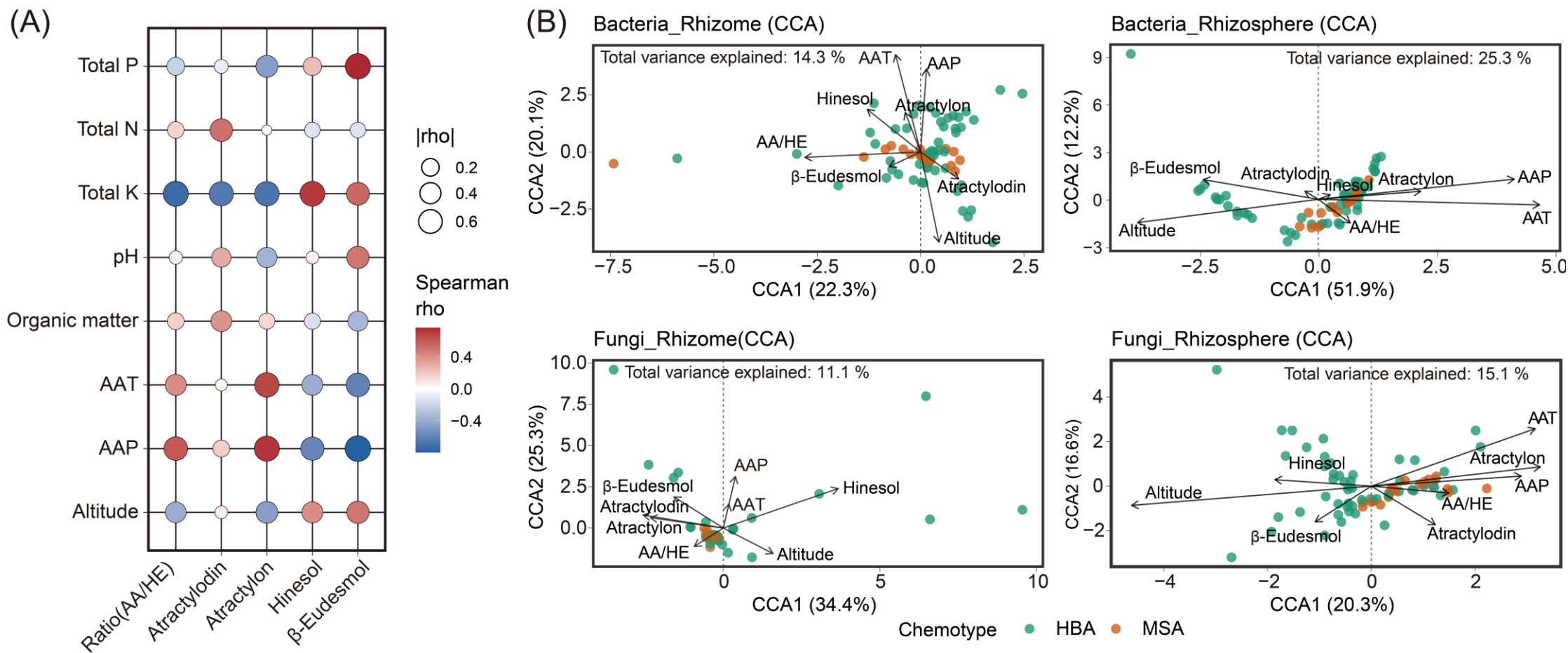


图5A和B 海拔、气候和土壤等环境因子对苍术4种主要挥发油和微生物组成的影响

- ❑ 高K和P抑制苍术酮和苍术素积累，但是促进茅术醇和 β -桉叶醇的积累；
- ❑ 高温和高降雨量则促进苍术酮和苍术素的积累，但是抑制茅术醇和 β -桉叶醇的积累；
- ❑ 高温和高降雨量主要增强根际细菌/真菌与苍术酮之间的关系，而海拔则加强茅术醇或 β -桉叶醇与微生物群之间的关系。



第四部分：综合分析

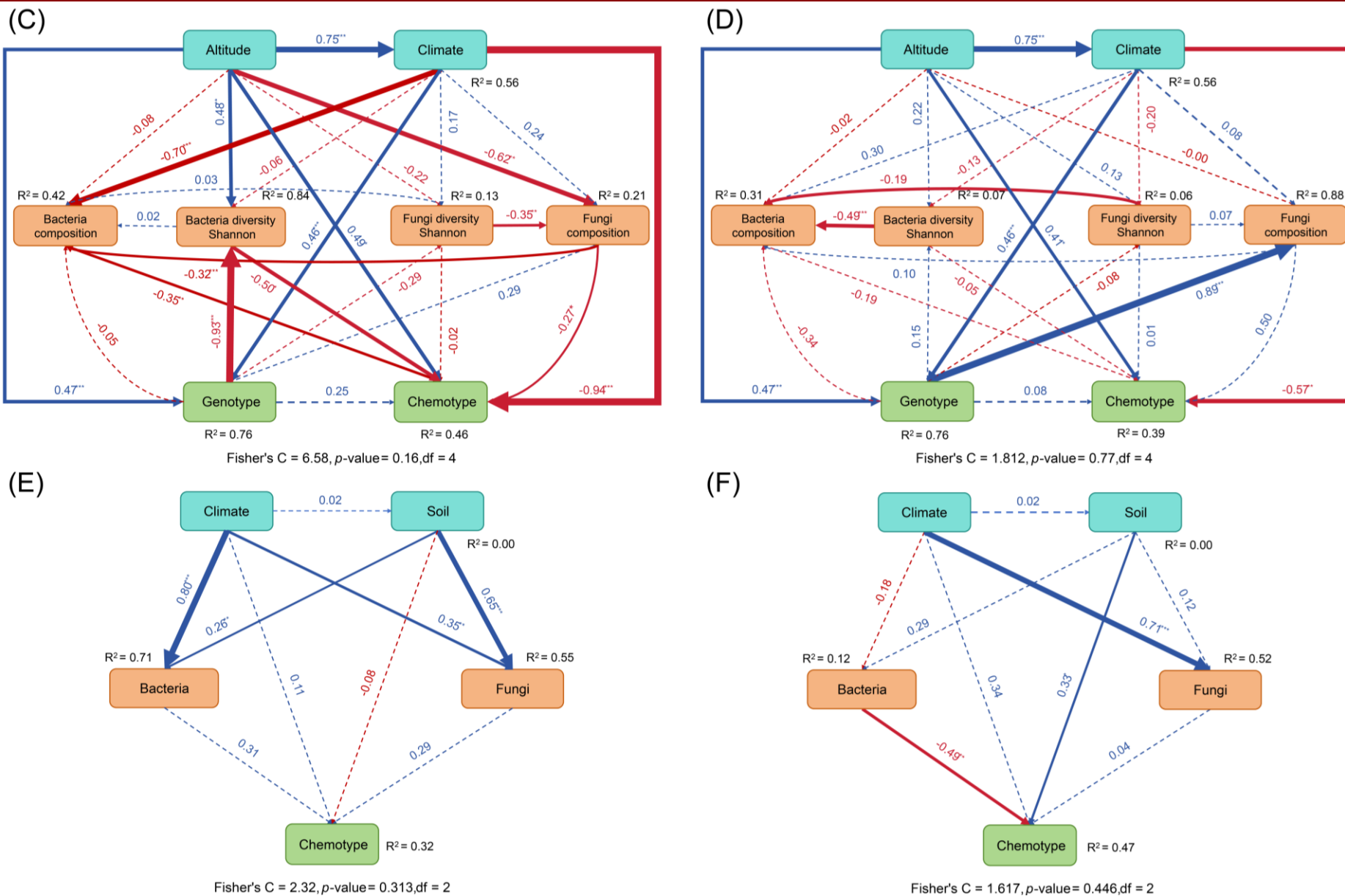


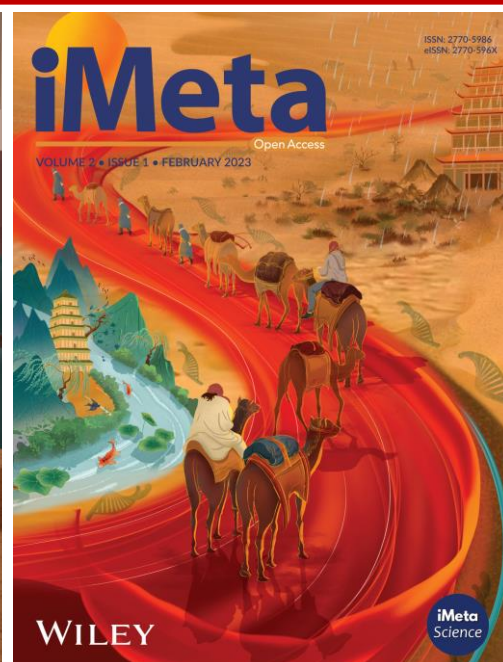
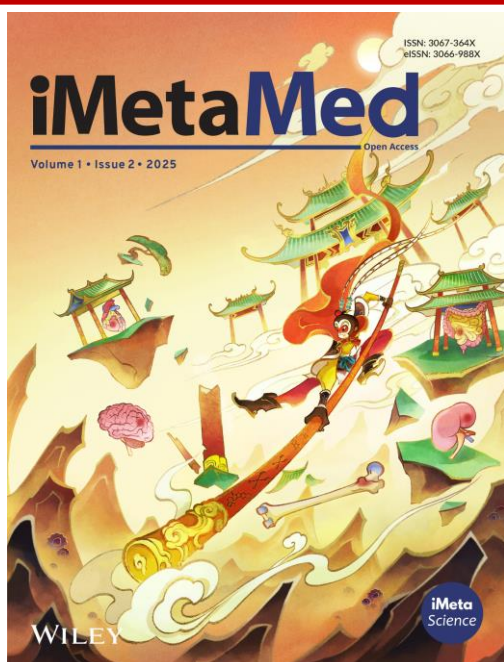
图5C-F 海拔、气候、土壤、微生物等环境因子驱动苍术基因型和化学型形成的结构方程模型



总结

本研究表明海拔与气候驱动苍术基因型分化，但基因型不能决定化学型。土壤环境和微生物组驱动化学型的分化，其中微生物组的影响更为突出。这些发现验证了“表型=基因型+环境修饰”的理论框架，为苍术的微生物辅助育种及定向化学型调控提供理论依据。

Hongyang Wang, Zheng Peng, Chengcai Zhang, Chuanzhi Kang, Yan Zhang, Xiuzhi Guo, Yiheng Wang, et al. 2025.
The combined influence of microbiome and soil environment contributes to the chemotype differentiation in *Atractylodes lancea*.
iMetaOmics 2: e70058. <https://doi.org/10.1002/imo2.70058>



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



iMeta



更新日期
2025/7/6