

研究报告

DOI:10.14188/j.ajsh.20250901001

基于高通量测序的太白米内生真菌多样性分析

李彤¹, 储天¹, 焦晨莉¹, 杨娟娟², 张萌萌¹, 白杨², 卫培峰^{1,2*}, 陈亮亮^{2*}

(1. 陕西中医药大学 药学院, 陕西 咸阳 712046;

2. 陕西中医药大学 第二临床医学院, 陕西 咸阳 723000)

摘要: 太白米是陕西地区的名贵药材,以其独特的药效和高昂的经济价值著称。长期以来的过度采挖导致野生太白米资源遭受严重破坏,产量逐年递减。内生真菌在解决药用植物资源可持续利用方面具有潜在价值。然而,太白米内生真菌多样性的研究尚未见报道。利用高通量测序技术对收集于陕西太白山区的太白米植株不同组织内生真菌进行鉴定与分析,共获得1 275个OTUs序列,其中太白米小鳞茎(药用部位)的OTUs序列数量最多(450个),根次之(315个),叶其次(260个),茎最少(250个)。太白米不同组织内生真菌的群落结构、丰度存在一定差异。叶和茎组织的优势菌群均为白僵菌属(*Beauveria*),根中为丝枝霉属(*Aphanocladium*),而小鳞茎组织的优势菌属为曲霉属(*Aspergillus*)。通过LDA效应量(LEfSe)分析发现,太白米根、茎、叶和小鳞茎都存在多种差异指示种。总之,濒危植物太白米不同组织内生真菌的种群结构存在差异,内生真菌资源丰富,具有开发和利用潜力。

关键词: 太白米;内生真菌;高通量测序;多样性;群落结构**中图分类号:** Q-9**文献标志码:** A**文章编号:** 2096-3491(2026)01-0082-10**Diversity analysis of endophytic fungi in Taibaimi (*Notholirion bulbuliferum*) based on high-throughput sequencing**LI Tong¹, CHU Tian¹, JIAO Chenli¹, YANG Juanjuan², ZHANG Mengmeng¹, BAI Yang²,WEI Peifeng^{1,2*}, CHEN Liangliang^{2*}

(1. Shaanxi University of Chinese Medicine, School of Pharmacy, Xianyang 712046, Shaanxi, China;

2. Shaanxi University of Chinese Medicine, Second Clinical Medical College, Xianyang 723000, Shaanxi, China)

Abstract: Taibaimi is a valuable medicinal herb in Shaanxi Province, known for its unique efficacy and high economic value. Over-excavation for a long time has led to serious damage to wild Taibaimi resources, and the yield has been decreasing year by year. Studies have shown that endophytic fungi have potential value in solving the sustainable utilization of medicinal plant resources. However, the research on the diversity of endophytic fungi in Taibaimi has not been reported. Endophytic fungi from different tissues of Taibaimi plants collected in the Taibai Mountain region of Shaanxi Province were identified and analyzed using high-throughput sequencing. A total of 1 275 OTU sequences were obtained, with the highest number detected in the small bulbs (450), which are considered the medicinal part of the plant, followed by roots (315), leaves (260), and stems exhibiting the lowest count (250). Notable variations were observed

收稿日期: 2025-09-01 修回日期: 2025-11-14 接受日期: 2026-02-11

作者简介: 李彤(2000-),女,硕士,研究方向为中药配伍作用及其安全性与有效性研究,E-mail:1924288965@qq.com

*通信作者: 陈亮亮(1988-),男,博士,讲师,主要从事中药物质基础与作用机制研究,E-mail:chenliangliang502@163.com; 卫培峰(1972-),男,博士,教授,主要从事中药配伍作用及其安全性与有效性研究,E-mail:weipeifeng@163.com

基金项目: 陕西省教育厅专项科研计划项目(23JK0399);陕西省重点研发计划(2025NC-YBXM-058);陕西省中医药科技创新提质扩能计划(TZKN-CXPT-03)

引用格式:李彤,储天,焦晨莉,等. 基于高通量测序的太白米内生真菌多样性分析[J]. 生物资源, 2026, 48(1): 82-91.

Li T, Chu T, Jiao C L, et al. Diversity analysis of endophytic fungi in Taibaimi (*Notholirion bulbuliferum*) based on high-throughput sequencing [J]. Biotic Resources, 2026, 48(1): 82-91.

in the community structure and abundance of endophytic fungi across different tissues. *Beauveria* was identified as the dominant genus in both leaf and stem tissues, whereas *Aphanocladium* dominated in roots, and *Aspergillus* was the pre-dominant genus in small bulb tissues. LEfSe analysis further revealed the presence of multiple distinct indicator species across all four tissue types, including roots, stems, leaves, and small bulbs. In summary, significant variations exist in the population structure of endophytic fungi in different tissues of the endangered plant Taibaimi, indicating a rich diversity of fungal resources with considerable potential for further development and application.

Key words: Taibaimi [*Notholirion bulbuliferum* (Lingelsh.) Stearn.]; endophytic fungi; high-throughput sequencing; diversity; community structure

0 引言

太白米为陕西名贵药材,为百合科(Liliaceae)假百合属(*Notholirion*)植物假百合[*Notholirion bulbuliferum* (Lingelsh.) Stearn.]的地下小鳞茎,性温、味辛、微甘^[1]。《陕西中草药》中记载太白米:“宽胸利气,健胃,止呕,镇痛,止咳;治胃痛腹胀,胸闷,呕吐反胃,风寒咳嗽,小儿惊风”^[2]。临床上主要参与组成复方,用于治疗萎缩性胃炎、胃炎、胃痛腹胀、胃及十二指肠溃疡等病症,并对食道癌、胃癌以及慢性乙肝有一定的疗效,取得了良好的效果,是治疗胃病最具开发潜力的中药之一^[3]。长期以来,太白米独特的药效、迅猛上升的需求、高昂的价格使得野生太白米资源遭受严重的破坏,产量日益下降。开展太白米组织培养和人工栽培新技术或寻找太白米药用资源稳定有效且可持续的替代品是发展利用太白米资源的迫切需求。

已有研究表明,内生真菌(endophytic fungi)可能是解决药用植物资源问题的一个潜在途径^[4,5]。研究表明,包括细菌和真菌在内的植物内生菌群落分布具有明显的组织特异性。例如在玉米中,不同器官组织内的内生细菌群落组成差异显著,而内生真菌群落组成差异相对较小,且各组织拥有其独特的优势菌属^[6]。内生真菌是指那些在其生活史中的某一段时期生活在植物组织内,对植物组织没有引起明显病害症状的真菌。多项研究发现,内生真菌在药用植物生长发育过程中发挥着重要作用。内生真菌能够影响宿主植物的生长及有效成分的积累,增强药用植物的病虫害抗性^[7]。如香柱菌(*Epichloë*)内生真菌通过共生提高紫花针茅(*Stipa purpurea*)对根寄生杂草甘肃马先蒿(*Pedicularis* L.)的抗性,限制其吸器形成、生物量积累及根系发育^[8],提高中药活性成分的含量等^[7]。近期在藜麦种子中分离出的多种内生真菌中,部分菌株如草酸青霉(*Penicillium oxalicum*)和斯托尔蓝状菌(*Talaromyces stollii*)对多种病原真菌表现出抑制力,显示其在生物防治方面的应用潜力^[9]。多种内生真菌已被

证实能够产生与宿主植物相同或相似的药用活性成分^[10-11]。此外,选择与原生境内生真菌群落结构相近的地方作为迁栖地或回接内生真菌已在肉苁蓉^[12]、天麻^[13]、铁皮石斛^[14]等多株药用植物的培育中证实是一种有效的途径。

太白米的研究主要集中于其化学成分、功效、作用机制、临床应用及其组织培养与栽培技术^[3],尚未有研究报道其内生真菌多样性。本研究采用高通量测序技术对太白米不同组织的内生真菌进行鉴定,并进行多样性分析,旨在揭示太白米不同组织内生真菌群落的组成及多样性,为太白米及其有益内生真菌的利用与开发提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 植物样本

3株太白米植株由陕西省宝鸡市眉县太白草医于太白山玉皇池周边采集,采集时将太白米整株挖出,见图1(a)。采集后的样本带回实验室后进行分离、编号。根、茎、叶和小鳞茎(药用部位)样品编号分别为TBMG-1~TBMG-3、TBMJ-1~TBMJ-3、TBMY-1~TBMY-3和TBM-1~TBM-3。

1.2 样本处理

参照植物内生真菌高通量测序样本处理流程,首先清理植物表面的泥土和灰尘,无菌水清洗后,用灭菌的滤纸吸干植物表面剩余的水分;选择没有破损且完整的根、茎和叶片,切成2 cm见方的小块(段/片),小鳞茎直接表面清理。其次,依次使用75%乙醇浸泡10 s,2.5%次氯酸钠浸泡1 min,75%乙醇浸泡10 s,无菌水漂洗5次,灭菌滤纸吸干表面水分。最后,取200 μ L漂洗后的水均匀涂布于马铃薯葡萄糖琼脂培养基(potato dextrose agar, PDA)平板,25 $^{\circ}$ C下培养5 d。平板中无菌落生成,表明样本表面已经消毒完成,样本可以进行后续测序分析。

1.3 内生真菌DNA提取

使用E. Z. N. ATM Mag-Bind Soil DNA Kit试剂盒(货号:M5635-02)提取太白米内生真菌总基因组DNA,用Qubit[®] 4.0荧光定量仪计(型号:Q33238,

ThermoFisher) 和琼脂糖凝胶电泳仪(型号: DYY-6C,北京市六一仪器厂)测定DNA的浓度和完整性。

1.4 内生真菌测序

利用Qubit® 4.0 DNA检测试剂盒(ThermoFisher,货号:Q32854)对基因组DNA精确定量后,用真菌ITS1(b)区特异性引物[ITS1F(CTTGGT-CATTTAGAGGAAGTA)和ITS2(GCTGC-GTTCTTCATCGATGC)]扩增后,采用Hieff NGS™ DNA选择磁珠(Yeasen,货号:10105ES03)来纯化扩增产物中的游离引物和引物二聚体。采用琼脂糖凝胶电泳仪检测文库大小,使用Qubit® 4.0荧光定量仪进行文库浓度测定。利用Illumina MiSeq高通量测序平台对12个太白米内生真菌样本进行测序。

1.5 数据处理与分析

测序完成后,通过PEAR软件(0.9.8)根据重叠区域将两个短的Illumina读段进行组装和处理。随后,使用Usearch 11.0.667软件聚类,获得相似度97%的操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs),去除嵌合序列和单例OTUs(仅有一个读段)后,剩余序列根据OTUs分配到每个样本中。通过与UNITE真菌ITS数据库进行比对并做分类学鉴定,获得每个OTUs的分类学信息。香农(Shannon)指数、Chao1指数、辛普森(Simpson)指数、香农均匀度(Shannoneven)指数和覆盖率(Coverage)等 α 多样性指数均使用Mothur 3.8.31软件计算。稀疏性曲线和丰度排序曲线在R 3.6.0中绘制。为了估计样本中微生物群落的多样性,通过T检验计算样本内的 α 多样性,两组间比较采用T检验,多组间比较采用方差分析(ANOVA)检验。 β 多样性与主坐标分析(PCoA)、非度量多维尺度分析(NMDS)或约束主成分分析(PCA)等降维方法结合使用,以获

得可视化表示。这些分析使用R vegan2.5-6包进行可视化,最终样本间的距离以散点图形式呈现。差异比较使用STAMP(版本2.1.3)和LefSe 1.1.0来识别组间丰度显著不同的特征。使用SparCC 1.1.0计算群落OTU之间的相关系数和P值,并使用R corrplot 0.84包绘制相关矩阵热图。使用R ggraph 2.0.0包构建网络图。利用PICRUST v1.1.4软件对内生真菌进行功能预测分析。

2 结果与分析

2.1 太白米不同组织内生真菌的测序结果

太白米根、茎、叶和小鳞茎分别获得 $72\,469 \pm 3\,639$ 、 $69\,378 \pm 10\,778$ 、 $70\,449 \pm 3\,643$ 和 $83\,439 \pm 6\,879$ 条有效序列,不同部位之间获得的有效序列数相比均无显著性差异,见图1(b)。Shannon指数指征内生真菌群落的多样性,其稀疏曲线如图1(c)所示,随着测序数量的增加,稀疏曲线趋向平缓,表明测序数据可以代表样品中内生真菌种群的所有序列,测序结果能够反映太白米内生真菌的群落结构和多样性。

太白米根、茎、叶和小鳞茎测序获得的OTUs数目分别为 104.7 ± 6.11 、 83.3 ± 3.05 、 86.67 ± 17.62 和 150.0 ± 20.52 ;药用部位和其他组织获得的OTUs数目相比具有显著性差异($P < 0.05$),而根、茎和叶获得的OTUs数目之间无显著性差异($P > 0.05$),结果如图2(a)所示。不同组织OTUs数目之间的相关性及其重叠情况如图2(b)所示,其中,从不同组织测序获得的共有OTUs为79个,根、叶和小鳞茎的共有OTUs为94个,根、叶和茎的共有OTUs为80个,叶、茎和小鳞茎的共有OTUs为86个。

2.2 太白米不同组织内生真菌群落多样性分析

太白米不同组织内生真菌群落的 α 多样性采用Shannon指数、Chao1指数、Simpson指数、Shan-

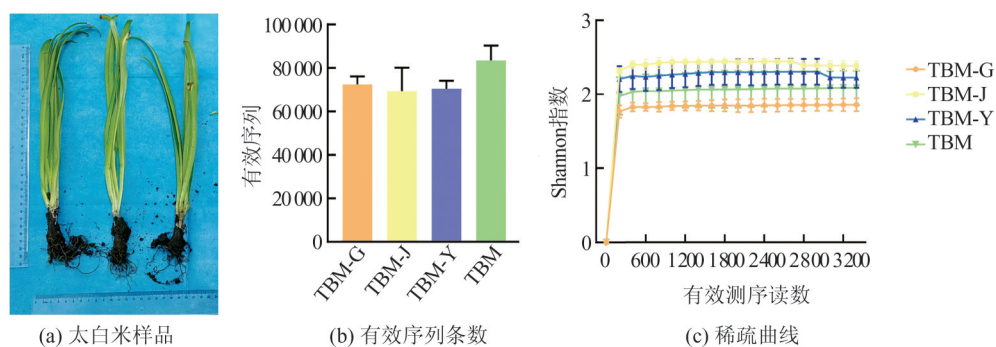


图1 太白米植物及其不同组织获得的有效序列条数及稀疏曲线

Figure 1 The number of effective sequences and sparse curves obtained from Taibaimi plants and their tissues

TBM-G:根;TBM-J:茎;TBM-Y:叶;TBM:太白米

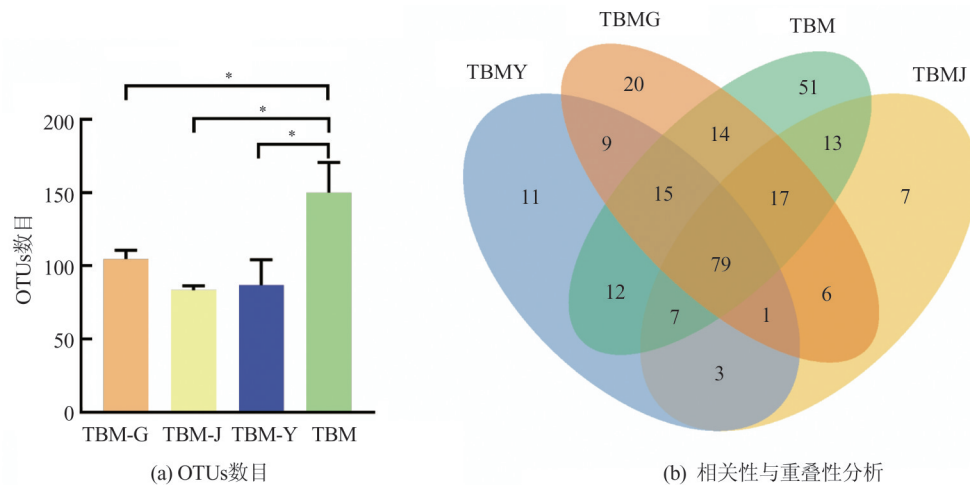


图2 太白米不同组织获得的OTUs数目及其相关性与重叠性分析

Figure 2 Analysis of number of OTUs obtained from different tissues of Taibaimi and their correlation and overlap

noneven 指数和覆盖率分析,结果如图3所示。其中,Shannon 和 Simpson 指数用以估算样品中内生真菌多样性。Shannon 指数的数值与群落多样性呈正相关,即该指数值越高,表明群落的多样性越丰富;相反,Simpson 指数的数值与群落多样性呈负相关,其值越大,则反映群落的多样性水平越低^[15]。太白米叶和茎组织 Shannon 指数显著高于太白米根组织 ($P < 0.05$),而与小鳞茎组织相比则无显著性差异 ($P > 0.05$);而太白米各组织间 Simpson 指数无显著性差异。这表明太白米叶和茎组织内生真菌群落多样性优于根和小鳞茎。

Chao1 和 Ace 指数用以评估样品中内生真菌的物种总数。太白米根、茎和叶组织的 Chao1 和 Ace 指数相比均无显著性差异 ($P > 0.05$);而小鳞茎组织的 Chao1 和 Ace 指数与茎、叶均存在显著性差异 ($P < 0.05$),见图3(c)和图3(d)。这表明小鳞茎的内生真菌丰富度高于其他部位,而根、茎和叶内生真菌的丰富度无显著性差异。

Shannoneven 指数用于表征内生真菌群落的均匀度。太白米茎和叶 Shannoneven 指数显著高于根 ($P < 0.05$);同时,Shannoneven 指数显著高于根小鳞茎 ($P < 0.05$),其余组织间相比无显著性差异 ($P > 0.05$),见图3(e)。这表明茎和叶的内生真菌群落均匀度优于根和小鳞茎组织。

Coverage 指数用以表征内生真菌群落的覆盖度。太白米不同组织 Coverage 指数均大于 0.99,见图3(f),表明测序结果能够代表样本的真实情况,样本中序列未被测出的概率很低。此外,根和小鳞茎组织的 Coverage 指数高于茎组织 ($P < 0.05$),而茎与叶组织相比无显著性差异 ($P > 0.05$),表明根和

小鳞茎组织的样本覆盖率优于茎和叶组织。

综合 α 多样性分析结果,太白米叶和茎组织内生真菌具有较高的群落多样性和均匀度,小鳞茎组织的内生真菌具有较高的丰富度和覆盖度。

β 多样性用以分析太白米不同组织物种组成的相似程度,基于主坐标分析(PCoA)结果如图3(g)所示。PCoA 的主成分1和主成分2解释了真菌群落差异的81.72%,差异主要来自主成分1。不同部位的内生真菌表现出明显的聚类,而茎和叶组织内生真菌群落多样性表现出明显的相似性,而根和小鳞茎的真菌群落的多样性具有显著性差异。

2.3 太白米不同组织内生真菌的群落结构

2.3.1 门水平群落结构分析

在门水平,太白米不同组织内生真菌群落主要归属于子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和未分类真菌门(unclassified fungi),见图4(a)。子囊菌门在根、茎、叶和小鳞茎组织中的相对丰度分别为95.90%、77.72%、84.34%和62.97%;担子菌门的相对丰度依次为1.17%、13.14%、9.17%和2.50%;未分类真菌门在小鳞茎组织中相对丰度较高(34.34%),而在其他组织中相对丰度则较低。由此可见,子囊菌门是太白米根、茎和叶组织中的优势真菌类群,而子囊菌门和未分类真菌门则是小鳞茎组织中的优势真菌类群。

2.3.2 纲水平群落结构分析

在纲水平,太白米根、茎和叶组织的优势菌纲表现出一定的相似性,粪壳菌纲(Sordariomycetes)为3个组织中共同丰度最高的菌纲,见图4(b)。其中,根组织内粪壳菌纲相对丰度为73.34%;茎组织内生真菌群落的优势菌纲为粪壳菌纲、散囊菌纲(Eu-

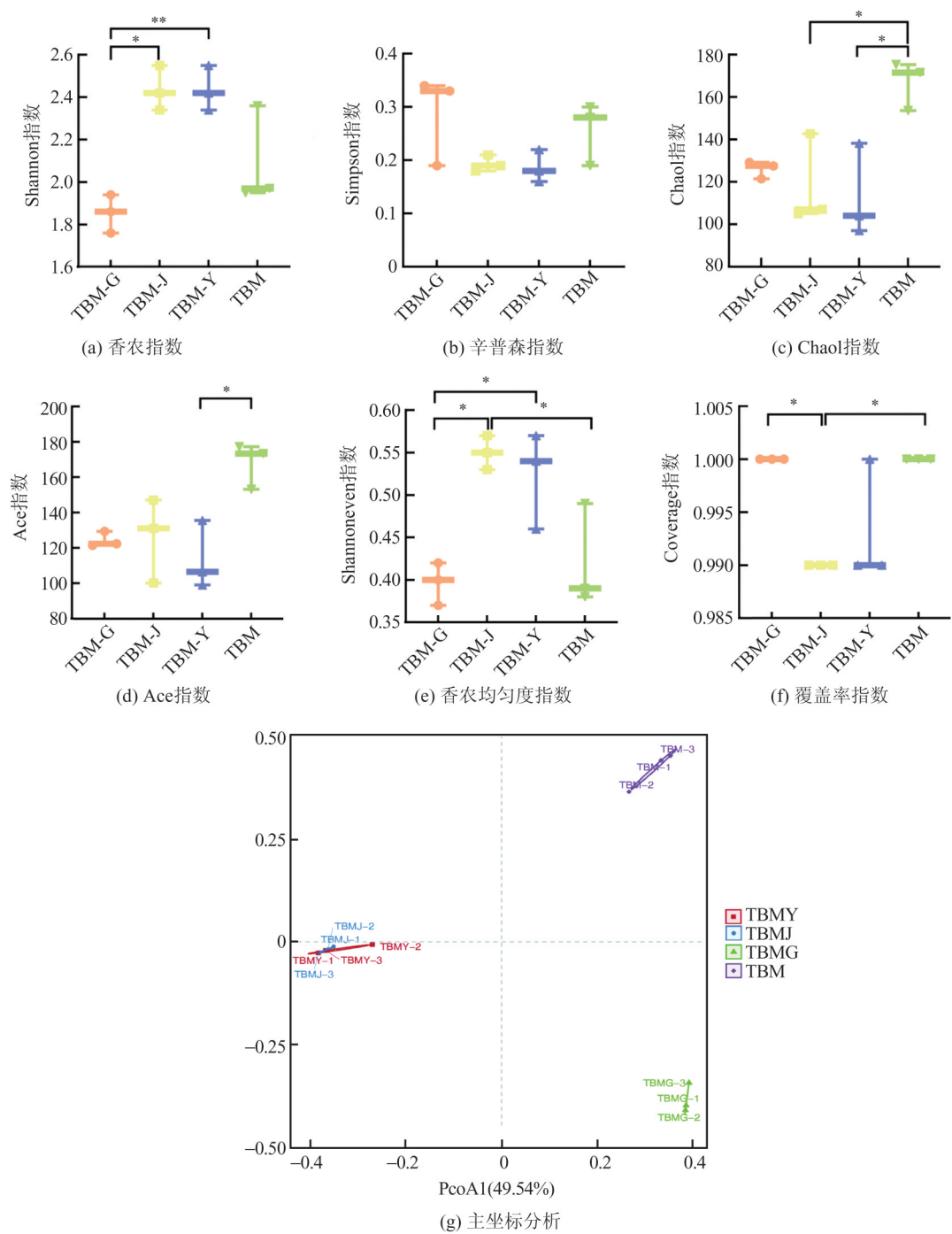


图3 太白山不同组织内生真菌群落多样性分析

Figure 3 Analysis of the diversity of endophytic fungal communities in different tissues of Taibaimi

rotiomycetes)和伞菌纲(Agaricomycetes)的相对丰度分别为47.61%、13.39%和12.57%;叶组织的优势菌纲为粪壳菌纲、座囊菌纲(Dothideomycetes)和散囊菌纲,相对丰度分别为36.25%、29.25%和10.11%。小鳞茎组织的优势菌纲则为散囊菌纲和未分类真菌纲(unclassified fungi class),相对丰度分别为45.99%和34.34%。

2.3.3 目水平群落结构分析

目水平上的优势真菌群与纲水平上的优势菌群

趋势一致。肉座菌目(Hypocreales)为根、茎和叶中丰度最高的真菌类群,相对丰度分别为57.97%、45.95%和34.05%;此外,格孢腔菌目(Pleosporales)在叶中相对丰度为28.54%;散囊菌目(Eurotiales)和鬼笔目(Phallales)在茎中的相对丰度分别为12.80%和12.13%,柔膜菌目(Helotiales)在根中的相对丰度为11.20%。小鳞茎组织的优势菌类群为散囊菌目和未分类真菌目(unclassified fungi order)的相对丰度分别为45.91%和34.34%,见图4(c)。

2.3.4 科水平群落结构分析

在科水平,叶和茎相对丰度最高的均为虫草科(Cordycipitaceae),相对丰度分别为30.16%和40.81%。此外,叶组织中亚隔孢壳科(Didymellaceae)相对丰度为26.77%,茎组织中曲霉科(Aspergillaceae)和鬼笔科(Phallaceae)相对丰度分别为12.78%和12.22%,为叶和茎中丰度较高的类群,见图4(d)。根组织中科水平的优势类群为丛赤壳科(Nectriaceae)和柔膜菌目地位未定科(Helotiales-fam incertae sedis),相对丰度分别为50.08%和10.41%。小鳞茎中科水平的优势类群为曲霉科和未分类真菌科(unclassified fungi family),相对丰度分别为45.86%和34.34%。

2.3.5 属水平群落结构分析

在属水平,叶和茎中相对丰度最高的均为白僵菌属(*Beauveria*),相对丰度分别为30.16%和40.81%。此外,叶中小双腔菌属(*Didymella*)相对丰度为26.77%,而茎中鬼笔属(*Phallus*)相对丰度为12.22%。根和茎组织中属水平群落结构不同于

叶和茎,根中丝枝霉属(*Aphanocladium*)相对丰度为46.44%,为其优势菌属,而小鳞茎组织的优势菌属结果与科水平结果类似,曲霉属(*Aspergillus*)和未定义的菌属为其优势菌属,相对丰度分别为39.68%和34.34%,见图5(a)。

为了进一步比较太白米不同组织内生真菌的组成差异和物种丰度分布,构建了属水平群落结构热图,见图5(b)。根部和小鳞茎中内生真菌分别单独聚为一个分支,而茎部和叶部的内生真菌聚为一个分支,说明茎部和叶部的内生真菌组成相似,与根部和小鳞茎组织的内生真菌组成有较大差异。

2.4 太白米不同组织内生真菌的差异类群

基于LEfSe分析了太白米组织样品的真菌群落中具有统计学差异的物种,并识别根、茎、叶和小鳞茎的生物标记物(图6)。在太白米组织中共获得5个纲、7个目、10个科、15个属的真菌指示类群。显著性检验结果表明,太白米根、茎、叶和小鳞茎内生真菌在某些菌群上存在显著差异。太白米小鳞茎组织内生真菌的指示类群最多,有2个纲、2个目、3个

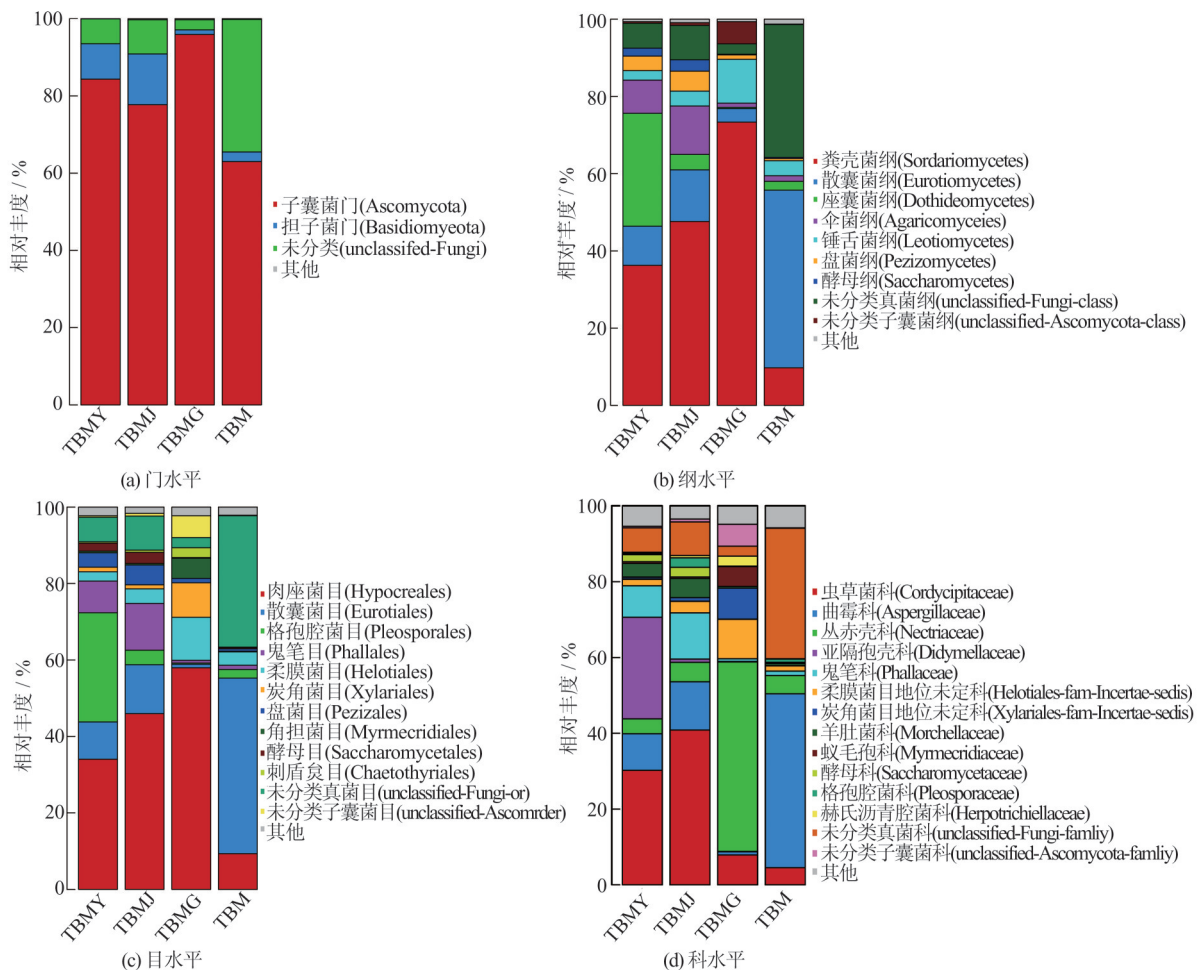


图4 太白米不同组织内生真菌的群落结构

Figure 4 Community structure of endophytic fungi in different tissues of Taibaimi

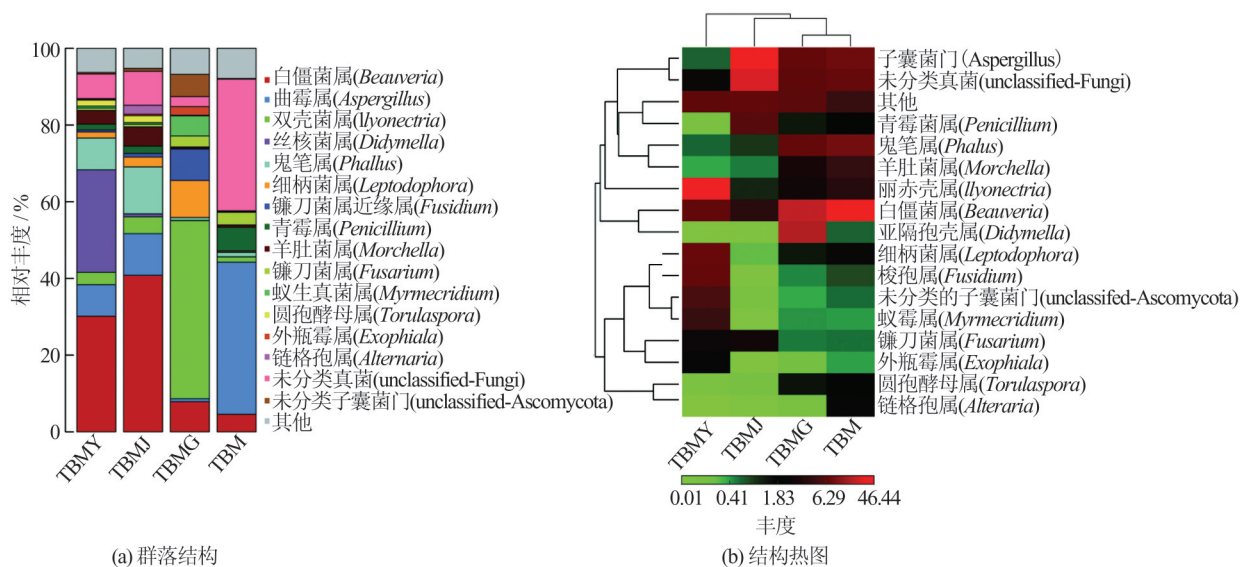


图5 太白米不同组织中内生真菌的属水平群落分析

Figure 5 Genus-level community structure of endophytic fungi in different tissues of Taibaimi

科、6个属,分别为散囊菌纲、未分类菌纲、散囊菌目、未分类菌目、曲霉科、晶杯菌科(Hyaloscyphaceae)、未分类菌科、青霉菌属(*Penicillium*)、曲霉属、高山菌属(*Alpinaria*)、沙包菌属(*Chalara*)、粒毛盘菌属(*Lachnum*)、未分类菌属。太白米茎部内生真菌的指示类群次之,有2个纲、2个目、4个科、3个属,分别为萨克拉罗米菌纲(Saccharomycetes)、伞菌纲、酵母目(Saccharomycetales)、鬼笔目、酵母科(Saccharomycetaceae)、羊肚菌科(Morchellaceae)、虫草科、鬼笔科、羊肚菌属(*Morchella*)、白僵菌属、鬼笔属(*Phallus*);根部共检测到1个纲、2个目、2个科、4个属,分别为粪壳菌纲、刺盾负目(Chaetothyriales)、肉座菌目(Hypocreales)、毛壳菌科(Herpotrichiaceae)、柔膜菌目(Helotiales fam Incertae sedis)、外瓶霉属(*Exophiala*)、细柄菌属(*Leptodophora*)、丝枝霉属(*Aphanocladium*)、沃鲁菌属(*Volutella*)。叶组织内生真菌的指示类群最少,有1个科、2个属,分别为亚隔孢壳科(Didymellaceae)、亚隔孢壳属(*Didymella*)和孢圆酵母属(*Torulaspora*)。

3 结论与讨论

内生真菌几乎存在于所有植物物种中,在植物微生态中发挥关键作用:增强植物抗逆性、促进植物生长、提高植物功效成分含量等。内生真菌已被证实是药用植物功效成分的替代来源^[5],在植物组织培养、生物防治等领域的作用也得到关注,也被认为是濒危中药材的潜在替代品之一^[16-17]。阐明药用植物内生真菌群落多样性和结构信息,能够为充分利用和发掘功能菌群提供理论指导,是充分挖掘和利

用植物内生真菌资源的前提^[18]。植物内生真菌的分离鉴定通常采用组织块分离法,该方法可获得可培养的内生真菌,从而进行进一步的次生代谢产物的成分与活性研究;但由于部分内生真菌生长缓慢,需要培养很长时间才能获得菌落,因此很有必要掌握内生真菌生长的最佳条件,以提高分离培养的成功率^[19]。获得可培养的内生真菌有助于进一步的次生代谢产物成分与活性等研究。然而,该方法并不能反映植物内生真菌的真实状况^[20-21]。相比于组织块分离方法,高通量测序能够全面地反映和分析不同组织内生真菌的多样性和群落结构,多被用于首次系统全面地探索植物内生真菌多样性^[18]。

太白米于20世纪80年代已被列为珍稀濒危保护植物。长期以来,多位学者致力于太白米的成分^[22]、功效^[23]与作用机制^[1]的研究,并尝试通过组织培养和人工移植的方法解决其资源紧缺问题^[24]。然而,太白米内生真菌多样性尚未见相关报告,发掘促进太白米生长和发育、产生太白米功效成分或具有多种活性的太白米内生真菌尚未引起研究者关注。本研究首次通过Illumina高通量测序对太白米根、茎、叶和小鳞茎(药用部位)的群落多样性和结构进行了较为详细的研究。通过多样性分析和群落组成分析,发现太白米不同组织的内生真菌具有丰富的种群多样性。

本研究利用高通量测序技术对太白米根、茎、叶及小鳞茎的内生真菌群落进行分析,共获得1 275个OTUs。研究发现,各组织部位的真菌群落结构存在明显差异。在门水平,子囊菌门为所有组织的共同优势菌门,该结果与已有研究一致^[25],其广泛分布

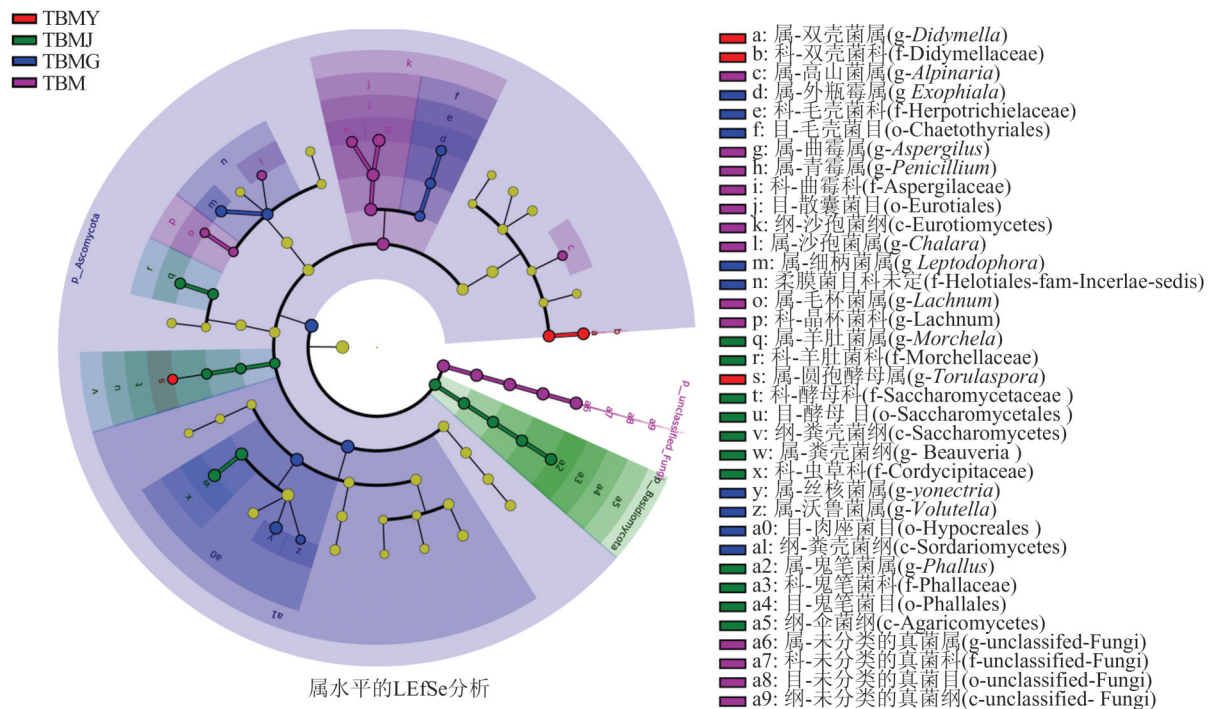


图6 基于LEfSe的太白米组织内生真菌群落差异分析

Figure 6 Analysis of endophytic fungal community differences of Taibaimi tissues based on LEfSe

可能与子囊菌数量多、易于传播,尤其是通过无性形态的风扩散。这与它们能够在更广泛的基底真菌定植的能力以及它们对极端环境的耐受性息息相关^[26]。在纲和目水平,根、茎和叶中共同优势类群为粪壳菌纲和肉座菌目,而小鳞茎中则以散囊菌纲和散囊菌目为主。在科水平,叶与茎中虫草科相对丰度最高,根中为丛赤壳科,小鳞茎中则为曲霉科。除虫草科外,其余纲、目和科均为植物内生真菌中常见优势类群^[27],而虫草科亦在另一种太白山草药中被分离鉴定^[28]。在属水平,叶中优势菌属为白僵菌属和细柄菌属(*Leptodophora*),茎中为白僵菌属和鬼笔属,根中为丝核菌属,小鳞茎中则为曲霉属。LEfSe分析进一步表明,在属水平上各组织均具有多个特异性指示类群。上述多数菌属如白僵菌属、丝核菌属和曲霉属等,已在杜仲^[29]、延胡索^[30]、苦楝^[31]等多种植物中被报道,属于常见植物内生真菌。综上所述,本研究首次系统揭示了太白米内生真菌的多样性与组织特异性,为其后续真菌资源开发与利用提供了理论依据。

本研究中,太白米茎和叶内生真菌多样性相比其他组织高,但小鳞茎内生真菌的丰富度高于其他部位。此外,叶和茎组织内生真菌群落组成和结构相似度较高,与根、小鳞茎组织内生真菌具有明显的差异性。本研究利用LEfSe分析太白米不同组织内生真菌显著差异的指示类群,发现不同组织的显著

指示类群存在显著差异,可能是因为内生真菌对不同组织表现出不同的偏好性。

尽管本研究采用高通量测序阐释了太白米植物不同组织内生真菌的多样性,但仍存在一些需要改进的方面。首先,本研究未能对关键功能菌株进行分离培养和功能验证。其次,本研究仅针对单一生长季节的太白米进行分析,未能反映内生真菌群落的变化特征。此外,环境因素的影响未纳入分析范畴。未来研究应着重从以下几个方面深入:一方面需要结合传统分离培养方法和高通量测序技术,重点挖掘具有促进宿主生长或药用成分合成潜力的功能菌株;另一方面应开展多季节、多地域的采样分析,全面解析环境因子与宿主特性对菌群组成的贡献。此外,整合宏基因组学和代谢组学等方法,阐明内生真菌与宿主互作的分子机制。

参考文献

- [1] 乔子尧, 支文冰, 张红, 等. 太白米主治病症药效物质基础及作用机制的研究[J]. 华西药学杂志, 2025, 40(1): 27-34.
- [2] Qiao Z Y, Zhi W B, Zhang H, et al. Study on pharmacodynamic material basis and mechanism of *Notholirion bulbiferum* for main indications [J]. West China Journal of Pharmaceutical Sciences, 2025, 40(1): 27-34.
- [3] 任瀛, 赵丽, 胡本祥. 太白米中对-香豆酸的薄层鉴别及含量测定[J]. 陕西中医学院学报, 2014, 37(3):

- 89-92.
- Ren Y, Zhao L, Hu B X. TLC identification and content determination of P-coumaric acid Taibai rice [J]. Journal of Shaanxi College of Traditional Chinese Medicine, 2014, 37(3): 89-92.
- [3] 胡本祥, 张琳, 太白米的研究进展[J]. 中草药, 2006(2): 312-314.
- Hu B X, Zhang L. Research progress on Taibaimi [J]. Chinese Herbal Medicines, 2006(2): 312-314.
- [4] Devi R, Verma R, Dhalalaria R, et al. A systematic review on endophytic fungi and its role in the commercial applications[J]. Planta, 2023, 257(4): 70.
- [5] 肖飞, 刘秀兰, 李亚洲, 等. 濒危中药替代品的现状及替代途径[J]. 医药导报, 2014, 33(7): 973-975.
- Xiao F, Liu X L, Li Y Z, et al. Present situation and alternative ways of endangered traditional Chinese medicine substitutes [J]. Herald of Medicine, 2014, 33(7): 973-975.
- [6] 董晓慧, 师尚礼, 尹国丽, 等. 玉米器官组织内生细菌和真菌群落多样性[J]. 草业学报, 2025, 34(5): 130-145.
- Dong X H, Shi S L, Yin G L, et al. Diversity of endophytic bacterial and fungal communities in different maize organs [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(5): 130-145.
- [7] 崔晋龙, 郭顺星, 肖培根. 内生菌与植物的互作关系及对药用植物的影响[J]. 药学学报, 2017, 52(2): 214-221.
- Cui J L, Guo S X, Xiao P G. Interaction between endophytes and host plant and the role of endophytes in genuineness analysis of medicinal plant [J]. Acta Pharmaceutica Sinica, 2017, 52(2): 214-221.
- [8] 赵倩, 李媛, 鲍根生. 紫花针茅内生真菌共生体对根寄生植物甘肃马先蒿根系形态的影响[J/OL]. 草业科学, 1-16. [2025-11-25]. <https://link.cnki.net/urlid/62.1069.s.20250517.1230.002>.
- Zhao Q, Li Y, Bao G S. Effects of endophytic fungal symbiont in *Stipa purpurea* on the root morphology of the root parasitic plant *Pedicularis kansuensis* [J/OL]. Pratacultural Science: 1-16. [2025-11-25]. <https://link.cnki.net/urlid/62.1069.s.20250517.1230.002>.
- [9] 秦楠, 曹瑞鹏, 高婧涵, 等. 藜麦种子可培养内生真菌鉴定及分析[J]. 草业学报, 2025, 34(11): 98-113.
- Qin N, Cao R P, Gao J H, et al. Identification and analysis of culturable endophytic fungi from quinoa seeds [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(11): 98-113.
- [10] Wen J, Okyere S K, Wang S, et al. Endophytic fungi: an effective alternative source of plant-derived bioactive compounds for pharmacological studies [J]. Journal of Fungi, 2022, 8(2): 205.
- [11] 李标, 李清, 唐坤, 等. 内生真菌在中药现代化中的作用[J]. 中国中药杂志, 2016, 41(1): 14-19.
- Li B, Li Q, Tang K, et al. Effect of endophytic fungi on modernization of traditional Chinese medicine [J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2016, 41(1): 14-19.
- [12] Ramsay M M, Stewart J. Re-establishment of the lady's slipper orchid (*Cypripedium calceolus* L.) in Britain [J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 1998, 126(1/2): 173-181.
- [13] 徐锦堂, 冉砚珠. 紫萁小菇等天麻种子萌发菌分离方法的研究[J]. 中国药理学杂志, 1990, 25(3): 139-142, 188.
- Xu J T, Ran Y Z. The isolation method of *Mycena osmundicola* in *Gastrodia elata* seeds [J]. Chinese Pharmaceutical Journal, 1990, 25(3): 139-142, 188.
- [14] 吴慧凤, 宋希强, 胡美姣. 铁皮石斛促生内生真菌的筛选与鉴定[J]. 西南林业大学学报, 2011, 31(5): 47-52.
- Wu H F, Song X Q, Hu M J. Screening and identification of endophytic and probiotic fungi of *Dendrobium catenatum* [J]. Journal of Southwest Forestry University, 2011, 31(5): 47-52.
- [15] 欧阳建萍, 石帆顺, 陈双, 等. 野生油茶根系内生真菌群落组成与分布[J]. 生物资源, 2024, 46(5): 428-436.
- Ouyang J P, Shi F S, Chen S, et al. Composition and distribution of endophytic fungal communities of wild *Camellia oleifera* roots[J]. Biotic Resources, 2024, 46(5): 428-436.
- [16] Ouyang Y, Cheng Q Q, Cheng C S, et al. Effects of plants-associated microbiota on cultivation and quality of Chinese herbal medicines [J]. Chinese Herbal Medicines, 2024, 16(2): 190-203.
- [17] Wang Y M, Zhang Y J, Cong H, et al. Cultivable endophyte resources in medicinal plants and effects on hosts [J]. Life, 2023, 13(8): 1695.
- [18] 陈美琪, 王兴, 黎俊彦, 等. 基于高通量测序和组织分离法的虎耳草内生真菌多样性分析及其抗氧化活性研究[J]. 中草药, 2023, 54(6): 1924-1934.
- Chen M Q, Wang X, Li J Y, et al. Study of endophytic fungi diversity of *Saxifraga stolonifera* based on high-throughput sequencing method and tissue isolation method and their antioxidant activities [J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 2023, 54(6): 1924-1934.
- [19] 陈泰祥, 李春杰, 李秀璋. 一株野大麦内生真菌的生物学与生理学特性[J]. 草业科学, 2016, 33(9): 1658-1664.

- Chen T X, Li C J, Li X Z. Biological and physiological characteristics of *Epichloe bromicola* endophyte symbiotic with *Hordeum brevisubulatum* [J]. Pratacultural Science, 2016, 33(9): 1658-1664.
- [20] Almeida Dos Reis J B, Lorenzi A S, Pinho D B, et al. The hidden treasures in endophytic fungi: a comprehensive review on the diversity of fungal bioactive metabolites, usual analytical methodologies, and applications [J]. Archives of Microbiology, 2024, 206(4): 185.
- [21] 王景仪, 李梦秋, 李艳茹, 等. 药用植物内生真菌的多样性及生物功能研究进展[J]. 生物资源, 2020, 42(2): 164-172.
- Wang J Y, Li M Q, Li Y R, et al. Research progress on diversity and biological function of endophytic fungi in medicinal plants [J]. Biotic Resources, 2020, 42(2): 164-172.
- [22] 胡本祥, 彭亮, 谢丽, 等. 太白米化学成分的研究[J]. 现代中医药, 2012, 32(1): 64-67.
- Hu B X, Peng L, Xie L, et al. Research on chemical composition of Taibaimi (*Notholirion bulbiferum*) [J]. Modern Traditional Chinese Medicine, 2012, 32(1): 64-67.
- [23] 李朋朋, 王光玲, 吕腾, 等. 太白米抗炎镇痛活性部位筛选[J]. 陕西中医, 2014, 35(1): 85-87.
- Li P P, Wang G L, Lü T, et al. Screening of anti-inflammatory and analgesic active fractions from Taibai rice [J]. Shaanxi Journal of Traditional Chinese Medicine, 2014, 35(1): 85-87.
- [24] 胡本祥, 徐小平, 王喆之, 等. 太白米人工栽培的技术研究[Z]. 咸阳: 陕西中医学院, 2011.
- Hu B X, Xu X P, Wang Z Z, et al. Study on artificial cultivation techniques of Taibai rice [Z]. Xianyang: Shaanxi University of Chinese Medicine, 2011.
- [25] Eo J K, Choi J W, Eom A H. Diversity, distribution, and host plant of endophytic fungi: a focus on Korea [J]. Mycobiology, 2022, 50(6): 399-407.
- [26] Rungjindamai N, Gareth Jones E B. Why are there so few basidiomycota and basal fungi as endophytes? a review [J]. Journal of Fungi, 2024, 10(1): 67.
- [27] 郑坤, 程庭峰, 林鹏程, 等. 植物内生真菌及其生物活性研究进展[J]. 青海科技, 2024, 31(4): 98-109.
- Zheng K, Cheng T F, Lin P C, et al. Research progress of endophytic fungi and their biological activities in plants [J]. Qinghai Science and Technology, 2024, 31(4): 98-109.
- [28] 宁祎, 李艳玲, 李媛, 等. 桃儿七茎叶组织内生真菌多样性[J]. 生态学报, 2017, 37(15): 5157-5166.
- Ning Y, Li Y L, Li Y, et al. Diversity of endophytic fungi from the stem and leaf of *Sinopodophyllum hexandrum* (Royle) Ying [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(15): 5157-5166.
- [29] 王丽丽, 白方文, 张西玉, 等. 杜仲内生真菌的分离鉴定及其抑菌活性研究[J]. 四川师范大学学报(自然科学版), 2009, 32(4): 508-512.
- Wang L L, Bai F W, Zhang X Y, et al. Isolation, identification and antibacterial activity of endophytic fungi from *Eucommia ulmoides* Oliv [J]. Journal of Sichuan Normal University (Natural Science), 2009, 32(4): 508-512.
- [30] 吴婷, 王梦迪, 黄情儿, 等. 延胡索不同组织器官中内生真菌菌群结构与多样性分析[J]. 中草药, 2023, 54(16): 5372-5378.
- Wu T, Wang M D, Huang Q E, et al. Fungal community and diversity of endophytic fungi in different tissues of *Corydalis yanhusuo* [J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 2023, 54(16): 5372-5378.
- [31] 朱虹, 单淑芳, 李增智, 等. 苦楝内生真菌及其代谢产物的杀虫活性[J]. 中国生物防治, 2010, 26(1): 47-52.
- Zhu H, Shan S F, Li Z Z, et al. Insecticidal activity of endophytic fungi from *Melia azedarach* L [J]. Chinese Journal of Biological Control, 2010, 26(1): 47-52.