

组学技术在党参质量评价及药理作用机制研究中的应用

姚昱吏,南丹慧,康荣峰,杨扶德*

甘肃中医药大学,兰州 730000

摘要:党参具有健脾益肺、养血生津的功效,也是重要的药食同源植物,具有抗肿瘤、抗氧化、抗疲劳、抗炎、保肝、保胃等多种药理作用。近年来,随着党参用量的日益增加,其质量问题也愈加严重,严重影响其临床疗效与安全用药,而组学技术的提出为党参研究提供了新的思路。鉴于此,本文对组学技术在中药党参质量评价及药理作用机制研究中的应用进行概括和综述,为今后进一步开发利用党参资源、对党参进行深入研究提出新的见解。

关键词:组学技术;党参;质量评价;药理作用;机制

中图分类号:R932

文献标志码:A

文章编号:1001-6880(2026)8-1849-08

DOI:10.16333/j.1001-6880.2026.8.022

CSTR:32307.14.1001-6880.2026.8.022

Application of omics technology in quality evaluation and pharmacological mechanism research of *Codonopsis Radix*

YAO Yu-li, NAN Dan-hui, KANG Rong-feng, YANG Fu-de*

Gansu University of Chinese Medicine, Lanzhou 730000, China

Abstract: *Codonopsis Radix* has the effects of invigorating the spleen and lung, nourishing blood and promoting the production of body fluid. It is also an important plant that can be used both as food and medicine and has a variety of pharmacological effects such as anti-tumor, anti-oxidation, anti-fatigue, anti-inflammation, liver protection and stomach protection. In recent years, with the increasing use of *Codonopsis Radix*, its quality problems have become more and more serious, which seriously affects its clinical efficacy and safe medication. The emergence of omics technology provides a new idea for the research of *Codonopsis Radix*. In view of this, this paper summarizes and reviews the application of omics technology in the quality evaluation and pharmacological mechanism research of *Codonopsis Radix*, and puts forward new insights for the further development and utilization of *Codonopsis Radix* resources and in-depth research on *Codonopsis Radix* in the future.

Key words: omics technology; *Codonopsis Radix*; quality evaluation; pharmacological action; mechanism

党参又名黄参、上党参、狮头参,来源于桔梗科植物党参 *Codonopsis pilosula* (Franch.) Nannf.、素花党参 *Codonopsis pilosula* Nannf. var. *modesta* (Nannf.) L. T. Shen 或川党参 *Codonopsis tangshen* Oliv. 的干燥根^[1]。党参性平,味甘,能健脾益肺、养血生津,常用于治疗脾肺虚弱、心悸气短、食少便溏、虚喘咳嗽、津伤口渴、内热消渴等病症,临床应用广泛^[1]。党参又有保健功效,为药食同源类中药,2023年国家卫生健康委员会已将党参纳入按照传统既是食品又是中药材的物质,进一步体现了其在传统医

学和现代保健中的双重价值。

随着党参用量的日益增加,其质量问题也愈加严重,产地不同、栽培方式不同都使其质量有所差异^[2,3]。而中药具有多成分、多靶点的特性,这使其质量评价面临诸多困难。传统中药质量评价方法主要基于药材的外观、气味、口感等直观特征,现代分析技术多采用单一指标或标志性成分的定性、定量来进行质量评价^[4,5],但有效成分的含量测定不能准确反映其临床功效。此外,双波长融合指纹、电化学指纹、差视扫描电热法指纹^[6]、中药质量标志物^[7]等新方法的提出也为中药质量评价提供了新思路。

组学技术是一类综合性的生物系统研究方法,通过整合多种高通量分析技术,全面解析生物体内不同层次分子组成及其相互作用关系,而这恰好与

收稿日期:2025-04-14

接受日期:2025-09-30

基金项目:中药材及饮片质量控制重点实验室(2024CSMPA-KL);
2021年度甘肃高等学校产业支撑计划(2021CZC-40);甘肃省重点研发计划(23YFFA0069)

*通信作者 Tel:86-931-5161159;E-mail:gszyfyd@163.com

中药多成分、多靶点的作用特点相符^[8]。本文旨在对组学技术在党参品质评价和药效机理研究中的应用进行综述,进一步开发利用党参资源、对党参进行深入研究提供参考。

1 组学技术在党参质量控制中的应用

中药的质量受品种、产地、采收和加工等因素的

影响,又与其临床疗效密切相关,而中药的质量问题直接关系到它的临床疗效。多组学技术可以从多个层面对中药的复杂成分进行解析,为传统中药材的品质评价体系构建了科学化的技术保障。其分析流程如图1所示。

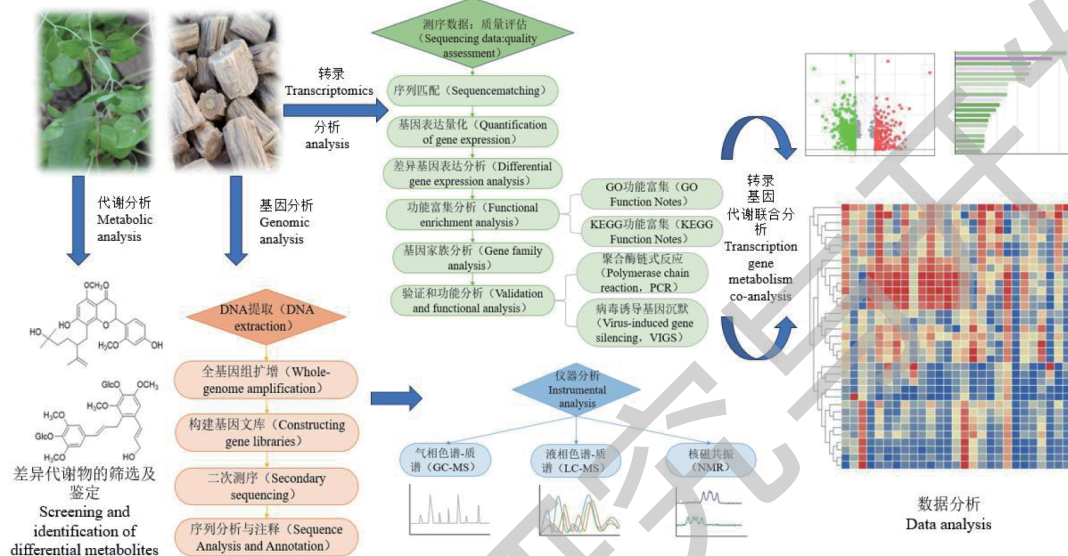


图1 党参品质研究的组学分析流程图

Fig. 1 Omics technology analysis process for *Codonopsis Radix* quality research

1.1 组学技术

1.1.1 基因组学

基因是生物体遗传信息的载体,它决定了中药植物的生长发育,直接关系到中药的质量问题。基因组学技术,如单核苷酸多态性分析、简单序列重复标记等,都可用于党参遗传多样性的研究,从而评估不同品种或产地的党参之间的遗传差异^[9,10]。Liu^[11]采用SSR分子标记技术对甘肃栽培党参进行遗传多样性分析,从DNA水平上验证了甘肃栽培党参在物种水平上具有的丰富的遗传多样性,并具有较强的环境适应能力。Zhang^[12]对甘肃主要栽培区的党参进行随机扩增多态性DNA分析,研究发现,在栽培党参中,仅文县栽培的党参为素花党参 *C. pilosula* var. *modesta*,属正品纹党,其余各地栽培的党参均来源于党参 *C. pilosula*。通过基因组学技术,揭示了党参的遗传特征和基因表达变化,帮助判定其品种和品质,从而建立党参的品种鉴定体系,确保党参的种源纯正和品种一致性。

1.1.2 转录组学

转录组学技术,如RNA测序,可用于分析党参

在不同生长阶段、不同处理条件下基因表达的差异,评估党参的生长状态和药效成分合成情况,从而对其进行基因筛选^[13,14]。Wang^[15]在党参转录组数据库的基础上,以马铃薯甘油醛-3-磷酸脱氢酶(glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, *GAPDH*)基因为对照,同源克隆得到与党参多糖积累具相关性的党参 *GAPDH* 基因,并通过分析验证了该基因的稳定性,为党参多糖合成相关基因的表达分析奠定了基础。He^[16]对甘肃党参和重庆党参进行了核糖体DNA内转录间隔区序列(internal transcribed spacer, ITS)的分子分析,进一步表述了党参品种的遗传多样性,且ITS序列为党参的鉴定提供了有效的方法。运用转录组学分析,可以鉴定与党参药效成分合成相关的关键基因,为进一步提高党参质量提供基础。He^[17]应用转录组测序技术揭示了党参对连作障碍的分子响应机制,发现与转录因子、光合作用代谢途径和植物激素信号传导途径相关的基因显著改变。

1.1.3 蛋白质组学

蛋白质的含量和种类对中药的药效和品质具有重要影响,不同中药品种或同一品种不同药用部位

中蛋白质的含量和种类可能存在差异,通过控制蛋白质的含量和种类,可以实现对中药品质的优化。蛋白质组学技术,包括蛋白质分离、质谱分析和蛋白质芯片等方法,能够系统地分析党参中蛋白质的表达差异并阐明其作用机制,评估党参的质量差异和药效成分的活性^[18]。Jiang^[19]利用串联质谱标记基础的蛋白质组学测序技术揭示了党参对连作障碍的分子相应,研究发现的差异表达蛋白在光合作用、氧化磷酸化、核糖体活性和次级代谢途径中起关键作用,这些响应蛋白对党参连作响应至关重要。

1.2 组学技术在党参生长代谢方面的应用

代谢组学能对生物体或细胞内小分子代谢物进行定性和定量分析,并通过分析小分子代谢物与生理、病理改变之间的相关性,实现对体内或组织内小分子代谢物的动态监测,如 NMR、LC-MS 等,可用于党参中代谢物的分析,从而评估党参的质量差异和药效成分的合成情况。党参的代谢产物种类繁多,通过核磁共振、凝胶电泳、毛细管电泳等技术的联合使用,大量党参合成的代谢产物被验证和证实,包括氨基酸和肽^[20]、黄酮和有机酸^[21]、多糖^[22]、生物碱^[23]等。此外,党参还具有许多次生代谢产物。据研究发现,不同产地党参之间的次生代谢产物有显著差异。Li^[23]对山西和甘肃两地的党参进行差异代谢物筛选,发现 98 种次生代谢物在两个产地间存在显著差异,其中 33 种在山西长治党参中相对含量较高,65 种在甘肃定西党参中相对含量较高。KEGG 通路富集分析显示,两地党参的次生代谢物中酚酸类和黄酮类代谢水平存在显著差异,可能与产地环境和种植方式有关。Niu^[24]采用同样的方法对山西潞党和甘肃白条党进行分析,通过 KEGG 富集分析发现,苯丙素生物合成途径及相关中间代谢产物可作为区分潞党参和不同产地党参的特征。Yuan 等^[25]通过代谢组学技术,探讨了党参的挥发性代谢物,在不同组织间比较时,发现了大量的差异积累代谢物。Li 等^[26]通过 GC-MS 分析了连作党参土壤中的代谢物,鉴定出 101 种代谢物,发现连续种植导致脂类化合物、有机酸、酚类和碳水化合物的含量发生显著变化。

上述研究进一步揭示了党参中药效成分的代谢途径和调控机制,为研究党参品质提供了参考,并为不同产地党参的品质评价提供了理论依据,但党参的次级代谢产物代谢调控变化多样,易受环境因素影响^[27-30],因此,还需深入探究光照强度、温度、水

分、养分等环境因子对党参生长发育和代谢产物合成的作用机制。

1.3 组学技术在党参炮制加工方面的应用

有效成分作为中药防治疾病的物质基础,大多是通过复杂的代谢途径生成的。与生品相比,炮制后的中药有效成分含量会发生显著变化,这一过程是通过影响中药体内的代谢途径以达到目的。代谢组学可通过检测外源刺激引起的机体内分泌和代谢网络变化,从而推断中药炮制对机体的影响,进一步推动中药炮制机制的研究^[31]。Wang^[32]使用超高效液相色谱-四级杆飞行时间质谱(UPLC-QTOF MS)技术结合化学计量学分析,对党参的次级和初级代谢物进行分析,筛选出了 36 种差异性次级代谢物和 11 种差异性初级代谢物,并发现党参中次级代谢物和糖组在原生和炮制品之间有显著变化。Xu^[33]采用代谢组学和糖组学结合的方法探究了硫磺熏蒸和加热脱硫处理对党参质量的影响,发现两种加工方式都显著影响党参的内在质量,包括非糖类小分子代谢物和糖组的变化。Hao^[34]基于代谢组学技术,探究了党参片、米炒党参和蜜炙党参对脾虚大鼠的作用,结果显示蜜炙党参在缓解大鼠脾虚症状方面效果最为显著,其机制可能与糖代谢、氨基酸代谢、脂质代谢及核苷酸代谢的调节有关。为党参及其炮制品的临床应用奠定了基础。

2 组学技术在党参药理作用机制中的应用

党参含有多种化学成分,其药效发挥往往是多种成分协同作用的结果。而对于党参中的具体成分,以及这些成分如何相互作用,仍然缺乏深入的认识。组学技术从整体的角度出发去研究细胞结构、基因、蛋白及其分子间相互作用,为中药药理作用机制的研究提供了新的手段。组学技术在党参药理作用机制方面的应用见表 1。其分析流程如图 2。

2.1 抗肿瘤

研究发现,党参提取物中具有多种抗癌化合物。Luan^[35]利用代谢组学和 LC-MS 技术分析了肠癌模型组与党参处理组的肠道小分子代谢物,发现党参提取物可显著诱导肠癌细胞凋亡。肿瘤微环境中的免疫细胞主要是肿瘤相关巨噬细胞(tumor-associated macrophage, TAM),它们在协调肿瘤相关炎症中起着重要作用,TAM 分为促炎的 M1 型和抗炎的 M2 型,分别具有抑制肿瘤和促进肿瘤的功能^[36]。党参提取物中衍生的糖肽可以通过调节脂质代谢,来调控 M2 样 TAM 向 M1 表型的转化^[36]。He^[37,38]运用

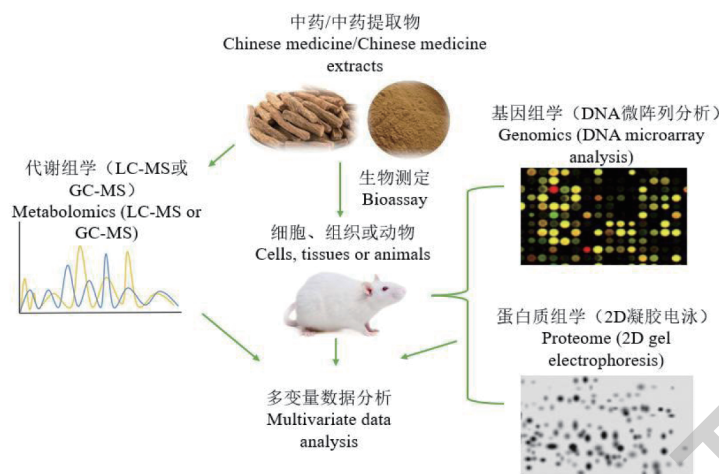


图2 党参药理作用机制研究的组学技术分析流程

Fig. 2 Omics technology analysis process for *Codonopsis Radix* pharmacological mechanism research

蛋白质组学和代谢组学发现,党参通过抑制 ErbB 信号通路来抑制胃癌细胞的增殖和转移,并减轻炎症。Liu 等^[39]结合转录组学和网络药理学发现,党参可能通过上调血红素氧合酶 1(heme oxygenase 1, HMOX1)来影响肝癌细胞的矿物质吸收途径。而 Li^[40]认为提出党参多糖通过抑制细胞周期蛋白依赖性激酶 1(cyclin-dependent kinase 1, CDK1)和影响 3-磷脂酰肌醇依赖性激酶 1(3-phosphoinositide-dependent kinase-1, PDK1)、 β -连环蛋白(β -catenin)信号轴来抑制肝细胞癌的生长。党参低聚糖在缺氧条件下能提高正常胃黏膜细胞存活率、抑制胃癌细胞增殖,并通过抗炎、抗氧化、促凋亡及调节代谢紊乱发挥作用,其机制可能与抑制磷脂酰肌醇-3-激酶(phosphatidylinositol 3-kinase, PI3K)/蛋白激酶 B(protein kinase B, AKT)/低氧诱导因子 1- α (hypoxia-inducible factor 1-alpha, HIF-1 α)信号通路有关^[41]。Cheng^[42]结合蛋白质组学和代谢组学分析认为,党参主要通过调节糖酵解和三羧酸循环等过程,影响癌细胞的能量代谢,从而阻断胃癌的转化。

2.2 抗氧化、抗疲劳

党参干预可以改善血清中超氧化物歧化酶(superoxide dismutase, SOD)、丙二醛(malondialdehyde, MDA)、脂质过氧化(lipid peroxidation, LPO)水平,抵抗 D-半乳糖诱导的衰老,并且能够改善肠道组织结构变化、蛋白表达变化及细胞超微结构变化^[43]。Zhou^[44]利用代谢组学研究党参干预后的小鼠血清代谢物,发现党参干预后小鼠血清中的肌酸和甘氨酸均显著提高,说明党参抗疲劳的机制可能与调节

血清代谢物相关。He^[45]采用非靶向粪便代谢组学和 16S rRNA 基因测序技术探究了黄芪、党参、大枣提取物(Astragali Radix, *Codonopsis Radix*, Jujubae Fructus, ACJ)抗疲劳的机制,表明 ACJ 可以通过调节代谢物和肠道菌群的变化来改善运动表现,从而缓解疲劳。Ma^[46]探究了党参多糖对缺氧缺血性脑损伤的抗氧化和神经保护作用及机制,相比于模型组,党参多糖给药组小鼠脑组织中抗氧化酶 SOD 活性水平、核转录相关因子 2(nuclear transcription related factor 2, NRF2)的 mRNA 和蛋白质表达水平显著提高,因此党参多糖可能通过介导 NRF2 信号通路对缺氧缺血性脑损伤大鼠起到抗氧化和神经保护作用。

2.3 防治消化系统疾病

Cao^[47]结合代谢组学探究了党参多糖改善脾虚小鼠的作用机制,发现党参多糖显著改变了结肠内容物中与能量转换相关的化学物质,说明党参多糖可以通过调节与能量代谢相关的细菌和途径来改善脾虚。党参寡糖可以降低高脂饮食诱导的肥胖小鼠的体重,改善葡萄糖紊乱,减少脂质代谢,抑制脂肪组织和肝脏的炎症^[48]。溃疡性结肠炎(ulcerative colitis, UC)是一种慢性非特异性肠道炎症性疾病,由结肠炎症失控引起。Li^[49]通过转录组学技术揭示,党参能够通过抑制 PI3K/AKT 信号通路,调控包括胶原蛋白 IV 型 $\alpha 6$ 链(collagen type IV alpha 6 chain, COL4A6)、层粘连蛋白 $\alpha 2$ 亚基(laminin subunit alpha 2, LAMA2)、神经生长因子受体(nerve growth factor receptor, NGFR)、层粘连蛋白 $\gamma 3$ 亚基

(laminin subunit gamma 3, *LAMC3*)、层粘连蛋白 β 2 亚基(laminin subunit beta 2, *LAMB2*)、整合素 α 7 亚基(integrin subunit alpha 7, *ITGA7*)、水解磷脂酶 A2 受体 3(lysophosphatidic acid receptor 3, *LPAR3*)、表皮生长因子样结构域 1(EGF-like module-containing mucin-like receptor 1, *EFNA1*)、催乳素受体(prolactin receptor, *PRLR*)、*PDK1*、细胞周期蛋白 D2(cyclin D2, *CCND2*)在内的多个基因,从而发挥对 UC 的治疗效果。在另一项研究中,Li^[50]指出党参对 UC 的干预机制可能涉及通过 P13K/AKT 通路调节 Kelch 样 ECH 相关蛋白 1(kelch-like ECH-associated protein 1, *KEAP1*)/核因子 E2 相关因子 2(nuclear factor erythroid 2-related factor 2, *NRF2*)/谷胱甘肽过氧化物酶 4(glutathione peroxidase 4, *GPX4*)通路和与 Dynamin 相关的蛋白 1 通路(dynamin-related protein 1, *DRP1*)信号通路,进而抑制肠黏膜细胞线粒体动力学失衡以及铁死亡相关的氧化应激损伤。党参还

可通过抑制异常的炎症反应、恢复代谢紊乱和促进抗氧化能力来改善 UC^[51]。Zhou^[52]通过代谢组学表明从党参中提取的菊粉型果聚糖 CP-A 治疗 UC 可能与哺乳动物雷帕霉素靶蛋白信号通路(mammalian target of rapamycin, MTOR)有关,并通过体内外实验验证了 CP-A 通过抑制 MTOR/P70S6K 信号通路的激活来缓解 UC。

2.4 防治免疫系统疾病

党参常用于对免疫系统的调节,核因子- κ B(nuclear factor- κ B, NF- κ B)作为一种关键的转录因子,在免疫反应中调控相关信号通路^[53]。研究表明,党参多糖能够改善慢性阻塞性肺病大鼠的 T 细胞免疫紊乱,其潜在机制可能与抑制 NF- κ B 通路的激活以及阻止 NF- κ B 向细胞核内转移有关^[54]。在党参不同炮制品中,蜜炙党参在改善由环磷酸胺引起的免疫功能低下方面表现最为突出,其作用机制主要是通过调节相关代谢通路来实现的^[34]。

表 1 组学技术在党参药理作用机制方面的应用

Table 1 Application of omics technology in the pharmacological mechanism of Codonopsis Radix

药理作用 Pharmacological action	中药 Traditional Chinese medicine	研究技术及方法 Research techniques and method	代谢通路 Metabolic pathway	文献 Ref.
抗肿瘤 Anti-tumor	党参	LC-MS 代谢组学	糖代谢、氨基酸代谢、脂质代谢、线粒体生物合成	35
	党参	蛋白质组学、代谢组学	糖代谢、丙酮酸代谢、甘氨酸代谢、蛋氨酸代谢、丝氨酸代谢	36-37
	党参	转录组学	金属离子代谢	38
	党参	蛋白质组学、代谢组学	丙氨酸代谢、丝氨酸代谢、半胱氨酸代谢	41
抗氧化、抗疲劳 Anti-oxidant/ Anti-fatigue	党参	代谢组学、微生物组学	半乳糖代谢、甘油酯代谢	42
	党参	1H NMR 代谢组学	肌酸代谢、甘氨酸代谢、氨基酸代谢	43
	黄芪-党参-大枣	非靶向粪便代谢组学	激素脂代谢、糖磷酸脂代谢、精氨酸代谢、鸟氨酸代谢	45
			NRF2 通路表达	46
防治消化系统疾病 Prevention and treatment of digestive diseases	党参	代谢组学	氨基酸代谢、有机酸代谢、脂肪酸代谢、氮代谢	47
	党参	转录组学	P13K/AKT 通路表达	49-50
	党参	UPLC-Q-TIV/MS 代谢组学	mTOR-p70S6K 通路表达	52
防治免疫系统疾病 Prevention and treatment of the immune system	党参	转录组学	NF- κ B 通路表达	53,54

3 总结与展望

组学技术在党参中的应用已经非常广泛。本文综合分析了组学技术在中药党参质量评价及药理作用方面的应用,转录组学全面解析了党参的基因序列和基因表达谱,揭示其遗传变异表达调控机制;蛋白质组学充分研究了党参活性成分对机体蛋白质表

达谱的影响,揭示了其在分子水平上的作用机制;代谢组学进一步解析党参在机体内的作用途径和代谢网络,通过比较给药前后机体的代谢物变化,可以揭示党参在调节能量代谢、抑制炎症反应等方面的作用机制。但组学技术还存在一定的局限性,包括数据分析可能产生的假阳性或假阴性结果、分析方法

的灵敏度或准确性限制,以及研究结果通常缺乏足够的特异性^[55]。未来的研究应加强对中药质量优劣的快速和全面评价,提升组学方法的标准化和数据库完备性,并将代谢组学与其他组学方法结合,以全面研究中药代谢的分子和生化机制,把握中药的整体质量及可控性,更快速、准确地解决中药有效性、安全性问题。

当前,党参的研究与开发主要集中在根部,但栽培中化肥农药过量使用致土壤酸化、板结,影响其药用成分积累,且残留对其安全性产生影响。而党参的地上部分(茎和叶)也富含化学成分,其中氨基酸和无机元素的含量甚至超过根部。地上部分尽管产出量大,但却未能得到充分利用。研究发现,党参叶子含有较多的萜类化合物、酯类和醇类,而茎中积累了较高水平的具有药用潜力的萜类化合物、杂环化合物和生物碱^[56]。在未来的研究中,可以通过多组学技术联合分析,对党参叶、茎和块茎的挥发性代谢物进行组织特异性积累模式分析。这种跨组学的综合分析方法将能够更全面地揭示党参的生物学特性和药效机制,进一步探究党参的活性成分、作用机制以及与其他药物的相互作用。

参考文献

- Chinese Pharmacopoeia Commission. Pharmacopoeia of the People's Republic of China: Vol I (中华人民共和国药典:第一部)[M]. Beijing: China Medical Science Press, 2020: 302.
- Duan QM, et al. Establishment of quality evaluation system and difference analysis on roots of *Codonopsis pilosula* from different habitats[J]. Chin Tradit Herb Drugs(中草药), 2012, 43: 995-999.
- Gao SM, et al. Influence of different cultivation measures on chemical quality of *Codonopsis Radix*[J]. China J Chin Mater Med(中国中药杂志), 2016, 41: 3753-3760.
- Li ZQ, et al. Nuciferine and paeoniflorin can be quality markers of Tangzhiqing tablet, a Chinese traditional patent medicine, based on the qualitative, quantitative and dose-exposure-response analysis[J]. Phytomedicine, 2018, 44: 155-163.
- Lin P, et al. Qualitative and quantitative analysis of the chemical profile for Gualou-Xiebai-Banxia decoction, a classical traditional Chinese medicine formula for the treatment of coronary heart disease, by UPLC-Q/TOF-MS combined with chemometric analysis[J]. J Pharmaceut Biomed, 2021, 197: 113950.
- Yang T, et al. Enhancing quality evaluation in traditional Chinese medicine: Utilizing dual wavelength fusion fingerprint, electrochemical fingerprint, and DSC fingerprint[J]. J Chromatogr A, 2024, 1722: 464907.
- Liu CX, et al. A new concept on quality marker of Chinese materia medica: quality control for Chinese medicinal products[J]. Chin Tradit Herb Drugs(中草药), 2016, 47: 1443-1457.
- Wen JW, et al. An integrated multi-omics approach reveals polymethoxylated flavonoid biosynthesis in *Citrus reticulata* cv. *chachiensis*[J]. Nat Commun, 2024, 15: 3991.
- Yang MJ, et al. The application of DNA molecular markers in the study of *Codonopsis* species genetic variation, a review[J]. Cell Mol Biol, 2020, 66: 23-30.
- Cao LY, et al. Evaluation of genetic diversity and structure of some medicinal plants of *Codonopsis* based on SSR markers[J]. Chin J Exp Tradit Med Form(中国实验方剂学杂志), 2018, 24: 45-52.
- Liu XX, et al. Genetic diversity analysis of cultivated *Codonopsis pilosula* germplasm resources in Gansu using SSR markers[J]. J Chin Med Mater(中药材), 2016, 39: 1742-1747.
- Zhang JQ, et al. Analysis of RAPD on medicinal plants of *Codonopsis pilosula*[J]. J Chin Med Mater(中药材), 2006, 29: 417-420.
- Gao PJ, et al. Transcriptome sequencing of *Codonopsis pilosula* and identification of candidate genes involved in polysaccharide biosynthesis[J]. PLoS One, 2017, 10: e0117342.
- Liang LJ, et al. Selection and validation of reference genes for gene expression studies in *Codonopsis pilosula* based on transcriptome sequence data[J]. Sci Rep, 2020, 10: 1362.
- Wang XL, et al. Clone and expression of CpGAPDH gene in *Codonopsis pilosula*[J]. China J Chin Mater Med(中国中药杂志), 2018, 43: 712-720.
- He JY, et al. Genetic polymorphism of medicinally-used *Codonopsis* species in an internal transcribed spacer sequence of nuclear ribosomal DNA and its application to authenticate *Codonopsis Radix*[J]. Nat Med, 2014, 68: 112-124.
- He Y, et al. Transcriptome analysis reveals novel insights into the continuous cropping induced response in *Codonopsis tangshen*, a medicinal herb[J]. Plant Physiol Bioch, 2019, 141: 279-290.
- Le L, et al. Research strategy of traditional Chinese medicine proteomics[J]. China J Chin Mater Med(中国中药杂志), 2016, 41: 4096-4102.
- Jiang XG, et al. TMT-Based proteomic analysis of continuous cropping response in *Codonopsis tangshen* Oliv[J]. Life Sci,

- 2023,13:765-765.
- 20 Wang Y, et al. Analysis of amino acid composition and nutritional evaluation of three kinds of *Codonopsis Radix* and the study of species classification[J]. *Lishizhen Med Mater Med Res*(时珍国医国药), 2021, 32:2421-2425.
- 21 Xu Z, et al. Untargeted Metabolomics reveals multiple phyto-metabolites in the agricultural waste materials and medicinal materials of *Codonopsis pilosula*[J]. *Front Plant Sci*, 2022, 12:814011.
- 22 Jiang TZ, et al. An inulin-type fructan CP-A from *Codonopsis pilosula* alleviates TNBS-induced ulcerative colitis based on serum-untargeted metabolomics[J]. *Am J Physiol-Gastr L*, 2024, 326:216-227.
- 23 Li LY, et al. Secondary metabolites comparative analysis of *Codonopsis pilosula*(Franch.) Nannf. from different origins based on extensively targeted metabolomics[J]. *Acta Pharm Sin*(药学学报), 2023, 58:3421-3427.
- 24 Niu YJ, et al. Study on untargeted metabolomics of *Codonopsis pilosula* from different producing areas based on ultra-performance liquid chromatography tandem high resolution mass spectrometry[J]. *Acta Pharm Sin*(药学学报), 2023, 58:1842-1850.
- 25 Yuan F, et al. Elucidating the phytochemical landscape of leaves, stems, and tubers of *Codonopsis convolvulacea* through integrated metabolomics[J]. *Molecules*, 2024, 29:3193.
- 26 Li HL, et al. Effects of continuous cropping of *Codonopsis pilosula* on rhizosphere soil microbial community structure and metabolomics[J]. *Agron J*, 2024, 14:2014.
- 27 Hu JD, et al. Effect of different fertilization treatments on yield and secondary metabolites of *Codonopsis pilosula*[J]. *China J Chin Mater Med*(中国中药杂志), 2017, 42:2946-2953.
- 28 Zhu XF, et al. Analysis and Comparison of the contents of polysaccharide and total flavonoids in *Codonopsis tangshen* of different growth years[J]. *Lishizhen Med Mater Med Res*(时珍国医国药), 2021, 32:2271-2274.
- 29 Qiu DY, et al. Effects of continuous cropping on nutrient and enzyme activity in rhizosphere soil of *Codonopsis pilosula*[J]. *Chin Wild Plant Resour*(中国野生植物资源), 2022, 41:12-17.
- 30 Fan LL, et al. Effects of time-space conversion on microflora structure, secondary metabolites composition and antioxidant capacity of *Codonopsis pilosula* root[J]. *Plant Physiol Bioch*, 2023, 198:107659.
- 31 Chen ZM, et al. Overview on application of metabonomics in study on processing mechanism of traditional chinese materia medica[J]. *Chin Arch Tradit Chin Med*(中华中医药学刊), 2018, 36:275-279.
- 32 Wang Y, et al. Characterization of chemical composition variations in raw and processed *Codonopsis Radix* by integrating metabolomics and glycomics based on multiple chromatography-mass spectrometry technology[J]. *Sep Sci*, 2022, 45:2375-2393.
- 33 Xu F, et al. Effects of sulfur fumigation and heating desulfurization on quality of medicinal herbs evaluated by metabolomics and glycomics: *Codonopsis Radix*, a pilot study[J]. *J Pharmaceut Biomed*, 2020, 191:113581.
- 34 Hao YY, et al. Mechanism of processed products of *Codonopsis pilosula* on spleen deficiency rats based on ¹H-NMR metabolomics[J]. *China J Chin Mater Med*(中国中药杂志), 2019, 44:4241-4248.
- 35 Luan Y, et al. Metabonomics of mice intestine in *Codonopsis foetens* induced apoptosis of intestine cancer cells[J]. *Saudi J Biol Sci*, 2019, 26:1003-1010.
- 36 Hong XL, et al. *Codonopsis pilosula*-derived glycopeptide dCPI promotes the polarization of tumor-associated macrophage from M2-like to M1 phenotype[J]. *Cancer Immunol Immun*, 2024, 73:128.
- 37 He RP. Efficacy evaluation and mechanism interpretation of *Codonopsis Radix* in blocking the transformation of gastritis to gastric cancer based on proteomics and metabolomics[D]. Gansu:Lanzhou University(兰州大学), 2021.
- 38 He RP, et al. Proteomics and metabolomics unveil *Codonopsis pilosula*(Franch.) Nannf. ameliorates gastric precancerous lesions via regulating energy metabolism[J]. *Front Pharmacol*, 2022, 13:933096.
- 39 Liu ZL, et al. Network pharmacology integrated with transcriptomics deciphered the potential mechanism of *Codonopsis pilosula* against hepatocellular carcinoma[J]. *Evid-Based Compl Alt*, 2022, 2022:1340194.
- 40 Li N, et al. Molecular mechanisms of *Codonopsis pilosula* in inhibiting hepatocellular carcinoma growth and metastasis[J]. *Ann Phytomed*, 2024, 128:155138.
- 41 Yan Q, et al. *Codonopsis Radix* oligosaccharides improve gastric mucosal injury in rats with precancerous lesions of gastric cancer by inhibiting PI3K/AKT/HIF-1 α pathway[J]. *Pharmacol Clin Chin Mater Med*(中药药理与临床), 2024, 40:49-59.
- 42 Cheng L, et al. Lobetyolin inhibits cell proliferation and induces cell apoptosis by downregulating ASCT2 in gastric cancer[J]. *Cytotechnology*, 2023, 75:435-448.
- 43 Han L. The study on the intervention effect of *Codonopsis pilosula* on gut microbiota of aging mice based on multi-omics strategy[D]. Gansu:Gansu University of Chinese Medicine

(甘肃中医药大学),2023.

44 Zhou XM, et al. Metabolomics-based study on the regulation of serum metabolites in mice with *Codonopsis Radix* [J]. Chin Rem Clin(中国药物与临床),2019,19:2153-2155.

45 He P, et al. Astragali Radix-Codonopsis Radix-Jujubae Fructus water extracts ameliorate exercise-induced fatigue in mice via modulating gut microbiota and its metabolites [J]. J Sci Food Agr,2022,102:5141-5152.

46 Ma J, et al. Antioxidant and neuroprotective effects of *Codonopsis pilosula* polysaccharides on hypoxic- ischemic brain injury induced by Nrf2 pathway [J]. Chin J Clin Anatomy (中国临床解剖学杂志),2019,37:403-408.

47 Cao LY, et al. *Codonopsis pilosula* polysaccharide improved spleen deficiency in mice by modulating gut microbiota and energy related metabolisms [J]. Front Pharmacol,2022,13:862763.

48 Bai RB, et al. *Codonopsis pilosula* oligosaccharides modulate the gut microbiota and change serum metabolomic profiles in high-fat diet-induced obese mice [J]. Food Funct,2022,13:8143-8157.

49 Li F, et al. Differential gene expression of PI3K/AKT signaling pathway in the treatment of ulcerative colitis by Dangshen [J]. Pharmacol Clin Chin Mater Med(中药药理与临床),2024,40:61-69.

50 Li F, et al. Intervention of *Codonopsis Radix* on ferroptosis and mitochondrial dynamics imbalance in mucosal cells of ulcerative colitis via PI3K/AKT [J]. Chin Tradit Herb Drugs (中草药),2023,54:3865-3877.

51 Li F, et al. Multi-omics revealed the mechanisms of *Codonopsis pilosula* aqueous extract in improving UC through blocking abnormal activation of PI3K/AKT signaling pathway [J]. J Ethnopharmacol,2023,319:117220.

52 Zhou J, et al. An inulin-type fructan CP-A from *Codonopsis pilosula* alleviates TNBS-induced ulcerative colitis based on serum-untargeted metabolomics [J]. Am J Physiol-Gastr L, 2024,326:216-227.

53 Daria C, et al. NF-κB; blending metabolism, immunity, and inflammation [J]. Trends Immunol,2022,43:757-775.

54 Lin XL, et al. *Codonopsis pilosula* polysaccharides regulate NF-κB signaling pathway to alleviate T cell immune disorders and airwayinflammation in rats with chronic obstructive pulmonary disease [J]. Tianjin Chin Med J(天津中医药), 2021,38:788-793.

55 Yan SK, et al. “Omics” in pharmaceutical research: overview, applications, challenges, and future perspectives [J]. Chin J Nat Med,2015,13:3-21.

56 Yang D, et al. Comparative analysis of chemical composition, antioxidant and antimicrobial activities of leaves, leaf tea and root from *Codonopsis pilosula* [J]. Ind Crop Prod,2019,142:111844.

《天然产物研究与开发》青年编委会

青年编委(以姓氏笔划为序)					
Members					
王 扣	王红兵	戈惠明	尹文兵	尹 胜	吕兆林
WANG Kou	WANG Hongbing	GE Huiming	YIN Wenbing	YIN Sheng	LYU Zhaolin
刘相国	孙昊鹏	孙桂波	李良成	李国友	邱 莉
LIU Xiangguo	SUN Haopeng	SUN Guibo	LI Liangcheng	LI Guoyou	QIU Li
汪海波	沐万孟	张炳火	张德武	陈益华	林昌俊
WANG Haibo	MU Wanmeng	ZHANG Binghuo	ZHANG Dewu	CHEN Yihua	LIN Changjun
欧阳杰	易华西	罗应刚	周 文	胡友财	袁 涛
OUYANG Jie	YI Huaxi	LUO Yinggang	ZHOU Wen	HU Youcai	YUAN Tao
夏永刚	高慧敏	唐金山	黄胜雄	韩秀珍	韩淑燕
XIA Yonggang	GAO Huimin	TANG Jinshan	HUANG Shengxiong	HAN Xiuzhen	HAN Shuyan
曾克武	蓝蔚青	廖晨钟	薛永波		
ZENG Kewu	LAN Weiqing	LIAO Chenzhong	XUE Yongbo		