

唐茂翔, 李 斌, 闫芳芳, 等. 促生抗旱微生物对烟草抗旱性的调控作用[J]. 江苏农业学报, 2025, 41( 12 ): 2315-2325.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2025.12.004

## 促生抗旱微生物对烟草抗旱性的调控作用

唐茂翔<sup>1</sup>, 李 斌<sup>2</sup>, 闫芳芳<sup>3</sup>, 李 鹏<sup>1</sup>, 李建鹏<sup>1</sup>, 韩 勤<sup>1</sup>, 高永翔<sup>1</sup>, 刘东阳<sup>4</sup>, 邱忠平<sup>1</sup>

(1.西南交通大学生命科学与工程学院, 四川 成都 610031; 2.四川省烟草公司泸州市公司, 四川 泸州 646699; 3.四川省烟草公司攀枝花市公司, 四川 攀枝花 617000; 4.四川省烟草公司凉山州公司, 四川 凉山 615000)

**摘要:** 为缓解干旱胁迫对烟草生长的影响, 本研究从干旱烟草根际土壤中筛选无拮抗作用的促生抗旱微生物, 对其进行鉴定, 并以无菌水为对照(CK), 通过促生抗旱微生物单独及复配的灌根试验, 分析其对干旱胁迫下烟草生理生化指标及土壤微生物群落结构的影响。结果表明, 共鉴定得到7株具有溶磷、产吲哚乙酸(IAA)、产铁载体和产1-氨基环丙烷-1-羧酸(ACC)脱氨酶能力的菌株, 其中菌株L5N1促生能力最强, 菌株S2-1抗旱能力最强。L5N1菌株和S2-1菌株经鉴定分别为居中克吕沃尔氏菌(*Kluyvera intermedia*)和亚麻假单胞菌(*Pseudomonas lini*)。促生抗旱微生物可改善烟草农艺性状, 降低烟叶丙二醛含量, 提升烟草抗氧化能力, 其中菌株L5N1和S2-1复配处理的效果最为显著。干旱胁迫21 d, L5N1和S2-1复配处理土壤含水率较CK提高63.20%, 土壤蔗糖酶活性、脱氢酶活性、脲酶活性和酸性磷酸酶活性分别较CK提高457.14%、416.91%、53.54%和93.80%, 假单胞菌属(*Pseudomonas*)、出芽菌属(*Gemmata*)、酸杆菌属(*Acidibacter*)细菌的相对丰度显著高于CK。综上, 本研究筛选得到的促生菌株L5N1和抗旱菌株S2-1复配能有效提升烟草在干旱胁迫下的生长性能和适应能力。

**关键词:** 干旱胁迫; 烟草; 促生抗旱微生物; 植株抗旱性; 土壤酶活

**中图分类号:** S572 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2025)12-2315-11

## Drought-resistance regulatory mechanism of plant growth-promoting and drought-tolerant microorganisms in tobacco under drought stress

TANG Maoxiang<sup>1</sup>, LI Bin<sup>2</sup>, YAN Fangfang<sup>3</sup>, LI Peng<sup>1</sup>, LI Jianpeng<sup>1</sup>, HAN Qin<sup>1</sup>, GAO Yongxiang<sup>1</sup>, LIU Dongyang<sup>4</sup>, QIU Zhongping<sup>1</sup>

(1. School of Life Science and Engineering, Southwest Jiaotong University, Chengdu 610031, China; 2. Luzhou Branch of Sichuan Provincial Tobacco Company, Luzhou 646699, China; 3. Panzhihua Branch of Sichuan Provincial Tobacco Company, Panzhihua 617000, China; 4. Liangshan Branch of Sichuan Provincial Tobacco Company, Liangshan 615000, China)

**Abstract:** In order to alleviate the effects of drought stress on the growth of tobacco, non-antagonistic growth-promoting and drought-resistant microorganisms from the rhizosphere soil of drought-stressed tobacco were screened and identified in this study, and sterile water was used as control (CK), the effects of drought-resistant microorganisms on physiological and biochemical indices of tobacco and soil microbial community structure under drought stress were analyzed by root irrigation experiments with single and compound drought-resistant microorganisms. The results showed that a total of seven strains with the ability to dissolve phosphorus, produce indoleacetic acid (IAA), produce siderophore and produce 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC) deaminase were identified. Among them, strain L5N1 had the strongest growth-promoting ability, and strain S2-1 had the strongest drought resistance. L5N1 and S2-1 were iden-

收稿日期: 2025-03-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(52570179); 中国烟草总公司四川省公司科技专项(SCYC202409); 西南交通大学博士创新项目(CX2025YB17)

作者简介: 唐茂翔(2000-), 男, 四川宜宾人, 硕士研究生, 主要从事农业微生物研究。(E-mail) mxtang2000@163.com

通讯作者: 邱忠平, (E-mail) zhpqiu@home.swjtu.edu.cn; 刘东阳, (E-mail) 9038823@qq.com

tion experiments with single and compound drought-resistant microorganisms. The results showed that a total of seven strains with the ability to dissolve phosphorus, produce indoleacetic acid (IAA), produce siderophore and produce 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC) deaminase were identified. Among them, strain L5N1 had the strongest growth-promoting ability, and strain S2-1 had the strongest drought resistance. L5N1 and S2-1 were iden-

tified as *Kluyvera intermedia* and *Pseudomonas lini* respectively. The growth-promoting and drought-resistant microorganisms could improve the agronomic traits of tobacco, reduce the malondialdehyde content of tobacco leaves, and improve the antioxidant capacity of tobacco. Among them, the combination of strains L5N1 and S2-1 had the most significant effect. After 21 days of drought stress, the soil moisture content of L5N1 and S2-1 combined treatment was 63.20% higher than that of CK, and the soil enzyme activities of sucrase, dehydrogenase, urease and acid phosphatase were 457.14%, 416.91%, 53.54% and 93.80% higher than those of CK, respectively. The relative abundance of *Pseudomonas*, *Gemmata* and *Acidibacter* was significantly higher than that of CK. In summary, the combination of the growth-promoting strain L5N1 and the drought-resistant strain S2-1 screened in this study can effectively improve the growth performance and adaptability of tobacco under drought stress.

**Key words:** drought stress; tobacco; growth-promoting and drought-resistant microorganisms; plant drought resistance; soil enzyme activity

中国烟草产业规模和产值均位居世界第一<sup>[1]</sup>。近 20 年来,随着气候变化导致水资源短缺,进而引发的农业干旱成为限制烟叶产量提升的关键因素<sup>[2-3]</sup>。干旱胁迫一方面能降低烟草植株根系活力、减少株高和叶面积,还能导致烟草植株体内活性氧代谢失衡、丙二醛(MDA)含量升高、细胞膜结构损伤<sup>[4]</sup>。此外,干旱胁迫还能显著改变土壤微生物群落结构和功能,使得土壤微生物多样性下降、关键功能微生物活性受抑制、土壤酶活性降低,加剧了土壤养分循环障碍,降低了烟草种植系统的稳定性<sup>[5]</sup>。

传统抗旱技术如灌溉措施优化和抗旱品种选育虽有一定效果,但存在成本高、资源有限等弊端。近年来利用绿色、高效的微生物技术进行作物抗旱研究逐渐受到关注。植物微生物可通过促生、抗旱等多种机制来提升植物对干旱胁迫环境的适应能力<sup>[6]</sup>。干旱环境下,土壤养分供应受限,植物对磷的需求量显著增加<sup>[7]</sup>,功能微生物可通过分泌有机酸降解难溶性磷,进而提高植物对土壤养分的利用效率,促进植物生长<sup>[8]</sup>。芽孢杆菌和固氮菌等促生微生物还能合成吲哚乙酸(IAA),促进植物根系分支和延伸,从而增强根系吸水能力,提高植物对干旱逆境的适应性<sup>[9-10]</sup>。分泌铁载体和 1-氨基环丙烷-1-羧酸(ACC)脱氨酶等代谢产物的功能微生物能通过特定代谢产物直接介入植物抗逆反应。铁载体通过螯合土壤中的铁离子,提高植物对铁元素的吸收效率,从而维持胁迫条件下的细胞代谢与酶活性,增强植株抗逆性<sup>[11]</sup>。而 ACC 脱氨酶则通过降低植物体内乙烯前体 ACC 的含量,减少乙烯生成,从而缓解干旱胁迫对植物生长的抑制作用<sup>[12]</sup>。因此,筛选具备“溶磷、产 IAA”等促生特性和“产铁载体、ACC 脱氨酶”等抗旱功能的微生物,并形成互补协同的

复合菌群,对提升作物的综合抗旱能力具有重要的理论意义和应用前景<sup>[13]</sup>。

利用根际微生物提升植物抵御干旱的能力是行之有效的抗旱措施,但现有研究多集中在促生或抗旱单一功能,且促生或抗旱微生物在烟草应对干旱逆境中的应用还鲜有报道。为此,本研究从干旱胁迫烟草根际土壤中筛选具备溶磷、产 IAA、产铁载体和产 ACC 脱氨酶等多重功能的促生抗旱菌株,并结合不同菌株在促生和抗旱能力上的功能优势,设计联合应用策略,研究其对烟草生长及根际微生物的影响,为提升烟草的抗旱种植水平和烟草产业可持续发展提供技术支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试土壤于 2021 年 5 月取自四川省攀枝花市米易县湾丘彝族自治县(102.11°E, 27.04°N)种植烟草地块耕作层。土壤类型为红色砂壤土,土壤 pH 6.12,电导率 153.30 mS/cm,含水率 2.55%,有机质含量 9.09 g/kg,碱解氮含量 46.87 mg/kg,有效磷含量 277.54 mg/kg,速效钾含量 88.24 mg/kg。该地区气候干燥、太阳辐射强,烟草生育期常面临干旱胁迫。供试土壤一方面用于促生抗旱菌的筛选,另一方面用于盆栽试验。

### 1.2 菌株筛选与鉴定

取 10 g 烟草根际土壤,用 90 mL 无菌水稀释后涂布于 LB 固体培养基上,28 °C 培养 28~48 h,挑选形态各异单菌落进行分离纯化,建立烟草根际细菌资源库。利用含 15% 聚乙二醇 6000(PEG-6000)的 LB 固体培养基,模拟干旱胁迫,划线接种烟草根际细菌,在干旱胁迫培养基上培养 36 h,挑选能正常

生长的细菌, 定义为耐旱菌株<sup>[14]</sup>。进一步采用钼锑抗比色法<sup>[15]</sup>、Salkowski 法<sup>[8]</sup>、铬天青比色法<sup>[8]</sup>分别测定耐旱菌株的溶磷能力、产 IAA 能力和产铁载体能力, 以 ACC 为唯一氮源测定耐旱菌株的产 ACC 脱氢酶能力<sup>[16]</sup>。此外, 在含 15% PEG-6000 的 LB 液体培养基和无胁迫的 LB 液体培养基中培养耐旱菌株 36 h, 利用紫外分光光度计测定培养液在 600 nm 的吸光度 ( $OD_{600}$ ), 并计算其比值, 定义为耐旱性指数, 用于表达干旱胁迫下菌株的生长保持能力。结合耐旱性指数及促生抗旱指标, 综合评价筛选出具有较强促生抗旱潜力的优势菌株, 再用滤纸法测定选定菌株之间的拮抗作用<sup>[17]</sup>。

将筛选得到的促生抗旱潜力较强的优势菌株接种至 LB 培养基, 待其形成典型菌落后, 观察细菌形态学特征, 检测其生理生化指标, 并参考文献<sup>[18]</sup>进行菌种鉴定。菌株分子鉴定委托北京擎科生物科技有限公司完成, 测序结果提交至 GenBank 数据库, 通过 Blast 序列比对分析确定菌株的近缘关系; 采用 MEGA X10.1.8 软件, 基于邻接法 (Neighbor-joining, NJ) 构建系统发育进化树<sup>[19]</sup>, 以明确菌株的系统发育地位。

### 1.3 盆栽试验

烟草盆栽试验于西南交通大学温室大棚中进行。利用泥炭土与蛭石 3:1 质量比的基质进行烟草育苗, 当烟苗长出 4~5 张真叶时, 选择长势一致、生长良好的植株移栽至装有 4.0 kg 土壤的聚乙烯盆中 (盆底径 17.0 cm, 口径 23.7 cm, 盆高 19.0 cm) 每盆移栽 1 株, 共 12 盆。移栽时, 以无菌水为对照 (CK), 设置促生效果较好的菌液、抗旱效果较好的菌液以及促生与抗旱较好的 2 种菌液 1:1 体积比的混合菌液灌根接种处理。每处理 3 盆, 菌液接种量 100 mL。各菌液处理的菌落形成单位  $1 \times 10^8$  CFU/mL, 由无菌水重悬得到。移栽后采用称重法控制盆栽灌水量, 保持各处理土壤含水率在 30% 左右。缓苗后 7 d, 开始连续 21 d 的断水干旱处理。试验过程中采取随机分组排布试验盆位置, 并每 3 d 随机更换一次位置, 避免光照、温度和风等外部因素对试验造成干扰。试验期间, 所有处理均不施肥, 以排除施肥干扰。每个处理 3 个重复。

### 1.4 烟草样品采集与测定

烟草农艺性状调查参照烟草行业标准《烟草农艺性状调查测量方法》(YC/T 142-2010)<sup>[20]</sup>进行。

于干旱处理前与处理第 7 d、14 d 和 21 d, 分别采集烟叶和根际土壤样品, 用于测定烟叶渗透调节物质、MDA (丙二醛) 含量和超氧化物歧化酶 (SOD)、过氧化物酶 (POD) 和过氧化氢酶 (CAT) 等抗氧化酶活性, 以及根际土壤含水量、酶活性和微生物多样性。分别采用蒽酮比色法、考马斯亮蓝 G-250 法和酸性茚三酮比色法测定烟叶可溶性糖含量、可溶性蛋白含量和脯氨酸含量<sup>[21]</sup>。采用硫代巴比妥酸法<sup>[22]</sup>测定烟叶 MDA 含量。分别采用抑制氮蓝四唑 (NBT) 光还原法、愈创木酚法、 $H_2O_2$  分解速率法测定烟叶 SOD 活性、POD 活性、CAT 活性。

根际土壤含水量通过称重法测定。将新鲜土壤样品在 105 °C 烘干至恒重, 根据失重比例计算土壤含水率<sup>[22]</sup>。土壤脲酶活性、蔗糖酶活性、脱氢酶活性、酸性磷酸酶活性分别采用尿素比色法、3,5-二硝基水杨酸法、三苯基四氮唑氯化物还原法、对硝基苯磷酸酯水解法<sup>[23]</sup>测定。

提取土壤细菌 DNA 后, 利用 16S rRNA 基因 V4 区引物 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')<sup>[24]</sup> 进行 PCR 扩增。扩增产物委托上海美吉生物医药科技有限公司基于 Illumina MiSeq 平台进行高通量测序, 测序数据通过 DADA2 算法去除噪声, 并进行拼接, 构建特征序列变异单元 (Amplicon sequence variants, ASV)<sup>[25]</sup> 用于分析根际微生物群落结构和多样性。基于 R 语言 Vegan 包计算微生物群落 Shannon 指数和 ACE 指数, 基于 Bray-Curtis 距离矩阵及主坐标分析 (PCoA) 明确土壤微生物的  $\beta$  多样性, 基于 R 语言 VennDiagram 包分析处理间微生物 Venn 图, 采用  $t$  检验进行不同处理门水平和属水平微生物物种差异分析。

### 1.5 数据分析

采用 Microsoft Excel 2021 软件进行数据分析。采用 R 4.2.1 软件和最小显著差异法 (LSD) 进行处理间差异显著性分析 ( $P < 0.05$ )。

## 2 结果与分析

### 2.1 促生抗旱微生物的筛选与鉴定

2.1.1 促生抗旱微生物的筛选 模拟干旱胁迫条件下, 共筛选获得 68 株能正常生长的功能菌株。进一步测定 68 株功能菌株的溶磷、产 IAA、产铁载体和产 ACC 脱氢酶能力, 获得 7 株同时具备以上 4 种

能力的促生抗旱菌株(表 1)。其中,菌株 L5N1 促生能力最强,其溶磷能力和 IAA 产量分别为 633.30 mg/L 和 39.55 mg/L;菌株 S2-1 抗旱能力最强,其产铁载体和 ACC 脱氨酶活性分别为 48.48% 和 0.22 U/mg。S2-1、L5N1 和 L7N5 的耐旱性指数均超过

表 1 功能菌株的促生抗旱能力

Table 1 Growth-promoting and drought-resistant capacity of functional strains

菌株	促生能力		抗旱能力		
	溶磷能力 (mg/L)	产吲哚乙酸能力 (mg/L)	铁载体表达量 (%)	ACC 脱氨酶活性 (U/mg)	耐旱性指数
L3N22	457.38±44.19b	28.54±2.01b	23.54±3.23e	0.02±0.011 3c	0.78±0.017c
L5N1	633.30±33.94a	39.55±0.24a	46.67±1.99b	0.01±0.002 8c	0.88±0.015b
L5N2	399.71±38.35c	26.74±2.31bc	38.23±6.31c	0.02±0.002 9c	0.45±0.016f
L7N5	457.02±21.74b	6.98±0.47e	45.69±2.18b	0.13±0.002 4b	0.86±0.014b
S2-1	391.83±33.09c	15.08±0.62d	48.48±1.46a	0.22±0.011 0a	0.95±0.014a
S2-3	389.55±19.68c	29.42±0.67b	28.67±3.89d	0.01±0.000 4c	0.65±0.016d
S2-4	451.22±13.78b	5.07±1.27e	39.63±11.30c	0.04±0.070 2c	0.58±0.015e

同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。ACC:1-氨基环丙烷-1-羧酸。

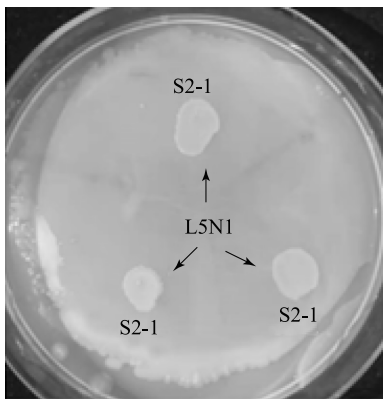


图 1 L5N1 菌株与 S2-1 菌株的拮抗试验

Fig.1 Antagonistic test of L5N1 strain and S2-1 strain

2.1.2 促生抗旱微生物的鉴定 菌株 L5N1 菌落呈圆形或近圆形,扁平状,整齐,乳黄色,光滑湿润(图 2A);S2-1 菌落呈圆形,扁平状,嗜蚀状,乳白色,粗糙略湿润(图 2B)。L5N1 和 S2-1 均为革兰氏阴性杆菌,无芽孢。

基于最近邻方法(NJ法)构建的菌株 L5N1 和 S2-1 系统发育进化树如图 2C 所示。从图中可以看出,菌株 L5N1 位于克吕沃尔氏菌属(*Kluyvera*)的分支上,与居中克吕沃尔氏菌(*Kluyvera intermedia*)亲缘关系最近;菌株 S2-1 位于假单胞菌属(*Pseudomonas*)的分支上,与亚麻假单胞菌(*Pseudomonas lini*)亲缘关系最近。因此,L5N1 为居中克吕沃尔氏

菌,表现出较强的干旱适应潜力。综合分析菌株的促生能力(溶磷、产 IAA)与抗旱能力(产铁载体、产 ACC 脱氨酶及耐旱性指数)表现,最终确定 L5N1 和 S2-1 作为后续研究菌株。滤纸片试验结果表明,L5N1 与 S2-1 之间无拮抗作用(图 1)。

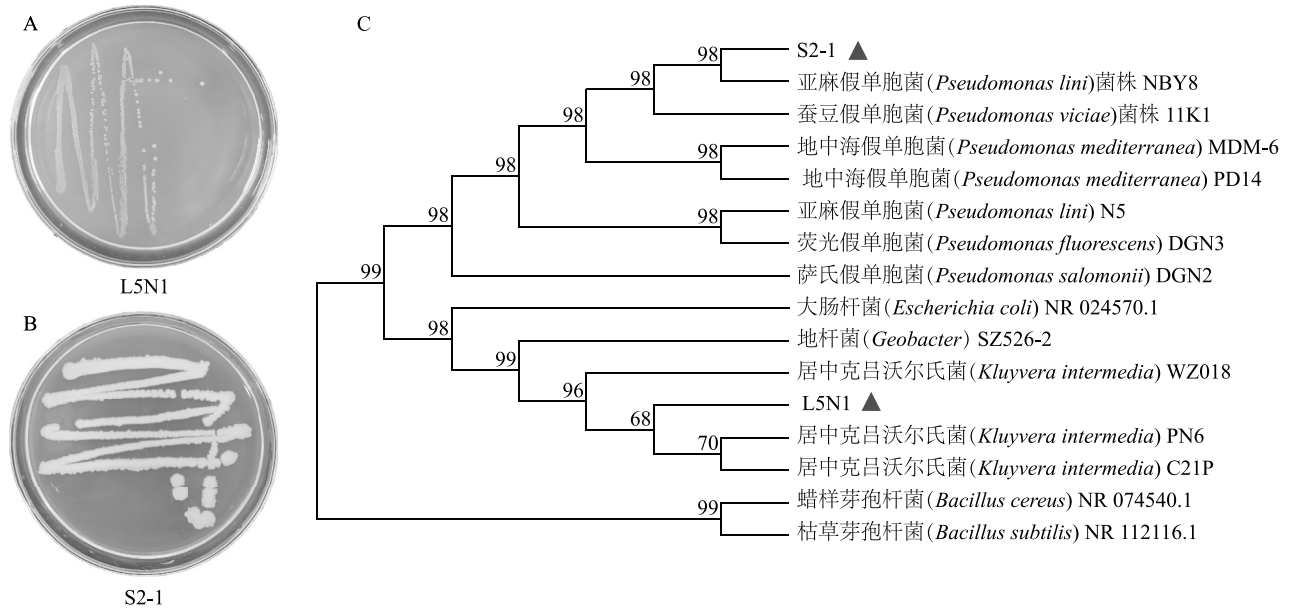
菌,S2-1 为亚麻假单胞菌。L5N1 和 S2-1 均保藏于中国典型培养物保藏中心,保藏编号分别为 CCTCC NO.M 2022531 和 CCTCC NO.M 2022530。

2.1.3 促生抗旱复配菌株的抗旱能力 L5N1 和 S2-1 按 1:1 比例复配菌群(LS)的溶磷能力、产 IAA 能力、铁载体表达量、ACC 脱氨酶活性分别为 ( $943.78 \pm 60.10$ ) mg/L、( $60.13 \pm 2.24$ ) mg/L、 $65.73\% \pm 3.20\%$ 、( $0.48 \pm 0.01$ ) U/mg,分别比 L5N1 菌株提高 49.03%、52.04%、40.84% 和 4700.00%,分别比 S2-1 菌株提高 140.86%、298.74%、35.58% 和 118.18%,可见 L5N1 和 S2-1 按 1:1 比例混合使用在促生抗旱功能方面具有协同增效作用。

## 2.2 促生抗旱微生物对烟草生长的影响

### 2.2.1 促生抗旱微生物对烟草农艺性状的影响

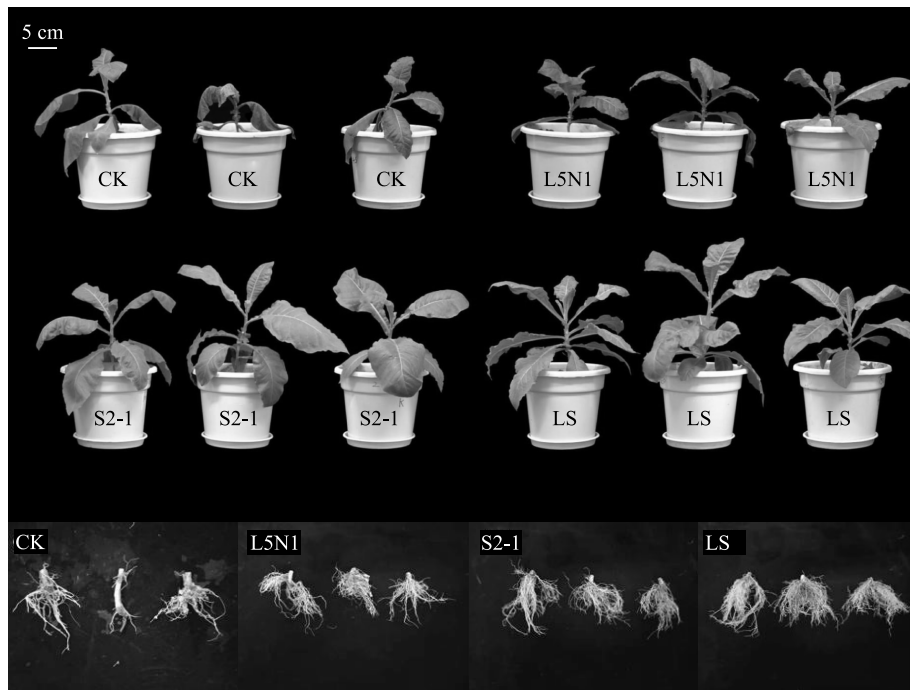
干旱胁迫 21 d,不同处理烟草的生长情况如图 3 所示。从图中可以看出,持续断水 21 d 后,烟草所受干旱程度加重,烟草叶片出现不同程度的萎蔫。其中,CK 烟草叶片萎蔫程度最大,LS 处理未见萎蔫。与叶片相似,L5N1 和 S2-1 菌液复配处理(LS)侧根生长多且浓密,能显著改善烟草根系发育情况,提高烟草的水分吸收能力,从而增强烟草在干旱环境中的适应性。即 L5N1、S2-1 和 LS 均能显著改善烟株干旱胁迫下的生长状况,其中 LS 处理效果最为显著,缓解干旱胁迫的能力优于 L5N1 菌液处理或 S2-1 菌液处理。



A: L5N1 菌落形态图; B: S2-1 菌落形态图; C: L5N1 和 S2-1 系统发育树。

图 2 L5N1 和 S2-1 的菌株特征及系统发育树

Fig.2 Morphological traits and phylogenetic analysis of strains L5N1 and S2-1



CK、L5N1、S2-1、LS 分别为无菌水灌根对照、L5N1 菌液灌根处理、S2-1 菌液灌根处理、L5N1 菌液与 S2-1 菌液 1 : 1 复配灌根处理。

图 3 烟草促生抗旱微生物对烟草生长的影响

Fig.3 Effect of growth-promoting and drought-resistant microorganisms on the growth of tobacco

干旱胁迫 21 d, 烟草植株的农艺性状如表 2 所示。从表中可以看出, 不同处理间烟草农艺性状存

在显著差异。LS 处理烟草植株株高、茎粗、最大叶面积、地上部鲜重、地下部鲜重和总鲜重分别比 CK

提高 62.66%、33.87%、103.71%、142.20%、25.25% 和 115.90%，整体效果最佳。S2-1 处理和 L5N1 处理株高、最大叶面积、地上部鲜重、总鲜重均显著高于 CK，S2-1 处理烟草的株高和地上部鲜重分别比

L5N1 处理提高 24.18%、22.84%。因此，施用 L5N1、S2-1 和 LS 菌液均能改善干旱胁迫下烟草植株农艺性状，其中 LS 处理的促生抗旱效果更优。

表 2 不同处理对烟草植株农艺性状的影响

Table 2 Effects of different treatments on agronomic traits of tobacco plant

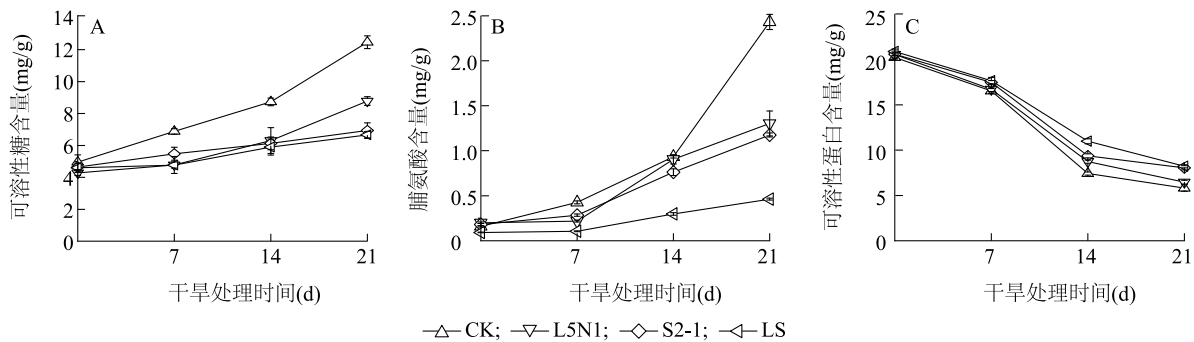
处理	株高 (cm)	茎粗 (mm)	最大叶面积 (cm <sup>2</sup> )	单株地上部鲜重 (g, 1 株)	单株地下部鲜重 (g, 1 株)	单株总鲜重 (g, 1 株)
CK	19.90±0.82c	4.34±0.17b	168.63±21.51b	14.62±2.11d	4.00±0.57b	18.62±2.60c
L5N1	23.57±0.75b	4.66±0.73b	308.74±66.32a	22.42±2.04c	4.63±0.33ab	27.43±1.95b
S2-1	29.27±3.11a	4.82±0.37ab	366.43±80.76a	27.54±3.99b	4.79±0.50ab	32.16±4.30b
LS	32.37±1.35a	5.81±0.75a	343.52±41.36a	35.41±1.54a	5.01±0.13a	40.20±2.03a

CK、L5N1、S2-1、LS 见图 3 注。同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。

2.2.2 促生抗旱微生物对烟叶渗透调节物质的影响 模拟干旱胁迫下，不同处理烟叶可溶性糖含量、脯氨酸含量和可溶性蛋白含量的变化特征如图 4 所示。从图中可以看出，随着干旱胁迫时间的延长，烟叶可溶性糖含量与脯氨酸含量呈逐渐升高趋势，而可溶性蛋白含量呈逐渐降低趋势。干旱胁迫处理 21 d，L5N1、S2-1 和 LS 处理可溶性糖含量与脯氨酸含量均显著低于 CK，L5N1、S2-1 和 LS 处理可溶性糖含量分别比 CK 降低 29.59%、44.35% 和 46.59%，脯氨酸含量分别降低 46.38%、51.65% 和 80.98%。这说明，干旱胁迫处理 21 d，CK 面临较强的干旱胁迫，需要积累更多的渗透调节物质来应对

植株水分缺乏，而 LS 处理烟叶可溶性糖含量和脯氨酸含量则始终保持较低水平，说明该处理下烟草植株遭受的干旱胁迫程度较轻，即促生抗旱微生物有利于烟草植株更好地适应干旱环境。

干旱胁迫下，烟草植株蛋白质合成系统受严重影响，各处理可溶性蛋白含量均呈下降趋势。干旱胁迫处理 21 d，L5N1、S2-1 和 LS 处理的可溶性蛋白含量分别比 CK 提高 10.92%、38.31%、41.17%。说明，施用 L5N1、S2-1 和 LS 菌液能够有效缓解干旱胁迫对烟株蛋白质合成系统的负面影响，促进可溶性蛋白质的合成或减少其降解，从而在一定程度上维持烟株的正常生理功能和代谢活动。



CK、L5N1、S2-1、LS 见图 3 注。

图 4 不同处理对烟叶渗透调节物质含量的影响

Fig.4 Effects of different treatments on the content of osmotic adjustment substances in tobacco leaves

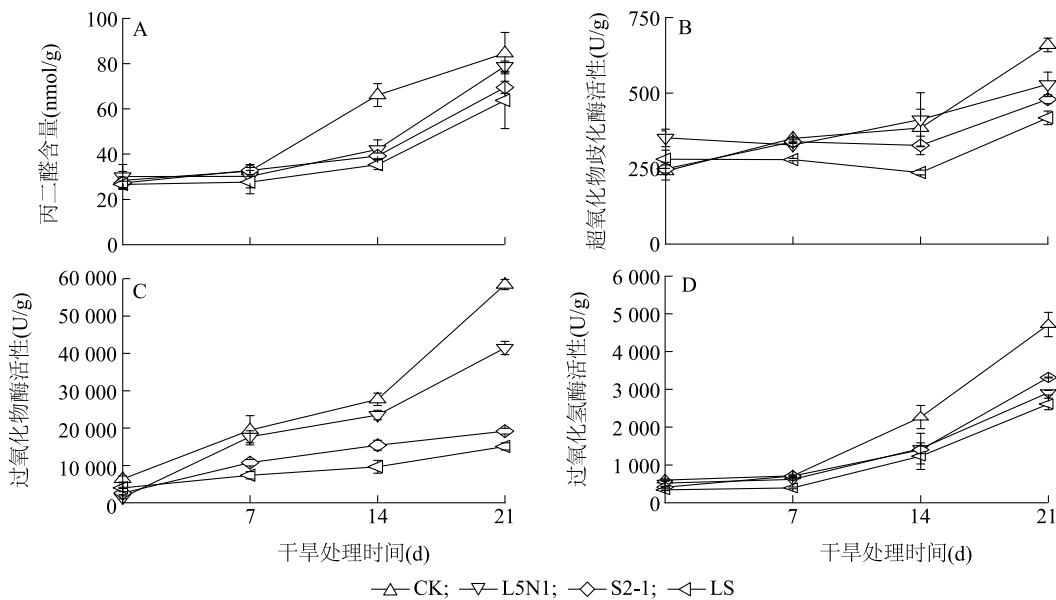
2.2.3 促生抗旱微生物对烟叶丙二醛含量及抗氧化酶活性的影响 模拟干旱胁迫下，不同处理烟叶 MDA 含量变化如图 5A 所示。从图中可以看出，干旱初期 (0~7 d)，不同处理烟叶 MDA 含量保持稳

定；随着干旱时间的延长，烟叶 MDA 含量逐渐升高，干旱胁迫 14 d，L5N1、S2-1 和 LS 处理烟叶 MDA 含量分别比 CK 显著下降 26.64%、28.92% 和 31.75%。干旱胁迫 21 d，LS 处理烟叶 MDA 含量比

CK 显著降低 24.58%。这表明 LS 处理能显著减轻干旱胁迫对烟叶细胞膜的氧化损伤,提高烟草植株的抗旱能力。

干旱胁迫下,不同处理烟叶抗氧化酶活性变化如图 5B、图 5C、图 5D 所示。从图中可以看出,随着干旱胁迫时间的延长,不同处理烟叶抗氧化酶活性总体呈增加趋势。干旱胁迫 21 d, L5N1、S2-1 和 LS 处理烟叶 *SOD*、*POD* 和 *CAT* 活性均显著低于 CK, 且

LS 处理烟叶抗氧化酶活性又显著低于 L5N1 和 S2-1 处理。与 CK 相比,干旱胁迫 21 d, L5N1、S2-1 和 LS 处理烟叶 *SOD* 活性分别降低 19.78%、27.24% 和 36.57%, *POD* 活性分别降低 29.09%、67.20% 和 74.16%, *CAT* 活性分别降低 38.19%、29.70% 和 44.55%。上述结果表明,促生抗旱微生物能在一定程度上降低烟草植株抗氧化酶活性,缓解氧化损伤。



CK、L5N1、S2-1、LS 见图 3 注。

图 5 模拟干旱胁迫下不同处理对烟叶丙二醛含量及抗氧化酶活性的影响

Fig.5 Effects of different treatments on malondialdehyde content and antioxidant enzyme activities of tobacco leaves under simulated drought stress

## 2.3 促生抗旱微生物对烟草根际土壤的影响

### 2.3.1 促生抗旱微生物对根际土壤含水率的影响

模拟干旱胁迫下,不同处理土壤含水率的变化如表 3 所示。从表中可以看出,干旱处理前,各处理烟草根际土壤含水率均保持在 30.00% 左右,差异不显著。随着干旱时间的延长,各处理土壤含水率均有所下降,干旱处理 14 d, L5N1、S2-1 和 LS 处理土壤含水率显著高于 CK, LS 处理和 S2-1 处理根际土壤含水率显著高于 L5N1 处理和 CK; 干旱胁迫 21 d 时, CK 根际土壤含水率降至 11.36%, 而 LS 处理保持在 18.54%, 较 CK 提高 63.20%。相较于干旱初期, CK、L5N1、S2-1 和 LS 处理的土壤含水率分别下降 62.41%、58.81%、42.33% 和 39.33%, 其中 LS 处理降幅最小, 表现出较好的持水稳定性。

表 3 烟草根际土壤含水率

Table 3 The rhizosphere soil moisture content of tobacco

处理	不同干旱胁迫时间处理下土壤含水率 (%)			
	0 d	7 d	14 d	21 d
CK	30.22±0.56a	26.87±0.77a	19.05±0.73c	11.36±0.93c
L5N1	30.03±0.41a	26.02±0.63ab	21.57±0.70b	12.37±0.85c
S2-1	29.70±0.71a	25.69±0.14b	23.77±0.60a	17.11±1.29b
LS	30.56±0.62a	26.50±0.38ab	24.78±0.50a	18.54±0.67a

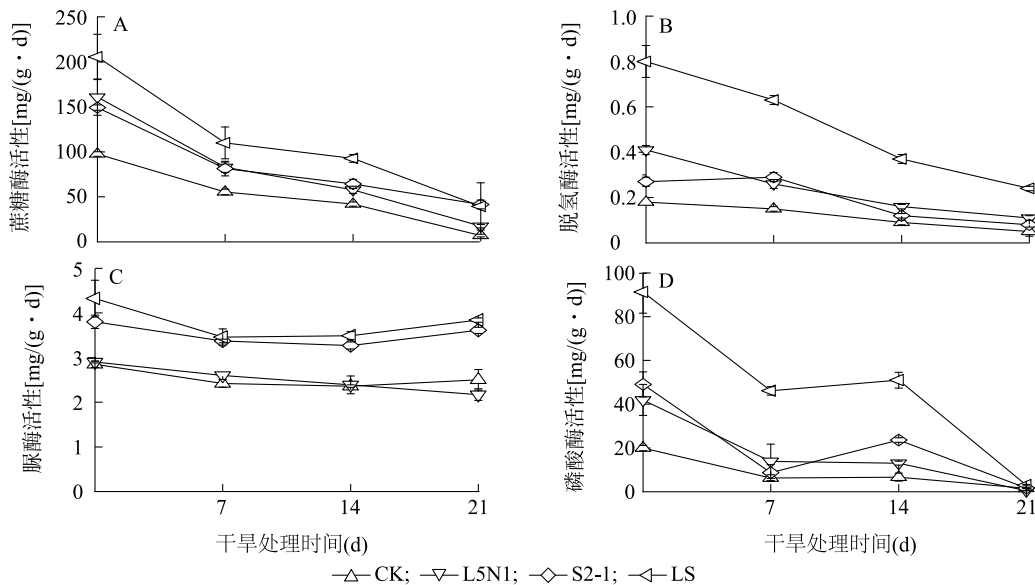
CK、L5N1、S2-1、LS 见图 3 注。同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。

### 2.3.2 促生抗旱微生物对土壤酶活性的影响

不同促生抗旱微生物处理对土壤酶活性的影响如图 6 所示。从图中可以看出,随着干旱处理时间的延长,不同处理蔗糖酶活性、脱氢酶活性、脲酶活性和磷酸酶活性总体呈下降趋势。干旱胁迫处理 0~14 d,

L5N1、S2-1 和 LS 处理土壤蔗糖酶活性、脱氢酶活性和磷酸酶活性均显著高于 CK。干旱处理 21 d 时, LS 处理蔗糖酶活性、脱氢酶活性、脲酶活性和磷酸酶活性分别比 CK 提高 457.14%、416.91%、53.54%、93.80%。上述结果说明, 干旱胁迫下, 土壤酶活性受到抑制, 导致土壤碳水化合物分解减缓、

尿素分解速度减慢、微生物代谢能力下降和磷素供应不足, 但施用 L5N1、S2-1 和 LS 可有效提高土壤酶活性, 缓解因干旱导致的土壤酶活性下降, 改善土壤环境, 从而促进烟草植株对养分的吸收与利用, 增加烟草植株对干旱胁迫的适应能力。



CK、L5N1、S2-1、LS 见图 3 注。

图 6 不同处理对植烟土壤酶活性的影响

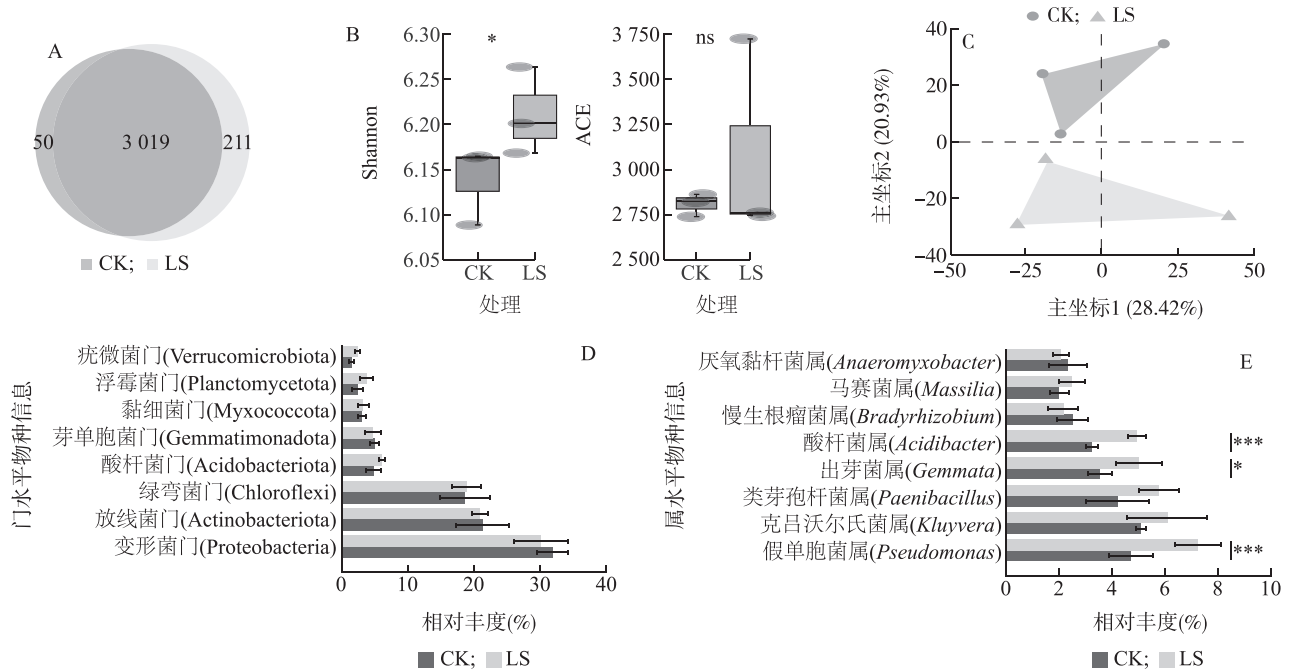
Fig.6 Effects of different treatments on enzyme activities in tobacco-planting soils

#### 2.4 促生抗旱微生物对烟草根际细菌群落的影响

模拟干旱胁迫处理 21 d, CK 与 LS 处理烟草根际土壤细菌群落差异如图 7 所示。CK 和 LS 处理土壤微生物共有的 ASV 数量为 3 019 个, CK 特有的 ASV 数量为 50 个, LS 处理特有的 ASV 数量为 211 个(图 7A), 这些特有菌群可能与烟草抗旱能力提升密切相关。与 CK 相比, LS 处理能显著提升土壤微生物 Shannon 多样性指数, 但物种丰富度(ACE 指数)差异不显著, 这说明 LS 处理主要通过优化群落结构的均匀性和功能多样性, 而非简单增加物种数量, 实现根际微生物功能的增强与优化(图 7B)。细菌群落主坐标分析(PCoA)结果显示, CK 和 LS 处理微生物群落结构出现明显分化, 说明 LS 处理能显著改变烟草根际微生物群落结构(图 7C)。

门水平上, CK 与 LS 处理细菌主要菌门组成保持较高一致性, 且差异不显著, 变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)和绿弯菌门

(Chloroflexi)是烟草根际的主要优势菌门。这说明干旱胁迫下土壤微生物菌群在门水平上保持了较高的结构稳定性(图 7D)。属水平上, LS 处理相对丰度较高的菌属分别为假单胞菌属(*Pseudomonas*)、克吕沃尔氏菌属(*Kluyvera*)、类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)和酸杆菌属(*Acidibacter*)。CK 相对丰度较高的菌属依次为克吕沃尔氏菌属(*Kluyvera*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)、出芽菌属(*Gemmata*)和酸杆菌属(*Acidibacter*), 且 LS 处理假单胞菌属(*Pseudomonas*)、出芽菌属(*Gemmata*)、酸杆菌属(*Acidibacter*)细菌的相对丰度显著或极显著高于 CK。假单胞菌属(*Pseudomonas*)和酸杆菌属(*Acidibacter*)细菌通常具备分泌吲哚乙酸(IAA)、产生 ACC 脱氢酶、促进胞外多糖合成、提升营养元素利用率等多重功能, 有助于增强植物根系活力、提升水分和养分吸收能力, 从而提高植株对于干旱胁迫的适应性<sup>[26]</sup>。



CK、LS 见图 3 注。A: CK 和 LS 处理土壤微生物 Venn 图; B: CK 和 LS 处理 Shannon 指数和 ACE 指数; C: CK 和 LS 处理土壤微生物主坐标分析; D: CK 和 LS 处理土壤微生物门水平差异; E: CK 和 LS 处理土壤微生物属水平差异; \*、\*\*\* 分别表示在 0.05、0.001 水平差异显著。

图 7 CK 和 LS 处理烟草根际细菌群落结构差异

Fig. 7 Difference in bacterial community structure in tobacco rhizosphere under CK and LS treatments

### 3 讨论

#### 3.1 促生抗旱复合菌群的协同效应

植物根际微生物能够提高作物对干旱等非生物胁迫的耐受性,维持逆境条件下的稳定产量。现有研究多集中于单一功能菌株在改善植物水分利用效率、调节植物激素水平或促进养分有效利用等方面的应用<sup>[6,11,27]</sup>。单一菌株往往功能比较单一,而将具有不同功能特性且无拮抗的菌种制备成复合菌剂则能起到功能互补的增效作用。接种解磷菌与根瘤菌的复合菌剂能显著促进大豆和紫云英的生长<sup>[28]</sup>,产 ACC 脱氨酶的根际促生菌与丛枝菌根真菌混合接种比单一菌剂接种,更有助于提高旱地小麦根系活力和水分利用效率<sup>[29]</sup>。本研究从中国典型干旱烟草种植区筛选得到促生能力(溶磷能力和产 IAA 能力)较强的 LSN1 菌株和抗旱能力(产铁载体能力和产 ACC 脱氨酶能力)较强的 S2-1 菌株,通过不同菌株及复合菌株的灌根处理,发现复合菌株的溶磷能力、IAA 合成能力、产 ACC 脱氨酶能力及产铁载体能力均显著高于单一菌株处理,复合菌群在降低叶片 MDA 含量、渗透调节物质含量、抗氧化酶活

性,提高土壤蔗糖酶活性、脲酶活性和酸性磷酸酶活性等方面比单一菌液更有优势,即复合菌群通过菌株间的功能互补与协同作用能显著提升在干旱胁迫环境下烟草植株的抗旱能力。

#### 3.2 促生抗旱微生物对烟草抗旱性的调控作用

干旱胁迫条件下,植物通常通过积累脯氨酸、可溶性糖和可溶性蛋白等渗透调节物质来调节细胞渗透压,从而维持水分吸收和细胞膨压,保护蛋白质和膜系统结构不受破坏<sup>[6]</sup>。本研究发现,LS 处理烟草叶片中脯氨酸含量和可溶性糖含量显著低于 CK,而可溶性蛋白含量高于 CK,同时持续断水 21 d 后,LS 处理组烟草根际土壤含水率最高,说明 LS 处理主要通过改善根际水分并促进吸水,缓解植物面临的生理干旱,而非依赖被动渗透调节,从而降低对脯氨酸和可溶性糖积累的需求。田方等<sup>[30]</sup>研究指出,渗透调节物质的积累虽能提供短期保护,但往往伴随能量代谢负担。若植物能通过更本质的调控机制减少胁迫感知,则可能表现出更高的能量利用效率和更稳定的生长状态。

植株 MDA 含量和抗氧化酶(SOD、POD、CAT)活性的变化是作物对逆境胁迫响应的重要指标。本

研究表明,干旱胁迫14~21 d, LS处理烟草叶片MDA含量、抗氧化酶(SOD、POD、CAT)活性整体显著低于CK,说明LS处理能减轻膜脂过氧化程度,增强细胞膜系统稳定性。与常见的逆境处理提高作物植株抗氧化酶活性不同,本研究中胁迫处理后期,LS处理烟草叶片SOD、POD和CAT活性均显著低于CK,这进一步证明LS处理并非单纯依赖增强酶活提高活性氧(ROS)清除能力,而是通过降低干旱初期植株体内活性氧的原始积累量,从根本上减轻烟草植株的氧化胁迫负荷。这可能得益于LS处理能建立优良的根际微环境,促进铁吸收、增强光合能力和激素平衡,从源头减少ROS的大量生成<sup>[29]</sup>。此外,功能菌群间的代谢协同也可能通过产生抗氧化小分子物质或调节植株信号通路,降低活性氧的积累量。

本研究还发现,LS处理不仅能显著提升烟草植株的生物量,还能保持根际土壤较高的含水率,这表明,LS处理不仅能增强烟草植株的抗旱能力,还能通过调控土壤理化特性,改善土壤保水性能。这可能与促生微生物分泌胞外多糖,增强土壤团聚体结构,提升毛管水的保持能力,从而有效减缓水分蒸发与深层渗漏相关<sup>[28]</sup>。

### 3.3 促生抗旱微生物对根际微生物群落的重塑作用

植物根际特异细菌的富集,有利于提升植物建立复杂、高效的互作网络,提升对非生物胁迫的整体适应性<sup>[31-32]</sup>。本研究中,LS处理能在土壤中特异性富集假单胞菌属(*Pseudomonas*)、克吕沃尔氏菌属(*Kluyvera*)、类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)和酸杆菌属(*Acidibacter*)等多种具有重要促生功能的菌属。其中,假单胞菌属(*Pseudomonas*)能够分泌IAA等植物激素,显著促进根系生长发育,从而提高植物对水分和养分的吸收效率;克吕沃尔氏菌属(*Kluyvera*)则通过调节植物体内ABA等激素平衡,帮助植物更好地适应干旱环境;类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)可诱导植物产生系统抗性,增强其对干旱等非生物胁迫的抵抗能力;而酸杆菌属(*Acidibacter*)则通过促进植物对磷、钾等关键营养元素的吸收,为植物抗旱提供必要的物质基础<sup>[33-34]</sup>。

## 4 结论

从典型干旱烟区烟草根际土壤中筛选得到促生抗旱菌L5N1和S2-1,分别鉴定为居中克吕沃尔氏

菌(*Kluyvera intermedia*)和亚麻假单胞菌(*Pseudomonas lini*)。L5N1、S2-1及其复合菌液(LS)灌根处理均可显著提高烟草的农艺性状,LS处理株高、茎粗、最大叶面积和鲜重分别比无菌水对照(CK)提高62.66%、33.87%、103.71%和115.90%。LS处理能减少烟叶MDA含量,减轻膜脂过氧化的程度。干旱胁迫下,LS处理能提升植烟土壤的含水率和酶活性,并提高假单胞菌属(*Pseudomonas*)和酸杆菌属(*Acidibacter*)等根际有益微生物的相对丰度,优化根际土壤微环境,提升烟草抗旱能力。

### 参考文献:

- [1] 李 佳,刘 涛,马菊莲,等. 烟草响应干旱胁迫与抗旱遗传育种研究进展[J]. 江苏农业科学,2023,51(8):34-43.
- [2] HU Z R, HE Z X, LI Y Y, et al. Transcriptomic and metabolic regulatory network characterization of drought responses in tobacco [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 13:1067076.
- [3] 陆晓娟,王芝兰,张金玉,等. 海温和MJO对2023年西南春旱的协同影响[J]. 干旱气象,2024,42(2):166-179.
- [4] WANG P T, LIU W C, HAN C, et al. Reactive oxygen species: multidimensional regulators of plant adaptation to abiotic stress and development[J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66(3):330-367.
- [5] BOGATI K, WALCZAK M. The impact of drought stress on soil microbial community, enzyme activities and plants[J]. *Agronomy*, 2022, 12(1):189.
- [6] 伍国强,于祖隆,魏 明. PGPR调控植物响应逆境胁迫的作用机制[J]. 草业学报,2024,33(6):203-218.
- [7] 白 冬,陈 杰,陈建辉,等. 不同干旱年份增施磷对小麦籽粒灌浆动态、蛋白质组分及水分利用率的影响[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版),2024,45(4):65-73.
- [8] 马雪晴,冀傲冉,郑娇莉,等. 植物根际促生菌促生机制及其应用研究进展[J]. 中国农业科技导报(中英文),2025,27(2):13-23.
- [9] 吴 翔,甘炳成,唐 亚,等. 四川烟草主栽区根际促生菌筛选及促生菌系构建[J]. 烟草科技,2019,52(3):1-9.
- [10] ZHANG H, SUN X P, DAI M Q. Improving crop drought resistance with plant growth regulators and rhizobacteria: mechanisms, applications, and perspectives[J]. *Plant Communications*, 2022, 3(1):100228.
- [11] ALI S, KHAN N. Delineation of mechanistic approaches employed by plant growth promoting microorganisms for improving drought stress tolerance in plants [J]. *Microbiological Research*, 2021, 249:126771.
- [12] KAUSHAL M, WANI S P. Plant-growth-promoting rhizobacteria: drought stress alleviators to ameliorate crop production in drylands [J]. *Annals of Microbiology*, 2016, 66(1):35-42.
- [13] SHAFFIQUE S, KHAN M A, IMRAN M, et al. Research progress

- in the field of microbial mitigation of drought stress in plants[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:870626.
- [14] ADMASSIE M, WOLDEHAWARIAT Y, ALEMU T, et al. The role of plant growth-promoting bacteria in alleviating drought stress on pepper plants[J]. *Agricultural Water Management*, 2022, 272: 107831.
- [15] 班宜辉, 莫显通, 王安悦, 等. 甘草根系解磷 DSE 菌株的分离、鉴定及其解磷特性[J]. *西北农业学报*, 2025, 34(7): 1334-1345.
- [16] 黄天姿, 李同祥, 汤薇, 等. 大豆根际土壤产 ACC 脱氢酶细菌的分离与鉴定[J]. *南方农业*, 2022, 16(6): 1-3.
- [17] 杨森, 孙高利, 董兆麟, 等. 一株 *Burkholderia* 细菌的抗植物病原真菌及生物学特性的研究[J]. *西北大学学报(自然科学版)*, 2008, 38(5): 779-782.
- [18] WHITMAN W B, RAINEY F A, KÄMPFER P, et al. 伯杰氏古菌和细菌系统学手册[M/OL]. Hoboken: Wiley, 2015. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/book/10.1002/9781118960608>.
- [19] SAITOU N, NEI M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1987, 4(4): 406-425.
- [20] 国家烟草专卖局. 烟草农艺性状调查测量方法: YC/T 142-2010[S]. 北京: 中国标准出版社, 2010.
- [21] 王学奎. 植物生理生化实验原理和技术[M]. 2版. 北京: 高等教育出版社, 2006.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [23] 关松荫. 土壤酶与土壤肥力[J]. *土壤通报*, 1980, 11(6): 41-44.
- [24] WALTERS W, HYDE E R, BERG-LYONS D, et al. Improved bacterial 16S rRNA gene (V4 and V4-5) and fungal internal transcribed spacer marker gene primers for microbial community surveys[J]. *mSystems*, 2015, 1(1): e00009-15.
- [25] CALLAHAN B J, MCMURDIE P J, ROSEN M J, et al. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data[J]. *Nature Methods*, 2016, 13(7): 581-583.
- [26] PANDA S K, DAS S. Potential of plant growth-promoting microbes for improving plant and soil health for biotic and abiotic stress management in mangrove vegetation[J]. *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology*, 2024, 23(3): 801-837.
- [27] YANG B, WEN H W, WANG S S, et al. Enhancing drought resistance and yield of wheat through inoculation with *Streptomyces pactum* Act12 in drought field environments[J]. *Agronomy*, 2024, 14(4): 692.
- [28] 胡倡, 李慧明, 伍惠, 等. 解磷菌和根瘤菌复合接种对大豆和紫云英共生固氮的影响[J]. *华中农业大学学报*, 2020, 39(4): 38-45.
- [29] REHMAN M M U, ZHU Y, ABRAR M, et al. Moisture-and period-dependent interactive effects of plant growth-promoting rhizobacteria and AM fungus on water use and yield formation in dryland wheat[J]. *Plant and Soil*, 2024, 502(1): 149-165.
- [30] 田方, 陈锡, 王普昶, 等. 微生物菌剂对白刺花苗期抗旱酶系及生理生化指标的影响[J]. *植物生理学报*, 2022, 58(2): 435-446.
- [31] LI X P, XIAO R X, TAO Y F. Enhancing plant stress resilience and agricultural sustainability through rhizosphere microbiome optimization[J/OL]. *Plant and Soil* [2025-03-10]. <https://doi.org/10.1007/s11104-025-07359-w>.
- [32] 郑昕雨, 陈鹏, 韩金吉, 等. 冻融循环对土壤团聚体与微生物特性影响研究进展[J]. *江苏农业学报*, 2023, 39(4): 1080-1088.
- [33] 邓心婕, 魏赛金. 内生菌提高宿主植物抗旱性研究进展[J]. *生物灾害科学*, 2025, 48(1): 128-133.
- [34] 聂梦果, 李朋发, 蒋建东. 根际微生物协助植物抵御极端土壤水分胁迫研究进展[J/OL]. *应用与环境生物学报* [2025-03-10]. <https://doi.org/10.19675/j.cnki.1006-687x.2024.11022>.

(责任编辑: 石春林)