

李 洁, 宋子微, 韩 倩, 等. 耐旱促生复合菌群的构建及其对于旱胁迫下作物的促生作用[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(2): 314-324.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.02.010

耐旱促生复合菌群的构建及其对于旱胁迫下作物的促生作用

李 洁, 宋子微, 韩 倩, 于小喧, 孟庆欣, 莫继先

(齐齐哈尔大学生命科学与农林学院, 黑龙江 齐齐哈尔 161006)

摘要: 为了应对干旱胁迫对农作物的威胁, 本研究从黑龙江省齐齐哈尔市梅里斯达斡尔族区受风蚀影响出现土壤沙化现象的农田土壤中分离并筛选多株耐旱促生菌株。耐旱能力分析结果显示, 筛选出的菌株中 N1、N6、N8、K5、J7 表现较好; 促生能力分析结果显示, 筛选出的菌株具有溶磷、解钾、产铁载体和分泌吲哚乙酸 (IAA) 等多种植物促生特性。通过拮抗试验和玉米促生试验确定了普里斯特菌属细菌 N6 菌株 (*Priestia* sp. N6)、芽孢杆菌属细菌 N8 菌株 (*Bacillus* sp. N8)、假单胞菌属细菌 K5 菌株 (*Pseudomonas* sp. K5) 和不动杆菌属细菌 J7 菌株 (*Acinetobacter* sp. J7) 为优选菌株, 用于构建复合菌群 DSM。施用复合菌群 DSM 对于旱胁迫下绿豆和小麦的生长产生了积极作用, 与 CK 相比, 两种作物株高、苗鲜重、苗干重、根长、根鲜重及叶绿素含量都显著提升, 根冠比分别下降了 34.04% 和 40.63%。此外, 复合菌群 DSM 还显著提高了绿豆和小麦叶片中超氧化物歧化酶 (SOD)、过氧化物酶 (POD) 和过氧化氢酶 (CAT) 等抗氧化酶活性, 降低了土壤 pH, 提高了土壤速效磷和速效钾含量。本研究构建的复合菌群为干旱地区农业可持续发展提供了新方案。

关键词: 耐旱促生复合菌群; 干旱胁迫; 绿豆; 小麦; 促生作用

中图分类号: S154.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2026)02-0314-11

Construction of drought-tolerant and growth-promoting microbial communities and their growth-promoting effects on crops under drought stress

LI Jie, SONG Ziwei, HAN Qian, YU Xiaoxuan, MENG Qingxin, MO Jixian

(College of Life Sciences and Agriculture and Forestry, Qiqihar University, Qiqihar 161006, China)

Abstract: In response to the threat of drought stress to crops, this study isolated and screened multiple drought-tolerant and plant-growth-promoting bacterial strains from the farmland soils in the Meilisi Daur District of Qiqihar City, Heilongjiang province, where wind erosion has led to soil desertification. The results of the drought tolerance analysis showed that strains N1, N6, N8, K5, and J7 performed well. Analysis of plant-growth-promoting traits revealed that the selected strains exhibited multiple beneficial properties, such as phosphate solubilization, potassium mobilization, siderophore production, and secretion of indole-3-acetic acid (IAA). Through antagonism assays and maize growth promotion experiments, *Priestia* sp. N6, *Bacillus* sp. N8, *Pseudomonas* sp. K5, and *Acinetobacter* sp. J7 were identified as the preferred strains for the construction of the synthetic microbial community DSM. The application of DSM exerted positive effects on the growth of mung beans and wheat under drought stress. Compared with the control (CK), both crops showed

收稿日期: 2024-12-05

基金项目: 黑龙江省省属高等学校基本科研业务费项目(145409453)

作者简介: 李 洁 (1998-), 女, 山东济宁人, 硕士研究生, 研究方向是资源环境微生物学。(E-mail) joyceleepp@163.com

通讯作者: 莫继先, (E-mail) mojixian8208@sina.com

significant increases in plant height, seedling fresh weight, seedling dry weight, root length, root fresh weight and chlorophyll content, while the root-to-shoot ratio decreased by 34.04% and 40.63%, respectively. Additionally, the application of DSM significantly enhanced the activities of

antioxidant enzymes, including superoxide dismutase (*SOD*), peroxidase (*POD*), and catalase (*CAT*), in the leaves of mung beans and wheat. It also reduced soil pH and increased the content of available phosphorus and available potassium in the soil. The synthetic microbial community constructed in this study provides a new strategy for sustainable agricultural development in arid regions.

Key words: drought-tolerant and plant-growth-promoting synthetic microbial community; drought stress; mung bean; wheat; growth-promoting effect

随着社会工业化进程的加速推进,煤炭、石油和天然气等石化燃料的大规模消耗,致使温室气体排放量不断增加,温室效应越发严重。联合国气候变化委员会(IPCC)发布的《气候变化 2023》报告明确指出,不断上升的温室气体排放已造成全球变暖,并衍生出一系列毁灭性后果,其中强风、高温和干旱等极端天气频发,给农业生产带来巨大冲击^[1-2]。干旱引起的土地沙漠化是导致植被退化和水土流失的主要原因^[3-4]。干旱对植物生长发育的影响不容忽视,一方面,干旱会减缓植物细胞分裂速率,降低叶绿素合成速率,并促使气孔关闭^[5-6],进而削弱叶片的光合作用效率,阻碍植物的正常生长;另一方面,土壤干旱会导致植物细胞内活性氧(ROS)等有害物质大量积累,致使细胞膜结构受损,叶片中过氧化氢和超氧阴离子水平升高^[7],这种氧化应激反应的加剧打破了植物细胞内的动态平衡,最终导致农作物减产,严重威胁全球粮食安全^[8]。值得关注的是,植物体内的抗氧化酶系统,如超氧化物歧化酶(*SOD*)、过氧化物酶(*POD*)和过氧化氢酶(*CAT*)等能够有效清除活性氧自由基,保护细胞免受氧化损伤,在缓解逆境胁迫对植物的伤害方面发挥着重要作用^[9]。

耐旱菌是一类能在缺水干旱环境中生存、繁殖的微生物。因其对生态环境破坏性小,不仅可以缓解植物干旱胁迫,还能调节和修复土壤生态环境^[10],故而在环境友好背景下,探究微生物对植物干旱胁迫下植物生长的影响意义重大。研究结果显示,施用耐旱菌可有效提升植物叶片抗氧化酶活性^[11],减轻干旱胁迫对植物生长的负面影响,进而促进植物生长。例如,李雪梅等^[12]从干旱区植物根际土壤中分离出 37 株菌株,经耐旱能力测定和种子萌发试验发现,枯草芽孢杆菌 YB6 菌株能显著促进干旱胁迫下紫花苜蓿种子萌发和植株生长。陈秦等^[13]对比放线菌和保水剂对棉花幼苗耐旱性的作用,结果表明菌剂处理的棉花发芽率、真叶数量及幼苗生物量均优于保水剂处理。李安等^[14]研究发现,

干旱胁迫会显著抑制植物叶片中超氧化物歧化酶(*SOD*)、过氧化物酶(*POD*)和过氧化氢酶(*CAT*)活性,而枯草芽孢杆菌处理后,植物抗氧化酶活性得以恢复,细胞损伤减轻,玉米种子萌发得到促进。舒健虹等^[15]对耐旱菌处理后的玉米根系进行转录组分析,结果表明阿氏芽孢杆菌 R60 菌株可调控根系多种基因表达,激活信号转导途径,增强植株耐旱能力。此外,阿氏芽孢杆菌 R60 菌株还能影响土壤营养元素与肥力。冯海萍等^[16]的研究结果表明,施用菌剂可显著改变土壤 pH,增加土壤中速效磷和速效钾含量。不过,现有研究表明,单一菌株的耐旱效果及其对干旱胁迫下作物的促生长作用存在局限性。相比之下,复合菌群凭借菌株间的相互作用,显著增强了环境适应能力,不仅提升了菌群自身耐旱性,还能充分发挥各菌种的作物促生作用,进一步提高作物抵御干旱胁迫的能力。

本研究旨在筛选多株具有作物促生作用的耐旱菌并构建复合菌群,通过分析复合菌群对干旱条件下土壤速效养分及农作物生长的影响,明确耐旱复合菌群对干旱胁迫下作物的促生作用,为耐旱菌群的构建和应用提供理论依据及技术支持,为干旱地区农业可持续发展提供菌种资源。

1 材料与方 法

1.1 材料与培养基

本研究土壤样品采集于黑龙江省齐齐哈尔市梅里斯达斡尔族区受风蚀影响出现土壤沙化现象的农田。LB 培养基:胰蛋白胨 10.00 g、酵母浸膏 5.00 g、NaCl 10.00 g、pH 7.0,去离子水 1 000 mL。PKO 无机磷培养基:葡萄糖 10.00 g、Ca₃(PO₄)₂ 5.00 g、(NH₄)₂SO₄ 0.50 g、NaCl 0.20 g、KCl 0.20 g、MgSO₄·7H₂O 0.30 g、MnSO₄ 0.03 g、FeSO₄·7H₂O 0.03 g、酵母浸膏 0.50 g,去离子水 1 000 mL,pH 7.0。解钾培养基:蔗糖 10.00 g、(NH₄)₂SO₄ 0.20 g、MgSO₄ 0.50 g、NaCl 0.10 g、CaCO₃ 0.10 g、钾长石粉 5.00 g,

去离子水1 000 mL,pH 7.2。Kings 培养基:胰蛋白胨 20.00 g、 K_2HPO_3 1.50 g、 $MgSO_4$ 1.50 g、蒸馏水1 000 mL,pH 7.2。MKB 培养基:酪蛋白氨基酸 5.00 g、 K_2HPO_4 2.50 g、 $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 2.50 g、甘油 15 mL,去离子水1 000 mL,pH 7.2。

1.2 试验方法

1.2.1 耐旱促生菌的分离纯化与耐旱能力分析

称取土壤样品 5.00 g 接入装有 45 mL 无菌水的 150 mL 锥形瓶中,添加质量浓度为 25% 的聚乙二醇-6000 (PEG-6000) 模拟干旱条件^[17]。28 °C, 120 r/min 恒温振荡 72 h,取菌悬液稀释涂布于 LB 固体培养基,37 °C 恒温培养 72 h。挑选菌落形态较大的优势菌种,运用平板划线法对菌株进行纯化。纯化后通过染色操作观察其细胞形态。完成鉴定与观察后分别采用 4 °C 斜面保存法和 -80 °C 甘油保存法对菌株进行长期保藏,以维持菌种活性与纯度。将初筛得到的 9 株菌株及实验室原有的假单胞菌属 K5 菌株分别接种到 LB 液体培养基中,28 °C、120 r/min 振荡培养 48 h,3 500 r/min 离心 5 min,用去离子水稀释至 OD_{600} 为 0.8 时作为种子液,按照 1% 的接种量分别接种至含有质量浓度 15% PEG-6000 和 30% PEG-6000 的 LB 液体培养基中培养,培养条件是 28 °C、120 r/min,分别在 24 h、48 h、72 h 和 96 h 测定其 OD_{600} 值。

1.2.2 耐旱促生菌植物促生特性分析 将 10 株菌株分别接种到 PKO 无机磷培养基、解钾培养基、Kings 培养基和 MKB 培养基中 28 °C 培养 72 h,进行解磷、解钾、产铁载体能力和分泌吲哚乙酸 (IAA) 能力分析。采用钼锑抗比色法^[18] 测定各菌株解磷能力;采用火焰分光光度计测定各菌株解钾能力^[19];采用 CAS 检测法测定各菌株铁载体合成能力^[19];采用 Salkowski 比色法测定各菌株分泌 IAA 能力^[20]。

1.2.3 耐旱促生菌的拮抗试验 采用改进的滤纸片法测定菌株间是否存在抑制作用。取 100 μ L 各菌株种子液分别涂布于独立平板上,再将灭菌后的 10 个滤纸片均匀放置于每个平板表面,将 10 株待测菌液分别吸取 20 μ L 注入灭菌滤纸片上,28 °C 条件下培养 72 h,观察抑菌情况,如出现抑菌圈则表示两菌株间具有拮抗作用。

1.2.4 16S rDNA 基因测序 菌种的 16S rDNA 基因测序工作由上海生工生物工程公司进行。采用通用引物 27F 和 1492R 进行 PCR 扩增。将测序结果于

NCBI 数据库中进行同源性比对,使用 MEGA 7.0 构建系统进化树,并将序列上传至 GenBank 获得菌株登录号。

1.2.5 耐旱促生菌菌群的构建 将无拮抗作用的 7 株菌株进行组合试验以确定最终的复合菌群。试验设置 9 个处理,不喷施菌群的为对照 (CK),其余 8 个处理分别命名为 DS1~DS8,DS1 处理为 7 株耐旱促生菌 ($OD_{600} = 0.8$) 等体积混合,DS2 至 DS8 处理是在 DS1 处理的基础上每次剔除 1 株耐旱促生菌后得到的菌群组合。构建的 8 个菌群组合分别等体积喷施玉米幼苗根部,并按盆栽试验方法进行后续处理。通过测定玉米生理指标确定优势菌株并构建耐旱促生菌群,命名为 DSM,进一步通过后续的绿豆和小麦盆栽试验分析复合菌群的功能。

1.2.6 盆栽试验及理化指标测定 用 3% 次氯酸钠溶液将玉米、绿豆和小麦种子浸泡 5 min,再用去离子水清洗后在 75% 乙醇中浸泡 5 min,用无菌水洗涤 3 次浸种催芽 24 h 后进行盆栽试验。称取 800 g 土壤,挑选发芽势相同的种子均匀播种,每个处理重复 3 次,采用烘干称重法计算土壤含水量来补充水分并使土壤含水量保持在 15%。在盆栽试验的当天、第 7 d 和第 14 d 每个花盆分别喷洒复合菌液 50 mL,于第 21 d 测定植物形态指标和土壤理化性质。用直尺测量株高和根长。完整取出植株根部在水中轻轻涮掉根系表面上的土后测定玉米和绿豆主根长作为根长指标,测量小麦最长须根长作为根长指标。分别测定 3 种作物地下部分鲜重和地上部分鲜重,计算根冠比。分别将玉米、绿豆和小麦整株幼苗 105 °C 杀青 30 min,80 °C 烘干至恒重后称重。3 种作物的叶绿素含量采用比色法测定,超氧化物歧化酶 (SOD) 活性采用氮蓝四唑反应法^[10]测定,过氧化氢酶 (CAT) 活性采用过氧化氢法^[21]测定,过氧化物酶 (POD) 活性采用愈创木酚法^[22]测定。土壤速效磷含量采用 Olsen 法^[23]测定,土壤速效钾含量采用 FP6410 型火焰光度计^[23] [上海仪电 (集团) 有限公司产品] 测定,土壤含水量采用干燥法^[23]测定,按 1.0 : 2.5 的水土质量比混合后用 pH 计测定 pH 值。

1.3 数据处理

采用 Microsoft Excel 2017 软件对数据进行整理统计,用 SPSS 21.0 软件进行单因素方差分析,用 Origin 软件分析数据并可视化,用 MEGA 7.0 软件构建菌株的系统发育树,所有数据以平均值 \pm 标准差

形式表示($n=3$)。

2 结果与分析

2.1 耐旱促生菌株的分离与纯化

通过分析菌株在不同干旱胁迫下的生长特性筛

选出 10 株耐旱菌株,分别命名为 N1、N4、N5、N6、N8、A5、K5、J7、P1 和 T9。各菌株菌落形态如图 1 所示,菌落均呈圆形且形态均一。其中 N4 和 T9 菌落形态较大,可能与其自身的生长周期有关。N1、N4、N5、N8 菌落呈干燥状态,其余为湿润菌落。

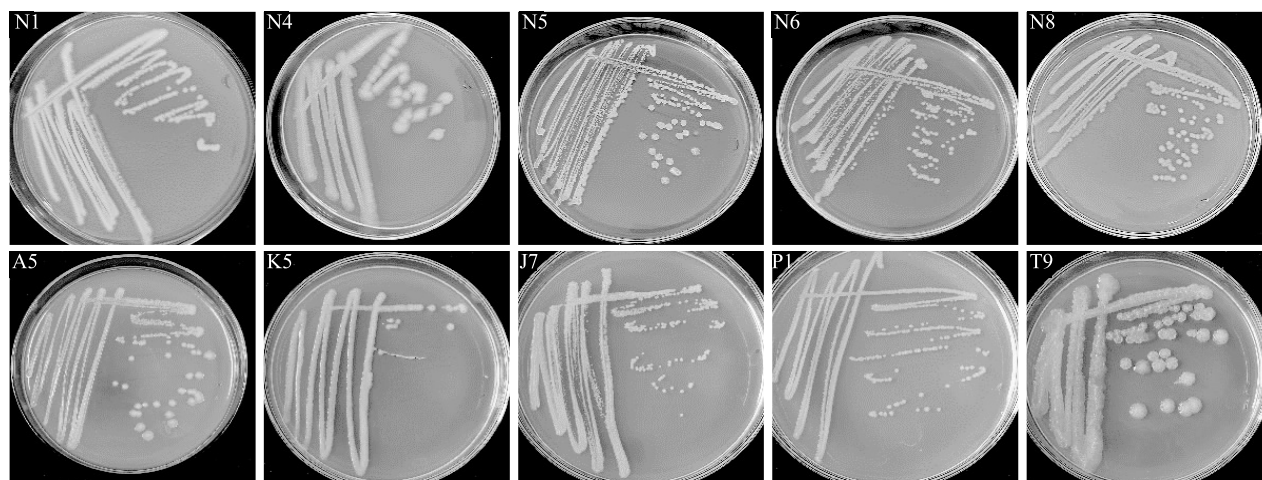


图 1 各菌株在 LB 固体培养基上的菌落形态

Fig.1 Colonial morphology of bacterial strains on LB agar media

2.2 菌株的耐旱能力

筛选到的 10 株耐旱促生菌在含有 15% 质量浓度 PEG-6000 和 30% 质量浓度 PEG-6000 的 LB 培养基中生长情况如图 2 所示。30% 质量浓度 PEG-6000 对菌株生长的抑制作用高于 15% 质量浓度 PEG-6000。在 15% PEG-6000 质量浓度下,各菌株虽然能正常生长,但生长速率有较大差异。培养 24 h 和 48 h(图 2A 和图 2B)菌株 N1、N6 和 N8 的 OD 值显著高于其他菌株($P<0.05$),培养 72 h(图 2C)菌株 N1、N8 的 OD 值显著高于其他菌株($P<0.05$),培养 96 h(图 2D)菌株 N1、N8 的 OD 值显著高于除 P1 之外的其他菌株($P<0.05$),综合 4 个培养时间可知菌株 N1、N6 和 N8 的生长速率较快。30% PEG-6000 质量浓度下,综合 4 个培养时间(图 2E、图 2F、图 2G、图 2H)可知,菌株 N5、T9 和 P1 的生长受到显著抑制,表明这 3 株菌株对重度干旱的耐受能力较差。菌株 N4 和 A5 虽然能够在高浓度 PEG-6000 模拟干旱条件下生长,但在培养至 96 h 时(图 2H),其生长速率显著低于 N1、N8、K5 ($P<0.05$)。综合两个质量浓度 PEG-6000 模拟干旱条件下各耐旱促生菌的耐旱表现,菌株 N1、N6、N8、K5、J7 较优。

2.3 菌株的促生特性

对筛选到的耐旱促生菌株解磷能力、解钾能力、产铁载体能力和分泌 IAA 能力的培养基分析结果(图 3)显示,解磷能力突出的菌株为 N8、J7 和 P1,菌株 N8 的培养基上清液中有效磷含量为 45.04 mg/L(磷标准曲线: $Y=0.5428x+0.0056$)(图 3A)。解钾能力突出的菌株为 N5、N6,菌株 N6 的培养基上清液中 K^+ 含量为 2.04 mg/L(钾标准曲线: $Y=1.0945x-0.1061$)(图 3B)。产 IAA 能力最强的菌株为 N5,培养基上清液中 IAA 质量浓度达到 16.45 mg/L,其次为菌株 N6,培养基上清液中 IAA 质量浓度为 12.99 mg/L,(吲哚乙酸标准曲线: $Y=0.0256x-0.0270$)(图 3C)。合成铁载体能力突出的菌株为 A5、N5 和 K5,含量分别为 41.26%、41.23% 和 39.23%,而菌株 N6 产铁载体能力最弱(图 3D)。

2.4 菌株的拮抗性

10 株菌株的拮抗试验结果如图 4 所示,产生透明抑制圈的代表两种菌株之间具有拮抗作用,从图 4 可见,N1 与 N5、N6 与 N5、N6 与 P1、N6 与 T9、N8 与 N5、T9 与 P1 两种菌株之间存在拮抗作用。结合耐旱促生能力,N5、P1 和 T9 菌株不适合构建耐旱促生菌群,其余 7 株菌株作为构建复合菌群的备用菌种。

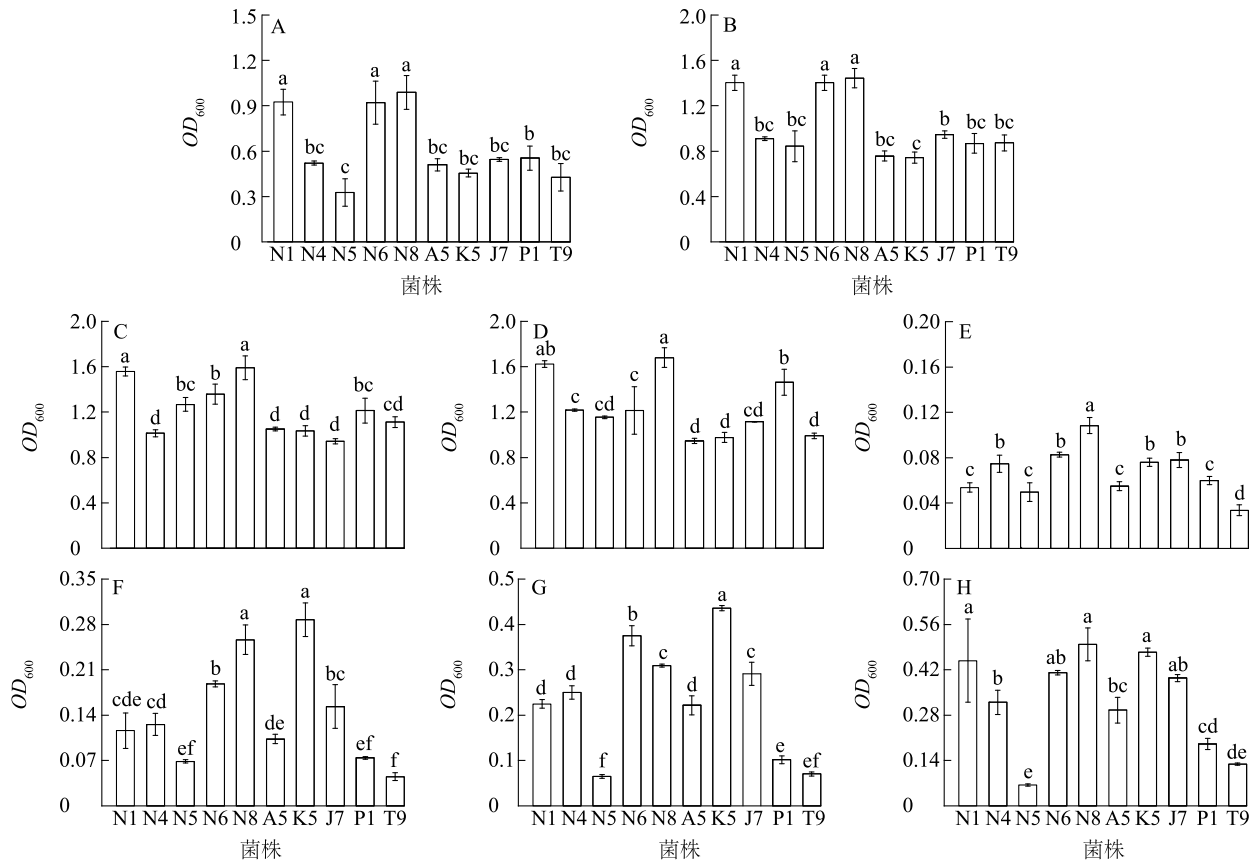
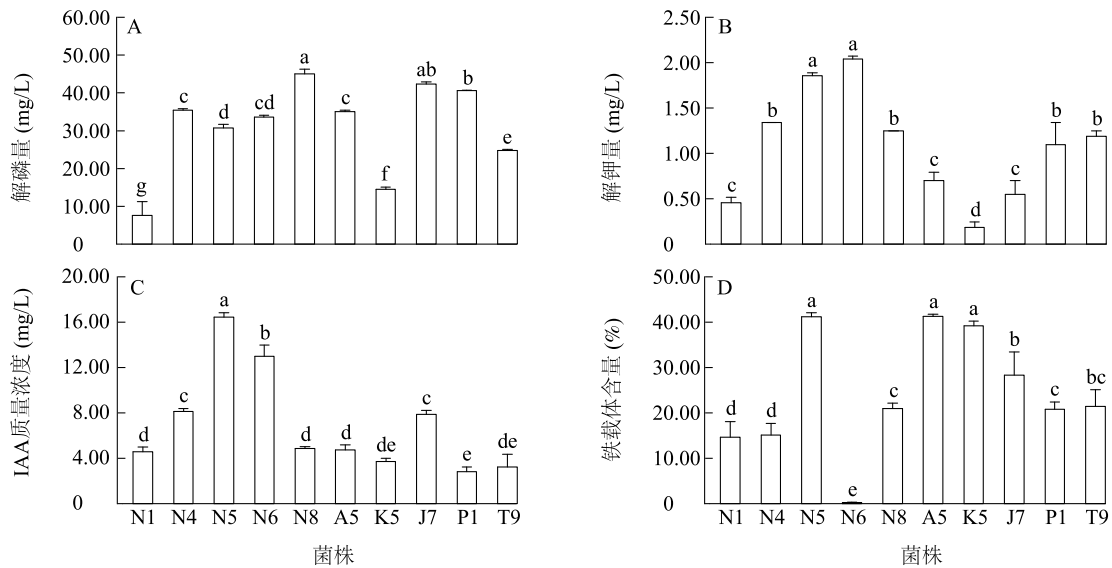


图 A~图 D 依次为 15% PEG-6000 质量浓度下 24 h、48 h、72 h、96 h 不同菌株的 OD 值;图 E~图 H 依次为 30% PEG-6000 质量浓度下 24 h、48 h、72 h、96 h 不同菌株的 OD 值。图柱上不同小写字母表示不同菌株间存在显著差异 ($P < 0.05$)。

图 2 两个 PEG-6000 质量浓度下不同菌株的生长情况

Fig.2 Growth of different bacterial strains under two PEG-6000 mass concentration levels



A:不同菌株解磷量;B:不同菌株解钾量;C:不同菌株产吲哚乙酸(IAA)能力;D:不同菌株合成铁载体能力。图柱上不同小写字母表示菌株间存在显著差异 ($P < 0.05$)。

图 3 不同菌株的促生能力

Fig.3 Plant-growth-promoting capacity of different bacterial strains

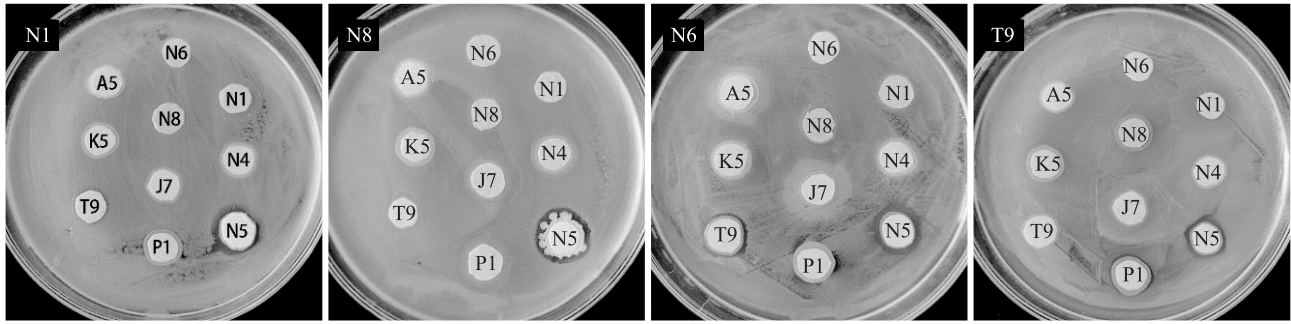


图4 菌株拮抗试验

Fig.4 Bacterial antagonism test

2.5 复合菌群的构建

将选出的7种菌株N8、K5、N1、N6、J7、A5和N4按照表1组合成8个菌群(分别命名为DS1至DS8),然后分别施入试验盆土中,21 d后测定玉米植株生物量(表1)。从表1可知,与CK相比,菌群DS1对玉米株高有显著的促生作用($P < 0.05$),而菌群DS5、DS7和DS8对玉米株高没有显著促进作用($P > 0.05$)。菌群DS5、DS7和DS8中缺少的菌株分别为N8、K5和J7,表明这3株菌具有植物促生作

用。此外,菌群DS2、DS3和DS6中在分别缺少N1、N4和A5菌株的情况下,玉米幼苗株高、鲜重和根长反而显著高于对照,表明N1、N4和A5菌株对玉米幼苗的生长有抑制作用。DS4菌群在缺少菌株N6的情况下玉米幼苗鲜重和干重与CK相比差异不显著,表明N6对玉米生长也有一定促进作用。综上所述,结合菌株耐旱能力、拮抗特性和促生特性,最终确定N6、N8、K5和J7为优选菌株,用于构建复合菌群DSM。

表1 不同菌群对玉米幼苗生长的影响

Table 1 The effects of different microbial communities on the growth of corn seedlings

菌群	菌株组合	玉米株高(cm)	玉米鲜重(g)	玉米干重(g)	玉米根长(cm)	根冠比
CK	-	20.71±0.13d	1.74±0.03de	0.16±0.01bc	7.16±1.21c	0.66±0.03e
DS1	N1/N4/N6/N8/A5/K5/J7	24.12±0.21b	1.87±0.02cde	0.15±0.01c	16.73±1.77ab	0.57±0.01f
DS2	N4/N6/N8/A5/K5/J7	25.67±0.50a	2.23±0.04a	0.22±0.04a	18.47±1.68a	0.70±0.03e
DS3	N1/N6/N8/A5/K5/J7	24.75±0.51ab	2.09±0.06ab	0.18±0.01abc	19.26±0.73a	0.78±0.02c
DS4	N1/N4/N8/A5/K5/J7	22.17±0.26c	1.91±0.02bcd	0.15±0.01c	16.36±2.43a	0.86±0.01b
DS5	N1/N4/N6/A5/K5/J7	21.24±0.69cd	1.71±0.01e	0.14±0.01c	12.96±1.80b	0.74±0.01d
DS6	N1/N4/N6/N8/K5/J7	24.16±1.39b	2.05±0.05abc	0.21±0.02ab	17.65±1.35a	0.56±0.01f
DS7	N1/N4/N6/N8/A5/J7	21.79±0.18cd	1.83±0.15de	0.22±0.01a	18.46±1.75a	0.94±0.02a
DS8	N1/N4/N6/N8/A5/K5	21.70±0.46cd	1.72±0.07e	0.16±0.02bc	20.78±0.57a	0.88±0.02b

CK:对照,不施用菌株。-表示该项无菌株。同列数据后不同小写字母表示不同组间存在显著差异($P < 0.05$)。表中数据为平均值±标准差。

2.6 基于16S rDNA基因的分子生物学鉴定

K5为实验室原有菌株,属于芽孢杆菌属(*Bacillus*)细菌,无需做生物学鉴定。将菌株N6、N8、J7的16S rDNA基因的PCR扩增产物送样测序后,测定3个菌株16S rDNA基因序列长度分别为1444 bp、1449 bp、1418 bp。在GenBank基因库中使用Blastn进行同源性搜索,并通过相似性比对,使用MEGA 7.0软件进行多重比对,构建系统发育树,结果如图5所

示。菌株N6匹配度最高的菌属为普里斯特氏菌属(*Priestia*),相似度在99.77%。菌株N8匹配度最高的菌属为芽孢杆菌属(*Bacillus*),同源程度为99.77%。菌株J7相似性最高的菌属为不动杆菌属(*Acinetobacter*),相似度为99.86%。因此,将菌株N6、N8、J7分别命名为*Priestia* sp. N6、*Bacillus* sp. N8和*Acinetobacter* sp. J7。3株新获得菌株的基因序列上传GenBank获得的登录号分别为PQ606362、PQ606363和PQ606364。

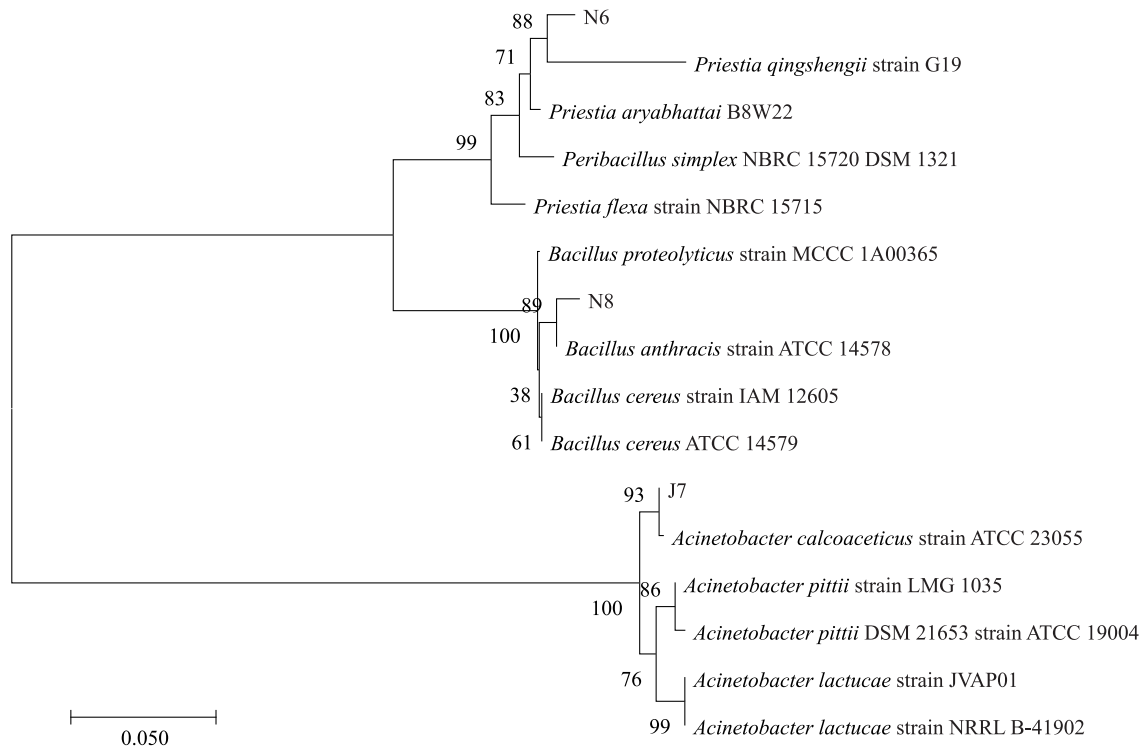


图 5 基于 16S rDNA 基因序列的系统发育树

Fig.5 Phylogenetic tree based on 16S rDNA gene sequences

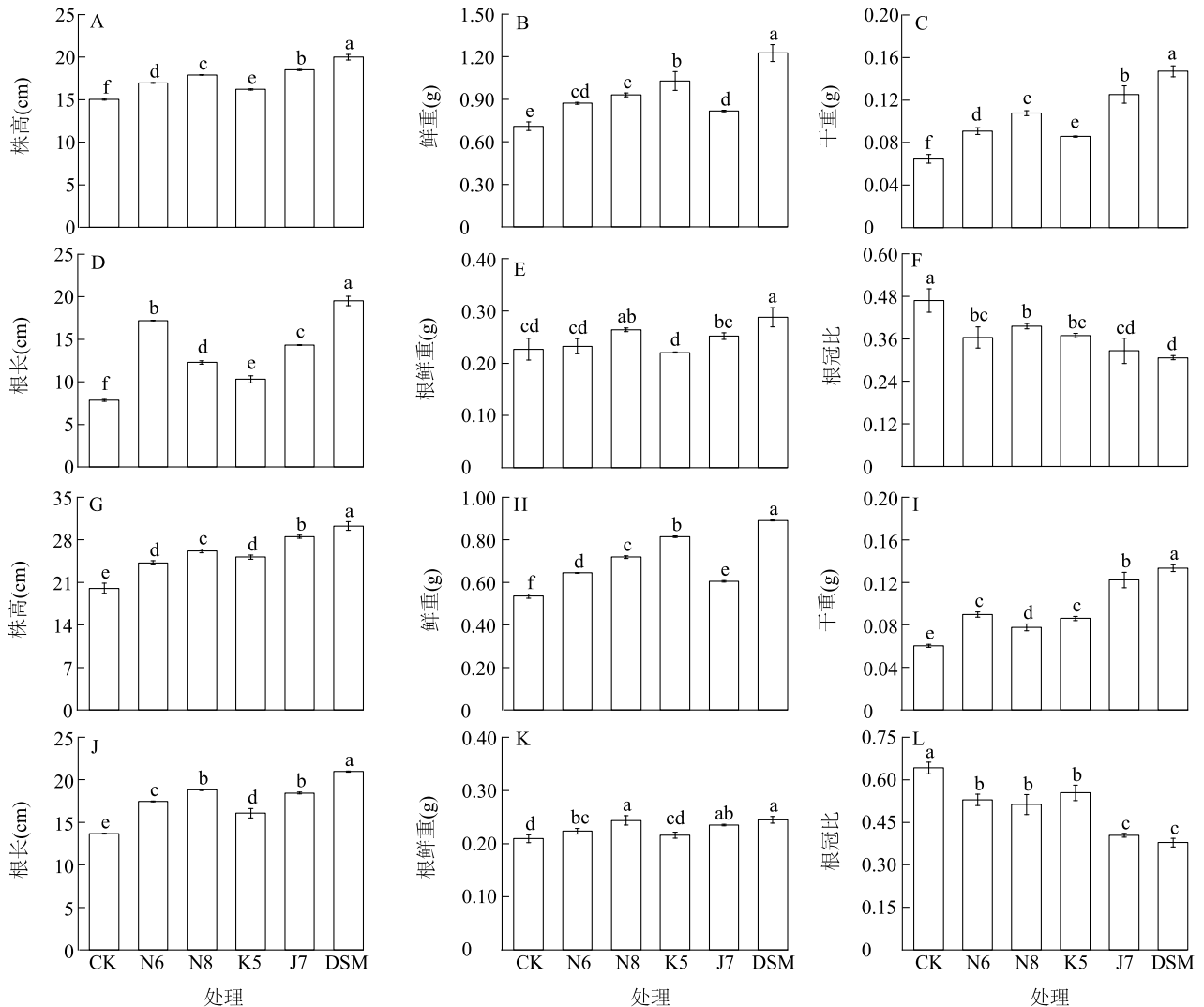
2.7 干旱胁迫下复合菌群对植物生长的影响

分别将 4 株菌株 N6、N8、K5、J7 ($OD_{600} = 0.8$) 及其体积比 1:1:1:1 构建的复合菌群 DSM 施于干旱胁迫条件下绿豆和小麦的盆栽土壤中, 培养 21 d 后测定 2 种作物的生长指标 (图 6)。从图 6 可知, 与 CK 相比, 各处理绿豆苗干重、鲜重、株高及根长均显著增加, 其中 N8 处理和 J7 处理的绿豆株高分别显著增加了 19.15% 和 23.01% ($P < 0.05$), DSM 处理的绿豆株高、苗鲜重和根长分别增加了 33.05%、72.24%、148.97% ($P < 0.05$)。施不同单一菌株和复合菌群对小麦植株的生物量影响同样显著, 与 CK 相比, N8 处理和 J7 处理小麦株高显著增加了 30.83% 和 42.58% ($P < 0.05$), 而 DSM 处理的小麦株高、苗鲜重和根长分别增加了 51.22%、64.84%、53.47% ($P < 0.05$)。不同菌株处理的绿豆和小麦根冠比与 CK 相比均有不同程度降低, 其中 DSM 处理的绿豆和小麦根冠比分别降低了 34.04% 和 40.63%, 表明在干旱环境下 DSM 菌群能够显著增加作物地上部生物量, 对作物有显著促生作用。综上, 复合菌群 DSM 对植物促生作用优于单一菌株。

2.8 干旱胁迫下复合菌群对植物叶片中叶绿素含量和抗氧化酶活性的影响

叶绿素能够帮助植物吸收、传递和转换光能, 为植物生长提供能量。在逆境条件下, 植物叶片中叶绿素含量减少, 会对植物生长产生严重影响^[24]。本研究以不施用菌株为对照 (CK), 4 种单一菌株处理和复合菌群 DSM 处理绿豆和小麦叶片抗氧化酶活性和叶绿素含量如图 7 所示, 从图 7 IV 和图 7 VIII 可见, 与 CK 相比, 干旱胁迫下施单一菌株和复合菌群的 5 个处理都显著提高了绿豆和小麦叶片中叶绿素含量 ($P < 0.05$)。J7 处理的绿豆叶片中叶绿素含量为 1.62 mg/g, 小麦叶片中叶绿素含量为 1.49 mg/g。DSM 处理绿豆和小麦叶片中叶绿素含量分别为 1.69 mg/g 和 1.54 mg/g, 与 CK 相比, 分别增加了 32.03% 和 26.23% ($P < 0.05$), 与 J7 相比, 分别增加了 4.32% 和 3.36% ($P < 0.05$)。结果表明, 在干旱环境下复合菌群可显著促进植物叶片中叶绿素含量的增加。

抗氧化酶活性是衡量植物细胞抗胁迫能力的重要指标, 其活性越高表明植物的抗胁迫能力越强。



A: 绿豆株高; B: 绿豆鲜重; C: 绿豆干重; D: 绿豆根长; E: 绿豆根鲜重; F: 绿豆根冠比; G: 小麦株高; H: 小麦鲜重; I: 小麦干重; J: 小麦根长; K: 小麦根鲜重; L: 小麦根冠比。CK: 不施用菌株对照, N6、N8、K5、J7 分别为单一菌株处理, DSM: 复合菌群处理。

图 6 绿豆和小麦幼苗的生物量

Fig.6 Biomass of mung bean and wheat seedlings

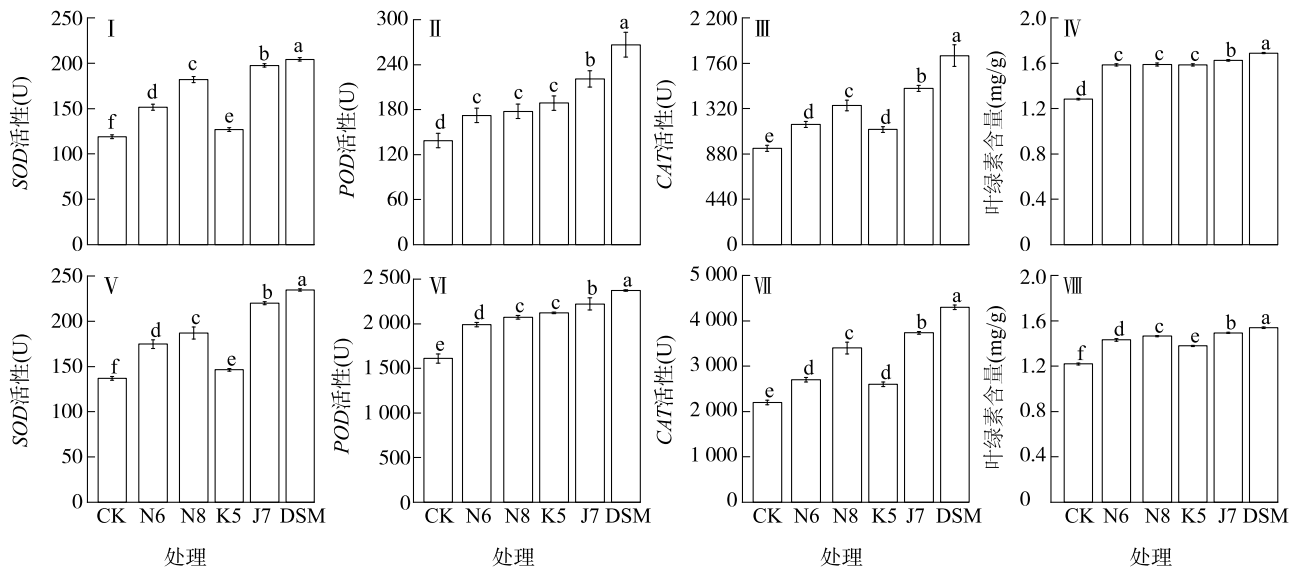
本研究中,复合菌群 DSM 处理的绿豆和小麦叶片中抗氧化酶活性显著高于其他 4 种单一菌株处理。复合菌群 DSM 处理的绿豆叶片中 *SOD* 活性、*POD* 活性和 *CAT* 活性分别为 204.26 U(图 7 I)、266.67 U(图 7 II)和 1 833.33 U(图 7 III)。与 CK 相比,复合菌群 DSM 处理的绿豆叶片中 *SOD* 活性、*POD* 活性和 *CAT* 活性分别增加了 71.69%、92.00% 和 96.43% ($P < 0.05$),小麦叶片中 *SOD* 活性(图 7 V)、*POD* 活性(图 7 VI)和 *CAT* 活性(图 7 VII)分别增加 71.57%、47.24%和 95.45% ($P < 0.05$)。

综上,复合菌群 DSM 在干旱胁迫条件下显著提

高了植物叶片中叶绿素含量和抗氧化酶活性。

2.9 复合菌群对土壤理化性质的影响

将绿豆盆栽后的土壤风干并过直径 2 mm 筛,测定土壤理化性质(表 2)。从表 2 可知,与 CK 相比,各耐旱促生单一菌株和复合菌群都显著提高了土壤中速效磷含量($P < 0.05$),其中复合菌群处理土壤中速效磷含量最高,为 7.64 mg/kg(磷标准曲线: $Y = 0.5136x + 0.0298$),与 CK 相比增加了 35.0%。钾作为土壤中主要的营养元素,在植物生长中发挥重要作用。本研究中,CK 土壤中速效钾含量为 194.99 mg/kg(钾标准曲线: $Y = 0.8570x -$



I: 绿豆叶片 SOD 活性; II: 绿豆叶片 POD 活性; III: 绿豆叶片 CAT 活性; IV: 绿豆叶片叶绿素含量; V: 小麦叶片 SOD 活性; VI: 小麦叶片 POD 活性; VII: 小麦叶片 CAT 活性; VIII: 小麦叶片叶绿素含量。CK、N6、N8、K5、J7、DSM 见图 6 注。图中不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

图 7 不同菌株对干旱胁迫下作物叶片抗氧化酶活性和叶绿素含量的影响

Fig.7 Effects of different strains on the antioxidant enzyme activities and chlorophyll content in the leaves of crops under drought stress

0.277 7), 4 种单一菌株处理和复合菌群处理土壤速效钾含量均显著高于 CK ($P < 0.05$), 复合菌群处理土壤中速效钾含量最高, 为 247.11 mg/kg, 比 CK 提升了 26.73%。分析土壤含水量发现, 单一菌株处理和复合菌群处理都显著提高了土壤含水量 ($P < 0.05$), 其中 DSM 处理土壤含水量最高, 达到了 12.90%, 显著高于其他处理。此外, 与 CK 相比, DSM 处理土壤 pH 显著降低, 趋于中性, 对碱性土壤具有一定的改良作用。

表 2 干旱胁迫下不同菌株对土壤理化性质的影响

Table 2 Effects of different strains on soil physicochemical properties under drought stress

处理	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	土壤含水量 (%)	土壤 pH
CK	5.66±0.17c	194.99±2.43e	8.84±0.57c	7.69±0.02a
N6	6.95±0.17b	211.72±0.67d	10.90±0.42b	7.59±0.05b
N8	6.98±0.15b	220.67±0.67b	10.61±0.61b	7.33±0.05c
K5	6.90±0.19b	213.66±0.67cd	11.04±0.74b	7.17±0.01d
J7	7.21±0.08b	216.39±0.67c	11.41±0.25b	7.16±0.02d
DSM	7.64±0.08a	247.11±1.17a	12.90±0.41a	7.23±0.02d

CK、N6、N8、K5、J7、DSM 见图 6 注。同列不同小写字母表示不同处理间存在显著差异 ($P < 0.05$)。

3 讨论

干旱胁迫抑制植物生长, 干扰植物光合作用, 降低植物生物量。研究表明, 接种特定具有抗旱功能的菌可显著减轻干旱胁迫对植物的伤害。Shahid 等^[25]从小麦植株中分离得到阿氏普里斯特氏菌 (*Priestia aryabhattai*) BPR-9 菌株, 可提高小麦养分吸收和胞外酶合成能力, 具有强大的多胁迫耐受性。Abiala 等^[26]从豇豆根际土壤中分离得到普里斯特菌属细菌 C8 菌株 (*Priestia* sp. C8), 可以促进植物对磷和钾等养分的吸收, 提高植物的光合作用, 保护植物免受干旱和营养缺乏的影响。Peter 等^[27]研究发现, 芽孢杆菌属细菌 IPR-4 菌株 (*Bacillus* sp. IPR-4) 在干旱胁迫下能够产生吲哚乙酸和有机酸, 显著提高干旱胁迫下植物生物量、叶绿素含量和抗氧化酶活性, 同时还能上调表达 *GmCYP707A1* 和 *GmCYP707A2* 等基因, 最终提高植物的抗旱能力。这些研究结果表明, 应用功能微生物可以显著提高植物的抗逆境能力。耐旱促生菌可通过分泌胞外多糖和形成生物膜^[28], 提高土壤的保水能力, 调节植物胞外酶活性、叶绿素含量、抗氧化酶活性以及植物组织含水量等^[29], 从而对干旱胁迫下植

物的生长起到积极作用。本研究将分离得到的4株耐旱促生菌株(*Priestia* sp. N6、*Bacillus* sp. N8、*Pseudomonas* sp. K5、*Acinetobacter* sp. J7)构建成耐旱促生菌群,将多种微生物的耐旱功能和促生功能复合在一起,弥补了单一菌株在同时提高植物耐旱能力和促生作用方面的不足。此外复合菌群DSM还能改善土壤环境,保持土壤含水量,提高土壤速效磷、速效钾含量。

抗氧化酶能够清除植物体内过多的活性氧(ROS),缓解ROS对植物细胞的毒害。耐旱促生菌通过调节植物激素和酶活性等间接提高了植物的抗旱能力^[30-31]。李冬^[32]发现,接种耐旱菌群SYN后拟南芥抗氧化酶活性提高,从而强化了植物的抗旱能力。本研究发现,在模拟干旱环境下,接种DSM菌群后绿豆和小麦的抗氧化酶活性均显著高于对照和接种单一菌株,与前人研究结果一致,这是DSM菌群能够提高植物抗旱能力的主要原因之一。另外,复合菌群还可以通过提高土壤含水量和速效养分含量进而提高植物抗旱能力。磷是植物生长所需的重要营养元素之一,对植物的正常生长发育有重要作用,植物缺少磷元素会出现叶片变黄缩小,植株根系发育不良,成熟期推迟等^[33-35]。钾元素同样是植物所需主要营养元素之一,对植物非常重要,钾可以提高植物的光合作用,提升植物的抗逆性和抗病能力^[36]。速效磷和速效钾是土壤中能够直接被植物吸收的元素,可以提高植物的光合作用和生长发育^[37]。本研究中接种复合菌群DSM后土壤速效磷和速效钾含量显著升高,pH趋于中性,土壤含水量提高,植物根际微环境得到改善,从而为植物生长提供了有利环境。

4 结论

本研究通过模拟干旱环境筛选得到多株耐旱促生菌株,构建了由4株菌株组成的具有多种植物促生功能的复合菌群DSM,通过室内盆栽试验确定该菌群对干旱胁迫下绿豆和小麦具有显著的抗旱和促生作用。测定结果显示,复合菌群DSM显著提高了植物生物量、叶片中叶绿素含量及抗氧化酶活性。该菌群还提高了土壤中速效磷和速效钾含量,降低了土壤pH,提高了土壤含水量,在提升土壤肥力的同时缓解了干旱对植物生长带来的不利影响。本研究构建的耐旱促生菌群为干旱地区农业生产提供了

新方案,可促进中国干旱地区农业生态环境的可持续发展。

参考文献:

- [1] 路捷,郭秀峰. 全球变暖对中国东部沿海地区农业的影响研究[J]. 山西农经,2022(13):1-4.
- [2] 葛道阔,曹宏鑫,马晓群,等. 基于作物生长模型的小麦旱涝敏感性分析与损失评估[J]. 江苏农业学报,2016,32(6):1302-1309.
- [3] 王世豪,徐新良,曹巍. 2000-2020年东北黑土地土壤侵蚀时空演化特征[J]. 资源科学,2023,45(5):951-965.
- [4] 邓蓓,王晓锋,廖君. 环境胁迫影响三峡库区消落带草本和木本植物生理生态特征的meta分析[J]. 植物生态学报,2024,48(5):623-637.
- [5] DERIBE H. Review on effects of drought stress on maize growth, yield and its management strategies[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis,2025,56(1):123-143.
- [6] WAN Y X, KAPOOR R, DA SILVA F S B, et al. Elucidating the mechanism regarding enhanced tolerance in plants to abiotic stress by *Serendipita indica* [J]. Plant Growth Regulation, 2024, 103(2):271-281.
- [7] WANG Y, CAO J L, HASHEM A, et al. *Serendipita indica* mitigates drought-triggered oxidative burst in trifoliate orange by stimulating antioxidant defense systems[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14:1247342.
- [8] OKPARA J N, OGUNJOBI K O, ADEFISAN E A. Developing objective dry spell and drought triggers for drought monitoring in the Niger Basin of West Africa[J]. Natural Hazards, 2022, 112(3):2465-2492.
- [9] 周士锋,秦仁强. 盐胁迫下植物促生菌和2,4-表油菜素内酯对月季幼苗光合生理及离子转运的影响[J]. 河南农业科学, 2024, 53(10):138-148.
- [10] 杨凡. 放线菌菌剂对旱区煤矿排土场碱茅、红豆草生长及根际土壤性质的调控[D]. 西安:西安建筑科技大学,2023.
- [11] CHAI Q, GAN Y T, ZHAO C, et al. Regulated deficit irrigation for crop production under drought stress. A review[J]. Agronomy for Sustainable Development, 2015, 36(1):3.
- [12] 李雪梅,姚拓,杨晓蕾,等. 干旱地区植物根际促生菌鉴定及促生和耐旱特性研究[J]. 中国草地学报,2024,46(9):87-95.
- [13] 陈秦,薛泉宏,申光辉,等. 放线菌对棉花幼苗生长及抗旱能力的影响[J]. 西北农业学报,2010,19(8):84-89.
- [14] 李安,舒健虹,刘晓霞,等. 干旱胁迫下枯草芽孢杆菌对玉米种子抗旱性及生理指标的影响[J]. 作物杂志,2021(6):217-223.
- [15] 舒健虹,王子苑,曾庆飞,等. 基于转录组测序分析阿氏芽孢杆菌R60对玉米抗旱性的影响[J]. 南方农业学报,2023,54(8):2340-2351.
- [16] 冯海萍,陈卓,杨虎. 微生物菌剂对连作芹菜根际土壤真菌群落多样性与结构的影响[J]. 干旱地区农业研究,2024,42

- (2):53-61,70.
- [17] 邹宜芯,李慧,任玉欣,等. 硫代葡萄糖苷浸种对青花菜种子萌发及生理特性的影响[J]. 江苏农业学报,2024,40(8):1379-1388.
- [18] 杨艳华. 土壤解磷微生物的分离鉴定[D]. 郑州:河南农业大学,2014.
- [19] 鞠伟. 杨树根际高效解钾细菌的分离筛选与鉴定[D]. 南京:南京林业大学,2016.
- [20] 汤子祥. 艾草根系促生菌的筛选鉴定及其应用效果研究[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2022.
- [21] 王娟娟. 肥效微生物筛选及对小麦促生效果的研究[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2019.
- [22] 贾丹莉,杨治平,郭军玲,等. 6种玉米品种耐盐性筛选[J]. 中国农学通报,2017,33(11):1-8.
- [23] 马献发. 土壤学实验[M]. 北京:中国林业出版社,2020.
- [24] 王晓雨,王小平,史文宇,等. 拔节期冬小麦光合特性、干物质积累和产量对于旱胁迫的响应[J]. 新疆农业科学,2023,60(9):2163-2172.
- [25] SHAHID M, ZEYAD M T, SYED A, et al. Stress-tolerant endophytic isolate *Priestia aryabhatai* BPR-9 modulates physio-biochemical mechanisms in wheat (*Triticum aestivum* L.) for enhanced salt tolerance [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2022, 19(17):10883.
- [26] ABIALA M, SADHUKHAN A, MUTHUVEL J, et al. Rhizosphere *Priestia* species altered cowpea root transcriptome and enhanced growth under drought and nutrient deficiency [J]. Planta, 2022, 257(1):11.
- [27] PETER O, IMRAN M, SHAFFIQUE S, et al. Combined application of melatonin and *Bacillus* sp. strain IPR-4 ameliorates drought stress tolerance via hormonal, antioxidant, and physiomechanical signaling in soybean [J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15:1274964.
- [28] KHAN A, SINGH A V. Multifarious effect of ACC deaminase and EPS producing *Pseudomonas* sp. and *Serratia marcescens* to augment drought stress tolerance and nutrient status of wheat [J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2021, 37(12):198.
- [29] ANSARI F A, AHMAD I. Isolation, functional characterization and efficacy of biofilm-forming rhizobacteria under abiotic stress conditions [J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 2019, 112(12):1827-1839.
- [30] 李妍,胡斯乐,白晓雄,等. 核桃根际耐旱促生菌的分离筛选及其促生作用研究[J]. 西北林学院学报,2024,39(3):1-9.
- [31] 王一腾,钱怡雯,刁琦,等. 耐旱菌研究热点变迁及其提高植物耐旱性的机制[J]. 微生物学通报,2024,51(11):4370-4382.
- [32] 李冬. 毛果杨耐旱细菌菌群的构建及其耐旱促生的生理机制初探[D]. 哈尔滨:东北林业大学,2023.
- [33] 陈颖慧,余冰雨,葛才林,等. 作物耐低磷机制研究进展[J]. 安徽农业科学,2024,52(8):1-5.
- [34] CHEN X X, ZHANG W, LIANG X Y, et al. Physiological and developmental traits associated with the grain yield of winter wheat as affected by phosphorus fertilizer management [J]. Scientific Reports, 2019, 9:16580.
- [35] 闫金垚. 磷肥用量对水稻-油菜轮作系统作物产量与磷肥利用及土壤磷素转化的影响[D]. 武汉:华中农业大学,2022.
- [36] 梁俊捷. 气候、地形和土壤性质对我国农田土壤有效钾分布的影响[D]. 雅安:四川农业大学,2018.
- [37] 马悦,田怡,牟文燕,等. 北方麦区小麦产量与籽粒氮磷钾含量对监控施钾和土壤速效钾的响应[J]. 中国农业科学, 2022, 55(16):3155-3169.

(责任编辑:黄克玲)