

盐碱胁迫对兰州百合根际微生态及其鳞茎 酚类物质代谢的影响

鲁军¹, 张萍², 靳磊²

(1 宁夏大学 葡萄酒与园艺学院, 宁夏 银川 750021; 2 宁夏大学 林业与草业学院, 宁夏 银川 750021)

【摘要】【目的】解析盐碱胁迫下兰州百合根际微生态与其鳞茎中酚类物质代谢的响应机制,明确兰州百合响应盐碱胁迫的关键生理与分子生态机制,筛选抗逆功能细菌类群及关键酚类代谢物,为盐碱地改良及兰州百合抗逆栽培技术优化提供理论依据。【方法】以兰州百合为试验材料,采用NaCl与NaHCO₃(物质的量比1:1)混合配制盐碱胁迫溶液,设置0, 50, 100, 150 mmol/L 4个浓度梯度,依次记为CK、T1、T2和T3处理,测定不同处理兰州百合根际土壤理化性质、微生物多样性及其群落组成,以及兰州百合鳞茎中总酚含量及代谢物组分,并系统探究各因子间的相关性。【结果】与CK相比,T2处理(100 mmol/L)兰州百合鳞茎中总酚含量显著提升了13.3%,且根际土壤有效磷含量显著高于其他处理($P<0.05$)。从CK与T2处理比较中共鉴定出17个酚类差异代谢物,其中11个在T2组显著上调,且咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷、香豆素等为主要代谢物。与CK相比,T2处理兰州百合根际土壤细菌群落多样性显著增加,且变形菌门为主要优势类群,BIrii41属、董氏菌属等功能细菌显著富集($P<0.05$)。兰州百合根际土壤pH、有效磷含量、全氮含量等因子通过调控功能细菌群落结构,间接激活酚类合成通路,从而形成“土壤理化性质-根际细菌-酚类代谢物-总酚”的协同调控网络。【结论】100 mmol/L为促进兰州百合鳞茎中总酚积累的最优盐碱胁迫浓度;适度盐碱胁迫(T2)可优化兰州百合根际土壤理化性质,提升根际微生物群落丰富度与多样性,并激活酚类合成关键通路,促使咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷、香豆素等关键代谢物显著上调,最终提升兰州百合鳞茎中总酚含量。

【关键词】 兰州百合; 盐碱胁迫; 酚类物质代谢; 土壤细菌; 代谢组学

【中图分类号】 S644.1

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2027)03-0051-10

Effects of saline-alkali stress on rhizosphere microecology and phenolic metabolism in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor*

Lu Jun¹, Zhang Ping², Jin Lei²

(1 School of Enology and Horticulture, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China;

2 School of Forestry and Grassland Science, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China)

Abstract: 【Objective】 This study aims to analyze the response mechanisms of rhizosphere microecology and phenolic metabolism in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor* under saline-alkali stress, clarify the key physiological and molecular ecological mechanisms underlying its response to such stress, and screen for stress-resistant bacterial groups and key phenolic metabolites, thereby providing a theoretical basis for saline-alkali land improvement and the optimization of stress-resistant cultivation techniques for *Lilium davidii* var. *unicolor*. 【Method】 With *Lilium davidii* var. *unicolor* serving as the experimental material, a saline-alkali stress solution was prepared by mixing NaCl and NaHCO₃ at a molar ratio of 1:1. Four concentration gradients were set as 0,

【收稿日期】 2026-02-01 【修回日期】 2026-04-09

【基金项目】 国家自然科学基金项目(32560373);宁夏回族自治区重点研发计划项目(2021BBF02025)

【作者简介】 鲁军(2004—),男,宁夏固原人,在读硕士,主要从事兰州百合鳞茎营养与活性物质研究。E-mail:Zygbshjhdr@163.com

【通信作者】 靳磊(1982—),男,内蒙古乌海人,副教授,博士,博士生导师,主要从事兰州百合鳞茎营养与活性物质研究。
E-mail:jinglei2013@nxu.edu.cn

50, 100, and 150 mmol/L and designated as CK, T1, T2, and T3, respectively. Under different treatments, the rhizosphere soil was determined for physicochemical properties, microbial diversity and community composition, and total phenolic content and metabolite components in its bulbs were measured. Correlations among these factors were systematically explored. 【Result】 Compared to CK, the total phenolic content in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor* under T2 treatment at 100 mmol/L increased significantly by 13.3%, and the available phosphorus content in rhizosphere soil under T2 was also significantly higher than that under other treatments ($P < 0.05$). From the comparison between CK and T2, 17 differential phenolic metabolites were identified, of which 11 were significantly upregulated in the T2 group, with caffeic acid-3-*O*-glucuronide and coumarin being the main metabolites. Compared to CK, T2 treatment significantly increased the bacterial community diversity in the rhizosphere soil of *Lilium davidii* var. *unicolor*, with Proteobacteria as the dominant phylum. Functional bacteria such as *Bifidobacterium* and *Dongia* were significantly enriched ($P < 0.05$). The pH, available phosphorus, total nitrogen, and other factors in the rhizosphere soil of *Lilium davidii* var. *unicolor* regulate the structure of functional bacterial communities and indirectly activate phenolic synthesis pathways, thereby forming a synergistic regulatory network of “soil physicochemical properties-rhizosphere bacteria-phenolic metabolites-total phenols”. 【Conclusion】 100 mmol/L is the optimal saline-alkali stress concentration for promoting total phenolic accumulation in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor*. Moderate saline-alkali stress (T2) can optimize the physicochemical properties of rhizosphere soil, improve the richness and diversity of the rhizosphere microbial community, and activate key phenolic synthesis pathways. This leads to a significant upregulation of key metabolites such as caffeic acid-3-*O*-glucuronide and coumarin, ultimately increasing the total phenolic content in its bulbs.

Key words: *Lilium davidii* var. *unicolor*; saline-alkali stress; phenolic metabolism; soil bacteria; metabolomics

兰州百合 (*Lilium davidii* var. *unicolor*) 作为我国特有的药食同源经济作物^[1], 其鳞茎富含淀粉、多糖、酚类等多种生物活性成分, 兼具极高的营养价值与经济价值, 其中酚类物质是天然的抗氧化剂, 其含量高低更是直接关联到兰州百合的利用价值^[2-5]。然而, 全球土壤盐碱化问题日益严峻, 我国盐碱地面积已达 1 亿 hm^2 ^[6-7], 盐碱胁迫通过渗透胁迫、离子毒害及破坏土壤理化性质等多重途径, 严重抑制兰州百合光合作用、养分吸收及代谢平衡^[8-10], 成为限制兰州百合优质高产的关键环境因子。

植物在长期逆境适应中形成了复杂的抗逆策略, 酚类物质作为重要的次生代谢产物, 不仅参与植物生长发育调控, 更在抗氧化、清除活性氧、缓解逆境损伤等方面发挥核心作用^[11-13]。已有研究表明, 盐碱胁迫下植物酚类物质的积累与抗逆性密切相关, 但其积累规律及调控机制因物种、胁迫类型及浓度存在显著差异^[14]。同时, 根际微生物群落是连接植物与土壤的关键“桥梁”, 其通过参与土壤养分转化、分泌生长调节物质、改善土壤微环境等方式影响植物的抗逆性、营养吸收和生长发育, 而土壤理化性质又可以反过来调控这些微生物群落的结构与功能, 进而间接影响植物的代谢过程^[15-16]。目前, 关于盐碱胁迫对植物影响的研究多集中于单

一维度 (如土壤理化性质、微生物群落或代谢物变化), 而针对在盐碱胁迫下, 兰州百合根际土壤理化性质、微生物群落与酚类代谢之间的协同响应机制尚不明确。

本研究以兰州百合为试验材料, 采用 NaCl 与 NaHCO_3 (物质的量比 1:1) 混合配制盐碱胁迫溶液, 设置 0 mmol/L (CK)、50 mmol/L (T1)、100 mmol/L (T2)、150 mmol/L (T3) 4 个浓度梯度。通过测定不同处理兰州百合根际土壤理化性质、微生物群落多样性及酚类差异代谢物特征, 并通过相关性分析解析各因子间的内在关联, 旨在揭示兰州百合响应盐碱胁迫的关键生理及分子生态调控路径, 筛选与抗逆性密切相关的关键酚类代谢物及功能细菌类群, 为盐碱地资源高效利用、兰州百合优质高产抗逆栽培技术的优化提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为兰州百合, 购自兰州市桐顺源农业发展有限公司。挑选周径 10~12 cm, 根系健壮完整、无腐烂变质、无分球, 且大小均匀一致的种球, 以保证试验材料的均一性。种植容器选用规格为 53 cm × 30 cm × 18 cm 的塑料花槽, 栽培基质为草

炭和珍珠岩体积比1:1的混合基质。为控制试验变量,每盆装入的基质质量保持一致,每盆定植兰州百合10株,每个处理3盆。

1.2 试验设计

兰州百合生长至株高22 cm时开始盐碱胁迫处理,采用NaCl与NaHCO₃(物质的量比1:1)混合配制盐碱胁迫溶液,共设置4个浓度梯度,分别为0 mmol/L(CK)、50 mmol/L(T1)、100 mmol/L(T2)、150 mmol/L(T3)。对照组(CK)采用蒸馏水浇灌,其余处理组按对应浓度梯度浇灌胁迫溶液。

为避免兰州百合幼苗产生盐激反应,采用梯度递增的方式施加盐溶液:初始施加浓度为各设定浓度的1/4,之后每3 d递增1个梯度,经4次施加后达到预设浓度。每盆一次性浇灌对应溶液1 000 mL,完成胁迫处理后,定期清除杂草和浇水,以维持适宜湿度和生长环境。为防止后续浇水过程中基质盐分随水分流失,导致盐碱浓度发生波动,本研究所用塑料花槽均为底部封闭设计,确保胁迫期间基质的盐碱浓度保持不变。

1.3 样品采集

样品采集于2025年9月,采用随机取样法选取兰州百合完整植株,设置3次生物学重复,以保证试验结果的可靠性和重复性。每个生物学重复中,随机选取3个大小均匀、发育正常的百合鳞茎,去除杂质及附着的土壤颗粒,快速放入液氮中进行速冻处理。在上述百合植株取样的对应位置,采集其根系周围0~20 cm深度的土壤样品,每个处理随机采集5份土壤样品,采集过程中避免混入石块、植物残体等杂质,将5份土壤样品放入无菌采样袋中,充分混合均匀,采用四分法将混合后的土壤样品分为两等份,分别进行后续土壤理化性质测定,以及土壤微生物宏基因组的提取与测定。

1.4 测定指标及方法

1.4.1 土壤理化性质测定 土壤理化性质测定参考鲁如坤^[17]的方法,设置3次生物学重复,其中全氮含量采用凯氏定氮法测定,有效磷含量采用钼锑抗比色法测定,pH采用酸度计测定,碱解氮含量采用碱解扩散法测定,速效钾含量采用NH₄OAc浸提-火焰光度计测定,土壤电导率(EC)采用电导率仪测定(土水质量比为1:5)。

1.4.2 兰州百合鳞茎总酚含量测定 采用福林-肖卡法测定兰州百合鳞茎总酚含量。鳞茎提取液制备:将兰州百合鳞茎放入烘箱中烘干,粉碎后过孔

径1 mm筛后,常温下避光保存。称取兰州百合鳞茎干样1.00 g于10 mL离心管中,以7.50 mL无水甲醇为提取溶剂,在50℃下超声提取40 min,将提取液在10 000 r/min离心10 min,将上清液收集于10 mL离心管中,4℃避光保存,用于兰州百合鳞茎总酚含量的测定。

1.4.3 兰州百合鳞茎非靶向代谢组测定与分析 称取60 mg兰州百合鳞茎样本于1.50 mL离心管中,加入2枚小钢珠和600 μL甲醇-水(甲醇和水体积比为7:3,试剂中含4 μg/mL L-2-氯苯丙氨酸),−40℃预冷2 min后在研磨机中以60 Hz研磨2 min,随后超声(功率为120 W,超声温度为4℃)提取30 min,−40℃静置过夜。次日于4℃、13 000 r/min离心10 min,用注射器吸取150 μL上清液,经0.22 μm有机相针孔过滤器过滤后,转移到LC进样小瓶并在−80℃下保存,用于LC-MS分析。UPLC系统为Waters ACQUITY UPLC H-Class,质谱系统为Xevo G2-XS QTOF(Waters, USA)。质控样本(QC)由所有样本提取液等体积混合制备,主成分分析结果显示所有样本聚集度良好(RSD<5%),表明代谢组数据稳定可靠。色谱条件:色谱柱为ACQUITY UPLC HSS T3(100 mm×2.1 mm, 1.8 μm),柱温45℃,流动相A为水(含0.1%甲酸),流动相B为乙腈,进样体积2 μL。流动相洗脱梯度:0~14 min, A从95%下降到0, B从5%增加到100%; 15~16 min, A从0增加到95%, B从100%下降到5%。流速0.35 mL/min。

1.4.4 土壤微生物基因测序 采用DNA抽提试剂盒提取样本的基因组DNA,利用琼脂糖凝胶电泳和NanoDrop 2000检测DNA的浓度及纯度。细菌16S rRNA基因V3—V4区引物为343F(5'-TACG-GRAGGCAGCAG-3')和789R(5'-AGGGTATC-TAATCCT-3')。PCR反应体系:2×Gflex PCR缓冲液15 μL,上、下游引物(5 pmol/μL)各1 μL, DNA模板50 ng, Tks Gflex DNA聚合酶(1.25 U/μL) 0.6 μL,水补足至30 μL。PCR扩增程序:94℃预变性5 min; 94℃变性30 s, 56℃退火30 s, 72℃延伸20 s, 26个循环; 72℃延伸5 min, 4℃保存。每个样本3次重复。将同一样本PCR产物混合后采用2%琼脂糖凝胶回收,采用磁珠纯化回收产物并作为第二轮PCR模板,进行第二轮PCR扩增,并再次使用电泳检测,检测后使用磁珠纯化PCR产物。

采用Qubit对PCR产物进行定量检测,根据

PCR 产物浓度进行等量混样,并采用 Illumina Nova-Seq PE250 平台(北京诺禾致源生物信息科技有限公司)进行测序。使用 QIIME2(2023.7 版本)进行数据处理,原始序列经质量过滤(截断值 Q30)、去冗余后,基于 DADA2 算法生成 ASV(amplicon sequence variant)表;基于 ASV 水平计算 Alpha 多样性指数,包括 Shannon、Simpson、ACE、Chao1 指数。

1.5 数据统计与分析

利用 Excel 2019 和 SPSS 26 软件进行数据整理与统计分析;通过 Origin 2024 绘制柱状图,数据以“平均值±标准误”表示;通过 Cytoscape 3.10 绘制相关性网络图;主成分分析(PCA)、聚类热图、细菌

Alpha 多样性指数、微生物群落结构等通过迈维云平台(<https://cloud.metware.cn>)完成;基于 KEGG 数据库(<https://www.kegg.jp/>)进行代谢通路富集分析,并借助生物医学图形通用图表平台完成相关示意图的绘制。

2 结果与分析

2.1 盐碱胁迫对兰州百合根际土壤理化性质的影响

盐碱胁迫对兰州百合根际土壤理化性质的影响如表 1 所示。

表 1 盐碱胁迫对兰州百合根际土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of saline-alkali stress on physicochemical properties of rhizosphere soil for *Lilium davidii* var. *unicolor*

处理 Treatment	全氮含量/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$) Total nitrogen content	碱解氮含量/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) Alkali-hydrolyzable nitrogen content	有效磷含量/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) Available phospho- rus content	速效钾含量/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) Available potassium content	EC/($\mu\text{S} \cdot \text{cm}^{-1}$)	pH
CK	3.99±0.08 d	125.30±0.21 a	20.09±3.72 b	131.71±0.61 a	0.65±0.10 d	7.05±0.05 d
T1	5.34±0.07 a	109.90±11.20 a	28.06±0.10 b	127.66±1.82 a	0.87±0.15 c	7.55±0.01 c
T2	4.65±0.03 c	82.95±1.05 a	48.87±1.86 a	141.62±5.66 a	1.19±0.60 b	7.95±0.05 b
T3	5.00±0.03 b	86.80±16.80 a	23.61±1.04 b	95.90±4.04 b	3.11±0.20 a	8.78±0.02 a

注:同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

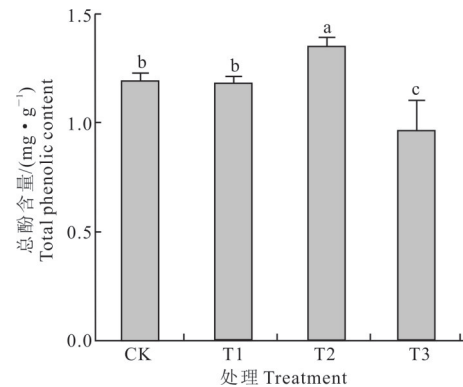
Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences among treatments ($P<0.05$).

由表 1 可知,与对照相比,所有盐碱胁迫处理均显著提升了兰州百合根际土壤全氮含量,其中 T1 处理最高,为 5.34 g/kg; T3 处理次之,为 5.00 g/kg; T2 处理全氮含量为 4.65 g/kg,显著低于 T1 和 T3 处理,但却显著高于 CK 处理($P<0.05$)。碱解氮含量整体表现为 CK>T1>T3>T2,其中 T2 处理碱解氮含量最低,仅为 82.95 mg/kg。T2 处理兰州百合根际土壤有效磷含量高达 48.87 mg/kg,分别是 CK、T1 和 T3 处理的 2.43、1.74 和 2.07 倍。兰州百合根际土壤速效钾含量同样以 T2 处理最高,为 141.62 mg/kg,较 T3 处理显著增加了 47.67% ($P<0.05$)。随盐碱胁迫浓度升高,兰州百合根际土壤 EC 值逐步上升,其中 CK 处理最低,仅为 0.65 $\mu\text{S}/\text{cm}$; T1、T2、T3 处理依次升高,且均显著高于 CK ($P<0.05$)。不同处理兰州百合根际土壤 pH 值的变化趋势与 EC 基本一致,随盐碱胁迫浓度升高 pH 逐步上升,且各处理间差异显著($P<0.05$)。

2.2 盐碱胁迫对兰州百合鳞茎总酚含量的影响

由图 1 可知, T2 处理兰州百合鳞茎总酚含量最高,为 1.36 mg/g,相较于 CK 处理(1.20 mg/g)显著提升 13.33%; T1 和 T3 处理兰州百合鳞茎总酚含量分别为 1.18 和 0.97 mg/g,显著低于 T2 处理,且

T3 处理总酚含量显著低于其他处理。因此,选取 CK 和 T2 处理进行后续分析。



图柱上不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

Different lowercase letters above the bars indicate significant differences among treatments ($P<0.05$).

图 1 不同盐碱处理兰州百合鳞茎中的总酚含量

Fig. 1 Total phenolic content in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor* under different saline-alkali treatments

2.3 兰州百合酚类差异代谢物的筛选与聚类分析

主成分分析结果(图 2)显示, PC1 方差贡献率 47.38%, PC2 方差贡献率 22.72%, 累计解释 70.10% 的代谢变异, 且 2 组样本在二维图上表现出明显的分离趋势, 表明处理间存在显著代谢差异。

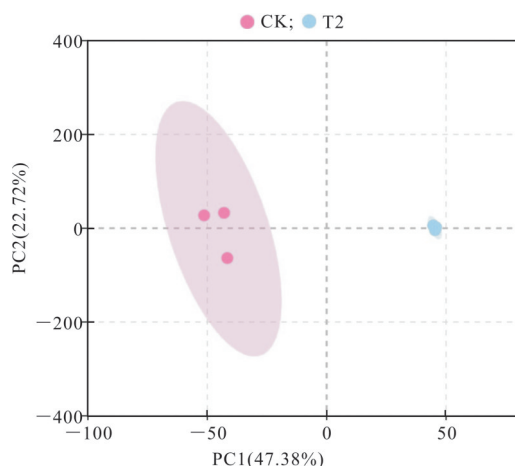
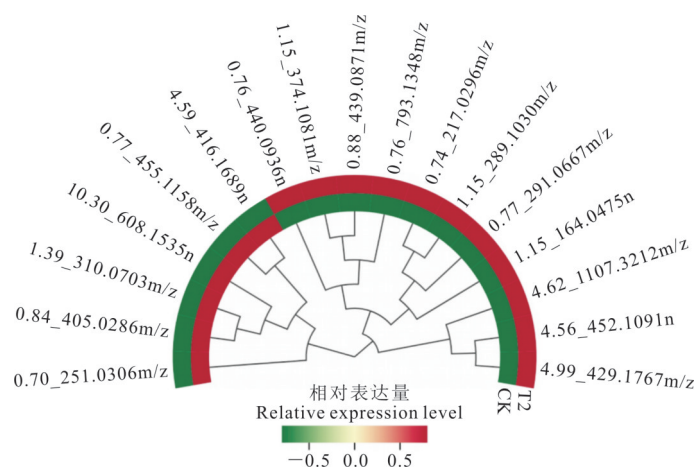


图2 盐碱胁迫下兰州百合鳞茎酚类代谢物的PCA分析

Fig. 2 PCA of phenolic metabolites in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor* under saline-alkali stress

以VIP>1且P<0.05为筛选标准,共获得329个差异代谢物,其中包含17个酚类代谢物。聚类热图分析结果(图3)显示,17个酚类差异代谢物中有11个上调,分别是咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷(1.15_374.1081 m/z)、香豆素(0.77_291.0667

m/z)、香豆雌烷(0.74_217.0296 m/z)、2-羟基肉桂酸(1.15_164.0475n)、9-羟基-4-甲氧基补骨脂素-9-葡萄糖苷(0.88_439.0871 m/z)、3,5-二羟基苯基-1-O-(6-O-没食子酰基)-β-D-吡喃葡萄糖苷(0.76_440.0936n)、羟基塞来昔布(0.76_793.1348m/z)、4-硝基苯基-β-D-木糖苷(1.15_289.1030m/z)、表没食子儿茶素-3-O-对香豆酸酯(4.56_452.1091n)、苯乙基芸香糖苷(4.99_429.1767m/z)、异鼠李素-3-鼠李糖基-(1→6)-[鼠李糖基-(1→2)-(3'''-(E)-对香豆酰基)半乳糖苷]-7-鼠李糖苷(4.62_1107.3212m/z);有6个下调,分别是桉叶酸(0.70_251.0306m/z)、槲皮素-7,3',4'-三甲基醚-3-硫酸酯(0.84_405.0286m/z)、燕麦酰胺-C-甲基酯(1.39_310.0703m/z)、芹菜糖基葡萄糖基-4-羟基苯甲酸酯(0.77_455.1158m/z)、牡荆素-2''-O-(E)-阿魏酸酯(10.30_608.1535n)、苯乙基樱草糖苷(4.59_416.1689n),这与总酚含量的测定结果一致。



图中不同颜色代表相对表达量的大小,绿色代表低表达量,红色代表高表达量。0.70_251.0306m/z. 桉叶酸;0.84_405.0286m/z. 槲皮素-7,3',4'-三甲基醚-3-硫酸酯;1.39_310.0703m/z. 燕麦酰胺-C-甲基酯;10.30_608.1535n. 牡荆素-2''-O-(E)-阿魏酸酯;0.77_455.1158m/z. 芹菜糖基葡萄糖基-4-羟基苯甲酸酯;4.59_416.1689n. 苯乙基樱草糖苷;0.76_440.0936n. 3,5-二羟基苯基-1-O-(6-O-没食子酰基)-β-D-吡喃葡萄糖苷;1.15_374.1081m/z. 咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷;0.88_439.0871m/z. 9-羟基-4-甲氧基补骨脂素-9-葡萄糖苷;0.76_793.1348m/z. 羟基塞来昔布;0.74_217.0296m/z. 香豆雌烷;1.15_289.1030m/z. 4-硝基苯基-β-D-木糖苷;0.77_291.0667m/z. 香豆素;1.15_164.0475n. 2-羟基肉桂酸;4.62_1107.3212m/z. 异鼠李素-3-鼠李糖基-(1→6)-[鼠李糖基-(1→2)-(3'''-(E)-对香豆酰基)半乳糖苷]-7-鼠李糖苷;4.56_452.1091n. 表没食子儿茶素-3-O-对香豆酸酯;4.99_429.1767m/z. 苯乙基芸香糖苷。Different colors represent the relative expression levels. Green indicates low expression, and red indicates high expression. 0.70_251.0306 m/z. Eudesmic acid; 0.84_405.0286m/z. Quercetin 7, 3', 4'-trimethyl ether 3-sulfate; 1.39_310.0703m/z. Avenanthramide C methyl ester; 10.30_608.1535n. Vitexin 2''-O-(E)-ferulate; 0.77_455.1158m/z. Apiosylglucosyl 4-hydroxybenzoate; 4.59_416.1689n. Phenylethyl primeveroside; 0.76_440.0936n. 3,5-dihydroxyphenyl 1-O-(6-O-galloyl)-β-D-glucopyranoside; 1.15_374.1081m/z. Caffeic acid 3-O-glucuronide; 0.88_439.0871m/z. 9-hydroxy-4-methoxypsoralen 9-glucoside; 0.76_793.1348m/z. Hydroxycyclohexanone; 0.74_217.0296m/z. Coumestan; 1.15_289.1030m/z. 4-nitrophenyl β-D-xyloside; 0.77_291.0667 m/z. Coumarin; 1.15_164.0475n. 2-hydroxycinnamic acid; 4.62_1107.3212m/z. Isorhamnetin 3-rhamnosyl-(1→6)-[rhamnosyl-(1→2)-(3'''-(E)-p-coumaroyl)galactoside]-7-rhamnoside; 4.56_452.1091n. Epigallocatechin 3-O-p-coumarate; 4.99_429.1767 m/z. Phenethyl rutinoid.

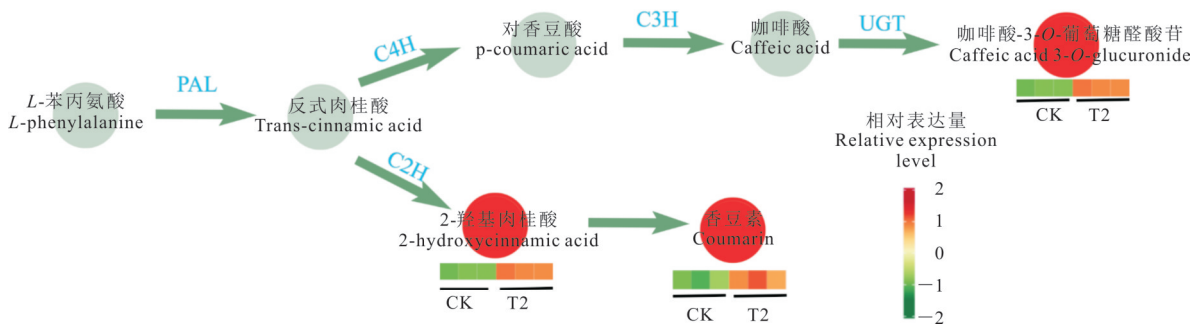
图3 盐碱胁迫下兰州百合鳞茎酚类差异代谢物分析

Fig. 3 Analysis of differential phenolic metabolites in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor* under saline-alkali stress

2.4 盐碱胁迫对兰州百合鳞茎关键酚类代谢物的影响

基于酚类物质的代谢通路,分析并绘制了兰州百合鳞茎关键酚类代谢物的代谢途径示意图(图4)。以L-苯丙氨酸为起始物质,经苯丙氨酸解氨酶(PAL)催化生成反式肉桂酸后,形成两条分支生成不同的代谢物,其中一条分支为反式肉桂酸经肉桂酸-4-羟化酶(C4H)生成对香豆酸,再经对香豆酸-3-羟化酶(C3H)转化为咖啡酸,最终在UDP-葡萄

糖醛酸转移酶(UGT)作用下生成咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷,其中T2处理兰州百合鳞茎中咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷的相对表达量显著高于CK;另外一条分支为反式肉桂酸经肉桂酸-2-羟化酶(C2H)生成2-羟基肉桂酸,2-羟基肉桂酸再通过自发的内酯化反应生成香豆素,其中T2处理兰州百合鳞茎中2-羟基肉桂酸和香豆素的相对表达量显著高于CK($P<0.05$)。



图中不同颜色代表相对表达量的大小,绿色代表低表达量,红色代表高表达量。

Different colors represent the relative expression levels. Green indicates low expression, and red indicates high expression.

图4 兰州百合鳞茎关键酚类代谢物质的代谢途径分析

Fig. 4 Metabolic pathways of key phenolic metabolites in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor*

2.5 盐碱胁迫对兰州百合根际微生物 Alpha 指数的影响

ACE 和 Chao1 指数用于量化微生物群落的物种丰富度,数值越高表示群落中物种数量越丰富。Shannon 指数反映群落的物种多样性和均匀度,数值越高则多样性越丰富。Simpson 指数可以衡量物种优势度,数值越接近 1,表明群落中优势种越明显。由表 2 可知,T2 处理兰州百合根际土壤微生物

的 ACE 指数、Chao1 指数均高于 CK,但与 CK 差异不显著;T2 处理兰州百合根际土壤微生物的 Shannon 指数显著高于 CK($P<0.05$),表明盐碱胁迫下兰州百合根际土壤微生物的物种多样性显著增加;同时 T2 处理的 Simpson 指数也高于 CK,进一步说明盐碱胁迫对兰州百合根际微生物群落多样性的促进效应。综上可知,盐碱胁迫可增强兰州百合根际土壤微生物群落的丰富度与多样性。

表 2 盐碱胁迫对兰州百合根际土壤微生物 Alpha 多样性指数的影响

Table 2 Effects of saline-alkali stress on microbial Alpha diversity indices in rhizosphere soil of *Lilium davidii* var. *unicolor*

处理 Treatment	ACE 指数 ACE index	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
CK	1 173.83±6.36	1 178.51±7.38	8.79±0.19	0.995 4±0.000 08
T2	1 351.31±56.08	1 281.59±73.45	9.16±0.07 *	0.996 4±0.000 28

注: *表示处理间差异显著($P<0.05$)。

Note: * indicates significant differences among treatments($P<0.05$).

2.6 盐碱胁迫对兰州百合根际微生物群落结构的影响

由图 5-A 可知,在门水平上,变形菌门(Proteobacteria)是兰州百合根际土壤微生物群落的核心优势类群,其相对丰度在 CK 与 T2 处理中均占据主导地位,且其在 T2 处理的相对丰度明显高于 CK 处理;此外,放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)等类群的相对丰度虽低于变形菌

门,但也是兰州百合根际土壤微生物群落的主要组成部分,其中酸杆菌门在 T2 处理的相对丰度低于 T1 处理;其他类群在二者之间差异较小。

由图 5-B 可知,在属水平上,T2 处理提升了鲍尔迪菌属(*Bauldia*)、*BIrii41*、董氏菌属(*Dongia*)等菌群的相对丰度,但是盐线菌属(*Haliangium*)、候选索利杆菌属(*Candidatus_Solibacter*)等菌群在 CK 处理的相对丰度高于 T2 组,其他属水平细菌的相

对丰度在二者间差异较小。

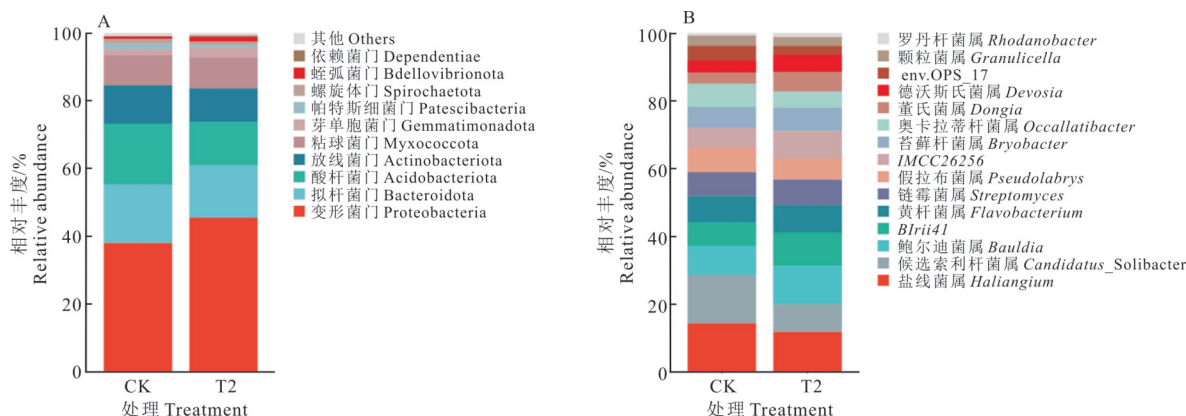


图5 盐碱胁迫对兰州百合根际土壤微生物群落结构的影响

Fig. 5 Effects of saline-alkali stress on microbial community structure in rhizosphere soil of *Lilium davidii* var. *unicolor*

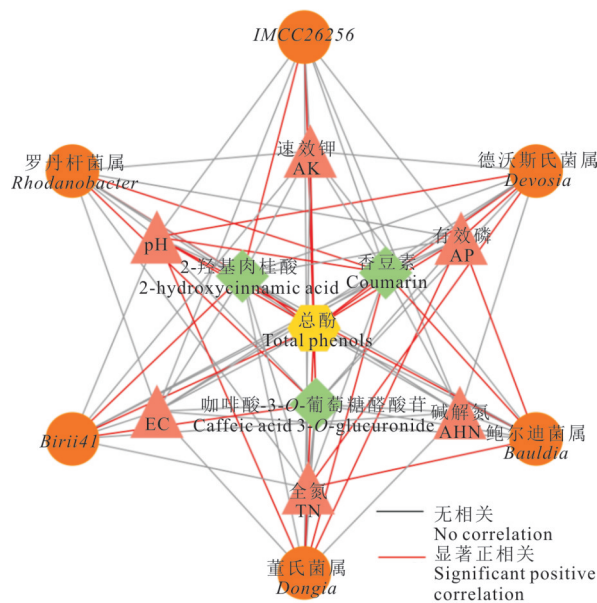
综上所述,与CK处理相比,T2处理在门水平上提高了变形菌门的相对丰度,同时降低了酸杆菌门的相对丰度;在属水平上则选择性提高了鲍尔迪菌属等菌群的相对丰度,降低了盐线菌属等菌群的相对丰度。

2.7 兰州百合鳞茎酚类物质含量与其根际土壤理化性质及微生物群落的相关性分析

为了进一步揭示兰州百合鳞茎酚类物质积累的潜在调控机制,综合分析了兰州百合鳞茎总酚、3种关键酚类代谢物含量与其根际土壤理化性质及属水平微生物类群间的相关性,结果如图6所示。由图6可知,在3种关键酚类代谢物含量与土壤理化性质的关联分析中,仅香豆素含量与pH呈显著正相关($P<0.05$)。在微生物属水平与土壤理化性质的相关分析中,董氏菌属相对丰度分别与土壤pH、有效磷及全氮含量呈显著正相关($P<0.05$);鲍尔迪菌属与土壤pH呈显著正相关($P<0.05$),与有效磷、全氮含量均呈极显著正相关($P<0.01$);德沃斯氏菌属与土壤pH、有效磷及全氮含量呈极显著正相关($P<0.01$)。在3种关键酚类代谢物与微生物属水平的关联分析中,咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷含量分别与*Blrii41*属、IMCC26256属和罗丹杆菌属的相对丰度呈极显著或显著正相关($P<0.01$ 或 $P<0.05$),香豆素含量与董氏菌属、鲍尔迪菌属和罗丹杆菌属的相对丰度呈显著正相关($P<0.05$),2-羟基肉桂酸含量与*Blrii41*属、IMCC26256属和罗丹杆菌属的相对丰度呈极显著或显著正相关($P<0.01$ 或 $P<0.05$)。

总酚含量与香豆素、2-羟基肉桂酸和咖啡酸-3-O-葡萄糖醛酸苷含量呈极显著正相关($P<0.01$);

总酚含量与速效钾含量、pH、全氮和有效磷含量呈显著正相关;总酚含量与*Blrii41*属、董氏菌属和德沃斯氏菌属相对丰度呈显著正相关($P<0.05$)。



TN、AP、AHN、AK分别代表全氮、有效磷、碱解氮、速效钾含量。
TN, AP, AHN and AK represent the contents of total nitrogen, available phosphorus, alkaline hydrolysable nitrogen and available potassium, respectively.

图6 兰州百合鳞茎酚类物质含量与其根际土壤理化性质及微生物群落的相关性分析

Fig. 6 Correlation analysis of phenolic compounds in bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor* with physicochemical properties and microbial community of rhizosphere soil

3 讨论

本研究发现,盐碱胁迫显著影响兰州百合根际土壤理化性质及其鳞茎中酚类物质的积累($P<0.05$)。随着盐碱胁迫浓度升高,兰州百合根际土

壤 EC 和 pH 值呈持续上升趋势,这与盐碱胁迫导致土壤离子浓度增加、酸碱失衡的规律^[18]一致。不同处理兰州百合根际土壤理化性质存在一定差异,全氮含量在 T1 处理最高;有效磷与速效钾含量则在 T2 处理时最大, T3 处理时反而下降,这可能是适度盐碱胁迫(T1、T2)通过激活土壤微生物活性,促进养分转化与释放,而高浓度盐碱胁迫(T3)则因离子毒害抑制微生物功能,导致养分有效性降低。总酚含量在各组的变化趋势进一步印证了盐碱胁迫浓度的调控作用。T2 处理总酚含量显著高于 CK, T3 处理则显著低于 CK($P < 0.05$),表明适度盐碱胁迫可诱导酚类物质合成以增强抗逆能力,而高浓度盐碱胁迫超出植物耐受阈值,抑制次生代谢过程^[19],这与 Chen 等^[20]提出的观点一致。说明兰州百合鳞茎中酚类物质积累量对盐碱胁迫的响应存在明显的浓度依赖效应, 100 mmol/L 为促进其酚类合成的最优盐碱胁迫浓度。

植物在盐碱胁迫下通过激活关键代谢途径来促进酚类代谢物的差异化积累,是植物响应盐碱胁迫的核心生理机制之一。本研究共筛选出 17 个酚类差异代谢物,其中 11 个酚类差异代谢物在 T2 处理显著上调表达, 6 个下调表达。通过酚类代谢途径分析发现,苯丙烷类生物合成途径共聚焦 3 种核心酚类代谢物:咖啡酸-3-*O*-葡萄糖醛酸苷、香豆素和 2-羟基肉桂酸。代谢途径分析结果显示,在盐碱胁迫条件下,兰州百合会显著上调苯丙氨酸解氨酶(PAL)、肉桂酸-4-羟化酶(C4H)等关键酶的活性,从而驱动苯丙烷代谢流,最终促进多种酚类化合物的积累^[21]。上述酚类物质作为天然抗氧化剂,能够有效清除盐碱胁迫诱导产生的过量活性氧(ROS),保护细胞膜系统和关键生物大分子免受氧化损伤;某些酚类化合物还参与植物的渗透调节,帮助植物维持细胞的水分平衡^[22-23],进一步明确了兰州百合通过特定代谢通路调控酚类积累的抗逆策略。

根际微生物群落,特别是根际细菌,在植物生长发育及其次生代谢产物的合成与调控中扮演着核心角色。一方面,根际微生物群落直接参与养分循环;另一方面,根际微生物群落能够调节植物的内源激素水平,刺激根系发育,增加根毛数量,从而扩大吸收面积^[24-25]。本研究发现, T2 处理兰州百合根际土壤微生物的 ACE、Chao1 指数与 Shannon 指数均高于 CK,且 Shannon 指数与 CK 差异显著,表明适度盐碱胁迫可通过改变兰州百合根系分泌物

组成,筛选并富集耐盐性强、功能互补的细菌类群,提升群落丰富度与多样性。变形菌门(Proteobacteria)作为兰州百合根际微生物的核心优势类群,在 T2 处理相对丰度更高,表明该门细菌中的许多成员,如假单胞菌属(*Pseudomonas*)、伯克霍尔德氏菌属(*Burkholderia*)和泛菌属(*Pantoea*),能够通过合成相关溶质(如脯氨酸、甜菜碱和海藻糖)来维持细胞内渗透平衡,从而在高盐碱环境中存活并保持活性^[26-27],其丰度的提升为兰州百合抗逆提供了重要保障。在属水平上, *Blrii41* 属、董氏菌属(*Dongia*)、鲍尔迪菌属(*Bauldia*)等在 T2 处理显著富集。已有研究表明,董氏菌属、鲍尔迪菌属是需氧、寡营养的 Alpha 变形菌,具有生物合成植物生长素和磷酸盐溶解的潜力^[28-31]。推测在适度盐碱胁迫条件下,上述优势细菌可能通过改善根际土壤养分环境,间接促进兰州百合苯丙烷代谢途径的激活,从而加速酚类代谢物的积累。

兰州百合根际土壤理化性质与微生物群落对其鳞茎中总酚积累的协同响应构成了兰州百合适应盐碱胁迫的酚类物质代谢调控网络。相关性分析结果显示,兰州百合鳞茎中总酚含量与其根际土壤中速效钾、pH、全氮、有效磷含量呈显著正相关($P < 0.05$),且与有效磷含量的相关系数最高,表明上述土壤因子是调控酚类积累的关键环境变量,其变化直接影响植物代谢过程。同时,董氏菌属、鲍尔迪菌属等功能微生物的相对丰度与 pH、有效磷、全氮含量均呈显著正相关($P < 0.05$),且与咖啡酸-3-*O*-葡萄糖醛酸苷、香豆素等关键酚类代谢物密切相关,提示土壤理化性质通过调控根际细菌群落结构,间接影响酚类代谢过程,这与前人在黄芩和金花茶等药用植物中的研究结果^[32-33]一致。总酚含量与 *Blrii41*、董氏菌属等功能细菌的相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$),进一步证实了微生物群落对兰州百合酚类积累的调控作用。

相较于 CK, T2 处理的栽培基质有效磷和速效钾含量显著增加;此外, T2 处理可显著提高栽培基质中特定功能微生物的群落丰度,包括鲍尔迪菌属、*Blrii41*、董氏菌属等优势菌群;进一步研究表明, T2 处理通过土壤理化环境改善与功能细菌群落结构优化的协同作用,上调了兰州百合体内咖啡酸-3-*O*-葡萄糖醛酸苷、香豆素、2-羟基肉桂酸等关键代谢物的积累量,上述代谢物作为酚类物质合成途径的核心产物,其含量显著提升直接推动了兰州百合

总酚含量的显著增加。

4 结 论

盐碱胁迫浓度显著影响兰州百合总酚积累,其中100 mmol/L(T2)混合盐碱溶液是促进兰州百合鳞茎酚类物质积累的最优浓度;适度盐碱胁迫(T2)显著优化了兰州百合根际土壤理化性质,同时提升了根际微生物群落的丰富度与多样性,核心优势类群(变形菌门)及功能属(*Birri41*、董氏菌属、鲍尔迪菌属等)显著富集;适度盐碱胁迫激活了兰州百合酚类合成关键通路,*L*-苯丙氨酸代谢途径中的咖啡酸-3-*O*-葡萄糖醛酸苷、香豆素、2-羟基肉桂酸等11种酚类代谢物显著上调,是总酚积累的核心物质基础;兰州百合根际土壤pH、有效磷、全氮含量等因子通过调控功能细菌属的富集,间接激活酚类合成通路,促进关键代谢物积累,最终提升了其鳞茎中总酚含量。该研究结果可为盐碱地改良与兰州百合抗逆栽培技术优化提供理论依据与技术指导。

【参考文献】

- [1] 邓雅心,赵梦婕,贾凌云,等. 外源ATP对贮藏期兰州百合的保鲜作用[J]. 中国食品学报,2025,25(10):246-253.
Deng Y X, Zhao M J, Jia L Y, et al. The role of exogenous ATP in preserving the quality of Lanzhou lily (*Lilium davidii*) during storage[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2025, 25(10): 246-253.
- [2] Hui H P, Jin H, Li X Z, et al. Purification, characterization and antioxidant activities of a polysaccharide from the roots of *Lilium davidii* var. *unicolor* cotton[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2019, 135: 1208-1216.
- [3] Hui H P, Li X Z, Jin H, et al. Structural characterization, antioxidant and antibacterial activities of two heteropolysaccharides purified from the bulbs of *Lilium davidii* var. *unicolor* cotton [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2019, 133: 306-315.
- [4] Wei J M, Zhang Y M, Li W L, et al. Dynamic analysis of nutrients and phenolic compounds in different growth stages of Lanzhou lily bulbs[J]. Journal of Food Composition and Analysis, 2024, 133: 106463.
- [5] Zhang J Z, Wei S L, Han Y S, et al. Bulblet formation and development of Lanzhou lily (*Lilium davidii* var. *unicolor*) by tissue culture[J]. Guihaia, 2016, 36(3): 297-302.
- [6] Shi H Y, Luo G P, Sutanudjaja E H, et al. Recent impacts of water management on dryland's salinization and degradation neutralization[J]. Science Bulletin, 2023, 68(24): 3240-3251.
- [7] 高润,王国良,张进红,等. 不同刈割期对黄河三角洲盐碱地小黑麦生产性能的影响[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2026, 54(3): 104-111.
- [8] Gao R, Wang G L, Zhang J H, et al. Effects of different cutting stages on the production performance of triticale in saline-alkali soil of the Yellow River Delta[J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2026, 54(3): 104-111.
- [9] Tarolli P, Luo J, Park E, et al. Soil salinization in agriculture: mitigation and adaptation strategies combining nature-based solutions and bioengineering[J]. Science, 2024, 27(2): 108830.
- [10] Verma O, Sharma S, Kumar V, et al. Salinity stress effect on staple food crops and novel mitigation strategies[J]. Biologia, 2024, 79(8): 2359-2374.
- [11] Li H M, Liu Y H, Wu J, et al. Overexpression of GhGSTF9 enhances salt stress tolerance in transgenic *Arabidopsis* [J]. Genes, 2024, 15(6): 695.
- [12] Rao M J, Zheng B S. The role of polyphenols in abiotic stress tolerance and their antioxidant properties to scavenge reactive oxygen species and free radicals [J]. Antioxidants, 2025, 14(1): 74.
- [13] Kumar K, Debnath P, Singh S, et al. An overview of plant phenolics and their involvement in abiotic stress tolerance [J]. Stresses, 2023, 3(3): 570-585.
- [14] 吴倩倩,刘欣,焦淑珍. 植物富含脯氨酸蛋白响应逆境胁迫的研究进展[J/OL]. 农业科学研究(中英文), 1-12[2026-01-29]. DOI:10.13907/j.cnki.nykxyj.20251215.001.
Wu Q Q, Liu X, Jiao S Z. Research progress on the response of plant proline-rich proteins to abiotic stress[J/OL]. Agricultural Science Research (Chinese & English), 1-12[2026-01-29]. DOI:10.13907/j.cnki.nykxyj.20251215.001.
- [15] Chowdhary V, Alooparampil S, Pandya R V, et al. Physiological function of phenolic compounds in plant defense system [M]//Badria F A. Phenolic compounds: chemistry, synthesis, diversity, non-conventional industrial, pharmaceutical and therapeutic applications. London: Intech Open, 2022: 185-200.
- [16] Wogene S, Janda T, Molnár Z. Unveiling the significance of rhizosphere: implications for plant growth, stress response, and sustainable agriculture[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2024, 206: 108290.
- [17] Parasar B J, Sharma I, Agarwala N. Root exudation drives abiotic stress tolerance in plants by recruiting beneficial microbes [J]. Applied Soil Ecology, 2024, 198: 105351.
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2000.
Lu R K. Methods of soil agrochemical analysis[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.
- [19] Cao Y B, Song H F, Zhang L Y. New insight into plant saline-alkali tolerance mechanisms and application to breeding[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(24): 16048.
- [20] Hawrylak-Nowak B, Dresler S, Stasińska-Jakubas M, et al. NaCl-induced elicitation alters physiology and increases accumulation of phenolic compounds in *Melissa officinalis* L.[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2021, 22(13): 6844.
- [21] Chen S, Zhou Q X, Feng Y W, et al. Responsive mechanism of *Hemerocallis citrina* Baroni to complex saline-alkali stress re-

- vealed by photosynthetic characteristics and antioxidant regulation[J]. *Plant Cell Reports*, 2024, 43(7):176.
- [21] Zhang Q, Wang S K, Qin B, et al. Analysis of the transcriptome and metabolome reveals phenylpropanoid mechanism in common bean (*Phaseolus vulgaris*) responding to salt stress at sprout stage[J]. *Food and Energy Security*, 2023, 12(5):e481.
- [22] Ming H N, Wang Q, Wu Y, et al. Transcriptome analysis reveals the mechanism of anthocyanidins biosynthesis during grains development in purple corn (*Zea mays* L.) [J]. *Journal of Plant Physiology*, 2021, 257: 153328.
- [23] Chen J X, Tang L, Guo W L, et al. Oxalic acid secretion alleviates saline-alkali stress in alfalfa by improving photosynthetic characteristics and antioxidant activity [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 208:108475.
- [24] Sandhu S S, Alom J, Ansari B H, et al. The secret dialogue between plant roots and the soil microbiome: a hidden force shaping plant growth and development[J]. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 2025, 140:102908.
- [25] Kong Z Y, Liu H G. Modification of rhizosphere microbial communities: a possible mechanism of plant growth promoting rhizobacteria enhancing plant growth and fitness[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:920813.
- [26] Zheng L N, Wang S Y, Gu X H, et al. *Pantoea jilinensis* D25 enhances tomato salt tolerance via altering antioxidant responses and soil microbial community structure [J]. *Environmental Research*, 2024, 243:117846.
- [27] Abdelkefi N, Louati I, Mechichi H Z, et al. Enhanced salt stress tolerance in tomato plants following inoculation with newly isolated plant growth-promoting rhizobacteria [J]. *Scientia Horticulturae*, 2024, 328:112921.
- [28] Cheng Y, Narayanan M, Shi X, et al. Phosphate-solubilizing bacteria: their agroecological function and optimistic application for enhancing agro-productivity [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 901:166468.
- [29] Kuang W, Chen W, Lei C, et al. Diversity of endophytic bacterial community in rice roots and their roles in phosphate solubilization and plant growth [J]. *Rhizosphere*, 2024, 30:100877.
- [30] Hussain H, Naeem R, Khattak B, et al. Physiological and metabolic changes in maize seedlings in response to bisphenol a stress [J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2023, 23(4):6551-6572.
- [31] Ortiz J, Dias N, Alvarado R, et al. N-acyl homoserine lactones (AHLs) type signal molecules produced by rhizobacteria associated with plants that growing in a metal(oids) contaminated soil: a catalyst for plant growth [J]. *Microbiological Research*, 2024, 281:127606.
- [32] Zhao J, Liu T, Zhang D P, et al. Bacterial community composition in the rhizosphere soil of three *Camellia chrysantha* cultivars under different growing conditions in China [J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2021, 21(4):2689-2701.
- [33] Li L X, Yang X D, Tong B L, et al. Rhizobacterial compositions and their relationships with soil properties and medicinal bioactive ingredients in *Cinnamomum migao* [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14:1078886.

(责任编辑:陈丽)