



DOI:10.14188/j.ajsh.20260206001

油樟源促生细菌筛选及其对小麦耐盐性的影响

代 娅^{1,2},王嘉怡¹,唐玉容¹,周钰彤¹,杨云云¹,刘 蓉¹

(1. 宜宾学院 农林与食品工程学部,四川 宜宾 644000;

2. 四川省油樟工程技术研究中心,四川 宜宾 644000)

摘要: 土壤盐渍化严重威胁作物生产,植物促生菌(plant growth-promoting bacteria, PGPB)是增强作物耐盐性的重要生物资源。为挖掘特色香料植物油樟(*Cinnamomum longipaniculatum*)中能提高作物耐盐性的促生菌,本研究从其叶片、根际及根际土壤中分离细菌,并采用16S rRNA基因测序进行鉴定。选取代表菌株处理小麦种子,在0.4% NaCl胁迫下,系统评价不同菌株对种子萌发、幼苗生长及关键生理指标的影响。结果表明,从分离的菌株中筛选的8株不同种类菌株对小麦耐盐性具有不同作用,其中解木聚糖类芽胞杆菌(*Paenibacillus xylanilyticus*)J4效果最佳。该菌株能有效缓解盐胁迫对小麦生长的抑制,显著提高幼苗的胚芽鞘长度、株高、根长、生物量及叶绿素b含量,且上述指标均优于阳性对照菌株枯草芽胞杆菌(*Bacillus subtilis*)Es-1。进一步研究表明,J4处理能显著提升小麦种子萌发早期的 α -淀粉酶活性,但未引起超氧化物歧化酶(superoxide dismutase, SOD)和过氧化氢酶(catalase, CAT)活性的显著变化,提示其促生机制可能侧重于激活早期能量代谢,而非直接依赖经典抗氧化酶系统的增强。本研究挖掘了油樟相关细菌在增强作物耐盐性方面的功能,为开发源自特殊生境的抗逆微生物制剂提供了优良菌种与理论依据。

关键词: 油樟;植物促生菌;解木聚糖类芽胞杆菌;小麦;盐胁迫;促生机制**中图分类号:** Q945.78**文献标志码:** A**文章编号:** 2096-3491(2026)04-0361-11

Screening of growth-promoting bacteria from *Cinnamomum longipaniculatum* and their effects on wheat salt tolerance

DAI Ya^{1,2}, WANG Jiayi¹, TANG Yurong¹, ZHOU Yutong¹, YANG Yunyun¹, LIU Rong¹

(1. Faculty of Agriculture, Forestry and Food Engineering, Yibin University, Yibin 644000, Sichuan, China;

2. Sichuan Province Engineering Technology Research Center of Oil Cinnamon, Yibin 644000, Sichuan, China)

Abstract: Soil salinization poses a serious threat to crop production. Plant growth-promoting bacteria (PGPB) represent an important biological resource for enhancing crop salt tolerance. To explore growth-promoting bacteria associated with the characteristic aromatic plant *Cinnamomum longipaniculatum* that can improve crop salt tolerance, bacteria were isolated from its leaves, rhizosphere, and rhizosphere soil, and identified via 16S rRNA gene sequencing. Representative strains were selected to treat wheat seeds, and their effects on seed germination, seedling growth, and key physiological parameters were systematically evaluated under 0.4% NaCl stress. The results revealed that 8 representative strains belonging to different species exerted varying effects on wheat salt tolerance, among which *Paenibacillus xylanilyticus* strain J4 exhibited the best performance. This strain effectively alleviated the inhibition of wheat growth under salt stress, significantly increased coleoptile length, plant height, root length, biomass, and chlorophyll b content in seedlings, and all the above indicators were superior to those treated with the positive control strain *Bacillus subtilis*

收稿日期: 2026-02-06 修回日期: 2026-07-29 接受日期: 2026-08-24

作者简介: 代娅(1991-),女,博士,讲师,研究方向为植物与微生物互作, E-mail: daiya@yibinu.edu.cn

基金项目: 四川省油樟工程技术研究中心开放基金(21YZY05)

引用格式: 代娅,王嘉怡,唐玉容,等. 油樟源促生细菌筛选及其对小麦耐盐性的影响[J]. 生物资源, 2026, 48(4): 361-371.

Dai Y, Wang J Y, Tang Y R, et al. Screening of growth-promoting bacteria from *Cinnamomum longipaniculatum* and their effects on wheat salt tolerance [J]. Biotic Resources, 2026, 48(4): 361-371.

Es-1. Further investigation showed that J4 treatment significantly enhanced α -amylase activity during early wheat seed germination, but did not induce significant changes in superoxide dismutase (SOD) and catalase (CAT) activities, suggesting that its growth-promoting mechanism may primarily involve the activation of early energy metabolism rather than directly relying on the enhancement of classical antioxidant enzyme systems. This study explored the function of *C. longipaniculatum*-associated bacteria in enhancing crop salt tolerance, providing an excellent microbial strain and a theoretical basis for the development of stress-resistant microbial agents derived from unique ecological niches.

Key words: *Cinnamomum longipaniculatum*; plant growth-promoting bacteria; *Paenibacillus xylanilyticus*; wheat; salt stress; growth-promoting mechanism

0 引言

土壤盐渍化是制约全球农业可持续发展的主要非生物胁迫因子之一,严重威胁作物生长、产量和品质^[1]。小麦(*Triticum aestivum* L.)作为世界主要粮食作物,其种子萌发与幼苗期对盐胁迫极为敏感;盐分不仅抑制种子萌发,还显著阻碍植株生长与光合作用^[2]。植物根际促生菌(plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR)及植物促生菌(plant growth-promoting bacteria, PGPB)是一类定殖于根际土壤或植物体内的有益微生物,可通过直接或间接机制促进植物生长,增强其抗逆性^[3],在绿色农业中具有巨大的应用潜力。因此,发掘并利用微生物资源以增强小麦等作物耐盐性,对于保障粮食安全具有重要的现实意义。

PGPR及PGPB促进作物生长,提高植物抗逆性的作用机制主要包括两个方面:(1)通过固氮、溶磷解钾、分泌铁载体、合成植物激素,如吲哚-3-乙酸(indole-3-acetic acid, IAA)、细胞分裂素等方式,直接促进植物生长;(2)通过产生拮抗物质、诱导系统抗性、分泌ACC(1-aminocyclopropane-1-carboxylate, 1-氨基环丙烷-1-羧酸)脱氨酶以降低胁迫诱导的乙烯水平、增强宿主抗氧化能力等途径,间接增强植物抗逆性能^[4]。近年来,利用PGPB缓解非生物胁迫尤其是盐胁迫,已成为该领域研究热点。例如,解淀粉芽胞杆菌(*Bacillus amyloliquefaciens*)RWL-1可通过合成脱落酸(abscisic acid, ABA)调节气孔关闭,显著增强水稻的耐盐性^[5];贝莱斯芽胞杆菌(*Bacillus velezensis*)UCMB5113可通过诱导代谢与分子重编程,提高小麦对温度及干旱等多种非生物胁迫的耐受性^[6];肠杆菌(*Enterobacter* sp.)FYP1101可通过调节植物内源激素水平及促进根系形态建成,显著促进盐胁迫下小麦幼苗的生长^[7]。此外,木霉菌等有益真菌也可通过改良根际土壤微生态环境、提高土壤酶活性和养分含量来促进作物生长^[8]。这些微生物的多元作用机制共同构成了增强植物耐盐性的复杂网络。

油樟[*Cinnamomum longipaniculatum*(Gamble) N. Chao ex H. W. Li],樟科樟属常绿乔木,是中国重要的特色经济树种,其枝叶富含桉叶油素、芳樟醇、樟脑等挥发性芳香油^[9]。独特的化学环境可能塑造了油樟组织及根际特有的微生物群落,这些微生物在适应并利用宿主次生代谢产物的过程中,可进化出特殊的生理功能。目前,关于油樟微生物资源的研究已取得一定进展,为后续功能挖掘奠定了基础。在内生细菌方面,现有研究多集中于资源调查与功能初探。油樟内生芽胞类细菌的多样性最早被系统分析^[10];随后从功能出发,筛选到多株具有溶磷能力的菌株^[11];叶内生细菌群落的季节动态特征也得到进一步揭示^[12];此外,还鉴定出1株对多种植物病原真菌具有显著拮抗活性的贝莱斯芽胞杆菌(*Bacillus velezensis*),体现了油樟内生细菌在生物防治方面的潜力^[13]。在内生真菌方面,研究主要围绕资源挖掘与活性评价。油樟内生真菌的多样性及其对植物病原菌的抑菌活性已得到评估^[14];特定内生真菌发酵液能促进油樟悬浮细胞次生代谢产物的积累^[15];此外,具有产黄酮功能的内生真菌菌株也被先后筛选出来,拓展了其应用潜力^[16-17]。综上,现有研究表明油樟源微生物种类丰富,在生物防治、溶磷促生、黄酮合成与次级代谢调控等方面展现出较大应用潜力。然而,将这些微生物作为植物促生菌用于缓解作物非生物胁迫的功能探索,目前研究尚属空白。

基于以上研究,本研究推测油樟独特的次生代谢环境可能会孕育具有特殊耐盐促生功能的细菌。因此,本研究以油樟根、茎、叶及根际土壤为材料,分离、鉴定可培养细菌并构建菌种资源库;进而以小麦为受试作物,在盐胁迫条件下系统筛选具有促生功能的菌株;通过综合评价菌株对种子萌发、幼苗生长、生物量积累、光合色素及关键生理酶活的影响,鉴定高效促生菌株并初步探讨其潜在作用机制。本研究可为开发源自油樟生态系统的新型耐盐微生物菌剂提供核心菌种资源和理论依据,同时拓展对植物-微生物互作在特殊生境中功能多样性的认识。

1 材料与方法

1.1 油樟源细菌分离与纯化

1.1.1 样品采集与表面消毒

健康油樟植株样品由本课题组采集自四川省宜宾市宜宾学院临港校区(28°49'N, 104°40'E), 分别采集无病虫害的油樟植株叶片及带根际土壤的根部作为研究样本。

叶片处理: 选取健康完整的叶片, 依次使用95%乙醇处理1 min, 4%次氯酸钠溶液处理4 min, 75%乙醇处理1 min, 无菌水冲洗5次。取最后一次冲洗液200 μ L涂布LB平板, 28℃培养72 h, 检测表面消毒效果, 无微生物生长即为合格。消毒后的叶片于无菌条件下剪碎并研磨成匀浆。

根部处理: 采集带根际土壤的根部, 将根系整体挖出后抖落松散土壤, 刷除根表土壤, 保留根段上紧密附着的土壤层。将该根段置于无菌研钵中, 加入适量无菌生理盐水, 充分研磨至匀浆状, 使根际微生物释放于悬液中。

两类样品匀浆后用梯度稀释法制备稀释样品: 叶部样品稀释至 10^{-1} 、 10^{-2} ; 根部样品稀释至 10^{-6} 、 10^{-7} , 涂布于LB及TSA平板, 28℃培养1~3 d。挑取形态特征不同的单菌落, 经多次平板划线纯化, 获取纯培养物, 于4℃短期保存, 部分菌株于-80℃保藏。

1.1.2 菌株鉴定

采用细菌基因组DNA提取试剂盒提取纯化菌株DNA。以细菌16S rRNA基因通用引物27F(5'-AGAGTTTGTATCCTGGCTCAG-3')和1492R(5'-GGTTACCTTGTTACGACTT-3')进行PCR扩增。PCR反应体系(50 μ L)为: 1.1×PCR Mix 45 μ L, 上、下游引物(10 μ mol/L)各1 μ L, 模板DNA(50~100 ng/ μ L)1 μ L, 无菌双蒸水补足至50 μ L。反应条件: 98℃预变性2 min; 98℃10 s, 56℃30 s, 72℃30 s, 30个循环; 72℃终延伸3 min。PCR产物经1%琼脂糖凝胶电泳检测后送公司测序。所获序列经SeqMan软件拼接校对后, 于NCBI数据库进行BLAST比对, 使用MEGA软件构建系统发育树。

1.2 小麦耐盐胁迫浓度的筛选

挑选饱满、均匀的小麦(*T. aestivum* L.) (品种川育32)种子, 经75%乙醇(30 s)和1%次氯酸钠(10 min)表面消毒, 无菌水清洗5次。将种子置于含不同质量浓度NaCl溶液(0%、0.3%、0.5%、0.7%、0.9%)的培养皿中, 每种浓度每皿50粒, 重复3次。于光照培养箱中25℃恒温培养(光照周期为14 h光照/10 h黑暗, 光照强度为3 000 lx), 逐日观察记录

发芽情况。参照李刚等^[18]在小麦耐盐性研究中采用的分级标准, 以相对盐害率计算不同浓度NaCl对小麦种子萌发的抑制率, 其中, 相对盐害率=(对照组发芽率-处理组发芽率)/对照组发芽率, 选择抑制率在20%~25%之间的NaCl浓度作为后续实验的盐胁迫浓度。

1.3 菌悬液制备与浸种处理

将纯化菌株接种于LB液体培养基, 37℃、180 r/min振荡培养至对数生长期(OD_{600} 约为0.8)。取培养液离心收集菌体, 无菌水重悬, 调节菌悬液浓度使得 OD_{600} 为1.0。以课题组前期从高原老芒麦(*Elymus sibiricus*)种子中分离获得的枯草芽胞杆菌(*Bacillus subtilis*)Es-1为阳性对照(该菌株具有显著促生特性)。将表面消毒后的小麦种子分别浸入各菌悬液或无菌水(阴性对照)中, 分别浸种4 h。

1.4 盐胁迫实验

本实验设置3类处理组, 具体组别如下: ①无菌水对照(CK): 无菌水浸种; ②阳性菌株对照: 枯草芽胞杆菌Es-1菌悬液浸种; ③菌株处理组: 代表菌株菌悬液浸种, 不同菌株处理组以“菌株代号”区分。浸种后, 将种子均匀摆放于含8 mL 0.4% NaCl溶液的培养皿中, 每皿处理50粒, 3次重复。于光照培养箱中25℃恒温培养7 d(光照周期为14 h光照/10 h黑暗, 光照强度为3 000 lx), 逐日观察记录发芽情况。于培养后的第2天, 每皿随机转移10粒发芽种子至含15 mL 0.4% NaCl溶液的“种子袋”中继续水培至第17天, 以测定生长、生理指标。水培阶段隔日定时补充等量0.4% NaCl溶液以维持湿度, 以模拟自然盐渍化土壤中盐分逐渐累积的动态过程。

1.5 生长与生理指标测定

培养期间, 分阶段测定小麦的生长与生理指标。

发芽率及幼苗生长指标检测: 培养第5天统计种子发芽率。培养第7天测量胚芽鞘长度。分别于培养第11天和第17天, 随机选取各处理幼苗10株, 用直尺测量其株高与根长。

生物量测定: 培养至第17天进行生物量测定, 取幼苗用吸水纸吸干表面水分后称量鲜重, 随后置于80℃烘箱中烘干至恒重, 称量干重。

生理指标测定: 在培养至第17天时取新鲜叶片0.5 g, 采用95%乙醇浸提法提取色素, 使用紫外分光光度计测定665 nm和649 nm处的吸光值, 带入Arnon公式计算叶绿素a与叶绿素b含量, 叶绿素a(mg/L)= $12.72 \times A_{665} - 2.59 \times A_{649}$, 叶绿素b(mg/L)= $22.88 \times A_{649} - 4.67 \times A_{665}$, 式中 A_{665} 和 A_{649} 分别为提取液在665 nm和649 nm处的吸光值。于浸种4 h

后和浸种后 1 d、2 d 及 3 d 分别取样,采用 3,5-二硝基水杨酸法测定 α -淀粉酶活性。同样在培养第 17 天时取新鲜叶片 0.5 g,于冰浴条件下用预冷的磷酸缓冲液(50 mmol/L,pH 7.8)研磨成匀浆,离心后取上清液,分别采用氮蓝四唑光化还原法测定超氧化物歧化酶(superoxide dismutase,SOD)活性,采用愈创木酚法测定过氧化物酶(peroxidase,POD)活性,采用紫外吸收法测定过氧化氢酶(catalase,CAT)活性。

1.6 数据分析

实验数据以平均值±标准差表示,采用 SPSS 26.0 软件进行单因素方差分析,并用 Duncan’s 法进行多重比较, $P<0.05$ 表示差异具有统计学意义。

2 结果与分析

2.1 油樟相关细菌的分离与系统发育分析

通过对油樟根、茎、叶组织及根际土壤样品的分离培养,获得 23 株细菌纯培养物。根据菌落形态、颜色、大小等表型特征差异进行初步筛选,并结合 16S rRNA 基因序列比对结果,选取 8 株代表性菌株

进行后续功能评价。16S rRNA 基因测序及系统发育分析(图 1)显示,这 8 株菌分属于芽胞杆菌属(*Bacillus*)、类芽胞杆菌属(*Paenibacillus*)、普里斯特氏菌属(*Priestia*)和鞘氨醇杆菌属(*Sphingobacterium*) 4 个属,涵盖 8 个种,包括苏云金芽胞杆菌(*Bacillus thuringiensis*)J1、假蕈状芽胞杆菌(*Bacillus pseudomycoides*)J2、地衣芽胞杆菌(*Bacillus licheniformis*)J3、解木聚糖类芽胞杆菌(*Paenibacillus xylanilyticus*)J4、鞘氨醇杆菌(*Sphingobacterium* sp.)J5、巨大普里斯特氏菌(*Priestia megaterium*)J6、蜡样芽胞杆菌(*Bacillus cereus*)Y1、枯草芽胞杆菌(*B. subtilis*)Y2。其中 6 株分离自根际样品(J1-J6),2 株分离自叶片样品(Y1、Y2)。各菌株 16S rRNA 基因序列与 GenBank 中已知菌株的相似度为 98.07%~99.90%,具体菌株信息详见表 1。上述结果表明,油樟共生细菌资源具有较为丰富的多样性,为后续耐盐促生功能菌株的筛选奠定了基础。

2.2 小麦盐胁迫浓度的确定

为确定合适的盐胁迫实验浓度,检测了不同浓度 NaCl 对小麦种子萌发的影响。结果表明,小麦种

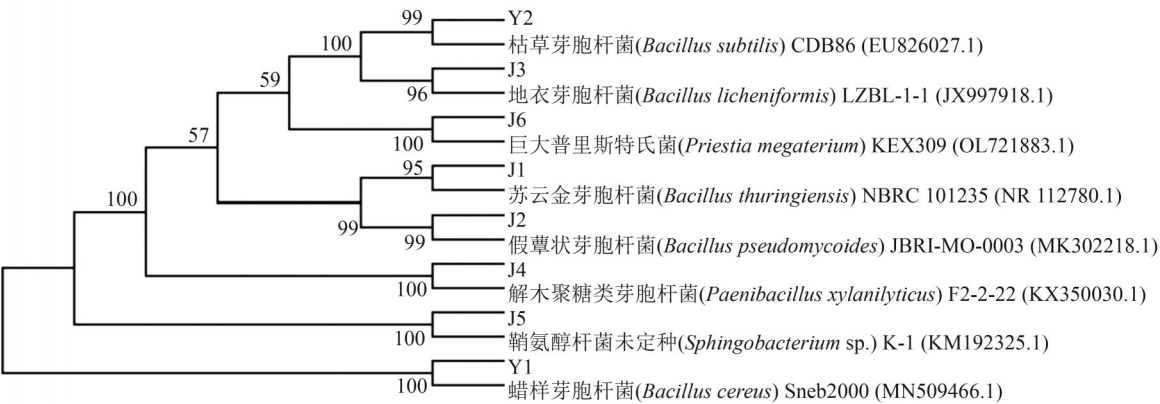


图 1 基于 16S rRNA 基因序列构建的油樟相关细菌系统发育树
Figure 1 Phylogenetic tree of bacteria associated with *Cinnamomum longipaniculatum* based on 16S rRNA gene sequences

表 1 菌株信息
Table 1 The information of bacterial strains

菌株代号	分离来源	种名	属	16S rRNA 相似度/%	相似菌株 GenBank 登录号
J1	油樟根际	苏云金芽胞杆菌(<i>Bacillus thuringiensis</i>)	芽胞杆菌属	99.90	NR112780.1
J2	油樟根际	假蕈状芽胞杆菌(<i>Bacillus pseudomycoides</i>)	芽胞杆菌属	99.69	MK302218.1
J3	油樟根际	地衣芽胞杆菌(<i>Bacillus licheniformis</i>)	芽胞杆菌属	99.53	JX997918.1
J4	油樟根际	解木聚糖类芽胞杆菌(<i>Paenibacillus xylanilyticus</i>)	类芽胞杆菌属	99.02	KX350030.1
J5	油樟根际	鞘氨醇杆菌(<i>Sphingobacterium</i> sp.)	鞘氨醇杆菌属	99.22	KM192325.1
J6	油樟根际	巨大普里斯特氏菌(<i>Priestia megaterium</i>)	普里斯特氏菌属	99.73	OL721883.1
Y1	油樟叶片	蜡样芽胞杆菌(<i>Bacillus cereus</i>)	芽胞杆菌属	99.49	MN509466.1
Y2	油樟叶片	枯草芽胞杆菌(<i>Bacillus subtilis</i>)	芽胞杆菌属	98.07	EU826027.1

子的发芽率随NaCl浓度升高而逐渐下降(图2,图中不同小写字母表示各处理间差异显著,以下同)。0.3% NaCl处理下发芽率为82.00%,对照组发芽率为92.00%,抑制率达10.87%;0.5% NaCl处理下发芽率降至63.33%,抑制率为31.16%,胁迫效应已较为显著。为兼顾有效的盐害效应与后续种子促生效果评价,选择介于两者之间的0.4% NaCl作为后续实验的胁迫浓度,该浓度下抑制率约为21.02%(由0.3%和0.5% NaCl处理的实验数据经线性插值得到)。

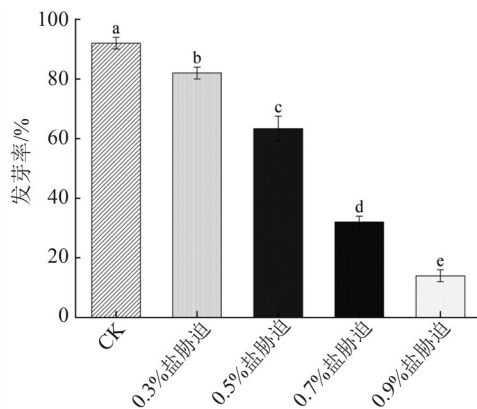


图2 不同浓度NaCl对小麦种子萌发的影响
Figure 2 Effects of different NaCl concentrations on wheat seed germination

2.3 不同细菌处理对盐胁迫下小麦种子萌发的影响

在0.4% NaCl胁迫后第5天,比较了各菌株浸种处理对小麦种子发芽率的影响(图3)。结果显示,与无菌水对照(CK,发芽率约78%)相比,除假蕈状芽胞杆菌J2处理显著降低发芽率至58%外,其余菌株处理对发芽率均无显著促进或抑制作用。

2.4 不同细菌处理对盐胁迫下小麦幼苗早期生长(胚芽鞘长度)的影响

胚芽鞘长度是衡量盐胁迫下幼苗早期生长活力的重要指标。培养7 d后胚芽鞘长度测量结果显示,不同菌株处理的效果差异显著(图4)。阳性菌株枯草芽胞杆菌Es-1及苏云金芽胞杆菌J1、地衣芽胞杆菌J3、解木聚糖类芽胞杆菌J4、鞘氨醇杆菌J5、蜡样芽胞杆菌Y1和枯草芽胞杆菌Y2均能显著促进胚芽鞘伸长,其中J4和J5的促进作用最强,胚芽鞘长度均达到4.40 cm以上,显著高于无菌水对照(1.40 cm)和阳性对照Es-1(3.70 cm)。相反,J2和J6处理则显著抑制了胚芽鞘的生长。结果表明,部分油樟源细菌能有效增强小麦幼苗在盐胁迫下的早期生长活力。综合小麦种子萌发及幼苗早期生长结果,可以

推测,所选菌株的促生效应主要体现在萌发后幼苗的早期生长阶段,而非打破种子休眠。

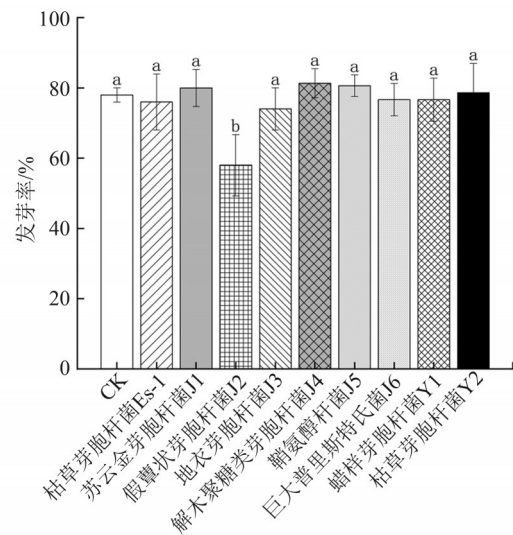


图3 0.4% NaCl胁迫下不同菌株处理对小麦种子发芽率的影响
Figure 3 Effects of different bacterial treatments on wheat seed germination rate under 0.4% NaCl stress

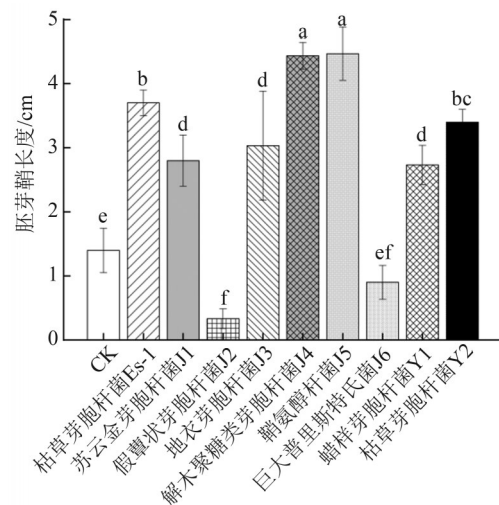


图4 0.4% NaCl胁迫下不同菌株处理对小麦胚芽鞘长度的影响
Figure 4 Effects of different bacterial treatments on coleoptile length of wheat under 0.4% NaCl stress

2.5 不同细菌处理对盐胁迫下小麦幼苗株高与根长的影响

为评估促生效应的持续性,测定了不同细菌处理组培养11 d和17 d后幼苗的株高与根长(图5)。结果显示,培养11 d时,除地衣芽胞杆菌J3、巨大普里斯特氏菌J6、蜡样芽胞杆菌Y1组外,其他菌株处理(阳性对照Es-1、苏云金芽胞杆菌J1、假蕈状芽胞杆菌J2、解木聚糖类芽胞杆菌J4、鞘氨醇杆菌J5、枯草芽胞杆菌Y2)均能显著促进盐胁迫下小麦幼苗的生长,其株高、根长均高于无菌水对照组($P < 0.05$),

如图5(a)和5(b)所示。在培养第17天时,J6、Y1仍无显著促生效果,但J3表现出一定促生作用。其余6株菌株(Es-1、J1、J2、J4、J5、Y2)促生效应持续稳定,其中解木聚糖类芽胞杆菌菌株J4促进作用最佳,其次为阳性对照枯草芽胞杆菌Es-1和Y2,如图5(c)和(d)所示。

解木聚糖类芽胞杆菌J4在两个时间点均表现出最显著的促生效应。培养第11天时,其株高和根长较对照(CK)分别显著增加100.4%和44.6%($P < 0.05$),增幅高于阳性对照Es-1(分别为87.9%和37.7%)。培养第17天时,该菌株的促生效果依然稳定,株高和根长较CK组分别显著增加62.9%和44.6%($P < 0.05$),且显著优于Es-1处理组($P < 0.05$)。上述结果表明,解木聚糖类芽胞杆菌J4对盐胁迫下小麦幼苗生长的促进作用具有高效性和稳定性,展现出良好的应用开发前景。培养8 d和16 d的幼苗生长状况如图5(e)和(f)所示,Es-1和J4处理组幼苗长势在早期(8 d)及后期(16 d)均优于

0.05),增幅高于阳性对照Es-1(分别为87.9%和37.7%)。培养第17天时,该菌株的促生效果依然稳定,株高和根长较CK组分别显著增加62.9%和44.6%($P < 0.05$),且显著优于Es-1处理组($P < 0.05$)。上述结果表明,解木聚糖类芽胞杆菌J4对盐胁迫下小麦幼苗生长的促进作用具有高效性和稳定性,展现出良好的应用开发前景。培养8 d和16 d的幼苗生长状况如图5(e)和(f)所示,Es-1和J4处理组幼苗长势在早期(8 d)及后期(16 d)均优于

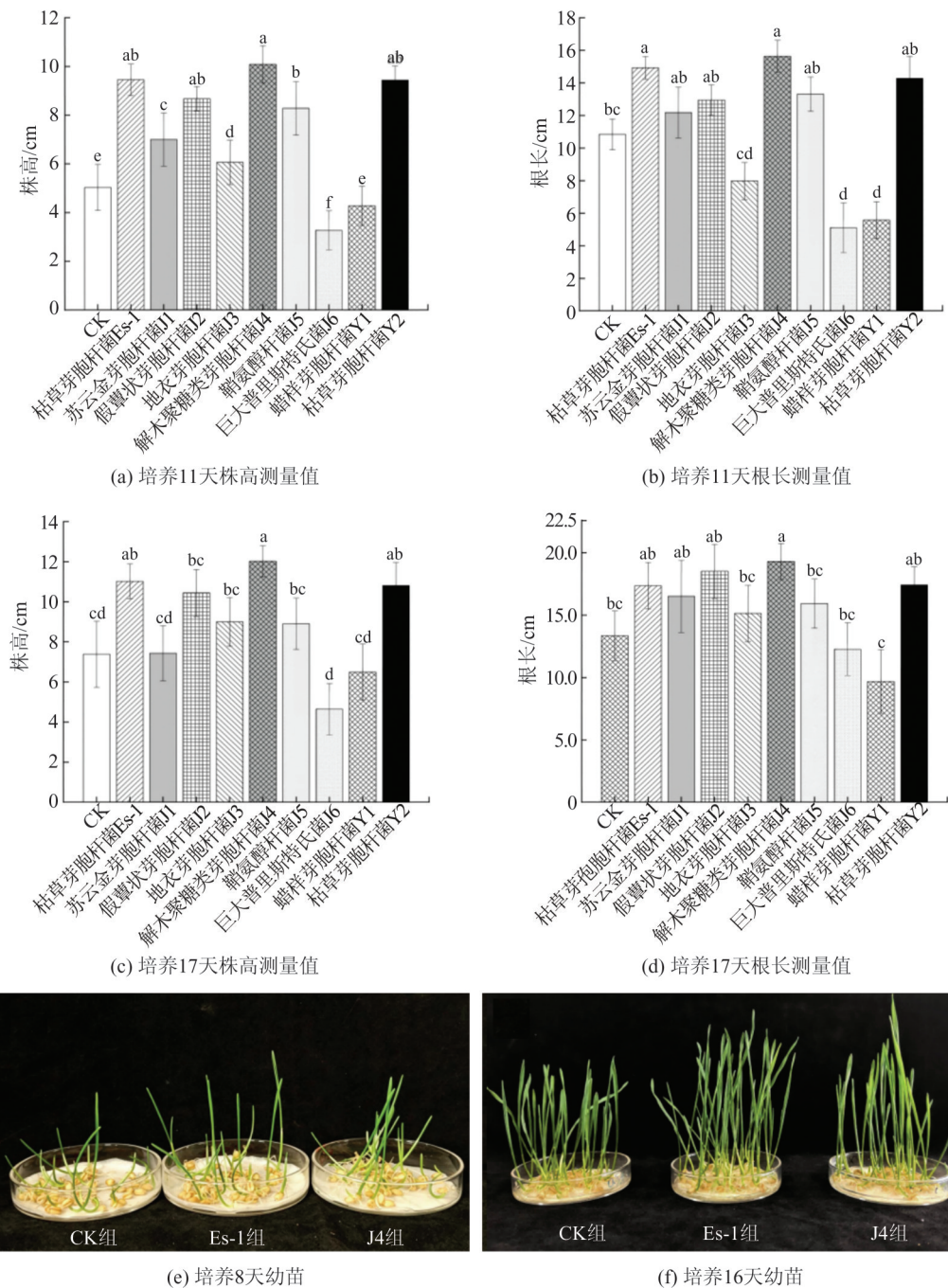


图5 0.4% NaCl胁迫下不同菌株处理对小麦幼苗株高与根长的影响

Figure 5 Effects of different bacterial treatments on plant height and root length of wheat seedlings under 0.4% NaCl stress

CK组。

2.6 供试菌株对盐胁迫下小麦幼苗生物量及光合色素的影响

基于前期生长指标,选取解木聚糖类芽胞杆菌J4、鞘氨醇杆菌J5、枯草芽胞杆菌Y2及阳性对照Es-1进行后续测试,进一步分析它们对幼苗生物量和叶绿素含量的影响(图6)。生物量结果显示,与CK组相比,4种菌株均显著提高了幼苗的鲜重($P<0.05$);除鞘氨醇杆菌J5外,其余3株菌株均显著提高了幼苗干重($P<0.05$)。其中,解木聚糖类芽胞杆菌J4对小麦幼苗鲜重和干重增量促进效应最显著,较CK组分别增加了34.61%和28.04%($P<0.05$),且显著优于阳性对照Es-1($P<0.05$),如图6(a)所示。

光合色素含量结果同样显示,除鞘氨醇杆菌J5外,3种菌株处理均显著提高了幼苗叶绿素a及叶绿素b含量($P<0.05$)。其中,解木聚糖类芽胞杆菌J4促进效果最显著,叶片叶绿素a和叶绿素b的含量较CK组分别增加了17.50%和30.58%($P<0.05$),与阳性对照Es-1组效果相当,如图6(b)所示。

上述结果表明,解木聚糖类芽胞杆菌J4的促生作用,不仅体现在植株生长量的增加,更通过促进干物质积累和光合色素合成,显著增强了小麦幼苗在盐胁迫下的物质合成能力与光合适应作用。

2.7 解木聚糖类芽胞杆菌J4对盐胁迫下小麦种子萌发期代谢的影响

为探究菌株J4的促生机制,本研究测定了其浸种处理后小麦种子萌发过程中 α -淀粉酶活性的动态变化(图7)。结果显示,各处理组种子 α -淀粉酶活性均随萌发进程呈上升趋势,但上升幅度存在明显

差异。

浸种4 h后,J4处理组和Es-1处理组的 α -淀粉酶活性均显著高于CK组($P<0.05$),其中,J4组活性(0.230 mg/g)约为CK组(0.013 mg/g)的17.7倍,约为Es-1组(0.127 mg/g)的1.8倍。浸种后1 d,J4组活性(0.285 mg/g)仍显著高于CK组(0.145 mg/g, $P<0.05$),而Es-1组(0.163 mg/g)与CK组差异不显著;浸种后2 d,各菌株处理组与CK组间 α -淀粉酶活性均未达到显著性差异($P>0.05$);至浸种后3 d,J4组活性(1.029 mg/g)再次显著高于CK组(0.825 mg/g, $P<0.05$),而Es-1组(0.926 mg/g)与CK组差异不显著。上述结果表明,J4处理在小麦种子萌发早期(浸种4 h后至浸种后1 d)即显著提升了 α -淀粉酶活性,且在萌发后期(浸种后3 d)仍保持显著激活效应。与阳性对照Es-1相比,J4处理对 α -淀粉酶活性的激活效应持续时间更长,且在多时间点(浸种4 h后及浸种后1 d、3 d)的活性水平更高,提示两菌株在能量代谢调控上可能存在不同的作用模式。

2.8 解木聚糖类芽胞杆菌J4对盐胁迫下小麦幼苗抗氧化系统的影响

PGPB常通过增强植物抗氧化防御体系以应对氧化损伤。本研究测定了0.4% NaCl胁迫下培养第17天小麦幼苗的超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)和过氧化氢酶(CAT)活性,探究J4对小麦幼苗抗氧化系统的调控效应(图8)。结果显示,J4处理组小麦幼苗的SOD及CAT活性与CK组相比均无显著性差异($P>0.05$),仅POD活性有显著提升,较CK组提升8.52%($P<0.05$)。而阳性对照组枯草芽胞杆菌Es-1则显著提升小麦幼苗体内这3种

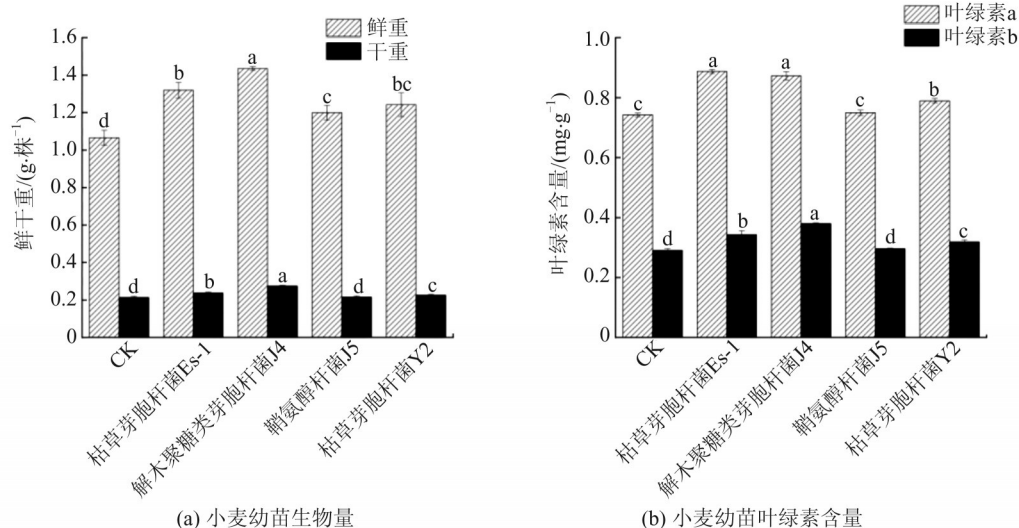


图6 供试菌株对盐胁迫下小麦幼苗生物量及叶绿素含量的影响

Figure 6 Effects of tested strains on biomass and chlorophyll content of wheat seedlings under salt stress

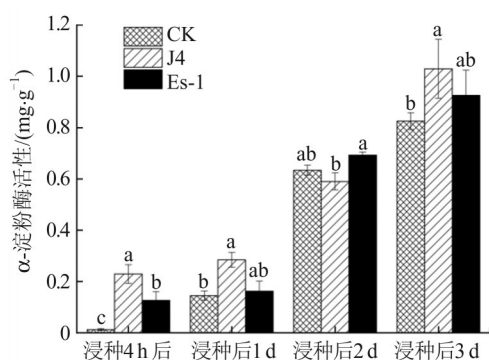


图7 解木聚糖类芽胞杆菌J4对盐胁迫下小麦种子萌发过程中 α -淀粉酶活性的影响

Figure 7 Effect of *Paenibacillus xylanilyticus* J4 on α -amylase activity of wheat during seed germination under salt stress

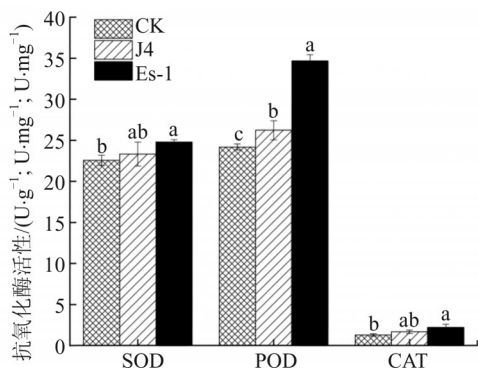


图8 解木聚糖类芽胞杆菌J4对盐胁迫下小麦幼苗抗氧化酶活性的影响

Figure 8 Effects of *P. xylanilyticus* J4 on antioxidant enzyme activities in wheat seedlings under salt stress

抗氧化酶的活性($P < 0.05$), SOD、POD、CAT活性较CK组分别提升了9.93%、43.38%、72.09%,且POD提升幅度显著高于J4处理组($P < 0.05$)。上述结果提示,J4缓解小麦盐胁迫、促进幼苗生长的作用机制与阳性对照Es-1不同,其并非主要通过增强经典抗氧化酶(SOD、CAT)活性来实现调控的。

3 讨论

3.1 油樟是挖掘特殊功能促生菌的潜在资源库

本研究从特色香料作物油樟中系统分离了其内生及根际细菌,并成功筛选到一株对盐胁迫下小麦具有显著促生效果的解木聚糖类芽胞杆菌 *P. xylanilyticus* J4。该菌株能有效缓解0.4% NaCl胁迫效应,可显著且持续地促进小麦幼苗的生长、生物量的增加,叶绿素b含量的提升,且上述指标均优于阳性对照菌株枯草芽胞杆菌Es-1。油樟作为一种富含桉叶油素、芳樟醇等挥发性萜类化合物的特殊生态位,其组织与根际环境可能对定殖微生物具有独特的筛选压力,本研究从该生境中筛选到高效促生菌

株,提示油樟的次生代谢产物可能与其共生细菌的功能进化存在关联。此前研究多关注油樟内生真菌的抗菌活性或次生代谢调控^[13-17],而本研究系统报道了油樟相关细菌在增强作物耐盐性方面的潜力,提示其可能是筛选具有独特抗逆功能植物根际促生细菌的宝贵资源库^[9],拓展了该资源对于农业应用的认识。

3.2 J4通过激活早期淀粉代谢为幼苗建立生长优势

解木聚糖类芽胞杆菌J4的促生机制可能涉及其多样的代谢功能。已有研究报道解木聚糖类芽胞杆菌可产生木聚糖酶、几丁质酶等^[19-20],这些酶类可能有助于改良根际微环境或促进有机物分解。本研究进一步发现,J4处理在小麦种子萌发早期(浸种4h后)即显著提升了 α -淀粉酶活性,且在浸种后1d和3d仍保持显著激活效应;而阳性对照Es-1仅在浸种4h后有显著激活(图7)。该结果提示J4与Es-1两菌株在能量代谢调控上可能通过不同的分子机制对 α -淀粉酶活性进行激活调控。

研究表明,淀粉酶活性的增强可加速胚乳储藏淀粉的降解,为幼苗早期生长提供更充足的碳源和能量^[21]。J4处理组在萌发早期(浸种4h后至浸种后1d)维持了较高的 α -淀粉酶活性,而此时正是胚芽鞘伸长并对能量需求最迫切的时期;培养7d时,J4组胚芽鞘长度(4.40 cm)较CK组(1.40 cm)增加214.3%,增幅高于Es-1组(164.3%)。酶活与生长表型的时间变化趋势相一致,支持J4通过激活早期淀粉代谢为胚芽鞘快速伸长提供能量这一结论。值得注意的是,尽管多数菌株处理(包括J4)并未显著提高小麦种子的最终发芽率(图3),但其对胚芽鞘伸长、幼苗生长及生物量积累均产生了显著的正面影响(图4至图6)。以上结果提示,J4的促生效应可能并非通过打破种子休眠或直接促进萌发,其更倾向于在种子萌发后,通过激活早期淀粉代谢增强幼苗对盐胁迫的抵御能力进而建立生长优势。

3.3 J4不依赖经典抗氧化酶途径发挥促生作用

在盐胁迫下,部分PGPB菌株(包括本研究的阳性对照枯草芽胞杆菌Es-1)可通过显著提高SOD、CAT等抗氧化酶活性来增强植物抗逆性^[22-23]。然而,本研究的解木聚糖类芽胞杆菌J4处理并未引起小麦幼苗相关抗氧化酶活性(SOD、CAT)的显著变化(图8),表明其缓解盐胁迫的机制可能不通过这一经典途径。研究表明,芽胞杆菌属和类芽胞杆菌属可通过调节植物内源激素平衡(如提高IAA、降低ABA水平)、促进养分吸收、诱导渗透调节物质积累

或产生非酶类抗氧化物质等多种途径发挥促生与抗逆功能^[4,24]。另外,其基因组中是否含有与耐盐促生相关的特定基因簇(如合成脂肽、聚酮类化合物等),也值得进一步研究。

3.4 PGPB 促生效应的菌株特异性

J4独特的作用机制,从侧面反映了PGPB功能的高度多样性及其与宿主-环境互作的复杂性。这种复杂性在本研究筛选出的其他菌株中亦有体现。例如,枯草芽胞杆菌Es-1主要通过增强抗氧化系统发挥稳定的促生作用,与多数报道一致^[20,25];而鞘氨醇杆菌J5虽在培养7 d时表现出与J4相当的胚芽鞘伸长促进效果(图4),但其促生效果随时间延长(11 d、17 d)逐渐减弱(图5和6),表明其促生效应仅体现在幼苗极早期,未能有效转化为后期的物质积累,提示其与小麦的互作可能偏重于短期的信号传导或阶段性生长刺激。假蕈状芽胞杆菌J2对种子发芽率和胚芽鞘伸长均表现出显著的抑制效应(图3,4),其处理下小麦发芽率降至58%,胚芽鞘长度仅0.33 cm,远低于无菌水对照。此外,巨大普里斯特氏菌J6、蜡样芽胞杆菌Y1在培养11 d和17 d均未表现出显著促生效应(图5),与部分文献报道的促生功能看似矛盾,实则反映了菌株功能对环境条件和宿主发育阶段的敏感性^[25-26]。上述结果表明,不同细菌的促生效果存在显著的菌株特异性,这与植物-微生物互作研究中普遍观察到的现象一致^[3],也提示在实际农业应用中,必须对PGPB菌株进行严格的功能验证与条件优化。

3.5 结论与展望

本研究以中国重要香料作物与特色经济树种——油樟(*C. longipaniculatum*)为资源对象,系统分离其内生及根际细菌,并通过基因鉴定与生理实验,筛选并鉴定出一株具有高效耐盐促生功能的解木聚糖类芽胞杆菌J4。该菌株能显著缓解盐胁迫对小麦幼苗生长的抑制,其促生机制可能与早期淀粉代谢的激活有关,但非依赖于典型的抗氧化酶途径。本研究为利用油樟特有微生物资源开发抗逆微生物接种剂提供了优良候选菌株与理论依据,也为从具有特殊次生代谢特征的植物生境中挖掘功能微生物提供了新的研究思路。针对本研究尚未揭示的其他关键科学问题,后续研究可聚焦于以下方面:通过代谢组学技术比较J4与Es-1处理下小麦种子萌发期的代谢物差异;鉴定J4分泌的可激活小麦 α -淀粉酶的关键信号分子;利用基因组学与转录组学联合分析,挖掘J4中特有的促生、耐盐相关基因簇,解析其调控小麦碳代谢的分子机制;同时,开展盆栽与田间

小区试验,验证J4在不同盐渍化土壤中对小麦生长的促生效果,并优化其微生物接种剂的制备工艺与施用方法,为其后续的农业产业化应用提供技术支撑。

参考文献

- [1] Liu D, Ma Y, Rui M M, et al. Is high pH the key factor of alkali stress on plant growth and physiology? A case study with wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings[J]. *Agronomy*, 2022, 12(8): 1820.
- [2] Zafar S, Hasnain Z, Danish S, et al. Modulations of wheat growth by selenium nanoparticles under salinity stress[J]. *BMC Plant Biology*, 2024, 24: 35.
- [3] 马莹,曹梦圆,石孝均,等. 植物促生菌的功能及在可持续农业中的应用[J]. *土壤学报*, 2023, 60(6): 1555-1568.
Ma Y, Cao M Y, Shi X J, et al. Functions of plant growth-promoting bacteria and their application in sustainable agriculture [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2023, 60(6): 1555-1568.
- [4] Kumar A, Patel J S, Meena V S, et al. Recent advances of PGPR based approaches for stress tolerance in plants for sustainable agriculture[J]. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 2019, 20: 101271.
- [5] Shahzad R, Khan A L, Bilal S, et al. Inoculation of abscisic acid-producing endophytic bacteria enhances salinity stress tolerance in *Oryza sativa* [J]. *Environmental and Experimental Botany*, 2017, 136: 68-77.
- [6] Abd EI-Daim I A, Bejai S, Meijer J. *Bacillus velezensis* 5113 induced metabolic and molecular reprogramming during abiotic stress tolerance in wheat [J]. *Scientific Reports*, 2019, 9: 16282.
- [7] 许芳芳,袁立敏,邵玉芳,等. 肠杆菌FYP1101对盐胁迫下小麦幼苗的促生效应[J]. *微生物学通报*, 2018, 45(1): 102-110.
Xu F F, Yuan L M, Shao Y F, et al. Effect of *Enterobacter* sp. FYP1101 on wheat seedling growth under salt stress [J]. *Microbiology China*, 2018, 45 (1) : 102-110.
- [8] Fu J, Xiao Y, Wang Y F, et al. *Trichoderma* affects the physiochemical characteristics and bacterial community composition of saline-alkaline maize rhizosphere soils in the cold-region of Heilongjiang Province [J]. *Plant and Soil*, 2019, 436: 211-227.
- [9] 肖祖飞,艾卿,王颜波,等. 油樟的研究进展[J]. *江西科学*, 2021, 39(1): 53-58.
Xiao Z F, Ai Q, Wang Y B, et al. Research progress of *Cinnamomum longepaniculatum* [J]. *Jiangxi Science*, 2021, 39(1): 53-58.

- [10] 王涛,游玲,崔晓龙,等. 油樟内生芽胞细菌的系统发育多样性[J]. 微生物学报, 2009, 49(5): 574-580.
Wang T, You L, Cui X L, et al. Phylogenetic diversity of endophytic endospore-forming bacteria isolated from *Cinnamomum longepaniculatum* N. Chao ex H. W. Li [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2009, 49 (5) : 574-580.
- [11] 冯瑞章,周浩均,魏琴,等. 油樟内生溶磷菌的筛选及其生物学特性[J]. 广西植物, 2016, 36(11): 1396-1402.
Feng R Z, Zhou G J, Wei Q, et al. Screening and characterization of phosphate dissolving endophytic bacteria from *Cinnamomum longepaniculatum* [J]. Guihaia, 2016, 36(11): 1396-1402.
- [12] 周万海,杨立艳,李苗,等. 天然香料植物油樟叶可培养内生细菌群落结构与多样性[J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(20): 43-51.
Zhou W H, Yang L Y, Li M, et al. Structure and diversity of culturable endophytic bacteria in natural spice *Cinnamomum longepaniculatum* (Gamble) N. Chao leaves [J]. Food and Fermentation Industries, 2019, 45(20): 43-51.
- [13] 李苗,李彦铭,冯瑞章,等. 特色香料作物油樟叶内生 *Bacillus velezensis* YZ12 的鉴定及拮抗病原菌活性[J]. 生物资源, 2020, 42(4): 414-420.
Li M, Li Y M, Feng R Z, et al. Identification and antagonistic activity of an endophytic strain *Bacillus velezensis* YZ12 isolated from *Cinnamomum longepaniculatum* leaves[J]. Biotic Resources, 2020, 42(4) : 414-420.
- [14] 王涛,游玲,黄乃耀,等. 油樟内生真菌多样性与对植物病原菌的抑菌活性[J]. 江苏农业科学, 2009, 37 (1): 98-100, 101.
Wang T, You L, Huang N Y, et al. Antifungal activities against phytopathogens and diversity of endophytic fungi isolated from *Cinnamomum longepaniculatum* [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2009, 37 (1) : 98-100, 101.
- [15] 魏琴,谭韵雅,李群,等. 内生真菌对油樟悬浮细胞培养的影响[J]. 广西植物, 2016, 36(8): 923-929.
Wei Q, Tan Y Y, Li Q, et al. Effects of fungal endophytes on cell suspension culture of *Cinnamomum longepaniculatum*[J]. Guihaia, 2016, 36(8): 923-929.
- [16] 周万海,刘雯雯,魏琴,等. 春季油樟可培养内生真菌多样性及产黄酮功能初筛[J]. 热带作物学报, 2022, 43(10): 2149-2159.
Zhou W H, Liu W W, Wei Q, et al. Diversity and flavonoid-producing function of culturable endophytic fungi in natural spice *Cinnamomum longepaniculatum* (Gamble) N. Chao in spring [J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2022, 43(10): 2149-2159.
- [17] 刘雯雯,胡连清,牟嘉勇,等. 油樟茎部内生真菌多样性分析及功能筛选[J]. 宜宾学院学报, 2023, 23 (12): 59-67.
Liu W W, Hu L Q, Mou J Y, et al. Diversity analysis and function screening of endophytic fungi from stems of *Cinnamomum longepaniculatum* [J]. Journal of Yibin University, 2023, 23(12): 59-67.
- [18] 李刚,付凯勇,王焱栋,等. 中性和碱性盐复合胁迫对2个小麦品种种子萌发和幼苗生长的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2024, 42(4): 29-41.
Li G, Fu K Y, Wang Y D, et al. Effects of neutral and alkaline salt combined stress on seed germination and seedling growth of two wheat varieties [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2024, 42(4): 29-41.
- [19] 周毅,杨廷宪,杨佩,等. 利用棉花不同生育期的拮抗内生菌协同控制棉黄萎病研究[J]. 安徽农业科学, 2012, 40(13): 7722-7725, 7762.
Zhou Y, Yang T X, Yang P, et al. Antagonistic endophytic bacteria isolated from different growth stages of cotton for the control of cotton *Verticillium* wilt [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2012, 40(13): 7722-7725, 7762.
- [20] 邵美琪,赵卫松,苏振贺,等. 盐胁迫下枯草芽胞杆菌 NCD-2 对番茄促生作用及对土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国农业科学, 2021, 54(21): 4573-4584.
Shao M Q, Zhao W S, Su Z H, et al. Effect of *Bacillus subtilis* NCD-2 on the growth of tomato and the microbial community structure of rhizosphere soil under salt stress [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2021, 54(21): 4573-4584.
- [21] Li Y J, Hu Q P. Studying of the promotion mechanism of *Bacillus subtilis* QM3 on wheat seed germination based on β -amylase [J]. Open Life Sciences, 2020, 15 (1): 553-560.
- [22] Silambarasan S, Logeswari P, Valentine A, et al. *Pseudomonas citronellolis* strain SLP6 enhances the phytoremediation efficiency of *Helianthus annuus* in copper contaminated soils under salinity stress [J]. Plant and Soil, 2020, 457(1): 241-253.
- [23] 魏雅洁,李小龙,彭旭云,等. 淡紫紫孢菌 PLF-1 对感染尖刀镰孢菌百合种球的促生作用及其相关防御酶活性变化[J]. 生物资源, 2020, 42(1): 143-150.
Guo Y J, Li X L, Peng X Y, et al. Effects of *Purpureocillium lilacinum* PLF-1 on growth and related defense enzyme activity of *Lilium* bulbs after infection with *Fusarium oxysporum* [J]. Biotic Resources, 2020, 42 (1): 143-150.

-
- [24] Tariq H, Subramanian S, Geitmann A, et al. *Bacillus* and *Paenibacillus* as plant growth-promoting bacteria in soybean and cannabis [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2025, 16: 1529859.
- [25] 刘方春, 马海林, 杜振宇, 等. 金银花容器苗对于旱胁迫下接种根际促生细菌的生理响应[J]. *生态学报*, 2015, 35(21): 7003-7010.
- Liu F C, Ma H L, Du Z Y, et al. Physiological responses of *Lonicera japonica* container seedlings to plant growth-promoting rhizobacteria inoculation under drought stress [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(21): 7003-7010.
- [26] Porcel R, Zamarreño Á M, García-Mina J M, et al. Involvement of plant endogenous ABA in *Bacillus megaterium* PGPR activity in tomato plants [J]. *BMC Plant Biology*, 2014, 14(1): 36.