

# 不同小麦品种苗期抗旱性鉴定 及根际微生物功能研究

王安泽<sup>1</sup>,张阿里<sup>1</sup>,窦松岩<sup>2</sup>,岳红<sup>1</sup>,宋卫宁<sup>1</sup>

(1.西北农林科技大学农学院,作物抗逆与高效生产全国重点实验室,陕西 杨凌 712100;

2.西北农林科技大学生命科学学院,陕西 杨凌 712100)

**摘要:**对20份小麦品种苗期进行抗旱性鉴定,计算综合抗旱指数,筛选获得抗旱小麦品种‘汉中白’,对抗旱小麦品种‘汉中白’的根际微生物进行分离鉴定,共获得50株菌株,对获得的菌株进行抗旱性筛选后,获得8株抗旱菌株,其中包括2株芽孢乳杆菌属(*Paenibacillus*)、2株假单胞菌属(*Pseudomonas*)、2株狭生单胞菌属(*Stenotrophomonas*)、1株葡萄球菌属(*Staphylococcus*)和1株*Paraclostridium*属。将8株抗旱菌株分别定殖在干旱敏感品种‘中国春’的根际,测定干旱胁迫下‘中国春’小麦的株高、根长、地上部以及地下部干、鲜质量等生理指标,结果显示在芽孢乳杆菌属侵染‘中国春’小麦后,侵染小麦的4个生理指标相对于对照组均有提高,其中平均株高提高了5.71 cm、平均根长提高了2.28 cm、平均鲜质量提高了0.0371 g、平均干质量提高了0.0118 g,表明芽孢乳杆菌属显著提高了‘中国春’小麦的抗旱性。研究表明抗旱品种‘汉中白’在干旱胁迫下招募的微生物具有提高旱敏材料‘中国春’的抗旱潜能,芽孢乳杆菌可作为潜在的微生物菌剂。

**关键词:**小麦;根际微生物;抗旱性鉴定;芽孢乳杆菌

**中图分类号:**S512; S32 **文献标志码:**A

## Identification of drought resistance of different wheat varieties at seedling stage and functional analysis of rhizosphere microorganisms

WANG Anze<sup>1</sup>, ZHANG Ali<sup>1</sup>, DOU Songyan<sup>2</sup>, YUE Hong<sup>1</sup>, SONG Weining<sup>1</sup>

(1. College of Agronomy, State Key Laboratory for Crop Stress Resistance and High-Efficiency Production, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China;

2. College of Life Sciences, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

**Abstract:** The drought resistance of 20 wheat varieties at seedling stage was assessed, and a comprehensive drought resistance index was calculated. The drought-resistant wheat variety ‘Hanzhongbai’ was selected, and its rhizosphere microorganisms were isolated and identified, resulting in 50 bacterial strains. After screening for drought resistance, eight drought-resistant strains were identified, including two strains of *Paenibacillus*, two strains of *Pseudomonas*, two strains of *Stenotrophomonas*, one strain of *Staphylococcus*, and one strain of *Paraclostridium*. These eight drought-resistant strains were inoculated into the rhizosphere of the drought-sensitive wheat variety ‘Chinese Spring’, and physiological parameters including plant height, root length, above-ground fresh and dry weights, and below-ground fresh and dry weights were measured under drought stress. The results showed that inoculation with *Paenibacillus* significantly improved all four physiological parameters of ‘Chinese Spring’ compared to the control group, with average plant height increasing by 5.71 cm, average root length by 2.28 cm, average fresh weight by 0.0371 g, and average dry weight by 0.0118 g. This indicated that *Paenibacillus* significantly improved the drought resistance of ‘Chinese Spring’ wheat. Therefore, this study suggests that the microorganisms recruited by the drought-resistant variety ‘Hanzhongbai’ under drought stress could enhance the drought resistance of the

收稿日期:2024-01-17

修回日期:2024-09-06

基金项目:国家自然科学基金项目(32370137);陕西省自然科学基金项目(2023-JC-QN-0218)

作者简介:王安泽(1998-),男,贵州黔西南州人,硕士研究生,研究方向为植物微生物互作。E-mail:18932090853@163.com

通信作者:岳红(1987-),女,陕西安康人,副教授,主要从事植物微生物互作研究。E-mail:yuehongsx@163.com

宋卫宁(1958-),男,澳大利亚籍,教授,主要从事小麦基因组学研究。E-mail:sweining2002@outlook.com

drought-sensitive 'Chinese Spring' variety. *Paenibacillus* showed promise as a microbial agent for boosting crop yield and quality in arid regions.

**Keywords:** wheat; rhizosphere microorganism; identification of drought resistance; *Paenibacillus*

随着全球淡水资源稀缺和干旱的加剧,粮食生产面临严重威胁<sup>[1]</sup>。干旱是限制作物生长发育最重要的逆境因素之一,对作物生产造成严重影响,已成为全球粮食产量的一个重要限制因素<sup>[2]</sup>。小麦(*Triticum aestivum* L.)作为全球第二大粮食作物,在其生命周期过程中对水分需求较高,正常的生长发育和高产优质均需要充足的水分供应<sup>[3-4]</sup>。我国干旱缺水地区面积约占国土总面积的52%,涉及全国25个省、自治区和直辖市。干旱和高温导致雨养区小麦产量下降12.9%~21.7%<sup>[5]</sup>。在我国北方小麦主产区,干旱严重影响了小麦植株的生长发育,导致低产和质量下降等问题日益突出<sup>[6]</sup>。研究表明,干旱胁迫会导致小麦的生理生化过程和代谢物积累过程受阻,从而引起植株损伤和减产<sup>[7]</sup>;此外,干旱还可能引发土壤结构疏松和养分流失,破坏土壤中的微生物群落结构,进一步加剧小麦减产。因此,探索如何提高小麦抗旱性对于实现旱区农田小麦的高产稳产具有重要意义。

在农田生态系统中,作物、土壤和根际微生物组成了命运共同体,三者存在复杂且密切的相互作用,对于维持农田生态系统平衡至关重要<sup>[8]</sup>。作物通过根系分泌物选择性招募有益功能微生物,根际功能微生物又可以促进作物的生长发育、增强养分的有效利用以及抵御逆境胁迫,从而提高土壤生产力和作物产量<sup>[9-11]</sup>。前人研究表明,就固有的诱导途径而言,高度保守的细菌群落在促进植物抗旱性方面起着主导作用。例如,*Aeromonadaceae*菌株导致茉莉酸相关调节因子的协同诱导,该调节因子通过诱导保护细胞中 $H_2O_2$ 的积累和气孔关闭来保护植物免受脱水损害<sup>[12]</sup>。沙漠植物在促进植物生长的根瘤菌的帮助下,通过促进与渗透调节相关基因的表达来适应极端干燥的天气,但减少了植物对养分循环和代谢的需求<sup>[13]</sup>。合成菌群还可增强黄芪对中强度干旱胁迫的反应能力,提升黄芪根系的促生效果,从而提高了黄芪在干旱环境下的适应性<sup>[14]</sup>。此外,从干旱地区种植的辣椒中分离鉴定出的抗旱植物生长促进细菌也能够提高辣椒的抗旱性能<sup>[15]</sup>。因此,利用根际微生物提高作物的抗旱能力、减轻干旱逆境危害是农业可持续发展的重要途径之一。

尽管植物的干旱适应性通常被视为遗传基础

所驱动,但近年来根际微生物的作用也被认为是植物抗逆性的一个关键因素。植物宿主的基因型对根际微生物群落的形成具有重要影响<sup>[16-17]</sup>。长期以来,围绕小麦抗旱机制的研究主要集中在抗旱相关蛋白编码基因鉴定和生物学功能挖掘等方面,而针对小麦根际微生物组的研究相对较少。尤其是在干旱胁迫下,不同小麦品种根际核心微生物如何提高小麦抗旱性的研究相对薄弱。因此,本试验对20份来自国内各个麦区的小麦种质材料进行苗期抗旱性鉴定,筛选抗旱性小麦品种,并对抗旱小麦根际微生物进行分离鉴定,探究其对干旱敏感型小麦品种的增效,以期挖掘能够显著提高小麦抗旱性的微生物资源,为干旱半干旱地区小麦粮食安全以及优化农田生态系统提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

本研究所用小麦种质材料均来自国内各个麦区,包括8份已通过审定并推广品种以及12份地方特有品种(表1)。

### 1.2 抗旱性鉴定

挑选大小均匀一致、籽粒饱满、无虫蛀的供试小麦种子各30粒,首先对种子进行消毒处理,先后使用70%乙醇浸泡10 min,无水乙醇浸泡1 min,3% NaClO 浸泡1 min,最后用双蒸水冲洗5次以去除种子上残留的试剂<sup>[18]</sup>。将消毒处理后的种子腹沟朝下,均匀地摆放在以双层滤纸为发芽床的培养皿中。在每个培养皿中加入少量灭菌水,然后置于4℃的培养箱中孵育72 h。选用聚乙二醇(PEG)高渗溶液模拟干旱逆境<sup>[19]</sup>。待种子发芽后96 h,选取生长情况一致的幼苗转移到水培箱中,每个品种种植5株,分别设置处理组(PEG处理)和对照组(无PEG处理)。水培箱中添加8 L Hoagland 营养液,每7 d更换一次。培养光照周期为16 h光照/8 h黑暗,温度为23℃±1℃。当幼苗长至三叶一心期时,对处理组开始进行干旱胁迫处理,即7% PEG 溶液处理3 d+14% PEG 溶液浓度处理3 d+20% PEG 浓度处理7 d。胁迫后立即取样并测定株高(PH)、根长(RL)、地上部鲜质量(AFW)、地下部鲜质量(BFW)、地上部干质量(ADW)和地下部干质量(BDW)6个农艺性状。

表 1 参试小麦材料名称及类别  
Table 1 List of tested wheat materials

序号 No.	材料名称 Name of materials	材料类别 Material category	序号 No.	材料名称 Name of materials	材料类别 Material category
1	崇阳红麦 1 Chongyanghongmai 1	审定品种 Variety	11	和尚麦 Heshangmai	地方品种 Landrace
2	贵农 10 号 Guinong 10	审定品种 Variety	12	红冬麦 Hongdongmai	地方品种 Landrace
3	俊晓 9706 Junxiao 9706	审定品种 Variety	13	红花早 Honghuazao	地方品种 Landrace
4	内麦 11 Neimai 11	审定品种 Variety	14	黄水白 Huangshuibai	地方品种 Landrace
5	台中 23 Taizhong 23	审定品种 Variety	15	兰溪早小麦 Lanxiaoxiaomai	地方品种 Landrace
6	托克逊 1 号 Tuokexun 1	审定品种 Variety	16	六柱头 Liuzhutou	地方品种 Landrace
7	西农 2208 Xinong 2208	审定品种 Variety	17	三颗寸 Sankecun	地方品种 Landrace
8	藏冬 4 号 Zangdong 4	审定品种 Variety	18	同家坝小麦 Tongjiabaxiaomai	地方品种 Landrace
9	春小麦 Chunxiaomai	地方品种 Landrace	19	线麦 Xianmai	地方品种 Landrace
10	汉中白 Hanzhongbai	地方品种 Landrace	20	中国春 Chinese Spring	地方品种 Landrace

使用 SPSS 27 软件进行方差分析以评估不同处理组之间的统计显著性。使用 R 语言 (版本 4.3.1) 中“FactoMineR”和“Factoextra”包进行主成分分析, 获得各小麦品种在第  $j$  个综合指标上的贡献率  $p_j$ ; 同时使用“Hmisc”、“Performance Analytics”以及“ggplot2”包进行各农艺性状之间的相关性矩阵分析及数据可视化。

1.2.1 干旱胁迫反应指数 采用各性状在干旱胁迫处理和对照处理下的测定值之比作为干旱胁迫反应指数 (DRI), 计算公式为<sup>[20]</sup>:

$$DRI = \frac{\text{处理组测定值}}{\text{对照组测定值}} \times 100\% \quad (1)$$

1.2.2 不同参试小麦品种综合指数的隶属函数值

$$u(X_j) = \frac{X_j - X_{\min}}{X_{\max} - X_{\min}} \quad (j = 1, 2, \dots, n) \quad (2)$$

式中,  $u(X_j)$  表示第  $j$  个综合指标的隶属函数值;  $X_j$  表示第  $j$  个综合指标;  $X_{\min}$  表示第  $j$  个综合指标的最小值;  $X_{\max}$  表示第  $j$  个综合指标的最大值。

1.2.3 各综合指标的权重

$$w_j = \frac{p_j}{\sum_{j=1}^n p_j} \quad (j = 1, 2, \dots, n) \quad (3)$$

式中,  $w_j$  表示第  $j$  个综合指标在所有综合指标中的重要程度, 即权重;  $p_j$  表示经主成分分析得出的各小麦品种在第  $j$  个综合指标上的贡献率。

1.2.4 参试小麦的综合抗旱能力

$$D = \sum_{j=1}^n [u(X_j) \times w_j] \quad (j = 1, 2, \dots, n) \quad (4)$$

式中,  $D$  表示各小麦品种在干旱胁迫处理下由综合指标评价获得的抗旱性综合评价值。

通过公式 (2) 和 (3) 计算各参试小麦的综合指标所对应的隶属函数值  $u(X_j)$  和权重  $w_j$  值, 得出综

合抗旱性评价值  $D$  并根据其大小排序,  $D$  值越大表明品种的抗旱性越强, 反之则越弱。

### 1.3 根际微生物分离、纯化及鉴定

将筛选出的抗旱小麦品种‘汉中白’种植于温室中, 模拟自然干旱环境, 确保光照、土壤和通风等自然条件的一致性。在小麦达到拔节期时收集其根际土壤进行后续试验<sup>[21-22]</sup>。采集到的小麦根际土壤样品移至 250 mL 锥形瓶中, 加入 200 mL 0.01 mol · L<sup>-1</sup> PBS 缓冲液 (4℃), 并采用超声 (15 min) 和振荡 (1 h, 200 r · min<sup>-1</sup>, 20℃) 处理将土壤微生物洗脱至 PBS 缓冲液中<sup>[23]</sup>; 随后将得到的含微生物的 PBS 缓冲液进行梯度稀释, 并取 10<sup>-4</sup>、10<sup>-5</sup> 和 10<sup>-6</sup> 的稀释液用平板涂布法分别在 TSB 培养基平板、R<sub>2</sub>A 培养基平板、牛肉膏蛋白胨培养基平板和 LB 培养基平板上涂布, 于 28℃ 恒温培养箱中倒置培养 24 h 以观察不同菌株的生长情况; 使用接种环挑出形态各异的单菌落, 并划线接种至对应培养基, 以确保全面分离小麦根际土壤中可培养的根际微生物。由于不同菌株的生长速度不同, 需在恒温培养箱中培养 24~48 h, 重复多次划线培养后获得纯菌落。

使用引物 515F (GTGYCAGCMGCCGCGGTAA)/926R (CCGYCAATTYMTTTRAGTTT)<sup>[24]</sup> 对菌株进行聚合酶链反应 (PCR) 扩增并对扩增产物进行测序。测序序列经过 NCBI 网站进行 BLAST 比对。随后使用 MEGA11 软件中的邻接法构建系统发育树。使用 R 语言中的“ggplot2”和“ggtree”包进行数据可视化。

### 1.4 菌株抗旱能力鉴定

制备含有 20% PEG 和不含 PEG 的无菌 TSB、R<sub>2</sub>A、LB 和牛肉膏蛋白胨液体培养基。将上述获得测序结果的菌株接种在对应的液体培养基中, 置于 28℃、180 r · min<sup>-1</sup> 的摇床培养箱中培养, 直至在无

PEG 的液体培养基中生长的菌液 OD600 值达到 0.6。随后将含有 20% PEG 的菌液稀释至  $10^{-5}$  倍, 并取 100  $\mu\text{L}$  的稀释液涂布在固体培养基平板上。等待平板上的菌落数量不再增加后, 计算单菌落数目, 进行菌株的抗旱能力鉴定。若菌落形成单位 (CFU) 超过  $5 \times 10^6$ , 则认为该菌株具有抗旱能力。

### 1.5 微生物侵染小麦试验

对‘中国春’小麦种子进行消毒, 具体步骤详见 1.2 节。使用无菌水配制 Hoagland 营养液, 并将发芽的‘中国春’小麦幼苗固定在经过灭菌处理的海绵上, 然后将其放入培养瓶中进行水培培养。为避免绿藻对小麦生长的影响, 外部包裹锡纸以防止光照。设置无菌霍格兰培养液培养的‘中国春’小麦为对照组 (CK), 筛选得到的抗旱单菌侵染‘中国春’小麦为各处理组。将抗旱菌株进行扩大培养, 之后进行离心处理 ( $14\,000\text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$ , 10 min), 去除上清液。随后使用  $10\text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}\text{ MgCl}_2$  重新悬浮细菌沉淀, 并将其加入培养瓶中, 使 OD600 值达到  $0.2^{[25]}$ 。随后将培养瓶放置于  $28^\circ\text{C}$  的培养箱中进行培养。当小麦幼苗生长至第 7 天时, 将其转移到含有 20% PEG 的 Hoagland 营养液中进行干旱处理, 并观察干旱处理后小麦与对照组在性状上的差异, 测定株高 (PH)、根长 (RL)、鲜质量 (FW) 和干质量 (DW) 4 个植株性状指标。

## 2 结果与分析

### 2.1 干旱及对照处理对各小麦材料农艺性状的影响

从表 2 可知, 不同小麦材料在不同处理下的各项指标存在差异。在对照处理下, ‘内麦 11’ 的地上部鲜质量、地下部鲜质量、地上部干质量和地下部干质量这 4 个指标均为最大值, 而‘和尚麦’的株高为最大值, ‘托克逊 1 号’的根长为最大值; ‘汉 中 白’ 的 6 个指标均为最小值。在干旱处理后测定其各项生理指标发现, ‘内麦 11’ 仍有 4 个指标为最大, 但相较于对照处理时, 4 个最大的指标改变为株高、地上部干质量、地下部鲜质量和地下部干质量, ‘托克逊 1 号’的根长仍然为最大值, ‘春小麦’的地上部鲜质量为最大值。方差分析结果表明 (表 3), 基因型和干旱处理单因素对小麦材料的各单项指标存在不同程度影响。具体而言, 基因型对小麦的各单项指标具有显著影响 ( $P < 0.01$ ); 除根长外, 其他各单项指标受干旱胁迫的影响均达到显著水平。

### 2.2 各单项指标的 DRI 分析

通过采用干旱胁迫反应指数进行评估可以消除基因型差异的影响, 从而更准确地反映小麦的抗

旱性。从表 4 可知, 在干旱胁迫后, 18 份试验材料的株高和 12 份试验材料的根长均呈下降趋势 ( $DRI < 1$ )。仅有‘汉 中 白’的地上部鲜质量在干旱胁迫条件下呈上升趋势 ( $DRI > 1$ ), 然而有 6 份材料的地上部干质量在干旱胁迫条件下也呈上升趋势。在干质量指标方面, 5 份试验材料的地下部鲜质量有所上升。所有试验材料在 PEG 干旱胁迫处理下的地下部干质量均呈上升趋势, 这表明不同六倍体小麦材料对干旱胁迫的响应程度存在差异。因此, 仅依靠单一指标的  $DRI$  进行材料抗旱性评估结果不够稳定, 需要采用多指标综合评价。

通过对 6 个单项指标进行相关性分析 (图 1) 发现, 株高与地上部鲜质量、地下部鲜质量、地上部干质量和地下部干质量呈极显著正相关关系 ( $P < 0.001$ ); 地上部鲜质量、地下部鲜质量、地上部干质量和地下部干质量之间也呈极显著正相关关系 ( $P < 0.001$ )。表明不同单项指标的  $DRI$  提供的信息存在一定的重叠。因此, 可以采用主成分分析法对各单项指标的  $DRI$  值进行降维分析, 以在仅损失少量信息的前提下对小麦的抗旱性进行综合评价。

### 2.3 抗旱综合指标评定

采用主成分分析法对 6 个单项指标的  $DRI$  值进行进一步分析, 筛选出特征值大于 1 的主成分 (PCA1 和 PCA2) 作为有效指标 (表 5), 这两个综合指标的贡献率分别为 74.005% 和 17.447%, 累计贡献率为 91.452%  $> 80\%$ , 可以代表原始的 6 个单项指标的绝大部分信息。通过计算得到各材料的综合指标、权重、 $u(X_j)$  以及综合值 (表 5), 对综合抗旱性评价价值  $D$  进行排序 (图 2) 发现, ‘汉 中 白’ 的  $D$  值最大, 而‘中国春’的  $D$  值最小。因此, 选择‘汉 中 白’小麦作为抗旱材料, ‘中国春’小麦作为旱敏材料进行后续试验研究。

### 2.4 ‘汉 中 白’小麦根际微生物分离纯化及抗旱能力鉴定

从‘汉 中 白’小麦根际土壤中分离得到 50 株菌落形态各异的细菌。通过对这些细菌的 16s rRNA 基因序列进行测定, 并将其上传至 NCBI 数据库进行比对, 确定它们属于 4 个不同的菌门, 分别为放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、厚壁菌门 (Firmicutes) 以及变形菌门 (Proteobacteria)。此外, 这些细菌还归属于 5 个纲、10 个目、15 个科以及 26 个属, 包括不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、节杆菌属 (*Arthrobacter*)、芽孢杆菌属 (*Bacilli*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、柠檬酸杆菌属 (*Citrobacter*)、梭菌属 (*Clostridium*)、梭状芽孢杆菌 (*Clostridium\_sensu\_stricto\_1*)、铜细菌属 (*Cupriavidus*)、

表 2 不同处理小麦材料性状差异特征

Table 2 Different characteristics of wheat materials under different treatments

处理 Treatment	材料 Material	PH /(cm·plant <sup>-1</sup> )	RL /(cm·plant <sup>-1</sup> )	AFW /(g·plant <sup>-1</sup> )	BFW /(g·plant <sup>-1</sup> )	ADW /(g·plant <sup>-1</sup> )	BDW /(g·plant <sup>-1</sup> )
对照 CK	崇阳红麦 1 Chongyanghongmai 1	41.50±1.87hi	21.08±5.09bcd	1.5753±0.3090hi	0.3393±0.0789fg	0.1417±0.0273hij	0.0226±0.0044efg
	贵农 10 号 Guinong 10	61.00±2.35ab	22.60±2.07bc	2.9957±0.7225cd	0.4948±0.1090cde	0.2937±0.0712bc	0.0440±0.0064b
	俊晓 9706 Junxiao 9706	41.18±2.93hi	17.70±1.03d	2.2042±0.5759fgh	0.3390±0.1307fg	0.2066±0.0536efg	0.0307±0.0089cde
	内麦 11 Neimai 11	59.38±2.99abc	20.28±1.79bcd	4.6935±0.5635a	0.7659±0.1694a	0.4399±0.0665a	0.0643±0.0120a
	台中 23 Taizhong 23	47.60±4.10fg	21.40±3.58bcd	2.1968±0.7714fgh	0.3192±0.1350g	0.1662±0.0619ghij	0.0195±0.0062fgh
	托克逊 1 号 Tuokexun 1	53.00±2.00def	32.40±3.65a	3.2488±0.4984bc	0.5041±0.0652bcd	0.2718±0.0515cd	0.0338±0.0056c
	西农 2208 Xinong 2208	36.02±2.75i	19.60±4.93bcd	1.2640±0.4854ij	0.2880±0.0939gh	0.1120±0.0347jk	0.0162±0.0047gh
	藏冬 4 号 Zangdong 4	57.40±8.17abcd	20.40±2.61bcd	2.1892±0.5091fgh	0.4871±0.1124cde	0.2049±0.0512efg	0.0311±0.0065cd
	春小麦 Chunxiaomai	55.88±2.45bede	20.48±1.47bcd	3.7415±0.5230b	0.6353±0.0694ab	0.3483±0.0486b	0.0498±0.0077b
	汉中南 Hanzhongbai	27.40±16.10j	17.20±2.28d	0.6824±0.7325j	0.1581±0.1522h	0.0634±0.0658k	0.0114±0.0104h
	和尚麦 Heshangmai	62.72±0.74a	23.24±3.63bc	2.1332±0.3663fgh	0.3462±0.1224f	0.1727±0.0313ghi	0.0226±0.0072efg
	红冬麦 Hongdongmai	46.60±3.65gh	20.80±6.30bcd	1.2655±0.5816ij	0.2604±0.1646gh	0.1183±0.0348ijk	0.0179±0.0105gh
	红花早 Honghuazao	59.50±1.87abc	18.62±1.18cd	2.1731±0.2133fgh	0.4865±0.0540cde	0.1870±0.0165fgh	0.0268±0.0033cdef
	黄水白 Huangshuibai	53.32±0.66def	22.70±1.82bc	2.0132±0.2282fgh	0.2801±0.0656gh	0.1763±0.0209gh	0.0193±0.0033fgh
	兰溪旱小麦 Lanxizaoxiaomai	51.24±2.18efg	20.28±5.06bcd	2.3164±0.3790efg	0.2974±0.0778g	0.1878±0.0316fgh	0.0210±0.0051fg
	六柱头 Liuzhutou	54.20±4.63cde	21.12±4.76bcd	2.4504±0.6311def	0.3879±0.1303defg	0.1999±0.0547efg	0.0230±0.0075defg
	三颗寸 Sankecun	59.92±2.48abc	21.98±2.30bcd	2.6482±0.3709cdef	0.5825±0.1097bc	0.2341±0.0336def	0.0329±0.0051c
同家坝小麦 Tongjiabaxiaomai	61.80±3.63a	24.00±5.39b	2.9566±0.7636cde	0.4970±0.1062bcd	0.2501±0.0662cde	0.0301±0.0074cde	
线麦 Xianmai	55.54±2.68bede	20.16±4.28bcd	2.1941±0.7127fgh	0.4690±0.1629cdef	0.1725±0.0550ghi	0.0263±0.0087cdef	
中国春 Chinese Spring	57.00±8.72abcde	21.37±3.66bcd	1.7740±0.6404ghi	0.3560±0.1155efg	0.1629±0.0601ghij	0.0216±0.0053fg	
总计 Total	52.11±10.34	21.37±4.49	2.3358±1.0152	0.4147±0.1768	0.2055±0.0946	0.0282±0.0139	
干旱 Drought	崇阳红麦 1 Chongyanghongmai 1	38.02±1.01i	20.28±2.14cde	0.7938±0.1651gh	0.2214±0.0294fgh	0.1253±0.0155f	0.0296±0.0044ef
	贵农 10 号 Guinong 10	47.50±1.22efg	28.20±2.71b	0.8052±0.2210gh	0.4797±0.0354c	0.1643±0.0145de	0.0514±0.0051bede
	俊晓 9706 Junxiao 9706	41.10±5.63hi	17.30±0.97e	1.8958±0.3159c	0.7184±0.1162b	0.2616±0.0510b	0.0756±0.0137ab
	内麦 11 Neimai 11	58.90±1.34a	19.50±1.94de	2.3453±0.3243b	0.8305±0.1067a	0.3842±0.0319a	0.0833±0.0101a
	台中 23 Taizhong 23	39.70±1.82i	20.70±2.91cde	0.9350±0.1663efg	0.2954±0.0386ef	0.1374±0.0189def	0.0286±0.0095ef
	托克逊 1 号 Tuokexun 1	46.70±1.79efg	35.80±1.48a	1.1372±0.2072def	0.3986±0.0835cd	0.2121±0.0336c	0.0466±0.0067cdef
	西农 2208 Xinong 2208	32.48±1.20j	19.40±4.55de	0.9000±0.1325fg	0.3800±0.0474d	0.1203±0.0170f	0.0285±0.0038ef
	藏冬 4 号 Zangdong 4	47.80±1.35ef	20.30±5.22cde	0.9502±0.1049defg	0.2545±0.0428fgh	0.1515±0.0292def	0.0377±0.0063def
	春小麦 Chunxiaomai	57.40±2.07a	19.00±1.65de	2.6372±0.1431a	0.7564±0.0691ab	0.3806±0.0256a	0.0672±0.0072abc
	汉中南 Hanzhongbai	38.25±8.85i	19.38±4.68de	0.8918±0.5025fg	0.3831±0.1361d	0.1475±0.0828def	0.0468±0.0118cdef
	和尚麦 Heshangmai	53.70±1.60b	23.08±3.33cd	0.8310±0.1172gh	0.1877±0.0458h	0.1341±0.0138ef	0.0262±0.0038f
	红冬麦 Hongdongmai	45.00±4.76fg	19.75±4.72cde	0.5990±0.3853h	0.2326±0.0895fgh	0.1282±0.0505ef	0.0363±0.0127ef
	红花早 Honghuazao	48.44±1.50de	20.70±5.91cde	1.2056±0.1191de	0.2705±0.0376fg	0.1462±0.0241def	0.0289±0.0043ef
	黄水白 Huangshuibai	48.62±0.96de	22.32±4.59cd	0.9792±0.1697defg	0.1882±0.0298gh	0.1274±0.0137ef	0.0221±0.0017f
	兰溪旱小麦 Lanxizaoxiaomai	44.34±1.31gh	23.34±2.28cd	0.9472±0.3049defg	0.1894±0.0434gh	0.1324±0.0212ef	0.0249±0.0050f
	六柱头 Liuzhutou	48.90±1.51cde	20.38±4.46cde	1.1690±0.2549def	0.2154±0.0428fgh	0.1468±0.0333def	0.0275±0.0023ef
	三颗寸 Sankecun	47.46±2.30efg	22.44±1.40cd	1.1237±0.1773def	0.3564±0.0254de	0.1731±0.0159d	0.0359±0.0026ef
同家坝小麦 Tongjiabaxiaomai	49.70±1.64cde	24.50±3.04bc	0.9953±0.3794defg	0.4339±0.1444cd	0.1755±0.0619cd	0.0466±0.0141cdef	
线麦 Xianmai	51.66±3.36bcd	22.36±8.11cd	1.1125±0.0963def	0.2569±0.0498fgh	0.1334±0.0129ef	0.0625±0.0780abcd	
中国春 Chinese Spring	51.99±3.33bc	19.38±3.15de	1.2220±0.2118d	0.3640±0.0750de	0.1499±0.0261def	0.0290±0.0051ef	
总计 Total	46.99±6.97	21.95±5.29	1.1825±0.5557	0.3719±0.2009	0.1774±0.0825	0.0418±0.0247	

注:不同小写字母表示在  $P<0.05$  水平差异显著。PH、RL、AFW、BFW、ADW、BDW 分别表示株高、根长、地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重、地下部干重,下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences at the  $P<0.05$  level. PH, RL, AFW, BFW, ADW, BDW represent height of plant, root length, fresh weight of above-ground part, fresh weight of below-ground part, dry weight of above-ground part, and dry weight of below-ground part, respectively. The same below.

表 3 供试小麦材料各性状方差分析

Table 3 Variance analysis of traits of tested wheat materials

项目 Item	PH	RL	AFW	BFW	ADW	BDW
材料 Material	31.813 **	8.491 **	22.913 **	23.846 **	33.406 **	9.655 **
处理 Treatment	76.194 **	0.995	360.264 **	10.136 **	22.949 **	43.331 **
材料×处理 Material×Treatment	4.387 **	0.651	5.733 **	6.647 **	3.127 **	1.782 *

注: \* 和 \*\* 分别表示在  $P<0.05$  和  $P<0.01$  水平差异显著,表格中为  $F$  值。

Note: \* and \*\* indicate significant differences at the  $P<0.05$  and  $P<0.01$  level, respectively. The  $F$ -values are presented in the table.

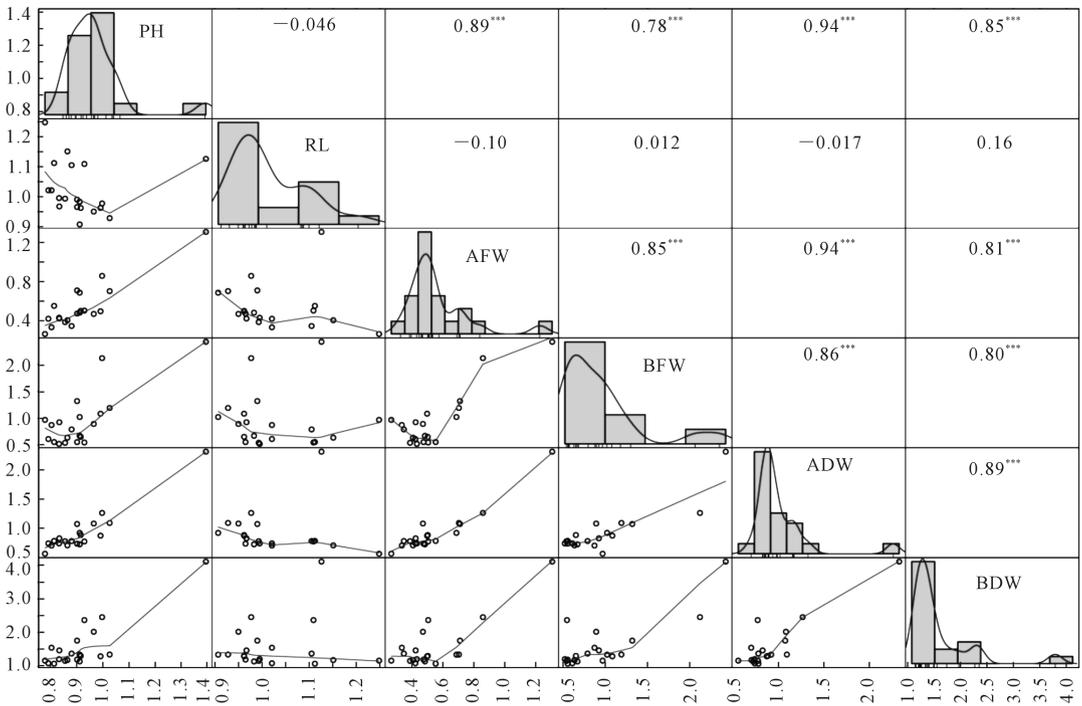
表4 各单项指标的干旱胁迫反应指数

Table 4 Drought stress response index of each individual physiological index

材料 Material	PH	RL	AFW	BFW	ADW	BDW
崇阳红麦 1 Chongyanghongmai 1	0.916	0.962	0.504	0.653	0.884	1.308
贵农 10 号 Guinong 10	0.779	1.248	0.269	0.969	0.560	1.167
俊晓 9706 Junxiao 9706	0.998	0.977	0.860	2.119	1.266	2.464
内麦 11 Neimai 11	0.992	0.962	0.500	1.084	0.873	1.296
台中 23 Taizhong 23	0.834	0.967	0.426	0.925	0.827	1.472
托克逊 1 号 Tuokexun 1	0.881	1.105	0.350	0.791	0.780	1.378
西农 2208 Xinong 2208	0.902	0.990	0.712	1.319	1.075	1.764
藏冬 4 号 Zangdong 4	0.833	0.995	0.434	0.522	0.739	1.211
春小麦 Chunxiaomai	1.027	0.928	0.705	1.191	1.093	1.349
汉中白 Hanzhongbai	1.396	1.126	1.307	2.423	2.325	4.120
和尚麦 Heshangmai	0.856	0.993	0.390	0.542	0.777	1.160
红冬麦 Hongdongmai	0.966	0.950	0.473	0.893	1.083	2.028
红花早 Honghuazao	0.814	1.112	0.555	0.556	0.782	1.077
黄水白 Huangshuibai	0.912	0.983	0.486	0.672	0.723	1.144
兰溪早小麦 Lanxiaoxiaomai	0.865	1.151	0.409	0.637	0.705	1.185
六柱头 Liuzhutou	0.902	0.965	0.477	0.555	0.734	1.198
三颗寸 Sankecun	0.792	1.021	0.424	0.612	0.740	1.089
同家坝小麦 Tongjiabaxiaomai	0.804	1.021	0.337	0.873	0.702	1.552
线麦 Xianmai	0.930	1.109	0.507	0.548	0.773	2.376
中国春 Chinese Spring	0.912	0.907	0.689	1.022	0.921	1.345

*Enhydrobacter* 属、肠杆菌属 (*Enterobacter*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、克雷伯菌属 (*Klebsiella*)、*Kosakonia* 属、芽孢乳杆菌属 (*Paenibacillus*)、巴氏杆菌属 (*Pantoea*)、*Paraclostridium* 属、假单胞菌属 (*Pedobacter*)、赛多菌属 (*Pseudomonas*)、寒冷假单胞菌属 (*Psychrobacillus*)、假单胞菌属 (*Ralstonia*)、红球菌属 (*Rhodococcus*)、沙雷氏菌属 (*Serratia*)、长桿菌属 (*Sphingobacterium*)、葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、狭生单胞菌属 (*Stenotrophomonas*) 和多变杆菌属 (*Variovorax*)。

通过对这 50 株细菌进行系统进化树的构建 (图 3), 并在此基础上对它们的抗旱能力进行评估, 表明共有 8 株细菌具有优异的抗旱性能 ( $CFU > 5 \times 10^6$ ), 其中包括 2 株芽孢乳杆菌属 (*Paenibacillus*) (27 (*Paenibacillus\_1*) 和 28 (*Paenibacillus\_2*))、2 株假单胞菌属 (*Pseudomonas*) (32 (*Pseudomonas\_1*) 和 37 (*Pseudomonas\_2*))、2 株狭生单胞菌属 (*Stenotrophomonas*) (48 (*Stenotrophomonas\_1*) 和 49 (*Stenotrophomonas\_2*))、1 株葡萄球菌属 (*Staphylococcus*) (47) 和 1 株 *Paraclostridium* 属 (30)。这 8 株细菌将用于后续侵染实验。



注: PH、RL、AFW、BFW、ADW、BDW 分别表示株高、根长、地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重、地下部干重。每个变量的分布都显示在对角线上; 在对角线的左下部显示带有拟合线的双变量散点图, 在对角线的右上部为相关系数值和显著性水平 (以星号表示); \*\*\* 表示在  $P < 0.001$  水平上存在显著差异; 坐标轴上的数值为各单项指标的干旱胁迫反应指数。

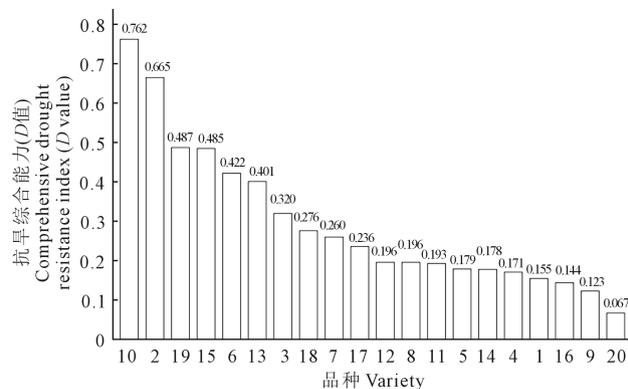
Note: PH, RL, AFW, BFW, ADW, BDW represent height of plant, root length, fresh weight of above-ground part, fresh weight of below-ground part, dry weight of above-ground part, and dry weight of below-ground part, respectively. The distribution of each variable is displayed on the diagonal. The two-variable scatter plots with fitted lines are displayed at the lower left of the diagonal, and the coefficient values and significances are displayed on the upper right of the diagonal. \*\*\* indicates significant differences at the  $P < 0.001$  level. The values on the coordinate axis represent the drought stress response index (DRI) of each individual indicator.

图1 单项指标相关性矩阵

Fig.1 Correlation matrix of individual indicators

表 5 各材料的综合指标,权重, $u(X_j)$ ,综合值Table 5 Comprehensive index, weight,  $u(X_j)$ , and comprehensive value of each wheat material

材料 Material	综合指标 Comprehensive index		隶属函数值 Subordinate function value		$D$
	PCA1	PCA2	$u(X_j)$		
			$u(X_1)$	$u(X_2)$	
崇阳红麦 1 Chongyanghongmai 1	-0.541	-0.755	0.123	0.171	0.155
贵农 10 号 Guinong 10	-1.715	2.650	0.000	1.000	0.665
俊晓 9706 Junxiao 9706	2.932	-0.488	0.485	0.236	0.320
内麦 11 Neimai 11	0.063	-0.783	0.186	0.164	0.171
台中 23 Taizhong 23	-0.718	-0.568	0.104	0.216	0.179
托克逊 1 号 Tuokexun 1	-0.939	0.986	0.081	0.595	0.422
西农 2208 Xinong 2208	0.931	-0.422	0.276	0.252	0.260
藏冬 4 号 Zangdong 4	-1.328	-0.329	0.040	0.275	0.196
春小麦 Chunxiaomai	1.003	-1.285	0.284	0.042	0.123
汉中南 Hanzhongbai	7.865	1.181	1.000	0.642	0.762
和尚麦 Heshangmai	-1.303	-0.353	0.043	0.269	0.193
红冬麦 Hongdongmai	0.480	-0.717	0.229	0.180	0.196
红花早 Honghuazao	-1.147	0.898	0.059	0.573	0.401
黄水白 Huangshuibai	-0.883	-0.537	0.087	0.224	0.178
兰溪早小麦 Lanxiaoxiaomai	-1.224	1.432	0.051	0.703	0.485
六柱头 Liuzhutou	-0.988	-0.724	0.076	0.178	0.144
三颗寸 Sankeacun	-1.486	-0.045	0.024	0.344	0.236
同家坝小麦 Tongjiabaxiaomai	-1.155	0.125	0.058	0.385	0.276
线麦 Xianmai	-0.050	1.190	0.174	0.644	0.487
中国春 Chinese Spring	0.204	-1.456	0.200	0.000	0.067
权重 Index weight( $w_j$ )			0.335	0.665	

图 2 各材料综合抗旱能力( $D$ 值)Fig.2 Comprehensive drought tolerance ( $D$  value) of various materials

### 2.5 抗旱菌株对‘中国春’抗旱能力的影响

通过对侵染不同菌株的‘中国春’小麦进行干旱胁迫处理,并对表型性状进行测定,从侵染后的数据(表 6)和植株表型结果来看(图 4),相较于对照处理,*Paenibacillus\_1*、*Pseudomona\_2* 和 *Stenotrophomona\_2* 对‘中国春’小麦根长呈现出抑制作用,而

*Paraclostridium*、*Staphylococcus* 和 *Stenotrophomona\_1* 则表现出促进作用;此外,*Stenotrophomona\_1* 和 *Stenotrophomona\_2* 的侵染能够提高‘中国春’小麦株高,*Pseudomona\_1* 的侵染并未表现出明显的差异性。

与对照组处理相比,不同菌株侵染后,‘中国春’小麦株高均显著提升。具体而言,在 *Stenotrophomona\_1* 的侵染处理下,‘中国春’小麦株高提高了 11.36 cm,显著高于除 *Stenotrophomona\_2* 外的其他处理组。然而在根长方面,只有 *Paenibacillus\_2* 的侵染导致根长显著提高,其他菌株处理与对照相比无显著差异。此外,在 *Paenibacillus\_1* 的侵染处理下,‘中国春’根长显著低于菌株 *Paenibacillus\_2*、*Paraclostridium*、*Pedobacter*、*Staphylococcus* 和 *Stenotrophomona\_1* 侵染处理组。‘中国春’小麦鲜质量和干质量变化趋势一致。具体来说,*Paenibacillus\_2* 和 *Stenotrophomona\_1* 的处理显著增加了‘中国春’鲜质量,尽管干质量也有所上升,但并未达到显著水平;相反,*Pseudomona\_1* 和 *Pseudomona\_2* 的处理导致‘中国春’鲜质量显著降低,尽管干质量也有所下降,但未达到显著水平。故不同菌株的侵染对‘中国春’小麦的植株性状产生了不同程度的影响。然而在 *Paenibacillus\_2* 的处理下,‘中国春’的性状表现尤为突出,其株高、根长、鲜质量和干质量均较对照有显著提高(图 5)。这一结果表明,在干旱胁迫条件下,*Paenibacillus\_2* 的侵染能够显著增强‘中国春’小麦的抗旱性,从而提高其生物量。

## 3 讨论

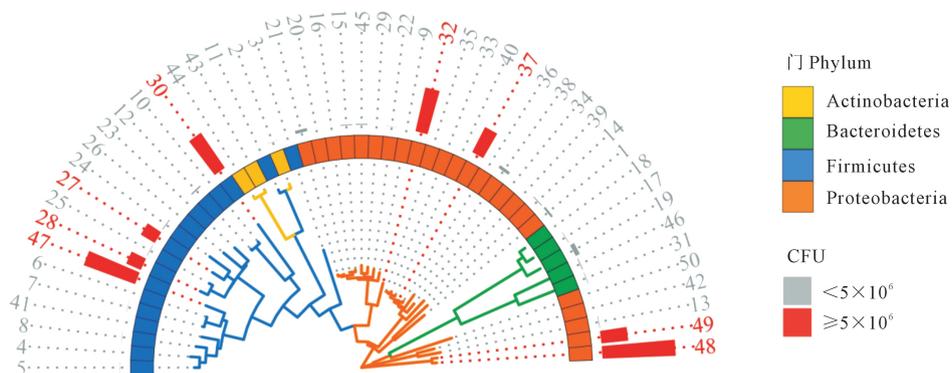
不同基因型的小麦在面对干旱胁迫时表现出不同程度的耐受性,本研究对来自全国各麦区的小麦材料的抗旱性进行了探究,结果表明不同小麦材料在面临干旱胁迫时呈现出不同的抗旱性表现并展现出不同的表型特征,且这些表型特征之间存在一定的相关性(图 1)。这和前人的研究结果一致<sup>[20]</sup>,表明为评价和鉴定小麦品种抗旱性的全面性和准确性需要综合考虑小麦在干旱胁迫下的多个抗旱指标,可以采用对数据降维的方法对数据进行分析评价。植物根系性状对农田生态系统过程具有主要的驱动作用,因为根系与根际微生物直接接触,负责吸收碳、养分和水资源。在小麦的苗期阶段,抗旱性与根部性状呈正相关关系<sup>[26-27]</sup>,改良苗期根系性状有助于提高苗期活力和抗旱性能,本研究结果也突出了根部性状在抗旱性中的重要性,表明小麦通过调整生物形态来适应干旱胁迫。

表 6 侵染“中国春”小麦生理指标数据

Table 6 Physiological parameters for ‘Chinese Spring’ wheat inoculated with microorganisms

抗旱菌株 Drought-tolerant bacterial strain	PH /(cm · plant <sup>-1</sup> )	RL /(cm · plant <sup>-1</sup> )	FW /(g · plant <sup>-1</sup> )	DW /(g · plant <sup>-1</sup> )
CK	30.0	8.5	0.2240	0.0401
	35.0	9.0	0.2396	0.0563
	36.0	9.5	0.2448	0.0453
	35.3	6.5	0.1734	0.0312
27( <i>Paenibacillus_1</i> )	35.6	6.6	0.2073	0.0425
	42.5	7.8	0.2214	0.0483
	43.3	10.6	0.2346	0.0587
	36.0	9.5	0.2530	0.0523
28( <i>Paenibacillus_2</i> )	37.3	11.6	0.2575	0.0524
	40.0	12.0	0.2790	0.0575
	44.2	12.0	0.3035	0.0740
	37.2	9.0	0.1881	0.0294
30( <i>Paraclostridium</i> )	38.0	10.0	0.1994	0.0442
	38.5	10.1	0.2043	0.0445
	38.6	13.1	0.2091	0.0493
	38.0	9.0	0.1657	0.0199
32( <i>Pseudomonas_1</i> )	38.0	9.9	0.1682	0.0307
	40.5	10.1	0.1723	0.0392
	42.0	11.0	0.1839	0.0547
	36.0	7.5	0.1409	0.0259
37( <i>Pseudomonas_2</i> )	37.0	8.4	0.1576	0.0404
	38.5	8.8	0.1845	0.0441
	40.0	9.3	0.2089	0.0441
	35.6	9.8	0.1993	0.0353
47( <i>Staphylococcus</i> )	38.0	10.0	0.2296	0.0432
	38.5	11.6	0.2515	0.0580
	42.0	12.0	0.2621	0.0609
	44.5	9.5	0.2604	0.0508
48( <i>Stenotrophomonas_1</i> )	44.5	9.6	0.2981	0.0547
	45.5	9.8	0.3031	0.0608
	45.6	10.8	0.3075	0.0612
	39.5	7.9	0.1728	0.0335
49( <i>Stenotrophomonas_2</i> )	40.0	8.5	0.2543	0.0471
	43.0	10.0	0.2545	0.0478
	45.0	11.0	0.2890	0.0551

植物根际微生物的招募对提高宿主植物的抗逆性具有重要作用<sup>[28]</sup>。本研究旨在探究抗旱小麦品种‘汉中白’根际微生物对于干旱敏感品种‘中国春’抗旱性的影响。研究表明,‘汉中白’小麦在干旱胁迫条件下招募的根际微生物中存在抗旱菌株,这些菌株能够协助‘中国春’小麦减轻干旱压力,提高其抗旱性。此外,Barnawal 等<sup>[29]</sup>研究发现 *Arthrobacter protophormiae* 和 *Dietzia natronolimnaea* 可提高小麦耐盐性,而 *Bacillus subtilis* 可增强小麦对于干旱胁迫的耐受性。Khan 等<sup>[30]</sup>研究也证实了微生物对小麦抗旱性的促进作用。在对其他作物(如高粱)的研究中发现了根际微生物群落中放线菌的富集现象<sup>[31]</sup>,也检测到大量厚壁菌门细菌<sup>[32-33]</sup>。本研究同样在抗旱小麦品种‘汉中白’中分离出 18 株厚壁菌,其中 4 株具有抗旱特性,对‘中国春’小麦的生长特性产生了显著影响。Yang 等<sup>[34]</sup>使用了 *Stenotrophomonas rhizophila*、*Xanthomonas retroflexus*、*Microbacterium oxydans* 和 *Paenibacillus amylolyticus* 构建混合菌群侵染拟南芥,发现可以显著提高拟南芥在 21 d 干旱后的存活率,但当受到单个菌株的影响时,没有观察到植物具有耐旱作用,但使用菌株 *Paenibacillus yonginensis* DCY84 不仅可以提高拟南芥的抗旱性,还能提高其对于干旱胁迫和重金属胁迫的耐受性。本研究同样筛选出抗旱菌株 *Stenotrophomonas* 和 *Paenibacillus*,并进行单菌侵染后发现其提高了小麦的抗旱性,这可能是由于虽然为同一个属,但不同菌株的侵染对于宿主植物干旱胁迫耐受性的影响不同。这表明根际微生物对宿主植物的抗逆性具有积极影响,强调了植物与根际微生物相互作用在植物抗逆性中的重要性。综上所述,从抗



注:该图由菌株进化树、归属门以及在干旱胁迫下 CFU 柱状图所组成。图中数字 1~50 代表菌株编号。柱状图红色代表该菌株在盐胁迫下 CFU $>5 \times 10^6$ ,反之则由灰色代表,即红色为筛选所得抗旱菌株。

Note: The figure comprises an evolutionary tree of strains, belonging to respective phyla, alongside a column chart depicting colony-forming units (CFU) under drought stress. Numerals 1~50 denote strain identification numbers. In the column chart, red bars indicate CFU  $> 5 \times 10^6$  under drought stress for the respective strain, signifying strains selected as drought-resistant, whereas grey bars denote CFU below this threshold.

图 3 菌株系统进化树及菌落形成单位 (CFU) 指数

Fig.3 Phylogenetic tree of bacterial strains and colony forming unit (CFU) index

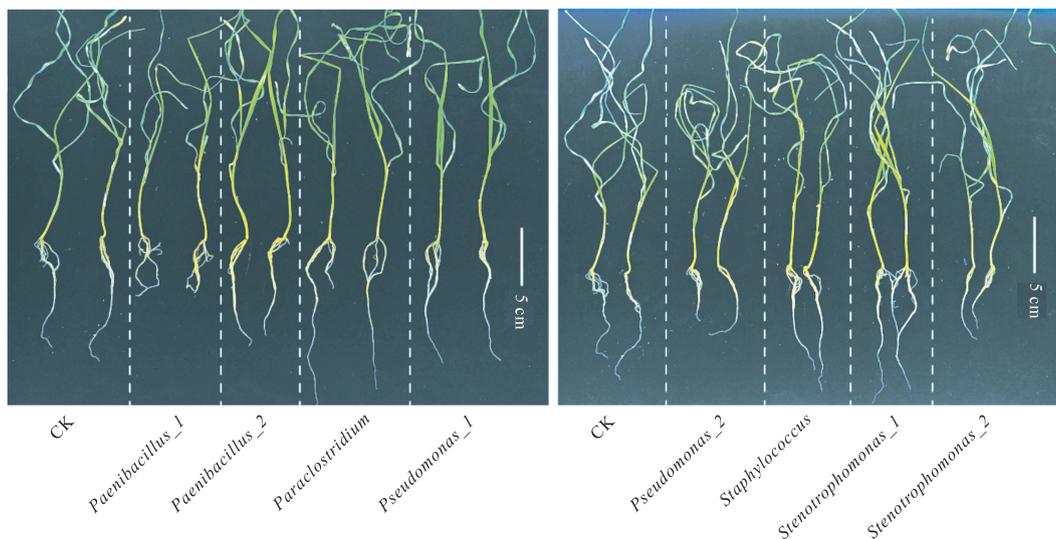
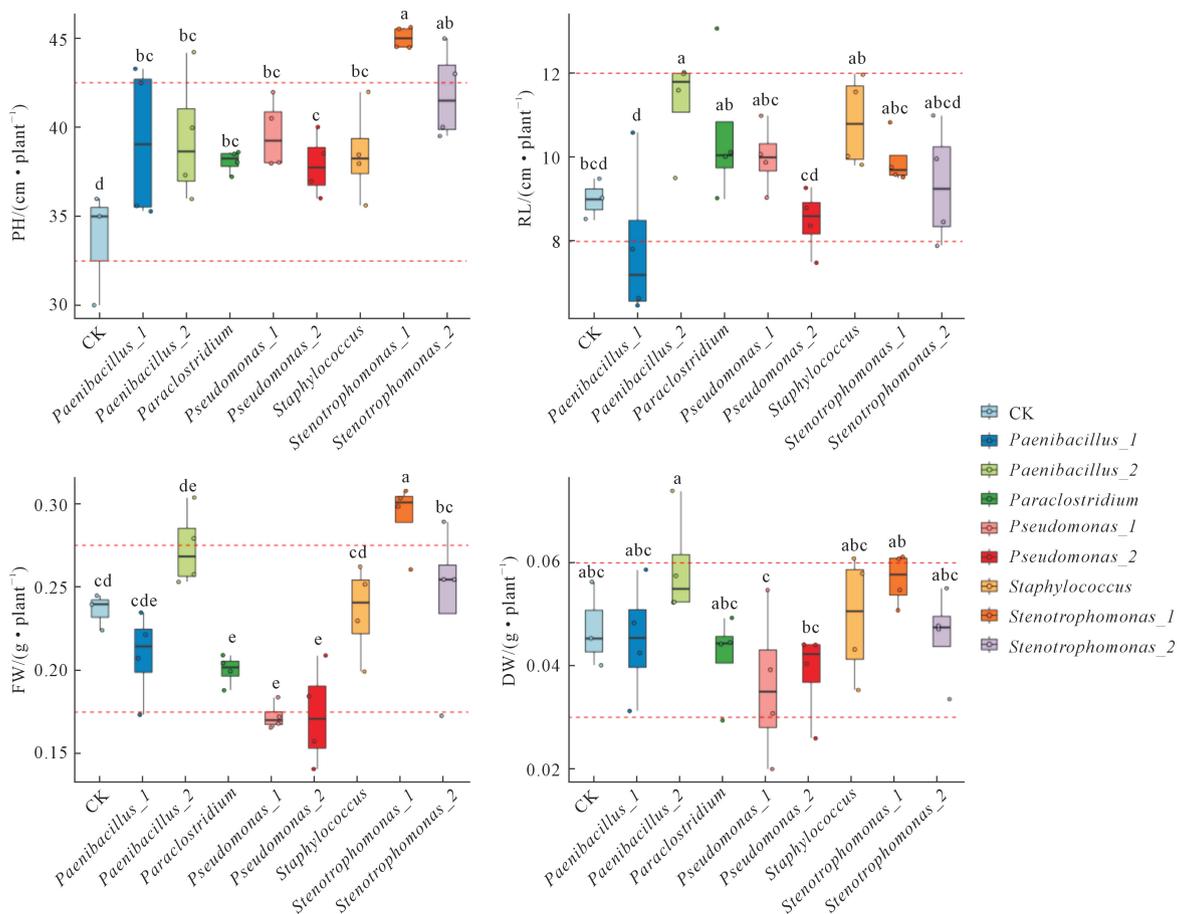


图 4 抗旱菌株侵染‘中国春’小麦表型

Fig.4 Phenotypic characterization of ‘Chinese Spring’ wheat infected by drought-tolerant bacterial strains



注:不同小写字母表示在  $P < 0.05$  水平差异显著。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences at the  $P < 0.05$  level.

图 5 抗旱菌株侵染‘中国春’小麦性状表现

Fig.5 Manifestation of phenotypic traits of ‘Chinese Spring’ wheat infected by drought-tolerant bacterial strains

旱材料中筛选出的抗旱菌株能够改善宿主植物的生物形态,帮助其应对逆境,同时根际微生物也可作为提供麦类作物抗逆性的潜在微生物资源“种子库”。

本研究初步研究和分析了干旱抗性小麦‘汉 中 白’根际微生物对于干旱敏感小麦‘中国春’抗旱性的影响,证明干旱抗性小麦招募的细菌群落可能在维持干旱胁迫下植物生长方面发挥着越来越大的生

态作用。未来研究应深入挖掘抗旱菌株的功能特性,明确抗旱微生物与小麦抗旱之间的复杂作用机制,同时应扩大研究范围,涵盖更多类型的小麦品种,以更好地为有益微生物在农业可持续生产中的应用提供理论支持。

## 4 结 论

本研究从来自我国不同麦区的20种小麦材料中挑选得到抗旱材料‘汉中白’和干旱敏感材料‘中国春’,分离干旱胁迫下‘汉中白’小麦在拔节期的根际微生物得到50株单菌,涵盖了4个菌门和26个菌属,同时鉴定得到8株抗旱菌株。抗旱菌株侵染处理对干旱敏感‘中国春’小麦材料的表型性状造成了不同程度的影响,尤其是菌株 *Paenibacillus\_2* 对其各表型性状具有提高作用。

### 参 考 文 献:

- [1] 张正斌, 徐萍. 中国水资源和粮食安全问题探讨[J]. 中国生态农业学报, 2008, 16(5): 1305-1310.  
ZHANG Z B, XU P. Water and food security in China[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2008, 16(5): 1305-1310.
- [2] 陈永快, 王涛, 廖水兰, 等. 逆境及生长调节剂对作物抗逆性的影响综述[J]. 江苏农业科学, 2019, 47(23): 68-72.  
CHEN Y K, WANG T, LIAO S L, et al. A review on the effects of stress and growth regulators on crop stress tolerance[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2019, 47(23): 68-72.
- [3] 贺原惠子, 王长林, 贾慧聪, 等. 基于随机森林算法的冬小麦提取研究[J]. 遥感技术与应用, 2018, 33(6): 1132-1140.  
HE Y H Z, WANG C L, JIA H C, et al. Research on extraction of winter wheat based on random forest[J]. Remote Sensing Technology and Application, 2018, 33(6): 1132-1140.
- [4] 李彦彬, 朱亚南, 李道西, 等. 阶段干旱及复水对小麦生长发育、光合和产量的影响[J]. 灌溉排水学报, 2018, 37(8): 76-82.  
LI Y B, ZHU Y N, LI D X, et al. Effects of alternating drought and watering on growth, photosynthesis and yield of winter wheat [J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2018, 37(8): 76-82.
- [5] 刘希伟, 王德梅, 王艳杰, 等. 小麦生育中后期干旱高温对籽粒产量形成过程的影响机制及缓解措施[J]. 作物杂志, 2023, (6): 17-25.  
LIU X W, WANG D M, WANG Y J, et al. Impacts mechanism of drought and heat stress in the middle and late growing period on wheat grain yield formation process and mitigation measures [J]. Crops, 2023, (6): 17-25.
- [6] 赵君霞, 马耕, 岳鹏莉, 等. 氮素和干旱胁迫对冬小麦幼苗生长发育及生理指标的影响[J]. 河南农业科学, 2015, (5): 26-30.  
ZHAO J X, MA G, YUE P L, et al. Effect of nitrogen and drought stress on growth and physiological indexes of winter wheat seedlings [J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2015, (5): 26-30.
- [7] 关军锋, 刘海龙, 李广敏. 干旱胁迫下小麦幼苗根、叶多胺含量和多胺氧化酶活性的变化[J]. 植物生态学报, 2003, 27(5): 655-660.  
GUAN J F, LIU H L, LI G M. Changes of polyamines content and polyamine oxidase activity of roots and leaves during drought stress in

- wheat seedlings[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2003, 27(5): 655-660.
- [8] 王茹华, 张启发, 周宝利, 等. 浅析植物根分泌物与根际微生物的相互作用关系[J]. 土壤通报, 2007, 38(1): 167-172.  
WANG R H, ZHANG Q F, ZHOU B L, et al. Analysis on the interaction between root exudates and rhizosphere microbes[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2007, 38(1): 167-172.
- [9] 吴林坤, 黄伟民, 王娟英, 等. 不同连作年限野生地黄根际土壤微生物群落多样性分析[J]. 作物学报, 2015, 41(2): 308-317.  
WU L K, HUANG W M, WANG J Y, et al. Diversity analysis of rhizosphere microflora of wild *R. glutinosa* grown in monocropping for different years[J]. Acta Agronomica Sinica, 2015, 41(2): 308-317.
- [10] 陈兰兰, 邱慧珍, 董爱菊, 等. 马铃薯根系分泌物及酚酸类物质对萎蔫芽孢杆菌促生菌株 QHZ3 趋化成膜的介导作用[J]. 微生物学通报, 2021, 48(10): 3642-3654.  
CHEN L L, QIU H Z, DONG A J, et al. Effects of potato root exudates and phenolic acids on inducing chemotaxis of *Bacillus atrophaea* isolate QHZ3[J]. Microbiology, 2021, 48(10): 3642-3654.
- [11] 杨莉, 刘宇航, 郝佳, 等. 生物质炭对人参连作土壤微生物组成及功能的影响[J]. 华南农业大学学报, 2022, 43(1): 28-36.  
YANG L, LIU Y H, HAO J, et al. Effect of biochar on microbial composition and function in continuous cropping ginseng soil [J]. Journal of South China Agricultural University, 2022, 43(1): 28-36.
- [12] HE D X, SINGH S K, PENG L, et al. Flavonoid-attracted *Aeromonas* sp. from the *Arabidopsis* root microbiome enhances plant dehydration resistance[J]. The ISME Journal, 2022, 16(11): 2622-2632.
- [13] ALSHARIF W, SAAD M M, HIRT H. Desert microbes for boosting sustainable agriculture in extreme environments[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 1666.
- [14] 张慧. 合成菌群对黄芪生长及抗旱能力的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2021.  
ZHANG H. Effect of bacterial synthetic community on the growth and drought resistance of *Astragalus* [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2021.
- [15] 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.
- [16] 颜朗, 张义正, 方志荣, 等. 不同马铃薯基因型对根际细菌群落结构的影响[J]. 四川大学学报(自然科学版), 2020, 57(2): 383-390.  
YAN L, ZHANG Y Z, FANG Z R, et al. Effects of potato genotype on rhizosphere bacterial community structure[J]. Journal of Sichuan University (Natural Science Edition), 2020, 57(2): 383-390.
- [17] 武钰坤, 刘永军, 司英明, 等. 人工湿地不同植物根际微生物群落多样性比较研究[J]. 生态科学, 2012, 31(3): 318-323.  
WU Y K, LIU Y J, SI Y M, et al. Study on rhizosphere microbial community diversity of different plants grown in the constructed wetland[J]. Ecological Science, 2012, 31(3): 318-323.
- [18] DURÁN P, THIERTART T, GARRIDO-OTER R, et al. Microbial interkingdom interactions in roots promote *Arabidopsis* survival [J]. Cell, 2018, 175(4): 973-983.e14.
- [19] 郑祥博, 白昕晨, 王伟伟, 等. 两个小麦品种的抗旱性鉴定与评价[J]. 西北农业学报, 2024, 33(4): 573-584.  
ZHENG X B, BAI X C, WANG W W, et al. Identification and eval-

- uation of two wheat varieties under drought stress[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2024, 33(4): 573-584.
- [20] 时佳, 王重, 高新, 等. 不同品种春小麦耐旱性分析及鉴定指标筛选[J]. *干旱地区农业研究*, 2023, 41(6): 8-16, 63.  
SHI J, WANG C, GAO X, et al. Drought tolerance analysis and identification index screening of different spring wheat varieties[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2023, 41(6): 8-16, 63.
- [21] YUE H, YUE W J, JIAO S, et al. Plant domestication shapes rhizosphere microbiome assembly and metabolic functions[J]. *Microbiome*, 2023, 11(1): 70.
- [22] 张昊, 张荣涛, 吴魏位, 等. 不同抗旱性小麦品种内生细菌群落结构及功能预测[J]. *麦类作物学报*, 2024, 44(3): 399-406.  
ZHANG H, ZHANG R T, WU W W, et al. Analysis on community structure and function prediction in endophytic bacteria of different drought tolerant wheat varieties[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(3): 399-406.
- [23] WANG X L, FENG H, WANG Y Y, et al. Mycorrhizal symbiosis modulates the rhizosphere microbiota to promote rhizobia-legume symbiosis[J]. *Molecular Plant*, 2021, 14(3): 503-516.
- [24] MA Z, YI Z H, BAYAR K, et al. Community dynamics in rhizosphere microorganisms at different development stages of wheat growing in confined isolation environments[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2021, 105(9): 3843-3857.
- [25] WANG Z K, CHEN Z Y, KOWALCHUK G A, et al. Succession of the resident soil microbial community in response to periodic inoculations[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2021, 87(9): e00046-21.
- [26] SONG Q H, LIU C Y, BACHIR D G, et al. Drought resistance of new synthetic hexaploid wheat accessions evaluated by multiple traits and antioxidant enzyme activity[J]. *Field Crops Research*, 2017, 210: 91-103.
- [27] LIU R X, WU F K, YI X, et al. Quantitative trait loci analysis for root traits in synthetic hexaploid wheat under drought stress conditions[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2020, 19(8): 1947-1960.
- [28] 刘京伟, 李香真, 姚敏杰. 植物根际微生物群落构建的研究进展[J]. *微生物学报*, 2021, 61(2): 231-248.  
LIU J W, LI X Z, YAO M J. Research progress on assembly of plant rhizosphere microbial community[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, 61(2): 231-248.
- [29] BARNAWAL D, BHARTI N, PANDEY S S, et al. Plant growth-promoting rhizobacteria enhance wheat salt and drought stress tolerance by altering endogenous phytohormone levels and *TaCTRI/TaDREB2* expression[J]. *Physiologia Plantarum*, 2017, 161(4): 502-514.
- [30] 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 and Biotechnology*, 2021, 37(12): 198.
- [31] NAYLOR D, DEGRAAF S, PURDOM E, et al. Drought and host selection influence bacterial community dynamics in the grass root microbiome[J]. *The ISME Journal*, 2017, 11(12): 2691-2704.
- [32] MICKAN B. Soil disturbance and water stress interact to influence arbuscular mycorrhizal fungi, rhizosphere bacteria and potential for N and C cycling in an agricultural soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, 55: 53-66.
- [33] BESKROVNAYA P, SEXTON D L, GOLMOHAMMADZADEH M, et al. Structural, metabolic and evolutionary comparison of bacterial endospore and exospore formation[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 630573.
- [34] YANG N, NESME J, RØDER H L, et al. Emergent bacterial community properties induce enhanced drought tolerance in *Arabidopsis*[J]. *NPJ Biofilms and Microbiomes*, 2021, 7(1): 82.

(上接第 7 页)

- [16] 中华人民共和国农业部. 农作物品种区域试验技术规程-小麦: NY/T 1301-2007[S]. 北京: 中国标准出版社, 2007.  
Ministry of Agriculture of the PRC. Technical procedures for wheat variety regional trials: NY/T 1301-2007[S]. Beijing: Standards Press of China, 2007.
- [17] 李玉营, 马东方, 王晓玲, 等. 小麦穗发芽鉴定方法的比较与分析[J]. *广西植物*, 2016, 36(3): 261-266.  
LI Y Y, MA D F, WANG X L, et al. Comparison and analysis of wheat pre-harvest sprouting screening methods[J]. *Guibaia*, 2016, 36(3): 261-266.
- [18] 苗西磊, 王德森, 夏兰芹, 等. 白粒小麦品种(系)穗发芽抗性机制分析[J]. *麦类作物学报*, 2011, 31(4): 741-746.  
MIAO X L, WANG D S, XIA L Q, et al. Analysis on the mechanism of pre-harvest sprouting resistance in white-grain wheat[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 31(4): 741-746.
- [19] 谢磊, 任毅, 张新忠, 等. 小麦穗发芽性状的全基因组关联分析[J]. *作物学报*, 2021, 47(10): 1891-1902.  
XIE L, REN Y, ZHANG X Z, et al. Genome-wide association study of pre-harvest sprouting traits in wheat[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2021, 47(10): 1891-1902.
- [20] 王震, 李金秀, 张彬, 等. 不同生态区小麦品种的穗发芽抗性评价[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(12): 4161-4170.  
WANG Z, LI J X, ZHANG B, et al. Evaluation of pre-harvest sprouting resistance of wheat varieties from different ecological regions[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, 31(12): 4161-4170.
- [21] 张颖君, 李洪波, 孙丽静, 等. 河北省小麦种质穗发芽抗性鉴定[J]. *河北农业科学*, 2020, 24(2): 63-66.  
ZHANG Y J, LI H B, SUN L J, et al. Identification of pre-harvest sprouting resistance of wheat germplasm in Hebei Province[J]. *Journal of Hebei Agricultural Sciences*, 2020, 24(2): 63-66.
- [22] 朱利广, 张玉坤, 马庆, 等. 安徽省冬小麦品种大田条件下穗发芽抗性研究[J]. *中国种业*, 2023, (9): 66-69.  
ZHU L G, ZHANG Y K, MA Q, et al. Research of pre-harvest sprouting resistances of winter wheat varieties under field conditions in Anhui province[J]. *China Seed Industry*, 2023, (9): 66-69.
- [23] 张海峰, 卢荣采. 小麦穗发芽抗性机理与遗传研究[J]. *作物学报*, 1993, (6): 523.  
ZHANG H F, LU R H. Study on the mechanism of the resistance to preharvest sprouting and inheritance in wheat[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 1993, (6): 523.