

特色专题

盐胁迫下小黑麦代谢调节机制

姜杰^{1,2}, 张填天², 贾思源², 尹思媛², 贾文娟³, 胡玥², 王璐², 韩蕾², 燕厚兴², 肖彬彬², 林菲², 窦忠玉^{1*}, 杨春武²

摘要 土壤盐渍化严重制约全球农业生产,筛选耐盐作物对盐碱化土地利用至关重要。以耐盐型小黑麦晋饲草 1 号和普通型小黑麦冀饲 3 号为材料,用 300 mmol/L NaCl 溶液模拟盐胁迫,通过生理生化及代谢组分析揭示了小黑麦适应盐胁迫的代谢调节机制。结果表明,盐胁迫显著抑制 2 个品种生长,但晋饲草 1 号在盐胁迫下能够保持更高的生物量和水分含量、较强的抗氧化能力、较低的离子毒害。代谢组学分析发现大量差异代谢物,重点分析了耐盐品种晋饲草 1 号在盐胁迫下特异上调的代谢物。叶片中耐盐品种特异上调的代谢物主要是脂肪酸、氨基酸和糖类物质,根中特异上调的代谢物主要是类黄酮、氨基酸和糖类物质。耐盐品种根和叶均是通过积累糖类和氨基酸来进行渗透调节,但耐盐品种在叶片中依靠积累不饱和脂肪酸清除活性氧,而在根中依靠积累类黄酮来清除活性氧。结果表明,耐盐小黑麦品种根和叶通过协同积累不同类型的代谢物减轻盐胁迫造成伤害。

关键词 小黑麦;盐胁迫;代谢调节;耐盐机制;代谢组学

土壤盐渍化特别是耕地次生盐渍化是制约世界粮食生产的主要环境因素之一^[1]。世界盐渍化土壤面积占陆地总面积的 25%,广泛分布在 100 多个国家和地区^[2]。据调查研究统计,中国有约 1×10^8 hm² 盐碱地,其中约 3.33×10^7 hm² 具有开发利用潜力^[3],且中国盐碱耕地分布范围仍在逐步扩大。筛选和培育耐盐作物品种并研究耐盐品种的耐盐机制,对于通过种植耐盐作物利用盐碱地具有重要意义。小黑麦是以小麦属(*Triticum*)作为母本和黑麦属(*Secale*)作为父本进行有性杂交,应用染色体工程技术人工创制的异源

多倍体新物种^[4],兼具高产特性与多重抗逆性^[5-6],是理想的耐盐作物研究对象。

近年来,小黑麦耐盐性研究已取得一定进展。研究表明,盐胁迫可显著影响小黑麦的生长、生理及分子响应。例如,Alagoz 等^[4]揭示了干旱和盐胁迫对小黑麦形态和生理特性的影响,并筛选出潜在的耐盐性评价指标;Deng 等^[7]通过转录组分析鉴定出 877858 个差异转录本,并发现多个与耐盐相关的代谢通路及转录因子;Wang 等^[8]结合全基因组关联研究(GWAS)、转录组和蛋白质组分析,挖掘出关键耐盐基因 *LEA14*;王萌等^[9]则对 14 份小黑麦种质进行了萌发期和苗期耐盐性综合评价。尽管小黑麦耐盐研究取得一定的进展,然而目前仍缺乏对特定耐盐小黑麦品种耐盐机制的研究。

本研究以耐盐小黑麦品种晋饲草 1 号为研究材

1. 吉林省农业科学院(中国农业科技东北创新中心)作物资源研究所,公主岭 136100
2. 东北师范大学生命科学学院,长春 130024
3. 宁夏西贝农林牧生态科技有限公司,银川 750001

收稿日期: 2025-07-02; 修回日期: 2025-09-30

基金项目: 吉林省农业科学院(中国农业科技东北创新中心)创新工程项目(CXGC2025YY007)

作者简介: 姜杰, 硕士研究生, 研究方向为植物逆境生理, 电子信箱: 1923454519@qq.com; 窦忠玉(通信作者), 副研究员, 研究方向为作物栽培及育种, 电子信箱: dzy1150@163.com

引用格式: 姜杰, 张填天, 贾思源, 等. 盐胁迫下小黑麦代谢调节机制[J]. 科技导报, 2025, 43(19): 52-62; doi:10.3981/j.issn.1000-7857.2025.07.00013

料,以冀饲3号为对照品种,通过生理生化分析与代谢组学的数据库,系统解析了小黑麦响应盐胁迫的关键代谢调节机制,为耐盐小黑麦品种选育提供了代谢标记和理论支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试小黑麦品种为晋饲草1号(山西省农业科学院作物科学研究所/小麦研究所育成)和冀饲3号(河北省农林科学院旱作农业研究所育成)。

1.2 试验方法

试验在智能人工气候室(温度:昼(25±2)℃/夜(18.5±1.5)℃,相对湿度60%±5%)采用水培法进行。选取饱满种子经1% NaClO表面灭菌7 min,蒸馏水冲洗后置于铺有双层滤纸的培养箱(25℃恒温,12 h光/暗周期)萌发。待胚芽伸长至1 cm时,移栽至1/2×Hoagland营养液水培盒中培养4 d后进行胁迫处理。设置对照(1/2×Hoagland营养液)和盐处理(1/2×Hoagland+300 mmol/L NaCl)2组,每品种包括3个生物学重复。胁迫处理7 d后,采集植株样品进行后续分析。

1.3 测定指标与方法

1.3.1 生长与生理指标测量

采用饱和烘干的方法测量相对含水量^[10]。冷冻干燥样品经65% HNO₃消化后,用原子吸收分光光度计(TAS-990super, PERSEE)测量Na⁺、K⁺、Ca、Mg的含量。使用硫代巴比妥酸反应测定新鲜样品的丙二醛(MDA)浓度^[11],同时,测定新鲜样品的抗氧化酶(SOD、POD、CAT)活性^[11]。通过电导仪法测定细胞膜电解质渗透率^[12]。

1.3.2 代谢组学测序

使用UPLC-MS/MS系统进行代谢组学分析^[13-14],系统包括Vanquish UPLC(Thermo Fisher,德国Dreieich)和Orbitrap Q ExactiveTM HF质谱仪(Thermo Fisher,德国Dreieich)。使用Compound Discoverer 3.1(CD3.1, Thermo Fisher, Waltham, MA USA)处理UPLC-MS/MS生成的原始数据文件。分析了每种代谢物的峰对齐、峰挑选和定量。应用单因素分析(*t*检验)计算统计显著性(*P*值)。VIP值>1.0,倍数变化

(FC)>1.5或FC<0.667,且*P*-value<0.05的代谢物被视为差异代谢物(DMs)。

1.4 数据统计与分析

生长与生理指标数据采用SPSS 26.0进行统计学检验,利用最小显著差异法(LSD)检验各处理间统计学差异(*P*<0.05)。

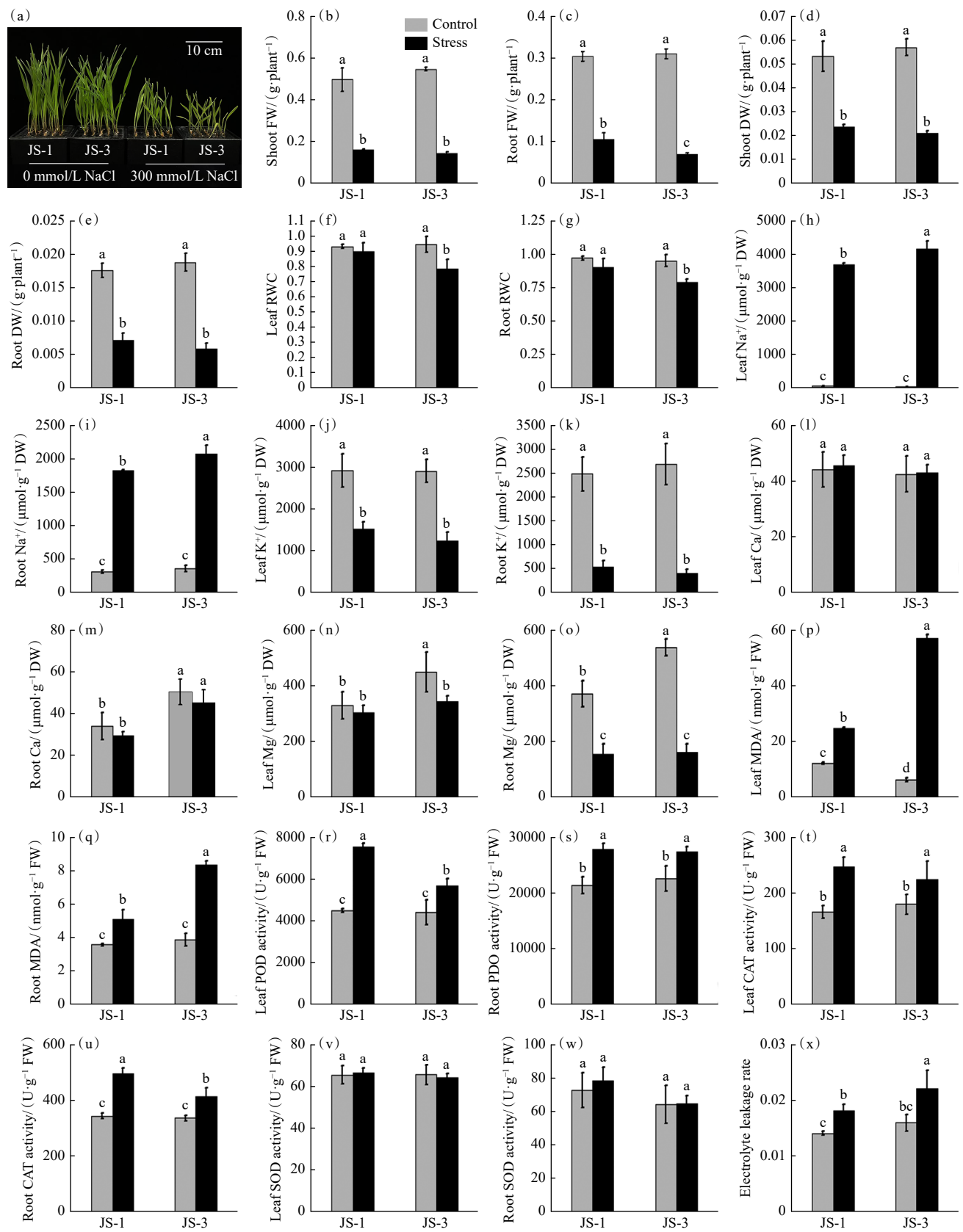
2 结果与分析

2.1 盐胁迫对小黑麦生长及离子积累的影响

盐胁迫处理显著抑制了2个小黑麦品种的生长,晋饲草1号的生物量和水分保持能力均显著优于冀饲3号(如图1(a)~(g))。与对照组相比,晋饲草1号叶片鲜重和干重分别降低67%和55%,而冀饲3号则分别降低74%和63%;晋饲草1号根部鲜重和干重分别降低65%和59%,而冀饲3号分别降低77%和69%。值得注意的是,晋饲草1号在胁迫条件下仍能维持稳定的相对含水量,而冀饲3号叶片和根部相对含水量均显著降低。品种间比较显示,胁迫处理后晋饲草1号根部鲜重较冀饲3号高51%,晋饲草1号叶片和根部相对含水量比冀饲3号分别高15%和14%。盐胁迫显著改变了2个品种的离子平衡(如图1(h)~(o))。Na⁺含量在晋饲草1号和冀饲3号叶片中分别增加67.84倍和91.72倍,在晋饲草1号和冀饲3号根部分别增加4.82倍和4.73倍;而K⁺含量在叶片中晋饲草1号和冀饲3号分别降低48%和57%,在根部分别降低78%和85%。胁迫处理后,晋饲草1号叶片与根部的Na⁺含量均显著低于冀饲3号(*P*<0.05)。盐胁迫未影响晋饲草1号和冀饲3号的Ca积累。经胁迫处理后,Mg含量在冀饲3号叶片中显著降低23%,在根部中晋饲草1号和冀饲3号分别降低58%和70%。

2.2 盐胁迫对小黑麦抗氧化系统的影响

盐胁迫诱导了明显的氧化应激响应(如图1(p)~(x))。胁迫处理后,晋饲草1号叶片MDA含量增加1.04倍,显著低于冀饲3号的8.22倍增幅(*P*<0.05);根部MDA含量晋饲草1号和冀饲3号分别增加0.43倍和1.16倍。抗氧化酶活性分析显示,经胁迫处理后,POD和CAT活性在晋饲草1号叶片中分别增加0.67倍和0.48倍,根部分别增加0.31倍和0.44



JS-1 为耐盐小黑麦品种晋饲草 1 号; JS-3 为对照小黑麦品种冀饲 3 号; RWC 为相对含水量; DW 为干重; FW 为鲜重; Control 为对照处理; Stress 为盐胁迫处理。数据是 3 次重复的平均值(±SD), 每个柱状图上方的任意 2 个字母不同表示 2 组数据之间有显著差异(LSD 检验, $P<0.05$)

图 1 盐胁迫对小黑麦生长、离子积累及抗氧化系统的影响

倍,在冀饲3号叶片中分别增加0.29和0.25倍,在根中分别增加0.21和0.23倍。晋饲草1号在盐胁迫条件下相较于冀饲3号叶片POD活性显著提高31%,根部CAT活性显著提高19%。SOD活性在各处理间无显著差异。盐胁迫处理后,电解质渗透率在晋饲草1号叶片中增加0.29倍,显著低于冀饲3号的0.39倍增幅($P<0.05$)。这些结果表明晋饲草1号具有更强的抗氧化防御能力。

2.3 盐胁迫下小黑麦代谢谱

对晋饲草1号和冀饲3号2个品种的对照组和盐胁迫处理组的叶片部位和根部进行了代谢组学分析。经过LC-MS/MS检测、鉴定并注释,共得到2419个代谢物。按照VIP>1.0, FC>1.5或FC<0.667且P-value<0.05的标准进行差异代谢物的筛选。与

对照相比,在晋饲草1号的叶片中共检测到843个差异代谢物,其中上调的有394个,下调的有449个;在其根部共检测到871个差异代谢物,其中上调的有309个,下调的有562个。在冀饲3号的叶片部位中共检测到842个差异代谢物,其中上调的有378个,下调的有464个;在其根部共检测到804个差异代谢物,其中上调的有266个,下调的有538个。本研究定义,与对照相比晋饲草1号(JS-1)上调,而冀饲3号(JS-3)不变或者下调;或晋饲草1号和冀饲3号均上调,且盐胁迫条件下晋饲草1号比冀饲3号含量高的代谢物,统称为耐盐品种特异诱导上调的代谢物(specific induced metabolites),简称为SIM。在叶片中、根中和叶片与根中共有的SIM,如表1所示。

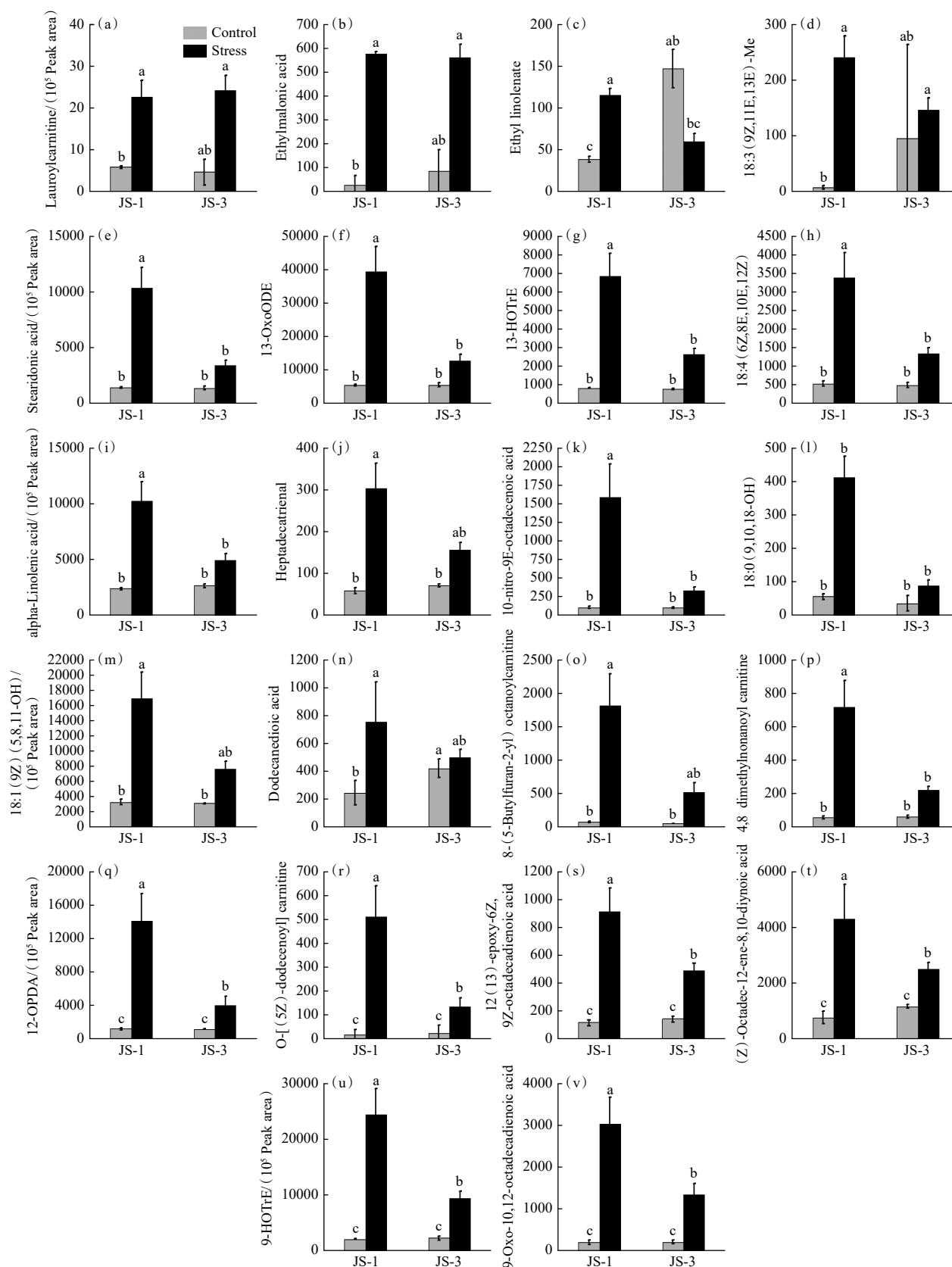
表1 耐盐品种特异诱导积累的代谢物(SIM)

分类名称		叶片	根部	叶片与根部共有
脂肪酸类	fatty acyls	44	11	3
氨基酸、肽和类似物类	amino acids, peptides, and analogues	26	12	3
碳水化合物和碳水化合物结合物	carbohydrates and carbohydrate conjugates	12	12	1
异戊烯醇脂	prenol lipids	27	17	4
黄酮类化合物	flavonoids	2	16	0
有机酸及其衍生物	organic acids and derivatives	8	6	2
苯类化合物	benzenoids	13	12	0
肉桂酸及其衍生物	cinnamic acids and derivatives	3	2	0
有机杂环化合物	organoheterocyclic compounds	10	21	0
木脂素、新木脂素及相关化合物	lignans, neolignans and related compounds	1	3	0
生物碱及其衍生物	alkaloids and derivatives	1	4	0
有机氮化合物	organic nitrogen compounds	2	2	2
醇和多元醇	alcohols and polyols	1	2	0
类固醇和类固醇衍生物	steroids and steroid derivatives	7	2	1
羰基化合物	carbonyl compounds	4	1	0
甘油脂	glycerolipids	2	2	0
甘油磷脂	glycerophospholipids	2	10	0
核苷、核苷酸和类似物	nucleosides, nucleotides, and analogues	4	0	0
其他	others	5	10	3
合计		174	145	19

2.4 盐胁迫对脂肪酸代谢的影响

在叶片中共有44种脂肪酸类(32种不饱和脂

肪酸及其衍生物)代谢物属于SIM,其中具有代表性的SIM如图2所示。例如,Lauroylcarnitine、



18:3(9Z,11E,13E)-Me, 9(Z),11(E),13(E)-Octadecatrienoic Acid methyl ester; 18:4(6Z,8E,10E,12Z), 6Z,8E,10E,12Z-Octadecatetraenoic acid;
18:0(9,10,18-OH), 9,10,18-Trihydroxyoctadecanoic acid; 18:1(9Z)(5,8,11-OH), (Z)-5,8,11-trihydroxyoctadec-9-enoic acid

图2 盐胁迫下耐盐品种叶片中特异上调的脂肪酸类代谢物

Ethylmalonic acid、Ethyl linolenate、9(Z),11(E),13(E)-Octadecatrienoic Acid methyl ester(18:3(9Z,11E,13E)-Me)、8-(5-Butylfuran-2-yl)octanoylcarnitine、4,8 dimethylnonanoyl carnitine 等脂肪酸类代谢物的含量与对照相比在晋饲草 1 号叶片中均显著增加,分别增加了 2.88、21.04、2.00、32.66、20.44、11.04 倍,而在冀饲 3 号中无显著变化;12-OPDA、O-[(5Z)-dodecenoyl] carnitine、9-HOTrE、9-Oxo-10,12-octadecadienoic acid 等脂肪酸类代谢物的水平与对照相比在晋饲草 1 号与冀饲 3 号叶片中均上调,但盐胁迫条件下晋饲

草 1 号相较冀饲 3 号分别上调 2.54、2.81、1.57、1.24 倍。

在根系中共发现 11 种脂肪酸类(4 种不饱和脂肪酸及其衍生物)代谢物属于 SIM,其中具有代表性的 SIM 如图 3 所示。Lauroyl carnitine、Ethylmalonic acid、Ethyl linolenate、Paullinic acid、Lauroyl diethanolamide 等变化幅度较大,这些脂肪酸含量在晋饲草 1 号根中均显著增加,分别增加了 3.16、8.91、4.52、17.11、9.68 倍,而在冀饲 3 号根中无显著变化。叶片和根系共有 SIM 中包括 3 种脂肪酸(Lauroyl carnitine、Ethylmalonic acid、Ethyl linolenate)。

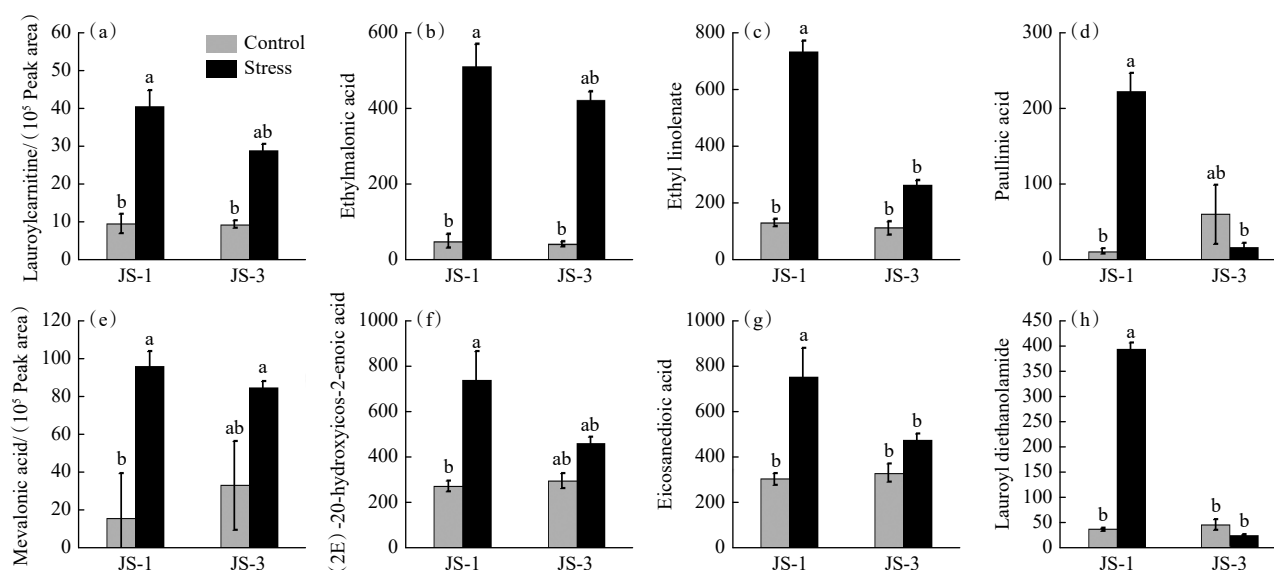


图3 盐胁迫下耐盐品种根系中特异上调的脂肪酸类代谢物

2.5 盐胁迫对氨基酸代谢的影响

叶片中共检测到 26 种氨基酸、肽及其类似物属于 SIM,其中具有代表性的 SIM,如图 4 所示。例如, Phe-Trp-Ala、L-Valyl-L-valine、gamma-L-Glutamyl-L-pipecolic acid、L-tyrosyl-L-valine、Leucylproline、L-Arogenate 等的含量在晋饲草 1 号叶片中均显著增加,分别增加了 5.72、6.33、2.18、27.02、24.29 倍,而在冀饲 3 号叶片中无显著变化;H-Ile-Asn-OH、Histidylleucine、His Phe、Tyrosyl-Lysine 等代谢物在晋饲草 1 号与冀饲 3 号的叶片中均上调,但盐胁迫条件下晋饲草 1 号相较冀饲 3 号分别上调 1.50、1.47、1.28、1.07 倍。

根系中共有 12 种氨基酸、肽和类似物代谢物属于 SIM,其中具有代表性的 SIM 如图 5 所示。其中

Phe-Trp-Ala、L-Valyl-L-valine、gamma-L-Glutamyl-L-pipecolic acid、Gamma-Glu-Leu、gamma-L-Glutamyl-gamma-L-glutamyl-L-methionine(γ -Glu- γ -Glu-Met)等代谢物的含量在晋饲草 1 号根中均显著增加,分别增加了 8.22、15.65、2.05、4.41、2.36 倍,而在冀饲 3 号根中无显著变化。叶片和根系共有 SIM 中包括 3 种氨基酸、肽和类似物,包括 L-Valyl-L-valine、gamma-L-Glutamyl-L-pipecolic acid、Phe-Trp-Ala。

2.6 盐胁迫对糖代谢的影响

叶片中共检测到 12 种碳水化合物和碳水化合物结合物类代谢物属于 SIM,其中具有代表性的 SIM 如图 6 所示。其中 D-Fructose-6-phosphate、Galactose 1-phosphate、Perseitol Heptaacetate 等的含量在晋饲

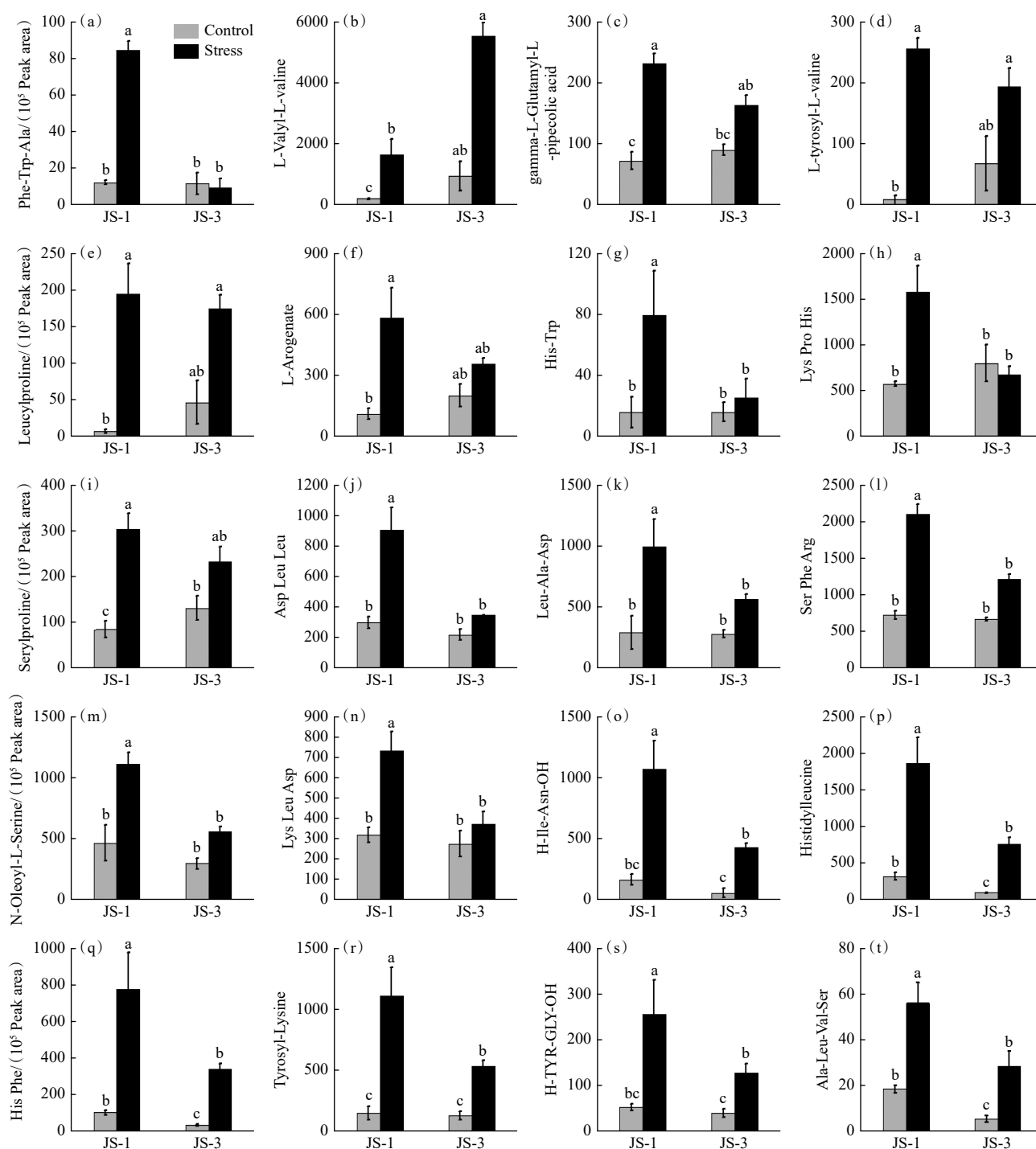


图4 盐胁迫下耐盐品种叶片中特异上调的氨基酸、肽及其类似物

草1号叶片中均显著增加,分别增加了3.91、0.66、4.04倍,而在冀饲3号叶片中无显著变化。

根中有12种碳水化合物和碳水化合物结合物类代谢物属于SIM,其中具有代表性的SIM如图7所示。其中1F-Fructofuranosylnystose、1-Kestose、Galactitol 1-phosphate、Nystose、2-O-Caffeoylglycerate

在晋饲草1号根中均显著增加,分别增加了12.96、12.65、4.59、87.15、1.69倍,而在冀饲3号根中无显著变化。Sucrose在晋饲草1号与冀饲3号根中均上调,且盐胁迫条件下晋饲草1号相较冀饲3号上调0.69倍。叶片和根共有SIM中仅发现一种糖类物质1F-Fructofuranosylnystose。

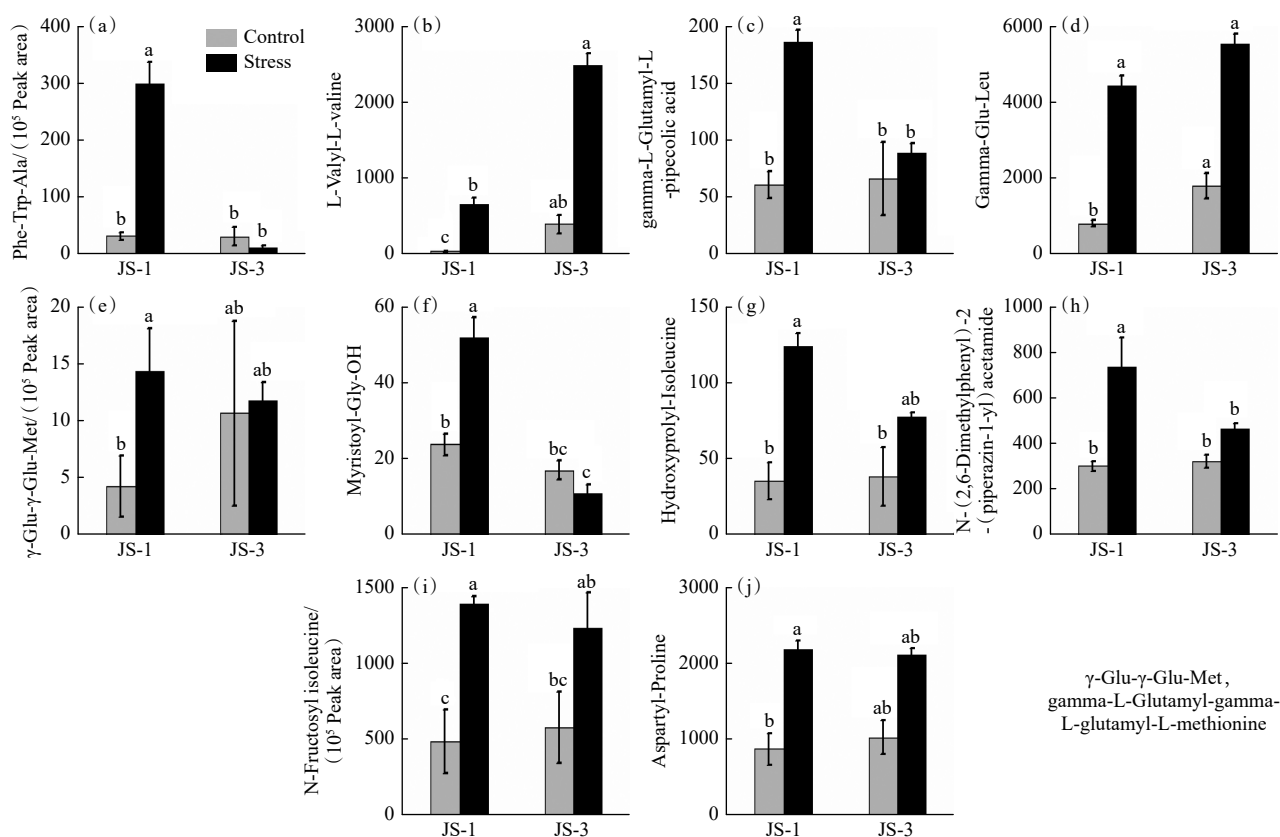
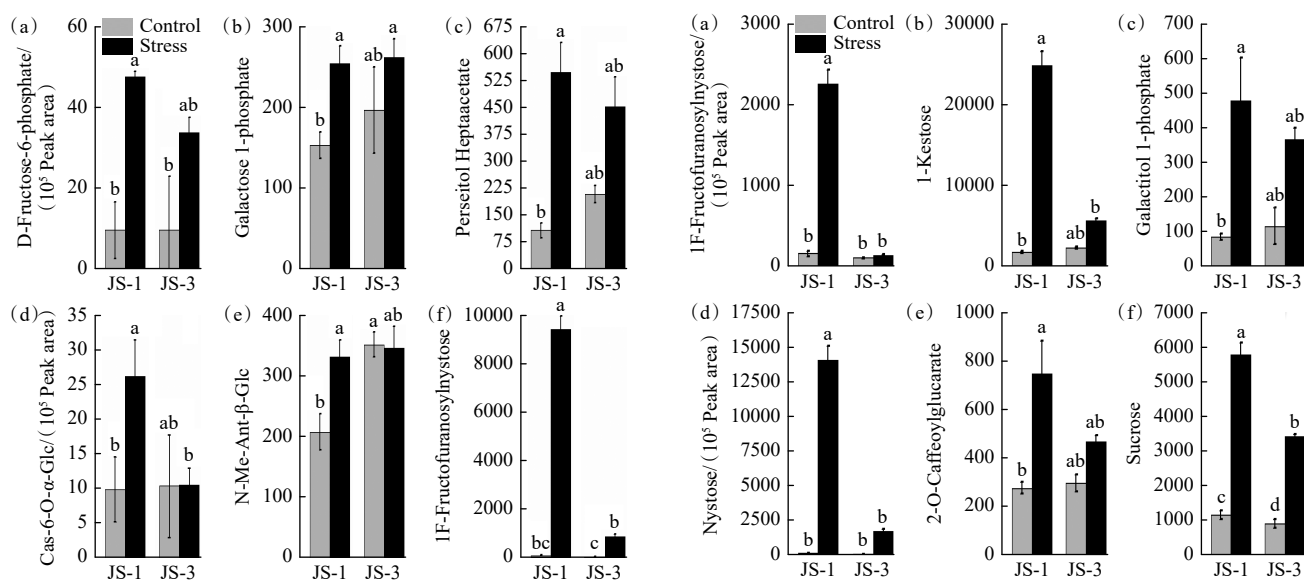


图5 盐胁迫下耐盐品种根系中特异上调的氨基酸、肽及其类似物



Cas-6-O- α -Glc, Casuarine 6-O-alpha-D-glucopyranoside; N-Me-Ant- β -Glc, N-methylanthraniloyl-beta-D-glucose

图6 盐胁迫下耐盐品种叶片中特异上调的碳水化合物和碳水化合物结合物类代谢物

2.7 盐胁迫对类黄酮代谢的影响

叶片中有 2 种黄酮类代谢物属于 SIM(图 8)。然

图7 盐胁迫下耐盐品种根系中特异上调的碳水化合物和碳水化合物结合物类代谢物

而在根系中有 16 种类黄酮代谢物属于 SIM, 其中具有代表性的 SIM 如图 9 所示。Gnaphaliin 和 3-Methylflavone-8-carboxylic acid(3-Me-Fla-8-COOH)变化幅度较大, 它们的含量在晋饲草 1 号根中均显著增

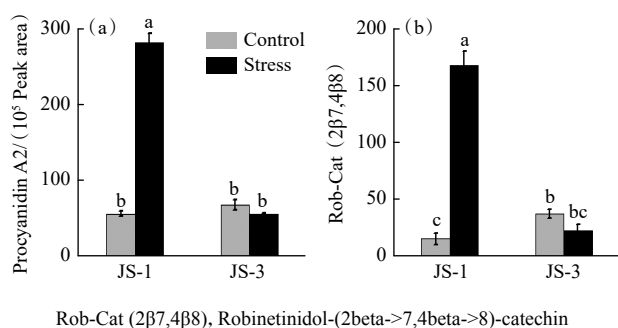


图8 盐胁迫下耐盐品种叶片中特异上调的类黄酮代谢物

加,分别增加了 3.49 和 3.89 倍,而在冀饲 3 号根中无显著变化。

3 讨论

土壤盐胁迫通常会对植物产生渗透胁迫、离子毒害和氧化损伤,进而干扰植物的代谢过程、抑制植物的生长和发育^[15]。本研究结果表明,与对照品种相比,晋饲草 1 号在盐胁迫下表现出显著的生理优势,具有

更高的抗氧化酶活性、相对高的含水量及生物量,更低 Na⁺积累,证实其在盐胁迫下可以有效地应对渗透胁迫、离子毒害及氧伤害。代谢组学分析表明,耐盐小黑麦品种通过协同调控根和叶片多种代谢物的水平来应对盐胁迫。耐盐小黑麦品种叶片中特异积累大量脂肪酸类、氨基酸和糖类。在耐盐品种晋饲草 1 号的叶片组织中,鉴定到 30 余种不饱和脂肪酸及其衍生物属于 SIM,包括 α-亚麻酸(α-Linolenic acid)和 12-氧代植物二烯酸(12-Oxophytodienoic acid, 12-OPDA)等关键代谢物。上述耐盐品种特异上调的脂肪酸类代谢物可能通过调节膜脂组成维持细胞膜结构完整性,显著降低盐胁迫诱导的膜脂过氧化水平(MDA 含量显著降低)^[16],也可能作为内源性信号分子激活茉莉酸(Jasmonic acid, JA)信号转导通路上调 SOD、POD 等抗氧化酶基因表达加速活性氧(Reactive Oxygen Species, ROS)清除过程^[17-19]。此外,代谢谱分析显示多种氨基酸及其衍生物呈现组织特异性积累模式,耐盐小黑麦品种根和叶中特异上调不

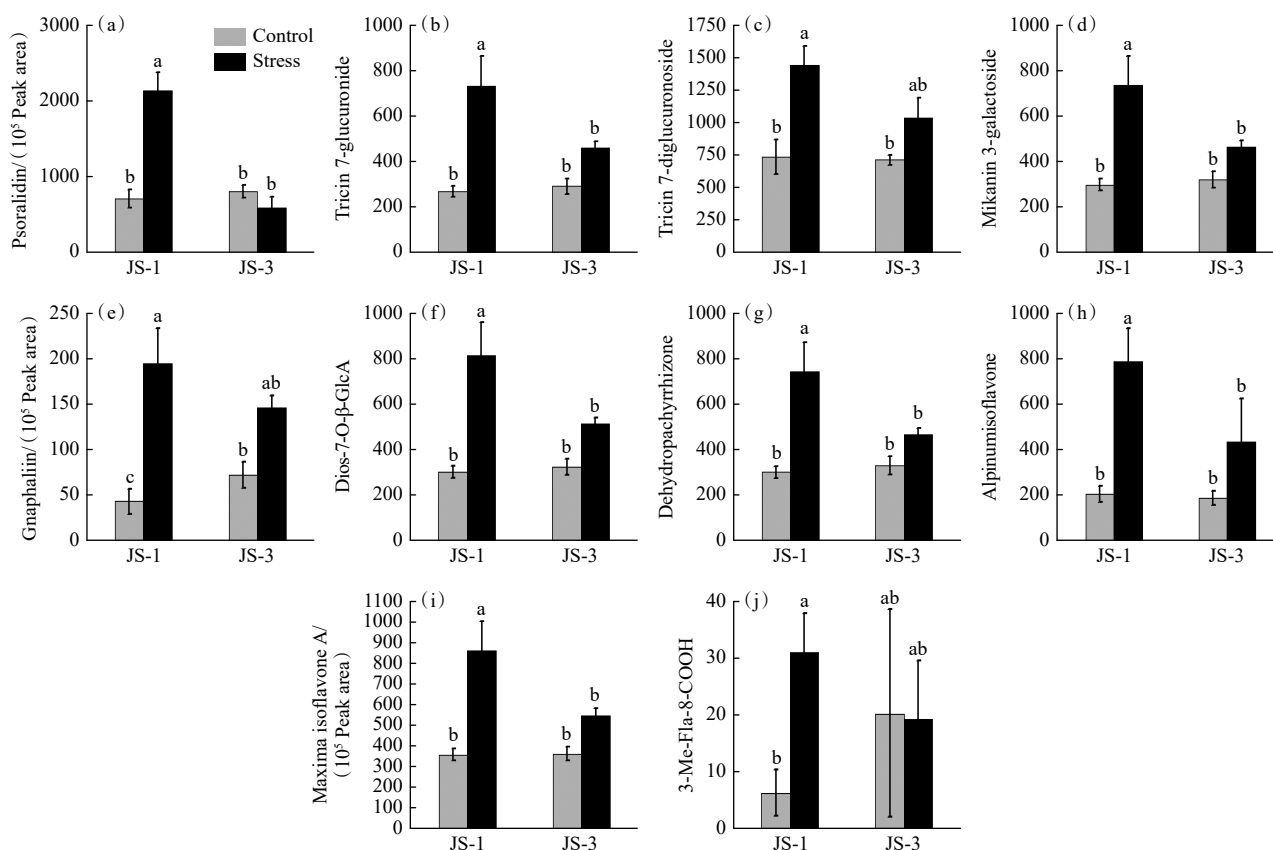


图9 盐胁迫下耐盐品种根系中特异上调的类黄酮代谢物

同的氨基酸。这些氨基酸代谢物具有渗透调节与抗氧化双重生理功能^[20-21]。盐胁迫下耐盐小黑麦品种根和叶可通过积累不同的氨基酸成分应对渗透胁迫和氧损伤。耐盐品种根系特异性上调 16 种黄酮化合物、13 种氨基酸、12 种糖。耐盐品种根和叶均是通过积累糖类和氨基酸来进行渗透调节,但耐盐品种在叶片中依靠积累不饱和脂肪酸清除活性氧,而在根中依靠积累类黄酮来清除活性氧^[22]。本研究也重点关注了耐盐品种根和叶中均特异性上调的代谢物,这些代谢物包括 3 种脂肪酸类、3 种短肽或氨基酸类似物以及 1 种碳水化合物。这些共同上调的代谢物可能作为系统性盐胁迫响应的核心分子,在不同组织间发挥协同调节作用^[23]。总体来说,研究结果表明耐盐小黑麦品种根和叶通过协同积累不同类型的代谢物减轻盐胁迫造成伤害,促进植株整体有效应对盐胁迫。

参考文献(References)

- [1] Hou P, Li B W, Cao E K, et al. Optimizing maize yield and mitigating salinization in the Yellow River Delta through organic fertilizer substitution for chemical fertilizers[J]. *Soil and Tillage Research*, 2025, 249: 106498.
- [2] Xia J B, Ren J Y, Zhang S Y, et al. Forest and grass composite patterns improve the soil quality in the coastal saline-alkali land of the Yellow River Delta, China[J]. *Geoderma*, 2019, 349: 25-35.
- [3] 马爱平. 科技支撑耕地保护和盐碱地综合改造利用[N]. 科技日报, 2023-07-22(1).
- [4] Alagoz S M, Hadi H, Toorchi M, et al. Morpho-physiological responses and growth indices of triticale to drought and salt stresses[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13: 8896.
- [5] Kavanagh V B, Hall L M, Hall J C. Potential hybridization of genetically engineered triticale with wild and weedy relatives in Canada[J]. *Crop Science*, 2010, 50(4): 1128-1140.
- [6] 郭晓丽, 时丽冉, 白丽荣. 不同品种小黑麦的遗传多样性分析[C]//2015中国遗传学会大会论文集. 北京: 中国遗传学会, 2015: 2.
- [7] Deng C, Zhang Z, Yan G, et al. Salt-responsive transcriptome analysis of triticale reveals candidate genes involved in the key metabolic pathway in response to salt stress[J]. *Scientific Reports*, 2020, 10: 20669.
- [8] Wang D X, Li J D, Li S M, et al. Multi-omics analysis of hexaploid triticale that show molecular responses to salt stress during seed germination[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2025, 15: 1529961.
- [9] 王萌, 鲁雪莉, 王菊英, 等. 小黑麦种质萌发期苗期耐盐资源评价与筛选[J]. 草业学报, 2024, 33(5): 58-68.
- [10] Gokce A, Sekmen C A H, Turkan I. Carnitine modulates antioxidative defense in *ABI2* mutant under salt stress[J]. *Plant Growth Regulation*, 2024, 104: 359-376.
- [11] Fu T, Xu C, Li H, et al. Salinity tolerance in a synthetic allotetraploid wheat (*S¹S¹AA*) is similar to its higher tolerant parent *Aegilops longissima* (*S¹S¹*) and linked to flavonoids metabolism[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 835498.
- [12] Bajji M, Kinet J M, Lutts S. The use of the electrolyte leakage method for assessing cell membrane stability as a water stress tolerance test in durum wheat[J]. *Plant Growth Regulation*, 2002, 36: 61-70.
- [13] Chang X, Li X, Meng H, et al. Physiological and metabolic analyses provide insight into soybean seed resistance to *fusarium fujikuroi* causing seed decay[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 993519.
- [14] Dunn W B, Broadhurst D, Begley P, et al. Procedures for large-scale metabolic profiling of serum and plasma using gas chromatography and liquid chromatography coupled to mass spectrometry[J]. *Nature Protocols*, 2011, 6: 1060-1083.
- [15] Van Z E, Zhang Y, Testerink C. Salt tolerance mechanisms of plants[J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2020, 71: 403-433.
- [16] Upchurch R G. Fatty acid unsaturation, mobilization, and regulation in the response of plants to stress[J]. *Biotechnology Letters*, 2008, 30: 967-977.
- [17] Savchenko T, Kolla V A, Wang C Q, et al. Functional convergence of oxylipin and abscisic acid pathways controls stomatal closure in response to drought[J]. *Plant Physiology*, 2014, 164(3): 1151-1160.
- [18] Wasternack C, Hause B. Jasmonates: Biosynthesis, perception, signal transduction and action in plant stress response, growth and development[J]. *Annals of Botany*, 2013, 111(6): 1021-1058.
- [19] Farmer E E, Mueller M J. ROS-mediated lipid peroxidation and RES-activated signaling[J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2013, 64: 429-450.
- [20] Heinemann B, Hildebrandt T M. The role of amino acid metabolism in signaling and metabolic adaptation to stress-induced energy deficiency in plants[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2021, 72(13): 4634-4645.
- [21] Hildebrandt T M, Nunes Nesi A, Araújo W L, et al. Amino Acid Catabolism in Plants[J]. *Molecular Plant*, 2015, 8(11): 1563-1579.
- [22] Agati G, Azzarello E, Pollastri S, et al. Flavonoids as antioxidants in plants: Location and functional significance[J]. *Plant Science*, 2012, 196: 67-76.
- [23] Obata T, Fernie A R. The use of metabolomics to dissect plant responses to abiotic stresses[J]. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 2012, 69(19): 3225-3243.

Metabolic regulation mechanisms of triticale under salt stress

JIANG Jie^{1,2}, ZHANG Tiantian², JIA Siyuan², YIN Siyuan², JIA Wenjuan³, HU Yue², WANG Lu², HAN Lei², YAN Houxing², XIAO Binbin², LIN Fei², DOU Zhongyu^{1*}, YANG Chunwu²

1. Institute of Crop Resources, Jilin Academy of Agricultural Sciences (Northeast Innovation Center of Agricultural Science and Technology, CAAS), Gongzhuling 136100, China

2. School of Life Sciences, Northeast Normal University, Changchun 130024, China

3. Ningxia Xibei Agriculture, Forestry & Animal Husbandry Eco-Technology Co., Ltd., Yinchuan 750001, China

Abstract Soil salinization severely restricts global agricultural production, and screening salt-tolerant crops is crucial for utilizing saline-alkali lands. This study employed salt-tolerant triticale cultivar Jinsicao 1 (JS-1) and conventional cultivar Jisi 3 (JS-3) as materials, simulating salt stress with 300 mmol/L NaCl solution. Through physiological, biochemical, and metabolomic analyses, we revealed the metabolic regulation mechanisms of triticale in adapting to salt stress. The results showed that salt stress significantly inhibited growth in both cultivars, but JS-1 maintained higher biomass, water content, stronger antioxidant capacity, and lower ion toxicity under stress. Metabolomic analysis identified numerous differential metabolites, with particular focus on metabolites specifically upregulated in JS-1 under salt stress. In leaves, these metabolites were primarily fatty acids, amino acids, and carbohydrates, while in roots they were mainly flavonoids, amino acids, and carbohydrates. Both roots and leaves of the salt-tolerant cultivar accumulated carbohydrates and amino acids for osmoregulation. However, JS-1 relied on the accumulation of unsaturated fatty acids for reactive oxygen species (ROS) scavenging in leaves, whereas flavonoids played this role in roots. These findings demonstrate that salt-tolerant triticale coordinates the accumulation of distinct metabolite types in roots and leaves to mitigate salt-induced damage.

Keywords triticale; salt stress; metabolic regulation; salt tolerance mechanism; metabolomics ●



(责任编辑 王丽娜)