

不同苜蓿根系分离菌株及合成菌群对苜蓿种子萌发的影响

曹诗娅¹, 梅亭¹, 郭扬², 刘瑞波¹, 王明玖^{1,3}, 何欣月¹, 肖婷婷⁴, 唐芳^{1*}

- 1 内蒙古农业大学 草业学院, 农业部饲草栽培、加工与高效利用重点实验室, 内蒙古自治区草原生态保护学重点实验室, 内蒙古 呼和浩特
- 2 乌兰察布农业和林业科学研究所, 内蒙古 乌兰察布
- 3 国家草业技术创新中心(筹), 内蒙古 呼和浩特
- 4 北京农学院 植物科学技术学院, 园艺系, 北京

曹诗娅, 梅亭, 郭扬, 刘瑞波, 王明玖, 何欣月, 肖婷婷, 唐芳. 不同苜蓿根系分离菌株及合成菌群对苜蓿种子萌发的影响[J]. 微生物学报, 2026, 66(1): 394-408.

CAO Shiya, MEI Ting, GUO Yang, LIU Rui-bo, WANG Mingjiu, HE Xinyue, XIAO Tingting, TANG Fang. Effects of different bacterial strains isolated from alfalfa roots and synthetic microbial communities on alfalfa seed germination[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(1): 394-408.

摘要: 植物益生根系微生物能够增强植物的养分吸收能力与抗逆能力, 进而改善植物的生长状况。【目的】筛选苜蓿根系优异的微生物资源。【方法】以‘草原3号’杂花苜蓿为实验材料, 以从苜蓿根系分离的8个功能菌株和由不同单菌株组成的8个合成微生物菌群(synthetic microbial communities, SynComs)为研究对象, 分别在0、200、250 mmol/L NaCl胁迫条件下进行菌液浸种处理, 测定发芽势(率)、胚根(芽)长及胚鲜重等指标, 运用隶属函数法综合评价测试菌株和合成菌群的抗逆促生效能, 探究根系分离菌株对苜蓿种子萌发的影响。【结果】在无盐胁迫条件下, 菌液浸种对苜蓿种子萌发无显著影响, 但在盐胁迫下可显著增强苜蓿种子的萌发能力。在200 mmol/L和250 mmol/L NaCl胁迫下, MS8是提升种子萌发能力最强的单菌株; 与无菌水浸种对照相比, 经MS8菌液浸种后种子发芽势提升76.67%。经SynCom 1处理后的种子与CK相比, 发芽率提升113.04%–405.41%, 胚根长显著增加47.87%–56.67%, 胚芽长显著增加19.13%–24.01%, 胚鲜重显著增加157.64%–1300.00%。【结论】在200 mmol/L和250 mmol/L NaCl胁迫条件下, SynCom 1是提升种子萌发能力最强的合成菌群, 且提升效果优于单菌株MS8。本研究为后续开发高效提升

资助项目: 内蒙古自治区自然科学基金(2023MS03043); 国家自然科学基金(32460344); 2023年国家草业技术创新中心(筹)重大创新平台建设专项(CCPTZX2023K01)

This work was supported by the Inner Mongolia Autonomous Region Natural Science Foundation (2023MS03043), the National Natural Science Foundation of China (32460344), and the National Center of Pratacultural Technology Innovation (under preparation) Special Fund for Innovation Platform Construction in 2023 (CCPTZX2023K01).

*Corresponding author. E-mail: fta223@imau

Received: 2025-07-26; Accepted: 2025-09-01; Published online: 2025-10-09

苜蓿耐盐性的专用功能菌剂提供了重要的理论基础和技术支撑。

关键词: 苜蓿; 根系分离菌株; 合成菌群; 种子萌发; 耐盐性

Effects of different bacterial strains isolated from alfalfa roots and synthetic microbial communities on alfalfa seed germination

CAO Shiya¹, MEI Ting¹, GUO Yang², LIU Ruibo¹, WANG Mingjiu^{1,3}, HE Xinyue¹, XIAO Tingting⁴, TANG Fang^{1*}

1 Key Laboratory of Forage Cultivation, Processing and High Efficient Utilization of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Inner Mongolia Key Laboratory of Grassland Protection Ecology, College of Grassland Science, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia, China

2 Ulanqab Institute of Agriculture and Forestry Sciences, Ulanqab, Inner Mongolia, China

3 National Center of Pratacultural Technology Innovation (Under Preparation), Hohhot, Inner Mongolia, China

4 Department of Horticulture, College of Plant Science and Technology, Beijing University of Agriculture, Beijing, China

Abstract: Probiotic microbiota in roots can enhance nutrient uptake and stress tolerance, thereby improving plant growth. **[Objective]** To identify elite microbial resources from alfalfa roots. **[Methods]** We used eight functional bacterial strains isolated from the roots of *Medicago sativa* var. ‘Caoyuan No. 3’ and eight synthetic microbial communities (synthetic microbial communities, SynComs) composed of different strains for seed soaking treatments under 0, 200, and 250 mmol/L NaCl stress conditions. The germination potential (rate), radicle (embryonic shoot) length, and seed fresh weight were measured, and the effectiveness of the bacterial strains and SynComs in improving stress tolerance and growth was comprehensively evaluated *via* the membership function method. The effects of strains isolated from roots on alfalfa seed germination were thus evaluated. **[Results]** Under non-saline conditions, seed soaking had no significant impact on alfalfa seed germination. However, under salt stress, seed soaking significantly enhanced seed germination. Under 200 mmol/L and 250 mmol/L NaCl stress, MS8 was the most effective strain in promoting seed germination. Compared with the control treated with sterile water, MS8 treatment improved the germination potential by 76.67%. Compared with the control, the seeds treated with SynCom 1 exhibited increases of 113.04% to 405.41% in germination rate, significant increases of 47.87% to 56.67% in radicle length, significant increases of 19.13% to 24.01% in embryonic shoot length, and significant rises of 157.64% to 1 300.00% in fresh seed weight. **[Conclusion]** Under 200 mmol/L and 250 mmol/L NaCl stress, SynCom 1 was the most effective synthetic microbial community in enhancing seed germination, outperforming strain MS8. This study provides a theoretical foundation and technical support for the subsequent development of efficient functional bacterial agents to enhance the salt tolerance of alfalfa.

Keywords: alfalfa; strains isolated from roots; synthetic microbial community; seed germination; salt tolerance

随着植物-微生物互作机制研究的不断深入,利用土壤微生物或植物微生物组增强植物非生物胁迫抗性已成为研究热点^[1]。植物体内外栖息着种类繁多的微生物群落,这些群落不仅参与土壤有机质的分解过程,还在土壤生态系统的物质循环和能量流动中发挥关键作用^[2]。部分微生物能够特异性定殖于植物根际,通过多种机制促进植物生长发育并增强其抗逆能力^[3]。与此同时,植物内生菌在宿主应对环境胁迫过程中也具有重要功能,可通过调控宿主植物次级代谢产物的合成与分泌在植物生长发育和防御系统中扮演不可或缺的角色^[4]。王晓菲等^[5]研究发现,长期种植紫花苜蓿(*Medicago sativa* L.)的土壤中含有大量的固氮菌属(*Azotobacter*)、弗兰克氏菌属(*Frankia*)和地杆菌属(*Terrabacter*)等有益微生物类群,这些微生物可将大气中的分子态氮还原为可被作物吸收和利用的化合态氮,显著提升土壤氮固持能力。陈露^[6]研究表明,在盐胁迫条件下接种根际促生细菌嗜麦芽寡养单胞菌(*Stenotrophomonas maltophilia*) JT4 与普利茅斯沙雷氏菌(*Serratia plymuthica*) JG1 可有效缓解盐碱胁迫对紫花苜蓿造成的伤害并提高紫花苜蓿在盐碱胁迫环境下的生长速率。在盐胁迫下接种幼套近明球囊霉(*Claroideoglossum etunicatum*)丛枝菌根真菌的紫花苜蓿与未接种的相比表现出更好的生长和生理活性,缓解了盐胁迫对植物生物量和营养元素吸收的抑制作用^[7]。目前,菌剂商品化多使用单一菌株。例如,HiStick 与 Nodulator 为根瘤菌菌剂,主要与豆科植物共生固氮;而 Myke 与 Symbivit 为丛枝菌根真菌菌剂,主要作用是扩大根系吸收面积。然而,单菌株在面对土著微生物群落时竞争能力有限,导致其对宿主的促生效果不稳定。

多项研究表明,多样化的微生物组合能更有效地增强植物的环境适应能力,促进其生长发育^[8-10]。在对盐角草(*Salicornia europaea* L.)及狼尾草(*Pennisetum alopecuroides* L.)等植物的研究中,由多菌株组合的合成菌群接种效果显著

优于单一菌株,还展现出增强植物抗逆性等附加优势^[11-12]。合成微生物群落一般为人工构建的包含野生型或基因工程改造的多菌种共存体系,能实现比单菌株更高效、更稳定的功能^[13-14]。Hu 等^[15]将 8 种假单胞菌按照不同成员数量组成不同的多种 SynComs,发现随着 SynComs 物种多样性的提高,假单胞菌的存活能力、产铁载体能力、植物的有效磷含量以及地上生物量积累显著增加。

当前针对利用土壤微生物提高苜蓿抗逆性的研究主要集中于单一菌株,使用合成微生物群落的研究方法尚处于空白阶段。‘草原 3 号’杂花苜蓿(*Medicago varia* Martin. cv. Caoyuan No. 3) 属豆科苜蓿属多年生草本植物,具有抗旱、耐寒和产量高等特点。适宜在我国北方干旱与半干旱生态区域推广种植,表现出良好的环境适应性和栽培稳定性^[16]。该品种杂种优势明显,在内蒙古东部及相邻省份越冬率高达 90% 以上^[17-18],为内蒙古地区优质乡土品种。因此,本研究以‘草原 3 号’杂花苜蓿为研究材料,基于课题组前期从种植于盐碱土壤中的苜蓿植物上分离鉴定的功能性微生物资源,筛选具有显著耐盐功能的优势菌株及最优菌株组合,以期开发苜蓿促生专用功能菌剂、提升苜蓿耐盐能力提供重要的理论基础和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 供试植物

供试材料为‘草原 3 号’杂花苜蓿种子,由内蒙古农业大学牧草育种团队提供。

1.1.2 供试菌株

菌株来源于本课题组前期从种植于盐碱土壤中的苜蓿上分离出的苜蓿根际及内生微生物,菌株信息见表 1;同时对菌株的溶磷、解钾、产吲哚乙酸(indol-3-acetic acid, IAA)、产铁载体及产生物膜等功能进行了检测^[19],菌株功能排名见表 2。

表1 测试菌株信息表

Table 1 Information table of tested strains

菌株编号 Strain No.	处理 Treatment	菌株来源 Strain source	科 Family	属 Genus
MS1	MS1	Root endophytic isolates	<i>Pseudomonadaceae</i>	<i>Pseudomonas</i>
MS2	MS2	Root endophytic isolates	<i>Rhizobiaceae</i>	<i>Agrobacterium</i>
MS3	MS3	Root endophytic isolates	<i>Streptomycetaceae</i>	<i>Streptomyces</i>
MS4	MS4	Rhizosphere isolated strains	<i>Paracoccaceae</i>	<i>Paracoccus</i>
MS5	MS5	Rhizosphere isolated strains	<i>Pseudomonadaceae</i>	<i>Pseudomonas</i>
MS6	MS6	Rhizosphere isolated strains	<i>Pseudomonadaceae</i>	<i>Pseudomonas</i>
MS7	MS7	Rhizosphere isolated strains	<i>Nucleotidacteriaceae</i>	<i>Sporosarcina</i>
MS8	MS8	Rhizosphere isolated strains	<i>Bacillaceae</i>	<i>Bacillus</i>

表2 测试菌株功能隶属函数排名

Table 2 Functional membership function ranking of tested strains

菌株编号 Strain No.	溶有机P Dissolved organic P	溶无机P Dissolved inorganic P	解K Solution K	产生物膜 Biofilm production	产Fe载体 Siderophores production	ACC脱氨酶活性 ACC deaminase activity	产IAA IAA production	总分 Aggregate score	排名 Ranking
MS1	0.75	1.00	0.00	1.00	1.00	0.25	1.00	5.00	1
MS4	0.50	1.00	1.00	0.50	0.75	0.50	0.75	5.00	1
MS5	0.50	0.67	0.50	1.00	0.00	0.75	0.75	4.17	3
MS2	0.75	0.67	0.00	1.00	0.50	0.25	0.75	3.92	4
MS7	0.75	0.67	0.00	0.75	0.75	0.75	0.25	3.92	4
MS3	0.50	0.33	0.75	0.75	0.00	1.00	0.25	3.58	6
MS6	0.50	0.67	0.00	0.50	0.75	0.50	0.50	3.42	7
MS8	0.50	0.33	0.50	0.25	0.00	0.75	0.75	3.08	8

根据前期研究结果构建不同 SynComs, 菌株数量逐一递减, 将单菌株按等体积菌液进行混合, 共组成 8 个 SynComs, 菌群组成见表 3。

1.2 菌株培养

将菌株接种至 1/2 TSA 固体培养基上, 25 °C 培养 3–5 d, 备用。

1/2 TSA 固体培养基(g/L): 胰蛋白胨 15.0, 大豆蛋白胨 5.0, NaCl 5.0, 琼脂 15.0。

1.3 菌株预处理

将培养好的菌株用 0.9% NaCl 溶液进行洗脱并配制菌液, 调整至 $OD_{600}=0.1$, 备用。

1.4 种子预处理

将‘草原 3 号’种子用灭菌水冲洗, 彻底去

除杂质后, 在超净工作台内将种子浸泡于 4% NaClO 溶液 8–10 min 进行表面消毒, 随后用灭菌水冲洗干净备用。

1.5 浸种处理及发芽实验

挑选饱满、完整的种子, 在不同根系分离菌株及合成菌群菌液中浸种 8 h, 以无菌水为对照, 分别置于含有 0、200、250 mmol/L NaCl 溶液的纸床上进行发芽试验。每培养皿放置 50 粒种子, 每个培养皿作为一个生物学重复, 共设置 3 个重复。培养皿预先缠绕 1–2 圈封口膜以防水分蒸发, 且每日称重补水, 维持盐浓度稳定。将培养皿置于种子萌发箱内, 25 °C 光照培养 16 h、暗培养 8 h。

表3 SynComs菌株组成

Table 3 Strain compositions of SynComs

SynCom 编号 SynCom No.	处理 Treatment	菌株组成 Strain compositions
SynCom 1	S1	MS1+MS2+MS3+MS4+MS5+MS6+MS7+MS8
SynCom 2	S2	MS2+MS3+MS4+MS5+MS6+MS7+MS8
SynCom 3	S3	MS1+MS2+MS3+MS4+MS6+MS7+MS8
SynCom 4	S4	MS2+MS3+MS4+MS6+MS7+MS8
SynCom 5	S5	MS2+MS4+MS6+MS7+MS8
SynCom 6	S6	MS2+MS6+MS7+MS8
SynCom 7	S7	MS2+MS6+MS8
SynCom 8	S8	MS6+MS8

1.6 指标测定

每天定时记录各皿内种子发芽数至第 7 天(发芽标准为胚根突破种皮且超过种子长度 1/2 为发芽^[20])。计算种子发芽势(germination energy)、发芽率(germination rate)及发芽指数^[21], 试验结束从每个培养皿内随机选取 10 株幼苗测量胚根长及胚芽长, 称重测定皿内所有发芽幼苗的鲜重, 计算如公式(1)–(4)所示。

$$\text{发芽指数(GI)} = \sum \left(\frac{G_t}{D_t} \right) \quad (1)$$

式中: G_t 为在 t 天的发芽数, D_t 为相应的发芽天数。

$$\text{发芽率} = \frac{7 \text{ d 正常发芽种子数}}{\text{供试种子数}} \times 100\% \quad (2)$$

$$\text{发芽势} = \frac{4 \text{ d 正常发芽种子数}}{\text{供试种子数}} \times 100\% \quad (3)$$

$$\text{各指标相对值} = \frac{\text{处理组指标平均值}}{\text{对照组指标平均值}} \times 100\% \quad (4)$$

胚根长使用直尺(精度 0.1 cm)测量; 胚芽长使用游标卡尺(精度 0.01 mm)测量; 鲜重使用电子天平(精度 0.000 1 g)称重。

1.7 评价方法

由于多种因素影响种子萌发期耐盐性, 采用单一指标、单一生长发育时期难以对植物的耐盐能力进行全面评价。因此, 本研究采用隶属函数法进行综合评价。

若指标与耐盐性强弱呈正相关, 则隶属函数值计算如公式(5)所示。

$$K = \frac{X - X_{\min}}{X_{\max} - X_{\min}} \quad (5)$$

若指标与耐盐性强弱呈负相关, 则隶属函数值计算如公式(6)所示。

$$K = 1 - \frac{X - X_{\min}}{X_{\max} - X_{\min}} \quad (6)$$

式中: X 表示测定值, X_{\max} 和 X_{\min} 分别表示指标的最大值和最小值。

$$\text{隶属函数值平均值} = \frac{\sum K_j}{m} \quad (7)$$

式中: K_j 为第 j 个指标隶属函数值, m 为指标数量。

1.8 数据分析

采用 Excel 2016 软件进行数据整理, 使用 SPSS 27.0 软件对数据进行单因素方差分析, 利用 Origin 2022 软件作图。

2 结果与分析

2.1 不同苜蓿根系分离菌株及合成菌群对‘草原 3 号’杂花苜蓿种子萌发的影响

在不同浓度 NaCl 胁迫下用不同苜蓿根系分离菌株及合成菌群 S1 (SynCom 1) 的菌液对‘草原 3 号’杂花苜蓿种子进行浸种处理, 种子发芽后的幼苗表型见图 1。在无胁迫条件下, MS4 浸种后的发芽指数显著高于对照组(CK) ($P < 0.05$),

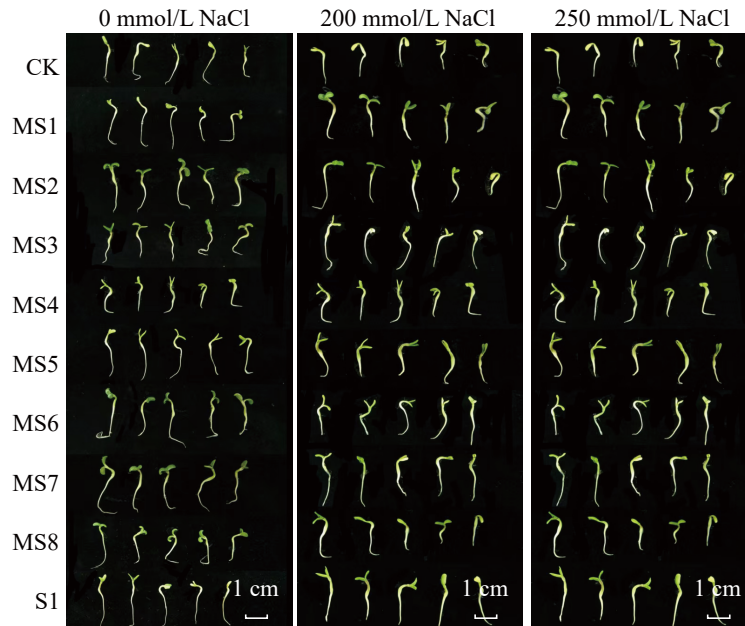


图1 不同盐胁迫条件下不同根系分离菌株及合成菌群S1菌液浸种后种子发芽表型图。每个处理随机挑选5株幼苗进行拍摄。

Figure 1 Phenotypic maps of seed germination after soaking seeds with different root isolates and SynCom 1 under different salt stress conditions. Five seedlings were randomly selected for each treatment.

MS2 与 MS8 处理下的发芽率显著低于 CK。仅有 MS1 与 S1 处理下的幼苗鲜重显著高于 CK，其余处理均显著低于对照($P<0.05$)。其余处理组的种子发芽势、发芽率等各项萌发指标与对照无显著差异(图 2)，表明所有测试菌株及合成菌群对‘草原 3 号’种子萌发无促生效能。由于测试菌株均来源于盐碱胁迫条件下的苜蓿根系，推测其可能具有增强苜蓿耐盐能力的潜力。因此，本研究进一步在盐胁迫条件下探究上述菌株对苜蓿种子萌发的影响。

2.2 不同苜蓿根系分离菌株及合成菌群对‘草原 3 号’杂花苜蓿耐盐性的影响

2.2.1 200 mmol/L 和 250 mmol/L NaCl 盐胁迫条件下种子萌发情况

在 200 mmol/L 与 250 mmol/L NaCl 胁迫下，经菌液浸种后的幼苗子叶张开幅度更大，幼苗胚根明显加粗且更长，种子萌发速度明显加快。如图 1 所示，250 mmol/L NaCl 胁迫下种子的发

芽势、发芽率和发芽指数较 200 mmol/L NaCl 胁迫水平整体下降，表明高盐浓度对种子萌发具有更强抑制效应，但经菌液处理后的种子仍在多个萌发指标上显著优于 CK。在 200 mmol/L NaCl 胁迫下，除 MS5 处理的发芽势与发芽指数低于 CK 外，其余所有处理的测定指标均高于 CK (图 3)。MS3 种子发芽势显著高于 CK，为 CK 的 65.99% ($P<0.05$) (图 3A)。MS3、MS6、MS7 与 S1 的发芽率显著高于 CK，且 S1 最高，为 CK 的 213.04% (图 3B)。发芽指数的变化趋势与发芽势基本一致，S1 处理下种子发芽指数与群体胚鲜重均显著高于 CK，分别为 CK 的 9.47% 与 257.64% ($P<0.05$) (图 3C、3F)。除 MS4 和 MS5 外，其余处理组的胚根长均显著高于 CK ($P<0.05$)，其中 S1 表现最为突出，为 CK 的 156.67% ($P<0.01$) (图 3D)；S1 提升幼苗胚芽长的幅度也最大，为 CK 的 124.01% ($P<0.05$) (图 3E)。

在 250 mmol/L NaCl 胁迫下，MS8 与 S1 的

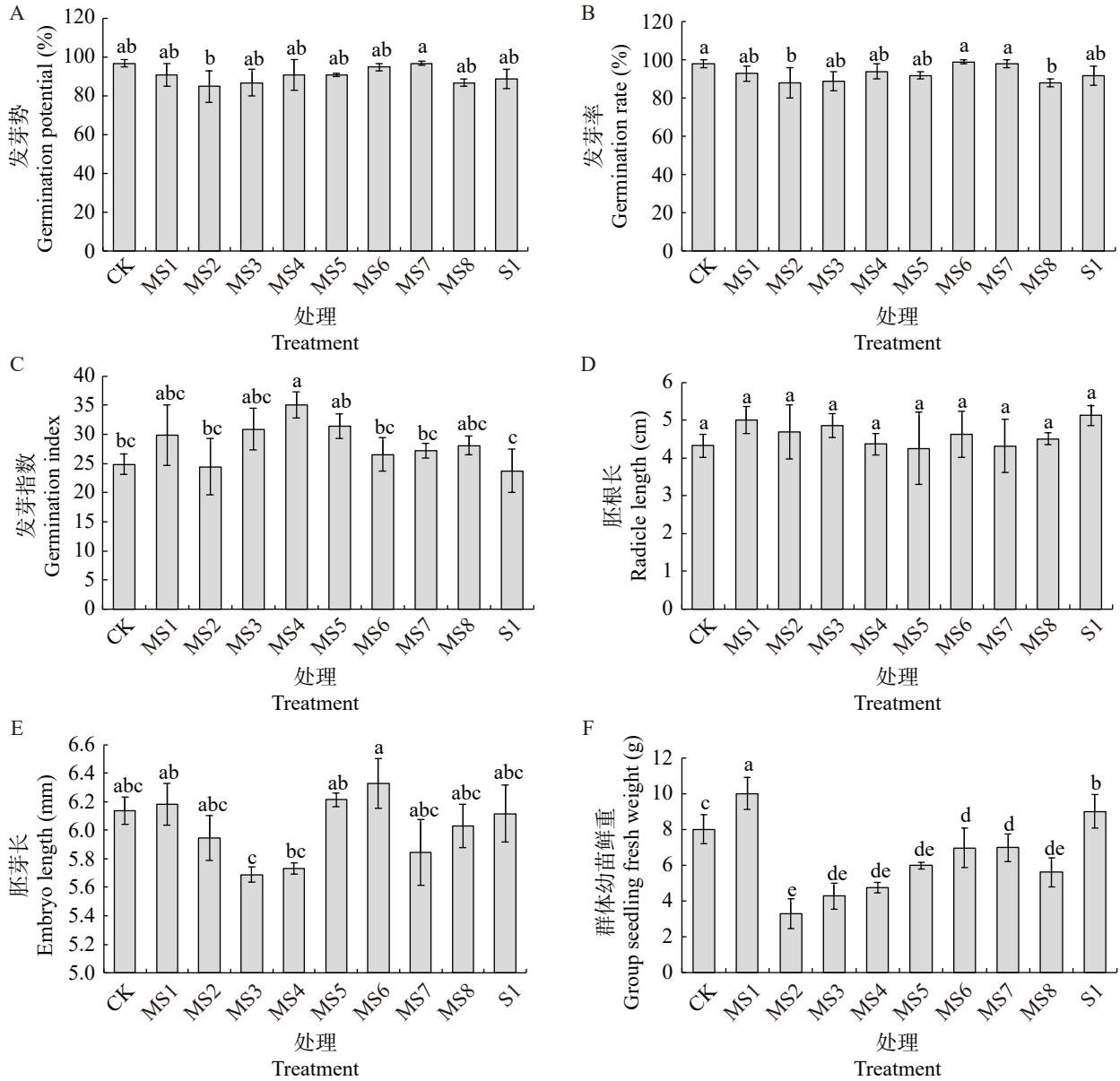


图2 不同根系分离菌株及合成菌群S1浸种后‘草原3号’种子的萌发指标。A: 发芽势; B: 发芽率; C: 发芽指数; D: 胚根长; E: 胚芽长; F: 群体幼苗鲜重(已发芽的所有幼苗鲜重总和)。

Figure 2 Effects of different root isolates and SynCom 1 on seed germination of ‘Caoyuan No. 3’. A: Germination potential; B: Germination rate; C: Germination index; D: Radicle length; E: Embryo length; F: Group seedling fresh weight (The sum of fresh weight of all germinated seedlings). Different lowercase letters indicate a significant difference at the 0.05 level.

发芽势、发芽率与发芽指数显著高于CK, 且S1表现最为突出, 分别为CK的76.67%、405.41%和217.06% ($P < 0.05$) (图3A-3C)。除MS4、MS5和MS6处理外, 其余处理组胚根长均显著高于

CK ($P < 0.05$), 其中S1增幅最大, 为47.87% ($P < 0.01$) (图3D)。除MS1外, 其余处理胚芽长均显著高于CK, S1表现最为突出, 为CK的19.13% ($P < 0.05$) (图3E)。MS7、MS8与S1处理下群体

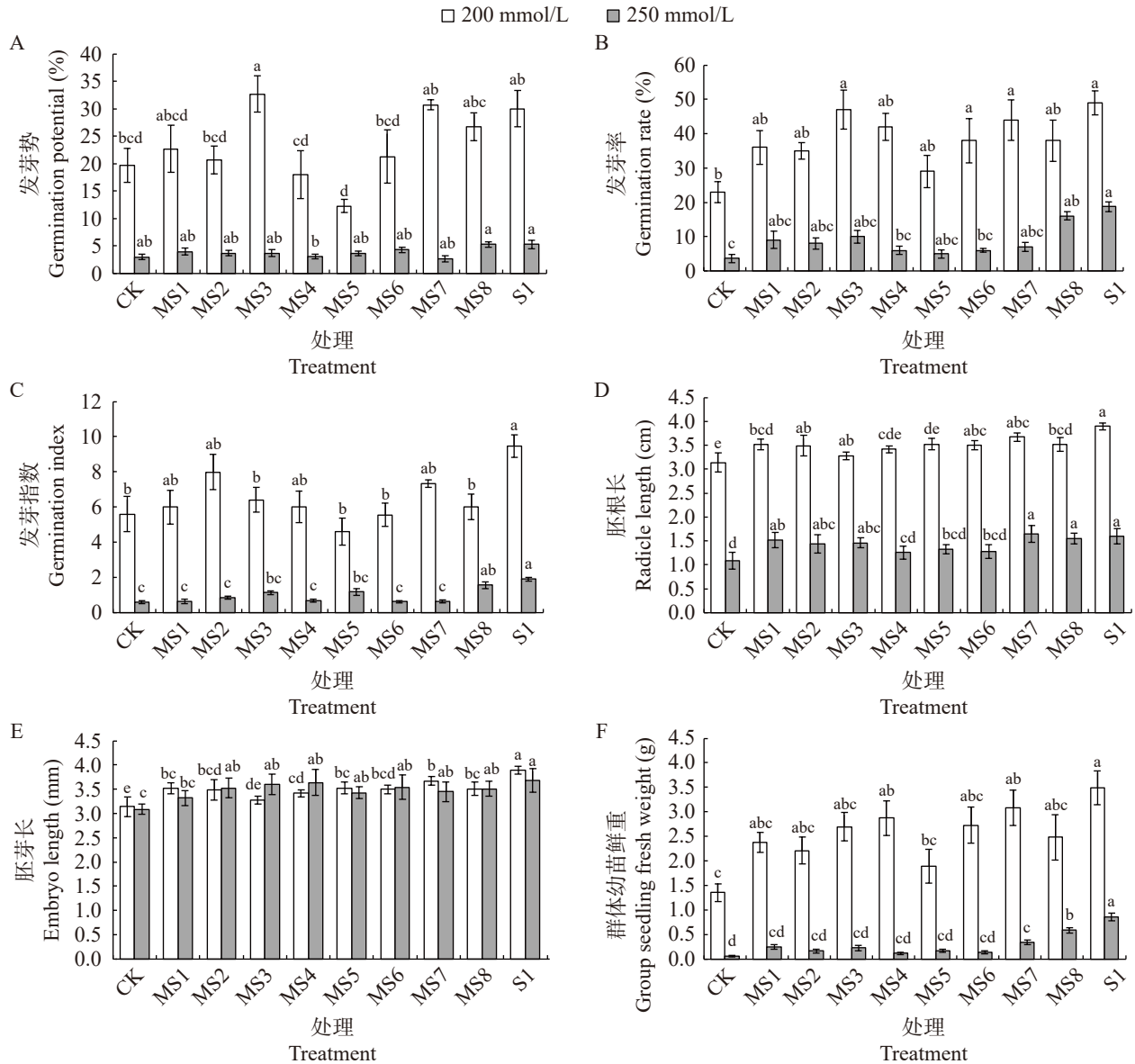


图3 200 mmol/L和250 mmol/L盐胁迫条件下不同根系分离菌株及合成菌群S1浸种后‘草原3号’种子的萌发指标

Figure 3 Effects of different strains isolated from roots and SynCom 1 on salt tolerance of ‘Caoyuan No. 3’ seeds under 200 mmol/L and 250 mmol/L salt stress. A: Germination potential; B: Germination rate; C: Germination index; D: Radicle length; E: Embryo length; F: Group seedling fresh weight (The sum of fresh weight of all germinated seedlings). Different lowercase letters indicate a significant difference at the 0.05 level.

胚鲜重显著高于CK, 且S1提升幅度最大, 为CK的1300.00% ($P < 0.05$) (图3F)。分析结果表明, 在200 mmol/L和250 mmol/L NaCl胁迫下, S1菌液浸种处理能最大程度地促进‘草原3号’

种子的萌发。

2.2.2 不同苜蓿根系分离菌株及合成菌群对‘草原3号’种子萌发期耐盐性综合评价

由于隶属函数最终根据测定指标的平均值

进行排名, 为保证数据的合理性与准确度, 需使萌发期在隶属函数分析时的权重保持一致。结合在 200 mmol/L、250 mmol/L NaCl 胁迫下的种子萌发期各指标间的相关性, 选取多样性最丰富的相对数值进行函数分析。结果显示不同菌株及合成菌群对种子耐盐性的影响存在显著差异, 其综合排名为: S1>MS8>MS7>MS3>MS2>MS6>MS1>MS4>MS5 (表 4)。

通过对比不同盐浓度下的实验结果发现, 单菌株 MS8 提升种子耐盐性效果最佳, 但综合评估表明 S1 仍保持最优异的耐盐特性。合成菌群 S1 在不同盐浓度胁迫条件下, 其隶属函数值均显著高于其他单菌株, 这一结果充分证实了 S1 在提升种子耐盐性方面具有最为稳定和突出的表现。

2.3 优化合成菌群对‘草原 3 号’杂花苜蓿种子耐盐性的影响

2.3.1 200 mmol/L 和 250 mmol/L NaCl 盐胁迫对种子萌发的影响

在 200 mmol/L 和 250 mmol/L NaCl 胁迫下, 经合成菌群菌液浸种后的幼苗胚根明显更长, 种子更加健壮(图 4)。在 200 mmol/L NaCl 胁迫下, 除 S3 与 S4 处理外, 其余处理组种子萌发指标明显优于 CK (图 5)。与 CK 相比, S7 处理下的发芽势显著高于 CK ($P<0.05$), 为 CK 的 47.54% (图 5A)。处理组 S1、S5、S7 的发芽率显著高于 CK ($P<0.05$), 其中 S5 的提高幅度最大, 为 CK 的 68.75% (图 5B)。各处理组与 CK 相比, 发芽指数均有一定程度提高, S1、S5、S6、S7、S8 显著高于 CK, S6 提升种子发芽指数的幅度最大, 为 CK 的 102.47% ($P<0.05$) (图 5C)。除 S2 处理外, 各处理组对种子胚根长、胚芽长与幼苗群体胚鲜重均有促进作用; 其中, S1 处理下的胚根长、胚芽长与群体幼苗鲜重均显著高于 CK, 分别为 CK 的 31.67%、19.51% 与 201.33% ($P<0.05$) (图 5D–5F)。

在 250 mmol/L NaCl 胁迫下, 除 S2 与 S8 处

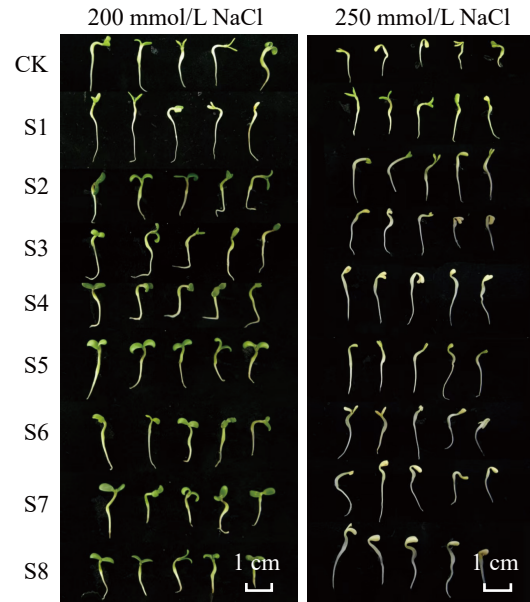


图4 200 mmol/L和250 mmol/L盐胁迫条件下不同合成菌群菌液浸种后种子发芽表型图

Figure 4 Phenotypic diagram of seed germination after soaking with different synthetic microbial communities under 200 mmol/L and 250 mmol/L salt stress.

理外, 其余处理组的发芽势、发芽率与发芽指数明显高于 CK; S7 处理下发芽势显著高于 CK ($P<0.05$)且提高幅度最大, 为 CK 的 100.00% (图 5A)。S1、S5 与 S7 处理下的发芽率显著高于 CK ($P<0.05$), S1 的提高幅度最大, 为 CK 的 175.00% (图 5B)。除 S2、S3、S4 处理外, 其余处理组的发芽指数均显著高于 CK, 其中 S1 的提高幅度最大, 为 CK 的 87.17% (图 5C)。除 S8 外, 其余处理组均能提高种子胚根长、胚芽长及群体幼苗鲜重。S1 与 S3 处理下的胚根长显著高于 CK, S1 与 S5 处理下的群体幼苗鲜重显著高于 CK ($P<0.05$), 其中 S1 的胚根长与群体幼苗鲜重最高, 分别为 CK 的 46.30% 和 511.48% (图 5D、5F)。S1、S2、S3、S4、S5 与 S7 处理下的胚芽长显著高于 CK, S1 的提高幅度最为显著, 为 CK 的 83.98% ($P<0.05$) (图 5E)。在 200 mmol/L NaCl 胁迫下合成菌群 S7 也表现出极强的优势, 但当浓度升高至 250 mmol/L 时 S1 的优势超过 S7。

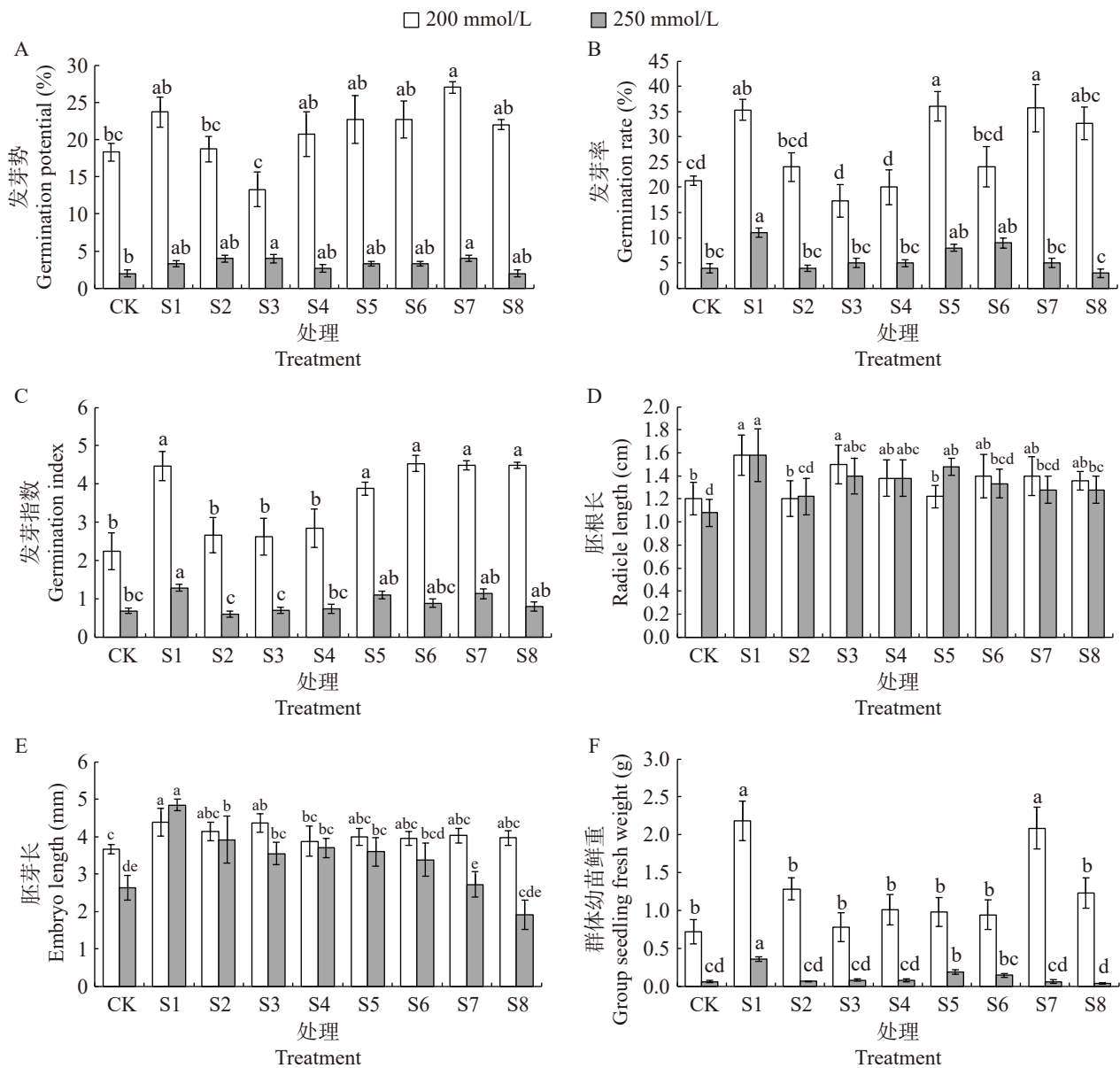


图5 200 mmol/L和250 mmol/L盐胁迫条件下不同合成菌群对‘草原3号’种子耐盐性的影响

Figure 5 Effects of different synthetic microbial communities on salt tolerance of ‘Caoyuan No. 3’ seeds under 200 mmol/L and 250 mmol/L salt stress. A: Germination potential; B: Germination rate; C: Germination index; D: Radicle length; E: Embryo length; F: Group seedling fresh weight (The sum of fresh weight of all germinated seedlings). Different lowercase letters indicate a significant difference at the 0.05 level.

2.3.2 不同合成菌群对‘草原3号’种子萌发期耐盐性综合评价

利用模糊隶属函数法对不同合成菌群在提升苜蓿种子萌发期耐盐性的效能进行综合评价,

结果表明不同合成菌群对种子耐盐性的影响存在显著差异, 其排名顺序为: S1>S7>S5>S6>S8>S3>S2>S4 (表5)。S1无论在单菌株还是合成菌群体系中均表现出最佳的耐盐特性, 充分证明

表4 200 mmol/L和250 mmol/L NaCl胁迫下不同根系分离菌株及合成菌群S1苜蓿种子萌发期隶属函数综合评价

Table 4 Comprehensive evaluation of membership function of different root isolates and SynCom 1 alfalfa seed germination under 200 mmol/L and 250 mmol/L NaCl stress

材料 编号 Material No.	相对发芽势 Relative germination potential (%)		相对发芽率 Relative germination rate (%)		相对发芽指数 Relative germination index (%)		相对胚根长 Relative radicle length (%)		相对胚芽长 Relative embryo length (%)		相对群体幼苗鲜重 Relative group seedling fresh weight (%)		隶属函数 平均值 Average value of membership function	排名 Ranking
	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L		
S1	152.28	196.30	213.04	505.41	205.61	312.03	156.67	147.87	124.01	119.13	257.64	1 490.89	0.98	1
MS8	135.53	196.30	165.22	432.43	104.19	254.88	131.67	143.25	111.78	113.91	183.23	1 018.34	0.54	2
MS7	155.84	100.00	191.30	189.19	159.03	104.95	136.67	151.57	116.88	111.74	227.49	594.87	0.48	3
MS3	165.99	137.04	204.35	270.27	108.34	184.72	141.67	134.94	104.33	116.73	198.84	391.81	0.47	4
MS2	105.08	137.04	152.17	216.22	173.06	139.57	141.67	133.09	111.02	114.33	163.19	284.20	0.36	5
MS6	108.12	159.26	165.22	170.27	120.22	103.09	136.67	118.30	111.40	114.79	201.16	243.37	0.31	6
MS1	115.23	148.15	156.52	251.35	139.88	105.34	123.33	140.48	111.97	107.59	175.44	430.28	0.29	7
MS4	91.37	111.11	182.61	154.05	153.88	124.99	118.33	116.45	108.73	118.03	212.05	205.59	0.27	8
MS5	62.44	137.04	126.09	143.24	99.83	193.00	113.33	122.00	112.17	111.02	139.49	286.79	0.12	9

表5 200 mmol/L和250 mmol/L NaCl胁迫下不同合成菌群苜蓿种子萌发期隶属函数综合评价

Table 5 Comprehensive evaluation of membership function of different synthetic microbial communities on alfalfa seed germination under 200 mmol/L and 250 mmol/L NaCl stress

材料 编号 Material No.	相对发芽势 Relative germination potential (%)		相对发芽率 Relative germination rate (%)		相对发芽指数 Relative germination index (%)		相对胚根长 Relative radicle length (%)		相对胚芽长 Relative embryo length (%)		相对群体幼苗鲜重 Relative group seedling fresh weight (%)		隶属函数 平均值 Average value of membership function	排名 Ranking
	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L	200 mmol/L	250 mmol/L		
S1	129.51	165.00	165.63	275.00	199.40	187.17	131.67	146.30	119.51	183.98	301.33	611.48	0.94	1
S7	147.54	200.00	167.19	125.00	200.64	165.05	116.67	118.52	110.11	103.34	288.16	106.16	0.61	2
S5	124.04	165.00	168.75	200.00	173.18	160.67	101.67	137.04	109.07	136.60	135.33	323.14	0.55	3
S6	124.04	165.00	112.50	225.00	202.47	129.10	116.67	123.46	107.81	128.32	130.15	248.24	0.49	4
S8	120.22	100.00	153.13	75.00	199.99	158.25	113.33	118.52	108.36	72.67	169.74	71.71	0.36	5
S3	72.68	200.00	81.25	125.00	117.12	62.62	125.00	129.63	119.18	134.70	107.49	135.24	0.35	6
S2	102.19	200.00	112.50	100.00	118.75	72.82	100.00	112.96	112.95	148.60	177.33	111.54	0.30	7
S4	113.11	135.00	93.75	125.00	126.93	96.12	115.00	127.78	105.90	140.39	139.82	135.69	0.29	8

S1 在提升种子耐盐性方面具有高度稳定的性能, 是开发菌剂的最优组配。

3 讨论

在正常萌发条件下, 8 种单菌菌液浸种处理的种子萌发指标与对照组(CK)相比均未表现出显著促进作用。这一现象可能与供试菌株的生态来源特性有关。本研究供试菌株均分离自盐碱环境, 其促生功能的表达可能依赖于特定的胁迫条件。在非胁迫的正常环境中菌株的生长代谢活动可能受到抑制, 导致其未能有效发挥促生作用, 该结果与苗阳阳^[22]和陈露等^[23]的研究结论一致。梅亭^[19]研究表明, 在盐胁迫条件下接种合成菌群 S1 (原文中对应合成菌群为 SynCom 3) 可显著提高‘草原 3 号’苗期的株高、茎粗、叶面积及生物量等生长指标, 且效果优于各单菌株。这一对比结果进一步证实了盐碱环境来源的促生菌株其功能表达具有显著的环境依赖性。

盐碱胁迫对植物生长的不利影响关键在于种子发芽受到抑制, 进而减少植物生物量的积累。即使是耐盐植物, 其萌发时间也会延长, 从而降低种子的发芽率。接种植物益生/共生菌能在一定范围内缓解盐胁迫对种子萌发的抑制作用, 提高种子萌发能力^[24]。本研究对 8 个菌株进行‘草原 3 号’苜蓿种子浸种实验, 发现在盐胁迫条件下接种菌株后苜蓿种子的发芽指数、发芽率、发芽势、胚根长、胚芽长与胚鲜重均明显提高。Li 等^[25]研究发现, 当盐浓度为 100 mmol/L 时中度嗜盐菌 JZ-GX1 显著提高了番茄种子的发芽率、鲜重和芽长等各项指标。张悦^[26]也研究发现, 当盐浓度为 0.8% 时未接种菌株处理的大豆发芽率为 55.00%, 接种 3 个菌株后大豆的发芽率分别提高 36.66%、30.30%、24.24%, 显著提高了其发芽率。陈臻等^[27]研究发现, 在低度和中度盐胁迫条件下施用哈茨木霉, 种子萌发率均有不同程度的提高, 增幅在 3.33%–10.67%, 发芽势增幅在 2.67%–12.00%,

根长增幅为 4%–17%。赵忠娟等^[28]研究表明, 在 NaCl 胁迫下 ST02 孢子悬浮液可促进番茄种子的萌发率, 与 CK 相比增加 103.13%, 激发了种子的萌发潜力; 在 100 mmol/L NaCl 和 150 mmol/L NaCl 处理下, 根长与芽长与未加 NaCl 处理时无明显差异, 但与未用 ST02 孢子悬液处理的番茄种子相比根长与芽长均明显变长。以上研究与本研究的结果一致, 表明微生物在提高植物萌发期抗逆性方面具有巨大潜力。

构建植物促生菌群主要通过优化有益的植物-微生物相互作用来提高植物宿主性能(如生长发育、胁迫耐受性), 在极端条件下也将有助于作物的高产和稳定。利用根际微生物群落进行促生菌群构建可增强作物抗逆性和抗病性并降低化学肥料的使用, 被认为是增加作物产量的有前途策略^[29]。合成菌群提升植物产量和抗逆性的机理主要包括以下方面: (1) 具有固氮作用的固氮菌和根瘤菌、溶磷和解钾菌联合接种可增加植物对氮、磷、钾的利用, 提高土壤营养物质; (2) 微生物菌群产生类植物激素促进植物生长, 帮助植物抵抗盐胁迫。如盐胁迫下, 某些微生物会产生 IAA。IAA 是一种作用于植物生长、发育全过程的生长激素, 能促进植物细胞的分裂、伸长、分化和种子萌发^[30]。如假单胞杆菌和农杆菌复合菌群利用色氨酸-2-单氧酶将色氨酸转化为吲哚-3-乙酰胺(3-indoleacetamide, IAM), 随后被水解酶 *iaaH* 转化为 IAA^[31]。周妍^[32]研究表明, 3 种抗盐碱溶磷菌株都表现出良好的溶磷效果, 但复合微生物菌剂对绿豆生长有最明显的促进作用。何泽平等^[33]研究发现经 ASC 合成菌群处理后的种子发芽势和成苗率分别显著提高 41.09% 和 21.78%, 根长和芽长分别显著增加 161.9% 和 201.7%, 与本研究结果一致。

构建 SynComs 遵循微生物工程通用原则, 即“自上而下”和“自下而上”的设计方法。由于分子尺度微生物组工艺的高度复杂性, 微生物组设计传统上遵循“自上而下”的方法^[34]。

Zhuang 等^[35]运用“自上而下”的方法从大蒜根际土壤分离出 263 株细菌,并最终选择其中 6 株明显具有植物促生作用的假单胞菌组成了合成微生物群落,接种到萝卜幼苗后显著提高了萝卜苗长度。Tsolakidou 等^[36]使用“自下而上”的方法构建 SynComs,将体外筛选具有抗真菌和促生长潜力的芽孢杆菌分离株混合,可减轻番茄患枯萎病的程度,并且具有一定促生作用。本研究基于前期 8 株单菌的浸种实验结果,通过递减法构建了不同组成的合成菌群。结果表明,由全部 8 株菌构成的 S1 合成菌群对苜蓿耐盐性提升效果最为显著,S7 菌群次之,而其他组合效果相对有限。这种差异可能源于以下因素:(1) 菌株间的功能互补效应存在组合特异性;(2) 不同菌株的最佳复配比例需要精确优化;(3) 微生物群体感应系统的协同程度影响功能表达。这些发现为后续研究指明了重要方向,可利用适宜的实验方法进一步探究菌株间的互作机制及最佳配比关系,以及其对植物宿主抗逆性的影响。

本研究菌株分离自种植在盐碱土壤中的苜蓿作物,但全文研究仅围绕盐胁迫展开,后续可结合盐碱胁迫观察微生物作用,并进行植物生理指标测定。萌发期幼芽的离子稳态机制尚未完善,未来需在幼苗阶段(如三叶期)通过单细胞离子成像量化菌株对 Na^+/K^+ 平衡的调控效应,以进一步完善本研究。

4 结论

在无胁迫条件下,供试菌株对‘草原 3 号’苜蓿种子萌发无显著影响。在 200 mmol/L 和 250 mmol/L NaCl 胁迫条件下,单菌株中以 MS8 对‘草原 3 号’萌发期耐盐性的提升效果最为显著,但合成菌群 SynCom 1 在增强苜蓿耐盐性方面表现出更优的提升效果,可提升发芽率 113.04%–405.41%,胚根长 47.87%–56.67%,胚芽长 19.13%–24.01%,胚鲜重 157.64%–1 300.00%,为后续开发提升苜蓿耐盐的专用功能菌剂提供

重要的理论基础和菌株资源。

本研究的方法与技术通过改良后在农业应用方面可应用于其他粮食作物,开发靶向盐碱地的微生物菌剂,验证菌群跨作物兼容性并进行土壤微生态调控。根据其表型数据补充宏基因组(功能基因)、代谢组(有机酸/植物激素)分析,构建“菌群功能-植物表型”预测网络,为植物-微生物互作提供更多研究基础。

作者贡献声明

曹诗娅:微生物数据分析,撰写论文;梅亭:提供技术支持,数据测量;郭扬:提供资源,数据分析;刘瑞波:数据收集与整理;王明玖:监督管理、指导文章撰写;何欣月:数据测量,验证;肖婷婷:执行调研,方法论;唐芳:提出概念,获取基金,指导文章撰写与修改。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] 曾梓莹,胡鑫俊,史锦花,王满困.土壤微生物与植物的互作[J].*华中昆虫研究*,2023(1):72-77.
- [2] BERENDSEN RL, PIETERSE CMJ, BAKKER PAHM. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. *Trends in Plant Science*, 2012, 17(8): 478-486.
- [3] LUGTENBERG B, KAMILOVA F. Plant-growth-promoting rhizobacteria[J]. *Annual Review of Microbiology*, 2009, 63: 541-556.
- [4] 卜宣尹,杨卫丽.植物内生菌抑菌机制和抑菌次生代谢产物的研究进展[J].*现代药物与临床*,2021,36(10):2200-2206.
- [5] BU XY, YANG WL. Research progress on antibacterial mechanism of plant endophytes and antibacterial secondary metabolites[J]. *Drugs & Clinic*, 2021, 36(10): 2200-2206 (in Chinese).
- [6] 王晓菲,罗珠珠,李玲玲,牛伊宁,孙鹏洲,海龙,李林芝.黄土高原不同种植年限苜蓿土壤固氮微生物群落结构和丰度特征[J].*中国生态农业学报(中英文)*,2023,31(5):665-676.
- [7] WANG XF, LUO ZZ, LI LL, NIU YN, SUN PZ, HAI L, LI LZ. Characteristics of structure and abundance of soil nitrogen-fixing bacterial community in alfalfa with different growing ages in the Loess Plateau[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2023, 31(5): 665-676 (in Chinese).

- [6] 陈露. 根际促生细菌对盐碱胁迫下紫花苜蓿生长及根际微生态的调控效应[D]. 大庆: 黑龙江八一农垦大学, 2024.
CHEN L. The regulatory effect of rhizosphere growth-promoting bacteria on the growth and rhizosphere microecology of alfalfa under saline-alkali stress[D]. Daqing: Heilongjiang Bayi Agricultural University, 2024 (in Chinese).
- [7] 熊雪, 史慎奎, 朱国芬, 董建新, 王雨, 赵雅婷. 不同丛枝菌根真菌对紫花苜蓿耐盐性的影响[J]. 江苏农业科学, 2025, 53(6): 225-230.
XIONG X, SHI SK, ZHU GF, DONG JX, WANG Y, ZHAO YT. Influences of different arbuscular mycorrhizal fungi on salt tolerance of alfalfa[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2025, 53(6): 225-230 (in Chinese).
- [8] QIN Y, DRUZHININA IS, PAN XY, YUAN ZL. Microbially mediated plant salt tolerance and microbiome-based solutions for saline agriculture[J]. Biotechnology Advances, 2016, 34(7): 1245-1259.
- [9] BENDER SF, WAGG C, van der HEIJDEN MGA. An underground revolution: biodiversity and soil ecological engineering for agricultural sustainability[J]. Trends in Ecology & Evolution, 2016, 31(6): 440-452.
- [10] WAGG C, BENDER SF, WIDMER F, van der HEIJDEN MGA. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, 111(14): 5266-5270.
- [11] RAZZAGHI KOMARESOFLA B, ALI ALIKHANI H, ETESAMI H, KHOSHKHOLGH-SIMA NA. Improved growth and salinity tolerance of the halophyte *Salicornia* sp. by co-inoculation with endophytic and rhizosphere bacteria[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 138: 160-170.
- [12] 周泽鹏. 复合 *Halomonas* 菌株高盐下 SND 脱氮性质及其对高盐含氮废水净化的研究[D]. 大连: 大连海事大学, 2022.
ZHOU ZP. Study on the denitrification properties of SND under high salinity by compound *Halomonas* strain and its purification of high salinity nitrogenous wastewater[D]. Dalian: Dalian Maritime University, 2022 (in Chinese).
- [13] GOYAL G, TSAI SL, MADAN B, DaSILVA NA, CHEN W. Simultaneous cell growth and ethanol production from cellulose by an engineered yeast consortium displaying a functional mini-cellulosome[J]. Microbial Cell Factories, 2011, 10: 89.
- [14] McCARTY NS, LEDESMA-AMARO R. Synthetic biology tools to engineer microbial communities for biotechnology[J]. Trends in Biotechnology, 2019, 37(2): 181-197.
- [15] HU J, WEI Z, WEIDNER S, FRIMAN VP, XU YC, SHEN QR, JOUSSET A. Probiotic *Pseudomonas* communities enhance plant growth and nutrient assimilation via diversity-mediated ecosystem functioning[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017, 113: 122-129.
- [16] 杜凯青. 草原3号杂花苜蓿表型多样性研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2020.
DU KQ. Phenotypic diversity of *Medicago varia* Martin. cv. Caoyuan No. 3[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2020 (in Chinese).
- [17] 米福贵, 云锦凤. 草原3号杂花苜蓿新品种选育报告[C]//第二届中国苜蓿发展大会暨牧草种子、机械、产品展示会论文集. 2003: 84-87.
- [18] 云岚, 云锦凤, 郭淑晶. 草原3号杂花苜蓿无性系生产性能与农艺性状的相关性研究[J]. 草原与草坪, 2006, 26(4): 63-66.
YUN L, YUN JF, GUO SJ. Correlation research of yield with relevant agronomic characters in *Medicago varia* Martin. cv. Caoyuan No. 3[J]. Grassland and Turf, 2006, 26(4): 63-66 (in Chinese).
- [19] 梅亭. 合成菌群(SynComs)提高苜蓿耐盐性的体系构建及其转录组分析[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2023.
MEI T. Construction and transcriptome analysis of synthetic microbial communities (SynComs) conferring salt-tolerance to alfalfa[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2023 (in Chinese).
- [20] 李红玉, 王勃, 张耀丹, 郑川, 范华芳, 夏方山. PEG模拟干旱胁迫对3种豆科牧草种子萌发的影响[J]. 畜牧与饲料科学, 2022, 43(2): 78-83.
LI HY, WANG B, ZHANG YD, ZHENG C, FAN HF, XIA FS. Effects of simulated drought stress with PEG on seed germination of three leguminous forage species[J]. Animal Husbandry and Feed Science, 2022, 43(2): 78-83 (in Chinese).
- [21] 李光远, 王风华, 蒋燕. 农杆菌浸种对甘蓝种子萌发及幼苗生长的影响[J]. 江苏农业科学, 2015, 43(3): 139-141.
- [22] 苗阳阳, 张艳蕊, 宋标, 刘旭桐, 张安琪, 吕金泽, 张浩, 张小华, 欧阳佳慧, 李旺, 曲善民. 碱蓬根际和内生细菌菌株对盐碱胁迫下苜蓿生长的影响[J]. 草业学报, 2022, 31(9): 107-117.
MIAO YY, ZHANG YR, SONG B, LIU XT, ZHANG AQ, LÜ JZ, ZHANG H, ZHANG XH, OUYANG JH, LI W, QU SM. Effects of *Suaeda glauca* rhizobacteria and endophytic bacterial strains on alfalfa growth under salt-alkaline stress[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2022, 31(9): 107-117 (in Chinese).
- [23] 陈露, 刘佳欣, 李思宇, 陈宁, 包凤轩, 王凤, 曲善民, 刘国富. 耐盐碱根际促生细菌对盐碱胁迫下紫花苜蓿生长和根系生理特性的影响[J]. 草地学报, 2024, 32(7): 2323-2329.
CHEN L, LIU JX, LI SY, CHEN N, BAO FX, WANG F, QU SM, LIU GF. Effects of saline-alkali tolerant rhizosphere growth-promoting bacteria on the growth and root physiological characteristics of alfalfa under saline-alkali stress[J]. Acta Agrestia Sinica, 2024, 32(7): 2323-2329 (in Chinese).
- [24] OMAR AF, REHAN M, AL-TURKI A. Alleviating the adverse effects of plant pathogens, drought and salinity stress factors using plant growth promoting bacteria[J]. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 2022, 50(4): 12911.
- [25] LI PS, KONG WL, WU XQ. Salt tolerance mechanism of the rhizosphere bacterium JZ-GX1 and its effects on tomato seed germination and seedling growth[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 657238.
- [26] 张悦. 植物促生菌对盐胁迫下大豆生长的调控作用研

- 究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2023.
ZHANG Y. Regulation of plant growth promoting bacteria on soybean growth under salt stress[D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2023 (in Chinese).
- [27] 陈臻, 曾翠云. 盐胁迫下哈茨木霉对黄芪种子萌发及幼苗生长的影响[J]. 磷肥与复肥, 2022, 37(12): 50-52.
CHEN Z, ZENG CY. Effects of *Trichoderma harzianum* on seed germination and seedling growth of *Astragalus mongolicus* under salt stress[J]. Phosphate & Compound Fertilizer, 2022, 37(12): 50-52 (in Chinese).
- [28] 赵忠娟, 扈进冬, 陈凯, 魏艳丽, 李纪顺. 耐盐木霉 ST02 对番茄种子和幼苗盐耐受能力的影响[J]. 科学技术与工程, 2021, 21(7): 2632-2639.
ZHAO ZJ, HU JD, CHEN K, WEI YL, LI JS. Effect of salt-tolerant *Trichoderma* ST02 on salt tolerance of tomato seed and seedling[J]. Science Technology and Engineering, 2021, 21(7): 2632-2639 (in Chinese).
- [29] FOO JL, LING H, LEE YS, CHANG MW. Microbiome engineering: current applications and its future[J]. Biotechnology Journal, 2017, 12(3): 1600099.
- [30] 李培根, 要雅倩, 宋吉祥, 王天琪, 周波, 王冰, 林榕姗. 马铃薯根际产 IAA 芽孢杆菌的分离鉴定及促生效果研究[J]. 生物技术通报, 2020, 36(9): 109-116.
LI PG, YAO YQ, SONG JX, WANG TQ, ZHOU B, WANG B, LIN RS. Isolation and identification of IAA-producing *Bacillus* sp. on potato rhizosphere and its growth-promoting effect[J]. Biotechnology Bulletin, 2020, 36(9): 109-116 (in Chinese).
- [31] ZHAO YD. Auxin biosynthesis and its role in plant development[J]. Annual Review of Plant Biology, 2010, 61: 49-64.
- [32] 周妍. 耐盐碱溶磷菌对绿豆幼苗生长及根际微生态的影响[D]. 大庆: 黑龙江八一农垦大学, 2022.
ZHOU Y. Effects of saline-alkali phosphate-soluble bacteria on growth and rhizosphere microecology of mung bean seedlings[D]. Daqing: Heilongjiang Bayi Agricultural University, 2022 (in Chinese).
- [33] 何泽平, 胡远艺, 陈莎, 李丁. 合成耐盐菌群对水稻品种五山丝苗耐盐性的影响[J]. 杂交水稻, 2024, 39(4): 16-26.
HE ZP, HU YY, CHEN S, LI D. Effects of synthetic salt-tolerant bacteria on salt tolerance of rice variety wushansimiao[J]. Hybrid Rice, 2024, 39(4): 16-26 (in Chinese).
- [34] LAWSON CE, HARCOTBE WR, HATZENPICHLER R, LINDEMANN SR, LÖFFLER FE, O'MALLEY MA, GARCÍA MARTÍN H, PFLEGER BF, RASKIN L, VENTURELLI OS, WEISSBRODT DG, NOGUERA DR, McMAHON KD. Common principles and best practices for engineering microbiomes[J]. Nature Reviews Microbiology, 2019, 17(12): 725-741.
- [35] ZHUANG LB, LI Y, WANG ZS, YU Y, ZHANG N, YANG C, ZENG QC, WANG Q. Synthetic community with six *Pseudomonas* strains screened from garlic rhizosphere microbiome promotes plant growth[J]. Microbial Biotechnology, 2021, 14(2): 488-502.
- [36] TSOLAKIDOU MD, STRINGLIS IA, FANEGA-SLEZIAK N, PAPAGEORGIOU S, TSALAKOU A, PANTELIDES IS. Rhizosphere-enriched microbes as a pool to design synthetic communities for reproducible beneficial outputs[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2019, 95(10): fiz138.