Hans Journal of Agricultural Sciences 农业科学, 2026, 16(11), 1693-1704
Published Online November 2026 in Hans. https://www.hanspub.org/journal/hjas
https://doi.org/10.12677/hjas.2026.1611201

Hans汉斯

泓森槐促生菌对大豆生长的群落结构研究

胥忠勤[1]，黄敏清[2]，陈　娜[3]，钱　颖[3]，吴亚鑫[3]，陈　蓁[3]，薛　雅[1*]

[1]盐城市盐都区尚庄镇农村工作办公室，江苏 盐城
[2]江西省农业科学院水稻研究所，江西 南昌
[3]华南农业大学农学院，广东 广州

收稿日期：2026年10月5日；录用日期：2026年11月4日；发布日期：2026年11月12日

摘　要

大豆生产常受土传病害等因素制约，开发植物源有益微生物菌剂是实现大豆绿色提质增产的有效途径。泓森槐作为优良豆科树种，体内共生的内生菌蕴含大量功能微生物资源。系统挖掘泓森槐(*Robinia pseudoacacia* 'Hongsen')内生菌资源并评估其促生与生防潜力并筛选生物学功能较强的菌株进行大豆促生试验，基于16S rRNA基因测序技术探究其对大豆根际土壤细菌多样性和群落结构的影响。本研究从泓森槐根、茎、叶组织中分离获得138株内生菌，采用IS-PCR插入序列指纹图谱进行聚类分析，选取代表性菌株开展16S rRNA基因测序并构建系统发育树，结合生理生化测试与体外对抗试验分析其功能特性，并研究在大豆中施入泓森槐促生菌剂对土壤微生物多样性的影响。获得的菌株隶属于11个属28个种，其中芽孢杆菌属为优势菌群；多株菌株具备产酶(如纤维素酶、蛋白酶等)、溶磷解钾、合成长素等促生功能，并对茄镰孢菌(*Fusarium solani*)、立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani*)及人参链格孢菌(*Alternaria panax*)表现出较强的抑菌活性。盆栽实验筛选出3株对大豆生长具有显著促进作用的菌株(HSH1、HSH81和HSH99)，其中HSH81综合效果最佳。基于16S rRNA高通量测序，接种功能菌后大豆根际细菌群落结构发生变化，以黄杆菌属(*Flavobacterium*)为主导菌群。泓森槐内生菌具有丰富的多样性和多功能性，在提升作物产量、改良土壤环境及绿色农业发展中具有重要应用潜力，泓森槐促生菌剂的施入使大豆根际细菌群落结构发生变化。

关键词

泓森槐，植物内生菌，大豆，促生功能，微生物菌剂

Study on the Soybean Growth-Related Microbial Community Structure by Growth-Promoting Bacteria from *Robinia pseudoacacia* 'Hongsen'

Zhongqin Xu[1], Minqing Huang[2], Na Chen[3], Ying Qian[3], Yaxin Wu[3], Zhen Chen[3], Ya Xue[1*]

[*]通讯作者。

文章引用: 胥忠勤, 黄敏清, 陈娜, 钱颖, 吴亚鑫, 陈蓁, 薛雅. 泓森槐促生菌对大豆生长的群落结构研究[J]. 农业科学, 2026, 16(11): 1693-1704. DOI: 10.12677/hjas.2026.1611201

[1]Rural Work Office of Shangzhuang Town, Yandu District, Yancheng City, Yancheng Jiangsu
[2]Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang Jiangxi
[3]College of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou Guangdong

Received: October 5, 2026; accepted: November 4, 2026; published: November 12, 2026

Abstract

Soybean production is often limited by soil-borne diseases and other factors. Developing plant-based beneficial microbial preparations is an effective way to achieve green quality improvement and yield increase for soybeans. *Robinia pseudoacacia* 'Hongsen', as a high-quality legume tree species, harbors endophytic bacteria that contain a large number of functional microbial resources. This study aims to systematically explore the endophytic microbial resources of *Robinia pseudoacacia* 'Hongsen', evaluate their plant growth-promoting (PGP) and biocontrol potential, screen strains with strong biological functions and conduct soybean growth-promoting experiments, and investigate their effects on rhizosphere bacterial diversity and community structure in soybean using 16S rRNA gene sequencing. A total of 138 endophytic strains were isolated from the roots, stems, and leaves of *Robinia pseudoacacia* 'Hongsen'. IS-PCR fingerprinting was used for clustering analysis, representative strains were identified by 16S rRNA gene sequencing and phylogenetic analysis. Functional characteristics were assessed through physiological, biochemical, and in vitro antagonism assays. Pot experiments were conducted to evaluate the growth-promoting effects of selected strains on soybean, and high-throughput 16S rRNA sequencing was used to assess changes in rhizosphere microbial diversity. The isolates belonged to 28 species across 11 genera, with Bacillus as the dominant group. Several strains exhibited PGP traits such as enzyme production (e.g., cellulase, protease), phosphate solubilization, potassium mobilization, and auxin synthesis, and showed strong antagonistic activity against *Fusarium solani, Rhizoctonia solani*, and *Alternaria panax*. Three strains (HSH1, HSH81, HSH99) significantly promoted soybean growth in pot experiments, with HSH81 showing the best overall performance. High-throughput sequencing revealed that inoculation with functional strains altered the soybean rhizosphere bacterial community, with Flavobacterium emerging as the dominant genus. Endophytic bacteria from *Robinia pseudoacacia* 'Hongsen' harbors diverse and functionally rich endophytic bacteria with significant potential for improving crop yield, enhancing soil quality, and supporting sustainable agriculture. Application of its PGP strains notably reshaped the soybean rhizosphere bacterial community structure.

Keywords

***Robinia pseudoacacia* 'Hongsen', Plant Endophytes, Soybean, Growth Promoting Function, Microbial Preparations**

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.
This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).
http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Open Access

1. 引言

泓森槐(*Robinia pseudoacacia* 'Hongsen'),作为一种广泛分布的豆科植物,被应用于劣质土壤改良、水土保持和防护林建设,是我国"四旁"绿化的重要树种[1]。其根系发达、含根瘤,与丰富的内生菌群落形成共生关系,在促进植物生长、提高植物抗病抗逆性及改善土壤环境等方面发挥重要作用[2]。随着

高通量测序技术的发展，诸多研究表明，泓森槐内生菌具有极其丰富的多样性，蕴含着大量潜在应用价值的功能微生物资源。

植物内生菌(plant endophyte)是指其生命周期的一定阶段或全部阶段，生活在植物组织内部，而不会引起宿主产生明显病害症状的微生物[3]。内生菌一词最早于 1886 年被德国植物生理学家 Heinrich Anton de Bary 提出，1992 年 Mcinroy 将能够定殖在植物组织内部，并与寄主植物和谐联合共生的一类微生物，明确定义为“植物内生细菌”[4]。植物内生菌因其种类和功能的多样性，在植物生长发育过程中扮演着重要角色。由于其独特的生态位，近年来已成为研究的热点。

豆科植物(Leguminosae)作为一类重要的经济作物和生态修复植物，其与内生菌的共生关系近年来受到广泛关注[5]。豆科内生菌不仅包括传统的根瘤菌(Rhizobia)，还涵盖了多种细菌、真菌和放线菌等微生物类群[6]。其多样性受植物种类、基因型和生长环境等多种因素的影响。豆科内生菌通过与豆科植物的互作，显著影响植物的生长发育、抗逆性和生态系统功能，它们的功能主要体现在促进植物生长[7]、增强抗逆性[8]、生物防治[9]以及合成生物活性物质[10]等方面。大豆作为我国重要的粮食作物，在生长发育过程中常遭受生物胁迫和非生物胁迫的威胁，其中大豆根腐病是最具破坏性的病害之一，严重制约了大豆的生产力。微生物接种剂在生物修复、生物肥料和生物防治领域展现出巨大的应用潜力，且具有绿色、环保、安全等优势。因此，开发并利用具有促生和病害防治功能的新型菌株，对提升大豆产量和病害防控具有重要意义，同时也有助于推动我国农业的可持续发展。目前，关于泓森槐内生菌多样性的研究报道较少，其内生菌的物种丰度及功能特性尚不明确。本研究通过分离和鉴定泓森槐内生菌的种类及其功能特性，筛选出具有促生潜力及对茄镰孢菌(*Fusarium solani*)、立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani*)和人参链格孢菌(*Alternaria panax*)具有抑制作用的菌株，并进行了大豆促生试验，旨在发掘功能丰富的促生及拮抗菌株，为大豆生长及病害防治提供新的微生物资源。

2. 材料与方法

2.1. 材料

促生菌株 HSH1 (*Curtobacterium* RHCJP20T)、HSH81 (*Pantoea endophytica* 596T)和 HSH99 (*Neobacillus ginsengisoli* DCY53T)源自于本人从泓森槐植株中所分离纯化得到的泓森槐内生细菌。

试验材料采集于江苏省宿迁市沭阳县(北纬 33˚53′至 34˚25′，东经 118˚30′至 119˚10′)，本次盆栽实验所使用的大豆品种为菏豆 23，种植在口径 18.5 cm，盆高 15.5 cm，底径 13 cm 的盆中。

LB 培养基：酵母粉 5.0 g/L，细菌学蛋白胨 10.0 g/L，氯化钠 10.0 g/L，琼脂 20.0 g/L，pH = 7.0。

2.2. 候选菌株的初筛与功能评价

从泓森槐根、茎、叶组织中共分离获得 138 株内生细菌，对其促生与拮抗功能进行系统初筛。促生功能检测包括：溶磷能力(采用 NBRIP 培养基，以溶磷圈直径与菌落直径比值 D/d 表示)、解钾能力(采用 Alexandrov 培养基，以解钾圈 D/d 表示)、IAA 分泌能力(采用 Salkowski 比色法，定量测定发酵液中 IAA 含量)、产铁载体能力(采用 CAS 检测法)及产酶能力(纤维素酶、蛋白酶，以透明圈 D/d 表示)。拮抗功能检测采用平板对峙法，以茄镰孢菌(*Fusarium solani*)、立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani*)和人参链格孢菌(*Alternaria panax*)为靶标病原菌，测定抑菌率。

初筛结果表明，138 株内生菌中，具有溶磷能力的有 47 株(34.1%)，具有解钾能力的有 32 株(23.2%)，具有 IAA 分泌能力的有 63 株(45.7%)，具有产铁载体能力的有 28 株(20.3%)，同时具有产纤维素酶和蛋白酶能力的有 41 株(29.7%)。在拮抗活性方面，对茄镰孢菌、立枯丝核菌和人参链格孢菌表现出抑菌活性的菌株分别有 23 株(16.7%)、19 株(13.8%)和 15 株(10.9%)，其中 7 株菌对三种病原菌均表现出拮抗活性。

综合各项功能指标，以“功能综合评分 =(溶磷 D/d + 解钾 D/d + IAA 产量归一化值 + 拮抗抑菌率归一化值)/4”进行排序，筛选出综合评分最高的前 20 株菌株。在此基础上，结合系统发育分析结果(确保所选菌株分属不同属种)和生长速率等培养特性，最终选定 HSH1 (*Curtobacterium* sp.)、HSH81 (*Pantoea endophytica*)和 HSH99 (*Neobacillus ginsengisoli*)三株菌进行盆栽促生试验。三株菌的主要功能特征见表 1。

Table 1. Main plant-growth-promoting and antagonistic functional characteristics of three candidate strains
表 1. 三株候选菌株的主要促生与拮抗功能特征

功能指标	HSH1	HSH81	HSH99
溶磷(D/d)	2.1	3.4	1.8
解钾(D/d)	1.5	2.2	1.6
IAA 产量(mg/L)	28.6	45.3	22.7
产铁载体	+	++	+
纤维素酶(D/d)	1.8	1.2	2.0
蛋白酶(D/d)	1.4	2.6	1.9
茄镰孢菌抑菌率(%)	42.3	56.7	38.5
立枯丝核菌抑菌率(%)	35.8	48.2	31.2
人参链格孢菌抑菌率(%)	28.4	52.1	25.6

注：“+”表示活性较弱(透明圈 D/d < 1.5)，“++”表示活性较强(D/d ≥ 1.5)。HSH81 在溶磷、解钾、IAA 分泌、产铁载体及对三种病原菌的拮抗活性方面均表现最优，HSH99 在产纤维素酶方面具有一定优势，HSH1 功能较为均衡。三株菌分属不同属，代表了泓森槐内生菌功能多样性的三个主要类群。

2.3. 方法

2.3.1. 盆栽设置

选用同一批次饱满、均一的大豆种子，于 25℃催芽，取胚根完整的萌发种子播入育苗盆，待长至两叶期后移栽至花盆，每盆定植 3 株。实验共设四个处理，每处理 10 个重复，分别为：(1) CK：仅施用灭菌 LB 液体培养基；(2) HSH1 单菌液处理；(3) HSH81 单菌液处理；(4) HSH99 单菌液处理。在整个生长周期内，每 5 天灌溉一次对应菌液，CK 组灌溉灭菌 LB 培养基以减小处理间差异。

2.3.2. 菌液的制备

将活化菌株接种于含 50 mL LB 液体培养基的锥形瓶中，置于 37℃、135 r/min 的摇床中培养 33 h。培养后测定菌液浓度，并稀释至 1×10^8 CFU/mL 备用。

2.3.3. 大豆根际土壤的收集

大豆生长至 60 天左右，从每个处理中选取生长一致的 3 盆植株，小心取出并抖去根部附着土壤。将 100 mL 灭菌 PBS 缓冲液加入无菌组培瓶中，将植株根部在瓶内充分搅拌以收集根际土。所得混悬液转移至 50 mL 离心管中，4000 r/min 离心 10 min，弃去上清液后将沉淀转入 2 mL 离心管中，置于真空离心浓缩仪中旋转蒸发 4 h 后备用。

2.3.4. 植株生长指标的测定

将已经采集过的植株带回实验室后，将其根部彻底清洗干净后清洗采集植株根系，测定大豆根瘤数、鲜重、地上部分长度和地下部分长度等指标。数据经 SPSS 软件分析，并进行显著性差异检验。

2.3.5. 土壤细菌高通量测序分析

将处理后的根际土样品送至苏州帕诺米克生物医药科技有限公司进行 16S rRNA 高通量测序，并对

测序结果进行微生物群落组成与结构的分析。

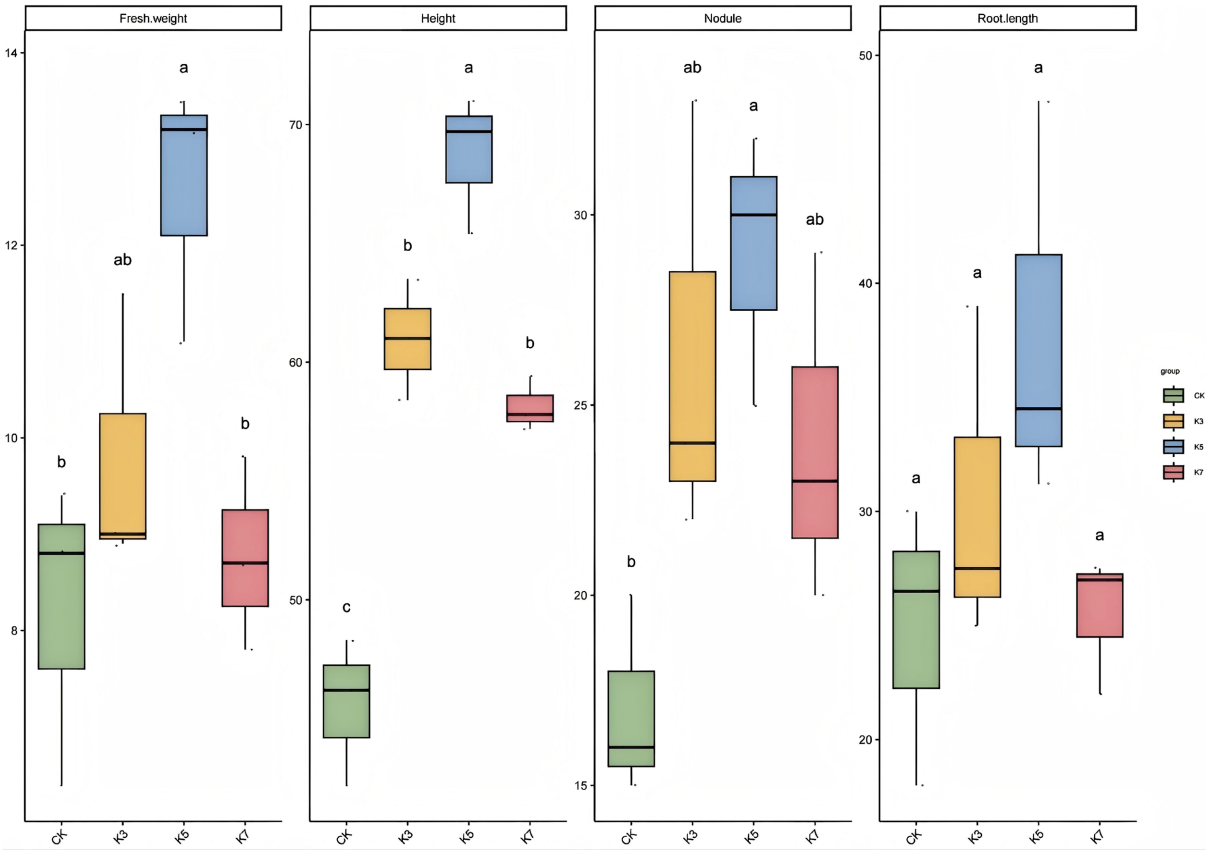
3. 结果与分析

3.1. 功能菌株促进大豆生长试验结果分析

为探究不同菌株对大豆幼苗生长的影响，本研究采用菌液喷施处理。结果如图 1 显示，不同菌株处理均对大豆根系根瘤数量和根系生长表现出一定的促生作用，由图 2 可知菌株 HSH81 的效果最为显著，其根瘤数为 CK 组的 1.71 倍，显著优于菌株 HSH1 (1.55 倍)和 HSH99 (1.41 倍)。

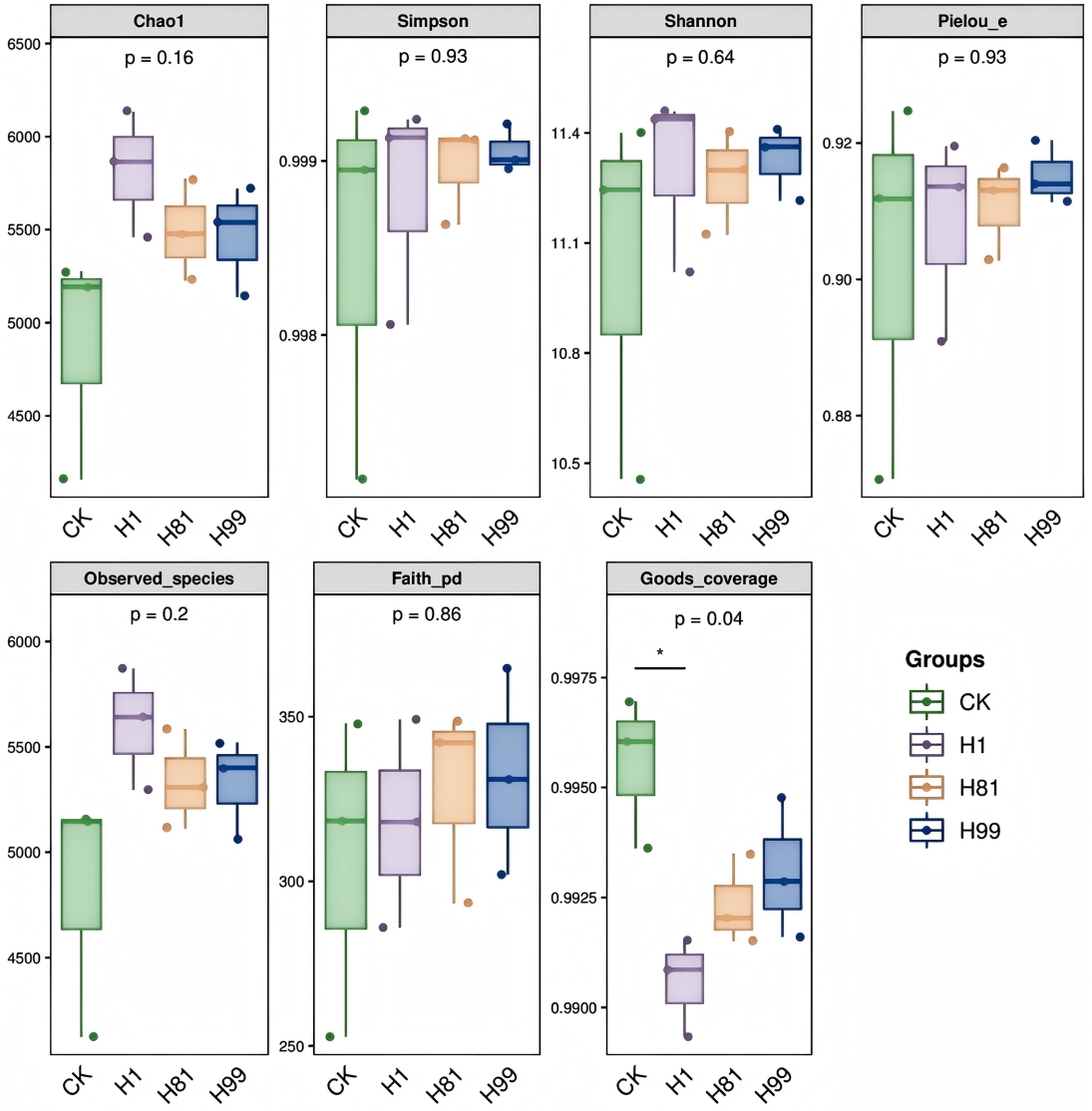


Figure 1. Effects of different endophytes on growth promotion of potted soybean
图 1. 不同内生菌对大豆盆栽促生效果图



注：K3 为 HSH1、K5 为 HSH81、K7 为 HSH99。

Figure 2. Determination of growth-promoting effects in potted soybean experiments
图 2. 大豆盆栽试验促生效果测定图



注：每个 panel 对应一种 alpha 多样性指数，在其顶端灰色区域标识。每个 panel 中，横坐标为分组标签，纵坐标为相应 alpha 多样性指数的值。箱线图中，各符号含义如下：箱的上下端线，上下四分位数(Interquartile range, IQR)；中位线，中位数；上下边缘，最大最小内围值(1.5 倍的 IQR)；在上下边缘的外部的点，表示异常值。多样性指数标签下的数字为 Kruskal-Wallis 检验的 P 值。

Figure 3. Grouped boxplots of alpha diversity indices
图 3. Alpha 多样性指数的分组箱线图

在大豆鲜重方面，各菌株处理均显著促进了幼苗鲜重的增加。菌株 HSH81 的效果最为突出，鲜重为 CK 组的 1.54 倍，显著高于其他处理；菌株 HSH1 和 HSH99 的鲜重分别为 CK 组的 1.19 倍和 1.07 倍，也表现出显著的促生作用。

在大豆地上部分长度方面，各菌株处理均显著促进了幼苗地上部分的生长。菌株 HSH81、HSH1 和 HSH99 处理的地上部分长度分别为 CK 组的 1.51 倍、1.34 倍和 1.28 倍，促生效果依次为 HSH81 > HSH1 > HSH99。

在大豆苗高方面，各菌株处理的苗高均优于对照组，其趋势与地上部分生长结果一致。

综上所述，三种菌株均对大豆幼苗生长具有显著的促进作用，其中菌株 HSH81 的促生效果最佳。

基于上述初筛结果，HSH81 在溶磷、解钾、IAA 分泌、铁载体产生及拮抗病原菌等多个维度均表现突出，HSH1 功能均衡且纤维素酶活性较高，HSH99 在产纤维素酶方面具有优势。三株菌代表了泓森槐内生菌中不同的功能类型，且分属 *Curtobacterium*、*Pantoea* 和 *Neobacillus* 三个属，具有较好的系统发育代表性。

因此，选择这三株菌进行盆栽促生试验，旨在评估不同功能类型菌株对大豆生长的促生效果差异，并进一步探究其对大豆根际细菌群落结构的影响。

3.2. Alpha 多样性和物种累积曲线分析

从图 3 中可以看出，H1、H81 和 H99 处理组的根际土壤群落的 Chao1 指数值均显著高于 CK 处理组，表明施用菌株处理可以提高根际土壤的物种丰富度。同样的，Shannon 指数值和 Goods-coverage 指数值也呈现出相同的趋势，进一步支持了这一结论。相比之下，CK、H1、H81 和 H99 处理组之间的 Simpson 指数值无显著差异，表明各处理组在群落优势度上较为接近。此外，H1、H81 和 H99 处理组的 Pielou-e 指数值均低于 CK 处理组，表明这些处理组的物种均匀度相对较低，Goods-coverage 指数值也呈现出类似的趋势。值得注意的是，H81 和 H99 处理组的 Faith_pd 指数值均高于 CK 处理组，而 H1 处理组的 Faith_pd 指数值与 CK 处理组几乎持平，表明 H81 和 H99 处理组的系统发育多样性较高。综合以上结果，H81 和 H99 处理组在大豆根际土壤中的细菌群落丰富度和多样性最高，其次是 CK 和 H1 处理组。

3.3. Beta 多样性分析

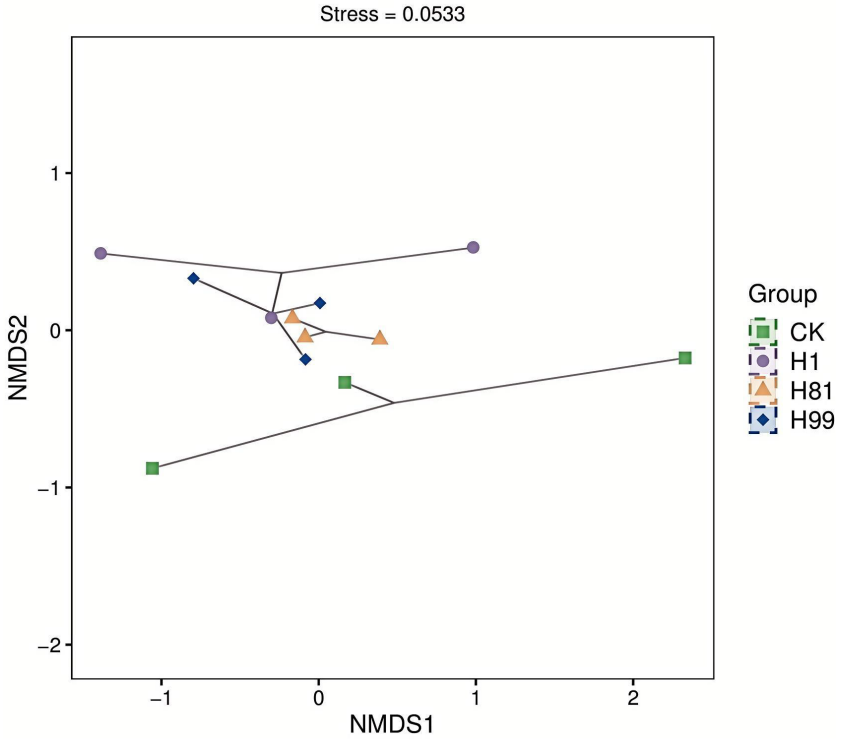


Figure 4. Two-dimensional NMDS ordination plot
图 4. NMDS 二维排序图

图 4 中每个点代表一个样本，不同颜色的点指示不同的样本(组)。为了作图美观，默认设置两个坐标轴的物理单位长度比值为 1。由于 NMDS 采用等级排序，因此可近似认为两点之间的距离越近(远)，表

明两个样本中微生物群落的差异越小(大)。如图所示，该文件展示了一个基于非度量多维尺度分析(NMDS)的结果图像，用于评估不同处理组(CK, H1, H81, H99)在群落结构上的差异。NMDS 分析的 Stress 值为0.0533，表明结果拟合优度较好，能够可靠地反映样本间的差异。通过 NMDS1 和 NMDS2 两个维度，可以观察到不同处理组样本在二维空间中的分布情况：CK 组的样本分布较为分散，而其余三个处理组的样本则相对集中。三个处理组与 CK 组在 NMDS1 维度上存在部分重叠，表明它们在该维度上无明显差异。然而，在 NMDS2 维度上，三个处理组的样本相较于 CK 组呈现显著上调趋势，说明在大豆根际土壤中施加促生菌株能够在一定程度上改变土壤的群落组成。

3.4. 物种差异分析与标志物种

(1) OTU 韦恩图

通过 Venn 图(图 5)直观展示了不同处理下大豆根际微生物群落在 OTU 水平上的差异性和相似性。样本中共有的 OTU 被称为核心 OTU。如图所示，CK 样本中共检测到 10,809 个 OTU，其中特有 OTU 为 5233 个；H1 样本中共检测到 12,273 个 OTU，特有 OTU 为 6074 个；H81 样本中共检测到 11,437 个 OTU，特有 OTU 为 5449 个；H99 样本中共检测到 11,469 个 OTU，特有 OTU 为 5391 个。四种不同处理的大豆土壤样本共有的核心 OTU 为 2846 个，占总 OTU 数的 9.42%。这一结果表明，尽管各处理组的微生物群落存在一定的独特性，但仍存在一定比例的共同 OTU，反映了不同处理组之间微生物群落的相似性与差异性。

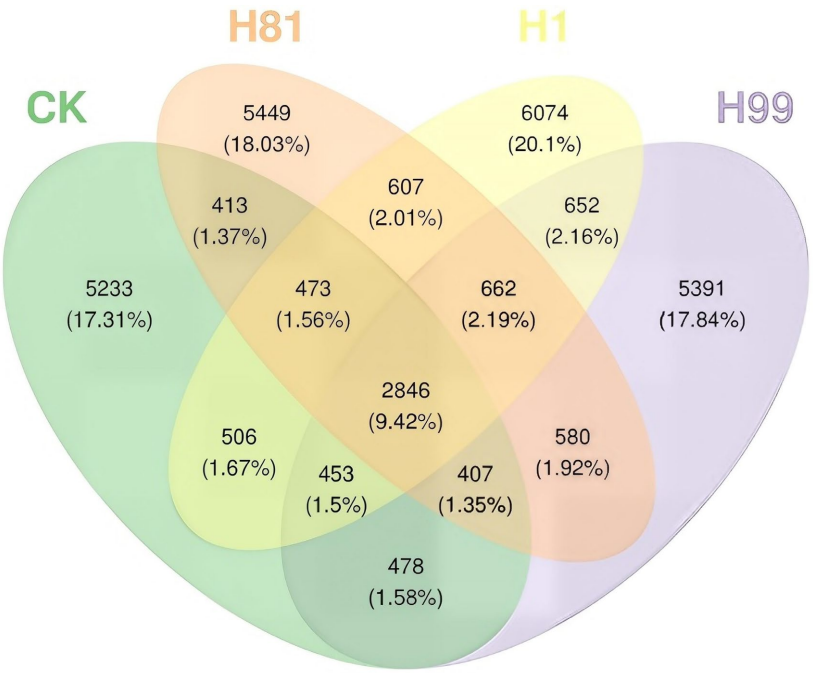


Figure 5. OTUs of soybean rhizosphere microbial communities under different treatments
图 5. 不同处理下大豆根际微生物群落 OTU

(2) 物种组成热图

如图所示，基于物种相对丰度表，本研究通过双向聚类法对各分类水平(门、纲、目等)下相对丰度排名前 50 的微生物类群(OTU/属水平)，基于分类单元的丰度分布或样本间的相似性进行聚类分析，依据聚类结果对分类单元和样本分别进行排序，并通过热图直观展示。聚类分析能够有效区分高丰度和低丰度

的分类单元，同时通过颜色梯度及聚类分支的分布，揭示多个样本在不同分类水平上群落组成的相似性与差异性。这种可视化方法不仅能够清晰呈现样本间的群落结构关系，还能够突出特定分类单元的丰度变化模式，为深入解析样本间的生态学差异提供重要依据。

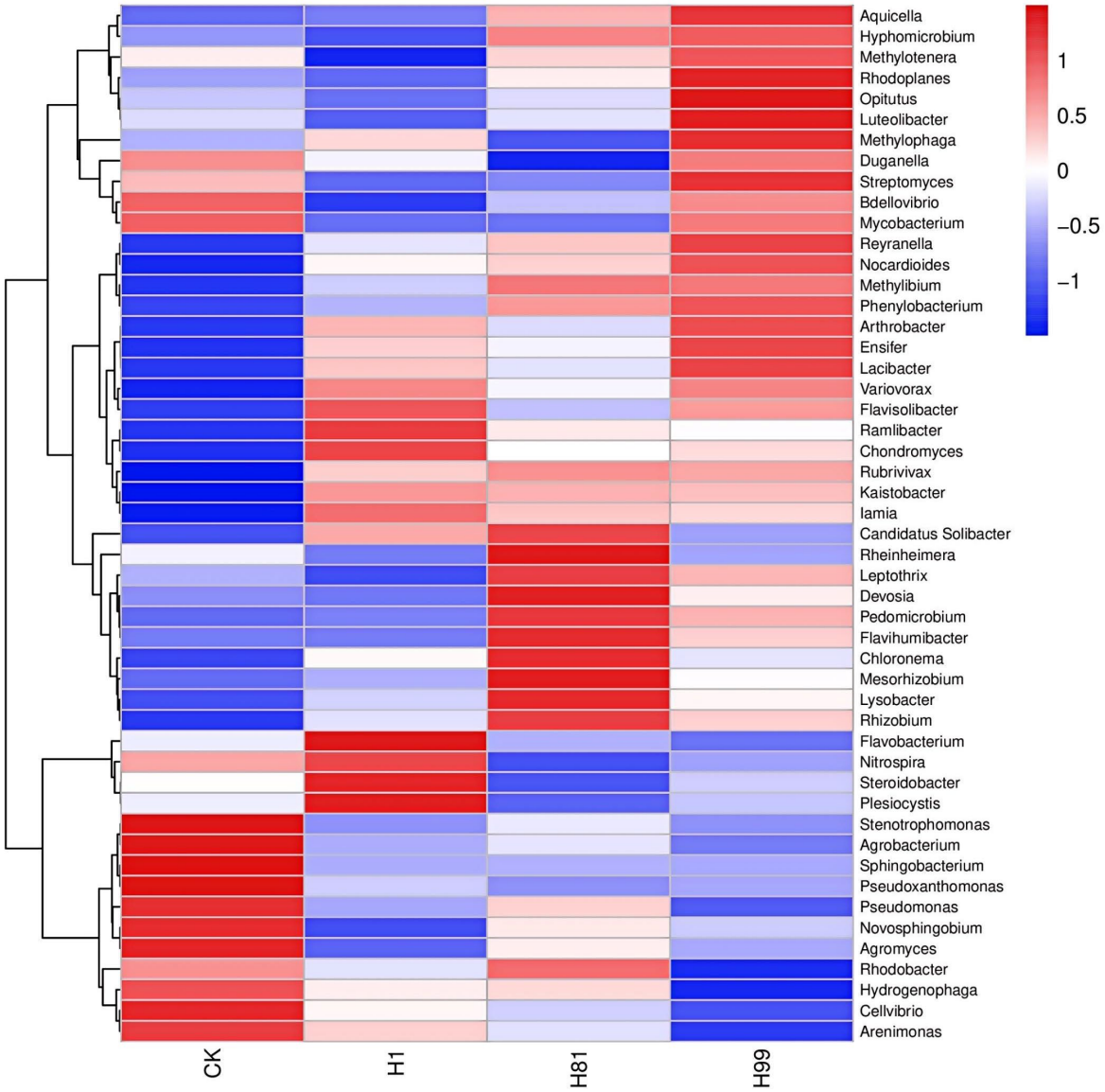


Figure 6. Heatmap of genus-level species composition for species clustering of soybean rhizosphere microbial communities under different treatments

图 6. 不同处理下大豆根际微生物群落物种聚类的属水平物种组成热图

在聚类热图(图 6)中，颜色梯度从蓝色到红色直观地展示了物种与样本之间的相关性及丰度变化。其中，红色表示正相关，蓝色表示负相关，颜色深度与相关性强度及丰度呈正比，即颜色越深，相关性越强，丰度越高。热图中的每一行代表一个物种，每一列代表一个样本，通过颜色梯度(蓝色至红色)反映物种丰度的变化趋势：趋近蓝色表示丰度较低，趋近红色表示丰度较高。此外，该热图经过 Z 值标准化处理，对同一菌种的表达丰度进行了归一化，以确保数据具有可比性并消除量纲差异的影响。观察发现 CK 组与 *Stenotrophomonas*、*Agrobacterium* 等 16 个属呈显著正相关，与 *Reyranella*、*Nocardioides*、*Methylibium*

等 29 个属呈显著负相关；H1 处理组与 *Flavisolibacter*、*Ramlibacter*、*Chondromyces*、*Flavobacterium*、*Nitrospira*、*Steroidobacter* 和 *Plesiocystis* 等 17 个属呈显著正相关，与 *Aquicella*、*Hyphomicrobium*、*Methylotenera* 等 21 个属呈显著负相关；H81 处理组与 *Candidatus Solibacter*、*Rheinheimera*、*Leptothrix* 等 23 个属呈显著正相关，与 *Methylophaga*、*Duganella*、*Mycobacterium* 和 *Plesiocystis* 等 12 个属呈显著负相关；H99 处理组与 *Aquicella*、*Hyphomicrobium*、*Methylotenera*、等 25 个属呈显著正相关，与 *Rhodobacter*、*Hydrogenophaga*、*Cellvibrio* 和 *Arenimonas* 等 14 个属呈显著负相关。

4. 讨论与结论

4.1. 泓森槐可培养内生菌多样性

本研究表明根中的可培养内生菌数量明显多于叶中，且 KMB 培养基更利于根的内生菌的生长。目前关于内生菌在植物体内定殖的机制，主要有三种假说：一是通过种子传播实现垂直传递；二是通过降解植物细胞壁中的纤维素成分侵入植物组织；三是通过侧根的自然裂缝进入植物体内。根中内生菌的数量显著高于叶中，这可能与根直接接触复杂的土壤环境有关，土壤中的微生物多样性远高于空气。此外，根部的内生菌定殖途径更为多样，进一步促进了其在根中的富集。研究表明，即使采用相同的侵染方式，内生菌在同一植株不同组织中的定殖量也存在显著差异。例如，杨珍福等通过回接实验发现，烟草内生菌的定殖能力表现为根 > 茎 > 叶，表明不同组织对内生菌的定殖具有选择性[11]。菌株在根部定殖后，部分会进行迁移活动。例如，迟峰等通过研究发现，根瘤菌在侵染水稻根部后能够向上迁移至叶片组织，表明内生菌在植物体内具有一定的迁移能力[12]。多数植物中可培养内生菌都表现出根部特有种类多于叶中，与本研究结果相符。

138 株的内生菌插入序列指纹图谱分析结果表明，芽孢杆菌属有绝对的种类和数量优势是泓森槐可培养内生菌的优势属。芽孢杆菌属(*Bacillus*)作为内生菌的优势菌群，其主要原因可能为其在植物内生态中占据了有利的生态位，由于其易于分离培养的特性，且能够大量定殖于植物体内，这类内生菌成为研究最深入、应用最广泛的类群。它们不仅能够促进寄主植物生长、增强抗逆能力，还在农作物生物防治、天然药物开发以及环境修复等领域发挥了重要作用[13]。

4.2. 泓森槐可培养内生菌功能多样性

Schulz 等提出的平衡对抗理论认为，内生菌与植物之间通过长期共存和协同进化，形成了一种动态平衡的互作关系[14]。泓森槐作为抗旱耐瘠薄的优良树种，与其内生菌起到的一定生物学功能息息相关。目前，关于内生菌功能的分子和细胞水平机制主要分为三类：(1) 内生菌产生植物代谢物的前体或其组成部分，供宿主植物吸收利用；(2) 通过诱导子效应或横向基因转移等方式，改变宿主植物的基因表达和代谢途径；(3) 通过生物转化作用，对宿主植物的化合物产生影响。植物内生菌的功能多样性为其广阔的应用前景奠定了基础。本研究将三种具有促生特性的菌株(HSH81、HSH1 和 HSH99)接种于大豆幼苗后，均表现出显著的促生作用，其中菌株 HSH81 的促生效果最为突出。

4.3. 泓森槐内生菌的拮抗病原菌作用

近年来，已经有很多微生物被发现在防治植物病害有着重要作用。本研究中拮抗病菌的多为芽孢杆菌属(*Bacillus*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)，研究表明，芽孢杆菌属在生物防治领域具有重要应用价值。以龙舌兰芽孢杆菌 SY89 为例，其对燕麦镰刀菌引起的当归根腐病表现出显著的防治效果，抑制率高达 77.64% [15]。几种芽孢杆菌属菌株能强烈抑制假青枯雷尔氏菌和鹰嘴豆中的枯萎病。假单胞菌株 HB3S-20 通过显著提升棉花中防御相关酶 SOD (超氧化物歧化酶)和 POD (过氧化物酶)的活性，成功诱导了棉

花植株的系统抗性，从而有效增强了棉花对病害的抵抗能力。

4.4. 菌株 HSH81 促生效果的潜在机制及与同类研究的比较

本研究筛选的三株菌中，HSH81 在盆栽试验中的促生效果最为突出：根瘤数为对照的 1.71 倍，鲜重为 1.54 倍，地上部分长度为 1.51 倍。HSH81 被鉴定为 *Pantoea endophytica*，该菌株在初筛中也表现出最强的综合功能活性——溶磷 D/d 达 3.4、IAA 产量达 45.3 mg/L、对茄镰孢菌的抑菌率达 56.7%，均显著优于 HSH1 和 HSH99。HSH81 的优异表现可能源于多个促生机制的协同作用。

首先，*Pantoea* 属细菌普遍具有多功能促生特性。已有研究表明，*Pantoea* 属菌株的促生效应主要归因于固氮、溶磷、铁载体合成、胞外多糖产生、ACC 脱氨酶活性以及包括 IAA 在内的植物激素合成等多重机制。例如，从洋葱根际分离的 *Pantoea ananatis* B1-9 同时具备溶磷、硫氧化、固氮和 IAA 产生能力，且能在辣椒根、茎及保卫细胞中高效定殖，田间试验中使辣椒产量提高约 3 倍。另一株 *Pantoea* sp. BRM17 被证实可在拟南芥根表和根内部定殖，在磷石膏改良土壤中显著促进油菜地上部和根部生物量增加。这些研究与本研究中 HSH81 在溶磷、IAA 分泌和铁载体产生方面的功能特征高度一致，提示 HSH81 可能通过多种营养元素活化途径协同促进大豆生长。

其次，*Pantoea* 属菌株的 IAA 分泌能力可能在本研究中发挥了关键作用。IAA 作为重要的生长调节信号，能够改变植物根系构型、促进侧根发育和增加根表面积，从而增强植物对水分和养分的获取能力。HSH81 的 IAA 产量(45.3 mg/L)显著高于 HSH1 (28.6 mg/L)和 HSH99 (22.7 mg/L)，这与其在大豆根系生长和根瘤数方面的突出表现相吻合。值得注意的是，有研究从大豆根际土壤中筛选到一株 *Pantoea ananatis* P-5，在 15℃低温条件下仍具有 34.94 mg/L 的溶磷量和 1.80 的溶磷指数，并能增强大豆种植土壤中 *Pseudomonas* 和 *Rhizobium* 等有益菌属的相对丰度，间接促进大豆对磷钾的积累。本研究中 HSH81 的溶磷能力与 P-5 相近，但其 IAA 分泌能力更为突出，这可能解释了 HSH81 在盆栽试验中比一般溶磷菌具有更全面的促生表现。

此外，HSH81 对三种病原真菌均表现出较强的拮抗活性(抑菌率均超过 48%)，这一广谱拮抗特性可能与其在根际的生态位竞争和定殖优势密切相关。研究表明，*Pantoea* 属菌株的生防机制涉及诱导系统抗性、营养与空间竞争以及多种抗生素的产生。HSH81 可能通过这些机制在根际形成有益微生物的优势群落，抑制病原菌的同时为大豆生长创造有利的微生态环境。

需要指出的是，*Pantoea* 属中部分菌株对特定作物具有致病性，其致病机制主要涉及细菌运动性、IAA 过量产生、群体感应信号分子及细胞壁降解酶等。因此，HSH81 作为 *Pantoea endophytica*，其安全性评价是后续应用开发中不可忽视的环节。本研究在初筛阶段未对 HSH81 进行溶血性检测和致病性回接试验，这是后续研究需要补充的重要内容。

5. 结论

微生物接种剂在生物修复、生物肥料和生物防治领域展现出巨大的应用潜力。例如，微生物能够为植物提供天然的营养来源，有助于提升土壤肥力，同时减少化肥对环境的负面影响；此外，微生物对多种病原菌的广谱抗性，能够增强植物对病原菌的抵御能力。随着现代农业进入第二次绿色革命，有益微生物的开发与应用正发挥着日益重要的作用。本研究成功分离并鉴定了多种功能丰富的微生物，包括具有促生特性、抑菌特性以及耐盐特性的菌株，这些微生物将成为可持续农业发展的重要组成部分。

本研究所筛选的促生菌、拮抗菌和耐盐菌，未来可在人工合成微生物群落中发挥重要作用。通过整合具有不同功能的菌株到植物微生物组中，能够显著提升植物在多样化环境中的适应性和生产力。在未来的农业系统中，通过精准的微生物组管理，设计高产的栽培品种将成为实现可持续植物生产的重要途

径。

此外，育种者还可以通过调控微生物与植物的互作关系来改良植物性状。例如，将有益微生物通过垂直传播整合到植物种子中，形成更广泛的种子微生物组，从而赋予植物更强的环境适应能力。植物与微生物组的相互作用能够在无需改变植物基因组信息的情况下，产生一系列新的表型特征。将微生物组作为一种外部数量性状整合到植物遗传资源的表征与选择中，为微生物辅助植物育种提供了新的思路和支持。这些研究为未来农业的可持续发展奠定了重要基础。

参考文献

[1] 侯金波, 张明龙, 陈培培, 等. 刺槐新品种“泓森槐”的选育[J]. 农业工程, 2019, 9(9): 125-127.

[2] 付思远, 席雨晴, 赵鹏菲, 等. 泓森槐可培养内生固氮细菌多样性与潜在促生长特性评价[J]. 微生物学通报, 2020, 47(8): 2458-2470.

[3] Rana, K.L., Kour, D., Kaur, T., Devi, R., Yadav, A.N., Yadav, N., *et al*. (2020) Endophytic Microbes: Biodiversity, Plant Growth-Promoting Mechanisms and Potential Applications for Agricultural Sustainability. *Antonie van Leeuwenhoek*, **113**, 1075-1107. https://doi.org/10.1007/s10482-020-01429-y

[4] McInroy, J.A. and Kloepper, J.W. (1995) Survey of Indigenous Bacterial Endophytes from Cotton and Sweet Corn. *Plant and Soil*, **173**, 337-342. https://doi.org/10.1007/bf00011472

[5] Lodwig, E.M., Hosie, A.H.F., Bourdès, A., Findlay, K., Allaway, D., Karunakaran, R., *et al*. (2003) Amino-Acid Cycling Drives Nitrogen Fixation in the Legume-Rhizobium Symbiosis. *Nature*, **422**, 722-726. https://doi.org/10.1038/nature01527

[6] Schenkluhn, L., Hohnjec, N., Niehaus, K., Schmitz, U. and Colditz, F. (2010) Differential Gel Electrophoresis (DIGE) to Quantitatively Monitor Early Symbiosis- and Pathogenesis-Induced Changes of the *Medicago truncatula* Root Proteome. *Journal of Proteomics*, **73**, 753-768. https://doi.org/10.1016/j.jprot.2009.10.009

[7] de Zélicourt, A., Diet, A., Marion, J., Laffont, C., Ariel, F., Moison, M., *et al*. (2012) Dual Involvement of a *Medicago truncatula* NAC Transcription Factor in Root Abiotic Stress Response and Symbiotic Nodule Senescence. *The Plant Journal*, **70**, 220-230. https://doi.org/10.1111/j.1365-313x.2011.04859.x

[8] Zhong, Y., Yang, Y., Liu, P., Xu, R., Rensing, C., Fu, X., *et al*. (2019) Genotype and Rhizobium Inoculation Modulate the Assembly of Soybean Rhizobacterial Communities. *Plant, Cell & Environment*, **42**, 2028-2044. https://doi.org/10.1111/pce.13519

[9] Nadeem, S.M., Ahmad, M., Zahir, Z.A., Javaid, A. and Ashraf, M. (2014) The Role of Mycorrhizae and Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR) in Improving Crop Productivity under Stressful Environments. *Biotechnology Advances*, **32**, 429-448. https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2013.12.005

[10] Compant, S., Duffy, B., Nowak, J., Clément, C. and Barka, E.A. (2005) Use of Plant Growth-Promoting Bacteria for Biocontrol of Plant Diseases: Principles, Mechanisms of Action, and Future Prospects. *Applied and Environmental Microbiology*, **71**, 4951-4959. https://doi.org/10.1128/aem.71.9.4951-4959.2005

[11] 杨珍福, 何鹏飞, 吴毅歆, 等. 烟草内生细菌 YN201448 的定殖能力研究[J]. 中国烟草科学, 2015, 36(3): 80-85.

[12] 迟峰. 根瘤菌在植物内的迁移运动及其与植物相互作用的蛋白质组学研究[D]: [博士学位论文]. 北京: 中国科学院研究生院(植物研究所), 2006.

[13] 龚国利, 王亮, 王旭阳, 等. 植物内生芽孢杆菌的研究进展[J]. 生物学杂志, 2020, 37(3): 91-95.

[14] Schulz, D.J. and Robinson, G.E. (1999) Biogenic Amines and Division of Labor in Honey Bee Colonies: Behaviorally Related Changes in the Antennal Lobes and Age-Related Changes in the Mushroom Bodies. *Journal of Comparative Physiology A*: *Sensory*, *Neural*, *and Behavioral Physiology*, **184**, 481-488. https://doi.org/10.1007/s003590050348

[15] Zhang, Z., Zhang, W., Wang, X., Kou, Z., Wang, Y., Islam, R., *et al*. (2023) Isolation and Identification of Antagonistic Bacteria of *Angelica* Root Rot and Their Mechanism as Biological Control. *Biological Control*, **177**, Article ID: 105120. https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2022.105120