# 一株耐盐植物内生真菌的筛选与鉴定

孙海彦<sup>1,2</sup>, 尹慧祥<sup>1,2</sup>, 陈惠琴<sup>1</sup>, 王 琪<sup>1</sup>, Marilyn Roossinck<sup>3</sup>, Regina S Redman<sup>4</sup>, Rusty Rodriguez<sup>4</sup>, (1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所,海南海口 571011; 2. 海南省热带微生物资源重点实验室,海南海口 571011; 3. 宾夕法尼亚州立大学,美国 16802;4. 华盛顿大学,美国 98195)

摘要 [目的]研究盐田原生态系统中的耐盐植物内生真菌。[方法]对38株从海南省莺歌海盐场和东方盐场分离的菌株进行耐盐生长 测试。[结果]发现了1株在8%NaCl浓度下生长较好的真菌,并根据其形态特征,ITS 扩增序列聚类进化树分析,显示其分类地位为黑 酵母菌(Hortaea werneckii)。经过高效液相色谱分析其代谢产物,发现该真菌在0、2%、4%、8%NaCl 浓度下的发酵产物均有所不同。[结 论]盐田生境中存在特殊的植物内生真菌区系,其中黑酵母菌 Hortaea werneckii 具有一定代表性,有深入研究的价值。 关键词 盐田:黑酵母:聚类进化树:高效液相色谱

文章编号 0517-6611(2018)19-0108-03 中图分类号 S182 文献标识码 A

## The Screening and Identification on an Endophytic Fungi of Halotolerant

SUN Hai-yan<sup>1,2</sup>, YIN Hui-xiang<sup>1,2</sup>, CHEN Hui-qin<sup>1</sup> et al (1. Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou, Hainan 571011;2. Hainan Key Laboratory of Tropical Microbe Resources, Haikou, Hainan 571011) Abstract [Objective] To study the endophytic fungi of halotolerant in the original ecosystem of saltern. [Method] Salt stress tests were conducted on the endophytic fungi isolated from Yingehai Saltern and Dongfang Saltern in Hainan Province, to discover the halotolerant fungi among them. [Result] One isolate was further identified according to morphological and ITS sequence-based phylogenic analyses, which suggested it belongs to Hortaea werneckii, a black yeast species, in taxonomy. The ferment substance under 0,2%,4%,8% of sodium chloride of this isolate was studied with HPLC finger printing approach, and differential metabolites according to salt concentrations were observed. [Conclusion The solar salterns may be occupied by idiographic microflora of endophytes, included Hortaea werneckii observed in this study, which maybe representative of further studies.

Key words Saltern; Black yeast; Phylogenic tree; HPLC

耐盐微生物是一种重要的微生物资源,不仅在生命起 源、进化和生物适应极端环境等多方面具有重要的理论意 义,而且在工农业生产、食品加工和环境污染治理等多个领 域具有一定的应用价值。例如耐盐微生物菌可改良盐碱地, 用于加工传统腌制食品和酱油,同时利用含耐盐微生物的活 性污泥处理高盐废水会大幅度提高处理效率。

海南省西部地区气候干湿分明,夏季日照充足,蒸发量 大,降雨少,适合盐田生产。除了历史上的洋浦千年古盐田, 目前还有莺歌海盐场、东方盐场和榆亚盐场等大型日晒盐生 产基地。盐场内的高盐环境,有利于形成独特的微生物区 系[1],笔者对前期从盐场分离出的植物内生真菌进行筛选, 并对一株在8%盐浓度下生长较好的真菌进行分析和鉴定。

## 1 材料与方法

- 1.1 真菌菌株 研究所用真菌内生菌株分离于海南省盐生 生境中采集的活体植株。植物样本于2014—2015年从乐东 市莺歌海盐场(18.52°N,108.75°E)及东方市东方盐场 (19.23°N,108.64°E)采集获得。菌株经 PDA 分离纯化后置 于甘油管中于-80 ℃保藏备用。
- 1.2 嗜盐内生真菌的筛选 将供试菌株从甘油管中取出 后,在0.2倍浓度的葡萄糖马铃薯琼脂培养基(含有 50 μg/mL 氨苄青霉素 、50 μg/mL 链霉素及 25 μg/mL 四环

基金项目 海南省国际合作项目(KJHZ2015-21);国家木薯产业技术

孙海彦(1979-),女,河南三门峡人,博士,从事微生物发酵 工程工作, \*通讯作者,博士,从事微生物资源与利用工作。

收稿日期 2018-03-26

体系岗位科学家项目(CARS-11-HNSHY);中国热带农业 科学院基本科研业务费专项(1630052016007,16300520 16008)

素)上于室温下活化培养3~7 d,对新长出的真菌菌落,经显 微镜检测与原菌株形态一致后,从平板上菌丝活跃生长的部 位,取直径为 6 mm 的圆形琼脂块,分别接种于含 0%、2%、 4%、8%NaCl的 PDA 上室温培养,接种后连续 5 d每 24 h 测 量平板上的菌落直径。

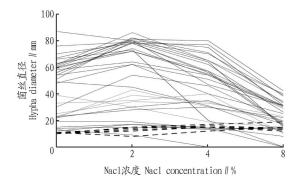
1.3 基因组 DNA 的提取、PCR 扩增及序列分析 将纯化 后的菌株接种人葡萄糖马铃薯水培养基中,在室温下摇床培 养数天后收集菌丝,冷冻干燥后在液氮中研磨冻干菌丝直至 粉末状,称取 50~100 mg,使用 CTAB 法提取总 DNA[2]。使 用 Biometra TProfessional 梯度 PCR 仪(Analytik Jena, 德国) 扩增 ITS 片段,所用引物为 ITS 5(5'-GGAAGTAAAAGTCG-TAACAAGG-3')和ITS 4(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'),50 μL 反应体系中包含 20 ng 模板 DNA,5 μL 10×PCR 缓冲液,0.2 mmol/L dNTPs,ITS5 及 ITS4 引物 0.4 µmol/L, 1 U TaKaRa Tag® DNA 聚合酶(TaKaRa, 日本);反应条件为 95 ℃ 1 min;95 ℃ 30 s,56 ℃ 30 s 及 72 ℃ 1 min,30 个循环; 最后 72 ℃延伸 10 min。反应产物经过 1.5% 琼脂糖电泳验 证后直接送至华大基因广州分公司进行测序。测序序列通 过 BioEdit<sup>[3]</sup>拼接后,在 GenBank 中使用 Blast 进行同源性搜 索,随后下载同源性最高物种及其亲缘种 ITS 序列 10条,与 测序序列一并使用 ClustalW 进行比对,再通过 iModelTest[4] 选择核苷酸替换模型,导入PAUP<sup>[5]</sup>中以 Maximum Likelihood 方法构建系统进化树,并使用 Bootstrap 方法计算可靠性:另 外使用 MrBaves<sup>[6]</sup> 独立分析进化树及后验概率,并与 PAUP 中的结果相互验证。

1.4 菌液发酵及色谱分析 取活化后的菌株接种于 PDB

液体培养基中,室温下振荡培养 3 d 作为种子液,分别接种于 盐浓度为 0%、2%、4%、8%的大米固体培养基中,在室温下静置培养 50 d。发酵结束后按前述方法进行提取和分离<sup>[7]</sup>。 HPLC 条件: Kromasil –  $C_{18}$  柱(4.6 mm×150 mm,5 mm),流动相乙腈 – 水(体积比 40:60),分析时间 30 min,流速 1.0 mL/min,进样量 20 mL,检测波长 254 nm,柱温为 25  $^{\circ}$   $^{\circ}$   $^{\circ}$ 

## 2 结果与分析

2.1 形态学特征 在受试的 38 株真菌中,以菌落直径为指标,4 株真菌在不添加 NaCl 的培养基上生长最好,25 株真菌在 2%NaCl 浓度下生长速度最快,6 株真菌在 4%NaCl 浓度下生长速度最快,6 株真菌在 4%NaCl 浓度下生长速度最快,1 株在各浓度 NaCl 下生长无明显差别(图 1)。在 4%和 8%NaCl 浓度条件下生长最好的 8 株真菌中,6 株菌生长速度、菌落及菌丝形态接近,表现为生长速度缓慢,菌落正面呈灰黑色至黑色,菌落背面呈青黑色至黑色,显微镜下菌丝有分隔,呈淡灰至褐色,末端有深色芽生孢子,孢子大小为[5.2~10.5(15.3)] μm×(2.8~4.5) μm,其中尤以 Lyc29 菌株在 8%NaCl 浓度下生长速度最快,但菌落颜色较浅,菌丝疏松,提示NaCl 浓度可能诱导其生理变化(图 1、2)。



注:Hortaea werneckii 各菌株用粗虚线表示,其他菌株用连续 线表示

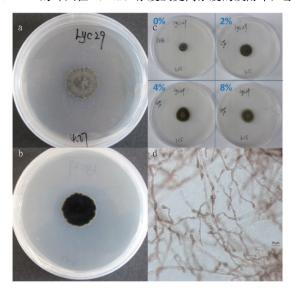
Note: The strains of *Hortaea werneckii* are represented by a thick dotted line, other strains are represented by continuous lines

#### 图 1 受试真菌在不同 NaCl 浓度下的生长速度

Fig. 1 The growth speed of tested fungal isolate against different concentrations of NaCl

- 2.2 聚类学分析 将 Lyc29 和其他 5 株近似菌的 ITS rDNA 扩增片段通过 Blast 在 GenBank 中进行分析,发现与已知 Hortaea werneckii 的序列相似度最高,因此通过数据库下载 H. werneckii ,H. thailandica ,H. acidophila 及 Teratosphaeria hortaea 的 ITS 序列共 10 条,合并测序序列后,以 T. hortaea 及 H. acidophila 为外群构建进化树,发现 Lyc29 及其他 5 株此次分离的菌株 (Fmq5、Fmq15、Fmq25、Fmq26、Fmq28)在进化树上与其他 H. werneckii 都位于同一高可靠性的分枝内(图 3)。综合考虑形态学证据,Lyc29 等菌株的分类学地位应属于 H. werneckii。
- **2.3** 发酵产物的 HPLC 图谱 利用 HPLC 指纹图谱分析不同 NaCl 浓度下 Lyc29 的发酵产物,发现 NaCl 浓度对 *H. werneckii* 的代谢产物具有较大影响,而当 NaCl 浓度达 4%以后,

代谢产物的产生类型趋于稳定,其中最具代表性的如图 4 所示,t = 12. 1 min 的峰只在 2% NaCl 浓度发酵中产生,t = 13. 4 min 的峰只在 4% NaCl 浓度及更高浓度的发酵中产生。



注:a. 平板菌落正面;b. 平板菌落反面;c. 不同 NaCl 浓度下的菌落;d. 菌丝显微形态

Note; a. The front of plate colonies; b. The back of plate colonies; c.

The colony under different NaCl concentrations; d. Hyphae microscopic morphology

# 图 2 Lyc29 菌株在 PDA 上的形态

Fig. 2 The morphology of isolate Lyc29 on PDA

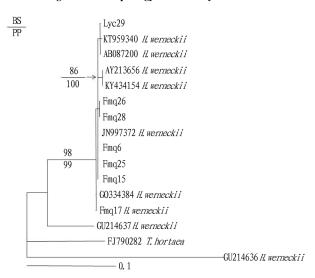


图 3 菌株 Lyc29 的系统进化树

Fig. 3 A phylogenic tree with isolate Lyc29

## 3 结论与讨论

该研究通过对前期在盐场分离的内生真菌进行耐盐筛选,发现了以菌株 Lyc29 为代表的一组在 4%~8% NaCl 浓度下生长较好的真菌,HPLC 指纹图谱分析表明在该 NaCl 浓度下,Lyc29产生了与低盐条件下不同的代谢产物。经过形态学和以 ITS 序列为基础的进化树聚类分析,该株真菌的分类学地位应属于 H. werneckii<sup>[8]</sup>。

目前有部分资料将 H. werneckii 错误地等同为威尼克外

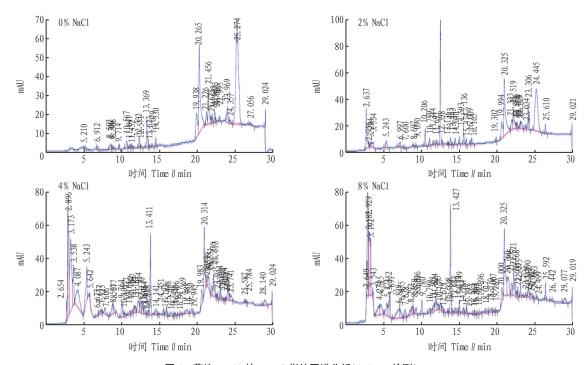


图 4 菌株 Lyc29 的 HPLC 指纹图谱分析(254 nm 检测)

Fig. 4 The HPLC finger printings from isolate Lyc29 (wavelength 254 nm)

瓶霉(Exophiala werneckii),可能是由于该菌形态上与外瓶霉属真菌接近,但 H. werneckii 混合产生合轴孢子和环痕孢子,而外瓶霉仅产生环痕孢子<sup>[9]</sup>。Hortaea 属目前从属于座囊菌纲煤炱目,而 Exophiala 属从属于刺盾炱纲刺盾炱目,两者在rDNA 序列上有较大的差异。因此该研究使用中国海洋微生物菌种保藏管理中心的中文译名,即威尼克何德霉。

H. werneckii 属于一类在细胞内积累黑色素的酵母状真菌,也称黑酵母。黑酵母在生长过程中除了产生酵母类细胞,还可以产生真菌丝、假菌丝、念珠状菌丝等不同结构,在较强的渗透胁迫下,还可能形成可吸附酵母状细胞<sup>[10]</sup>。H. werneckii 是黑酵母中研究较多的一种真菌,除了作为人类和动物病原菌外,也常在盐场等高盐环境下被发现,在 10% NaCl 浓度范围以下,其生长速度和甘油积累随盐浓度提高而提高<sup>[11]</sup>。随盐胁迫的增强,H. werneckii 细胞内不饱和脂肪酸、磷脂酰胆碱、磷脂酰乙醇胺等代谢产物积累亦会增加<sup>[12]</sup>。

Chen 等<sup>[13]</sup>曾报道了 1 株自海南红树林植物桐花树上分离的 H. werneckii 内生真菌,发现其最适生长 NaCl 浓度为 5%。该研究中的 6 株 H. werneckii 真菌,4 株在 4%NaCl 浓度生长最快,2 株在 8%NaCl 浓度下生长更好,与 Chen 等的结果接近。黑酵母在盐田中广泛存在,与酵母相比具有较独特的耐盐机制。H. werneckii 作为研究微生物耐盐机制的模式物种,在国外已有少量研究基础,国内对黑酵母的研究非常有限,该研究将有利于此领域后续工作的开展。

### 参考文献

- ZAJC J, ZALAR P, PLEMENITAŠ A, et al. The mycobiota of the salterns
   Prog Mol Subcell Biol, 2012, 53;133-158.
- [2] DOYLE J J, DOYLE J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue [J]. Phytochem Bull, 1987, 19:11-15.
- [3] HALL T A. BioEdit; A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT[J]. Nucl Acids Symp Ser, 1999,41;95–98
- [4] DARRIBA D, TABOADA G L, DOALLO R, et al. jModelTest 2; More models, new heuristics and parallel computing [J]. Nat Methods, 2012, 9 (8) 772.
- [5] SWOFFORD D L. PAUP\*. Phylogenetic analysis using parsimony (\* and other methods) [M]. Version 4. Sunderland, MA: Sinauer Associates, 2000.
- [6] HUELSENBECK J P, RONQUIST F. MRBAYES; Bayesian inference of phylogeny [J]. Bioinformatics, 2001, 17:754-755.
- [7] 陈惠琴,朱剑梅,王佩,等. 红树植物角果木内生真菌 Penicillium sp. J54 的次生代谢产物研究[J]. 中国抗生素杂志,2017,42(4):341-345.
- [8] YURLOVA N A, DE HOOG S, VAN DEN ENDE B G. Taxonomy of Aureobasidium and allied genera [J]. Studies in mycology, 1999, 43:63–69.
- [9] NISHIMURA K, MIYAJI M. Further studies on the phylogenesis of the genus Exophiala and Hortaea [J]. Mycophthologia, 1985,92;101–109.
- [10] 李炳学,李颖. 产黑色素酵母状真菌[J]. 微生物学通报,2008,35(11): 1791-1796.
- [11] PLEMENITAŠ A, GUNDE-CIMERMAN N. Cellular responses in the halophilic black yeast *Hortaea werneckii* to high environmental salinity[M]// GUNDE-CIMERMAN N, OREN A, PLEMENITAŠ A. Adaptation to life at high salt concentrations in Archaea, Bacteria, and Eukarya. Dordrecht; Springer Verlag, 2005.
- [12] TURK M, MÉJANELLE L, ŠENTJURC M, et al. Salt-induced changes in lipid composition and membrane fluidity of halophilic yeast-like melanized fungi[J]. Extremophiles, 2004, 8(1):53-61.
- [13] CHEN J,XING X K,ZHANG L C, et al. Identification of Hortaea werneckii isolated from mangrove plant Aegiceras comiculatum based on morphology and rDNA sequences[J]. Mycopathologia, 2012, 174:457–466.

本刊提示 文稿题名下写清作者及其工作单位名称、邮政编码;第一页地脚注明第一作者简介,格式如下:"作者简介姓名(出生年一),性别,籍贯,学历,职称或职务,研究方向"。