

链霉菌对土传枯萎病和青枯病的防控效果评估及影响因子探究

白鸽¹, 李言雨¹, 刘彩霞², 邱巍¹, 袁军³, 秦华¹, 赵梦丽^{1*}, 徐秋芳¹

- 1 浙江农林大学 环境与资源学院 碳中和学院, 浙江省土壤修复与质量提升重点实验室, 森林食物资源挖掘与利用全国重点实验室, 浙江 杭州
- 2 温州市农业科学研究院, 分析测试中心, 浙江 温州
- 3 南京农业大学 资源与环境科学学院, 江苏省固体有机废弃物资源化高技术研究重点实验室, 江苏省有机固体废弃物资源化协同创新中心, 国家有机类肥料工程技术研究中心, 江苏 南京

白鸽, 李言雨, 刘彩霞, 邱巍, 袁军, 秦华, 赵梦丽, 徐秋芳. 链霉菌对土传枯萎病和青枯病的防控效果评估及影响因子探究[J]. 微生物学报, 2025, 65(7): 2874-2888.

BAI Ge, LI Yanyu, LIU Caixia, QIU Wei, YUAN Jun, QIN Hua, ZHAO Mengli, XU Qiufang. Control effects of *Streptomyces* on soil-borne *Fusarium* wilt and bacterial wilt influencing factors analysis[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(7): 2874-2888.

摘要: 日益严重的土传病害威胁多种作物的生产, 影响农业的可持续发展。作为既环保安全又经济长效的生物防治资源, 链霉菌生物菌剂已被广泛探究, 但其防控效果及影响因素有待进一步优化。【目的】探究链霉菌施用对常见土传病害的防控效果及其主要影响因素。【方法】基于 Web of Science 和中国知网(CNKI)数据库, 以“链霉菌”和“枯萎病”、“链霉菌”和“青枯病”、“*Streptomyces*”和“*Fusarium oxysporum*”、“*Streptomyces*”和“*Ralstonia solanacearum* (或 *Pseudomonas solanacearum*)”为关键词进行检索, 筛选具有实验组(施用链霉菌)和对照组(不施用链霉菌)的发病率及其样本量和均值的文献, 获得防控枯萎病的文献 76 篇(113 组数据)、防控青枯病的文献 19 篇(28 组数据)。【结果】施用链霉菌处理后, 枯萎病的平均发病率从 75.58% 降至 24.49%, 平均防控效率为 67.60%; 青枯病的平均发病率从 73.75% 降至 19.83%, 平均防控效率为 73.11%。土壤中链霉菌的数量、土壤中链霉菌/病原菌终浓度比值和气候类型是影响其对 2 种病害防治效果的主要因素。链霉菌终浓度为 10^7 CFU/g 时, 对两者的防控效果最佳; 在土壤中链霉菌/病原菌终浓度比值为 1:1 时, 对枯萎病的防效较好; 比值为 10:1 和 100:1 时, 对青枯病的防效较好。在热带季风气候区域, 链霉菌对 2 种病害的防控效果较好。【结论】应用链霉菌作为生物菌剂防控土

资助项目: 国家自然科学基金(32102472); 浙江省自然科学基金(LQ22C150005); 温州市基础性公益科研项目(N2023010); 浙江农林大学科研发展基金(2021FR042)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (32102472), the Natural Science Foundation of Zhejiang Province (LQ22C150005), the Wenzhou Basic Public Welfare Research Project (N2023010), and the Research and Development Fund Project of Zhengjiang A&F University (2021FR042).

*Corresponding author. E-mail: mlzhao@zafu.edu.cn

Received: 2024-11-25; Accepted: 2025-03-10; Published online: 2025-05-07

传病害时, 应在明确致病菌种类的情况下, 根据土壤中病原菌的浓度调整链霉菌生物菌剂的施用剂量; 此外, 在热带季风气候区域施用链霉菌生物菌剂可以达到更好的防控效果。

关键词: 土传病害; 链霉菌; 生防效果; meta 分析; 影响因素

Control effects of *Streptomyces* on soil-borne *Fusarium* wilt and bacterial wilt influencing factors analysis

BAI Ge¹, LI Yanyu¹, LIU Caixia², QIU Wei¹, YUAN Jun³, QIN Hua¹, ZHAO Mengli^{1*}, XU Qiu Fang¹

¹ Key Laboratory of Soil Remediation and Quality Improvement of Zhejiang Province, National Key Laboratory for Development and Utilization of Forest Food Resources, College of Environment and Resources/College of Carbon Neutrality, Zhejiang A&F University, Hangzhou, Zhejiang, China

² Instrumental Analysis Center, Wenzhou Academy of Agricultural Sciences, Wenzhou, Zhejiang, China

³ Jiangsu Provincial Key Laboratory for Solid Organic Waste Utilization, Jiangsu Collaborative Innovation Center for Solid Organic Waste Resource Utilization, National Engineering Research Center for Organic-based Fertilizers, College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing, Jiangsu, China

Abstract: The aggravating soil-borne diseases threaten the production of a variety of crops and undermine the sustainable development of agriculture. *Streptomyces*-based bio-agents have been widely explored as an environmentally safe and economically durable biocontrol resource. However, the biocontrol efficacy and influencing factors require further optimization. **[Objective]** Here we conducted a meta-analysis to evaluate the efficacy of *Streptomyces*-based bio-agents in controlling the two common soil-borne diseases and identify the key influencing factors. **[Methods]** The relevant articles were retrieved from Web of Science and CNKI with the keywords “*Streptomyces*” and “*Fusarium* wilt”, “*Streptomyces*” and “bacterial wilt”, “*Streptomyces*” and “*Fusarium oxysporum*”, and “*Streptomyces*” and “*Ralstonia solanacearum* (or *Pseudomonas solanacearum*)”. The articles containing comparable treatment groups (with *Streptomyces* application) and control groups (without *Streptomyces* application), disease incidence, sample sizes, and mean values were systematically selected. Finally, 76 articles (113 groups) on *Streptomyces*-based bio-agents for *Fusarium* wilt control and 19 articles (28 groups) on those for bacterial wilt control were obtained. **[Results]** After the application of *Streptomyces*-based bio-agents, the disease incidence of *Fusarium* wilt decreased from 75.58% to 24.49% (average control efficacy of 67.60%), and that of bacterial wilt decreased from 73.75% to 19.83% (average control efficacy of 73.11%). The soil density of *Streptomyces*, the final concentration ratio of *Streptomyces* to pathogen in soil, and climate types were vital for the biocontrol performance of *Streptomyces*-based bio-agents. Moreover, *Streptomyces* at the final concentration of 10^7 CFU/g demonstrated the best biocontrol performance on both diseases. The biocontrol effect of *Streptomyces* on *Fusarium* wilt was better when the final concentration ratio of *Streptomyces* to pathogen was 1:1, whereas the biocontrol effect on bacterial wilt disease was better when the ratio

was 10:1 or 100:1. Notably, *Streptomyces* demonstrated enhanced biocontrol effects on the both diseases in tropical monsoon climate regions. **[Conclusion]** The application dose of *Streptomyces*-based bio-agents in soil-borne disease management should be adjusted according to the species and concentration of the pathogen. In addition, it may be better to apply *Streptomyces*-based bio-agents in tropical monsoon climate regions.

Keywords: soil-borne diseases; *Streptomyces*; biocontrol effect; meta-analysis; influencing factors

受耕地资源的限制和现代化农耕设施的普及,土地集约化利用程度逐渐提高,复种指数迅速增加。这一耕种模式在提高农业生产效率的同时,也给农业生产、生态环境带来了诸多挑战。例如,日益严重的土传病害已成为危害土壤健康、限制作物高产、影响农业可持续发展的关键因素之一^[1]。土传病害是指在条件适宜时,寄居在土壤中的病原体通过作物根系或茎基部侵入植物而引起宿主发病的一类病害,广泛危害粮油作物及各类经济作物。常见的土传病原物包括尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)、茄腐镰刀菌(*Fusarium solani*)、青枯雷尔氏菌(*Ralstonia solanacearum*)和植物寄生线虫,如根结线虫(*Meloidogyne* spp.)、孢囊线虫(*Heterodera* spp.)等^[2]。其中,由青枯雷尔氏菌引起的青枯病和由尖孢镰刀菌引起的枯萎病,由于宿主范围广、遗传多样性高、适应能力强等特点,对农业生产造成了严重破坏。研究表明,由尖孢镰刀菌造成的作物发病率一般在15%–35%,严重时可达75%–95%,部分地块甚至绝收^[3];青枯雷尔氏菌主要导致茄科作物减产,全球范围内减产幅度可达60%–100%^[4]。

常见的土传病害防控措施包括物理防治、化学防治和生物防治。其中,生物防治因其无污染、环境友好、成本低等优势而备受关注,被认为是防控作物土传病害最有前景的措施之一^[5]。目前,已有大量功能拮抗菌被报道可在一定程度上防控土传病害的发生,常见的生防菌株包括链霉菌(*Streptomyces*)、木霉(*Trichoderma*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)、假单胞菌(*Pseudomonas*)等^[6]。链霉菌是一类具有丝状分

支菌丝的革兰氏阳性细菌,是土壤中的优势菌群,具有优异的促生和抗病功能,在维持土壤健康和免疫力方面发挥着至关重要的作用^[7–8]。Zhao等^[9]分别对香蕉枯萎病高发病率和低发病率土壤样品中的次生代谢产物合成基因进行组成分析,结果发现抑病型土壤中的NRPS基因丰度显著升高,进一步追踪这些基因序列后发现它们大多来源于链霉菌。研究表明,接种利迪链霉菌M01可以显著降低番茄青枯病的发生^[10]。因此,以链霉菌为功能微生物的生物制剂已受到国内外的广泛关注。然而,生物菌剂的开发仍处于发展阶段,受应用模式不健全、菌株多样性强等因素的影响,防病效果不稳定^[2]。研究表明,苏云金芽孢杆菌(*Bacillus thuringiensis*)制剂的生防效果深受紫外线辐射等环境因素影响^[11]。工业上,生物菌剂中的功能微生物一般通过发酵法量产,导致其中的功能微生物数量及功能难以长期维持^[12]。综合统计目前的研究,微生物菌剂在改良土壤领域的应用仍存在以下问题与局限性:(1)接种于土壤中的微生物菌剂可能与土著微生物发生竞争,适应性较差,扩繁困难,难以发挥应有作用;(2)微生物菌剂的防治效果不稳定,尤其在野外或田间条件下常常难以显现;(3)微生物菌剂的培养技术较为复杂,成本较高;(4)在极端环境条件下,微生物菌剂难以发挥作用,且适用于特殊环境的高效菌株筛选与培育难度较大^[13]。因此,深入评估和分析影响链霉菌防治效果的关键因素,对提高链霉菌生物菌剂在土传枯萎病和青枯病防控中的效率、维持链霉菌生物菌剂的防效稳定性具有重要的理论和实践意义。

研究表明,植物生长受气候条件复杂性、土壤类型多样性等的严重影响。因此,在链霉菌产品的应用与评估过程中,需综合考虑气候条件、作物类型、施用浓度、施用方式及菌剂形式等多种因素^[14]。本研究拟基于 Web of Science (WoS)和中国知网(CNKI)数据库,以青枯病和枯萎病 2 种常见土传病害为研究对象,采用 meta 分析方法对现有文献中链霉菌的应用效果进行系统评估,并进一步探究影响其防效的关键因素,旨在为提升链霉菌类生物菌剂的防控效果提供理论支持与实践参考。

1 材料与方法

1.1 数据收集

本研究所选文献均来源于 CNKI 和 WoS 数据库。CNKI 数据库分别以“链霉菌”和“枯萎病”、“链霉菌”和“青枯病”为关键词, WoS 数据库分别以“*Streptomyces*”和“*Fusarium oxysporum*”、“*Streptomyces*”和“*Ralstonia solanacearum* (或 *Pseudomonas solanacearum*)”为关键词进行检索,检索时间分别为 2024 年 1 月 4 日和 2023 年 12 月 14 日。通过检索, CNKI 数据库中链霉菌防控枯萎病的相关文献有 111 篇,防控青枯病的相关文献有 32 篇; WoS 数据库中链霉菌防控枯萎病的文献有 231 篇,防控青枯病的文献有 68 篇。文献筛选标准如下: (1) 具有不施加链霉菌的空白对照组; (2) 提供发病率,若同一实验多次测定样本的发病率,则收集最后一次的发病率数据; (3) 提供平均发病率和样本量; (4) 数据重复的文献仅选其中一篇。最终,将链霉菌防控枯萎病的 76 篇文献和防控青枯病的 19 篇文献[原始数据文献存储在国家微生物科学数据中心(<http://nmcdc.cn>), 编号为 NMDCX0002099]中涉及的 113 组和 28 组数据纳入本研究。收集的信息包括: 对照组和处理组的平均值、标准差和样本量; 同时收集试验时链霉菌菌剂的施用形式、作物科类、施用剂量、施用方式、和

气候类型等。根据收集到的数据,将菌剂形式分为固体菌剂、液体菌剂和生物有机肥 3 类; 施用剂量分为 10^5 、 10^6 、 10^7 、 10^8 、 10^9 CFU/g 共 5 个梯度; 施用方式分为穴施、灌根、拌土、种子处理和喷淋 5 类; 此外,还考虑了气候和作物科类对防控效果的影响。文献中的数值数据直接提取,对于图表数据,使用图表数字化工具(GetData Graph Digitizer)软件进行提取。

1.2 Meta 分析

参考 Rosenthal^[15]的研究,采用失安全系数法(fail safe number)对收集的数据进行发表偏倚检验。基于 MetaWin 软件,采用随机效应模型(random effects models)对数据进行异质性 Q 值检验,若 $P < 0.05$,则引入影响因素进行后续分析,计算施用链霉菌生物菌剂后各影响因子的效应值(effect size, ES); 若 $P > 0.05$,说明整体异质性较小,无须进一步详细分析^[16-17]。若 $ES < 0$,表示处理组的发病率低于对照组,且 ES 的绝对值越大表示处理组的效应越强。随后,采用公式(1)计算反应比的自然对数,将其作为效应值,公式(2)计算相应的研究内方差^[18]。采用公式(3)计算链霉菌对病害的平均防控效率(CE)。

$$\ln RR = \ln \frac{X_e}{X_c} \quad (1)$$

$$v \ln RR = \frac{SD_c^2}{N_c X_c^2} + \frac{SD_e^2}{N_e X_e^2} \quad (2)$$

$$CE = (X_c - X_e) / X_c \times 100\% \quad (3)$$

式中: X_c 为对照组的发病率平均值, X_e 为处理组的发病率平均值, $v \ln RR$ 为研究内方差, SD_c 为对照组标准差, SD_e 为处理组标准差, N_c 为对照组样本量, N_e 为处理组的样本量。

1.3 系统发育树构建及遗传距离计算

根据 1.1 节搜集的链霉菌登录号,从 NCBI 的 GenBank 数据库下载相关菌株的 16S rRNA 基因序列,共计 37 个有效序列。基于 MEGA 7.0 软件对获得的有效序列进行比对,并基于邻接(neighbor joining)法构建系统发育树^[19]。此外,使用 R 平台的“ape”软件包计算各菌株间

的遗传距离^[20]。

1.4 数据处理与统计分析

采用 Excel 2019 软件对获得的数据进行汇总和分组。利用 SPSS 26 软件对数据进行单因素方差分析(one-way ANOVA, LSD 事后检验)和独立双尾 *t*-检验(two-tailed *t*-test)统计学分析,以 $P < 0.05$ 判定差异具有统计学意义。使用 R 语言的“dplyr”包进行相关性分析,采用“ggplot2”和“forestplot”包进行结果可视化^[21]。

2 结果与分析

2.1 链霉菌抗病研究试验点分布

根据上述筛选条件,共纳入 95 篇文献,提取 141 组数据,其中链霉菌防控枯萎病的文献为 76 篇、数据 113 组,防控青枯病的文献为 19 篇、数据 28 组。试验点主要分布于 3.05°N–47.87°N,涵盖中国、韩国、日本、泰国、印度、巴西、意大利、越南等国家,其中枯萎病的研究分布更为广泛。我国对链霉菌防控土传枯萎病与青枯病的研究广泛分布于热带、亚热带及部分温暖气候区,共覆盖 13 个地区,尤以长江流域及其以南地区为主,例如云南、贵州、台湾等地均有发生。其中,广西、广东、浙江、江苏、福建等地的研究点位数量较多。

2.2 发表偏倚检验

发表偏倚检验可用于评估 meta 分析结果的可靠性。结果显示:整体的失安全系数 $N_0 = 16\,292$,研究组数 K_0 (整体) = 141, $5K_0 + 10 = 715$, N_0 远大于 $5K_0 + 10$,说明整体 meta 分析结果可靠,发表偏倚影响较小;枯萎病的失安全系数 $N_1 = 13\,976$,研究组数 K_1 (枯萎病) = 113, $5K_1 + 10 = 575$, N_1 远大于 $5K_1 + 10$,表明枯萎病 meta 分析结果稳定可靠;青枯病的失安全系数为 $N_2 = 2\,552$,研究组数 K_2 (青枯病) = 28, $5K_2 + 10 = 150$, N_2 远大于 $5K_2 + 10$,说明青枯病分析结果也较为可信,未受到明显发表偏倚的干扰。

2.3 链霉菌的防控效果评估

基于 MetaWin 软件对链霉菌施用对土传病害防控效果进行 meta 分析,结果表明,链霉菌的施用可显著降低 2 种土传病害的平均效应值($MES_{\text{整体}} = -1.39$, $P_{Q\text{整体}} = 0.000\,02$; $MES_{\text{枯萎病}} = -1.31$, $P_{Q\text{枯萎病}} = 0.000\,6$; $MES_{\text{青枯病}} = -1.69$, $P_{Q\text{青枯病}} = 0.002\,4$),进一步对 3 组数据进行总体异质性 Q 检验,均显示存在显著异质性($P_Q < 0.05$),说明结果受多种变量影响,可引入相关调节因子进一步探讨其作用机制。此外,对 3 类数据的平均防控效率进行分析,结果表明链霉菌处理显著降低了土传病害(如青枯病、枯萎病)的发病率,平均防控效率分别为整体 (68.67 ± 1.46)%、枯萎病 (67.60 ± 1.55)% 和青枯病 (73.11 ± 3.88)% (表 1)。

2.4 链霉菌防效的影响因素异质性检验

引入变量进行影响因素探究,结果见表 2,表明作物科类、施用剂量、链霉菌/病原菌终浓度比和气候类型等 4 类因子对枯萎病和青枯病的防控效果均产生显著异质性($P < 0.05$),说明这些因素对链霉菌的防效具有重要影响。进一步分析发现,在防控土传枯萎病的研究中,实验类型、作物科类、施用剂量、土壤中链霉菌与病原菌的终浓度比和气候类型 5 类因子显著影响链霉菌对枯萎病的防控效果($P < 0.05$)。相比之下,在防控土传青枯病的研究中,则是施用方式、土壤中链霉菌与病原菌的终浓度比及气候类型等 3 类因子对链霉菌防效显著($P < 0.05$)。

2.5 链霉菌防控 2 种土传病害的影响因子探究

为了明确作物类型、土壤中链霉菌终浓度、链霉菌/病原菌浓度比值和气候类型对链霉菌生物菌剂防控 2 种土传病害效率的影响,根据作物科类将数据分为 6 个类别:葫芦科、锦葵科、茄科、禾本科、芭蕉科和“其他科类”作物(如大葱、杭白菊、草莓等)。结果显示,除了锦葵科外,其他作物科类均显示出显著的防控效

表1 链霉菌对2种常见土传病害的防控效果

Table 1 Statistics of control efficiency of *Streptomyces* on the two common soil-borne diseases

Soil-borne diseases	Xc (%)	Xe (%)	CE (%)	MES	k	P	LCI	UCI	Q	P _Q
Two diseases	75.22	23.57	68.67	-1.39***	141	0.001***	-1.5	-1.3	683*	0.000 02***
<i>Fusarium</i> wilt	75.58	24.49	67.60	-1.31***	113	0.010*	-1.4	-1.2	1 074**	0.000 60***
Bacterial wilt	73.75	19.83	73.11	-1.69***	28	0.001***	-2.0	-1.4	292*	0.002 40**

Xc表示对照组的发病率平均值; Xe表示处理组的发病率平均值; CE表示链霉菌菌剂处理的平均防控效率; MES表示平均效应值; k表示样本量; P表示差异显著性; LCI表示95%置信区间下限; UCI表示95%置信区间上限; Q表示异质性; P_Q表示Q的显著性检验值。*、**、***分别表示P<0.05、P<0.01、P<0.001。下同。

Xc represents the average disease incidence of the control; Xe represents the average disease incidence of the treatment; CE represents the average control efficacy *Streptomyces*-based bio-agents; MES represents the mean of effect size value; k represents sample size; P represents the significance; LCI represents the lower limit of 95% confidence interval; UCI represents the upper limit of 95% confidence interval; Q represents the heterogeneity; P_Q represents the significance of Q. *, **, *** represents P<0.05, P<0.01, P<0.001, respectively. The same below.

表2 各类影响因素对链霉菌防效的异质性检验

Table 2 Heterogeneity test of influencing factors on the efficacy of *Streptomyces*

Influencing factors	Two diseases			<i>Fusarium</i> wilt			Bacterial wilt		
	k	QM	P	k	QM	P	k	QM	P
Experiment type	140	1.8	0.3	112	3.9*	P<0.05	27	1.9	0.2
Crop family	139	17.0**	P<0.01	111	12.6*	P<0.05	26	0.4	0.8
<i>Streptomyces</i> form	140	0.6	0.9	112	3.1	0.4	26	0.2	0.7
Application mode	140	3.0	0.6	112	1.2	0.9	26	10.1**	P<0.01
Application dose	86	27.5***	P<0.001	67	12.1*	P<0.05	17	1.0	0.3
Concentration ratio of <i>Streptomyces</i> to pathogen	68	27.4***	P<0.001	49	11.0*	P<0.05	17	6.0*	P<0.05
Climate type	139	16.7**	P<0.01	112	15.7**	P<0.01	26	14.0***	P<0.001

k表示样本量; QM表示异质性; P为QM的显著性。

k represents sample size; QM represents heterogeneity; P represents the significance of QM.

果(图 1A)。链霉菌对茄科和禾本科作物的防控效果尤为显著且稳定, 防控效率分别为(73.00±2.75)%和(71.27±2.75)%。根据土壤中链霉菌的终浓度不同, 数据被分为 5 个浓度梯度 10⁴–10⁸ CFU/g。各链霉菌终浓度处理下的土传病害防控效应置信区间均不与 0 (无效线)交叉, 表明它们对病害具有显著效果(图 1B)。其中, 链霉菌终浓度为 10⁷ CFU/g 时防控效果最好, 且其置信区间最小, 表明其防控效果最为稳定, 其平均防控效率高达(69.23±4.78)%。进一

步分析链霉菌与病原菌终浓度比值 1:10、1:1、10:1、100:1 和 1 000:1, 发现所有比值下的防控效应均显著(图 1C)。1:1 和 100:1 的防控效果较好且稳定, 对 2 种土传病害的平均防控效率分别为(63.58±4.49)%和(70.63±4.88)%。根据气候类型分析, 结果显示不同气候条件下链霉菌生物菌剂均能显著防控土传病害(图 1D)。在热带季风气候区的防控效果最佳, 平均防控效率为(77.07±3.56)%, 表现出较高的稳定性。除高原高山气候外, 其他气候类型均表现良好。

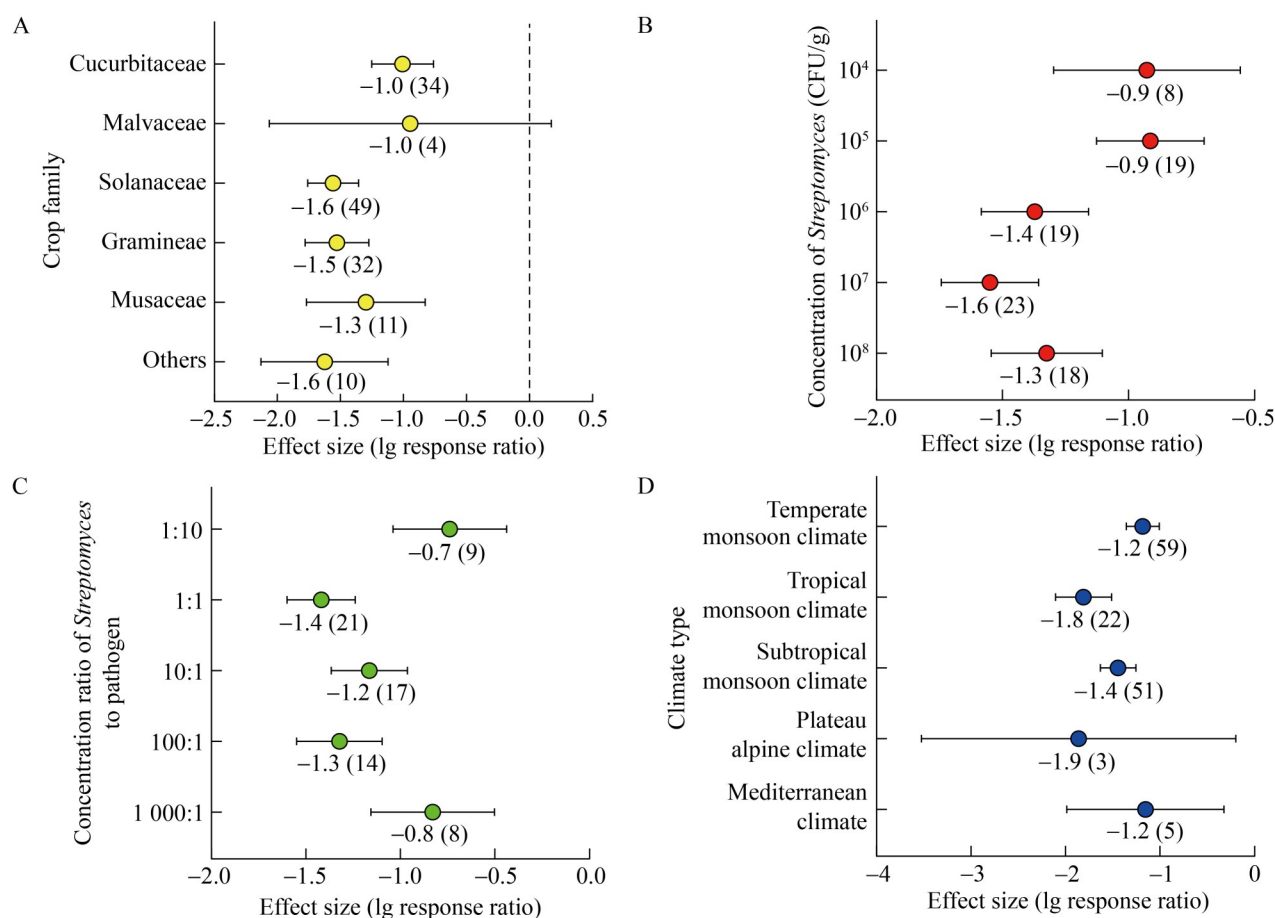


图1 不同因子对链霉菌防控土传病害效应的影响。A: 作物种类; B: 施用剂量; C: 终浓度比; D: 气候类型。

Figure 1 The effect size of different factors on the biocontrol efficacy of *Streptomyces* against soil-borne disease. A: Crop family; B: Application dose; C: Concentration ratio of *Streptomyces* to pathogen; D: Climate type.

2.6 链霉菌防控土传枯萎病的影响因素分析

对影响链霉菌防效的因素进行探究, 结果如图 2 所示。根据实验类型, 数据被分为盆栽和大田 2 种类型(图 2A)。两者的防控效应均显著, 且盆栽的防控效果优于大田, 平均防控效率为 $(68.63 \pm 1.98)\%$ 。根据作物科类, 将数据分为葫芦科、锦葵科、茄科、禾本科、芭蕉科及“其他科类”6 种(图 2B)。除锦葵科外, 其他科类均表现出显著的防控效果。链霉菌对茄科和禾本科的防控效果最为显著且稳定, 防控效率分别为 $(72.50 \pm 3.97)\%$ 和 $(71.10 \pm 2.83)\%$ 。按照土

壤中链霉菌的终浓度 10^4 – 10^8 CFU/g, 将数据分为 5 个浓度梯度(图 2C)。所有浓度梯度均对枯萎病有显著防控效果, 且 10^7 CFU/g 的防控效果最优, 平均防控效率为 $(71.56 \pm 6.21)\%$ 。其置信区间最小, 表明其防控效果最为稳定。将链霉菌与病原菌的浓度比值按照 1:10、1:1、10:1、100:1 和 1 000:1 分为 5 个梯度, 探究其对链霉菌防控效果的影响(图 2D), 发现除了 1 000:1 外, 其他比值均有显著防控效果, 1:1 的防控效果最优, 平均防控效率为 $(65.01 \pm 4.95)\%$ 。根据气候类型, 数据被分为温带季风气候、热带季风气候、亚热带季风气候、高原高山气候和

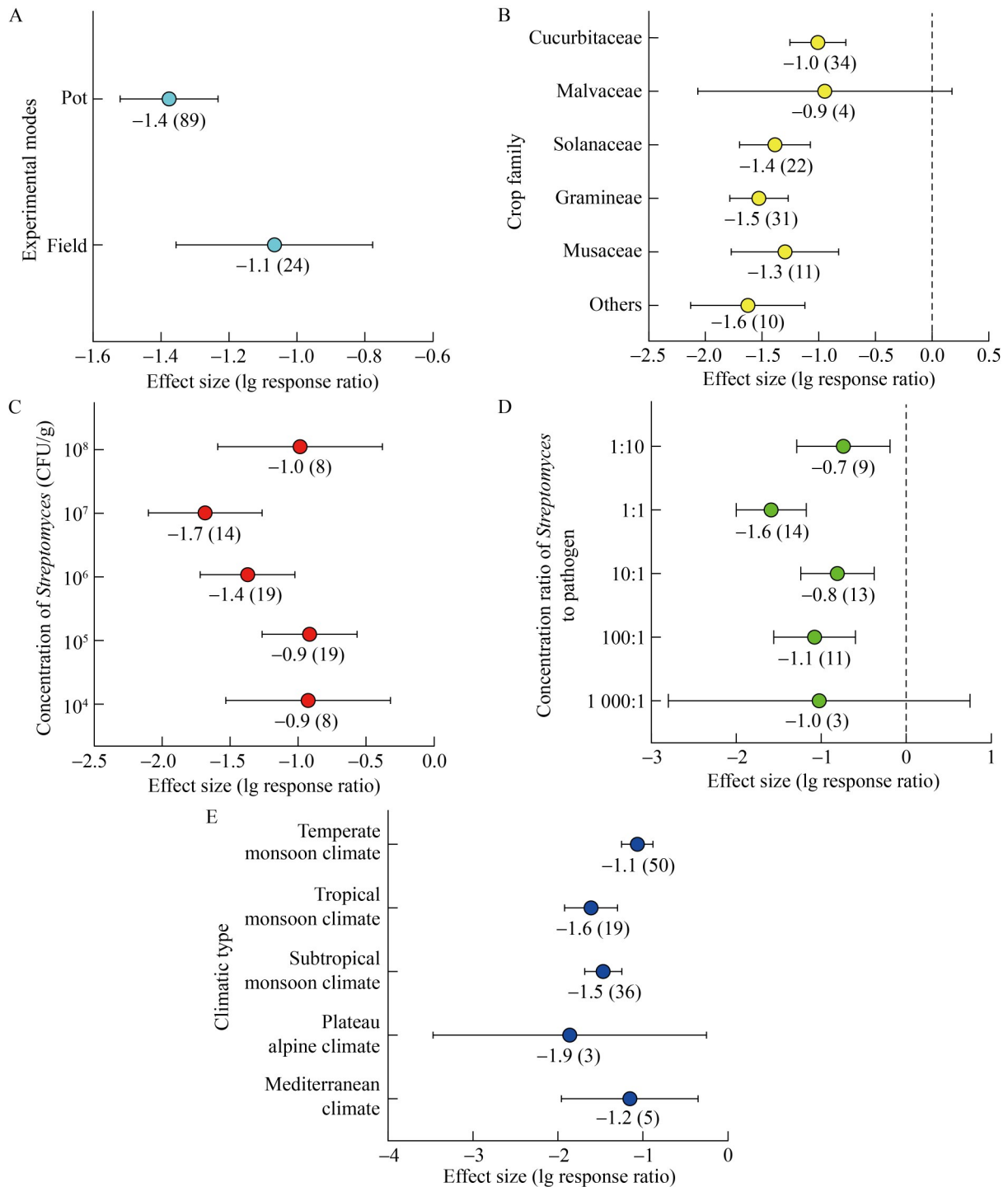


图2 不同因子对链霉菌防控枯萎病效应的影响。A: 实验类型; B: 作物科类; C: 施用剂量; D: 终浓度比; E: 气候类型。

Figure 2 The effect size of different factors on the biocontrol efficacy of *Streptomyces* against *Fusarium* wilt disease. A: Experiment type; B: Crop family; C: Application dose; D: Concentration ratio of *Streptomyces* to pathogen; E: Climate type.

地中海气候 5 种气候类型(图 2E)。所有气候类型下均有显著防控效果,且在热带季风和亚热带季风气候区的防控效果较好,平均防控效率分别为 $(74.43 \pm 3.74\%)$ 和 $(70.97 \pm 2.91\%)$ 。

2.7 链霉菌防控土传青枯病的影响因素分析

为了明确施用方式、土壤中链霉菌/病原菌浓度比值和气候类型对链霉菌防控土传青枯病效率的影响,结果如图 3 所示。根据施用方式,将数据分为拌土、灌根和穴施 3 种施用方式(图 3A)。在穴施时,链霉菌对青枯病防控效应的置信区间与 0 (无效线)相交,表明除穴施以外的其他施用方式均有显著的防控效果,其中拌土防控效果最显著($P < 0.01$),平均防控效率为 $(68.16 \pm 12.75\%)$ 。根据土壤中链霉菌与青枯菌的终浓度比值(1:1、10:1、100:1、1 000:1)进行分析(图 3B)。4 种比值的防控效应置信区间均未与无效线 0 相交,表明这些浓度比值对青枯病均有显著防控效果。浓度比值 10:1 和 100:1 的防控效果较为显著,平均防控效率分别为 $(71.45 \pm 15.8\%)$ 和 $(79.6 \pm 11.51\%)$ 。根据气候类型,将数据分为温带季风、热带季风和亚热带季风 3 种气候类型(图 3C),在这 3 种气候类型下施用链霉菌生物菌剂对青枯病均有显著防控效果。热带季风气候区的防控效果最显著,平均防控效率高达 $(89.34 \pm 6.00\%)$ 。

2.8 不同菌株及遗传距离对链霉菌防控效率的影响

对收集的 37 条有效 16S rRNA 基因序列进行 MEGA 系统发育分析,结果显示 7 个链霉菌菌株的防控效率超过 85.00%,具体为: *Streptomyces ramulosus* B 2714 (98.00%)、*S. toxytricini* XF-7 (96.93%)、*S. sampsonii* KJ 40 (92.70%)、*S. racemochromogenes* A20 (91.48%)、*S. griseofuscus* 12870 (91.10%)、*S. hydrogenans* DH16 (89.85%)、*S. pratensis* S10 (86.62%) (图 4)。为了进一步评估所用链霉菌菌株对其防控效率

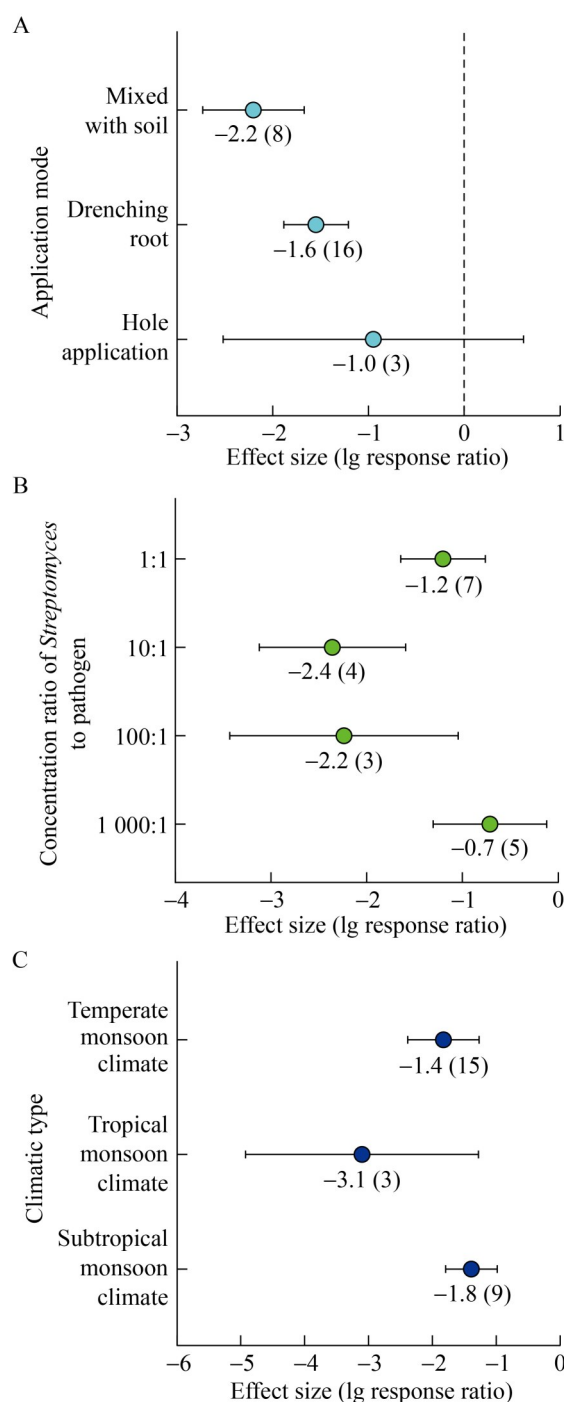
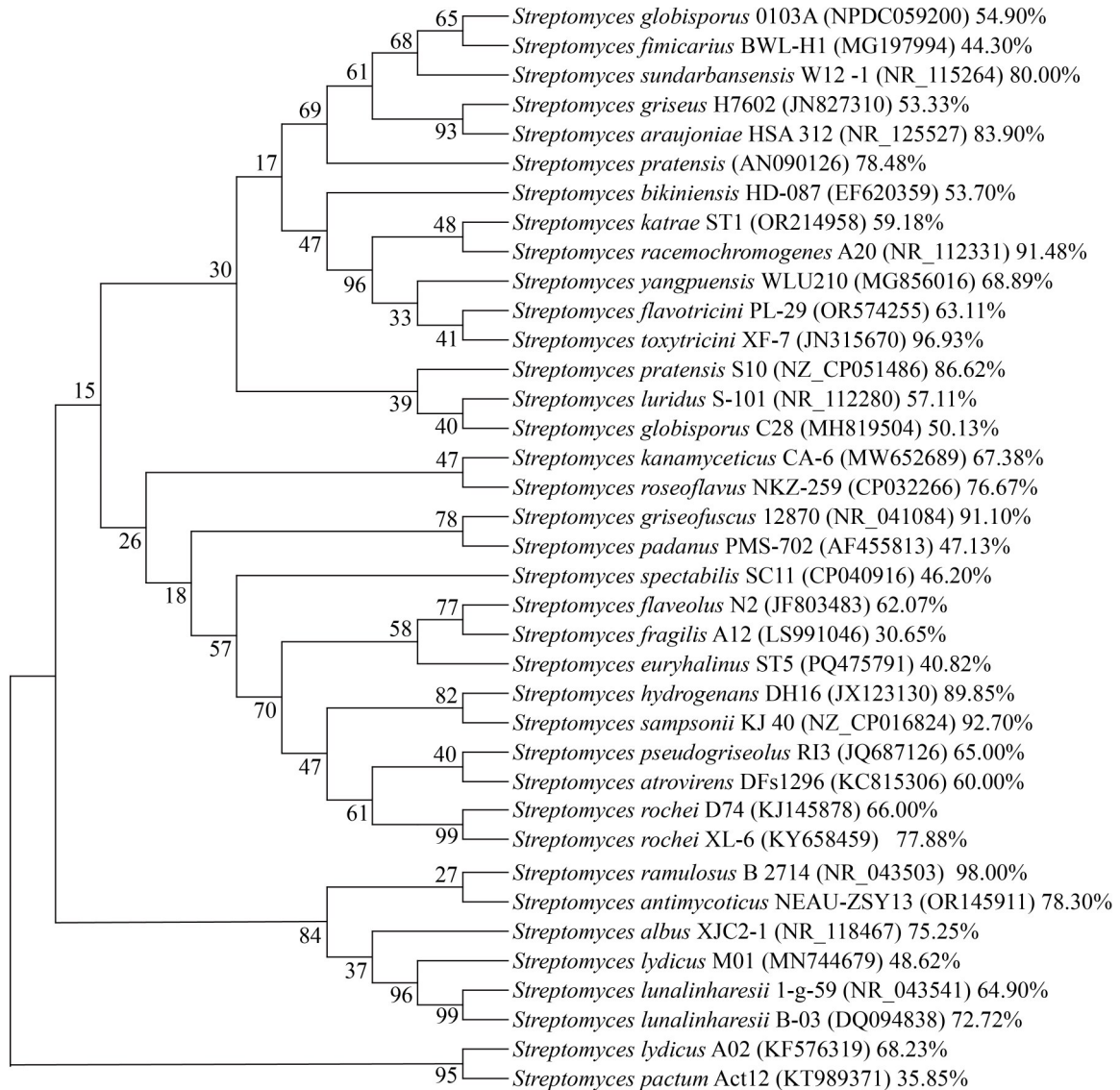


图3 不同因子对链霉菌防控青枯病效应的影响。A: 施用方式; B: 终浓度比; C: 气候类型。

Figure 3 The effect size of different factors on the biocontrol efficacy of *Streptomyces* against bacterial wilt disease. A: Application mode; B: Concentration ratio of *Streptomyces* to pathogen; C: Climate type.

A



B

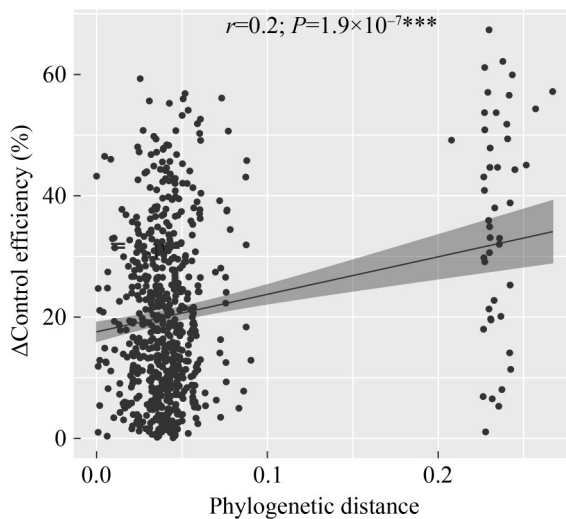


图4 不同菌株及遗传距离对链霉菌防控效率的影响。A: 链霉菌的系统发育关系及防控率; B: 防控效率差异(Δ)与遗传距离的相关性。在链霉菌的系统发育树中, 每个菌株名称后括号内为其在GenBank数据库中的登录号, 百分比为该菌株在防控病害实验中的防效平均值(control efficiency)。系统发育树采用邻接(neighbor-joining, NJ)法构建, 树上分支点处的数字表示链霉菌间的亲缘关系(bootstrap法, $n=1\ 000$ 次)。

Figure 4 The effect of different strains and the phylogenetic distances on the biocontrol efficacy of *Streptomyces* against soil-borne disease. A: Phylogenetic relationship of the tested sequences of *Streptomyces* with its efficacy; B: Correlation between the change (Δ) of biocontrol efficacy and phylogenetic distance. In the phylogenetic tree of *Streptomyces*, strain names are followed by their corresponding accession numbers in the GenBank database, and the percentages represent the mean of control efficiency in disease management assays. The phylogenetic tree was constructed using the neighbor-joining (NJ) method, numbers at the nodes of branch indicate the phylogenetic relationship between *Streptomyces* (calculated by bootstrap, $n=1\ 000$).

的影响, 进行了菌株间防控效率差异[Δ control efficiency (%)]与遗传距离(phylogenetic distance)的相关性分析, 结果表明防控效率差异与遗传距离之间存在显著的正相关关系($r=0.2$, $P=1.9\times 10^{-7}$), 表明菌株间的遗传相似性越高, 其防控效率也越接近。

3 讨论

土传病害是指寄居于土壤中的植物病原物在适宜条件下侵染植物并引起作物发病的一类病害, 这些病原物危害性强、宿主广泛, 往往造成严重的经济损失^[22-24]。例如, 香蕉、辣椒、番茄、马铃薯、茄子以及部分豆科蔬菜等, 既易受到植物病原真菌的侵染, 也可被植物病原细菌侵染, 从而引发 2 种病害的连发, 严重影响作物产量^[25]。胡星磊等^[2]研究发现, 链霉菌是对青枯病防效最佳的生防菌剂之一。黄穗萍等^[26]研究发现, 链霉菌能够显著降低土壤中尖孢镰刀菌的相对丰度, 削弱病原菌的种群优势, 从而抑制土传病害的发生。王文丽等^[27]研究发现, 链霉菌不仅能够抑制青枯菌的生长, 其发酵上清液还能够显著影响青枯菌胞外多糖的分泌量, 进而抑制青枯菌的定殖。为进一步评估链霉菌对土传病害的防控效果, 本研究基于前人的研究数据, 通过 meta 分析发现, 链霉菌生物菌剂的施用对 2 种常见的土传病害均有显著

防控效果, 具体而言, 链霉菌对枯萎病的平均防控效率约为 67.60%, 对青枯病的平均防控效率约为 73.11%。为进一步指导链霉菌的应用, 本研究综合评估了链霉菌在防控土传病害中的作用, 并分析了试验类型、作物科类、链霉菌的施用形式、施用剂量、链霉菌与病原菌浓度比值和气候类型等因素对土传病害防控效果的影响。

Wang 等^[28]研究显示, 芽孢杆菌(*Bacillus*)生物菌剂的防治效果随其菌液浓度的增加而增强; Zhang 等^[29]研究发现, 施用后土壤中生防菌剂的浓度决定了可参与拮抗病原真菌的有效菌群数量进而影响生防效果。本研究评估了链霉菌终浓度对防控效果的影响, 结果表明与未施用组相比, 土壤中不同的链霉菌终浓度均可显著降低 2 种土传病害的发病率, 且其防控效率随着浓度的增加而提高, 当土壤中链霉菌终浓度为 10^7 CFU/g 时, 其防控效果最佳(图 1B、2C), 这一结果与前人研究一致。当土壤中链霉菌终浓度为 10^8 CFU/g 时, 链霉菌施用对青枯菌的防控效果同样显著, 但与 10^7 CFU/g 时的防效无显著差异(编号为 NMDCX0002099)。冯永新等^[30]在研究中发现革兰氏阳性生防菌浓度高于 10^7 CFU/mL 时对青枯病的防效在 50% 以上。姚博等^[31]研究发现, 在一定范围内, 较高的菌剂浓度有助于生防菌在土壤中占据更多的生态位, 从而提升其防控效果, 然而, 当浓度超过该范围时, 防控效果不再显著提高。因此, 为了节约成本,

在实际农业生产中可以选择土壤中链霉菌的终浓度为 10^7 CFU/g 来防控土传枯萎病和青枯病。

生防菌在植物根际的定殖是其发挥防控效果的重要前提, 定殖的有效性直接决定了生防菌是否能在根际环境中稳定存在并发挥作用^[32-33]。拌土是将生物菌剂与土壤按一定比例均匀混合, 使功能微生物在土壤中分布均匀, 改变土壤微生物群落组成。作物定殖后, 功能菌可尽早在根际定殖, 从而调控根际微生物群落、维持作物健康^[34-36]。陈杰^[37]研究发现, 拌土能够显著提升作物的抗逆性; 郭志英^[38]则指出, 在辣椒根际土壤中接种生防菌 40 d 后, 功能菌仍能被检测到, 且该处理的植株抗病能力显著提高。本研究综合分析链霉菌生物菌剂的施用方式, 发现与灌根、穴施等方式相比, 拌土方式下, 链霉菌生物菌剂对青枯病的防控效果最佳, 平均防控效率可达 $(68.16 \pm 12.75)\%$ (图 3A)。进一步分析链霉菌与病原菌的终浓度比值, 发现链霉菌与土壤中镰刀菌的终浓度比值为 1:1 时, 链霉菌生物菌剂对枯萎病的防控效果最佳(图 2D); 而链霉菌与土壤中青枯菌的终浓度比值为 10:1 和 100:1 时, 对青枯病的防控效果最好(图 3B)。胡星磊等^[2]的研究表明, 在明确土壤中病原菌浓度的基础上, 添加拮抗菌, 使功能菌与病原菌的比例成为影响防控效果的关键。因此, 为获得链霉菌生物菌剂更好的生防效果, 在应用时应先测定病原菌浓度, 然后计算合理的施用剂量。例如, 在防控枯萎病时, 链霉菌浓度应与病原菌浓度相当, 而防控青枯病时, 则需更高的链霉菌浓度。

研究表明, 植物有益细菌的多样性在低纬度地区达到峰值, 呈现出显著的纬度多样性梯度, 其分布主要受环境过滤和宿主植物种类的影响^[8,39]。本研究发现, 链霉菌防控枯萎病和青枯病的试验点位主要分布在温带和热带地区, 其中在热带季风气候区的防效最为显著(图 1D、2D、3C)。张修群等^[40]研究发现, 枯萎病和青枯病通常发生在高温 $25-37\text{ }^{\circ}\text{C}$, 土壤温度约为

$25\text{ }^{\circ}\text{C}$, pH 值约为 6.6, 以及高湿(相对湿度 80% 以上)等环境条件下。青枯病主要流行于温暖、湿润、雨水充沛的热带和亚热带地区, 而枯萎病的分布范围更广, 涵盖温带、亚热带及热带地区。链霉菌作为常见的放线菌, 其最适生长温度为 $26-32\text{ }^{\circ}\text{C}$; 适宜 pH 范围为 6.5–8.5, 且需要良好的通气条件。因此, 在温带和热带地区施用链霉菌生物菌剂有助于提升其对枯萎病和青枯病的防控效果。

研究表明, 自然界中 70% 以上的抗生素由链霉菌产生, 如春雷霉素、白肽霉素、磷氮霉素、鱼藤霉素、变构霉素和变构菌素等, 均可有效抑制土传病害的发生^[41]。张林普^[42]研究发现, 春日链霉菌(*S. kasugaensis*)分泌的抗生素可通过干扰病原菌代谢、破坏其蛋白质合成抑制菌丝生长, 最终使稻瘟病菌 *M. oryzae* 丧失侵染和繁殖能力。李莉等^[43]研究指出, 金色链霉菌(*S. aureofaciens*)分泌的肽嘧啶核苷酸类抗生素多抗霉素可通过阻碍病原真菌细胞壁的形成抑制病原菌的生长, 降低发病率。李桂花等^[44]发现链霉菌分泌的几丁质酶可催化水解茶树根腐病原菌(*F. cugenangense*)细胞壁中的几丁质, 从而发挥抑病作用。此外, 链霉菌还可通过诱导植物产生系统抗性以提升抗病性^[45]。薛正莲等^[46]研究发现, 吸水链霉菌(*S. hygroscopicus*)可提高水稻叶片中的过氧化物酶和苯丙氨酸解氨酶的活性, 从而增强作物抗性。Liu 等^[8]研究发现链霉菌可以给植物提供激素吲哚-3-乙酸、脱落酸和 1-氨基环丙烷-1-羧酸脱氨酶, 这些物质在调控植物非生物胁迫响应中发挥重要作用。本研究进一步发现, 不同链霉菌菌株的防控效率差异 [Δ control efficiency (%)] 与其遗传距离 (phylogenetic distance) 呈显著正相关 ($r=0.2$, $P=1.9 \times 10^{-7}$), 这可能归因于其可合成的次级代谢产物具有相似性。Xia 等^[20]对 545 株代表性芽孢杆菌全基因组序列进行 meta 分析, 发现菌株次级代谢产物生物合成基因簇(biosynthetic gene clusters, BGCs)的分布与系统发育关系高度一致。

Aiyaz 等^[47]的研究也显示, 遗传距离较大的菌株可能具有不同的生防能力, 菌株间防效差异与系统发育关系密切相关。因此, 链霉菌作为一种在抑制病原菌生长、诱导植物抗性等方面具有巨大潜力的微生物, 其发展前景非常广阔。综上所述, 链霉菌在抑菌、诱导抗性等方面表现出良好的防控潜力, 具备广阔的发展前景。本研究分析结果进一步表明, 链霉菌对禾本科和茄科作物的防控效果较佳, 但该相关性尚需进一步深入研究验证。

4 结论

链霉菌的施用对枯萎病和青枯病均表现出显著的防控效果, 平均防效分别为 67.60% 和 73.11%。在热带季风气候区, 采用拌土法施用链霉菌, 并使土壤中链霉菌的终浓度达到 10^7 CFU/g, 可实现对 2 种病害的最佳防控效果。本研究还发现, 链霉菌与病原菌的比例对防效具有显著影响: 在防控枯萎病时, 当两者在土壤中的比例为 1:1 时效果最佳; 而在防控青枯病时, 以 10:1 或 100:1 的比例施用链霉菌可获得更佳效果。此外, 链霉菌菌株间的防控效率差异与其系统发育上的遗传距离呈显著正相关。本研究结果为链霉菌在防控土传性枯萎病和青枯病中的应用提供了理论支持和实践参考。

作者贡献声明

白鸽: 数据收集, 统计分析, 论文撰写等; 李言雨: 部分数据收集; 刘彩霞: 统计分析指导; 邱巍: 软件使用指导; 袁军: 论文框架指导, 论文修改等; 秦华: 分析指导; 赵梦丽: 论文框架设计, 分析指导, 图片可视化, 论文修改等; 徐秋芳: 分析指导。

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] 韦中, 沈宗专, 杨天杰, 王孝芳, 李荣, 徐阳春, 沈其荣. 从抑病土壤到根际免疫: 概念提出与发展思考[J]. 土壤学报, 2021, 58(4): 814-824.
WEI Z, SHEN ZZ, YANG TJ, WANG XF, LI R, XU YC, SHEN QR. From suppressive soil to rhizosphere immunity: towards an ecosystem thinking for soil-borne pathogen control[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, 58(4): 814-824 (in Chinese).
- [2] 胡星磊, 白鸽, 邱巍, 袁军, 秦华, 赵梦丽, 徐秋芳. 生物菌剂对青枯病防控效果及其影响因素的优化[J]. 植物营养与肥料学报, 2024, 30(4): 655-665.
HU XL, BAI G, QIU W, YUAN J, QIN H, ZHAO ML, XU QF. Control effect of biological agents on soil-born bacterial wilt and the optimization of the influencing factors[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2024, 30(4): 655-665 (in Chinese).
- [3] 杨凡, 姜华艳, 马凯, 蔡毓新, 常高正, 史宣杰. 瓜菜枯萎病及生防根际微生物组研究进展[J]. 微生物学通报, 2024, 51(1): 50-65.
YANG F, JIANG HY, MA K, CAI YX, CHANG GZ, SHI XJ. Research progress in *Fusarium* wilt of cucurbitaceous vegetables and rhizosphere microbiome for biocontrol[J]. *Microbiology China*, 2024, 51(1): 50-65 (in Chinese).
- [4] 吴思炫, 高复云, 张锐澎, 苏浩, 姚槐应, 范雪莲, 李雅颖. 番茄青枯病生物防治的研究进展[J]. 应用生态学报, 2023, 34(9): 2585-2592.
WU SX, GAO FY, ZHANG RP, SU H, YAO HY, FAN XL, LI YY. Research progress in biological control of tomato bacterial wilt[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2023, 34(9): 2585-2592 (in Chinese).
- [5] 林钰恒. 基于币斑病菌菌丝富集的草坪草种子内源生防细菌的高效筛选及其生防潜能评估[D]. 南京: 南京农业大学, 2022.
LIN YH. Efficient screening of endogenous biocontrol bacteria from turfgrass seeds based on mycelium enrichment and evaluation of biocontrol potential[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2022 (in Chinese).
- [6] WANG XF, WEI Z, YANG KM, WANG JN, JOUSSET A, XU YC, SHEN QR, FRIMAN VP. Phage combination therapies for bacterial wilt disease in tomato[J]. *Nature Biotechnology*, 2019, 37(12): 1513-1520.
- [7] YUAN XF, HONG S, XIONG W, RAZA W, SHEN ZZ, WANG BB, LI R, RUAN YZ, SHEN QR, DINI-ANDREOTE F. Development of fungal-mediated soil suppressiveness against *Fusarium* wilt disease via plant residue manipulation[J]. *Microbiome*, 2021, 9(1): 200.
- [8] LIU HW, LI JY, SINGH BK. Harnessing co-evolutionary interactions between plants and Streptomyces to combat drought stress[J]. *Nature Plants*, 2024, 10(8): 1159-1171.
- [9] ZHAO ML, YUAN J, ZHANG RF, DONG MH, DENG XH, ZHU CZ, LI R, SHEN QR. Microflora that harbor the NRPS gene are responsible for *Fusarium* wilt disease-suppressive soil[J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, 132: 83-90.
- [10] 李志丹, 黄奇, 林列, 陈浩, 薛健, 雷鹏, 王瑞, 李莎, 徐虹,

- 谷益安. 利迪链霉菌 M01 对番茄生长、青枯病发病率及根际细菌群落组成的影响[J]. 微生物学通报, 2023, 50(6): 2508-2518.
- LI ZD, HUANG Q, LIN G, CHEN H, XUE J, LEI P, WANG R, LI S, XU H, GU YA. Effects of *Streptomyces lydicus* M01 on growth, bacterial wilt incidence, and rhizosphere bacterial community composition of tomatoes[J]. Microbiology China, 2023, 50(6): 2508-2518 (in Chinese).
- [11] SANSINENEA E, ORTIZ A. Melanin: a photoprotection for *Bacillus thuringiensis* based biopesticides[J]. Biotechnology Letters, 2015, 37(3): 483-490.
- [12] GLARE TR, O'CALLAGHAN M. Microbial biopesticides for control of invertebrates: progress from New Zealand[J]. Journal of Invertebrate Pathology, 2019, 165: 82-88.
- [13] 索琳娜, 马杰, 刘宝存, 孙向阳, 陈广锋. 土壤调理剂应用现状及施用风险研究[J]. 农业环境科学学报, 2021, 40(6): 1141-1149.
- SUO LN, MA J, LIU BC, SUN XY, CHEN GF. Soil conditioner application status and application of risk research[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2021, 40(6): 1141-1149 (in Chinese).
- [14] 操一凡, 沈宗专, 刘珊珊, 姜雪婷, 李荣, 沈其荣. Meta 分析评估中国木霉对枯萎病防控效果及其影响因素[J]. 土壤学报, 2019, 56(3): 716-727.
- CAO YF, SHEN ZZ, LIU SS, JIANG XT, LI R, SHEN QR. Evaluation of effect of *Trichoderma* controlling *Fusarium* wilt disease and its influencing factors with meta-analysis in China[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(3): 716-727 (in Chinese).
- [15] ROSENTHAL R. The file drawer problem and tolerance for null results[J]. Psychological Bulletin, 1979, 86(3): 638-641.
- [16] MA XM, ZHU B, NIE YX, LIU Y, KUZYSKOV Y. Root and mycorrhizal strategies for nutrient acquisition in forests under nitrogen deposition: a meta-analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, 163: 108418.
- [17] 彭少麟, 郑凤英. Meta 分析及 MetaWin 软件[J]. 土壤与环境, 1999, 8(4): 295-299.
- PENG SL, ZHENG FY. Introduction of MetaWin software[J]. Soil and Environmental Sciences, 1999, 8(4): 295-299 (in Chinese).
- [18] HEDGES LV, GUREVITCH J, CURTIS PS. The meta-analysis of response ratios in experimental ecology[J]. Ecology, 1999, 80(4): 1150-1156.
- [19] CASPERMEYER J. MEGA software celebrates silver anniversary[J]. Molecular Biology and Evolution, 2018, 35(6): 1558-1560.
- [20] XIA LM, MIAO YZ, CAO AL, LIU Y, LIU ZH, SUN XL, XUE YS, XU ZH, XUN WB, SHEN QR, ZHANG N, ZHANG RF. Biosynthetic gene cluster profiling predicts the positive association between antagonism and phylogeny in *Bacillus*[J]. Nature Communications, 2022, 13: 1023.
- [21] 张荣胜, 戴秀华, 陈志谊. 解淀粉芽孢杆菌 Lx-11 对水稻细菌性条斑病的防治效果[J]. 江苏农业科学, 2014, 42(10): 115-116.
- ZHANG RS, DAI XH, CHEN ZY. The control effect of *Bacillus amyloliformis* Lx-11 on bacterial stripe disease in rice[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2014, 42(10): 115-116 (in Chinese).
- [22] 蔡祖聪, 黄新琦. 土壤学不应忽视对作物土传病原微生物的研究[J]. 土壤学报, 2016, 53(2): 305-310.
- CAI ZC, HUANG XQ. Soil-borne pathogens should not be ignored by soil science[J]. Acta Pedologica Sinica, 2016, 53(2): 305-310 (in Chinese).
- [23] 任改弟, 王光飞, 马艳. 根系分泌物与土传病害的关系研究进展[J]. 土壤, 2021, 53(2): 229-235.
- REN GD, WANG GF, MA Y. Research progresses on relationship between plant root exudates and soil-borne diseases[J]. Soils, 2021, 53(2): 229-235 (in Chinese).
- [24] 陈雪, 莫芹, 陈一帆, 李丹, 沈渊, 章寅, 吕贝贝. 大豆土传病害生防菌及其应用研究进展[J]. 中国油料作物学报, 2023, 45(5): 1082-1094.
- CHEN X, MO Q, CHEN YF, LI D, SHEN Y, ZHANG Y, LYU BB. Research progress on biocontrol bacteria for soybean soil-borne diseases and its application[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2023, 45(5): 1082-1094 (in Chinese).
- [25] 徐国辉. 甘薯黑斑病生防菌的筛选鉴定及防病促生效果研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2023.
- XU GH. Screening and identification of biocontrol bacteria against sweet potato black spot and effect of disease control and growth promotion[D]. Tai'an: Shandong Agricultural University, 2023 (in Chinese).
- [26] 黄穗萍, 李其利, 韦绍龙, 唐利华, 陈小林, 黄素梅, 郭堂勋. 米修链霉菌 TF78 对香蕉枯萎病的田间防效及根际土壤微生物的影响[J]. 微生物学通报, 2022, 49(9): 3693-3708.
- HUANG SP, LI QL, WEI SL, TANG LH, CHEN XL, HUANG SM, GUO TX. Effects of *Streptomyces misionensis* TF78 on *Fusarium* wilt of field-grown banana and rhizosphere soil microorganisms[J]. Microbiology China, 2022, 49(9): 3693-3708 (in Chinese).
- [27] 王文丽, 金涵, 从炳成, 周蕾, 韦中, 王世梅. 复合微生物菌剂对番茄青枯病的生防效应[J]. 南京农业大学学报, 2022, 45(6): 1174-1182.
- WANG WL, JIN H, CONG BC, ZHOU L, WEI Z, WANG SM. Biocontrol effect of composite microbial agent on tomato bacterial wilt[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2022, 45(6): 1174-1182 (in Chinese).
- [28] WANG XB, LIANG GB. Control efficacy of an endophytic *Bacillus amyloliquefaciens* strain BZ6-1 against peanut bacterial wilt, *Ralstonia solanacearum*[J]. BioMed Research International, 2014, 2014(1): 465435.
- [29] ZHANG N, WANG ZQ, SHAO JH, XU ZH, LIU YP, XUN WB, MIAO YZ, SHEN QR, ZHANG RF. Biocontrol mechanisms of *Bacillus*: Improving the efficiency of green agriculture[J]. Microbial Biotechnology, 2023, 16(12): 2250-2263.
- [30] 冯永新, 关辉, 靳彦峰, 徐伟, 张卫东, 谭宏祥, 王静, 王杰. 短小芽孢杆菌与化学杀细菌剂协同防治烟草青枯病研究[J]. 中国烟草科学, 2021, 42(4): 44-49.
- FENG YX, GUAN H, JIN YF, XU W, ZHANG WD, TAN HX, WANG J, WANG J. Synergistic control effect of *Bacillus pumilus* AR03 and fungicides against tobacco

- bacterial wilt[J]. *Chinese Tobacco Science*, 2021, 42(4): 44-49 (in Chinese).
- [31] 姚博, 朱瑞芬, 徐远东, 孙万斌, 刘畅, 陈积山. 基于 Meta 评估生防菌剂对饲草作物真菌病害防效及其影响因素[J]. *草业学报*, 2025, 34(4): 189-200.
- YAO B, ZHU RF, XU YD, SUN WB, LIU C, CHEN JS. Effect of biocontrol agents to control forage crop fungal diseases and factors influencing their effectiveness: a meta-analysis[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2025, 34(4): 189-200 (in Chinese).
- [32] LIU YP, ZHANG HH, WANG J, GAO WT, SUN XT, XIONG Q, SHU X, MIAO YZ, SHEN QR, XUN WB, ZHANG RF. Nonpathogenic *Pseudomonas syringae* derivatives and its metabolites trigger the plant “cry for help” response to assemble disease suppressing and growth promoting rhizomicrobiome[J]. *Nature Communications*, 2024, 15: 1907.
- [33] LIU YP, XU ZH, CHEN L, XUN WB, SHU X, CHEN Y, SUN XL, WANG ZQ, REN Y, SHEN QR, ZHANG RF. Root colonization by beneficial rhizobacteria[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2024, 48(1): fuad066.
- [34] 赵梦丽. 生物有机肥驱动抑病型番茄根际微生物群落组装的微生态机制[D]. 南京: 南京农业大学, 2020.
- ZHAO ML. Microbial ecological mechanism of disease suppressive bacterial community in tomato rhizosphere driven by bio-organic fertilizer application[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2020 (in Chinese).
- [35] 葛越. 几种土壤生防微生物对烟粉虱控害潜能的研究[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2021.
- GE Y. Study on the application of several soil microorganisms for whitefly control[D]. Shenyang: Shenyang Agricultural University, 2021 (in Chinese).
- [36] 蒋春号. 蜡质芽胞杆菌 AR156 诱导植物对丁香假单胞菌及南方根结线虫抗性机理研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2016.
- JIANG CH. Studys on the mechanisms of inducing systemic resistance to *Pseudomonas syringae* and *Meloidogyne incognita* by *Bacillus cereus* AR156 in plant[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2016 (in Chinese).
- [37] 陈杰. 连作马铃薯健康生长的微生态机制及土传真菌病害生防菌研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2013.
- CHEN J. Microecological mechanism of healthy plant growth in continuous cropping potato fields and biocontrol microorganisms of soil-borne fungal diseases[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2013 (in Chinese).
- [38] 郭志英. 生防菌剂接种方法对辣椒防病促生作用及根区微生态的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2008.
- GUO ZY. Effect of biocontrol agents's inoculated methods on the pepper disease Prevention、Growth promoting function and microecology[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2008 (in Chinese).
- [39] LI PF, TEDERSOO L, CROWTHER TW, DUMBRELL AJ, DINI-ANDREOTE F, BAHRAM M, KUANG L, LI T, WU M, JIANG YJ, LUAN L, SALEEM M, de VRIES FT, LI ZP, WANG BZ, JIANG JD. Fossil-fuel-dependent scenarios could lead to a significant decline of global plant-beneficial bacteria abundance in soils by 2100[J]. *Nature Food*, 2023, 4(11): 996-1006.
- [40] 张修群, 韩小平, 雷国明. 蔬菜枯萎病和青枯病的识别与治理[J]. *中国植保导刊*, 2008, 28(7): 22-23.
- ZHANG XQ, HAN XP, LEI GM. Identification and control of vegetable wilt and bacterial wilt[J]. *China Plant Protection Guide*, 2008, 28(7): 22-23 (in Chinese).
- [41] 赵杨, 苗则彦, 李颖, 白元俊. 番茄灰霉病防治研究进展[J]. *中国植保导刊*, 2014, 34(7): 21-29.
- ZHAO Y, MIAO ZY, LI Y, BAI YJ. Research progress on controlling against tomato gray mold[J]. *China Plant Protection*, 2014, 34(7): 21-29 (in Chinese).
- [42] 张林普. 农用抗生素作用机制[J]. *国外药学(抗生素分册)*, 1982, 3(2): 134-140.
- ZHANG LP. Mechanisms of action of agricultural antibiotics[J]. *Foreign Pharmacy (Antibiotics Section)*, 1982, 3(2): 134-140 (in Chinese).
- [43] 李莉, 刘晓梅, 姜兆远, 王继春, 蔡红岩, 侯佳贤, 孙辉, 李建敏, 任金平. 三种药剂复配剂对诱导水稻稻瘟病抗性的影响[J]. *吉林农业科学*, 2015, 40(3): 59-61.
- LI L, LIU XM, JIANG ZY, WANG JC, CAI HY, HOU JX, SUN H, LI JM, REN JP. Effects of 3 kinds of chemical mixture on induced rice blast resistance[J]. *Journal of Jilin Agricultural Sciences*, 2015, 40(3): 59-61 (in Chinese).
- [44] 李桂花, 谭琳, 沈程文, 邓玉莲, 黄虹, 史子涵, 吉进军, 胡秋龙. 茶树根腐病拮抗放线菌分离、鉴定及生防潜能研究[J]. *植物保护*, 2024, 50(5): 87-96, 204.
- LI GH, TAN L, SHEN CW, DENG YL, HUANG H, SHI ZH, JI JJ, HU QL. Isolation, identification, and biocontrol potential of antagonistic actinomycetes against tea root rot caused by *Fusarium cugenangense*[J]. *Plant Protection*, 2024, 50(5): 87-96, 204 (in Chinese).
- [45] 林志伟, 于春生, 李海燕, 孙冬梅, 李敏, 张匀华. 哈茨木霉抗多菌灵突变株对大豆菌核病的诱导抗性生理[J]. *大豆科学*, 2016, 35(3): 472-476.
- LIN ZW, YU CS, LI HY, SUN DM, LI M, ZHANG YH. Induced resistance physiological on stem rot of soybean by carbendazim resistance mutant strain of *Trichoderma harzinaum*[J]. *Soybean Science*, 2016, 35(3): 472-476 (in Chinese).
- [46] 薛正莲, 王珊, 孙俊峰, 王芳, 周健. 链霉菌形态分化与次级代谢产物合成的研究进展[J]. *微生物学报*, 2021, 61(12): 3870-3886.
- XUE ZL, WANG S, SUN JF, WANG F, ZHOU J. Research progress on morphological differentiation and secondary metabolite biosynthesis of *Streptomyces*[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, 61(12): 3870-3886 (in Chinese).
- [47] AIYAZ M, DIVAKARA ST, PARTHASARATHY S, HARIPRASAD P, NAYAKA SC, NIRANJANA SR. Genetic diversity and biocontrol potential of rhizospheric microbes isolated from tomato and maize[J]. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 2015, 9: 239-248.