

草莓根腐病对根际细菌群落结构的影响及其生防潜力菌株筛选鉴定

孟盼盼^{1,2}, 赵娟², 刘亚勇², 李颖², 张涛涛², 王金辉^{1*}, 秦文韬^{2*}

1 河北农业大学 植物保护学院, 河北 保定

2 北京市农林科学院植物保护研究所, 北京

孟盼盼, 赵娟, 刘亚勇, 李颖, 张涛涛, 王金辉, 秦文韬. 草莓根腐病对根际细菌群落结构的影响及其生防潜力菌株筛选鉴定[J]. 微生物学报, 2026, 66(8): 3824-3838.

MENG Panpan, ZHAO Juan, LIU Yayong, LI Ying, ZHANG Taotao, WANG Jinhui, QIN Wentao. Effects of strawberry root rot on rhizosphere bacterial community structure and screening and identification of strains with biocontrol potential[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(8): 3824-3838.

摘要:【目的】探究不同地块健康与根腐病发病草莓根际土壤细菌群落特征及其与土壤理化性质的相关性, 挖掘对草莓根腐病菌具有显著抑制作用的根际有益细菌。【方法】通过高通量测序结合生物信息学分析, 明确健康与发病草莓根际细菌群落的差异特征及影响因素; 采用稀释平板法和对峙培养进行拮抗细菌的分离筛选, 结合形态学观察和多基因系统发育分析鉴定有益菌株的分类地位。【结果】与健康植株相比, 辛庄和康寿基地发病草莓根际细菌的 InvSimpson、Chao1 和 Shannon evenness 指数均有所下降($P>0.05$), 桃林基地患病样本的 InvSimpson、Shannon evenness 显著高于健康样本($P<0.05$)。β 多样性分析结果显示, 患病样本显著改变了根际微生物群落结构, 且患病样本根际细菌共现网络的复杂度和稳定性均降低。冗余分析(redundancy analysis, RDA)表明, 土壤总有机碳、速效磷、全钾等是影响草莓根际细菌群落结构变化的主要理化因素。从健康草莓根际筛选出 2 株对草莓根腐病菌具有显著拮抗作用的细菌 N2-10 和 N2-18, 其对供试草莓根腐病病原菌的抑制率分别为 55.6%–62.2% 和 54.5%–66.7%。经鉴定 N2-10 和 N2-18 分别为蜡样芽孢杆菌(*Bacillus cereus*)和贝莱斯芽孢杆菌(*Bacillus velezensis*)。【结论】本研究明确了根腐病发生对草莓根际细菌群落的影响, 挖掘出 2 株具有生防潜力的根际有益细菌, 可为解析草莓根腐病发生机制及研发微生物源绿色防控技术提供理论依据和菌种资源。

关键词: 根腐病; 根际细菌群落; 拮抗细菌; 生物防治; 草莓

资助项目: 北京市农林科学院创新能力建设项目(KJCX20251201, KJCX20240405); 国家自然科学基金(32502601)

This work was supported by the Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences Innovation Capacity Building Project (KJCX20251201, KJCX20240405) and the National Natural Science Foundation of China (32502601).

*Corresponding authors. E-mail: QIN Wentao, qinwentao@baafs.net.cn; WANG Jinhui, jinhwang@hebau.edu.cn

Received: 2026-01-26; Accepted: 2026-03-04; Published online: 2026-03-27

Effects of strawberry root rot on rhizosphere bacterial community structure and screening and identification of strains with biocontrol potential

MENG Panpan^{1,2}, ZHAO Juan², LIU Yayong², LI Ying², ZHANG Taotao², WANG Jinhui^{1*}, QIN Wentao^{2*}

1 College of Plant Protection, Hebei Agricultural University, Baoding, Hebei, China

2 Institute of Plant Protection, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing, China

Abstract: [Objective] We investigated the characteristics of rhizosphere bacterial communities of healthy and root rot-infected strawberry plants across different plots, as well as their correlations with soil physicochemical properties, aiming to discover and isolate beneficial rhizosphere bacteria with significant inhibitory effects against strawberry root rot pathogens to support disease management. [Methods] We utilized high-throughput sequencing combined with bioinformatics analysis to elucidate the differential characteristics and influencing factors of rhizosphere bacterial communities between healthy and diseased strawberry plants. Then, we employed the dilution plate method and dual culture assay to isolate antagonistic bacteria. Subsequently, we determined the taxonomic status of these beneficial strains by combining morphological observation with multi-gene phylogenetic analysis. [Results] The bacterial community diversity varied across different cultivation bases. Compared with that of healthy plants, the rhizosphere soil samples of diseased strawberry plants from the Xin Zhuang and Kangshou bases showed decreased bacterial InvSimpson, Chao1, and Shannon evenness indices ($P > 0.05$). Conversely, the rhizosphere soil samples of diseased strawberry plants from the Taolin base showed increased InvSimpson and Shannon evenness indices ($P < 0.05$). Beta diversity analysis revealed that root rot significantly altered the microbial community structure. The complexity and stability of the rhizosphere bacterial co-occurrence network decreased in the diseased samples. Redundancy analysis indicated that soil total organic carbon, available phosphorus, and total potassium were the primary physicochemical factors shaping the bacterial community structure in strawberry rhizosphere. We isolated two bacterial strains, N2-10 and N2-18, that exhibited significant antagonistic activity from the healthy strawberry rhizosphere. The two strains demonstrated inhibition rates ranging from 55.6% to 62.2% and 54.5% to 66.7%, respectively, against the tested strawberry root rot pathogens. We identified strains N2-10 and N2-18 as *Bacillus cereus* and *Bacillus velezensis*, respectively. [Conclusion] We clarify how root rot affects strawberry rhizosphere bacterial communities and identify two beneficial rhizosphere bacterial strains with strong biocontrol potential. These findings provide a theoretical basis and valuable strain resources for elucidating the mechanisms of strawberry root rot and developing microbial-based green control technologies.

Keywords: root rot; rhizosphere bacterial community; antagonistic bacteria; biocontrol; strawberry

草莓(*Fragaria×ananassa* Duch.)属于蔷薇科多年生草本植物,富含氨基酸、维生素、矿物质等营养物质,具有“水果皇后”的美誉^[1-2]。然而,草莓在生长过程中易受根腐病、灰霉病、白粉病等多种病害的侵袭,其中由尖孢镰孢菌(*Fusarium oxysporum*)^[3]、炭疽菌(*Colletotrichum* sp.)^[4]等真菌引起的根腐病是影响草莓健康种植的重要土传病害。土传病害的发生主要与土壤微生物群落失衡、病原物积累及土壤理化性质劣变有关^[5],草莓健康栽培与根际微生物群落的平衡密切相关^[6]。研究表明,长期连作会导致土壤微生物多样性下降,镰孢菌、腐霉菌、炭疽菌等病原微生物大量积累,最终诱发根腐病等土传病害^[7]。

植物根际微生物群落结构与宿主健康及抗病性密切相关。研究表明,草莓连作后根际土壤细菌、放线菌数量呈先降低后升高的趋势,而真菌数量总体呈上升趋势^[8]。此外,草莓连作根际优势细菌群落结构受土壤 pH、电导率、有机质、硝态氮、有效磷和速效钾等理化因素的调控^[9]。植物根际潜在有益细菌在维持根际群落平衡、协助宿主抵御土传病原菌感染中发挥着重要作用。Salwan 等^[10]发现,根际有益微生物可通过与植物组织互作,诱导宿主产生系统诱导抗性和获得性抗性等多种防御机制,从而增强植物抗病能力。

为明确根腐病发生对草莓根际细菌群落结构的影响及其与土壤理化性质的相关性,同时挖掘具有根腐病防控潜力的根际有益细菌,本研究以北京市昌平区不同地块健康和根腐病发病草莓植株为研究对象,系统分析其根际细菌群落的差异特征,并对草莓根际细菌进行拮抗活性评价,旨在为解析草莓根腐病发生的根际微生态机制及构建科学有效的病害防控技术体系提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 草莓根际土壤采集

草莓根际土壤样品于 2024 年 6 月采集自北京市昌平区 3 个不同种植年限的草莓基地:辛庄(1 年种植,编号 XZ)、桃林(13 年种植,编号 TL)、康寿(20 年种植,编号 KS)。各基地草莓品种统一为‘红颜’,土壤类型均为黄棕壤,田间日常管理措施一致。从每个基地选取健康和根腐病发病草莓植株各 3 株,采集时先去除根系周围表层土壤,用无菌铲将植株完整挖出后,采用“抖根法”收集根际土壤,即轻轻抖落根系表面非附着土壤,收集紧密附着于根系表面、经抖动无法脱落的土壤作为根际土壤样本。同一植株根际土壤充分混匀后作为 1 份样品,每个处理设 3 次生物学重复。采集的样品分为 2 份,一部分于 4℃冷藏,用于根际细菌分离和土壤理化性质测定;另一部分于-80℃超低温冰箱保存,送至上海美吉生物医药科技有限公司进行根际细菌 16S rRNA 基因扩增子测序分析。各样品中健康和根腐病发病草莓植株分别以编号 H 和 D 表示。

1.1.2 供试病原菌

供试草莓根腐病病原菌包括层出镰孢菌(*Fusarium proliferatum*)、尖孢镰孢菌(*Fusarium oxysporum*)、胶孢炭疽菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)、暹罗炭疽菌(*Colletotrichum siamense*),均由北京市农林科学院植物保护研究所生防微生物研究室保藏。

1.1.3 供试培养基

LB 固体培养基(g/L):胰蛋白胨 10.0,酵母提取物 5.0,NaCl 10.0,琼脂 18.0。

LB 液体培养基(g/L):胰蛋白胨 10.0,酵母提取物 5.0,NaCl 10.0。

PDA 培养基(g/L):马铃薯 200.0 煮熟后取滤液,添加葡萄糖 20.0,琼脂 18.0。

1.2 草莓根际土壤理化性质测定

土壤 pH 和电导率分别使用 pH 计和电导率仪(东莞万创电子制品有限公司)测定;采用烘干法测定土壤含水率;采用半微量凯氏定氮法测定土壤全氮含量(total nitrogen, TN);采用氢氧化钠熔融法-钼锑抗比色法测定土壤全磷含量(total phosphorus, TP);采用氢氧化钠熔融法-火焰光度法测定土壤全钾含量(total potassium, TK);NH₄OAc 浸提-火焰光度法测定速效钾含量(available potassium, AVK)^[11-12]。

1.3 草莓根际细菌高通量测序及生物信息学分析

高通量测序原始数据在美吉云平台(<http://www.majorbio.com>)上按照以下综合流程进行分析:采用 Uparse 11 软件对样品的有效序列进行聚类,以 97% 的序列相似性划分操作分类单元(operational taxonomic units, OTU);使用 Mothur 软件评估样品 α 多样性指数,在相似性分析(ANOSIM)的基础上,对样品群落结构进行主成分分析(principal component analysis, PCA)。基于斯皮尔曼相关系数($\rho > 0.8$, $P < 0.05$)构建微生物共现性网络,并使用 Gephi 10.1 软件进行可视化分析;通过线性判别分析效应量(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)软件 v1.0 进行线性判别分析,识别组间差异丰富的生物标记物种;采用冗余分析(redundancy analysis, RDA)分析主要环境因子与样品群落组成分布之间的相关性。

1.4 草莓根际拮抗细菌筛选鉴定

1.4.1 根际细菌分离纯化

收集健康草莓根际土壤,采用梯度稀释平板法分离细菌。准确称取 5 g 土壤加入 45 mL 无菌水制成土壤悬浮液,依次梯度稀释至 10⁻⁵,取各梯度稀释液 100 μ L 均匀涂布于 LB 固体培养基上,每个稀释度设 3 个重复,28 $^{\circ}$ C 培养 48 h。根据不同菌落形态挑取代表性单菌落至新的 LB 固体培养基上划线纯化,纯化后的菌株以甘油

管保存于-80 $^{\circ}$ C超低温冰箱备用。

1.4.2 草莓根腐病菌拮抗细菌筛选

采用平板对峙法筛选对草莓根腐病原菌具有拮抗活性的细菌菌株^[13]。将供试病原菌接种于 PDA 平板,28 $^{\circ}$ C 恒温培养 5 d,用无菌打孔器在菌落边缘打取直径 5 mm 菌饼,接种于 PDA 平板中央。使用无菌接种环在距病原菌 2 cm 处划线接种细菌,以不接种细菌为对照,每个处理设 3 个重复。28 $^{\circ}$ C 培养 5 d,测量并记录处理组与对照组的菌落半径。抑菌率计算公式(1)所示。

$$\text{抑菌率} = (\text{对照菌落半径} - \text{处理组菌落半径}) / \text{对照菌落半径} \times 100\% \quad (1)$$

1.4.3 拮抗细菌种类鉴定

挑选对草莓根腐病菌具有显著拮抗作用的细菌,参照《常见细菌系统鉴定手册》^[14]进行形态特征观察。

采用细菌基因组 DNA 提取试剂盒(北京索莱宝生物技术有限公司)提取菌株总 DNA。以通用引物 27F (5'-AGAGTTTGTATCTGGCTCAG-3') 和 1492R (5'-CTACGGCTACCTTGTACGA-3') 扩增 16S rRNA 基因,以 *gyrB*-PF (5'-GAGGT CGTGCTGACCGTGCTGCACGCGGGCGGCAA GTTCGGC-3') 和 *gyrB*-PR (5'-GTTGATGTGCTG GCCGTCGACGTCGGCGTCCGCCA-3') 扩增 *gyrB* 基因。PCR 反应体系(25 μ L): DNA 模板 1 μ L, 2 $\times$ PCR Mix 12.5 μ L, 上、下游引物 (10 mmol/L) 各 0.5 μ L, dd H₂O 10.5 μ L。16S rRNA 基因 PCR 反应条件: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 55 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 2 min, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 10 min。*gyrB* 基因 PCR 反应条件: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 55 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 10 min。PCR 产物送至北京博迈德生物技术有限公司测序,测序结果在 GenBank 数据库中进行 BLAST 比对,初步确定菌株的种属分类。下载相似菌株的 16S rRNA 基因和 *gyrB* 序列,使用 BioEdit

软件进行比对、编辑和序列拼接, 利用 PAUP v4.0 软件中的最大简约法(maximum parsimony, MP)构建系统发育树^[15]。

1.5 数据统计分析

采用 IBM SPSS Statistics 25 软件, 运用邓肯检验分析不同土壤样品间理化性质的差异显著性 ($P<0.05$)。借助美吉云平台 (<http://www.majorbio.com>) 进行土壤细菌群落结构分析及绘图。

2 结果与分析

2.1 草莓根际土壤理化性质分析

采集自北京昌平 3 个基地的草莓根际土壤理化性质如表 1 所示, 其中辛庄基地的全氮和总有机碳含量(total organic carbon, TOC)显著高于桃林和康寿基地; 康寿基地的全磷、有效磷(available phosphorus, AVP)、有效钾、硝态氮和含水量(water content, WC)均高于辛庄和桃林基地, 3 个基地土壤 pH 值整体呈弱碱性。

2.2 健康与根腐病发病草莓根际细菌群落差异分析

2.2.1 细菌多样性和群落结构分析

通过 16S rRNA 基因高通量测序, 从辛庄、

桃林、康寿 3 个基地的健康和根腐病发病草莓根际土壤中共检测到细菌有效序列 3 775 386 条, 平均每个样本包含 53 934 条。在 97% 相似阈值下聚类, 所有样本共获得 11 002 个 OTU, 隶属于 43 个细菌门, 包括 159 纲 399 目 640 科 1 258 属 2 909 种。

3 个基地健康和发病草莓根际细菌 α 多样性分析结果表明, 与健康草莓相比, 辛庄和康寿基地发病植株根际细菌 InvSimpson、Chao1 和 Shannon evenness 指数均有所下降, 其中康寿基地发病样品的 InvSimpson 和 Shannon evenness 指数较健康样品差异显著 ($P<0.05$), 桃林基地患病样本的 InvSimpson、Shannon evenness 指数较健康样品显著提高($P<0.05$) (图 1)。

基于 Bray-Curtis 距离矩阵的主成分分析(PCA)结果显示, 草莓根际不同样本间细菌群落结构存在显著差异(图 2)。3 个基地的样品在 PC1 (53.27%)与 PC2 (22.32%)构成的坐标空间中各自聚类。PERMANOVA 检验进一步证实, 不同基地间的细菌群落结构差异达显著水平($R^2=0.809\ 23$, $P=0.001$)。这表明基地条件或土壤因子是驱动草莓根际细菌群落结构分化的关键因素。

2.2.2 草莓根际细菌物种组成差异分析

对不同基地健康和根腐病发病草莓根际细

表1 不同基地草莓根际土壤的理化性质

Table 1 Physicochemical properties of strawberry rhizosphere soils from different bases

Soil properties	XZ	TL	KS
TN/(g/kg)	2.90±0.45a	1.74±0.11b	1.91±0.22b
TP/(g/kg)	2.38±0.04c	3.09±0.16b	4.08±0.27a
TK/(g/kg)	19.39±0.08b	20.02±0.38a	19.49±0.16b
TOC/(g/kg)	57.54±6.43a	31.02±2.14b	34.53±2.95b
AVK/(mg/kg)	651.67±27.54b	353.33±89.63c	798.33±35.12a
AVP/(mg/kg)	270.18±15.74b	294.34±23.43b	367.63±17.52a
NH ₄ ⁺ -N/(mg/kg)	3.29±0.09a	4.46±0.14a	4.16±1.17a
NO ₃ ⁻ -N/(mg/kg)	4.35±0.70b	8.48±3.18b	17.17±2.69a
WC	9.76±1.78b	13.99±1.3a	15.16±2.06a
pH	8.27±0.12a	8.01±0.25a	8.25±0.07a

The data in the table are presented as mean±SD; Different lowercase letters in the same row indicate significant differences among treatment groups ($P<0.05$).

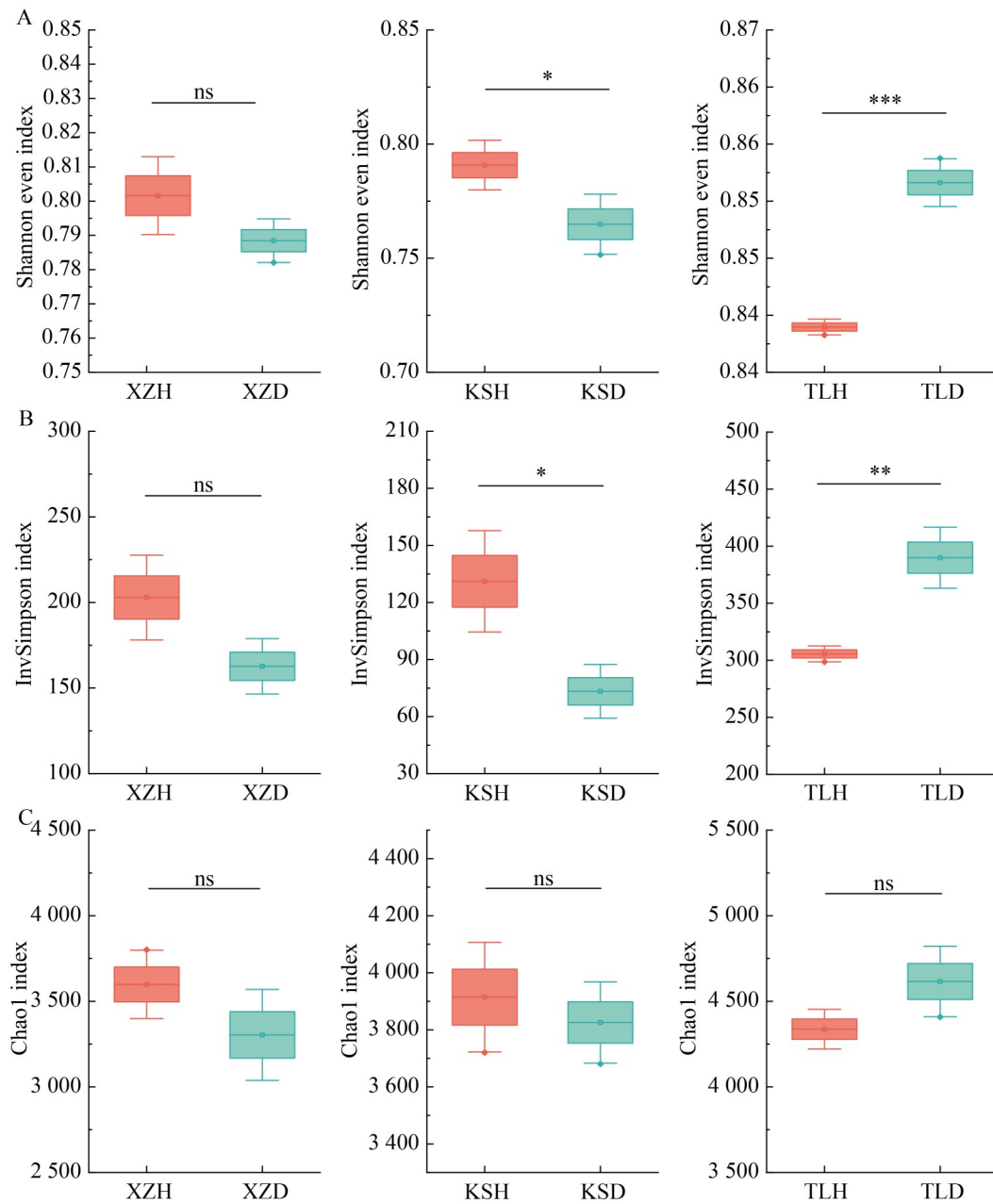


图1 不同基地健康与根腐病发病草莓根际土壤细菌 α 多样性指数差异分析

Figure 1 Difference analysis of soil bacterial alpha diversity indices between healthy and root rot-infected strawberry rhizospheres from different bases. A: Shannon evenness index; B: InvSimpson index; C: Chao1 index. ns: $P > 0.05$; *: $P < 0.05$; **: $P < 0.005$; ***: $P < 0.0005$.

菌物种组成及相对丰度的分析结果表明, 草莓根际优势细菌在门水平上主要包括芽孢杆菌门 (*Bacillota*) (19.3% – 37.7%)、假单胞菌门 (*Pseudomonadota*) (17.4%–25.9%)、绿屈挠菌门

(*Chloroflexota*) (12.2% – 16.3%)、放线菌门 (*Actinomycetota*) (9.8% – 15.9%) 和酸杆菌门 (*Acidobacteriota*) (7.5%–11.9%), 其在各样品中的相对丰度占比如图 3A 所示。与健康草莓相

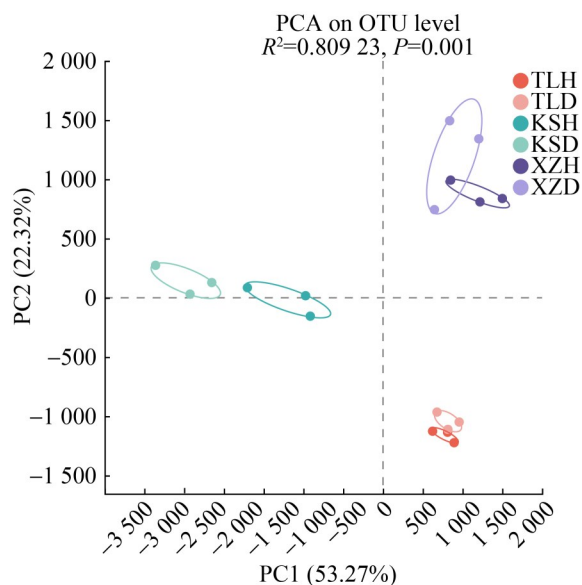


图2 基于PCA分析的不同基地健康与根腐病发病草莓根际土壤细菌群落结构差异

Figure 2 Differences in bacterial community structure in rhizosphere soil of healthy and root rot-affected strawberries from different bases based on PCA analysis.

比, 3 个基地发病植株根际 *Bacillota* 相对丰度增加, *Pseudomonadota* 相对丰度下降, 其中康寿基地 *Bacillota* 相对丰度由 28.3% 增加至 37.7%; 桃林基地由 19.3% 增加至 21.4%, 辛庄基地由 22.5% 增加至 25.5%。此外, 康寿基地的发病草莓根际绿屈挠菌门 (*Chloroflexota*) 和酸杆菌门 (*Acidobacteriota*) 相对丰度下降 (图 3A)。

纲水平上草莓根际优势细菌为芽孢杆菌纲 (*Bacilli*) (14.5%–35.4%)、 α -变形菌纲 (*Alphaproteobacteria*) (11.2%–14.7%)、 γ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) (5.9%–11.3%)、放线菌纲 (*Actinomycetes*) (6.1%–9.7%) 和厌氧绳菌纲 (*Anaerolineae*) (5.4%–8.5%), 物种组成整体相同, 但在相对丰度上存在一定差异 (图 3B)。3 个基地发病草莓根际 γ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 和放线菌纲 (*Actinomycetes*) 相对丰度有所降低, 康寿基地发病草莓根际芽孢杆菌纲较健康植株由 25.9% 增

加至 35.4% (图 3B)。

属水平群落结构特征分析表明, 芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、链霉菌属 (*Streptomyces*) 和节杆菌属 (*Arthrobacter*) 为草莓根际优势细菌 (图 3C), 其相对丰度在 3 个基地分别为 9.1%–26.4%、1.1%–2.8%、0.7%–2.6%。优势菌属相对丰度在不同基地健康与发病植株间存在显著差异: 康寿和辛庄基地发病植株根际芽孢杆菌属丰度显著高于健康植株, 康寿基地由 18.6% 增加至 26.4%, 辛庄基地由 9.1% 增加至 12.5%; 链霉菌属在 3 个基地患病植株的相对丰度均低于健康植株, 康寿基地由 1.8% 降至 1.7%, 辛庄基地由 2.6% 降至 1.5%, 桃林基地由 2.8% 降至 1.1%; 节杆菌属的相对丰度在康寿和桃林基地发病植株根际较健康植株均有所降低。

2.2.3 健康与根腐病发病草莓细菌共现性网络差异分析

对 3 个基地健康与根腐病发病草莓根际细菌共现性网络的分析发现, 健康草莓均具有较高的度 (degree)、度中心性 (degree centrality)、接近中心性 (closeness centrality)、网络密度 (network density) 和总边数 (total edges), 且 3 个基地发病植株根际细菌网络紧密度和相互作用总边数均下降, 说明根腐病发生导致草莓根际细菌群落稳定性和网络复杂性降低 (表 2)。同时, 辛庄基地健康草莓植株根际细菌共现性网络具有较高的度、度中心性、接近中心性及网络密度, 表明其网络展现出更复杂且紧密的连结模式 (图 4)。

2.2.4 健康与根腐病发病草莓根际细菌生物标记物种分析

运用 LEfSe 分析, 以 LDA 值 >3 为阈值, 筛选各组间具有统计学差异的生物标记物种。结果显示, 桃林基地发病草莓根际土壤的生物标记物种为鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*), 健康植株中硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 显著富集。康寿基地患病植株根际的芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 显著富集, 健康样本则富集硝酸盐还原菌属

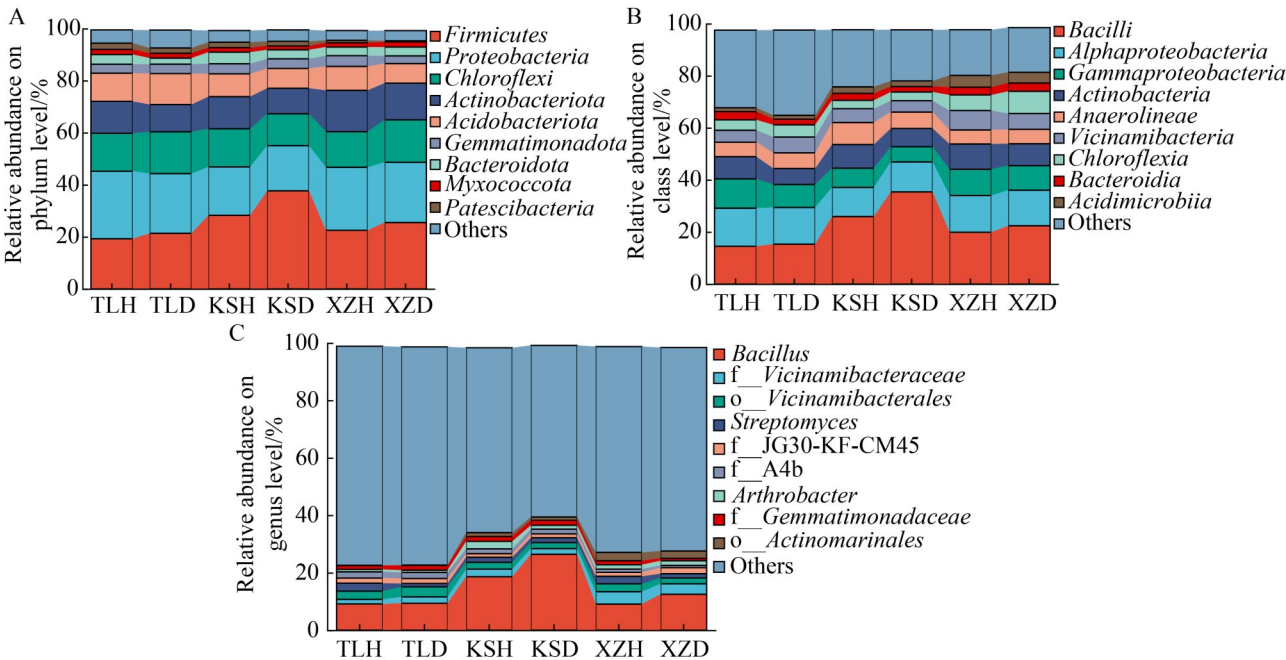


图3 不同基地健康与根腐病发病草莓根际土壤细菌在门、纲和属水平的相对丰度

Figure 3 Relative abundances of bacteria in the rhizosphere of strawberry from different production bases at the phylum (A), class (B), andgenus (C) levels.

表2 三个基地草莓根际细菌群落共现性网络拓扑性质

Table 2 Topological properties of co-occurrence networks of rhizosphere bacterial communities in strawberries from three bases

Sample number	Degrees	Degree centrality	Closeness centrality	Network density	Total edges	Positive edges/%	Negative edges/%
XZH	20.24±9.22	0.41±0.19	0.41±0.19	0.413	506	252 (49.80)	254 (50.20)
XZD	18.20±7.30	0.38±0.15	0.38±0.15	0.379	446	221 (49.55)	225 (50.45)
TLH	17.39±5.83	0.36±0.12	0.36±0.12	0.362	426	206 (48.36)	220 (51.64)
TLD	16.64±3.59	0.34±0.07	0.34±0.07	0.340	416	201 (48.32)	215 (51.68)
KSH	16.16±2.81	0.33±0.06	0.33±0.06	0.330	404	199 (49.26)	205 (50.74)
KSD	15.92±2.03	0.32±0.04	0.32±0.04	0.325	398	204 (51.26)	194 (48.74)

(*Nitrolancea*)和贪噬菌属(*Variovorax*)。辛庄基地中, 健康草莓根际枝芽孢杆菌属(*Virgibacillus*)和短芽孢杆菌属(*Brevibacillus*)富集, 患病样本中球形杆菌属(*Sphaerobacter*)、共生小杆菌属(*Symbiobacterium*)富集(图 5)。

2.2.5 草莓根际细菌群落与土壤理化性质相关性分析

为明确草莓根际细菌群落结构与土壤理化性质的相关性, 对不同基地的健康和根腐病发

病草莓样本进行冗余分析。结果表明, RDA1 轴和 RDA2 轴分别解释了细菌群落结构变异的 49.39% 和 21.65%, 累计解释率达 71.04%, 说明土壤理化性质是驱动根际细菌群落分化的重要因素。进一步分析土壤理化性质与微生物群落的相关性, 发现康寿基地草莓根际细菌群落结构主要受有效磷(AVP)、硝态氮(NO₃⁻-N)、全磷(TP)及有效钾(AVK)等土壤理化因素的影响。辛庄基地草莓根际细菌群落结构与总有机碳

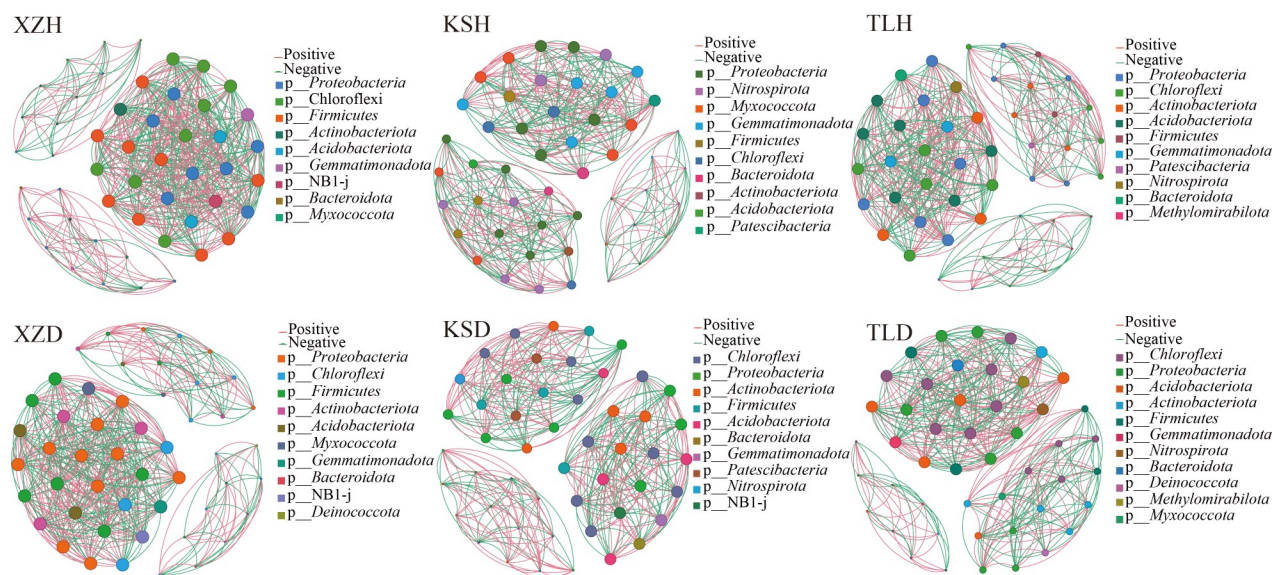


图4 三个基地健康和患病草莓根际细菌群落共现性网络图

Figure 4 Co-occurrence networks of rhizosphere bacterial communities in healthy and diseased strawberries from three bases.

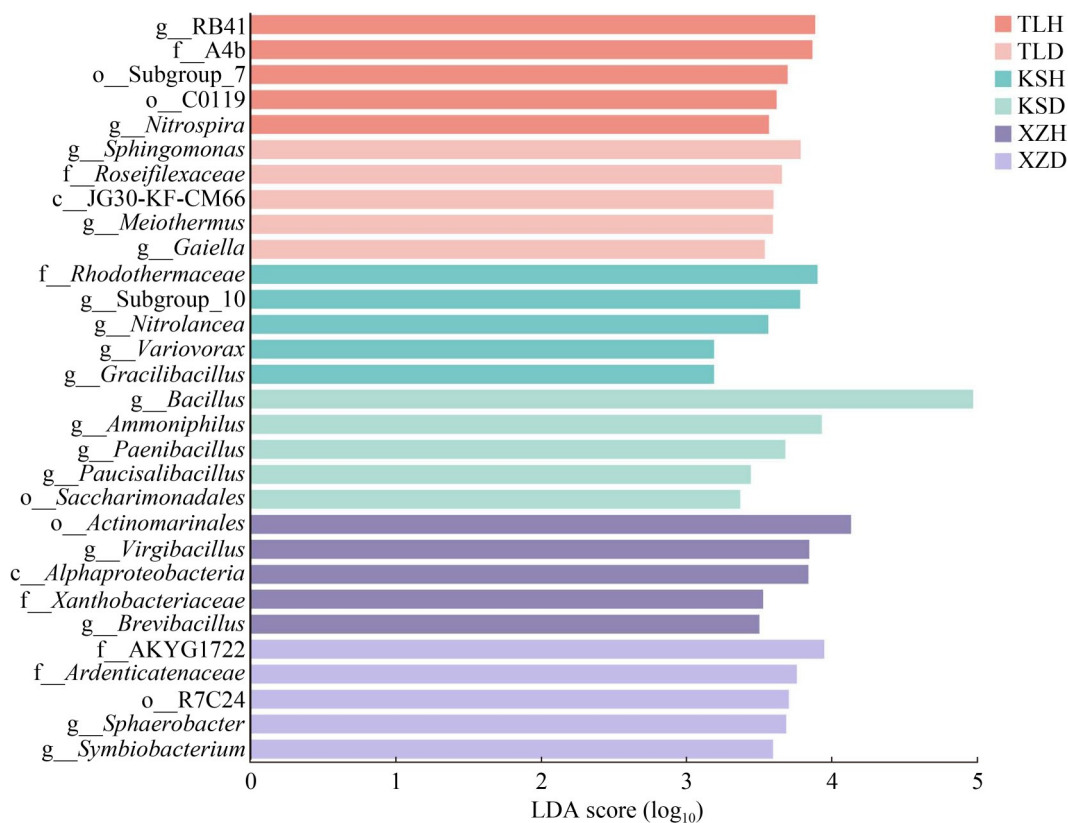


图5 三个基地健康与根腐病发病草莓根际细菌LEfSe分析

Figure 5 LEfSe analysis of rhizosphere bacteria in healthy and root rot-infected strawberries from three bases.

(TOC)和全氮(TN)呈显著正相关, 全钾(TK)是影响桃林基地根际细菌群落结构的主要土壤理化因素(图 6)。

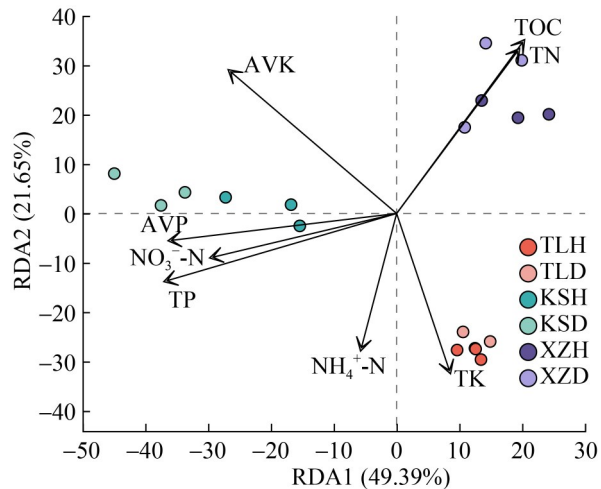


图6 不同基地草莓根际细菌群落结构与土壤理化因素的相关性分析

Figure 6 Redundancy analysis of rhizosphere bacterial community structure and soil physicochemical factors in strawberries from different bases.

2.3 草莓根际有益细菌筛选鉴定

2.3.1 拮抗菌株分离筛选

从健康草莓根际土壤中共分离纯化得到 12 株细菌, 进一步通过平板对峙试验筛选到 2 株对供试病原菌具有明显抑制作用的细菌。其中, 菌株 N2-18 对 *F. proliferatum*、*F. oxysporum*、*C. gloeosporioides*、*C. siamense* 的抑菌率为 54.5%–66.7%; 菌株 N2-10 对上述供试病原菌的抑菌率为 55.6%–62.2% (图 7、表 3)。

2.3.2 菌株形态学与分子生物学鉴定

形态学观察结果表明, 菌株 N2-10 的菌落在 LB 培养基上呈乳白色、不透明、表面较粗糙, 边缘不规则, 革兰氏染色阳性, 显微镜下呈杆状(图 8A)。菌株 N2-18 的菌落为乳白色、隆起状, 表面粗糙, 革兰氏染色阳性, 显微镜下呈杆状、两端钝圆(图 8B)。根据上述形态学特征, 初步将 2 株细菌鉴定为芽孢杆菌属 (*Bacillus* sp.)。BLAST 分析结果显示, 菌株 N2-10 的 16S rRNA 基因序列与 NCBI 数据库中

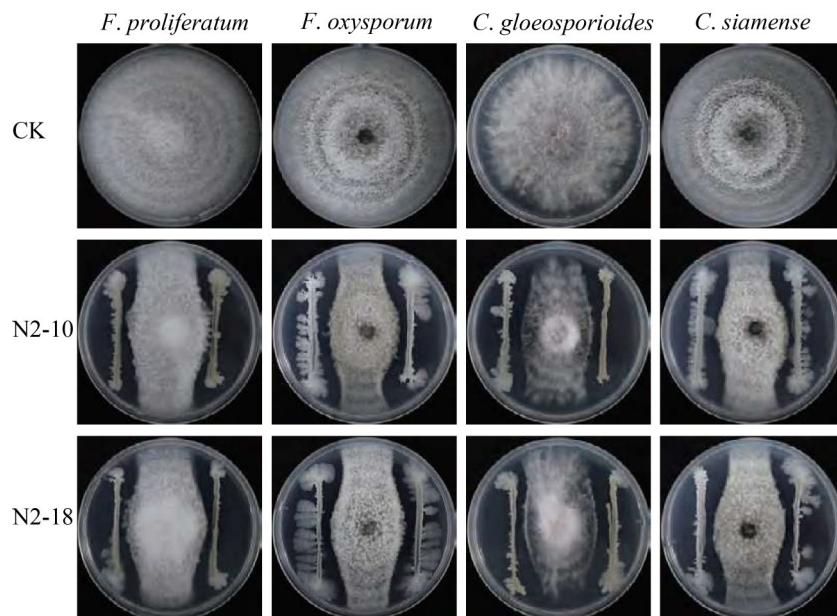


图7 两株拮抗细菌对草莓根腐病原菌平板对峙效果

Figure 7 Plate confrontation effects of two antagonistic bacterial strains against the pathogen of strawberry root rot.

表3 菌株N2-10和N2-18对供试病原菌的抑菌率及显著性分析

Table 3 Inhibition rates of strains N2-10 and N2-18 against tested pathogens and significance analysis

Strain number	<i>Fusarium proliferatum</i>	<i>Fusarium oxysporum</i>	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	<i>Colletotrichum siamense</i>
N2-18	61.5±1.2a	58.2±1.5a	54.5±1.1a	66.7±0.9a
N2-10	59.5±1.3a	58.8±1.4a	55.6±1.2a	62.2±1.0a

Values followed by the same lowercase letter are not significantly different ($P < 0.05$).

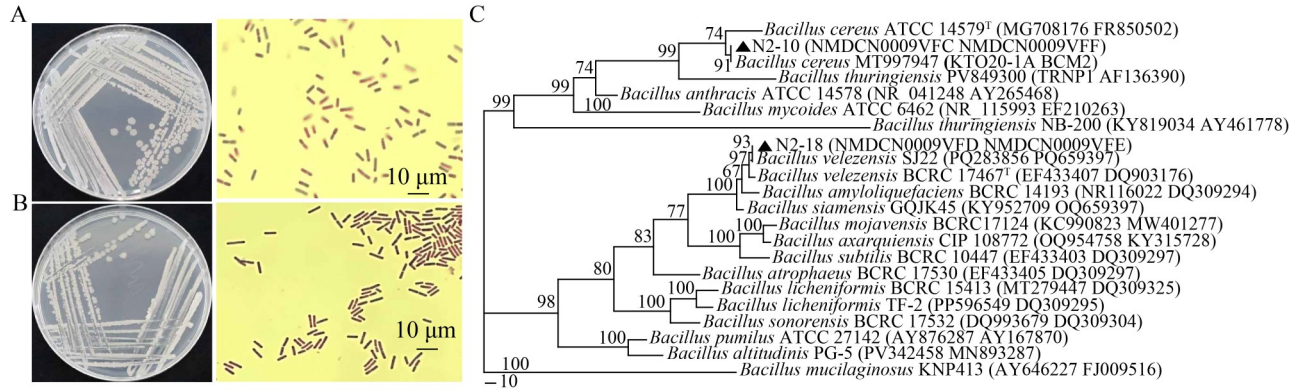


图8 两株拮抗细菌形态学特征及多基因系统发育树

Figure 8 Morphological characteristics and multilocus phylogenetic analysis of two antagonistic bacterial strains. A: Colony morphology and Gram staining of strain N2-10; B: Colony morphology and Gram staining of strain N2-18; C: Phylogenetic tree based on 16S rRNA and *gyrB* gene sequences. Numbers in parentheses are GenBank accession numbers of the corresponding strains for 16S rRNA and *gyrB*; T: Type strain; ▲: Strains isolated in this study; The scale bar indicates evolutionary distance.

B. cereus IC3 (GenBank 登录号为 ON606231) 的相似性为 100%，其 *gyrB* 序列与 *B. cereus* BCM2 (GenBank 登录号为 KT923659) 的相似性为 100%；菌株 N2-18 的 16S rRNA 基因序列与 NCBI 数据库中 *B. velezensis* FMA10 (GenBank 登录号为 PQ606443) 的相似性为 100%，其 *gyrB* 序列与 *B. velezensis* JN74 (GenBank 登录号为 CP185981) 的相似性为 100%。为进一步明确菌株分类地位，基于 16S rRNA 基因和 *gyrB* 基因序列构建系统发育树(图 8C)。结果表明，菌株 N2-10 与 *B. cereus* MT997947 聚为同一分支，节点置信度为 91%；菌株 N2-18 与 *B. velezensis* SJ22 对应序列聚类形成一个分支，节点置信度为 93%。结合形态学观察和分子生物学鉴定结果，确定 N2-10 为蜡样芽孢杆菌 (*Bacillus*

cereus)，N2-18 为贝莱斯芽孢杆菌 (*Bacillus velezensis*)。

3 讨论与结论

草莓根腐病是制约草莓产业可持续发展的核心瓶颈，其发生与根际土壤微生态失衡密切相关。植物根际微生物组被称为植物的“第二基因组”^[16]，其群落结构既受植物根系分泌物的选择性驱动，又可通过调控宿主免疫反应影响植株健康与抗病性。本研究揭示了草莓根腐病发生对根际细菌多样性、群落结构、物种组成及共现性网络的影响，为解析草莓根腐病发生的根际微生态机制提供了理论依据。同时，本研究从健康草莓根际筛选获得 2 株具有显著拮抗活性的生防潜力芽孢杆菌，为草莓根腐病绿色

防控提供了优质的菌种资源与技术支持。

本研究中, 辛庄和康寿基地发病草莓根际细菌的丰富度、多样性和均匀度均低于健康草莓, 表明根腐病的发生可能破坏了根际土壤微生物生态的平衡, 而健康草莓根际的细菌群落相对稳定, 有利于抵御病原菌的侵染。根际微生物多样性与植物健康状态密切相关, 郑雪芳等^[17]研究发现, 感染青枯病番茄的根际土壤细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数均显著低于健康植株; 杨光柱等^[18]报道患根腐病苹果植株根际细菌多样性显著高于健康植株。本研究中, 康寿和辛庄基地健康样本的 α 多样性指数均高于发病样本, 而桃林基地发病样本的 α 多样性指数高于健康样本。这可能与植物健康状态有关, 还可能与各基地的土壤理化性质、连作年限、栽培管理措施及病原积累量等多种因素密切相关。本研究发现, 根腐病的发生显著重塑了草莓根际细菌群落结构, 具体表现为发病样本根际细菌多样性和物种丰度明显改变。这一结果与前期关于病害发生破坏根际微生态平衡的报道一致, 如 Wang 等^[19]发现, 三七根腐病的发生通过减少有益微生物的连通性来破坏其根际核心菌群的稳定性。群落组成分析显示, 健康与发病草莓根际细菌的优势菌门组成一致, 排名前 5 的优势菌门依次为芽孢杆菌门(*Bacillota*)、假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、绿屈挠菌门(*Chloroflexota*)、放线菌门(*Actinomycetota*)和酸杆菌门(*Acidobacteriota*), 这与前人关于草莓根际细菌群落的研究报道^[20]基本一致, 说明上述菌门是草莓根际微生态的优势类群, 可能在草莓根际养分循环、环境适应等过程中发挥重要作用。本研究发现, 各优势菌门的相对丰度存在差异, 且 3 个基地的细菌群落结构呈现出明显的分离趋势, 结合 PERMANOVA 检验结果 ($R^2=0.809\ 23$, $P=0.001$), 证实土壤理化特性或种植年限对草莓根际细菌群落构建具有显著调控作用。

研究显示, 草莓根腐病改变了草莓根系微

生物群落多样性, 影响了根际群落组成, 推测病原菌侵染后占据草莓根际生态位, 影响有益微生物的生存空间, 导致群落内物种互作关系弱化, 进而降低网络稳定性^[21]。本研究发现, 3 个基地发病草莓根际细菌网络的稳定性和复杂性较健康网络明显降低。根际差异物种的生态功能分析可为揭示病害发生机制提供依据, 结合 LEfSe 分析, 本研究发现健康草莓根际富集了 *Nitrospira*、*Nitrolancea* 等硝化功能菌属, 其可能通过参与根际氮素循环, 维持土壤微生态平衡^[22]; 康寿基地发病植株根际富集 *Bacillus*, 其多数菌株具有较强的病原菌拮抗能力及诱导植株抗病性的潜能^[23], 推测草莓受根腐病菌侵染后, 可能通过主动招募此类生防相关菌群形成自我防御机制以抵御病害胁迫, 但这些物种与草莓根腐病发生及有效防控之间的具体作用机制有待进一步解析。此外, 土壤理化性质可通过调控微生物的养分可利用性和生存环境适应性, 间接影响宿主健康与抗病性。研究表明, 土壤速效养分含量会影响细菌群落组成, 且一定范围内氮、磷、钾含量与植物根际土壤微生物生物量呈显著正相关^[24]。本研究发现, 康寿基地草莓根际细菌群落结构主要受有效磷、硝态氮等土壤理化因子的影响, 辛庄基地草莓根际细菌群落结构与总有机碳和全氮呈显著正相关, 桃林基地根际细菌群落结构主要受全钾的影响。

生物防治具有靶向性强、环境友好、病原菌不易产生抗性、无农药残留等优势^[25], 已成为草莓根腐病绿色防控中极具发展潜力的技术手段^[26]。芽孢杆菌具有明显的抗真菌活性, 目前已应用于棉花黄萎病^[27]、柑橘绿霉病^[28]、马铃薯黑皮病^[39]等作物病害的生物防治中。已有研究表明, 贝莱斯芽孢杆菌具有广谱抑菌活性及促生能力, 可降低植物病害的发生率^[30]。蜡样芽孢杆菌 Bc-cm103 可通过定植于番茄根部并产生杀线虫蛋白酶来防治南方根结线虫^[31]。本研究从健康草莓根际土壤中成功筛选获得 2 株

对草莓根腐病病原菌(如 *F. proliferatum*、*C. gloeosporioides*、*F. oxysporum*、*C. siamense*)具有显著抑制效果的芽孢杆菌菌株,经鉴定分别为贝莱斯芽孢杆菌 N2-18 和蜡样芽孢杆菌 N2-10。后续将通过盆栽和小区试验进一步评价 2 株菌的田间生防效果,同时围绕上述菌株开展发酵工艺优化和菌剂加工制备,为草莓根腐病绿色防控及微生物菌剂的研发提供理论依据和技术支撑。

致谢

感谢北京市昌平区农业技术推广站祝宁高级农艺师在样品采集过程中给予的帮助。

作者贡献声明

孟盼盼: 试验开展, 论文撰写; 赵娟: 试验设计, 论文修改; 刘亚勇: 生物信息学分析; 李颖: 菌株功能评价; 张涛涛: 菌株分离培养; 王金辉: 技术支持; 秦文韬: 监督管理, 论文修改。

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] 朱太富, 刘成茸, 甲卡拉铁, 刘波, 刘佳, 尧美英. 不同施肥处理对草莓产量及果实品质的影响[J]. 北方园艺, 2025(18): 54-62.
Zhu TF, Liu CR, Liu CR, Liu B, Liu J, Yao MY. Effects of different fertilization treatments on yield and fruit quality of strawberry[J]. Northern Horticulture, 2025(18): 54-62 (in Chinese).
- [2] 解雨佳, 李镇江, 沙飞宇, 张琳, 仝雅娜, 乔长晟, 曹伟锋. 草莓内生菌的分离筛选及其功能特性[J]. 浙江农业学报, 2025, 37(12): 2525-2534.
Xie YJ, Li ZJ, Sha FY, Zhang L, Tong YN, Qiao CS, Cao WF. Isolation, screening, and functional characteristics of endophytes from strawberry[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2025, 37(12): 2525-2534 (in Chinese).
- [3] 刘苗姣, 林素坤, 刘蓉, 张俊辉, 李霖, 易婷, 徐汉虹, 曾令达. 解淀粉芽孢杆菌 HN11 结合烟渣有机肥对草莓根腐病的生防效应[J]. 中国生物防治学报, 2025, 41(1): 143-155.
Liu MJ, Lin SK, Liu R, Zhang JH, Li L, Yi T, Xu HH, Zeng LD. Biocontrol effects of *Bacillus amyloliquefaciens* HN11 in combination with tobacco waste organic fertilizers on strawberry root rot[J]. Chinese Journal of Biological Control, 2025, 41(1): 143-155 (in Chinese).
- [4] 李红梅, 魏艳丽, 杨凯, 扈进冬, 李杨, 赵忠娟, 李纪顺, 杨建闻. 草莓根腐病病原菌的分离鉴定及哈茨木霉 TW21990 对其防治效果[J]. 中国生物防治学报, 2025, 41(5): 1179-1187.
Li HM, Wei YL, Yang K, Hu JD, Li Y, Zhao ZJ, Li JS, Yang JW. Isolation and identification of *Trichoderma harzianum* TW21990 and its control effect on strawberry root rot[J]. Chinese Journal of Biological Control, 2025, 41(5): 1179-1187 (in Chinese).
- [5] 他永全, 郭立佳, 周游, 杨扬, 汪军, 梁昌聪, 黄俊生, 杨腊英. 微生物组在土传病害防控中的研究进展与趋势[J]. 中国科学(生命科学), 2025, 55(9): 1812-1823.
Ta YQ, Guo LJ, Zhou Y, Yang Y, Wang J, Liang CC, Huang JS, Yang LY. The role of the microbiome in the prevention and control of soil-borne diseases[J]. Science in China (Series C), 2025, 55(9): 1812-1823 (in Chinese).
- [6] 曾文, 李强, 马毅楠, 马荣, 张晓霞, 李世贵, 魏海雷, 谷医林. 北京草莓种植区土壤微生物群落结构解析[J]. 生物资源, 2024, 46(1): 1-10.
Zeng W, Li Q, Ma YN, Ma R, Zhang XX, Li SG, Wei HL, Gu YL. Analysis of soil microbial community structure in strawberry planting areas in Beijing[J]. Biotic Resources, 2024, 46(1): 1-10 (in Chinese).
- [7] 肖蓉, 张春芬, 邓舒. 基于高通量测序重茬草莓土壤细菌和真菌多样性分析[J]. 果树资源学报, 2021, 2(1): 28-33.
Xiao R, Zhang CF, Deng S. Analysis of soil bacterial and fungal diversity in continuous cropping strawberry by high-throughput sequencing[J]. Journal of Fruit Resources Guoshu, 2021, 2(1): 28-33 (in Chinese).
- [8] 陈爱萍, 周逢芳. 连作对草莓根际土壤指标及优势真菌的影响[J]. 宁德师范学院学报(自然科学版), 2018, 30(1): 66-70.
Chen AP, Zhou FF. Effect of continuous cropping on rhizosphere soil indicators and dominant fungi in strawberry[J]. Journal of Ningde Teachers College (Natural Science), 2018, 30(1): 66-70 (in Chinese).
- [9] 田春丽, 姚丽娟, 鲁晓民, 杜君, 王立河. 不同连作年限设施草莓土壤微生物群落结构分析[J]. 中国土壤与肥料, 2024(8): 102-110.
Tian CL, Yao LJ, Lu XM, Du J, Wang LH. Analysis of soil microbial community structure of strawberry in greenhouse with different continuous cropping years[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2024(8): 102-110 (in Chinese).
- [10] Salwan R, Sharma M, Sharma A, Sharma V. Insights into plant beneficial microorganism-triggered induced systemic resistance[J]. Plant Stress, 2023, 7: 100140.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
Bao SD. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd edition. Beijing: China Agriculture Press, 2000 (in Chinese).
- [12] 中国科学院南京土壤研究所. 土壤理化分析[M]. 上海:

- 上海科学技术出版社, 1978: 593.
Institute of soil science, Chinese academy of sciences. Soil Physicochemical Analysis[M]. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers, 1978: 593 (in Chinese).
- [13] 刘亚勇, 张涛涛, 高琳, 赵娟, 孟盼盼, 李莹菲, 秦文韬. 防治卵孢小奥德藤蛛网病生防菌筛选及其基因组分析[J]. 微生物学报, 2025, 65(2): 758-770.
Liu YY, Zhang TT, Gao L, Zhao J, Meng PP, Li YF, Qin WT. Screening and genomic analysis of biocontrol bacteria against cobweb disease of *Oudemansiella raphanipes*[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2025, 65(2): 758-770 (in Chinese).
- [14] 东秀珠, 蔡妙英. 常见细菌系统鉴定手册[M]. 北京: 科学出版社, 2001: 353-354.
Dong XZ, Cai MY. Handbook of identification of common bacterial systems[M]. Beijing: Science Press, 2001: 353-354 (in Chinese).
- [15] Weisburg WG, Brans SM, Pelletier DA, Lane D. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study[J]. Journal of Bacteriology, 1991, 173(2): 697-703.
- [16] Yamamoto S, Harayama S. PCR Amplification and direct sequencing of gyrB genes with universal primers and their application to the detection and taxonomic analysis of *Pseudomonas putida* strains[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1995, 61(3): 1104-1109.
- [17] 努尔夏提·努尔买买提, 李焕宇, 杨成德. 辣椒根腐病菌拮抗链霉菌的筛选及 16S rRNA 基因系统发育分析[J]. 中国农学通报, 2022, 38(33): 116-123.
Nuerxiaty·Nuermaiti, Li HY, Yagn CD. Antagonistic *Streptomyces* against pepper root rot pathogen (*Fusarium oxysporum*): screening and phylogenetic analysis of 16S rRNA gene sequence[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2022, 38(33): 116-123 (in Chinese).
- [18] 周益帆, 白寅霜, 岳童, 李庆伟, 黄艳娜, 蒋玮, 何川, 王金斌. 植物根际促生菌促生特性研究进展[J]. 微生物学通报, 2023, 50(2): 644-666.
Zhou YF, Bai YS, Yue T, Li QW, Huang YN, Jiang W, He C, Wang JB. Research progress on the growth-promoting characteristics of plant growth-promoting rhizobacteria[J]. Microbiology China, 2023, 50(2): 644-666 (in Chinese).
- [19] 郑雪芳, 陈燕萍, 肖荣凤, 刘欣, 江城, 王阶平, 刘波. 水肥菌一体化番茄基质栽培系统青枯病病株和健株根际微生物群落结构的差异[J]. 微生物学报, 2022, 62(4): 1524-1535.
Zheng XF, Chen YP, Xiao RF, Liu X, Jiang C, Wang JP, Liu B. Difference of rhizobacterial community structure between bacterial wilt infected and healthy tomato plants in a substrate culture system[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(4): 1524-1535 (in Chinese).
- [20] 杨光柱, 黄文静, 郑丽萍, 何英云, 张宴, 孔宝华, 李云国, 赵升文, 王顺富, 李坤明, 赵丛艳, 李帆, 马钧. 基于高通量测序的苹果根腐病病株和健株根际土壤细菌组成与多样性分析[J]. 西南农业学报, 2021, 34(9): 1865-1869.
Yang GZ, Huang WJ, Zheng LP, He YY, Zhang Y, Kong BH, Li YG, Zhao SW, Wang SF, Li KM, Zhao CY, Li F, Ma J. Bacterial community structure and diversity of rhizosphere soil of healthy and root rot apple based on high-throughput sequencing[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2021, 34(9): 1865-1869 (in Chinese).
- [21] Wang BY, Geng YH, Lin YL, Xia Q, Wei FG, Yang SZ, Huang XQ, Zhang JB, Cai ZC, Zhao J. Root rot destabilizes the Sanqi rhizosphere core fungal microbiome by reducing the negative connectivity of beneficial microbes[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2024, 90(3): e02237-23.
- [22] 阳圣莹, 朱润华, 白胜, 梁秋屏, 李铁骥, 夏武奇. 轮作对设施草莓土壤细菌群落多样性的影响[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2022, 42(5): 27-36.
Yang SY, Zhu RH, Bai S, Liang QB/P, Li YJ, Xia WQ. Effects crop rotation on the diversity of soil bacterial community in the strawberry cultivation facilities[J]. Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition), 2022, 42(5): 27-36 (in Chinese).
- [23] Zhang ML, Kong ZR, Fu HJ, Shu XL, Xue QH, Lai HX, Guo Q. Rhizosphere microbial ecological characteristics of strawberry root rot[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1286740.
- [24] Yan JF, Xiang L, Zhang BY, Tang C, Xie YQ, Li YW, Feng NX, Liu BL, Li H, Cai QY, Li QX, Zhao HM, Mo CH. Mechanism and association between microbial nitrogen transformation in rhizosphere and accumulation of ciprofloxacin in choysum (*Brassica parachinensis*) [J]. Environmental Science & Technology, 2023, 57(42): 16053-16064.
- [25] Yao YN, Wang LY, Zhai HZ, Dong HL, Wang JM, Zhao ZQ, Xu YM. *Bacillus velezensis* A-27 as a potential biocontrol agent against *Meloidogyne incognita* and effects on rhizosphere communities of celery in field[J]. Scientific Reports, 2025, 15: 1057.
- [26] 邵永博, 王世显, 魏珉, 李静, 高中强, 孟伦, 杨凤娟. 氮磷钾用量对基质培茄子产量、根系形态和根际微生物数量与酶活性的影响[J]. 中国农业科学, 2021, 54(21): 4623-4634.
Gao YB, Wang SX, Wei M, Li J, Gao ZQ, Meng L, Yang FJ. Effects of nitrogen, phosphorus and potassium dosage on the yield, root morphology, rhizosphere microbial quantity and enzyme activity of eggplant under substrate cultivation[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2021, 54(21): 4623-4634 (in Chinese).
- [27] 陈亚丽, 钱新, 李美霞, 巨亚雯, 曹凯歌, 付佑胜, 周长勇. 大豆镰刀菌根腐病生防菌的鉴定、生物学特性及防治效果[J]. 江苏农业科学, 2025, 53(21): 173-179.
Chen YL, Qian X, Li MX, Ju YW, Cao KG, Fu YS, Zhou CY. Identification, biological characteristics and control efficacy of biocontrol agents for soybean *Fusarium* root rot disease[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2025, 53(21): 173-179 (in Chinese).
- [28] 杨洪俊, 张旭, 王钧铭, 万双粉, 王媛花, 吴美玲, 韦金龙, 庞景旭, 颜志明. 草莓根腐病病原鉴定及生防菌筛选[J]. 江苏农业科学, 2025, 53(13): 163-170.

- Yang HJ, Zhang X, Wang JM, Wan SF, Wang YH, Wu ML, Wei JL, Pang JX, Yan ZM. Identification and biocontrol strain screening of pathogen of strawberry root rot[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2025, 53(13): 163-170 (in Chinese).
- [29] 吴凤康, 牛新湘, 李红, 楚敏, 杨红梅, 包慧芳, 王宁, 詹发强, 杨蓉, 娄恺, 史应武. 棉花黄萎病拮抗促生菌筛选鉴定及其活性评价[J]. *微生物学通报*, 2025, 52(9): 4094-4107.
- Wu FK, Niu XX, Li H, Chu M, Yang HM, Bao HF, Wang N, Zhan FQ, Yang R, Lou K, Shi YW. Screening and identification of antagonistic growth-promoting bacteria against cotton *Verticillium* wilt and evaluation of their activities[J]. *Microbiology China*, 2025, 52(9): 4094-4107 (in Chinese).
- [30] Obagwu J, Korsten L. Integrated control of Citrus green and blue molds using *Bacillus subtilis* in combination with sodium bicarbonate or hot water[J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2003, 28(1): 187-194.
- [31] Ben Slimene Debez I, Ben Alaya A, Karkouch I, Khiari B, Garcia-Caparros P, Alyami NM, Debez A, Tarhouni B, Djébali N. *In vitro* and *in vivo* antifungal efficacy of individual and consortium *Bacillus strains* in controlling potato black scurf and possible development of spore-based fungicide[J]. *Biological Control*, 2024, 193: 105527.
- [32] 王玉鹏, 何静, 陈伟, 王斌, 张崇庆, 李南, 李瑞芸, 颜宇科. 贝莱斯芽孢杆菌 G18 的抑菌及促生作用研究[J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2025, 53(5): 64-75.
- Wang YP, He J, Chen W, Wang B, Zhang CQ, Li N, Li RY, Yan YK. Study on the antifungal and plant-growth promotion effects of *Bacillus velezensis* G18[J]. *Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)*, 2025, 53(5): 64-75 (in Chinese).
- [33] Yin N, Zhao JL, Liu R, Li Y, Ling J, Yang YH, Xie BY, Mao ZC. Biocontrol efficacy of *Bacillus cereus* strain Bc-Cm103 against *Meloidogyne incognita*[J]. *Plant Disease*, 2021, 105(8): 2061-2070.