
学者系统性综述植物细菌性青枯病

作者：writer 来源：科学网

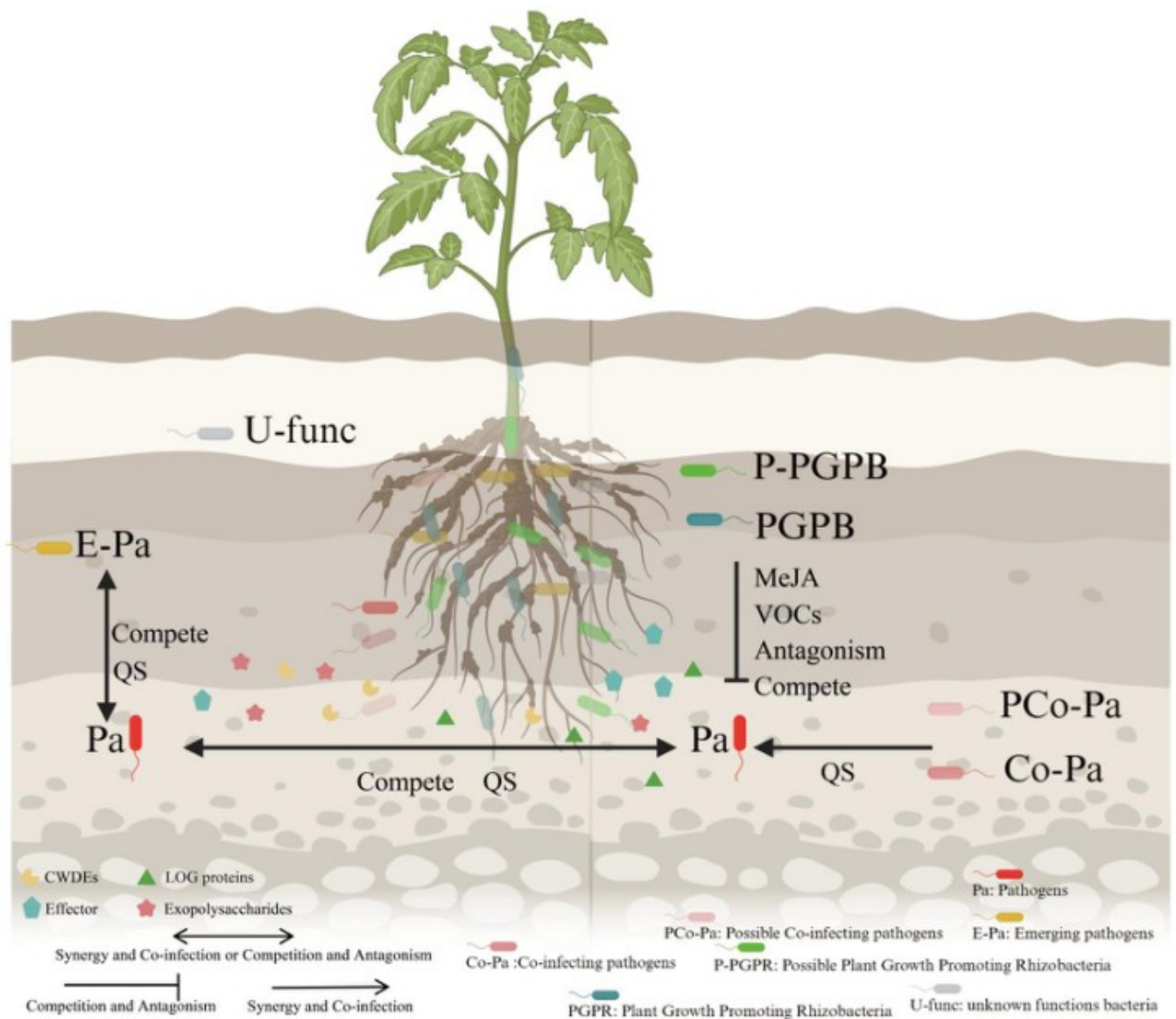
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/37215.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

学者系统性综述植物细菌性青枯病。近日，国家蚕桑产业技术体系病虫害防控研究室主任、华南农业大学动物科学学院教授刘吉平团队对植物细菌性青枯病展开系统性综述，聚焦病原多样性、生态互作及可持续管控挑战。相关成果发表于《生态指标》（Ecological Indicators）。

植物细菌性青枯病（PBW）是全球农业生产面临的严峻土传病害，危害范围广、病原多样、发病机制复杂、传播迅速且管理难度大，被称为植物癌症。每年造成数百亿经济损失，严重威胁茄科作物（如番茄、马铃薯、茄子、烟草）、香蕉、生姜、桑树等重要经济作物的产量与品质安全。在气候变化加剧、连作障碍普遍的背景下，其防控成为国际植物病理学和农业可持续发展的热点难点。

该病害主要由青枯劳尔氏菌种复合体（*Ralstonia solanacearum* species complex, RSSC）引发，田间调查显示，它常由多种病原体联合入侵导致。当前防控面临诸多新挑战：典型致病菌和机会性致病细菌来源复杂；典型致病菌RSSC遗传多样性高，宿主范围广，难以防控；另外根际微生物菌群失调作为病害暴发生态驱动因素未被充分认识；多病原菌协同感染机制不明晰，增加病害预测难度；传统化学防治效果有限，易引发抗药性、破坏土壤生态平衡并造成环境污染。传统研究多聚焦RSSC个体毒力因子，对根际/土壤微生物生态互作整体动态认识不足，导致病害发生机制理解片面。



微生物相互作用及其对植物细菌性枯萎病病原体-宿主动态的影响。研究团队供图

综述文章从四个关键维度探讨PBW病原微生物生态学：一是病原微生物生态学对病害发生及进展的影响，关注病原菌多样性和生态相互作用；二是病原微生物的竞争、拮抗和协同作用；三是病原共感染机制，涵盖接触、定殖和增殖阶段；四是病原群体感应（QS）在共感染过程中的调控作用。研究表明，PBW是多维度联合作用的植物系统性病害，与RSSC等多病原菌联合侵染、植物根际内外微生物菌群失调密切相关。

在病原菌多样性方面，作者总结了RSSC的进化与变异特征，其高遗传可塑性使其适应多种宿主和环境。田间病害发生还受新发病原体和潜在协同感染病原体影响，这些微生物改变根际微环境，放大典型病原菌致病力。

病原微生物生态互作是论文阐述的重点，全面解析了病原菌间的竞争（如资源争夺）、拮抗（如分泌抗菌化合物、铁载体竞争）和协同（如营养互补、毒力协同表达）三种模式。健康土壤中，有益微生物抑制病原菌定殖；失调状态下协同互动加剧疾病的发生。作者构建了协同感染三阶段动态模型：接触阶段，多种病原体接触宿主根表建立附着；定殖阶段，病原体协同突破植物屏障

；增殖阶段，病原体在植物维管束内爆发式扩增，引发全身症状。该模型为多病原共同入侵提供理论框架。QS信号分子不仅调控青枯劳尔氏菌自身毒力，还实现跨物种对话，促进水平基因转移和抗性基因扩散。

面对当前研究挑战与局限，如田间数据不足、多组学整合难度大、QS调控网络解析不全，文章建议：一是加强多组学技术应用研究，整合宏基因组学、宏转录组学和代谢组学，实现根际微生物生态实时监测与病害早期预警，构建预测系统评估暴发风险；二是开发新型微生物生态友好干预工具或产品，如创制QS淬灭剂、建构高效有益微生物制剂与合成微生物群落、选用生物有机肥与功能微生物菌株；三是强调田间验证与应用转化，形成区域化防控方案。此外，未来研究应聚焦天然环境中QS网络解析、协同感染时空动态模拟及气候变化对作物根际内外微生物组失调的影响。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2025.114423>

作者：刘吉平等 来源：《生态指标》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发