

甘蔗根际微生态及其与黑穗病防治之间的关系

张靖¹ 尤垂淮² 曹月¹ 崔天真¹ 杨靖涛¹ 罗俊^{1, 3}

(1. 福建农林大学 农业农村部福建甘蔗生物学与遗传育种重点实验室, 福州 350002; 2. 福建农林大学生命科学学院, 福州 350002; 3. 农业农村部甘蔗及制品质量监督检验测试中心, 福州 350002)

摘要: 黑穗病严重危害甘蔗生产, 造成蔗茎产量降低和蔗糖分损失。该病害通过气传和土传等方式传播, 其病原菌的孢子能在高温干燥环境下存活半年以上。根际微生态是根系与土壤紧密联系的微型生态体系。该体系的环境因素如土壤微生物、根系分泌物、土壤理化性质等对作物生长发育有着极为重要的影响。同样地, 根际微生态与植物病害的发展和防控也有着极其密切关系。甘蔗根际微生态系统的特征及其与黑穗病之间内在联系的阐述, 有助于甘蔗黑穗病的早期预防及生防资源的开拓挖掘。本文从甘蔗黑穗病的发生与危害、植物根际微生态与病害的关系、甘蔗根际微生态及黑穗病防治这几方面, 对前人研究进展进行综述, 旨在为甘蔗根际微生态的研究和优异生防资源的挖掘及甘蔗黑穗病的高效防治提供参考和借鉴。

关键词: 甘蔗; 黑穗病; 根际微生态; 防治措施

DOI: 10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2022-0303

Sugarcane Rhizosphere Microecology and Its Relationship with Smut Control

ZHANG Jing¹ YOU Chui-huai² CAO Yue¹ CUI Tian-zhen¹ YANG Jing-tao¹ LUO Jun^{1, 3}

(1. Fujian Agricultural and Forestry University, Key Laboratory of Sugarcane Biology and Genetic Breeding in Fujian Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Fuzhou 350002; 2. School of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002; 3. Sugarcane and Products Quality Supervisory Inspection and Test Center of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Fuzhou 350002)

Abstract: Sugarcane smut seriously endangers sugarcane production, resulting in reduced sugarcane yield and sucrose loss. It is dispersed through wind and soil, its teliospores could survive for more than half a year in hot and dry conditions. Rhizosphere microecology is a micro-ecosystem in which roots are closely related to soil. The environmental factors of the system, such as soil microorganisms, root exudates and soil physicochemical properties, have an extremely important impact on the growth and development of plant. Similarly, the development and prevention and control of plant diseases is also closely related. The research on characteristics of sugarcane rhizosphere micro-ecosystem and the internal relationship between it and sugarcane smut is conducive to the early prevention of sugarcane smut and the exploration of biocontrol resources. This paper summarizes the previous research progress from the following these aspects: the occurrence and harm of sugarcane smut, the relationship between plant rhizosphere microecology and diseases, sugarcane rhizosphere microecology and smut control. It aims to provide reference for the research of sugarcane rhizosphere microecology, the excavation of excellent biological control resources and the efficient control of sugarcane smut.

Key words: sugarcane; smut; rhizosphere microecology; control measures

土壤是影响陆生植物生长发育过程中极为重要的生态因子之一。植物根系与土壤之间存在极大的接触面, 为两者进行频繁的物质交换提供足够的

空间, 也使得彼此产生强烈的影响。为了更好地描述与植物根系紧密接触的土壤环境, 1904年 Hiltner 首次提出“根际”这一概念^[1]。相较于非根际土壤,

收稿日期: 2022-03-14

基金项目: 福建省自然科学基金(2021J01137), 福建农林大学科技创新专项基金项目(CXZX2020081A)

作者简介: 张靖, 硕士研究生, 研究方向: 作物抗性生物学; E-mail: zhashoveljing@163.com

通讯作者: 罗俊, 硕士, 副研究员, 研究方向: 作物抗性生物学; E-mail: sisluojun@126.com

不少研究发现根际土壤中的养分、微生物及动物群落多样性对外界胁迫的响应更为明显^[2-3]。Kobierski等^[2]发现在相同生长环境下,蒲公英的根际区域比非根际区域更有利于有机碳的积累和良好土壤物理环境的形成。Gao等^[3]发现,小麦在增塑剂污染的胁迫下,根际土壤的酶活性、微生物活性和非均质性均高于非根际土壤。Wang等^[4]的研究表明,气候变化对根际土壤中线虫群落的影响要大于非根际土壤。因此,近年来对植物生长发育过程中的土壤研究逐渐聚焦于根际土壤。

根际土壤与根系之间形成的微型生态体系又称作根际微生态。当病虫害发生或加剧时,该生态体系平衡被打破,病原菌大量繁殖并对植物体造成直接伤害,与此同时,当土壤受到病原菌侵害时,根系会募集有益微生物群通过养分竞争、拮抗作用和诱导系统抗性机制抑制病原菌对植物体的侵害,进而促进植物生长^[5]。这一研究为广大植物的生物防治提供了重要的思路和策略指引。甘蔗黑穗病是甘蔗(*Saccharum* spp.)的“死亡病害”^[6]。在温度25–30℃、湿度60%–65%的环境下,黑穗病侵染导致的损失可达12%–75%,易感品种和宿根蔗区更为严重^[7],其病菌的冬孢子在高温干燥环境下可存活半年以上,能通过气传、土传等方式进行远距离传播^[8]。目前,全球蔗区几乎均受到黑穗病的侵害^[8]。可见,寻求环保高效的黑穗病防治手段已成为甘蔗生产中亟待解决的艰巨任务,从根际微生态的角度进行防治,或许能缓解甘蔗黑穗病的发生。

本文从甘蔗黑穗病的发生与危害、植物根际微生态及其与病害的关系、甘蔗根际微生态及其在黑穗病防治中的应用这三方面,对甘蔗根际微生态及其与黑穗病防治关系的研究进展进行综述,为甘蔗根际微生态的研究和优异生防资源的挖掘及甘蔗黑穗病的高效防治提供参考和借鉴。

1 甘蔗黑穗病的发生与危害

1.1 黑穗病的发生

甘蔗黑穗病是一种真菌病害,其病原物为担子菌门袍堆黑粉菌属的袍堆黑粉菌(*Sporisorium scotoneum* (Syd.) M. Piepenbr., M. Stoll et Oberw.)^[9],于1877年在南非纳塔尔首次发现^[10],截至2017年,

全球仅有斐济蔗区未受到侵害^[11]。甘蔗黑穗病的传播可以分为初侵染和再侵染。前者是冬孢子借土壤、蔗种、昆虫、鸟雀、风、雨、人力作业等媒介进行传播,落在甘蔗和土壤中越冬,使得这些带黑穗病菌的种蔗、宿根和土壤成为翌年发病的初侵染源。后者是病蔗产生的黑色鞭状物中蕴存的厚垣孢子借气流、雨水等对田间蔗株形成再次侵染^[12-13]。

1.2 黑穗病的危害

黑穗病的典型特征是蔗株梢头产生一条细长且向下弯曲的黑色鞭状物,黑粉状的厚垣孢子密布心柱上,使得甘蔗穗部呈现黑穗状,因而得名黑穗病。当甘蔗受到黑穗病菌侵害时,不仅会导致蔗株还原糖减少、光合速率降低、生理生化物质发生改变,还会使防御基因的表达受到抑制^[14]。在表型上,病蔗通常生长迟缓,分蘖率增高但蔗茎直立细长,严重的易倒伏且没有经济价值,产量大幅下降^[15-16]。作为一种系统性侵染病害,一株甘蔗发生黑穗病,其他分蘖株也随之发病,若不及时清理病株,将会对发病蔗区的甘蔗产量造成严重的影响^[17]。此外,甘蔗品种感病、气候条件适宜发病以及、宿根种植等因素也会加剧病害的发生,如NC6334、N52和N53等易感品种的黑穗病发病率严重可达100%^[18]。若没有抗性品种,随着甘蔗连作周期的延长,甘蔗产业造成的损失也将持续扩大^[19]。炎热、干燥、通风的大气条件有利于黑穗病菌冬孢子的传播,在干燥的土壤条件下也有助于提高冬孢子的寿命^[8],当温度25℃–30℃、湿度60%–65%的环境下,病蔗区损失可达12%–75%^[7]。甘蔗黑穗病菌随着宿根栽培年限的延长在蔗兜内不断积累,导致抗性品种的宿根栽培也可能发生严重的病害^[20]。

2 植物根际微生态及其与病害之间的关系

2.1 植物根际微生态的定义

根际研究最开始是分析植物地下根系附近微生物的数量与种群在土壤中的分布差异。由于根系周围存在许多复杂的动态过程,其形成与变化受多方面影响^[1, 21-22]。因此,目前根际研究已将根际作为一个整体,而不再局限于某个单一因子,即将植物根系周围土壤微域不超过5 mm的各个因子如土壤微生物、根系分泌物、土壤理化性质等相互作

用的整体系统称作根际微型生态系统,简称根际微生态^[23]。

2.2 植物根际微生态与病害的关系

根际是土壤中病原物入侵作物根系的必经之路。当植物受到病原体侵害时,植物会向土壤根际微生态发出呼救信号,进而土壤通过调节理化性质、根系分泌物和根际微生物来做出积极的反馈,最终达到抑制病原菌、调节土壤微生态平衡、引发植物的自身免疫系统、提高植物抗病性、保障植物和土壤健康的效果^[24]。当胁迫超过自身抗性范围时,土壤环境会朝着不利于植物生长发育的方向发展。了解根际独特的动态生态将有助于提高养分吸收、水分利用、改变土壤性质,从而促进植物生长,进而提高植物产量,并整合疾病管理策略^[25]。

2.2.1 根际土壤的理化性质与病害的关系

健康的土壤是植物生长发育不可或缺的重要因素。土壤理化性质常作为反映其健康和肥力的重要指标。病害的发生会导致如酸碱度(pH)、养分和酶活性等土壤理化性质的变化^[26]。研究发现,植物受到病原菌侵害时会加重土壤酸化程度^[27],如烟草青枯病、香榧根腐病、人参锈腐病等^[28-30],过酸环境不仅使得根系生长减弱、自身养分吸收利用率降低,还导致土壤微生态平衡被打破,引起大量根际有害微生物的积累,从而导致病害及酸化程度加剧。Shen等^[31]使用酸性改良剂提高土壤中的pH值从而招募大量微生物,使得细菌多样性和丰度都得到提高,有效降低了烟草青枯病的发生。通过对土壤的充分管理,尤其是对土壤养分进行适当调整,能直接或间接地提高植物的抗病性,若管理不当或过度使用,不仅对植物有害,还会造成环境污染^[32]。Johnson等^[33-34]的研究也印证了以上说法,如过量施肥会加重甘蔗田间病害的发生,通过发病率与土壤养分之间的关系研究发现,甘蔗褐条病的加重主要是由于氮、磷、钾、锌和钙这5种土壤养分的增加,而甘蔗锈病的加重主要是由于土壤磷、硫养分的增加。土壤酶参与土壤中各种代谢及能量转换过程,其活性大小可反应土壤内外环境状况^[35]。有研究表明,病害高发或者严重的土壤,土壤酶活性发生明显的变化,如苹果疮痂病病株根区几丁质酶和 β -1,3-葡聚糖酶等

防御酶明显升高^[36],甘蔗宿根矮化病病株根区包括 β -葡萄糖苷酶、磷酸酶和氨肽酶的活性相较于正常植株根区环境更低^[37]。此外,类型、孔隙度、水分、温度等土壤结构及性质也会影响病害的发生。Tegene等^[18]通过对埃塞俄比亚蔗区多因素与黑穗病发病率的logistic回归模型发现,土壤类型与黑穗病发病率呈极显著关系,与重质地土壤相比,中、轻质地土壤的平均发病率显著降低;Otten等^[38]认为土壤的大孔隙度有利于病原菌在土壤中的定殖及传播。

2.2.2 根系分泌物与病害的关系

根系分泌物是植物根系在根际微生态区域分泌的化学物质的总称^[39]。该物质介导了植物根际微环境间的多种相互作用,在外界胁迫下,既起着信号分子、化学引诱剂和刺激剂的作用,又能作为驱避剂和抑制剂^[25]。当植物受到病原菌侵害时,与防御相关的根系分泌物会被刺激以响应病原菌的侵染^[40],如罗勒在受到有害微生物攻击时会在根际环境周围释放具有驱避功能的迷迭香酸^[41]。Zhang等^[42]通过对烟草黑胫病研究发现,抗性品种较于感病品种能分泌更丰富的酒石酸、阿魏酸和月桂酸等防御化合物以缓解病害的侵染。植物还可以通过改变根系分泌物模式来吸引有益的根际群落,以应对病原菌的侵害,如Rudrappa等^[43]发现紫丁香假单胞菌会诱导拟南芥根系分泌L-苹果酸(L-MA,三羧酸循环中间体),L-MA水平的升高促进了有益的枯草芽孢杆菌FB17在拟南芥根系上的结合和生物膜的形成,该菌通过激活植物的防御,降低了植物对病原体攻击的易感性,从而对广泛的叶部病害提供免疫力。Yuan等^[44]通过在同一土壤中培养接种紫丁香假单胞菌的拟南芥(感染霜霉病)发现,下一代感染植株引发了植物介导的地下微生物群落结构发生变化,通过气相色谱-质谱(GC-MS)对无菌系统中被感染的植物进行分析发现其氨基酸、核苷酸和长链有机酸(LCOAs, $C>6$)的分泌量显著增加,糖、醇和短链有机酸(SCOAs, $C\leq 6$)的分泌量显著降低,添加外源氨基酸和LCOA也能引起疾病抑制反应;对此,作者提出叶面病原菌引起土壤遗产(soil-borne legacy)的机理,即植物释放根系分泌物到土壤中,以控制土壤微生物群落动态,并在受到叶部病害攻

击时吸引有益微生物,由此产生的变化会引起植物的表型变化(如植物激素水平),以适应病原菌的攻击。

2.2.3 根际土壤微生物与病害的关系 根际土壤微生物的功能繁多,如能增强营养吸收,改善根系结构,保护宿主免受生物和非生物胁迫,其中最深入研究的功能之一是保护宿主免受病原菌的侵害^[45]。大多病害的发生或加剧对根际微生物生态的影响可以简要归纳为两个方面:(1)病原微生物的大量增殖,如烟草青枯雷尔氏菌^[23]、棉花大丽轮枝菌^[46]等在植物残体及根系分泌物作用下不断增殖,导致其含量超过侵染界定值,植株病害迅速发生。(2)微生物多样性降低、群落结构及功能发生变化,如杨尚东等^[37]通过对甘蔗宿根矮化病的研究发现,患病株根际土壤的细菌丰度与多样性均降低,这与杨尚东等^[47]先前对番茄青枯病的研究结果类似。病害侵染后微生物组成差异主要体现在门、属水平上的优势菌群丰度的变化,如Feng等^[29]发现香榧根腐病病株较健康植株的变形菌门丰度降低了19%,在属水平上,赤霉菌属、隐球菌属、双歧杆菌属、被孢霉属和木耳属的相对丰度均有显著提高;在长期的病害侵染下,微生物的代谢功能最易被改变,如三七、地黄、大蒜等植株感染根腐病时,均发现发病植株的微生物对不同碳源利用能力下降^[48]。

前人研究发现,在病原菌侵染过程中,植物根系会在根际范围内招募特定微生物类群,这些微生物可以协助植物抵御病原菌的侵害。土壤有益微生物通常是在单一作物长期连作并爆发严重的植物病害后形成^[5, 24],其抗病机制目前可简要归纳为3种:(1)竞争养分。以番茄枯萎病为例,为获得土壤中稀缺的铁元素,根际微生物会产生一种能高效结合三价铁离子(Fe^{3+})的铁载体,在这个过程中,病原菌会竞争部分铁载体以促生长。当预接种产生抑制性铁载体的细菌时,疾病发生率和病原体密度降低,这说明了铁载体介导的根际微生物与病原菌之间的铁素竞争对病害的发生与阻控有着重要作用^[49]。(2)合成抗菌类物质。以草莓枯萎病为例,在连续15年单一栽培草莓田的抑病型土壤经辐射充分消除枯萎病后重新建立微生物菌群,下一代抑病型土壤中富集更多的放线菌,利用多组学及传统培

养技术发现并揭示了链霉菌S4-7之所以能成为生防菌,是因为其产生的硫肽物质可以合成细胞壁,在抑制草莓枯萎病的土壤中发挥了有效作用^[50]。(3)调节植物免疫系统。以拟南芥霜霉病为例,叶部接种病原菌后向根发出系统信号,招募到3种根际有益微生物(*Microbacterium* sp., *Stenotrophomonas* sp., *Xanthomonas* sp.),当将这些有益微生物作为合成菌群应用于土壤时,它们通过诱导系统抗性来保护拟南芥免受地上霜霉病的感染,虽然招募诱导系统抗性的微生物菌群不太可能阻止或治愈已经严重发展的感染,但用受霜霉病感染的植物对土壤进行预处理,可降低下一代植物对该病原菌的易感性^[51]。

3 甘蔗根际微生态及其黑穗病防治中的应用

3.1 甘蔗根际微生态研究进展

近年来,针对甘蔗根际微生态的研究主要聚焦在三个方面:

不同胁迫对甘蔗根际微生态的影响。如连续单作、干旱、水分、大气、病害等胁迫下甘蔗根际微生态的变化^[37, 52-56]。甘蔗病害胁迫研究甚少。宿根矮化病的研究^[37]揭示了病株与健康蔗株的微生物群落结构差异,初步推断土壤肥力的生物学指标显著降低,细菌丰富度和多样性显著下降,部分优势细菌门属占比发生剧变可能是导致甘蔗宿根矮化病发生的重要原因,但其中具体的响应机制尚不明确。针对甘蔗连作与干旱胁迫研究较多,相应地,也提出许多相关的响应机制。以干旱胁迫为例,Liu等^[54]通过测定土壤酶活性、土壤养分含量、甘蔗生理特性和根际细菌群落变化,并结合结构方程模型验证了甘蔗根际细菌的干旱响应路径是通过改变土壤养分和酶活性,间接影响甘蔗根际细菌群落的组成,根际细菌的变化可调控甘蔗酶活性和光合作用,进而影响寄主植物对干旱的适应性。

防治措施对甘蔗根际微生态的影响。一方面,通过分析生物措施对甘蔗根际微生态的影响有利于阐述更多抗逆胁迫机制。Braga等^[57]的研究认为,蚯蚓对根际微生物的影响是由于在蚯蚓肠道内的土壤消化过程中产生了养分和 N_2O ,这被土壤微生物群落利用以利于蔗株生长。另一方面,通过接种有益菌株、间套作等^[58-59]措施改良甘蔗根际微生态,

结果显示其能有效促进甘蔗生长, 这些措施也有利于探索甘蔗更多的抗逆胁迫机制。韦江璐等^[58]将已优化筛选的混合促生菌株接种于甘蔗后发现, 植物体内氮代谢相关酶、土壤速效养分及土壤酶均有显著提高, 部分菌处理后的 Alpha 多样性更为丰富, 其认为这些变化有效促进了甘蔗的生长。

挖掘有益土壤微生物资源。不少研究以根际土壤为来源, 通过体外培养技术已分离得到包含拮抗菌、(固氮) 促生菌等在内的多种有益菌株^[60]。基于分子层面挖掘其作用机制, 将这些菌通过原位接种充分发挥其有效作用, 如 Wang 等^[61]从根际分离出一株能增强甘蔗对黑穗病抗性的促生放线菌, 还通过细菌基因组信息发现该菌株能产生多种对抗真菌的次级代谢产物, 这进一步阐明了细菌-植物相互作用的分子机制, 为绿色防治提供了新的见解。

3.2 甘蔗感染黑穗病后的根际微生态研究现状

对甘蔗黑穗病的环境响应机制进行全面研究, 不仅对病害早期预防具有重要意义, 也能为采用科学合理的甘蔗黑穗病防治措施提供理论基础。目前, 关于甘蔗感染黑穗病后根际微生态的研究较少, 仅发现探究土壤类型与发病率之间的关系^[18]。仓晓燕等^[62]对中国 100 个优良(系)进行黑穗病抗性鉴定评价, 其中桂糖 42 号(GT42)、新台糖 22 号(ROC22)为高度感病, 粤糖 93159(Y93159)为高抗。农泽梅等^[63]对这几个品种在内的 8 个品种进行微生物群落多样性分析发现, GT42 和 ROC22 中优势菌群 *Chryseolinea* 数量均最多, 而 Y93159 以 *Bacillus* 为优势菌群, 因此不同品种的微生物群落结构并不相同, 但这与黑穗病抗性是否存在直接关系, 还有待进一步的研究。此外, 对于感染黑穗病后的土壤理化性质、根际分泌物、根际微生物等根际微生态变化均未有明确研究; 基于根际土壤为来源挖掘生防菌的角度, 抗黑穗病生防菌研究已有一定基础, 但在原位生防效果的发挥及田间推广应用仍需完善^[64]。

3.3 甘蔗根际微生态在黑穗病防治中的应用

目前, 针对黑穗病防治策略的研究主要集中在植物检疫、新品种选育、农业防治、物理防治、化学防治和生物防治。

将根际微生态应用于甘蔗黑穗病防治集中在生物防治这一方面, 其研究对象一般可分为不可培养微生物及可培养微生物。目前, 对于甘蔗黑穗病的不可培养微生物的研究仍存在一定的空白, 防治重点仍聚焦于可培养微生物。自 1983 年 Sinha 等^[65]从甘蔗黑穗病病株上分离出一株能分泌毒素以抑制黑穗病冬孢子萌发的串珠镰刀菌以来, 关于甘蔗黑穗病拮抗菌的研究越发广泛, 不止在甘蔗蔗株体内, 在其他生物和土壤中也发现大量具有开发潜力的生防菌。2002 年, 张桂英等^[66]从甘蔗各组织及根际土壤中分离并筛选出 6 株对甘蔗鞭黑穗病菌具有拮抗作用的芽孢杆菌, 并利用分子技术发现其拮抗机制与脂肽类抗生素有关, 开启了我国对甘蔗黑穗病生防菌的探索。随着技术的成熟, 生防菌早已不止局限于对病原菌的抑制作用, 促生、固氮等作用也成为筛选可培养有益菌群的条件。Singh 等^[64]利用手段分离到具有促生作用的菌株 B18(铜绿假单胞菌), 为了明白菌株的促生及抗逆机制, 利用全基因组测序技术, 发现该基因组编码了许多涉及植物生长促进和生物防治机制的潜在基因。正如表 1 中所描述, 生防菌株的生防周期较短, 长期且高效防治仍是我们不断追求的目标。此外, 利用传统培养技术筛选菌群, 对于目的菌群具有盲目性, 存在与已研究菌群重叠的可能性, 使得生防资源的挖掘具有一定局限性。根际微生物组的巨大潜力在相关研究中得到证实, 微生物组学技术与传统培养技术相结合, 对于深层次挖掘有益微生物必将是未来重要的一个方向。

4 小结

根际微生物群落因其在提高抗性方面具有高效和绿色环保的优点, 其研究和开发的巨大潜力方兴未艾。然而, 目前对甘蔗根际微生态的研究仍处于起步阶段, 利用根际微生态来控制甘蔗病害的研究更是寥寥无几。黑穗病害是目前甘蔗生产不容小觑的危害之一, 虽然已挖掘到不少生防微生物, 但生防制品保质周期短, 使得田间试验开展不尽人意。作为一种可通过土壤作为介质传播的病害, 甘蔗黑穗病的地下部根际微生态研究几乎还是空白, 基于根际微生态挖掘病害作用机制及防治措施亟待完善。

表 1 甘蔗黑穗病防治措施及其不足

Table 1 Control strategies of sugarcane smut and their deficiencies		
防治措施 Control strategy	措施 Measures	不足之处 Deficiencies
植物检疫 Plant quarantine	出入本国或本地区的甘蔗及相关产品进行隔离试种、检验和处理；局部地区发生的检疫性有害生物应封锁在一定范围内并立即采取一切必要措施加以铲除 ^[67]	《植物检疫条例》宣传力度不够
新品种选育 New variety breeding	(1) 建立甘蔗种质资源圃；如国内广西等地区，国外佛罗里达等地区 ^[68-69] ； (2) 种质资源的引进、收集、研究和利用；如通过杂交选育出的抗病品种，国内如中糖 2 号、福农 15 号等，国外如 98A163、2000A241 等 ^[62, 70-71] ； (3) 通过基因克隆和转基因技术；如具有潜力抗黑穗病基因 ScSEC/ScGluA/ScGluD1/ScGluD2 等，验证具有抗性的转几丁质酶和 β -1,3- 葡聚糖酶基因的 5 个甘蔗转基因株系 (SCG1-5) 等 ^[72-75]	甘蔗转育成本高； 生态适应性强的甘蔗新品种不多
农业防治 Agricultural control	(1) 使用无菌种蔗；从无病区选取健壮蔗株的第一段梢头苗留种进行调运，其中梢头苗外有叶鞘包裹，蔗芽不易受到病菌感染； (2) 轮作、套作等耕作措施；利用大豆与甘蔗、水稻和红花草子与甘蔗、红花草子与甘蔗等轮作或套种 ^[76] ； (3) 加强田间管理；补足养分及水分，及时除草	人工成本高；机械化欠缺
物理防治 Physical control	热力处理；将带病蔗种进行 52℃处理 3-4 h 或 54℃处理 2-3 h ^[77]	并非适用于所有品种； 病害严重时防治效果微弱
化学防治 Chemical control	(1) 种苗消毒；用福尔马林或石灰水进行浸种，利用薄膜覆盖闷种或 40% 拌种双可湿性粉剂 /40% 拌种灵可湿性粉剂 /25% 三唑酮可湿性粉剂 /80% 代森锰锌可湿性粉剂 /2.5% 扑力猛悬浮种衣剂 500-800 倍液进行浸种； (2) 化学杀菌剂利用；如有机汞 / 氯杀菌剂、三唑类杀真菌剂、氟虫酚杀真菌剂、待开发新型 24 元大乳素生化杀菌剂等 ^[78-80]	对环境产生污染
生物防治 Biological control	利用拮抗微生物进行“以菌治菌”；内生菌如叶片分离出的伯克霍尔德氏菌 CGB10，非内生菌如根际土壤分离出的假单胞菌属 ST4 等 ^[81-82]	生防制品保质周期短

我们基于对前人研究结果的整合分析，对受黑穗病感染后甘蔗地下部的相应机制进行了预测（图 1）。同其他植物一样，当受黑穗病菌侵害时，甘蔗植株会向土壤发出求救信号，土壤理化性质相应发生变化，促进根系分泌物的产生，从而招募大量有益微生物，通过促进甘蔗生长、抑制有害生物及诱导系统抗性来保护甘蔗。绿色细箭头表示土壤中理化性质、根系分泌物与土壤微生物之间的反向作用，土壤微生物能诱导植物分泌根系分泌物，这两者也能通过改善理化性质以保护甘蔗。

5 展望

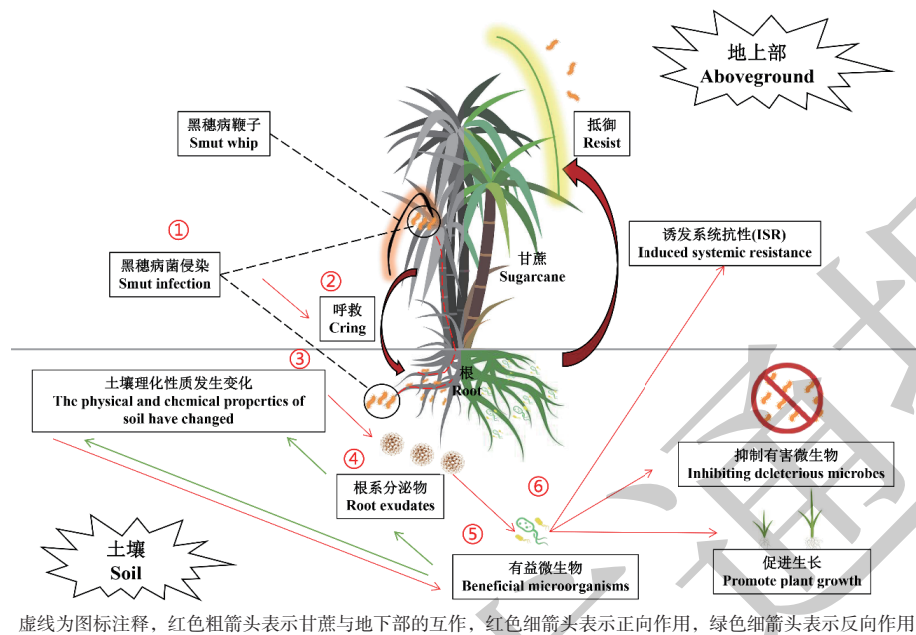
目前，应用根际微生物防治甘蔗黑穗病已有一定基础，但进一步的研究应兼顾应用性和前瞻性，为了突破生防资源的局限，探寻高效环保的防治措施，未来的研究建议在以下几方面持续推进：

（1）探明甘蔗黑穗病与根际微生态之间的互作机制。明确发病蔗与健康蔗的根际土壤理化性质、根际分泌物、根际微生物等的差异，结合现代分子

技术如高通量测序、宏基因组学、代谢组学等分析环境因子的影响，为甘蔗黑穗病防治提供理论依据。

（2）扩大菌株筛选范围、优化分离手段。虽然不断有新的生防菌株被挖掘，如何解决效用周期及开发高效长效的制剂方面进展仍严重滞后。前人研究表明采用不同途径挖掘甘蔗黑穗病生防菌具有可行性，从其他生境中筛选或对已公布能抑制其他病原菌的生防菌株再验证也是一个途径。未来的研究，还可以根据已有文献优化培养基及增加不同菌类生长培养基，尽可能多地分离可培养微生物，获得大量候选菌株。当然，优化体外生防措施，选用污染少、易操作的抑菌手段等也需要兼顾和重视。

（3）开发稳定高效且能广泛推广的生防制剂。一方面，探明防治机制并加以利用，明确生防菌培养及制剂所需的适宜浓度、时间和方法，使之统一并规范化，提高田间防治效果的稳定性。另一方面，从理论发展到实际，从实验室走向市场，合理配制生防制剂配方，开发价格合理的生防制剂。此外，



虚线为图标注释，红色粗箭头表示甘蔗与地下部的互动，红色细箭头表示正向作用，绿色细箭头表示反向作用
The dotted line is the icon annotation, the thick red arrow indicates the interaction between sugarcane and the underground, the thin red arrow indicates the positive action, and the thin green arrow indicates the reverse action

图 1 受甘黑穗病菌感染后甘蔗地下部的响应机制预测图

Fig. 1 Prediction of response mechanism in underground parts of sugarcane after infected by smut fungi

生物制剂在保证降低病害效用的同时，要评估其对甘蔗产量及品质、生态环境及人畜健康等各方面的潜在影响。最后，从生防菌中挖掘抗病性基因，并将其应用于抗性新品种的培育，也是一个努力方向。

参考文献

[1] Hiltner L. Über neuer erfahrungen und probleme auf Dem gebiet der bodenbakteriologie unter besonderer berücksichtigung der gründung und brache [J] . Soil Biol Biochem, 1904, 32 : 1405-1417.

[2] Kobierski M, Kondratowicz-Maciejewska K, Banach-Szott M, et al. Humic substances and aggregate stability in rhizospheric and non-rhizospheric soil [J] . J Soils Sediments, 2018, 18 (8) : 2777-2789.

[3] Gao ML, Dong YM, Zhang Z, et al. Effect of dibutyl phthalate on microbial function diversity and enzyme activity in wheat rhizosphere and non-rhizosphere soils [J] . Environ Pollut, 2020, 265 (Pt B) : 114800.

[4] Wang JQ, Shi XZ, Li LQ, et al. Changes in soil *Nematodes* in rhizosphere and non-rhizosphere soils following combined

elevated [CO₂] and canopy warming in a winter wheat field [J] . Geoderma, 2021, 386 : 114907.

[5] Raaijmakers JM, Mazzola M. Soil immune responses [J] . Science, 2016, 352 (6292) : 1392-1393.

[6] 吴伟怀,郑肖兰,李锐,等.甘蔗黑穗病菌基础生物学特性[J].热带作物学报, 2010, 31 (8) : 1388-1392.

Wu WH, Zheng XL, Li R, et al. The biological characteristics of the pathogen of sugarcane smut disease [J] . Chin J Trop Crops, 2010, 31 (8) : 1388-1392.

[7] Mansoor S, Khan MA, Khan NA. Screening of sugarcane varieties/lines against whip smut disease in relation to epidemiological factors [J] . J Plant Pathol Microbiol, 2016, 7 (7) : 1-7.

[8] Bhuiyan SA, Magarey RC, McNeil MD, et al. Sugarcane smut, caused by *Sporisorium scitamineum*, a major disease of sugarcane : a contemporary review [J] . Phytopathology, 2021, 111 (11) : 1905-1917.

[9] Piepenbring M, Stoll M, Oberwinkler F. The generic position of *Ustilago maydis*, *Ustilago scitaminea*, and *Ustilago esculenta* (Ustilaginales) [J] . Mycol Prog, 2002, 1 (1) : 71-80.

[10] McMartin A. Sugar-cane smut : reappearance in Natal [J] . South

- African Sugar Journal, 1945, 29 : 55-57.
- [11] Tom L, Braithwaite K, Kuniata LS. Incursion of sugarcane smut in commercial cane crops at Ramu, Papua New Guinea [C] . Papua New Guinea : Australian Society of Sugarcane Technologist, 2017.
- [12] Nyvall RF. Diseases of sugarcane [M] // Nyvall RF. Field Crop Diseases Handbook. Boston, MA : Springer US, 1989 : 597-638.
- [13] Hoy JW, Grisham MP, Chao CP. Production of sori and dispersal of teliospores of *Ustilago scitaminea* in Louisiana [J] . Phytopathology, 1991, 81 (5) : 574-579.
- [14] Rajput MA, Rajput NA, Syed RN, et al. Sugarcane smut : current knowledge and the way forward for management [J] . J Fungi (Basel) , 2021, 7 (12) : 1095.
- [15] Raboin LM, Selvi A, Oliveira KM, et al. Evidence for the dispersal of a unique lineage from Asia to America and Africa in the sugarcane fungal pathogen *Ustilago scitaminea* [J] . Fungal Genet Biol, 2007, 44 (1) : 64-76.
- [16] Li YR. Effect of sugarcane smut (*Ustilago scitaminea* syd.) on ultrastructure and biochemical indices of sugarcane [J] . Biomed J Sci Tech Res, 2019, 17 (1) : 12546-12551.
- [17] 王文治, 杨本鹏, 熊国如, 等. 带黑穗病菌蔗种的种植对蔗茎产量和蔗糖分的影响 [J] . 热带作物学报, 2014, 35 (9) : 1683-1687.
- Wang WZ, Yang BP, Xiong GR, et al. Influence of planting of sugarcane seeds carrying smut fungus on cane yield and sugar content [J] . Chin J Trop Crops, 2014, 35 (9) : 1683-1687.
- [18] Tegene S, Terefe H, Dejene M, et al. Survey of sugarcane smut (*Sporisorium scitamineum*) and association of factors influencing disease epidemics in sugarcane plantations of Ethiopia [J] . Trop Plant Pathol, 2021, 46 (4) : 393-405.
- [19] Putra LK, Damayanti TA. Major diseases affecting sugarcane production in Indonesia [J] . Functional Plant Science and Biotechnology, 2012, 6 (2) : 124-129.
- [20] Whittle AM, Walker DIT. Interpretation of sugarcane smut susceptibility trials [J] . Trop Pest Manag, 1982, 28 (3) : 228-237.
- [21] van der Putten WH, Bardgett RD, de Ruiter PC, et al. Empirical and theoretical challenges in aboveground-belowground ecology [J] . Oecologia, 2009, 161 (1) : 1-14.
- [22] Ma JF, Ryan PR, Delhaize E. Aluminium tolerance in plants and the complexing role of organic acids [J] . Trends Plant Sci, 2001, 6 (6) : 273-278.
- [23] 吴晓宗. 烟草青枯病发病对植烟根际土壤微生态的影响 [D] . 郑州 : 郑州大学, 2020.
- Wu XZ. The effect of tobacco bacterial wilt on the rhizosphere soil microecology of tobacco [D] . Zhengzhou : Zhengzhou University, 2020.
- [24] Bakker PAHM, Pieterse CMJ, de Jonge R, et al. The soil-borne legacy [J] . Cell, 2018, 172 (6) : 1178-1180.
- [25] Jain A, Chakraborty J, Das S. Underlying mechanism of plant-microbe crosstalk in shaping microbial ecology of the rhizosphere [J] . Acta Physiol Plant, 2020, 42 (1) : 1-13.
- [26] Seaton FM, Barrett C, Burden A, et al. Soil health cluster analysis based on national monitoring of soil indicators [J] . Eur J Soil Sci, 2021, 72 (6) : 2414-2429.
- [27] 孟博, 周一帆, 战健, 等. 广西蔗区土壤肥力和叶片养分状况调查研究 [J] . 中国土壤与肥料, 2022 (2) : 181-188.
- Meng B, Zhou YF, Zhan J, et al. Investigation on soil and sugarcane leaf nutrient status in Guangxi [J] . Soil Fertil Sci China, 2022 (2) : 181-188.
- [28] Li SL, Liu YQ, Wang J, et al. Soil acidification aggravates the occurrence of bacterial wilt in South China [J] . Front Microbiol, 2017, 8 : 703.
- [29] Feng YX, Hu YY, Wu JS, et al. Change in microbial communities, soil enzyme and metabolic activity in a *Torreya grandis* plantation in response to root rot disease [J] . For Ecol Manag, 2019, 432 : 932-941.
- [30] Jiang JL, Yu M, Hou RP, et al. Changes in the soil microbial community are associated with the occurrence of *Panax quinquefolius* L. root rot diseases [J] . Plant Soil, 2019, 438 (1/2) : 143-156.
- [31] Shen GH, Zhang ST, Liu XJ, et al. Soil acidification amendments change the rhizosphere bacterial community of tobacco in a bacterial wilt affected field [J] . Appl Microbiol Biotechnol, 2018, 102 (22) : 9781-9791.
- [32] Bruulsema T. Managing nutrients to mitigate soil pollution [J] . Environ Pollut, 2018, 243 (Pt B) : 1602-1605.
- [33] Johnson RM, Grisham MP, Richard EP. Relationship between sugarcane rust severity and soil properties in Louisiana [J] . Phytopathology, 2007, 97 (6) : 748-755.
- [34] Johnson RM, Grisham MP, Warnke KZ, et al. Relationship of soil

- properties and sugarcane yields to red stripe in Louisiana [J]. *Phytopathology*, 2016, 106 (7): 737-744.
- [35] 梁文举, 董元华, 李英滨, 等. 土壤健康的生物学表征与调控 [J]. *应用生态学报*, 2021, 32 (2): 719-728.
- Liang WJ, Dong YH, Li YB, et al. Biological characterization and regulation of soil health [J]. *Chin J Appl Ecol*, 2021, 32 (2): 719-728.
- [36] Shanmugam V, Verma R, Rajkumar S, et al. Bacterial diversity and soil enzyme activity in diseased and disease free apple rhizosphere soils [J]. *Ann Microbiol*, 2011, 61 (4): 765-772.
- [37] 杨尚东, 郭霜, 任奎喻, 等. 甘蔗宿根矮化病感病与非感病株根际土壤生物学性状及细菌群落结构特征 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2019, 25 (6): 910-916.
- Yang SD, Guo S, Ren KY, et al. Soil biological properties and bacterial community structures in rhizosphere soil of canes infected and non-infected by ratoon stunting disease [J]. *J Plant Nutr Fertil*, 2019, 25 (6): 910-916.
- [38] Otten W, Gilligan CA, Watts CW, et al. Continuity of air-filled pores and invasion thresholds for a soil-borne fungal plant pathogen, *Rhizoctonia solani* [J]. *Soil Biol Biochem*, 1999, 31 (13): 1803-1810.
- [39] Baetz U, Martinoia E. Root exudates: the hidden part of plant defense [J]. *Trends Plant Sci*, 2014, 19 (2): 90-98.
- [40] Vives-Peris V, de Ollas C, Gómez-Cadenas A, et al. Root exudates: from plant to rhizosphere and beyond [J]. *Plant Cell Rep*, 2020, 39 (1): 3-17.
- [41] Bais HP, Walker TS, Schweizer HP, et al. Root specific elicitation and antimicrobial activity of rosmarinic acid in hairy root cultures of *Ocimum basilicum* [J]. *Plant Physiol Biochem*, 2002, 40 (11): 983-995.
- [42] Zhang CS, Feng C, Zheng YF, et al. Root exudates metabolic profiling suggests distinct defense mechanisms between resistant and susceptible tobacco cultivars against black shank disease [J]. *Front Plant Sci*, 2020, 11: 559775.
- [43] Rudrappa T, Czymmek KJ, Paré PW, et al. Root-secreted malic acid recruits beneficial soil bacteria [J]. *Plant Physiol*, 2008, 148 (3): 1547-1556.
- [44] Yuan J, Zhao J, Wen T, et al. Root exudates drive the soil-borne legacy of aboveground pathogen infection [J]. *Microbiome*, 2018, 6 (1): 156.
- [45] Mohanram S, Kumar P. Rhizosphere microbiome: revisiting the synergy of plant-microbe interactions [J]. *Ann Microbiol*, 2019, 69 (4): 307-320.
- [46] 张德政. 棉花黄萎病罹病与健康植株根际微生物组分析及生防菌筛选 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2020.
- Zhang DZ. Deciphering the rhizosphere microbiome associated with healthy and *Verticillium* wilt diseased cotton plant and screening beneficial microbes [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2020.
- [47] 杨尚东, 吴俊, 赵久成, 等. 番茄青枯病罹病植株和健康植株根际土壤理化性状及生物学特性的比较 [J]. *中国蔬菜*, 2013 (22): 64-69.
- Yang SD, Wu J, Zhao JC, et al. Physical, chemical and biological characteristics analysis of rhizosphere soils between infected plants of tomato bacterial wilt and non-infected plants [J]. *China Veg*, 2013 (22): 64-69.
- [48] 冯雨星. 香榧根腐病株根区土壤微生物群落特征研究 [D]. 杭州: 浙江农林大学, 2019.
- Feng YX. Characterization of microbial communities in the root zone soil of *Torreya grandis* cv. merrillii suffering from root-rot disease [D]. Hangzhou: Zhejiang A & F University, 2019.
- [49] Gu SH, Wei Z, Shao ZY, et al. Competition for iron drives phytopathogen control by natural rhizosphere microbiomes [J]. *Nat Microbiol*, 2020, 5 (8): 1002-1010.
- [50] Cha JY, Han S, Hong HJ, et al. Microbial and biochemical basis of a *Fusarium* wilt-suppressive soil [J]. *ISME J*, 2016, 10 (1): 119-129.
- [51] Berendsen RL, Vismans G, Yu K, et al. Disease-induced assemblage of a plant-beneficial bacterial consortium [J]. *ISME J*, 2018, 12 (6): 1496-1507.
- [52] Tayyab M, Yang ZQ, Zhang CF, et al. Sugarcane monoculture drives microbial community composition, activity and abundance of agricultural-related microorganisms [J]. *Environ Sci Pollut Res Int*, 2021, 28 (35): 48080-48096.
- [53] Gao XN, Wu ZL, Liu R, et al. Rhizosphere bacterial community characteristics over different years of sugarcane ratooning in consecutive monoculture [J]. *Biomed Res Int*, 2019, 2019: 4943150.
- [54] Liu Q, Zhao XW, Liu Y, et al. Response of sugarcane rhizosphere bacterial community to drought stress [J]. *Front Microbiol*, 2021,

- 12 : 716196.
- [55] Pereira LB, de Oliveira Gambarini VM, de Menezes AB, et al. Responses of the sugarcane rhizosphere microbiota to different levels of water stress [J]. *Appl Soil Ecol*, 2021, 159 : 103817.
- [56] da Costa DP, Dias ACF, Cotta SR, et al. Changes of bacterial communities in the rhizosphere of sugarcane under elevated concentration of atmospheric CO₂ [J]. *GCB Bioenergy*, 2018, 10 (2) : 137-145.
- [57] Braga LPP, Yoshiura CA, Borges CD, et al. Disentangling the influence of earthworms in sugarcane rhizosphere [J]. *Sci Rep*, 2016, 6 : 38923.
- [58] 韦江璐. 混合 PGPR 菌株接种对甘蔗生长及土壤微生物群落的影响 [D]. 南宁 : 广西大学, 2020.
- Wei JL. Effects of mixed nitrogen fixation strain inoculation on sugarcane growth and soil microbial community [D]. Nanning : Guangxi University, 2020.
- [59] Pang ZQ, Fallah N, Weng PY, et al. Sugarcane-peanut intercropping system enhances bacteria abundance, diversity, and sugarcane parameters in rhizospheric and bulk soils [J]. *Front Microbiol*, 2022, 12 : 815129.
- [60] Mehnaz S. Microbes - friends and foes of sugarcane [J]. *J Basic Microbiol*, 2013, 53 (12) : 954-971.
- [61] Wang Z, Solanki MK, Yu ZX, et al. Genome characteristics reveal the biocontrol potential of actinobacteria isolated from sugarcane rhizosphere [J]. *Front Microbiol*, 2021, 12 : 797889.
- [62] 仓晓燕, 夏红明, 李文凤, 等. 甘蔗优良品种 (系) 对黑穗病的抗性评价 [J]. *作物学报*, 2021, 47 (11) : 2290-2296.
- Cang XY, Xia HM, Li WF, et al. Evaluation of natural resistance to smut in elite sugarcane varieties (lines) [J]. *Acta Agron Sin*, 2021, 47 (11) : 2290-2296.
- [63] 农泽梅, 史国英, 曾泉, 等. 不同甘蔗品种根际土壤酶活性及微生物群落多样性分析 [J]. *热带作物学报*, 2020, 41 (4) : 819-828.
- Nong ZM, Shi GY, Zeng Q, et al. Analysis on enzyme activity and microbial community diversity in rhizosphere soil of different sugarcane varieties [J]. *Chin J Trop Crops*, 2020, 41 (4) : 819-828.
- [64] Singh P, Singh RK, Guo DJ, et al. Whole genome analysis of sugarcane root-associated endophyte *Pseudomonas aeruginosa* B18-A plant growth-promoting bacterium with antagonistic potential against *Sporisorium scitamineum* [J]. *Front Microbiol*, 2021, 12 : 628376.
- [65] Sinha OK, Singh K. Antagonistic activity of *Fusarium moniliforme* var. *subglutinans* against sugarcane smut [J]. *Indian Phytopathol*, 1983, 36 : 92-94.
- [66] 张桂英. 甘蔗黑穗病拮抗细菌的分离筛选鉴定及拮抗机制的研究 [D]. 南宁 : 广西大学, 2002.
- Zhang GY. Isolation screening and identification of antagonistic bacteria against *Ustilago scitaminea* sydow and studies on their antagonistic mechanisms [D]. Nanning : Guangxi University, 2002.
- [67] 高学文, 陈孝仁. 农业植物病理学 [M]. 5 版. 北京 : 中国农业出版社, 2018.
- Gao XW, Chen XR. Agricultural plant pathology [M]. 5th ed. Beijing : Chinese Agriculture Press, 2018.
- [68] 韦金菊, 周会, 李海碧, 等. 广西近 40 年甘蔗种质资源引进及利用 [J]. *南方农业学报*, 2021, 52 (2) : 280-287.
- Wei JJ, Zhou H, Li HB, et al. Introduction and utilization of sugarcane germplasm resources in Guangxi in the past 40 years [J]. *J South Agric*, 2021, 52 (2) : 280-287.
- [69] Boukari W, Alcalá-Briseño RI, Krabberger S, et al. Occurrence of a novel *mastrevirus* in sugarcane germplasm collections in Florida, Guadeloupe and Réunion [J]. *Virol J*, 2017, 14 (1) : 146.
- [70] 甘仪梅, 武媛丽, 杨本鹏, 等. 高抗黑穗病甘蔗新品种 ‘中糖 2 号’ 的选育 [J]. *热带作物学报*, 2021, 42 (3) : 816-821.
- Gan YM, Wu YL, Yang BP, et al. Breeding of a new sugarcane variety ‘Zhongtang no. 2’ with high resistance to smut [J]. *Chin J Trop Crops*, 2021, 42 (3) : 816-821.
- [71] Nasiru I, Ifenkwe O. Screening of Bi-parental and mutant clones of sugarcane *Saccharum officinarum* L. for resistance to smut disease [J]. *Tropicultura*, 2004, 22 (4) : 173-175.
- [72] Mao HY, Wang WJ, Su WH, et al. Genome-wide identification, phylogeny, and expression analysis of Sec14-like P1TP gene family in sugarcane [J]. *Plant Cell Rep*, 2019, 38 (5) : 637-655.
- [73] Su YC, Xu LP, Xue BT, et al. Molecular cloning and characterization of two pathogenesis-related β -1, 3-glucanase genes ScGluA1 and ScGluD1 from sugarcane infected by *Sporisorium scitamineum* [J]. *Plant Cell Rep*, 2013, 32 (10) : 1503-1519.
- [74] Su YC, Wang ZQ, Liu F, et al. Isolation and characterization of ScGluD2, a new sugarcane beta-1, 3-glucanase D family gene

induced by *Sporisorium scitamineum*, ABA, H₂O₂, NaCl, and CdCl₂ stresses [J]. Front Plant Sci, 2016, 7 : 1348.

[75] 李娇, 王震, 杨本鹏, 等. 转基因甘蔗抗黑穗病鉴定研究 [J]. 广西农业科学, 2009, 40 (9) : 1150-1155.

Li J, Wang Z, Yang BP, et al. Identification of smut resistance in transgenic sugarcane [J]. Guangxi Agric Sci, 2009, 40 (9) : 1150-1155.

[76] Solanki MK, Wang FY, Wang Z, et al. Rhizospheric and endospheric diazotrophs mediated soil fertility intensification in sugarcane-legume intercropping systems [J]. J Soils Sediments, 2019, 19 (4) : 1911-1927.

[77] Rajput MA, Syed RN, Khanzada MA, et al. Chemical control of whip smut of sugarcane caused by *Sporisorium scitamineum* [J]. Pak J Bot, 2019, 51 (5) : 1891-1897.

[78] 朱桂宁, 林珊宇, 贤小勇, 等. 5 种杀菌剂对甘蔗黑穗病的防控试验 [J]. 南方农业学报, 2014, 45 (8) : 1393-1397.

Zhu GN, Lin SY, Xian XY, et al. Field control test of 5 fungicides to sugarcane smut [J]. J South Agric, 2014, 45 (8) : 1393-1397.

[79] Bhuiyan SA, Croft BJ, Tucker GR. New method of controlling sugarcane smut using flutriafol fungicide [J]. Plant Dis, 2015, 99 (10) : 1367-1373.

[80] Gao CH, Chen XQ, Yu L, et al. New 24-membered macrolactins isolated from marine bacteria *Bacillus siamensis* as potent fungal inhibitors against sugarcane smut [J]. J Agric Food Chem, 2021, 69 (15) : 4392-4401.

[81] Cui GB, Yin K, Lin NQ, et al. *Burkholderia gladioli* CGB10 : a novel strain biocontrolling the sugarcane smut disease [J]. Microorganisms, 2020, 8 (12) : 1943.

[82] Liu SY, Lin NQ, Chen YM, et al. Biocontrol of sugarcane smut disease by interference of fungal sexual mating and hyphal growth using a bacterial isolate [J]. Front Microbiol, 2017, 8 : 778.

(责任编辑 朱琳峰)