



DOI:10.14188/j.ajsh.2024.03.003

胡杨根际土壤来源放线菌分离及其拮抗活性筛选

陈乙煌^{1,2}, 吴一铮^{1,2}, 冉松^{1,2}, 王建明^{1,2*}, 罗晓霞^{1,2*}

- (1. 塔里木大学 生命科学与技术学院, 新疆 阿拉尔 843300;
2. 塔里木大学 塔里木盆地生物资源保护利用省部共建国家重点实验室, 新疆 阿拉尔 843300)

摘要: 根际土壤微生物在抵御病原微生物的入侵、提高植物的抗病能力等方面具有重要作用。胡杨作为沙漠地区的常见植物,其根际土壤微生物种类丰富且具有很高的研究价值。为了探究根际土壤微生物的作用,丰富和完善极端环境拮抗活性微生物菌种库,本研究基于选择培养基筛选法分析了新疆南疆地区10种不同地区的胡杨根际土壤的放线菌资源多样性,并采用细菌的16S rDNA测序和平板对峙法筛选。结果表明:经过分离与筛选,共获得269株菌株,选择生长状态较好的78株进行分析鉴定,分别为5个属,其中链霉菌属(*Streptomyces*)为优势类群。利用平板对峙法和琼脂扩散法以白色念珠菌(*Candida albicans*)、细极链格孢菌(*Alternaria tenuissima*)、大丽轮枝菌(*Verticillium dahliae*)、尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)、金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*)、铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)、大肠杆菌(*Escherichia coli*)、肺炎克雷伯菌(*Klebsiella pneumoniae*)、解淀粉欧文氏菌(*Erwinia amylohydrolytic*)、伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhi*)为靶标菌,对分离出来的菌株进行拮抗活性检测,筛选出32株活性放线菌。这些结果丰富了微生物资源并为新疆主要农牧业病害的防控提供了菌种基础。

关键词: 胡杨根际土壤;放线菌;物种多样性;抗菌活性

中图分类号: R978.1

文献标志码: A

文章编号: 2096-3491(2024)03-0231-07

Isolation of actinomycetes from rhizosphere soil of *Populus euphratica* and screening of their antagonistic activity

CHEN Yihuang^{1,2}, WU Yizheng^{1,2}, RAN Song^{1,2}, WANG Jianming^{1,2*}, LUO Xiaoxia^{1,2*}

- (1. School of Life Science and Technology, Tarim University, Alaer 843300, Xinjiang, China;
2. State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Biological Resources in the Tarim Basin, Tarim University, Alaer 843300, Xinjiang, China)

Abstract: Rhizosphere soil microorganisms are crucial in resisting the invasion of pathogenic microorganisms and enhancing plant disease resistance. *Populus euphratica*, a commonly found plant in desert areas, possesses a diverse range of rhizosphere soil microorganisms and holds significant research value. This study aims to investigate the microbial interactions in the rhizosphere soil of *Populus euphratica* and enrich the extreme environmental antagonistic microbial strain library. The diversity of actinomycete resources in 10 different regions of *Populus euphratica* rhizosphere soil in southern Xinjiang was analyzed using the selective medium screening method. The strains were subjected to 16S rDNA sequencing and plate confrontation method for screening. The results revealed the isolation and screening of a total of 269 strains,

收稿日期: 2024-01-06 修回日期: 2024-03-02 接受日期: 2024-06-03

作者简介: 陈乙煌(1998-),男,博士生,研究方向:微生物次级代谢产物挖掘。E-mail:17843058796@163.com

*通讯联系人: 王建明(1982-),男,硕士,研究方向:微生物次级代谢产物挖掘, E-mail:mohan_629@163.com; 罗晓霞(1982-),女,教授,研究方向为微生物次级代谢产物挖掘, E-mail:xxluo415@163.com

基金项目: 国家自然科学基金项目(32360009);塔里木大学博创项目(TDBSCX202302);大学生创新创业项目(202210757017)

引用格式:陈乙煌,吴一铮,冉松,等. 胡杨根际土壤来源放线菌分离及其拮抗活性筛选[J]. 生物资源, 2024, 46(3): 231-237.

Chen Y H, Wu Y Z, Ran S, et al. Isolation of actinomycetes from rhizosphere soil of *Populus euphratica* and screening of their antagonistic activity [J]. Biotic Resources, 2024, 46(3): 231-237.

with 78 strains exhibiting good growth status selected for analysis and identification. These strains were classified into 5 genera, with the genus *Streptomyces* being the dominant group. Furthermore, 32 strains of active actinomycetes were screened for antagonistic activity, and targeting pathogens included *Candida albicans*, *Alternaria tenuissima*, *Verticillium dahliae*, *Fusarium oxysporum*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Erwinia amylohydrolytic*, and *Salmonella typhi*. These findings contribute to the enrichment of microbial resources and provide a microbial strain foundation for the prevention and control of major agricultural and animal husbandry diseases in Xinjiang.

Key words: *Populus euphratica* rhizosphere soil; actinomycete; species diversity; antimicrobial activity

0 引言

放线菌是一类呈分枝状生长,主要以孢子繁殖的单细胞原核细胞型微生物^[1],作为微生物中最经济、最具生物技术价值的一类^[2],它们的丰富度反映了生态环境的多样性,对自然界的物质循环起着重要的作用,同时还是良好的生防菌资源^[3]。放线菌易降解的特性,使其在农药的开发中占据着重要的位置^[4]。因其是生物活性代谢产物的主要来源,故使其成为微生物研究工作者关注的焦点^[5]。

放线菌的代谢产物多样,特别突出的是抗生素,截至目前所报道的抗生素中,约70%是由放线菌产生的,如土霉素、链霉菌、多黏霉素等^[6]。但是近几年来抗生素药物被大量使用,使微生物对抗生素产生了极大的耐药性^[7]。故而为了找到更多的抗生素,需要从不同的途径去获得更多的放线菌资源。

胡杨(*Populus euphratica*),又称胡桐^[8],是杨柳科(Salicaceae)胡杨亚属(*Populus euphratica* subgenus)中的一个古老物种,研究表明,距今已有300~600万年的历史,被称为“活化石”。它通常生长于沙漠等干旱地区,在中国主要分布于内蒙古中西部、新疆南部、青海、宁夏、甘肃等地。据估计,新疆胡杨约占全国胡杨总面积的90%以上,占世界胡杨总面积的55%左右。作为新疆沙漠地区仅存的天然乔木,具备耐旱、耐盐碱等特性^[9],它不仅对维护当地生态平衡、改善荒漠气候具有重要作用,而且为沙漠地区撑开了一片生命绿洲。由于生长于干旱、缺水、高温、高辐射的环境中,其根际土壤中可能蕴藏着较为特殊的微生物群落。

植物病害是由病原微生物侵染植物后引起,如细极链格孢菌(*Alternaria tenuissim*)引起红枣黑斑病害,大丽轮枝菌(*Verticillium dahliae*)引起棉花黄萎病害,尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)引起棉花枯萎病害。早期防治植物病害主要是利用化学农药,但是随着农药的滥用,不仅造成了环境的污染,而且生成耐药的病原菌不断增多^[10]。

本研究选择新疆南疆地区的10种胡杨根际土

壤样品(该地区属于典型的温带大陆性干旱气候,年降水量小于50 mm,年蒸发量超过3 000 mm,是欧亚大陆最大的极端干旱地区),采用11种培养基,研究塔里木盆地放线菌资源代谢产物的多样性,并对其筛选,以评估其对多个植物病原真菌和细菌的抑制活性。

1 材料与方法

1.1 实验材料与仪器

1.1.1 土壤样品

采集了新疆南疆地区10个不同地点的胡杨根际土壤样品,并将其置于无菌样品盒中,储存在4℃下备用,如表1所示。

1.1.2 培养基

①用于分离放线菌的分离培养基包括:高氏一号培养基:可溶性淀粉20 g, FeSO₄ 0.01 g, KNO₃ 1 g, MgSO₄·7H₂O 0.5 g, K₂HPO₄ 0.5 g, 琼脂17 g, pH 7.0~7.5;甘油-精氨酸培养基:精氨酸2 g, 甘油12 g, MgSO₄ 0.5 g, K₂HPO₄ 1 g, 琼脂17 g, pH 7.5;ISP4培养基:可溶性淀粉10.0 g, MgSO₄·7H₂O 2.0 g, NH₄SO₄ 4.0 g, K₂HPO₄ 2.0 g, CaCO₃ 1.0 g, 琼脂18.0 g, 氯化钠适量, pH 7.0~7.4;TRM1:葡萄糖4 g, 酵母提取物4 g, 麦芽膏10 g, CaCO₃ 2 g, 琼脂16 g, pH 7.2;TRM2:蔗糖30 g, NaNO₃ 3 g, K₂HPO₄ 1 g, MgSO₄·7H₂O 0.5 g, KCl 0.5 g, FeSO₄·7H₂O 0.01 g, 酵母提取物2.0 g, 蛋白胨5.0 g, 琼脂15 g, pH 7.3;TRM3:葡萄糖10 g, 可溶性淀粉20 g, 酵母提取物5 g, 酸水解酪蛋白5 g, CaCO₃ 1 g, 琼脂15 g;TRM4:蛋白胨2 g, 酵母提取物2 g, 酸水解酪蛋白2 g, Na₂HPO₄·12H₂O 2.5 g, KH₂PO₄ 1 g, 柠檬酸钠1.5 g, MgSO₄·7H₂O 0.6 g, 吐温0.5 g, 琼脂15 g;TRM5:蛋白胨5 g, 酵母提取物1 g, 柠檬酸铁0.1 g, NaCl 19.45 g, MgCl₂ 5.9 g, NaSO₄ 3.24 g, CaCl₂ 1.8 g, KCl 0.55 g, NaHCO₃ 0.16 g, KBr 0.08 g, SrC₁₂ 34 mg, H₃BO₃ 22 mg, NaSiO₄ 4 mg, NaF 2.4 mg, NH₄NO₃ 1.6 mg, Na₂HPO₄ 8 mg, 琼脂37.4 g;TRM6:葡萄糖10 g, 可溶性淀粉20 g, 酵母提取物5

表 1 土壤样品信息
Table 1 Soil sample information

土样编号	样品类型	取样位置	纬度 ^a	经度 ^a	海拔/m
HT44-1	胡杨根际土壤	新疆塔中镇	38.412	83.205	1 164.9
HT51-1		萨勒吾则克乡	37.254	83.018	1 386.6
HT53-1		新疆民丰县	37.688	83.959	1 341.1
HT57-1		塔提让乡	38.485	85.824	1 112.1
HT61-1		瓦石峡乡	38.819	87.743	885.2
HT65-1		若羌-库尔勒	39.889	88.399	814.3
HT67-1		大西海子水库	40.562	87.810	829.6
HT71-1		沙雅	41.137	82.446	957.8
HT75-1		二牧场-14团	40.660	81.943	975.1
HT49-1		民丰-于田	36.888	82.553	1 664.8

g, 酸水解酪蛋白 5 g, CaCO₃ 1 g, 琼脂 15 g, pH 7.2; TRM7: 葡萄糖 10 g, 酸水解酪蛋白 5 g, 酵母提取物 5 g, 牛肉膏 5 g, CaCl₂·2H₂O 0.74 g, 琼脂 15 g, pH 7.2; TRM8: 可溶性淀粉 10 g, (NH₄)₂SO₄ 2 g, K₂HPO₄ 1 g, MgSO₄·7H₂O 1 g, NaCl 1 g, CaCO₃ 2 g, 微量元素溶液 1 mL, 琼脂 15 g, pH 7.2。

②MHA(MHB)培养基:用于细菌的培养和拮抗活性筛选^[9]。SDA(SDB)培养基:用于白色念珠菌的培养和拮抗活性筛选。PDA(PDB)培养基:用于棉花枯萎病菌的培养和拮抗活性筛选^[10]。OA(OB)培养基:用于链格孢的培养和拮抗活性筛选^[11]。

1.1.3 供试菌株

病原细菌:铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*),大肠杆菌(*Escherichia coli*),金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*),肺炎克雷伯菌(*Klebsiella pneumoniae*),解淀粉欧文氏菌(*Erwinia amylovora*),伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhi*)。

病原真菌:白色念珠菌(*Candida albicans*)、细极链格孢菌、大丽轮枝菌和尖孢镰刀菌。所有菌株保存于新疆生产建设兵团塔里木盆地生物资源保护利用重点实验室微生物资源研究室。

1.2 实验方法

1.2.1 放线菌的分离

称取 1 g 土壤样品置于 9 mL 经过无菌处理的生理盐水中,充分振荡混匀,得到 10⁻¹ 的土壤悬浊液。随后,采用倍性稀释法逐步稀释土壤悬浊液,分别得到 10⁻²、10⁻³、10⁻⁴、10⁻⁵ 和 10⁻⁶ 的土壤悬浊液。使用 iChip 技术^[12],选取不同区域的样品,分别利用高氏 1 号培养基、5 号培养基、8 号培养基和甘油精氨酸培养基进行放线菌的分离培养。在所使用的培养基中加入重铬酸钾、放线菌酮、蔡啶酮酸和制霉菌素以抑

制细菌和霉菌的生长。将培养瓶置于 28 ℃ 的恒温培养箱中倒置培养 3~20 d,分离得到的放线菌经过纯化培养后,收集于 20% 甘油中,以 -80 ℃ 冷冻保存。

1.2.2 胡杨根际土壤菌株的鉴定

采用 CTAB 法提取放线菌的基因组 DNA,以提取的 DNA 作为模板进行 PCR 扩增。使用 27F 和 1492R 引物进行扩增,引物序列分别为 27F(5'-ACACTTTCATCCTCCCTCAC-3') 和 1492R(5'-CCTTACCTTCTTACCACTT-3')。扩增产物进行测序后,将测序得到的 16 S rDNA 序列提交至 Ez-Biocloud(<http://www.ezbiocloud.net>)进行相似性比对搜索,以鉴定菌株的种类。选取与目标菌株相似的序列,使用 NCBI 的 BLAST(basic local alignment search tool)工具进行比对并分析菌株的相似性(BLAST)。进一步使用 MEGA 10 软件,在 Gen-Bank 中选择与菌株同源性较高的模式菌株的 16S rDNA 序列来构建基于 Neighbor-Joining 方法的系统发育树,进行菌株的系统发育分析。

1.2.3 抗菌筛选

将待测的菌株接种于高氏培养基,28 ℃ 培养一周,制成直径 7 mm 的菌饼备用。对于细菌病原菌,采用平板对峙法,将靶标菌单菌落接种至 5~10 mL 液体 MHB 培养基中,取 100 μL 涂布于 MHA 固体培养基,接种放线菌菌饼,置于培养箱中培养 18 h。对于真菌,靶标菌为白色念珠菌时,将菌种接种至 SDB 培养基中,取 100 μL 涂布于 SDA 培养基上,接种放线菌菌饼,置于培养箱中培养 72 h;靶标菌为棉花枯萎病菌或棉花黄萎病菌时,培养基为 PDA,将培养基上菌株的孢子,用无菌棉签或竹签收集至无菌水中,取 100 μL 涂布于 PDA 培养基上,接种放线菌菌饼,72 h 后观察结果;靶标菌为链格孢菌时只需

将培养基换为OA。各设置平行实验3组,计算抑菌圈直径。

2 结果与分析

2.1 胡杨根际土壤放线菌分离结果

本研究采用可培养方法以10个地点的胡杨根际土壤样品为材料,采用11种分离培养基进行放线菌的分离与纯化,挑取放线菌单菌落,最终分离获得269株放线菌菌株,部分菌株的形态特征见图1。培养基分离放线菌情况比较见表2所示。由表2可知,从高氏一号培养基中分离出的放线菌菌株数目最多,其次是甘油精氨酸琼脂培养基。结果表明,高氏一号培养基和甘油-精氨酸培养基是适合分离胡杨根际土壤放线菌的培养基。

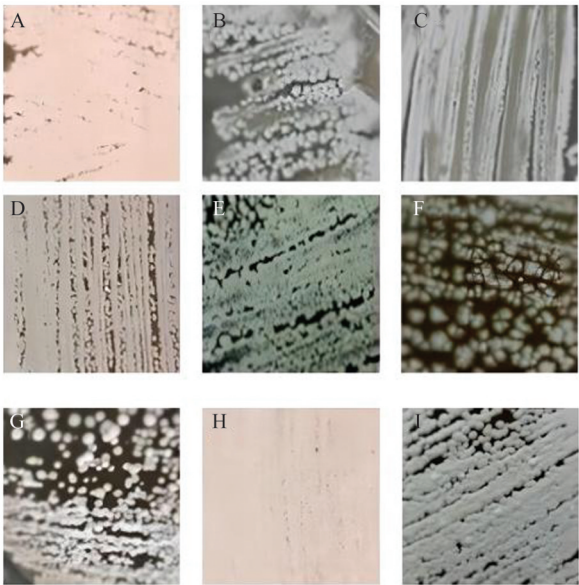


图1 胡杨根际分离的土壤放线菌菌落图
Fig. 1 Colonies of actinomycetes isolated from the *Populus euphratica*

A, TRM75009; B, TRM75014; C, TRM75032; D, TRM75041; E, TRM75053; F, TRM75061; G, TRM75073; H, TRM75080; I, TRM75110

2.2 胡杨根际土壤微生物多样性分析

将测序结果通过EZbiocloud进行比对分析。结果表明,生长状态较好的78株放线菌分属于放线菌纲的5个属,分别是链霉菌属(*Streptomyces*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、单胞菌属(*Brevundimonas*)和不动杆菌属(*Acinetobacter*)。从中选取相似性较高菌株的16S rDNA序列作为比较对象,采用MEGA 10软件以邻位连接法(neighbor-joining)进行分析,并构建系统进化树,结果如图2所示。TRM75032和TRM75013、

表2 不同培养基放线菌的分离
Table 2 Isolation of actinomycetes in different culture media

菌株数	培养基	种数
16	TRM1	1
18	TRM2	1
20	TRM3	1
22	TRM4	1
10	TRM5	1
12	TRM6	1
19	TRM7	1
9	TRM8	1
74	高氏一号	2
60	甘油-精氨酸	3
9	ISP4	1

TRM75090 和 TRM75074、TRM75045 和 TRM75042、TRM75084 和 TRM75085、TRM75009 和 TRM75028的亲缘关系较近。

2.3 胡杨根际土壤放线菌抗菌活性筛选

采用平板对峙法,以10种病原菌为靶标菌,对269株菌株进行拮抗活性分析,结果如表3所示。对大肠杆菌有拮抗活性的菌株有11株,其中TRM75183和TRM75222抑菌圈最大,约12 mm;对铜绿假单胞菌有拮抗活性的菌株有4株,其中TRM75105拮抗活性最好,抑菌圈直径达15 mm;对肺炎克雷伯菌有拮抗活性的菌株有4株,其中TRM75088抑菌圈最大,直径为14 mm;对金黄色葡萄球菌有拮抗活性的有15株,其中TRM75183抑菌圈最大,直径为16 mm;对解淀粉欧文氏菌有拮抗活性的菌株有4株,其中TRM75105抑菌圈最大,直径为12 mm;对伤寒沙门氏菌有拮抗活性的菌株有2株,分别为TRM75013和TRM75105,直径均为10 mm;对白色念珠菌有拮抗活性的菌株有4株,其中TRM75222抑菌圈最大,直径为11 mm;对细极链格孢菌有拮抗活性的菌株有18株,其中TRM75178抑菌圈最大,直径为16 mm;对尖孢镰刀菌有拮抗活性的菌株有9株,其中TRM75242抑菌圈最大,直径为18 mm;对大丽轮枝菌有拮抗活性的菌株有4株,其中TRM75101抑菌圈最大,直径为14 mm。综上,菌株对细极链格孢菌的拮抗活性最好,共有18株对其有拮抗活性;菌株对伤寒沙门氏菌的拮抗活性最差,只有两株对其有拮抗活性,且抑菌效果都较差。菌株TRM75105有较好的拮抗活性,对8种病原菌均有拮抗活性。

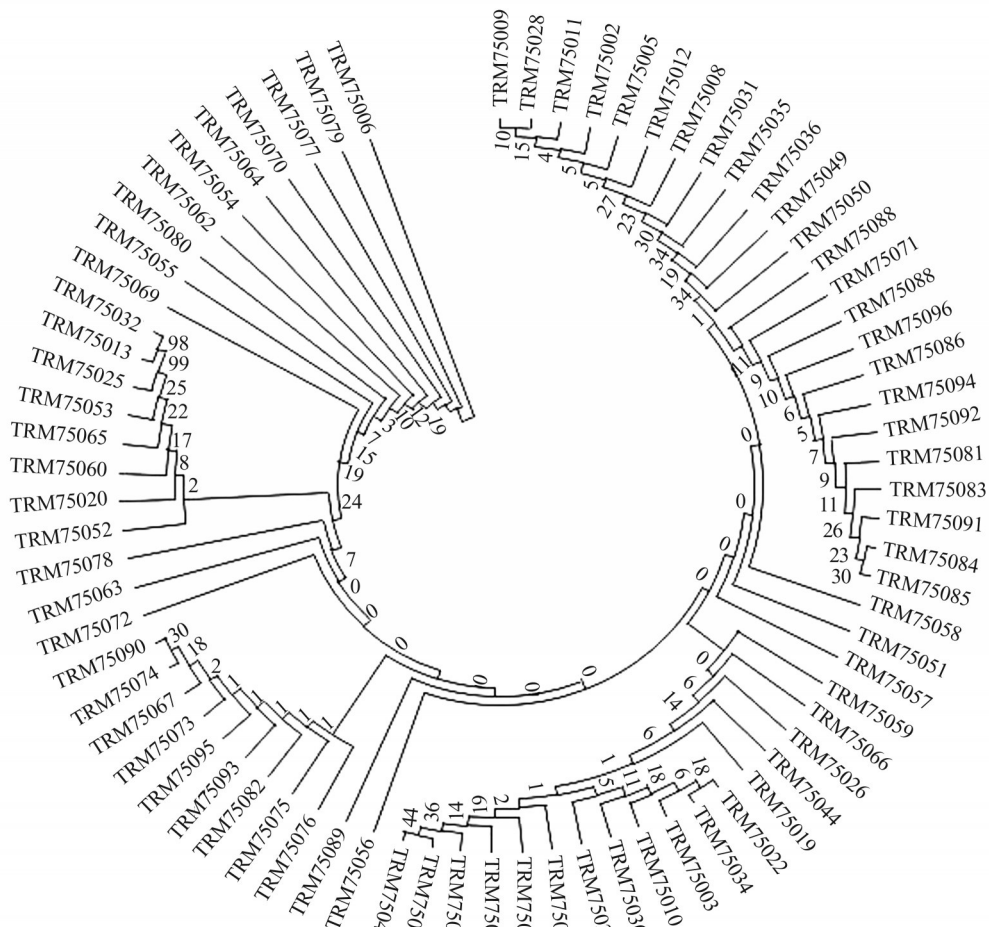


图2 78株放线菌 16S rDNA 系统发育树系统进化分析

Fig. 2 16S rDNA phylogenetic tree analysis of 78 actinomycetes

3 结论与讨论

在过去十几年的时间里,由链格孢属引起的红枣黑斑病^[13,14]、以大丽轮枝菌作为主要病原菌引发的棉花黄萎病^[15]和棉花枯萎病^[16]严重影响了红枣和棉花的产量和品质,给国家及农户造成了巨大的经济损失。目前,南疆地区对于这类植物病虫害的主要防治措施是喷洒农药。这种防治措施不仅造成了严重的环境污染问题,而且农药残留严重,农药防治虽然能在短期内取得效果,但是不能根治病虫害的发生^[17~20]。随着可持续发展的理念深入人心以及人们对绿色农产品的追求,通过放线菌等微生物进行病虫害的防治成为理想的选择^[21]。本研究以不同地区采集的10份胡杨根际土壤为材料,分析其放线菌的多样性,探讨了荒漠植物根际土壤放线菌在抗菌方面的潜在应用价值。研究表明,链霉菌在土壤中广泛分布,是根际土壤的优势放线菌。在本研究中,链霉菌也是优势属,占鉴定总数的94%,在10份土壤样品中均有分布。最适宜分离的培养基为高氏一

号培养基和甘油-精氨酸培养基,大部分菌株对铜绿假单胞菌、解淀粉欧文氏菌、白色念珠菌和大丽轮枝菌的拮抗活性较好。因此,研究胡杨根际土壤放线菌具有重要的意义。本研究中所选用的病原菌都为常见的病原菌,在今后的实验中可以验证其生物防治作用,以期得到有应用价值的放线菌。

参考文献

- [1] 刘占文. 那拉提土壤拮抗放线菌鉴定及次生代谢产物初探[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2019.
Liu Z W. Isoaltion and identification of actinomycetes from Nalati soil and primary investigation to their secondary metabolites [D]. Ala'ar: Tarim University, 2019.
- [2] 雷艳娟, 夏占峰, 曾红, 等. 新疆13种荒漠植物根内生放线菌多样性及其抗菌活性筛选[J]. 塔里木大学学报, 2020, 32(3): 1-13.
Lei Y J, Xia Z F, Zeng H, *et al.* Diversity and antimicrobial activity of the endophytic actinomycetes from the root of 13 desert plants in Xinjiang [J]. Tarim University, 2020, 32(3): 1-13.

表3 放线菌拮抗活性鉴定
Table 3 Identification of actinomycete antagonistic activity

编号	抑菌圈直径/mm									
	大肠杆菌(<i>E. coli</i>)	铜绿假单胞菌(<i>P. aeruginosa</i>)	肺炎克雷伯菌(<i>K. pneumonia</i>)	金黄色葡萄球菌(<i>S. aureus</i>)	解淀粉欧文氏菌(<i>E. amylovora</i>)	伤寒沙门氏菌(<i>S. typhi</i>)	白色念珠菌(<i>C. albicans</i>)	细极链格孢菌(<i>A. tenuissi</i>)	大丽轮枝菌(<i>V. dahlia</i>)	尖孢镰刀菌(<i>F. oxysporum</i>)
TRM75013	11±0.3	—		11±0.3	—	10±0.3		11±0.3	10±0.3	—
TRM75025	—	—	—	—	—	—	—	10±0.3	—	9±0.4
TRM75062	—	—		9±0.2	—	—		10±0.2	—	—
TRM75088	—	—	14±0.5	10±0.4	—	—	9±0.3	12±0.4	11±0.2	—
TRM75090	—	—	—	—	—	—	—	14±0.3	—	—
TRM75099	11±0.2	—	—	—	—	—	—	11±0.3	—	—
TRM75100	—	—	—	—	—	—	—	9±0.2	—	—
TRM75101	—	—	—	10±0.3	—	—	—	—	16±0.3	14±0.3
TRM75104	—	—	—		—	—	—	11±0.3	—	—
TRM75105	11±0.4	15±0.3	10±0.3	9±0.3	12±0.3	10±0.3	—	15±0.4	—	11±0.5
TRM75109	—	—	—	—	—	—	9±0.3	—	—	—
TRM75122	—	11±0.2	—	9±0.5	—	—	—	—	—	—
TRM75136	—	—	—	—	—	—	—	14±0.3	—	9±0.3
TRM75144	—	—	—	11±0.3	—	—	—	12±0.2	—	—
TRM75159	11±0.3	—	—	10±0.2	—	—	—	—	—	—
TRM75166	—	—	—	—	10±0.3	—	—	—	—	—
TRM75178	—	—	—	—	—	—	—	16±0.3	10±0.3	—
TRM75183	14±0.4	—	11±0.3	16±0.3	—	—	—	12±0.5	—	—
TRM75190	—	—	—	—	11±0.3	—	—	—	11±0.2	—
TRM75202	—	9±0.2	—	—	—	—	—	—	16±0.3	—
TRM75222	12±0.3	—	—	11±0.4	—	—	11±0.3	11±0.3	—	—
TRM75226	—	—	—		—	—	—	9±0.4	—	—
TRM75242	11±0.5	—	—		9±0.3	—	—	—	18±0.4	—
TRM75247	—	11±0.3	—	10±0.3	—	—	—	11±0.3	—	—
TRM75249	10±0.3	—	—		—	—	10±0.2	—	—	—
TRM75252	—	—	—	11±0.5	—	—	—	12±0.2	—	—
TRM75262	11±0.2	—	—		—	—	—	—	11±0.3	—
TRM75278	—	—	—	12±0.3	—	—	—	—	—	—
TRM75279	9±0.3	—	—	—	—	—	—	—	—	—
TRM75280	—	—	9±0.3	—	—	—	—	11±0.3	11±0.5	—
TRM75289	—	—	—	10±0.4	—	—	—	—	—	—
TRM75292	11±0.3	—	—	—	—	—	—	—	—	—

注：“—”表示无抑菌活性
Note: “—”indicates no antimicrobial activity

[3] 雷艳娟. 骆驼蓬内生放线菌多样性及其次级代谢产物初探[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2020.
Lei Y J. Diversity and secondary metabolites of endophytic actinomycetes in *Peganum harmala* [D]. Ala’r: Tarim University, 2020.

[4] 宋培勇, 郑亚强. 9株土壤放线菌分离鉴定及抗菌活性[J]. 广东农业科学, 2012, 39(23): 186-189.
Song P Y, Zheng Y Q. Identification and antimicrobial activity of nine actinomycetes isolated from soils [J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2012, 39(23): 186-189.

[5] 李文均, 职晓阳, 唐蜀昆. 我国放线菌系统学研究历史、现状及未来发展趋势[J]. 微生物学通报, 2013,

- 40(10): 1860-1873.
- Li W J, Zhi X Y, Tang S K. Actinobacterial systematics in China: past, present and future [J]. Microbiology China, 2013, 40(10): 1860-1873.
- [6] 詹庆, 曹雅丽. 土壤中放线菌的分离与应用[J]. 现代园艺, 2017(3): 24-25.
- Zhan Q, Cao Y L. Isolation and application of actinomycetes in soil [J]. Contemporary Horticulture, 2017 (3): 24-25.
- [7] 夏广欣. 土壤放线菌的筛选、鉴定及其发酵产物的活性研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2012.
- Xia G X. Screening and identification of *Actinomyces* from soil and analysis on fermentation products [D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2012.
- [8] 孙勇. 和田胡杨林土壤放线菌分离、鉴定及次生代谢产物研究[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2015.
- Sun Y. Isolation, identification and secondary metabolites of actinomycetes in the soil of *Populus euphratica* [D]. Ala'ar: Tarim University, 2015.
- [9] 包亮红. 胡杨异形叶中转录因子鉴定及其在叶形态发生中的作用[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2020.
- Bao L H. Identification of transcription factors of *Populus euphratica* Oliv. heteromorphic leaves and their role of the leaf morphogenesis [D]. Ala'ar: Tarim University, 2020.
- [10] 刘攀攀. 胡杨湿地拮抗放线菌筛选及其次生代谢产物的初探[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2020.
- Liu P P. Screening of antagonistic actinomycetes from *Populus euphratica* wetland and preliminary study on their secondary metabolites [D]. Ala'ar: Tarim University, 2020.
- [11] 阿尔新, 旭格拉, 张金辉. 新疆高盐极端环境可培养放线菌的种群及其生物活性初步研究[J]. 环球中医药, 2013, 6(S1): 11-13.
- A E X, Xu G L, Zhang J H. Preliminary study on the population and biological activity of cultivable actinomycetes in extreme high-salt environments in Xinjiang [J]. Global Traditional Chinese Medicine, 2013, 6(S1): 11-13.
- [12] 郑亚强, 肖关丽, 郭志英, 等. 云南元江蔗田土壤放线菌多样性及对几种植物病原菌的抑菌活性[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2016, 31(4): 615-623.
- Zheng Y Q, Xiao G L, Guo Z Y, *et al.* Diversity and antagonistic activity of actinomycetes from sugarcane soil in Yunnan against plant pathogenic fungi [J]. J Yunnan Agric Univ Nat Sci, 2016, 31(4): 615-623.
- [13] 何丽, 郭开发, 艾尼古丽·依明, 等. 新疆红枣缩果病和枣果黑斑病原鉴定[J]. 石河子大学学报(自然科学版), 2017, 35(3): 312-318.
- He L, Guo K F, Enigoli Y, *et al.* Identification of the pathogen causing jujube fruit shrink disease and jujube black spot in Xinjiang [J]. J Shihezi Univ Nat Sci, 2017, 35(3): 312-318.
- [14] 宋博, 徐兵强, 朱晓锋, 等. 南疆红枣黑斑病原鉴定及其保守基因序列分析[J]. 植物病理学报, 2017, 47(3): 411-415.
- Song B, Xu B Q, Zhu X F, *et al.* Identification of jujube black spot pathogens in Southern Xinjiang and its sequence analysis of conserved genes [J]. Acta Phytopathol Sin, 2017, 47(3): 411-415.
- [15] 刘海洋, 王琦, 王伟, 等. 新疆棉花黄萎病的发生现状及其病原菌的分子鉴定与 ISSR 分析[J]. 植物保护学报, 2018, 45(6): 1194-1203.
- Liu H Y, Wang Q, Wang W, *et al.* Molecular identification and ISSR analysis of *Verticillium dahliae* and the current status of cotton verticillium wilt in Xinjiang [J]. J Plant Prot, 2018, 45(6): 1194-1203.
- [16] Cianchetta A N, Davis R M. Fusarium wilt of cotton: management strategies [J]. Crop Prot, 2015, 73: 40-44.
- [17] 范盈盈, 王富兰, 王帅, 等. 红枣黑斑病链格孢属真菌的生物学特性[J]. 西北农业学报, 2020, 29(12): 1913-1921.
- Fan Y Y, Wang F L, Wang S, *et al.* Biological characteristics of *Alternaria* sp. isolated from jujube infected with black spot disease [J]. Acta Agric Boreali Occidentalis Sin, 2020, 29(12): 1913-1921.
- [18] 何旭平, 潘光照, 张敏健, 等. 国外棉花枯萎病研究进展[J]. 中国棉花, 1999, 26(5): 4-5.
- He X P, Pan G Z, Zhang M J, *et al.* Research progress of cotton fusarium wilt abroad [J]. China Cotton, 1999, 26(5): 4-5.
- [19] 姚耀文, 谭联望. 棉花枯、黄萎病圃的设置利用[J]. 棉花, 1979, 6(5): 28-32.
- Yao Y W, Tan L W. Establishment and utilization of cotton blight and verticillium wilt nursery [J]. China Cotton, 1979, 6(5): 28-32.
- [20] 徐理, 朱龙付, 张献龙. 棉花抗黄萎病机制研究进展[J]. 作物学报, 2012, 38(9): 1553-1560.
- Xu L, Zhu L F, Zhang X L. Research on resistance mechanism of cotton to verticillium wilt [J]. Acta Agron Sin, 2012, 38(9): 1553-1560.
- [21] 闫建芳, 刘秋, 刘志恒, 等. 土壤拮抗放线菌的分离、筛选及鉴定[J]. 江苏农业科学, 2006, 34(3): 78-80.
- Yan J F, Liu Q, Liu Z H, *et al.* Isolation, screening and identification of soil antagonistic actinomycetes [J]. Jiangsu Agric Sci, 2006, 34(3): 78-80.

□

(编辑: 杨晓翠)