

引用格式:

毛辉¹, 龙宪军¹, 苏红标¹, 向锦¹, 刘灿^{2,3}, 张健¹, 余佳龙¹, 黄琪¹, 周枫¹, 巢进^{1*}, 田明慧¹, 刘旭东⁴, 陈武^{2,3}. 烟草镰刀菌根腐病生防菌LS06的基因组分析及其防病效果[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2026, 52(2): 86–93.

MAO H, LONG X J, SU H B, XIANG J, LIU C, ZHANG J, YU J L, HUANG Q, ZHOU F, CHAO J, TIAN M H, LIU X D, CHEN W. Genomic analysis and control efficacy of biocontrol strain LS06 against tobacco *Fusarium* root rot[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2026, 52(2): 86–93.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



烟草镰刀菌根腐病生防菌LS06的基因组分析及其防病效果

毛辉¹, 龙宪军¹, 苏红标¹, 向锦¹, 刘灿^{2,3}, 张健¹, 余佳龙¹,
黄琪¹, 周枫¹, 巢进^{1*}, 田明慧¹, 刘旭东⁴, 陈武^{2,3}

(1. 湖南省烟草公司湘西自治州公司, 湖南 吉首 416099; 2. 湖南农业大学植物保护学院, 湖南 长沙 410128;
3. 岳麓山实验室, 湖南 长沙 410128; 4. 湖南省烟草公司怀化市公司, 湖南 怀化 418099)

摘要: 采用稀释涂布法从发病烟株的根际土壤中分离、纯化得到生防菌LS06, 通过平皿对峙培养、16S rRNA测序比对、基因组测序分析和盆栽试验, 评价LS06的生防应用潜力。结果表明: LS06对7种镰刀菌均具有抑制作用, 抑菌率为36.69%~49.30%; 经鉴定, 该菌株为短短芽孢杆菌, 基因组大小为6 131 499 bp; COG功能注释显示其有5 768个功能基因, 其中34个基因与趋化、移动和铁载体合成相关; 基因组中有14个次生代谢产物的生物合成基因簇, 其中4个基因簇与已知化合物的生物合成基因簇的相似性高于78%, 其余10个基因簇的功能产物尚未明确, 说明LS06具有合成多种抑菌活性物质的潜力。盆栽试验结果表明LS06对7种镰刀菌的相对防效为64.74%~76.74%。综上所述, LS06可抑制7种主要镰刀菌的生长, 具有分泌多种抑菌活性物质的潜力, 在镰刀菌根腐病的生物防控中具有良好的应用前景。

关键词: 烟草根腐病; 镰刀菌; 生防菌; 基因组测序与分析; 次生代谢产物

中图分类号: S435.72

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2026)02-0086-08

Genomic analysis and control efficacy of biocontrol strain LS06 against tobacco *Fusarium* root rot

MAO Hui¹, LONG Xianjun¹, SU Hongbiao¹, XIANG Jin¹, LIU Can^{2,3}, ZHANG Jian¹, YU Jialong¹,
HUANG Qi¹, ZHOU Feng¹, CHAO Jin^{1*}, TIAN Minghui¹, LIU Xudong⁴, CHEN Wu^{2,3}

(1. Xiangxi Autonomous Prefecture Branch of Hunan Tobacco Corporation, Jishou, Hunan 416099, China; 2. College of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 3. Yuelushan Laboratory, Changsha, Hunan 410128, China; 4. Huaihua Branch of Hunan Tobacco Corporation, Huaihua, Hunan 418099, China)

Abstract: A biocontrol strain designated LS06 was isolated and purified from the rhizosphere soil of diseased tobacco plants using the dilution plating method. The biocontrol potential of strain LS06 was evaluated through dual culture assays, 16S rRNA gene sequencing and alignment, genome sequencing analysis, and pot experiments. Dual culture assays showed that strain LS06 inhibited seven *Fusarium* species, with inhibition rates ranging from 36.69% to 49.30%. The strain LS06 was identified as *Brevibacillus brevis*, with a genome size of 6 131 499 bp. COG annotation indicated that it harbors 5 768 genes, of which 34 genes are associated with chemotaxis, motility, and siderophore synthesis. The genome contains 14 biosynthetic gene clusters(BGCs) for secondary metabolites. Four of these clusters exhibit more than 78% similarity to known BGCs, whereas the products of the remaining 10 clusters remain unknown, suggesting that strain

收稿日期: 2025-04-22

修回日期: 2025-10-14

基金项目: 湖南省烟草公司湘西自治州公司科技项目(XX2024-2026Aa04); 湖南省重点研发计划项目(2025AQ2028); 岳麓山实验室种业专项(YLS-2025-ZY02039); 中国烟草总公司湖南省公司科技项目(HN2024KJ04); 国家烟草专卖局科技项目(110220001019)

作者简介: 毛辉(1980—), 男, 湖南石门人, 学士, 农艺师, 主要从事烟草绿色防控和烟草育种研究, 38796533@qq.com; *通信作者, 巢进, 硕士, 高级农艺师, 主要从事烟草种植技术创新研究, 471997090@qq.com

LS06 possesses the potential to synthesize diverse antimicrobial compounds. Pot experiments demonstrated that the relative control efficacy of strain LS06 against the seven *Fusarium* species ranged from 64.74% to 76.74%. In conclusion, strain LS06 is capable of inhibiting seven major *Fusarium* species, has the potential to produce various antimicrobial substances, and shows considerable promise for application in the biological control of *Fusarium* root rot.

Keywords: tobacco root rot; *Fusarium*; biocontrol bacterium; genome sequence and analysis; secondary metabolites

烟草镰刀菌根腐病在全国烟区均有发生,在部分烟区已经成为主要的根茎病害^[1-8]。镰刀菌根腐病是典型的土传病害,从幼苗期到成熟期均可发病,发病后根系腐烂坏死,造成植株矮小、叶片变黄萎蔫,茎秆木质部变深褐色,潮湿时病部可见白色至粉红色霉层。多种镰刀菌都可引起烟草根腐病,且不同产区的镰刀菌种群和致病力存在明显分化^[9-14],导致烟草镰刀菌根腐病的防控形势趋于复杂。前期调查发现,湘西土家族苗族自治州烟草根腐病致病菌包括茄病镰刀菌(检出率33.01%,下同)、尖孢镰刀菌(26.21%)、层出镰刀菌(8.74%)和共享镰刀菌(8.25%)等14种;室内毒力试验发现,尖孢镰刀菌、茄病镰刀菌和共享镰刀菌对化学药剂的敏感性存在较大差异,生产上难以通过单独施用某种化学药剂同时防控所有致病菌。鉴于此,筛选具有广谱抑菌活性的生防菌对于高效防控镰刀菌根腐病具有重要的现实意义。

生防菌通过合成并分泌抑菌活性物质发挥生防功能,但不同生防菌株的代谢潜能及作用机制存在显著差异。通过基因组学与代谢组学等技术揭示其功能基因与代谢网络,可为开发高效生防菌剂提供理论依据。随着测序技术的进步, Illumina短读长结合PacBio或Oxford Nanopore长读长测序技术,可高质量完成基因组组装。借助生物信息学工具(如antiSMASH、PRISM及MIBiG数据库),也可快速识别基因组中的聚酮化合物(PKS)、非核糖体肽类化合物(NRPs)、核糖体合成和翻译后修饰肽(RiPPs)等生物合成基因簇(BGCs),解析其保守结构域与模块组成,并预测其产物类型,从而精准定位参与抗生素合成、群体感应调控及环境胁迫响应的功能基因。基因组学与代谢组学技术的结合不但为解析生防菌的生防机制提供了高效技术手段,也为挖掘生防菌基因组中大量“沉默”或未被注释的次生代谢产物的BGCs及潜在抑菌活性物质提供了新的研究方向。

本研究从湘西土家族苗族自治州发病烟草根际土壤中分离到1株细菌LS06,经平皿对峙培养,

测定LS06对7种致病镰刀菌的抑制率和抑菌谱;通过16S rRNA测序及基因组测序鉴定LS06的种属,并挖掘抑菌活性物质的生物合成基因簇;最后通过盆栽试验考察LS06对镰刀菌根腐病的防治效果,以期烟草镰刀菌根腐病的生物防控提供生防菌资源。

1 材料与方法

1.1 材料

供试烟草品种为‘云烟87’;土壤样品采自湘西土家族苗族自治州花垣县根腐病发病烟株的根际土壤,置于冰盒中保存,且在2 d内完成微生物分离。

茄病镰刀菌(*Fusarium solani*)、尖孢镰刀菌(*F. oxysporum*)、厚垣镰刀菌(*F. chlamydosporum*)、层出镰刀菌(*F. proliferatum*)、共享镰刀菌(*F. commune*)、禾谷镰刀菌(*F. graminearum*)和肉红镰刀菌(*F. incarnatum*)等7种镰刀菌均分离自湘西土家族苗族自治州主产烟区^[9]。

1.2 方法

1.2.1 菌株LS06的分离与16S rRNA基因序列分析

采用土壤培养基分离‘云烟87’的根际细菌^[15],采用NB培养基对所分离细菌进行纯培养^[16],细菌与茄病镰刀菌的对峙培养均在NB培养基上进行,挑选抑菌活性较强的菌株进行划线纯化,测定其对其余6种镰刀菌的抑菌谱。

用接种环将LS06的单菌落挑至装有10 μL无菌水的PCR管中混匀,用细菌16S通用引物27F/1492R(5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3', 5'-TACGGYTACCTTGTTACGACTT-3')进行PCR扩增,将扩增产物送至生工生物工程(上海)股份有限公司测序。测序序列经BLAST比对后,再采用邻接法构建基于16S rRNA基因序列的系统发育树^[17]。

1.2.2 菌株LS06的抑菌谱与抑菌率

将LS06与7种根腐病致病菌进行对峙培养,测量菌落直径和抑菌带宽度,计算LS06菌株对7种致

病菌的抑菌率^[18]。

1.2.3 菌株LS06的全基因组测序与分析

将菌株LS06活化后接种于NB液体培养基中过夜培养,培养结束后6 000 r/min离心10 min,收集菌体,置液氮中冷冻1 h,然后保存于干冰中,送至武汉菲沙基因信息有限公司进行PacBio第3代全基因组测序^[19]。所得数据采用Hifiasm软件进行基因组从头组装,获得LS06的全基因组序列,采用Bakta(V1.7.0)对基因功能进行注释^[20],并结合COG数据库开展同源蛋白功能分类注释。

1.2.4 LS06基因组中次生代谢产物生物合成基因簇分析

采用antiSMASH 8.0细菌版(<https://antismash.secondarymetabolites.org/#!/start>)分析LS06中次生代谢产物合成的生物合成基因簇^[21]。

1.2.5 LS06防控镰刀菌根腐病的温室盆栽试验

将7种镰刀菌株分别接种于PDA培养基中恒温培养,至菌落长满平皿,用无菌水洗脱菌株分生孢子,制备孢子悬浮液,调整分生孢子浓度为 1.0×10^5 CFU/mL;将LS06单菌落接种于NB液体培养基,培养至OD₆₀₀为1.2时7 000 r/min离心10 min,收集菌体再用无菌水重悬,调整菌体浓度至

1.0×10^8 CFU/mL,备用。当‘云烟87’长至4叶期时,每株植株接种 1.0×10^8 CFU/mL的LS06菌液50 mL,5 d后再分别接种7种镰刀菌的孢子悬浮液(10 mL, 1.0×10^5 CFU/mL),接种方式均为灌根。每种镰刀菌接种30株烟苗,每10株为1个重复。每种病原菌为1个处理,每个处理的对照(CK)只接种对应的镰刀菌但不接种LS06。根据《烟草病虫害分级及调查方法》(GB/T 23222—2008)调查根腐病分级情况,并计算病情指数。初始症状显现后开始调查,于发病盛期统计病情指数,并据此计算LS06对7种镰刀菌的相对防效。

1.2.6 数据统计与分析

采用Excel 2019对获得的数据进行汇总整理和分组统计,利用DPS 19.05软件对数据进行单因素方差分析,并采用独立样本双尾t检验开展组间差异显著性分析。

2 结果与分析

2.1 LS06对根腐病致病镰刀菌的抑菌谱与抑菌率

以尖孢镰刀菌、茄病镰刀菌、肉红镰刀菌、厚垣镰刀菌、禾谷镰刀菌、共享镰刀菌和层出镰刀菌为靶标菌进行平皿对峙培养,结果(图1)表明,LS06对上述7种镰刀菌具有广谱抑菌活性。

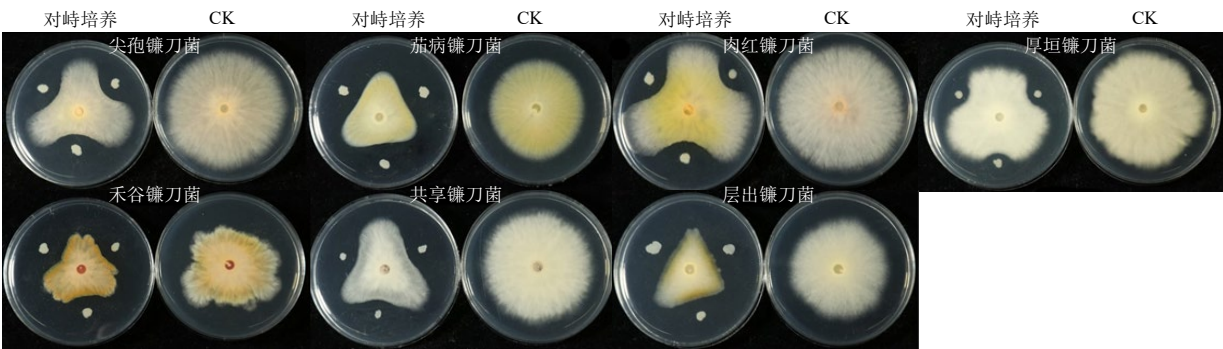


图1 LS06对7种镰刀菌的拮抗效果

Fig. 1 Antagonistic effect of strain LS06 on 7 species of *Fusarium* genus

由表1可以看出,LS06对7种镰刀菌的抑制程度存在明显差异,抑菌率为36.69%~49.30%。其中,对肉红镰刀菌和尖孢镰刀菌的抑菌率均高于49%,对茄病镰刀菌、共享镰刀菌和厚垣镰刀菌的抑菌率分别为46.70%、47.53%和40.33%,对禾谷镰刀菌和层出镰刀菌的抑菌率较低,分别为36.69%和37.71%。

表1 LS06对7种烟草根腐病致病菌的抑制率

Table 1 Inhibitory rate of strain LS06 against 7 tobacco root rot pathogens

菌株名	菌落直径/mm	抑菌带宽度/mm	抑菌率/%
尖孢镰刀菌	66.78±2.93	6.06±0.34	(49.18±3.15)a
茄病镰刀菌	56.20±1.20	8.57±0.43	(46.70±1.56)ab
肉红镰刀菌	71.54±0.01	4.37±1.23	(49.30±3.99)a
厚垣镰刀菌	62.66±6.73	4.66±0.54	(40.33±3.10)bc
禾谷镰刀菌	46.78±1.25	7.47±0.40	(36.69±2.66)c
共享镰刀菌	63.16±1.69	5.42±0.78	(47.53±1.94)ab
层出镰刀菌	55.62±1.91	6.76±0.72	(37.71±5.41)c

注: 同列不同字母表示处理间的差异有统计学意义($P<0.01$)。

2.2 LS06的系统进化分析结果

16S rRNA测序结果(图2)显示, LS06与短短芽孢杆菌的序列一致性高达99.6%。系统进化分析(默认参数)结果表明, LS06与*Brevibacillus brevis* strain

BF19和*B. brevis* strain CanS-90聚在同一分支, 且与*B. brevis* strain BF19的遗传距离最近, 因此将LS06鉴定为短短芽孢杆菌。

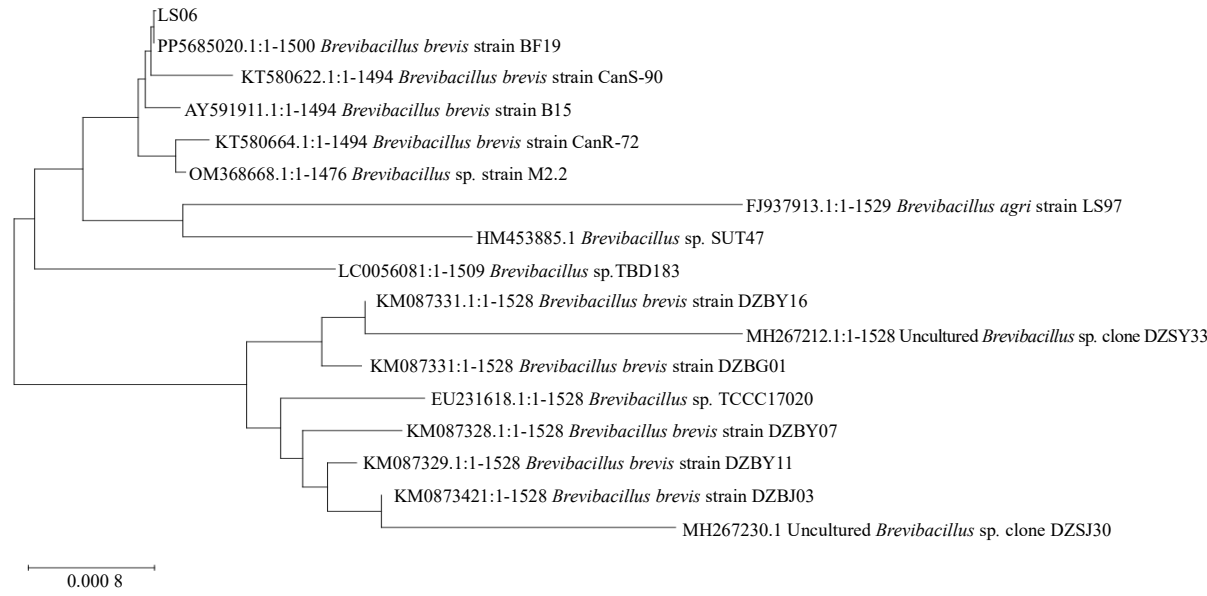
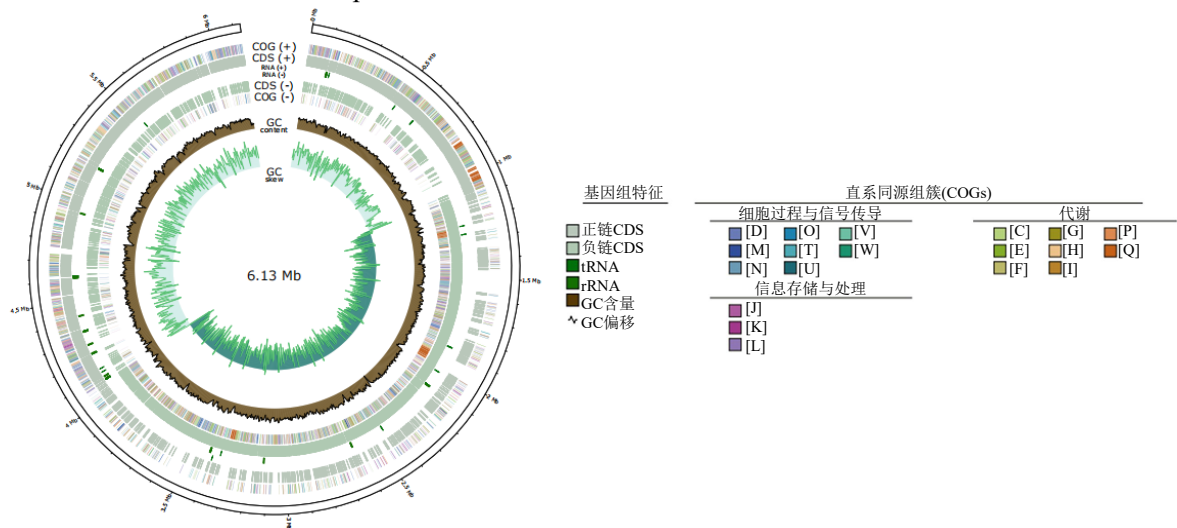


图2 基于16S rRNA基因序列构建的系统进化树
Fig. 2 Phylogenetic tree constructed based on 16S rRNA gene sequences

2.3 LS06基因组测序与基因功能注释

将LS06的PacBio数据经Hifiasm从头组装并通过Bakta(V1.7.0)进行基因功能注释。结果(图3)表明, LS06基因组全长为6 131 499 bp, 平均GC含量为

47.5%, 共有128个tRNA基因, 1个tmRNA基因, 44个rRNA基因和16个ncRNA基因, 预测获得5 768个蛋白质编码基因。

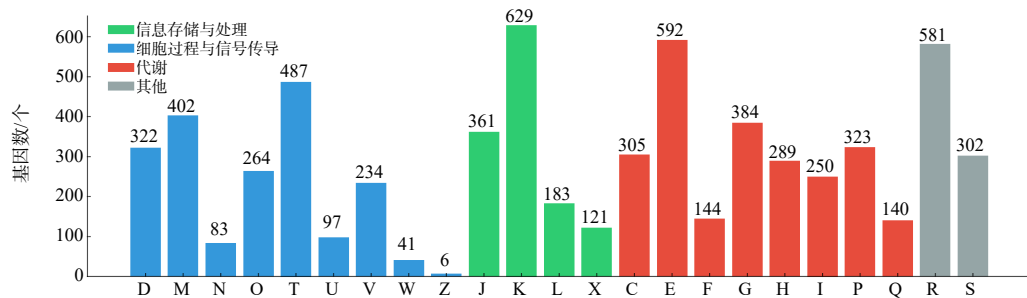


COG(+)为正链上的 GO 基因功能分类; CDS(+)为正链上的编码基因; RNA(+)为正链上的 tRNA 和 rRNA; RNA(-)为负链上的 tRNA 和 rRNA; CDS(-)为负链上的编码基因; COG(-)为负链上的 GO 基因功能分类; GC content 为 GC 含量; GC skew 为 GC 在 DNA 正链或负链中的含量差异。直系同源组簇中 D 表示细胞周期控制与有丝分裂; O 表示蛋白质周转/分子伴侣; V 表示防御机制; M 表示细胞壁/细胞膜; T 表示信号传导; W 表示细胞外结构; N 表示细胞移动; U 表示胞内运输; C 表示能源生产与转换; G 表示碳代谢与运输; P 表示无机离子转运; E 表示氨基酸代谢与运输; H 表示辅酶代谢; Q 表示二级结构; F 表示核酸代谢与运输; I 表示脂质代谢; J 表示翻译; K 表示转录; L 表示复制和修复。

图3 LS06的染色体基因组图谱
Fig. 3 Chromosome genome map of strain LS06

COG数据库注释结果表明,LS06基因组中与代谢相关的基因共8类、2 427个,与细胞过程与信号传导相关的基因9类、1 936个,与信息储存和处理

相关的基因4类、1 294个,此外,鉴定出一般功能基因581个,还有302个基因的功能尚未明确(图4)。



D表示细胞周期控制与有丝分裂; M表示细胞壁/细胞膜; N表示细胞移动; O表示蛋白质周转/分子伴侣; T表示信号传导; U表示胞内运输; V表示防御机制; W表示细胞外结构; Z表示细胞骨架; J表示翻译; K表示转录; L表示复制和修复; X表示转座子; C表示能源生产与转换; E表示氨基酸代谢与运输; F表示核酸代谢与运输; G表示碳代谢与运输; H表示辅酶代谢; I表示脂质代谢; P表示无机离子转运; Q表示二级结构; R表示一般功能预测; S表示功能未知。

图4 LS06的COG功能注释分类结果

Fig. 4 COG function classification of strain LS06

2.4 LS06与根际定殖相关基因的挖掘

分析LS06基因组中与定殖相关的基因,发现与趋化性 (chemotaxis)、移动 (motility) 和铁载体 (siderophore)相关的基因34个,其中与趋化性相关的25个基因中,8个基因与功能已知基因(*cheW*、*cheA*、

cheY、*yoaH*、*motB*和*tlpA*)同源,另有17个基因的功能未知,说明菌株LS06基因组中富含大量化合物感应元件(如植物根际分泌物),参与其与植物和环境的互作。此外还有2个与移动相关的基因和7个与铁载体合成、分泌和铁离子转运相关的基因(表2)。

表2 LS06基因组中与定殖相关的基因

Table 2 Root colonization-associated genes in the genome of strain LS06			
功能分类	基因ID	基因名称	功能
趋化性	GGKIOF_01705	<i>cheW</i>	趋化蛋白
	GGKIOF_02210		带Cache结构域的甲基受体转导蛋白
	GGKIOF_07265	<i>cheW</i>	趋化蛋白
	GGKIOF_07270	<i>cheA</i>	趋化蛋白
	GGKIOF_07320	<i>cheY</i>	趋化蛋白
	GGKIOF_09785	<i>cheW</i>	趋化蛋白
	GGKIOF_11555		甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_11585		趋化蛋白
	GGKIOF_11625		甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_13180		趋化蛋白
	GGKIOF_14145		趋化蛋白
	GGKIOF_14940		甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_17535		甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_17935		甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_19745		趋化蛋白
	GGKIOF_21165		推定的甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_21860	<i>yoaH</i>	推定的甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_22150		推定的甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_22820		甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_24190	<i>motB</i>	趋化蛋白
	GGKIOF_25045	<i>tlpA</i>	甲基受体趋化蛋白

表2(续)			
功能分类	基因ID	基因名称	功能
趋化性	GGKIOF_25400		推定的甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_25810		甲基受体趋化蛋白
	GGKIOF_27245		趋化反应调节因子/谷氨酸甲基酯酶
	GGKIOF_29525		甲基受体趋化蛋白
移动	GGKIOF_18500		滑行运动蛋白
	GGKIOF_24185		运动蛋白A
铁载体	GGKIOF_00330		铁载体生物合成酶
	GGKIOF_16155	<i>yfhA</i>	推定的铁载体转运透酶
	GGKIOF_18200		ABC型钴胺素/三价铁-铁载体转运系统ATP酶组件
	GGKIOF_18610		铁载体ABC转运透酶
	GGKIOF_23685		推定的铁载体铁ABC转运蛋白底物结合蛋白
	GGKIOF_23705		铁载体-铁ABC转运蛋白底物结合蛋白
	GGKIOF_23720		铁载体-铁结合蛋白

2.5 抑菌活性物质生物合成基因簇的挖掘

antiSMASH分析结果表明, LS06基因组中共有14个天然活性产物的BGCs(表3), 其中Region 1与芽孢杆菌嗜铁素BGC(*pet* BGC)的相似度为83%, Region 5与短杆菌酪肽BGC(*tyr* BGC)的相似度为81%, Region 6与短杆菌肽BGC(*gra* BGC)的相似度为91%, Region 7与伊短菌素BGC(*ede* BGC)的相似

度为78%, 且Region 1、Region 5、Region 6和Region 7等4个基因簇内的基因结构完整, 说明在适宜的条件下, LS06具有合成上述抑菌活性物质的潜力。而其他10个基因簇与已知化合物生物合成基因簇的一致性较低甚至未匹配到同源基因簇, 推测其具有合成新天然产物的潜力。

表3 LS06基因组中的次生代谢产物生物合成基因簇

Table 3 Secondary metabolite biosynthetic gene clusters in the genome of strain LS06						
生物合成基因簇	抑菌活性物质种类	起始位置/ bp	终止位置/ bp	同源性分析	产物分类	相似度/%
Region 1	非核糖体肽合成酶依赖型铁载体	48 981	80 695	芽孢杆菌嗜铁素	NRP	83
Region 2	萜烯前体	372 546	393 448			
Region 3	萜烯前体	491 809	512 774			
Region 4	含唑环的核糖体合成和翻译后修饰肽	713 393	736 966			
Region 5	非核糖体肽	804 505	895 928	短杆菌酪肽	NRP	81
Region 6	I类羊毛硫肽与非核糖体肽	926 999	1 051 443	短杆菌肽	NRP	91
Region 7	含反式AT结构域的非核糖体与聚酮杂合肽	1 212 185	1 288 013	伊短菌素	NRP, PKs	78
Region 8	含反式AT结构域的非核糖体与聚酮杂合肽	1 303 255	1 363 562			
Region 9	第III类聚酮化合物	1 611 079	1 652 143			
Region 10	萜烯化合物	1 754 871	1 776 769			
Region 11	含反式AT结构域的非核糖体与聚酮杂合肽	1 912 094	2 023 529	橙黄菌素B/C	聚酮化合物	35
Region 12	核糖体合成及翻译后修饰肽	2 180 706	2 191 608			
Region 13	非核糖体肽	3 274 230	3 341 750	帕西达霉素1/2	NRP	13
Region 14	含RRE结构域	4 773 407	4 794 516			

2.6 LS06对7种尖孢镰刀菌的盆栽防效

由表4可知, 相比于对照组, 接种LS06后各处理的发病率和病情指数均下降。LS06对肉红镰刀菌的相对防效(76.74%)最高, 对共享镰刀菌的相对防效(64.74%)最低, 对厚垣镰刀菌(73.76%)、茄病镰

刀菌(72.06%)、层出镰刀菌(70.35%)、禾谷镰刀菌(71.70%)和尖孢镰刀菌(68.13%)的相对防效居中。盆栽试验结果表明, LS06能有效降低烟草镰刀菌根腐病的病情指数, 对该病害有较好的生防效果。

表4 菌株LS06对烟草镰刀菌根腐病的防治效果

病原菌	发病率/%		病情指数		相对防效/%
	LS06	CK	LS06	CK	
茄病镰刀菌	46.67±10.2	83.33±12.60	11.51±3.10	41.20±4.78	72.06±7.46
尖孢镰刀菌	43.33±8.34	73.33±9.44	9.70±2.45	30.44±6.67	68.13±6.54
厚垣镰刀菌	50.00±11.5	85.07±14.30	13.45±4.18	51.25±5.02	73.76±2.35
层出镰刀菌	36.67±6.54	66.67±10.25	8.36±2.24	28.20±6.40	70.35±4.47
共享镰刀菌	40.00±7.31	73.33±11.55	10.66±3.35	30.23±5.32	64.74±2.86
禾谷镰刀菌	40.00±6.44	73.33±9.64	11.52±4.11	40.70±6.22	71.70±5.39
肉红镰刀菌	33.33±8.25	60.00±10.00	7.64±1.62	32.84±3.25	76.74±4.51

3 结论与讨论

本研究从湘西土家族苗族自治州花垣县根腐病发病烟株的根际土壤中分离纯化了1株菌株LS06，平皿对峙培养结果表明，LS06对7种烟草根腐病致病镰刀菌的抑菌率为36.69%~49.30%；系统进化分析结果表明，LS06为短短芽孢杆菌，其基因组全长为6 131 499 bp，COG功能注释了5 768个基因。antiSMASH分析结果显示，其基因组中共有14个天然产物的生物合成基因簇，说明其具有合成多种抑菌活性物质的潜力；盆栽试验结果表明，LS06对7种镰刀菌具有生防效果，相对防效达64.74%~76.74%。

基于全基因组测序与功能注释，研究人员发现LS06基因组中有34个与趋化性、移动和铁载体合成相关的基因，这些基因为其在根际的定殖与竞争提供了分子基础。趋化性相关基因(如*cheA*和*cheW*)可调控菌株向植物根系或病原菌侵染位点的定向迁移，而铁载体则通过竞争铁离子抑制病原菌生长，这一机制在芽孢杆菌属的生防功能中普遍存在^[22]。antiSMASH分析结果显示，LS06基因组中共有14个次生代谢产物的生物合成基因簇，其中Region 5(短杆菌酪肽)、Region 6(短杆菌肽)和Region 7(伊短菌素)等非核糖体肽的生物合成基因簇与已报道的抗菌物质合成通路具有高度同源性。这些代谢产物可通过破坏病原菌细胞膜结构(如短杆菌酪肽和短杆菌肽)、抑制蛋白质合成(如伊短菌素)或干扰DNA复制(如短杆菌酪肽)发挥协同抑菌效应^[23]，进而使LS06对7种镰刀菌表现出广谱抑菌活性。此外，Region 1与芽孢杆菌嗜铁素生物合成基因簇的相似性高达83%，推测LS06可能同时具备铁载体与非核糖体肽类物质的双重抑菌策略，这也为解析该菌株

广谱抑菌的分子机制提供了理论依据。

盆栽试验结果表明，LS06对烟草镰刀菌根腐病的相对防效为64.74%~76.74%，与已报道的哈茨木霉(*Trichoderma harzianum*)和贝莱斯芽孢杆菌(*B. velezensis*)GDND-2的防效接近^[24-25]。SONG等^[26]研究发现，短短芽孢杆菌BF19对尖孢镰刀菌(*F. oxysporum* f.sp. *momordicae*, FOM)引起的黄瓜枯萎病具有较好的生防效果(62.61%)，其基因组中有13个次生代谢产物的生物合成基因簇，其中巨短菌素(macrobrevin)可能是抑制或杀死FOM的主效抑菌活性物质。本研究暂未评估LS06对烟草生长的促生作用，鉴于多数芽孢杆菌可通过分泌吲哚乙酸(IAA)、ACC脱氨酶等功能物质提升植株的抗逆能力，后续可进一步验证LS06的促生相关特性，以期更全面地评价其生防应用潜力与开发价值。

虽然LS06在实验室条件下展现出良好的应用潜力，但要实现大田应用与推广仍面临诸多亟待解决的问题。首先，需借助转录组学或蛋白质组学技术明确其抗菌代谢物的诱导表达条件，以优化发酵工艺，提升活性代谢物产量。其次，需评估菌株在复杂土壤环境中的存活动态及其对土著微生物群落结构的影响，避免生态位冲突。最后，还可结合分子标记技术追踪LS06在根际的定殖规律，探索其与烟草免疫系统(如SA/JA信号通路)的互作机制，为该生防菌株的田间科学应用提供理论支撑。

参考文献：

[1] 田艳艳, 王伟杰, 苗圃, 等. 河南烟草镰刀菌的初步分子鉴定[J]. 烟草科技, 2014, 47(11): 89–92.

[2] 陈瑞泰, 朱贤朝, 王智发, 等. 全国16个主产烟省(区)烟草侵染性病害调研报告[J]. 中国烟草科学, 1997, 18(4): 1–7.

[3] 黄声仪, 萧启明, 赵松义, 等. 湖南省烟草侵染性病

- 害的调查研究[J]. 湖南农学院学报, 1992, 18(S2): 470–482.
- [4] 桑维钧, 祝明亮, 吴兴禄, 等. 烟草镰刀菌根腐病研究初报[J]. 山地农业生物学报, 1998, 17(3): 140–141, 145.
- [5] 陈志敏. 福建省烟草根茎病害诊断及防治药剂筛选[D]. 福州: 福建农林大学, 2009.
- [6] 陈高航. 烟草根腐病原鉴定及其生物学特性观察[D]. 武汉: 华中农业大学, 2013.
- [7] 刘冰. 烟草新病害—茎黑腐病及安徽省烟田土壤几种病原物的分子检测研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2013.
- [8] 赵杰. 山东省烟草镰刀菌根腐病病原及生物学特性的研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2013.
- [9] 盖晓彤, 卢灿华, 卢艳霞, 等. 云南省烟草镰刀菌根腐病病原鉴定[J]. 中国烟草学报, 2023, 29(3): 74–83.
- [10] 福建省烟草专卖局. 烟草病虫害诊治图鉴[M]. 福州: 福建科学技术出版社, 2012.
- [11] 吴安忠, 程崖芝, 巫升鑫, 等. 烟草镰刀菌根腐病的病原鉴定[J]. 中国烟草学报, 2018, 24(2): 135–140.
- [12] 邱睿, 李小杰, 李娟, 等. 河南烟区烟草镰刀菌根腐病病原鉴定及侵染烟草根系观察[J]. 烟草科技, 2023, 56(7): 17–24.
- [13] 邱睿, 白静科, 李成军, 等. 河南烟草镰刀菌的分子鉴定及致病性分析[J]. 中国烟草学报, 2018, 24(2): 129–134.
- [14] 沈会芳, 邓海滨, 杨祁云, 等. 广东韶关烟区烟草镰刀菌根腐病病原鉴定及致病性分析[J]. 中国烟草科学, 2023, 44(4): 49–57.
- [15] MOURAD E F, SARHAN M S, DAANAA H A, et al. Plant materials are sustainable substrates supporting new technologies of plant-only-based culture media for *in vitro* culturing of the plant microbiota[J]. Microbes and Environments, 2018, 33(1): 40–49.
- [16] 陈海念, 冯蓉, 杨胜竹, 等. 1株生防菌的鉴定及其发酵条件优化[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2020, 46(2): 177–188.
- [17] 杨波, 李云翔, 徐瑾瑜, 等. 黄芪根腐病生防放线菌的筛选、鉴定及其应用[J]. 中国生物防治学报, 2025, 41(3): 554–560.
- [18] 吕翠, 张亮, 黄军, 等. 辣椒果实胎座中生防细菌对白绢病的防效[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2020, 46(3): 331–335.
- [19] RHOADS A, AU K F. PacBio sequencing and its applications[J]. Genomics, Proteomics & Bioinformatics, 2015, 13(5): 278–289.
- [20] SCHWENGERS O, JELONEK L, DIECKMANN M A, et al. Bakta: rapid and standardized annotation of bacterial genomes via alignment-free sequence identification[J]. Microbial Genomics, 2021, 7(11): 000685.
- [21] BLIN K, SHAW S, AUGUSTIJN H E, et al. antiSMASH 7.0: new and improved predictions for detection, regulation, chemical structures and visualisation [J]. Nucleic Acids Research, 2023, 51(W1): W46–W50.
- [22] SHAH S S T H, SHAN W J, WANG Y, et al. Eco-friendly biocontrol of *Ralstonia solanacearum* and plant growth promotion in tobacco using garbage enzyme and *Bacillus velezensis* A1[J]. Molecular Biotechnology, 2026, 68(2): 854–871.
- [23] YANG X, YOUSEF A E. Antimicrobial peptides produced by *Brevibacillus* spp.: structure, classification and bioactivity: a mini review[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2018, 34(4): 57.
- [24] 姚晨虢, 李小杰, 刘畅, 等. 3株拮抗烟草尖孢镰刀菌的木霉菌筛选鉴定及促生防病效果评价[J]. 中国烟草学报, 2022, 28(4): 96–105.
- [25] 沈会芳, 杨祁云, 张景欣, 等. 贝莱斯芽孢杆菌GDND-2对烟草镰孢根腐病菌生长发育的影响[J]. 微生物学通报, 2023, 50(7): 2876–2891.
- [26] SONG L Y, SHEN Y, ZHANG H H, et al. Comprehensive genomic analysis of *Brevibacillus brevis* BF19 reveals its biocontrol potential against bitter melon wilt[J]. BMC Microbiology, 2024, 24: 415.

责任编辑: 毛友纯

英文编辑: 罗 维