



李燕,王思佳,刘昱彤,等. 葡萄主要果实病害生物防治研究进展[J]. 南京农业大学学报,2026,49(5):1133-1147.

Li Y, Wang S J, Liu Y T, et al. Research progress in biological control of major grape fruit diseases[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2026,49(5):1133-1147.

特约综述

葡萄主要果实病害生物防治研究进展

李燕,王思佳,刘昱彤,李欣蔚,庞杰,张梓怡,徐桂福,吕伟兴,付学池,王琦*

(中国农业大学植物保护学院植物病理学系/农林生物安全全国重点实验室/
农业农村部作物有害生物监测与绿色防控重点实验室,北京 100193)

摘要:葡萄果实病害严重影响葡萄产量、商品品质和葡萄酒酿造质量。随着葡萄产业绿色高质量发展和化学农药减量需求的提高,生物防治正逐渐成为葡萄果实病害可持续防控体系的重要组成部分。近年来,多类生防细菌、拮抗酵母、酵母样真菌和丝状真菌被报道用于葡萄果实病害防控,并显示出良好的应用潜力。本文首先概述我国葡萄主要果实病害的种类和发生特点,系统梳理相关生防微生物资源,归纳营养与空间竞争、直接拮抗作用和诱导抗病性等主要防病机制;进一步从果实相关微生物组视角分析病害发生过程中微生物群落的变化及潜在有益微生物挖掘的新思路,并总结国内外活体微生物产品的登记与应用现状。在此基础上,本文进一步对葡萄果实病害生物防治的发展方向进行了展望,认为完善生防资源评价体系、加强候选资源的生态适配性评价和作用机制的因果验证,结合果实相关微生物组开展精准资源挖掘,并优化剂型、田间施用及综合治理技术,是提高葡萄果实病害生物防治稳定性和应用价值的重要方向。

关键词:葡萄果实病害;灰霉病;炭疽病;白腐病;酸腐病;生物防治;果实相关微生物组;生防产品

中图分类号:S436.6

文献标志码:A

文章编号:1000-2030(2026)05-1133-15

Research progress in biological control of major grape fruit diseases

LI Yan, WANG Sijia, LIU Yutong, LI Xinwei, PANG Jie, ZHANG Ziyi,
XU Guifu, LÜ Weixing, FU Xuechi, WANG Qi*

(Department of Plant Pathology, College of Plant Protection/State Key Laboratory of Agricultural and Forestry Biosecurity/
Key Laboratory of Pest Monitoring and Green Management, Ministry of Agriculture and
Rural Affairs, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

Abstract: Fruit diseases in grape production seriously affects grape yield, commercial quality, and wine-making quality. With the increasing demand for green and high-quality development of the grape industry and reduced use of chemical pesticides, biological control has become an important component of sustainable management systems for grape fruit diseases. In recent years, diverse biocontrol bacteria, antagonistic yeasts, yeast-like fungi, and filamentous fungi have been reported for the control of grape fruit diseases, demonstrating promising application potential. This review first summarizes the major types and occurrence characteristics of grape fruit diseases in China and systematically reviews the microbial biocontrol resources reported for their control. The major mechanisms of disease suppression, including competition for nutrients and space, direct antagonism, and induced resistance, are then discussed. From the perspective of fruit-associated microbiomes, changes in microbial communities during disease development and new strategies for identifying potential beneficial microorganisms are further analyzed. The registration and application status of live microbial products for the control of grape fruit diseases worldwide is also summarized. On this basis, future directions for biological control of grape fruit diseases are discussed, with emphasis on improving systematic evaluation of biocontrol resources, strengthening assessment of the ecological adaptability of candidate resources and causal validation of their modes of action, promoting precision mining of beneficial microorganisms based on fruit-associated microbiomes, optimizing formulations, field application techniques, and integrated disease management. These advances are expected to improve the stability and practical application value of biological control for grape fruit diseases.

Keywords: grape fruit diseases; gray mold; ripe rot; white rot; sour rot; biological control; fruit-associated microbiome; biocontrol products

收稿日期:2026-07-07

基金项目:国家葡萄产业技术体系(CARS-29-bc-3)

作者简介:李燕,副教授,主要从事葡萄果实病害防控、植物病害生物防治与微生物生态学研究,E-mail: liyancau@cau.edu.cn.* 通信作者:王琦,教授,主要从事葡萄果实病害防控、植物病害生物防治与微生物生态学研究,E-mail: wangqi@cau.edu.cn.

葡萄(*Vitis vinifera* L.)是全球广泛栽培的重要经济果树,支撑着庞大的鲜食、酿酒、制干和制汁产业链。我国是世界葡萄生产大国,种植面积与产量均位居世界前列,已成为多地农业增收的支柱产业^[1-2]。然而,在葡萄种植生产过程中病害的发生严重威胁着葡萄产业的安全,其中果实病害直接损毁商品器官,已成为影响葡萄产量、商品品质、贮运性能和酿酒原料质量的重要限制因素^[3-5]。长期以来,化学杀菌剂是葡萄果实病害防控的主要手段,但频繁用药带来的抗药性风险、农药残留和果园微生态扰动等问题日益突出^[6]。微生物生物防治具有活体定殖、作用方式多样及可调控果实微生态等特点,可通过优先定殖、营养与生态位竞争及微生物群落调控等方式抑制病害,并有助于降低对化学农药的依赖,正在成为葡萄果实病害绿色防控的重要组成部分^[7-8]。本文在概述我国葡萄主要果实病害发生种类及特点的基础上,系统梳理相关生防微生物资源、作用机制、果实相关微生物组研究进展及产品开发应用现状,以期为我国葡萄果实病害可持续治理提供参考。

1 我国葡萄主要果实病害的种类及发生特点

葡萄果实病害种类繁多,既包括日烧、气灼、生理性落果等生理性病害,也包括由病原微生物引起的侵染性病害。侵染性果实病害中,灰霉病、炭疽病、白腐病、酸腐病、黑痘病和黑曲霉病等可直接危害果实,霜霉病、白粉病、穗轴褐枯病和溃疡病等主要危害叶片、枝条或穗轴,但在一定条件下也可影响果穗和果实。从全国葡萄园病害调查结果来看,灰霉病、炭疽病、白腐病和酸腐病是我国葡萄生产中常见且与果实产量和品质损失密切相关的果实病害^[4-5]。多个主产区区域调查结果显示,我国葡萄果实病害发生具有明显的区域性:南方湿热产区炭疽病、酸腐病及黑曲霉病等成熟期果实腐烂病害较为突出;东部和长江流域部分产区常表现为炭疽病、灰霉病、白腐病和酸腐病并存;东北寒地葡萄产区则以酸腐病、白腐病和灰霉病发生为主;西北干旱、半干旱产区总体病害压力相对较轻,但在降雨、裂果、成熟期低温高湿或果园郁闭条件下,灰霉病、酸腐病、白腐病及果穗黑霉病等果实病害仍可局部加重发生^[9-16]。

葡萄灰霉病、炭疽病、白腐病和酸腐病具有不同的发生特点。灰霉病主要由灰葡萄孢菌 *Botrytis cinerea* 引起,可危害花序、幼穗、成熟果实和采后果实,具有侵染时期长、高湿条件下易扩展以及采前一采后连续危害等特点^[17-18]。炭疽病又称熟腐病或晚腐病,主要由炭疽菌属 *Colletotrichum* spp. 引起,常在花期或幼果期侵染并潜伏,至果实转色和成熟期集中显症,表现出“早期侵染、后期显症”的特点;我国葡萄炭疽病病原菌组成较复杂,*C. viniferum* 是重要优势种之一^[19-20]。白腐病主要由葡萄垫壳孢 *Coniella vitis* 和白腐垫壳孢 *C. diplodiella* 等引起,其中 *C. vitis* 是我国葡萄园白腐病的重要病原。该病多与降雨、高湿、裂果和伤口侵染有关,严重时可导致果穗腐烂、干枯脱落或形成僵果^[21]。酸腐病则是成熟后期典型的复合型果实腐烂病害,通常由受伤果实、产乙醇酵母、醋酸细菌和果蝇等共同参与,表现为果实软化腐烂、汁液外溢并伴有醋酸气味,具有明显的微生物群落失衡和昆虫传播特征^[22-24]。

总体而言,灰霉病、炭疽病、白腐病和酸腐病是我国葡萄主要的果实病害,虽在病原菌组成、侵染时期和危害方式上存在差异,但均与果实发育后期的高湿环境、伤口、潜伏侵染或果面微生态变化密切相关。我国许多葡萄产区在果实成熟期常遭遇高温、高湿或集中降雨,这些环境条件不仅有利于病原菌侵染和果实腐烂,也增加了化学药剂施用、持效和抗药性治理的难度。全国调查显示,葡萄园单一杀菌剂重复使用较普遍,一个生长季施药次数较多,灰霉病等病原菌的抗药性问题亦受到广泛关注^[5]。因此,针对花期、幼果期和转色成熟期等关键侵染时期,研发能够在果面、内部或伤口稳定定殖、提前占据生态位、抑制潜伏侵染并调节果实微生态环境的微生物生防技术,是降低化学杀菌剂依赖和提高葡萄果实病害持续防控能力的重要方向。鉴于此,本文聚焦葡萄这4种主要果实病害,综述近十年生防微生物资源挖掘、作用机制解析及制剂应用的现状,从微生态调控视角探讨葡萄果实病害可持续治理策略,以期为契合我国产区特点的绿色防控技术研发和新型微生态制剂创制提供参考。

2 葡萄主要果实病害生防微生物资源

近年来,围绕葡萄灰霉病、炭疽病、白腐病和酸腐病,研究人员已从多种生境(如根际土壤、植物内生环境、果表及叶际)中分离筛选出大量具有生防潜力的有益微生物,为这些病害的生物防治提供了丰富的资源,主要包括生防细菌、生防真菌、生防放线菌等。

2.1 葡萄灰霉病的生防微生物资源

围绕葡萄灰霉病花期潜伏侵染、成熟期果穗腐烂和采后腐烂等不同发生阶段的防控需求,研究者已从葡萄果面和伤口、果实与枝条内生组织、根际土壤、葡萄园环境及其他植物相关生境中筛选出多类生防微生物,主要包括 *Bacillus*、*Brevibacillus*、*Pseudomonas* 和 *Lactiplantibacillus* 等细菌, *Metschnikowia*、*Hanseniaspora*、*Starmerella*、*Meyerozyma* 等拮抗酵母, *Aureobasidium* 等酵母样真菌,以及 *Trichoderma* 和 *Microdochium* 等丝状真菌(表 1)。

表 1 葡萄灰霉病代表性生防微生物资源
Table 1 Representative microbial biocontrol resources against grape gray mold

微生物类别 Microbial category	菌株 Strain	来源 Source	靶标病原菌 Target pathogen	评价体系 Evaluation system	作用机制/活性物质 Mode of action/active substance	参考文献 Reference
细菌	<i>B. ginsengihumi</i> S38	葡萄枝条木质部	<i>B. cinerea</i>	多地点多年田间试验	抗菌代谢、定殖及侵染位点竞争;田间效果受温度、湿度、降雨和施用后定殖时间影响	[25]
细菌	<i>B. subtilis</i> K1	野生葡萄果实内生组织	<i>B. cinerea</i>	体外抑菌和离体采后果实	挥发性和非挥发性抗菌物质;可提高葡萄 PAL、PPO 和 POD 等防御相关酶活性	[26]
细菌	<i>B. velezensis</i> NH-13-5	海蓬子(<i>Suaeda glauca</i>)相关菌株	多药抗性 <i>B. cinerea</i>	体外抑菌和离体采后果实	产生 iturin A 和 fengycin A 类脂肽,破坏病原菌细胞膜并诱导活性氧异常积累	[27]
细菌	<i>B. velezensis</i> P1、P7、P11、P45	亚马孙地区分离株	<i>B. cinerea</i>	控制条件下果实试验	具有多类脂肽、聚酮、铁载体等生物合成潜力;基因簇存在不等于所有产物,均已在葡萄上验证	[28]
细菌	<i>B. brevis</i> FJAT-0809-CLX+ <i>Bacillus</i> spp.	菌株资源库筛选菌株	<i>B. cinerea</i>	离体果实和叶片	多菌株直接拮抗,并伴随葡萄 PPO 和 CAT 活性提高;菌株间增效关系仍需田间验证	[29]
细菌	<i>P. fluorescens</i> ZX	原文未明确说明	<i>B. cinerea</i>	体外挥发物和采后果实熏蒸	释放挥发性有机物,破坏病原菌菌丝和细胞膜结构并干扰能量代谢	[30-31]
细菌	<i>L. plantarum</i> CM-3	乳杆菌资源菌株	<i>B. cinerea</i>	采后果实试验	调节活性氧稳态,增强 PAL、POD、PPO、CAT 及 β -1,3-葡聚糖酶活性并诱导防御基因表达	[32]
酵母及酵母样真菌	<i>S. bacillaris</i> G17515; <i>M. caribbica</i> G31887	葡萄相关酵母筛选菌株	<i>B. cinerea</i>	体外抑菌和离体果实	快速果面定殖及营养、空间竞争可能是主要基础;关键抗菌因子尚未完全确认	[33]
酵母及酵母样真菌	<i>M. pulcherrima</i> DiSVA 269; <i>A. pullulans</i> DiSVA 211	葡萄园本土分离株	<i>B. cinerea</i>	体外、离体果实和田间筛选	果面定殖、伤口占据、营养与空间竞争以及挥发性代谢物共同参与	[34]
酵母及酵母样真菌	<i>M. pulcherrima</i> MPR3; <i>M. fructicola</i> NRRL Y-27328	酵母资源菌株	<i>B. cinerea</i>	有机葡萄园田间和采后贮藏	伤口定殖、营养和铁竞争、生物膜形成及抗菌代谢作用	[35]
酵母及酵母样真菌	<i>M. aff. fructicola</i> 1-UDM; <i>M. pulcherrima</i> ; <i>H. uvarum</i> 分离株	葡萄果实	<i>B. cinerea</i>	离体果实试验	铁竞争、伤口定殖、生物膜、胞外水解酶、扩散性或挥发性代谢物等多种机制	[36]
酵母及酵母样真菌	<i>M. pulcherrima</i> MP07、MP11、MP14	葡萄果皮、苹果果皮及葡萄园土壤	<i>B. cinerea</i>	体外抑菌和离体果实	铁竞争、生物膜、空间竞争、挥发性有机物和 β -1,3-葡聚糖酶等多机制并存,主导机制具有菌株特异性	[37]
丝状真菌	<i>T. citrinoviride</i> GUI12	葡萄果实相关分离物	<i>B. cinerea</i>	平板对峙和离体果实	挥发性有机物可损伤病原菌菌丝和细胞器;可能还存在接触拮抗	[38]
丝状真菌	<i>M. majus</i> CBS 152328	无症状葡萄组织	<i>B. cinerea</i>	双培养和葡萄叶盘	直接侵入并重寄生病原菌菌丝,兼有轻度抗生和寄主防御诱导;应用前需评价非靶标安全性	[39]

注:文献以近 5 年研究为主,并保留近 10 年内具有田间性、系统性或独特代表性的研究。下同。
Note:Studies from the past five years were prioritized, with representative studies from the past ten years retained when they included field validation, systematic evaluation, or distinctive research value. The same as follow.

2.1.1 生防细菌 芽胞杆菌属是研究最广泛的细菌类群,代表种包括 *B. subtilis*、*B. velezensis* 和 *B. ginsengihumi* 等。葡萄枝条木质部分离的 *B. ginsengihumi* S38 在多个葡萄园和连续生长季中能降低果穗灰霉病的发生,防效达 35%~60%,但不同地点和年份间波动明显^[25]。野生葡萄果实内生 *B. subtilis* K1 可减轻人工接种葡萄果实的灰霉病^[26]; *B. velezensis* NH-13-5 对多药抗性灰葡萄孢表现较强活性,预处理使病斑直径和发病率分别降低 94% 和 80%^[27]。除芽胞杆菌外,假单胞菌和乳杆菌也成为具有特色的候选资源。*P. fluorescens* ZX 可在不与病原菌直接接触的条件下降低采后葡萄灰霉病^[30-31];植物乳杆菌 *L. plantarum* CM-3 处理使采后葡萄灰霉病发生率降低约 55%,并较好维持果实品质^[32]。与芽胞形成细菌相比,这些非芽胞细菌的研究更多集中于采后果实,其在葡萄园果穗上的存活和持续保护能力仍需进一步评价。

2.1.2 拮抗酵母和酵母样真菌 葡萄果面高糖、偏酸而且干燥,为筛选适应果实生态位的拮抗酵母和酵母样真菌提供了天然资源库。已报道的葡萄灰霉病生防资源中,拮抗酵母主要包括 *Metschnikowia*、

Hanseniaspora、*Starmerella* 和 *Meyerozyma* 等属,酵母样真菌则以 *Aureobasidium* 为代表。美极梅奇酵母 (*M. pulcherrima*) DiSVA 269 和出芽短梗霉 (*A. pullulans*) DiSVA 211 在体外、葡萄果实和田间评价中均表现出较好的防治效果^[34]。*M. pulcherrima* MPR3 及 *M. fructicola* NRRL Y-27328 在田间和采后均表现出抑病潜力^[35]。葡萄来源的 *M. aff. fructicola* 1-UDM、*M. pulcherrima* 34-UEM 和 *H. uvarum* 3-UDM 也可降低离体果实的灰霉病^[36]。此外,拮抗酵母 *S. bacillaris* G17515 和 *M. caribbica* G31887 对灰葡萄孢具有较强抑制作用,在离体葡萄果实上也表现出一定生防效果^[33]。

2.1.3 生防丝状真菌 葡萄灰霉病的丝状真菌资源数量相对较少,主要来自葡萄果实或无症状组织。橘绿木霉 (*T. citrinoviride*) GUI12 在平板试验中对菌丝抑制率最高为 89.63%,在离体葡萄果实上的病斑抑制率为 53.56%^[38]。从无症状葡萄组织分离的大微结节霉 (*M. majus*) CBS 152328 可在双培养和葡萄叶盘中抑制 *B. cinerea* 及组织坏死^[39]。这展示了丝状真菌在直接互作方面的潜力,但目前仍缺少田间证据。

2.2 葡萄炭疽病的生防微生物资源

葡萄炭疽病具有潜伏侵染和成熟期显症特点,病原组成较复杂,因而相关生防资源筛选主要围绕抑制 *Colletotrichum* spp. 生长、降低果实发病和延缓采后腐烂等目标展开。已有研究从葡萄果实、叶片、枝条、果面、根际土壤及其他植物相关生境中筛选出多类具有拮抗活性的微生物,主要包括以 *Bacillus* 及其近缘属为代表的芽胞形成细菌、拮抗酵母和丝状真菌等(表 2)。

表 2 葡萄炭疽病、白腐病和酸腐病代表性微生物生防资源

Table 2 Representative microbial biocontrol resources against grape ripe rot, white rot, and sour rot

靶标病害 Target disease	微生物类别 Microbial category	菌株 Strain	来源 Source	靶标病原菌 Target pathogen	评价体系 Evaluation system	作用机制/活性物质 Mode of action/active substance	文献 Reference
炭疽病	细菌	<i>B. cereus</i> NRKT	葡萄园相关细菌	<i>C. gloeosporioides</i>	葡萄园果穗 田间处理	以诱导茈萜酶表达和白藜芦醇合成为主要特征; 该物种的食品安全性需进行菌株水平评价	[40]
炭疽病	细菌	<i>B. velezensis</i> KOF112	葡萄枝条木质部内生菌	<i>C. gloeosporioides</i>	体外抑菌和 葡萄组织试验	造成菌丝顶端膨大和破裂,并诱导葡萄几丁质酶 和 β -1,3-葡聚糖酶相关基因表达	[41]
炭疽病	细菌	<i>B. velezensis</i> S26	有机葡萄园土壤	<i>C. gloeosporioides</i> , <i>C. nymphaeae</i> , <i>C. fructicola</i> , <i>C. acutatum</i> 等	离体果实、叶盘 和组培苗	抗生、表面定殖及芽胞耐贮藏性共同贡献;防效 受病原种、菌株、葡萄材料和组织类型影响	[42]
炭疽病	细菌	<i>B. amyloliquifaciens</i> IJB401; <i>B. velezensis</i> IJBV047	健康葡萄根际土壤;从 325 株芽胞杆菌中筛选	<i>C. viniferum</i> , <i>C. gloeosporioides</i>	体外抑菌和 离体果实	可溶性发酵代谢物和挥发性有机物共同作用,其 中 2-壬酮和 2-癸醇具有明确抑菌活性	[43]
炭疽病	细菌	<i>B. velezensis</i> P1, P7, P11, P45	亚马孙地区分离株	<i>C. acutatum</i>	控制条件下 果实试验	具有 fengycin, iturin/bacillomycin, surfactin, bacillaene, bacilysin 及铁载体等基因簇潜力	[28]
炭疽病	细菌	<i>B. borstelensis</i> SB4; <i>B. subtilis</i> RF1	健康葡萄叶片内生菌	<i>C. gloeosporioides</i>	体外抑菌试验	可产生胞外水解酶等体外拮抗因子;活体条件下 的关键机制尚待验证	[44]
炭疽病	酵母	<i>S. cerevisiae</i>	葡萄酒中分离;从 216 株酵母中筛选	<i>C. gloeosporioides</i>	体外抑菌和 离体果实	抗真菌物质、胞外水解酶以及营养和空间竞争共 同作用	[45]
白腐病	细菌	<i>B. methylotrophicus</i> GSBM05	葡萄根际	<i>C. vitis</i>	体外抑菌、离体 果实和叶片	以可溶性抗菌代谢物介导的直接抗生作用为主	[46]
白腐病	细菌	<i>B. velezensis</i> GSBZ09	健康红地球葡萄根际	<i>C. vitis</i>	体外抑菌、离体 组织和盆栽	产生胞外酶、铁载体和 IAA 并具有溶磷能力,同 时提高葡萄 SOD, PPO, PAL 等防御酶活性	[47]
白腐病	细菌	<i>P. peoriae</i> ZBSF16	小麦根际	<i>C. vitis</i>	离体组织、盆栽和 基因组分析	具有抗菌代谢、铁载体、生物膜、运动性和诱导系 统抗性相关基因潜力;部分机制仍属基因组推断	[48]
白腐病	细菌	<i>P. viciae</i> G166	葡萄根际	<i>C. vitis</i> , <i>C. diplodiella</i>	离体叶片和果粒	具有非核糖体肽和铁载体合成潜力,并可降低 H_2O_2 和 MDA 积累;关键抗菌物质仍待分离确认	[49]
白腐病	细菌	<i>B. gladioli</i> ZBSF BH07	葡萄根际	葡萄白腐病菌及 多种葡萄病原真菌	离体叶片和果粒	含多次生代谢物基因簇,并具有 IAA、铁载体和 溶磷功能;物种内存在潜在致病或产毒菌株,必 须进行菌株级风险评估	[50]
酸腐病	酵母	<i>C. sake</i> CPA-1	最初分离自苹果表面, 后用于葡萄园	受伤葡萄-产乙醇酵母- 醋酸细菌-果蝇共同参与的 酸腐病复合体	有机葡萄园 田间试验	果面定殖、生态位和营养竞争;成膜材料提高覆 盖、持续定殖能力和环境耐受性。现有证据尚不 能证明其可同时阻断全部酵母、醋酸细菌和果蝇 环节	[51]

2.2.1 以芽胞形成细菌为主的生防细菌 目前针对葡萄炭疽病的细菌类生防资源以芽胞形成细菌为主,尤其是 *Bacillus* 及其近缘属菌株报道较多。这类菌株具有形成芽胞、环境适应性强和制剂开发潜力较高

等特点,因此是葡萄炭疽病生防资源筛选中的重要类群。从葡萄根际筛选的 *B. amyloliquefaciens* LJBA01 和 *B. velezensis* LJBV047 可降低 *C. viniferum* 和 *C. gloeosporioides* 引起的果实病害^[43]。*B. velezensis* P1、P7、P11 和 P45 也可降低葡萄上 *C. acutatum* 的数量^[28]。*B. velezensis* S26 则对 *C. gloeosporioides*、*C. nymphaeae*、*C. fruticola* 和 *C. acutatum* 等多个病原菌在葡萄果实、植株或田间试验中表现出较好的防病效果^[42]。葡萄叶片内生菌 *Brevibacillus borstelensis* SB4 和 *B. subtilis* RF1 在体外表现拮抗活性,但尚缺乏果实和田间的进一步验证^[44]。此外,葡萄枝条木质部内生 *B. velezensis* KOF112 可抑制 *C. gloeosporioides* 并减轻葡萄植株上的病害^[41]。

2.2.2 拮抗酵母 针对炭疽病的酵母资源较少,现有代表主要为葡萄酒来源的酿酒酵母(*S. cerevisiae*)。LFA802、L24 和 GA8 等菌株均可抑制 *C. gloeosporioides*,其中 GA8 能够在葡萄果面维持较高种群数量,并显著减轻人工接种果实的发病程度^[45]。该类酵母对葡萄果实高糖、低 pH 环境具有一定适应性,但相关研究仍主要停留在人工接种果实阶段,对不同 *Colletotrichum* 种、葡萄品种以及自然潜伏侵染的防病能力尚不清楚。

2.2.3 葡萄内生真菌 葡萄内生真菌具有较高的物种和代谢多样性,是筛选抗菌菌株及活性代谢物的重要资源。现有研究从健康葡萄叶片中获得了 *Alternaria*、*Curvularia*、*Daldinia*、*Nigrospora* 和 *Fusarium* 等属的内生真菌,其中部分菌株可显著抑制 *C. gloeosporioides* 的菌丝生长^[52]。此外,来源于其他植物的内生真菌也表现出潜力,如苦豆子内生腐皮镰刀菌 HD31 产生的挥发性物质可抑制葡萄炭疽菌 *C. siamense*^[53]。与芽胞杆菌相比,内生真菌研究仍以离体筛选为主,缺少葡萄果实和田间防效证据。由于部分候选菌属中包含植物病原菌或产毒菌株,其开发利用前应重点开展致病性、毒素产生和生态安全性评价。现阶段,内生真菌更适合作为新型抗菌代谢物和功能基因挖掘的资源。

2.3 葡萄白腐病的生防微生物资源

针对葡萄白腐病开展的生防微生物资源筛选相对有限,已报道资源以生防细菌为主,主要包括以 *Bacillus* 和 *Paenibacillus* 为代表的芽胞形成细菌, *Pseudomonas* 和 *Burkholderia* 等非芽胞细菌,以及 *Streptomyces* 等放线菌,拮抗酵母及生防真菌研究较少(表2)。候选菌株主要来源于葡萄根际或葡萄园土壤,少数分离自其他植物根际或生态环境。

2.3.1 以芽胞形成细菌为主的生防细菌 芽胞形成细菌如芽胞杆菌和类芽胞杆菌是葡萄白腐病生防研究的主要类群。甲基营养型芽胞杆菌 GSBM05 和贝莱斯芽胞杆菌 GSBZ09 均分离自健康葡萄根际,可显著抑制 *Coniella* 菌丝生长和孢子萌发,并在离体葡萄果实和叶片上表现出较好防效,其中 GSBZ09 还在盆栽葡萄上验证了促生作用及防御相关酶活性提升效果^[46-47]。皮氏类芽胞杆菌 ZBSF16 虽来源于小麦根际,但在葡萄果实和叶片上对白腐病表现出较好防效,并可在温室盆栽葡萄幼苗根际定殖,促进植株生长,同时降低叶片接种 *C. vitis* 后的发病率和病情指数^[48]。解淀粉芽胞杆菌 gfi-4 和 SJ1606 的发酵产物或脂肽粗提物也可抑制葡萄白腐病菌,并与部分化学杀菌剂表现出协同作用^[54-55]。总体来看,此类菌株已在室内抑菌、离体叶片和果实评价以及部分盆栽生理响应试验中显示出潜力,但多数研究仍缺少葡萄园田间防效和制剂化应用证据。

2.3.2 非芽胞生防细菌 除芽胞形成细菌外, *Pseudomonas* 和 *Burkholderia* 等非芽胞细菌也被报道具有防治白腐病的潜力。葡萄根际来源的豌豆假单胞菌(*P. piscium*) G166 对白腐病菌具有较强拮抗作用,并可减轻离体葡萄叶片和果实发病,是较有潜力的候选资源^[49]。唐菖蒲伯克霍尔德菌(*B. gladioli*) ZBSF BH07 对白腐病菌及多种葡萄病原真菌具有广谱抑制活性,在离体叶片和果实上表现出一定保护作用^[50]。需要注意的是, *Burkholderia* 属包含植物致病、机会致病或潜在产毒成员,因此相关菌株进入产品开发前需开展系统的安全性评价。

2.3.3 放线菌 有关葡萄白腐病拮抗放线菌研究相对较少。葡萄园土壤来源的薰衣草链霉菌 K5 可抑制 *C. diplodiella*,其发酵液在离体葡萄果实上表现出一定的预防和治疗作用^[56]。目前链霉菌研究仍以菌株筛选和离体评价为主,其活性代谢物、定殖能力和田间防效尚需深入研究。

2.4 葡萄酸腐病的生防微生物资源

直接针对葡萄酸腐病开展的微生物生防研究较少,现有资源主要集中于非致病性土著有益酵母,清酒假丝酵母(*Candida sake*) CPA-1 是目前研究较为系统的代表菌株(表2)。将 CPA-1 与淀粉或麦芽糊精等成膜材料复配后,可改善其在葡萄果面上的覆盖和持续定殖能力,并在有机葡萄园中降低酸腐病严重度,

但不同年份间防效存在波动,且对病害严重度的控制优于对发病率的控制^[51]。这表明单一拮抗酵母能够减缓病害扩展,但难以完全阻断由酵母、醋酸细菌和果蝇共同驱动的发病过程。

2.5 生防资源评价体系与田间转化关键问题

现有生防资源筛选的效果评价主要集中于平板对峙、挥发物或发酵液抑菌、离体果实和叶片、采后果实或盆栽水平(表1和表2),尚缺乏葡萄园条件下的系统评价。虽然平板抑菌试验能反映病原菌与生防菌或代谢物的直接互作,离体果实和采后果实能够初步评价伤口定殖和局部保护作用,但田间试验更能反映果穗微气候、降雨冲刷、紫外辐射、病原潜伏侵染、果实发育变化以及栽培管理措施等实际应用条件的综合影响。因此,候选菌株从实验室筛选走向田间应用,其关键问题不仅在于是否具有体外抑菌活性,还在于现有研究对其果面或伤口生态位适应性、田间存活与定殖动态、高湿和雨水冲刷条件下的稳定性、与常用化学药剂及栽培措施的兼容性等环节评价不足;同时,多地点、多年份和自然病害压力下的证据仍较有限,与候选菌株特性相匹配的高效施用技术和配套管理措施也有待完善,因此实验室防效能否稳定转化为田间防效仍缺乏充分依据。后续生防资源筛选应构建由“体外活性评价—离体组织验证—盆栽或半田间试验—自然田间评价—高效施用技术优化—产品化应用评价”逐级递进的效果评价体系,并结合菌株基因组、代谢产物、抑菌表型、果面定殖能力、环境适应性和药剂兼容性等多维数据,探索利用机器学习等人工智能方法对候选菌株的生防潜力、应用场景和转化风险进行辅助预测与优先级排序,以提高田间应用价值判断的准确性。

3 葡萄主要果实病害生防微生物的防病机制

生防微生物对葡萄果实病害的抑制主要涉及营养与空间竞争、拮抗作用、诱导寄主抗性以及果实微生物态调控等过程。其中,拮抗作用包括重寄生或接触性破坏、胞外水解酶介导的病原结构降解,以及抗菌代谢物和挥发性有机物介导的抑菌作用。

3.1 营养与空间竞争

营养与空间竞争是果面和伤口生防微生物发挥作用的基础机制。葡萄果实成熟后糖分升高,伤口渗出液中含有可利用的糖、氨基酸和无机元素,为灰葡萄孢、炭疽菌以及酸腐相关微生物的定殖和萌发提供了条件。若生防微生物能够在病原菌侵入前优先占据花器、果面或伤口,并迅速消耗局部营养,即可缩短病原菌可利用的侵染时间。*Metschnikowia*、*Aureobasidium*、*Hanseniaspora*、*Starmerella* 和 *Meyerozyma* 等葡萄来源酵母能够在果粒表面或伤口中维持较高种群,是其控制灰霉病的重要基础^[33-34,36]。葡萄酒来源的酿酒酵母(*S. cerevisiae*)在成熟果面上的存活及对营养和空间的竞争,也参与了其对 *C. gloeosporioides* 的抑制^[45]。

铁元素是微生物生长和多种酶促反应所必需的微量营养,部分生防菌可通过铁载体、普切明 pulcherrimin 形成或其他高亲和铁获取系统降低病原菌可利用铁水平,从而形成铁竞争。*M. pulcherrima* 部分菌株具有 pulcherrimin 相关铁固定能力,外源补铁可削弱其抑菌活性和果实防效,说明铁竞争可参与其拮抗作用,但不同菌株的铁限制能力与果实防效并不完全一致^[37]。白腐病候选菌 *B. velezensis* GSBZ09 和 *P. peoriae* ZBSF16 具有铁载体产生能力,ZBSF16 还具有生物膜形成、运动和趋化等定殖相关特征,*P. viciae* G166 基因组中也预测到铁载体相关基因簇^[47-49]。这些结果提示相关菌株具备铁获取和生态位竞争的潜在基础,但铁竞争是否直接贡献于活体防效,仍需通过原位定殖、外源铁补偿或铁载体缺陷突变等试验进一步验证。酸腐病中,*C. sake* CPA-1 可通过快速占据受伤果面和消耗可利用营养参与病害控制,但该机制难以单独阻断果蝇传播及酵母-醋酸细菌的连续代谢过程^[22,51]。

3.2 直接拮抗作用

直接拮抗作用是生防微生物抑制葡萄果实病原的重要机制,主要表现为直接破坏病原菌丝、孢子、细胞壁或细胞膜结构,以及通过抗菌代谢物抑制病原生长和侵染。根据不同的作用方式,可进一步概括为重寄生与接触性破坏、胞外水解酶介导的结构降解,以及抗菌代谢物和挥发性有机物介导的抑菌作用。

3.2.1 重寄生与接触性破坏 重寄生是生防真菌直接识别、附着并侵入病原真菌菌丝的过程,通常伴随菌丝缠绕、局部穿透及病原细胞结构瓦解。葡萄灰霉病研究中,从无症状葡萄组织分离的大微结节霉(*M. majus*) CBS 152328 能够附着并侵入 *B. cinerea* 菌丝,在葡萄叶盘中抑制病原扩展和组织坏死,是葡萄灰霉病生防研究中较明确的重寄生案例^[39]。并非所有直接互作都表现为完整的寄生过程。部分生防菌

或其代谢物可导致病原菌丝形态异常、细胞膜受损或内容物泄漏。经 *B. velezensis* KOF112 处理后, *C. gloeosporioides* 菌丝顶端出现膨大和破裂^[41]; *B. velezensis* NH-13-5 的脂肽可使灰葡萄孢细胞膜受损并导致内容物泄漏^[27]。这些显微或生理变化说明生防菌或其代谢物能够直接破坏病原结构。对白腐病菌和酸腐复合微生物,现有的葡萄研究尚缺乏生防菌直接寄生病原的显微和分子证据。

3.2.2 胞外水解酶介导的结构降解 真菌细胞壁主要由几丁质、 β -葡聚糖、糖蛋白及其他多糖构成,是维持菌丝形态和抵抗外界胁迫的重要结构。生防细菌、酵母和丝状真菌可分泌几丁质酶、 β -1,3-葡聚糖酶、蛋白酶和纤维素酶等胞外酶,降解病原菌细胞壁或表面结构,从而影响孢子萌发、芽管伸长和菌丝完整性。多株葡萄来源 *Metschnikowia* 及其他拮抗酵母具有 β -1,3-葡聚糖酶等酶活性,可能参与其对灰葡萄孢的抑制^[36-37]。针对 *C. gloeosporioides* 的酿酒酵母 *S. cerevisiae* 也能产生胞外水解酶,并与其果实保护作用相伴^[45]。白腐病候选菌 *B. velezensis* GSBZ09 可产生蛋白酶和纤维素酶,同时显著抑制 *Coniella* 孢子萌发^[47]。此外, *B. velezensis* KOF112 处理后炭疽菌菌丝破裂,也可能与胞外酶和其他代谢物的协同作用有关^[41]。不过,许多研究仅检测培养基上的酶活性或寄主组织中相关酶活性升高,尚未通过酶纯化、抑制剂或功能基因缺失证明某一胞外酶是防效的必要因素。对于酸腐病,目前没有证据表明单一水解酶能够同时控制产乙醇酵母、醋酸细菌和果蝇参与的复合病程。

3.2.3 抗菌物质介导的抑菌作用 抗菌物质介导的抑菌作用是生防微生物直接拮抗葡萄果实病原的重要机制之一。根据扩散特征和作用方式,相关抗菌物质可分为非挥发性抗菌物质和挥发性有机物。前者主要包括脂肽、聚酮、非核糖体肽及其他可扩散代谢物,通常在菌体周围、病原接触界面或局部组织环境中发挥作用;后者可通过气相扩散影响邻近病原菌。不同抗菌物质可通过破坏细胞膜或细胞壁、干扰氧化还原稳态、抑制能量代谢或阻断孢子萌发等途径抑制病原生长和侵染。

非挥发性抗菌物质中,脂肽是芽胞杆菌中研究较深入的一类抗真菌因子。针对葡萄灰霉病, *B. velezensis* NH-13-5 产生伊枯草菌素 A (iturin A) 和丰原素 A (fengycin A) 同系物,这些脂肽可破坏灰葡萄孢细胞膜,引起膜通透性增加、细胞内容物泄漏及活性氧异常积累^[27]。 *B. subtilis* K1 的非挥发性培养产物同样能抑制 *B. cinerea*,但主要活性组分尚未完全明确^[26]。针对葡萄炭疽病, *B. amyloliquefaciens* LJBA01 和 *B. velezensis* LJBV047 的发酵代谢物可降低 *C. viniferum* 和 *C. gloeosporioides* 引起的果实病害^[43]。针对葡萄白腐病,甲基营养型芽胞杆菌 *B. methylotrophicus* GSBM05 无菌发酵液可直接抑制 *C. diplodiella* 菌丝生长和孢子萌发^[46]。此外,贝莱斯芽胞杆菌 (*B. velezensis*) GSBZ09、皮氏类芽胞杆菌 (*P. peoriae*) ZBSF16 和唐菖蒲伯克霍尔德菌 (*B. gladioli*) ZBSF BH07 也被报道具有抗菌次生代谢物合成潜力,并对白腐病菌表现出抑制活性,但其主效抗菌成分及其对白腐病活体防效的实际贡献仍需进一步分离鉴定和功能验证^[47-48,50]。

挥发性有机物是另一类重要的抗菌物质,可在生防菌与病原菌无需直接接触的条件下发挥抑菌作用。与非挥发性抗菌代谢物相比,葡萄果实病害生防菌挥发性有机物的研究更多停留在抑菌活性评价层面,其主效成分和开放环境中的有效浓度仍有待明确。针对葡萄灰霉病, *P. fluorescens* ZX 产生的挥发物可抑制 *B. cinerea* 菌丝生长和孢子萌发,并造成细胞膜损伤和能量代谢紊乱^[30-31]。 *B. subtilis* K1、*M. pulcherrima* 不同菌株和橘绿木霉 *T. citrinoviride* GUI12 也表现出挥发性抑菌活性,但其主效成分和开放环境中的有效浓度仍不清楚^[26,37-38]。在葡萄炭疽病研究中, *B. amyloliquefaciens* LJBA01 和 *B. velezensis* LJBV047 产生的挥发物可抑制 *Colletotrichum*,其中 2-壬酮和 2-癸醇被确定为具有活性的候选成分^[43]。

3.3 诱导葡萄抗病性

有益微生物可通过激活葡萄防御反应,提高果实、叶片或整株对病原侵染的响应速度和强度。该过程常表现为苯丙烷代谢增强、防御相关酶和病程相关蛋白表达上调,以及活性氧产生与清除的重新平衡。针对葡萄灰霉病, *B. subtilis* K1 可提高葡萄 PAL、PPO 和 POD 活性, *L. plantarum* CM-3 则增强 PAL、POD、PPO、CAT 和 β -1,3-葡聚糖酶活性,并调节采后果实的活性氧稳态^[26,32]。葡萄炭疽病生防菌 *B. cereus* NRKT 可促进葡萄果皮芪合酶表达和白藜芦醇积累,从而降低炭疽病发病率^[40]。针对葡萄白腐病, *B. velezensis* GSBZ09 可提高 SOD、PPO 和 PAL 等防御酶活性, *P. viciae* G166 处理后葡萄组织中 H_2O_2 和 MDA 积累下降,并维持较高叶绿素含量和光合作用状态^[47,49]。对于酸腐病,当前尚缺 *C. sake* CPA-1 或其他候选生防菌诱导葡萄伤口防御的直接证据。

3.4 果实生态位中的多机制整合

营养与空间竞争、直接拮抗作用和诱导葡萄抗病性是葡萄果实病害生防微生物发挥作用的主要机制,

但这些机制在果实环境中往往并非孤立发生。已有研究表明,生防菌常同时具有多种功能,其实际防效受菌株特性、靶标病原、寄主组织状态和环境条件共同影响^[57-58]。因此,评价葡萄果实病害生防机制时,不能仅依据体外抑菌、胞外酶活性或防御酶活性等单一指标判断其作用方式,还应结合候选菌在花器、果面、伤口或果实组织中的定殖能力、存活稳定性和活体防效进行综合分析。

葡萄果面、伤口和果实内部在营养供应、水分状态、表皮结构、本底微生物群落和病原侵染窗口等方面存在差异,决定了同一生防菌在不同生态位中可能表现出不同的主导作用。已有葡萄微生物组研究显示,浆果表面微生物群落受果实发育、气候条件、品种和栽培方式等因素影响,果面、果汁和果实内部组织中的微生物群落也仅部分重叠^[59-61]。因此,后续研究需要将生防菌定殖动态、病原数量变化、果实发育状态和本底微生物群落变化结合起来,进一步解析不同防病机制在真实果实生态位中的相对贡献。基于这一逻辑,下一节将从果实微生物组角度讨论葡萄果实病害发生、核心菌群筛选和群落定向调控如何为生物防治提供新的研究路径。

4 果实相关微生物组视角下葡萄果实病害生物防治的新认识

传统葡萄果实病害研究多聚焦“病原菌-宿主-生防微生物”互动,但灰霉病、炭疽病等病害的发生和显症常涉及花器、幼穗、果面、伤口、果实内部组织及采后环境等连续生态位。这些生态位中定殖着细菌、酵母和丝状真菌等多类微生物,其群落结构受宿主代谢物、表皮结构、环境条件和果实发育进程共同影响。随着高通量扩增子测序、宏基因组、宏转录组和代谢组等技术的发展,研究者可从群落组成、功能潜力和代谢活动等层面解析病害演替,并识别与病害抑制相关的潜在有益微生物及其生态功能^[59-61]。因此,生物防治的目标不应局限于降低单一病原菌数量,还应关注病原侵染至病害显症阶段花果相关微生境中微生物群落结构和功能的定向调控,以维持或恢复有利于病害抑制的微生态状态。

4.1 病害发生过程中葡萄果实相关微生物组的重塑

葡萄果实病害的发生与果实相关生态位中微生物群落的组成及动态变化密切相关。健康葡萄花器、果面、伤口和果实内部并非无菌环境,而是携带潜在有益菌、腐生菌、机会型病原菌和低丰度致病类群等多类微生物。病害发生不一定始于某一外来病原的突然出现,也可能源于果皮损伤、营养泄漏、湿度升高或成熟衰老等因素诱发的群落结构和代谢状态改变。此时,少数功能类群快速扩增,并与病原侵染、组织软化和腐败代谢形成正反馈,但病斑组织中相对丰度升高的微生物也可能是继发定殖者,不能仅凭丰度变化判定其为病害发生的影响因子^[59-60, 62-64]。

酸腐病为认识果实相关微生物组重塑提供了较明确的例证。健康果实表面本身即可检测到多种酵母和醋酸细菌,病害发生过程中常伴随 *Acetobacter*、*Gluconobacter*、*Komagataeibacter* 及发酵酵母等类群富集、细菌多样性下降和群落优势度改变^[23, 64-66]。不同产区和气候条件下酸腐病相关微生物组合并不完全一致,果蝇还可参与微生物传播和组织破坏,说明酸腐病更适合被理解为果实破损后由发酵、产酸和昆虫传播功能群连续接替形成的生态过程,而非单一病原菌侵染导致的病害^[22, 24, 67]。

除酸腐病这类复合腐烂病外,同一病原在不同果实生态背景下也可能导致不同病害结果。葡萄灰霉病和贵腐均与灰葡萄孢(*B. cinerea*)有关,但前者多在持续高湿条件下造成软腐、组织崩解和产量损失,后者则在湿润侵染后伴随干燥通风形成果粒缓慢脱水和风味物质浓缩。宏转录组研究显示,两种结果下 *B. cinerea* 功能基因表达、伴生微生物活性以及葡萄宿主防御和代谢反应均存在差异^[68-70]。这说明葡萄果实病害的发生结果不仅取决于病原存在与否,也受果实发育状态、环境湿度、伴生微生物和宿主代谢共同影响。相比之下,针对破坏性灰霉病自然发生过程中病原扩展、伴生微生物群落变化和果实响应的动态研究仍不足,炭疽病和白腐病发生过程中果实相关微生物组变化的研究也相对有限。

4.2 从关联网络到核心菌群和合成群落

果实相关微生物组研究可将生防资源挖掘由随机分离逐步转向基于生态功能的定向筛选。健康花果生态位中稳定存在的核心菌群、与病害严重度或病原丰度呈负相关的微生物类群,以及微生物互作网络中的关键节点,均可作为潜在有益微生物的重要来源^[71-76]。与传统平板筛选相比,微生物组导向的资源挖掘更强调候选菌能否适应花器、果面、伤口或采后果实等花果相关微生境,能否在本底群落中稳定建立,并能否影响病原定殖、腐败功能群扩增或病害演替过程。

多组学融合有助于提高候选资源筛选的功能分辨率。葡萄果实代谢组与微生物组联合分析结果显

示,氨基酸、黄酮和蜡质成分等宿主代谢物与多个细菌和真菌类群相关,提示宿主营养状态和表皮化学特征可能参与果实微生物群落筛选^[73]。果实内生微生物网络研究识别出 *Sphingomonas*、*Massilia* 和 *Bacillus* 等潜在关键类群,并揭示其与挥发性代谢物之间的联系^[72]。从叶际、果际到葡萄汁的追踪研究也表明,不同生境具有可区分的微生物标志物,果皮完整性可能影响微生物向果汁的传递^[74]。这些研究说明,果实相关微生物群落并非随机组合,而是受宿主基因型、果实化学组成、生态位条件和环境因子共同筛选。

需要指出的是,微生物组关联分析只能提出候选类群和潜在功能假设,不能直接证明其具有生防作用。后续研究应结合可培养菌株分离、病原共接种、关键菌株去除与回补、合成群落重构和多地点田间验证,明确核心菌群与病害抑制之间的因果关系。在应用层面,可围绕具体病害、病原侵染关键时期和花果相关微生境,按照功能互补原则构建简化合成群落,例如组合具有病原抑制能力的拮抗菌、能够稳定占据果面或伤口的定殖菌,以及可调节寄主防御或维持群落稳定的辅助菌。该思路有望将传统“单菌-单病原”的生防模式拓展为面向病害生态网络的精准干预,但其稳定性、安全性和田间适用性仍需系统评价。

5 防控葡萄主要果实病害的生防产品开发与应用

前述研究已筛选出多类具有防病潜力的细菌、酵母和丝状真菌,并从竞争、直接拮抗作用和诱导抗性等方面阐明了其作用机制。然而,候选菌株只有在完成安全评价、规模化发酵、剂型加工、质量控制、多地田间药效和登记风险评价后,才能转化为可稳定使用的生防产品。目前葡萄果实病害的产品开发高度集中于灰霉病、炭疽病、白腐病和酸腐病的产品开发明显滞后。

5.1 国外防控葡萄果实病害的生防产品及应用现状

本文进一步检索了英国健康与安全执行局(Health and Safety Executive, HSE)、美国环境保护署(United States Environmental Protection Agency, EPA)、加拿大有害生物管理局(Pest Management Regulatory Agency, PMRA)、澳大利亚农药和兽药管理局(Australian Pesticides and Veterinary Medicines Authority, APVMA)、欧盟委员会(European Commission)和德国联邦消费者保护与食品安全局(Federal Office of Consumer Protection and Food Safety, BVL)官方数据库,显示国外登记用于葡萄果实病害的活体微生物产品以芽胞杆菌和酵母样真菌为主(表3)。其中,灰霉病的产品和菌株类型最为丰富,含 *Bacillus* QST 713、FZB24、MBI 600、D747 和 QST 2808 等菌株的产品已在多个国家获得葡萄用途授权, *A. pullulans* DSM 14940 和 DSM 14941 组成的 Botector[®] 也进行了跨国登记。这些产品主要依靠果穗表面定殖、营养与空间竞争及抗菌代谢物发挥作用,标签普遍强调在病原侵染前或发病初期施用预防,并保证果穗充分覆盖。

从登记靶标看,国外微生物产品的应用仍以葡萄灰霉病为主。炭疽病方面,美国 Fungisei/AVIV 和 BACIX 均以 *B. subtilis* IAB/BS03 为有效成分,标签明确包括由 *C. gloeosporioides* 引起的葡萄炭疽病^[77-78]。同一菌株形成不同终端产品,说明其已完成从菌株筛选、制剂加工到登记应用的连续开发,但跨产区稳定性和对不同 *Colletotrichum* 种的适用范围仍需结合区域试验评价。

5.2 国内防控葡萄果实病害的生防产品及应用现状

我国农业农村部农药登记情况显示,我国登记用于葡萄灰霉病的活体微生物产品共涉及6个登记证(<http://www.icama.org.cn/zwb/dataCenter?hash=reg-info>),主要包括木霉菌和解淀粉芽胞杆菌(表4)。解淀粉芽胞杆菌 KN-527 和 QST713 为高活菌量悬浮剂,木霉菌产品则以可湿性粉剂和水分散粒剂为主,表明我国葡萄灰霉病微生物产品已形成细菌液体制剂与丝状真菌固体制剂并存的产品结构。目前尚无炭疽病、白腐病和酸腐病生防微生物产品的登记。

5.3 葡萄果实病害生防产品开发与应用中的问题及建议

从各国官方登记产品情况看,葡萄果实病害生防产品开发仍处于相对有限的阶段,主要表现为登记产品数量较少、病害覆盖不均衡、有效成分类型相对集中以及剂型较单一(表3和表4)。现有产品主要集中于葡萄灰霉病,针对炭疽病、白腐病和酸腐病的登记生防产品较少;有效成分以芽胞杆菌、木霉菌和酵母样真菌等少数类群为主;剂型多为可湿性粉剂、悬浮剂、水分散粒剂等常规剂型,适应葡萄花果复杂微环境的专用剂型仍较有限。与大量生防菌分离筛选和作用机制研究相比,真正进入登记和生产应用阶段的产品数量较少(表1—表4),说明葡萄果实病害生防资源向产品转化仍存在较大提升空间。

造成这种“研究资源较多、登记产品较少”的现象,可能与葡萄果实病害发生过程复杂、田间应用场景差异大、剂型适配和特效技术要求高、配套施用技术及登记支撑数据不足等因素有关。灰霉病、炭疽病、白

腐病和酸腐病分别涉及花期侵染、潜伏侵染、伤口侵染、高湿环境、降雨飞溅、裂果、果蝇传播和复合微生物腐败等过程^[17,20-23],其田间防效容易受到果穗结构、气候条件和栽培管理方式影响。因此,葡萄果实病害生防产品开发不应仅停留在菌株活性评价层面,还应围绕适用病害、剂型适配、田间施用技术和综合治理配套系统推进^[57-58]。

表 3 国外登记用于葡萄果实病害的代表性微生物生防产品

Table 3 Representative microbial biocontrol products registered abroad for grape fruit diseases

靶标病害 Target disease	微生物类别 Microbial category	代表产品及登记号 Representative product and registration no.	有效成分/菌株 Active ingredient/strain	国家/地区 Country/region
灰霉病	细菌	Serenade 系列;EPA 264-1152、Reg.28549/28626/28627、APVMA 82242、BVL 007918-00	<i>B. subtilis</i> / <i>B. amyloliquefaciens</i> QST 713	美国、加拿大、澳大利亚、德国
灰霉病	细菌	Taegro; MAPP 19204、EPA 70127-5、Reg.31865/35211	<i>B. amyloliquefaciens</i> FZB24	英国、美国、加拿大
灰霉病	细菌	Serifel;Reg.30054/33351、APVMA 82600	<i>B. amyloliquefaciens</i> MBI 600	加拿大、澳大利亚
灰霉病	细菌	Double Nickel LC/55;Reg.31887/31888	<i>B. amyloliquefaciens</i> D747	加拿大
灰霉病	细菌	Sonata ASO;EPA 264-1153	<i>B. pumilus</i> QST 2808	美国
灰霉病	酵母样真菌	Botector; MAPP 20000、EPA 86174-3、Reg.31248、APVMA 82495、BVL 007417-00	<i>A. pullulans</i> DSM 14940+DSM 14941	英国、美国、加拿大、澳大利亚、德国
灰霉病/炭疽病	细菌	Fungisei/AVIV、BACIX;EPA 91473-1、93505-1	<i>B. subtilis</i> IAB/BS03	美国

注:资料根据英国 HSE、美国 EPA、加拿大 PMRA、澳大利亚 APVMA、欧盟委员会和德国 BVL 官方数据库及产品标签整理。
Note:Data were compiled from official databases and labels of HSE,USEPA,PMRA,APVMA,the European Commission,and BVL.

表 4 我国登记用于葡萄果实病害的代表性微生物生防产品

Table 4 Representative microbial biocontrol products registered in China for grape fruit diseases

靶标病害 Target disease	微生物类别 Microbial category	登记证号 Registration no.	有效成分/菌株 Active ingredient/strain	剂型及含量 Formulation and content
灰霉病	细菌	PD20240501	解淀粉芽胞杆菌 <i>B. amyloliquefaciens</i> KN-527	悬浮剂(100 亿 CFU·mL ⁻¹)
灰霉病	细菌	PD20211364	解淀粉芽胞杆菌 <i>B. amyloliquefaciens</i> QST713	悬浮剂(10 亿 CFU·g ⁻¹)
灰霉病	丝状真菌	PD20212932	哈茨木霉菌 <i>T. harzianum</i> LTR-2	可湿性粉剂(2 亿孢子·g ⁻¹)
灰霉病	丝状真菌	PD20150694	哈茨木霉菌 <i>T. harzianum</i>	水分散粒剂(1 亿 CFU·g ⁻¹)
灰霉病	丝状真菌	PD20160752	木霉菌 <i>Trichoderma</i> spp.	可湿性粉剂(2 亿孢子·g ⁻¹)
灰霉病	丝状真菌	PD20101573	木霉菌 <i>Trichoderma</i> spp.	水分散粒剂(1 亿孢子·g ⁻¹)

注:资料根据农业农村部农药登记数据库及登记变更信息整理。
Note:Data were compiled from the pesticide registration database and registration amendments of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs.

1) 扩大适用病害和应用场景,完善产品应用与微生态评价体系。葡萄果实病害生防产品的评价应从单一防效指标扩展到适用病害、应用场景、防效稳定性和微生态影响等综合指标。葡萄灰霉病已有一定产品基础,后续应评价其不同产区、栽培模式、果穗结构和病害压力下的应用稳定性;炭疽病产品应面向花期和幼果期潜伏侵染阶段开展预防性评价,并覆盖当地优势 *Colletotrichum* 种;白腐病产品应结合高温高湿、降雨飞溅、裂果和伤口侵染等条件建立评价体系;酸腐病产品则应考虑受伤果实、产乙醇酵母、醋酸细菌和果蝇等因素共同参与的复合病害特点。同时,产品评价还应关注生防微生物在花器、果面、伤口和采后果实等微生境中的定殖稳定性,以及其对病害相关微生物群落演替的影响。

2) 加强适应葡萄果穗环境的剂型开发,完善产品质量控制。葡萄果穗结构紧密,果面蜡质、降雨冲刷、强光高温和设施内高湿郁闭等因素均会影响生防微生物定殖和持效,因此产品开发需重视适应果穗环境的剂型设计。芽胞杆菌制剂可发挥芽胞耐贮藏和环境适应性较强的优势,通过展着剂、黏着剂或抗雨水冲刷助剂提高果面附着;酵母和酵母样真菌制剂应重点改善干燥损伤、复水活性和果面定殖稳定性;丝状真菌制剂则需关注孢子活力、分散性和田间复萌能力。在产品化过程中,还应建立与剂型和应用场景相匹配的质量控制指标,除活菌数或孢子数外,进一步关注菌株纯度、杂菌限量、贮藏稳定性、悬浮或润湿性能、药

剂相容性和批次一致性等。

3) 优化配套施用技术,强化田间应用验证。微生物生防产品的防效不仅取决于菌株活性和剂型性能,还与具体施用方案密切相关。灰霉病产品可围绕花期、封穗前、转色期和采前等病害易发阶段建立连续保护方案;炭疽病产品应重视花期和幼果期潜伏侵染建立前的预防性施用;白腐病产品需结合雨前保护、雨后补防、裂果和伤口管理等措施;酸腐病产品则应与防裂果、果蝇治理、改善果穗通风和及时清除病果等措施配套。后续应通过多地点、多年份和不同栽培模式下的田间试验,明确施用时期、施用部位、用量、间隔期,以及与低风险化学药剂轮换、混配或间隔施用的技术方案。

4) 明确生防产品在综合病害治理中的功能定位。葡萄果实病害生防产品不宜被简单视为化学杀菌剂的单次替代品,而应作为综合病害治理体系的重要组成部分。露地葡萄应将生防菌剂与清园、病残体处理、合理负载、果穗整形、架面通风、避雨排水和低风险药剂轮换结合;设施或避雨栽培应重点控制棚内高湿郁闭环境;采后病害防控则应与适期采收、轻采轻放、预冷、分级和低温贮运配套。未来产品应用目标应从“替代一次化学用药”转向“降低病原初侵染、延缓病害扩展、减少化学药剂使用频次并维持花果相关微生境稳定”的综合功能。

6 总结与展望

葡萄果实病害生物防治已由早期以拮抗菌筛选和体外抑菌评价为主,逐步发展到作用机制解析、果实相关微生物组研究以及生防产品开发与田间应用阶段,但不同病害之间的研究基础和转化程度仍不均衡。葡萄灰霉病生防资源较丰富,机制研究和产品基础相对较好;炭疽病和白腐病已有若干候选菌株,但田间验证和产品化推进仍需加强;酸腐病受复合病因和评价体系不统一限制,相关研究和产品开发仍较薄弱。

现有研究表明,候选菌株的体外拮抗活性与田间防效之间并不存在简单对应关系,其实际防病效果还受到菌源生境、作用部位、存活与定殖能力、环境适应性及病害发生阶段等因素影响。因此,未来资源评价应更加重视菌株与花器、果面、伤口和果实内部等微生境的匹配,并建立涵盖室内活性测定、离体组织验证、盆栽或半田间试验及自然田间评价的系统评价体系。病原种群多样性也应纳入评价过程,尤其是炭疽病需覆盖当地优势 *Colletotrichum* 种和不同致病力菌株,白腐病应结合降雨、裂果和伤口条件,酸腐病则需采用能够反映复合病因的评价体系。随着多维数据的积累,还可探索利用机器学习等方法整合菌株基因组、代谢特征、定殖能力、环境适应性和田间防效等信息,提高候选资源评价的效率和准确性。

作用机制研究仍需进一步加强因果验证。目前,防御酶活性升高、挥发性物质检出或基因组中存在抗菌物质合成基因簇等结果,多数只能说明潜在作用途径,尚不足以确定其对防效的实际贡献。今后应结合活性物质分离与定量、功能基因敲除、外源补充、原位成像及生防微生物和病原菌的时空定殖分析,明确不同机制在活体条件下的作用及其相对贡献。同时,果实相关微生物组研究表明,葡萄果实病害的发生常伴随微生物群落结构和功能变化,单一病原菌数量变化并不能完全解释病害进程。未来应在关联分析基础上,通过可培养菌株分离、关键成员去除与回补、群落重构和简化合成群落等试验,验证核心微生物与病害抑制之间的因果关系,为精准生防资源挖掘提供依据。

在应用层面,葡萄果实病害生物防治不宜局限于以单一微生物产品替代化学杀菌剂,而应根据病害发生规律、产区气候和栽培方式,优化剂型、施用时期及配套管理措施,并将生防产品纳入综合病害治理体系。总体而言,未来研究应更加重视生防资源的生态适配性、作用机制的因果验证以及微生物群落功能的解析,推动葡萄果实病害生物防治由单一菌株直接拮抗逐步拓展至基于花果相关微生境的精准微生态调控,从而提高生防技术的稳定性和实际应用价值。

参考文献 References:

- [1] 史梦雅,孙海艳,李荣德,等. 我国葡萄品种登记现状及种业发展情况分析[J]. 中国果树,2021(10):88-91.
Shi M Y, Sun H Y, Li R D, et al. Analysis on current situation of grape cultivar registration and development of seed industry in China[J]. China Fruits, 2021(10): 88-91 (in Chinese).
- [2] OIV. OIV statistical brief: wine, table grapes & dried grapes in 2024 [R/OL]. 2025-09-30. https://www.oiv.int/sites/default/files/documents/OIV_Statistical_Brief-Wine_Table_Grapes_and_Dried_Grapes_in_2024.pdf.
- [3] Steel C C, Blackman J W, Schmidtke L M. Grapevine bunch rots: impacts on wine composition, quality, and potential procedures for the removal of wine faults[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2013, 61(22): 5189-5206.

- [4] 李兴红. 几种葡萄果实病害的发生特点及防治技术[J]. 烟台果树, 2015(3): 28-29.
Li X H. Occurrence characteristics and control techniques of several grape fruit diseases[J]. Yantai Fruits, 2015(3): 28-29 (in Chinese).
- [5] 高琪, 李兴红, 刘梅. 我国葡萄园病害发生危害及防治用药情况调查[J]. 中国果树, 2021(9): 97-102.
Gao Q, Li X H, Liu M. Investigation on occurrence and damage of vineyard diseases and control pesticides in China[J]. China Fruits, 2021(9): 97-102 (in Chinese).
- [6] Droby S, Wisniewski M, Macarasin D, et al. Twenty years of postharvest biocontrol research: is it time for a new paradigm? [J]. Postharvest Biology and Technology, 2009, 52(2): 137-145.
- [7] Zhang H, Boateng N A S, Ngea G L N, et al. Unravelling the fruit microbiome; the key for developing effective biological control strategies for postharvest diseases[J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2021, 20(5): 4906-4930.
- [8] Sharma R R, Singh D, Singh R. Biological control of postharvest diseases of fruits and vegetables by microbial antagonists: a review [J]. Biological Control, 2009, 50(3): 205-221.
- [9] 杨晓, 龚林忠, 张瑛, 等. 4省(区)葡萄果实病害发生与危害调查[J]. 中国南方果树, 2021, 50(1): 106-109, 114.
Yang X, Gong L Z, Zhang Y, et al. Investigation on the occurrence and damage of grape fruit diseases in 4 provinces (autonomous regions) [J]. South China Fruits, 2021, 50(1): 106-109, 114 (in Chinese).
- [10] 王宇, 杨畅, 杨晓, 等. 5省市主栽葡萄的果实病害及防治调查[J]. 植物保护, 2021, 47(3): 242-246.
Wang Y, Yang C, Yang X, et al. Investigation report on major grape diseases and control in five provinces and municipality [J]. Plant Protection, 2021, 47(3): 242-246 (in Chinese with English abstract).
- [11] 陈徐飞, 廖佳兴, 牛亚捷, 等. 黑龙江和吉林省葡萄果实病害调查[J]. 中国果树, 2022(1): 95-98.
Chen X F, Liao J X, Niu Y J, et al. Investigation of grape fruit diseases in Heilongjiang and Jilin Provinces [J]. China Fruits, 2022(1): 95-98 (in Chinese).
- [12] 陈晨, 廖佳兴, 牛亚捷, 等. 贵粤皖沪4省(市)葡萄病害调查及病原初步鉴定[J]. 中国南方果树, 2023, 52(3): 160-165, 169.
Chen C, Liao J X, Niu Y J, et al. Survey of grape diseases and preliminary identification of pathogens in four provinces and municipality [J]. South China Fruits, 2023, 52(3): 160-165, 169 (in Chinese).
- [13] 王国珍, 樊仲庆, 茹庆华, 等. 宁夏贺兰山东麓葡萄病害调查[J]. 北方园艺, 2002(6): 64-65.
Wang G Z, Fan Z Q, Ru Q H, et al. Investigation on grape diseases in the eastern foot of Helan Mountain in Ningxia [J]. Northern Horticulture, 2002(6): 64-65 (in Chinese).
- [14] 蔺创业. 甘肃敦煌地区葡萄主要病害发生及防治对策[J]. 中国果树, 2011(2): 56-57.
Lin C Y. Occurrence and control countermeasures of main grape diseases in Dunhuang area of Gansu Province [J]. China Fruits, 2011(2): 56-57 (in Chinese).
- [15] 石桃红, 甘晶, 王爱军. 宁夏干旱沙荒地葡萄主要病害的发生及防治措施[J]. 宁夏农林科技, 2016, 57(12): 27-28, 34.
Shi T H, Gan J, Wang A J. Major diseases and prevention measures of grapes in arid thar in Ningxia [J]. Ningxia Journal of Agriculture and Forestry Science and Technology, 2016, 57(12): 27-28, 34 (in Chinese).
- [16] 王玉安, 何自义, 雷玉奎, 等. 甘肃省葡萄主要病虫害种类、防控原则及5次关键化学防控技术[J]. 中国果树, 2025(5): 119-122.
Wang Y A, He Z Y, Lei Y K, et al. Main kinds of grape diseases and insect pests, control principles and five key chemical control techniques in Gansu Province [J]. China Fruits, 2025(5): 119-122 (in Chinese).
- [17] Zhang Y J, Li X H, Shen F Y, et al. Characterization of *Botrytis cinerea* isolates from grape vineyards in China [J]. Plant Disease, 2018, 102(1): 40-48.
- [18] Rahman M U, Liu X, Wang X P, et al. Grapevine gray mold disease: infection, defense and management [J]. Horticulture Research, 2024, 11(9): uhae182.
- [19] 卯明成, 赵羽, 付学池, 等. 南方葡萄病害调查及绿色防控试验与炭疽病生防菌的筛选[C]//中国植物病理学会2023年学术年会论文集, 2023: 64.
Luan M C, Zhao Y, Fu X C, et al. Survey of grape diseases in southern China, green control trials and screening of biocontrol bacteria against grape anthracnose [C]//Proceedings of the 2023 annual meeting of the Chinese Society for Plant Pathology. 2023: 64 (in Chinese).
- [20] Yin X T, Yuan L F, Wang C D, et al. Identification, characterization, and population structure of *Colletotrichum* spp. causing grape ripe rot in China [J]. Plant Disease, 2026, 110(3): 944-956.
- [21] Chethana K W T, Zhou Y, Zhang W, et al. *Coniella vitis* sp. nov. is the common pathogen of white rot in Chinese vineyards [J]. Plant Disease, 2017, 101(12): 2123-2136.
- [22] Hall M E, Loeb G M, Cadle-Davidson L, et al. Grape sour rot: a four-way interaction involving the host, yeast, acetic acid bacteria, and insects [J]. Phytopathology, 2018, 108(12): 1429-1442.
- [23] Gao H H, Yin X T, Jiang X L, et al. Diversity and spoilage potential of microbial communities associated with grape sour rot in eastern coastal areas of China [J]. PeerJ, 2020, 8: e9376.
- [24] Han J, Fang Q D, Hao Y F, et al. Diversity of yeast and *Drosophila* species associated with grape sour rot in China [J]. Microbial Ecology, 2025, 88(1): 121.
- [25] Calvo-Garrido C, Roudet J, Aveline N, et al. Microbial antagonism toward *Botrytis* bunch rot of grapes in multiple field tests using one *Bacillus ginsengihumi* strain and formulated biological control products [J]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10: 105.

- [26] Li P Q, Feng B Z, Yao Z, et al. Antifungal activity of endophytic *Bacillus* K1 against *Botrytis cinerea* [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13:935675.
- [27] Xiao L, Wang J T, Cao D F, et al. Biocontrol potential and antifungal mechanism of a novel *Bacillus velezensis* NH-13-5 against *Botrytis cinerea* causing postharvest gray mold in table grapes [J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2025, 229:113710.
- [28] Bellos M G, Veras F F, da Rosa V T, et al. Deciphering the biocontrol ability of *Bacillus velezensis* strains against phytopathogenic fungi in grapes by *in situ* and *in silico* approaches [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2025, 441:111317.
- [29] Che J M, Lai C C, Lai G T, et al. Effects of a mixture of *Brevibacillus brevis* with other *Bacillus* sp. strains against gray mold and on enzyme activities of grape [J]. *Agronomy*, 2023, 13(7):1724.
- [30] Zhong T, Wang Z R, Zhang M, et al. Volatile organic compounds produced by *Pseudomonas fluorescens* ZX as potential biological fumigants against gray mold on postharvest grapes [J]. *Biological Control*, 2021, 163:104754.
- [31] Yue Y S, Wang Z R, Zhong T, et al. Antifungal mechanisms of volatile organic compounds produced by *Pseudomonas fluorescens* ZX as biological fumigants against *Botrytis cinerea* [J]. *Microbiological Research*, 2023, 267:127253.
- [32] Chen C, Zhang X H, Wei X, et al. Postharvest biological control of *Botrytis cinerea* and the mechanisms underlying the induction of disease resistance in grapes by *Lactobacillus plantarum* CM-3 [J]. *Biological Control*, 2022, 172:104982.
- [33] 赖呈纯, 赖恭梯, 陈冰星, 等. 拮抗酵母菌的筛选鉴定、生物学特性及其对葡萄灰霉病菌的抑菌活性研究 [J]. *中国生物防治学报*, 2023, 39(3):594–606.
- Lai C C, Lai G T, Chen B X, et al. Screening, identification, biological characteristics of yeast strains and their antifungal activities against *Botrytis cinerea* [J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2023, 39(3):594–606 (in Chinese with English abstract).
- [34] Agarbati A, Canonico L, Pecci T, et al. Biocontrol of non-*Saccharomyces* yeasts in vineyard against the gray mold disease agent *Botrytis cinerea* [J]. *Microorganisms*, 2022, 10(2):200.
- [35] Lombardo M F, Panebianco S, Restuccia C, et al. Biocontrol efficacy of *Metschnikowia* spp. yeasts in organic vineyards against major airborne diseases of table grapes in the field and in postharvest [J]. *Foods*, 2023, 12(18):3508.
- [36] Oztekin S, Karbancioglu-Guler F. Recruiting grape-isolated antagonistic yeasts for the sustainable bio-management of *Botrytis cinerea* on grapes [J]. *Food and Energy Security*, 2024, 13:e528.
- [37] Liu Y, Yan H J, Yao J H, et al. Bioprospection of *Metschnikowia pulcherrima* as biocontrol agents against gray mold on grapes with their potential modes of action [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2025, 442:111383.
- [38] 石精涛, 曹建敏, 丁应福, 等. 拮抗灰葡萄孢木霉菌的鉴定及其防病作用 [J]. *中国农业大学学报*, 2025, 30(8):38–49.
- Shi J T, Cao J M, Ding Y F, et al. Identification of *Trichoderma* antagonizing *Botrytis cinerea* and its disease prevention effect [J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(8):38–49 (in Chinese with English abstract).
- [39] Váczy K Z, Szabó D, Molnár N, et al. *Microdochium majus* isolated from grapevine is a mycoparasite of *Botrytis cinerea* [J]. *Journal of Fungi*, 2025, 11(1):31.
- [40] Aoki T, Aoki Y, Ishiai S, et al. Impact of *Bacillus cereus* NRKT on grape ripe rot disease through resveratrol synthesis in berry skin [J]. *Pest Management Science*, 2017, 73(1):174–180.
- [41] Hamaoka K, Aoki Y, Suzuki S. Isolation and characterization of endophyte *Bacillus velezensis* KOF112 from grapevine shoot xylem as biological control agent for fungal diseases [J]. *Plants*, 2021, 10(9):1815.
- [42] Russi A, Granada C E, Schwambach J. Suppression of *Colletotrichum* spp. on grape berries, vine leaves, and plants using *Bacillus velezensis* S26 endospores [J]. *Scientia Horticulturae*, 2024, 326:112696.
- [43] Du X Q, Yang Y L, Lu J. Screening and characterization of biocontrol *Bacillus* strains against *Colletotrichum* causing grape ripe rot [J]. *Horticulturae*, 2025, 11(7):802.
- [44] Holkar S K, Bhanbhane V C, Ghotgalkar P S, et al. Characterization and bioefficacy of grapevine bacterial endophytes against *Colletotrichum gloeosporioides* causing anthracnose disease [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15:1502788.
- [45] Liu Z L, Du S, Ren Y, et al. Biocontrol ability of killer yeasts (*Saccharomyces cerevisiae*) isolated from wine against *Colletotrichum gloeosporioides* on grape [J]. *Journal of Basic Microbiology*, 2018, 58(1):60–67.
- [46] 尹向田, 苏玲, 吴新颖, 等. 芽孢杆菌 GSBM05 对葡萄白腐病菌的抑菌活性及其鉴定 [J]. *中国农学通报*, 2018, 34(1):134–141.
- Yin X T, Su L, Wu X Y, et al. Antifungal activity and identification of antagonistic *Bacillus* GSBM05 against grape white rot disease [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2018, 34(1):134–141 (in Chinese with English abstract).
- [47] Yin X T, Li T G, Jiang X L, et al. Suppression of grape white rot caused by *Coniella vitis* using the potential biocontrol agent *Bacillus velezensis* GSBZ09 [J]. *Pathogens*, 2022, 11(2):248.
- [48] Yuan L F, Jiang H, Jiang X L, et al. Comparative genomic and functional analyses of *Paenibacillus peoriae* ZBSF16 with biocontrol potential against grapevine diseases, provide insights into its genes related to plant growth-promoting and biocontrol mechanisms [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13:975344.
- [49] Jing X S, Su L, Yin X T, et al. Genome analysis of *Pseudomonas viciae* G166 conferring antifungal activity in grapevine [J]. *Journal of Fungi*, 2024, 10(6):398.
- [50] Yin X T, Wang C D, Yuan L F, et al. Complete genome analysis and antimicrobial mechanism of *Burkholderia gladioli* ZBSF BH07 reveal its dual role in the biocontrol of grapevine diseases and growth promotion in grapevines [J]. *Microorganisms*, 2025, 13(8):1756.

- [51] Carbó A, Torres R, Usall J, et al. Novel film-forming formulations of the biocontrol agent *Candida sake* CPA-1: biocontrol efficacy and performance at field conditions in organic wine grapes[J]. Pest Management Science, 2019, 75(4): 959–968.
- [52] Holkar S K, Ghotgalkar P S, Lodha T D, et al. Biocontrol potential of endophytic fungi originated from grapevine leaves for management of anthracnose disease caused by *Colletotrichum gloeosporioides*[J]. 3 Biotech, 2023, 13(7): 258.
- [53] 何雪, 蒋朝阳, 张强强, 等. 8株苦豆子内生真菌对葡萄炭疽菌的抑制作用及生防潜力评价[J]. 中外葡萄与葡萄酒, 2024(3): 13–21.
He X, Jiang Z Y, Zhang Q Q, et al. Evaluation of antibacterial activity and biocontrol potential of eight strains of endophytic fungi from *Colletotrichum siamense*[J]. Sino-Overseas Grapevine & Wine, 2024(3): 13–21 (in Chinese with English abstract).
- [54] 段海明, 余利, 梁海申, 等. 解淀粉芽孢杆菌 gfj-4 发酵上清液和化学杀菌剂混配抑制葡萄白腐病菌的室内筛选[J]. 西北农业学报, 2018, 27(8): 1216–1224.
Duan H M, Yu L, Liang H S, et al. Inhibitory activity of *Bacillus amyloliquefaciens* gfj-4 fermentation supernatant against *Coniella diplodiella* and its association with chemical fungicides[J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica, 2018, 27(8): 1216–1224 (in Chinese).
- [55] 王猛, 吴含, 段海明, 等. 解淀粉芽孢杆菌 SJ1606 产脂肽粗提物协同代森锰锌对 2 种植物病菌的抑制效果[J]. 安徽农业大学学报, 2024, 51(2): 223–229.
Wang M, Wu H, Duan H M, et al. Inhibitory effect of crude lipopeptide extracts from *Bacillus amyloliquefaciens* SJ1606 combined with mancozeb on two plant pathogens[J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2024, 51(2): 223–229 (in Chinese with English abstract).
- [56] 马光, 苏长青, 高小宽, 等. 一株葡萄白腐病拮抗放线菌的筛选及鉴定[J]. 河北果树, 2022(3): 19–20.
Ma G, Su C Q, Gao X K, et al. Screening and identification of an actinomycete antagonizing grape white rot[J]. Hebei Fruits, 2022(3): 19–20 (in Chinese).
- [57] Köhl J, Kolnaar R, Ravensberg W J. Mode of action of microbial biological control agents against plant diseases: relevance beyond efficacy[J]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10: 845.
- [58] Collinge D B, Jensen D F, Rabiey M, et al. Biological control of plant diseases: what has been achieved and what is the direction? [J]. Plant Pathology, 2022, 71(5): 1024–1047.
- [59] Wei R T, Chen N, Ding Y T, et al. Diversity and dynamics of epidermal microbes during grape development of cabernet sauvignon (*Vitis vinifera* L.) in the ecological viticulture model in Wuhai, China[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 935647.
- [60] Martins V, Teixeira A, Gerós H. A comparison of microbiota isolation methods reveals habitat preferences for fermentative yeasts and plant pathogenic fungi in the grape berry[J]. Food Microbiology, 2024, 118: 104408.
- [61] Teixeira A, Martins V, Gerós H. From the vineyard soil to the grape berry surface: unravelling the dynamics of the microbial terroir[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2024, 374: 109145.
- [62] Bass D, Stentiford G D, Wang H C, et al. The pathobiome in animal and plant diseases[J]. Trends in Ecology & Evolution, 2019, 34(11): 996–1008.
- [63] Droby S, Zhimo V Y, Wisniewski M, et al. The pathobiome concept applied to postharvest pathology and its implication on biocontrol strategies [J]. Postharvest Biology and Technology, 2022, 189: 111911.
- [64] Hall M E, O'Bryon I, Wilcox W F, et al. The epiphytic microbiota of sour rot-affected grapes differs minimally from that of healthy grapes, indicating causal organisms are already present on healthy berries[J]. PLoS One, 2019, 14(3): e0211378.
- [65] Brischetto C, Rossi V, Fedele G. The microbiome analysis of ripen grape berries supports the complex etiology of sour rot[J]. Frontiers in Microbiology, 2024, 15: 1450443.
- [66] Jumbam B, Toro M, Hu M J. Comparative analysis of grape berry microbiota uncovers sour rot associates from a Maryland vineyard[J]. PLoS ONE, 2025, 20(2): e0314397.
- [67] Brischetto C, Rossi V, Salotti I, et al. Temperature requirements can affect the microbial composition causing sour rot in grapes [J]. Environmental Microbiology Reports, 2025, 17(1): e70061.
- [68] Hegyi Á I, Otto M, Geml J, et al. Metatranscriptomic analyses reveal the functional role of *Botrytis cinerea* in biochemical and textural changes during noble rot of grapevines[J]. Journal of Fungi, 2022, 8(4): 378.
- [69] Otto M, Geml J, Hegyi Á I, et al. Metatranscriptomic analyses of grapes reveal differences in expressed functional genes of filamentous and yeast fungi during noble rot and grey rot[J]. Fungal Ecology, 2023, 65: 101277.
- [70] Váczy K Z, Otto M, Gomba-Tóth A, et al. *Botrytis cinerea* causes different plant responses in grape (*Vitis vinifera*) berries during noble and grey rot; diverse metabolism versus simple defence[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1433161.
- [71] González-Arenzana L, Santamaría P, Gutiérrez A R, et al. A descriptive study of the microbial populations following biocontrol against powdery mildew in vineyard[J]. Journal of Agriculture and Food Research, 2024, 18: 101420.
- [72] Ren R H, Zeng M Y, Liu Y Q, et al. Grape endophytic microbial community structures and berry volatile components response to the variation of vineyard sites[J]. Agronomy, 2024, 14(10): 2186.
- [73] Martins V, Szakiel A, Teixeira A, et al. Combined omics approaches expose metabolite-microbiota correlations in grape berries of three cultivars of Douro wine region[J]. Food Chemistry, 2023, 429: 136859.
- [74] Africa A J, Setati M E, Hitzeroth A C, et al. Exploring the evolution of microbial communities from the phyllosphere and carposphere to the grape must of *Vitis vinifera* L. cv's Chardonnay and Pinot noir[J]. Food Microbiology, 2025, 130: 104780.
- [75] Flörl L, Lin J, Griggs R G, et al. The genetic basis of microbiome recruitment in grapevine and its association with fermentative and pathogenic

- taxa[J]. The New Phytologist, 2025, 248(1): 178–192.
- [76] Flörl L, Schönenberger P, Rienth M, et al. Grape expectations: disentangling environmental drivers of microbiome establishment in winegrowing ecosystems[J]. NPJ Biofilms and Microbiomes, 2026, 12: 49.
- [77] United States Environmental Protection Agency. Pesticide product label: fungisei, EPA Reg. No. 91473-1[EB/OL]. (2022-06-30)[2026-06-05]. https://www3.epa.gov/pesticides/chem_search/ppls/091473-00001-20220630.pdf.
- [78] United States Environmental Protection Agency. Pesticide product label: bacix, EPA Reg. No. 93505-1[EB/OL]. (2024-09-30)[2026-06-05]. https://www3.epa.gov/pesticides/chem_search/ppls/093505-00001-20240930.pdf.

责任编辑: 刘怡辰 严曙玮



李燕, 博士, 中国农业大学副教授, 国家葡萄产业技术体系岗位科学家, 中国植物病理学会植病生防专业委员会副主任委员、第十四届葡萄病虫害防治专业委员会委员。主要从事葡萄果实病害防控、植物病害生物防治与微生态学研究, 研究方向涵盖葡萄果实病害致灾机制、微生物资源库构建、有益生防菌株筛选与应用、生防作用机制、植物-微生物互作及微生物组学等。主持及参与国家重点研发计划课题、国家自然科学基金面上项目与青年科学基金项目、北京市自然科学基金、北京市优秀人才培养资助项目、高等学校博士学科点专项科研基金青年项目等科研项目 29 项。出版专著 3 部(共同主编 1 部); 发表学术论文 54 篇, 其中 SCI 收录论文 43 篇。获中华农业科技奖优秀创新团队成果奖(第二完成人)、中华农业科技奖一等奖(第三完成人)、高等学校科学研究优秀成果奖(科学技术)一等奖等

科技奖励 6 项; 获授权发明专利 11 项, 其中 1 项已实现成果转化。



王琦, 中国农业大学领军教授, 享受国务院政府特殊津贴专家, 国家现代农业产业技术体系岗位科学家, 中国农大植物保护学院植物病理学系教授(二级), 博士生导师。主要从事植物病理学、植物病害生物防治、植物微生态学以及生物杀菌剂、微生态制剂和微生物肥料等方面研究和产品开发工作。获评农业农村部“神农领军英才”、中国科协“全国优秀科技工作者”、农业农村部“全国农业科研杰出人才”、中国植物病理学会会士、内蒙古草原英才、山东省高层次人才、新疆天池英才特聘专家和三门峡市荣誉市民等荣誉称号。主持和参加了国家重点研发计划、国家自然科学基金、国家现代农业产业技术体系岗位专家等项目(课题)37 项, 其中主持“十三五”国家重点研发计划“新型高效生物杀菌剂研发”项目和“十四五”国家重点研发计划“果树病虫害演替规律与全程绿色防控技术体系集成示范”项目。

获得 20 项科技成果奖励, 其中以第一完成人获国家科技进步奖二等奖、全国创新争先奖、农业农村部中华农业科技奖一等奖、教育部科技进步奖一等奖、何梁何利基金科学与技术奖等 10 项。授权专利 41 件; 发表论文 245 篇, 其中 82 篇 SCI 论文; 出版专著 19 部, 其中主编 6 部。