Растителна защита

електронно списание за растителна защита
семена, торове и земеделие
ISSN 2815-522X

# 细菌性疮痂病病原（Xanthomonas euvesicatoria pv. euvesicatoria 和 Xanthomonas vesicatoria）对辣椒的重要性

**гл. ас. д-р Катя Василева, ИЗК "Марица" - Пловдив**

**日期** 08.08.2026 | **期号** 8/2026 | **ISSN** 2815-522X | **语言** ZH
www.plant-protection.com/article/2448?lang=zh





**摘要**

细菌性斑点病，由黄单胞菌属（*Xanthomonas*）成员引起，是全球辣椒（*Capsicum annuum*）最重要的病害之一。该病害在温暖潮湿的地区尤为具有毁灭性，因为这些地区的环境条件有利于病原菌的快速繁殖和传播。症状初期表现为水渍状小斑点，随后变暗并被褪绿晕圈包围，严重感染时会导致落叶和显著的产量损失。病原菌（*Xanthomonas euvesicatoria* pv. *euvesicatoria* 和 *X. vesicatoria*）表现出高度的遗传异质性、不断扩大的寄主范围和复杂的致病机制。传播途径包括种子、空气、水、昆虫和人类活动，这决定了该病害广泛的地理分布。诊断方法包括传统和现代方法，防治措施包括铜制剂、生物防治和抗性品种选育。尽管取得了进展，细菌性斑点病仍然是种植者面临的严峻挑战，需要采取综合措施进行早期检测和可持续管理。



辣椒（*Capsicum annuum*）是全球主要蔬菜作物之一，具有重要的经济和营养价值。其生产常受细菌性病害的限制，其中由黄单胞菌属（*Xanthomonas*）成员引起的细菌性斑点病尤为突出（Osdaghi et al., 2021）。该病害在温暖潮湿气候地区尤为具有毁灭性，因为这些地区的环境条件有利于病原菌的快速繁殖和传播（Potnis et al., 2015）。

病原菌的分类学经历了多次变更——从最初描述为 *Bacterium vesicatorium*，到现代分类包括 *X. euvesicatoria* pv. *euvesicatoria*、*X. euvesicatoria* pv. *perforans*、*X. hortorum* pv. *gardneri* 和 *X. vesicatoria*（Osdaghi et al., 2021）。

主要寄主为*Capsicum annuum*，但在其他物种如 *C. frutescens*、*C. chinense* 和 *C. pubescens* 中也有发生记载。病原菌的不同小种表现出特异性——一些菌株仅侵染番茄，另一些仅侵染辣椒，还有一些可侵染两种寄主（Kebede et al., 2014）。

黄单胞菌属（*Xanthomonas*）成员是典型的植物病原细菌，广泛分布于世界各地的不同气候区域。它们引起的病害症状多样，包括坏死、萎蔫、斑点、维管束细菌病以及叶片、茎和果实的薄壁组织损伤。这些细菌的寄主范围涵盖268种双子叶植物和124种单子叶植物，包括农业和观赏作物、森林树种和杂草。在番茄、辣椒、菜豆、大豆、水稻、小麦、棉花等作物的病害中观察到显著的经济损失（Scortichini, 1995）。

*Xanthomonas*致病性的核心是III型分泌系统（T3SS）——这是一种关键的分子机制，细菌通过该机制将效应蛋白直接递送到植物细胞细胞质中。这些效应子操纵宿主细胞过程，抑制免疫反应，并为感染发展创造有利环境。T3SS由一个28 kb的染色体*hrp*（过敏反应和致病性）基因簇编码，组织成六个位点。*hrp*基因突变导致感病植物中致病性丧失，并在抗病植物中缺乏过敏反应（HR），这凸显了该系统在植物-病原互作中的根本作用（Liu et al., 2005）。

诊断传统上包括目视观察、分离和PCR分析。现代方法如高光谱光谱学和预测建模允许在可见症状出现之前早期检测感染（Reis Pereira et al., 2023），这在辣椒中尤为有价值，因为目视诊断常因其他胁迫因素引起的相似症状而受阻。

病害管理传统上依赖于铜制剂和抗生素，但对它们的抗性已经广泛存在。新方法包括生物防治（噬菌体、拮抗微生物）、系统抗性诱导剂和抗性品种选育。植物病原细菌的生物地理学是其生态学的关键要素，许多物种的分布有限，取决于气候条件、合适寄主的可用性和特定的生态位。相比之下，细菌性斑点病的病原菌表现出异常广泛的地理分布。它们在世界各地均有分布，但最常见于热带和亚热带地区，那里高湿度和温度为其繁殖和传播创造了最佳条件。促成其全球传播的主要因素之一是受感染种子的流动，这使得病原菌能够被远距离运输并引入新的产区（Kebede et al., 2014）。

细菌在植物表面附生存活，并可通过雨水飞溅、风或两者的组合因素远距离传播（Vidaver and Lambrecht, 2004）。附生种群，包括来自潜伏感染的种群，是重要的接种体库，在有利条件下可导致病害快速和大规模发展。

辣椒细菌性斑点病仍然是种植者面临的严峻挑战，现代分子和光谱技术为早期诊断和可持续病害管理开辟了新前景。

## 材料与方法

辣椒细菌性斑点病的研究传统上依赖于多阶段实验方法，这些方法结合了病原菌分离株的采集和表征、分子鉴定以及不同*Capsicum annuum*基因型抗性的表型评价。

在实践中，使用保加利亚和引进的品种及品系，以及 *Xanthomonas vesicatoria* 和 *X. euvesicatoria*的参考菌株和新分离菌株。接种在气候室或温室的可控条件下进行，从而能够可靠地评估致病性（Vasileva and Bogatzevska, 2021）。

为确保方法学可靠性，使用对照、参考菌株和感病基因型，以及在分子分析中使用内部PCR标准。

## 结果

黄单胞菌属（*Xanthomonas*）的病原菌是活体营养型和坏死诱导型生物——这两个特征反映了它们与寄主植物互作的不同阶段。活体营养阶段与可见症状出现前的早期细菌增殖有关，此时病原菌利用活植物细胞作为营养来源。坏死诱导阶段发生较晚，其特征是诱导细胞死亡和坏死，导致典型的病害症状。这种两阶段策略由丰富的致病性和毒力因子库支持，使细菌能够克服植物防御机制、逃避免疫系统识别、确保营养获取并提高其繁殖成功率（Abramovich and Martin, 2004）。

保加利亚5月至9月期间的气候条件为*X. euvesicatoria* 和 *X. vesicatoria*引起的辣椒细菌性斑点病的发生和发展创造了极其有利的环境。持续保持在24–30°C范围内的高温与细菌附生发育、繁殖和侵染潜力的最适条件相吻合。在这些条件下，细菌在叶片表面形成大量种群，而幼嫩植株的组织在生理上仍易受通过气孔和水孔侵入的影响。个别年份的降雨高峰进一步加剧了流行病发展的风险，因为雨水飞溅是接种体在植株间传播的主要机制。

降雨后的大气湿度和表面湿度在叶片上形成水膜，促进细菌侵入并导致大规模感染，尤其是在6月至7月期间，此时温度和湿度恰好吻合。在这些条件下，最初的水渍状病斑迅速发育、变暗并被褪绿晕圈包围，随后的降雨中观察到继发感染和病斑融合，导致落叶和叶柄环状坏死（图1）。

ISSN 2815-522X



*图1. 辣椒叶片细菌性斑点病症状*

活跃生长季节降雨量较高的时期表现出明显更强的流行病趋势，而较干燥的季节限制了病害发展，但并不能阻止局部感染的发生。高温和湿度增加期的组合决定了细菌性斑点病的持续存在，并为感病品种的年度流行病高峰创造了条件，特别是在使用受感染种子材料或存在前几年附生种群的情况下。

除自然因素外，病原菌的传播也可通过人类活动发生。农业工人、机械和作物栽培中使用的工具可作为机械传播媒介。灌溉水，尤其是在过量浇水的情况下，是细菌在植株间转移的最有效途径之一。昆虫也可作为传播媒介，帮助病原菌传播，甚至选择性地消除植物微环境中的竞争微生物。自生植物和杂草通过充当替代寄主和感染库进一步使病害流行病学复杂化。

种子是植物病原细菌传播的最重要途径之一。除了通过植物营养器官移动外，病原菌还侵入果实和种子，导致种子材料的外部或内部污染。受污染的种子在育苗设施中是特别重要的接种体来源，那里高温高湿为病害的快速发展和传播创造了理想条件。在这样的环境中，即使极少量的病原菌也可导致大规模感染。

空气是植物病原细菌传播的另一个重要因素。空气中含有土壤颗粒和干燥植物残体碎片，其上可存在活细菌。许多植物病原物种产生胞外多糖，在植物表面形成丝状结构。干燥后，这些丝状结构断裂成碎片并进入空气，被气流携带到不同距离。这种机制允许病原菌在田间条件下隐蔽但有效地传播。

人类活动进一步加剧了植物病原细菌的传播。人类在将植物和动物病原菌从它们广为人知的地区运送到缺乏其存在信息的新地区方面极为有效。种植材料的运输、种子交换、农业机械的移动，甚至田间工人的日常活动都可能导致病原菌的无意传播。在全球化的世界中，这一机制正成为新疫情出现和植物病原细菌范围扩大的关键因素。

保加利亚对*Xanthomonas euvesicatoria*和*X. vesicatoria*的研究显示出明显表达的种、致病型和生理小种多样性，其中PT致病型和P4T2、P6生理小种占优势。自然种群在症状学、表型和基因型方面高度异质，其中P6生理小种在*X. euvesicatoria*中最广泛分布，P2生理小种在*X. vesicatoria*中最广泛分布。同时，利用ms和Di%评价了270多个辣椒基因型的抗性并将其分类，从而可以区分免疫型到高度感病型。鉴定出5个具有完全免疫反应的基因型，果实性状的综合评价支持复合抗性和农艺价值的选育。国家测绘确认了地理特异性和遗传异质性，包括通过效应基因AvrBs3/AvrBs4。额外测试显示*Xanthomonas*菌株对铜制剂的敏感性存在差异，番茄分离株比辣椒分离株更敏感，且效果随浓度增加而增强。（Vasileva and Bogatzevska, 2021; Vasileva and Bogatzevska, 2022; Vasileva, 2023; Vasileva and Todorova, 2024）。

调控植物病害的传播和防治是植物保护的主要环节之一。具有良好数量和质量指标的食品生产持续依赖于对多种病原生物具有持久抗性的植物。农药对环境的危害、食品生产和人类健康的影响对其使用施加了日益严格的限制。

化学药剂仍然是控制植物细菌性病害实践中的主要手段，传统上使用铜制剂（包括硫酸铜溶液）来限制病原菌发展。尽管应用广泛，但大量研究表明黄单胞菌属（*Xanthomonas*）成员对铜阳离子的敏感性表现出显著差异。已记录到敏感性降低甚至稳定抗性的情况，这对铜制剂针对某些病原菌种群的有效性提出了质疑。这种抗性具有重要的实践意义，因为它可能导致标准防治措施的失败，并需要采用替代或组合方法进行病害管理。

**更多相关主题：**

*保加利亚辣椒细菌性斑点病*

## 参考文献

[1] Abramovitch R. B. and Martin G. B. (2004) Strategies used by bacterial pathogens to suppress plant defenses. Curr. Opin. Plant Biol. 7, 356–364

[2] Kebede M., Timilsina S., Ayalew A., Admassu B., Potnis N., Minsavage G. V., et al. (2014) Molecular characterization of Xanthomonas strains responsible for bacterial spot of tomato in Ethiopia. Eur. J. of Plant Pathol., 1-12.

[3] Osdaghi, E., Jones, J. B., Sharma, A., Goss, E. M., Abrahamian, P., Newberry, E. A., ... & Vallad, G. E. (2021). A centenary for bacterial spot of tomato and pepper. *Molecular Plant Pathology, 22*(11), 1500–1519.

[4] Potnis, N., Timilsina, S., Strayer, A., Shantharaj, D., Barak, J. D., Paret, M. L., ... & Jones, J. B. (2015). Bacterial spot of tomato and pepper: insights into pathogen biology, host resistance, and management. *Plant Disease, 99*(11), 1464–1476.

[5] Reis Pereira, M., Santos, F. N., Tavares, F., & Cunha, M. (2023). Enhancing host-pathogen phenotyping dynamics: early detection of tomato bacterial diseases using hyperspectral point measurement and predictive modeling. *Frontiers in Plant Science, 14*, 1242201.

[6] Scortichini M. (1995) Le malattie batteriche delle colture agrarie e delle specie forestali. Edagricole- Edizioni Agricole, Bologna

[7] Vasileva, K. & Todorova, V. (2024). Evaluation of pepper breeding lines and accessions to Xanthomonas euvesicatoria and X. vesicatoria and fruit traits. Bulgarian Journal of Agricultural Science, 30(1), 141-150. https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:001181663500002

[8] Vasileva, K. (2023). Reaction of species X. vesicatoria and X. euvesicatoria to copper products. New knowledge Journal of science, 12(1), 61-65. https://science.uard.bg/index.php/newknowledge/article/view/952/pdf_380

[9] Vasileva, K., & Bogatzevska, N. (2019). Races of bacterial spot pathogen infecting genus Capsicum in Bulgaria. Agricultural Science and Technology, 11(2), 113-117. https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20193332554

[10] Vasileva, K., & Bogatzevska, N. (2021). Statistical analysis of resistance variability of pepper accessions to Xanthomonas euvesicatoria and Xanthomonas vesicatoria. Agricultural Science and Technology, 13(4), 339-343. https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20220013883

[11] Vasileva, K., & Bogatzevska, N. (2022). Resistance of pepper types to Xanthomonas euvesicatoria and Xanthomonas vesicatoria-impact of the species, races and hosts specialization. Agricultural Science and Technology, 14(2), 44–53. https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20220383481

[12] Vidaver A.K. and Lambrecht P.A. (2004) Bacteria as plant pathogens. The Pl. Health Instr. DOI: 10.1094/PHI-I-2004-0809-01