南京农业大学学报 2026,49(5):963-974
Journal of Nanjing Agricultural University
http://nauxb.njau.edu.cn
DOI:10.7685/jnau.202606042

韦中,王孝芳,江高飞,等.农田土壤生物健康:概念内涵、面临挑战与调控策略[J]. 南京农业大学学报,2026,49(5):963-974.
Wei Z ,Wang X F,Jiang G F,et al. Soil biohealth:concepts,challenges,and management strategies for sustainable agriculture[J]. Journal of Nanjing Agricultural University,2026,49(5):963-974.

特约综述

农田土壤生物健康:概念内涵、面临挑战与调控策略

韦中,王孝芳,江高飞,高阳,杨天杰,徐阳春,沈其荣*

(南京农业大学江苏省有机类肥料创制与土壤健康调控重点实验室/江苏省固体有机废弃物资源化协同创新中心/资源节约型肥料教育部工程研究中心,江苏 南京 211800)

摘要:土壤是一个孕育着大量生物群落的生命系统,其健康状态关乎绿色农业的可持续发展。近年来,由于集约化农业的快速发展和农化品的大量投入,农田土壤生物健康问题日益突出,具体表现为参与关键元素转化的有益菌(群)缺失引起的土壤生物肥力下降,土传植物病原物积累引起的土壤生物障碍频发以及人畜致病菌在农田系统扩散等引起的土壤生物污染加剧。本文首先介绍了土壤生物健康概念的提出背景与核心内涵,其次从土壤生物肥力、生物障碍和生物污染 3 个方面,系统梳理了农田土壤生物健康的生态功能、作用原理以及调控途径。最后,本文从理论研究、研究方法和应用技术 3 个维度分析了土壤生物健康研究领域的主要瓶颈和未来重点研究方向,为构建高效的土壤生物健康管理和调控体系提供科学依据,促进农业绿色可持续发展。

关键词:土壤健康;生物肥力;生物障碍;生物污染;根际微生物组;微生态
中图分类号:S154.3 **文献标志码**:A **文章编号**:1000-2030(2026)05-0963-12

Soil biohealth:concepts,challenges,and management strategies for sustainable agriculture

WEI Zhong,WANG Xiaofang,JIANG Gaofei,GAO Yang,YANG Tianjie,XU Yangchun,SHEN Qirong*

(Jiangsu Key Laboratory of Organic-based Fertilizer Creation and Soil Health Manipulation/Jiangsu Collaborative Innovation Center for Solid Organic Waste Resource Utilization/Educational Ministry Engineering Center of Resource-Saving Fertilizers,Nanjing Agricultural University,Nanjing 211800,China)

Abstract:Soil is a living system that harbors diverse biological communities,and its health status is fundamental to the sustainable development of green agriculture. In recent years,the rapid expansion of intensive agriculture and the excessive input of agrochemicals have increasingly exacerbated soil biological health issues in farmlands,manifested as the decline of soil biological fertility due to the loss of beneficial microbial taxa,the frequent occurrence of soil biological obstacles caused by the invasion of soil-borne plant pathogens,and the intensification of soil biological contamination resulting from the dissemination of zoonotic and anthropopathogenic bacteria within agricultural systems. This review first introduces the background and core connotation of the soil biohealth concept. Subsequently,we systematically synthesize the ecological functions,underlying mechanisms,and regulatory approaches of farmland soil biological health from three perspectives:biological fertility,biological obstacles,and biological contamination. Finally,we analyze the major bottlenecks and future research priorities in the field of soil biohealth from three dimensions:theoretical research,methodological development,and applied technology with the aim of providing a scientific basis for establishing efficient soil biological health management and regulation systems,thereby facilitating the transition toward sustainable green agriculture.

Keywords:soil health;biological fertility;biological obstacle;biological contamination;rhizosphere microbiome;microecology

土壤是地球上生物多样性最为丰富的栖息地之一,其生物群落驱动的养分循环、有机质转化与土传病害抑制等关键生态过程,构成了农业可持续发展的根基。随着“同一健康(One health)”理念将健康的关注范围从人体拓展至动物、植物及其共处的生态环境,土壤生物群落的健康状况日益受到学界重视。然

收稿日期:2026-06-29
基金项目:国家自然科学基金项目(42542018);教育部基础学科和交叉学科突破计划生物肥药学科突破先导项目(JYB2025XDXM703);江苏省自然科学基金项目(BK20230988,BK20230194)
作者简介:韦中,教授,研究方向为微生态与根际健康。* 通信作者:沈其荣,教授,研究方向为有机类肥料,E-mail:shenqirong@njau.edu.cn。

而,在长期集约化种植与农化品大量投入的背景下,农田土壤生物群落退化问题日渐凸显:有益功能菌群缺失导致土壤生物肥力下降,土传植物病原物持续积累引发土壤生物障碍频发,人畜致病菌耐药基因的扩散则加剧了土壤生物污染,其实质均为土壤生物群落自身的结构失衡与功能衰退,仅依靠改善土壤理化性状的传统管理模式已难以有效应对。本文首先解析土壤生物健康的概念内涵与基本特征,其次从生物肥力、生物障碍和生物污染 3 个方面剖析农田土壤生物健康面临的主要挑战,最后在此基础上总结相应的调控技术,讨论多重问题叠加下的综合应对策略,并展望该领域的研究瓶颈与未来方向,以期为构建高效的土壤生物健康管理与调控体系提供科学依据。

1 土壤生物健康概念的提出与核心内涵

1.1 从土壤肥力到土壤生物健康

关于土壤肥力(soil fertility)到土壤健康(soil health)的概念发展演变过程,学界已经有不少阐述[1]。早期土壤肥力概念关注土壤在非胁迫环境下为作物提供养分和水分的能力,即“地力”,评价指标以化学养分含量和物理性状为主。20 世纪 70 年代,随着可持续农业理念的兴起,“土壤质量”概念逐渐形成[2],开始将关注范围从单一产量扩展到维持环境质量和促进动植物健康的层面[3]。但其评价体系仍以物理和化学指标为核心,侧重对土壤非生命属性(如质地、养分含量、pH、重金属污染等)的量化描述,对土壤生物学过程及微生物群落功能的关注相对有限(图 1)。进入 21 世纪,Doran 和 Zeiss 等学者正式明确了“土壤健康(soil health)”的定义[4],强调土壤拥有维持植物、动物和人类生命系统的持续能力,这一转变标志着土壤开始被真正视为一个具有生命活力的动态系统。与“土壤质量”概念相比,“土壤健康”更强调土壤生命系统自身的活力和恢复力[5-6]。前文所述“土壤质量”虽已将关注范围由单一作物产量扩展至环境质量与动植物健康,但其评价重心仍落在土壤的“功能产出”上,该产出既包括农业生产力维度(如作物产量、养分与水分供给等经济产出),亦涵盖土壤所支撑的生态服务功能(如环境质量维持、养分循环调节、动植物健康支持等广义生态效益),本质上是一种以“土壤能够提供何种功能与服务”为导向的外向功能视角;而“土壤健康”则将评价重心由“土壤的产出功能与生态服务”转向“土壤生物自身的健康程度”,更关注土壤生命系统本身的活力与恢复力[7-8]。在这一框架下,学者进一步提出了“土壤生物健康(soil biohealth)”,它在土壤健康范畴之内,但内涵上更进一步,聚焦于土壤生物群落自身的结构完整性、功能稳定性和抵抗恢复力,从“土壤作为生物栖息地”的视角深化了对土壤健康本质的理解。

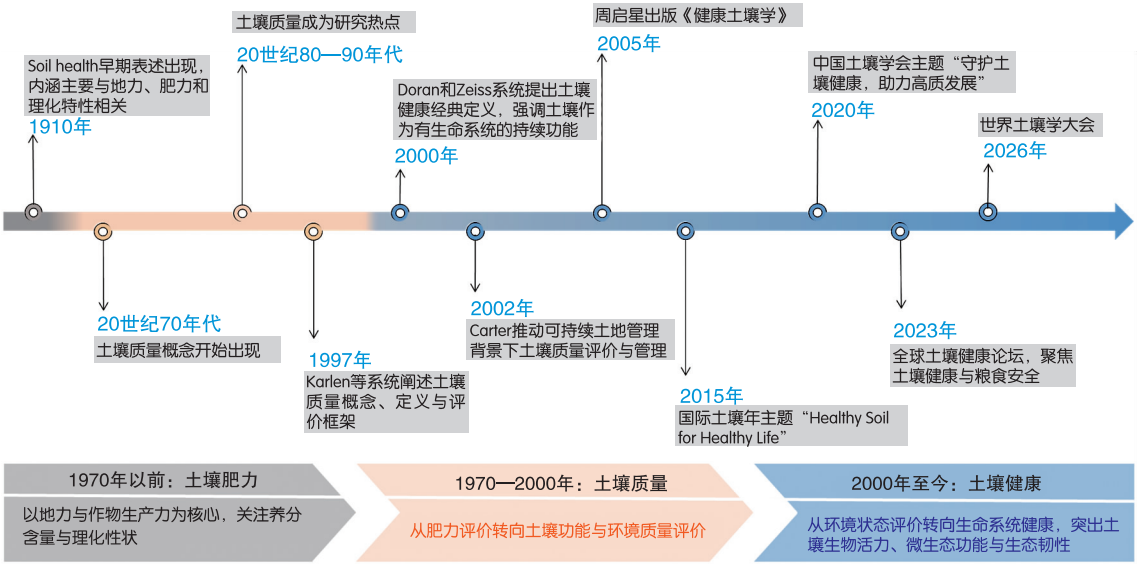

图 1 土壤生物健康概念的提出背景

Fig. 1 The development of soil biohealth concept, representative work and contributions

需要指出的是,“土壤生物健康”并非对既有土壤健康指标的简单重组或重新命名,而是聚焦于土壤生物群落自身的结构-功能-稳定性这一核心维度,从“土壤作为生物栖息地”的视角为土壤健康评价提供了生物学层面的理论增量。与“土壤健康的生物学维度”相比,土壤生物健康概念更强调将土壤生物群落视为评价主体而非辅助指标,关注其作为一个整体系统的结构完整性、功能稳定性和抵抗恢复力。然而,

关于如何量化评估上述 3 个属性,目前学界尚未形成统一的国际标准。现有评估主要依赖于生物多样性指数(如 Shannon 指数、物种丰富度)、功能活性指标(如土壤酶活性、微生物生物量碳氮、基础呼吸速率)、群落稳定性指标(如共现网络拓扑参数、模块化程度)以及抗逆性指标(如干扰后功能恢复速率、功能冗余度指数)等多类参数的组合[9-10]。不同土壤类型、气候条件和作物体系下,上述指标的参照基线存在显著差异[11],因此不宜采用统一的绝对阈值进行判断,而应结合具体生态背景建立适宜的相对评价标准。

从另一视角来看,人类社会对“健康”的认知经历了一个从以人类为中心逐步向万物共生的宏观生态系统视野拓展的过程:最早聚焦人体健康,之后延伸至动物福祉与植物健康。然而,为了保护人和动植物健康大量施用抗生素和农化品导致了一系列生态环境健康问题。直到 2010 年,世界卫生组织、联合国粮食及农业组织、世界动物卫生组织共同推广的“同一健康(one health)”理念,微生物这个最早出现的生命群体才得到社会的普遍关注[12]。在农业系统中,从呵护地上作物群体到关注地下土壤生物的认知转变对于农业管理具有重要指导意义。传统农业管理往往侧重于通过外部投入改善土壤的理化环境,以追求短期产量最大化,忽略了地下生物尤其是微小生物的生态位需求。而基于土壤健康理念的管理则更加关注如何保护和培育土壤生命系统,通过增强生物多样性、提高功能活性、维持群落稳定性和提升系统抗逆性来实现农业的可持续发展。当前,保护和提升土壤生物健康这一理念正在从学术研究逐步被农业生产者接受,但如何在保障粮食安全的前提下实现这一转变,仍面临诸多技术和政策层面的挑战。

1.2　土壤生物健康的核心特征

土壤生物健康体现在生物多样性、功能活性、群落稳定性和抗逆性 4 个相互关联的维度上。准确理解这 4 个维度的内涵及其相互关系,是开展土壤生物健康评价和调控的基础。

1.2.1　生物多样性　健康的土壤中栖息着种类繁多的微生物(如细菌、真菌)以及原生动物、线虫、蚯蚓等不同体型等级的土壤动物[13-14]。生物多样性的表征指标包括物种丰富度、Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数等 α 多样性参数,以及反映群落间组成差异的 β 多样性指标。例如,物种丰富度指示群落中分类单元的数量,Shannon 指数同时兼顾物种数目及其分布均匀度,Simpson 指数则对优势类群的相对丰度变化更为敏感。随着高通量测序技术的普及,基于 16S rRNA 基因和 ITS 序列的群落分类与多样性解析已成为主流手段[15],系统发育多样性与功能基因多样性则可分别从进化历史深度和功能潜力层面提供补充信息。这种高度的生物多样性通过功能冗余机制发挥作用,当环境发生变化导致某些物种消失时,功能相似的其他物种可以弥补其生态位,保障有机质分解、养分循环等关键生态过程的持续运转[16]。此外,生物多样性还为土壤生态系统提供了丰富的遗传资源库[17],这些遗传资源在面临新的环境挑战(如新病原菌、气候变化)时,可能是土壤生物群落适应性进化的重要组成和遗传基础。

1.2.2　功能活性　功能活性是土壤健康的动力来源和直观表现。土壤生物通过代谢活动驱动有机质分解、养分循环和土壤结构形成等关键生态过程,这些过程的强度和效率直接反映了土壤生物系统的活跃程度[17]。功能活性的表征指标包括微生物生物量及其周转速率、土壤基础呼吸强度、参与碳氮循环等重要生物地球化学循环的各类酶活性等[18]。例如,脲酶活性反映了土壤氮素转化的强度,磷酸酶活性与土壤磷素活化密切相关,脱氢酶活性则可作为微生物整体活性的指示指标。值得注意的是,功能活性并非越高越好,过高的活性可能伴随着有机质过度消耗,不利于土壤碳汇功能的维持。例如,当土壤基础呼吸速率显著高于有机碳输入速率时,表明系统处于净碳损失状态[19],可作为功能活性过度的初步判断依据。因此,健康土壤的功能活性应当与有机质输入水平相匹配,处于一种动态平衡状态。

1.2.3　群落稳定性　群落稳定性是土壤生物健康的结构支撑。健康的土壤拥有结构复杂、连通性强的土壤微食物网,通过捕食、竞争、互利共生和偏利共生等多种相互作用关系,形成层级合理的生态网络[17]。这种结构特征使系统能够有效分配物质和能量,维持养分循环的畅通,并在面对局部扰动时保持整体功能的稳定。需要指出的是,网络复杂度与稳定性之间的关系并非简单的正相关[20],而是取决于相互作用强度的分布特征和网络拓扑架构;在弱相互作用占主导且模块化程度适宜的条件下,高度连通的微食物网能够通过多条平行路径传递物质和能量,即使部分路径受阻也不影响整体功能;而适当的模块化有助于系统在局部层面维持相对独立的功能单元,增强对局部扰动的缓冲能力[21]。土壤多功能性指土壤同时支撑养分循环、有机质分解、生产力形成与水分调节等多种生态过程的能力,是土壤健康状况在功能层面的综合体现。研究表明,微食物网的稳定性比单纯的物种丰富度更能预测土壤的多功能性[17],这进一步表明,群落稳定性对土壤生物健康的支撑作用最终体现为系统多功能水平的维持。

1.2.4 抗逆性 抗逆性是土壤生物健康的高级表现形式,反映了土壤系统在受到外部干扰后维持或恢复功能的能力[22]。抗逆性(resistance)指系统在干扰发生后维持功能的能力,即“不变差”。该能力决定了土壤在面对人类活动干扰(如农药施用、肥料投入)、气候变化(如干旱、洪涝)或病原胁迫时能否持续发挥功能。土壤抗逆性的生物学基础包括多个层面:在群落组成层面,丰富的功能冗余和广泛的代谢多样性使群落能够在环境变化时通过物种替代维持功能[20],微生物可形成生物膜或孢子等休眠体,增强对逆境的耐受能力;在生态互作层面,复杂的种间互作关系提供了功能补偿机制[23],当某些种群受到抑制时,功能相似的其他种群可以部分弥补其作用;在根际界面,植物与微生物的共生关系构成了“根际免疫”防线,通过竞争排斥、拮抗作用和诱导系统抗性等机制抑制病原微生物的定殖和侵染[24]。此外,土壤生物的“记忆”效应,即群落通过表观遗传调控、种子库效应和微生物休眠体等机制保留历史环境信息,也是系统抗逆性的重要来源[22,25-26],但目前相关机制研究仍不充分。

上述 4 个维度之间存在深刻的内在关联:生物多样性是功能活性的源泉,丰富的物种组成支撑了高效的代谢输出;功能活性与多样化的种间互作共同塑造了稳定的群落结构;而这种结构与功能的协调最终赋予了系统强大的抗逆能力。这种“多样性、活性、稳定性和抗逆性”的递进关系,构成了评价土壤生物健康的核心逻辑。

2 农田土壤生物健康的三大挑战

2.1 土壤生物肥力下降

土壤生物肥力(soil biofertility)是指土壤生物群落及其代谢活动所决定的土壤养分供给能力,是土壤肥力的重要组成部分,也是连接土壤理化属性与作物生产力的关键纽带。与传统以化学养分为核心的肥力概念不同,生物肥力强调生物驱动的养分转化过程,其本质在于土壤生物通过分解、合成及能量流动,持续调控养分的有效性与供给速率。土壤生物肥力主要由功能微生物、土壤动物和植物根系三大类生物要素构成,三者相互依存、协同作用,共同维持土壤生态系统的功能运转[27]。需要指出的是,生物肥力并非仅由功能微生物单独驱动,而是土壤生物群落作为一个整体所表现的涌现性生态系统功能。群落中大量看似无直接功能的微生物实际上通过维持微环境稳定、参与种间互作等间接途径支撑着生物肥力的形成。固氮微生物、解磷解钾微生物和腐生微生物等不同功能类群分别通过固氮作用、矿物态养分活化和有机质分解腐殖化,向作物持续供给生物有效性养分。土壤动物通过掘穴、取食、排泄等活动,改善土壤物理结构,促进有机物质的破碎与微生物分解,并以捕食关系调控微生物群落的组成和周转速率,是维持土壤食物网结构与功能的重要调节者[28]。植物根系一方面可以显著改变土壤结构,改变土壤生物的栖息环境进而影响土壤生物肥力[29];另一方面可以通过根系分泌物、菌根共生等方式与土壤微生物形成紧密互作[30],既能招募有益功能微生物定殖于根际,又通过菌根网络扩大植物对磷、锌、铜等难移动性养分的吸收范围,从而将地上生物量与地下生物过程紧密耦合。

然而,在集约化农业生产模式的长期驱动下,农田土壤生物肥力呈现出持续下降的趋势。土壤生物肥力下降的突出表现包括:土壤微生物多样性显著降低,功能类群丰度减少,固氮、解磷等关键功能菌群的代谢活性减弱;土壤动物特别是蚯蚓等大型土壤动物的种群数量大幅下降,土壤食物网结构趋于简单化;菌根真菌侵染率降低,根系-微生物共生体系的建立受阻,导致植物对土壤养分的生物获取能力减弱[31](图 2)。与此同时,土壤酶活性、土壤呼吸速率和微生物生物量碳、氮等生物肥力指标普遍偏低,表明土壤生态系统的物质循环与能量流动能力已明显受损,其综合后果是养分供给能力减退,作物对土壤生物服务的依赖度下降,化肥替代空间收窄[32]。

土壤生物肥力下降是多重驱动因素叠加作用的结果,可归纳为化学扰动、物理扰动和生物扰动 3 个层面[33]。化学扰动方面,长期大量施用化学氮、磷肥改变了土壤碳氮比和 pH 值,导致依赖有机碳驱动的腐生微生物和固氮微生物受到抑制;另外,化肥的大量施用导致土壤养分富集,这样的土壤环境可能通过适应性进化使微生物群体中养分活化相关基因的丰度逐渐降低,进而导致相应功能衰退;农药和除草剂的使用对土壤真菌、细菌、节肢动物和线虫等敏感生物类群产生直接毒害效应;重金属和有机污染物的积累则通过改变微生物群落结构,选择性抑制功能微生物而促进耐受性类群扩张。物理扰动方面,连年深翻打破了土壤团聚体结构,破坏了菌根菌丝网络的空间连续性,使菌根定殖传播受阻;土壤压实降低了孔隙连通性,恶化了土壤动物的栖息与取食环境。生物扰动方面,作物多样性降低减少了根系分泌物的化学多样

性,削弱了根际对功能微生物的选择性招募;农田有机物料归还减少使土壤食物网底端的有机碳输入不足,引发食物网的级联性崩溃[34]。上述多重扰动的协同作用,使土壤生物群落结构持续简化、功能冗余度降低,最终导致土壤生物肥力的系统性退化。

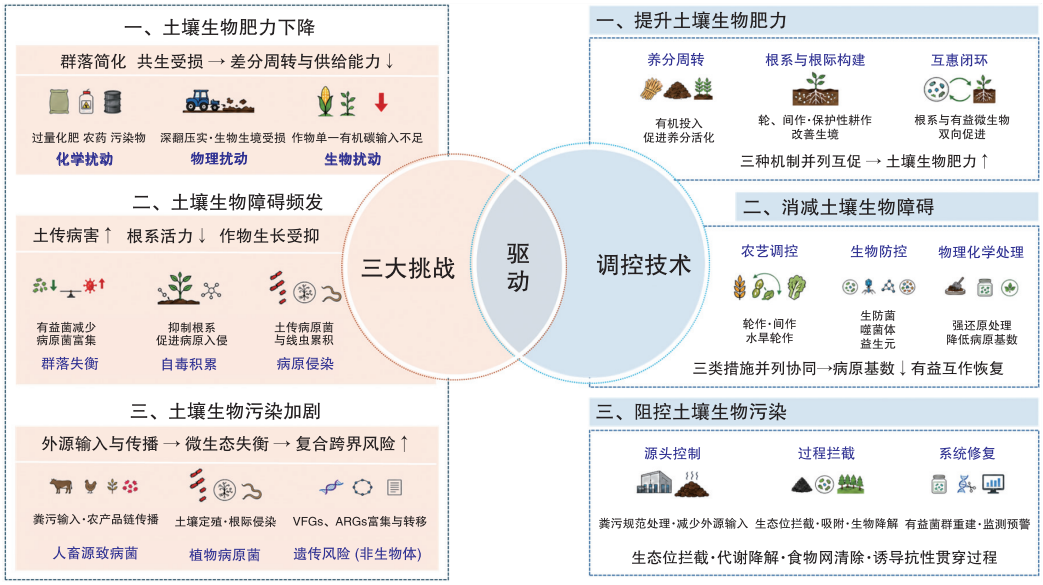

图 2　农田土壤生物健康存在的挑战与调控技术

Fig. 2　Challenges and regulation strategies for farmland soil biohealth

2.2　土壤生物障碍频发

土壤生物障碍是当前农业生产中普遍面临的难题,其形成涉及土壤微生态环境恶化、微生物群落失衡、自毒物质累积和根际有益互作减弱等多个环节。集约化农业生产中,过量施用化肥和长期连作会导致土壤酸化、有机质含量降低、酶活性减弱和物理结构破坏,这些变化共同为生物障碍的发生创造了条件。微生物群落失衡是生物障碍形成的核心环节(图 2),在连作或过量施肥等干扰下,特定作物的根系分泌物组成相对稳定,会选择性地富集能够利用这些分泌物的微生物类群,同时排斥或抑制其他类群,导致有益微生物锐减,病原菌逐渐占据优势地位[35]。植物自毒物质积累进一步加重了这一过程(图 2)。连续种植同一作物会使某些代谢产物在土壤中逐渐积累。例如,酚酸类物质是一类常见的自毒物质,这些物质不仅直接抑制作物生长,还能改变根际生态位,促进病原菌入侵[36]。根据致害主体的类型,土壤生物障碍主要分为三类:土传病害型,由镰刀菌、青枯菌、立枯丝核菌等病原微生物引起;植物寄生线虫型,以根结线虫为代表;自毒物质抑制型。这三类障碍在田间往往相互叠加,成为当前农业生产中较难解决的问题。

土壤生物障碍的诊断需要多类指标结合使用。植物响应指标(如植物长势、发病率、病情指数、根系活力、叶片叶绿素荧光参数)最直观,但通常在植物出现明显症状后才能检测到,因此错过了早期防控的时机[37]。病原微生物丰度可通过荧光定量 PCR 和高通量测序技术精确检测,但同样存在滞后性,当病原菌数量达到检测阈值时,作物往往已处于不可逆受害阶段。微生物群落特征被认为是早期诊断较为有效的指标。研究表明,健康和障碍土壤的根际微生物网络结构有明显差异:障碍土壤的微生物网络通常更为简单,模块化程度降低,芽胞杆菌和假单胞菌等拮抗有益菌丰度明显下降[38]。与物种组成相比,与病原菌抑制相关的功能基因(如生物膜形成、毒力响应相关基因)具有更高的诊断灵敏度,能在病害暴发前预警根际微生态的功能失调[39]。代谢物与自毒物质指标通过根际代谢组分析识别特征性标志物:特异自毒类物质的浓度与连作障碍程度有明显相关性;病原菌分泌的效应蛋白、毒素等代谢指标响应速度快,在症状出现前就可能检测到异常信号。

2.3　土壤生物污染加剧

农田土壤生物污染是指具有生物来源、可在环境中存活、增殖或扩散,并对作物生产、生态安全和人畜健康产生潜在危害的一类污染过程。与化学污染物相比,生物污染物具有来源复杂、形态多样、环境持留性强以及可随宿主或遗传载体传播等特点。当前农田系统中较受关注的生物污染因子主要包括致病微生物、毒力基因(VFG)和抗生素耐药基因(ARG)等[40-41]。需要说明的是,虽然 VFG 和 ARG 本质上是遗传信息片段而非活的生物个体,但因其以微生物为宿主载体,可通过水平基因转移在菌群间主动传播扩散,

且其环境行为与致病菌的生态传播密切耦合,故本文将其纳入广义的生物污染范畴加以讨论。

致病微生物进一步区分为人畜源致病菌和植物病原菌。人畜致病菌主要随畜禽粪污、沼液、污泥、污水灌溉和养殖废弃物还田等途径进入农田,包括肠道致病菌、机会致病菌及人兽共患病原菌,其危害主要关联农产品卫生安全和公共健康[42]。植物病原菌可随带病种苗、农机具、灌溉水等方式进入农田或在田间扩散,并在连作条件下于土壤及根际积累,诱发根腐病、枯萎病、青枯病和线虫病等土传病害[43]。二者虽均可在农田土壤中存活、迁移和扩增,但其来源途径、宿主范围、传播链条和主要危害对象存在明显差异:人畜致病菌更突出外源输入及其向农产品和人群暴露的传递风险,植物病原菌则更突出土壤定殖、根际侵染和植物病害传播风险。

VFG是编码或调控病原微生物黏附、侵入、毒素产生、分泌系统和免疫逃逸等致病功能的遗传单元,其环境丰度及宿主归属可用于表征潜在致病风险[44]。畜禽粪肥不仅可输入外源致病菌,还可将其携带的VFG带入土壤。不同类型粪肥施用可增加土壤VFG的多样性和相对丰度,部分VFG还与ARG共存于潜在人类致病菌中,增加耐药性与致病性叠加的复合风险[45]。ARG是编码抗生素耐药性的功能性遗传单元,可位于细菌染色体或质粒上,并常与转座子、整合子等可移动遗传元件相关联。畜禽粪肥、沼液、污泥和污水灌溉是ARG进入农田土壤的重要来源;携带ARG的肠道致病菌和机会致病菌则是重要的输入宿主[46-48]。进入土壤后,ARG可在抗生素残留、重金属和消毒剂等选择压力作用下被维持和富集,并通过接合、转化和转导等水平基因转移过程,在人畜致病菌、土著环境菌和植物病原菌之间扩散[49]。已有研究表明,土壤环境菌与人类病原菌之间存在共享耐药基因的现象[50],提示农田土壤不仅是ARG的环境储库,也可能成为不同微生物类群发生遗传交换的重要界面。

上述污染因子及遗传风险的交汇使农田土壤生物污染呈现出复合性、隐蔽性和跨界传播特征。人畜致病菌可通过作物表面附着、根际定殖、内生迁移及灌溉水传播等途径进入农产品链条,增加食源性传播和公共卫生风险[42];植物病原菌在土壤中的持续积累则会加重土传病害,影响作物产量与品质[51]。与此同时,外源致病菌及其携带的ARG和VFG进入土壤后,可能会改变微生物群落组成和种间互作,导致微生态失衡,进而降低土壤对病原菌入侵的抵抗能力和系统稳定性[52]。因而,农田土壤生物污染的危害不仅表现为病原菌数量增加或耐药基因富集,还体现为人畜健康风险、作物病害风险、VFG和ARG跨类群传播风险和土壤生态功能退化等复合风险。

3 土壤生物健康调控

3.1 土壤生物肥力提升

养分周转是土壤生物肥力提升的核心驱动力。土壤中氮、磷等矿质元素大多以有机态或矿物结合态存在,需经微生物分解矿化才能转化为植物可吸收的有效养分。固氮菌将大气氮素还原为铵态氮,解磷菌分泌有机酸和植酸酶活化难溶性磷,腐生微生物将动植物残体降解并释放矿质养分[53]。养分周转的效率直接决定土壤向植物提供养分的速率。提升途径在于增加有机质输入,如通过秸秆还田、有机肥和绿肥为微生物提供持续能量底物,驱动功能菌群增殖,形成高效的养分循环回路[54](图2)。

根系发育与根际微环境的构建是提升生物肥力的结构基础。活根在生长过程中持续分泌糖类、氨基酸和有机酸等根系分泌物,在根表及根际形成高代谢活性的微域[55]。除分泌物介导的化学效应外,根系本身的穿插生长还持续塑造土壤物理结构:根的伸长在土体中构建连续的孔隙网络,根系分泌物与死亡根残体则作为胶结物质促进团聚体形成,从而改善土壤通气状况与孔隙连通性,为土壤生物提供结构异质且连通良好的栖息空间[56]。根系分泌物的组成因植物种类和生育期而异,不同作物可维持差异显著的根际微生物组。轮作和间作通过根系分泌物的多样化交替维持根际功能菌群丰富度(图2),保护性耕作则通过减少物理扰动保护菌丝网络和孔隙结构,为根系深层延伸和微生物定殖提供适宜空间[57]。

土壤生物肥力的提升还依赖于植物与根际微生物之间形成的互惠闭环。通过外源调控手段,如施用促生菌剂或生物有机肥可刺激植物分泌更多根系分泌物,这些碳源和信号分子定向招募固氮菌、解磷菌和促生菌等有益微生物定殖到根际;有益微生物则通过固氮、解磷、产生植物激素和铁载体等方式促进植物生长,而更健壮的植物又进一步增加根系分泌量,从而形成“调控刺激—分泌物增加—有益菌富集—促生反馈—分泌增强”的正反馈启动机制[58-59]。需要指出的是,该正反馈过程并非无限放大,而是受到资源可利用性、环境容量和群落间竞争等负反馈机制的制约;当有益菌群密度达到一定阈值时,碳源竞争、空间限

制及捕食压力等负反馈作用开始显现,使系统趋于动态平衡。因此,健康的土壤生物肥力系统是正反馈启动与负反馈维稳协同作用的结果。这一植物根系互惠闭环使生物肥力的提升从单向外源投入转变为自我维持的内源驱动,是实现土壤生物肥力持续提升的关键机制(图 2)。

3.2　土壤生物障碍消减

消减土壤生物障碍需要农艺调控、生物防控与物理化学处理等多种手段的协同配合(图 2)。农艺调控方面,多样性种植(轮作、间作)是打破病原菌宿主依赖最直接的手段,通过改变根系分泌物、作物残茬组成从而切断病原菌随宿主连作而持续积累的正反馈循环[60];水旱轮作通过改变土壤水分状况,影响土壤氧化还原电位和微生物群落结构,长期淹水形成的厌氧环境可显著抑制好氧病原菌(如青枯菌)及根结线虫等植物寄生线虫的存活与活性[35,61],从而有效削减相应类型的土壤生物障碍。但需注意,长期淹水会抑制好氧有益微生物的活性,其对土壤生物健康的整体影响需结合障碍类型与轮作周期加以权衡。

在生物防控领域,芽胞杆菌、假单胞菌、链霉菌和木霉等生防微生物通过竞争、拮抗和重寄生等多重机制抑制病原微生物[24]。筛选适应性强、竞争能力强的菌株,以及组合使用功能互补的菌株形成合成群落等可以解决生防微生物定殖率低和效果不稳定的问题。噬菌体疗法是利用噬菌体对特定细菌的专一性侵染,筛选针对特定病原菌(如青枯菌)的噬菌体组合制剂,通过裂解病原菌实现有针对性的消减,且对土壤有益菌群的干扰相对较小[62-63]。益生元策略是通过施用特定小分子底物定向激活根际本土有益菌,实现对土著有益类群的精准提升[64-65]。根际菌群移植与抑病土壤接种策略是通过将健康或抑病型土壤的微生物群落转移至障碍地块[66],从系统层面重塑根际免疫环境,体现了生物防控从单一功能菌施用向群落整体移植的思路拓展[67]。

物理化学处理方面,强还原处理是通过淹水厌氧与有机物料发酵产生的还原性杀菌物质协同作用,快速降低病原基数,重塑土壤微生物群落,再配合功能微生物补充措施[68],实现较好的长期效果。与传统化学熏蒸对土壤生物群落的非选择性破坏不同,强还原处理在消杀病原的同时保留了群落重建的生态基础,更契合土壤生物健康的维护目标。

在实际应用中,上述各类手段的功能定位互补:农艺调控重在切断病害循环、发挥持续预防作用,生物防控重在重建群落拮抗平衡、恢复土壤抑病性,物理化学处理重在快速压低病原基数。单一技术往往难以取得理想效果,且各类手段的适用性受障碍类型、土壤条件与生产成本的共同制约。因此,按“快速消杀—群落重建—持续防控”的时序逻辑将不同手段系统集成,形成针对不同障碍类型的综合解决方案,是提高消减效果的关键。

3.3　土壤生物污染阻控

土壤生物污染防控的核心目标是增强土壤系统自身阻截和降解污染物的能力。竞争排斥与生态位拦截是第一道屏障:高度多样的土著微生物群落通过对营养资源、物理空间的占据,提高外来菌的定殖门槛。生物降解与代谢消纳是第二道防线:土壤功能微生物具有强大的代谢多样性,胞内酶促降解和胞外活性物质可分解多种有机污染物[41]。诱导系统抗性是指根际有益微生物通过其细胞组分及代谢产物激活植物茉莉酸与乙烯信号通路,使植物在病原菌侵染前即进入免疫预警状态,受侵后防御反应变为迅速的系统性抗性机制[69]。借助这一植物-微生物跨界协作,诱导系统抗性构成了土壤生物污染防控的第三道防线,在根际界面构建起拦截外来病原菌定殖的生物拦截层。

土壤生物污染的调控需要从源头控制、过程拦截和系统修复 3 个环节统筹考虑(图 2)。源头控制是重点,核心是对农用畜禽粪污进行标准化处理,通过高温好氧堆肥、热压或超高温除菌技术,有效消减粪肥中的致病菌并降低 ARG 的丰度和转移活性[70-71]。过程拦截措施包括:生物炭和功能化纳米材料通过吸附作用固定病原细胞及游离 DNA,降低其迁移能力[72];人工接种高效降解菌群加速抗生素的降解[73];生态隔离带利用根际过滤效应拦截随地表径流迁移的 ARG 和病原菌[74]。上述长效调控手段主要通过群落竞争逐步稀释 ARG,属于间接、渐进的生态调控路径,难以对耐药基因本身实施定点清除。为此,最新的研究正在探索基于 CRISPR-Cas9 系统的 ARG 定向消除技术:该系统源自细菌的适应性免疫机制,可在向导 RNA 的引导下对特定 DNA 序列进行定点切割,借助噬菌体或接合质粒等递送载体将 CRISPR-Cas 元件导入耐药菌细胞,可靶向破坏耐药基因或切除携带耐药基因的质粒[75],从而在基因层面直接清除 ARG。与这一精准干预手段相配套,基于高通量测序的智能监测与预警系统能够动态追踪土壤中病原菌与 ARG 的组成变化,为干预时机与策略选择提供信息支撑。

4 土壤生物健康问题叠加风险与应对策略

在土壤生物健康的研究框架中,生物肥力、生物障碍与生物污染构成了判断土壤系统生命力的 3 个关键层次。这 3 个层次并非孤立存在,而是通过物质循环、能量流动和群落互作深度耦合,形成复杂的因果关系网络(图 3)。

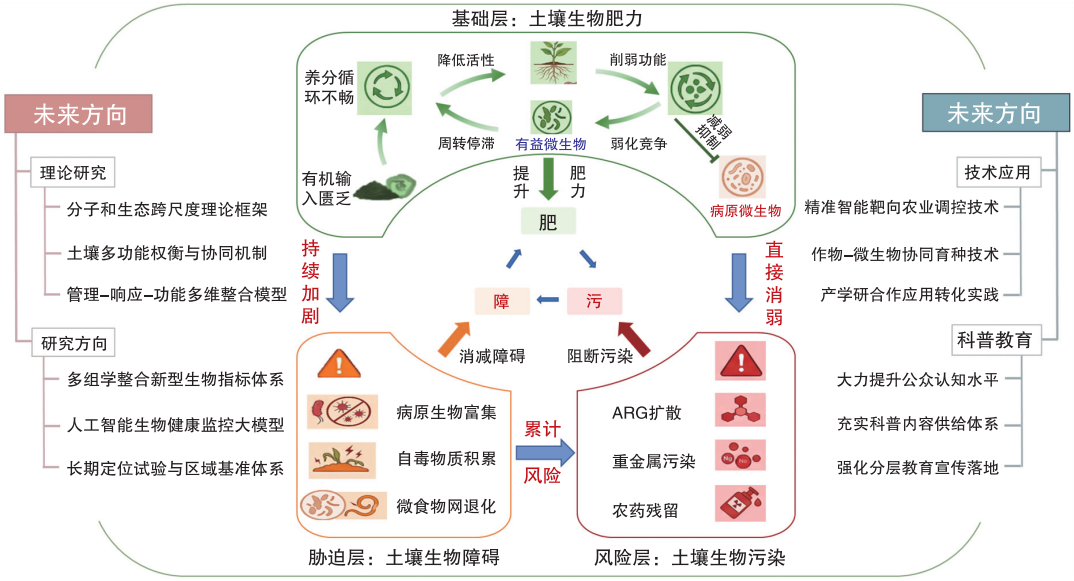

图 3 农田土壤生物肥力、生物障碍和生物污染的交互叠加及未来研究方向

Fig. 3 Interplay and coupling of soil biological fertility, biological barriers, and biological pollution in farmland soils and future research directions

土壤生物肥力处于“基础层”,反映了土壤生物在养分周转和结构形成中的积极贡献(图 3)。生物肥力的根本支撑是有机碳提供的能量和养分循环中的物质来源。充足的有机碳输入维持了功能微生物的高活性,促进了土壤动物和植物根系的正常功能,形成了良性循环。当生物肥力处于较高水平时,充足的能量支撑使有益功能菌群保持竞争优势,复杂的微食物网通过“竞争排斥”效应自发抑制病原微生物的定殖,即所谓“根际免疫”效应[24]。同时,高水平的生物多样性也提高了系统对外来污染因子的抵御能力。

土壤生物障碍处于“胁迫层”,是系统内部平衡失调引发的功能紊乱,主要表现为土传病原菌富集、植物自毒物质积累和微食物网退化(图 3)。这种“生物胁迫”的本质是能量流向的误导和物质循环路径的畸变,原本用于支持有益群落生长的能量被病原菌劫持,原本通畅的养分循环路径变得阻滞。生物障碍的发生往往始于有机质亏缺或能量供应不足导致的微生物低活性状态,在这种状态下,有益群落的竞争优势丧失,病原菌便有了可乘之机。

土壤生物污染处于“风险层”,引入了人类健康和生态系统安全的新视角。生物污染不仅包括外源人畜致病菌的入侵和定殖,更重要的是还包括 ARG、重金属抗性基因等新型污染物的扩散问题[76]。在集约化畜禽养殖背景下,以粪肥形式进入农田的 ARG 正在使土壤成为耐药基因的重要储库和扩散源(图 3)。这些抗性基因通过质粒、转座子等可移动遗传元件在不同细菌种群间进行水平转移,可以传播到病原菌中使其获得耐药性,大大增加 ARG 向食物链传播的风险[77]。

三者的关系形成了一个相互影响的闭环:生物污染破坏群落结构,降低代谢活性,直接削弱生物肥力;肥力下降导致系统防御屏障减弱,为病原菌的暴发创造了条件,诱发生物障碍;生物障碍的持续加剧又阻碍有机质分解,进一步恶化肥力水平。因此,土壤生物健康的科学管理必须从“提升肥力、消减障碍、阻断污染”三个方向协同推进,任何单一方向的干预都难以取得持久效果。这一认识为构建系统化的土壤生物健康调控体系奠定了理论基础。

5 土壤生物健康研究的瓶颈与未来展望

5.1 理论研究层面

当前土壤生物健康调控的理论研究仍面临若干核心瓶颈。首先,土壤生态系统内部互作机制的“黑

箱”属性尚未完全破解,植物-土壤-微生物三者之间的动态双向调控过程解析不足,现有研究多聚焦于单一组分或过程对产量的影响,忽视了作物管理对土壤多功能的反向反馈。其次,土壤多功能性之间的权衡与协同机制尚不清晰,例如追求某一功能的最大化可能损害其他功能,如何在多个目标之间寻求最优平衡是亟待解决的问题。最后,土壤“记忆”机制及其对抗逆性的贡献尚不明确。

未来理论研究的重点方向包括:深入解析土壤生物网络驱动土壤功能的机制,建立从分子机制到生态系统功能的跨尺度理论框架;系统研究土壤多功能性的权衡与协同机制;建立联系管理措施、群落响应和功能产出的整合性模型。

5.2　研究方法层面

研究方法上的局限制约了土壤生物健康研究的深入和实践应用。生物指标评价体系仍不完善,土壤动物和微食物网指标因分类困难、标准化程度低而导致应用受限。土壤生物过程的时空异质性强,现有监测手段难以实现大尺度、实时性的健康评估。缺乏统一的国家或行业标准也在一定程度上制约了研究结果的比较和应用。

未来研究方法的改进方向包括:整合宏基因组、宏转录组、代谢组和表型组等多组学技术,建立基于功能基因表达的新型生物指标体系;借助人工智能和机器学习技术提高从复杂数据中提取生物健康信息的效率;开发低成本实时监测传感器;建立长期定位试验数据库和区域基准值体系,推动标准化评价框架的建立。

5.3　技术应用层面

技术应用层面的主要瓶颈制约了研究成果向生产实践的转化。外源生物制剂在复杂田间条件下的定殖率和稳定性问题尚未根本解决;多数调控措施处于“碎片化”状态,缺乏针对不同土壤类型的系统化集成方案;部分高性能材料(如生物炭)成本偏高,难以大规模应用。

未来技术突破的重点方向包括:发展长效化、精准化、智能化的调控技术,如合成微生物群落的定向设计;推动“作物-微生物协同育种”,通过改良根系性状提高对功能微生物的招募能力;探索多技术融合的综合解决方案,针对不同土壤类型、不同作物及多样化管理需求建立标准化技术体系。同时,加强产学研合作,加速从实验室成果到田间应用的转化,是缩小研究与实践差距的关键。

5.4　科普教育层面

土壤生物健康的公众认知依然薄弱。公众对土壤的认知多停留在酸碱度和有机质等理化指标层面,对地下土壤生物群落的多样性及其生态功能缺乏系统认识,农业生产者亦普遍缺乏主动保护土壤生物多样性的意识。当前面向公众的科学传播多侧重宏观叙事,缺乏对土壤生物具体功能的深入阐释;科研成果的传播转化也存在表达方式与受众认知水平脱节的问题。此外,土壤生物健康相关内容在中学至大学阶段的农业教育课程中尚未得到充分覆盖,职业农民培训体系中对此类知识的纳入亦较为有限。

未来的重点在于推进土壤生物健康科学知识的系统化传播与教育普及。具体途径包括:运用短视频、可视化图表等数字化媒介,系统展示土壤微生物群落的结构与功能;针对不同受众群体构建差异化传播内容,如面向学生的互动式课程、面向农业生产者的田间实践培训以及面向农技推广人员的系统性专业培训;建立激励机制,鼓励科研人员参与科学传播工作,并在科研评价体系中纳入科学普及贡献的考量。唯有使土壤生物健康的概念真正进入公众视野,相关研究成果方能更有效地服务于农业生产实践。

南京农业大学汪宁祺、于嘉宝、任鹏和游川博士在文献收集、文稿校对及图片绘制方面给予帮助与支持,谨致谢意。

参考文献 References:

[1] Lehmann J, Bossio D A, Kögel-Knabner I, et al. The concept and future prospects of soil health[J]. Nature Reviews Earth & Environment, 2020, 1(10): 544-553.

[2] Karlen D L, Mausbach M J, Doran J W, et al. Soil quality: a concept, definition, and framework for evaluation (a guest editorial)[J]. Soil Science Society of America Journal, 1997, 61(1): 4-10.

[3] Doran J W, Sarrantonio M, Liebig M A. Soil health and sustainability[M]//Advances in agronomy. Amsterdam: Elsevier, 1996: 1-54.

[4] Doran J W, Zeiss M R. Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality[J]. Applied Soil Ecology, 2000, 15(1): 3-11.

[5] 张江周,王光州,李奕赞,等. 农田土壤健康评价体系构建的若干思考[J]. 土壤学报,2024,61(4):879-891.
Zhang J Z, Wang G Z, Li Y Z, et al. Re-thinking the establishment of the farmland soil health assessment system[J]. Acta Pedologica Sinica, 2024, 61(4): 879-891 (in Chinese with English abstract).

[6] 张俊伶,张江周,申建波,等. 土壤健康与农业绿色发展:机遇与对策[J]. 土壤学报,2020,57(4):783-796.

Zhang J L,Zhang J Z,Shen J B,et al. Soil health and agriculture green development:opportunities and challenges[J]. Acta Pedologica Sinica,2020,57(4):783-796(in Chinese with English abstract).

[7] Jia J Y,de Goede R,Li Y Z,et al. Unlocking soil health:are microbial functional genes effective indicators? [J]. Soil Biology and Biochemistry,2025,204:109768.

[8] 朱永官,彭静静,韦中,等. 土壤微生物组与土壤健康[J]. 中国科学:生命科学,2021,51(1):1-11.
Zhu Y G,Peng J J,Wei Z,et al. Linking the soil microbiome to soil health[J]. Scientia Sinica Vitae,2021,51(1):1-11(in Chinese with English abstract).

[9] 师玥,苏铃珺,刘洋,等. 基于土壤健康评价的土壤生物指标研究进展[J]. 土壤,2025,57(6):1293-1302.
Shi Y,Su L J,Liu Y,et al. Research progress on soil biological indicators based on soil health assessment[J]. Soils,2025,57(6):1293-1302(in Chinese with English abstract).

[10] 杨晓霞,周启星,王铁良. 土壤健康的内涵及生态指示与研究展望[J]. 生态科学,2007,26(4):374-380.
Yang X X,Zhou Q X,Wang T L. Connotation and ecological indicators of soil health and its research prospect[J]. Ecological Science,2007,26(4):374-380(in Chinese with English abstract).

[11] Zwaan R E,Verwijmeren M,Rutgers M,et al. Soil health indices in disagreement:a systematic review and comparison of soil health assessment methods[J]. Soil Biology and Biochemistry,2026,220:110184.

[12] Banerjee S,van der Heijden M G A. Soil microbiomes and one health[J]. Nature Reviews Microbiology,2023,21(1):6-20.

[13] Bardgett R D,van der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. Nature,2014,515(7528):505-511.

[14] Hector A,Bagchi R. Biodiversity and ecosystem multifunctionality[J]. Nature,2007,448(7150):188-190.

[15] Delgado-Baquerizo M,Reich P B,Trivedi C,et al. Multiple elements of soil biodiversity drive ecosystem functions across biomes[J]. Nature Ecology & Evolution,2020,4(2):210-220.

[16] Wagg C,Bender S F,Widmer F,et al. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality[J]. Proc Natl Acad Sci USA,2014,111(14):5266-5270.

[17] Saleem M,Hu J,Jousset A. More than the sum of its parts:microbiome biodiversity as a driver of plant growth and soil health[J]. Annual Review of Ecology,Evolution,and Systematics,2019,50:145-168.

[18] Xu X B,Zhang K L,Zhu Z K,et al. Decoding soil health constraints in regional agroecosystems:machine learning reveals microbial enzymatic thresholds and drivers[J]. Soil and Tillage Research,2026,258:107000.

[19] Yao P W,Lu Q F,Han J,et al. Characteristics of soil respiration and net ecosystem carbon budget from tobacco-planted soil with different organic amendments[J]. Soil and Tillage Research,2024,242:106142.

[20] Radujković D,Portillo-Estrada M,Hendrickx B,et al. Soil biodiversity and ecosystem functions in grasslands:is more always better? [J]. Soil Biology and Biochemistry,2025,211:109988.

[21] Louca S,Polz M F,Mazel F,et al. Function and functional redundancy in microbial systems[J]. Nature Ecology & Evolution,2018,2(6):936-943.

[22] Griffiths B S,Philippot L. Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community[J]. FEMS Microbiology Reviews,2013,37(2):112-129.

[23] Ren Y,Xun W B,Yan H,et al. Functional compensation dominates the assembly of plant rhizospheric bacterial community[J]. Soil Biology and Biochemistry,2020,150:107968.

[24] 韦中,沈宗专,杨天杰,等. 从抑病土壤到根际免疫:概念提出与发展思考[J]. 土壤学报,2021,58(4):814-824.
Wei Z,Shen Z Z,Yang T J,et al. From suppressive soil to rhizosphere immunity:towards an ecosystem thinking for soil-borne pathogen control[J]. Acta Pedologica Sinica,2021,58(4):814-824(in Chinese with English abstract).

[25] Child H T,Friggens N L,Hook C,et al. Land-use driven microbial community legacy shapes soil functionality[J]. Soil Biology and Biochemistry,2026,222:110282.

[26] Ginnan N A,Custódio V,Gopaulchan D,et al. Precipitation legacy effects on soil microbiota facilitate adaptive drought responses in plants[J]. Nature Microbiology,2025,10(11):2823-2844.

[27] Joshi N,Kaur R,Nawaz T. The soil-root nexus:how soil health shapes plant nutrient uptake and food nutritional security[J]. Plant and Soil,2026,521(2):1145-1173.

[28] 孙新,李琪,姚海凤,等. 土壤动物与土壤健康[J]. 土壤学报,2021,58(5):1073-1083.
Sun X,Li Q,Yao H F,et al. Soil fauna and soil health[J]. Acta Pedologica Sinica,2021,58(5):1073-1083(in Chinese with English abstract).

[29] Mueller C W,Baumert V,Carminati A,et al. From rhizosphere to detritusphere-soil structure formation driven by plant roots and the interactions with soil biota[J]. Soil Biology and Biochemistry,2024,193:109396.

[30] Song J J,Haider S,Song J H,et al. Root exudates mediate microorganisms to improve rhizosphere nutrient availability and crop productivity under straw mulching and slow-release nitrogen fertilizer[J]. Functional Ecology,2026,40(6):1725-1739.

[31] Yan Y Y,Zhou X,Liu L L,et al. Soil nutrient enrichment induces trade-offs in bacterial life-history strategies promoting plant productivity[J]. Advanced Science,2025,12(45):e10066.

[32] Jian S Y,Li J W,Chen J,et al. Soil extracellular enzyme activities,soil carbon and nitrogen storage under nitrogen fertilization:a meta-analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry,2016,101:32-43.

[33] Smith P,Cotrufo M F,Rumpel C,et al. Biogeochemical cycles and biodiversity as key drivers of ecosystem services provided by soils[J]. Soil,

2015,1(2):665-685.

[34] Zhang S X,Kuzyakov Y,Jia Z J,et al. Cascading effects within soil food web amplify fungal biomass and necromass production[J]. Global Change Biology,2025,31(5):e70235.

[35] Katan J. Diseases caused by soilborne pathogens:biology,management and challenges[J]. Journal of Plant Pathology,99(2):305-315.

[36] Gu Y A,Wei Z,Wang X Q,et al. Pathogen invasion indirectly changes the composition of soil microbiome via shifts in root exudation profile[J]. Biology and Fertility of Soils,2016,52(7):997-1005.

[37] Ren T B,Feng H L,Wan Mahari W A,et al. Biochar and microbial synergy:enhancing tobacco plant resistance and soil remediation under cadmium stress[J]. Biochar,2025,7:119.

[38] Wei Z,Gu Y A,Friman V P,et al. Initial soil microbiome composition and functioning predetermine future plant health[J]. Science Advances,2019,5(9):eaaw0759.

[39] You C,Ren P,Guan Y,et al. Forecasting root rot disease through predictive microbial functional profiling[J]. Advanced Science,2026,13(23):e22628.

[40] Zhu L,Xu Y C,Li J P,et al. Environmentally persistent microbial contamination in agricultural soils:high risk of pathogenicity and antibiotic resistance[J]. Environment International,2024,190:108902.

[41] 陈保冬,赵方杰,张莘,等. 土壤生物与土壤污染研究前沿与展望[J]. 生态学报,2015,35(20):6604-6613.
Chen B D,Zhao F J,Zhang X,et al. Soil pollution and soil organisms:an overview of research progress and perspectives[J]. Acta Ecologica Sinica,2015,35(20):6604-6613(in Chinese with English abstract).

[42] Mather A E,Gilmour M W,Reid S W J,et al. Foodborne bacterial pathogens:genome-based approaches for enduring and emerging threats in a complex and changing world[J]. Nature Reviews Microbiology,2024,22(9):543-555.

[43] Savary S,Willocquet L,Pethybridge S J,et al. The global burden of pathogens and pests on major food crops[J]. Nature Ecology & Evolution,2019,3(3):430-439.

[44] Xie S T,Ding L J,Huang F Y,et al. VFG-Chip:a high-throughput qPCR microarray for profiling virulence factor genes from the environment[J]. Environment International,2023,172:107761.

[45] Zhu L,Lian Y L,Lin D,et al. Insights into microbial contamination in multi-type manure-amended soils:the profile of human bacterial pathogens,virulence factor genes and antibiotic resistance genes[J]. Journal of Hazardous Materials,2022,437:129356.

[46] Karkman A,Pärnänen K,Larsson D G J. Fecal pollution can explain antibiotic resistance gene abundances in anthropogenically impacted environments[J]. Nature Communications,2019,10:80.

[47] Liu Z T,Ma R A,Zhu D,et al. Organic fertilization co-selects genetically linked antibiotic and metal(loid)resistance genes in global soil microbiome[J]. Nature Communications,2024,15:5168.

[48] Zhao Y X,Li L G,Huang Y,et al. Global soil antibiotic resistance genes are associated with increasing risk and connectivity to human resistome[J]. Nature Communications,2025,16:7141.

[49] Forsberg K J,Reyes A,Wang B,et al. The shared antibiotic resistome of soil bacteria and human pathogens[J]. Science,2012,337(6098):1107-1111.

[50] Munck C,Albertsen M,Telke A,et al. Limited dissemination of the wastewater treatment plant core resistome[J]. Nature Communications,2015,6:8452.

[51] Fones H N,Bebber D P,Chaloner T M,et al. Threats to global food security from emerging fungal and oomycete crop pathogens[J]. Nature Food,2020,1(6):332-342.

[52] Emmenegger B,Massoni J,Pestalozzi C M,et al. Identifying microbiota community patterns important for plant protection using synthetic communities and machine learning[J]. Nature Communications,2023,14:7983.

[53] Singh B K,Hu H W,MacDonald C A,et al. Microbiome-facilitated plant nutrient acquisition[J]. Cell Host & Microbe,2025,33(6):869-881.

[54] Chen X L,Ma X Z,Liu Z X,et al. Organic fertilizers increase microbial community diversity and stability slowing down the transformation process of nutrient cycling[J]. Environmental Microbiome,2025,20:130.

[55] Ma W M,Tang S H,Dengzeng Z M,et al. Root exudates contribute to belowground ecosystem hotspots:a review[J]. Frontiers in Microbiology,2022,13:937940.

[56] Hamza A,Karčauskienė D,Ali Tahir M,et al. Root-soil interactions a key driver of aggregate formation and stability:a trait-based and mechanistic review[J]. Plant and Soil,2026,521(2):1037-1066.

[57] Liang X W,Yu S P,Ju Y F,et al. Integrated management practices foster soil health,productivity,and agroecosystem resilience[J]. Agronomy,2025,15(8):1816.

[58] Steinauer K,Thakur M P,Hannula S E,et al. Root exudates and rhizosphere microbiomes jointly determine temporal shifts in plant-soil feedbacks[J]. Plant,Cell & Environment,2023,46(6):1885-1899.

[59] 王光州,申建波,张俊伶,等. 植物-土壤反馈驱动的土壤健康机制与调控策略[J/OL]. 土壤学报,2025-09-24. https://link.cnki.net/urlid/32.1119.P.20250924.1218.002.
Wang G Z,Shen J B,Zhang J L,et al. Soil health mechanism and regulation strategy driven by plant-soil feedback[J/OL]. China Industrial Economics,2025-09-24. https://link.cnki.net/urlid/32.1119.P.20250924.1218.002(in Chinese with English abstract).

[60] Zhou Y Y,Yang Z,Liu J G,et al. Crop rotation and native microbiome inoculation restore soil capacity to suppress a root disease[J]. Nature Communications,2023,14:8126.

[61] Zhang H L, Guo D S, Lei Y T, et al. Cover crop rotation suppresses root-knot nematode infection by shaping soil microbiota[J]. New Phytologist, 2025, 245(1): 363-377.
[62] Wang X F, Wang S, Huang M C, et al. Phages enhance both phytopathogen density control and rhizosphere microbiome suppressiveness[J]. mBio, 2024, 15(6): e03016-e03023.
[63] Wang X F, Wei Z, Yang K M, et al. Phage combination therapies for bacterial wilt disease in tomato[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37(12): 1513-1520.
[64] Yang K M, Fu R X, Feng H C, et al. RIN enhances plant disease resistance via root exudate-mediated assembly of disease-suppressive rhizosphere microbiota[J]. Molecular Plant, 2023, 16(9): 1379-1395.
[65] You C, Zhang W Q, Guan Y, et al. Metabolome-driven rhizosphere microbiome assembly determining the health of medicinal herb(*Angelicasinensis*) against root rot[J]. Microbiome, 2026, 14: 157.
[66] Jiang G F, Zhang Y L, Gan G Y, et al. Exploring rhizo-microbiome transplants as a tool for protective plant-microbiome manipulation[J]. ISME Communications, 2022, 2: 10.
[67] Singh B K, Jiang G F, Wei Z, et al. Plant pathogens, microbiomes, and soil health[J]. Trends in Microbiology, 2025, 33(8): 887-902.
[68] Liu L L, Kong J J, Cui H L, et al. Relationships of decomposability and C/N ratio in different types of organic matter with suppression of *Fusariumoxysporum* and microbial communities during reductive soil disinfestation[J]. Biological Control, 2016, 101: 103-113.
[69] Pieterse C M J, Zamioudis C, Berendsen R L, et al. Induced systemic resistance by beneficial microbes[J]. Annual Review of Phytopathology, 2014, 52: 347-375.
[70] Liao H P, Lu X M, Rensing C, et al. Hyperthermophilic composting accelerates the removal of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements in sewage sludge[J]. Environmental Science & Technology, 2018, 52(1): 266-276.
[71] Zhu N, Long Y J, Kan Z X, et al. Reduction of mobile genetic elements determines the removal of antibiotic resistance genes during pig manure composting after thermal pretreatment[J]. Bioresource Technology, 2023, 387: 129672.
[72] Xie T, Lin D, et al. Nano-biochar regulates phage-host interactions, reducing antibiotic resistance genes in vermicomposting systems[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2025, 122(34): e2511986122.
[73] Li Q, Zhang L Y, et al. Positive contribution of antimicrobial biodegradation in mitigating conjugative transfer of antibiotic resistance genes[J]. Environmental Science & Technology, 2025, 59(40): 21645-21656.
[74] Xu Y, Fu T H, You G X, et al. Niche differentiation shaped the evolution of rhizobacterial antibiotic resistance in paddy fields: evidences from spatial-temporal and chemical-biological scaling[J]. Journal of Hazardous Materials, 2025, 491: 137924.
[75] Citorik R J, Mimee M, Lu T K. Sequence-specific antimicrobials using efficiently delivered RNA-guided nucleases[J]. Nature Biotechnology, 2014, 32(11): 1141-1145.
[76] Zheng F, Bi Q F, Giles M, et al. Fates of antibiotic resistance genes in the gut microbiome from different soil fauna under long-term fertilization [J]. Environmental Science & Technology, 2021, 55(1): 423-432.
[77] Zhu D, Xiang Q, Yang X R, et al. Trophic transfer of antibiotic resistance genes in a soil detritus food chain[J]. Environmental Science & Technology, 2019, 53(13): 7770-7781.

责任编辑: 刘怡辰

韦中, 南京农业大学教授、博导、江苏省特聘教授、现代农业产业技术体系中药材岗位科学家。主要从事土壤生物健康与根际微生态调控、农业有机废弃物生物高值化等研究。主持国家自然科学基金青年项目(A 类)、国家重点研发计划青年科学家项目等。授权国家发明专利 43 件, 在 *Nat Biotechnol*、*Nat Microbiol* 等期刊发表第一作者或通信作者论文 70 余篇, H 指数 64, 入选全球高被引科学家。荣获神农中华农业科技一等奖、第 19 届“江苏青年五四奖章”等。被聘为 *Soil Ecology Letters* 副主编、*Microbiome* 和《土壤学报》等期刊编委。

沈其荣, 中国工程院院士, 现任南京农业大学学术委员会主任和国家有机(类)肥料产业技术创新战略联盟理事长。长期从事有机(类)肥料和土壤微生物研究与推广工作, 技术工艺被全国 666 家企业采用, 为中国有机(类)肥料产业发展作出了突出贡献; 倡导的以施用全元生物有机肥为核心技术的防控土传病害综合技术体系效果显著, 为经济作物产业可持续发展提供了技术支撑。在 *Cell*、*Nat Biotechnol*、*PNAS*、*Sci Adv*、*ISME J*、*Microbiome*、*Soil Biol Biochem* 等国际学术权威刊物上发表论文。先后获得光华工程科技奖、全国创新争先奖、中华农业英才奖、做出突出贡献的中国博士学位获得者等荣誉称号。《南京农业大学学报》主编。