

DOI: 10.11766/trxb202405290213

CSTR: 32215.14.trxb202405290213

于文豪, 杨知逸, 张晶清, 刘亮亮, 黄新琦, 张金波, 蔡祖聪, 赵军. 强还原处理对不同农田土壤生物复合污染的消减效果[J]. 土壤学报, 2025, 62 (5): 1390–1404.

YU Wenhao, YANG Zhiyi, ZHANG Jingqing, LIU Liangliang, HUANG Xinqi, ZHANG Jinbo, CAI Zucong, ZHAO Jun. Reduction Effect of Reductive Soil Disinfestation on Soil Biological Co-contamination in Different Farmland Soils[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025, 62 (5): 1390–1404.

强还原处理对不同农田土壤生物复合污染的消减效果*

于文豪¹, 杨知逸¹, 张晶清¹, 刘亮亮¹, 黄新琦^{1, 2, 3}, 张金波^{1, 2, 3},
蔡祖聪^{1, 2, 3}, 赵 军^{1, 2, 3†}

(1. 南京师范大学地理科学学院, 南京 210023; 2. 江苏省土壤利用与农业可持续发展工程研究中心, 南京 210023; 3. 江苏省地理信息资源开发与利用协同创新中心, 南京 210023)

摘 要: 近年来, 因土传病原菌和抗生素抗性基因 (Antibiotic resistance genes, ARGs) 富集导致的土壤生物复合污染已严重威胁农产品安全和人类健康。为探究强还原处理 (Reductive soil disinfestation, RSD) 对土壤生物复合污染的协同修复效果, 以具有青枯菌 (*Ralstonia solanacearum*)、ARGs 和可移动遗传元件 (Mobile genetic elements, MGEs) 复合污染的集约化农田土壤 (黑土、红壤和潮土) 为研究对象, 分别设置以 1% 的乙醇 (ET)、苜蓿粉 (AL, 碳氮比: 21.2) 和糖蜜 (MO, 碳氮比: 12.6) 为有机物料的 RSD 处理, 同时设置最大持水量 (FCK) 和不处理对照 (CK), 采用荧光定量 PCR 技术分析处理前后土壤青枯菌与主要 ARGs 和 MGEs 的变化, 并通过相对丰度的消减率来衡量 RSD 处理对土壤生物复合污染的消减效果。结果表明, RSD 处理能有效消减多种 ARGs 和 MGEs, 其中 AL 和 MO 处理能显著降低黑土中 *aadA7*、*aadA21*、*tet36*、*sul1*、*IS6100* 基因的相对丰度, 消减率为 28.4%~49.9%; 而 ET 处理后, 潮土中 *aadA7*、*msrE*、*tetG*、*tetM*、*tet36*、*intl1*、*IS6100* 和 *IS26* 基因的相对丰度显著下降, 消减率达到 56.2%~81.6%。同时, RSD 处理能有效降低土壤中青枯菌的相对丰度, 其中红壤和潮土中的下降幅度分别为 88.0%~92.3% 和 76.1%~94.2%。相关性分析显示, 土壤中青枯菌的相对丰度与 ARGs、MGEs 的相对丰度存在一定的偶联关系, 其中潮土中青枯菌的相对丰度与大部分 ARGs (*aadA7*、*msrE*、*tetG*、*tetM* 和 *tet36*) 和 MGEs (*intl1*、*IS6100* 和 *IS26*) 基因的相对丰度呈显著正相关, 表明 RSD 处理对潮土中的生物复合污染具有较好的协同消减作用。此外, 不同土壤类型中青枯菌、ARGs 和 MGEs 的相对丰度与土壤理化性质的相关性存在较大差异, 表明 RSD 处理对土壤生物复合污染的修复效果差异与土壤理化性质高度相关。综上所述, RSD 处理能够协同消减土壤青枯菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的生物复合污染, 但其协同消减作用受土壤类型和有机物料类型所影响。

关键词: 土壤类型; 生物复合污染; 青枯菌; 抗生素抗性基因; 强还原处理; 相对丰度

中图分类号: X53; S472 **文献标志码:** A

* 国家自然科学基金项目 (42090065)、国家重点研发计划项目 (2023YFD1700803, 2023YFD1700804) 和江苏省农业自主创新项目 (CX (23) 1038) 资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 42090065), the National Key Research and Development Program of China (Nos. 2023YFD1700803, 2023YFD1700804), and the Jiangsu Agriculture Science and Technology Innovation Fund (No. CX (23) 1038)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: junzhao37@njnu.edu.cn

作者简介: 于文豪 (1998—), 男, 山东淄博人, 硕士研究生, 主要从事土壤抗生素抗性基因消减相关研究。E-mail: yuwh981120@126.com

收稿日期: 2024-05-29; 收到修改稿日期: 2024-10-16; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2025-01-10

Reduction Effect of Reductive Soil Disinfestation on Soil Biological Co-contamination in Different Farmland Soils

YU Wenhao¹, YANG Zhiyi¹, ZHANG Jingqing¹, LIU Liangliang¹, HUANG Xinqi^{1,2,3}, ZHANG Jinbo^{1,2,3}, CAI Zucong^{1,2,3}, ZHAO Jun^{1,2,3}

(1. School of Geography, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China; 2. Jiangsu Engineering Research Center for Soil Utilization & Sustainable Agriculture, Nanjing 210023, China; 3. Jiangsu Center for Collaborative Innovation in Geographical Information Resource Development and Application, Nanjing 210023, China)

Abstract: 【Objective】In recent years, the enrichment of soil-borne pathogens and antibiotic resistance genes (ARGs) has led to biological co-contamination of soil, posing a serious threat to agricultural product safety and human health. 【Method】To investigate the synergistic remediation effect of reductive soil disinfestations (RSD) on soil biological co-contamination, intensive farmland soils (black soil, red soil and fluvo-aquic soil) with co-contamination of *Ralstonia solanacearum*, ARGs, and mobile genetic elements (MGEs) were selected. RSD was applied with 1% ethanol (ET), alfalfa meal (AL, C/N: 21.2), and molasses (MO, C/N: 12.6), alongside controls of maximum water holding treatment (FCK) and untreated soil (CK). Real-time PCR was used to analyze the changes of *R. solanacearum*, major ARGs and MGEs before and after treatment, and the reduction rate of relative abundance was used to measure the mitigation effect of RSD treatment on soil biological co-contamination. 【Result】The results showed that RSD could effectively reduce a variety of ARGs and MGEs, among which AL and MO treatment could decrease the relative abundance of *aadA7*, *aadA21*, *tet36*, *sul1*, and *IS6100* genes in black soil, with a reduction rate of 28.4%-49.9%. After ET treatment, the relative abundance of *aadA7*, *msrE*, *tetG*, *tetM*, *tet36*, *int11*, *IS6100*, and *IS26* genes in fluvo-aquic soil decreased significantly, and the reduction rate reached 56.2%–81.6%. Additionally, RSD efficiently reduced the relative abundance of *R. solanacearum* in soil, and the decrease in red soil and fluvo-aquic soil was 88.0%–92.3% and 76.1%–94.2%, respectively. Correlation analysis showed that there was a certain coupling relationship between the relative abundance of *R. solanacearum* and ARGs and MGEs. In fluvo-aquic soil, the relative abundance of *R. solanacearum* was significantly and positively correlated with the relative abundances of most ARGs (*aadA7*, *msrE*, *tetG*, *tetM*, and *tet36*) and MGEs (*int11*, *IS6100*, and *IS26*) genes, indicating that RSD treatment had a good synergistic reduction effect on the biological co-contamination in fluvo-aquic soil. Furthermore, there were considerable differences in the correlation results between the relative abundance of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs and soil physicochemical properties in different soil types. This indicates that the effectiveness of RSD treatment in remedying soil biological co-contamination varies depending on soil physicochemical properties. 【Conclusion】RSD can synergistically reduce soil biological co-contamination caused by the superposition of soil *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs, but its reduction effect is affected by soil and organic material types.

Key words: Soil type; Biological co-contamination; *Ralstonia solanacearum*; Antibiotic resistance genes; Reductive soil disinfestation; Relative abundance

抗生素主要是由细菌、霉菌或其他微生物产生的一类次级代谢产物或人工合成的类似物，在致病微生物感染类疾病治疗方面发挥着重要的作用。据估计，2030 年全球用于畜禽疾病防治的抗生素使用量将达到 20.0 万吨，这些抗生素大多不能被完全吸收，而是以原型或代谢物的形式排放至土壤、水体等环境中^[1]。研究表明，长期施用富含抗生素或抗性细菌的畜禽粪便能够大幅提高农田土壤中抗生素抗性基因（Antibiotic resistance genes, ARGs）的丰

度和多样性，增加 ARGs 通过食物链向人类传播扩散的风险，并进而对人类健康构成威胁^[2]。目前，土壤中的 ARGs 已成为备受关注的新型生物污染物之一。另一方面，高投入高产出的集约化种植模式在激发土传病原微生物生长和繁殖的同时，降低了土壤微生物多样性和抑病功能，导致作物土传病害频发^[3]。Li 等^[4]研究发现，番茄致病菌青枯菌（*Ralstonia solanacearum*）入侵能够显著增加根际土壤中 ARGs 及其转移扩散载体可移动遗传元件

(Mobile genetic elements, MGEs) 的丰度, 表明土传病原菌增殖能够促进土壤 ARGs 的富集和水平转移, 加剧 ARGs 传播扩散的风险^[5]。因此, 在集约化种植模式不断推广和发展的背景下, 以土传病原菌与 ARGs 和 MGEs 叠加互作所形成的土壤生物复合污染已成为制约其绿色可持续发展和阻碍“一体化健康”目标实现的关键。

同步降低土传病原菌和携带 ARGs 的抗性菌种群数量或相对丰度是实现土壤病原菌和 ARGs 复合污染有效修复的关键。强还原土壤处理 (Reductive soil disinfestation, RSD) 是一种依赖大量易分解有机碳输入的土壤处理方法, 其具有改善土壤理化性质、杀灭土传病原菌、优化土壤微生物群落结构和协调土壤微生物互作关系等多重作用^[6-7]。大量研究表明, RSD 处理能够广谱性地杀灭镰刀菌 (*Fusarium* spp.)、丝核菌 (*Rhizoctonia* spp.)、交链孢霉 (*Alternaria* spp.)、青枯菌 (*R. solanacearum*) 等土传病原真菌和细菌, 大幅降低病原菌在微生物群落中的占比^[6, 8]。同时, 还有一些研究发现, RSD 处理能够通过抑制主要 ARGs 的潜在宿主, 从而实现土壤中 ARGs 的消减^[9-10]。但是, RSD 处理并不能抑制土壤中所有携带 ARGs 的抗性菌, 因此 RSD 处理对土壤 ARGs 的消减作用在很大程度上取决于其宿主类型。此外, 采用不同有机物料进行的 RSD 处理能够驱动形成差异化的土壤微生物群落^[11], 这表明 RSD 处理对 ARGs 宿主的抑制作用还可能与所用有机物料类型有关。所以, RSD 处理能否协同消减土壤病原菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的生物复合污染, 以及 RSD 处理对土壤生物复合污染的修复效果是否与所用有机物料类型有关, 目前还不得而知。

研究表明, 通过畜禽粪便直接输入的抗性细菌所携带的 ARGs 和通过畜禽粪便中所含抗生素诱导土著微生物产生的 ARGs 是土壤 ARGs 的主要来源, 但畜禽粪便或其制备的有机肥对土壤 ARGs 储库和传播扩散的影响与土壤类型密切相关^[12-13]。Song 等^[14]研究发现, 有机肥或混有金霉素的有机肥施用对红壤中多药类 ARGs 相对丰度的增加作用较黑土和潮土显著, 且能加剧红壤中病原微生物的传播风险。此外, 由于不同土壤类型中初始微生物群落组成和结构存在差异, 因此粪肥施用后同一 ARGs 在不同土壤类型中的宿主也可能存在差异^[14-15]。综上, 土壤生物复合污染的特征与所用粪肥和土壤类

型密切相关, 所以 RSD 处理对土壤生物复合污染的修复效果可能也与土壤类型有关。鉴于此, 本研究选取 3 种典型土壤类型 (黑土、红壤和潮土) 展开, 以具有长期粪肥施用历史且青枯菌与 ARGs 和 MGEs 复合污染严重的集约化农田土壤为研究对象, 通过设置不同有机物料的 RSD 处理, 探究其对不同土壤类型中生物复合污染的修复效果, 旨在寻求一种能够协同消减土壤生物复合污染的方法, 为保障土壤生物健康和实现集约化农业的良性可持续发展提供一定的技术支撑。

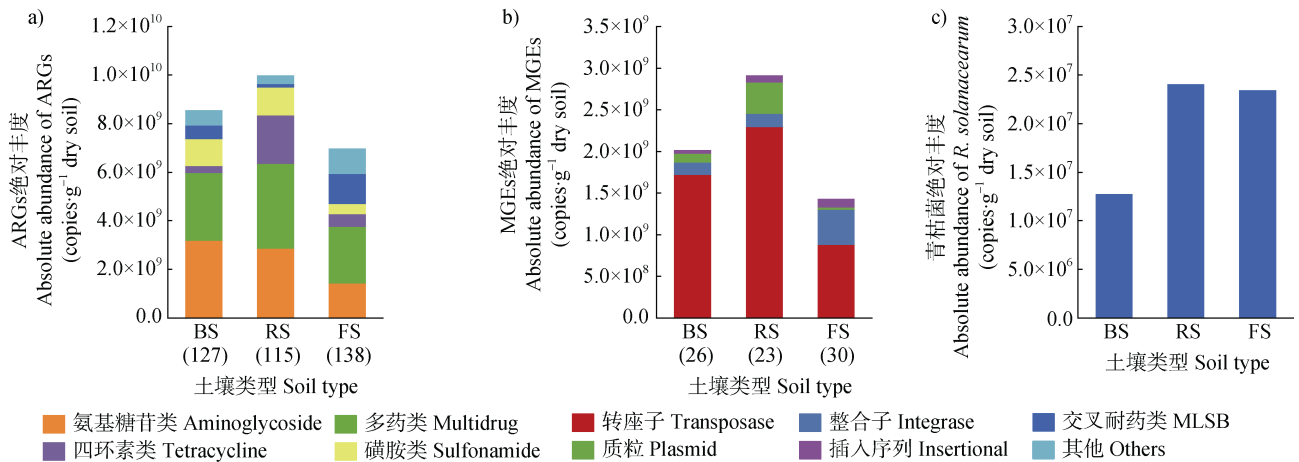
1 材料与方法

1.1 供试土壤及其复合污染特征

供试土壤包括黑土 (BS)、红壤 (RS) 和潮土 (FS), 分别采集自吉林省长春市 (44°25'N, 125°9'E)、江西省吉安市 (26°57'N, 114°14'E) 和江苏省海安市 (32°66'N, 120°70'E) 具有多年粪肥施用历史的农田, 其中 BS 和 RS 所用粪肥为猪粪, FS 所用粪肥为鸡粪。供试土壤均具有严重的青枯菌与 ARGs 和 MGEs 复合污染的特征, 其中 BS 中 ARGs、MGEs 和青枯菌的绝对丰度分别为 8.53×10^9 、 2.01×10^9 和 1.39×10^7 copies·g⁻¹ 干土; RS 中 ARGs、MGEs 和青枯菌的绝对丰度分别为 9.96×10^9 、 2.91×10^9 和 2.40×10^7 copies·g⁻¹ 干土; FS 中 ARGs、MGEs 和青枯菌的绝对丰度分别为 6.96×10^9 、 1.42×10^9 和 2.34×10^7 copies·g⁻¹ 干土 (图 1)。此外, 供试土壤的基本理化性质存在一定差异, BS: pH 7.55, 电导率 $1\,992\ \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$, 有机质 $63.1\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 全氮 $7.65\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$; RS: pH 7.00, 电导率 $447.0\ \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$, 有机质 $15.4\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 全氮 $1.73\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$; FS: pH 7.65, 电导率 $335.0\ \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$, 有机质 $11.2\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 全氮 $1.41\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ ^[16]。将采集的土壤过 2 mm 筛后混匀, 4 °C 储存备用。

1.2 试验设计及土壤样品采集

3 种土壤类型各设置 5 个培养处理: 1) 土壤不做处理的对照 (CK); 2) 最大持水量处理 (FCK); 3) 添加 1% 的乙醇 RSD 处理 (ET); 4) 添加 1% 的苜蓿粉 (C/N: 21.2) RSD 处理 (AL); 5) 添加 1% 的糖蜜 (C/N: 12.6) RSD 处理 (MO), 每个处理包含 3 个生物学重复。具体操作如下: 称取 100 g



注: BS、RS 和 FS 分别表示黑土、红壤和潮土。括号中数字表示 ARGs 或 MGEs 基因的数量。下同。Note: BS, RS, and FS represent black soil, red soil, and fluvo-aquic soil, respectively. The numbers in brackets indicate the number of ARGs or MGEs genes. The same below.

图 1 供试土壤中主要 ARGs (a)、MGEs (b) 和青枯菌 (c) 的分布特征

Fig. 1 Distribution characteristics of major ARGs (a), MGEs (b), and *R. solanacearum* (c) in the tested soils

土壤及对应有机物料置于 20 丝的自封袋中,充分混匀后加水至最大持水量 (CK 除外),排尽袋内空气后封口密闭,置于恒温培养箱 35 °C 培养 30 d。处理结束后,采集各处理的土壤样品,部分保存于 4 °C 用于土壤基本理化性质的测定,部分保存于 -80 °C 用于土壤 DNA 提取及定量 PCR 分析。

1.3 土壤 DNA 提取

称取 0.5 g 保存于 -80 °C 的土壤样品,使用 FastDNA[®]SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, USA) 提取土壤 DNA,所有 DNA 样品经 DS-11 超微量分光光度计 (DeNovix, USA) 质控后保存于 -20 °C 待用。

1.4 荧光定量 PCR 分析

采用荧光定量 PCR 技术对土壤中细菌、青枯菌、主要 ARGs 和 MGEs 的绝对丰度进行分析,扩增反应在 QuanStudio 3 Real-Time PCR system (Applied Biosystems, USA) 上进行,反应体系 (20 μL) 包括 2× SYBR[®]Green Pro Taq HS Premix (艾瑞科生物, 中国湖南) 10 μL, 正、反引物 (10 μmol·L⁻¹) 各 1 μL, DNA 模板 1 μL 和 dd H₂O 7 μL。用于定量细菌 16S rRNA (Eub338F/518R)、青枯菌 *fliC* (*fliC*-f/*fliC*-r)、氨基糖苷类抗性基因 *aadA7* (*aadA7*-f/*aadA7*-r) 和 *aadA21* (*aadA21*-f/*aadA21*-r)、多药类抗性基因 *qacH* (*qacH*-f/*qacH*-r) 和 *msrE* (*msrE*-f/*msrE*-r)、四环素类抗性基因 *tetG* (*tetG*-f/*tetG*-r)、*tetM* (*tetM*-f/*tetM*-r)

和 *tet36* (*tet36*-f/*tet36*-r)、磺胺类抗性基因 *sul1* (*sul1*-f/*sul1*-r)、MGEs 基因 *int11* (*int11*-f/*int11*-r)、*IS6100* (*IS6100*-f/*IS6100*-r) 和 *IS26* (*IS26*-f/*IS26*-r) 的引物及扩增条件见表 1。各基因标准曲线的扩增效率为 97.26%~102.61%, 均符合测定要求。

1.5 数据分析

采用相对丰度和消减率评估 RSD 处理对青枯菌、ARGs 和 MGEs 的影响^[15]。其中相对丰度是指某个特定基因的拷贝数与 16S rRNA 基因拷贝数的比值,用于表示该基因占总细菌基因的比例;消减率是指处理前后某一特定基因相对丰度的变化,若值为正数,则表明处理具有消减作用,若值为负数,则表明处理后该特定基因相对丰度增加。具体计算方法如下:

$$\text{相对丰度 } R = \frac{C_i}{C_b} \quad (1)$$

$$\text{相对丰度消减率} = \frac{R_0 - R_t}{R_0} \times 100\% \quad (2)$$

式中, C_i 为某一特定 ARGs 或 MGEs 基因的拷贝数, C_b 为 16S rRNA 基因的拷贝数; R_0 为对照组某一特定基因的相对丰度, R_t 则为处理后该基因的相对丰度。

单因素方差分析 (One-way ANOVA) 配合 Duncan 新复极差法 (Duncan's multiple range test)

表 1 荧光定量 PCR 所用引物及扩增条件
Table 1 Primers and PCR conditions used in real-time PCR

基因类型或目标微生物 Type of gene or target microorganism	目的基因 Target gene	引物 Primer set	引物序列 Sequence (5'-3')	扩增反应条件 Thermal profile	参考文献 Reference
细菌 Bacteria	Bacterial 16S rRNA	Eub338F Eub518R	ACTCCTACGGGAGGCAGCAG ATTACCGCGGCTGCTGG	95 ℃预变性 1 min, 95 ℃解链 5 s, 60 ℃低温退火延伸 30 s,	[17]
青枯菌 <i>R. solanacearum</i>	<i>fliC</i>	fliC-f fliC-r	GAACGCCAACGGTGCGAACCT GGCGGCCTTCAGGGAGGTC	39 个循环	[18]
磺胺类 sulfonamide	<i>sulI</i>	sulI-f sulI-r	CACCGGAAACATCGCTGCA AAGTTCCGCCGCAAGGCT		[19]
氨基糖苷类 Aminoglycoside	<i>aadA7</i>	aadA7-f aadA7-r	CACTCCGCGCCTTGGA TGTGGCGGGCTCGAAG	95 ℃预变性 1 min, 95 ℃解链 10 s, 58 ℃低温退火延伸 20 s,	[20]
	<i>aadA21</i>	aadA21-f aadA21-r	ACGGCTCCGCAGTGGAT GGCCACAGTAACCAACAAATCA	35 个循环	
多药类 Multidrug	<i>qacH</i>	qacH-f qacH-r	GTCGGTGTGCTTATGCAGTCT CAACCAGGCAATGGCTGTAA		
	<i>msrE</i>	msrE-f msrE-r	CGGCAGATGGTCTGAGCTTAAA CGCACTCTTCTGCATAAAGGA		
四环素类 Tetracycline	<i>tetG</i>	tetG-f tetG-r	GCTCGGTGGTATCTCTGCTC AGCAACAGAATCGGGAACAC		
	<i>tetM</i>	tetM-f tetM-r	GGAGCGATTACAGAATTAGGAAGC TCCATATGTCCTGGCGTGTC		
	<i>tet36</i>	tet36-f tet36-r	AGAATACTCAGCAGAGGTCAGTTCC TGGTAGGTCGATAACCCGAAAAT		
可移动遗传元件 MGEs	<i>intl1</i>	intl1-f intl1-r	GCCTTGATGTTACCCGAGAG GATCGGTCGAATGCGTGT		
	<i>IS6100</i>	IS6100-f IS6100-r	CGCACC GGCTTGATCAGTA CTGCCACGCTCAATACCGA		
	<i>IS26</i>	IS26-f IS26-r	ATGGATGAAACCTACGTGAAGGTC CGGTACTTAATCTGTCGGTGTTC		

检验同一土壤不同处理间均值差异的显著性 ($P<0.05$)。采用双因素方差分析检验土壤类型、处理方式及其交互作用对青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度影响差异的显著性。主坐标分析 (Principal coordinate analysis, PCoA) 用于比较不同处理中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度上的差异 (Bray-Curtis 距离), 并采用置换多元方差分析检验不同处

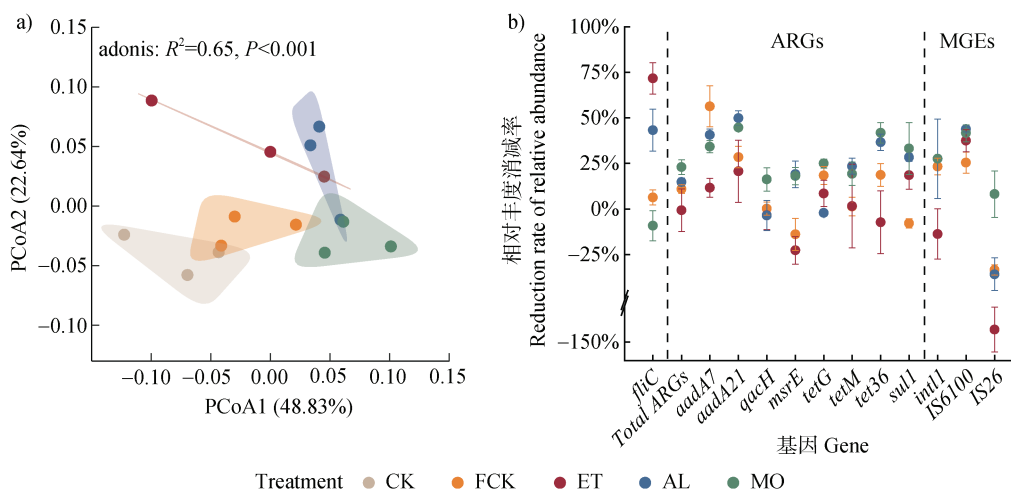
理方式之间所有基因相对丰度差异的显著性。采用 Pearson 相关性分析法对各土壤类型中青枯菌的相对丰度与 ARGs 和 MGEs 的相对丰度、ARGs 相对丰度与 MGEs 相对丰度、以及青枯菌、ARGs、MGEs 的相对丰度与土壤理化性质之间的相关性进行检验。所有统计分析均由 R 软件(v4.3.2)和 IBM SPSS Statistics 26 统计软件完成。

2 结 果

2.1 RSD 处理对黑土中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

PCoA 分析结果 (图 2a) 表明, 不同处理对 BS 中青枯菌、ARGs 和 MGEs 的污染特征具有显著 ($P<0.001$) 影响, 其中 RSD 处理 (ET、AL 和 MO) 的作用较 FCK 处理显著, 且 ET、AL 和 MO 处理之间存在一定的差异。与 CK 相比, ET 和 AL 处理均能显著 ($P<0.05$) 降低 BS 中青枯菌的相对丰度, 其中 ET 处理的消减率达到 71.7%, 显著 ($P<0.05$) 高于 AL 处理的 43.3%, 而 FCK 和 MO 处理对其无显著影响 (表 2 和图 2b)。由表 2 可知, AL 和 MO 处理均能在一定程度上降低 BS 中总 ARGs 的相对丰度, 但较 CK 处理的差异并不显著, 其消减率分别为 14.8% 和 22.9% (图 2b)。与 CK 相比, FCK、AL 和 MO 处理均能显著 ($P<0.05$) 降低 BS 中氨基糖苷类 ARGs (*aadA7* 和 *aadA21*) 的相对丰度, 其消减率分别为 34.2%~56.4% 和 28.5%~49.9% (表 2 和图 2b)。类似地, AL 和 MO 处理均能降低 BS 中多药类 ARGs *msrE* 的相对丰度, 其消减率分别为 19.1% 和 18.1%, 但不同土壤处理对多药类

ARGs *qacH* 的相对丰度均无显著影响 (表 2 和图 2b)。由表 2 可知, 不同土壤处理对 BS 中四环素类 ARGs (*tetG*、*tetM* 和 *tet36*) 相对丰度的影响存在差异, 其中 FCK 和 MO 处理能够显著 ($P<0.05$) 降低 *tetG* 基因的相对丰度, AL 和 MO 处理对 *tet36* 基因相对丰度的消减效果显著 ($P<0.05$), 而所有处理对 *tetM* 基因的相对丰度均无显著影响。与 CK 相比, AL 和 MO 处理均能显著 ($P<0.05$) 降低 BS 中磺胺类 ARGs *sul1* 的相对丰度, 其消减率分别为 28.4% 和 33.2%, 而 FCK 和 ET 处理对其无显著影响。此外, 不同土壤处理对 BS 中 MGEs 基因相对丰度的影响各异, RSD 和 FCK 处理均能显著 ($P<0.05$) 降低土壤中转座子 *IS6100* 基因的相对丰度, 其中 RSD 处理的消减率为 37.6%~43.9%, 优于 FCK 处理的 25.4%; 与 CK 相比, ET 处理能够显著 ($P<0.05$) 增加土壤中转座子 *IS26* 基因的相对丰度, 而所有处理对整合子 *int11* 基因的相对丰度均无显著影响 (表 2 和图 2b)。总体而言, RSD 处理对 BS 中青枯菌、ARGs 和 MGEs 复合污染具有一定的修复效果, 且这种修复效果与 ARGs、MGEs 的基因类型以及 RSD 处理所用有机物料类型密切相关。



注: CK, 对照; FCK, 最大持水量处理; ET, 添加 1% 酒精的 RSD 处理; AL, 添加 1% 苜蓿粉的 RSD 处理; MO, 添加 1% 糖蜜的 RSD 处理。误差线表示标准误 ($n=3$)。下同。Note: CK, control; FCK, maximum water holding capacity treatment; ET, RSD incorporated with 1% ethanol; AL: RSD incorporated with 1% alfalfa; MO, RSD incorporated with 1% molasses. Error bars indicate the standard error of the means of three replicates. The same below.

图 2 不同土壤处理对黑土中青枯菌、ARGs 和 MGEs 污染特征 (a) 及消减率 (b) 的影响

Fig. 2 Effects of different soil treatments on the contamination characteristics (a) and reduction rates (b) of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs in black soil

表 2 不同土壤处理对黑土中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

Table 2 Effects of different soil treatments on the relative abundance of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs in black soil

处理 Treatment	青枯菌 <i>R. solanacearum</i>		抗生素抗性基因 ARGs		
	<i>fliC</i>	Total ARGs	<i>aadA7</i>	<i>aadA21</i>	<i>qacH</i>
CK	$3.3 \times 10^{-4} \pm 4.5 \times 10^{-5} \text{a}$	$7.8 \times 10^{-2} \pm 2.7 \times 10^{-3}$	$1.2 \times 10^{-2} \pm 2.0 \times 10^{-3} \text{a}$	$4.9 \times 10^{-3} \pm 1.4 \times 10^{-4} \text{a}$	$3.3 \times 10^{-2} \pm 1.6 \times 10^{-3}$
FCK	$3.1 \times 10^{-4} \pm 1.4 \times 10^{-5} \text{a}$	$7.0 \times 10^{-2} \pm 1.9 \times 10^{-3}$	$5.3 \times 10^{-3} \pm 1.4 \times 10^{-3} \text{c}$	$3.5 \times 10^{-3} \pm 2.9 \times 10^{-4} \text{bc}$	$3.3 \times 10^{-2} \pm 1.2 \times 10^{-3}$
ET	$9.2 \times 10^{-5} \pm 2.8 \times 10^{-5} \text{c}$	$7.9 \times 10^{-2} \pm 9.1 \times 10^{-3}$	$1.1 \times 10^{-2} \pm 6.2 \times 10^{-4} \text{ab}$	$3.9 \times 10^{-3} \pm 8.3 \times 10^{-4} \text{ab}$	$3.4 \times 10^{-2} \pm 2.6 \times 10^{-3}$
AL	$1.9 \times 10^{-4} \pm 3.8 \times 10^{-5} \text{b}$	$6.7 \times 10^{-2} \pm 1.7 \times 10^{-3}$	$7.2 \times 10^{-3} \pm 3.8 \times 10^{-4} \text{c}$	$2.4 \times 10^{-3} \pm 1.9 \times 10^{-4} \text{c}$	$3.4 \times 10^{-2} \pm 2.7 \times 10^{-3}$
MO	$3.6 \times 10^{-4} \pm 2.7 \times 10^{-5} \text{a}$	$6.0 \times 10^{-2} \pm 3.1 \times 10^{-3}$	$8.0 \times 10^{-3} \pm 4.0 \times 10^{-4} \text{bc}$	$2.7 \times 10^{-3} \pm 7.2 \times 10^{-5} \text{c}$	$2.7 \times 10^{-2} \pm 2.1 \times 10^{-3}$
处理 Treatment	抗生素抗性基因 ARGs				
	<i>msrE</i>	<i>tetG</i>	<i>tetM</i>	<i>tet36</i>	<i>sulI</i>
CK	$3.6 \times 10^{-3} \pm 3.7 \times 10^{-4} \text{ab}$	$5.0 \times 10^{-3} \pm 5.6 \times 10^{-5} \text{a}$	$1.6 \times 10^{-2} \pm 2.0 \times 10^{-3}$	$1.9 \times 10^{-5} \pm 2.1 \times 10^{-6} \text{a}$	$4.0 \times 10^{-3} \pm 8.9 \times 10^{-5} \text{ab}$
FCK	$4.1 \times 10^{-3} \pm 3.1 \times 10^{-4} \text{a}$	$4.1 \times 10^{-3} \pm 2.4 \times 10^{-4} \text{bc}$	$1.6 \times 10^{-2} \pm 8.2 \times 10^{-4}$	$1.6 \times 10^{-5} \pm 1.2 \times 10^{-6} \text{ab}$	$4.3 \times 10^{-3} \pm 1.0 \times 10^{-4} \text{a}$
ET	$4.4 \times 10^{-3} \pm 2.7 \times 10^{-4} \text{a}$	$4.6 \times 10^{-3} \pm 3.6 \times 10^{-4} \text{ab}$	$1.6 \times 10^{-2} \pm 3.6 \times 10^{-3}$	$2.1 \times 10^{-5} \pm 3.3 \times 10^{-6} \text{a}$	$3.2 \times 10^{-3} \pm 3.0 \times 10^{-4} \text{bc}$
AL	$2.9 \times 10^{-3} \pm 2.6 \times 10^{-4} \text{b}$	$5.1 \times 10^{-3} \pm 9.1 \times 10^{-5} \text{a}$	$1.2 \times 10^{-2} \pm 6.9 \times 10^{-4}$	$1.2 \times 10^{-5} \pm 8.6 \times 10^{-7} \text{b}$	$2.9 \times 10^{-3} \pm 9.1 \times 10^{-5} \text{c}$
MO	$2.9 \times 10^{-3} \pm 1.7 \times 10^{-4} \text{b}$	$3.8 \times 10^{-3} \pm 1.3 \times 10^{-4} \text{c}$	$1.3 \times 10^{-2} \pm 1.0 \times 10^{-3}$	$1.1 \times 10^{-5} \pm 1.1 \times 10^{-6} \text{b}$	$2.7 \times 10^{-3} \pm 5.7 \times 10^{-4} \text{c}$
处理 Treatment	可移动遗传元件 MGEs				
	<i>intI1</i>	<i>IS6100</i>	<i>IS26</i>		
CK	$1.9 \times 10^{-3} \pm 1.6 \times 10^{-4}$	$2.8 \times 10^{-2} \pm 2.3 \times 10^{-3} \text{a}$	$3.3 \times 10^{-3} \pm 5.0 \times 10^{-4} \text{bc}$		
FCK	$1.5 \times 10^{-3} \pm 8.8 \times 10^{-5}$	$2.1 \times 10^{-2} \pm 1.7 \times 10^{-3} \text{b}$	$4.4 \times 10^{-3} \pm 9.3 \times 10^{-5} \text{bc}$		
ET	$2.2 \times 10^{-3} \pm 2.7 \times 10^{-4}$	$1.8 \times 10^{-2} \pm 1.7 \times 10^{-3} \text{bc}$	$9.0 \times 10^{-3} \pm 1.2 \times 10^{-3} \text{a}$		
AL	$1.4 \times 10^{-3} \pm 4.2 \times 10^{-4}$	$1.6 \times 10^{-2} \pm 4.1 \times 10^{-4} \text{c}$	$5.4 \times 10^{-3} \pm 1.0 \times 10^{-3} \text{b}$		
MO	$1.4 \times 10^{-3} \pm 3.0 \times 10^{-5}$	$1.7 \times 10^{-2} \pm 1.3 \times 10^{-3} \text{bc}$	$3.0 \times 10^{-3} \pm 4.1 \times 10^{-4} \text{c}$		

注：表中数据为平均值 ± 标准误 (n = 3)，同一列中不同字母表示处理间差异显著 (P < 0.05)，下同。Note: Values are mean ± SE (n = 3). Different letters within the same column mean significant difference between treatments at 0.05 level. The same below.

2.2 RSD 处理对红壤中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

不同土壤处理对 RS 中青枯菌、ARGs 和 MGEs 污染特征的影响显著 (P < 0.001)，且不同处理的作用效果存在一定的差异 (图 3a)。与 CK 相比，RSD 和 FCK 处理均能显著 (P < 0.05) 降低 RS 中青枯菌的相对丰度，其中 RSD 处理的消减率可达 88.0%~92.3%，显著 (P < 0.05) 高于 FCK 处理 (59.5%)，且 ET、AL 和 MO 处理间无显著差异 (表 3 和图 3b)。由表 3 可知，相较于 CK 处理，AL 处理能够显著 (P < 0.05) 提高 RS 中总 ARGs 的相对丰度 (1.1 × 10⁻¹)，而其他处理对其无显著影响。RSD 和 FCK 处理均能显著 (P < 0.05) 降低 RS 中 *aadA7* 基因的相对丰度，其中 ET 处理的消减作用最强，其消减率达到

90.2%，AL、MO 和 FCK 的消减率分别为 76.3%、51.3%和 34.5% (表 3 和图 3b)。与 CK 相比，不同处理对 RS 中 *aadA21* 基因的相对丰度均无显著影响，但 ET 和 AL 处理后 *aadA21* 基因的相对丰度显著 (P < 0.05) 高于 FCK 和 MO 处理 (表 3)。由表 3 可知，不同处理对 RS 中多药类 ARGs (*qacH* 和 *msrE*) 相对丰度的影响不同，其中 AL 处理能够显著 (P < 0.05) 增加 *qacH* 基因的相对丰度，而 ET 和 MO 处理能够显著 (P < 0.05) 增加 *msrE* 基因的相对丰度。与 CK 相比，RSD 处理均能显著 (P < 0.05) 增加 RS 中 *tetM* 基因的相对丰度，而 ET 处理能够降低 *tetG* 和 *tet36* 基因的相对丰度，且对 *tet36* 基因相对丰度的消减作用达到显著 (P < 0.05)，其消减率为 80.8% (表 3 和图 3b)。此外，AL 处理能显著 (P < 0.05)

增加 RS 中 *sul1*、*int11* 和 *IS26* 基因的相对丰度，而其他处理对三者的相对丰度较 CK 均无显著影响（表 3）。总之，RSD 处理能够有效抑制 RS 中青枯菌

的相对丰度，但对 ARGs 和 MGEs 相对丰度的消减作用微弱，其中 AL 处理对多种 ARGs 的相对丰度还具有增加作用。

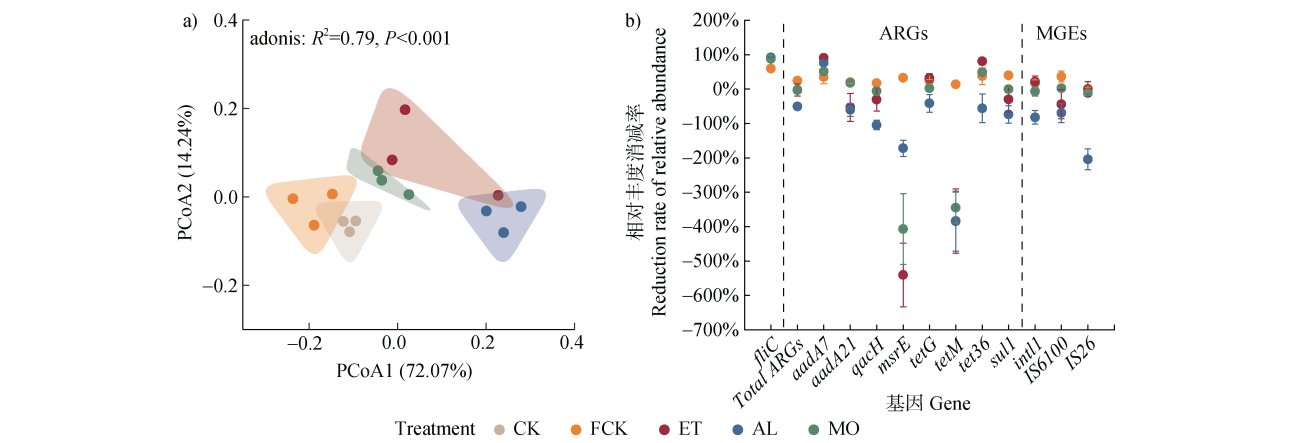


图 3 不同土壤处理对红壤中青枯菌、ARGs 和 MGEs 污染特征 (a) 及消减率 (b) 的影响
Fig. 3 Effects of different soil treatments on the contamination characteristics (a) and reduction rates (b) of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs in red soil

表 3 不同土壤处理对红壤中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

Table 3 Effects of different soil treatments on the relative abundance of <i>R. solanacearum</i> , ARGs, and MGEs in red soil					
处理 Treatment	青枯菌 <i>R. solanacearum</i>		抗生素抗性基因 ARGs		
	<i>fliC</i>	Total ARGs	<i>aadA7</i>	<i>aadA21</i>	<i>qacH</i>
CK	1.0×10 ⁻³ ± 5.8×10 ⁻⁵ a	7.2×10 ⁻² ± 1.4×10 ⁻³ b	2.0×10 ⁻² ± 1.0×10 ⁻³ a	4.2×10 ⁻³ ± 5.3×10 ⁻⁵ ab	2.7×10 ⁻² ± 4.9×10 ⁻⁴ b
FCK	4.2×10 ⁻⁴ ± 3.3×10 ⁻⁵ b	5.5×10 ⁻² ± 4.2×10 ⁻³ b	1.3×10 ⁻² ± 3.9×10 ⁻³ b	3.3×10 ⁻³ ± 1.3×10 ⁻⁴ b	2.2×10 ⁻² ± 7.8×10 ⁻⁴ b
ET	8.4×10 ⁻⁵ ± 6.5×10 ⁻⁶ c	7.4×10 ⁻² ± 1.3×10 ⁻² b	2.0×10 ⁻³ ± 5.8×10 ⁻⁴ d	6.4×10 ⁻³ ± 1.7×10 ⁻³ a	3.5×10 ⁻² ± 8.9×10 ⁻³ b
AL	8.0×10 ⁻⁵ ± 9.6×10 ⁻⁶ c	1.1×10 ⁻¹ ± 3.8×10 ⁻³ a	4.8×10 ⁻³ ± 5.0×10 ⁻⁴ cd	6.7×10 ⁻³ ± 8.0×10 ⁻⁴ a	5.4×10 ⁻² ± 3.6×10 ⁻³ a
MO	1.3×10 ⁻⁴ ± 8.5×10 ⁻⁶ c	7.5×10 ⁻² ± 3.2×10 ⁻³ b	9.9×10 ⁻³ ± 5.3×10 ⁻⁴ bc	3.4×10 ⁻³ ± 1.9×10 ⁻⁴ b	2.8×10 ⁻² ± 2.7×10 ⁻³ b
处理 Treatment	抗生素抗性基因 ARGs				
	<i>msrE</i>	<i>tetG</i>	<i>tetM</i>	<i>tet36</i>	<i>sul1</i>
CK	3.1×10 ⁻⁵ ± 4.2×10 ⁻⁶ b	1.5×10 ⁻² ± 7.3×10 ⁻⁴ ab	3.5×10 ⁻³ ± 3.2×10 ⁻⁴ b	1.9×10 ⁻⁵ ± 1.4×10 ⁻⁶ ab	3.0×10 ⁻³ ± 9.7×10 ⁻⁵ bc
FCK	2.1×10 ⁻⁵ ± 2.1×10 ⁻⁶ b	1.1×10 ⁻² ± 5.5×10 ⁻⁴ b	3.0×10 ⁻³ ± 1.3×10 ⁻⁴ b	1.2×10 ⁻⁵ ± 4.6×10 ⁻⁶ bc	1.8×10 ⁻³ ± 1.1×10 ⁻⁴ c
ET	2.0×10 ⁻⁴ ± 2.9×10 ⁻⁵ a	9.9×10 ⁻³ ± 1.8×10 ⁻³ b	1.7×10 ⁻² ± 3.3×10 ⁻³ a	3.7×10 ⁻⁶ ± 1.9×10 ⁻⁶ c	3.9×10 ⁻³ ± 1.1×10 ⁻³ ab
AL	8.4×10 ⁻⁵ ± 7.3×10 ⁻⁶ b	2.1×10 ⁻² ± 3.8×10 ⁻³ a	1.7×10 ⁻² ± 3.0×10 ⁻³ a	3.0×10 ⁻⁵ ± 7.9×10 ⁻⁶ a	5.2×10 ⁻³ ± 7.6×10 ⁻⁴ a
MO	1.6×10 ⁻⁴ ± 3.2×10 ⁻⁵ a	1.4×10 ⁻² ± 7.1×10 ⁻⁴ ab	1.5×10 ⁻² ± 1.6×10 ⁻³ a	9.8×10 ⁻⁶ ± 1.1×10 ⁻⁶ bc	3.0×10 ⁻³ ± 2.3×10 ⁻⁴ bc
处理 Treatment	可移动遗传元件 MGEs				
	<i>int11</i>	<i>IS6100</i>	<i>IS26</i>		
CK	2.0×10 ⁻³ ± 5.9×10 ⁻⁵ b	1.7×10 ⁻² ± 1.1×10 ⁻³	7.2×10 ⁻³ ± 5.9×10 ⁻⁴ b		
FCK	1.7×10 ⁻³ ± 1.9×10 ⁻⁴ b	1.1×10 ⁻² ± 2.8×10 ⁻³	7.2×10 ⁻³ ± 3.5×10 ⁻⁴ b		
ET	1.6×10 ⁻³ ± 3.2×10 ⁻⁴ b	2.5×10 ⁻² ± 7.4×10 ⁻³	7.2×10 ⁻³ ± 1.5×10 ⁻³ b		
AL	3.7×10 ⁻³ ± 4.0×10 ⁻⁴ a	3.0×10 ⁻² ± 4.8×10 ⁻³	2.2×10 ⁻² ± 2.2×10 ⁻³ a		
MO	2.2×10 ⁻³ ± 2.6×10 ⁻⁴ b	1.7×10 ⁻² ± 1.3×10 ⁻³	8.0×10 ⁻³ ± 4.9×10 ⁻⁴ b		

2.3 RSD 处理对潮土中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

如图 4a 所示, 与 CK 相比, RSD 处理均能显著 ($P<0.001$) 改变 FS 中青枯菌、ARGs 和 MGEs 的复合污染特征, 其中复杂有机物料 (AL 和 MO) 的处理效果与简单有机物料 (ET) 存在明显差异。由表 4 可知, 不同有机物料 RSD 处理对 FS 中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响存在差异, 而 FCK 处理对其均无显著影响。与 CK 相比, RSD 处理均能显著 ($P<0.05$) 降低 FS 中青枯菌的相对丰度, 其中 ET 处理的消减率最高, 达到 94.2%, 高于 AL 处理的 76.1% 和 MO 处理的 80.9% (表 4, 图 4b)。AL 和 MO 处理能够降低 FS 中总 ARGs 的相对丰度, 消减率分别为 15.0% 和 20.6%, 其中 MO 处理的消减效果达到显著 ($P<0.05$), 而 ET 处理后土壤总 ARGs 的相对丰度较 CK 显著 ($P<0.05$) 增加 (表 4, 图 4b)。如表 4 所示, ET 处理后, FS 中 *aadA7* 基因的相对丰度降至 1.7×10^{-3} , 显著 ($P<0.05$) 低于 CK 和其他处理, 其消减率高达 81.6%, 但 *aadA21* 基因的相对丰度显著 ($P<0.05$) 增加至 9.6×10^{-3} , 而 AL 和 MO 处理均能降低 FS 中 *aadA7* 和 *aadA21* 基因的相对丰度, 其消减率分别为 22.0%~29.8% 和 50.5%~57.9%, 但两者间无显著差异 (图 4b)。类似地, ET 处理能够显著 ($P<0.05$) 增加 FS 中 *qacH* 基因的相对丰度, 并显著 ($P<0.05$) 降低 *msrE* 基因的相对丰度, 消减率可达 80.9%, 而 AL 和 MO 处

理均能降低 *qacH* 和 *msrE* 基因的相对丰度, 但较 CK 差异不显著, *qacH* 和 *msrE* 基因的消减率分别为 8.6%~20.5% 和 44.1%~45.6% (表 4, 图 4b)。与 CK 相比, ET 处理能够显著 ($P<0.05$) 降低 FS 中 *tetG*、*tetM* 和 *tet36* 基因的相对丰度, 其消减率分别达到 78.3%、66.9% 和 79.4%; 而 AL 和 MO 处理对 *tetG* 和 *tet36* 基因相对丰度的消减作用较 ET 处理弱 (表 4, 图 4b)。AL 和 MO 处理对 FS 中 *sulI* 基因的相对丰度无显著影响, 而 ET 处理较 CK 能显著 ($P<0.05$) 提高其相对丰度 (表 4)。由表 4 可知, RSD 处理均能显著 ($P<0.05$) 降低 FS 中 *IS6100* 和 *IS26* 基因的相对丰度, 其消减率分别为 72.5%~76.2% 和 38.4%~56.2%, 且 ET 处理对 *IS26* 基因相对丰度的消减效果显著 ($P<0.05$) 优于 MO 处理 (图 4b, 表 4)。此外, 与 CK 相比, ET 和 AL 处理均能显著 ($P<0.05$) 降低 FS 中 *intl1* 基因的相对丰度, 其中 ET 处理的消减率为 59.0%, 显著高于 AL 处理 (30.5%), 而 MO 处理对其无显著影响 (表 4, 图 4b)。综合而言, RSD 处理对 FS 中青枯菌、ARGs 和 MGEs 复合污染的修复效果较 BS 和 RS 强。

2.4 土壤类型和处理方式对青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

双因素方差分析显示 (表 5), 除处理方式对 *IS6100* 基因相对丰度无显著影响外, 处理方式、土壤类型及其交互作用均能显著 ($P<0.05$) 影响土壤中青枯菌、ARGs 和 MGEs 的相对丰度。其中, 大

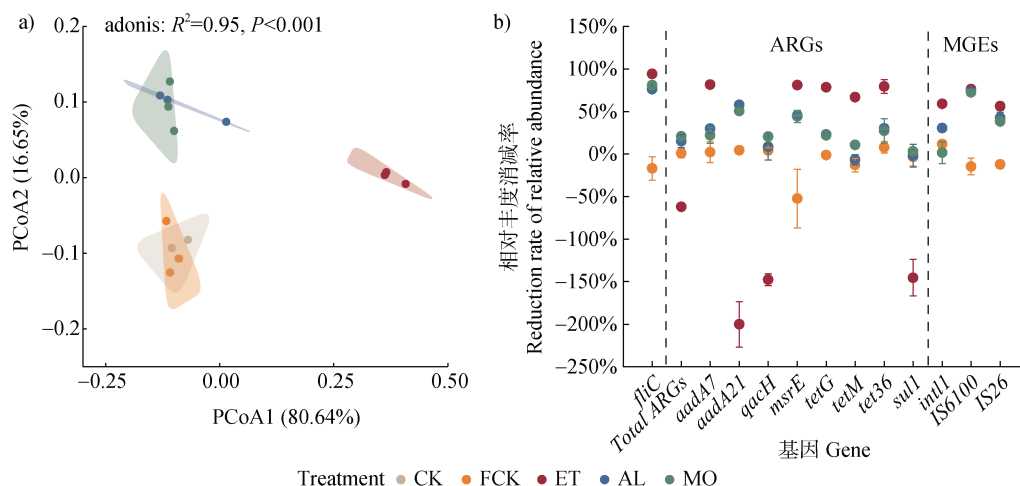


图 4 不同土壤处理对潮土中青枯菌、ARGs 和 MGEs 污染特征 (a) 及消减率 (b) 的影响

Fig. 4 Effects of different soil treatments on the contamination characteristics (a) and reduction rates (b) of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs in fluvo-aquic soil

表 4 不同土壤处理对潮土中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

Table 4 Effects of different soil treatments on the relative abundance of <i>R. solanacearum</i> , ARGs, and MGEs in fluvo-aquic soil					
处理 Treatment	青枯菌 <i>R. solanacearum</i>		抗生素抗性基因 ARGs		
	<i>fliC</i>	Total ARGs	<i>aadA7</i>	<i>aadA21</i>	<i>qacH</i>
CK	$7.4\times10^{-4}\pm8.4\times10^{-5}\text{a}$	$4.6\times10^{-2}\pm2.1\times10^{-3}\text{b}$	$9.1\times10^{-3}\pm1.2\times10^{-3}\text{a}$	$3.2\times10^{-3}\pm1.4\times10^{-4}\text{b}$	$2.1\times10^{-2}\pm3.0\times10^{-4}\text{b}$
FCK	$8.7\times10^{-4}\pm1.0\times10^{-4}\text{a}$	$4.6\times10^{-2}\pm2.4\times10^{-3}\text{b}$	$8.9\times10^{-3}\pm1.1\times10^{-3}\text{a}$	$3.0\times10^{-3}\pm4.2\times10^{-5}\text{b}$	$2.0\times10^{-2}\pm6.6\times10^{-4}\text{b}$
ET	$4.3\times10^{-5}\pm1.1\times10^{-5}\text{b}$	$7.4\times10^{-2}\pm8.6\times10^{-4}\text{a}$	$1.7\times10^{-3}\pm3.0\times10^{-4}\text{c}$	$9.6\times10^{-3}\pm8.5\times10^{-4}\text{a}$	$5.2\times10^{-2}\pm1.4\times10^{-3}\text{a}$
AL	$1.8\times10^{-4}\pm1.4\times10^{-5}\text{b}$	$3.9\times10^{-2}\pm3.5\times10^{-3}\text{bc}$	$6.4\times10^{-3}\pm4.2\times10^{-4}\text{b}$	$1.3\times10^{-3}\pm9.4\times10^{-5}\text{c}$	$1.9\times10^{-2}\pm3.3\times10^{-3}\text{b}$
MO	$1.4\times10^{-4}\pm2.3\times10^{-5}\text{b}$	$3.6\times10^{-2}\pm1.8\times10^{-3}\text{c}$	$7.1\times10^{-3}\pm8.5\times10^{-4}\text{ab}$	$1.6\times10^{-3}\pm1.9\times10^{-5}\text{c}$	$1.7\times10^{-2}\pm7.3\times10^{-4}\text{b}$
处理 Treatment	抗生素抗性基因 ARGs				
	<i>msrE</i>	<i>tetG</i>	<i>tetM</i>	<i>tet36</i>	<i>sulI</i>
CK	$2.9\times10^{-5}\pm5.2\times10^{-6}\text{ab}$	$4.0\times10^{-3}\pm9.9\times10^{-5}\text{a}$	$5.0\times10^{-3}\pm8.6\times10^{-4}\text{a}$	$7.0\times10^{-5}\pm5.7\times10^{-6}\text{a}$	$3.6\times10^{-3}\pm6.8\times10^{-4}\text{b}$
FCK	$4.3\times10^{-5}\pm9.8\times10^{-6}\text{a}$	$4.1\times10^{-3}\pm1.4\times10^{-4}\text{a}$	$5.7\times10^{-3}\pm4.0\times10^{-4}\text{a}$	$6.4\times10^{-5}\pm4.6\times10^{-6}\text{ab}$	$3.8\times10^{-3}\pm3.8\times10^{-4}\text{b}$
ET	$5.4\times10^{-6}\pm2.6\times10^{-7}\text{c}$	$8.7\times10^{-4}\pm4.0\times10^{-5}\text{c}$	$1.7\times10^{-3}\pm1.8\times10^{-4}\text{b}$	$1.4\times10^{-5}\pm5.7\times10^{-6}\text{c}$	$8.9\times10^{-3}\pm7.8\times10^{-4}\text{a}$
AL	$1.6\times10^{-5}\pm8.2\times10^{-7}\text{bc}$	$3.1\times10^{-3}\pm6.3\times10^{-5}\text{b}$	$5.4\times10^{-3}\pm3.0\times10^{-4}\text{a}$	$4.9\times10^{-5}\pm2.2\times10^{-6}\text{b}$	$3.7\times10^{-3}\pm4.9\times10^{-4}\text{b}$
MO	$1.6\times10^{-5}\pm2.0\times10^{-6}\text{bc}$	$3.1\times10^{-3}\pm5.2\times10^{-5}\text{b}$	$4.5\times10^{-3}\pm1.3\times10^{-4}\text{a}$	$5.1\times10^{-5}\pm1.0\times10^{-5}\text{ab}$	$3.5\times10^{-3}\pm1.2\times10^{-4}\text{b}$
处理 Treatment	可移动遗传元件 MGEs				
	<i>intI1</i>	<i>IS6100</i>	<i>IS26</i>		
CK	$1.3\times10^{-3}\pm9.1\times10^{-5}\text{a}$	$9.0\times10^{-3}\pm9.4\times10^{-5}\text{a}$	$5.7\times10^{-3}\pm3.1\times10^{-4}\text{a}$		
FCK	$1.2\times10^{-3}\pm3.4\times10^{-5}\text{ab}$	$1.0\times10^{-2}\pm8.9\times10^{-4}\text{a}$	$6.4\times10^{-3}\pm2.6\times10^{-4}\text{a}$		
ET	$5.4\times10^{-4}\pm4.2\times10^{-5}\text{c}$	$2.1\times10^{-3}\pm2.4\times10^{-4}\text{b}$	$2.5\times10^{-3}\pm2.8\times10^{-4}\text{c}$		
AL	$9.2\times10^{-4}\pm2.3\times10^{-5}\text{b}$	$2.3\times10^{-3}\pm2.5\times10^{-4}\text{b}$	$3.3\times10^{-3}\pm3.7\times10^{-4}\text{bc}$		
MO	$1.3\times10^{-3}\pm1.7\times10^{-4}\text{a}$	$2.5\times10^{-3}\pm9.5\times10^{-5}\text{b}$	$3.5\times10^{-3}\pm1.0\times10^{-4}\text{b}$		

部分 ARGs (*msrE*、*tetG*、*tetM*、*tet36* 和 *sulI*) 和 MGEs (*intI1*、*IS6100* 和 *IS26*) 的相对丰度受土壤类型的影响更为显著 ($F=11.4\sim755.4$, $P<0.001$), 而处理方式对青枯菌、*aadA7*、*aadA21* 和 *qacH* 基因相对丰度的影响更显著 ($F=17.1\sim90.4$, $P<0.001$) (表 5)。这些结果表明 RSD 处理对土壤生物复合污染的消减效果与土壤类型和有机物料类型密切相关, 尤其是大部分 ARGs 和 MGEs 相对丰度的变化受土壤类型的影响更大。

2.5 青枯菌相对丰度与 ARGs 和 MGEs 相对丰度的相关性

由表 6 可知, 不同土壤类型中青枯菌相对丰度与 ARGs 和 MGEs 相对丰度的相关性结果存在显著差异。在 BS 中, 青枯菌相对丰度与 *sulI* 和 *IS6100* 基因的相对丰度呈正相关, 但不显著; 而在 RS 中,

青枯菌相对丰度与 *aadA7* 和 *tet36* 基因的相对丰度呈正相关, 其中与 *aadA7* 基因的关系极显著 ($P<0.01$), 这表明 RSD 处理仅能协同消减 BS 和 RS 中青枯菌与少量 ARGs 和 MGEs 基因形成的复合污染。在 FS 中, 青枯菌相对丰度与大部分 ARGs (*aadA7*、*msrE*、*tetG*、*tetM* 和 *tet36*) 和 MGEs (*intI1*、*IS6100* 和 *IS26*) 的相对丰度呈显著 ($P<0.05$) 正相关关系, 表明 RSD 处理对 FS 中病原菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的生物复合污染具有较好的协同消减作用。同时, *aadA7*、*msrE*、*tetG* 和 *tet36* 基因的相对丰度均与 MGEs 基因的相对丰度呈显著 ($P<0.05$) 正相关, 结合大部分 RSD 处理均能在一定程度上消减 *aadA7*、*msrE*、*tetG* 和 *tet36* 基因的相对丰度, 表明 RSD 处理同样能够有效消减 FS 中 ARGs 和 MGEs 形成的复合污染。

表 5 土壤类型、处理方式及其交互作用对青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的影响

Table 5 Effects of soil types, treatments, and their interaction terms on the relative abundance of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs

类目	基因	土壤	处理	S×T
Class	Gene	Soil (S)	Treatment (T)	
青枯菌	<i>fliC</i>	10.56***	90.42***	61.28***
	Total ARGs	49.41***	9.50***	10.13***
	<i>aadA7</i>	8.29**	20.08***	8.96***
	<i>aadA21</i>	6.98**	20.83***	11.06***
	<i>qacH</i>	9.07**	17.06***	12.55***
ARGs	<i>msrE</i>	755.35***	5.66**	5.51***
	<i>tetG</i>	142.24***	6.70**	4.36**
	<i>tetM</i>	45.35***	3.13*	8.58***
	<i>tet36</i>	97.32***	11.66***	8.67***
	<i>sulI</i>	11.37***	9.74***	10.22***
	<i>intI1</i>	37.27***	3.61*	8.57***
MGEs	<i>IS6100</i>	53.42***	2.30	5.90***
	<i>IS26</i>	72.83***	18.22***	25.56***

Note: *, $P<0.05$; **, $P<0.01$; ***, $P<0.001$

表 6 不同类型土壤中青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度的相关性

Table 6 Pearson correlation between the relative abundance of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs in different soils

	<i>fliC</i>	<i>aadA7</i>	<i>aadA21</i>	<i>qacH</i>	<i>msrE</i>	<i>tetG</i>	<i>tetM</i>	<i>tet36</i>	<i>sulI</i>
黑土 BS									
<i>fliC</i>	1.00	-0.01	-0.03	-0.54*	-0.42	-0.37	-0.18	-0.33	0.32
<i>intI1</i>	-0.44	0.37	0.59*	0.46	0.62*	0.28	0.51	0.57*	0.10
<i>IS6100</i>	0.39	0.38	0.75**	0.24	0.15	0.26	0.51	0.41	0.63*
<i>IS26</i>	-0.86**	0.13	0.18	0.45	0.52*	0.23	0.24	0.51	-0.19
红壤 RS									
<i>fliC</i>	1.00	0.85**	-0.34	-0.44	-0.64*	-0.07	-0.75**	0.14	-0.34
<i>intI1</i>	-0.26	-0.16	0.44	0.69**	-0.12	0.86**	0.33	0.81**	0.49
<i>IS6100</i>	-0.36	-0.42	0.94**	0.79**	0.40	0.61*	0.55*	0.39	0.75**
<i>IS26</i>	-0.37	-0.36	0.48	0.73**	-0.10	0.80**	0.42	0.72**	0.52*
潮土 FS									
<i>fliC</i>	1.00	0.63*	-0.28	-0.43	0.82**	0.75**	0.57*	0.70**	-0.45
<i>intI1</i>	0.55*	0.74**	-0.71**	-0.78**	0.52*	0.81**	0.68**	0.66**	-0.74**
<i>IS6100</i>	0.92**	0.70*	-0.19	-0.35	0.80**	0.72**	0.50	0.67**	-0.37
<i>IS26</i>	0.93**	0.76**	-0.37	-0.51	0.81**	0.82**	0.62*	0.79**	-0.53*

Note: *, $P<0.05$; **, $P<0.01$.

2.6 青枯菌、ARGs 和 MGEs 相对丰度与土壤理化性质的相关性分析

相关性分析结果表明(图 5),不同类型土壤中青枯菌、ARGs 和 MGEs 的相对丰度与理化性质的相关性存在较大差异。在 BS 中,土壤 pH 与 *IS6100*、*aadA21*、*aadA7* 和 *tet36* 基因的相对丰度呈显著 ($P<0.05$) 负相关,而土壤电导率 (EC) 与青枯菌、*sulI* 和 *IS6100* 基因的相对丰度呈显著 ($P<0.05$) 正相关(图 5a)。在 RS 中,土壤 pH 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量与青枯菌和 *aadA7* 基因的相对丰度呈显著 ($P<0.001$) 负相关,而与 *tetM* 和 *msrE* 基因的相对丰度呈显著 ($P<0.001$) 正相关(图 5b)。如图 5c 所示,FS 的基本理化性质与青枯菌、ARGs 和 MGEs 的相对丰度关系密切,其中土壤 EC、AP 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量与青枯菌、大部分 ARGs (*aadA7*、*msrE*、*tetG*、*tetM* 和 *tet36*) 和 MGEs (*intI1*、*IS6100* 和 *IS26*) 的相对丰度均呈显著 ($P<0.05$) 正相关关系,而土壤 pH 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量与 *msrE*、*IS26*、*tetG*、*aadA7*、*tet36* 和 *intI1* 基因的相对丰度显著 ($P<0.05$) 负相关。此外,土壤 pH 与青枯菌和 *IS6100* 基因的相对丰度呈

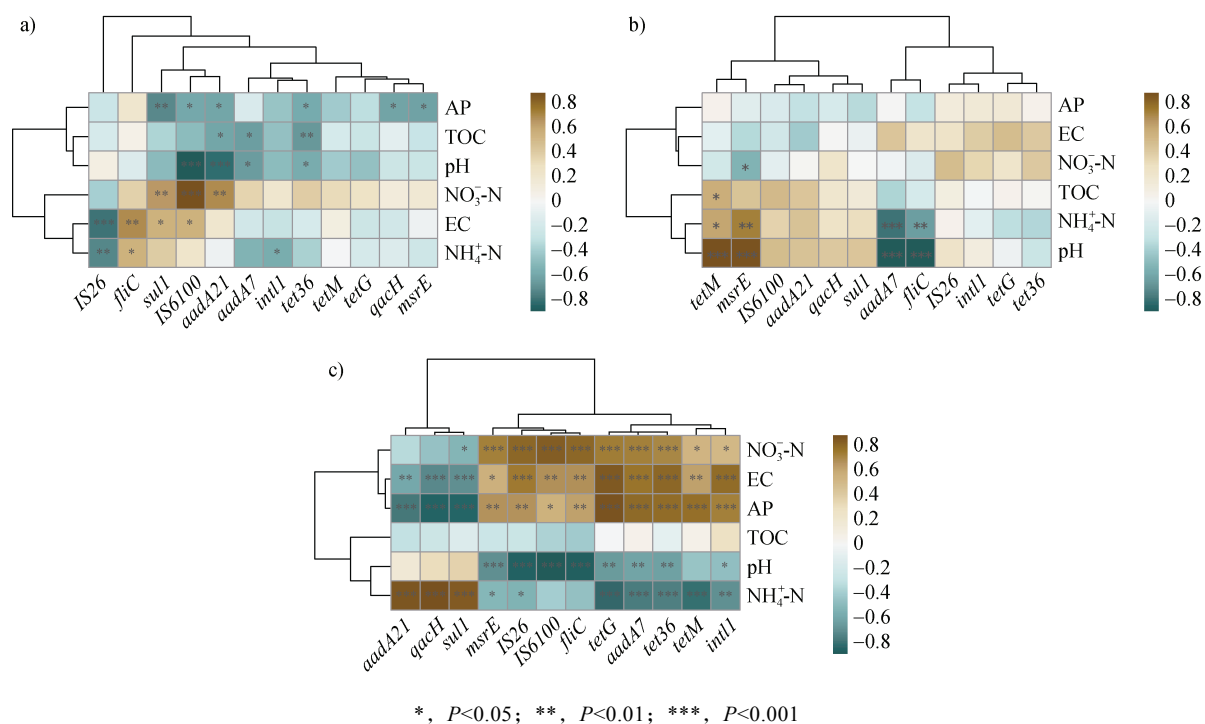


图5 黑土 (a)、红壤 (b) 和潮土 (c) 中土壤理化性质与青枯菌、ARGs 及 MGEs 相对丰度的相关性分析
Fig. 5 Pearson correlation analyses between soil physicochemical properties and the relative abundance of *R. solanacearum*, ARGs, and MGEs in black soil (a), red soil (b), and fluvo-aquic soil (c)

显著 ($P < 0.05$) 负相关, 而土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量与 *aadA21*、*qacH* 和 *sul1* 基因的相对丰度呈显著 ($P < 0.05$) 正相关。上述结果表明, RSD 处理对不同土壤类型中生物复合污染的修复效果差异与其基本理化性质高度相关。

3 讨论

3.1 RSD 处理对青枯菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的生物复合污染具有协同消减作用

近年来, 随着农业集约化尤其是设施农业的快速发展, 由病原菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的土壤生物复合污染日趋严重, 已威胁到农产品安全与生态系统健康。本研究发现, RSD 处理 (AL、MO) 对 BS 和 FS 中总 ARGs 的相对丰度均具有一定的消减作用, 其中 AL 处理能够显著降低 BS 中 *aadA7*、*aadA21*、*tet36* 和 *sul1* 基因的相对丰度, 消减率为 28.4%~49.9%; 而 MO 处理后 FS 中 *aadA21* 和 *tetG* 基因的相对丰度显著下降, 其消减率为 22.1%~50.5%。虽然 ET 处理对不同土壤类型中总 ARGs 的相对丰度无消减作用, 但其能有效消减特定 ARGs

的相对丰度, 如 ET 处理能够显著降低 RS 中 *aadA7* 和 *tet36* 基因的相对丰度, 其消减率分别高达 90.2% 和 80.8%。这与前人的研究结果类似, 表明 RSD 处理能够通过杀灭携带 ARGs 的抗性菌实现土壤 ARGs 的快速消减^[21]。除此之外, RSD 处理对 MGEs 的相对丰度也具有较好的抑制作用, 其中 AL 处理后, BS 中 *IS6100* 基因的相对丰度下降幅度为 43.9%, 而 ET 处理能够显著降低 FS 中 *int11*、*IS6100* 和 *IS26* 基因的相对丰度, 其消减率可达 56.2%~76.2%, 表明 RSD 处理能够有效降低土壤中 ARGs 的水平转移能力和扩散风险^[22]。

作为典型的土壤生物污染物, 土传病原细菌青枯菌能够导致多种作物如番茄、马铃薯、茄子、烟草等罹患青枯病, 是世界上危害最大的植物病害之一^[23]。有研究表明, 青枯菌入侵能够促进番茄根际土壤中 ARGs 和 MGEs 富集, 加剧土壤生物复合污染发生风险^[4]。本研究发现 RSD 处理能够有效降低不同土壤类型 (BS、RS 和 FS) 中青枯菌的相对丰度, 其消减率为 43.3%~94.2%, 这与前人的研究结果一致^[24-25], 即 RSD 处理能够大幅降低病土中青枯菌的数量及相对丰度。RSD 处理杀菌的作用机理主

要包括: 1) 营造的高温、厌氧土壤环境; 2) 有机物料厌氧分解产生的如小分子有机酸等杀菌物质; 3) 重建的具有高丰度拮抗菌的健康微生物区系^[6, 26]。进一步分析发现, 土壤中青枯菌的相对丰度与 ARGs 或 MGEs 的相对丰度存在一定的偶联关系, 如 BS 中青枯菌的相对丰度与 *sulI* 和 *IS6100* 基因的相对丰度呈正相关关系, RS 中青枯菌的相对丰度与 *aadA7* 和 *tet36* 基因的相对丰度呈正相关关系。此外, 潮土中部分 ARGs (*aadA7*、*msrE*、*tetG* 和 *tet36*) 基因的相对丰度与 *int11*、*IS6100* 和 *IS26* 等 MGEs 基因的相对丰度呈显著正相关。这些结果表明 RSD 处理能够协同消减青枯菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的土壤生物复合污染。

3.2 RSD 处理对土壤生物复合污染的协同修复效果与土壤类型和有机物料类型密切相关

本研究发现, RSD 处理能够显著改变 BS、RS 和 FS 中的土壤生物复合污染特征, 其中 FS 中青枯菌的相对丰度与 *aadA7*、*msrE*、*tetG*、*tetM* 和 *tet36* 等 ARGs 和 *int11*、*IS6100* 和 *IS26* 等 MGEs 基因的相对丰度呈显著正相关, 而 BS 和 RS 中青枯菌的相对丰度仅与少量 ARGs 或 MGEs 基因的相对丰度存在正相关关系, 这表明 RSD 处理对青枯菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的土壤生物复合污染的修复效果与土壤类型密切相关。进一步分析发现, RSD 处理对土壤生物复合污染的消减效果与土壤理化性质关系密切, 其中, FS 中青枯菌和大部分 ARGs 和 MGEs 基因的相对丰度与土壤 EC 和 NO_3^- -N 含量呈正相关关系, 而与土壤 pH 呈负相关关系, 这表明 RSD 处理能够通过改善土壤理化性质实现生物复合污染的协同消减^[27-28]。此外, RSD 处理后, BS 中青枯菌的消减效果明显弱于 RS 和 FS, 这可能与 BS 中青枯菌的绝对丰度较 RS 和 FS 低有关。综上, 造成不同土壤类型中 RSD 处理对土壤生物复合污染的消减效果存在差异的原因包括: 1) 土壤生物复合污染程度不同; 2) 土壤生物复合污染特征不同, 尤其是 ARGs 和 MGEs 宿主不同引起的对 RSD 处理的耐受程度存在差异。

RSD 处理对土壤生物复合污染的协同修复效果除受土壤类型的影响外, 还受所用有机物料类型的影响。本研究发现采用不同有机物料进行的 RSD 处理对青枯菌的消减效果存在差异, 其中 ET 处理对 FS 中青枯菌相对丰度的消减率达到 94.2%, 显著高

于 AL 和 MO 处理的 76.1% 和 80.9%, 这可能与酒精属简单有机物, 较苜蓿粉和糖蜜等复杂有机物更易分解, 因而能够在相同时间内累积更高浓度的杀菌物质, 实现土传病原菌的高效杀灭有关^[29]。类似地, 有机物料类型能够显著影响 RSD 处理对 ARGs 和 MGEs 的消减效果。在 BS 中, AL 和 MO 处理对大部分 ARGs 基因的相对丰度消减率要优于 ET 处理, 其中 AL 和 MO 处理对 *aadA7*、*aadA21* 和 *tet36* 基因的相对丰度的消减率分别为 34.2%~40.6%、44.7%~49.9% 和 36.6%~41.8%, 明显高于 ET 处理的 11.6%、20.7% 和 -7.4%。而在 FS 中, ET 处理对大部分 ARGs (*aadA7*、*msrE*、*tetG*、*tetM* 和 *tet36*) 和 MGEs (*int11*、*IS6100* 和 *IS26*) 基因相对丰度的消减效果高于 AL 和 MO 处理, 但其能大幅增加 *aadA21*、*qacH* 和 *sulI* 基因的相对丰度, 从而导致总 ARGs 的相对丰度较 AL 和 MO 处理高。这一方面与 RSD 处理对不同 ARGs 宿主的抑制/促进作用存在物料偏好性有关, 另一方面与不同有机物料 RSD 处理介导的差异化微生物群落对 ARGs 宿主的间接抑制作用存在差异也有关联^[16, 30]。此外, 同一有机物料对不同土壤类型中相同 ARGs 的作用效果也存在差异, 这可能与同一 ARGs 基因在不同土壤类型中的宿主存在分异有关。

4 结 论

RSD 处理对土壤病原菌与 ARGs 和 MGEs 叠加形成的生物复合污染具有一定的协同消减作用, 其协同修复效果受污染程度、土壤类型和有机物料类型的影响, 土壤类型对 RSD 处理消减土壤 ARGs 和 MGEs 的影响更为显著, 而有机物料类型是影响 RSD 处理消减青枯菌相对丰度的主要因素。因此, 在应用 RSD 处理技术消减土壤生物复合污染时, 应综合考量土壤性质、生物复合污染特征及其污染程度、ARGs 和 MGEs 类型及其宿主特征, 以便选择适宜的有机物料类型并制订科学的修复策略, 这样才能保障 RSD 处理对土壤生物复合污染的协同修复效果。

参考文献 (References)

- [1] van Boeckel T P, Glennon E E, Chen D, et al. Reducing antimicrobial use in food animals[J]. Science, 2017, 357 (6358): 1350—1352.

- [2] Chen Q L, An X L, Li H, et al. Long-term field application of sewage sludge increases the abundance of antibiotic resistance genes in soil[J]. *Environment International*, 2016, 92: 1—10.
- [3] Zhang Y J, Ye C, Su Y W, et al. Soil acidification caused by excessive application of nitrogen fertilizer aggravates soil-borne diseases: Evidence from literature review and field trials[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2022, 340: 108176.
- [4] Li Y C, Deng X H, Zhang N, et al. Rhizosphere suppression hinders antibiotic resistance gene (ARG) spread under bacterial invasion[J]. *One Health*, 2023, 16: 100481.
- [5] Tokuda M, Shintani M. Microbial evolution through horizontal gene transfer by mobile genetic elements[J]. *Microbial Biotechnology*, 2024, 17 (1): e14408.
- [6] Cai Z C, Zhang J B, Huang X Q, et al. Application of reductive soil disinfestation to suppress soil-borne pathogens[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2015, 52 (3): 469—476. [蔡祖聪, 张金波, 黄新琦, 等. 强还原土壤灭菌防控作物土传病的应用研究[J]. *土壤学报*, 2015, 52 (3): 469—476.]
- [7] Zhao J, Zhang J Q, Lin Y L, et al. Correlation between the stability and function of soil microbial community driven by reductive soil disinfestation[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2024, 61 (1): 187—199. [赵军, 张晶清, 林于蓝, 等. 强还原土壤处理驱动的微生物群落稳定性与功能的关联性[J]. *土壤学报*, 2024, 61 (1): 187—199.]
- [8] Serrano-Pérez P, Rosskopf E, de Santiago A, et al. Anaerobic soil disinfestation reduces survival and infectivity of *Phytophthora nicotianae* chlamydospores in pepper[J]. *Scientia Horticulturae*, 2017, 215: 38—48.
- [9] Chen Y L, Yang K J, Ye Y, et al. Reductive soil disinfestation attenuates antibiotic resistance genes in greenhouse vegetable soils[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 420: 126632.
- [10] Chen Y L, Zhang Y H, Xu R S, et al. Effects of anaerobic soil disinfestation on antibiotics, human pathogenic bacteria, and their associated antibiotic resistance genes in soil[J]. *Applied Soil Ecology*, 2024, 195: 105266.
- [11] 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 *Fusarium oxysporum* and microbial communities during reductive soil disinfestation[J]. *Biological Control*, 2016, 101: 103—113.
- [12] Yuan X X, Liang J Y, Fan L X, et al. Effects of manure application on source and transport of antibiotic resistant genes in soil and their affecting factors[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57 (1): 36—47. [苑学霞, 梁京芸, 范丽霞, 等. 粪肥施用土壤抗生素抗性基因来源、转移及影响因素[J]. *土壤学报*, 2020, 57 (1): 36—47.]
- [13] Zhang J Y, Sui Q W, Tong J, et al. Soil types influence the fate of antibiotic-resistant bacteria and antibiotic resistance genes following the land application of sludge composts[J]. *Environment International*, 2018, 118: 34—43.
- [14] Song T T, Zhu C X, Li B X, et al. Manure application led to higher antibiotic resistance risk in red soil compared with black soil and fluvo-aquic soil[J]. *Journal of Hazardous Materials Advances*, 2023, 9: 100209.
- [15] Tian Q F, He Q S, Lu A X, et al. Relationship between antibiotic resistance genes and microbial communities in farmland soil[J]. *Environmental Chemistry*, 2020, 39 (5): 1346—1355. [田其凡, 何纪霜, 陆安祥, 等. 农田土壤抗生素抗性基因与微生物群落的关系[J]. *环境化学*, 2020, 39 (5): 1346—1355.]
- [16] Yu W H, Li S, Lin Y L, et al. Effects of dazomet fumigation and reductive soil disinfestation on antibiotic resistance genes in farmland soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2025, 62 (1): 114—126. [于文豪, 李舒, 林于蓝, 等. 棉隆熏蒸和强还原处理对农田土壤抗生素抗性基因的影响研究[J]. *土壤学报*, 2025, 62 (1): 114—126.]
- [17] Dorsch M, Lane D, Stackebrandt E. Towards a phylogeny of the genus *Vibrio* based on 16S rRNA sequences[J]. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1992, 42 (1): 58—63.
- [18] Yuan S F, Li M Y, Fang Z Y, et al. Biological control of tobacco bacterial wilt using *Trichoderma harzianum* amended bioorganic fertilizer and the arbuscular mycorrhizal fungi *Glomus mosseae*[J]. *Biological Control*, 2016, 92: 164—171.
- [19] Chen L, Xu Y L, Dong X F, et al. Removal of intracellular and extracellular antibiotic resistance genes in municipal wastewater effluent by electrocoagulation[J]. *Environmental Engineering Science*, 2020, 37 (12): 783—789.
- [20] Stedtfeld R D, Guo X P, Stedtfeld T M, et al. Primer set 2.0 for highly parallel qPCR array targeting antibiotic resistance genes and mobile genetic elements[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2018, 94 (9): fty130.
- [21] Duan H J, Yin Y, Wang Y F, et al. Effects of reductive soil disinfestation on potential pathogens and antibiotic resistance genes in soil[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2025, 150: 373—384.
- [22] von Wintersdorff C J H, Penders J, van Niekerk J M, et al. Dissemination of antimicrobial resistance in microbial ecosystems through horizontal gene transfer[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 173.
- [23] Jiang G F, Wei Z, Xu J, et al. Bacterial wilt in China: History, current status, and future perspectives[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 1549.

- [24] Wu C R, Lin W P, Huang F, et al. Effects of anaerobic soil disinfestation on bacterial wilt and soil bacterial community[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2018, 55 (4): 987—998. [伍朝荣, 林威鹏, 黄飞, 等. 土壤厌氧消毒对青枯病的控制及土壤细菌群落结构的影响[J]. *土壤学报*, 2018, 55 (4): 987—998.]
- [25] van Overbeek L, Runia W, Kastelein P, et al. Anaerobic disinfestation of tare soils contaminated with *Ralstonia solanacearum* biovar 2 and *Globodera pallida*[J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2014, 138 (2): 323—330.
- [26] Li Y L, Wang B Y, Chang Y F, et al. Reductive soil disinfestation effectively alleviates the replant failure of Sanqi ginseng through allelochemical degradation and pathogen suppression[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2019, 103 (8): 3581—3595.
- [27] Liu Z S, Zhao Y X, Zhang B F, et al. Deterministic effect of pH on shaping soil resistome revealed by metagenomic analysis[J]. *Environmental Science & Technology*, 2023, 57 (2): 985—996.
- [28] Xu Y, You G X, Yin J B, et al. Salt tolerance evolution facilitates antibiotic resistome in soil microbiota: Evidences from dissemination evaluation, hosts identification and co-occurrence exploration[J]. *Environmental Pollution*, 2023, 317: 120830.
- [29] Momma N, Momma M, Kobara Y. Biological soil disinfestation using ethanol: Effect on *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* and soil microorganisms[J]. *Journal of General Plant Pathology*, 2010, 76 (5): 336—344.
- [30] Forsberg K J, Patel S, Gibson M K, et al. Bacterial phylogeny structures soil resistomes across habitats[J]. *Nature*, 2014, 509 (7502): 612—616.

(责任编辑: 卢 萍)