

王光州, 申建波, 张俊伶, 张福锁. 植物-土壤反馈驱动的土壤健康机制与调控策略[J]. 土壤学报, 2025,  
WANG Guangzhou, SHEN Jianbo, ZHANG Junling, ZHANG Fusu. Plant-Soil Feedback Driven Mechanisms and Regulation  
Strategies for Soil Health[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025,

# 植物-土壤反馈驱动的土壤健康机制与调控策略\*

王光州, 申建波, 张俊伶<sup>†</sup>, 张福锁<sup>†</sup>

(养分资源高效利用全国重点实验室, 中国农业大学资源与环境学院, 中国农业大学国家农业绿色发展研究院, 北京 100193)

**摘要:** 健康土壤是保障粮食安全的基础, 是实现农业绿色发展的核心支撑。然而, 当前集约化农业生产主要以作物产量提升为目标, 过分依赖高产品种和外源化肥、农药等投入品, 忽视了作物和田间管理措施对土壤健康的影响, 造成土壤退化, 对作物产量和农产品品质产生负面影响。借鉴生态学研究中的“植物-土壤反馈”理论, 本文提出以土壤健康培育为核心的协同提升耕地质量和作物产能的系统化研究新范式。未来的可持续农业亟需构建基于植物-土壤反馈的系统化思路和解决方案, 将地上作物管理和地下土壤过程紧密结合。通过深入解析土壤生态系统各组分之间的互馈作用机制, 发展基于植物-土壤正向反馈的土壤健康管理技术, 促进产能与土壤其他多功能性的协同。具体反映在个体水平上, 借助现代分子育种与功能基因组学手段, 定向改良植物的根系形态、分泌物组成和信号传导特性等, 精准招募有益微生物、抑制病原菌, 发挥级联放大效应, 强化正反馈, 减少负反馈。在田间管理上, 通过作物-微生物协同育种、优化养分管理、保护性耕作和多样化种植等综合措施, 促进作物-土壤之间的有益互作, 减少外部投入, 提高系统的内在效率, 实现产量提升与土壤健康的协同提升。

**关键词:** 植物-土壤反馈; 土壤健康; 作物高产; 农业绿色发展

中图分类号: S154.4

文献标志码: A

## Plant-Soil Feedback Driven Mechanisms and Regulation Strategies for Soil Health

WANG Guangzhou, SHEN Jianbo, ZHANG Junling<sup>†</sup>, ZHANG Fusu<sup>†</sup>

(State Key Laboratory of Nutrient Use and Management (SKL-NUM), College of Resources and Environmental Sciences, National Academy of Agriculture Green Development, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

**Abstract:** A healthy soil is the foundation for ensuring food security and serves as a core pillar for achieving agricultural green development. However, current intensive agricultural systems are primarily focused on maximizing crop yields, relying heavily on high-yielding crop varieties and external inputs such as synthetic fertilizers and pesticides. This overreliance often overlooks the impact of crops and field management practices on

\* 中央高校基本科研业务费专项资金 (2025TC008) 和国家自然科学基金项目 (32471638) 共同资助 Supported by the Chinese Universities Scientific Fund (No. 2025TC008) and the National Natural Science Foundation of China (No. 32471638)

<sup>†</sup> 通讯作者 Corresponding authors, Email: junlingz@cau.edu.cn; zhangfs@cau.edu.cn

作者简介: 王光州 (1989—), 男, 山东临沂人, 博士, 副教授, 主要从事土壤健康与生态调控研究。E-mail: wanggz@cau.edu.cn

收稿日期: 2025-06-29; 收到修改稿日期: 2025-09-12; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2025-09-24

soil health, leading to various forms of soil degradation that negatively affect crop productivity and food quality. Drawing on the ecological concept of plant-soil feedback (PSF), this paper proposes a new systematic research paradigm that places soil health as the key to the co-improvement of farmland quality and crop productivity. Future sustainable agriculture urgently requires the development of system-based strategies and solutions grounded in PSF theory, integrating aboveground crop management with belowground soil processes in a tightly coupled manner. By elucidating the reciprocal interactions among different components of the soil ecosystem, we can develop soil health management technologies based on positive plant-soil feedback, thereby enhancing the synergy between productivity and other soil multifunctionalities. Specifically, at the individual plant level, modern molecular breeding and functional genomics can be leveraged to modify root architecture, root exudate composition, and signal transduction properties in a targeted way. This enables the precise recruitment of beneficial microbes and suppression of pathogens, triggering cascade amplification effects that reinforce positive feedback loops and mitigate negative ones. At the field management level, integrated strategies such as crop-microbiome holobiont breeding, optimized nutrient management, conservation tillage, and diversified cropping systems can promote beneficial interactions between crops and soils. These approaches reduce dependence on external inputs, improve internal system efficiency, and ultimately achieve the co-enhancement of crop yield and soil health.

**Key words:** Plant-soil feedback; Soil health; High crop yield; Agricultural green development

耕地是粮食生产的“命根子”，是国家粮食安全的根本保障。作为拥有 14 亿人口的大国，我国农业的可持续发展不仅关乎国内民生福祉，更承载着保障全球近 1/5 人口粮食安全的重大使命。据统计，我国粮食产量连续 10 年稳定在 1.3 万亿斤以上，2024 年突破 1.4 万亿斤<sup>[1]</sup>，但这些巨大成就背后是长期高强度的集约化管理与资源投入。在生产实践中，为了追求高产，往往选用少数高产品种，且连年种植，并过度依赖外源投入维持产量。我国化肥消费量占世界消费总量的 1/3，单位面积化肥施用量约为美国的 3 倍，而小麦、玉米和水稻等主要粮食作物的化肥产出率仅为美国的 84.2%、57.3% 和 82.5%<sup>[2]</sup>。此外，我国，三大主要粮食作物每年因病虫害导致的减产达 20%~30%<sup>[3]</sup>，导致农药施用量是世界平均水平的 2.5 倍<sup>[4]</sup>。长期“高投入、高产出”的农业集约化导致我国耕地质量持续下降，中低产田占比达到 68.76%<sup>[5]</sup>，土壤有机质含量低、酸化、次生盐碱化、微生物多样性下降、病虫害频发等土壤健康问题突出，严重制约耕地产能进一步提升。同时，集约化管理造成水体富营养化、土壤重金属污染、温室气体排放等系列环境问题，对农产品质量安全产生负面影响。因此，如何平衡耕地质量与产能提升和生态环境保护之间的矛盾，构建高效、低碳、可持续的绿色增产模式，已成为我国亟待破解的难题，也是全球集约化农业可持续发展的普遍限制因素。

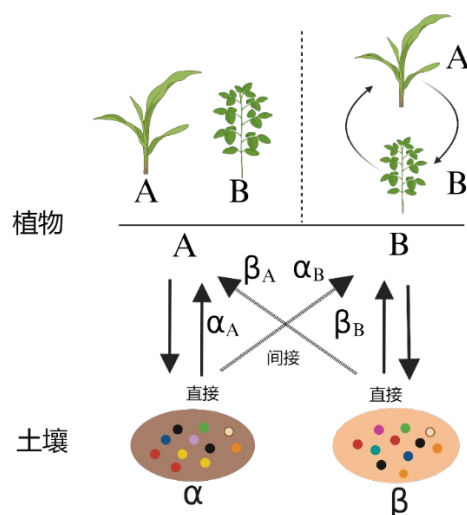
土壤是一个涉及物理、化学、生物学等多组分互作、多过程耦合的复杂生态系统，土壤多功能的发挥程度决定了土壤健康状况，进而影响耕地产能的可持续性<sup>[6]</sup>。然而，目前农田生态系统中的大多数研究仅仅聚焦于土壤的单一组分或单一过程对作物生长的影响，导致对植物-土壤-微生物多组分之间的互作过程和机制阐述不清，缺乏对土壤功能的整体认知。在生产实践上，目前基于高产的集约化管理模式，更加关注土壤对作物生长和产量的贡献，几乎不考虑作物和管理措施对土壤过程和土壤多功能的反向影响，导致土壤内在响应被忽略。这些问题导致我国耕地基础地力对粮食产量的贡献率仅为 45.7%~60.2%，较国际先进水平低 20~30 个百分点<sup>[7]</sup>。可见，当前集约化农业长期忽视了土壤健康状况，导致土壤生态系统失衡，土壤生态功能，包括养分周转、固碳减排、生物多样性等，难以发挥，各功能间缺乏协同，严重威胁耕地质量和农业绿色发展。

植物-土壤反馈是近年来生态学研究中的一个重要理论，其本质是植物与其所处土壤环境之间的动态双向调控过程，涉及植物对土壤环境的“改造”，以及土壤性质变化如何反馈调

节植物自身或其他植物的生长和群落结构的过程<sup>[8]</sup>。该理论将植物-土壤-微生物作为一个整体来研究，能够反映植物、土壤和微生物之间复杂交互作用的总体效应，在解释植物群落稳定性、物种演替、生态系统多样性和生产力等方面发挥着关键作用<sup>[9]</sup>。自然生态系统地上-地下各组分之间高度耦合且复杂的互作关系，是维持系统稳定性与生态系统多功能性的关键。相比之下，农田生态系统受到人类管理影响，依赖外源投入以维持生产力，造成地上-地下互作过程的解耦联。本文将植物-土壤反馈理论引入农田生态系统，指出未来农业绿色转型亟需借鉴自然生态系统，深入解析植物-土壤-微生物的互馈作用机制，发展基于植物-土壤正向反馈的系统化研究新范式。

## 1 植物-土壤反馈定义及健康土壤培育思路

植物选择并改变土壤生物和非生物特性，而这些变化反过来又会影响该植物自身、邻近植物，或后续植物物种的生长表现，称为植物-土壤反馈<sup>[7-8]</sup>。通常情况下，如果植物在同种植物驯化的土壤中生长得比在异种植物土壤中差，称为负向植物-土壤反馈；相反，如果植物在同种植物驯化土壤中表现更好，则被称为正向植物-土壤反馈（图 1）。植物-土壤反馈的理念最早源于农田生态系统。长期单一化种植导致的连作障碍引起作物减产是典型的土壤负反馈效应，而轮作是常见的克服连作负反馈的措施。我国古代农书《齐民要术》中，就有“谷田必须岁易”“麻欲得良田，不用故墟”的记载。近年来，该理念被生态学家发展并应用于自然生态系统。由于不受人为干扰和管理的影响，植物-土壤反馈效应主要关注植物和微生物（包括病原菌、有益菌以及腐生菌等）之间的互作过程<sup>[9]</sup>。宿主植物引起土壤微生物群落的变化，当有害微生物的抑制效应大于有益微生物的促进效应时，表现为负反馈效应；反之，则会形成正反馈效应<sup>[10]</sup>。在自然生态系统中，植物-土壤反馈被广泛用于解释植物群落动态过程，如物种共存、生物入侵和群落演替等基础生态学问题<sup>[11-13]</sup>。例如，负反馈效应被认为在维持植物物种共存中发挥着重要作用，主要是由于宿主专一性病原菌的积累减弱了优势植物的竞争优势，从而保证其他物种的共存<sup>[10]</sup>。相比外来物种，本地物种更容易积累病原菌而产生负反馈效应，而外来物种则受影响较小，因此容易获得竞争优势而形成生物入侵<sup>[11-12]</sup>。此外，研究发现，早期演替植物生长速度较快，容易受到病原菌的影响，通常呈现负反馈效应，而晚期演替植物则倾向于与丛枝菌根真菌（AMF）等有益微生物结合，呈现正反馈效应<sup>[13]</sup>，表明植物-土壤反馈在驱动植物群落演替中发挥重要作用。



注：“ $\alpha$ ”和“ $\beta$ ”分别代表植物A和B驯化形成的土壤微生物群落，“ $\alpha_A$ ”和“ $\beta_B$ ”分别代表“ $\alpha$ ”和“ $\beta$ ”对宿主本身生长的影响，为直接反馈效应；“ $\beta_A$ ”和“ $\alpha_B$ ”分别代表“ $\beta$ ”和“ $\alpha$ ”对植物A和B生长的影响，为间接反馈效应。直接和间接反馈效应之和为两种植物整体的净反馈效应，计算公式为： $\alpha_A - \alpha_B - \beta_A + \beta_B$ 。Note: “ $\alpha$ ”和“ $\beta$ ” represent the soil microbial communities conditioned by plants A and B, respectively. “ $\alpha_A$ ” and “ $\beta_B$ ” indicate the effects of “ $\alpha$ ” and “ $\beta$ ” on the growth of their respective host plants, representing direct feedback effects. “ $\beta_A$ ” and “ $\alpha_B$ ” indicate the effects of “ $\beta$ ” and “ $\alpha$ ” on the growth of plants A and B, representing indirect feedback effects. The sum of the direct and indirect feedback effects constitutes the overall net feedback effect between the two plant species, calculated as:  $\alpha_A - \alpha_B - \beta_A + \beta_B$ .

图1 植物-土壤反馈定义与定量化评价

Fig. 1 Definition and quantification of plant-soil feedback

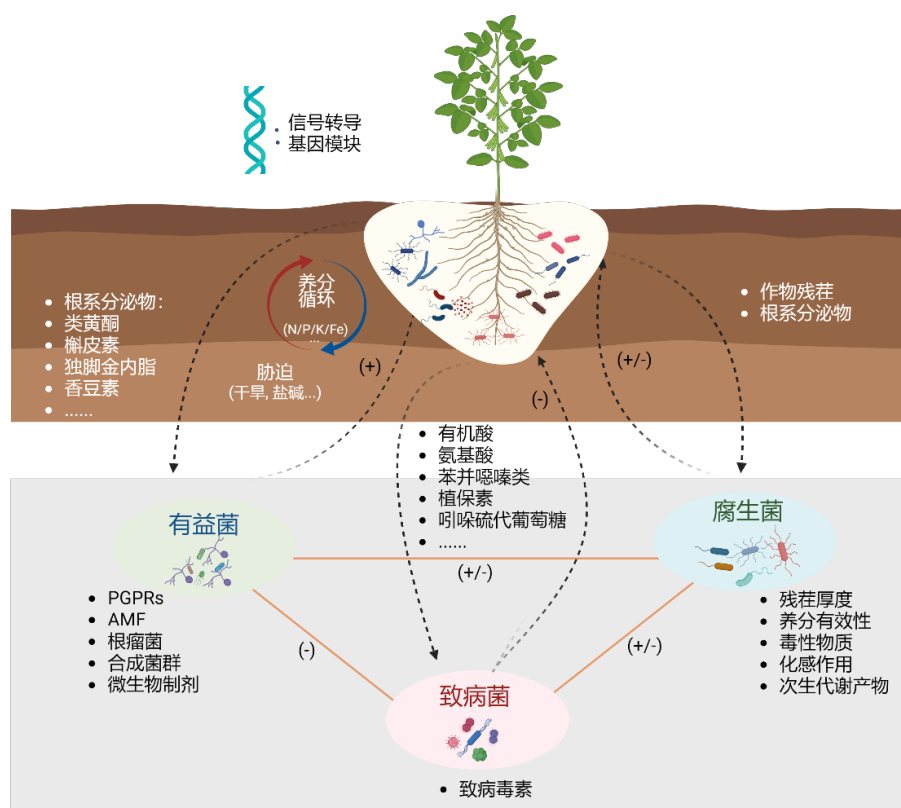
相比而言，在农田生态系统中，集约化农业过分追求高产，向土壤中投入大量化肥、农药等化学品，导致植物-土壤系统互作解耦，土壤生态系统失衡<sup>[14]</sup>，造成土壤负反馈效应加大，正反馈效应减少，即土壤健康状况不断恶化，成为限制耕地产能进一步提升的关键因素。土壤健康有狭义和广义的定义，前者多指土壤生物健康，尤其是土壤中病原菌数量的多少对植物健康的影响；后者强调土壤多功能性，反映的是土壤作为一个重要的生命系统，在其生态系统和土地使用边界范围内，以维持动植物生产力，维持或改善水和空气质量，并促进动植物和人体健康的能力<sup>[15]</sup>。可见，两种定义在本质上均突出了土壤的生物要素，核心是维持土壤的生命力与活性，强调了土壤不仅具有生产功能，还具有环境属性和生态属性等多功能性<sup>[6]</sup>。植物-土壤反馈在支撑多功能性发挥方面发挥着核心作用。植物通过根系分泌物和凋落物输入调控土壤微生物群落及其功能，进而影响养分循环、病原菌抑制和有益共生关系的建立。这些生物过程不仅决定了作物生长与健康，还影响碳氮循环、水分保持和污染物降解等关键生态功能<sup>[16]</sup>。可见，反馈是植物-土壤互作的系统反应，农田管理措施可正向或负向影响植物-土壤之间的反馈关系<sup>[17]</sup>。因此，正反馈或负反馈过程直接塑造了土壤健康的状态，并决定其在生产力、环境质量和生态服务等多功能维度上的表现。换言之，植物-土壤反馈机制是推动土壤多功能性实现与土壤健康提升的重要生物学纽带。

植物-土壤反馈突破了目前集约化农田系统基于作物导向或者土壤导向的单向研究范式，反映了作物和农田管理对土壤的长期效应，以及土壤性状的改变对作物生产的系统影响。正向反馈表明土壤越来越健康，作物产量提高；负向反馈表明土壤健康恶化，产量下降。因此，植物-土壤反馈是一种系统化的研究范式，强调地上-地下耦合增效，提高资源利用效率，实现增产增效协同。植物-土壤反馈正向调控的最终目标是实现作物高产与土壤健康的协同，即“地越种越好”，其核心是通过植物-土壤-微生物互作提高土壤内在效率，尤其是发挥地上和地下以及生物网络的互作效应，通过解析植物-根际-土壤生物互作的反馈机制，明确驱动反馈效应的关键因子与土壤健康的内在关联，建立以正反馈效应为目标的土壤健康决策系统和管理技术，发展土壤健康与作物高产协同的长效可持续管理模式。

## 2 植物-土壤反馈机制创新

植物-土壤反馈理论的核心是通过强化植物-根际-土壤生物的互作，减少对外部的依赖性，并促进土壤健康的整体提升。植物通过分泌有机物和信号分子塑造微生物群落，而微生物则通过固氮、溶磷、产铁载体、分泌激素或抗生素等方式，不仅促进植物营养获取、生长发育与抗逆性<sup>[18]</sup>，还改善土壤有机质积累、养分循环效率和生物多样性。植物-微生物互作既能增强植株个体健康与产量，又能提升土壤的抑病能力、结构稳定性和生态韧性，在农田生态系统养分循环、病害防控和农业可持续发展中发挥关键作用<sup>[19]</sup>。因此，植物-土壤正向反馈的关键是充分发挥根际生命共同体在维持和塑造土壤健康中的作用<sup>[20]</sup>，深入理

解植物-微生物间、微生物-微生物间物质、能量和信息流动的互作过程和机制，并在此基础上优化田间管理措施，定向调控土壤多功能。近年来，植物分子生物学和微生物组学的发展，极大地推动了植物-微生物互作在功能代谢水平的研究，通过挖掘植物功能性状（如根系分泌物、信号和基因）来招募有益微生物或抑制有害微生物，实现植物基因组与微生物基因组耦联互作。尤其是理解有益微生物-病原菌-腐生菌组成的生物网络互作关系，发挥土壤生物学潜力，强化生态功能，从而在降低外部投入的同时，全面提升农田系统的内在效率与健康水平（图2）。



注：括号中的+和-分别表示正向和负向相互作用。Note: The plus and minus signs in parentheses indicate positive and negative interactions, respectively.

图2 植株个体层面植物-土壤反馈机制（修改自 Wang 等<sup>[17]</sup>）

Fig. 2 Plant-soil feedback mechanisms at the individual plant level (Modified from Wang et al.<sup>[17]</sup>)

## 2.1 调控植物功能性状强化根际微生物与土壤功能

根际有益微生物在促进植物生长和健康方面发挥重要作用，包括增强养分有效性、调节激素合成以及提高植物抗逆能力等<sup>[21-22]</sup>。最新研究表明，植物的分子信号物质在塑造这些微生物方面发挥重要作用，例如，类黄酮促进根瘤菌共生<sup>[23]</sup>，不仅改善植物氮素营养，也有助于提高土壤氮素库的生物可利用性；槲皮素和独脚金内酯影响 AMF 定殖<sup>[19]</sup>，可增强土壤磷素活化与团聚体稳定性；香豆素等通过激活微生物功能促进铁元素的吸收利用<sup>[24]</sup>。此外，植物基因组也影响根际微生物群落组装与构建。例如，苜蓿皮层中启动细胞分裂和根瘤菌侵染的同源基因 SHR-SCR 干细胞分子模块<sup>[25]</sup>，是豆科植物结瘤固氮的关键基因，对其进行改造和挖掘，有助于提高非豆科植物的固氮潜力，增强土壤氮素周转能力。籼稻比粳稻具有更高的氮素利用效率，这可能与硝酸盐转运蛋白 NRT1.1B 参与招募有机氮矿化相关细菌有关，对相关功能基因进行定向改造，将进一步强化稻田氮循环与土壤肥力提升<sup>[26]</sup>。另一个例子是以磷饥饿响应为核心的调控网络，通过 P1BS 顺式元件调控与 AMF 共生相关

的基因表达, 而 SPX 结构域蛋白则抑制这些基因并阻止菌根真菌的侵染<sup>[27]</sup>, 为通过基因调控促进土壤磷素活化提供了可能。在高粱中发现植物铁载体 (TOM1) 也是潜在的调控靶标, 其缺失会增加放线菌的相对丰度, 提高植物的抗旱能力<sup>[28]</sup>。因此, 上述植物功能性状的挖掘不仅有助于强化作物与根际有益微生物的相互作用, 也为改善土壤养分循环、微生物多样性和生态韧性提供了新的分子靶点。

在农业生产中, 病虫害导致的负反馈作用是作物减产的重要方面<sup>[3]</sup>。病菌侵染植物后, 宿主通过识别微生物相关分子模式 (MAMPs), 激活诱导系统抗性反应<sup>[29]</sup>, 进而合成多种防御化合物, 如植保素 (camalexin)<sup>[30]</sup>、吲哚硫代葡萄糖苷 (indolic glucosinolates) 等<sup>[31]</sup>。遗传筛选揭示了多种抗病关键通路, 例如受体蛋白激酶 FERONIA 突变可降低病原菌入侵后植株根内活性氧的表达水平, 有利于富集假单胞菌等有益微生物<sup>[32]</sup>。玉米根系释放的苯并噁嗪类化合物 (benzoxazinoids) 通过改变根际微生物, 提高茉莉酸依赖的系统防御性信号, 从而增强玉米对草地贪夜蛾 (*Spodoptera frugiperda*) 的防御能力<sup>[33]</sup>; 黄瓜根系通过分泌苏糖酸 (threonic acid) 与赖氨酸 (lysine) 招募芽孢杆菌 (*Bacillus*) 和鞘氨醇单胞菌 (*Sphingomonas*), 提高活性氧水平抑制尖孢镰刀菌 (*Fusarium oxysporum*) 的侵染<sup>[34]</sup>。可见在遭受病虫害侵袭时, 通过挖掘作物抗性基因或根系分泌物, 招募抑病型有益微生物提高其抗病能力, 有助于实现对有害微生物的靶向消滅。

## 2.2 功能微生物潜力挖掘与健康土壤培育

功能微生物资源库的建设、基因资源挖掘, 微生物肥料、生物农药、微生物菌剂等产品的开发, 是农业与生物技术融合的前沿方向。功能微生物的靶向筛选与应用不仅可促进作物生长, 提高作物抗逆能力, 还可减少外源投入, 提升土壤健康水平。例如, 在抗病方面, 对抑病型微生物的开发和利用被看作是替代化学农药的绿色方案。许多生防菌株, 例如芽孢杆菌和假单胞菌, 可合成多种抗菌代谢物, 包括吩嗪、硝吡咯菌素、2, 4-二乙酰间苯三酚、藤黄绿脓菌素、烟酰胺及张力蛋白等<sup>[35]</sup>。这些化合物多由非核糖体肽合成酶 (NRPSs) 和聚酮合酶 (PKSs) 介导合成。因此, NRPS 和 PKS 基因高表达的菌株通常表现出更强的抑病能力<sup>[37-38]</sup>。此外, 铁作为微量元素, 对微生物也是一种稀缺资源。铁载体分泌型微生物可通过竞争铁元素限制病原菌对铁的吸收利用, 从而抑制病菌生长<sup>[36-37]</sup>。而且, 病害的发生与作物不同时期根际细菌群落结构和功能特性密切相关, 作物苗期细菌群落的差异能够决定作物生长后期的发病情况<sup>[38]</sup>, 因此, 作物生长早期通过种子包衣或幼苗期接种生防菌群可能是病害防控的有效策略, 也有助于在生长季早期建立健康的土壤微生态。

在非生物胁迫方面, 干旱胁迫促使高粱根际富集更多革兰氏阳性细菌, 其中链霉菌属 (*Streptomyces* spp.) 丰度最高, 其可促进碳水化合物与氨基酸代谢及转运相关基因表达, 增强植物抗旱性<sup>[38]</sup>。在酸性土壤中, 由红城红球菌 (*Rhodococcus erythropolis*) 和铜绿假单胞菌 (*Pseudomonas aeruginosa*) 组成的土壤细菌功能菌群的铝耐受性优于单独接种, 为设计合成微生物菌群以支持酸性土壤地区的水稻生产和提升土壤功能稳定性提供了可能<sup>[39]</sup>。

土壤中另一类具有重要功能的类群为腐生型生物, 在物质周转与养分循环中发挥重要作用。植物凋落物<sup>[40]</sup>与根系分泌物<sup>[41]</sup>共同影响腐生生物功能的发挥, 通过物理 (如凋落层厚度)、化学 (如养分有效性、次生代谢物) 及生物 (如土壤微生物群落变化) 等途径形成不同的土壤反馈效应。例如, 腐生菌通过“本土优势 (home-field advantage) 加速凋落物分解<sup>[42-43]</sup>与养分释放<sup>[44]</sup>, 不仅可为植物提供可利用养分, 还能促进有机质形成、改善团聚体结构, 形成正反馈。然而, 若土壤有机质补充不足, 微生物代谢活动会加剧碳损失, 使养分有效性下降, 同时降低土壤生物多样性, 增加病害易感性, 引发负反馈效应。此外, 研究表明, 凋落物分解过程中释放的胞外 DNA 会抑制根系生长与种子萌发<sup>[45-46]</sup>, 但其具体作用机制尚未明确。腐生菌种类繁多, 很难通过人为干预调控其定向发挥功能。但是, 通



过定性和定量地改变碳输入种类和数量, 可能有助于增强腐生型微生物驱动的正反馈效应。例如, 粪肥、堆肥、作物残茬或覆盖作物等有机物料在碳、氮等养分含量、可分解性及对微生物活性的影响上各不相同, 可通过调控有机物料的相对比例, 使其更有利于发挥腐生菌在养分循环、结构稳定性和土壤功能提升中的作用。

### 3 正反馈效应培育的技术途径

现代作物育种过分注重高产性状的挖掘, 忽视了其他的遗传多样性, 尤其削弱了作物与根际微生物共生能力<sup>[47]</sup>。另一方面, 单一化种植与过量投入化学品等加剧了土壤中病原菌的增殖<sup>[48-49]</sup>, 导致土壤负反馈作用加剧, 削弱了土壤健康功能的发挥。基于此, 优化田间管理措施, 强化作物-土壤之间的有益互作, 成为构建正反馈体系, 定向提升土壤健康的关键路径。本文重点探讨作物-微生物协同育种、养分优化管理、保护性耕作和多样化种植等策略, 阐明其在促进土壤有益微生物群落、抑制病原菌繁殖、改善土壤生物功能等方面的作用机制 (图 3), 以期为实现作物高产与土壤健康的协同优化提供理论与技术参考。

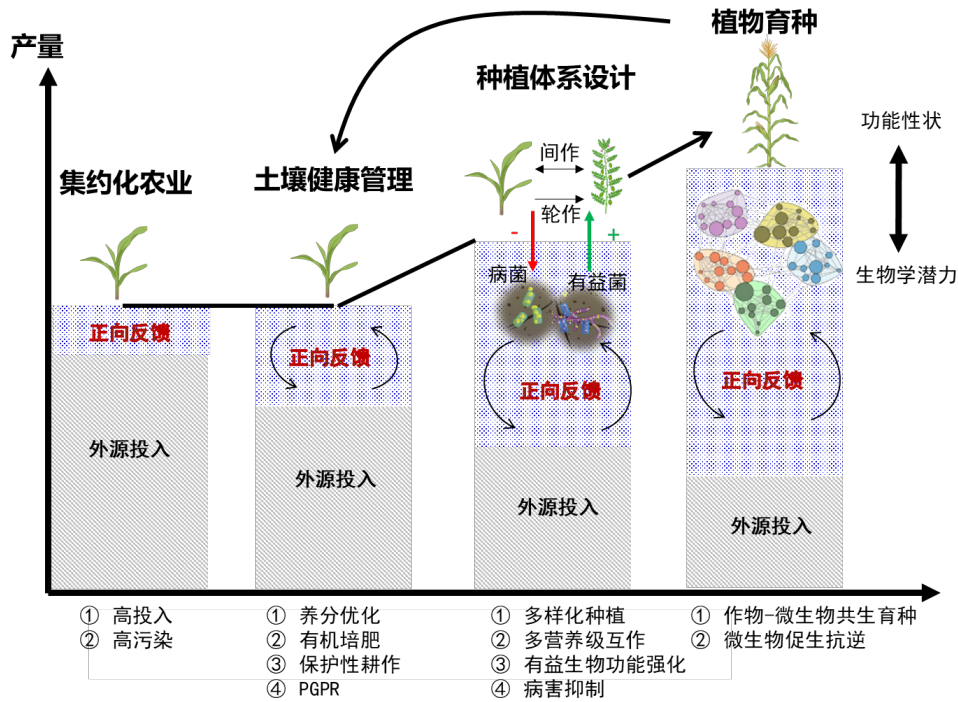


图 3 植物-土壤正反馈效应培育的技术途径

Fig. 3 Technical pathways for cultivating positive plant-soil feedback effects

#### 3.1 挖掘有益微生物组的遗传潜力

与现代栽培品种相比, 野生近缘种与根际微生物结合更紧密, 这些微生物在促进植物营养、生长和健康方面发挥重要作用<sup>[50]</sup>。因此, 利用野生近缘种挖掘有益微生物资源并实现稳定遗传, 有助于推动植物-微生物共生育种, 强化植物-土壤正向反馈, 还可为构建多样性的土壤微生物群落, 维持土壤生态功能提供新的途径。例如, 在盐胁迫条件下, 野生大豆 (*Glycine soja*) 通过根系分泌黄嘌呤, 招募假单胞菌属有益微生物, 增强作物耐盐能力<sup>[51]</sup>。赤霉病是镰刀菌属引起的小麦常见病害, 来源于小麦近缘植物长穗偃麦草中的 Fhb7 基因是抗赤霉病主效基因, 而该基因很可能是通过基因水平转移, 从香柱内生真菌整合进了长穗偃麦草基因组, 从而进化出抗镰刀菌属病原菌侵染的功能<sup>[52]</sup>。此外, 现代基因组学

技术为挖掘相关功能基因，招募有益微生物提供了可能。例如，在玉米中，编码 TPX2 结构域蛋白的基因能够调控侧根密度，促进有益菌属 *Massilia* 的增殖，进而提高植物在缺氮条件下的生长性能<sup>[53]</sup>。在番茄中，RIPENING-INHIBITOR 转录因子通过调节根系分泌物（包括核黄素与 3-羟基黄酮）以及根际微生物（如链霉菌属），增强了对青枯病菌的抗性<sup>[54]</sup>。

作物的微生物群落能够通过种子进行纵向传递，形成跨世代的土壤微生物“遗产”。种子携带的微生物群落经继代传递，对种子的萌发、幼苗存活、植株生长产生显著影响。研究表明，在花粉中接种特定的微生物群落，可通过生殖发育被传递至下一代种子，影响后代植物的生长表现<sup>[55]</sup>。然而，种子微生物群落的组成具有植物宿主特异性，同时受到驯化过程、栽培管理和育种活动的深刻影响<sup>[56-57]</sup>。深入探究植物功能性状、关键基因及相关微生物群落之间的相互作用机制，对于稳定作物-微生物互作关系，提升土壤生态系统服务功能具有重要的意义。

### 3.2 优化养分管理

在农田生态系统中，作物产量主要受田间管理、外部投入以及土壤内部生物过程的共同影响。在低投入条件下，作物产量主要依赖土壤生物过程，通过分解植物残体和土壤有机质释放养分，供给作物生长。此时，养分的供应量通常较低，且波动性较大，产量的进一步提升需要依赖化肥等外源投入。研究表明，化肥对作物产量的贡献最高可达 50%<sup>[58]</sup>，但过量施肥会降低土壤中有益微生物多样性和功能，如 AMF 和根瘤菌等<sup>[59-60]</sup>，同时削弱土壤微生物固有的养分周转能力。此外，施肥可能增加土壤中寄生菌和病原菌的丰度<sup>[61-62]</sup>。因此，优化外源投入的数量和质量、提升土壤生物功能，是实现作物高产与土壤可持续利用的关键。例如，在大豆—玉米轮作体系中，包膜控释尿素深施可在保持高产潜力的同时，减少根际根瘤菌数量的下降<sup>[63]</sup>。与高磷施用水平（100 kg·hm<sup>-2</sup>）相比，低磷处理（25 kg·hm<sup>-2</sup>）可显著促进 AMF 的定殖和生长<sup>[59]</sup>。然而，不同资源投入强度和环境下，作物产量与土壤微生物功能之间的关系仍需进一步深入研究。

减少化肥投入的另一项关键举措为施用有机物料。秸秆还田或有机肥施用可促进土壤有机质积累，改善团聚体结构，同时提高作物产量和产量稳定性<sup>[64-65]</sup>。有机物料的补充为土壤微生物群落提供了多样化的碳源和能量，提升了微生物多样性及其竞争与拮抗潜力，从而增强了对土传病原菌的抑制能力<sup>[66]</sup>。在有机农业体系中，根际微生物通过促进番茄（*Solanum lycopersicum*）叶片中水杨酸的积累，增强了对甜菜叶蝉（*Circulifer tenellus*）等害虫的抗性<sup>[67]</sup>。此外，有机物的添加还能提升 AMF 的生物量，并通过食真菌原生动物和线虫改变 AMF 的群落结构，进而提高磷转运蛋白基因 ZMPht1;6 的表达水平和作物生产力<sup>[68]</sup>。然而，来源于畜禽粪肥或污泥的有机肥可能包含抗生素抗性基因等环境风险因子，对土壤健康和公共卫生安全构成潜在威胁<sup>[69]</sup>。因此，未来的农业管理需在保障养分供给和作物产量的同时，最大化土壤生物功能，降低投入带来的环境风险，实现产量、土壤健康与生态安全的协同提升。

### 3.3 保护性耕作

保护性农业倡导通过少耕或免耕最大程度减少土壤扰动，这在一定程度上能够改善土壤结构、增加土壤有机碳含量并提升生物多样性，有利于提高养分和水分利用效率，实现更可持续的作物生产<sup>[70-71]</sup>。长期试验研究表明，与传统耕作相比，少耕或免耕不仅提高小麦产量，还显著增加了土壤有机碳和全氮含量<sup>[72]</sup>，土壤有机碳的提升在于稳定性微团聚体的形成以及矿物结合态碳周转速率的下降<sup>[73]</sup>。有机质的积累进一步增强了土壤的保水保肥能力，对于干旱和半干旱区农业生产尤为关键<sup>[74-75]</sup>。值得注意的是，微生物残体碳是稳定性碳的重要来源，对土壤有机碳总量的贡献超过 50%<sup>[76]</sup>，在保护性耕作模式下，土壤扰动的减少可促进微生物的生长和繁殖，进一步提升微生物源碳的贡献。其中，真菌残体的贡献



可达细菌残体的两倍，在长期土壤碳库积累中作用更为显著<sup>[77]</sup>。

保护性耕作在多营养级调控方面同样具有积极效应。例如，少耕或免耕可增加土壤节肢动物捕食者的种群数量，有助于控制害虫、维护植物健康<sup>[78]</sup>。同时，减少扰动也有利于增强微生物介导的拮抗作用，如细菌或真菌对病原菌的竞争和抑制<sup>[79]</sup>。然而，保护性耕作往往配套秸秆还田等措施，秸秆覆盖和少耕可能导致杂草滋生，也可能携带病原菌进入土壤，导致病原菌积累和病害加重<sup>[80-81]</sup>。在冷凉或高湿地区，秸秆覆盖可能导致土壤温度低、播种困难，增加作物减产的风险<sup>[82]</sup>。因此，应结合区域生态条件、作物体系及病害发生规律，制定因地制宜的秸秆还田策略与配套技术方案，最大化实现土壤健康与生产力的协同效益。

### 3.4 多样性种植

作物多样性对于提升农业生产可持续性和韧性具有重要意义<sup>[83-84]</sup>。由于不同作物对气候与环境扰动的敏感性存在差异，在面对极端气候、病虫害暴发等压力时，多样性高的作物系统能够更好地缓冲胁迫压力，从而维持农业系统的稳定性。轮作是最常见的作物多样化种植方式，不仅能抑制病虫害，还可改善土壤理化性质和养分状况<sup>[85]</sup>。相比小麦-玉米或玉米-大豆等传统两季轮作体系，多样化程度更高的轮作体系对作物产量、土壤肥力和经济效益更具优势<sup>[86-87]</sup>。然而，更多作物种类的种植意味着需要投入大量机械设备和更专业的管理技术，阻碍了其在生产中的广泛应用<sup>[88]</sup>。

间作是另一种重要的作物多样化方式，将两种及以上作物在同一地块共同种植，通过作物间互补与互作提升系统整体生产力和多种生态系统服务功能<sup>[89]</sup>。例如，由于多数病菌通常具有宿主专一性，间套作体系由于非宿主作物的引入，可改变土壤生物类群，稀释或抑制病菌的负反馈效应<sup>[90-91]</sup>。尤其是在亲缘关系较远的作物组合中，共享病原菌的概率更低，抑病效果可能更显著<sup>[92-93]</sup>。此外，植物多样性还能促进农田食物网多营养级之间的相互作用，通过提升捕食性天敌和寄生蜂等有益生物的活性，减少害虫危害<sup>[94]</sup>。在长期尺度上，这种生物多样性驱动的正向植物-土壤反馈不仅有助于提升产量，还能增强土壤肥力与健康水平<sup>[95]</sup>，为构建高产、稳产且生态友好的农业系统奠定基础。

### 3.5 覆盖作物

在农田休耕期种植覆盖作物（cover crops）是改良和保护土壤的重要农艺措施。覆盖作物可提高有益微生物丰度，降低病原菌丰度，并通过根系分泌物和枯枝落叶的腐解提升土壤肥力。例如，种植红花苜蓿（*Trifolium pratense*）和紫云英（*Vicia villosa*）等豆科植物可以有效固定大气中的氮，增加土壤可利用氮含量，并促进后茬作物的生长<sup>[96]</sup>。冬季种植覆盖作物可促进 AMF 生长，使后茬作物根系的 AMF 侵染率显著提高 30%，且种植豆科覆盖作物的效益优于禾本科以及非豆科双子叶作物<sup>[97]</sup>。在轮作体系中，以豌豆（*Pisum sativum*）和燕麦（*Avena sativa*）为覆盖作物时，能够有效维系土壤中的蚯蚓种群，起到改善土壤结构、促进凋落物分解并增强养分循环的作用<sup>[98]</sup>。一些覆盖作物还具备抑病作用，如黑麦（*Secale cereal*）和冬油菜（*Brassica napus*）能有效抑制立枯丝核菌（*Rhizoctonia solani*）和大豆胞囊线虫（*Heterodera glycines*）等土壤病原菌<sup>[99]</sup>。这些正面效应共同促进了土壤物理、化学与生物功能的恢复与提升。

然而，覆盖作物也可能带来潜在风险。其与主粮作物混作时可能引发养分和水分竞争，降低主粮作物资源利用效率<sup>[100-101]</sup>。部分覆盖作物残茬会释放化感物质<sup>[102]</sup>，抑制后茬作物萌发与生长；此外，残茬还可能为病虫害提供越冬栖息地，从而加重病虫害压力<sup>[103]</sup>。因此，覆盖作物的选择和种植体系设计应综合考虑当地气候条件、土壤类型、作物品种以及潜在病虫害风险，以确保其在提升土壤健康的同时最大化农业生产效益。

## 4 总结与展望

综上, 当前农业发展面临双重压力——既要保障粮食安全, 又要守住生态红线。在这一背景下, “绿色增产”成为核心目标。然而, 实现这一目标必须突破传统“高投入—高产”的模式, 转向高效、生态、绿色的范式。植物-土壤正向反馈效应的持续提升, 是绿色增产的基础保障和重要的生态载体。从系统角度, 需要构建起“植物—微生物—土壤—管理措施”多维协同机制, 通过系统性、过程性和生态化的综合管理路径, 减少外部投入, 提升生态系统的内生动力, 实现土壤健康与作物高产、生态健康的协同, 推动绿色增产与农业高质量发展。未来, 应重点从以下三个方面加强相关理论创新与应用研究工作:

1) 构建根际生命共同体视角下的正向反馈机制, 拓展植物-土壤互作理论边界。以根际生命共同体理论为基础, 系统揭示植物基因组与代谢组对根际微生物群落组装与构建的调控机制; 挖掘作物野生近缘种中的优异基因, 发展基于植物-微生物互作的新型育种模式; 突破植物-微生物信号识别、核心微生物根际定殖及互作增效的分子机理, 阐明根际微生物种间关系对作物生长与抗逆的作用途径与调控机制。

2) 发展基于土壤健康和绿色增产协同的新产品和新技术, 重构农田管理模式, 支撑农田生态系统的持久韧性。改变现代农业以“投入-产出”为核心的范式, 重构以土壤健康为基础的农业可持续发展路径, 推动从“产量驱动型农业”向“多功能协同生态型农业”转型。利用合成生物学等技术, 研发新型生物刺激素和益生元, 建立根际微生态定向调控技术体系, 实现作物促生、抑病与养分高效利用的协同增效; 充分挖掘和利用有机资源, 推广保护性耕作和作物多样化配置, 强化作物-土壤-微生物互作的正反馈效应; 匹配耕作方式、品种与管理措施, 建立“作物-土壤-管理”三元耦合调控技术模式, 实现作物生产、土壤健康和生态安全多目标协同发展。

3) 构建以健康土壤培育为核心的农业绿色发展新格局, 推动农业高质量发展。将土壤健康纳入耕地质量评价与粮食安全战略指标, 依据自然资源禀赋和土壤类型, 因地制宜, 用养结合, 制定区域化土壤健康整体提升路径, 形成区域和全国解决方案; 结合人工智能和智慧化技术, 建立天-空-地一体化立体监测系统, 构建以土壤多功能性与产能协同提升为核心的决策支持系统; 形成“健康评价-技术优化-绿色增产”全链条的土壤健康管理技术模式, 实现绿色增产与提质增效的有机结合, 打造农业绿色发展新格局。

## 参考文献 (References)

- [1] 国家统计局. 国家统计局关于 2024 年粮食产量数据的公告[DB/OL]. [2024-12-13]. [https://www.stats.gov.cn/sj/zxfb/202412/t20241213\\_1957744.html](https://www.stats.gov.cn/sj/zxfb/202412/t20241213_1957744.html). [National Bureau of Statistics. Announcement of the National Bureau of Statistics on Grain Production Data in 2024] [DB/OL]. [2024-12-13]. [https://www.stats.gov.cn/sj/zxfb/202412/t20241213\\_1957744.html](https://www.stats.gov.cn/sj/zxfb/202412/t20241213_1957744.html).
- [2] Li Y B, Wang S H, Xu L Y, et al. Comparative analysis of fertilizer application and yield benefits between China and America[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2021(5): 252-259. [李圆宾, 王舒华, 徐璐瑶, 等. 中美肥料施用及产出效益对比分析[J]. *中国土壤与肥料*, 2021(5): 252-259.]
- [3] 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: 430-439.
- [4] Gao S Q, Hu Z M, Wang H S, et al. Nine-Step Approach of smart agricultural helps grain production reduce costs, increase yield and efficiency[J]. *Bulletin of Chinese Academy of Sciences*, 2024, 39(1): 198-209. [高树琴, 胡兆民, 王竑晟, 等. 智慧农业助力粮食生产节本增产增效的“九步法”[J]. *中国科学院院刊*, 2024, 39(1): 198-209.]
- [5] Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China. Bulletin of national cultivated land quality grade in 2019[R]. *Bulletin of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China*, 2020(4): 113-121. [中华人民共和国农业农村部. 2019 年全国耕地质量等级情况公报[R]. *中华人民共和国农业农村部公报*, 2020(4): 113-121.]
- [6] Li Y Z, Zhang J Z, Jia J Y, et al. Research progresses on farmland soil ecosystem multifunctionality[J]. *Acta Pedologica Sinica*,

2022, 59(5): 1177-1189. [李奕赞, 张江周, 贾吉玉, 等. 农田土壤生态系统多功能性研究进展[J]. 土壤学报, 2022, 59(5): 1177-1189.]

[7] Sun B, Zhu A N, Yao R J, et al. Research progress on barrier remediation technology and productivity enhancement model for fluvo-aquic soil, red soil, and saline-alkali soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2023, 60(5): 1231-1247. [孙波, 朱安宁, 姚荣江, 等. 潮土、红壤和盐碱地障碍消减技术与产能提升模式研究进展[J]. 土壤学报, 2023, 60(5): 1231-1247.]

[8] Bever J D, Westover K M, Antonovics J. Incorporating the soil community into plant population dynamics: The utility of the feedback approach[J]. Journal of Ecology, 1997, 85(5): 561-573.

[9] van der Putten W H, Bardgett R D, Bever J D, et al. Plant-soil feedbacks: The past, the present and future challenges[J]. Journal of Ecology, 2013, 101(2): 265-276.

[10] Bever J D. Soil community feedback and the coexistence of competitors: Conceptual frameworks and empirical tests[J]. New Phytologist, 2003, 157(3): 465-473.

[11] Wolfe B E, Klironomos J N. Breaking new ground: Soil communities and exotic plant invasion[J]. BioScience, 2005, 55(6): 477-487.

[12] Suding K N, Stanley Harpole W, Fukami T, et al. Consequences of plant-soil feedbacks in invasion[J]. Journal of Ecology, 2013, 101(2): 298-308.

[13] Kardol P, Martijn Bezemer T, van der Putten W H. Temporal variation in plant-soil feedback controls succession[J]. Ecology Letters, 2006, 9(9): 1080-1088.

[14] Zhang J L, Zhang J Z, Zhang Y L, et al. A temporal framework for building up of healthy soils[J]. Frontiers of Agricultural Science and Engineering, 2024, 11(2): 292-296.

[15] 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.

[16] Crowther T W, Rappuoli R, Corinaldesi C, et al. Scientists' call to action: Microbes, planetary health, and the Sustainable Development Goals[J]. Cell, 2024, 187(19): 5195-5216.

[17] Wang G Z, van der Putten W H, Klironomos J, et al. Steering plant-soil feedback for sustainable agriculture[J]. Science, 2025, 389(6758): eads2506.

[18] Trivedi P, Leach J E, Tringe S G, et al. Plant-microbiome interactions: From community assembly to plant health[J]. Nature Reviews Microbiology, 2020, 18(11): 607-621.

[19] Trivedi P, Mattupalli C, Eversole K, et al. Enabling sustainable agriculture through understanding and enhancement of microbiomes[J]. New Phytologist, 2021, 230(6): 2129-2147.

[20] Shen J B, Bai Y, Wei Z, et al. Rhizobiont: An interdisciplinary innovation and perspective for harmonizing resources, environment, and food security[J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, 58(4): 805-813. [申建波, 白洋, 韦中, 等. 根际生命共同体: 协调资源、环境和粮食安全的学术思路与交叉创新[J]. 土壤学报, 2021, 58(4): 805-813.]

[21] Berendsen R L, Pieterse C M J, Bakker P A H M. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. Trends in Plant Science, 2012, 17(8): 478-486.

[22] Philippot L, Raaijmakers J M, Lemanceau P, et al. Going back to the roots: The microbial ecology of the rhizosphere[J]. Nature Reviews Microbiology, 2013, 11(11): 789-799.

[23] Sasse J, Martinoia E, Northen T. Feed your friends: Do plant exudates shape the root microbiome?[J]. Trends in Plant Science, 2018, 23(1): 25-41.

[24] Harbort C J, Hashimoto M, Inoue H, et al. Root-secreted coumarins and the microbiota interact to improve iron nutrition in *Arabidopsis*[J]. Cell Host & Microbe, 2020, 28(6): 825-837.

[25] Dong W T, Zhu Y Y, Chang H Z, et al. An SHR-SCR module specifies legume cortical cell fate to enable nodulation[J]. Nature, 2021, 589(7843): 586-590.

[26] Zhang J Y, Liu Y X, Zhang N, et al. NRT1.1B is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37(6): 676-684.

- [27] Shi J C, Zhao B Y, Zheng S, et al. A phosphate starvation response-centered network regulates mycorrhizal symbiosis[J]. Cell, 2021, 184(22): 5527-5540.
- [28] Xu L, Dong Z B, Chiniqy D, et al. Genome-resolved metagenomics reveals role of iron metabolism in drought-induced rhizosphere microbiome dynamics[J]. Nature Communications, 2021, 12: 3209.
- [29] Lakshmanan V, Kitto S L, Caplan J L, et al. Microbe-associated molecular patterns-triggered root responses mediate beneficial rhizobacterial recruitment in *Arabidopsis*[J]. Plant Physiology, 2012, 160(3): 1642-1661.
- [30] Nguyen N H, Trostel-Aziz P, Clément C, et al. Camalexin accumulation as a component of plant immunity during interactions with pathogens and beneficial microbes[J]. Planta, 2022, 255(6): 116.
- [31] Frerigmann H, Piślewska-Bednarek M, Sánchez-Vallet A, et al. Regulation of pathogen-triggered tryptophan metabolism in *Arabidopsis thaliana* by MYB transcription factors and indole glucosinolate conversion products[J]. Molecular Plant, 2016, 9(5): 682-695.
- [32] Song Y, Wilson A J, Zhang X C, et al. FERONIA restricts *Pseudomonas* in the rhizosphere microbiome via regulation of reactive oxygen species[J]. Nature Plants, 2021, 7(5): 644-654.
- [33] Hu L F, Robert C A M, Cadot S, et al. Root exudate metabolites drive plant-soil feedbacks on growth and defense by shaping the rhizosphere microbiota[J]. Nature Communications, 2018, 9: 2738.
- [34] Wen T, Ding Z X, Thomashow L S, et al. Deciphering the mechanism of fungal pathogen-induced disease-suppressive soil[J]. New Phytologist, 2023, 238(6): 2634-2650.
- [35] Bhattacharyya P N, Jha D K. Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR): Emergence in agriculture[J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2012, 28(4): 1327-1350.
- [36] Carrión V J, Perez-Jaramillo J, Cordovez V, et al. Pathogen-induced activation of disease-suppressive functions in the endophytic root microbiome[J]. Science, 2019, 366(6465): 606-612.
- [37] 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.
- [38] Xu L, Naylor D, Dong Z B, et al. Drought delays development of the sorghum root microbiome and enriches for monoderm bacteria[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2018, 115(18): E4284-E4293.
- [39] Ma Z Y, Jiang M T, Liu C Y, et al. Quinolone-mediated metabolic cross-feeding develops aluminium tolerance in soil microbial consortia[J]. Nature Communications, 2024, 15: 10148.
- [40] Ciska Veen G F, Fry E L, ten Hooven F C, et al. The role of plant litter in driving plant-soil feedbacks[J]. Frontiers in Environmental Science, 2019, 7: 168.
- [41] Sokol N W, Kuebbing S E, Karlsen-Ayala E, et al. Evidence for the primacy of living root inputs, not root or shoot litter, in forming soil organic carbon[J]. New Phytologist, 2019, 221(1): 233-246.
- [42] Austin A T, Vivanco L, González-Arzac A, et al. There's no place like home? An exploration of the mechanisms behind plant litter-decomposer affinity in terrestrial ecosystems[J]. New Phytologist, 2014, 204(2):307-314.
- [43] Palozzi J E, Lindo Z. Are leaf litter and microbes team players? Interpreting home-field advantage decomposition dynamics[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2018, 124: 189-198.
- [44] Perez G, Aubert M, Decaëns T, et al. Home-Field Advantage: A matter of interaction between litter biochemistry and decomposer biota[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2013, 67: 245-254.
- [45] Mazzoleni S, Bonanomi G, Incerti G, et al. Inhibitory and toxic effects of extracellular self-DNA in litter: A mechanism for negative plant-soil feedbacks?[J]. New Phytologist, 2015, 205(3): 1195-1210.
- [46] Carteni F, Bonanomi G, Giannino F, et al. Self-DNA inhibitory effects: Underlying mechanisms and ecological implications[J]. Plant Signaling & Behavior, 2016, 11(4): e1158381.
- [47] Pérez-Jaramillo J E, Mendes R, Raaijmakers J M. Impact of plant domestication on rhizosphere microbiome assembly and functions[J]. Plant Molecular Biology, 2016, 90(6): 635-644.
- [48] Fones H N, Bebbler D P, Chaloner T M, et al. Threats to global food security from emerging fungal and oomycete crop

- pathogens[J]. *Nature Food*, 2020, 1: 332-342.
- [49] Tsiafouli M A, Thébault E, Sgardelis S P, et al. Intensive agriculture reduces soil biodiversity across Europe[J]. *Global Change Biology*, 2015, 21(2): 973-985.
- [50] Raaijmakers J M, Kiers E T. Rewilding plant microbiomes[J]. *Science*, 2022, 378(6620): 599-600.
- [51] Zheng Y F, Cao X W, Zhou Y N, et al. Purines enrich root-associated *Pseudomonas* and improve wild soybean growth under salt stress[J]. *Nature Communications*, 2024, 15: 3520.
- [52] Wang H W, Sun S L, Ge W Y, et al. Horizontal gene transfer of Fhb7 from fungus underlies *Fusarium* head blight resistance in wheat[J]. *Science*, 2020, 368(6493): eaba5435.
- [53] He X M, Wang D N, Jiang Y, et al. Heritable microbiome variation is correlated with source environment in locally adapted maize varieties[J]. *Nature Plants*, 2024, 10(4): 598-617.
- [54] 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.
- [55] Mitter B, Pfaffenbichler N, Flavell R, et al. A new approach to modify plant microbiomes and traits by introducing beneficial bacteria at flowering into progeny seeds[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 11.
- [56] Berg G, Raaijmakers J M. Saving seed microbiomes[J]. *The ISME Journal*, 2018, 12(5): 1167-1170.
- [57] Rybakova D, Mancinelli R, Wikström M, et al. The structure of the *Brassica napus* seed microbiome is cultivar-dependent and affects the interactions of symbionts and pathogens[J]. *Microbiome*, 2017, 5(1): 104.
- [58] Erisman J W, Sutton M A, Galloway J, et al. How a century of ammonia synthesis changed the world[J]. *Nature Geoscience*, 2008, 1(10): 636-639.
- [59] Liu W, Zhang Y L, Jiang S S, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in soil and roots respond differently to phosphorus inputs in an intensively managed calcareous agricultural soil[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 24902.
- [60] Weese D J, Heath K D, Dentinger B T M, et al. Long-term nitrogen addition causes the evolution of less-cooperative mutualists[J]. *Evolution*, 2015, 69(3): 631-642.
- [61] Hannula S E, Morriën E, de Hollander M, et al. Shifts in rhizosphere fungal community during secondary succession following abandonment from agriculture[J]. *The ISME Journal*, 2017, 11(10): 2294-2304.
- [62] Lekberg Y, Arnillas C A, Borer E T, et al. Nitrogen and phosphorus fertilization consistently favor pathogenic over mutualistic fungi in grassland soils[J]. *Nature Communications*, 2021, 12: 3484.
- [63] Salvagiotti F, Specht J E, Cassman K G, et al. Growth and nitrogen fixation in high-yielding soybean: Impact of nitrogen fertilization[J]. *Agronomy Journal*, 2009, 101(4): 958-970.
- [64] Ma Y Q, Woolf D, Fan M S, et al. Global crop production increase by soil organic carbon[J]. *Nature Geoscience*, 2023, 16(12): 1159-1165.
- [65] Qiao L, Wang X H, Smith P, et al. Soil quality both increases crop production and improves resilience to climate change[J]. *Nature Climate Change*, 2022, 12(6): 574-580.
- [66] Bonanomi G, Lorito M, Vinale F, et al. Organic amendments, beneficial microbes, and soil microbiota: Toward a unified framework for disease suppression[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2018, 56: 1-20.
- [67] Blundell R, Schmidt J E, Igwe A, et al. Organic management promotes natural pest control through altered plant resistance to insects[J]. *Nature Plants*, 2020, 6(5): 483-491.
- [68] Jiang Y J, Luan L, Hu K J, et al. Trophic interactions as determinants of the arbuscular mycorrhizal fungal community with cascading plant-promoting consequences[J]. *Microbiome*, 2020, 8(1): 142.
- [69] Guo Y J, Qiu T L, Gao M, et al. Does increasing the organic fertilizer application rate always boost the antibiotic resistance level in agricultural soils?[J]. *Environmental Pollution*, 2023, 322: 121251.
- [70] Su Y, Gabrielle B, Makowski D. A global dataset for crop production under conventional tillage and no tillage systems[J]. *Scientific Data*, 2021, 8: 33.
- [71] Kassam A, Friedrich T, Derpsch R. Global spread of conservation agriculture[J]. *International Journal of Environmental*

Studies, 2019, 76: 29-51.

[72] Omara P, Aula L, Eickhoff E M, et al. Influence of no-tillage on soil organic carbon, total soil nitrogen, and winter wheat (*Triticum aestivum* L.) grain yield[J]. International Journal of Agronomy, 2019: 9632969.

[73] Six J, Elliott E T, Paustian K. Soil macroaggregate turnover and microaggregate formation: A mechanism for C sequestration under no-tillage agriculture[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2000, 32(14): 2099-2103.

[74] Wang S L, Wang H, Hafeez M B, et al. No-tillage and subsoiling increased maize yields and soil water storage under varied rainfall distribution: A 9-year site-specific study in a semi-arid environment[J]. Field Crops Research, 2020, 255: 107867.

[75] Serraj R, Siddique K H M. Conservation agriculture in dry areas[J]. Field Crops Research, 2012, 132: 1-6.

[76] Liang C, Amelung W, Lehmann J, et al. Quantitative assessment of microbial necromass contribution to soil organic matter[J]. Global Change Biology, 2019, 25(11): 3578-3590.

[77] Wang B R, An S S, Liang C, et al. Microbial necromass as the source of soil organic carbon in global ecosystems[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2021, 162: 108422.

[78] Rowen E K, Regan K H, Barbercheck M E, et al. Is tillage beneficial or detrimental for insect and slug management? A meta-analysis[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2020, 294: 106849.

[79] Sturz A V, Carter M R, Johnston H W. A review of plant disease, pathogen interactions and microbial antagonism under conservation tillage in temperate humid agriculture[J]. Soil & Tillage Research, 1997, 41(3/4): 169-189.

[80] Bockus W W, Shroyer J P. The impact of reduced tillage on soilborne plant pathogens[J]. Annual Review of Phytopathology, 1998, 36: 485-500.

[81] Wang H H, Guo Q C, Li X, et al. Effects of long-term no-tillage with different straw mulching frequencies on soil microbial community and the abundances of two soil-borne pathogens[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 148: 103488.

[82] Pittelkow C M, Liang X, Linquist B A, et al. Productivity limits and potentials of the principles of conservation agriculture[J]. Nature, 2015, 517(7534): 365-368.

[83] Renard D, Tilman D. National food production stabilized by crop diversity[J]. Nature, 2019, 571(7764): 257-260.

[84] Egli L, Schröter M, Scherber C, et al. Crop asynchrony stabilizes food production[J]. Nature, 2020, 588(7837): E7-E12.

[85] McDaniel M D, Tiemann L K, Grandy A S. Does agricultural crop diversity enhance soil microbial biomass and organic matter dynamics? A meta-analysis[J]. Ecological Applications, 2014, 24(3): 560-570.

[86] Yang X L, Xiong J R, Du T S, et al. Diversifying crop rotation increases food production, reduces net greenhouse gas emissions and improves soil health[J]. Nature Communications, 2024, 15: 198.

[87] Volsi B, Higashi G E, Bordin I, et al. The diversification of species in crop rotation increases the profitability of grain production systems[J]. Scientific Reports, 2022, 12: 19849.

[88] Shah K K, Modi B, Pandey H P, et al. Diversified crop rotation: An approach for sustainable agriculture production[J]. Advances in Agriculture, 2021: 8924087.

[89] Li L. Intercropping enhances agroecosystem services and functioning: Current knowledge and perspectives[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2016, 24(4): 403-415. [李隆. 间套作强化农田生态系统服务功能的研究进展与应用展望[J]. 中国生态农业学报, 2016, 24(4): 403-415.]

[90] Zhang C C, Dong Y, Tang L, et al. Intercropping cereals with faba bean reduces plant disease incidence regardless of fertilizer input; a meta-analysis[J]. European Journal of Plant Pathology, 2019, 154(4): 931-942.

[91] Wang G Z, Bei S K, Li J P, et al. Soil microbial legacy drives crop diversity advantage: Linking ecological plant-soil feedback with agricultural intercropping[J]. Journal of Applied Ecology, 2021, 58(3): 496-506.

[92] Gilbert G S, Webb C O. Phylogenetic signal in plant pathogen-host range[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2007, 104(12): 4979-4983.

[93] Parker I M, Saunders M, Bontrager M, et al. Phylogenetic structure and host abundance drive disease pressure in communities[J]. Nature, 2015, 520(7548): 542-544.

[94] Wan N F, Zheng X R, Fu L W, et al. Global synthesis of effects of plant species diversity on trophic groups and interactions[J].



Nature Plants, 2020, 6(5): 503-510.

[95] Li X F, Wang Z G, Bao X G, et al. Long-term increased grain yield and soil fertility from intercropping[J]. Nature Sustainability, 2021, 4: 943-950.

[96] Perrone S, Grossman J, Liebman A, et al. Nitrogen fixation and productivity of winter annual legume cover crops in Upper Midwest organic cropping systems[J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2020, 117(1): 61-76.

[97] Bowles T M, Jackson L E, Loeher M, et al. Ecological intensification and arbuscular mycorrhizas: A meta-analysis of tillage and cover crop effects[J]. Journal of Applied Ecology, 2017, 54(6): 1785-1793.

[98] Roarty S, Hackett R A, Schmidt O. Earthworm populations in twelve cover crop and weed management combinations[J]. Applied Soil Ecology, 2017, 114: 142-151.

[99] Wen L, Lee-Marzano S, Ortiz-Ribbing L M, et al. Suppression of soilborne diseases of soybean with cover crops[J]. Plant Disease, 2017, 101(11): 1918-1928.

[100] Uchino H, Iwama K, Jitsuyama Y, et al. Yield losses of soybean and maize by competition with interseeded cover crops and weeds in organic-based cropping systems[J]. Field Crops Research, 2009, 113(3): 342-351.

[101] Holman J D, Arnet K, Dille J, et al. Can cover or forage crops replace fallow in the semiarid central Great Plains?[J]. Crop Science, 2018, 58(2): 932-944.

[102] Koehler-Cole K, Everhart S E, Gu Y, et al. Is allelopathy from winter cover crops affecting row crops?[J]. Agricultural & Environmental Letters, 2020, 5(1): e20015.

[103] Bakker M G, Acharya J, Moorman T B, et al. The potential for cereal rye cover crops to host corn seedling pathogens[J]. Phytopathology, 2016, 106(6): 591-601.

(责任编辑: 卢萍)