

吴金平, 周洁, 白雅帆, 匡一迪. 根际微生物组与根系分泌物协同调控土传病害的研究进展 [J]. 土壤学报, 2026,
WU Jinping, ZHOU Jie, BAI Yafan, KUANG Yidi. Research Progress on Synergistic Regulation of Plant Diseases by Rhizosphere
Microbiome and Root Exudates[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026,

根际微生物组与根系分泌物协同调控土传病害的研究进展*

吴金平¹, 周洁¹, 白雅帆^{1,2}, 匡一迪^{1,3}

(1. 农业农村部高山蔬菜生态栽培重点实验室/湖北省蔬菜种质创新与遗传改良重点实验室/湖北省农业科学院经济作物研究所, 武汉 430064; 2. 华中农业大学园艺林学学院, 武汉 430072; 3. 长江大学园林园艺学院, 湖北荆州 434023)

摘要: 全球人口增长与环境变化背景下, 集约化农业连作模式加剧了土传病害频发与连作障碍, 传统化学防控难以适配农业绿色可持续发展需求。健康土壤是作物抗病与产能稳定的基础, 根际作为“土壤—植物—微生物”互作的核心微域, 其微生物组与根系分泌物的双向动态协同调控是土传病害防御的核心内在机制。根系分泌物通过特异性信号分子定向调控根际微生物组功能基因表达, 既可驱动有益菌群富集与抗病功能激活, 也可能在连作条件下定向富集病原菌, 形成恶性互作; 根际微生物组则通过代谢产物反哺植物根系, 优化分泌物组成与分泌节律, 二者共同构成“良性互作—恶性互作”的动态平衡网络。土壤质地、pH、有机质含量等理化特性在此过程中发挥关键介导作用, 直接影响互作效率与病害防控效果。本文系统综述了二者协同抗病的核心路径: 根系分泌物通过“浓度/类型依赖性”机制直接抑制病原菌或定向招募有益微生物; 根际微生物组通过直接拮抗、营养竞争、免疫激活、自毒物质降解等多重途径抑制病害。在此基础上, 总结了合成微生物群落构建、农业实践优化、基因编辑与合成生物学等技术创新, 分析当前技术田间推广的瓶颈, 提出未来需构建“土壤类型—代谢物—受体—基因”精准调控网络, 建立“短期—中期—长期”三级生态风险评估体系, 为破解连作障碍下作物产能保障与生态安全的矛盾提供理论支撑与技术路径, 同时为根际微生态调控对其他类型植物病害的协同抑制提供参考。

关键词: 根际微生物组; 根系分泌物; 协同调控; 土传病害; 分子机制; 生态风险

中图分类号: S154.3

文献标志码: A

Research Progress on Synergistic Regulation of Soil-Borne Diseases by Rhizosphere Microbiome and Root Exudates

WU Jinping¹, ZHOU Jie¹, BAI Yafan^{1,2}, KUANG Yidi^{1,3}

(1. Key Laboratory of Vegetable Ecological Cultivation on Highland, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Hubei Key

*国家自然科学基金项目(32072558)和湖北省农业科技创新中心创新团队项目(2024-620-000-001-007)资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 32072558), and the Innovation Team Project of Hubei Provincial Agricultural Science and Technology Innovation Center, China (No. 2024-620-000-001-007)

作者简介: 吴金平(1978—), 女, 安徽合肥人, 博士, 研究员, 主要从事土壤健康与生态调控研究。E-mail: 274184394@qq.com
收稿日期: 2025-10-14; 收到修改稿日期: 2026-02-03; 网络首发日期(www.cnki.net):

Laboratory of Vegetable Germplasm Enhancement and Genetic Improvement/Industrial Crops Institute, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China; 2. College of Horticulture and Forestry Sciences of Huazhong Agricultural University, Wuhan 430072, China; 3. College of Horticulture and Gardening, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434023, China)

Abstract: Against the backdrop of global population growth and environmental changes, intensive agriculture under continuous cropping systems has exacerbated the frequent occurrence of soil-borne diseases and continuous cropping obstacles, while traditional chemical control methods are increasingly incompatible with the demands of green and sustainable agricultural development. Healthy soil serves as the foundation for crop disease resistance and stable productivity. As the core microdomain for “soil-plant-microbe” interactions, the rhizosphere relies on the bidirectional dynamic and synergistic regulation between the rhizosphere microbiome and root exudates as the core intrinsic mechanism of soil-borne disease defense. Root exudates directionally regulate the functional gene expression of the rhizosphere microbiome through specific signaling molecules. This can either drive the enrichment of beneficial microbial communities and the activation of disease-resistant functions, or selectively enrich pathogens to form malignant interactions under continuous cropping conditions. In return, the rhizosphere microbiome feeds back to plant roots via metabolites, optimizing the composition and secretion rhythm of root exudates, and together they constitute a dynamic balance network of “beneficial interaction-malignant interaction”. Soil physicochemical properties such as texture, pH, and organic matter content play key mediating roles in this process, directly affecting interaction efficiency and disease control effects. This review systematically summarizes the core pathways of their synergistic disease resistance: root exudates directly inhibit pathogens or directionally recruit beneficial microorganisms through “concentration/type-dependent” mechanisms; the rhizosphere microbiome suppresses diseases through multiple pathways, including direct antagonism, nutrient competition, immune activation, and autotoxin degradation. On this basis, the paper synthesizes technological innovations such as the construction of synthetic microbial communities, optimization of agricultural practices, gene editing, and synthetic biology, and analyzes the current bottlenecks in the field promotion of these technologies. The study proposes that future research should focus on constructing a “soil type-metabolite-receptor-gene” precision regulation network and establishing a “short term-medium term-long term” three-level ecological risk assessment system. This study aims to provide theoretical support and technical pathways for resolving the contradiction between crop productivity guarantee and ecological security under continuous cropping obstacles, while offering references for the synergistic inhibition of other types of plant diseases through rhizosphere microecological regulation.

Key words: Rhizosphere microbiome; Root exudates; Synergistic regulation; Soil-borne diseases; Molecular mechanisms; Ecological risks

我国可耕地面积仅占全球 7.0%，却承载着全球 22.0% 的人口^[1-2]，耕地利用强度显著增加，规模化种植区连作现象突出，导致土壤微生态失衡问题日趋凸显：一方面，番茄青枯病菌 (*Ralstonia solanacearum*)、魔芋软腐病菌 (*Erwinia carotovora*) 等土传病害病原菌在土壤中呈持续性富集，连作田块中病原菌丰度较新垦田提升 2.0 倍~5.0 倍^[3]，如连作番茄田青枯病严重发生时发病率高达 80.0% 以上^[4]；另一方面，作物根系分泌的自毒物质残留于土壤中，抑制自身生长并破坏根际微生物组结构，形成“连作障碍—病害加剧”的恶性循环^[5]。据统计，我国规模化种植区连作障碍发生面积普遍超过 20.0%，当季作物损失可达 20.0%~80.0%，经济损失达数百亿元^[6]。因此，探索基于根际微生态调控的土传病害防控新途径迫在眉睫。

植物根际是根系周围土壤与植物、微生物发生核心互作的特殊微域^[7]，其微生态过程直接调控土壤养分转化与作物抗病能力。根系分泌物与根际微生物组的动态互作具有显著双向

性——既能释放氨基酸、酚酸、类黄酮等特异性代谢物，定向招募有益微生物并调控其功能基因表达，形成“植物—微生物”抗病联合体^[8-12]，也易在连作条件下通过特定糖类、酚酸衍生物等特定物质定向富集土传病原菌，形成“分泌物富集病原菌—病原菌侵染根系—分泌物进一步适配病原菌”的恶性循环，且该循环会因自毒物质累积、土壤理化性质退化而持续强化^[13]。无人干预时恶性互作更为普遍，形成稳定的良性互作多需植物遭遇胁迫时启动“呼救机制”（如分泌嘌呤/嘧啶信号）或经人为调控；此外，土壤 pH、有机质含量、重金属等胁迫因子对二者互作强度与方向起关键介导作用。

鉴于良性互作的生态防御价值与恶性互作引发的生产难题，解析二者的调控机制、打破恶性互作循环并强化良性互作效应，已成为破解连作障碍的关键突破口。随着多组学技术与合成生物学的深度融合，相关研究已从现象描述深入至分子机制解析^[14]。本文综述了根系分泌物与根际微生物组协同调控植物病害的核心机制，总结了合成微生物群落构建等微生态调控技术的创新应用，探讨该领域未来面临的挑战和发展方向，为提升土壤健康、实现作物病害绿色防控提供理论支持和技术参考。

1 根系分泌物与根际微生物组的协同抗土传病害机制

1.1 根系分泌物的抗病作用

根系分泌物是植物与土壤环境进行物质交流的关键媒介，包含糖类、氨基酸、有机酸等，对土传病害呈现显著双向调控效应，对部分非土传病害可产生协同抑制作用，其抗病效能受土壤质地、胶体吸附特性介导。其核心抗病路径包括：一是直接抑制病原菌生长繁殖，酚酸类是关键抑菌类别，如阿魏酸甲酯（Methyl ferulate）可特异性靶向烟草疫霉（*Phytophthora nicotianae*）的能量代谢通路，阻断 ATP 合成并破坏线粒体膜电位^[15]；苯甲酸对尖孢镰刀菌西瓜专化型（*Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*）存在浓度依赖性抑制，当浓度超过 200.0 mg·L⁻¹时，病原菌菌丝生长量减少 83.0%~96.0%，且完全阻断孢子萌发^[16]。二是定向招募有益微生物形成抗病联合体，植物受胁迫时分泌的嘌呤/嘧啶、苹果酸、异黄酮等信号分子，可被微生物细胞膜表面特异性受体识别，调控其运动趋向性并激活群体感应系统，促进生物膜合成与定殖^[13, 17-19]。

环境胁迫与生物胁迫叠加时，该协同策略更具生态适应性。缺氮环境中，植物分泌芹菜素等黄酮类信号分子，招募根际草酸杆菌科细菌，既促进氮转化，又抑制病原菌^[20]；丹参受干旱胁迫时，根系分泌 β-榄香酸招募类芽孢杆菌属（*Paenibacillus* spp.）菌株，既缓解干旱伤害，又增强病原菌抗性^[21]。但在连作条件下，根系分泌物的部分组分可成为病原菌的特异性趋化信号，定向富集土传病原菌并抑制有益微生物增殖，这是连作田病原菌丰度显著升高的关键驱动因素。

1.2 根际微生物组的功能重塑与抗土传病害机制

自然状态下，根系分泌物通过“化学过滤”作用定向选择抗病功能菌群，微生物通过生态位互补避免种间竞争，通过水平基因转移实现与植物的协同进化，形成稳定的抗病群落。连作条件下，根系分泌物的恶性富集会打破该平衡，使微生物组功能向“促病”方向重塑；仅当植物启动“呼救机制”或经人为调控后，才会形成“拮抗—竞争—免疫激活”的多层级防御体系，主动通过四种核心途径抑制病原菌^[22-23]。

1.2.1 直接拮抗 枯草芽孢杆菌、解淀粉芽孢杆菌等多种芽孢杆菌属菌株，可分泌脂肽类化合物、几丁质酶等抗菌活性物质，破坏病原菌细胞膜与细胞壁结构完整性，或破坏其 DNA 结构稳定性、下调致病相关基因表达^[24]。如甲基营养型芽孢杆菌（*Bacillus methylotrophicus*）TA-1 的发酵液对玉米茎腐病原菌禾谷镰孢菌的抑菌率达 86.3%；非致病型丁香假单胞菌

(*Pseudomonas syringae*) 分泌的吩嗪-1-羧酸 (PCA), 能抑制典型土传病原菌番茄青枯菌 (*R. solanacearum*), 同时对灰霉病菌 (*Botrytis cinerea*) 有协同抑制作用^[8]。

1.2.2 营养竞争 根际微生物 (如植物促生菌 Plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR) 可通过溶解土壤中难溶性磷、矿物态钾, 合成铁载体螯合 Fe^{3+} , 优先吸收有效养分并占据根际生态位, 从资源获取层面抑制病原菌生长繁殖^[10, 25]。健康黄瓜根际的 SHA_26、*Chaetomium* 等优势菌群能通过构建“营养竞争壁垒”抑制黄瓜枯萎病菌 (*F. oxysporum* f. sp. *cucumerinum*)。它们可快速分解易利用碳源, 主动吸收土壤中有效氮与有效磷, 同时活化难溶性磷, 显著抑制黄瓜枯萎病菌^[26]。

1.2.3 免疫激活 微生物通过激活诱导系统抗性 (ISR)、茉莉酸 (Jasmonic acid, JA) 通路等, 增强植物对病原菌的识别与清除能力。摩西斗管囊霉 (*Funneliformis mosseae*) 在番茄根际成功定殖后, 可提高茉莉酸 (JA) 代谢通路关键酶活性, 上调 JA 信号通路中受体基因 *COII* (Coronatine insensitive 1) 表达, 显著降低番茄早疫病 (根际微生态调控介导的间接抗性) 的发病率^[27]; 根内根孢囊霉 (*Rhizophagus irregularis*) 通过激活马铃薯体内 *ERF3* 基因的表达, 调控水杨酸 (Salicylic acid, SA) 与 JA 的合成平衡, 增强马铃薯对立枯病菌 (*Rhizoctonia solani*) 的抗性^[28]。此外, 摩西斗管囊霉 (*Funneliformis mosseae*) 能显著提高草莓体内超氧化物歧化酶 (Superoxide dismutase, SOD)、过氧化物酶 (Peroxidase, POD)、过氧化氢酶 (Catalase, CAT) 等抗氧化酶的活性, 有效清除由尖孢镰刀菌 (*Fusarium oxysporum*) 侵染引发的过量活性氧 (Reactive oxygen species, ROS), 进而降低草莓枯萎病的发病率^[29]。

1.2.4 自毒物质降解 连作土壤中富集的苯甲酸、阿魏酸等酚酸类自毒物质, 需依赖根际有益微生物分泌的特异性酶类降解。假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 菌株可表达酚酸脱羧酶, 24 h 内对苯甲酸的降解率达 78.0%~89.0%^[30]; 伯克霍尔德菌 (*Burkholderia* sp.) S1 分泌水杨酸脱羧酶, 在优化条件下对水杨酸的降解率可达 88.6%^[30]; 短波单胞菌 (*Brevundimonas naejangsanensis*) N8 可同时降解阿魏酸 (73.4%) 和苯甲酸 (83.0%), 系统性缓解烟草连作障碍^[31]。

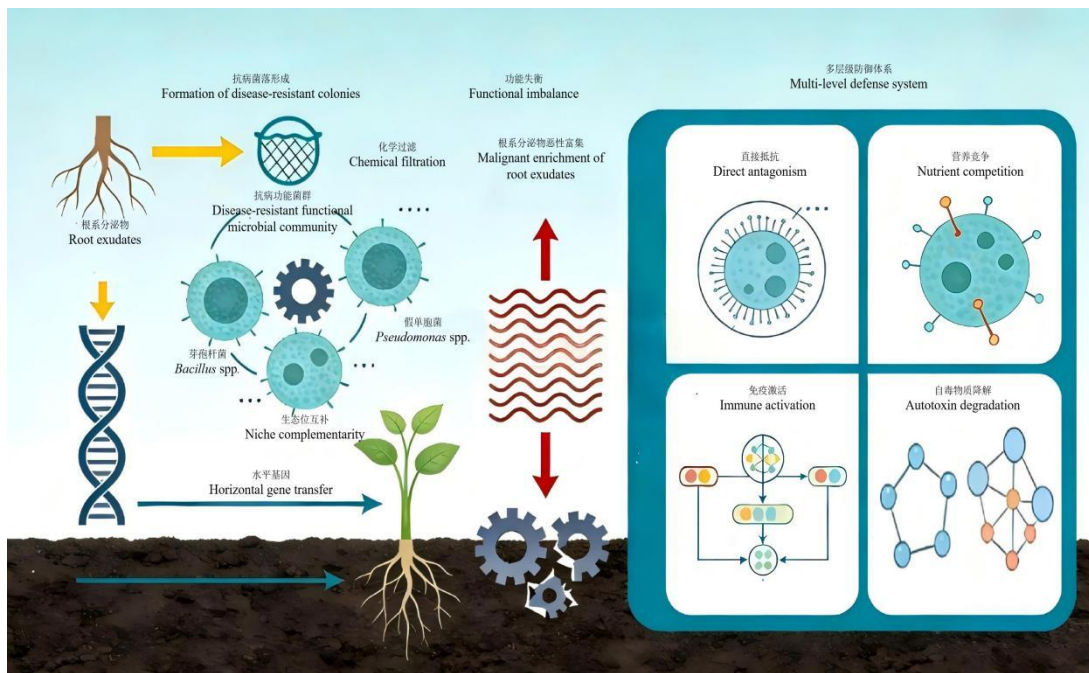


图 1 根际微生物组的功能重塑与抗土传病害机制示意图

Fig. 1 Schematic diagram of functional remodeling and soil-borne disease resistance mechanisms of the rhizosphere microbiome

1.3 根系分泌物—根际微生物组的双向协同调控通路

根系分泌物与根际微生物组的“协同”包含良性与恶性两种动态平衡的双向互动模式，受土壤介质介导作用显著：（1）良性互作：形成“分泌物定向调控微生物抗病功能—微生物代谢产物反哺分泌物优化”的正向循环，最终形成稳定的“植物—微生物”抗病联合体；（2）恶性互作：表现为“分泌物富集病原菌—病原菌破坏植物根系—分泌物组成恶化并进一步适配病原菌”的负向循环，连作条件下会因自毒物质积累、土壤理化性质退化而持续强化。人为调控的目标是打破恶性互作循环、强化良性互作，重构根际微生态平衡。

根系分泌物可通过“受体结合—信号传导—基因激活”的分子链，精准调控微生物抗病功能基因的表达。如黄瓜根系分泌物可激活贝莱斯芽孢杆菌 (*Bacillus velezensis* SQR9) 中生防相关基因（如脂肽类抗生素合成基因）的表达^[32]；香豆素可与假单胞菌属 (*P. spp.*) 菌株的 Tsr 趋化受体（其编码基因为 *tsr*）特异性结合，激活胞内 σ 因子 RpoS，上调吩嗪类抗生素合成基因簇 *phzA-G* 的转录水平，促进吩嗪-1-羧酸 (Phenazine-1-carboxylic acid, PCA) 合成，以拮抗番茄青枯菌 (*Ralstonia solanacearum*)^[8]。土壤有机质含量会显著影响该调控过程，有机质质量分数低于 1.5% 时，根系分泌物中香豆素的稳定性显著降低（半衰期从有机质充足组的 72 h 缩短至 48 h），直接导致假单胞菌 *phzA-G* 基因的表达量较有机质充足组下降 35.0%；此时需通过施用有机肥（施用量为土壤质量的 2.0%）提升土壤有机质含量，从而维持香豆素对假单胞菌的调控活性^[33]。

根际微生物组可通过代谢产物调控植物根系的代谢通路，优化根系分泌物组成。如假单胞菌属 (*P. spp.*) 菌株降解苯甲酸后产生的苯乙酸，可激活小麦 MYB 转录因子，上调苯丙氨酸解氨酶编码基因 *PAL* 的表达水平，促进阿魏酸合成，进一步招募链霉菌属 (*Streptomyces spp.*) 等有益微生物，形成正反馈循环^[30]；东北黑土连作大豆田施用黑曲霉 (*Aspergillus niger*) 与腐殖酸的复合制剂后，黑曲霉分泌的纤维素酶可降解土壤中大豆残体产生的葡萄糖，该葡萄糖诱导大豆根系蔗糖转运蛋白编码基因 *SUT4* 的表达，增多的蔗糖可定向招募根际根瘤菌（如 *Rhizobium spp.*），既增强固氮能力，又抑制大豆胞囊线虫 (*Heterodera glycines*) 侵染^[34]。

2 土传病害微生态调控技术创新

2.1 合成微生物群落构建

合成微生物群落 (Synthetic microbial communities, SynComs) 是人工组装的明确种群系统，其构建需遵循菌株无拮抗（共培养活菌数下降小于 10.0%）、生态位互补（整合抗病、促生、养分循环功能）等原则^[35]。但生产中“多样性与简洁性”难以平衡，高多样性培养成本高，过度简化则田间稳定性不足^[36-37]。抗病上，“芽孢杆菌+木霉菌”跨界组合对番茄枯萎病防效 72.0%^[38]，香蕉枯萎病专用 SynComs 借挥发性有机化合物 (VOCs) 将发病率从 38.0% 降至 14.0%^[39]；小麦功能菌株组合兼顾生物量增加 23.0% 与根腐病防效 65.0%^[40]。

2.2 农业实践创新

通过嫁接、施用功能菌剂/复合制剂、间作及生物质炭施用等方式调控根际微环境，可有效增强植物病害抗性。嫁接易感病樱桃至“吉塞拉 6 号”抗性砧木后，根系分泌物中缬氨酸含量降低 40.0%~50.0%、类黄酮（如槲皮素）含量升高，定向富集假单胞菌 (*P. spp.*) 与芽孢杆菌 (*Bacillus spp.*)，樱桃冠瘿病发病率降低 60.0% 以上^[41]。复合菌剂/制剂应用效果显著：针对棉花枯萎病，接种丛枝菌根真菌 (*Rhizophagus irregularis*) 与解磷菌 (*Bacillus megaterium*) 组合，真菌诱导棉花根系苹果酸分泌提升 38.5% 以招募解磷菌，解磷菌使有效磷含量提升 42.6%，二者协同抑制病原菌定殖（丰度降低 67.4%），防效达 68.3%^[42]；连作大豆田施用“黑曲霉+腐殖酸”复合制剂，黑曲霉降解残体使土壤有机质提升 12.0%，腐殖

酸促进大豆黄豆黄苷分泌提升 40.0%，定向招募根瘤菌（结瘤数提升 58.0%），固氮能力增强（植株氮含量提升 25.0%），大豆胞囊线虫发病率从 38.0% 降至 14.0%^[43]。玉米—大豆间作中，玉米根系分泌门布、苯并噻唑等抑菌物质，50.0 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 浓度下，二者对大豆疫霉孢子萌发的抑制率分别达 89.2%、78.3%，菌丝生长抑制率分别达 76.5%、67.1%^[44]。

生物质炭施用需结合土壤 pH 调整用量：在 pH<5.5 的酸性连作土壤中，施用 2.0% (m/m)、500 °C 烧制的小麦生物质炭对番茄青枯病防控效果最优，病情指数降低 61.1%，根区土壤及茎中病原菌数量分别减少 49.2% 和 40.2%^[6]；在 pH6.5~7.5 的中性土壤中，仅需施用 1.0% (m/m) 相同规格的生物质炭，即可使根际芽孢杆菌属、假单胞菌属丰度分别提升 1.5 倍、1.2 倍，青枯菌相对丰度降低 51.7%^[6]。

2.3 基因编辑与合成生物学

基因编辑与合成生物学技术为优化根际微生态、防控土传病害提供了精准方案。敲除水稻蔗糖转运蛋白基因 *OsSUT2*，可使根系分泌物中蔗糖含量提升 42.0%~58.0%，定向富集根际芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 等有益菌^[45]；利用 CRISPR/Cas9 技术敲除黄瓜根系 β -1, 4-内切葡聚糖酶基因 (*CsCEL1*)，可降低南方根结线虫虫瘿数量与直径，三龄幼虫 (Third-stage juvenile, J3) 比例下降 27.0%^[46]。

在微生物合成生物学改造中，抗菌肽高产菌株的构建与信号感知模块优化是热点。通过敲除 *Xcn1* 降解酶基因 *xcnM* 阻断其转化为非活性 *Xcn2*，替换合成基因 *xcnA* 的 P43 强启动子并敲除竞争基因簇，可将其产量从 0.07 $\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ 提至 3.5 $\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ ，改造后 *Xcn1* 对辣椒疫霉 (*Phytophthora capsici*) 半数效应浓度 (EC_{50}) 低至 0.1 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ ，马铃薯晚疫病田间防效超 75.0%^[47]。

为清晰对比不同微生态调控技术的核心特征与应用差异，现将合成微生物群落构建、农业实践创新及基因编辑与合成生物学三类关键技术的原理、优势及局限总结于表 1。

表 1 土传病害微生态调控技术特征对比

Table 1 Comparison of characteristics of microecological regulation technologies for soil-borne diseases

技术类型	核心原理	主要优势	局限与挑战
Technology type	Core principle	Main advantages	Limitations and challenges
合成微生物群落构建	人工组装功能互补菌株，定向强化抗病	功能靶向性强，可定制化	高多样性培养成本高，田间
Construction of synthetic microbial communities (SynComs)	功能 Artificially assemble functionally complementary strains to directionally enhance disease-resistant functions	设计 Strong functional targeting and customizable design	稳定性不足 High culture cost for high diversity and insufficient field stability
农业实践创新 Innovation of agricultural practices	调控根际微环境，促进良性互作形成	操作简便，环境兼容性好	受土壤类型影响大，效果稳
	Regulate rhizosphere microenvironment to promote beneficial interactions	Simple operation and good environmental compatibility	定性欠佳 Greatly affected by soil types and poor effect stability
基因编辑与合成生物学	定向改造植物/微生物基因，优化分泌物	精准高效，突破天然物种	生态风险评估不足，技术门
Gene editing and synthetic biology	组成或抗菌功能 Directionally modify plant/microbial genes to optimize exudate composition or antibacterial functions	限制 Precise and efficient, breaking natural species limitations	槛高 Insufficient ecological risk assessment and high technical threshold

3 土传病害防控的挑战与未来方向

3.1 根际交互机制的盲区与基础研究方向

当前研究仍存在两大前沿机制盲区：一是生态过程层面，微生物群落组装策略如何调控互作效率、根际核心菌群生态位稳定性对互作持续性的影响等问题尚未解析；二是生态进化层面，植物—微生物协同进化如何影响抗病功能稳定性、长期连作下病原菌的适应性进化如何突破根际防御等规律仍不明确。此外，多数调控土传病害的关键代谢物的作用机制尚未明确，仅香豆素-Tsr-phzA-G、柠檬酸-CitA-pvdA 两条分子通路得到验证^[48-49]。

土壤介质的介导效应研究同样不足：需结合微电极阵列、X 射线光电子能谱等技术，量化土壤质地、pH 等理化特性的调控效应，针对红壤、黑土等典型土壤类型，构建“土壤质地—分泌物扩散—微生物响应”的定量模型^[17]。未来需依托多组学技术，筛选关键代谢物，定位功能基因，验证代谢物与受体蛋白的结合特异性，最终构建“土壤类型—代谢物—受体蛋白—功能基因”差异化调控网络^[48]。

3.2 微生态调控技术的转化应用瓶颈与可持续路径

在技术转化层面，高昂成本是制约土传病害防控微生物制剂产业化的核心瓶颈，传统发酵依赖的商品化碳氮源成本占培养基总成本的 60.0% 以上。以中药渣为核心发酵基质，借助耐高温功能菌剂降解木质素并保留药材残留的天然抗菌活性组分^[50]，可使生物菌肥原料成本较传统工艺降低 35.0% 以上^[51]，但需解决中药渣地域供应稳定性问题。

生态风险评估体系缺失是制约技术可持续应用的重大隐患，未来需构建“短期—中期—长期”三级体系：短期（1 年）监测作物产量、靶标病原菌种群数量及土壤关键理化指标；中期（3 年）追踪根际微生物群落 α 多样性，避免有益功能菌群丰度显著下降；长期（5 年）检测基因编辑菌株的水平基因转移频率，规避对土壤非靶标生物（如原生动、蚯蚓）的潜在生态风险^[34]。

3.3 田间推广的环境制约与精准应对策略

土壤异质性与环境动态变化导致防控效果稳定性欠佳，例如，极端暴雨事件可使柳树（*Salix spp.*）根际外生菌根真菌（核心有益菌群）丰富度与相对丰度显著下降 45.0%，伴随腐生菌与靶标病原菌丰度升高，直接破坏根际抑病群落稳定性^[52]。为此，需建立基于高通量测序与环境传感器的一体化动态监测系统，监测参数需覆盖土壤理化参数、微生物参数及植物生理参数，采用随机森林算法或长短期记忆网络构建智能预测模型，输出未来 7~14 d 的病害发生风险等级，并针对不同土壤类型建立差异化子模型^[50]。开发移动端应用程序，实时推送风险预警信息与配套调控建议，形成“动态监测—风险预警—精准调控”的闭环管理体系。

3.4 跨学科技术融合与效能优化方向

多学科技术的深度交叉融合是根际微生态调控精准化与高效化的关键。未来需系统构建“土壤—作物—气象—微生物—代谢物”跨尺度多组学整合数据库，开发抗干扰原位微域传感器，将复杂环境下的预测准确率提升至 85.0% 以上^[50]。通过基因编辑技术改造抗性砧木，耦合合成生物学策略，构建工程化功能微生物，实现“植物信号触发—微生物抗病功能激活”的精准耦合^[43]。微流控芯片技术可在模拟土壤微观结构的环境中，实时动态追踪根系分泌物的扩散与微生物趋化定殖过程，为 SynComs 的优化与设计提供微观尺度的实验依据。

4 结论

根际微生态调控技术突破了传统化学防控“治标不治本”的局限，核心价值在于打破恶

性互作循环、强化良性互作，将土传病害防控从“被动治害”转向“主动建防”。该技术精准靶向根系分泌物与根际微生物组双向互作的核心节点，既有效阻断病原菌富集等恶性互作路径，又显著放大有益菌定向招募等良性互作效应，为破解连作障碍场景下的核心矛盾提供了系统性技术方案。但根际微生态过程受土壤质地、养分库特征等整体环境的间接调控，本文聚焦根际核心互作机制解析与调控技术创新，未系统拓展土壤环境因子的直接调控路径；后续研究可进一步整合土壤环境要素，构建“土壤—根际—植物”全链条协同调控框架。未来需从基础研究、技术研发、生态评估三方面协同发力，通过人工智能模型与合成生物学技术的深度融合，实现根际微生态“定制化、精准化”调控，为农业绿色可持续发展中土传病害的绿色防控提供核心技术支撑。

参考文献 (References)

- [1] Xie J Y, Zeng A, Zhang H L. Analysis of the current situation of crop production and seed industry in China[J]. *Journal of Tropical Biology*, 2023, 14(3): 259-267. [谢建引, 曾安, 张洪亮. 中国农作物生产及种业现状与分析[J]. *热带生物学报*, 2023, 14(3): 259-267.]
- [2] Jia M Y, Huang L M, Li Q C, et al. Effects of tillage methods on physico-chemical and microbial characteristics of farmland soil and nutritional quality of wheat[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2022, 28(11): 1964-1976. [贾梦圆, 黄兰媚, 李琦聪, 等. 耕作方式对农田土壤理化性质、微生物学特性及小麦营养品质的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2022, 28(11): 1964-1976.]
- [3] Wu J P, Jiao Z B, Zhou J, et al. Analysis of bacterial communities in rhizosphere soil of continuously cropped healthy and diseased konjac[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2017, 33(7): 134.
- [4] Gu W J, Wang D, Li W X, et al. A synthetic microbial community for preventing and controlling bacterial wilt and its application: CN 118726187A[P]. 2024-10-01. [顾文杰, 王丹, 李旺习, 等. 一种防治青枯病的合成菌群及其应用: CN118726187A[P]. 2024-10-01.]
- [5] Rao S. Effects of biochar on bacterial wilt resistance of tomato, soil microbial activity and organic acid[D]. Guangzhou: South China Agricultural University, 2016. [饶霜. 生物炭对番茄青枯病抗性、土壤微生物活性及有机酸含量的影响[D]. 广州: 华南农业大学, 2016.]
- [6] You C, Yang T J, Zhou X G, et al. Research advances on mechanisms and preventions of soil-borne diseases exacerbated by root exudates in continuous cropping systems[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2024, 61(5): 1201-1211. [游川, 杨天杰, 周新刚, 等. 连作根系分泌物加剧土传病害的机制和缓解措施研究进展[J]. *土壤学报*, 2024, 61(5): 1201-1211.]
- [7] Yuan J, Zhao J, Wen T, et al. Root exudates drive the soil-borne legacy of aboveground pathogen infection[J]. *Microbiome*, 2018, 6(1): 156.
- [8] Yuan R W, Liu L, Zhang R, et al. The interaction mechanism between plant rhizosphere secretion and soil microbe: A review[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2020, 36(2): 26-35. [袁仁文, 刘琳, 张蕊, 等. 植物根际分泌物与土壤微生物互作关系的机制研究进展[J]. *中国农学通报*, 2020, 36(2): 26-35.]
- [9] Upadhyay S K, Srivastava A K, Rajput V D, et al. Root exudates: Mechanistic insight of plant growth promoting rhizobacteria for sustainable crop production[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 916488.
- [10] Ali S, Tyagi A, Bae H H. Plant microbiome: An ocean of possibilities for improving disease resistance in plants[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(2): 392.
- [11] Mendes R, Kruijt M, de Bruijn I, et al. Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria[J]. *Science*, 2011, 332(6033): 1097-1100.
- [12] Rudrappa T, Czymmek K J, Paré P W, et al. Root-secreted malic acid recruits beneficial soil bacteria[J]. *Plant Physiology*, 2008, 148(3): 1547-1556.

- [13] Liu Y P, Zhang H H, Wang J, et al. Nonpathogenic *Pseudomonas syringae* derivatives and its metabolites trigger the plant “cry for help” response to assemble disease suppressing and growth promoting rhizomicrobiome[J]. Nature Communications, 2024, 15: 1907.
- [14] Anandaraj M, Manivannan S, Umadevi P. Rhizosphere microbiome: The next-generation crop improvement strategy//Mishra B B, Nayak S K, Mohapatra S, et al. Environmental and agricultural microbiology: Applications for sustainability[M]. USA: Scrivener Publishing LLC, 2021: 243-256.
- [15] Ma S Q, Chen Q R, Zheng Y F, et al. A tale for two roles: Root-secreted methyl ferulate inhibits *P. nicotianae* and enriches the rhizosphere *Bacillus* against black shank disease in tobacco[J]. Microbiome, 2025, 13(1): 33.
- [16] Wu H S, Wang Y, Zhang C Y, et al. Physiological and biochemical responses of *in vitro* *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* to benzoic acid[J]. Folia Microbiologica, 2009, 54(2): 115-122.
- [17] Liu H J, Su Y W, Ye C, et al. Nucleotides enriched under heat stress recruit beneficial rhizomicrobes to protect plants from heat and root-rot stresses[J]. Microbiome, 2025, 13(1): 160.
- [18] Zhang Y, Li J, Chen X, et al. Malic acid modulates *Bacillus subtilis* colonization via chemotaxis and quorum sensing[J]. Environmental Microbiology, 2023, 25(8): 2217-2232.
- [19] Lin X M, Tan X R, Wang L Z, et al. Root isoflavone content after cyst nematode infection in different soybean varieties[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2016, 38(4): 495-501. [林晓敏, 谭晓荣, 王连铮, 等. 抗感大豆品种接种胞囊线虫后根部异黄酮含量变化[J]. 中国油料作物学报, 2016, 38(4): 495-501.]
- [20] Wu J D, Liu S J, Zhang H Y, et al. Flavones enrich rhizosphere *Pseudomonas* to enhance nitrogen utilization and secondary root growth in *Populus*[J]. Nature Communications, 2025, 16: 1461.
- [21] Jia H M, Zhou J, Zhao W C, et al. β -Elemenic acid mediated enrichment of *Paenibacillus* to help *Salvia miltiorrhiza* Bunge alleviate drought stress[J]. Microbiome, 2025, 13(1): 153.
- [22] Feng Z W, Liang Q H, Yao Q, et al. The role of the rhizobiome recruited by root exudates in plant disease resistance: Current status and future directions[J]. Environmental Microbiome, 2024, 19(1): 91.
- [23] Afzal M R, Naz M, Yu Y B, et al. Root exudates: The rhizospheric frontier for advancing sustainable plant protection[J]. Resources, Environment and Sustainability, 2025, 21: 100249.
- [24] Yang B J, Tao R Z, Lin L, et al. Research progress on inhibition effects of *Bacillus* spp. against maize stalk rot pathogen (*Fusarium graminearum* & *F. verticillioides*)[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2023, 51(12): 42-49. [杨冰娟, 陶睿泽, 林丽, 等. 芽孢杆菌抑制玉米茎腐病菌禾谷镰孢菌和拟轮枝镰孢菌的研究进展[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(12): 42-49.]
- [25] Gu S H, Wei Z, Shao Z Y, et al. Competition for iron drives phytopathogen control by natural rhizosphere microbiomes[J]. Nature Microbiology, 2020, 5(8): 1002-1010.
- [26] Yang F, Jiang H Y, Chang G Z, et al. Effects of rhizosphere microbial communities on cucumber *Fusarium* wilt disease suppression[J]. Microorganisms, 2023, 11(6): 1576.
- [27] Lin Y B, Yang Y R, Huang R X, et al. Mechanism of jasmonic acid mediated induction of disease resistance against early blight by arbuscular mycorrhizal fungus in tomato plants[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(7): 2407-2416. [林熠斌, 杨玉瑞, 黄荣雪, 等. 茉莉酸介导丛枝菌根真菌诱导番茄抗早疫病的机制[J]. 生态学报, 2020, 40(7): 2407-2416.]
- [28] Velivelli S L, Lojan P, Cranenbrouck S, et al. The induction of Ethylene response factor 3 (ERF3) in potato as a result of co-inoculation with *Pseudomonas* sp. R41805 and *Rhizophagus irregularis* MUCL 41833 - A possible role in plant defense[J]. Plant Signaling & Behavior, 2015, 10(2): e988076.
- [29] Zhao J L. Study on mechanism of strawberry *Fusarium* wilt resistance induced by arbuscular mycorrhizae fungus[J]. Northern Horticulture, 2013(17): 115-117. [赵菊莲. 丛枝菌根真菌诱导草莓枯萎病抗性机理研究[J]. 北方园艺, 2013(17): 115-117.]
- [30] Xie Y J, Pan X Z, Chen F H, et al. Screening, identification and biocontrol of bacteria degrading ginseng phenolic acid autotoxic substances[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2024, 26(7): 147-155. [谢勇俊, 潘小卓, 陈福慧, 等. 人参酚酸类自毒物质降解菌的筛选鉴定及生防研究[J]. 中国农业科技导报, 2024, 26(7): 147-155.]

- [31] Xuan P X, Ma H K, Deng X P, et al. Microbiome-mediated alleviation of tobacco replant problem *via* autotoxin degradation after long-term continuous cropping[J]. *iMeta*, 2024, 3(2): e189.
- [32] Feng H C, Fu R X, Luo J Y, et al. Listening to plant's Esperanto *via* root exudates: Reprogramming the functional expression of plant growth-promoting rhizobacteria[J]. *New Phytologist*, 2023, 239(6): 2307-2319.
- [33] Li J, Zhang Y, Wang L, et al. Soil texture and biochar amendment regulate root exudate-microbe interactions in the rhizosphere[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2024, 192: 109587.
- [34] Wei W, Xu Y L, Li S X, et al. Developing suppressive soil for root diseases of soybean with continuous long-term cropping of soybean in black soil of Northeast China[J]. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B- Soil & Plant Science*, 2015, 65(3): 279-285.
- [35] de Souza R S C, Armanhi J S L, Arruda P. From microbiome to traits: Designing synthetic microbial communities for improved crop resiliency[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 1179.
- [36] Fujiwara K, Iida Y, Someya N, et al. Emergence of antagonism against the pathogenic fungus *Fusarium oxysporum* by interplay among non-antagonistic bacteria in a hydroponics using multiple parallel mineralization[J]. *Journal of Phytopathology*, 2016, 164(11/12): 853-862.
- [37] European Union. Farm to Fork: New rules for microorganisms[EB/OL]. (2022-02-10)[2025-10-09]. https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/qanda_22_852.
- [38] Zhou X, Wang J T, Liu F, et al. Cross-Kingdom synthetic microbiota supports tomato suppression of *Fusarium* wilt disease[J]. *Nature Communications*, 2022, 13: 7890.
- [39] Prigigallo M I, Gómez-Lama Cabanás C, Mercado-Blanco J, et al. Designing a synthetic microbial community devoted to biological control: The case study of *Fusarium* wilt of banana[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 967885.
- [40] Yin C T, Hagerty C H, Paulitz T C. Synthetic microbial consortia derived from rhizosphere soil protect wheat against a soilborne fungal pathogen[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 908981.
- [41] Chen L, Bian L S, Ma Q H, et al. Defensive alteration of root exudate composition by grafting *Prunus* sp. onto resistant rootstock contributes to reducing crown gall disease[J]. *Horticulture Research*, 2024, 11(4): uhae049.
- [42] Vorholt J A, Vogel C, Carlström C I, et al. Establishing causality: Opportunities of synthetic communities for plant microbiome research[J]. *Cell Host & Microbe*, 2017, 22(2): 142-155.
- [43] Russ D, Fitzpatrick C R, Teixeira P J P L, et al. Deep discovery informs difficult deployment in plant microbiome science[J]. *Cell*, 2023, 186(21): 4496-4513.
- [44] Zhang H, He Y Y, Wu J Q, et al. Inhibitory activity of the key antifungal substances in maize root exudates against *Phytophthora sojae*[J]. *Plant Protection*, 2019, 45(6): 124-130. [张贺, 何依依, 吴家庆, 等. 玉米根系分泌物中关键抑菌物质对大豆疫霉的抑菌活性[J]. *植物保护*, 2019, 45(6): 124-130.]
- [45] Chen Y Q, Xiao G, Liu J B, et al. Function analysis of sucrose transporter OsSUT2 on rice disease resistance[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2022, 20(22): 7432-7438. [陈雅琪, 肖贵, 刘剑斌, 等. 蔗糖转运蛋白 OsSUT2 对水稻抗病性的功能分析[J]. *分子植物育种*, 2022, 20(22): 7432-7438.]
- [46] Zhou J, Zou J P, Yu J Q. A method for improving the resistance of tomato to *Meloidogyne incognita*: 202111232753.1[P]. 2022-01-11. [周杰, 邹金萍, 喻景权. 一种提高番茄对南方根结线虫抗性的方法: CN113913456A[P]. 2022-01-11.]
- [47] Qin Y C, Jia F L, Zheng X B, et al. Enhancing the production of xenocoumacin 1 in *Xenorhabdus nematophila* CB6 by a combinatorial engineering strategy[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2023, 71(23): 8959-8968.
- [48] Stassen M J J, Hsu S H, Pieterse C M J, et al. Coumarin communication along the microbiome-root-shoot axis[J]. *Trends in Plant Science*, 2021, 26(2): 169-183.
- [49] Gu S H, Wei Z, Shao Z Y, et al. Competition for iron drives phytopathogen control by natural rhizosphere microbiomes[J]. *Nature Microbiology*, 2020, 5(8): 1002-1010.
- [50] Xun W B, Liu Y P, Ma A Y, et al. Dissection of rhizosphere microbiome and exploiting strategies for sustainable agriculture[J]. *New Phytologist*, 2024, 242(6): 2401-2410.

- [51] China Net Client. Traditional chinese medicine residues turned into "Green Gold": new-type biofertilizer solves the dilemma of reducing pesticide use and increasing yields in agriculture. [EB/OL]. (2025-04-11).[中国网客户端. 中药渣变“绿金”：新型生物肥破解农业减药增产难题 [EB/OL]. (2025-04-11). http://szjj.china.com.cn/2025-04/11/content_43080186.html.]
- [52] Barnes C J, van der Gast C J, McNamara N P, et al. Extreme rainfall affects assembly of the root-associated fungal community[J]. *New Phytologist*, 2018, 220(4): 1172-1184.

(责任编辑：陈荣府)