

基于土壤健康评价的土壤生物指标研究进展^①

师玥^{1,2}, 苏铃珺^{1,2}, 刘洋^{1,2}, 王晓玥^{1,4}, 陈晏¹, 蒋瑞霖^{3*}, 王辉^{1,2*}, 赵玉国^{1,2}, 沈仁芳^{1,2}

(1 土壤与农业可持续发展全国重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 211135; 2 中国科学院大学, 北京 100049; 3 福建农林大学资源与环境学院, 福州 350002; 4 中国科学院红壤生态实验站, 江西鹰潭 335211)

摘要: 土壤生物数量庞大、种类繁多, 其中敏感物种能够快速响应土壤生态环境变化, 在土壤健康评价、维持及提升过程中具有重要意义。作为土壤健康评价体系的重要组成部分, 土壤生物指标的发展受到指标选择、样品采集和技术分析等诸多问题的限制, 应用频率低于理化指标。近年来, 随着土壤生物群落结构和多样性研究技术的不断进步, 基于生物指标的土壤健康评价逐渐成为研究热点。本文系统梳理了土壤生物的主要类型和代表性物种, 介绍了当前土壤健康评价中常用的土壤生物指标及其表征功能, 以期作为土壤健康评价中生物指标的选择及目标数据集的构建提供借鉴。同时, 本文还探讨了当前土壤生物指标发展过程中面临的主要问题, 并展望其在未来土壤健康监测与管理中的应用前景。

关键词: 土壤生物指标; 土壤健康; 土壤微生物; 土壤酶活性; 线虫; 蚯蚓

中图分类号: X8 文献标志码: A

Research Progress on Soil Biological Indicators Based on Soil Health Assessment

SHI Yue^{1,2}, SU Lingjun^{1,2}, LIU Yang^{1,2}, WANG Xiaoyue^{1,4}, CHEN Yan¹, JIANG Yuji^{3*}, WANG Hui^{1,2*}, ZHAO Yugu^{1,2}, SHEN Renfang^{1,2}

(1 State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China; 2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3 College of Resources and Environment, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 4 Ecological Experimental Station of Red Soil, Chinese Academy of Sciences, Yingtan, Jiangxi 335211, China)

Abstract: Soil harbors an immense diversity and abundance of organisms, playing a vital role in ecosystem functions. Sensitive species within this soil biota can rapidly respond to changes in soil ecological conditions, making them crucial indicators for the assessment, maintenance, and enhancement of soil health. As an essential component of soil health evaluation systems, the development and application of soil biological indicators are often less frequent than physicochemical indicators, constrained by challenges in indicator selection, sample collection, and technical analysis. However, recent advancements in technologies for studying soil community structure and diversity have spurred growing interest in biological indicator-based soil health evaluation, making it a research hotspot. This article systematically reviewed the major types of soil organisms and representative species, introduced the commonly used soil biological indicators in current soil health assessments and their indicative functions, aiming to provide references for selecting biological indicators and constructing target data sets. Furthermore, the article discussed the main challenges currently facing the development of soil biological indicators and outlined their prospective applications in future soil health monitoring and management.

Key words: Soil biological indicators; Soil health; Soil microorganisms; Soil enzymatic activity; Nematodes; Earthworms

土壤圈作为地球关键带的核心组成部分, 与大气圈、水圈、生物圈等圈层联系紧密, 构建了地球生物的重要栖息环境^[1], 对城市、农业、森林、湿地等人类活动区域均发挥着多维反馈作用。因此, 土壤健康

①基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFD1901202)资助。

* 通信作者(hwang@issas.ac.cn; yjjiang@fafu.edu.cn)

作者简介: 师玥(1996—), 女, 陕西宝鸡人, 博士研究生, 主要研究方向为土壤健康评价。E-mail: 3341850846@qq.com

通过人地关系体系直接或间接地影响人类健康^[2-3]。土壤生物广泛栖息于土壤,按体型大小可分为微生物、微型动物、中型动物和大型动物,是维系健康土壤生态系统的基石^[4-5]。这些生物类群共同构成了复杂的土壤食物网以获取主要的物质与能量^[6]。土壤理

化性质能直接调控土壤生物多样性和群落结构;反之,土壤生物通过参与多重理化生过程,显著影响土壤的水分调节与净化、物质循环与养分储存、碳固存、作物生产、生物多样性维护等多种生态系统服务功能,对土壤健康乃至人类健康至关重要^[7-8](图 1)。

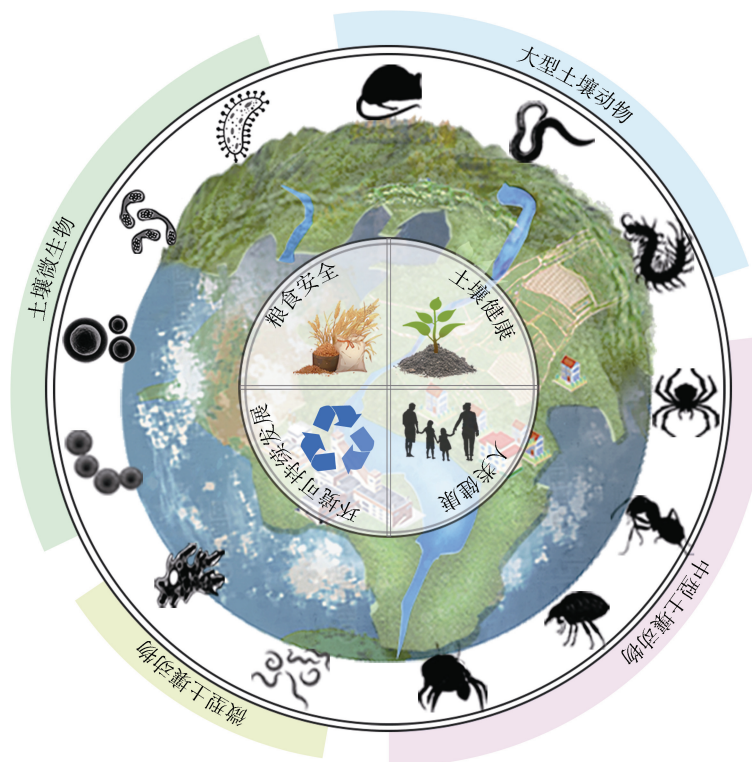


图 1 土壤生物对地球环境的重要意义

Fig. 1 Essential roles of soil organisms in planetary health

土壤生物通过分泌有机酸、糖类以及次生代谢物参与养分的转化,土壤动物还能通过催化作用刺激微生物对有机质的分解效率,间接调控能量流动和养分循环^[9]。在竞争、捕食、协作等驱动下,土壤食物网中的物质和能量沿着食物链传递,支持生态系统功能^[10]。此外,土壤生物能够分泌胞外/内酶及自由基降解土壤污染物,并通过酸化、氧化爆发、铁锰外排和铜锌富集等杀菌机制,抑制病原菌的毒力与扩散,降低传播及感染风险,是土壤-动植物-人类健康的重要屏障^[11-12]。

土壤生物与环境息息相关,其群落结构受到生态系统类型、耕作制度及季节动态等因素影响^[13]。在森林生态系统中,树种组成、树龄、植物多样性及其混合效应显著塑造了土壤生物群落^[14]。曹荔荔等^[15]研究发现,中龄水杉人工林中地表大型土壤动物个数、物种数和多样性指数高于平均水平。在农田生态系统中,高明等^[16]研究表明,长期垄作免耕稻田的土壤动物丰度、微生物生物量氮和酶活性显著高于其

他耕作模式;在季节动态方面,春季以放线菌和固氮菌为优势类群,而在冬季纤维素分解菌则占据主导。综上所述,基于土壤生物特性制定相应的指标,对土壤健康评价体系数据集的完善具有显著提升作用。

1 土壤生物与土壤健康息息相关

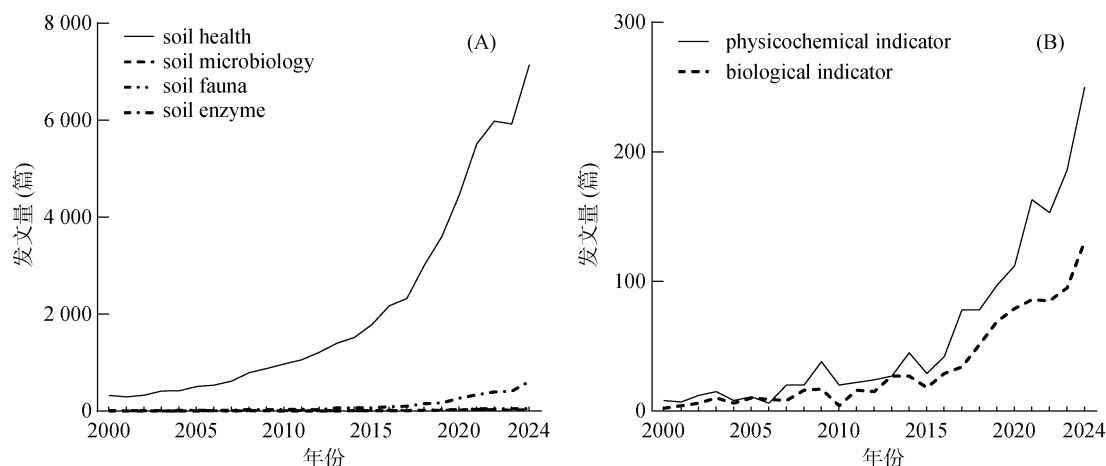
1.1 土壤健康评价中生物指标的发展演化

早期土壤健康研究聚焦农业高产目标,衍生出“土壤地力”“土壤肥力”“农田等级”等产出导向型概念,主要依赖于土壤理化性质指标^[17]。因此也引发了化肥等农用化学品过度使用,短期提升产量后土壤退化危害日益显现,这促使研究者提出“土壤质量”“土壤生态功能”“土壤寿命”等概念,突破传统的产出导向,关注土壤动态特性,并逐步引入土壤酶活性、微生物生物量碳氮等生物参数^[18-19]。随着“土壤健康”理念的兴起,生物指标应用越发广泛。联合国粮农组织(FAO)将土壤健康定义为“维持陆地生态系统生产力、生物多样性和环境服务的能力的状态”,

强调健康土壤需具备良好结构、功能和缓冲能力^[20-21]。在此理念下,将土壤视为生命动态系统,推动生态属性纳入评估体系。这一演变不仅拓展了评价维度,更深化了对“人-土壤-地球”系统复杂联动关系的认知^[22]。

随着土壤健康概念的不断完善,以“土壤健康”为主题的研究文章显著增加。但对土壤生物及其相关生物指标的开发和应用仍显不足。根据 Web of Science 核心合集的检索结果,尽管以关键词“soil health”为

主题的文献数量持续上升,但其中同时包含“soil health”“soil microbiology”“soil fauna”或“soil enzyme”等土壤生物相关关键词的研究仍占比较低(图 2A)。同时,在土壤健康研究中涉及“physicochemical indicator”(即“chemical indicator + physical indicator”)的文章数量远高于“biological indicator”相关的研究(图 2B)。这一趋势表明,当前土壤健康研究仍以理化指标为主导,生物指标在实际研究与评价体系中的应用频率和深度尚需进一步提升。



(A. 包含关键词“soil health”“soil microbiology”“soil fauna”“soil enzyme”的文章数量; B. 包含关键词“physicochemical indicator”“biological indicator”的文章数量; 数据来源于 Web of Science 核心文库)

图 2 2000—2024 年发表的土壤健康相关文章数量趋势图

Fig. 2 Tendency of published articles in soil health from 2000 to 2024

1.2 土壤生物对土壤健康变化的敏感性

在土壤健康评价体系中,土壤生物因具备生命活动的动态响应特性,而区别于传统的理化指标。通过监测敏感生物对环境变化的响应,可精准捕捉土壤健康状态的微小波动,为环境退化的早期预警提供重要生物学依据^[23-24]。土壤生物群落对环境扰动高度敏感,土壤温度和湿度等因子直接影响其生存与繁殖;而由环境变化引发的捕食关系重构和能量流动重组,则间接调控种群数量与个体密度^[25-26]。在存在生态毒理风险(如污染胁迫)时,生物在分子和细胞层面的生理功能会发生紊乱,进而限制其生长与繁殖能力。辛熙炜等^[27]的研究表明,土壤中微塑料的积累显著改变微生物的多样性、丰度及群落稳定性,削弱土壤生态系统服务功能,同时抑制作物生长,最终导致产量下降。因此,土壤生物群落的结构与多样性已成为评估土壤健康水平的重要生物学指标。此外,土壤生物的共生微生物群也具有重要的指示意义。例如,土壤动物肠道微生物通过与宿主的代谢联结^[28],在其摄食与消化过程中将有机质转化为可吸收的营养物质,

并合成酶类、激素及抗生素等活性物质,从而维持宿主的生长与发育^[29]。因此,肠道微生物群落的结构特征与土壤健康水平密切相关,是构成多维度生物学评价体系的关键组成部分^[30]。

2 土壤生物与土壤健康生物指标

2.1 土壤微生物

2.1.1 土壤细菌和真菌 土壤细菌群落结构和功能特征受土壤 pH、水分状况、养分可利用性等环境因子的显著影响。凭借高度的生态可塑性和代谢多样性,细菌可通过多种生存策略适应干旱、极寒等极端环境,在全球生态系统中广泛分布并持续发挥功能^[31]。作为物质转化与能量流动的核心驱动者,细菌在碳、氮等生源要素循环中具有不可替代的作用。真菌在有机质分解、植物共生及土壤结构稳定中扮演核心角色。真菌群落结构与功能受到环境因子综合调控,土壤理化性质的变化(如 pH 波动、重金属积累、有机污染物输入等)可显著改变特定类群(如酸杆菌门、变形菌门、放线菌门等)的相对丰度,影响其生

态网络拓扑结构和稳定性,进而重塑群落构建模式和土壤功能^[32-33]。

2.1.2 土壤古菌 传统土壤健康评价中,细菌和真菌因其可培养性强、研究成熟而占主导地位;古菌则因培养困难,其生态功能与群落特征常被忽视。作为微生物界独特成员,古菌具有特异的细胞膜结构和多样化代谢能力,展现出显著的遗传特异性和生态适应性^[34]。古菌主要分布于高盐、高温、高寒及盐碱化等极端环境,在碳、氮、硫、铁等元素的生物地球化学循环中发挥重要作用,是评估极端生态系统健康的重要指标^[35]。

2.1.3 原生生物 原生生物是广泛分布于土壤与水体的真核微生物(多为单细胞生物),具有极高的多样性及生态适应性^[11]。原生生物按营养类型分为异养型和自养型,异养型通过捕食调控土壤微生物群落结构与矿化效率,自养型则驱动碳固定过程^[36-37]。原生生物对环境变化极为敏感,其多样性、丰度及种群结构主要受水分、温度调控,其次受 pH 和养分含量影响^[38-39]。面临干旱、污染等胁迫时,部分类群可形成胞囊进入休眠状态,待环境恢复后重新激活^[40]。原生生物因易培养、繁殖快、生态广、响应灵敏等特点,成为土壤健康的理想早期指示生物,既可评估理化性质变化趋势,也可识别污染物(重金属/农药等)的生态毒性,在生态风险预警中潜力显著^[41]。

综上所述,土壤微生物(细菌、真菌、古菌、原生生物及病毒)广泛参与从土粒演化至维系人类健康的多层级生态过程^[42]。细菌和真菌作为经典的土壤健康生物指标,深度参与有机质分解、养分释放与能量转化,对环境变化响应迅速^[43]。古菌在极端环境中的养分转化与生态调节功能日益凸显,是特殊生态系统中衡量土壤健康和环境适应性的的重要指标^[44]。原生生物的高敏感性赋予其在污染预警中独特的价值^[38]。土壤微生物指标可划分为 3 个层级:①个体层面。微生物通过高度进化的 DNA 修复、蛋白质稳定机制及多样化代谢途径,在干旱、辐射等非生物胁迫下维持正常生存繁殖^[45]。通过微生物应对环境胁迫的不同策略,将土壤微生物中稀有物种和关键物种作为指示生物,是制定土壤指标的重要方向,如丛枝菌根真菌 AMF(球囊霉属)和外生菌根真菌 EMF(子囊菌门和担子菌门),其中 AMF 反映土壤养分循环,EMF 指示干旱恢复力,AMF:EMF 比值表征元素循环速率和微生物群落稳定性。②群落层面。微生物通过种间互作构建具有特定资源利用特征的群落结构,以应对环境胁迫。细菌、真菌、古菌及原生生物的生

物量、物种数量、群落结构、多样性(如丰富度指数、均匀度指数、Shannon 指数)及生态网络复杂性(PCoA 指数、NMDS 分析)等^[46],在土壤生态系统中资源利用与微环境调配方面发挥着重要作用,使其成为植被群落演替、土壤健康、生态稳定性及气候响应的评价指标^[47-48]。③环境互作层面。土壤微生物通过分解有机质残体驱动物质循环与能量流动,维持生态系统功能稳定性^[49]。此层面生物指标的选取范围更为广泛,如调控碳循环的微生物生物量碳、微生物食源碳、可矿化碳(易利用碳库)和高锰酸盐可氧化碳(矿物结合碳)含量等^[50-51],调控氮循环的微生物生物量氮、可矿化氮和土壤蛋白(可矿化有机氮、植物可利用有机氮)含量等^[52],都是表征养分元素及物质能量流动过程的常见指标。

2.2 土壤酶活性

土壤酶广泛存在于土壤生态系统中,其来源包括植物根系分泌物、动植物残体分解产物、土壤微生物代谢活动以及土壤动物排泄物等。作为土壤中关键的生物催化剂,土壤酶在养分转化与能量流动过程中发挥着核心作用^[53]。根据催化反应类型和功能,土壤酶主要可分为六大类。目前土壤研究中广泛关注以下 3 类:水解酶(Hydrolases)能够分解大分子物质(如多糖、蛋白质等),将其转化为易于植物吸收的小分子产物,在碳、氮等元素循环中发挥重要作用;氧化还原酶(Oxidoreductases)参与土壤氧化还原反应过程,影响能量转移效率和污染物降解;转移酶(Transferases)催化化学基团在分子间的转移,参与蛋白质、核酸、激素等关键物质的合成与转化过程^[54]。土壤酶活性受多种土壤理化性质的调控。陶磊等^[55]在棉田有机肥替代研究中指出,土壤磷酸酶、 β -葡萄糖苷酶和脱氢酶等多种酶活性随有机肥替代比例的增加而显著提高。徐玲等^[56]在泥炭地不同水分与养分条件的研究中发现,土壤有机碳和全氮含量显著影响酸性磷酸酶、 β -葡萄糖苷酶、亮氨酸氨基肽酶和过氧化物酶的活性。此外,邱莉萍等^[57]的长期定位试验表明,土壤脲酶和碱性磷酸酶活性的变化显著影响土壤中氮、磷的有效性,进而调控土壤肥力状况。

土壤酶活性是美国国家资源保护局(NRCS)推荐的土壤生物指标之一,用于衡量土壤微生物分解特定底物的潜力。作为土壤生态系统中重要的生物化学功能指标,土壤酶活性不仅能反映土壤养分转化潜力和生态过程的活跃程度,也是评估土壤质量、土壤健康及生态恢复状态的敏感指标^[58]。目前,土壤酶活性在土壤健康评价中的应用已较为成熟,尤其在表征土

壤物质循环与储存功能方面具有重要意义。例如,碳循环相关酶包括: α -1,4-葡萄糖苷酶(α -GLU)、 β -1,4-葡萄糖苷酶(β -GLU)、纤维素酶(Cellulase)和多酚氧化酶(PPO);氮循环相关酶包括: β -1,4-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶(β -BG)、 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶(β -NAG)和土壤脲酶(UE);磷循环相关酶包括:亮氨酸氨基肽酶(LAP)和酸性磷酸酶(AP);硫循环相关酶包括:芳基硫酸酯酶(AS)。此外,土壤脱氢酶(Dehydrogenase)和FDA水解酶活性可以反映土壤微生物的整体代谢活性水平,而过氧化氢酶(CAT)活性则能表征土壤的解毒能力,是衡量其清洁度和生态稳定性的关键指标^[59]。

除单一酶活性外,酶活性比值作为新型土壤生物指标也被广泛开发和应用。例如,BG/NAG比值可用于衡量微生物对氮源获取的能量分配策略;PPO/PER(过氧化物酶)比值则可指示土壤腐殖化过程中对特定有机质降解途径的偏好性。研究表明,当碳、氮和磷相关酶活性(通常以 β -GLU、NAG/LAP和AP为代表)的化学计量比接近1:1:1时,通常指示微生物代谢相对平衡,生态系统环境也较为稳定^[56]。通过系统监测土壤酶谱(即多种酶活性的组合模式及其相对关系)的变化趋势,有助于揭示土壤生态系统功能的动态特征及其对环境变化的响应机制。

2.3 土壤动物

2.3.1 土壤线虫 土壤线虫以其庞大的数量、极高的丰度和宽泛的生态位著称,能够广泛适应农田、沙漠乃至极地冻土等多种生态环境。作为小型土壤动物,这类异养多细胞真核动物体长通常为0.1~0.5 mm,体宽小于0.1 mm,分布密度常高于 10^6 个/m²。依据取食习性,可将其划分为五大营养类群:植物寄生性线虫、食细菌线虫、食真菌线虫、杂食性线虫和捕食性线虫^[60-61]。土壤线虫在土壤孔隙的薄水膜中移动,有助于疏通孔隙并增强土壤水分渗透性^[62]。其体表角质层具备半透膜特性,使线虫能直接接触土壤溶质,从而敏锐感知环境变化^[63]。此外,食细菌线虫和食真菌线虫通过摄食土壤微生物,排泄出氨基酸、氮、磷等植物可直接利用的养分,有效提升土壤养分水平^[64-65]。

凭借世代周期短、易于分离提取以及生态功能多样的特点,土壤线虫已成为评估生态系统功能维持和土壤健康的重要生物指标^[66]。目前已开发出多种基于线虫的生态学指标。在成熟度分析方面,常用指标包括:成熟度指数(MI),用于表征土壤生态系统稳定性及受干扰程度;总成熟度指数(Σ MI),反映所有线

虫类群的总体成熟度;以及植物寄生线虫指数(PPI),衡量植食性线虫的成熟度^[67]。在反映土壤食物网结构方面,关键指标有:结构指数(SI),指示食物网的结构复杂性和连通性;富集指数(EI),表征食物网对资源富集(如新鲜有机质输入)的响应能力;代谢足迹指数(MFs),基于生物量和呼吸估算线虫群落的代谢活动总量;基础指数(BI),反映食物网基础组分的相对丰度;Wasilewska指数(WI),用于分析食物网的矿化途径;通道指数(CI),通过计算食细菌线虫数量与食细菌线虫+食真菌线虫数量的比值,来表征食物网中有机物分解的主要途径(偏向细菌通道或真菌通道)^[62, 68]。

特定功能线虫也为土壤健康评价提供了重要指标。例如,梭线虫科的存在常与改善土壤食物网功能、提升结构水平和营养级相互作用相关联;而小杆线虫科则常被视为耕作系统中土壤食物网功能退化的指示类群^[50]。此外,线虫群落结构本身作为核心指标,受环境温度、湿度、养分含量及地上植被类型等因素的显著影响,具体包括物种组成、生物量、均匀度、物种丰富度(常用Chao1指数、ACE指数估算)以及多样性指数(如Shannon指数、Simpson指数)等^[69-70]。研究实例进一步印证了线虫指标的应用价值。张颖等^[63]在黄土高原的研究发现,藻类结皮和藓类结皮能显著提高土壤线虫在属水平上的丰富度、丰度及Shannon多样性指数^[71]。孙怡欣等^[72]在青藏高原的研究则表明,一年生豆科牧草有助于提升线虫群落密度,而多年生豆科牧草更有利于维持线虫多样性^[73]。

2.3.2 蚯蚓 蚯蚓属于大型土壤动物,是环节动物门寡毛纲的无脊椎动物,广泛分布于除海洋、沙漠和终年冰雪覆盖区之外的大多数生态系统中^[74],被誉为“土壤生态系统工程师”,能够通过掘穴、取食、消化、排泄以及分泌体表黏液等多种方式改善土壤生态系统^[75]。蚯蚓日常掘穴活动有助于疏松土壤,降低土壤容重。蚯蚓取食有机物质,在肠道微生物协同作用下将其转化为养分丰富、具有良好团粒结构的蚯蚓粪,在降低土壤污染的同时提升土壤肥力^[76]。此外,蚯蚓活动能加速有机质破碎、分解与混合,提高土壤团聚体稳定性和持水能力,为植物根系生长和微生物活性提升创造有利条件^[77]。蚯蚓分泌物富含氨基酸和生物酶等物质,可显著增强土壤酶活性,为土壤微生物提供营养^[78]。邱裕丰等^[79]研究证实,蚯蚓能够提高土壤有机碳含量,蚯蚓密度增加显著促进了团聚体中有机碳形成,进而增强土壤团聚体稳定性。另外,蚯蚓通过协同肠道微生物的作用,可有效消减

土壤污染物、增强土壤自洁能力,从而提升土壤健康水平^[77]。朱国繁等^[80]研究发现,农药胁迫下蚯蚓肠道菌群与土著微生物群落通过共有核心物种与其他微生物紧密互作,共同驱动土壤中农药降解与代谢^[81]。

蚯蚓指标在土壤健康评价中的应用历史悠久,最初主要用于衡量土壤的清洁度与稳定度^[82]。分子水平:蚯蚓体内金属硫蛋白(*mt*)基因的表达可作为土壤镉暴露的生物标志物,并参与镉等微量金属元素的解毒过程。蚯蚓的组织损伤程度与土壤环境变化显著相关,而蚯蚓溶酶体膜稳定性则可用于评估土壤污染对蚯蚓的生物学毒性效应^[83]。个体水平:蚯蚓的体重变化、回避行为、死亡率、茧孵化率和幼体存活率等指标,均可作为表征土壤生态系统污染和胁迫的潜在早期预警标志物^[84]。群落水平:总丰度、生物量、总物种丰富度、蚯蚓密度、主要类群比例、物种丰富度及多样性指数等指标已被广泛应用^[85-86]。功能性状水平:近年来,蚯蚓的功能性状指数(如身体色素沉着、体壁厚度、食性)被用于评估其在污染胁迫下的暴露时间、暴露敏感性及暴露程度;而蚯蚓群落的主要繁殖策略和物种分布广度则可用于衡量种群恢复力。然而,此类功能性状指标在土壤健康评价中的应用尚难以实现明确的界定,其适用性和标准化评估规则有待进一步研究与开发^[87]。

2.4 土壤生物指标反映生物多样性

生物多样性是土壤生态系统健康的核心之一,其对环境变化高度敏感,能灵敏地反映土壤生物群落的动态响应^[88]。微生物通过调整群落结构适应环境变化,这一适应性机制是生物多样性被视为土壤健康重要表征的关键因素。当土壤受到外界刺激时,土壤微生物会演化出新的代谢途径,增强群落间的协同作用与资源利用效率,从而提高环境适应能力,同时保留部分原始群落结构特征^[31]。这种动态变化深刻影响着微生物多样性、群落结构及其所支撑的生态环境功能^[42]。此外,土壤食物网的复杂性与稳定性很大程度上决定了土壤生态系统的稳健程度^[89]。提升土壤生物多样性有助于增强食物网的复杂性,从而提高整个生态系统的功能稳定性与健康水平^[90-91]。高佩等^[92]在一项针对退化草地的研究中发现,外源真菌与土著种群间存在互补性增殖效应,显著增强了土壤真菌网络复杂度与群落多样性。此外,土壤动物通过对细菌、真菌和古菌等微生物的选择性捕食,可促进稀有微生物类群的增加,提高微生物组的均匀度和互补性,进而影响生态环境的生物多样性,并实现自身的生长繁

殖^[93-94]。张士秀等^[4]的研究对比了保护性耕作替代传统耕作模式后的变化,发现土壤生物类群(包括微生物、线虫、跳虫、螨类及蚯蚓)的物种丰富度、数量、生物量,以及食物网结构的复杂性和营养级间的连通性均得到显著提升(提升幅度分别为 1%~8%、25%~57%、30%~50% 和 14%~32%)。土壤生物通过构建“微生物-动物”多级土壤生物网络,整体调控并维持农田土壤生态功能与健康。然而,在严重破碎化和岛屿化的城市土壤区域,对活动面积依赖性强的物种数量显著少于低等无脊椎动物和微生物类群^[4]。综上所述,不同环境变化背景下,土壤生物多样性都是评估土壤生态环境服务功能健康水平的关键环节^[94-95]。

3 研究与展望

3.1 土壤生物指标数据采集标准化

作为土壤健康评价的重要组成部分,土壤生物指标具有显著优势。然而,与微生物相比,土壤动物具有较强的活动能力,在翻耕、挖掘、开采等人为扰动发生后,其个体数量往往会骤然下降,并在扰动结束后的恢复期内逐步回升至原有水平。这种短期内的剧烈波动显著影响了土壤动物指标的稳定性与代表性。曹荔荔等^[15]在野外采样研究中指出,应尽量采用人为扰动较小的采样方法,以提高土壤动物数据的准确性。因此,在土壤生物指标的数据采集过程中,针对不同类型的土壤生物制定标准化的采样流程至关重要。这不仅有助于提升数据的标准化程度,还对试验结果的可重复性、数据共享与跨研究的可比性具有重要意义。

3.2 新兴土壤生物指标挖掘

随着高通量测序(如二代测序、单分子测序)、宏蛋白组学、宏代谢组学以及生物信息学的迅猛发展,将这些前沿技术整合应用于土壤健康生物指标数据集的构建成为可能^[96]。例如,从土壤中提取胞内外 DNA 作为环境 DNA(eDNA),可用于量化生物指标并揭示土壤生物群落功能^[97]。Jia 等^[98]研究发现,微生物功能基因的丰度可作为一种新型生物指标,其丰度在有机肥施用后显著增加。这类功能基因可直接反映特定的土壤生态功能,而不依赖传统的间接代理指标(表 1)。尽管这些新兴指标在应用中仍面临可信度和确定性的挑战,但无疑为土壤健康评价提供了更丰富且更精准的指标选择。

3.3 将土壤动物纳入合成微生物群落策略

土壤健康评价作为土壤健康修复的前瞻性预测工具,主要服务于后续改良策略的制定。其中,构建

表 1 土壤功能基因类型
Table 1 Soil functional gene types

物质循环	相关基因
碳循环	<i>cbbL</i> , <i>cbbM</i> , <i>aclA/B</i> , <i>oorA</i> , <i>atoB</i> , <i>pccA</i> , <i>acsB</i> , <i>fhs</i> , <i>acsA</i> 等
氮循环	<i>nifH</i> (固氮), <i>ureC</i> (尿素转化), <i>chiA</i> (氮矿化), <i>A/B-amoA</i> (氨氧化), <i>narG</i> , <i>nirS</i> (反硝化)等
磷循环	<i>Gcd</i> , <i>ppx</i> (无机磷溶解); <i>Bpp</i> , <i>phoC</i> , <i>phoN</i> (有机磷矿化); <i>Pit</i> , <i>pstA/B</i> , <i>ugpB/C</i> (磷吸收转运); <i>gltA</i> (生物可利用磷释放)等 ^[99]

合成微生物群落(Synthetic microbial communities, SynComs)以实现微生物功能可控性, 已成为土壤健康修复领域的热点方向^[100]。然而, 如何有效地将土壤动物纳入合成微生物体系, 仍有待深入探索。合成微生物群落策略的核心在于筛选特定功能特性(如代谢多样性、功能类型、环境适应性等)的微生物种群, 按功能需求在特定条件下将多个功能明确、分类清晰且相互协同的菌株按比例组合, 构建出更高效、更可控的微生物群落系统。该策略已在植物土传病害防控、土壤污染治理及土壤健康提升等方面展现出广泛的应用潜力^[101]。未来, 若能将土壤动物纳入这一合成框架, 并结合大数据建模与人工智能学习等先进技术, 有望实现以下目标: 一是构建具备特定功能模式的微生物-动物复合群落; 二是根据不同应用场景, 实现合成群落的精准设计与规模化生产。这将为实现土壤生态系统的可持续管理与健康培育提供前景广阔的新途径^[102]。

参考文献:

[1] Tölgyessy J. 2 Water, air and soil—fundamental sources of the biosphere[M]//Chemistry and biology of water, air and soil—environmental aspects. Amsterdam: Elsevier, 1993: 3–13.

[2] Rodrigues S M, Römkens P F A M. Human health risks and soil pollution[M]//Soil pollution. Amsterdam: Elsevier, 2018: 217–250.

[3] Steffan J J, Brevik E C, Burgess L C, et al. The effect of soil on human health: An overview[J]. European Journal of Soil Science, 2018, 69(1): 159–171.

[4] 张士秀, 贾淑霞, 常亮, 等. 保护性耕作改善东北农田黑土土壤生物多样性及其生态功能[J]. 地理科学, 2022, 42(8): 1360–1369.

[5] Delgado-Baquerizo M, Eldridge D J, Liu Y R, et al. Soil biodiversity and function under global change[J]. PLoS Biology, 2025, 23(3): e3003093.

[6] 徐国良, 文雅, 蔡少燕, 等. 城市表层土壤对生态健康影响研究述评[J]. 地理研究, 2019, 38(12): 2941–2956.

[7] Adhikari K, Hartemink A E. Linking soils to ecosystem services—a global review[J]. Geoderma, 2016, 262: 101–111.

[8] David W, Lilian O, Marko D, et al. Key indicators and management strategies for water purification and regulation[N]. Wexford: Teagasc, Johnstown Castle, 2018.

[9] Zhu B J, Whalen J K, Wu J T, et al. Soil food web structure coordinated by soil omnivores sustains soil multifunctionality in moderate vermicompost amended fields[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2024, 192: 109391.

[10] Petters S, Groß V, Söllinger A, et al. The soil microbial food web revisited: Predatory myxobacteria as keystone taxa?[J]. The ISME Journal, 2021, 15(9): 2665–2675.

[11] Geisen S, Mitchell E A D, Adl S, et al. Soil protists: A fertile frontier in soil biology research[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2018, 42(3): 293–323.

[12] 石妮, 马斯琳, 陈雯莉, 等. 原生动物的病原菌互作与土壤健康综述[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(3): 481–489.

[13] Vian J F, Peigne J, Chaussod R, et al. Effects of four tillage systems on soil structure and soil microbial biomass in organic farming[J]. Soil Use and Management, 2009, 25(1): 1–10.

[14] Korboulewsky N, Perez G, Chauvat M. How tree diversity affects soil fauna diversity: A review[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, 94: 94–106.

[15] 曹荔荔, 阮宏华, 李媛媛, 等. 不同林龄水杉人工林地表大型土壤动物群落特征比较研究[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2025, 49(2): 91–98.

[16] 高明, 周保同, 魏朝富, 等. 不同耕作方式对稻田土壤动物、微生物及酶活性的影响研究[J]. 应用生态学报, 2004, 15(7): 1177–1181.

[17] 林卡, 李德成, 张甘霖. 土壤质量评价中文文献分析[J]. 土壤通报, 2017, 48(3): 736–744.

[18] 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.

[19] Xing Y Y, Wang X K, Mustafa A. Exploring the link between soil health and crop productivity[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2025, 289: 117703.

[20] 梁文举, 葛亭魁, 段玉玺. 土壤健康及土壤动物生物指示的研究与应用[J]. 沈阳农业大学学报, 2001, 32(1): 70–72.

[21] Singh B K, Jiang G F, Wei Z, et al. Plant pathogens, microbiomes, and soil health[J]. Trends in Microbiology, 2025, 33(8): 887–902.

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

[23] Bardgett R D, Caruso T. Soil microbial community responses to climate extremes: Resistance, resilience and transitions to alternative states[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences, 2020, 375(1794): 20190112.

[24] Wang C, Morrissey E M, Mau R L, et al. The temperature sensitivity of soil: Microbial biodiversity, growth, and

- carbon mineralization[J]. *The ISME Journal*, 2021, 15(9): 2738–2747.
- [25] Bastida F, Eldridge D J, García C, et al. Soil microbial diversity–biomass relationships are driven by soil carbon content across global biomes[J]. *The ISME Journal*, 2021, 15(7): 2081–2091.
- [26] Prabhakaran A, Meenatchi R, Pal S, et al. Soil microbiome: Characteristics, impact of climate change and resilience[M]//*Understanding the Microbiome Interactions in Agriculture and the Environment*. Singapore: Springer Nature Singapore, 2022: 285–313.
- [27] 辛熙炜, 陈晨, 吴婉晴, 等. PLA 和 PBAT 可生物降解微塑料对土壤–植物系统的生态效应[J]. *农业环境科学学报*, 2025, 44(2): 342–352.
- [28] Li Z H, Yuan L, Shao W, et al. Evaluating the interaction of soil microorganisms and gut of soil fauna on the fate and spread of antibiotic resistance genes in digested sludge-amended soil ecosystem[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 420: 126672.
- [29] Ding J, Zhu D, Li H, et al. The gut microbiota of soil organisms show species-specific responses to liming[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 659: 715–723.
- [30] 刘玉琳. 保护性耕作对土壤跳虫生物多样性和肠道微生物的影响[D]. 哈尔滨: 中国科学院大学(中国科学院东北地理与农业生态研究所), 2024.
- [31] 王天琪, 刘秀花, 马延东. 细菌群落通过增加丰度、多样性与构建协同共生模式适应干旱气候环境[J]. *微生物学报*, 2025, 65(7): 3023–3040.
- [32] Yiallouris A, Pana Z D, Marangos G, et al. Fungal diversity in the soil Mycobiome: Implications for ONE health[J]. *One Health*, 2024, 18: 100720.
- [33] Yan Y, Sun X T, Sun F W, et al. Sensitivity of soil fungal and bacterial community compositions to nitrogen and phosphorus additions in a temperate meadow[J]. *Plant and Soil*, 2022, 471(1): 477–490.
- [34] Fujii S, Cornelissen J H C, van Logtestijn R S P, et al. Downed deadwood habitat heterogeneity drives trophic niche diversity of soil-dwelling animals[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2023, 187: 109193.
- [35] Zhang M Y, Bai L, Yao Z, et al. Seasonal lake ice cover drives the restructuring of bacteria–Archaea and bacteria–fungi interdomain ecological networks across diverse habitats[J]. *Environmental Research*, 2025, 269: 120907.
- [36] Evans C R C, Hatton D A, Swindles G T. Testate amoebae are informative bioindicators of critically high ammonia deposition on peatlands[J]. *European Journal of Protistology*, 2025, 99: 126147.
- [37] Zhang Z J, Yang Y K, Du Y J, et al. The community diversity and metabolic function of symbiont bacteria associated with soil amoebae (dictyostelids) in free-living habitats[J]. *Applied Soil Ecology*, 2025, 206: 105820.
- [38] 姚保民, 曾青, 张丽梅. 土壤原生物多样性及其生态功能研究进展[J]. *生物多样性*, 2022, 30(12): 234–245.
- [39] 雷丽, 王加龙, 张雪, 等. 土壤原生生物类群及功能[J]. *土壤通报*, 2023, 54(1): 232–244.
- [40] Aguilar-Díaz H, Carrero J C, Argüello-García R, et al. Cyst and encystment in protozoan parasites: Optimal targets for new life-cycle interrupting strategies?[J]. *Trends in Parasitology*, 2011, 27(10): 450–458.
- [41] Williams R A M, Ogoke A, Rodgers K, et al. Estimating soil health in urban allotments: Integrated two-way soil quality index and free-living amoebae in nitrogen recycling[J]. *Soil & Environmental Health*, 2023, 1(4): 100046.
- [42] Zhang M X, Hu J P, Zhang Y W, et al. Roles of the soil microbiome in sustaining grassland ecosystem health on the Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Microbiological Research*, 2025, 293: 128078.
- [43] 高贵锋, 马程, 闫苏波, 等. 桥梁施工对红树林土壤真菌多样性和共存网络的影响[J/OL]. *土壤学报*, 2025: 1–12. (2025-04-21). <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=TRXB20250418001&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.
- [44] Zhang L, Yang J S, Ge A H, et al. Salinity drives niche differentiation of soil bacteria and Archaea in Hetao Plain, China[J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 370: 122977.
- [45] 姚佳妮, 代金霞, 刘爽, 等. 基于宏转录组的宁夏荒漠灌丛根际土壤微生物群落组成和功能多样性[J]. *草业科学*, 2025, 42(6): 1331–1342.
- [46] 杜晓芳, 李英滨, 白杨, 等. 基于探索性因子分析的土壤生物健康评价[J]. *应用生态学报*, 2024, 35(12): 3497–3506.
- [47] 焦硕, 戚杰军, 刘纪爱, 等. 旱区土壤微生物组与土壤健康评价[J]. *土壤学报*, 2023, 60(5): 1350–1362.
- [48] Zhong L L, Li Z P, Shi L L, et al. Cropping systems and ecological groups of soil animals jointly affect the transfer of root-derived carbon and mineral nitrogen into the soil food web[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2025, 200: 109646.
- [49] Baloch F B, Zeng N, Gong H Y, et al. Rhizobacterial volatile organic compounds: Implications for agricultural ecosystems' nutrient cycling and soil health[J]. *Heliyon*, 2024, 10(23): e40522.
- [50] Martin T, Sprunger C D. Soil food web structure and function in annual row-crop systems: How can nematode communities infer soil health?[J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 178: 104553.
- [51] Wang X Y, Liang C, Dini-Andreote F, et al. Impacts of trophic interactions on carbon accrual in soils[J]. *Trends in Microbiology*, 2025, 33(3): 277–284.
- [52] 徐明岗, 段英华, 白珊珊, 等. 基于长期定位试验的土壤健康研究与展望[J]. *植物营养与肥料学报*, 2024, 30(7): 1253–1261.
- [53] 王理德, 王方琳, 郭春秀, 等. 土壤酶学研究进展[J]. *土壤*, 2016, 48(1): 12–21.
- [54] 曹慧, 孙辉, 杨浩, 等. 土壤酶活性及其对土壤质量的指示研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2003, 9(1): 105–109.
- [55] 陶磊, 褚贵新, 刘涛, 等. 有机肥替代部分化肥对长期连作棉田产量、土壤微生物数量及酶活性的影响[J]. *生态学报*, 2014, 34(21): 6137–6146.

- [56] 徐玲, 薛丹, 孙嘉悦, 等. 不同营养类型泥炭地土壤酶活性及其化学计量特征[J]. 应用生态学报, 2025, 36(6): 1880–1888.
- [57] 邱莉萍, 刘军, 王益权, 等. 土壤酶活性与土壤肥力的关系研究[J]. 植物营养与肥科学报, 2004, 10(3): 277–280.
- [58] Cheng C T, Wu Y L, Hou Y T, et al. Cellulose acetate-coated capacitive sensor for determining carbon-cycle enzymes activity and as a microbial Indicator for soil health[J]. Science of the Total Environment, 2024, 948: 174841.
- [59] Elhawat N, Domokos-Szabolcsy É, Veres S, et al. Five-year impacts of biomass crop monoculture on soil enzyme activity, nitrogen pools, and other soil health indicators[J]. Biomass and Bioenergy, 2025, 198: 107856.
- [60] 梁思维, 刘笑彤, 李英滨, 等. 我国土壤线虫生态研究新进展[J]. 应用生态学报, 2024, 35(8): 2282–2290.
- [61] Hayden H L, Ghaderi R, Trollip C, et al. Advancing the use of metabarcoding derived nematode-based indices as soil health bioindicators in agricultural and natural environments[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2025, 205: 109772.
- [62] Martin T, Sprunger C D. Nematodes require space: The relationship between nematode community assemblage and soil carbon across varying aggregate fractions[J]. Geoderma, 2023, 436: 116536.
- [63] 张颖, 肖波, 王彦峰, 等. 黄土高原生物结皮覆盖对土壤线虫垂直分布格局的影响[J]. 生态学报, 2024, 44(19): 8447–8458.
- [64] Pang S, Hua B, Yang W, et al. Soil properties override climatic factors to shape soil nematode diversity in the eastern forest transect of China[J]. Global Ecology and Conservation, 2024, 54: e03061.
- [65] Jiang Y J, Liu M Q, Zhang J B, et al. Nematode grazing promotes bacterial community dynamics in soil at the aggregate level[J]. The ISME Journal, 2017, 11(12): 2705–2717.
- [66] Laasli S E, Lahlali R, Dababat A A, et al. Soil health in Moroccan olive agroecosystems: The bioindication role of terrestrial nematode dynamics[J]. Heliyon, 2024, 10(23): e40715.
- [67] 孙新, 李琪, 姚海凤, 等. 土壤动物与土壤健康[J]. 土壤学报, 2021, 58(5): 1073–1083.
- [68] Su H, Yang Z H, Liu Z Y, et al. Applicability of soil health assessment dominated by biological indicators in facility agriculture[J]. Science of the Total Environment, 2024, 957: 177346.
- [69] Martin T, Wade J, Singh P, et al. The integration of nematode communities into the soil biological health framework by factor analysis[J]. Ecological Indicators, 2022, 136: 108676.
- [70] Wang H T, Yang J J, Finn D R, et al. Distinct seasonal and annual variability of prokaryotes, fungi and protists in cropland soil under different tillage systems and soil texture[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2025, 203: 109732.
- [71] Bongers T, Ferris H. Nematode community structure as a bioindicator in environmental monitoring[J]. Trends in Ecology & Evolution, 1999, 14(6): 224–228.
- [72] 孙怡欣, 侯春雨, 周磊, 等. 青藏高原盆栽一年生和多年生豆科牧草对土壤线虫群落的影响[J]. 生物多样性, 2024, 32(7): 70–84.
- [73] Sechi V, De Goede R G M, Rutgers M, et al. Functional diversity in nematode communities across terrestrial ecosystems[J]. Basic and Applied Ecology, 2018, 30: 76–86.
- [74] 张卫信, 陈迪马, 赵灿灿. 蚯蚓在生态系统中的作用[J]. 生物多样性, 2007, 15(2): 142–153.
- [75] Berg B, Laskowski R. Decomposers: Soil microorganisms and animals[J]. Advances in Ecological Research, 2005, 38: 73–100.
- [76] 刘若文, 翟俊杰, 王兴. 蚯蚓与土壤健康的研究进展[J]. 应用生态学报, 2025, 36(2): 637–646.
- [77] Simon B, Dekemati I, Ibrahim H T M, et al. Impact of tillage practices and soil texture on soil health and earthworms in the Pannonian region: A comparative study from Austria and Hungary[J]. Applied Soil Ecology, 2025, 206: 105863.
- [78] 马志梅, 张月, 裴亚楠, 等. 秸秆配施蚯蚓对设施次生盐渍化土壤改良效果[J]. 农业环境科学学报, 2025, 44(7): 1769–1778.
- [79] 邱裕丰, 唐荣贵, 沈玉叶, 等. 不同密度蚯蚓对毛竹林土壤团聚体稳定性及有机碳的影响[J]. 应用生态学报, 2025, 36(3): 819–827.
- [80] 朱国繁, 应蓉蓉, 邓绍坡, 等. 土著菌群与蚯蚓肠道菌群共享核心物种协同抵御灭蚊灵胁迫研究[J]. 土壤, 2021, 53(6): 1250–1260.
- [81] Chen Z P, Li W L, Kama R, et al. Co-application of earthworms and arbuscular mycorrhizal fungi enhances arsenic tolerance of upland rice and improves soil health[J]. Journal of Environmental Management, 2025, 381: 125213.
- [82] 高岩, 骆永明. 蚯蚓对土壤污染的指示作用及其强化修复的潜力[J]. 土壤学报, 2005, 42(1): 140–148.
- [83] Cui J Q, Jiang J, Chang E, et al. Underlying reasons and factors associated with changes in earthworm activities in response to biochar amendment: A review[J]. Biochar, 2023, 5(1): 79.
- [84] Wang X Y, Cairang S, Du J J, et al. A large-scale assessment of soil heavy metal pollution using field-collected earthworms as bio-indicators in Shaoguan, South China[J]. Environment & Health, 2025, 3(6): 616–625.
- [85] Pérès G, Vandenbulcke F, Guernion M, et al. Earthworm indicators as tools for soil monitoring, characterization and risk assessment. An example from the national Bioindicator programme (France)[J]. Pedobiologia, 2011, 54: S77–S87.
- [86] Bartz M L C, Dudas R T, Demetrio W C, et al. Earthworms as soil health indicators in no-tillage agroecosystems[J]. European Journal of Soil Biology, 2024, 121: 103605.
- [87] Stroud J L. Soil health pilot study in England: Outcomes from an on-farm earthworm survey[J]. PLoS One, 2019, 14(2): e0203909.

- [88] Topole M, Marinko J, Podpečan V, et al. Barriers and prospects for soil biodiversity research in the Balkans[J]. *Applied Soil Ecology*, 2025, 206: 105804.
- [89] Luan L, Dini-Andreote F, Zhou S G, et al. Targeted manipulation of food webs in the plant rhizosphere[J]. *Trends in Plant Science*, 2025, 30(5): 457–460.
- [90] Gong J R, Yang G S, Zhang S Q, et al. Human activities weaken the positive effects of soil abiotic factors and biodiversity on ecosystem multifunctionality more than drought: A case study in China's West Liao River Basin[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 957: 177564.
- [91] Phillips H R P, Cameron E K, Eisenhauer N, et al. Global changes and their environmental stressors have a significant impact on soil biodiversity—a meta-analysis[J]. *iScience*, 2024, 27(9): 110540.
- [92] 高佩, 李希来, 柴瑜, 等. 微生物菌剂配施羊板粪对三江源区退化草地群落特征和土壤真菌多样性的影响[J/OL]. *中国环境科学*, 2025: 1–18. (2025–04–03). <https://link.cnki.net/doi/10.19674/j.cnki.issn1000-6923.20250402.001>.
- [93] Liu M X, Xiao Y D, Shi J Y, et al. Precipitation alters the relationship between biodiversity and multifunctionality of grassland ecosystems[J]. *Journal of Environmental Management*, 2025, 377: 124707.
- [94] Cozim-Melges F, Ripoll-Bosch R, Oggiano P, et al. The effect of alternative agricultural practices on soil biodiversity of bacteria, fungi, nematodes and earthworms: A review[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2025, 379: 109329.
- [95] Petersen H, Luxton M. A comparative analysis of soil fauna populations and their role in decomposition processes[J]. *Oikos*, 1982, 39(3): 288–388.
- [96] 高贵锋, 褚海燕. 微生物组学的技术和方法及其应用[J]. *植物生态学报*, 2020, 44(4): 395–408.
- [97] Zhang Y, Lu W J, Xing K H, et al. Environmental DNA as a tool for soil health monitoring and unveiling new ecological frontiers[J]. *Ecological Indicators*, 2025, 174: 113438.
- [98] Jia J Y, de Goede R, Li Y Z, et al. Unlocking soil health: Are microbial functional genes effective indicators?[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2025, 204: 109768.
- [99] Wani A K, Qadir F, Elboughdiri N, et al. Metagenomics and plant-microbe symbioses: Microbial community dynamics, functional roles in carbon sequestration, nitrogen transformation, sulfur and phosphorus mobilization for sustainable soil health[J]. *Biotechnology Advances*, 2025, 82: 108580.
- [100] Schmitz L, Yan Z C, Schneijderberg M, et al. Synthetic bacterial community derived from a desert rhizosphere confers salt stress resilience to tomato in the presence of a soil microbiome[J]. *The ISME Journal*, 2022, 16(8): 1907–1920.
- [101] 方临川, 胡紫莹, 崔庆亮, 等. 合成菌群构建与应用: 提升土壤健康新策略[J/OL]. *土壤学报*, 2025: 1–15. (2025–01–22). <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=TRXB20250121002&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.
- [102] Li M, Hu J, Wei Z, et al. Synthetic microbial communities: Sandbox and blueprint for soil health enhancement[J]. *Imeta*, 2024, 3(1): e172.