DOI:10.16861/j.cnki.zggc.2025.0636

根际微生物组修复土壤污染研究进展

杨　凡[1],王　欣[1,2],张　英[1],姜鸿勋[1],杨文瑞[1],常晓轲[1],姚秋菊[1]

(1.河南省农业科学院蔬菜研究所　郑州　450002;　2.郑州大学农学院　郑州　450001)

摘　要:土壤污染严重威胁粮食安全及人类生存与健康。微生物修复土壤污染是新质生产力的重要体现,是提升地力、促进农业可持续发展、保障中国粮食安全的必由之路。本文简要梳理了土壤污染来源及其危害,重点阐明了根际微生物组对土壤连作障碍污染、有机物污染、重金属污染等方面的相关修复机制,并对根际微生物修复污染土壤技术进行了分类。最后从高效菌株选育及改良、微生物组构建及优化、产品安全性评估等角度对根际微生物组修复污染土壤进行了展望,以期为根际微生物组修复污染土壤提供参考。

关键词:土壤污染;根际微生物组;连作障碍;重金属;有机物

中图分类号:S154.3+S63　　**文献标志码:**A　　**文章编号:**1673-2871(2026)01-001-11

Research progress on remediation of soil pollution by rhizosphere microbiome

YANG Fan[1], WANG Xin[1,2], ZHANG Ying[1], JIANG Hongxun[1], YANG Wenrui[1], CHANG Xiaoke[1], YAO Qiuju[1]

(*1. Institute of Vegetable, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, Henan, China; 2. School of Agricultural Sciences, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, Henan, China*)

Abstract: Soil pollution is a serious threat to food security and human survival and health. Microbial remediation of soil pollution is an important manifestation of new productivity, which is the only way to improve soil fertility, maintain sustainable agricultural development and ensure food security in China. This paper briefly reviews the sources and hazards of soil pollution, focuses on elucidating the related remediation mechanisms of rhizosphere microbiome for soil continuous cropping obstacle pollution, organic matter pollution, heavy metal pollution, etc., and classifies rhizosphere microbial remediation techniques for contaminated soil. Finally, the remediation of contaminated soil by rhizosphere microbiome was prospected from the perspectives of high-efficiency strain breeding and improvement, microbiome construction and optimization, and product safety evaluation, aiming to provide reference for rhizosphere microbiome remediation of contaminated soil.

Key words: Soil pollution; Rhizosphere microbiome; Monocropping obstacle; Heavy metal; Organic matter

土壤是人类农业生产、物质生存及社会文明发展的重要基石。作为植物生长的载体,土壤保障了食物的营养供给与稳定产量,是人民群众实现从“吃得饱”到“吃得健康”这一转变的物质基础。随着人类活动加剧和现代农业追求更高经济效益,土壤健康面临着巨大的挑战,尤其是目前普遍存在土壤持续进行周期性生产、肥料过量施用、农药与抗生素滥用等引起土壤根际有益微生物减少、病原菌(虫)泛滥、土壤物理和化学性劣化及土壤酶活性降低,从而导致土壤连作障碍问题日益突出[1]。此外,工业生产、畜禽养殖及居民生活等工农业生产生活过程中的大量污染物,如多环芳烃、农用薄膜、畜禽粪便及重金属等,进一步加剧了土壤污染和粮食减产问题的严重性,同时引发了人畜争粮或共存等多种问题,极大地制约了农业产业的可持续发展[2]。

1　土壤污染的主要来源

1.1　连作障碍污染

瓜果蔬菜、大田粮食作物、观赏园艺及中药材

收稿日期:2025-09-05;**修回日期:**2025-11-07

基金项目:河南省重点研发专项(251111111100);河南省重点研发与推广科技攻关专项(252102111094);国家特色蔬菜产业技术体系(CARS-24-G-15);河南省农业科学院科技创新团队(2024TD43);河南省重大科技专项(241100110200)

作者简介:杨　凡,男,副研究员,主要从事微生物土壤生态修复等研究。E-mail:xiaoyuefuxiang@163.com

通信作者:姚秋菊,女,研究员,主要从事蔬菜遗传育种、土壤微生物连作障碍修复等研究。E-mail:wgqdaisy@163.com

等受连作障碍的影响较大。国内外许多研究表明，作物长期连作导致土壤有机酸积累，理化性质恶化，营养物质转换失调等[3-4]。甜瓜连作会导致植株根部腐烂，水分和营养物质吸收能力减弱，光合作用效率显著降低，出现早衰、死棵以及产量下降和口感变差等一系列问题[5]。大豆连作下，土壤氮磷钾三元素含量显著下降，pH 降低，土壤蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶等多种酶活性升高，根际微生物活动紊乱，病原菌及害虫侵染频发，大豆空荚数增多，籽粒变小，脂肪含量显著降低[6-7]。土壤连作障碍灾变或加剧是一个整体复杂的多因素协同耦合作用的过程。土壤连作障碍形成的原因和类型因种植的区域、作物种类、茬口、种植制度、栽培环境等因素表现出显著差异。近年来，许多学者从栽培学、土壤环境、植物病理、微生物、生态等不同角度提出了“病虫害”“毒素”及“五大因子”等学说，但机制尚不清楚[1,8-10]。笔者在此基础上认为导致土壤连作障碍发生或加剧的关键因素有：土壤营养物质缺失及转化机制失常、有害病原性微生物数量激增、作物根系分泌自毒物质累积、根际微生物菌群失调等。目前，消减土壤连作障碍，恢复土壤健康，已成为迫在眉睫的研究课题。

1.2 有机物污染

有机物进入土壤易导致土壤的结构和功能失调，产生有毒物质，抑制微生物定殖和植物生长发育。土壤有机物污染来源主要有城市污泥污水、农膜及其他废弃塑料等[11]。翟增秀等[12]在有机磷农药污染地块检测出了 354 种有机污染物，其中甲苯、氯苯、二氯甲烷、二甲苯等物质检出率在 80%以上，是主要有机污染物。农膜残留阻碍营养物质和水分运输，影响土壤物理化学及生物特性，降低土壤微生物菌群活力，进而导致土壤有机质含量降低、作物减产等[13-15]。有机物污染不仅影响土壤健康，还会直接影响瓜菜的生长和品质。张会敏等[16]研究发现，当采用质量浓度为 600 μg·L^{-1} 萘、菲、荧蒽和苯并蒽混合溶液对黄瓜进行处理时，黄瓜的株高、根长、叶长等多项生长指标均受到显著抑制。陈世军等[17]研究表明，高浓度多环芳烃对白菜、番茄和茄子等瓜菜类作物的生长具有显著抑制作用，导致植物根毛减少、叶片发黄及株高下降等异常现象。多环芳烃是典型的持久性有机污染物，广泛分布于环境中，通过大气、水源、食物链等对人、动植物及微生物具有“三致”作用，即致癌、致基因突变、致生长畸形，不仅可诱发皮肤癌、肺癌、呼吸道癌等多种癌症，还易诱发红细胞溶血、新生儿体重下降等重大疾病[18-20]。

1.3 重金属污染

重金属具有持久性和毒害性，通过转化、迁移及富集等进入农作物体内而危害人体或动物健康。土壤重金属污染来源途径广泛，主要有工业废弃物、农药、工业或城市废污水、化肥和有毒害气体沉降等[21]。震惊全球的“骨疼病”和“水俣病”就是由重金属镉和汞富集污染引起的。鲁荔等[22]研究发现，锌铅矿矿口及选矿厂周围土壤重金属富集因子均超过 1，采矿口附近土壤和植被已受到重金属的严重污染，而选矿厂周边佛手瓜、白菜、胡萝卜等蔬菜地下部分重金属含量普遍高于地上部分，土壤污染程度同样为重污染。不同瓜菜作物对不同重金属的富集能力不同，康琪等[23]研究发现，西瓜、甜瓜对 Cr、Cd、As、Pb 等重金属的富集能力在品种间存在较大差异，且西瓜和甜瓜富集能力较强的重金属种类有所不同，西瓜主要富集 Cd 和 Pb，甜瓜主要富集 Cd 和 As。当植物体内积累的重金属达到一定量时，会对植物细胞器的正常结构及功能造成破坏，导致植物代谢紊乱，进而抑制其生长发育。随着 $CdCl_2$ 浓度的增加，甜瓜幼苗的株高和茎粗均会降低，而植株的 CAT、SOD 等保护酶活性则升高，表明 $CdCl_2$ 可以抑制甜瓜幼苗的生长[24]。此外，番茄植株在高浓度 Pb 溶液的处理下会出现偏网状失绿现象[25]。刘素纯等[26]研究表明，Pb 溶液浓度的升高，增加了黄瓜幼苗畸形根的数量，其体内营养元素的吸收和转运因此失衡，进而导致黄瓜产量显著下降。Rakesh 等[27]研究发现，重金属不仅造成人类或动物神经毒性、肝损伤及癌症等疾病，而且导致土壤空间变异极大、理化性质恶化、微生物多样性减少、粮食减产等问题[28]。土壤重金属污染已成为人类或动植物生存健康的卡脖子问题，急需得到有效解决。

2 根际微生物组修复污染土壤机制

“土壤治之得宜，地力常新壮”。土壤微生物在土壤生态系统中占有重要位置，其种群丰富，数量庞大，通过分解合成有机质等驱动着土壤中的生物化学循环，通过代谢途径产生多种次生代谢产物修复污染土壤、改善土壤质量、调控植物生长发育等。土壤根际微生物组作为农作物的第二基因组，是维持土壤健康的关键与核心，对可持续农业发展及保护土壤生态环境具有重要意义。土壤中有机物的分解、转化及积累，氮素转化，磷、钾、钙、铁、锌

等营养元素的释放，植物养分和水分吸收，抑制病菌和改良土壤等过程均与根际微生物组的活动密切相关[29]。根际微生物组主要通过直接修复和联合修复等方式改善和修复受污染的土壤[30]。直接修复指的是特定的细菌或真菌微生物组（群）直接作用于土壤中的污染物，从而生成简单的无机物；联合修复则是特定的微生物组与其他载体或方法协同组合对污染土壤成分进行降解、分解、转移或转化[31-34]。

2.1　根际微生物组修复土壤连作障碍机制

连作障碍灾变导致土壤微团聚体显著减少、养分转换异常、酸类等自毒物质大量积累、土传病虫毒害加剧、植物生长失调、根际微生物群落受破坏等。根际微生物组施用于连作障碍土壤，能有效在作物根际形成物理和生物屏障抵御病虫害；通过招募特定微生物改良土壤的透气性和疏水性、降解或转化有毒有机物与重金属；通过菌丝或代谢产物促进植株生长、提高作物风味、品质和产量等[1,4,8,29]。笔者分别从微生物改良土壤、抵御土传病虫害、调节植物生长、降解化感物质、调节根际微生物群落健康、修复盐碱地及降解农药残留等方面阐述根际微生物组修复土壤连作障碍的机制（图1）。

2.1.1　固化养分与改良土壤　根际微生物组可以将大气中的氮固定，转化成植物易吸收和有效利用的氨态氮，与此同时将不溶或难溶的大分子有机磷和钾矿化为易溶解与吸收的无机磷和钾或分解为有机小分子物质，供植物吸收，从而达到改良土壤的目的。固氮微生物作为一大类被广泛报道的根际促生菌，通过 *nifDK* 编码的钼铁蛋白、*nifH* 编码的铁蛋白和固氮酶等，在 ATP 和电子的参与下，空气中 N_2 的三价键被破坏，将其还原为 NH_3 和 H_2[35-36]。谢显秋[37]研究发现，固氮菌株（*Klebsiella variicola*）DX120E 不仅通过活化土壤养分有效改善甘蔗根际土壤环境，还可以调控甘蔗氨基酸代谢通路促进生长。而假单胞菌（*Pseudomonas* sp.）和青

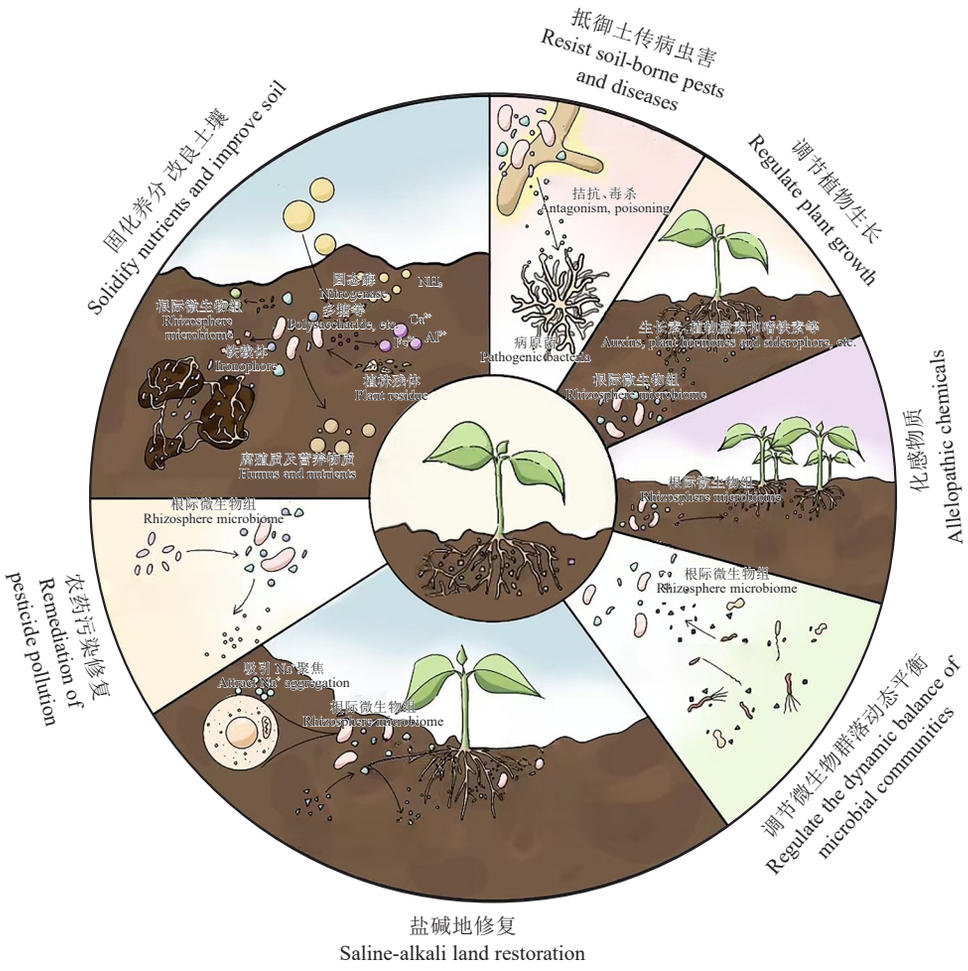

图1　根际微生物组修复土壤连作障碍机制

Fig. 1　Mechanism of rhizosphere microbiome repairing soil continuous cropping obstacle

霉菌（*Penicillium aurantiogriseum*）通过 NH_4^+同化或呼吸作用释放质子 H^+，促进羟基磷灰石和磷酸氢钙磷酸盐溶解产生 CO_2，从而降低土壤 pH[38]。此外，微生物分泌的胞外多糖、无机酸、有机酸和水解酶等可以螯合土壤中的钙、铁、锌、铝等金属离子，直接或间接地溶解磷酸盐[39-40]。解钾菌产生的有机酸通过释放 H^+或质子后，能与金属阳离子形成络合物，降低土壤 pH，提高 K^+的溶解度。马娜等[41]试验表明，解钾细菌不仅能有效提高土壤中的氮、磷、钾等养分转化强度，还能产生某些物质促进马铃薯生长。研究表明，硅酸盐细菌（silicate bacteria）NBT 通过产生多种氨基酸、草酸和柠檬酸等有机酸提高分解钾长石的能力[42]。此外，史静静等[43]研究表明，解钾细菌不仅具有解钾和溶磷的能力，促进钾盐物质溶解，还可以形成铁载体和分泌吲哚乙酸，显著提高作物根系活力和干物质质量。

根际微生物组利用微生物自身生长和代谢活动分泌酸类及各种水解酶，通过降解土壤中植株残体、畜禽粪便等释放养分及形成新的易吸收的小分子物质，提高土壤肥力和活力[1]。在改善土壤团粒及疏松土壤方面，微生物通过细胞、微菌落、生物膜、糖类代谢物等与土壤单粒粘连结合形成稳定的微团聚体，微团聚体又和真菌菌丝及其分泌物黏附在一起形成大团聚体，增加了土壤颗粒间的内聚力，从微观上迅速改良土壤团粒结构比例，降低土壤容重，增大土壤透气性和保水性[44]。

2.1.2 抵御土传病虫害 植物土传病虫害是植物健康生长的一大障碍，克服这一障碍对植物健康至关重要。对某些病原体具有抗性的甜菜、辣椒、茄子等地块土壤进行取样分析可知，土壤中存在各种天然功能微生物，可联合抵御病原真菌和细菌对寄主植物的侵染[45]。这些微生物可以通过抢占生存或营养位点、拮抗、溶菌、寄生、毒杀及诱导作物系统抗性等途径抑制病原菌。哈茨木霉菌（*Trichoderma harzianum*）、摩西球囊霉菌（*Glomus mosseae*）等根际生防真菌一方面通过菌丝侵染植物侧根内短细胞，形成假根，摄取环境中营养，抑制尖孢镰刀菌的定殖和菌丝生长；另一方面通过空间位点和营养竞争可以在植物周围迅速扩展生长，形成一定保护屏障，隔断病原菌对植株体入侵，从而抑制尖孢镰刀菌定殖及侵染寄主植物[46-48]。非致病型尖孢镰刀菌（non-pathogenic *Fusarium oxysporum*）Fo 47 会抢夺致病型尖孢镰刀菌（*Fusarium oxysporum*）的生存位点和养分，干扰致病菌菌丝生长和孢子萌发；通过竞争根系感染空间位点，诱导植株产生过敏性反应和系统抗性，增强植株抗病能力[49-50]。根结线虫的天敌淡紫紫孢菌（*Purpureocillium lilacinum*）不仅可以利用物理机械压力、胞外水解酶等穿透和降解根结线虫卵壳、表皮，还通过产生白灰制菌素、醋酸等毒杀线虫幼虫[51]。解淀粉芽孢杆菌（*Bacillus amyloliquefacien*）通过产生嗜铁素、胞外酶（如蛋白酶和果胶酶）及其他次生代谢物抑制病原菌的生长[52]。此外，放线菌（*Actinobacteria*）产生的抗生素如链霉素、土霉素、四环素、阿维菌素、多杀菌素等已在生产中广泛使用，但抗性机制还有待深入研究[53]。

2.1.3 调节植物生长 根际微生物组可以直接提高植物对营养物质的吸收能力，或间接分泌生长素、糖类、氨基酸等物质促进植物生长和产量提高。丛枝菌根真菌（arbuscular mycorrhizal fungi，AMF）通过根外密集庞大的菌丝网络帮助植物根部扩大和提高养分吸收的范围与能力，进而促进植物健康生长[54]。固氮螺菌（*Azosprillum* sp.）利用产生的生长素、脱落酸、赤霉素和细胞分裂素等激素增强植株抗逆性，促进植株生长发育，并抑制病原菌繁殖生长[55]。姜焕焕等[56]研究表明，一些菌株通过合成 1-氨基环丙烷-1-羧酸（l-aminocyclopropane-l-carboxylate，ACC）脱氨酶降解 ACC，抑制乙烯的产生，延缓植株衰老或促进生长。伯克霍尔德氏菌（*Burkholderia anthina*）通过生物固氮及产生嗜铁素、几丁质酶和吲哚乙酸等调控植物根系构型，促进作物幼苗叶绿素积累和根系活力提高[57]。相关微生物产生的挥发性物质（二甲基二硫、丁二醇、乙偶姻、十六烷基二甲基叔胺）通过调控与植物内源生长素运输相关的基因及多种信号途径促进作物生长和根系发育[58-59]。此外，根际接种有益微生物，通过代谢产物驱动或招募有益功能微生物菌群，构建功能型微生物组，改变土壤微生物群落的结构和组成，进而促进植物生长[60]。陈丁绫等[61]研究表明，含橘绿木霉和长枝木霉的复合生物有机肥可显著促进哈密瓜生长发育，其作用机制包括提高土壤肥力和微生物群落多样性，以及促进有益菌的生长繁殖。但是根际微生物菌群种类众多，许多微生物调控植物生长发育的功能仍待进一步挖掘。

2.1.4 降解化感物质 阿魏酸、香草酸、原茶儿酸等酚酸是瓜菜连作产生的主要化感物质，是连作障碍灾变加剧的主导因子。Chen 等[62]研究发现，假单胞菌目和伯克霍尔德氏菌目及其他有益微生物类群数量、密度及丰度减少是导致根际微生物种群动

态平衡规律失调、土壤连作障碍加剧的重要因素。据报道，恶臭假单胞菌（*Pseudomonas putida*）V-5 可以有效降解多种酚酸，例如对香草酸降解率为99.93%、对羟基苯甲酸降解率为 99.85%、对苯甲酸降解率为 98.69%[63]。该菌通过非氧化脱羧酶催化，从阿魏酸侧链上消去 1 个碳形成 4-羟基-3-甲氧基苯乙烯或从阿魏酸侧链上消去 2 个碳生成香草醛 2 种反应途径进行阿魏酸降解[64]。鞘脂菌（*Sphingobium* sp.）SYK-6 也通过相似途径降解阿魏酸生成香草酸，然后进一步降解，并鉴定了鞘脂菌 SYK-6 的阿魏酰辅酶 A 合成酶基因（*ferA*）和阿魏酰辅酶 A 水合酶/裂解酶基因（*ferB*）[65]。真菌中黑曲霉（*Aspergillus niger*）[66]、白腐真菌黄孢原毛平革菌（*Phanerochaete chrysosporium*）[67]、哈茨木霉（*Trichoderma harzianum*）[68]、大型真菌平菇（*Pleurotus ostreatus*）[69]、放线菌橄榄色链霉菌（*Streptomyces olivochromogenes*）[70-71]等对大多数酸类均有显著的降解作用。其中黑曲霉（*A. niger*）在 96 h 内可以 100% 降解原儿茶酸和没食子酸，橄榄色链霉菌（*S. olivochromogenes*）24 d 可将土壤中的阿魏酸完全降解[65,71]。这些菌株的发现丰富了降解酚酸类化感物质的微生物资源，但当前对许多菌的认识还不充分，尚未揭示其降解途径、代谢基因和调控机制。

2.1.5　*驱动微生物群落动态平衡*　土壤微生物调节土壤养分循环与植物生产力，尤其在根际微环境中发挥着重要作用，维护着土壤健康。植株根系通过自身或接种有益微生物菌产生氨基酸、糖类、生长因子、维生素和有机酸等代谢物招募有益的根际微生物菌群直接或间接地缓解土壤连作障碍。Yang 等[72]揭示了土壤中气微菌（*Aeromicrobium*）、假红游动菌（*Pseudorhodoplanes*）、考克氏菌（*Kocuria*）和毛壳菌（*Chaetomium*）等显著抑制黄瓜枯萎病的发生。木霉菌（*Trichoderma harzianum*）通过分泌酸类、糖类和氨基酸类等物质吸引土壤中的放线菌和细菌，改善土壤理化性质，降低尖孢镰刀菌的数量，但作物根际接种木霉菌的种类不同，产生的代谢物质不同，进而招募的根际有益微生物菌群种类、种群密度、结构和丰度等存在显著差异[73]。王艳宇等[74]研究发现，耐盐促生菌能招募根际微生物群，提高绿豆根际微生物物种丰富度和多样性，并促进有益菌群快速繁殖和生长。谭海霞等[75]研究表明，施用微生物菌剂的蒲公英根际微生物种类显著变化，其中细菌的种类达到 26 门 74 属 418 种，真菌的种类为 10 门 30 属 371 种；在群落结构方面，施用土壤修复菌剂增加了被孢霉门、酸杆菌门等有益菌群的相对丰度，降低了变形菌门、芽单孢菌门的种类和丰度。根际微生物组招募微生物受种植制度、植物、土壤、气候、连作年限等多种因素的影响，当前根际土壤微生物招募有益微生物的机制尚需进一步研究。

2.1.6　*修复盐碱地*　微生物能够通过多重手段协助作物恢复在盐胁迫条件下的生长。许多耐盐微生物自身能吸引 Na^+聚集，或通过细胞内容物增大细胞渗透压，进而在高盐环境中生存及繁殖。芽孢杆菌（*Bacillus*）是微生物肥料应用较广泛的微生物类群之一，能够在高浓度 NaCl 条件下保证向日葵的生长，该类群耐受较高的盐浓度并且可以在胁迫条件下形成耐逆性极强的芽孢，从而使芽孢杆菌制品具有较高的田间存活率和较长的产品货架期[76]。根际微生物还可以通过调节植物激素浓度、抗氧化活性物质、胞外多糖及挥发性化合物等调控植物在盐胁迫条件下的生长。肠杆菌（*Enterobacter cloacae*）HSNJ4 对油菜的耐盐能力主要体现在可以调节植物在盐胁迫下的生长素和乙烯信号转导，解除逆境下植物由生长-抗逆失衡导致的生长抑制信号，从而增强油菜的耐盐能力[77]。郑娜等[78]研究表明，根际微生物菌株可以通过诱导植物合成过氧化物酶、生物碱、胡萝卜素、脯氨酸等减轻植株体内活性氧积累带来的损伤，提高植物对盐胁迫的抗性。此外，根际微生物组还可以在分解有机质形成新的腐殖质时，产生大量丁酸和己酸及其他多种有机酸，降低 pH。土壤中微生物之间关系复杂，下一步将对高效耐盐微生物进行全基因组测序和功能验证，旨在揭示其作用机制，探究代谢调控规律及基因的交互表达过程与分子调控机制，为构建高效的耐盐碱根际微生物组或研发微生物肥料奠定基础。

2.1.7　*降解农药残留*　农药防治是现代农业的重要组成部分，然而农药本身具有一定的毒性、持久性和迁移性，这些特性对人类、动植物健康及居住环境产生不利影响。常见的土壤农药污染源主要包括重金属、有机氯、有机磷、有机氮农药及抗生素等。根际微生物组对农药的降解主要通过自身代谢活动及转移和转化土壤中的农药污染。鞘脂菌（*Sphingobium lucknowense*）F2 对污染浓度（*w*，后同）为 5 $mg \cdot g^{-1}$ 的有机氯农药六氯环已烷降解率达到 65%[79]。鞘氨醇单胞菌（*Sphingomonas* sp.）Dsp-2 接种土壤 30 d 后，对有机磷农药毒死蜱降解率达 98%[80]，假单胞菌（*Pseudomonas* spp.）GA07、

GA09 和 GC04 可以通过氧化还原酶降解草甘膦农药[81]。褐腐菌(*Meruliporia incrassata*)和哈茨木霉菌(*Trichoderma harzianum*)对戊唑醇的降解主要通过裂解三唑环使叔丁基氧化形成酯,从而使戊唑醇降解为无毒产物,其中微球菌(*M. incrassate*)对戊唑醇降解率达 70.2%[82]。链霉菌(*Streptomyces* sp.) D16 和放线菌北里孢菌(*Kitasatospora* sp.)A1 菌株通过氧化种菌唑异丙基和环戊烷的甲基及亚甲基碳原子,从而对种菌唑降解[83]。Satapute 等[84]从铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)PS-4 中扩增出了降解丙环唑的关键酶 *CYP P450* 基因,并指出丙环唑在 *CYP P450* 作用下形成 2,4- 二氯苯甲酸和 1-氯苯两种代谢产物。此外,白腐菌(*Trametes versicolor*)等许多微生物可以通过氧化还原、脱卤、酯解、基团转移等方式降解和消除四环素类抗生素[85]。当前对许多微生物降解农药的关键基因、酶及代谢途径等机制仍不清楚,还有待进一步深入研究。

2.2 根际微生物组修复土壤有机物污染机制

微生物可以利用多环芳烃等有机物作为碳源或能源,通过氧化、还原、加氢、脱水等一系列的复杂反应将大分子有机物分解成可以吸收的小分子物质,最终分解成 CO_2 和 H_2O 等。对环及杂环芳烃、木质素等有强降解作用的白腐真菌(*Phanerochaete chrysosporium*)就是利用自身合成分泌的血红素氧化酶、木质素氧化酶等降解有机物,当温度为 50~60 ℃、pH 为 3.0~4.0 时,白腐真菌对多环芳烃降解率在 50%以上[86]。除真菌外,以柴油为碳源的根际降解细菌假交替单胞菌(*Pseudoalteromonas*) NJ276 和科尔韦尔氏菌(*Colwellia*) NJ341 对石油烃具有显著的降解效果[87]。此外,有机物污染物参与根际微生物代谢活动,从而被降解。李政等[88]研究表明,在多种多环芳烃共代谢过程中,多种混合微生物能够发挥协同作用,快速且完全地降解芴、菲,并且能促进芘快速降解,同时有效去除芘、芴和菲的代谢产物。目前微生物降解有机物特别是多环芳烃类的研究并不深入,严重缺乏微生物群体协同代谢方面的认识,相关机制阐明仅立足于理论和假设研究,还有待进一步探索。

2.3 根际微生物组修复土壤重金属污染机制

微生物可以通过胞吞转运、吸收吸附、沉淀固定、氧化还原、离子交换、络合配位、生物积累等多种方式对铅、铬、镉、汞、铜、镍等土壤重金属进行转移、转化和修复。枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*) DBM 通过生物膜、细胞方式对铅进行生物吸收吸附,从而使铅累积沉淀在生物膜及细胞中[89]。丛枝菌根真菌吸收重金属的方式主要包括菌丝直接吸收和固持、氧化还原、重金属离子形成螯合物和改变根际微环境促进植物吸收等多种方式[90]。巨大芽孢杆菌(*Bacillus megatherium*)和胶质芽孢杆菌(*Bacillus mucilaginosus*)通过分泌柠檬酸、草酸等有机酸对重金属有一定的氧化、生物降解及络合等作用,同时增强了作物对 Cd 的吸收能力[91]。此外,微生物菌株还可以通过将 Cr^{6+}还原 Cr^{3+}、无机汞和有机汞被还原或转化为元素汞、砷甲基化等,降低重金属的迁移性、毒性及活性[92]。微生物修复污染土壤的重金属受重金属种类、浓度、pH、温度等的影响,以后应加强高效菌株筛选和改造,构建协同互补的复合根际微生物组。

3 微生物修复土壤污染技术

微生物修复技术是指在人为条件下,利用特定功能微生物单一菌株或复合菌株的生命代谢活动来降解、转化及去除土壤中的污染物。微生物修复技术是一个整体复杂、协同互补、多维耦合的过程。微生物修复土壤污染技术有不同的分类方法,除了经典的原位修复和异位修复分类外,还能从技术原理划分为生物刺激和生物强化两大类型,从使用对象分为微生物修复和微生物与植物/动物等多种联合修复。利用基因组学、分子微生物学、生态学等多学科特点,从菌株特性、功能及使用效果等多方面将微生物修复技术分为微生物表面强化技术、微生物组构建修复技术和多维耦合技术。

3.1 微生物表面强化修复技术

利用转基因和 T-DNA 插入等基因工程技术将氧化还原酶、抗重金属、水解酶、铁载体等特定物质转入到微生物菌株中,构建高效强化修复土壤污染的菌株。将表面展示融合蛋白质基因转入微生物菌株中构建具有更强镉吸收能力的恶臭假单胞菌(*Pseudomonas putida*)X4-1,其镉离子最大吸附量为 12.5 mg,比原始菌株吸收镉离子能力提高了 3 倍[93]。此外,利用不同载体将微生物固定在某一个区域中优势生长繁殖并产生生物膜,屏蔽外界不利因素和土著菌恶性竞争的侵害,使环境总生物量增加,促使疏水性有毒化合物的高效代谢。田雨[94]研究表明,用生物炭固定有益微生物时,可以有效降解 97%以上的氯吡硫磷(毒死蜱),其防效显著优于游离微生物。当前需对不同微生物被膜形成机制及固定化载体特性进行深入研究。

3.2　微生物菌群强化技术

以秸秆、畜禽粪便、页岩土、菇渣、活性污泥等为载体扩繁单一菌株或复合菌株，构建稳定长效的核心微生物组，利用优势菌种或菌群抢占竞争有力的生态或营养位点，可达到快速定殖和生长的目的。在瓜菜类作物中，通过构建核心微生物组，可有效抑制枯萎病菌等有害菌，同时为有益菌的定殖和生长提供菌源基数[95]。定期向土壤中添加微生物需要的碳氮源等营养物质提升土著菌群或投入菌群的活跃性，通过功能菌自身的生长与代谢途径，降解、转化或转移土壤污染物[96]。此外，将微生物菌剂、污染土壤与固体废弃物按照一定的比例混合堆置，利用有氧呼吸促进微生物菌株快速生长与繁殖，借助微生物代谢活动降解、分解土壤有机物，转化成利于植物吸收的营养物质[97]。值得注意的是，投菌前，需要了解和掌握添加微生物和土著微生物群之间的生长特性，防止菌群之间互相对抗、抑制等，以免降低微生物修复污染土壤的效果。

3.3　多维耦合调控技术

利用微生物、植物、动物等生物修复方法结合化学和物理修复方法构建的复合体系共同耦合调控降解土壤污染物，是当前微生物修复土壤污染技术研究的新领域。在紫花苜蓿根际接种菌根真菌和专性降解菌群，耦合作用不仅增加了根际微生物种类和丰度、土壤酶活性，且多环芳烃的降解率是只种植紫花苜蓿的 3 倍[98]。黄化刚[99]研究表明，通过微生物菌剂、外源阳离子（K^+、Ca^{2+}、Na^+、NH_4^+）及茶籽饼粕、蚯蚓堆肥等有机废弃物的协同作用，显著增强了东南景天和蓖麻对重金属-有机氯农药复合污染土壤的修复能力，土壤微生物生物量碳含量和多种土壤酶活性均有明显提高。通过多种修复技术的互补，建立多维耦合技术修复土壤污染的效果会优于单一某种修复技术。但是当前植物、动物、土壤与微生物群落内部交互关系的研究不够深入，还有待进一步挖掘。

4　微生物组在农业生产中的应用

4.1　种子包衣

种子包衣是一种高效、新兴的种子处理技术。微生物种子包衣作为一种能够显著提高作物产量、经济效益和促进农业可持续发展的革新性技术逐渐替代传统的农业技术。研究表明，通过种子包衣将有益微生物应用于作物后可促进种子萌发、植物生长、提高产量和营养价值。当前种子包衣广泛应用于黄瓜、番茄、小麦等蔬菜和大田作物。De-Gregorio 等[100]用纳米纤维固定化细菌包衣大豆种子，不仅提高了大豆的发芽率，并且显著促进大豆生长。丛枝菌根真菌（AMF）的种子包衣不仅可以促进植物对养分的吸收与生长，还可以有效减少化肥和杀虫剂的使用[101]。此外，接种哈茨木霉（*Trichoderma harzianum*）的包衣种子可在低温下贮存至少 6 个月，且出苗率比未使用种子包衣的对照提高 50%以上，壮苗指数显著提高，同时增强了抗枯萎病和根腐病的能力[102]。有益微生物菌剂能增强植物遭受多种逆境胁迫的抵抗能力，因此选择能够赋予植物宿主耐受性的微生物菌株是种子包衣制作优良的关键。

4.2　微生物菌肥

施用微生物菌肥能有效改良土壤并提高肥力，同时降低作物因病原体造成的产量损失，有效缓解土壤微生物菌群失衡的障碍，为作物生长营造适宜的土壤环境，从而提高产量和品质。施用微生物菌肥可以显著改善次生盐渍化土壤团聚体比例、微生物量、养分含量和 pH，降低土壤重金属或其他有机污染物的含量，促进植株生长等[103]。李倩等[104]研究表明，微生物菌肥的施用可以招募或丰富作物根际功能菌的种类、数量和丰度，提高多数土壤酶活性，有效抑制或防治烟草土传病害。此外，微生物菌肥的施用，可以显著提高辣椒产量及果实可溶性固形物和维生素 C 含量，延长果实的采收期和挂果期等[105]。目前微生物菌肥在施用过程中存在产品效果不稳定的问题，这与微生物肥料应用的制约因素和微生物作用机制的认识不够深入有关。利用合成生物学技术提高微生物菌种定殖存活率及田间的应用效果稳定性是未来研究的热点。

4.3　废弃物发酵腐熟

通过在农业有机废弃物中添加根际微生物组群发酵腐熟有机肥，释放有机质和养分供作物吸收，是当前处理有机废弃物最经济有效的措施。廖宏娟等[106]利用微生物菌剂发酵小麦秸秆，不仅实现了小麦秸秆的资源化循环利用，降低了成本，同时能显著抑制多种土传病虫害的发生。此外，秸秆发酵腐熟物作为栽培育苗基质可以部分代替常规草炭，节约成本，保护生态环境。以园林废弃物或农作物秸秆发酵腐熟产品替代部分泥炭培育蔬菜种苗，不仅降低了成本、团棵效果好、更加适合远距离运输和机械化移栽，而且培育的种苗壮苗指数更

高，商品苗一致性好[107]。下一步在堆肥发酵过程中，需要加强微生物菌群功能和时空演变规律的解析，揭示微生物间的协同作用机制及影响因子。

5 展 望

微生物修复污染土壤是新质生产力的重要体现，是提升地力、促进农业可持续发展的基础，是树立大食物观及保障中国粮食安全的必由之路。根际微生物组通过不同功能作用的微生物竞争和合作的方式，调整群落构成，共同完成土壤修复。在土壤修复过程中，微生物不作为个体存在，而是作为动态变化的整体，行为受到相互影响，并可能在作用过程中改变菌株的表型。

（1）高效微生物菌株选育及改良。针对瓜菜种植中常见的重金属污染、连作障碍引发的土壤毒素积累、农药残留等不同类型污染土壤，应用微生物学、分子生物学、土壤微生物学和基因工程及高通量测序等手段筛选与培养出适应性广、污染物耐受性强、去除率高、生物量大的微生物菌株。从基因水平、mRNA 表达、蛋白组和代谢组等方面阐明微生物菌株的耐受及降解多种污染物的高效修复机制，尤其是微生物细胞表面技术、胞外酶及信号转导的研究，为菌株适配瓜菜根际等作物微环境提供理论支撑。通过转基因、分子克隆、分子编辑等引入优良基因或人工基因簇构建基因工程菌，增加目标代谢物的合成或调控特定的代谢途径，从而使菌株修复污染物功能最大化。未来可进一步针对西瓜、番茄、黄瓜、生菜等主流瓜菜的品种特性，选育“品种特异性”功能菌株，实现污染土壤修复与瓜菜品种适配的精准化。

（2）微生物组构建及优化。系统地研究瓜菜等作物土壤中特征污染物在生物体内的代谢转化机制，将不同的微生物菌种组合在一起，优化功能菌群，形成具有广泛修复能力且适配瓜菜生长的微生物群。利用宏基因组、转录组和代谢组等多组学技术，揭示根际微生物群落及各菌种的生物、生态学特征与功能之间的关系，挖掘优势菌群，阐明菌株的时空演化规律。进一步加强微生物-作物-介质三者的耦合协同研究，开发微生物新组合或产品，实现菌株功能“叠加与互补”。未来有望通过定制化菌群产品，解决瓜菜产业中重茬减产、品质下降等核心痛点，推动设施及露地瓜菜的绿色可持续种植。

（3）产品安全性评估。外来微生物与土著微生物适应共存是微生物菌剂产品研发无法避免的一个问题。需要深入评估外来微生物介入对整个根际群落动态平衡或微生态系统稳定性的影响。此外，微生物制剂的种类选择、施用、贮运等不科学操作会限制微生物菌剂及产品的功效，特别是微生物制剂加工和使用过程中需要专业的设备和严格的温湿度条件。因此，未来需建立瓜菜相关微生物菌剂的全链条安全评估标准，涵盖菌株致病性筛查、环境归趋分析、产品货架期稳定性检测等，同时配套标准化施用技术规程，确保菌剂在瓜菜生产中既高效发挥作用，又保障农产品质量安全，为瓜菜产业绿色转型提供可靠支撑。

参考文献

[1] 杨凡，王建宏，蔡毓新，等. 设施黄瓜连作障碍灾变机制及酵素菌应用研究进展[J]. 中国瓜菜，2022，35（7）：6-12.

[2] 赵慈，宋晓聪，沈鹏，等. 我国土壤污染防治现状分析及未来路径研究[J]. 环境保护，2021，49（20）：42-45.

[3] SHE S Y，NIU J J，ZHANG C，et al. Significant relationship between soil bacterial community structure and incidence of bacterial wilt disease under continuous cropping system [J]. Archives Microbiology，2017，199（2）：267-275.

[4] 苏浩，张锐澎，吴思炫，等. 连作障碍产生机理及防控现状[J]. 土壤，2024，56（2）：242-254.

[5] 徐小军，王瑞，张桂兰，等. 连作对设施甜瓜生长和光合作用以及养分吸收和产量品质的影响[J]. 果树学报，2018，35（4）：449-457.

[6] 曲志鹏，周新宇，刘宁，等. 连作和轮作大豆菌核病发生情况调查[J]. 大豆科技，2023（6）：31-35.

[7] 何德鑫，赵翔，张雪静，等. 大豆连作根际土壤微生物群落构建特征[J]. 沈阳农业大学学报，2024，55（1）：1-8.

[8] YANG J，RUEGGER P M，MCKENRY M V，et al. Correlations between root-associated microorganisms and peach replant disease symptoms in a California soil[J]. PLoS One，2012，7（10）：e46420.

[9] KATO-NOGUCHI H，NAKAMURA K，OKUDA N. Involvement of an autotoxic compound in asparagus decline[J]. Journal of Plant Physiology，2018，224/225：49-55.

[10] 卢维宏，张乃明，包立，等. 我国设施栽培连作障碍特征与成因及防治措施的研究进展[J]. 土壤，2020，52（4）：651-658.

[11] 孙兴凯，黄海，王海东，等. 大型污染场地修复过程中的问题探讨与工程实践[J]. 环境工程技术学报，2020，10（5）：883-890.

[12] 翟增秀，李伟芳，李佳音，等. 有机磷农药污染地块有机物质组成特征与异味物质识别[J]. 环境化学，2025，44（1）：164-173.

[13] LIU E K，HE W Q，YAN C R. ‘White revolution’ to ‘white pollution’：Agricultural plastic film mulch in China[J]. Environmental Research Letters，2014，9（9）：091001.

[14] LI J，SONG Y，CAI Y B. Focus topics on micro-plastics in soil：Analytical methods，occurrence，transport，and ecological risks[J]. Environmental Pollution，2020，257：113570.

[15] REN S Y，NI H G. A method for measuring the emissions of in

situ agricultural plastic film microplastics by ultraviolet and mechanical abrasion[J]. Science of the Total Environment，2022，819：152041.

[16] 张会敏，龙明华，乔双雨，等.瓜类蔬菜体内多环芳烃的分布特征及健康风险评估[J].华南农业大学学报，2019，40(2)：83-93.

[17] 陈世军，祝贤凌，冯秀珍，等.多环芳烃对植物的影响[J].生物学通报，2010，45(2)：9-11.

[18] 程鹏飞，王泽铭，赵旭强，等.土壤中多环芳烃衍生物污染特征及迁移转化[J].中国环境科学，2024，44(3)：1562-1574.

[19] HU X J，YU Q，MICHAEL G W，et al. Microplastics-sorbed phenanthrene and its derivatives are highly bioaccessible and may induce human cancer risks[J]. Environment International，2022，168：107459.

[20] MA T，KONG J J，LI W D，et al. Inventory source and health risk assessment of nitrated and parent PAHs in agricultural soils over a rural river in Southeast China[J]. Chemosphere，2023，329：138688.

[21] LIU B L，AI S W，ZHANG W Y，et al. Assessment of the bioavailability，bioaccessibility and transfer of heavy metals in the soil-grain-human systems near a mining and smelting area in NW China[J]. Science of the Total Environment，2017，609：822-829.

[22] 鲁荔，杨金燕，田丽燕，等.大邑铅锌矿区土壤和蔬菜重金属污染现状及评价[J].生态与农村环境学报，2014，30(3)：374-380.

[23] 康琪，沈琦，马凌，等.不同品种西瓜、甜瓜中6种重金属富集能力的差异性分析[J].食品安全质量检测学报，2023，14(15)：176-184.

[24] 王志伟.薄皮甜瓜镉积累特性与镉胁迫响应机理研究[D].长沙：湖南农业大学，2019.

[25] 宋勤飞，樊卫国.铅胁迫对番茄生长及叶片生理指标的影响[J].山地农业生物学报，2004，23(2)：134-138.

[26] 刘素纯，萧浪涛，廖柏寒，等.铅胁迫对黄瓜幼苗内源激素积累动态的影响[J].湖南农业大学学报（自然科学版），2005，31(5)：52-55.

[27] RAKESH K，NISHITA I，SAYAN B，et al. Coupled effects of microplastics and heavy metals on plants：Uptake，bioaccumulation，and environmental health perspectives[J]. Science of the Total Environment，2022，836：155619.

[28] 王语思，张静怡，姚有如.茶园土壤重金属污染特征及迁移行为研究进展[J].智慧农业导刊，2024，4(8)：40-43.

[29] 杨凡，姜华艳，马凯，等.瓜菜枯萎病及生防根际微生物组研究进展[J].微生物学通报，2024，51(1)：50-65.

[30] 刘彤，杨立琼，石亚楠，等.我国场地土壤修复技术综合分析[J].生态学杂志，1-19[2024-07-02]. https://link.cnki.net/urlid/21.1148.Q.20240701.1512.002.

[31] BABU A G，KIM J D，OH B T. Enhancement of heavy metal phytoremediation by *Alnus firma* with endophytic *Bacillus thuringiensis* GDB-1[J]. Journal of Hazardous Materials，2013，250：477-483.

[32] KANG C，KWON Y J，SO J S. Bioremediation of heavy metals by using bacterial mixture[J]. Ecological Engineering，2016，89：64-69.

[33] ZHANG S H，ZHANG M R，HAN F，et al. Enhanced degradation of petroleum in saline soil by nitrogen stimulation and halophilic emulsifying bacteria *Bacillus* sp. Z-13[J]. Journal of Hazardous Materials，2023，459：132102.

[34] WANG A，FU W X，FENG Y，et al. Synergetic effects of microbial-phytoremediation reshape microbial communities and improve degradation of petroleum contaminants[J]. Journal of Hazardous Materials，2022，429：128396

[35] ZEHR J P，JENKINS B D，SHORT S M. Nitrogenase gene diversity and microbial community structure：A cross-system comparison[J]. Environmental Microbiology，2003，5(7)：539-554.

[36] 赵树栋，陈建坤，黄才成，等.植物根际促生菌对高原早熟禾根际土壤氮素及固氮微生物的影响[J].草原与草坪，2022，42(4)：133-138.

[37] 谢显秋.固氮菌优势组合筛选及其对甘蔗的促生长作用研究[D].南宁：广西大学，2021.

[38] ILLMER P，SCHINNER F. Solubilization of inorganic calcium phosphates-solubilization mechanisms[J]. Soil Biology and Biochemistry，1995，27(3)：257-263.

[39] FRAGA R，RODRIGUEZ H，GONZALEZ T. Transfer of the gene encoding the NapA acid phosphatase of morganella morganii to a *Burkholderia cepacia* strain[J]. Acta Biotechnologica，2001，21(4)：359-369.

[40] RICHARDSON A E，HADOBAS P A，HAYES J E. Extracellular secretion of aspergillus phytase from arabidopsis roots enables plants to obtain phosphorus from phytate[J]. The Plant Journal，2001，25(6)：641-649.

[41] 马娜，李嵩，孙涛，等.钾细菌对土壤养分转化强度及马铃薯品质的影响[J].中国马铃薯，2016，30(4)：218-225.

[42] 盛下放，黄为一.硅酸盐细菌NBT菌株解钾机理初探[J].土壤学报，2002，39(6)：863-871.

[43] 史静静，刘静洋，韩国民，等.棉花根际解钾细菌的生理活性和促生效果[J].中国土壤与肥料，2012(4)：87-90.

[44] WU Q S，CAO M Q，ZOU Y N，et al. Direct and indirect effects of glomalin，mycorrhizal hyphae and roots on aggregate stability in rhizosphere of trifoliate orange[J]. Scientific Reports，2014，4(1)：1-8.

[45] 丁伟，江其朋.调控根际微生态防治蔬菜连作病害的研究进展[J].植物医学，2025，4(3)：1-12.

[46] JAMIOL K A，MICHALEK W. Effect of mycorrhiza inoculation of pepper seedlings（*Capsicum annuum* L.）on the growth and protection against *Fusarium oxysporum* infection[J]. Acta Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus，2019，18（1）：161-169.

[47] AL-MORAD N Y M，LBRAHEEM B，AL-MORAD N Y M. Influence of glomus intraradices and trichoderma harzianum on pepper *Fusarium* wilt control[J]. Tikrit Journal for Agricultural Sciences，2019，18(3)：128-136.

[48] JALALULDEEN A F，SIJAM K，RAMADAM N A. Active changes of lignifications-related enzymes in chili pepper response to glomus mosseae against *Fusarium oxysporum*[J]. Australian Journal of Basic and Applied Sciences，2020，14(6)：1-6.

[49] VELOSO J，DIAZ J. The non-pathogenic *Fusarium oxysporum* Fo47 induces distinct responses in two closely related *Solanaceae* plants against the pathogen *Verticillium dahliae*[J]. Journal of Fungi，2021，7(5)：344.

[50] SAJEENA A，NAIR D S，SREEPAVAN K. Non-pathogenic *Fusarium oxysporum* as a biocontrol agent[J]. Indian Phytopathology，2020，73(2)：177-183.

[51] 杨凡，姜华艳，蔡毓新，等. 蔬菜根结线虫生防菌淡紫紫孢菌研究进展[J]. 中国瓜菜，2023，36(3)：1-8.

[52] 王璐瑶. 生防解淀粉芽胞杆菌 B1619 生物学特性、诱导抗病性和田间应用技术研究[D]. 南京：南京农业大学，2017.

[53] HUTCHINGS M I，TRUMAN A W，WILKINSON B. Antibiotics：Past，present and future[J]. Current Opinion in Microbiology，2019，51：72-80.

[54] 杨凡，牛莉莉，唐艳领，等. 丛枝菌根真菌对黄瓜苗期枯萎病防治及生长的影响[J]. 中国果菜，2022，42(2)：75-80.

[55] 阎大来，何路红，李季伦. 固氮螺菌与植物的相互关系研究进展[J]. 微生物学通报，1995，22(3)：176-179.

[56] 姜焕焕，祁佩时，王通，等. 花生根际多功能固氮菌的分离及其耐盐碱特性研究[J]. 生物技术通报，2019，35(3)：24-30.

[57] MALVIYA M K，SOLANKI M K，LI C N，et al. Beneficial linkages of endophytic *Burkholderia anthina* MYSP113 towards sugarcane growth promotion[J]. Sugar Tech，2019，21：737-748.

[58] JAVIER R G，CRISANTO V B，SALVADOR B O，et al. N，N-dimethyl hexadecylamine and related amines regulate root morphogenesis via jasmonic acid signaling in *Arabidopsis thaliana*[J]. Protoplasma，2017，254：1399-1410.

[59] PAOLA P F，EDUARDO V C，JOSUÉ A H，et al. *Bacillus methylotrophicus* M4-96 isolated from maize（*Zea mays*）rhizoplane increases growth and auxin content in *Arabidopsis thaliana* via emission of volatiles[J]. Protoplasma，2017，254(6)：2201-2213.

[60] XIONG Y W，LI X W，WANG T T，et al. Root exudates-driven rhizosphere recruitment of the plant growth-promoting rhizobacterium *Bacillus flexus* KLBMP 4941 and its growth-promoting effect on the coastal halophyte *Limonium sinense* under salt stress[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety，2020，194(3)：110374.

[61] 陈丁绫，伍巧慧，刘新月，等. 哈密瓜根际促生菌及其生物有机肥对土壤微生物群落结构的影响[J]. 南方农业学报，2025，56(4)：1101-1111.

[62] CHEN M N，LI X，YANG Q L，et al. Dynamic succession of soil bacterial community during continuous cropping of peanut（*Arachis hypogaea* L.）[J]. PLoS One，2014，9(7)：e101355.

[63] 张春杨，于春雨，高金山. 花生土壤酚酸降解菌的分离和鉴定[J]. 安徽农业科学，2020，48(5)：93-95.

[64] ZHANG Y，CHEN C X，FENG H P，et al. Transcriptome profiling combined with activities of antioxidant and soil enzymes reveals an ability of *Pseudomonas* sp. CFA to mitigate *p*-hydroxybenzoic and ferulic acid stresses in cucumber[J]. Frontiers in Microbiology，2020，11：522986.

[65] MASAI E，KATAYAMA Y，FUKUDA M. Genetic and biochemical investigations on bacterial catabolic pathways for lignin-derived aromatic compounds[J]. Bioscience，Biotechnology，and Biochemistry，2007，71(1)：1-15.

[66] HEGDE S，KAVITHA S，VARADARAJ M C，et al. Degradation of cereal bran polysaccharide-phenolic acid complexes by *Aspergillus niger* CFR 1105[J]. Food Chemistry，2006，96(1)：14-19.

[67] 徐淑霞，张世敏，尤晓颜，等. 黄孢原毛平革菌对黄瓜连作土壤酚酸物质的降解[J]. 应用生态学报，2008，19(11)：2480-2484.

[68] CHEN L H，YANG X M，RAZA W，et al. *Trichoderma harzianum* SQR-T037 rapidly degrades allelochemicals in rhizospheres of continuously cropped cucumbers[J]. Applied Microbiology and Biotechnology，2011，89(5)：1653-1663.

[69] WANG H W，CAI X R，XU M，et al. Enhanced biocontrol of cucumber *Fusarium* wilt by combined application of new antagonistic bacteria *Bacillus amyloliquefaciens* B2 and phenolic acid-degrading fungus *Pleurotus ostreatus* P5 [J]. Frontiers in Microbiology，2021，12：700142.

[70] 刘云露. 黄连土壤微生物多样性及其酚酸降解菌筛选与降解机制[D]. 重庆：西南大学，2019.

[71] 张春杨，赵倩，刘红，等. 微生物降解植物化感物质酚酸的研究进展[J]. 微生物学通报，2024，51(2)：402-418.

[72] 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.

[73] ZHANG F G，YUAN J，YANG X M，et al. Putative *Trichoderma harzianum* mutant promotes cucumber growth by enhanced production of indole acetic acid and plant colonization[J]. Plant and Soil，2013，368：433-444.

[74] 王艳宇，刘爽，李鑫，等. 3 株耐盐碱促生菌对绿豆根际微生态的影响[J]. 干旱地区农业研究，2022，40(1)：139-145.

[75] 谭海霞，彭红丽，葛振宇，等. 盐碱土壤修复菌剂对耐盐蒲公英根际土壤微生物群落多样性的影响[J]. 农业生物技术学报，2023，31(1)：156-164.

[76] 张咪，赵文静，赵亚男，等. 盐碱土壤修复菌剂的微生物筛选[J]. 农业环境科学学报，2022，41(12)：2622-2628.

[77] LI H S，LEI P，PANG X，et al. Enhanced tolerance to salt stress in canola（*Brassica napus* L.）seedlings inoculated with the halotolerant *Enterobacter cloacae* HSNJ4[J]. Applied Soil Ecology，2017，119：26-34.

[78] 郑娜，柯林峰，杨景艳，等. 来源于污染土壤的植物根际促生细菌对番茄幼苗的促生与盐耐受机制[J]. 应用与环境生物学报，2018，24(1)：47-52.

[79] GAO C M，JIN X X，REN J B，et al. Bioaugmentation of DDT-contaminated soil by dissemination of the catabolic plasmid pDOD[J]. Journal of Environmental Sciences，2015，27：42-50.

[80] LI X H，HE J，LI S P. Isolation of a chlorpyrifos-degrading bacterium，*Sphingomonas* sp. strain Dsp-2，and cloning of the mpd gene[J]. Research in Microbiology，2007，158(2)：143-149.

[81] ZHAO H Y，TAO K，ZHU J，et al. Bioremediation potential of glyphosate degrading *Pseudomonas* spp. strains isolated from contaminated soil[J]. Journal of General and Applied Microbiol-

ogy，2015，61（5）：165-70.

[82] OBANDA D N，SHUPE T F. Biotransformation of tebuconazole by microorganisms：Evidence of a common mechanism [J]. Wood Fiber Science，2009，41（2）：157-167.

[83] EIZUKA T，ITO A，CHIDA T. Degradation of ipconazole by microorganisms isolated from paddy soil[J]. Journal of Pesticide Science，2003，28（2）：200-207.

[84] SATAPUTE P B，KALIWA L. Biodegradation of the fungicide propiconazole by *Pseudomonas aeruginosa* PS-4 strain isolated from a paddy soil[J]. Annals of Microbiology，2016，66（4）：1355-1365.

[85] 田春燕，徐军，董丰收，等.微生物降解三唑类杀菌剂研究进展[J].农药学学报，2016，18（2）：141-150.

[86] 张伟，冯俊，杨超，等.白腐真菌的广谱生物降解性研究进展[J].环境污染与防治，2012，34（1）：64-71.

[87] ZHENG Z，JIN Q，MIAO J L，et al. Antarctic psychrophile bacteria screening for oil degradation and their degrading characteristics[J]. Marine Science Bulletin，2008，10：50-57.

[88] 李政，顾贵洲，赵朝成，等.高相对分子质量多环芳烃的生物共代谢降解[J].石油学报，2015，31（3）：720-725.

[89] BAI J，YANG X H，DU R Y，et al. Biosorption mechanism involved in immobilization of soil Pb by *Bacillus subtilis* DBM in a multi-metal-contaminated soil[J]. Journal of Environmntal Sciences，2014，26（10）：2056-2064.

[90] 陈保冬，张莘，伍松林，等.丛枝菌根影响土壤-植物系统中重金属迁移转化和累积过程的机制及其生态应用[J].岩矿测试，2019，38（1）：1-25.

[91] 纪宏伟，王小敏，庞宏伟，等.枯草芽孢杆菌与巨大芽孢杆菌对土壤有效态 Cd 的影响研究[J].水土保持学报，2015，29（3）：352-359.

[92] 张丽，张玉歌，顾燕，等.微生物法修复重金属污染土壤的应用及展望[J].广东化工，2016，43（17）：112-114.

[93] 何小川.恶臭假单胞菌 X4 表面展示融合蛋白质 EGFP-4MTα 及工程菌对镉的吸附[D].武汉：华中农业大学，2013.

[94] 田雨.毒死蜱污染土壤的固定化微生物强化修复研究[D].山东泰安：山东农业大学，2020.

[95] YANG F，WANG X，JIANG H，et al. Formation of a novel antagonistic bacterial combination to enhance biocontrol for cucumber *Fusarium* wilt[J]. Microorganisms，2025，13（1）：133.

[96] 吴洁.重金属污染土壤的微生物修复技术探讨[J].农业灾害研究，2025，15（8）：57-59.

[97] 王英刚，褚美函，贾春云，等.不同固废基载体材料固定化菌剂的制备及其对复合污染土壤的修复效果比较[J].沈阳大学学报（自然科学版），2024，36（6）：480-488.

[98] 刘魏魏，尹睿，林先贵，等.多环芳烃污染土壤的植物-微生物联合修复初探[J].土壤，2010，42（5）：800-806.

[99] 黄化刚.镉-锌/滴滴涕复合污染土壤植物修复的农艺强化过程及机理[D].杭州：浙江大学，2013.

[100] DE-GREGORIO P R，MICHAVILA G，RICCIARDI M L，et al. Beneficial rhizobacteria immobilized in nanofibers for potential application as soybean seed bioinoculants[J]. PLoS One，2017，12（5）：e0176930.

[101] OLIVEIRA R S，ROCHA I，MA Y，et al. Seed coating with arbuscular mycorrhizal fungi as an ecotechnologicalapproach for sustainable agricultural production of common wheat（*Triticum aestivum* L.）[J]. Journal of Toxicology and Environmental Health，2016，79（7）：329-337.

[102] HOSEINI A，SALEHI A，SAYYED R Z，et al. Efficacy of biological agents and fillers seed coating in improving drought stress in anise[J]. Frontiers in Plant Science，2022，13：955512.

[103] 张绪美，曹亚茹，沈文忠，等.微生物肥料对设施土壤次生盐渍化和番茄生产的影响[J].中国土壤与肥料，2019（5）：119-126.

[104] 李倩，张常兴，程玉渊，等.微生态制剂对烤烟连作土壤酶活性及其产量的影响[J].贵州农业科学，2019，47（1）：43-48.

[105] 王彦飞，曹国璠.不同生物肥料对辣椒产量和品质的影响研究[J].北方园艺，2010（17）：13-15.

[106] 廖宏娟，谭佳思，张志斌，等.球毛壳菌小麦秸秆发酵产物抑制辣椒疫霉的稳定性及机制[J].中国农业科学，2024，57（3）：500-513.

[107] 龚小强，孙向阳，田赟，等.复合型有机改良剂对园林废弃物堆肥基质改良研究[J].西北林学院学报，2013，28（2）：96-201.