

凌宁，教授，博士生导师

Email: nling@njau.edu.cn / lingn@lzu.edu.cn

简介：研究主要关注土壤生物肥力培育与作物健康。以“无机肥料提效、有机养分促效和养分协同优化”为主要内容，研究从传统的田间化学养分管理发展到兼顾无机和有机养分管理、兼顾作物优质高产和耕地肥力提升，综合应用植物营养学、土壤学、环境生物学和分子生物学技术，揭示了有机肥促进化肥养分高效持续利用效应及其微生物学机理，提出了土壤生物肥力定向培育优化途径，并基于研究的培肥原理对（生物）有机肥料在土壤肥力提升方面的积极作用进行了推广应用。

迄今，利用土壤微生物生物信息学、同位素¹³C、¹⁵N 和¹⁸O 的微生物活体标记技术等研究方法，在土壤微生物在肥料-土壤-植物系统中的行为特征、根系分泌物介导的植物-微生物过程等方面的研究成果，已经以第一作者或者通讯作者发表在 New Phytologist, mSystems (2 篇) , Environ Microbiol, Functional Ecology, Soil Biol Biochem (5 篇), Appl Environ Microbiol (2 篇)，等环境微生物学、土壤学、生态学领域的主流期刊上，当前论文 H-index 为 29，论文他引>2100 次。近五年来，主持了 3 项国家自然科学基金项目研究，并作为技术骨干参与了国家 973 课题和国家重点研发计划课题的研究工作。



教育经历：

- 2007.9-2012.6:南京农业大学资环学院植物营养学系硕博连读，获农学博士学位
- 2003.9-2007.6:南京农业大学资环学院农业资源与环境专业，获农学学士学位

工作经历：

- 2020.12- : 兰州大学 草地微生物研究中心 兼职教授
- 2020.01- : 南京农业大学 资源与环境科学学院 教授
- 2015.01- 2019.12: 南京农业大学 资源与环境科学学院 副教授
- 2018.10 - 2019.09: 访问学者, Université de Rennes 1, France

主持科研项目：

- 微生物群落休眠潜力与异养策略对农田土壤功能稳定性的影响机制，国家自然科学基金面上项目 (41977080), 2020.1-2023.12, 61 万元，项目主持人；
- 砧穗互作下西瓜根际化学多样性与生物多样性的偶联关系研究，国家自然科学基金面上项目 (31772398), 2018.1-2021.12, 60 万元，项目主持人；
- 连作土壤上嫁接西瓜的根际微生物区系特征及其形成机理，国家自然科学青年基金 (31301853), 2014.1-2016.12, 23 万元，项目主持人；
- 经济作物抑病型土壤微生物区系形成机制研究，“973”计划项目“作物高产高效的土壤微生物区系特征及其调控”子课题 (2015CB150503) ,2015.1-2019.12, 80 万元，研究骨干；

主讲课程：

- 土壤肥料学通论
- 根际生物过程

学术兼职：

- European Journal of Soil Biology 编委
- Land degradation & development 副编辑

代表性论文 (Web of Science ResearcherID: AAF-3633-2019) :

Web of Science

Clarivate
Analytics



- 1) Liu WB, Ling N*, Luo GW, Guo JJ, Zhu C, Xu QC, Liu MQ, Shen QR, Guo SW (2021) Active phoD-harboring bacteria are enriched by long-term organic fertilization. **Soil Biology and Biochemistry** 152: 108071 (***通讯作者**)
- 2) Xu QC, Ling N*, Chen H, Duan YH, Wang S, Shen QR, Vandenkoornhuyse P (2020) Longterm chemical-only fertilization induces a diversity decline and deep selection on the soil bacteria. **mSystems** 5:e00337-20. (***通讯作者**)
- 3) Luo GW, Xue C, Jiang QH, Xiao Y, Zhang FG, Guo SW, Shen QR, Ling N* (2020) Soil carbon, nitrogen, and phosphorus cycling microbial populations and their resistance to global change depend on soil C:N:P stoichiometry. **mSystems** 5:e00162-20. (***通讯作者**)
- 4) Kong YL, Kuzyakov Y, Ruan Y, Zhang JW, Wang TT, Wang M, Guo SW, Shen QR, Ling N* (2020) DNA stable-isotope probing delineates carbon flows from rice residues into soil microbial communities depending on fertilization. **Applied and Environmental Microbiology**, 86:e02151-19 (***通讯作者**)
- 5) Guo JJ, Ling N*, Chen ZJ, Li L, Liu LS, Gao LM, Wang M, Ruan JY, Guo SW, Vandenkoornhuyse P, Shen QR (2019). Soil fungal assemblage complexity is dependent on soil fertility and dominated by deterministic processes. **New Phytologist** DOI: 10.1111/nph.16345 (***通讯作者**)
- 6) Luo GW, Sun B, Li L, Li MH, Liu MQ, Zhu YY, Guo SW, Ling N*, Shen QR (2019). Understanding how long-term organic amendments increase soil phosphatase activities: Insight into phoD- and phoC-harboring functional microbial populations. **Soil Biology and Biochemistry** 139: 107632. (***通讯作者**)
- 7) Kong Y, Ling N*, Xue C, Chen H, Ruan Y, Guo J, Zhu C, Wang M, Shen QR, & Guo SW (2019). Long-term fertilization regimes change soil nitrification potential by impacting active autotrophic ammonia oxidizers and nitrite oxidizers as assessed by DNA stable isotope probing. **Environmental Microbiology**, 21(4): 1224-1240 (***通讯作者**)
- 8) Luo G, Rensing C, Chen H, Liu M, Wang M, Guo S, Ling N*, Shen QR (2018) Deciphering the associations between soil microbial diversity and ecosystem multifunctionality driven by long-term fertilization management. **Functional Ecology** 32: 1103-1116. (***通讯作者**)
- 9) Luo G, Friman V-P, Chen H, Liu M, Wang M, Guo S, Ling N*, Shen Q (2018) Long-term fertilization regimes drive the abundance and composition of N-cycling-related prokaryotic groups via soil particle-size differentiation. **Soil Biology and Biochemistry** 116: 213-223. (***通讯作者**)
- 10) Ling N, Zhu C, Xue C, Chen H, Duan YH, Peng C, Guo SW, Shen QR. 2016, Insight into how organic amendments can shape the soil microbiome in long-term field experiments as revealed by network analysis. **Soil Biology & Biochemistry**. 99: 137-149

More details can be found in:

https://www.researchgate.net/profile/Ning_Ling?ev=hdr_xprf