



赵娜,罗绪强,陈辉,等.根系分泌物和外源碳输入对土壤微生物影响的研究进展[J].黑龙江农业科学,2025(11):102-110.

# 根系分泌物和外源碳输入对土壤微生物影响的研究进展

赵娜<sup>1,2</sup>,罗绪强<sup>2</sup>,陈辉<sup>3</sup>,唐凤<sup>1</sup>

(1. 普安县人民政府南湖街道办事处,贵州黔西南州 561500; 2. 贵州师范学院地理与资源学院,贵州贵阳 550018; 3. 中国科学院地球化学研究所,贵州贵阳 550009)

**摘要:**植物根系分泌物是根际的重要化合物来源,提供碳源和调控根际环境等措施,对微生物群落的组成、功能及抗逆能力具有显著影响。同时,秸秆还田、植物凋落物归还、生物炭投入和有机肥施用等外源碳输入可显著改变微生物的数量、多样性及代谢活性。为揭示植物根-土-微生物互作机制、优化土壤管理及推动微生物驱动的可持续农业发展,综述了根系分泌物和外源碳输入对土壤微生物的作用机制,重点阐述了:(1)根系分泌物的化学组成及其通过营养供给、理化环境调节和信号作用对细菌、真菌及病原微生物的调控效应;(2)不同类型和施用水平的外源碳输入对微生物群落结构、功能和生态过程的影响;(3)根系分泌物与外源碳输入之间的相互作用对土壤微生物群落的影响。并根据当前的研究进展对未来的研究方向和内容进行展望。

**关键词:**根系分泌物;外源碳输入;秸秆还田;植物凋落物归还;生物炭投入;有机肥施用;土壤微生物

土壤是人类赖以生存与发展的基础,是地球系统大气圈、水圈、岩石圈及生物圈相互作用最复杂、最活跃的交界面<sup>[1]</sup>。土壤蕴含着数量庞大、种类丰富的微生物群体,其多样性对土壤结构、肥力、养分利用效率及植物的生长发育等方面均具有重要影响<sup>[2]</sup>。植物根系分泌物是指植物在生长过程中释放到根际的多种化合物,包括根系代谢过程中主动分泌的有机物与活性物质,以及因细胞衰老、破裂或根系残体分解而被动释放的成分,其在调控植物适应微生境、缓解根际养分竞争及构建根际微生物群落结构方面发挥着重要作用<sup>[3]</sup>。袁仁文等<sup>[4]</sup>研究表明,植物根系通过释放多种次生代谢产物来调节根际微生物的种类、数量及分布。郜红建等<sup>[5]</sup>研究指出,根系分泌物可通过调节 pH、氧化还原环境、螯合或还原作用,影响根际养分和有害物质的溶解性与迁移性,从而调控植物对其的吸收利用,在应对逆境胁迫中发挥重要作用。周勋勋等<sup>[6]</sup>研究表明,根系分泌物通过影响根际环境,从而影响根际微生物生长繁殖并形成新的根际微生物群落,根系有机酸分泌物与土壤微生物群落结构呈一定相关性,放线菌门与丁二酸呈极显著正相关,芽单胞菌门与乙酸呈显著负相关。

在陆地生态系统碳循环与土壤肥力维持的研

究范畴内,秸秆还田、植物凋落物归还、生物炭施用及有机肥投入是构成土壤生态系统中外源有机碳输入的核心途径,其在农田、森林及草地等不同陆地生态系统中均占据主导地位,是土壤有机碳库补充与更新的关键物质基础。路丛项等<sup>[7]</sup>研究发现,不同种类外源碳输入对土壤微生物影响不同,在早稻土壤环境适宜条件下,与秸秆还田相比,生物炭还田早稻土壤微生物类群表现为不同程度的下降趋势,土壤微生物群落组成变化明显,尤其是革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌、放线菌、革兰氏阴性菌含量明显下降,微生物网络复杂性降低但专性竞争关系加强。贺云龙等<sup>[8]</sup>研究揭示,外源碳输入不仅会影响微生物参与陆地生态系统的碳循环过程,而且还会影响土壤微生物对其他营养元素的需求。

综上所述,关于根系分泌物和土壤碳输入对土壤微生物的影响虽已有大量研究,但研究结论不尽相同。根系分泌物和外源碳输入两者交互作用如何影响土壤微生物的群落结构鲜有报道。目前研究存在以下不足:(1)根系分泌物与外源碳输入的交互作用对土壤微生物的影响机制尚不明确;(2)在不同环境条件下,两者对土壤微生物调控规律的差异性缺乏深入比较。因此,本文在系统总结根系分泌物和外源碳输入对土壤微生物作

收稿日期:2025-09-15

基金项目:国家自然科学基金项目(32260725);贵州省科技厅基础研究计划项目(黔科合基础-zk[2023]一般 283)。

第一作者:赵娜(1998-),女,硕士研究生,从事不同施肥模式下土壤有机碳的组分及分解等研究。E-mail: 3082054232@qq.com。

通信作者:罗绪强(1976-),男,博士,教授,从事生态环境地球化学研究。E-mail: xuqiangluo@gznc.edu.cn。

用的基础上,进一步探讨二者的交互调控机制,以期为科学管理根际生态环境提供理论依据。

## 1 根系分泌物对土壤微生物的影响

在土壤环境中,根系分泌物与根际微生物之间的相互作用是极其关键的过程。植物根系通过释放多种次生代谢产物,影响根际微生物的种类、数量及分布特征,从而对土壤微生物群落结构起到选择性调控作用。

### 1.1 根系分泌物的组成及功能

根系分泌物是根系沉积物的重要组成部分,是植物通过生物或非生物代谢释放到根际环境的化合物。根系分泌物种类繁多,不同植物在其种类和分泌量上存在显著差异<sup>[4]</sup>。根据其理化性质与结构特点,根系分泌物大致可分为低分子有机物、高分子黏性物质、无机离子及其他特殊功能物质等几类。其中,低分子有机物包括可溶性糖类、氨基酸、有机酸以及部分酚类化合物;高分子黏性物质主要为多糖类和蛋白类物质,也包括某些酚酸和有机酸类代谢物;无机离子则包括常见的阳离子和阴离子,如  $K^+$ 、 $Na^+$ 、 $NH_4^+$ 、 $NO_3^-$  等;此外,还有磷酸酶、生长素等具有特定生理功能的生物活性物质。

从物质成分类型的角度来看,根系分泌物可细分为糖类、酶类、氨基酸类、有机酸类、酚酸类、脂肪酸、甾醇类、核苷酸、黄酮类及多种植物生长调节因子等<sup>[9-11]</sup>。这些分泌物在调控根际微生物群落结构、促进土壤养分转化与植物营养吸收、缓解逆境胁迫等方面发挥着至关重要的作用,已成为植物-土壤-微生物互作研究中的重要关注点。植物根系从土壤中吸收水分和养分的同时,也释放分泌物为根际微生物提供碳源、氮源等营养物质。根系分泌物不仅参与调控植物对矿质元素的吸收,还在植物应对外界环境变化中发挥重要作用。因此,根系分泌物不仅为根际微生物群落提供营养支持,更通过促进养分吸收和增强逆境适应能力,为植物生长发育提供保障<sup>[12]</sup>。

### 1.2 根系分泌物影响土壤微生物的途径

植物根际土壤中聚集着数量庞大且多样的微生物群体。根系分泌物富含糖类、氨基酸和维生素等有机物,为微生物生长繁殖提供丰富养分与能量,使其数量与活性显著高于非根际区域。根系分泌物不仅调节根际土壤理化性质,还通过改善定殖环境动态影响群落结构,从而在数量、种类及空间分布等方面塑造微生物群落<sup>[4,13]</sup>。

#### 1.2.1 根系分泌物对土壤细菌和真菌的影响

在根际土壤中,植物根系通过分泌物与根际微生

物形成密切互作,这一过程在维持植物健康生长中起着关键作用。根系分泌物作为信号分子或营 养源,选择性地吸引并调控不同类型的土壤微生物群体进入根际,从而塑造有利于植物生长的微生物环境<sup>[14-16]</sup>。赵卫松等<sup>[17]</sup>研究发现外源添加 L-脯氨酸提高了放线菌门的相对丰度,降低了酸杆菌门、芽单胞菌门和浮霉菌门的丰度,厚壁菌门则随其浓度增加呈先升后降趋势。同时,细菌多样性的 Shannon 指数(评估群落物种多样性与均匀度的指数)显著升高,而真菌多样性则下降。Zhou 等<sup>[18]</sup>研究表明,外源施用香豆酸提高了细菌类群厚壁菌门、 $\beta$ -变形菌纲、 $\gamma$ -变形菌纲、真菌类群核菌纲和接合菌门的相对丰度,降低了细菌类群拟杆菌门、 $\delta$ -变形菌纲、浮霉菌门和真菌类群盘菌纲的相对丰度。Gu 等<sup>[19]</sup>研究显示,外源施加咖啡酸后,番茄根际中变形菌门和放线菌门的相对丰度显著增加,而厚壁菌门、酸杆菌门和疣微菌门的相对丰度则下降。刘忠中等<sup>[20]</sup>发现不同浓度的根系分泌物对土壤微生物群落结构产生显著影响,随着根系分泌物浓度升高,细菌、真菌和放线菌数量增加,土壤微生物多样性指数也相应提高,而优势度指数则基本不受影响。Gschwendtner<sup>[21]</sup>等研究发现,不同马铃薯品种的根际分泌物存在差异,可能导致不同品种根际微生物群落结构表现出显著差别,马铃薯在不同生长发育时期,其根际微生物群落结构也会发生相应变化,这很可能与根系分泌物组成和数量的动态变化密切相关。刘泽琴<sup>[22]</sup>的研究进一步发现,根系分泌物处理下的土壤微生物样本与纯水处理相比分离明显,土壤微生物群落结构差异较大,根系分泌物培养处理没有明显改变土壤微生物多样性指数(Shannon、Simpson),却降低了土壤微生物的丰富度指数(Sobs、Chao、Ace)和覆盖度指数。由此可见,不同学者关于根系分泌物对细菌和真菌的作用结果并不完全一致,这可能受到作物品种差异、根系分泌物种类和特性、土壤类型、培养温度等多种因素的共同影响。

#### 1.2.2 根系分泌物对病原微生物的影响

根系分泌物除了激活植物本身的抗性机制,在植物抵御病原菌侵染的过程中也发挥着直接或间接的调控作用,其通过诱导抗病相关的信号传导通路,激活植物防御反应,增强植株的抗病能力<sup>[23-24]</sup>。有研究表明,番茄根系分泌物中的邻苯二甲酸二丁酯(Dibutyl phthalate)可能会影响线虫胚胎期的蛋白水解酶活性和能量代谢,从而有效抑制根结线虫卵的孵化,同时通过破坏线虫表皮或抑制神经信号传导导致其对 2 龄幼虫(J2)具有杀灭作

用,此外,抗性番茄根系分泌物对根结线虫表现出明显的趋避效应,进一步增强了植物的抗病能力<sup>[25]</sup>。张胜男等<sup>[26]</sup>研究发现,枯萎病菌侵染后,香蕉根系分泌物中莽草酸等有机酸、酚酸及糖类含量显著上升,而L-酪氨酸等氨基酸类物质减少。相关分析显示,这些升高的化合物与病原菌的趋化性、繁殖能力及菌丝生长呈正相关,说明其有助于病原菌的侵染与扩展。其原因可能是莽草酸为病原菌提供芳香族氨基酸及次级代谢物前体,增强其侵染力,酚酸类可诱导细胞壁降解酶分泌,加速宿主细胞壁解体,而糖类作为快速利用的碳源进入能量代谢途径,支撑其生长与繁殖,共同促进枯萎病菌扩展<sup>[27-28]</sup>。大量研究发现,酚酸类物质中的肉桂酸、水杨酸、苯甲酸、对羟基苯甲酸可促进枯萎病菌孢子萌发和繁殖,葡萄糖、果糖和蔗糖也被认为是根系分泌物中的致病物质<sup>[29-33]</sup>,而酪氨酸、赖氨酸、谷氨酸和L-脯氨酸等氨基酸可抑制枯萎病菌孢子的萌发,属抑菌物质<sup>[17,34]</sup>。根系分泌物通过改变土壤性质(如pH、氧化还原电位),进而调控根系微生物种群结构。相关研究表明,有机酸作为植物根系分泌物的重要组成部分,影响土壤理化性质并直接或间接地调控土壤微生物群落组成、多样性和功能<sup>[35]</sup>。有机酸可以通过降低根际土壤酸碱度、改变土壤氧化还原条件、影响土壤微生物群落等方式增加土壤养分有效性<sup>[36-37]</sup>。综上所述,根系分泌物对病原微生物的影响已有大量研究,但是研究结论有所差异,根系分泌物的组成不同,对病原微生物的影响也不同。

1.2.3 根系分泌物的化感物质对土壤微生物的影响 植物根系分泌物中含有一类对邻近其他植物或自身产生抑制或促进作用的生物活性物质,即化感物质。近年来,植物化感作用的研究逐渐聚焦于根际微生物群落。根系分泌的化感物质不仅影响土壤理化性质和植物生长,还在很大程度上通过与土壤微生物的相互作用发挥效应。化感物质进入根际后常被土壤微生物代谢降解与转化,其最终作用结果往往是化感物质与根际微生物共同作用的体现<sup>[38]</sup>。刘艳霞等<sup>[39]</sup>的研究结果显示,根系分泌物中主要酚酸类物质苯甲酸和3-苯丙酸均能明显改变根际土壤微生物区系,降低土壤微生物群落多样性,显著增加有害微生物数量的同时大大降低有益微生物数量,两种酚类物质同时存在的危害效果远大于单一酚类。Funa等<sup>[40]</sup>研究发现,植物酚类物质在植物与微生物的互作过程中具有重要作用,它们不仅作为信号分子参

与丛枝菌根与豆科植物共生关系的建立,还能够胁迫环境下介入植物防御,同时为部分固氮菌提供替代碳源或作为酚类脂质的前体物质。此外,在豆科植物根瘤中也检测到一些酚酸类物质,可促进吲哚乙酸的合成,并对根瘤菌的形态产生调控作用。相关研究表明,药用植物三七在通过自然挥发、根系分泌及植株残体分解等途径向环境中释放化感物质后,在土壤中积累至一定浓度的化感物质,会改变土壤微环境,抑制根系生长并降低其活性,进而引起根际微生物区系失衡,导致植株生长受阻,甚至出现病害或死亡现象<sup>[41-43]</sup>。

根系分泌物通过多种途径影响土壤微生物群落,其共性作用主要体现在提供营养源、改变根际理化环境及作为信号分子调控微生物定殖与群落结构。而差异性体现在不同组分的选择性调控效应,如氨基酸可抑制部分病原菌繁殖,酚酸类则可能诱导有害微生物增殖并抑制有益菌群;部分化感物质还通过改变微生物代谢或信号通路加剧群落失衡。总体而言,不同类型根系分泌物在营养供给、环境和信号调控方面存在共性,但在对有益或有害微生物的选择性作用上表现出显著差异。

## 2 外源碳输入对土壤微生物的影响

外源碳输入类型直接影响土壤微生物群落的组成、功能和生态作用。不同来源和性质的碳源对微生物的影响不同。

### 2.1 秸秆还田和凋落物输入对土壤微生物群落结构的影响

2.1.1 秸秆还田 秸秆还田是一种重要的外源碳输入方式,秸秆中含有溶解性有机物、纤维素和木质素等组成复杂的化合物,其分解过程由不同类型的土壤微生物驱动,在降解的初始阶段,细菌、革兰氏阴性菌和放线菌主要参与易降解组分的快速分解,而随着这些易降解物质逐渐被消耗,降解过程逐步转向由真菌及部分革兰氏阳性菌主导的阶段<sup>[44-45]</sup>。张红娟等<sup>[46]</sup>研究发现,秸秆还田提高了土壤SOM、AP、AN、K和pH,增加了土壤微生物数量,显著提升了土壤碳固定功能基因(*sucD*、*ACO*、*acnA*、*korA*、*ppc*)和氮代谢功能基因(*narB*、*nasE*、*nasC*、*nasA*、*nirB*、*nosZ*、*narG*、*narZ*、*nxrA*)等的丰度,(其中,*sucD*:催化琥珀酰辅酶A转化为琥珀酸;*ACO*与*acnA*:催化柠檬酸与异柠檬酸之间的顺乌头酸反应;*korA*:催化2-酮戊二酸氧化生成琥珀酰辅酶A;*ppc*:催化磷酸烯醇式丙酮酸羧化反应;*narB*:硝酸还原酶亚基;*nasE*、*nasC*、*nasA*:同化性硝酸盐还原系统相关

基因;*nirB*:亚硝酸盐还原酶;*nosZ*:一氧化二氮还原酶)。崔慧珍等<sup>[47]</sup>研究发现,玉米秸秆还田能有效增加土壤真菌、细菌和放线菌数量,土壤微生物对碳源的利用能力提高,微生物群落多样性及均匀度增加。谢鹰飞等<sup>[48]</sup>研究表明,蔬菜秸秆还田显著促进了西瓜根际土壤中细菌、放线菌和真菌数量的增加,并提升了根际微生物总体水平,改变了土壤微生物群落结构和 Alpha 多样性。熊橙梁等<sup>[49]</sup>研究结果显示,水稻秸秆还田显著提高了土壤微生物群落的多样性和丰富度,90 d 处理后细菌的 Chao1、Shannon 和 Simpson 指数(Chao1 指数反映群落的物种丰富度,Simpson 指数反映群落的多样性与均匀度)及真菌的 Chao1 指数均显著升高,同时提高了变形菌门、螺旋体门和疣微菌门的相对丰度。总体而言,秸秆的种类、特性、还田时间及施用量均会影响土壤微生物群落结构与多样性。土壤微生物的群落结构也会随着秸秆还田量的高低不同而产生变化。徐蒋来等<sup>[50]</sup>研究发现,水稻小麦周年轮作种植全田稻麦秸秆 50% 的还田量有利于土壤细菌、放线菌数量的增加,而 75% 的还田量有利于土壤真菌数量的增加。然而,Dong 等<sup>[51]</sup>通过田间定位试验表明,与不还田相比,50% 和 100% 的秸秆还田显著增加了土壤中细菌、真菌与放线菌数量并提高了土壤酶活性,但当还田量过高(150%)时,微生物数量出现下降趋势。研究结论的差异可能是因为作物类型与耕作模式、秸秆种类和土壤基础条件不同。土壤微生物群落在作物秸秆腐解过程中起着决定性作用<sup>[52]</sup>,其结构与功能会随秸秆还田量的变化而发生响应<sup>[53]</sup>,这种响应与土壤碳氮比(C/N)密切相关。当秸秆还田量处于适宜水平时,C/N 比维持在有利于微生物代谢的范围内(通常为 20~30),充足的碳源能够促进微生物快速繁殖和活性增强。然而,当秸秆还田量过高时,会显著提高土壤 C/N 比,微生物在进行生命活动时不得不与植物或其他生物竞争有限的氮素资源,氮素的相对缺乏限制了代谢过程的进行,从而抑制了微生物数量和功能的进一步提升<sup>[54-55]</sup>。

2.1.2 植物凋落物输入 植物凋落物是外源碳的重要输入途径,在生态系统能量流动和物质循环中发挥关键作用。凋落物的种类和数量的变化会显著影响土壤微生物的生物量、群落结构以及代谢方式<sup>[56-57]</sup>。Hossain 等<sup>[58]</sup>的研究发现,部分微生物在不同类型凋落物的资源利用上存在差异,从而引起混合凋落物分解过程中土壤微生物群落结构的变化。Jin 等<sup>[59]</sup>也发现不同类型的植物凋落

物对土壤微生物群落结构具有差异化影响,富含碳的底物(如植物凋落物)进入土壤是调控微生物生物量的关键因素,在处理的第一年外源碳输入对细菌群落的作用强于对真菌群落的作用,随着时间的推移,真菌的丰度更高。王小平等<sup>[57]</sup>的研究结果显示,凋落物多样性对土壤细菌群落结构产生显著作用,而凋落物组成则对土壤细菌和真菌的丰度具有更大影响,且真菌群落对凋落物质量分解影响显著。雷海迪等<sup>[60]</sup>的研究表明,相较于对照处理,单独添加凋落物以及凋落物与生物炭的混合添加均显著提升了真菌丰度及真菌/细菌比值(F/B 比)。同时,凋落物与生物炭的联合添加进一步提高了革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌比值,并使放线菌丰度显著高于仅添加凋落物的处理。

## 2.2 施用有机肥和生物炭对土壤微生物的影响

2.2.1 有机肥施用 有机肥是外源碳输入的重要途径,而其类型及施用水平的差异会导致土壤微生物群落产生不同的响应。张妍等<sup>[61]</sup>的研究发现,有机肥替代 60% 磷肥不仅显著提高草莓产量和土壤肥力,还提升了土壤细菌群落的丰富度与多样性,并促进芽孢杆菌属等有益微生物的富集,从而优化了草莓根际微生物区系。王琦等<sup>[62]</sup>的研究显示,长期施用有机肥和秸秆覆盖可显著改善土壤养分,提升细菌多样性并降低真菌多样性,且有利于变形菌门、酸杆菌门和放线菌门细菌,以及被孢菌门和担子菌门真菌的生长繁殖。功能预测显示,该措施显著提高了参与碳氮代谢的微生物及营腐生真菌的丰度,同时减少了潜在病原菌丰度。Chen 等<sup>[63]</sup>研究结果表明,施用有机肥可提高土壤细菌和真菌的  $\alpha$  多样性指数。同时,信号转导、细菌分泌系统、氧化磷酸化以及碳水化合物、氮和氨基酸等代谢功能均有所增强。Nie 等<sup>[64]</sup>研究发现,有机氮替代 50% 化肥氮可显著减缓土壤碱化,改善养分状况,提升酶活性和高粱产量。相比真菌,有机肥替代处理对细菌多样性影响更显著,并促进土壤微生物代谢途径、次生代谢产物合成及碳代谢。

2.2.2 生物炭施用 生物炭可为土壤微生物提供栖息微环境,增强土壤微生物活性,并通过吸附和释放营养物质为土壤微生物创造适宜的生长环境。土壤微生物的群落结构与生物炭的施用量、种类以及土壤类型等有关。Xu 等<sup>[65]</sup>研究显示,随生物炭添加量增加,丛枝菌根真菌丰度、微生物量碳和功能多样性均上升,而放线菌丰度下降,细菌丰度对生物炭添加的响应与土壤有关,而真菌

丰度主要与生物炭负荷和热解温度有关。陆欣春等<sup>[66]</sup>研究发现,在中国东北酸化白浆土中,增施生物炭显著提高了土壤微生物的平均每孔颜色变化率(AWCD)、Shannon-Wiener 多样性指数、丰富度指数和 Simpson 指数。随着施用量增加,微生物碳源利用由多聚物逐渐转向氨基酸和羧酸类,其中以  $30 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$  施用量对玉米连作土壤微生态环境的改善效果最佳。高文翠等<sup>[67]</sup>研究表明,在砂壤土中,氮肥配施生物炭可增强麦田土壤微生物碳源代谢活性,影响微生物群落功能多样性,并改变其对糖类、氨基酸及有机酸的代谢偏好。低氮( $150 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ )条件下施用生物炭( $30 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ )可改善微生物群落多样性并显著提高小麦产量。王义祥等<sup>[68]</sup>研究发现,连续施用生物炭 5 年改变黄壤性质,进而影响细菌群落结构,细菌群落 Chao 和 ACE 指数能够随生物炭施用量增加而上升,Shannon 指数呈先升后降趋势。施用生物炭促进了适宜酸中性或弱碱性环境的节杆菌属、硝化螺旋菌属和黄色杆菌科细菌相对丰度的增加,降低了嗜酸性细菌相对丰度。上述研究结果说明生物炭施用通过改变土壤理化性质进而调控微生物群落的组成与多样性,从而导致土壤物质分解过程的差异。

生物炭的种类也会对土壤微生物产生显著影响。Dominchin 等<sup>[69]</sup>的研究结果显示,家禽粪便生物炭显著增加真菌及总微生物量,而花生壳生物炭作用较弱,不同类型的生物炭对细菌类群的丰度具有差异化效应,家禽粪便生物炭提高了绿弯菌门的相对丰度,降低了变形菌门的相对丰度,而花生壳生物炭则增加了酸杆菌门而减少了厚壁菌门丰度。陈义轩等<sup>[70]</sup>研究结果表明,添加玉米秆和杨木屑生物炭可促进土壤微生物总量和细菌量,但其增幅随施用浓度升高而减弱,而添加竹屑生物炭则会显著降低土壤微生物总量和土壤细菌量,施用生物炭对土壤真菌/细菌比值有显著的促进作用,适量添加生物炭( $20, 40$  和  $80 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )会增加真菌量,但大量添加花生壳和竹屑生物炭( $160 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )会显著降低真菌量。陈薪宇等<sup>[71]</sup>的研究结果显示,在一定时间范围内,生物炭处理显著提高了土壤 pH 及细菌群落的  $\alpha$  和  $\beta$  多样性,生物炭和有机肥施用 2 年后,土壤微生物网络的复杂性和稳定性显著下降,但微生物间的协同作用得到增强。此外,施用生物炭显著提升了根戈德里谷氨酸杆菌属和红球菌属的相对丰度,这些类群在有机质分解与能量代谢过程中发挥重要作用。综上,不同类型及施用水平的有机肥和生

物炭对土壤微生物群落产生差异化影响。同时, Cao 等<sup>[72]</sup>的研究发现,有机肥和生物炭的耦合效应增加了土壤细菌的多样性和丰富度,并改变了细菌和真菌的群落结构与分布,促进其数量增加。随机森林分析结果显示,有机肥为主要驱动因子,其中细菌拟杆菌门、亚硝化螺旋菌门及真菌单眼菌门的丰度变化是导致微生物生态功能差异的关键因素。

综上,秸秆还田、植物凋落物及有机肥与生物炭施用作为外源碳输入,可显著调控土壤微生物群落结构和功能。不同类型、施用量及施用时间对细菌、真菌及放线菌数量、多样性及功能基因丰度产生差异化影响。适量秸秆或生物炭可提升微生物代谢活性、碳氮循环能力及群落多样性,而过量施用可能因 C/N 比失衡或养分限制抑制微生物活性。

### 3 根系分泌物和外源碳输入的相互作用对土壤微生物的影响

根系分泌物和外源碳输入是维系土壤微生物群落多样性和功能的重要驱动力,共同塑造根际微生物的结构与代谢过程。根系分泌物通常包括糖类、有机酸、氨基酸及酚类等小分子有机物,可为微生物提供直接的能量与碳源,促进其快速繁殖与代谢活性<sup>[14]</sup>。同时,根系分泌物能够调节根际的 pH、氧化还原状态和养分可利用性,从而改变微生物群落组成<sup>[73]</sup>。外源碳输入主要来源于外源有机质(如秸秆还田、有机肥和生物炭施用)以及植物凋落物的分解,这类碳输入通常以高分子有机物或半稳定态碳库的形式存在,为根际微生物提供长期而稳定的底物来源。外源碳输入通过与根系分泌物的协同作用,提升土壤微生物对有机质的分解和转化能力。已有研究表明,根系分泌物与外源碳输入之间存在显著的协同效应。根系分泌物为土壤微生物提供了可利用的能量来源,进而引发根际微生物数量及其胞外酶活性的变化,从而显著影响土壤有机碳的矿化过程,微生物分泌的胞外酶可加速土壤有机质与外源碳的分解,表现为正向激发效应<sup>[74]</sup>。根系分泌物可为土壤微生物提供快速可利用的底物,而外源碳输入则为其提供中长期的能量支持,两者在时间尺度和底物性质上的互补性,有助于增强微生物群落的代谢活性和分解能力。此外,根系分泌物可通过“根际促发效应”(即根系分泌物或碳输入激活土壤微生物,加速土壤有机质分解的现象)快速激活微生物群落,加速秸秆和土壤有机质的分解<sup>[75]</sup>。

然而,这种交互作用并非始终表现为正效应。外源碳输入在特定条件下(如碳氮比失衡),可能通过改变土壤微环境或引发资源竞争,抑制特定功能群落的繁殖。也有研究发现,当施用生物炭时,其多孔结构和表面吸附特性可能限制部分小分子有机物的可利用性,从而降低微生物的短期代谢活性;但在适度施用条件下,生物炭又能通过缓释和保护效应,增强根系分泌物对微生物的长期调控作用<sup>[76]</sup>。不同施用量的生物炭对根际微生物的调控效应差异显著,胡骞予等<sup>[77]</sup>发现,低剂量施用条件下,生物炭与根系分泌物表现为协同作用,显著提升了土壤真菌的多样性和丰富度、降低土壤病原真菌的丰度;而在高剂量施用条件下,则因碳氮比过高及孔隙结构过度吸附,抑制了部分分解菌群的繁殖<sup>[78]</sup>。

根系分泌物和外源碳输入的交互效应还表现出显著的环境依赖性。在氮素缺乏条件下,根系分泌物可能诱导微生物优先利用外源碳源,促进氮素矿化和再循环,从而增强土壤养分供给。但在氮素过剩条件下,土壤微生物对易分解底物的利用效率下降,可能出现碳损失增加而养分利用效率降低的现象<sup>[78]</sup>。

综上,根系分泌物与外源碳输入在根际微生物调控中具有协同与拮抗并存的作用,深入解析其作用机制对于理解土壤碳循环和提升生态系统碳汇功能具有重要意义。

#### 4 展望

植物根系分泌物和外源碳输入对土壤微生物的影响研究结论不尽一致,深入研究根系分泌物与外源碳输入对土壤微生物群落的调控机制具有重要理论意义。尽管已有大量研究揭示了根系分泌物及外源碳输入对土壤微生物的作用,但对土壤微生物群落功能、动态响应及多因素交互作用方面的研究仍有待挖掘。基于本文的综述,未来研究可从以下两个方向进一步探索:(1)深入解析根系分泌物-土壤微生物互作机制。当前研究多集中于单一根系分泌物或土壤微生物类群的响应,未来应结合多组学手段(如代谢组学、宏基因组学)系统解析根系分泌物对土壤微生物群落结构、功能及信号通路的调控机制,明确不同植物、不同生长阶段下的差异性调控效应。(2)根系分泌物与外源碳输入的协同效应研究。虽然已有研究揭示了根系分泌物与外源碳输入对土壤微生物的独立作用,但二者的交互作用及长期生态效应尚未完全明确。未来可通过长期田间试验,评估

在不同碳源类型和施用水平下,根系分泌物对微生物群落多样性、稳定性及养分循环功能的调控作用,为优化土壤管理提供科学依据。

#### 参考文献:

- [1] MARSCHNER P, TIMONEN S. Interactions between plant species and mycorrhizal colonization on the bacterial community composition in the rhizosphere[J]. *Applied Soil Ecology*, 2005, 28(1): 23-36.
- [2] KENNEDY A C, SMITH K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils[J]. *Plant and Soil*, 1995, 170(1): 75-86.
- [3] 李佳佳,樊楚春,上官周平. 植物根系分泌物主要生态功能研究进展[J]. *植物学报*, 2020, 55(6): 788-796.
- [4] 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.
- [5] 郜红建,蒋新,常江,等. 根分泌物在污染土壤生物修复中的作用[J]. *生态学杂志*, 2004, 23(4): 135-139.
- [6] 周勋勋,程永豪,于雪娇,等. 烟沫有机肥部分替代化肥对玉米生长和根系分泌物及土壤微生物群落结构的影响[J]. *土壤通报*, 2024, 55(5): 1440-1452.
- [7] 路丛项,徐建明,魏岚,等. 有机物料还田对稻田土壤微生物特性的影响[J/OL]. *农业环境科学学报*, 2025; 1-14 [2025-07-10]. <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspxfile name = NHBH20250708002&dbname = CJFD&dbcode = CJFQ>.
- [8] 贺云龙,齐玉春,彭琴,等. 外源碳输入对陆地生态系统碳循环关键过程的影响及其微生物学驱动机制[J]. *生态学报*, 2017, 37(2): 358-366.
- [9] 刘军,温学森,郎爱东. 植物根系分泌物成分及其作用的研究进展[J]. *食品与药品*, 2007, 9(3): 63-65.
- [10] 吴彩霞,傅华. 根系分泌物的作用及影响因素[J]. *草业科学*, 2009, 26(9): 24-29.
- [11] 杨程,徐程扬. 根系分泌物及根际效应研究综述[C]//第十届中国科协年会论文集. 2008: 1993-1998.
- [12] 吴林坤,林向民,林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J]. *植物生态学报*, 2014, 38(3): 298-310.
- [13] 殷博. 几种作物根系分泌物对土壤微生物的影响[D]. 哈尔滨:黑龙江大学, 2009.
- [14] MA W M, TANG S H, DENGZENG Z, et al. Root exudates contribute to belowground ecosystem hotspots: a review[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 937940.
- [15] SINGH G, MUKERJI K G. Root exudates as determinant of rhizospheric microbial biodiversity [M]//*Microbial Activity in the Rhizosphere*. Berlin/Heidelberg: Springer-Verlag, 2006: 39-53.
- [16] 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.
- [17] 赵卫松,郭庆港,崔钠淇,等. 外源添加 L-脯氨酸对棉花黄萎病发生及其根际土壤微生物群落的影响[J]. *中国农业科学*, 2024, 57(11): 2143-2160.
- [18] ZHOU X G, WU F Z. P-Coumaric acid influenced cucumber rhizosphere soil microbial communities and the growth of

- Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum* Owen [J]. PLoS One, 2012, 7(10): e48288.
- [19] GU Y A, WEI Z, WANG X Q, et al. Pathogen invasion indirectly changes the composition of soil microbiome *via* shifts in root exudation profile[J]. Biology and Fertility of Soils, 2016, 52(7): 997-1005.
- [20] 刘志中,陈汉章,杨娇.不同浓度根系分泌物调控植物土壤微生物群落结构研究[J].林业调查规划,2022,47(6): 20-25,30.
- [21] GSCHWENDTNER S, ESPERSCHÜTZ J, BUEGGER F, et al. Effects of genetically modified starch metabolism in potato plants on photosynthate fluxes into the rhizosphere and on microbial degraders of root exudates[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2011, 76(3): 564-575.
- [22] 刘泽琴.油菜间作紫云英下环境因子和根系分泌物对土壤微生物的影响[D].南昌:江西农业大学,2023.
- [23] 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.
- [24] LI X G, WEI Q, LIU B, et al. Root exudates of transgenic cotton and their effects on *Fusarium oxysporum* [J]. Frontiers in Bioscience, 2013, 18(2): 725-733.
- [25] YANG G D, ZHOU B L, ZHANG X Y, et al. Effects of tomato root exudates on *Meloidogyne incognita*[J]. PLoS One, 2016, 11(4): e0154675.
- [26] 张胜男,逢玉万,黄建凤,等.香蕉根系分泌物对枯萎病菌侵染的响应效应[J/OL].园艺学报,2025:1-13[2025-07-04]. <https://link.cnki.net/doi/10.16420/j.issn.0513-353x.2024-0590>.
- [27] 谢星光,陈晏,卜元卿,等.酚酸类物质的化感作用研究进展[J].生态学报,2014,34(22):6417-6428.
- [28] 张妙宜,周登博,起登凤,等.香蕉枯萎病综合防控研究进展[J].中国科学:生命科学,2024,54(10):1843-1852.
- [29] 董艳,董坤,杨智仙,等.肉桂酸对蚕豆枯萎病发生的影响及间作缓解机制[J].土壤学报,2017,54(2):503-515.
- [30] 陈玲,董坤,杨智仙,等.苯甲酸胁迫间作对蚕豆自毒效应的缓解机制[J].中国生态农业学报,2017,25(1):95-103.
- [31] WU K, SU L, FANG Z Y, et al. Competitive use of root exudates by *Bacillus amyloliquefaciens* with *Ralstonia solanacearum* decreases the pathogenic population density and effectively controls tomato bacterial wilt[J]. Scientia Horticulturae, 2017, 218: 132-138.
- [32] 赵静,万琼莲,焦蓉,等.三七种植土壤中对羟基苯甲酸对尖孢镰刀菌的化感作用[J].西南农业学报,2023,36(1): 112-117.
- [33] WANG X Z, WU F Z, HAN X. Effects of sugars on germination and mycelium growth of *Fusarium oxysporum* [J]. Allelopathy Journal, 2007, 20(2):339-346.
- [34] 潘凯,吴凤芝.氨基酸对黄瓜枯萎病原菌生长发育的影响[J].北方园艺,2008(2):228-231.
- [35] 李彦林,陈杨洋,杨霜溶,等.植物根系分泌的有机酸对土壤碳氮矿化的影响[J].生态环境学报,2024,33(9): 1362-1371.
- [36] 杜思垚,方娅婷,鲁剑巍.根系分泌物对作物养分吸收利用的影响研究进展[J].华中农业大学学报,2023,42(2):147-157.
- [37] ZHAO M L, ZHAO J, YUAN J, et al. Root exudates drive soil-microbe-nutrient feedbacks in response to plant growth[J]. Plant, Cell & Environment, 2021, 44(2): 613-628.
- [38] KAUR H, KAUR R, KAUR S, et al. Taking ecological function seriously: soil microbial communities can obviate allelopathic effects of released metabolites[J]. PLoS One, 2009, 4(3): e4700.
- [39] 刘艳霞,李雨,李想,等.烤烟根际土壤微生物对根系酚酸类物质的响应[J].植物营养与肥料学报,2019,25(8): 1373-1382.
- [40] FUNA N, OZAWA H, HIRATA A, et al. Phenolic lipid synthesis by type III polyketide synthases is essential for cyst formation in *Azotobacter vinelandii* [J]. PNAS, 2006, 103(16): 6356-6361.
- [41] 孙雪婷,李磊,龙光强,等.三七连作障碍研究进展[J].生态学杂志,2015,34(3):885-893.
- [42] 张重义,林文雄.药用植物的化感自毒作用与连作障碍[J].中国生态农业学报,2009,17(1):189-196.
- [43] 姚春芝,蒋宇婷,杨玉婷,等.三七连作土壤浸提液对其根腐病菌的化感效应[J].应用生态学报,2020,31(7): 2227-2235.
- [44] 苏鑫,王敬红,张方政,等.复合菌系降解玉米秸秆过程中群落演替与秸秆降解的关系[J].微生物学报,2020,60(12):2675-2689.
- [45] QIN X Y, HUANG W Y, LI Q L. Lignocellulose biodegradation to humic substances in cow manure-straw composting: characterization of dissolved organic matter and microbial community succession [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2024, 283(Pt 3): 137758.
- [46] 张红娟,孙婷,王春静,等.玉米秸秆还田配施腐熟剂对土壤微生物群落结构和功能的影响[J].微生物学通报,2025,52(9):4078-4093.
- [47] 崔慧珍,安娜娜,李光文,等.玉米秸秆还田对土壤微生物群落组成的影响[J].农业科学研究,2021,42(2):10-17,56.
- [48] 谢鹏飞,宋梦圆,姜伟,等.茄果类蔬菜秸秆原位还田对设施土壤综合质量的影响[J].农业工程学报,2023,39(18): 111-122.
- [49] 熊橙梁,张庆富,姚未远,等.添加不同类型水稻秸秆对植烟连作土壤微生物群落的影响[J].中国农业科技导报(中英文),2025,27(1):233-240.
- [50] 徐蒋来,尹慧慧,胡乃娟,等.周年秸秆还田对稻麦轮作农田土壤养分、微生物活性及产量的影响[J].应用与环境生物学报,2015,21(6):1100-1105.
- [51] DONG L, TIAN S, ZHANG Y, et al. effects of returned-straw on soil fertility and soil biological traits in wheat-maize rotation systems [J]. International Journal of Ecology, 2017, 6(4):159-166.
- [52] 张经廷,张丽华,吕丽华,等.还田作物秸秆腐解及其养分释放特征概述[J].核农学报,2018,32(11):2274-2280.
- [53] WU L P, MA H, ZHAO Q L, et al. Changes in soil bacterial community and enzyme activity under five years straw returning in paddy soil[J]. European Journal of Soil Biology, 2020, 100: 103215.

- [54] 任万军,黄云,吴锦秀,等.免耕与秸秆高留茬还田对抛秧稻田土壤酶活性的影响[J].应用生态学报,2011,22(11):2913-2918.
- [55] 韩新忠,朱利群,杨敏芳,等.不同小麦秸秆还田量对水稻生长、土壤微生物生物量及酶活性的影响[J].农业环境科学学报,2012,31(11):2192-2199.
- [56] 刘星,王娜,赵博,等.改变碳输入对太岳山油松林土壤酶活性的影响[J].应用与环境生物学报,2014,20(4):655-661.
- [57] 王小平,杨雪,杨楠,等.凋落物多样性及组成对凋落物分解和土壤微生物群落的影响[J].生态学报,2019,39(17):6264-6272.
- [58] HOSSAIN M Z, SUGIYAMA S I. Influences of plant litter diversity on decomposition, nutrient mineralization and soil microbial community structure: litter mixing effects on soil properties[J]. Grassland Science, 2011, 57(2): 72-80.
- [59] JIN H, SUN O J, LIU J. Changes in soil microbial biomass and community structure with addition of contrasting types of plant litter in a semiarid grassland ecosystem[J]. Journal of Plant Ecology, 2010, 3(3): 209-217.
- [60] 雷海迪,尹云锋,刘岩,等.杉木凋落物及其生物炭对土壤微生物群落结构的影响[J].土壤学报,2016,53(3):790-799.
- [61] 张妍,邓蕊蕊,张纯,等.有机肥不同替代比例对草莓品质及土壤微生物群落的影响[J/OL].农业资源与环境学报,2025;1-16 [2025-06-09]. <https://link.cnki.net/doi/10.13254/j.jare.2024.0996>.
- [62] 王琦,王媛媛,李阳,等.有机肥和秸秆覆盖对黄土高原区山地果园土壤微生物群落结构及功能的影响[J].应用与环境生物学报,2025,31(6):963-974.
- [63] CHEN H J, ZHAO J M, JIANG J, et al. Effects of inorganic, organic and bio-organic fertilizer on growth, rhizosphere soil microflora and soil function sustainability in *Chrysanthemum monoculture* [J]. Agriculture, 2021, 11(12): 1214.
- [64] NIE M G, YUE G Q, WANG L, et al. Short-term organic fertilizer substitution increases sorghum yield by improving soil physicochemical characteristics and regulating microbial community structure [J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1492797.
- [65] XU W H, WHITMAN W B, GUNDALE M J, et al. Functional response of the soil microbial community to biochar applications[J]. GCB Bioenergy, 2021, 13(1): 269-281.
- [66] 陆欣春,郑永照,韩晓增,等.生物炭对白浆土土壤微生物功能多样性的影响[J].土壤与作物,2021,10(2):194-201.
- [67] 高文翠,杨卫君,贺佳琪,等.生物炭添加对麦田土壤微生物群落代谢的影响[J].生态学杂志,2020,39(12):3998-4004.
- [68] 王义祥,黄家庆,叶菁,等.生物炭对酸化茶园土壤性状和细菌群落结构的影响[J].植物营养与肥料学报,2020,26(11):1967-1977.
- [69] DOMINCHIN M F, BARBERO F M, VERDENELLI R A, et al. Soil microbial diversity, functionality, and community structure are differently affected by diverse types of biochar[J]. Annals of Applied Biology, 2025, 187(1): 63-78.
- [70] 陈义轩,宋婷婷,方明,等.四种生物炭对潮土土壤微生物群落结构的影响[J].农业环境科学学报,2019,38(2):394-404.
- [71] 陈薪宇,胡永庆,吕俊廷,等.生物炭对花椒园土壤细菌群落功能预测的影响及共生网络分析[J/OL].环境科学,2025;1-14 [2025-09-10]. <https://link.cnki.net/doi/10.13227/j.hjkk.202412036>.
- [72] CAO X Q, LIU J L, ZHANG L L, et al. Response of soil microbial ecological functions and biological characteristics to organic fertilizer combined with biochar in dry direct-seeded paddy fields[J]. Science of the Total Environment, 2024, 948: 174844.
- [73] 丁娜,林华,张学洪,等.植物根系分泌物与根际微生物交互作用机制研究进展[J].土壤通报,2022,53(5):1212-1219.
- [74] 尹华军,张子良,刘庆.森林根系分泌物生态学研究:问题与展望[J].植物生态学报,2018,42(11):1055-1070.
- [75] 殷佳,张男,孙茹梦,等.根系分泌物在水稻氮素吸收利用中的作用机制及氮肥调控研究进展[J/OL].作物杂志,1-8 [2025-09-02]. <https://link.cnki.net/urlid/11.1808.S.20250918.1945.010>.
- [76] 胡建宇,郑恩楠.生物炭对作物生长发育和土壤环境效应的影响综述[J].农业与技术,2021,41(20):31-35.
- [77] 胡骞予,赵娅红,吕怡颖,等.生物炭不同施用量对烟草根际土壤真菌群落结构的影响[J].西南农业学报,2023,36(10):2254-2260.
- [78] YANG Y, AHMED W, YE C, et al. Exploring the effect of different application rates of biochar on the accumulation of nutrients and growth of flue-cured tobacco (*Nicotiana tabacum*) [J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1225031.

## Research Progress on Effects of Root Exudates and Exogenous Carbon Input on Soil Microorganisms

ZHAO Na<sup>1,2</sup>, LUO Xuqiang<sup>2</sup>, CHEN Hui<sup>3</sup>, TANG Feng<sup>1</sup>

(1. Nanhu Sub-district Office of Pu'an County People's Government, Qianxinan Prefecture 561500, China; 2. School of Geography and Resources, Guizhou Education University, Guiyang 550018, China; 3. Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, Guiyang 550009, China)

**Abstract:** Root exudates are an important source of compounds in the rhizosphere, and they significantly influence the composition, function, and stress resistance of microbial communities by providing carbon sources and regulating the rhizosphere physicochemical environment. Meanwhile, the application of exogenous carbon sources such as straw returning, plant litter, biochar, and organic fertilizers can significantly alter the quantity, diversity, and metabolic activity of microorganisms. To reveal the root-soil-microbe interaction mechanism, optimize soil management, and promote the development of sustainable agriculture driven by microorganisms, this review summarizes the mechanisms by which root exudates and external carbon inputs affect soil microorganisms, with a focus on: (1) the chemical composition of root exudates and their regulatory effects on bacteria, fungi, and pathogenic microorganisms through nutrient supply, physical and chemical environment regulation, and signaling; (2) the impacts of different types and application levels of external carbon inputs on microbial community structure, function, and ecological processes; (3) the effects of the interaction between root exudates and external carbon inputs on soil microbial communities. Based on current research progress, future research directions are proposed.

**Keywords:** root exudates; exogenous carbon input; crop residue returning to the soil; plant debris returning; biochar input; organic fertilizer application; soil microorganisms

(上接第 85 页)

- [12] 余永亮,梁慧珍,王树峰,等. 中国转基因大豆的研究进展及其产业化[J]. 大豆科学,2010,29(1):143-150.
- [13] ZHAO L, LAN J, ZHANG X L, et al. Two genetically modified insect-resistant maize events reduced fumonisin pollution under the stress of Lepidoptera in China[J]. *GM Crops & Food*, 2025, 16(1): 329-339.
- [14] 贾瑞宗,ZHU Y J,刘标,等. 转基因番木瓜生物育种现状与展望[J]. 中国科学:生命科学,2024,54(10):1863-1873.
- [15] 陈春燕,罗颖玲,李晓. 中国转基因油菜研究现状及发展对策[J]. 湖北农业科学,2013,52(16):3762-3766.
- [16] 李东阳,肖冰,张旭冬,等. 转基因耐除草剂大豆发展现状与展望[J]. 大豆科学,2022,41(6):733-739.
- [17] 李东阳,朱香镇,张开心,等. 转基因抗虫作物对捕食性瓢虫的安全性研究进展[J]. 生物安全学报,2022,31(3):203-209.
- [18] 李华玮,郑鸣. 转基因技术发展现状及其对社会发展的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医,2014(21):229-230.
- [19] 李文跃,曹士亮,于滔,等. 作物转基因技术、种植现状及安全性[J]. 黑龙江农业科学,2020(10):124-128.
- [20] GIANESSI L P. Economic impacts of glyphosate-resistant crops [J]. *Pest Management Science*, 2008, 64(4):346-352.

## Current Status and Trends in Global Industrialization and Development of Genetically Modified Crops in 2024

ZHANG Zhongqi<sup>1</sup>, LÜ Linghua<sup>1</sup>, LIU Lei<sup>1</sup>, LI Kunlun<sup>1</sup>, LI Pin<sup>1</sup>, YU Juping<sup>1</sup>, XUE Moyong<sup>2</sup>

(1. Heze Academy of Agricultural Sciences, Heze 274000, China; 2. Tobacco Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Qingdao 266101, China)

**Abstract:** Since the initiation of commercial cultivation of genetically modified (GM) crops in 1996, their research, development, and industrial application have continuously expanded, significantly enhancing comprehensive benefits and laying a crucial foundation for global food security. In order to accelerate the research and industrial application of genetically modified crops, promote policy formulation and industrial upgrading of genetically modified crops, this paper systematically analyzed the development trends of global GM crop industrialization from 1996 to 2024, including crop varieties, cultivation area, adoption rates, transformation events and yield. The study revealed that in 2024, the global cultivation area of GM crops reached 209.80 million hectares across 27 countries, marking a 122-fold increase compared to 1996. Five core GM crops: soybean, maize, cotton, canola, and sugar beet dominate production. In terms of adoption rates, cotton was the highest (78.40%), followed by soybean (74.90%). Trait development in GM crops is evolving toward complexity, with an increasing number of transformation events featuring stacked traits and output traits. Regarding yield, the global production of GM crops reached 986.955 billion kilograms in 2024, with Brazil, the United States, Argentina, Canada and India being the major producers. Notably, as the world's largest importer and consumer of GM soybeans, China has significantly accelerated its GM industrialization process, which is expected to reduce its dependence on imports of maize and soybeans.

**Keywords:** genetically modified crops; industrialization; cultivation area; transformation event; yield