微生物肥料的作用机制及应用前景

孙翠焕[1]，董志强[1]，陈 杰[1]，赵博伦[1]，李奥楠[1]，马 妍[2]，李明堂[3]，郭玲玲[1*]

（1. 辽宁省微生物科学研究院，辽宁 朝阳 122000；2. 中国矿业大学，北京 100083；3. 吉林农业大学，吉林 长春 130118）

摘 要 在农业生产中，由于长期过量施用化学肥料造成了土壤退化和环境污染，一定程度地制约了现代农业的绿色发展。微生物肥料能够提升作物产量与品质，增强抗逆能力，减少环境污染。本文对微生物肥料的特性、发展历程与分类进行了概述，重点阐述了微生物肥料的作用机理，包括通过调控植物激素（如水杨酸、生长素）影响植物免疫与发育，通过物理缠绕、分泌胞外聚合物等方式改善土壤团聚结构，以及通过分泌铁载体、溶解磷酸盐、参与固氮与硝化作用等途径活化土壤养分；从宏观、市场及技术层面分析总结了微生物肥料的应用前景及技术发展趋势，并结合辽宁省作为粮食主产区的农业现状，分析了微生物肥料发展现状及区域特色优势，最后对我国微生物肥料产业的发展方向进行了展望，以期为微生物肥料的研究与应用提供参考。

关键词 微生物肥料；根际微生物；作用机制；土壤改良；养分活化；绿色农业；应用前景

中图分类号 Q939.9 **文献标识码** A **文章编号** 1005－7021(2026)02－0107－09

doi：10.3969/j.issn.1005－7021.2026.02.010

Mechanisms and Application Prospects of Microbial Fertilizers

SUN Cui-huan[1], DONG Zhi-qiang[1], CHEN Jie[1], ZHAO Bo-lun[1],
LI Ao-nan[1], MA Yan[2], LI Ming-tang[3], Guo Ling-ling[1*]

(1. *Liaoning Academy of Microbiological Science*, *Chaoyang* 122000;
2. *China University of Mining and Technology*, *Beijing* 100083; 3. *Jilin Agricultural University*, *Changchun* 130118)

Abstract Long-term excessive application of chemical fertilizers in agricultural production has led to soil quality degradation and environmental problems, which to some extent restricts the green development of modern agriculture. Microbial fertilizers can enhance crop yield and quality, improve stress resistance, and reduce environmental pollution. This paper provides an overview of the characteristics, development history, and classification of microbial fertilizers, with a focus on elucidating their mechanisms which include regulating plant hormones (such as salicylic acid and auxin) to influence plant immunity and development, improving soil aggregation through physical entanglement and secretion of extracellular polymers, as well as activating soil nutrients by secreting siderophores, solubilizing phosphates, and participating in nitrogen fixation and nitrification processes. The application prospects and trends in technology development of microbial fertilizers are analyzed and summarized from macro, market, and technical perspectives. Considering the agricultural context of Liaoning Province as a major grain-producing region, the current status and regional advantages of microbial fertilizer development in Liaoning are examined. Finally, future development directions for China′s microbial fertilizer industry are discussed, aiming to provide references for the research and application of microbial fertilizers.

Keywords microbial fertilizer; rhizosphere microorganisms; mechanism; soil amendment; nutrient activation; green agriculture; application prospects

基金项目：辽宁省科学事业公益研究基金（软科学研究）计划项目（2025JH4/10100009）；辽宁省重点研发计划项目（2024JH2/102500010）

作者简介：孙翠焕 女，研究员。研究方向为应用微生物学。E-mail：sch6812@163.com

* 通讯作者。女，研究员，博士生导师。研究方向为农业微生物种质资源研究与利用。E-mail：lnwsw2013@163.com

收稿日期：2026-01-29

中国知网 https://www.cnki.net

农业是人类社会生存与发展的基础。我国在耕地资源相对有限的条件下,农业生产取得了举世瞩目的成就,不仅生产了约占世界总产量25%的粮食,更稳定保障了全球近五分之一人口的粮食供给。2023 年全国粮食总产量再创历史新高,连续 9 年稳定在 1.3 万亿斤以上。东北平原、黄淮海平原、长江中下游平原等粮食主产区,依托优越的光热水土条件与不断提升的规模化、机械化水平,为国家粮食安全提供了坚实保障。辽宁省是我国 13 个粮食主产省之一,典型黑土区耕地面积约 187 万 hm^2[1]。根据国家统计局2024 年公布的数据,辽宁省粮食亩产达到 931.9 斤/亩,在全国粮食主产省中位列第二,较全国平均产量高出 142.4 斤/亩[2]。长期以来,化学肥料为保障粮食产量作出了历史性贡献,但其长期过量施用也带来了土壤退化、环境污染、生态系统服务功能削弱等一系列问题[3]。历史上对土地资源的过度开发利用,加上工业化和城镇化进程的影响,加剧了资源环境压力。这些因素最终限制了农业生产的进一步发展与绿色转型。当前,中国及全球农业正积极探索绿色低碳转型路径,包括推行化肥减施增效、发展新型生物肥料等手段以实现农业生产的高质量与可持续发展[4]。微生物肥料以活性微生物为核心,通过其生命活动直接或间接促进植物生长、提高养分利用效率、改善土壤结构、增强作物抗逆性。其作用不仅是提供作物养分,而且还涉及根际微生态重建、植物-微生物信号互作、土壤结构改良、养分循环活化等多维度的复杂互作网络。从固氮、解磷、释钾等传统促生功能到调控植物激素平衡、诱导系统抗性、修复污染土壤等新兴领域,微生物肥料的作用机制研究正不断深化。当前,我国农业正朝着产出高效、产品安全、资源节约、环境友好的现代化方向发展。微生物肥料的发展符合我国化肥农药减施增效、提升耕地质量与农业“碳中和”等重大战略需求。本文在系统梳理微生物肥料的定义、分类等基础上,阐述了其基于根际微生物群落的作用机制,总结分析了其在不同农业场景下的应用前景、技术发展趋势及面临的挑战,以期为推动该领域的科技创新与产业健康发展提供参考。

1 微生物肥料概述

1.1 微生物肥料的定义、特性与发展历程

微生物(microorganism)泛指肉眼难以观察到的微小生物,包括病毒、亚病毒因子、细菌、古菌、真菌(酵母、霉菌、蕈菌)、单细胞藻类及原生动物等[5]。微生物肥料是指含有特定有益微生物活体制品,其通过所含微生物的生命活动活化土壤中的养分,增加作物的养分供应,分泌促生物质,帮助作物吸收营养、促进生长,从而提高产量、改善农产品品质[6]。有益微生物在植物根际形成优势菌群,能够抑制土传病原菌繁殖,减少作物病害发生,增强作物抗逆能力。微生物资源丰富,种类和功能繁多,因此可以开发生产不同功能、不同用途的微生物肥料。而且用于制备、生产微生物肥料的菌株可以通过人工选育不断纯化、复壮,提高其活力,保障微生物肥料的质量。随着生物技术的应用,通过基因工程方法可以获得生产微生物肥料所需的菌株,实现微生物肥料种类和功能的多样化。

种植业的发展受多重因素影响,包括气候条件、土壤特性、品种选育以及化肥、农药的使用等。施肥作为种植业生产的核心环节之一,其理论与实践在中国具有悠久历史。早在西周时期,人们就已经认识到腐烂植被与草木灰对作物生长的促进作用,从而形成了初步的施肥概念;至战国时期,已有明确记载的肥田技术手段[7]。但施肥技术的科学化与工业化直至近代才取得突破性进展。1840 年,Justus[8]提出“植物矿物营养学说”,奠定了化学肥料的理论基础,并推动了磷肥与钾肥的工业化生产。合成氨这一关键步骤则由德国化学家 Fritz Haber 完成[9]。在随后的百余年里,化肥工业在全球范围内迅速推广,伴随全球人口的爆发式增长,成为 20 世纪人口与经济扩张的重要物质基础。目前,我国已成为世界化肥生产和消费大国,化肥总产量占世界总产量的近 1/3,消费量占世界消费量的近 1/2。其中,化学肥料消费量占比超 90%,但有机肥料、微生物肥料等占比不足 10%。面对绿色、可持续高质量发展的要求,亟需加大对微生物肥料的研发、生产与推广。未来,随着我国对环境和食品安全重视程度的不断提高,有机肥料、微生物肥料等占比将逐步扩大,微

中国知网 https://www.cnki.net

生物肥料的应用将为农业发展注入新的动力。

1.2 微生物肥料的主要类型与产品分类

微生物肥料依据菌群类型、生产过程等可分为以下几种类型[6]。①生物有机肥:指将畜禽粪便、农作物残渣、工业有机废渣和城市有机质垃圾等经分拣粉碎、无害化处理、原料配比、微生物发酵等步骤制成的有机肥。该肥料可将畜禽粪便、秸秆、餐厨垃圾等有机废弃物转化为可利用的资源,减少环境污染和废弃物填埋压力,是循环经济的体现。由于微生物有机肥富含有机质和有益微生物,能有效改善土壤团粒结构、缓解板结、增强土壤保水保肥能力和通透性,具有显著的环境和农业价值。②微生物接种剂:指将自然界中的有益微生物(如部分细菌、真菌、放线菌等)经过人工筛选、培育和优化,在工厂化的条件下进行大规模生产,最终制成的活菌制剂或其代谢产物。③复合微生物肥料:指将有益微生物、有机质和无机营养元素(如氮、磷、钾等)科学结合的新型肥料,兼具微生物肥料、生物有机肥和无机化学肥料的综合效果。

2 微生物肥料的作用机理

虽然土壤中的细菌物种总数非常庞大,但其中大部分种群在生态系统中属于稀有类群。与植物群落类似,土壤细菌群落由少量核心细菌类群主导。有研究表明,在调查的菌种中,511 个细菌类型(约占总数的 2%)占据全局样本中平均 41% 的 16S rRNA 序列,在特定环境(如干旱区森林)中,甚至超过 50%[10]。真菌也具有类似特征,在一项全球土壤真菌群落的研究中,仅 83 个真菌类型(不到鉴定真菌总数的 0.1%)在全球土壤中占据主导地位[11]。这些占据优势的细菌和真菌,还能被其具体所在的土壤理化环境和植物类型所影响[12]。在众多微生物类群中,根际细菌(rhizobacteria)是一类的重要功能群体,是特异性定植于植物根表及根际土壤中的细菌群落。它们以革兰阴性菌为主,常见菌属包括假单胞菌属(*Pseudomonas*)、产碱杆菌属(*Alcaligenes*)和黄杆菌属(*Flavobacterium*)等[13]。这类细菌在根际微环境中表现出显著的富集效应,其数量通常是非根际土壤中的数倍至数十倍,这一现象被称为“根际效应”。其中有益根际细菌又称植物根际促生细菌(plant growth promoting rhizobacteria, PGPR)[14]。微生物肥料通过向作物土壤引入 PGPR,使其在作物根系周围大量生长繁殖,形成优势菌群,从而占据病原微生物的生存空间,形成竞争性抑制。此外,PGPR 通过多种直接与间接机制促进植物生长与健康,包括固氮作用,磷、钾等矿质元素溶解释放,植物激素合成以及诱导系统抗性等(图 1)。

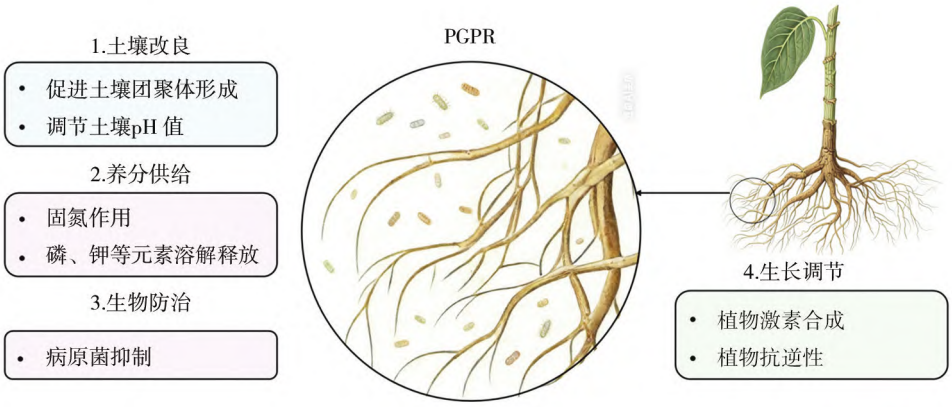


图 1 PGPR 的生物功能

Fig. 1 Biological Functions of PGPR

2.1 微生物与植物激素的互作网络

植物激素是一类可以调控植物细胞和组织生理生化反应,调节植物生长、发育、免疫和抗逆性等生物学过程的活性物质[15]。常见的植物激素包括脱落酸(ABA)、乙烯(ETH)、水杨酸(SA)、茉莉酸(JA)、吲哚乙酸(IAA)、赤霉素(GA)、细胞分裂素(CTK)、油菜素内酯(BR)和独角金内酯(SLs)等。大量研究表明,每种植物

中国知网 https://www.cnki.net

激素在植物中并非只具有单一的生物学作用,而是在不同阶段、不同组织或不同环境条件下发挥复杂而有效的作用[16]。植物激素大部分由植物在一定条件下产生,但是微生物在长期进化下,可以产生与植物激素相同或相似的微生物源植物激素,部分微生物还能够产生特有的微生物源植物激素,从而调控植物生长[17]。微生物可以影响植物激素的产生或降解,植物激素同样可以影响微生物的生长,形成更为广泛的植物激素调控网络。

2.1.1 *微生物与植物免疫激素 SA 的互作* 植物通过激活各种防御机制来防御病原微生物,SA 是植物防御反应中的核心激素信号分子,可以直接或间接介导植物抗病性[18]。尽管植物来源的 SA 如何精确影响微生物代谢和生长的全局性机制仍未完全阐明,但近年研究已揭示了部分具体分子机制。例如,植物防御激素水杨酸可以通过提高环境 pH 值,激活病原野油菜黄单胞菌(*Xanthomonas campestris*)的 DSF 群体感应信号降解酶 RpfB 的活性,从而干扰其群体感应信号系统,影响病原菌的致病力[19]。SA 在植物细胞内的生物合成主要有异分支酸(isochorismate,IC)途径和苯丙氨酸解氨酶(phenylalanine ammonia lyase,PAL)途径[20]。但也有多种细菌属尤其是在促进植物生长的根际细菌中,被报道可以合成 SA 或其相关代谢产物[21]。例如在假单胞菌属中,SA 可以通过异分支酸-异曲虫酸丙酮酸裂解酶(ICS-IPL)和水杨酸合酶(SAS)途径合成[22]。除了合成 SA 或其相关代谢产物外,许多植物病原体还进化出多种效应蛋白来干扰宿主的 SA 稳态[23]。①降解 SA 或其前体:如禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum*)通过其自身的水杨酸羟化酶(FgNahG)降解水杨酸,以此削弱小麦的防御能力,从而增强其致病性[24]。②抑制 SA 生物合成:大丽轮枝菌(*Verticillium dahliae*)的效应因子 VdSCP41 能够靶向植物中正调控 SA 合成的关键转录因子 CBP60g 和 SARD1,进而降低 SA 的合成水平[25]。

2.1.2 *微生物与植物生长激素的互作* 生长素是植物生长发育和免疫的关键调节因子[26]。在植物体内,生长素最常见的合成方式是色氨酸在色氨酸氨基转移酶催化下形成吲哚-3-丙酮酸(indole-3-propionic acid,IPA),再通过黄素单加氧酶直接形成吲哚乙酸(IAA)。微生物可以通过多种途径影响植物体内的生长素稳态。根癌农杆菌(*Agrobacterium tumefaciens*)可将自身携带的生长素生物合成基因 *iaaM* 和 *iaaH* 整合到宿主基因组中,改变生长素积累并诱导根癌形成[27]。在共生关系中,根瘤菌感染能够诱导植物表达 IAA 羧基甲基转移酶 1,该酶可将 IAA 转化为 IAA 甲基酯(MeIAA),进而促进共生相关基因的表达和根瘤发育[28]。除了直接干扰植物生长素代谢,微生物自身也能利用色氨酸合成 IAA。一方面,多种细菌病原体通过产生 IAA 来抑制植物免疫,这一过程常与 SA 信号通路受阻相关[29]。另一方面,许多有益的生长促进细菌也会产生 IAA[30]。研究表明,植物免疫与细菌生长素合成之间甚至可以形成正反馈循环。例如,植物免疫反应能够刺激有益菌贝莱泽氏杆菌(*Bacillus velezensis*)产生 IAA,增强细菌的存活和定植,提升植物健康并帮助其抵御致病真菌[31]。类似地,内生真菌印度梨形孢(*Piriformospora indica*)也会与细菌群落协同作用,在土壤干旱条件下协调水稻根鞘的形成[32]。微生物对生长素的降解同样具有重要生理意义。例如,在贪噬菌属(*Variovorax*)中发现的 IAA 降解基因簇能够缓解多种细菌菌株所引起的根部生长抑制[33]。IAA 还能影响微生物自身的生物学过程,包括菌丝生长、细胞伸长、孢子萌发,以及毒力、黏附和Ⅲ型分泌系统(type Ⅲ secretion system,TTSS)相关基因的表达[34]。

2.2 微生物影响土壤理化性质

2.2.1 *微生物促进土壤形成团聚体* 微生物的生命活动能改变土壤结构,促进土壤形成稳定的团聚体,从而增加土壤的透气性。微生物是土壤团聚体形成中最活跃的生物因素,主要通过自身物理特性、分泌物黏合作用以及对有机质的分解作用来促进土壤团聚体的形成和稳定[35]。①物理因素:微生物细胞通过范德华力和表面负电荷产生的静电引力与土壤矿物颗粒结合,且其死亡后的细胞壁残留物仍能参与土壤团聚体的形成[36]。真菌和放线菌的菌丝能够缠绕土壤颗粒、有机质及已有团聚体,促进大团聚体的形成[37]。同时,菌丝在生长过程中会对土壤颗粒施加物理压力,从而增强颗粒之间的联结。②分泌物黏合作用:微生物分泌的细胞外聚合物质(extracellular

中国知网 https://www.cnki.net

polymeric substances,EPS)作为生物胶黏剂,参与土壤团聚体的形成。EPS 是由多种生物分子类型的复杂组合组成的三维结构基质,主要由多糖、蛋白质、腐殖质等组成[38]。多粘类芽孢杆菌(*Paenibacillus polymyxa*)分泌的胞外多糖可通过氢键和离子键连接土壤颗粒,促进土壤团聚体的形成[39]。丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi,AMF)分泌的球囊霉素相关土壤蛋白(glomalin-related soil protein,GRSP)能胶结矿物颗粒和填充团聚体内部,与土壤团聚体稳定性密切相关[40]。③微生物对有机质的分解作用:土壤中的细菌、真菌等微生物分泌胞外酶(如纤维素酶、木质素过氧化物酶),将动植物残体等复杂有机质分解为小分子有机酸、糖类和氨基酸等。这些分解产物(特别是腐植酸等高分子聚合有机酸)与土壤中的黏土矿物等无机胶体通过多种作用力结合,形成有机-无机复合体,促进了土壤团聚体的形成[41]。

2.2.2 *微生物影响土壤 pH 值* 土壤的 pH 值、盐浓度、温度、土壤类型以及地表植物类型等环境因素对微生物群落具有选择作用,塑造了特定生境中的微生物组成。例如,随着环境 pH 值升高,细菌的生物多样性下降,嗜碱菌的占比增加[42]。微生物的生命活动也会影响土壤理化性质。微生物的生命活动通过多种方式影响土壤 pH 值[43]。①微生物的呼吸作用释放的 CO_2 溶解于土壤水中形成碳酸,从而降低土壤 pH 值;②土壤中的动植物残体在微生物分解过程中会产生腐植酸、富里酸等多种有机酸,这些有机酸同样增加土壤酸度;③特定功能微生物的代谢活动直接产生酸,硝化细菌通过硝化作用将 NH_4^+ 氧化为 NO_3^-、硫氧化细菌通过硫化作用将硫或硫化物氧化为 SO_4^{2-} 等。这些反应产生的 H^+ 还能与土壤胶体上的 Ca^{2+}、Mg^{2+}、Al^{3+} 等交换性盐基离子发生置换,导致盐基离子淋失[44]。微生物对土壤 pH 值也具有缓冲作用,研究发现芽孢杆菌会根据环境初始 pH 差异性分泌代谢物。在酸性条件下,大量产生月桂胺碱性代谢物,而在碱性条件下,则增加有机酸的分泌,从而调节土壤 pH 值以适应自身生长需求[45]。

2.3 微生物对土壤养分的活化与利用

2.3.1 *铁载体与铁的获取* 铁载体是由微生物产生的一类低分子量化合物(分子量约为 500 ~ 1 500 Da),它们能够高亲和力、选择性地螯合环境中的三价铁(Fe^{3+}),并将其转运供给自身细胞利用。目前已发现 500 多种不同类型的铁载体,根据铁载体的铁螯合基团的化学结构,可分为儿茶酚酸盐类、羟基甲酸盐类和羟羧酸盐类等[46]。不同的基因和调控因子参与了铁载体的生物合成、运输和再导入细胞过程[47]。大部分 PGPR 都具有产生铁载体的能力,在细菌缺铁的情况下,铁载体的产量会显著增加[48]。铁载体作为 PGPR 广泛产生的铁螯合化合物,相比那些无法合成铁载体的微生物具有显著优势。缺铁会对生物体造成严重的生长抑制,因为铁在 DNA 合成、细胞呼吸以及自由基解毒等多个关键细胞过程中都发挥着至关重要的作用[47]。铁载体也能由真菌和植物产生,部分通用铁载体也能被植物所利用[49]。PGPR 产生的铁载体在植物根际发挥着多重作用。一方面,PGPR 能促进植物对铁元素的吸收和利用;另一方面,部分 PGPR 分泌的特异性铁载体能在缺铁环境中竞争性地抑制土传病原微生物的繁殖,从而间接促进植物健康生长。在根际微生物竞争中,分泌病原体无法利用的铁载体的微生物成员占据优势,能有效抑制青枯病菌(*Ralstonia solanacearum*)的繁殖,进而保护番茄宿主植物。相反,分泌病原体能够利用的铁载体实质上为病原体提供了铁营养,促进了病原体的增殖和植物感染的发生[48]。

2.3.2 *磷酸盐溶解* 土壤中的磷主要以有机磷和无机磷两种形式存在。有机磷通常占土壤总磷库的 30% ~ 50%,是重要的磷储备库,有机磷主要来源于动植物残体、微生物和有机肥,其最主要且稳定的形态是肌醇六磷酸及其盐类,还包括磷脂、核酸等。植物不能直接吸收有机磷,必须依赖微生物或根系分泌的酶将其转化为无机磷酸根离子后才能利用。无机磷则以正磷酸盐离子形式存在,但在大多数土壤中,这些离子极易与钙、铝、铁等阳离子结合,形成难溶性的磷酸盐矿物,导致土壤溶液中可供植物直接吸收的有效磷浓度极低[50]。因此,尽管土壤总磷含量较高,但作物在实际生长过程中仍面临有效磷供给不足的胁迫。为破解土壤磷有效性低的瓶颈,利用解磷微生物提升磷的生物有效性已成为农业研究的重要方

中国知网 https://www.cnki.net

向。中国科学院西北生态环境资源研究院生物与农业研究团队研制出一种具有缓释特性的颗粒微生物菌剂(GBI),结果表明,施用 GBI 能显著促进玉米生长,并提高磷吸收量。该菌剂显著提升了土壤大团聚体中的有效磷含量,同时增强了表征解磷能力的 *phoD* 基因丰度与碱性磷酸酶活性。此外,GBI 处理还富集了参与磷循环的关键有益微生物类群,例如细菌中的糖单胞菌目(Saccharimonadales)和真菌中的被孢霉属(*Mortierella*)[51]。Zhang 等[52]研究发现,解磷微生物混合物通过双重机制促进毛竹生长。一方面分泌有机酸溶解土壤中的难溶性磷,直接提升土壤磷的生物有效性;另一方面重塑根际微生物群落结构,形成互利共生的微生物网络。这两种机制协同作用,显著促进了毛竹的生长。

2.3.3 *硝化与固氮* 氮元素是植物生长发育的必需元素,参与蛋白质构成、核酸、叶绿素、酶和多种维生素等多种生命物质的组成。空气中含有 78% 的氮气(N_2),但氮气是惰性气体难以参与化学反应被植物直接利用。植物能利用的氮主要来源:①土壤微生物对动植物残体、粪肥等有机物质的分解,将有机氮转化为植物可吸收的铵态氮(NH_4^+)和硝态氮(NO_3^-);②雷雨天气中的闪电在高温、高压的条件下能使氮气和氧气反应生成氮氧化物,最终转化为硝酸盐,随雨水进入土壤;③固氮菌的生物固氮作用能将大气中的 N_2 直接还原为氨(NH_3)供植物利用。例如,与豆科植物共生的根瘤菌,如根瘤菌属(*Rhizobium*)、中慢生根瘤菌属(*Mesorhizobium*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)[53-54]。根瘤菌识别豆科植物根系类黄酮信号,合成并释放 Nod 因子,进而诱导植物根部形成根瘤。在根瘤内根瘤菌分化为固氮形态,利用植物提供的碳源和能量,在固氮酶复合物的作用下将大气中的 N_2 固定为 NH_3[55]。由基因 *nifH* 编码的铁蛋白常被用作分子标记,以鉴定和评估环境中微生物的固氮潜力[56]。土壤中氨氧化细菌通过氨单加氧酶,消耗 O_2 与电子将 NH_4^+ 氧化为 NH_2OH,再经羟胺氧化还原酶将其转化为 NO_2^-;亚硝酸盐氧化细菌则通过亚硝酸盐氧化还原酶,将 NO_2^- 进一步氧化为 NO_3^-,这些硝化细菌也参与氮元素的转化[57]。

3 微生物肥料的应用前景及技术发展趋势

随着全球对可持续农业、粮食安全和生态环境保护的日益重视,微生物肥料生产技术已从一项前沿生物技术转变为推动农业绿色转型的因素。通过微生物调控植物激素网络、改善土壤理化结构和活化磷、铁等关键养分,有效解决土壤结构、养分高效利用、作物抗逆增产等问题,是推动微生物肥料发展,应对农业面源污染、保障粮食安全与实现农业绿色转型的必然选择。

3.1 市场与政策驱动的宏观前景

我国推动的“化肥农药零增长行动”“耕地质量保护与提升”和“碳达峰碳中和”等目标,为微生物肥料创造了空前的政策机遇,推动了高效、环保的新型肥料产业发展。微生物肥料作为实现“藏粮于地、藏粮于技”的关键载体,为应对长期过量使用化肥导致的土壤板结、酸化、有机质下降、面源污染等问题,在粮食作物的化肥减施增效过程中扮演着重要角色,是修复土壤生态系统、实现耕地永续利用的核心投入品。同时,消费者对安全、优质、绿色农产品的需求日益增长,加速了生态农业、有机农业和绿色食品基地的发展,使微生物肥料成为农业可持续发展的必然选择。

3.2 具体应用领域与市场前景

在经济作物、设施农业、有机农业和地理标志产品的生产中,微生物肥料的应用前景尤为广阔。一是在主粮作物如玉米、小麦、水稻等的减施增效方面,通过与化肥配合施用或部分替代化肥,既能保证作物产量,又能显著提升肥料利用率、改善粮食品质,显示出巨大的市场容量。二是在经济作物和设施农业方面,包括蔬菜、果树、茶叶、中药材等高附加值作物,微生物肥料在提升果蔬风味、色泽、糖度及功能性成分含量以及减少土传病害方面效果显著,农户接受度高,利润空间大。三是在特色生态农业方面,在有机农业、绿色食品认证基地、地理标志产品产区中,应用微生物肥料是替代化学肥料、维持土壤健康和作物营养的主要手段,其地位不可替代。四是在土壤修复与生态治理方面,针对酸化、盐碱化、重金属污染或连作障碍严重的土壤,特定功能的微生物肥料菌剂可发挥独特的生物修复作用。同时,在矿山修复、退化草地

中国知网 https://www.cnki.net

恢复等领域的应用，也将使其从农业生产资料扩展为更广义的生态环境修复剂。五是种业与播种方面，通过使用微生物种衣剂向育苗基质中添加微生物菌剂，可以从作物生长起点构建健康的根际微生态环境，提高作物的抗逆性和成活率，是未来重要的应用方向。

3.3 技术发展趋势与挑战

微生物肥料不仅是应对当前农业与环境挑战的关键技术，更是未来智慧农业、生态农业体系中不可缺少的组成部分。未来，微生物肥料的应用将不再是简单的产品施用，而是通过与土壤传感器、作物需肥模型、变量施肥装备等的结合，完成精准与智慧农业的技术集成应用，实现基于土壤微生物群落数据和作物生长阶段的精准施用。

微生物肥料的技术发展面临着多重挑战，必须依靠对现有范式的研究突破与集成创新，以解决应用中的根本性技术制约。一是在功能专业化与精准化方面，从通用的促生功能向针对特定问题如防控青枯病、克服连作障碍、耐盐促生等的专用型、配方型产品发展；二是在微生物菌株复合化与协同化方面，需要开发多菌种科学复配的产品，实现解磷、固氮[58]、生防、促生等多种功能的协同，提升产品稳定性和综合效果；三是在技术与载体工艺创新方面，通过微生物包埋、纳米材料载体、代谢产物增效等技术，提高菌剂在土壤中的定植能力、存活率和作用持久性；四是与数字农业有机融合方面，结合土壤检测、作物需肥模型和物联网技术，实现微生物肥料的精准推荐和智能施用，提升服务价值；五是提高产品效果稳定性方面，微生物活性受土壤环境、气候、施用方法的影响较大，需通过本土化菌株筛选、优化生产工艺和应用技术规范来解决；六是在成本与价格方面，随着微生物肥料技术进步和规模化生产，其生产成本进一步降低，从而提升微生物肥料的市场竞争力。

辽宁省作为我国重要的粮食生产基地和农业大省，其农业基础雄厚，典型的黑土区资源是验证和发挥微生物肥料功效的理想平台。当前，辽宁省微生物肥料产业正处于从初步认知向规模化、精准化应用的关键发展阶段。辽宁省积极响应国家“化肥零增长”和“藏粮于地”战略，推动微生物肥料在生态农业中的应用。在技术创新方面，应针对辽宁省本地土壤特性开发具有抗逆能力、促进作物生长、降解污染物等功能的高效菌种。在产品多元化方面，微生物与有机质、微生物和中微量元素等复合肥料的研发与生产可以有效提升土壤修复和作物品质。同时，发展区域特色农业，围绕水稻、玉米、水果（如苹果、葡萄）、设施蔬菜等优势作物，开发专用型微生物肥料。辽宁省在利用畜禽粪便、秸秆等农业废弃物生产微生物肥料方面具有一定优势，减少了面源污染，对废弃物资源化和循环农业发展起到了积极作用。未来，辽宁省微生物肥料技术有望在土壤健康管理、绿色农业等领域发挥更大作用，助力东北地区生态农业的发展。

4 展　望

微生物肥料的发展是我国推进农业绿色转型与现代农业持续发展的必然趋势，应用前景广阔。但其全面发展仍面临诸多挑战，如微生物肥料作用机制复杂、应用效果稳定性不足以及行业标准与监管体系有待进一步完善等。要实现我国微生物肥料产业高质量发展，需要在技术研发瓶颈的突破与产品多元化、行业标准与监管、技术推广与服务等方面加大力度。首先，应深化基础研究与技术创新，借助现代生物技术，重点研究根际微生态互作网络与分子机制，定向选育和改造高性能工程菌株，从根本上提升菌剂在复杂农田环境中的定植能力、功能精准性与持久性。同时开发便于储存、运输和使用的肥料剂型，降低下游成本。其次，需建立与国际、国内接轨的产品质量标准、菌种鉴定标准以及田间效果评价规程，为用户选择和政府监管提供科学依据。目前，农技推广体系对微生物肥料的配套服务较为薄弱，科研机构与企业应协同攻关，加快科技成果的转化与落地。同时，需要通过区域性试验示范基地展示微生物肥料在增产提质、土壤修复方面的效果，提升农户认知。微生物肥料关系到土壤健康、植物健康和人类健康。未来，面对日益迫切的农业生态治理挑战，微生物肥料将为推动农业向高产、优质、高效、生态、安全的目标发展提供重要的技术支撑。

参考文献：

[1] 吴恩杰. 辽宁省黑土地保护与利用现状及建议[J]. 农业科技与装备，2025(4)：66-67.

[2] 国家统计局. 2024 年粮食产量数据的公告[R]. 北京：国

中国知网 https://www.cnki.net

家统计局, 2024.
[3] 王飞达. 中国农业面源污染的形成机制及防治措施[J]. 农业产业化, 2025(7): 96-98, 114.
[4] 国家统计局. 农业发展阔步前行,现代农业谱写新篇[R]. 北京: 国家统计局, 2024.
[5] 沈萍, 陈向东. 微生物学(第 8 版)[M]. 北京: 高等教育出版社,2016.
[6] 中华人民共和国农业部. 中华人民共和国农业行业标准: 微生物肥料术语: NY/T 1113-2006[S]. 2006.
[7] 赵文, 刘雁南, 王思明, 等. 从《齐民要术》等史籍看中国古代的肥料科学及其对后世农业发展的启示[J]. 农学学报, 2020, 10(1): 82-87.
[8] Justus von Liebig. Die chemie in ihrer anwendung auf agricultur und physiologie[M]. Deutschland Braunschweig: Friedrich Vieweg und Sohn, 1843.
[9] Haber F. The synthesis of ammonia from its elements nobel lecture, june 2, 1920[J]. Resonance, 2002, 7(9): 86-94.
[10] Delgado-Baquerizo M, Oliverio AM, Brewer TE, et al. A global atlas of the dominant bacteria found in soil[J]. Science, 2018, 359(6373): 320-325.
[11] Egidi E, Delgado-Baquerizo M, Plett JM, et al. A few *Ascomycota taxa* dominate soil fungal communities worldwide[J]. Nature Communications, 2019, 10(1): 2369.
[12] Li J, Cui L, Delgado-Baquerizo M, et al. Plant species and associated root nutritional traits influence soil dominant bacteria in coastal wetlands across China[J]. New Phytologist, 2024, 244(2): 683-693.
[13] Liu Y, Xu Z, Chen L, et al. Root colonization by beneficial rhizobacteria[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2024, 48(1): fuad066.
[14] Thakur R, Dhar H, Mathew S, et al. PGPR inoculants journey from lab to land: Challenges and limitations[J]. Microbiological Research, 2024, 289: 127910.
[15] Dilworth LL, Riley CK, Stennett DK. Chapter 5-Plant Constituents: Carbohydrates, oils, resins, balsams, and plant hormones[M]. Boston: Academic Press, 2017: 61-80.
[16] Yu Z, Duan X, Luo L, et al. How plant hormones mediate salt stress responses[J]. Trends in Plant Science, 2020, 25(11): 1117-1130.
[17] Nakano M, Omae N, Tsuda K. Inter-organismal phytohormone networks in plant-microbe interactions[J]. Current Opinion in Plant Biology, 2022, 68: 102258.
[18] Peng Y, Yang J, Li X, et al. Salicylic Acid: Biosynthesis and Signaling[J]. Annual Review of Plant Biology, 2021, 72: 761-791.
[19] Song K, Chen B, Cui Y, et al. The plant defense signal salicylic acid activates the RpfB-dependent quorum sensing signal turnover via altering the culture and cytoplasmic pH in the phytopathogen xanthomonas campestris[J]. mBio, 2022, 13(2): e0364421.
[20] Aerts N, Pereira Mendes M, Van Wees SCM. Multiple levels of crosstalk in hormone networks regulating plant defense[J]. The Plant Journal: For Cell and Molecular Biology, 2021, 105(2): 489-504.
[21] Bakker PAHM, Ran L, Mercado-Blanco J. Rhizobacterial salicylate production provokes headaches! [J]. Plant and Soil, 2014, 382(1): 1-16.
[22] Mishra A, Baek KH. Salicylic acid biosynthesis and metabolism: A divergent pathway for plants and bacteria[J]. Biomolecules, 2021, 11(5): 705-721.
[23] Xu Y, Wei H, Li H, et al. ChnagG plays the role of 5-salicylate hydroxylase in the gentisic acid pathway of salicylic acid metabolism in cochliobolus heterostrophus[J]. Molecular Plant Pathology, 2025, 26(6): e70090.
[24] Qi PF, Zhang YZ, Liu CH, et al. Functional analysis of *FgNahG* clarifies the contribution of salicylic acid to wheat (*Triticum aestivum*) resistance against fusarium head blight [J]. Toxins, 2019, 11(2): 59-76.
[25] Qin J, Wang K, Sun L, et al. The plant-specific transcription factors CBP60g and SARD1 are targeted by a verticillium secretory protein VdSCP41 to modulate immunity[J]. eLife, 2018, 7: e34902.
[26] Kou X, Zhao X, Wu B, et al. Auxin response factors are ubiquitous in plant growth and development, and involved in crosstalk between plant hormones: A review[J]. Applied Sciences, 2022, 12(3): 1360.
[27] Mashiguchi K, Hisano H, Takeda-Kamiya N, et al. *Agrobacterium tumefaciens* enhances biosynthesis of two distinct auxins in the formation of crown galls[J]. Plant and Cell Physiology, 2019, 60(1): 29-37.
[28] Goto T, Soyano T, Liu M, et al. Auxin methylation by IAMT1, duplicated in the legume lineage, promotes root nodule development in *Lotus japonicus*[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2022, 119(10): e2116549119.
[29] Kong X, Zhang C, Zheng H, et al. Antagonistic interaction between auxin and SA signaling pathways regulates bacterial infection through lateral root in arabidopsis[J]. Cell Reports, 2020, 32(8): 108060.
[30] Kunkel BN, Harper CP. The roles of auxin during interactions between bacterial plant pathogens and their hosts[J]. Journal of Experimental Botany, 2018, 69(2): 245-254.
[31] Tzipilevich E, Russ D, Dangl JL, et al. Plant immune system activation is necessary for efficient root colonization by auxin-secreting beneficial bacteria[J]. Cell Host & Microbe, 2021, 29(10): 1507-1520.
[32] Xu F, Liao H, Zhang Y, et al. Coordination of root auxin with the fungus *Piriformospora indica* and bacterium *Bacillus cereus* enhances rice rhizosheath formation under soil drying[J]. ISME Journal, 2022, 16(3): 801-811.

中国知网 https://www.cnki.net

[33] Finkel OM, Salas-González I, Castrillo G, et al. A single bacterial genus maintains root growth in a complex microbiome [J]. Nature, 2020, 587(7832): 103-108.

[34] Morffy N, Strader LC. Old town roads: Routes of auxin biosynthesis across kingdoms[J]. Current Opinion in Plant Biology, 2020, 55: 21-27.

[35] 马征, 李振轮, 杨裕然, 等. 土壤生物驱动团聚体形成及稳定的机制与相关应用研究进展[J]. 土壤学报, 2025, 63(1): 135-150.

[36] Miltner A, Bombach P, Schmidt-Brücken B, et al. SOM genesis: Microbial biomass as a significant source[J]. Biogeochemistry, 2012, 111(1): 41-55.

[37] Wang F, Zhang L, Zhou J, et al. Exploring the secrets of hyphosphere of arbuscular mycorrhizal fungi: Processes and ecological functions[J]. Plant and Soil, 2022, 481(1): 1-22.

[38] Naseem H, Ahsan M, Shahid MA, et al. Exopolysaccharides producing rhizobacteria and their role in plant growth and drought tolerance[J]. Journal of Basic Microbiology, 2018, 58(12): 1009-1022.

[39] Fei W, Ge Z, Zheng T, et al. Isolation, identification, and potential biotechnological application on soil porosity of the microbial exopolysaccharides (EPS) from *Bacillus polymyxa*[J]. Biomacromolecules, 2025, 26(6): 3771-3785.

[40] Lin L, He L, Hong H, et al. Sequestration of strontium, nickel, and cadmium on glomalin-related soil protein: Interfacial behaviors and ecological functions[J]. Science of the Total Environment, 2023, 881: 163461.

[41] Xu Y, Lu Y, Zheng L, et al. Effects of humic matter on the anaerobic digestion of sewage sludge: New insights from sludge structure[J]. Chemosphere, 2020, 243: 125421.

[42] Ren M, Hu A, Zhang L, et al. Acidic proteomes are linked to microbial alkaline preference in african lakes[J]. Water Research, 2024, 266: 122393.

[43] Wang C, Kuzyakov Y. Soil organic matter priming: The PH effects[J]. Global Change Biology, 2024, 30(6): e17349.

[44] Chapman PJ, Clark JM, Reynolds B, et al. The influence of organic acids in relation to acid deposition in controlling the acidity of soil and stream waters on a seasonal basis[J]. Environmental Pollution, 2008, 151(1): 110-120.

[45] Wang J, Qiu M, Shen Z, et al. Microbial modulation of soil pH: A self-benefiting mechanism exemplified by *Bacillus*[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2025, 210: 109949.

[46] Hider RC, Kong X. Chemistry and biology of siderophores [J]. Natural Product Reports, 2010, 27(5): 637-657.

[47] Dimkpa C. Microbial siderophores: production, detection and application in agriculture and environment[J]. Endocytobiosis and Cell Research, 2016, 27(2): 7-16.

[48] Gu S, Wei Z, Shao Z, et al. Competition for iron drives phytopathogen control by natural rhizosphere microbiomes[J]. Nature Microbiology, 2020, 5(8): 1002-1010.

[49] Ahmed E, Holmström SJM. Siderophores in environmental research: Roles and applications[J]. Microbial Biotechnology, 2014, 7(3): 196-208.

[50] Alori ET, Glick BR, Babalola OO. Microbial phosphorus solubilization and its potential for use in sustainable agriculture [J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 971.

[51] Xie X, Liu Y, Chen G, et al. Granular bacterial inoculant alters the rhizosphere microbiome and soil aggregate fractionation to affect phosphorus fractions and maize growth[J]. Science of the Total Environment, 2024, 912: 169371.

[52] Zhang Y, Shi J, Wu J, et al. Inoculation with phosphate-solubilizing microorganisms enhances soil P bioavailability, restructures microbial communities, and promotes moso bamboo growth[J]. Applied Soil Ecology, 2025, 214: 106362.

[53] Barney BM. Aerobic nitrogen-fixing bacteria for hydrogen and ammonium production: Current state and perspectives[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2020, 104(4): 1383-1399.

[54] 王婧,赵世玉,徐爽,等. 交错布种下氮肥减施对花生根系特性及产量品质的影响[J]. 沈阳农业大学学报,2025,56(2):22-33.

[55] Yang J, Lan L, Jin Y, et al. Mechanisms underlying legume-rhizobium symbioses[J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2022, 64(2): 244-267.

[56] Cheung S, Morando M, Magasin J, et al. *NifH* gene amplicon sequencing and metagenomic approaches are complementary in assessing diazotroph diversity [J]. ISME Communications, 2025, 5(1): ycaf038.

[57] Heil J, Vereecken H, Brüggemann N. A review of chemical reactions of nitrification intermediates and their role in nitrogen cycling and nitrogen trace gas formation in soil[J]. European Journal of Soil Science, 2016, 67(1): 23-39.

[58] 孙媛媛,顾闻琦,吴迪,等. 生物炭对中国水稻产量与氮肥利用效率的影响[J]. 沈阳农业大学学报,2025,56(4):13-23.

中国知网 https://www.cnki.net