

杨姐, 庞师婵, 李祖健, 等. 伴生栽培对主栽番茄植株根际土壤肥力及微生物多样性的影响[J]. 华中农业大学学报, 2024, 43(1): 22-30.
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2024.01.003

伴生栽培对主栽番茄植株根际土壤肥力 及微生物多样性的影响

杨姐¹, 庞师婵², 李祖健¹, 宋静静³, 杨尚东¹

1. 广西大学农学院/植物科学国家实验教学示范中心, 南宁 530004;

2. 广西南亚热带农业科学研究所, 崇左 532415;

3. 广西北部湾海洋生物多样性养护重点实验室/北部湾大学海洋学院, 钦州 535011

摘要 为探究伴生不同作物对主栽番茄根际土壤肥力与健康影响的作用机制, 设置番茄伴生生菜、苋菜、菜心、薄荷和葱的栽培模式, 基于高通量测序技术分析伴生不同作物栽培模式下主栽番茄根际土壤肥力及细菌、真菌多样性。结果显示: 除菜心外, 其他4种伴生物均显著提高了主栽番茄植株根际土壤中涉及氮、磷循环的土壤酶活性以及微生物生物量碳、氮、磷; 伴生栽培虽然没有丰富主栽番茄植株根际土壤中细菌、真菌多样性, 但改变了主栽番茄植株根际土壤细菌、真菌优势门属间的丰度占比; 门分类水平下, 伴生管理均提高了变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、Patescibacteria细菌的丰度占比; 属分类水平下, norank f *Microscillaceae*、norank f norank o *Vicinamibacterales*、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、norank f *Gemmatimonadaceae*、交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*)细菌是番茄伴生不同作物中丰度占比前10的特有优势细菌属。此外, 伴生栽培不同程度地改变了主栽番茄植株根际土壤真菌多样性和丰富度, 富集了壶菌门、担子菌门和油壶菌门优势真菌门; 同时富集了 unclassified o *Sordariales*、油壶菌属(*Olpidium*)和锥盖伞属(*Conocybe*)、*Phialemonium*、unclassified o *Pleosporales*、unclassified o *Boletales*和 *Sodiomyces* 属等优势真菌属, 亦提高了毛壳菌属(*Chaetomium*)的丰度占比。研究表明, 番茄伴生栽培生菜、苋菜、薄荷和葱4种植物均同程度地有助于不提高番茄根际土壤肥力和维护根际微环境土壤健康的作用, 其中, 伴生栽培生菜和薄荷提升土壤肥力及维护土壤健康的效果优于伴生菜心、苋菜和葱。

关键词 番茄; 伴生栽培; 根际; 土壤肥力; 微生物多样性

中图分类号 S641.2 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2024)01-0022-09

番茄(*Solanum lycopersicum* L.)的经济价值和食用价值都极高, 具有丰富的维生素和矿物质等营养物质, 深受顾客的喜爱。随着我国蔬菜产业的专业化和集约化发展, 番茄规模化生产已初具雏形。当前, 番茄产区土壤由于长期的盲目施肥和不当管理, 不仅水肥利用率低, 而且土壤中氮、磷、钾等矿质元素富集而导致土壤盐渍化、酸化以及土传病害等连作障碍日渐严重, 严重制约了番茄产业的发展^[1-3]。

伴生栽培是利用植物间套作, 即在主栽作物的旁边种植伴生植物, 不以收获伴生植物为目的的栽培模式^[4]。伴生栽培管理模式可以改变土壤微生物

群落结构和组成。前人研究已证实, 合理的伴生栽培模式有助于减少土壤的病虫害, 提高主栽作物的抗逆性^[5]。付彦祥等^[6]的研究显示, 与分蘖洋葱伴生, 能够使番茄根际土壤中微生物群落结构组成发生改变, 并提升番茄根际土壤间有益微生物的丰度占比; 伴生栽培大蒜, 可以改善番茄根际土壤肥力, 减少土壤酸化程度和根际土壤根结线虫的数量, 从而促进番茄果实品质的改善^[7]; 伴生栽培大麦提高了主栽番茄根际土壤的酶活性, 改善了番茄土壤微生物群落结构^[8]; 伴生栽培葱、蒜、芹菜、小麦和箭筈豌豆5种作物亦有助于提高黄瓜放线菌数量、碱性磷酸

收稿日期: 2022-07-10

基金项目: 国家自然科学基金项目(31860547); 广西北部湾海洋生物多样性养护重点实验室(北部湾大学)自主基金项目(2019ZC01); 广西学位与研究生教育改革专项(JGY2021013)

杨姐, E-mail: 384567122@qq.com

通信作者: 宋静静, E-mail: songjing2345@163.com; 杨尚东, E-mail: ysd706@gxu.edu.cn

酶和转化酶的活性,改善土壤耕层,即伴生栽培具有减轻番茄等作物发生连作障碍危害的作用^[9]。但迄今为止,番茄适宜地伴生作物,以及伴生栽培减轻番茄连作障碍的作用机制仍未得到完全解析。土壤酶活性、土壤微生物生物量等生物学性状指标以及土壤微生物多样性具有敏感指示土壤肥力和健康状况的作用^[10]。为此,本研究设置番茄伴生生菜、苋菜、菜心、薄荷和葱的栽培模式,探究伴生不同作物对主栽番茄根际土壤肥力及微生物多样性的影响,旨在筛选适宜番茄的伴生作物;同时,进一步解析伴生栽培对土壤肥力与健康的作用机制,为构建番茄生态栽培模式提供理论依据和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

主栽番茄品种为中研868,中研益农种苗科技有限公司选育;伴生作物菜心(*Brassica chinensis* var. *tsai-tai*)品种为油青31号,广东兴宁市庆丰盈种子有限公司选育;伴生作物生菜(*Lactuca sativa* L. var. *capitata* DC.)品种为特种生菜,聊城华煜农业科技有限公司选育;伴生作物薄荷(*Mentha haplocalyx*)品种为香草薄荷,江苏百萌生态发展有限公司选育;伴生作物葱(*Allium schoenoprasum* L.)品种为香葱,北京花儿朵朵仙子农业有限公司选育;伴生作物苋菜(*Amaranthus tricolor* Linn.)品种为台选圆叶红苋菜262,广东兴宁市庆丰盈种子有限公司选育。均购自南宁市蔬菜种子市场。

1.2 试验设计

2020年6—12月,在广西大学农学院蔬菜基地大棚(108°17′25″E,22°51′02″N)内进行试验。采用桶栽方式(桶高35 cm,半径30 cm),每个桶分别装入20 kg土,试验共设3次重复。试验土壤采用赤红壤,理化性状为:pH 5.71,有机质 8.42 g/kg,全氮 0.51 g/kg,全磷 0.67 g/kg,全钾 7.21 g/kg,有效磷 0.59 mg/kg,速效钾 51.01 mg/kg,碱解氮 13.17 mg/kg。

试验共设置7个处理,处理1:番茄伴生生菜(番茄/生菜,A);处理2:番茄伴生苋菜(番茄/苋菜,B);处理3:番茄伴生菜心(番茄/菜心,C);处理4:番茄伴生葱(番茄/葱,D);处理5:番茄伴生薄荷(番茄/薄荷,E);处理6:番茄单作(F);处理7:空白土壤(G),不栽植任何作物。

番茄生长期间,根据番茄的需肥规律,基肥配施于番茄移栽前,追肥从第一花序肥大期开始进行。

除草灌溉、病虫害防治等按常规方法进行相同管理。伴生栽植的方式以番茄种植为中心,半径10 cm处环形种植不同的伴生植物。

1.3 样品采集

番茄进入成熟采收期(2020年10月23日)时,采用“抖根法”采集番茄根际土壤:先用经75%乙醇消毒的铁锹疏松土壤,然后翻转种植桶,倒出整个番茄植株和土块,抖去番茄植株上的非根际土,然后收集黏附在植株根系上的土壤,装入无菌袋,带回实验室。将根际土壤样品过2 mm筛后分为两部分:一部分置于-80℃的冰箱,用于后续的微生物群落结构分析;另外一部分土壤样品放置于4℃的冰箱,用于分析土壤酶活性和微生物生物量。

1.4 土壤理化性质测定

参照文献^[11]测定土壤理化性质,采用精密酸度计(PHS-3C)测定土壤pH值,采用重铬酸钾容量法测定有机质,采用半微量凯氏法测定全氮,采用钼锑抗比色法测定全磷,采用火焰光度法测定全钾,采用钼蓝钼锑抗比色法测定有效磷,采用火焰光度法测定速效钾,采用碱解扩散法测定碱解性氮。

1.5 土壤生物学性状分析

采用Hayano^[12]的方法测定β-葡萄糖苷酶活性;采用Ladd^[13]的方法测定氨肽酶活性;参照文献^[14]的方法测定磷酸酶活性。采用容量分析法^[15]测定样品中微生物生物量碳含量;采用茚三酮比色法^[16]测定样品中微生物生物量氮含量;采用磷钼蓝比色法^[17]测定样品微生物生物量磷含量。

1.6 数据统计分析

试验数据的统计分析使用Origin 2022和SPSS 26.0进行,采用邓肯氏新复极差检验法进行多重比较,并利用I-sanger云数据分析平台(由上海美吉生物医药科技有限公司提供)进行在线分析,细菌及真菌多样性以香农(Shannon)指数表示,细菌及真菌丰度以Ace和Chao1指数表示,计算Alpha多样性指数,采用R软件vegan包绘图进行土壤微生物群落结构分析。

2 结果与分析

2.1 伴生栽培对番茄植株根际土壤微生物生物量碳、氮、磷的影响

由图1可见,与番茄单作(处理F)相比,番茄伴生生菜(A)、苋菜(B)和薄荷(E)处理中,主栽番茄根际土壤微生物生物量碳显著高于单作,但番茄伴生菜心和葱与番茄单作之间无显著差异(图1 I)。可

见,主栽番茄植株根际土壤微生物生物量碳显著受伴生作物的种类影响。

同样地,与番茄单作相比,番茄伴生生菜、伴生葱和薄荷处理中,主栽番茄根际土壤中微生物生物量氮显著高于番茄单作,番茄伴生苋菜及伴生菜心栽培则与单作间无明显差异。结果表明,主栽番茄植株根际土壤中的微生物生物量氮含量同样显著受伴生作物种类的影响(图1Ⅱ)。

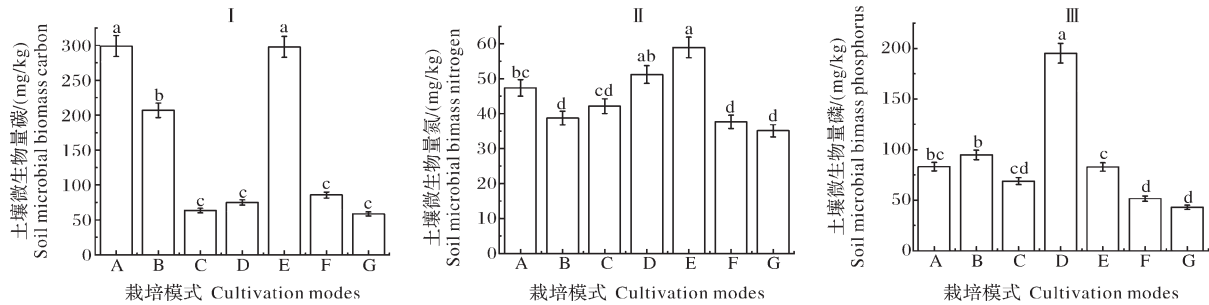
除番茄伴生菜心处理外,番茄伴生葱(D)、番茄伴生苋菜(B)、番茄伴生生菜(A)和番茄伴生薄荷(E)处理中,主栽番茄植株根际土壤微生物生物量磷均显著高于相应的番茄单作(图1Ⅲ)。

综上,与番茄单作处理相比,伴生不同作物均不同程度地提高了主栽番茄植株根际土壤微生物生物量碳、氮、磷;5种伴生作物中,以生菜、葱和

薄荷为番茄伴生作物的提升效果优于菜心和苋菜。

2.2 伴生栽培对番茄根际土壤酶活性的影响

由图2Ⅰ可知,伴生不同作物处理主栽番茄植株根际土壤 β -葡糖苷酶活性与番茄单作之间均无显著差异,且伴生不同作物处理之间亦无显著差异。与番茄单作相比,番茄伴生生菜和薄荷处理中,主栽番茄根际土壤中磷酸酶活性显著高于相应的番茄单作,但番茄伴生菜心处理则显著低于相应的番茄单作;此外,番茄伴生苋菜和葱处理与番茄单作之间无显著差异(图2Ⅱ);同样地,与番茄单作相比,伴生5种作物(生菜、苋菜、菜心、葱和薄荷)的伴生处理中,主栽番茄植株根际土壤,氨肽酶活性均显著高于相应的番茄单作;其中,提升效果以伴生生菜和菜心的效果为佳(图2Ⅲ)。



A: 番茄伴生菜; B: 番茄伴苋菜; C: 番茄伴菜心; D: 番茄伴葱; E: 番茄伴薄荷; F: 番茄单作; G: 空白; 柱子上不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P < 0.05$); 下同。A: Tomato associated cultivations with lettuce; B: Tomato associated cultivations with amaranths; C: Tomato associated cultivations with flowering cabbage; D: Tomato associated cultivations with green onions; E: Tomato associated cultivations with mint; F: Tomato monoculture; G: Blank. Different lowercase letters in the columns indicate significant differences among different treatments ($P < 0.05$). The same as follows.

图1 伴生栽培主栽番茄植株根际土壤微生物生物量的碳(Ⅰ)、氮(Ⅱ)、磷(Ⅲ)

Fig.1 Soil microbial biomass carbon (Ⅰ), nitrogen (Ⅱ) and phosphorus (Ⅲ) in rhizospheres of tomatoes in associated cultivations

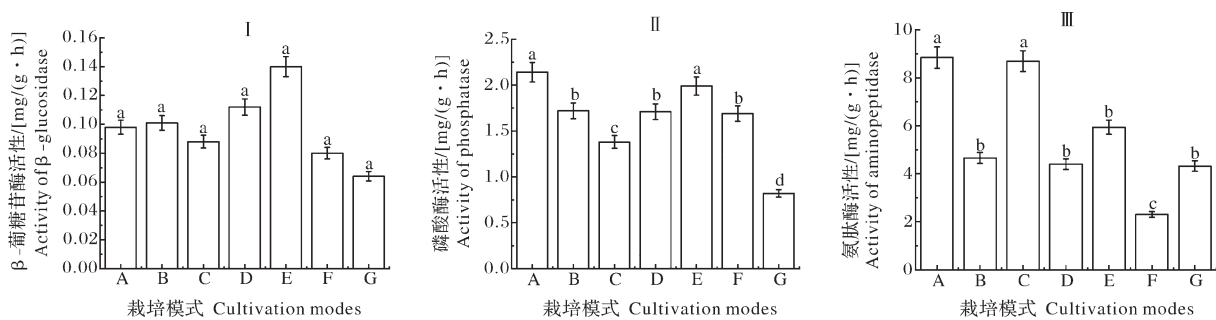


图2 伴生栽培主栽番茄植株根际土壤 β -葡糖苷酶(Ⅰ)、磷酸酶(Ⅱ)和氨肽酶(Ⅲ)活性

Fig.2 Soil β -glucosidase (Ⅰ), phosphatase (Ⅱ) and aminopeptidase (Ⅲ) activities in rhizospheres of tomatoes in associated cultivations

2.3 伴生栽培对主栽番茄植株根际土壤细菌多样性的影响

1) 伴生栽培对主栽番茄植株根际土壤细菌Al-

pha多样性的影响。由表1可知,本研究获取的覆盖率(coverage)均达98%,此次的测序结果能够客观反映出土壤细菌群落结构的多样性及丰富度。

表 1 伴生模式主栽番茄植株根际土壤细菌 Alpha 多样性
Table 1 Alpha diversity index of rhizosphere soil bacteria of tomato cultivations in associated mode

| 栽培模式 Cultivation modes | Ace 指数 Ace index | Chao1 指数 Chao1 index | 香农指数 Shannon index | 覆盖率 Coverage |
|------------------------------|-----------------------|----------------------------|--------------------------|-----------------|
| A | 2 708.12± 39.19a | 2 704.68± 28.25a | 6.19±0.05b | 0.98 |
| B | 2 295.84± 184.57bc | 2 306.62± 212.73c | 5.77±0.11e | 0.98 |
| C | 2 475.83± 49.66b | 2 453.69± 27.04bc | 6.12±0.01b | 0.98 |
| D | 2 421.44± 47.64b | 2 436.08± 52.48bc | 5.94±0.05cd | 0.98 |
| E | 2 218.22± 114.54c | 2 237.60± 153.72c | 5.85±0.07de | 0.98 |
| F | 2 460.60± 51.64b | 2 463.98± 121.97bc | 5.96±0.05c | 0.98 |
| G | 2 679.67± 103.93a | 2 655.00± 148.2ab | 6.32±0.02a | 0.98 |

注：同列不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P < 0.05$)。
Note: Different lowercase letters in the same columns indicate significant differences among different treatments ($P < 0.05$).

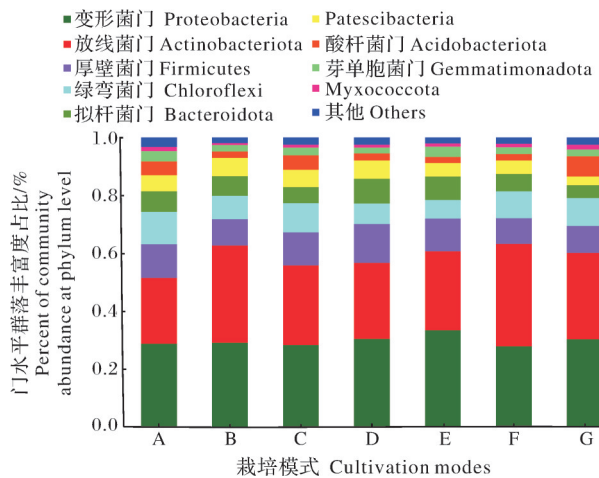


图 3 伴生栽培主栽番茄植株根际土壤优势细菌门分类水平占比

Fig.3 Proportion of soil dominant bacteria in rhizosphere of tomatoes in associated cultivations

与番茄单作相比,指示主栽番茄根际土壤细菌多样性的香农(Shannon)指数,除番茄伴生生菜和菜心处理显著高于相应的番茄单作外,番茄伴生葱处理与番茄单作之间无显著差异,且番茄伴生苋菜和薄荷处理则显著低于相应的番茄单作处理。指示细菌丰富度的 Ace 指数和 Chao1 指数,除伴生生菜处理显著高于相应的番茄单作外,其余伴生处理与番茄单作之间无显著差异,或显著低于番茄单作。结果表明:番茄伴生栽培均改变了主栽番茄植株根际土

壤细菌的多样性和丰富度,但改变效果依伴生作物的种类而异。

2)不同伴生栽培模式下主栽番茄植株根际土壤细菌门分类水平。伴生与番茄单作模式下,主栽番茄植株根际土壤中优势细菌门类(丰度占比大于 1%)有:变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、厚壁菌门(Firmicutes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidota)、Patescibacteria、酸杆菌门(Acidobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)和 Myxococcota(图 3)。番茄伴生不同作物虽然没有改变番茄植株根际土壤中优势细菌门类组成,但改变了优势细菌门类的丰度占比。

3)不同伴生栽培模式下主栽番茄植株根际土壤细菌属分类水平。番茄伴生生菜、苋菜、菜心、葱、薄荷以及单作处理番茄根际土壤及空白对照中,优势细菌属(丰度占比大于 1%)分别有 25、22、25、26、26、23 和 22 个(图 4)。德沃斯氏菌属(*Devosia*)、糖单孢菌属(*Saccharomonospora*)、TM7a 和马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)细菌是伴生不同作物以及番茄单作共有且丰度占比前 10 的优势细菌属。与番茄单作(F)相比,norank f *Microscillaceae* 是番茄伴生生菜(A)、葱(D)和薄荷(E)处理中丰度占比前十的特有优势细菌属;norank f norank o *Vicinamibacterales* 是番茄伴生生菜(A)和菜心(C)处理中丰度占比前 10 的特有优势细菌属;芽孢杆菌属(*Bacillus*)细菌是番茄伴生生菜(A)、菜心(C)、葱(D)和薄荷(E)处理中,丰度占比前 10 的特有优势细菌属;norank f *Gemmatimonadaceae* 是番茄伴生生菜(A)和薄荷(E)处理中,丰度占比前 10 的特有优势细菌属;交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*)细菌是番茄伴生生菜(A)、苋菜(B)、菜心(C)和葱(D)处理中,丰度占比前 10 的特有优势细菌属。结果表明:与番茄单作相比,番茄伴生不同作物不仅改变了主栽番茄植株根际土壤细菌属分类水平组成,而且改变了主栽番茄根际土壤中优势细菌属分类水平的丰度占比。

2.4 伴生栽培对主栽番茄植株根际土壤真菌多样性的影响

1)伴生栽培对主栽番茄植株根际土壤真菌 Alpha 多样性的影响。由表 2 可知,与番茄单作(F)相比,除番茄伴生生菜(A)、苋菜(B)和葱(D)处理外,其余伴生处理番茄植株根际土壤中,真菌 Shannon 指数均显著低于番茄单作(F)处理。另一方面,指示土壤真菌丰富度的 Ace 和 Chao1 指数在伴生不同作物

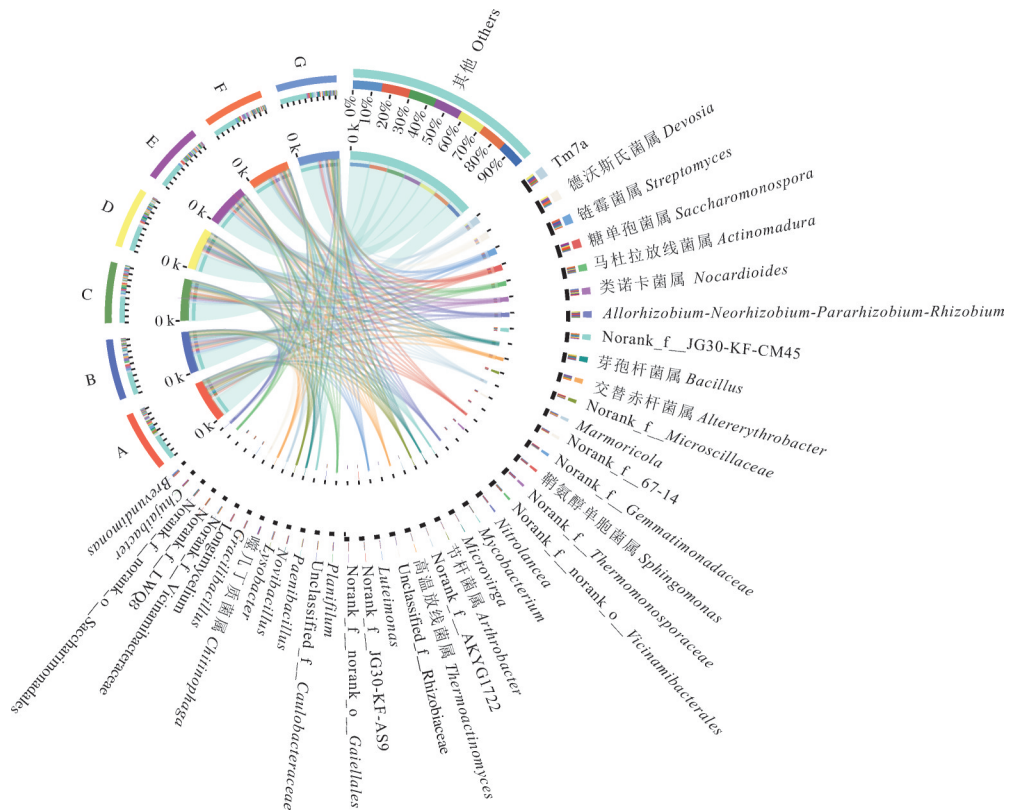


图4 伴生栽培主栽番茄植株根际土壤优势细菌属分类水平占比

Fig.4 Proportion of soil dominant bacterial genera in rhizospheres of tomatoes in associated cultivations

表2 不同伴生栽培模式下主栽番茄植株根际土壤真菌 Alpha 多样性

Table 2 Alpha diversity of soil fungi in rhizospheres of tomatoes associated cultivation with different crops

| 栽培模式 Cultivation modes | Ace 指数 Ace index | Chao1 指数 Chao1 index | 香农指数 Shannon index | 覆盖率 Coverage |
|---------------------------|---------------------|-------------------------|-----------------------|-----------------|
| A | 400.8±14.89a | 391.3±27.87a | 2.110±0.006a | 0.998 |
| B | 340.2±29.25a | 333.97±31.87a | 2.840±0.13a | 0.999 |
| C | 345.1±18.30a | 348.1±27.62a | 2.110±0.18c | 0.999 |
| D | 358.4±38.48a | 337.5±33.49a | 2.670±0.24ab | 0.999 |
| E | 355.4±92.97a | 346.3±80.29a | 2.640±0.08b | 0.999 |
| F | 393.3±7.75a | 378.0±35.86a | 2.760±0.20a | 0.999 |
| G | 339.6±29.26a | 334.5±24.57a | 2.010±0.07c | 0.999 |

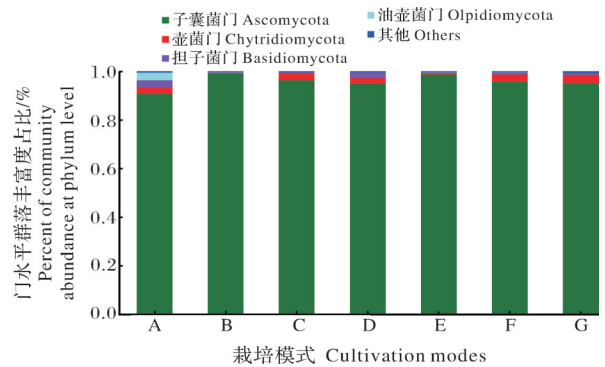


图5 不同伴生栽培模式下主栽番茄植株根际土壤优势真菌门分类丰度占比

Fig.5 Proportion of soil dominant fungi in rhizospheres of tomatoes in associated cultivations

与番茄单作处理之间没有显著差异。这一结果表明,番茄伴生不同作物虽然改变了主栽番茄植株根际土壤真菌多样性,但改变程度依作物的种类而异;同时,伴生5种作物对主栽番茄根际土壤真菌的丰富度没有影响。

2)不同伴生栽培模式下主栽番茄植株根际土壤真菌门分类水平。伴生生菜、苋菜、菜心、葱、薄荷,

养分转换和循环的重要参数^[21]。徐伟慧等^[22]发现小麦伴生栽培西瓜能有效提高西瓜根际土壤中微生物生物量碳、氮、磷。本研究中,与番茄单作相比,伴生栽培对番茄植株根际土壤微生物生物量具有显著影响。而在不同的伴生组合中,以伴生栽培生菜、苋菜、薄荷效果最明显。另一方面,土壤酶参与土壤中有机和营养物质和营养元素的循环,能够评价土壤肥力及土壤健康状况^[23]。与番茄单作处理相比,伴生生菜和薄荷栽培可显著提高主栽番茄根际土壤中磷酸酶和氨肽酶活性;伴生苋菜栽培则显著提高氨肽酶活性;伴生葱显著提高氨肽酶和磷酸酶活性。倪栋等^[24]发现,大葱伴生甜瓜栽培,可有效提高甜瓜植株根际土壤酶活性,提高土壤酶活性可以改善土壤环境,促进养分转化,从而促进作物对养分的吸收。

3.2 伴生栽培对番茄植株根际微生物群落结构的影响

土壤中微生物多样性对土壤质量和健康至关重要,根际微生物对无机质转化、土壤肥力及分解有机物质等具有重要作用^[25]。本研究结果表明,伴生不同作物改变了主栽番茄植株根际土壤中细菌的多样性和丰富度,同时改变了根际土壤中细菌群落组成。与番茄单作(F)相比, norank_ *Chaetomiaceae*、unclassified_p_ *Chytridiomycota* 和 f_ *Chaetomiaceae*、unclassified_p_ *Chytridiomycota* 和 *Microscillaceae*、norank_f_ *Chaetomiaceae*、unclassified_p_ *Chytridiomycota* 和 norank_o *Vicinamibacterales*、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、norank_f_ *Chaetomiaceae*、unclassified_p_ *Chytridiomycota* 和 *Gemmatimonadaceae*、交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*)细菌是番茄伴生不同作物中丰度占比前10的特有优势细菌属。李春霞^[26]发现伴生栽培还能改变土壤中微生物种类及群落结构,丰富微生物多样性,本试验得到了类似结果。由于芽孢杆菌属细菌在固氮、溶磷以及促生方面都具有重要作用,保障了番茄植株根际微环境中的养分供应。本研究中除了伴生苋菜外,番茄伴生菜心、生菜、葱和薄荷均有利于富集芽孢杆菌属细菌,有助于番茄植株吸收养分和提高生防能力。

土壤真菌是土壤环境的分解者,可以有效降解土壤有机质和促进土壤养分循环^[27]。本研究中伴生菜和菜心处理,主栽番茄根际土壤中真菌 Shannon 指数显著高于番茄单作处理;伴生生菜的 Ace 指数和 Chao1 指数显著高于相应的番茄单作。伴生栽培模式均不同程度地改变了主栽番茄植株根际土壤真菌

多样性和丰富度,但效果依伴生植物的种类而变化。此外,伴生处理亦改变主栽番茄根际土壤中真菌门分类水平组成。其中,番茄伴生菜、菜心、葱和薄荷处理富集了壶菌门、担子菌门和油壶菌门真菌。

与番茄单作相比,番茄伴生菜处理富集了 unclassified_o *Sordariales*、油壶菌属和锥盖伞属等特有真菌属;伴生苋菜处理中富集了 *Phialemonium*、unclassified_o *Pleosporales* 和蓝状菌属等特有真菌属;伴生葱处理富集了 unclassified_o *Boletales* 和 *Sodomyces* 属等优势真菌属;毛壳菌属真菌在番茄伴生菜(A)、菜心(C)、葱(D)和薄荷(E)处理中,丰度占比高达39%以上。番茄伴生菜、菜心、葱和薄荷富集的毛壳菌属真菌有助于提高番茄植株吸收养分的能力。

综上,与番茄单作相比,番茄伴生不同作物不仅具有提高番茄根际土壤肥力的效果,而且改变了主栽番茄根际土壤细菌和真菌群落组成,富集更多的有益微生物,生菜、苋菜、菜心、葱以及薄荷5种植物中,生菜和薄荷更适宜作为番茄的伴生植物。

参考文献 References

- [1] 马灿,王明友. 设施番茄连作对土壤理化性状、微生物数量及病虫害的影响[J]. 吉林农业科学, 2014, 39(4): 22-25. MA C, WANG M Y. Effects of continuous cropping of tomato on soil characteristics, microorganism, diseases and pests[J]. Journal of Jilin agricultural sciences, 2014, 39(4): 22-25 (in Chinese with English abstract).
- [2] 李蒙,张梦媛,龚守富,等. 生物有机肥添加量对番茄幼苗生长的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2021(5): 119-125. LI M, ZHANG M Y, GONG S F, et al. Effects of bio-organic fertilizer addition on growth of tomato seedlings[J]. Soil and fertilizer sciences in China, 2021(5): 119-125 (in Chinese with English abstract).
- [3] 刘学才,陈玲,李胜奇,等. 施蚯蚓粪对日光温室土壤及番茄产量与品质的影响[J]. 应用生态学报, 2021, 32(2): 549-556. LIU X C, CHEN L, LI S Q, et al. Effects of vermicompost fertilization on soil, tomato yield and quality in greenhouse[J]. Chinese journal of applied ecology, 2021, 32(2): 549-556 (in Chinese with English abstract).
- [4] 孙文浩,余叔文. 相生相克效应及其应用[J]. 植物生理学通讯, 1992, 28(2): 81-87. SUN W H, YU S W. Allelopathy and its potential application[J]. Plant physiology communications, 1992, 28(2): 81-87 (in Chinese with English abstract).
- [5] ZHANG M M, WANG N, ZHANG J Y, et al. Soil physico-chemical properties and the rhizosphere soil fungal community in a mulberry (*Morus alba* L.)/alfalfa (*Medicago sativa* L.) intercropping system[J/OL]. Forests, 2019, 10(2): 167[2022-07-10]. <https://doi.org/10.3390/f10020167>.

- [6] 付彦祥,李乃荟,刘佳遥,等.伴生分蘖洋葱对番茄根际微生物群落结构的影响[J].中国蔬菜,2020(6):49-57.FU Y X, LI N H, LIU J Y, et al.Effects of concomitant tillering onion on microbial community structure in tomato rhizosphere soil [J].China vegetables, 2020(6):49-57 (in Chinese with English abstract).
- [7] 孙彩菊,程智慧,孟焕文,等.大棚番茄连续套蒜第3年作物生产和土壤养分分析[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2014,42(12):102-110.SUN C J, CHENG Z H, MENG H W, et al.Analysis of crop production and soil nutrients after three years tomato/garlic continuous intercropping under plastic tunnel[J].Journal of Northwest A & F University (natural science edition), 2014,42(12):102-110 (in Chinese with English abstract).
- [8] 杨瑞娟,王腾飞,周希,等.禾本科作物伴生对番茄根区土壤酶活性、微生物及根结线虫的影响[J].中国蔬菜,2017(3):38-42.YANG R J, WANG T F, ZHOU X, et al.Effects of companion cereal crops on soil enzyme activities, microorganism and root knot nematodes of tomato rhizosphere[J].China vegetables, 2017(3):38-42 (in Chinese with English abstract).
- [9] 张晓梅,李江.不同伴生栽培对黄瓜植物学性状及产量品质的影响[J].青海大学学报,2019,37(2):42-46.ZHANG X M, LI J. Influence of different companion planting on characters and quality of cucumber[J].Journal of Qinghai University, 2019,37(2):42-46 (in Chinese with English abstract).
- [10] 庞师婵,王帅帅,张文静,等.氮肥/花生饼肥配施对番茄根际土壤及根系内生细菌群落结构的影响[J].华中农业大学学报,2021,40(3):141-151.PANG S C, WANG S S, ZHANG W J, et al. Effects of nitrogen / peanut residue compost on rhizosphere soil and endophytic bacterial community structure in root system of tomato[J].Journal of Huazhong Agricultural University, 2021,40(3):141-151 (in Chinese with English abstract).
- [11] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,2000.BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis [M].3rd ed.Beijing:China Agriculture Press,2000(in Chinese).
- [12] HAYANO K.A method for the determination of β -glucosidase activity in soil [J].Soil science and plant nutrition, 1973, 19(2):103-108.
- [13] LADD J N. Properties of proteolytic enzymes extracted from soil[J].Soil biology and biochemistry, 1972,4(2):227-237.
- [14] TABATABAI M A, BREMNER J M. Use of p-nitrophenyl phosphate for assay of soil phosphatase activity [J]. Soil biology and biochemistry, 1969, 1(4):301-307.
- [15] POWLSON D S, PROOKES P C, CHRISTENSEN B T. Measurement of soil microbial biomass provides an early indication of changes in total soil organic matter due to straw incorporation[J].Soil biology and biochemistry,1987,19(2):159-164.
- [16] JOERGENSEN R G, BROOK P C. Ninhydrin-reactive nitrogen measurements of microbial biomass in 0.5 m K_2SO_4 soil extracts[J].Soil biology and biochemistry, 1990,22(8):1023-1027.
- [17] 吴金水,肖和艾,陈桂秋,等.旱地土壤微生物磷测定方法研究[J].土壤学报,2003,40(1):70-78.WU J S, XIAO H A, CHEN G Q, et al.Measurement of microbial biomass-p in upland soils in China[J].Acta pedologica sinica, 2003,40(1):70-78 (in Chinese with English abstract).
- [18] 汪亚芳,刘宗悦,张宝刚,等.入侵毛竹皆伐对亚热带森林土壤微生物生物量和酶活性的影响[J].应用生态学报,2022,33(5):1233-1239.WANG Y F, LIU Z Y, ZHANG B G, et al. Effects of the removal of invasive Moso bamboo on soil microbial biomass and enzyme activities in subtropical forests [J]. Chinese journal of applied ecology, 2022, 33(5):1233-1239 (in Chinese with English abstract).
- [19] 苟小梅,张瑞平,张宇羽,等.苗床添加微生物肥料对植烟根际土壤微生物量碳氮的影响[J].四川农业大学学报,2019,37(3):338-342,351.GOU X M, ZHANG R P, ZHANG Y Y, et al.Effect of microbial fertilizers added into seedbed on microbial biomass carbon and nitrogen in rhizosphere of tobacco soil [J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2019, 37(3):338-342,351 (in Chinese with English abstract).
- [20] 刘放,吴明辉,魏培洁,等.疏勒河源高寒草甸土壤微生物生物量碳氮变化特征[J].生态学报,2020,40(18):6416-6426.LIU F, WU M H, WEI P J, et al. Variations of soil microbial biomass carbon and nitrogen in alpine meadow of the Shule River headwater region [J]. Acta ecologica sinica, 2020, 40(18):6416-6426 (in Chinese with English abstract).
- [21] 刘恩科,梅旭荣,赵秉强,等.长期不同施肥制度对土壤微生物生物量碳、氮、磷的影响[J].中国农业大学学报,2009,14(3):63-68.LIU E K, MEI X R, ZHAO B Q, et al. Long-term effects of different fertilizer management on microbial biomass C, N and P in a Fluvo-aquic soil [J]. Journal of China Agricultural University, 2009,14(3):63-68 (in Chinese with English abstract).
- [22] 徐伟慧,吴凤芝.西瓜根际土壤酶及微生物对小麦伴生的响应[J].浙江农业学报,2016,28(9):1588-1594.XU W H, WU F Z. Response of soil enzymes activities and microorganism in rhizosphere of watermelon to wheat as companion crop [J]. Acta agriculturae Zhejiangensis, 2016, 28(9):1588-1594 (in Chinese with English abstract).
- [23] 覃仁柳,林刚云,吴银秀,等.桑树青枯病与根际土壤肥力及微生物群落结构特征的研究[J].中国生物防治学报,2021,37(6):1256-1264.QIN R L, LIN G Y, WU Y X, et al.Characteristic of soil fertility and microbial community structure in rhizosphere of bacterial wilt infected and non-infected mulberry plants [J]. Chinese journal of biological control, 2021, 37(6):1256-1264 (in Chinese with English abstract).
- [24] 倪栋,陈应素,李爽,等.大葱伴生甜瓜栽培对根际土壤酶活性和细菌群落的影响[J].核农学报,2022,36(1):201-209.NI D, CHEN Y S, LI S, et al.Effects of companion planting of melon with onion on enzyme activities and bacterial community in

- rhizosphere soil [J]. Journal of nuclear agricultural sciences, 2022, 36(1): 201-209 (in Chinese with English abstract).
- [25] 刘训理, 王超, 吴凡, 等. 烟草根际微生物研究[J]. 生态学报, 2006, 26(2): 552-557. LIU X L, WANG C, WU F, et al. Studies on tobacco rhizosphere microbes [J]. Acta ecologica sinica, 2006, 26(2): 552-557 (in Chinese with English abstract).
- [26] 李春霞. 伴生小麦对西瓜枯萎病抗性调控的机理研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2019. LI C X. The mechanism of enhancement the suppression of *Fusarium* wilt in watermelon by wheat as companion crop [D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [27] WANG Z, CHEN Q, LIU L, et al. Responses of soil fungi to 5-year conservation tillage treatments in the drylands of Northern China [J]. Applied soil ecology, 2016, 101: 132-140.

Effects of associated cultivation on soil fertility and microbial diversity in rhizospheres soil of main tomato

YANG Da¹, PANG Shichan², LI Zujian¹, SONG Jingjing³, YANG Shangdong¹

1. College of Agriculture/National Experimental Teaching

Demonstration Center of Plant Science, Guangxi University, Nanning 530004, China;

2. Guangxi South Subtropical Agricultural Science Research Institute, Chongzuo 532415, China;

3. Guangxi Key Laboratory of Beibu Gulf Marine Biodiversity Conservation / College of Marine Sciences, Beibu Gulf University, Qinzhou 535011, China

Abstract The associated cultivation modes of tomato and lettuce, amaranth, cabbage, mint and onion were set up. The effects of different associated crops on the fertility of the rhizosphere soil and the diversity of bacteria and fungi of the main tomato were analyzed based on high-throughput sequencing technology to study the mechanism of the effects of different associated crops on the fertility and health of the rhizosphere soil of the main tomato, and provide theoretical basis and technical support for constructing the ecological cultivation model of tomato. The results showed that the associated cultivation with four associated crops except of cabbage significantly increased the activity of soil enzymes including aminopeptidases and phosphatase, and microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus in the rhizosphere soil of the main tomato plant. Although the associated cultivation did not enrich the microbial diversities in the rhizosphere soil of the main tomato plant, it changed the microbial abundance ratio in the rhizosphere soil of the main tomato plant. At phylum level, the associated cultivation increased the abundance ratio of Proteobacteria, Firmicutes and Patescibacteria bacteria. At genus level, norank f. *Microscillaceae*, norank_f. norank. o. *Vicinamibacterales*, *Bacillus*, norank.f. *Gemmatimonadaceae*, and *Altererythrobacter* were the top ten unique dominant bacteria in rhizospheres of tomatoes associated with different crops. In addition, the associated cultivation changed the diversity and abundance of fungi in the rhizosphere soil of the main tomato plants to varying degrees, and enriched the dominant fungi of the phylum Chlamydomonas, Basidiomycetes, and Phyllomycetes. At the same time, it enriched the dominant fungi including unclassified o *Sordariales*, *Olpidium*, and *Conoxybe*, *Phallemonium*, unclassified o *Pleosporales*, unclassified o *Boletales*, and *Sodionmyces*, and increased the abundance ratio of *Chaetomium* as well. It is indicated that the associated cultivation of lettuce, amaranth, mint and onion in tomato contributes to improve the fertility of tomato rhizosphere soil and maintain the health of rhizosphere microenvironment soil in varying degrees. Among them, the effect of associated cultivation of lettuce and mint on improving soil fertility and maintaining soil health is better than that of corresponding cabbage, amaranth and onion.

Keywords tomato (*Solanum lycopersicum* L.); associated cultivation; rhizosphere; soil fertility; microbial diversity

(责任编辑:张志钰)