

魏宇飞,覃仁柳,丁点草,等.不同生育期番茄植株根际土壤微生物群落结构特征[J].华中农业大学学报,2024,43(1):9-21.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2024.01.002

不同生育期番茄植株根际土壤微生物群落结构特征

魏宇飞¹,覃仁柳¹,丁点草¹,黎永斌¹,
谢源源¹,屈达才¹,赵天义²,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. 广西钦州市农业技术推广中心,钦州 535099

摘要 为构建番茄生态优质高产栽培技术体系及挖掘有益的微生物资源,比较了不同生育期番茄植株根际土壤肥力以及微生物群落结构与功能特征。基于传统与现代高通量测序技术分析番茄幼苗期、花芽分化期、结果期根际土壤肥力与微生物(细菌、真菌)群落结构与功能特征。结果显示,番茄结果期根际土壤中具有更为丰富的碳、氮、磷源;另一方面,不同生育期番茄根际土壤微生物群落结构和功能发生显著变化。其中, norank_f_norank_o_norank_c_KD4-96, norank_f_A4b 和 *Bryobacter* 属细菌是幼苗期番茄植株根际土壤中特有的优势细菌属;TM7a 和 *Saccharomonospora* 属细菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中特有的优势细菌属; *Gemmamimonas* 属细菌是结果期番茄植株根际土壤中特有的优势细菌属;此外,鲍尔壶菌属(*Powellomyces*)真菌是幼苗期番茄植株根际土壤中特有的优势真菌属; *Apotrichum* 和 unclassified_f_Cytridiaceae 真菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中特有的优势真菌属;链格孢属(*Alternaria*)真菌是结果期番茄植株根际土壤中特有的优势真菌属。结果表明:不同生育期番茄植株根际土壤中形成了特异的根际土壤微生物群落,幼苗期根际土壤中主要富集了可以产生生长激素的微生物类群;花芽分化期根际土壤中主要富集了具有抗逆功能的微生物类群;结果期根际土壤中主要富集了具有促进养分循环功能的微生物类群。

关键词 番茄;生育期;根际;微生物群落;高通量测序

中图分类号 S641.2 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2024)01-0009-13

番茄(*Solanum lycopersicum* L.)是茄科番茄属1年生或多年生草本植物,因其果实风味独特、营养丰富,已在全球范围内广泛种植,我国已经成为全世界产量最高的番茄生产国。番茄及其根系生长代谢活动可以改变土壤理化性质,影响番茄及其根系的生长代谢,共同调控根际土壤微生物群落结构和丰度的变化^[1]。根际是植物与土壤生态系统之间发生交互作用的微区域,是植物发生物质代谢与能量转化最重要的参与者之一,根际土壤微生物是根际微生物生态的重要组成部分,亦是土壤质量表征的重要指标^[2]。微生物不仅参与植物相互作用进程,影响植物的生长发育状态,而且参与土壤营养物质循环和能量流动^[3]。根际土壤微生物群落组成亦受到植物种类、生长状态以及生育期的动态调节,植物生长发育和植物养分吸收都与根际真菌群落组成密切相

关^[4]。植物也可以通过细菌之间建立的共生相互作用来延缓衰老,它们相互作用形成根瘤,产生细胞分裂素、脱落酸调控植物生长^[5]。此外,根际土壤微生物可以通过分泌植物生长激素、脱落酸等直接刺激植物生长^[6]。同一植物在不同生育期时根际微生物结构也会发生变化,如:大豆根际土壤细菌丰富度和群落多样性在不同生育期发生显著变化,成熟期土壤中的细菌丰富度和多样性指数均明显高于苗期^[7]。栀子各生育期土壤细菌多样性呈先升高后降低的趋势,其中果实膨大期细菌群落多样性最为丰富;花蕾期栀子根际土壤真菌群落多样性最高,根际土壤中特有的真菌群落种类最多,随着生育期的推进,物种丰富度和多样性均逐渐降低^[8]。猕猴桃苗在不同生长时期根际土壤真菌群落结构不同,速生期根际真菌群最丰富,生长后期最少^[9]。

收稿日期:2023-06-08

基金项目:国家自然科学基金项目(31860547);广西重点研发计划项目(桂科AB23026076)

魏宇飞,E-mail:1292943086@qq.com

通信作者:杨尚东,E-mail:ysd706@gxu.edu.cn

由于番茄在不同生育期内对营养物质的积累与转化不同,因此,探究番茄不同生育期根际土壤微生物变化特征有助于挖掘有益微生物资源。目前尚未见对于不同生育期番茄土壤及根际微生物群落组成的研究报道,本研究通过测定不同生育期番茄根际土壤生物学性状以及番茄根际土壤细菌真菌群落结构组成,解析番茄在不同生育期根际土壤微生物群落变化特征,旨在为筛选具有延缓番茄植株衰老、提高番茄产量和品质的有益功能微生物,构建番茄生态优质高产栽培技术体系提供理论依据和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验概况

试验番茄品种为中研868(购自南宁市蔬菜种子市场),在广西大学农学院蔬菜基地($108^{\circ}17'25''E$, $22^{\circ}51'02''N$)进行试验。采用盆栽(盆高35 cm、直径50 cm)方式进行种植。盆中装入土壤约20 kg,土壤类型为赤红壤;各处理田间管理措施(如施肥和灌溉等)均相同。

土壤理化性状如下:pH 5.71,有机质含量8.42 g/kg,全氮含量0.51 g/kg,全磷含量0.67 g/kg,全钾含量7.21 g/kg;速效磷含量0.59 mg/kg,速效钾含量51.01 mg/kg,碱解氮含量13.17 mg/kg。

1.2 样品采集

分别于2021年9月10日、10月10日、11月10播种、育苗,每盆种植1株番茄,每个生育期15盆。于2021年12月20日同时采集番茄幼苗期(播种后30 d)、花芽分化期(播种后60 d)、结果期(播种后91 d)根际土壤样品。每个处理随机选取5株长势一致的

番茄植株,以植株为中心,用消毒铁铲松半径约25 cm的圆圈土层后,然后手握植株茎基部,拔取整个番茄植株。采用抖根法^[10]抖掉非根际土壤,采集附着在番茄植株根系上的土壤,作为根际土壤样品装入编好号的无菌自封袋中;除去根际土壤样品中的杂质,过孔径0.25 mm筛;并将样品分为2份,一份用于测定根际土壤生物学性状,4℃冰箱保存;另一份用于根际土壤微生物多样性分析,−80℃冰箱保存备用。

1.3 微生物测序

根际土壤样品总DNA提取、PCR扩增和序列测定均由上海美吉生物医药科技有限公司完成。使用Miseq平台进行高通量测序。

根据FastDNA[®] Spin Kit for Soil试剂盒(MP Biomedicals,美国)说明书进行总DNA抽提,DNA浓度和纯度使用NanoDrop2000分光光度计(Thermo Fisher Scientific,美国)检测。在ABI GeneAmp[®]9700上进行PCR扩增,具体引物和测序类型见表1。

Illumina Miseq测序:利用AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA)将同一样本的PCR产物进行回收产物纯化,混合后使用2%琼脂糖凝胶进行回收检测,并用QuantusTM Fluorometer (Promega,美国)对回收产物进行检测定量。使用NEXTFLEX[®] Rapid DNA-Seq Kit进行建库。

利用Illumina公司的MiseqPE250平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。原始数据上传至NCBI数据库中进行比对。

表1 测序类型与引物序列名称

Table 1 Sequencing types and primer sequences

引物名称 Primer name	引物类型 Primer type	引物序列 Primer sequence (5'→3')	测序平台 Sequencing platform	序列长度/bp Sequencing length
338F	土壤细菌 16S rRNA	ACTCCTACGGGAGGCAGCAG		
806R	Soil bacteria	GGACTTACHVGGGTWTCTAA	MiSeqPE250	416
ITS1F	土壤真菌 ITS	CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA		
ITS2R	Soil fungi	GCTGCGTTCTCATCGATGC	MiSeqPE300	242

1.4 土壤生物学性状分析

土壤 β -葡萄糖苷酶活性测定参照文献[11]、土壤氨肽酶活性测定参照文献[12]、土壤磷酸酶活性测定参照文献[13]的方法进行。土壤微生物生物量碳、氮、磷采用氯仿熏蒸浸提法进行处理,微生物生

物量碳测定采用容量分析法、微生物生物量氮测定采用茚三酮比色法、微生物生物量磷采用磷钼蓝比色法^[14]。

1.5 统计分析

试验数据采用Excel 2019和IBM SPSS Statisti-

tics 21统计分析,利用上海美吉生物医药科技有限公司的I-sanger云数据分析平台进行在线数据分析。

2 结果与分析

2.1 不同生育期番茄植株根际土壤酶活性

由表2可见,结果期番茄植株根际土壤中 β -葡萄糖苷酶、氨肽酶和磷酸酶活性显著高于花芽分化期和幼苗期;此外,在花芽分化期中 β -葡萄糖苷酶活性显著高于幼苗期;表明除了涉及土壤氮循环的氨肽酶活性外,不同生育期番茄植株根际土壤中涉及土壤碳、磷循环的 β -葡萄糖苷酶和磷酸酶活性均以结果期为最高。

2.2 不同生育期番茄植株根际土壤微生物生物量

由表3可知,结果期番茄根际土壤微生物生物量碳、氮和磷显著高于花芽分化期,但结果期微生物生物量氮和磷与幼苗期之间不存在显著差异。

2.3 不同生育期番茄植株根际土壤细菌多样性分析

由图1A、B、C可知,番茄幼苗期、花芽分化期、结果期植株根际土壤中指示细菌多样性的Shannon指数,以及指示细菌丰富度的Ace和Chao指数均不存在显著差异。

基于OTU水平的细菌PCoA分析结果显示,

表2 不同生育期番茄植株根际土壤碳、氮、磷循环相关酶活性

Table 2 The activities of soil enzymes related to carbon, nitrogen and phosphorus cycling in rhizospheres of tomatoes at different growth stages

生育期 Growth stage	nmol/(g•min)		
	β -葡萄糖苷酶 β -glucosidase	磷酸酶 Phosphatase	氨肽酶 Aminopeptidase
幼苗期 Seedling stage	1.11±0.32c	1.97±1.10b	9.62±1.37a
花芽分化期 Flower bud differentiation stage	1.63±0.12b	1.55±0.19b	9.89±2.42a
结果期 Fruiting stage	2.08±0.12a	3.69±0.40a	10.21±2.81a

注:表中数据为平均值±标准差。同列字母不同表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。Note: Data in the table are means ± SD. Different letters in the same column mean significant difference between each treatment at $P<0.05$. The same as below.

PC1轴和PC2轴的解释度分别为46.03%和21.6%;表明番茄幼苗期、花芽分化期和结果期植株根际土壤细菌群落结构存在显著差异($P<0.05$),物种组成结构相似度低(图1D);另一方面,PLS-DA结果显示,番茄幼苗期、花芽分化期和结果期植株根际土壤中细菌群落可分为3个差异明显的类群(图1E)。表明番茄植株根际土壤细菌群落组成随着植株的生长发生显著变化。

表3 不同生育期番茄植株根际土壤微生物生物量C、N、P

Table 3 Soil microbial biomass C, N, P in rhizospheres of tomatoes at different growth stages

生育期 Growth stage	微生物生物量碳 Microbial biomass C	微生物生物量氮 Microbial biomass N	微生物生物量磷 Microbial biomass P	mg/kg
幼苗期 Seedling stage	198.41±5.29b	116.24±17.08a	235.84±101.76a	
花芽分化期 Flower bud differentiation stage	63.21±10.06c	79.65±16.43b	19.67±12.34c	
结果期 Fruiting stage	280.39±49.69a	89.44±7.02ab	195.53±49.41ab	

2.4 不同生育期番茄植株根际土壤细菌Venn分析

在属分类水平上,不同生育期番茄植株根际土壤中,共有优势细菌属的数量为671个。幼苗期、花芽分化期、结果期番茄植株根际土壤中特有的优势细菌分别有44、22、38个(图2A)。

OTU分类水平上,不同生育期番茄植株根际土壤中,共有优势细菌OTU数量为2 776个;幼苗期、花芽分化期、结果期特有的优势细菌数分别有480、139、242个(图2B)。

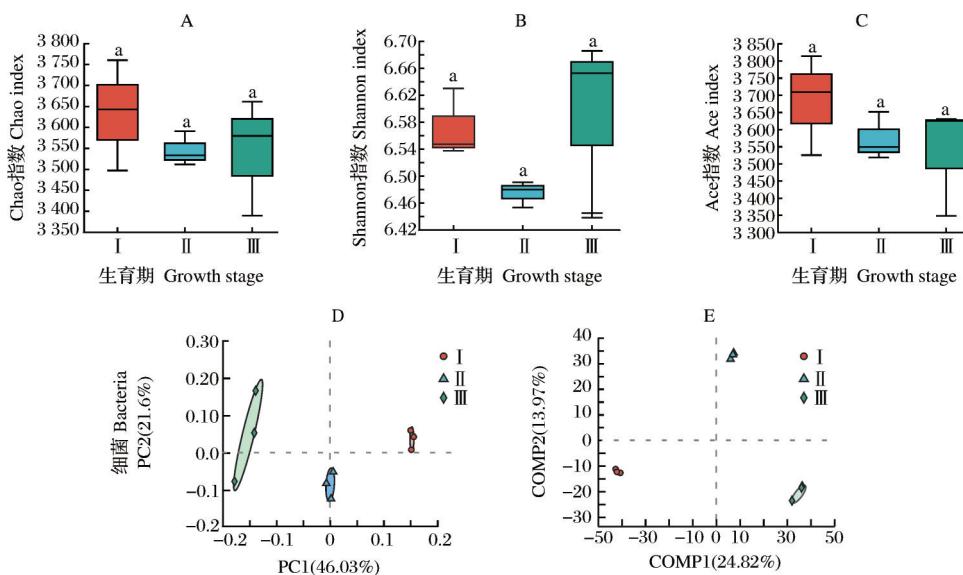
上述结果表明,无论是属或OTU分类水平,均以幼苗期番茄根际土壤中特有的优势细菌数量为最

高,其次分别为结果期和花芽分化期。

2.5 不同生育期番茄植株根际土壤细菌群落结构特征

1)门分类水平。由图3A可知,不同生育期番茄植株根际土壤中,相对丰度占比大于1%的共有的优势细菌门类数量有9个,分别为酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、黏菌门(Myxococcota)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteriota)、Patescibacteria和绿弯菌门(Chloroflexi)。

幼苗期番茄植株根际土壤中,优势细菌门相对



I. 幼苗期 Seedling stage; II. 花芽分化期 Flower bud differentiation stage; III. 结果期 Fruiting stage. 下同 The same as follows.

图1 不同生育期番茄植株根际土壤细菌OTU水平的Chao指数(A)、Shannon指数(B)、Ace指数(C)、PCoA(D)和PLS-DA(E)分析

Fig. 1 The Chao index (A), the Shannon index (B), Ace index (C), PCoA (D) and PLS-DA (E) analyses of soil bacteria in rhizospheres under different growth stages at OTU level

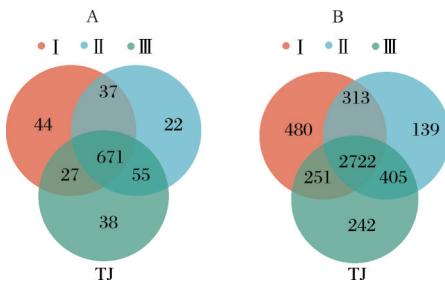


图2 不同生育期番茄植株根际土壤细菌属(A)和OTU(B)分类水平Venn图

Fig. 2 Venn diagram of soil bacteria in rhizospheres of tomatoes under different growth stages at genus (A) and OTU (B) levels

丰度占比大小顺序依次为:变形菌门(Proteobacteria, 33.92%)、放线菌门(Actinobacteriota, 22.60%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 14.88%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 11.89%)、拟杆菌门(Bacteroidota, 4.41%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota, 3.19%)、厚壁菌门(Firmicutes, 2.12%)、Patescibacteria(1.44%)、黏菌门(Myxococcota, 1.00%)和其他(others, 4.59%)。

花芽分化期番茄植株根际土壤中,优势细菌门相对丰度占比大小顺序依次为:变形菌门(Proteobacteria, 36.07%)、放线菌门(Actinobacteriota, 22.75%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 10.25%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 9.08%)、拟杆菌门(Bacteroidota, 6.30%)、芽

单胞菌门(Gemmatimonadota, 3.73%)、厚壁菌门(Firmicutes, 3.19%)、Patescibacteria(2.96%)、黏菌门(Myxococcota, 1.02%)和其他(others, 4.65%)。

结果期番茄植株根际土壤中,优势细菌门相对丰度占比大小顺序依次为:变形菌门(34.01%)、放线菌门(20.27%)、酸杆菌门(11.19%)、绿弯菌门(10.00%)、拟杆菌门(7.40%)、芽单胞菌门(4.42%)、厚壁菌门(3.01%)、Patescibacteria(2.83%)、黏菌门(2.01%)和其他(4.87%)。

以上结果表明,在门分类水平上,虽然不同生育期番茄植株根际土壤中优势细菌群落组成相同,但不同优势细菌门类的相对丰度占比发生了显著变化。其中,绿弯菌门细菌在番茄花芽分化期中的丰度占比排序发生明显变化,均由幼苗期和结果期的第4位上升至第3位;而在番茄幼苗期和结果期中丰度占比第3位的酸杆菌门细菌在花芽分化期则下降至第4位。

2)属分类水平。幼苗期、花芽分化期和结果期番茄植株根际土壤中,优势细菌属(相对丰度大于1%)分类数量分别有24、24和19(图3B)。

幼苗期番茄植株根际土壤中,相对丰度占比由高到低排序为:鞘氨醇单胞菌属(5.03%)、溶杆菌属(4.91%)、norank_f_norank_o_Vicinamibacteriales(3.32%)、norank_f_Vicinamibacteraceae(2.86%)、

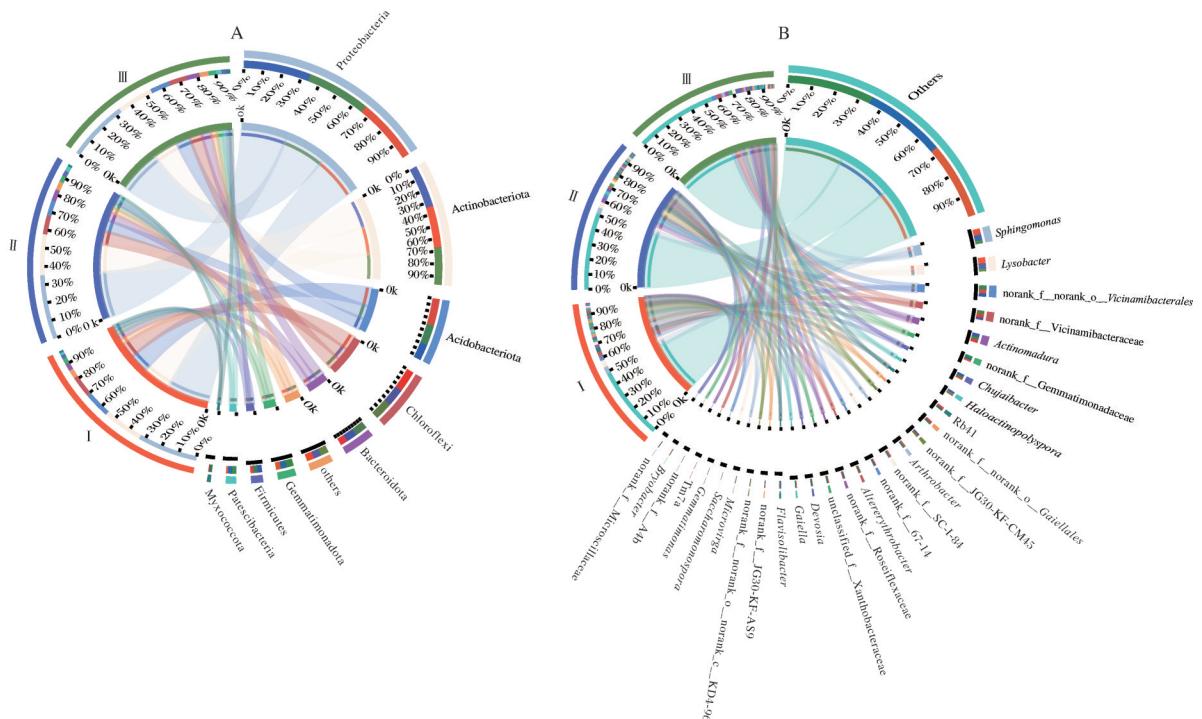


图 3 番茄不同生育期根际土壤细菌门(A)和属(B)分类水平相对占比

Fig. 3 Soil bacterial phylum (A) and genus levels (B) in rhizospheres of tomato under different growth stages

RB41 (2.70%)、马杜拉放线菌属 (*Actinomadura*, 2.48%)、norank_f_SC-I-84 (1.86%)、norank_f_Gemmamatinodaceae (1.84%)、*Chujaiibacter* (1.82%)、norank_f_norank_o_Gaiellales (1.79%)、*Halactinoplyospora* (1.74%)、节细菌属 (*Arthrobacter*, 1.70%)、norank_f_JG30-KF-CM45 (1.63%)、norank_f_67-14 (1.62%)、unclassified_f_Xanthobacteraceae (1.49%)、norank_f_JG30-KF-AS9 (1.31%)、*Gaiella* (1.30%)、norank_f_Roseiflexaceae (1.27%)、norank_f_norank_o_norank_c_KD4-96 (1.27%)、*Flavisolibacter* (1.18%)、交替赤杆菌属 (*Altererythrobacter*, 1.12%)、norank_f_A4b (1.12%)、*Bryobacter* (1.04%)、*Microvirga* (1.01%)和其他 (49.79%)。

花芽分化期番茄植株根际土壤中,相对丰度占比由高到低排序为:鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 4.28%)、溶杆菌属(*Lysobacter*, 3.98%)、马杜拉放线菌属(*Actinomadura*, 3.16%)、norank_f_norank_o_Vicinamibacteriales(2.75%)、*Chujaibacte*(2.23%)、*Haloactinopolyspora*(2.23%)、norank_f_Vicinamibacteraceae(2.09%)、norank_f_Gemmataimonadaceae(1.94%)、norank_f_norank_1.72%、norank_f_SC-I-84(1.83%)、norank_f_67-14(1.42%)、*Flavisolibacter*(1.40%)、交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*, 1.37%)、unclassified_f_Xanthobacteraceae(1.36%)、

norank_f_Roseiflexaceae(1.31%)、节细菌属(*Arthrobacter*, 1.29%)、*TM7a*(1.27%)、德沃斯氏菌属(*Devosia*, 1.23%)、*Gaiella*(1.21%)、RB41(1.17%)、norank_f_JG30-KF-AS9 (1.11%)、*Microvirga*(1.04%)、*Saccharomonospora*(1.03%)。

结果期番茄植株根际土壤中,相对丰度占比由高到低排序分别为:马杜拉放线菌属(*Actinomadura*, 3.53%)、norank_f_norank_o_Vicinamibacteriales (3.39%)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 2.68%)、*Chujaibacter* (2.61%)、*Haloactinopolyspora* (2.44%)、溶杆菌属(*Lysobacter*, 2.43%)、norank_f_Vicinamibacteraceae (2.00%)、TM7a (1.82%)、unclassified_f_Xanthobacteraceae(1.62%)、norank_f_67-14 (1.55%)、norank_f_Roseiflexaceae (1.46%)、norank_f_JG30-KF-CM45 (1.44%)、norank_f_norank_o_Gaiellales (1.36%)、norank_f_Gemmatimonadaceae (1.27%)、交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*, 1.17%)、norank_f_SC-I-84(1.16%)、节细菌属(1.11%)、*Gemmatimonas*(1.09%)、德沃斯氏菌属(*Devosia*, 1.08%)。

综上,不同生育期番茄植株根际土壤中,鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、溶杆菌属(*Lysobacter*)、马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)、norank f norank

o_Vicinamibacteriales、*Chujaibacter*、*Haloactinopolyspora*、norank_f_Vicinamibacteraceae、norank_f_Gemmatimonadaceae、norank_f_SC-I-84、norank_f_norank_o_Gaiellales、norank_f_JG30-KF-CM45、norank_f_67-14、交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*)、unclassified_f_Xanthobacteraceae、norank_f_Roseiflexaceae、节细菌属(*Arthrobacter*)细菌是番茄幼苗期、花芽分化期及结果期植株根际土壤中共有的优势细菌属；而 norank_f_norank_o_norank_c_KD4-96、norank_f_A4b 和 *Bryobacter* 属细菌是幼苗期番茄植株根际土壤中的特有细菌属；TM7a 和 *Saccharomonospora* 属细菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中的特有细菌属；*Gemmatimonas* 属细菌为结果期番茄的特有细菌属。

2.6 不同生育期番茄植株根际土壤细菌 LEfSe 分析

由图4可见,苔藓杆菌属(*Bryobacter*)、马赛菌属

(*Massilia*)、溶杆菌属(*Lysobacter*)、*Micropepsis*、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)细菌是幼苗期番茄植株根际土壤中具有显著优势的细菌属。黄素酸杆菌属(*Flavisolibacter*)、*Haloactinopolyspora*、土地杆菌属(*Pedobacter*)、鞘脂菌属(*Sphingobium*)、TM7a、不粘柄菌属(*Asticcacaulis*)细菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中具有显著优势的细菌属。*Aquicella*、罗思河小杆菌属(*Rhodanobacter*)、梳杆菌属(*Thiobacillus*)、沃斯菌属(*Devosia*)、*Thermomonas*、红假单胞菌属(*Rhodopseudomonas*)、假黄单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)、norank_f_BIIi41、unclassified_f_Rhizobiaceae、*Gemmimonas* 及 *Acidibacter* 细菌是结果期番茄植株根际土壤中具有显著优势的细菌属。

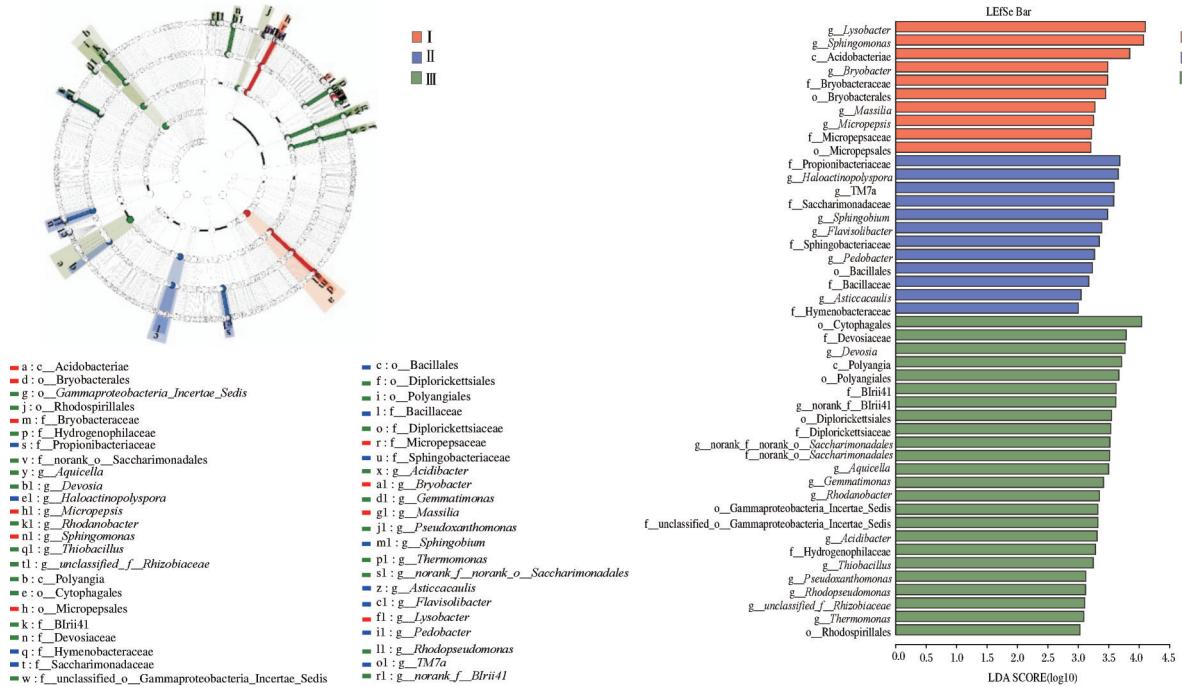


图4 不同生育期番茄植株根际土壤细菌的LEfSe分析结果(LDA阈值为3.0)

Fig. 4 LEfSe analysis of rhizospheric soil bacteria of tomatoes under different growth stages (LDA score: 3.0)

2.7 不同生育期番茄植株根际土壤真菌多样性分析

由图5A、B、C可见,番茄幼苗期、花芽分化期、结果期根际土壤中指示真菌多样性的Shannon指数以及指示真菌丰富度的Ace和Chao指数均不存在显著差异。

基于OTU分类水平的真菌PCoA分析结果显示, PC1轴和PC2轴的解释度分别为41.57%和

27.14%；表明番茄幼苗期、花芽分化期和结果期植株根际土壤真菌群落结构存在显著差异($P<0.05$)，物种组成结构相似度低(图5D)；PLS-DA结果显示，番茄幼苗期、花芽分化期和结果期植株根际土壤中真菌群落可分为3个差异明显的类群(图5E)。表明番茄植株根际土壤真菌群落组成亦随着植株的生长发生显著变化。

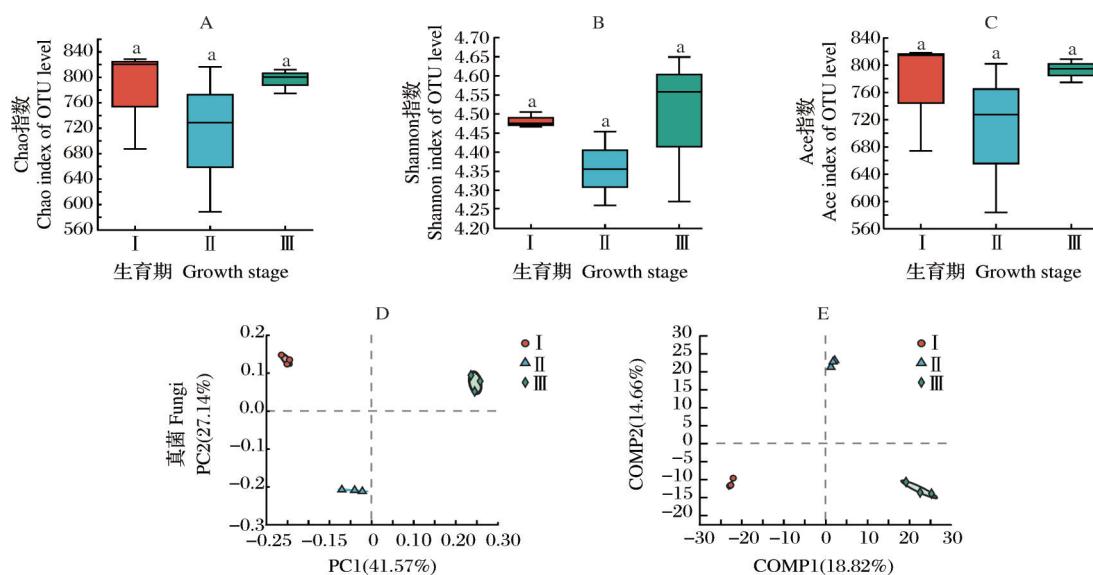


图5 不同生育期番茄植株根际土壤真菌 OTU 水平的 Chao 指数(A)、Shannon 指数(B)、 Ace 指数(C)、PCoA(D)和 PLS-DA(E)分析

Fig. 5 The Chao index (A), the Shannon index (B) , Ace index(C), PCoA(D) and PLS-DA(E) analyses of soil fungi in rhizospheres of tomatoes under different growth stages at OTU level

2.8 不同生育期番茄植株根际土壤真菌 Venn 分析

在属分类水平上,不同生育期番茄植株根际土壤中共有的优势真菌属数量为215个,幼苗期、花芽分化期及结果期番茄植株根际土壤中特有的优势真菌分别有61、31及54个(图6A)。

在OTU分类水平上,不同生育期番茄植株根际土壤中,共有优势真菌OTU数量为555个;幼苗期、花芽分化期和结果期特有的优势真菌分别有400、233和321个(图6B)。

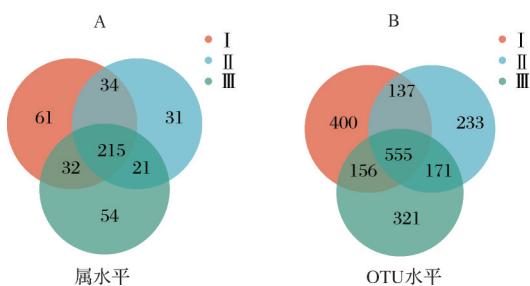


图6 不同生育期番茄植株根际土壤真菌属(A)和 OTU(B)分类水平 Venn 图

Fig. 6 Venn diagram of soil fungi in rhizospheres of tomatoes under different growth stages at genus(A) and OTU(B) levels

以上结果表明,无论是属或OTU分类水平,均以幼苗期番茄根际土壤中,特有的优势真菌数量为

最高,依次分别为结果期和花芽分化期。

2.9 不同生育期番茄植株根际土壤真菌群落结构特征

1)门分类水平。由图7A可见,不同生育期番茄植株根际土壤中,相对丰度占比大于1%的共有的优势真菌门类有7个,分别为子囊菌门(Ascomycota)、鞭毛菌门(Mortierellomycota)、unclassified_k_Fungi、壶菌门(Chytridiomycota)、油壶菌门(Olpidiomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)。

幼苗期番茄植株根际土壤中,优势真菌门相对丰度占比大小顺序依次为:子囊菌门(Ascomycota, 58.88%)、鞭毛菌门(Mortierellomycota, 22.14%)、壶菌门(Chytridiomycota, 7.76%)、unclassified_k_Fungi (5.61%)、担子菌门(Basidiomycota, 3.64%)、罗兹菌门(Rozellomycota, 1.35%)。

花芽分化期番茄植株根际土壤中,优势真菌门相对丰度占比大小顺序依次为:子囊菌门(Ascomycota, 47.15%)、鞭毛菌门(Mortierellomycota, 14.51%)、油壶菌门(Olpidiomycota, 12.04%)、unclassified_k_Fungi (9.04%)、壶菌门(Chytridiomycota, 8.86%)、担子菌门(Basidiomycota, 4.92%)、罗兹菌门(Rozellomycota, 3.26%)。

结果期番茄植株根际土壤中,优势真菌门相对丰度占比大小顺序依次为:子囊菌门(Ascomycota,

52.12%)、unclassified_k_Fungi(14.71%)、油壶菌门(Olpidiomycota, 11.15%)、鞭毛菌门(Mortierellomycota, 8.10%)、担子菌门(Basidiomycota, 6.11%)、壶菌门(Chytridiomycota, 4.14%)、罗兹菌门(Rozellomycota, 3.00%)。

上述结果表明,门分类水平下,虽然不同生育期番茄植株根际土壤中优势真菌群落组成相似,但不同优势细菌门类的相对丰度占比发生了显著变化。其中,鞭毛菌门真菌在番茄结果期中的丰度占比排序发生明显变化,均由幼苗期和花芽分化期的第2位下降至第4位;而油壶菌门真菌仅在幼苗期缺失。

3)属分类水平。由图7B可见,幼苗期、花芽分化期和结果期番茄植株根际土壤中,优势真菌属(相对丰度大于1%)分别有17、21和18个。

幼苗期番茄植株根际土壤中,优势真菌属相对丰度占比由高到低排序分别为:被孢霉属(*Mortierella*, 21.93%)、*Ramophialophora* (8.28%)、unclassified_k_Fungi (5.61%)、赤霉菌属(*Gibberella*, 5.39%)、毛壳菌属(*Chaetomium*, 5.23%)、新赤壳属(*Neocosmospora*, 4.92%)、unclassified_p_Chytridiomycota (4.46%)、unclassified_f_Cucurbitariaceae (3.52%)、弯孢属(*Curvularia*, 3.47%)、曲霉菌属

(*Aspergillus*, 2.46%)、unclassified_o_Pleosporales (2.37%)、unclassified_c_Sordariomycetes (1.78%)、篮状菌属(*Talaromyces*, 1.70%)、鲍尔壶菌属(*Powellomyces*, 1.55%)、unclassified_p_Aскомиcota (1.54%)、*Saitozyma* (1.42%)、镰刀菌属(*Fusarium*, 1.52%)和其他(19.77%)。

花芽分化期番茄植株根际土壤中,优势真菌属相对丰度占比由高到低排序为:被孢霉属(*Mortierella*, 14.50%)、油壶菌属(*Olpidium*, 12.04%)、*Ramophialophora* (11.31%)、unclassified_k_Fungi (9.04%)、unclassified_p_Chytridiomycota (6.01%)、赤霉菌属(*Gibberella*, 4.95%)、新赤壳属(*Neocosmospora*, 3.41%)、弯孢属(*Curvularia*, 2.81%)、unclassified_p_Rozellomycota (2.68%)、unclassified_f_Chytridiaceae (2.12%)、柄孢壳属(*Zopfiella*, 1.90%)、毛壳菌属(*Chaetomium*, 1.83%)、unclassified_o_Pleosporales (1.81%)、unclassified_f_Cucurbitariaceae (1.80%)、unclassified_p_Aскомиcota (1.61%)、unclassified_c_Sordariomycetes (1.52%)、*Saitozyma* (1.45%)、*Apiothrichum* (1.38%)、篮状菌属(*Talaromyces*, 1.21%)、镰刀菌属(*Fusarium*, 1.08%)、曲霉菌属(*Aspergillus*, 1.03%)和其他(14.42%)。

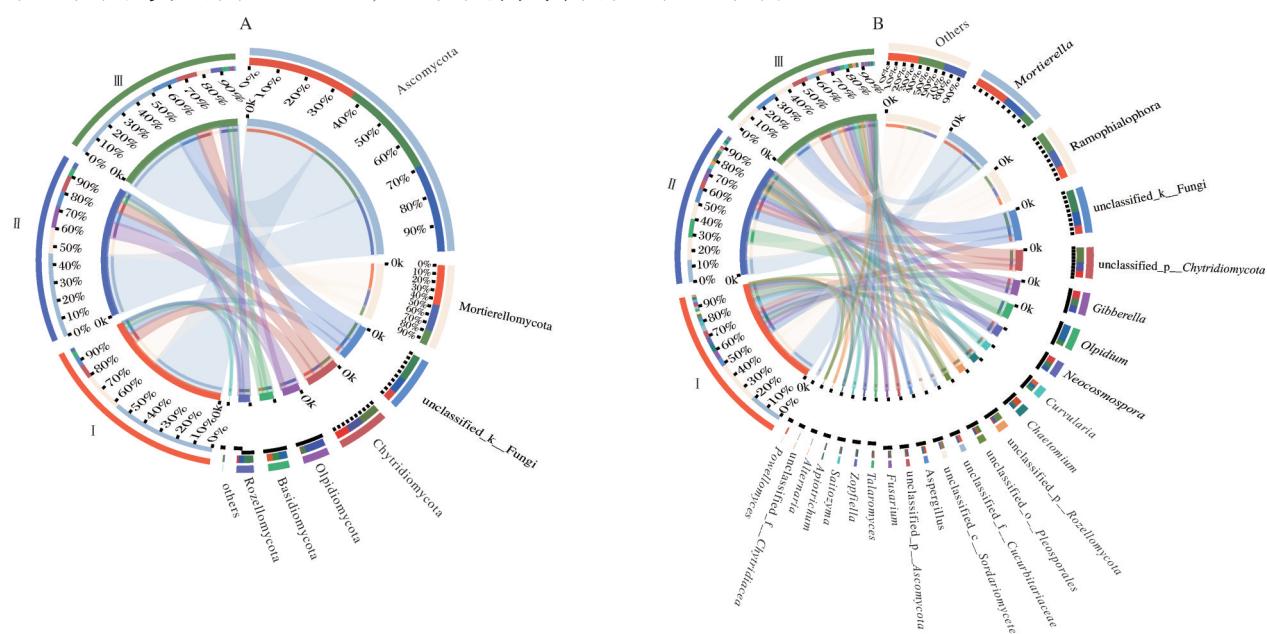


图7 番茄不同生育期根际土壤真菌门(A)和属(B)分类水平相对占比

Fig. 7 Proportion of soil fungal phylum (A) and genus levels (B) in rhizospheres of tomato under different growth stages

结果期番茄植株根际土壤中,优势真菌属相对丰度占比由高到低排序为:unclassified_k_Fungi (14.71%)、*Ramophialophora* (13.10%)、unclassified_p_Chytridiomycota (10.10%)、被孢霉属(*Mortierella*

(14.71%)、*Ramophialophora* (13.10%)、unclassified_p_Chytridiomycota (10.10%)、被孢霉属(*Mortierella*

tierella, 8.09%)、unclassified_p_Rozellomycota (5.43%)、赤霉菌属(*Gibberella*, 5.28%)、新赤壳属(*Neocosmospora*, 3.49%)、油壶菌属(*Olpidium*, 3.00%)、弯孢属(*Curvularia*, 2.79%)、unclassified_o_Pleosporales (2.55%)、链格孢属(*Alternaria*, 2.07%)、毛壳菌属(*Chaetomium*, 1.96%)、unclassified_c_Sordariomycetes (1.84%)、镰刀菌属(*Fusarium*, 1.61%)、曲霉菌属(*Aspergillus*, 1.36%)、unclassified_p_Ascomycota (1.32%)、柄孢壳属(*Zopfiella*, 1.14%)、篮状菌属(*Talaromyces*, 1.00%)和其他(16.93%)。

综上,不同生育期番茄植株根际土壤中,被孢霉属(*Mortierella*)、*Ramophialophora*、unclassified_k_Fungi、unclassified_p_Chytridiomycota、赤霉菌属(*Gibberella*)、新赤壳属(*Neocosmospora*)、弯孢属(*Curvularia*)、毛壳菌属(*Chaetomium*)、unclassified_o_Pleosporales、unclassified_c_Sordariomycetes、

曲霉菌属(*Aspergillus*)、unclassified_p_Ascomycota、镰刀菌属(*Fusarium*)、篮状菌属(*Talaromyces*)真菌是幼苗期、花芽分化期及结果期番茄植株根际土壤中共有的优势真菌属;鲍尔壶菌属(*Powellomyces*)真菌是幼苗期番茄植株根际土壤中的特有真菌属;*Apotrichum*和unclassified_f_Chytridiaceae真菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中的特有真菌属;链格孢属(*Alternaria*)真菌为结果期番茄的特有真菌属。

2.10 不同生育期番茄植株根际土壤真菌 LEfSe 分析

由图8可知,子囊菌门(Ascomycota)和鞭毛菌门(Mortierellomycota)真菌是幼苗期番茄植株根际土壤中具有显著优势的真菌门;油壶菌门(Olpidiomycota)真菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中具有显著优势的真菌门;unclassified_k_Fungi和罗兹菌门(Rozellomycota)真菌是结果期番茄植株根际土壤中具有显著优势的真菌门。

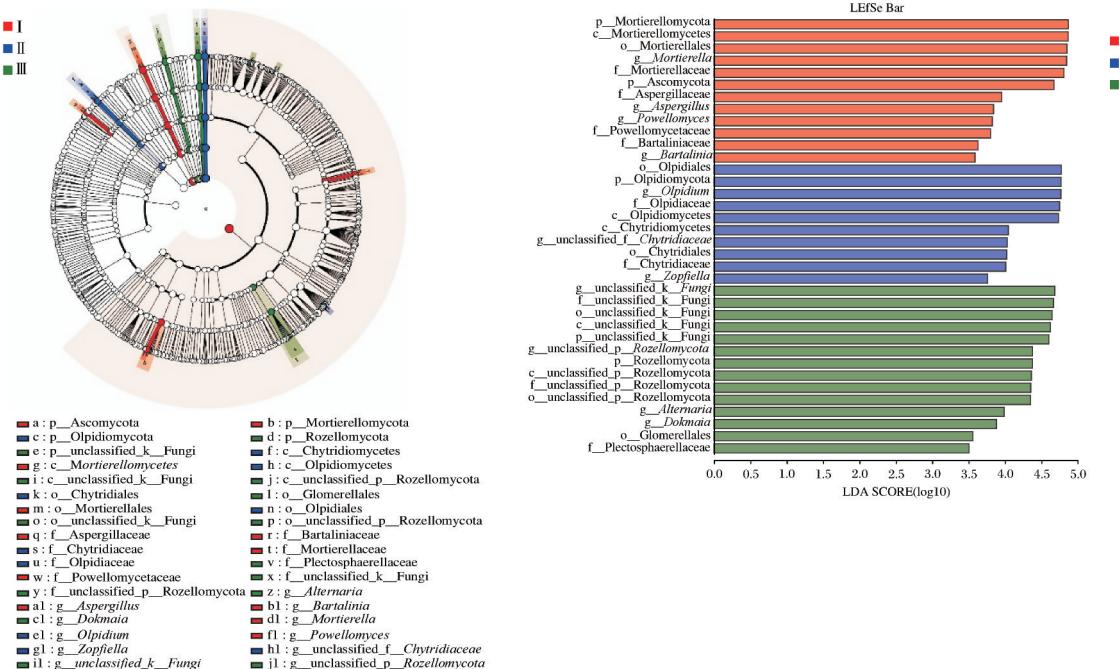


Fig. 8 LEfSe analysis of soil fungi in rhizospheres of tomatoes under different growth stages (LDA score: 3.0)

被孢霉属(*Mortierella*)、曲霉菌属(*Aspergillus*)、顶多毛孢属(*Bartaliniia*)和鲍尔壶菌属(*Powellomyces*)真菌是幼苗期番茄植株根际土壤中具有显著优势的真菌属。unclassified_f_Chytridiaceae、油壶菌属(*Olpidium*)和柄孢壳属(*Zopfiella*)真菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中具有显著优势的真菌属。*Dokmaia*、unclassified_k_Fungi、unclassified_p_Rozellomycota、链格孢属(*Alternaria*)真菌是结果期

番茄植株根际土壤中具有显著优势的真菌属。

3 讨 论

3.1 不同生育期番茄植株根际土壤生物学性状分析

土壤酶、微生物生物量与土壤养分密切相关^[15],土壤酶活性是表征土壤质量和健康状况的重要生物学指标,土壤微生物生物量能快速反映土壤养分含

量变化,土壤氮磷钾含量与植物根际土壤微生物量显著相关^[16-18]。本研究中,β-葡萄糖苷酶和磷酸酶活性随着番茄的生长显著增加,在结果期达到了最高值,且微生物生物量碳的积累达到最大值,表明番茄在结果期对于碳和磷的需求更高。

3.2 不同生育期番茄植株根际土壤细菌和真菌群落结构分析

根际微生物群落组成多样性和功能多样性对于维持土壤生态的平衡发挥着重要作用,而植物不同生育期的根际微生物种类及丰度具有显著差异。土壤中的根际微生物与植物之间相互作用,微生物通过产生植物激素,直接或间接影响植物生长^[19]。研究已发现,植物激素中,脱落酸、茉莉酸、乙烯^[20]、水杨酸^[21]和独脚金内酯促进植株衰老,而赤霉素^[23]、细胞分裂素和生长素会延迟植株衰老。而生长素、细胞分裂素与酸杆菌门(*Acidobacteriota*)和绿弯菌门(*Chloroflexi*)细菌呈显著正相关^[24]。鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)与节细菌属(*Arthrobacter*)细菌可以产生生长素^[25];鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)细菌还会产生类胡萝卜素,对植物抗氧化、衰老和耐受环境胁迫具有积极作用^[26]。

此外,酸杆菌门(*Acidobacteriota*)细菌与氮循环紧密相关^[27];黏菌门(*Myxococcota*)细菌在土壤碳循环中起着重要作用^[28];其中拟杆菌门(*Bacteroidota*)细菌与过氧化氢酶活性呈正相关关系,而过氧化氢酶是一种典型的抗氧化剂,参与植物的生长发育以及衰老等过程^[29]。德沃斯氏菌属(*Devosia*)具有固氮作用^[30]。*Gemmamimonas*与土壤养分增溶、氮固定和钾增溶功能^[31]。*Microvirga*属细菌有助于抑制作物病原菌感染^[32]。糖单孢菌属(*Saccharomonospora*)细菌参与蛋白质的降解,从而调控植物生长^[33]。

本研究发现,酸杆菌门(*Acidobacteriota*)和绿弯菌门(*Chloroflexi*)细菌是幼苗期番茄植株根际土壤的优势细菌门类;而鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)和节细菌属(*Arthrobacter*)细菌是幼苗期番茄植株根际土壤中的优势菌属;德沃斯氏菌属(*Devosia*)、糖单孢菌属(*Saccharomonospora*)和*Microvirga*细菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中的优势细菌属;拟杆菌门(*Bacteroidota*)、芽单胞菌门(*Gemmamimonadota*)和黏菌门(*Myxococcota*),以及*Gemmamimonas*属细菌是结果期番茄植株根际土壤中的优势细菌门属。

另一方面,被孢霉菌属(*Mortierella*)真菌可以改善土壤养分状况,保护植物根系,促进植物生长与提高抗逆能力,并可以提高土壤磷的可利用性^[34]。毛壳霉属(*Chaetomium*)真菌可以释放磷酸酶和植酸酶^[35];油壶菌属(*Olpidium*)真菌可以抑制植物病毒性病害传播。镰刀菌属(*Fusarium*)真菌可以产生纤维素酶促进土壤碳循环,激活植物细胞分裂素信号传导^[36];镰刀菌属(*Fusarium*)真菌、曲霉菌属(*Aspergillus*)真菌参与土壤难溶性磷的溶解,是溶磷微生物的重要类群^[37];曲霉菌属(*Aspergillus*)真菌可以产生赤霉素^[38];链格孢属(*Alternaria*)真菌不仅具有促进植物生长的作用,还可以通过自身合成植物激素乙烯而调控植株的成熟与衰老^[39]。

本研究发现,被孢霉菌属(*Mortierella*)、毛壳霉(*Chaetomium*)属和曲霉菌属(*Aspergillus*)真菌是幼苗期番茄根际土壤中的优势真菌属;油壶菌属(*Olpidium*)真菌则是花芽分化期番茄根际土壤中的优势真菌属;链格孢属(*Alternaria*)真菌和镰刀菌属(*Fusarium*)真菌是结果期番茄根际土壤中的优势真菌属。结果表明,不同生育期番茄植株根际土壤中虽然富集了部分共有的微生物属,但同时亦富集了种类与功能相异的微生物。其中,幼苗期番茄植株根际土壤中,主要富集了大量可产生生长素、细胞分裂素和赤霉素的微生物类群;花芽分化期番茄植株根际土壤中,则主要富集了具有抗逆功能的微生物类群;结果期番茄植株根际土壤中,主要富集了具有促进养分循环功能的微生物。*norank_f_norank_o_norank_c_KD4-96*, *norank_f_A4b* 和 *Bryobacter* 属细菌和鲍尔壶菌属(*Powellomyces*)属真菌是幼苗期番茄植株根际土壤为特有的优势微生物类群;其中 TM7a 和 *Saccharomonospora* 属细菌和 *Apotrichum* 和 *unclassified_f_Chytridiaceae* 真菌是花芽分化期番茄植株根际土壤中特有的优势微生物类群;*Gemmamimonas* 属细菌和链格孢属(*Alternaria*)真菌是结果期番茄植株根际土壤中特有的优势微生物类群。

参考文献 References

- [1] BARUAH N, MONDAL S C, FAROOQ M, et al. Influence of heavy metals on seed germination and seedling growth of wheat, pea, and tomato [J/OL]. Water, air & soil pollution, 2019, 230(12): 273 [2023-06-08]. <https://doi.org/10.1007/s11270-019-4329-0>.

- [2] 曾齐.不同生长期大豆根际真菌群落结构动态变化研究[D].哈尔滨:哈尔滨师范大学,2019.ZENG Q.Dynamic changes of rhizosphere fungi community in different growth periods of soybean[D].Harbin: Harbin Normal University, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [3] 邵颖,曹四平,刘长海,等.基于高通量测序的南泥湾湿地土壤细菌多样性分析[J].干旱区资源与环境,2019,33(2):158-163.SHAO Y, CAO S P, LIU C H, et al.Bacterial diversity in soils of Nanniwan wetland based on high-throughput sequencing [J].Journal of arid land resources and environment, 2019,33(2):158-163 (in Chinese with English abstract).
- [4] LIU C, ZHUANG J Y, WANG J, et al.Soil bacterial communities of three types of plants from ecological restoration areas and plant-growth promotional benefits of microbacterium invictum (strain X-18) [J/OL].Frontiers in microbiology, 2022, 13: 926037 [2023-06-08]. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.926037>.
- [5] LI H F, LIU H, HAO C Y, et al.The auxin response factor TaARF15-A1 negatively regulates senescence in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J].Plant physiology, 2023, 191 (2):1254-1271.
- [6] 刘京伟,李香真,姚敏杰.植物根际微生物群落构建的研究进展[J].微生物学报,2021,61(2):231-248.LIU J W, LI X Z, YAO M J.Research progress on assembly of plant rhizosphere microbial community [J].Acta microbiologica sinica, 2021, 61 (2):231-248 (in Chinese with English abstract).
- [7] 刘欣.大豆根际氢氧化细菌的分离及不同生育期对大豆根际微生物多样性的影响[D].西安:西北大学,2018.LIU X.Isolation of hydrogen-oxidizing bacteria in soybean and effects of soybean rhizosphere microbial diversity at different growth stages[D].Xi'an: Northwest University, 2018 (in Chinese with English abstract).
- [8] 李巧玲,肖忠,任明波,等.梔子不同生育期根际土壤细菌群落结构的动态变化[J].土壤通报,2021,52(2):346-354.LI Q L, XIAO Z, REN M B, et al.Variation of bacterial community structure in *Gardenia jasminoides* rhizosphere at different growth stages [J].Chinese journal of soil science, 2021, 52(2): 346-354 (in Chinese with English abstract).
- [9] 任春光,苏文文,潘丽珊,等.基于高通量测序研究猕猴桃苗不同生育期根际真菌群落结构及多样性[J].土壤,2021,53 (3): 545-554.REN C G, SU W W, PAN L S, et al.Fungal community structures and diversities in rhizosphere soils in different growth stages of kiwifruit seedlings based on high-throughput sequencing [J].Soils, 2021, 53 (3) : 545-554 (in Chinese with English abstract).
- [10] 庞师婵,郭霜,任奎瑜,等.番茄/茄子嫁接对其根际土壤生物学性状及细菌群落结构的影响[J].园艺学报,2020,47(2):253-263.PANG S C, GUO S, REN K Y, et al.Impact of grafting on soil microbial properties and bacterial community structure in tomato rhizosphere [J].Acta horticulturae sinica, 2020, 47(2):253-263 (in Chinese with English abstract).
- [11] HAYANO K. A method for the determination of β -glucosidase activity in soil [J].Soil science and plant nutrition, 1973, 19(2):103-108.
- [12] LADD J N.Properties of proteolytic enzymes extracted from soil [J].Soil biology and biochemistry, 1972, 4(2):227-237.
- [13] 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.
- [14] ZHANG W Y, LIU S, ZHANG M Y, et al.Phyllostachys edulis (moso bamboo) rhizosphere increasing soil microbial activity rather than biomass [J].Journal of soils and sediments, 2019, 19(7):2913-2926.
- [15] 夏文建,柳开楼,张丽芳,等.长期施肥对红壤稻田土壤微生物生物量和酶活性的影响[J].土壤学报,2021,58(3):628-637.XIA W J, LIU K L, ZHANG L F, et al.Effect of long-term fertilization on soil microbial biomass and enzyme activities in reddish paddy soil [J].Acta pedologica sinica, 2021, 58 (3):628-637 (in Chinese with English abstract).
- [16] 罗娜娜,盛茂银,王霖娇,等.长期植被恢复对中国西南喀斯特石漠化土壤活性有机碳组分含量和酶活性的影响[J].植物生态学报,2023,47(6):867-881.LUO N N, SHENG M Y, WANG L J, et al.Effects of long-term vegetation restoration on soil active organic carbon fractions content and enzyme activities in Karst rocky desertification ecosystem of southwest China [J].Chinese journal of plant ecology, 2023, 47(6):867-881 (in Chinese with English abstract).
- [17] 张青,王辰,孙宗湜,等.土壤微生物生物量及多样性影响因素研究进展[J].北方园艺, 2022 (8) : 116-121.ANG Q, WANG C, SUN Z S, et al.Research progress on influencing factors of soil microbial biomass and diversity [J].Northern horticulture, 2022 (8) : 116-121 (in Chinese with English abstract).
- [18] 郁永博,王世显,魏珉,等.氮磷钾用量对基质培茄子产量、根系形态和根际微生物数量与酶活性的影响[J].中国农业科学, 2021, 54 (21) : 4623-4634.GAO Y B, WANG S X, WEI M, et al.Effects of nitrogen, phosphorus and potassium dosage on the yield, root morphology, rhizosphere microbial quantity and enzyme activity of eggplant under substrate cultivation [J].Scientia agricultura sinica, 2021, 54 (21) : 4623-4634 (in Chinese with English abstract).
- [19] CHEN S Y, SUN Y, YANG D, et al.Using moss as a bio-indicator to evaluate soil quality in litchi orchard [J/OL].PLoS One, 2022, 17 (12) : e0278303 [2023-06-08].<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0278303>.
- [20] AHMAD DAR R, NISAR S, TAHIR I.Ethylene, a key player in ethylene sensitive flower senescence: a review [J/OL].Scientia horticulturae, 2021, 290: 110491 [2023-06-08].

- https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.110491.
- [21] GUO Y F, REN G D, ZHANG K W, et al. Leaf senescence: progression, regulation, and application [J/OL]. *Molecular horticulture*, 2021, 1: 5 [2023-06-08]. https://doi.org/10.1186/s43897-021-00006-9.
- [22] XU Y J, CHEN Z, LI X Y, et al. The mechanism of promoting rhizosphere nutrient turnover for arbuscular mycorrhizal fungi attributes to recruited functional bacterial assembly [J]. *Molecular ecology*, 2023, 32(9): 2335-2350.
- [23] GAO J P, XU P, WANG M X, et al. Nod factor receptor complex phosphorylates GmGEF2 to stimulate ROP signaling during nodulation [J]. *Current biology*, 2021, 31(16): 3538-3550.
- [24] 卢玉秋. 微生物群落对作物生长及植物激素的影响 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2019. LU Y Q. Effects of microbial community on crop growth and phytohormones [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [25] TSAVKELOVA E A, CHERDYNTSEVA T A, KLIMOVA S Y, et al. Orchid-associated bacteria produce indole-3-acetic acid, promote seed germination, and increase their microbial yield in response to exogenous auxin [J]. *Archives of microbiology*, 2007, 188(6): 655-664.
- [26] 张颖, 杨锐, 韦庆慧, 等. 鞘氨醇单胞菌的特性及应用研究进展 [J]. *化学与生物工程*, 2021, 38(3): 6-13. ZHANG Y, YANG Y, WEI Q H, et al. Research progress in characteristic and application of *Sphingomonas* [J]. *Chemistry & bioengineering*, 2021, 38(3): 6-13 (in Chinese with English abstract).
- [27] 蔡雯琦, 杨婉婷, 秦华鹏, 等. 典型生物滞留池细菌群落结构及多样性特征 [J]. *环境工程*, 2023, 41(3): 65-73, 83. CAI W Q, YANG W T, QIN H P, et al. Bacterial community structure and diversity of typical bioretention systems [J]. *Environmental engineering*, 2023, 41(3): 65-73 (in Chinese with English abstract).
- [28] WANG W H, WANG N, DANG K K, et al. Long-term nitrogen application decreases the abundance and copy number of predatory myxobacteria and alters the myxobacterial community structure in the soil [J/OL]. *Science of the total environment*, 2020, 708: 135114 [2023-06-08]. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.135114.
- [29] 王丹, 赵亚光, 马蕊, 等. 微生物菌肥对盐碱地枸杞土壤改良及细菌群落的影响 [J]. *农业生物技术学报*, 2020, 28(8): 1499-1510. WANG D, ZHAO Y G, MA R, et al. Effects of microbial fertilizers on soil improvement and bacterial communities in saline-alkali soils of *Lycium barbarum* [J]. *Journal of agricultural biotechnology*, 2020, 28(8): 1499-1510 (in Chinese with English abstract).
- with English abstract).
- [30] RIVAS R, VELÁZQUEZ E, WILLEMS A, et al. A new species of *Devosia* that forms a unique nitrogen-fixing root-nodule symbiosis with the aquatic legume *Neptunia natans* (L. f.) druce [J]. *Applied and environmental microbiology*, 2002, 68(11): 5217-5222.
- [31] XU Y J, CHEN Z, LI X Y, et al. The mechanism of promoting rhizosphere nutrient turnover for arbuscular mycorrhizal fungi attributes to recruited functional bacterial assembly [J]. *Molecular ecology*, 2023, 32(9): 2335-2350.
- [32] WANG R, ZHANG H C, SUN L G, et al. Microbial community composition is related to soil biological and chemical properties and bacterial wilt outbreak [J/OL]. *Scientific reports*, 2017, 7: 343 [2023-06-08]. https://doi.org/10.1038/s41598-017-00472-6.
- [33] 李淑娴, 姚玉峰. 细菌体内的蛋白质降解 [J]. *微生物学报*, 2015, 55(5): 521-528. LI S X, YAO Y F. Proteolysis in bacteria-a review [J]. *Acta microbiologica sinica*, 2015, 55(5): 521-528 (in Chinese with English abstract).
- [34] 宁琪, 陈林, 李芳, 等. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响 [J]. *土壤学报*, 2022, 59(1): 206-217. NING Q, CHEN L, LI F, et al. Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil [J]. *Acta pedologica sinica*, 2022, 59(1): 206-217 (in Chinese with English abstract).
- [35] TARAFDAR J C, GHARU A. Mobilization of organic and poorly soluble phosphates by *Chaetomium globosum* [J]. *Applied soil ecology*, 2006, 32(3): 273-283.
- [36] YERGEAU E, SOMMERVILLE D W, MAHEUX E, et al. Relationships between *Fusarium asparagi* population structure, soil nutrient status and disease incidence in field-grown [J]. *FEMS microbiology ecology*, 2006, 58(3): 394-403.
- [37] 杨顺, 杨婷, 林斌, 等. 两株溶磷真菌的筛选、鉴定及溶磷效果的评价 [J]. *微生物学报*, 2018, 58(2): 264-273. YANG S, YANG T, LIN B, et al. Isolation and evaluation of two phosphate-dissolving fungi [J]. *Acta microbiologica sinica*, 2018, 58(2): 264-273 (in Chinese with English abstract).
- [38] CHEN S Y, SUN Y, WEI Y F, et al. Different rhizosphere soil microbes are recruited by tomatoes with different fruit color phenotypes [J/OL]. *BMC microbiology*, 2022, 22(1): 210 [2023-06-08]. https://doi.org/10.1186/s12866-022-02620-z.
- [39] MAURICIO-CASTILLO J A, SALAS-MUÑOZ S, REVILES-TORRES L R, et al. Could *Alternaria solani* IA300 be a plant growth-promoting fungus? [J]. *European journal of plant pathology*, 2020, 157(2): 413-419.

Structural characteristics of soil microbial community in rhizospheres of tomatoes during different growth periods

WEI Yufei¹, QIN Renliu¹, DING Diancao¹, LI Yongbin¹,
XIE Yuanyuan¹, QU Dacai¹, ZHAO Tianyi², YANG Shangdong¹

1. College of Agronomy/National Experimental Teaching Demonstration Center of Plant Science,
Guangxi University, Nanning 530004, China;

2. Qinzhou Agricultural Technology Extension Center, Guangxi Zhuang Autonomous Region,
Qinzhou 535099, China

Abstract The soil fertility and structural and functional characteristics of microbial community in rhizospheres of tomatoes during different growth periods were compared to construct an eco-cultivation system for tomato production with high yield and high quality and utilize the resources of beneficial microbes. The soil fertility and structural and functional characteristics of microbial (bacterial, fungal) community in rhizospheres of tomato at the stage of seedling, flower and bud differentiation, and fruiting were analyzed based on conventional and modern high-throughput sequencing techniques. The results showed that there were more abundant sources of carbon, nitrogen, and phosphorus in the rhizospheres of tomatoes at the stage of fruiting in tomato. The structure and function of soil microbial community in rhizospheres of tomatoes had undergone significant changes during different growth periods. Among them, norank_f_norank_o_norank_c_KD4-96, norank_f_A4b and *Bryobacter* were the unique dominant bacterial genus in the rhizospheres of tomatoes at the stage of seedling. *TM7a* and *Saccharomonospora* were the unique dominant bacterial genus in rhizospheres of tomatoes at the stage of flower and bud differentiation. Only *Gemmimonas* was the unique dominant bacterial genus in rhizospheres of tomatoes at the stage of fruiting. Moreover, *Powellomyces* was the unique dominant fungal genus in rhizospheres of tomatoes at the stage of seedling, *Apotrichum* and *unclassified_f_Chytridiaceae* were the unique dominant fungal genera in rhizospheres of tomatoes at the stage of flower and bud differentiation, and *Alternaria* was the unique dominant fungal genus in rhizospheres of tomatoes at the stage of fruiting. It is indicated that specific microbial communities were formed in rhizospheres of tomatoes at different stages of growth. Microorganisms enriched in rhizospheres of tomatoes at the stage of seedling mainly produce hormones for plant growth. The enrichments of soil microorganisms in rhizospheres of tomatoes at the stage of flower and bud differentiation primarily improve resistance for plants. Microorganisms enriched in rhizospheres of tomatoes at the stage of fruiting chiefly promote the nutrient cycling in soil.

Keywords tomato (*Solanum lycopersicum* L.); growth period; rhizosphere; microbial community; high throughput sequencing

(责任编辑:张志钰)