

doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.14.031

不同短期轮作模式下氮肥减施对番茄根际土壤微生物群落结构的影响

杨启良^{1,2} 马晓刚¹ 程铭慧^{1,2} 王海东^{1,2} 梁嘉平^{1,2} 刘艳伟^{1,2}

(1. 昆明理工大学云南省农业水资源高效利用与智慧管控重点实验室, 昆明 650500;
2. 昆明理工大学云南省智能农业工程技术与装备国际联合实验室, 昆明 650500)

摘要: 为探索云南干热区不同施氮量下番茄短期轮作对土壤微生物群落结构的影响,本研究于2023—2025年开展轮作-后茬系统试验,设4种轮作系统(玉米-番茄(CT)、大豆-番茄(ST)、花生-番茄(PT)、番茄-番茄(TT)),每茬均设3个施氮水平(常规施氮量的50%(N1)、75%(N2)和100%(N3))。利用Illumina测序技术扩增子测序,探究不同施氮量下土壤微生物群落结构对不同轮作的响应特征。结果表明,收获期各处理土壤细菌群落以变形菌门、绿弯菌门、放线菌门和酸杆菌门为优势菌门,真菌群落以子囊菌门为优势菌门。在属水平下,镰刀菌属为各处理最大优势真菌菌属,TT处理相对丰度最高且随施氮量增加而增加(TTN3:44.47%),STN2(14.76%)和PTN1(14.71%)处理均较低,且不同轮作处理下,相对丰度随施氮量的变化趋势存在差异。CTN1处理真菌有益菌属木霉菌相对丰度(11.36%)最高。轮作显著提高了微生物群落多样性,STN2处理细菌、真菌Shannon、Simpson指数均达到最高,且显著高于其他处理。而TT处理细菌、真菌Shannon指数显著低于轮作处理,且均随施氮量增加呈先增后减趋势。不同轮作处理和连作处理间的细菌群落结构存在显著差异($P=0.001$, $R^2=0.398$, 应力为0.127),而真菌群落无显著差异($P=0.597$, $R^2=0.308$, 应力为0.197)。轮作显著增加番茄产量,且同一轮作模式下,番茄产量随施氮量增加呈先增后减趋势。与TT处理相比,轮作处理产量平均显著增加3.19%,CTN2处理获得最高产量(116.6 t/hm²)。综上所述,短期连作可增加连作障碍风险,而短期轮作有助于抑制病原菌增殖和改善土壤微生物群落结构,进而提高番茄产量,可为该地区的农业可持续发展提供理论支撑。

关键词: 番茄; 微生物群落结构; 产量; 轮作; 减氮

中图分类号: S274.1; S278 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2026)14-0325-08

OSID:



Effects of Reduced Nitrogen Fertilizer on Tomato Rhizosphere Soil Microbial Community Structure under Short-term Rotation Patterns

Yang Qiliang^{1,2} Ma Xiaogang¹ Cheng Minghui^{1,2} Wang Haidong^{1,2} Liang Jiaping^{1,2} Liu Yanwei^{1,2}

(1. Yunnan Key Laboratory of Efficient Utilization and Intelligent Control of Agricultural Water Resources, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, China

2. Yunnan International Joint Laboratory of Intelligent Agricultural Engineering Technology and Equipment, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, China)

Abstract: Aiming to explore the effects of short-term rotation of tomato at different nitrogen application rates on the structure of soil microbial communities in dry-hot regions of Yunnan, a rotation-subsequent crop experiment was conducted from 2023 to 2025, with four rotation systems (corn - tomato (CT), soybean - tomato (ST), peanut - tomato (PT), and tomato - tomato (TT)) and three nitrogen levels (50% (N1), 75% (N2), and 100% (N3) of the conventional nitrogen rate) established for each crop. Amplicon sequencing based on Illumina sequencing technology was employed to explore the responses of soil microbial communities to different rotation patterns at varying nitrogen rates. The results showed that the soil bacterial communities of all treatments were dominated by Proteobacteria,

收稿日期: 2026-01-05 修回日期: 2026-02-27

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(52379041)、云南省基础研究重大项目(202501BC070015)和国家自然科学基金青年项目(52509059)

作者简介: 杨启良(1978—),男,教授,博士,主要从事季节性旱区农业水资源高效利用研究,E-mail: yangqilianglovena@163.com

通信作者: 程铭慧(1992—),女,讲师,博士,主要从事作物水肥高效利用研究,E-mail: chengmhuai@126.com

Chloroflexota, Actinobacteriota and Acidobacteriota at harvest, while the fungal communities were dominated by Ascomycota. At the genus level, *Fusarium* was the most dominant fungal genus of all treatments. The relative abundance of *Fusarium* was the highest under TT treatment and increased with the increase of nitrogen rate (TTN3: 44.47%), while relatively low abundances were observed under STN2 (14.76%) and PTN1 (14.71%) treatments. In addition, the variation trends of its relative abundance with nitrogen rates differed among different rotation treatments. The relative abundance of *Trichoderma*, a beneficial fungal genus, was the highest under CTN1 treatment (11.36%). Rotation significantly increased the diversity of soil microbial communities, and the Shannon and Simpson indices of bacteria and fungi under STN2 treatment both reached the maximum values, which were significantly higher than those of other treatments. In contrast, the Shannon indices of bacteria and fungi under TT treatment were significantly lower than those under rotation treatments, and both exhibited a trend of first increasing and then decreasing with the increase of nitrogen rate. There were significant differences in the bacterial community structure between different rotation and continuous cropping treatments ($P=0.001$, $R^2=0.398$, stress was 0.127), while no significant differences were observed in the fungal community structure ($P=0.597$, $R^2=0.308$, stress was 0.197). Rotation significantly increased tomato yield, and under the same rotation pattern, it was increased first and then decreased with the increase in nitrogen rate. Compared with TT treatment, the yield of rotation treatments significantly increased by an average of 3.19%, and CTN2 treatment achieved the highest yield (116.6 t/hm²). In conclusion, short-term continuous cropping may increase the risk of continuous cropping obstacles, while short-term rotation was conducive to inhibiting the proliferation of pathogenic bacteria, improving the structure of soil microbial communities, and thereby increasing tomato yield, which can provide a theoretical basis for the sustainable agricultural development in this region.

Key words: tomato; microbial community structure; yield; rotation; reduced nitrogen

0 引言

土壤是生态系统的重要组成部分,也是支撑人类生存与发展的基础资源,在维持生态功能、保障粮食生产、调节气候以及保护环境等方面发挥不可替代的作用^[1]。因此,维持土壤健康与提升土壤质量,是实现作物高产稳产和维持生态系统功能多样性的重要基础^[2]。云南省元谋县地处干热河谷区,光热资源丰富,是我国重要的冬早蔬菜生产区,其中番茄是当地冬季露天种植的主栽作物,然而,长期集约化和规模化的连作模式,显著降低了土壤微生物多样性与肥力,从而削弱土壤应对环境压力的韧性^[3]。这不仅制约了番茄产业的可持续发展,也对区域农业生态安全构成威胁。因此,探索适用于干热区、能够协同提升土壤健康与作物产量的可持续农田管理策略,是当前农业工程领域亟待解决的关键问题^[4]。

轮作通过增强作物多样性和互补性,已成为改善土壤微生态、缓解连作障碍最为经济有效的策略之一^[5],对作物产量和土壤质量的积极效应随时间推移不断增强^[6]。轮作作物种类被认为具有调节和塑造土壤微生物活性潜力,因为不同作物种类对进入土壤的有机物质数量和质量起着关键作用^[7]。已有研究表明,与豆科作物轮作能通过生物固氮降低后续作物对合成肥料的需求(30%~50%),改善

土壤物理性质,以及提升后续作物产量和生态系统服务功能^[8]。而禾本科作物轮作则可通过庞大的根系改善土壤物理结构,促进有益微生物活动。然而,现有研究多集中于长期轮作模式的效应评估,对于短期(单季)轮作能否在更灵活的生产周期内快速、有效打破病原菌富集态势,以及不同轮作作物对土壤微生物群落及其功能的调控作用,目前尚缺乏系统论证。

无机氮肥可快速提供植物生长所需的可吸收氮素,进而影响微生物群落规模和组成^[9],最终提升产量潜力^[10]。研究表明,氮肥输入会影响微生物群落结构,其变化幅度既与植物群落对养分输入的响应强度相关^[11],也与植物种类密切相关^[12]。然而,氮添加对土壤微生物多样性影响的结论存在不一致^[13]。荟萃分析表明,过量施氮会在全球尺度上降低微生物功能群(如细菌和真菌)生物量及微生物呼吸作用^[14]。但在农业生态系统中,氮肥施用反而能增加微生物生物量,且这种正向效应会随试验时间延长而增强^[15]。此外,Li等^[16]研究表明,施用化学氮肥与磷肥对土壤微生物多样性未产生显著影响。目前全球氮肥过量施用导致的土壤污染问题日益严重,研究氮肥减施在短期轮作系统对土壤微生物群落结构的影响,对于维护农田生态系统的健康与可持续发展具有重要意义。

综上,轮作作物与施氮均会对土壤微生物群落

结构产生影响,进而影响作物产量。但现有研究多聚焦长期轮作或施氮的单一效应,对“短期轮作×氮肥减施”的耦合效应,特别是在干热区生态条件下,通过两者耦合精准调控根际土壤微生物群落结构,进而影响后茬作物产量的机制仍不明晰。基于此,本研究通过大田番茄试验,系统探究玉米/花生/大豆-番茄短期轮作下氮肥减施对番茄收获期根际土壤微生物群落结构以及产量的综合影响,以期为该地区轮作模式合理设置、资源高效利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于 2023—2025 年在云南省楚雄彝族自治州元谋县昆明理工大学季节性旱区水-土-作物系统云南省野外科学观测研究站(25°42'N,101°52'E,海拔 1 169 m)进行。该地区属于干热河谷气候,年均气温 21.5℃,年均降雨量 621.8 mm,年蒸发量 3 627 mm。土壤类型为红壤土,pH 值为 7.41,0~20 cm 土层硝态氮含量为 10.87 mg/kg,铵态氮含量为 13.18 mg/kg,有效磷含量为 60.00 mg/kg,速效钾含量为 281.10 mg/kg,电导率为 211.83 μS/cm。

1.2 试验设计

采用轮作和施氮量双因素随机试验设计,设置 4 种轮作模式:玉米-番茄(CT)、大豆-番茄(ST)、花生-番茄(PT)、番茄-番茄(TT),每种轮作模式和后茬番茄试验均设 3 个施氮水平:常规施氮量的 50%(N1)、75%(N2)和 100%(N3),每个处理重复 3 次,每茬均设置 12 个处理。小区面积为 49.725 m²(4.25 m×11.7 m)。供试玉米、大豆、花生和番茄品种分别为“泰阳花六号”“辽豆 48 号”“云南七彩”“格麗”,各作物推荐施氮量分别为 180、75、150、300 kg/hm²。氮肥均使用巴斯夫速溶美滋 45(稳定性酰胺态氮),总氮含量大于等于 45%。同一作物磷肥和钾肥施加量相同且均作为追肥进行施加。为保证幼苗存活率,花生、大豆、玉米播种后灌 5 mm 水,番茄移栽时灌 20 mm 水。全生育期各处理灌水依据为 75%ETc(ETc 为作物蒸发蒸腾量),大约每 7 d 灌溉 1 次,灌水量为灌水当日前 7 d ETc 之和,再减去 7 d 内有效降雨量。采用 FAO Penman-Monteith 公式计算作物需水量,番茄各生育期作物系数分别为:苗期 0.45、生长期 0.89、开花期 1.06、结果期 0.93^[17];玉米:苗期 0.5、拔节期 0.8、抽雄期 1.1、灌浆期 1^[18];大豆:苗期 0.4、花期 1.12、结荚期 1.12、鼓粒期 1.05^[19];花生:苗期 0.5、开花下针期 0.9、结荚期 0.7、鼓粒期 0.7^[20]。轮作作物种植日

期为 2024 年 4 月 20 日,收获日期除花生为 2024 年 8 月 25 日外,其他作物均为 2024 年 8 月 1 日。番茄于 2024 年 9 月 12 日移栽,但因元谋县持续强降雨,番茄生长中期爆发严重晚疫病,因此于 2025 年 1 月 28 日重新移栽番茄,于同年 5 月收获。试验期间各作物种植株行距、磷钾肥施用、中耕除草及病虫害防治等均与当地大田管理方式一致。

1.3 样品采集与测定

(1)土壤样品:在各处理随机选取 3 个样点,利用无菌手套和冻存管收集植株根际(0~20 cm)鲜土样,充分混合后形成混合土样,并用干冰保存,通过 Illumina 测序仪用 16SrRNA 二代测序以及 ITS 二代测序分别进行土壤细菌、真菌组成及多样性的定量分析,每个混合土样测定 3 个重复。

(2)产量:在每个处理中随机选取 5 株番茄进行标记,依次采摘 1~4 穗的成熟果实累计得到单株总产量。

1.4 测序与生物信息分析

Illumina 测序平台以 PE250 模式测序,经 FLASH 软件拼接双端序列和 QIIME2 软件完成质控过滤;随后开展 ASV 聚类,基于 SILVA 数据库分类器进行物种分类学注释,同时对特征序列进行多重比对并构建进化树,再以数据量最少的样本为标准进行均一化重抽样。在此基础进行测序深度检测和 α、β 多样性指数分析;基于分类学信息,在门、属等分类水平上统计微生物群落结构组成。

1.5 统计分析

通过 IBM SPSS 26.0 软件进行统计分析,利用双因素方差分析不同轮作模式和施氮量处理下土壤细菌、真菌 α 多样性和产量差异,并用 LSD 法进行多重比较。以 Pearson 相关法分析不同处理产量、土壤微生物间的关系。

2 结果与分析

2.1 根际土壤微生物群落测序评估与稀释性曲线

根际土样中细菌和真菌分别共获得 4 103 372 和 4 108 802 对原始序列。12 个土样细菌、真菌序列经优化后平均长度分别为 292 和 364。经筛选得到细菌有效序列数为 572 427~57 380,真菌有效序列数为 55 441~57 430,细菌 ASV 数为 1 440~1 774,真菌 ASV 数为 215~363。样品数据有效率大于 99.7%,原始数据利用率高,ASV 序列质量极佳,且 24 组样品的稀释性曲线趋于平缓(图 1),表明样品序列足够充分,具备进行后续分析的条件。

2.2 根际土壤细菌和真菌 ASV 分析

细菌 ASV 数目最多的前 4 个处理分别为

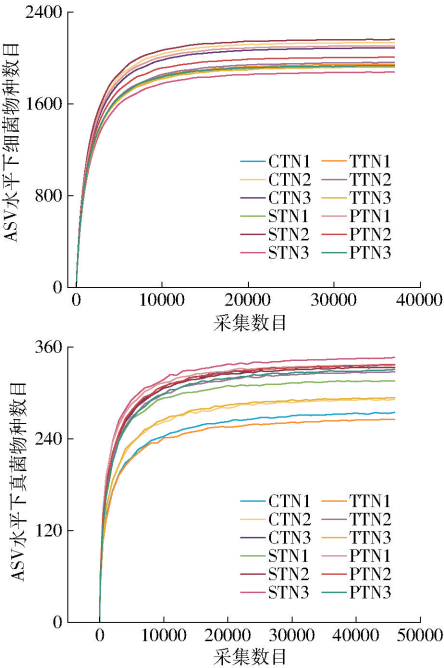


图1 收获期根际土壤微生物稀释性曲线

Fig.1 Rarefaction curves of rhizosphere soil microorganisms at harvest

STN2、PTN1、PTN3 和 TTN3。STN2 处理真菌 ASV 数目最高,其次是 PTN1 和 PTN3,而 TTN2 处理细菌和真菌 ASV 数目均达到最低(图 2)。

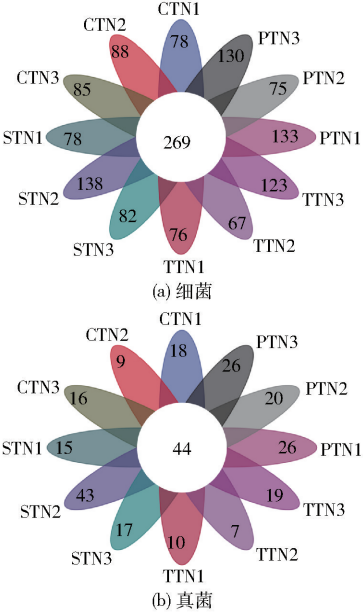


图2 根际土壤细菌和真菌的 ASV - Venn 图

Fig.2 ASV - Venn diagrams of bacteria and fungi in rhizosphere soil

2.3 根际土壤细菌和真菌门水平相对丰度

根际土壤样品中共获得 47 个细菌门类和 11 个真菌门类(图 3)。由图 3a 可知,变形菌门(Proteobacteria)是细菌最大优势菌门,CTN1 处理相对丰度最大(31.42%)。绿弯菌门(Chloroflexota)在 CTN3 处理相对丰度最大(22.08%),较最低处理

PTN2 增加 18.77%。放线菌门(Actinobacteriota)在 STN3 处理相对丰度最大(13.20%),CTN2 处理最低(9.15%)。TT 处理酸杆菌门(Acidobacteriota)相对丰度均高于其他处理,PT 处理酸杆菌门相对丰度均随施氮量增加呈下降趋势,ST 处理呈增长趋势,而 CT 与 TT 处理则呈先增后减趋势。由图 3b 可知,子囊菌门(Ascomycota)为最大优势真菌菌门,且各处理间相对丰度差异较明显,TTN3 处理相对丰度最高(69.22%),PTN1 最低(40.01%)。

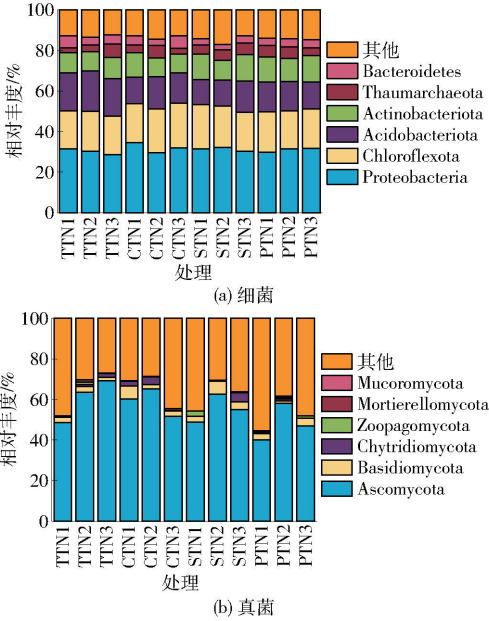


图3 根际土壤细菌和真菌门水平相对丰度

Fig.3 Relative abundances of soil bacterial and fungal taxa at phylum level in rhizosphere soil

2.4 根际土壤细菌和真菌属水平相对丰度

根际土壤样品中共获得 1 004 个细菌属和 316 个真菌属(图 4)。由图 4a 可知,各处理鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)相对丰度均占一定优势,其中 TTN3 处理相对丰度最高(4.10%),STN1 处理最低(1.50%),该菌属相对丰度在各个轮作处理均随施氮量增加而增加。由图 4b 可知,子囊菌门中的木霉属(*Trichoderma*)相对丰度在 CTN1 处理获得最大(11.36%),其次是 CTN2 处理(3.79%)。土壤病原菌—镰刀菌属(*Fusarium*)是占比最大的优势真菌菌属,TT 处理相对丰度占比较高,且随施氮量增加而增加,其中 TTN3 处理达到最高(44.47%),且在 STN2(14.76%)和 PTN1(14.71%)处理均较低。

2.5 根际土壤微生物 α 多样性

轮作、施氮量以及两者交互作用对番茄收获期根际土壤细菌和真菌 α 指数均存在显著影响(图 5, H 表示轮作, N 表示施氮水平, H × N 表示两者交互作用。不同小写字母表示处理间差异显著(0.01 ≤ *P* < 0.05), ** 表示显著性水平 *P* < 0.01, *** 表示

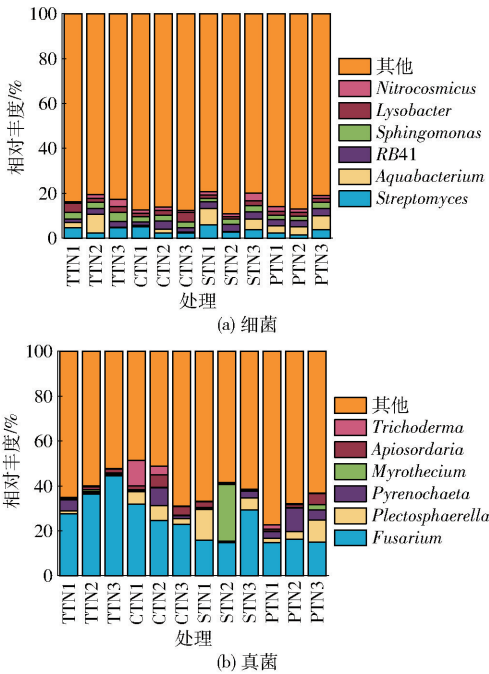


图 4 根际土壤细菌和真菌属水平相对丰度

Fig.4 Relative abundances of soil bacterial and fungal taxa at genus level in rhizosphere soil

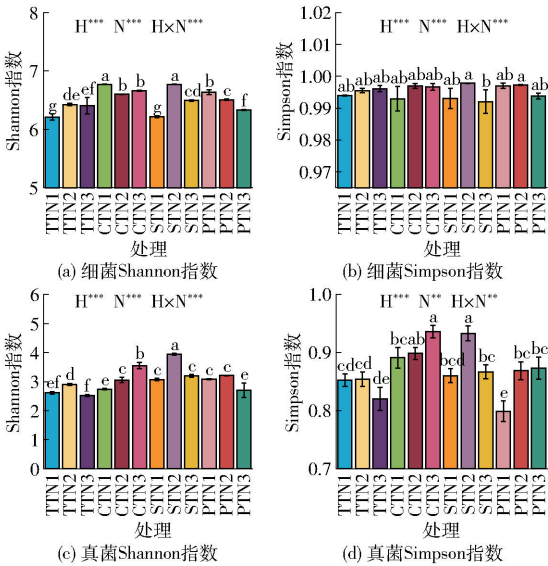


图 5 根际土壤微生物 α 多样性

Fig.5 α -diversity of microorganisms in rhizosphere soil

显著性水平 $P < 0.001$,下同)。ST、CT、TT 处理细菌、真菌 Shannon 指数以及 PT 处理真菌 Shannon 指数均随施氮量增加呈先增后减趋势。PT 处理真菌 Simpson 指数与施氮量呈正相关,而 PT 处理细菌 Shannon、Simpson 指数均随施氮量增加而降低。TT 处理细菌 Simpson 指数与施氮量呈正相关,而真菌 Simpson 指数与施氮量呈负相关。细菌和真菌 Shannon 指数均在 STN2 处理达到最大值,分别比 TTN1 处理提高 9.02% 和 50.57%。细菌 Simpson 指数除 STN2、STN3 和 PTN2 处理间存在显著性差异外,其他处理间均无差异。

2.6 根际土壤微生物群落 β 多样性

NMDS 分析结果表明,细菌群落应力为 $0.127 < 0.2$,表明土壤细菌群落多样性 NMDS 分析果可信度较高,经 PERMANOVA 检验分析后得到 $P = 0.001 < 0.05$, R^2 为 0.398 (图 6a),进一步表明各处理间细菌群落结构差异具有统计学显著性。而真菌群落应力为 0.197 (临界值),基本能反映数据间的关系 (图 6b),经 PERMANOVA 检验分析后得 $P = 0.597 > 0.05$, R^2 为 0.308,表明在不同处理间,土壤真菌群落整体结构无统计学显著性差异。

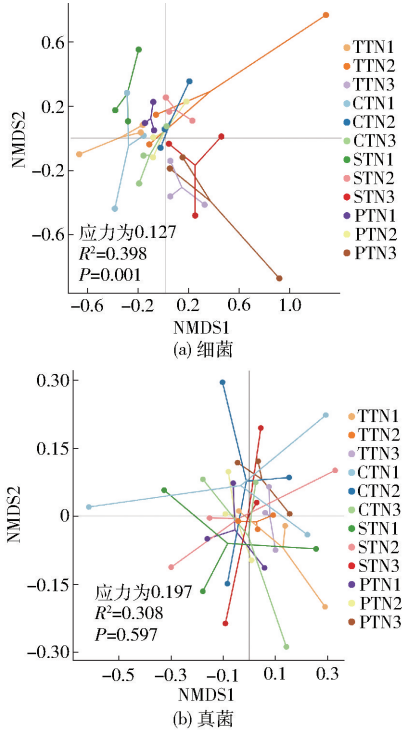


图 6 根际土壤细菌和真菌 β 多样性

Fig.6 β -diversity of bacteria and fungi in rhizosphere soil

2.7 番茄产量

轮作、施氮量以及两者交互作用对番茄产量均有极显著影响 (图 7)。TT 处理产量显著低于其他轮作处理 (除 STN3),且在低氮处理获得最低产量 (TTN1, 109.7 t/hm²)。同一轮作处理下,番茄产量均随施氮量增加呈先增后减趋势,且均在 N2 处理下获得最大值,其中 CTN2 处理获得最高产量 (116.6 t/hm²),比 TTN1 处理显著提高 6.52%。与 TT 处理相比,轮作处理产量平均显著增加 3.19%。

2.8 相关性分析

酸杆菌门相对丰度与鞘氨醇单胞菌属相对丰度呈显著正相关,与镰刀菌属相对丰度呈极显著正相关,与番茄产量呈极显著负相关 (图 8,图中 * 表示显著性水平 $P < 0.05$)。放线菌门相对丰度与细菌 Simpson 指数呈显著负相关。鞘氨醇单胞菌属相对丰度与镰刀菌属相对丰度呈极显著正相关,与番茄

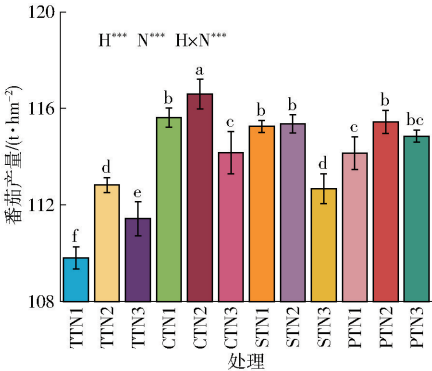


图 7 不同处理对番茄产量的影响

Fig. 7 Effects of different treatments on tomato yield

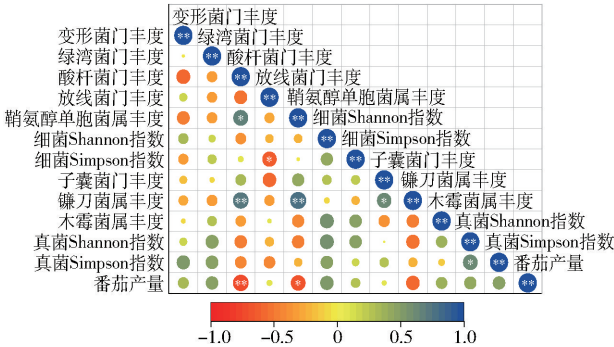


图 8 土壤微生物和产量相关性分析

Fig. 8 Correlation analysis of soil microorganisms and yield

产量呈显著负相关。子囊菌门相对丰度与镰刀菌属相对丰度呈显著正相关。真菌 Shannon 指数和真菌 Simpson 指数呈显著正相关。

3 讨论

微生物 α 多样性指数的变化反映了不同轮作作物根际微生境差异。本研究结果表明,除 TTN3 处理,轮作处理细菌、真菌 Shannon 指数和 ASV 数目均比 TT 处理高。不同作物种植管理对细菌群落结构具有显著调控作用。已有研究结果也表明,在烟草-水稻轮作体系中,土壤细菌 OTU 数量显著高于连作处理,物种丰富度明显提升^[21]。而不同施氮水平下,番茄收获期土壤细菌与真菌 α 多样性指数均无显著差异^[22],本研究结果与之存在一定差异,本研究结果表明细菌 Simpson 指数仅在 STN2、STN3 与 PTN2、PTN3 处理组间表现出显著差异,其余细菌 α 多样性指标及全部真菌 α 多样性指标在各处理间均存在显著差异。CT、ST 和 PT 轮作处理在减氮 (N1、N2) 处理下表现出更高的微生物 α 多样性,可能是由于玉米须根系或豆科固氮根瘤构建了较高的空间异质性、资源丰富的根际微域,多样化生态位为细菌提供生存空间,削弱单一物种竞争优势,进而提升群落丰富度与均匀度,而 TT 处理根际环境较单一,物种竞争格局趋于固化,限制了细菌多

样性。

本研究结果表明,变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、放线菌门均为细菌群落中优势门类,这一结果与王静等^[23]对土壤细菌的研究结果基本一致,此外,子囊菌门在真菌群落中占据主导地位,可能是由于番茄轮作系统下土壤优势微生物类群具有较强稳定性^[24]。TT 处理酸杆菌门相对丰度显著高于其他轮作组,ST 处理最低。酸杆菌门作为参与植物残体降解、铁循环及单碳代谢的重要菌群^[25],常被视为土壤贫瘠程度的指示菌门。本研究中,TT 处理中酸杆菌门相对丰度最高,表明其土壤质量相对较差;而 STN1、STN2 处理下该菌门相对丰度最低,表明其土壤质量最优,该结果与前人相关研究极其相似^[26]。根据图 8 可知,酸杆菌门相对丰度还与番茄产量呈极显著负相关。此外,TT 处理子囊菌门相对丰度不仅随施氮量增加而增加,除 TTN1 处理外,TT 组中其他处理均高于其他轮作处理,原因可能是因为长期单一种植导致土壤微环境定向演替,为子囊菌门生长繁殖提供了适宜条件。同时,土壤残留养分促进了子囊菌门中特定功能菌群(病原菌)富集。与 TT 处理不同的是各轮作组处理间子囊菌门相对丰度均随施氮量增加呈先增后减趋势,与邓德雷等^[27]开展的施氮量对马铃薯根际真菌群落影响的研究结果基本一致,说明不同轮作处理下,适量施氮对子囊菌门相对丰度具有积极作用,而氮肥不足或过量均会抑制其生长。

木霉菌属能分泌多种胞外酶,高效分解植物残体。本研究结果表明各轮作处理相对丰度均高于连作处理,而各轮作处理镰刀菌属相对丰度均显著低于番茄连作。这是由于番茄连作可促使根系分泌并积累强性酚酸类物质,这类物质会抑制木霉菌等有益真菌活性^[28],而单个轮作周期也会对病原菌造成抑制作用^[29]。此外,木霉菌与镰刀菌相对丰度呈负相关(图 8),进一步说明连作促进了镰刀菌增殖^[30],抑制了木霉菌活性。

作物产量是土壤微生态系统功能的最终体现。本研究中,番茄连作处理产量最低,这与土壤病原菌(镰刀菌)高负载密切相关。镰刀菌等病原菌通过侵染根系阻碍养分吸收,抑制作物生长,从而降低作物产量^[31]。CTN2 处理获得最高产量,可能是由于玉米茬改善了土壤物理结构和有机质状况,创造了更健康的根际微生态^[32];其次是减氮处理(N2),既满足了番茄关键生育期的氮素需求,又避免了高氮对土壤环境与微生物区系的负面干扰,实现了“以根养土、以氮调微、以微促产”的协同增益。这印证了李威^[33]的观点,即轮作优势在于通过差异化调控

土壤环境,促进作物生长发育。

4 结束语

土壤微生物群落对轮作与氮肥互作响应显著,细菌群落中以变形菌门、绿弯菌门、放线菌门和酸杆菌门为优势菌门,真菌群落中子囊菌门占绝对优势。在属水平下,镰刀菌属为各处理的最大优势真菌菌属,TT 处理相对丰度占比最高且随施氮量增加而增加,STN2 和 PTN1 处理占比均较低,且不同轮作处理下,其相对丰度占比随施氮量变化趋势存在差异。CTN1 处理真菌有益菌属木霉菌相对丰度占比(11.36%)最高。轮作显著提高了微生物群落多样

性,STN2 处理细菌、真菌 Shannon、Simpson 指数均达到最高,且显著高于其他处理。而 TT 处理细菌、真菌 Shannon 指数显著低于轮作处理,且均随施氮量增加呈先增后减趋势。同一轮作模式下,番茄产量随施氮量增加呈先增后减趋势。与 TT 处理相比,轮作处理产量显著增加 3.19%,CTN2 处理获得最高产量(116.6 t/hm²)。综上所述,番茄短期轮作结合氮肥减施可改善土壤微生物群落结构及抑制病原菌增殖,其中大豆-番茄(STN2)处理微生物丰富度和多样性最高,玉米-番茄(CTN2)处理增产效果最佳。研究结果为云南干热河谷区实现番茄可持续生产提供了理论依据与实践策略。

参 考 文 献

[1] Creamer R E, Barel J M, Bongiorno G, et al. The life of soils: integrating the who and how of multifunctionality[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2022, 166: 108561.

[2] Lehmann J, Bossio D A, Kogel-Knabner I, et al. The concept and future prospects of soil health[J]. Nature Reviews Earth & Environment, 2020, 1(10): 544 – 553.

[3] Chellemi D O, Rosskopf E N, Kokalis-Burelle N. The effect of transitional organic production practices on soilborne pests of tomato in a simulated microplot study[J]. Phytopathology, 2013, 103(8):792 – 801.

[4] Zhai L C, Wang Z B, Zhai Y C, et al. Partial substitution of chemical fertilizer by organic fertilizer benefits grain yield, water use efficiency, and economic return of summer maize[J]. Soil & Tillage Research, 2022, 217: 105287.

[5] 陈丹梅, 段玉琪, 杨宇虹, 等. 轮作模式对植烟土壤酶活性及真菌群落的影响[J]. 生态学报, 2016, 36(8): 2373 – 2381.

Chen Danmei, Duan Yuqi, Yang Yuhong, et al. Influence of crop rotation on enzyme activities and fungal communities in flue-cured tobacco soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(8): 2373 – 2381. (in Chinese)

[6] Wu H, Liu E K, Jin T, et al. Crop rotation increases Tibetan barley yield and soil quality on the Tibetan Plateau[J]. Nature Food, 2025, 6(2): 1 – 10.

[7] Raphael J P A, Calonego J C, Milori D M B P, et al. Soil organic matter in crop rotations under no-till[J]. Soil & Tillage Research, 2016, 155: 45 – 53.

[8] Notz I, Topp C F E, Schuler J, et al. Transition to legume-supported farming in Europe through redesigning cropping systems[J]. Agronomy for Sustainable Development, 2023, 43(1):1 – 16.

[9] Daniel M M, Lopez-Orona C A, Martinez-Gallardo J A, et al. Relationship between tomato (*Solanum lycopersicum*) nutrition and the severity of the *Vascular fusariosis*[J]. Agricultural Sciences, 2023, 14: 570 – 583.

[10] Han X X, Gang Q, Liu Q G. Nitrogen enhancement amplifies the precipitation-driven productivity allocation pattern in temperate and alpine grasslands[J]. Science of the Total Environment, 2025, 1002: 180483.

[11] Leff J W, Jones S E, Prober S M, et al. Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112(35): 10967 – 10972.

[12] Rocha K F, Kuramae E E, Borges B M F, et al. Microbial N-cycling gene abundance is affected by cover crop specie and development stage in an integrated cropping system[J]. Archives of Microbiology, 2020, 202(7): 2005 – 2012.

[13] Zhou Z H, Wang C K, Luo Y Q. Meta-analysis of the impacts of global change factors on soil microbial diversity and functionality[J]. Nature Communications, 2020, 11(1): 3072.

[14] Zhang T A, Chen H Y H, Ruan H H. Global negative effects of nitrogen deposition on soil microbes[J]. The ISME Journal, 2018, 12(7): 1817 – 1825.

[15] Geisseler D, Scow K M. Long-term effects of mineral fertilizers on soil microorganisms-a review[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 75: 54 – 63.

[16] Li Z P, Wu X C, Chen B Y. Changes in transformation of soil organic C and functional diversity of soil microbial community under different land uses[J]. Agricultural Sciences in China, 2007, 6(10): 1235 – 1245.

[17] 龚雪文, 刘浩, 孙景生, 等. 基于双作物系数法估算不同水分条件下温室番茄蒸发蒸腾量[J]. 应用生态学报, 2017, 28(4): 1255 – 1264.

Gong Xuewen, Liu Hao, Sun Jingsheng, et al. Modeling evapotranspiration of greenhouse tomato under different water conditions based on the dual crop coefficient method[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2017, 28(4):1255 – 1264.

(in Chinese)

- [18] Picinni G, Ko J, Marek T, et al. Determination of growth-stage-specific crop coefficients (KC) of maize and sorghum[J]. *Agricultural Water Management*, 2009, 96(12): 1698 – 1704.
- [19] 王辛. 滴灌水肥一体化条件下不同水氮用量对大豆增产减排效应的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2024.
Wang Xin. Study on the effects of water and fertilizer regulation on water and nitrogen utilization, yield increase and emission reduction of drip irrigated soybean[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2024. (in Chinese)
- [20] Pahalwan D K, Tripathi R S. Irrigation scheduling based on evaporation and crop water requirement for summer peanuts[J]. *Peanut Science*, 1984, 11(4): 4 – 6.
- [21] Wang P, Yan S, Zhang W S, et al. Effect of soil management systems on the rhizosphere bacterial community structure of tobacco: continuous cropping *vs.* paddy-upland rotation[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 996858.
- [22] 杨祺. 氮肥施用对番茄根系分泌物及微生物多样性的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2023.
Yang Qi. Effects of nitrogen fertilizer application on root exudates and microbial diversity of tomato[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2023. (in Chinese)
- [23] 王静, 程昱润, 肖国举, 等. 宁夏银北不同草田轮作模式对细菌群落组成特征的影响[J]. *农业机械学报*, 2021, 52(7): 283 – 292.
Wang Jing, Cheng Yurun, Xiao Guojun, et al. Effect of grass-crop rotation patterns on soil bacterial community composition in northern Ningxia[J]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2021, 52(7): 283 – 292. (in Chinese)
- [24] 肖力婷, 杨慧林, 赖政, 等. 稻田土壤微生物群落对稻蟹共作模式的响应特征[J]. *农业工程学报*, 2022, 38(24): 102 – 109.
Xiao Liting, Yang Huilin, Lai Zheng, et al. Response characteristics of soil microbial communities in paddy fields to rice-turtle integrated system[J]. *Transactions of the CSAE*, 2022, 38(24): 102 – 109. (in Chinese)
- [25] 程扬, 刘子丹, 沈启斌, 等. 秸秆生物炭施用对玉米根际和非根际土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态环境学报*, 2018, 27(10): 1870 – 1877.
Cheng Yang, Liu Zidan, Shen Qibin, et al. The effect of straw biochar application on the microbial community structure in the rhizosphere and non-rhizosphere soil of maize[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2018, 27(10): 1870 – 1877. (in Chinese)
- [26] 姜伟, 白红梅, 薛国萍, 等. 基于高通量测序的设施连作果类菜根际土壤细菌群落结构和多样性分析[J]. *华北农学报*, 2021, 36(4): 82 – 89.
Jiang Wei, Bai Hongmei, Xue Guoping, et al. Analysis of bacterial community structure and diversity in rhizosphere soil of different fruit vegetables in greenhouse continuous cropping on high-throughput sequencing[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2021, 36(4): 82 – 89. (in Chinese)
- [27] 邓德雷, 罗超越, 邱慧珍, 等. 连续施用不同氮量对半干旱地区马铃薯根际真菌群落结构的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2020, 38(1): 50 – 58.
Deng Delei, Luo Chaoyue, Qiu Huizhen, et al. Effects of continuous application of different nitrogen rates on fungal community structure in potato rhizosphere in semi-arid area of Gansu Province[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2020, 38(1): 50 – 58. (in Chinese)
- [28] 孙小涵. 酚酸对生防哈茨木霉抑菌酶分泌及根内定殖的影响[D]. 银川: 宁夏大学, 2021.
Sun Xiaohan. Effects of phenolic acid on the secretion of fungicidal enzymes of *Trichoderma harzianum* and its colonization in watermelon roots[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2021. (in Chinese)
- [29] 徐大兵, 孙玉晓, 夏鹏亮, 等. 短期烤烟-玉米轮作对土壤酶活性、微生物群落结构及物质代谢的影响[J]. *湖北农业科学*, 2025, 64(10): 27 – 36.
Xu Dabing, Sun Yuxiao, Xia Pengliang, et al. Effects of short-term flue-cured tobacco – maize rotation on soil enzyme activities, microbial community structure, and substance metabolism[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2025, 64(10): 27 – 36. (in Chinese)
- [30] Li X G, Chen D L, Carrión V J, et al. Acidification suppresses the natural capacity of soil microbiome to fight pathogenic *Fusarium* infections[J]. *Nature Communications*, 2023, 14(1): 6188.
- [31] Beltrán B M, Delgado O J C, Valdivia F A G, et al. First report of *Fusarium equiseti* causing root and crown rot in tomato in Mexico[J]. *Plant Disease*, 2023, 107: 2542.
- [32] 刘彦荣, 康亚龙, 冉辉, 等. 长期连作对加工番茄光合特性和产量的影响[J]. *石河子大学学报(自然科学版)*, 2015, 33(1): 54 – 59.
Liu Yanrong, Kang Yalong, Ran Hui, et al. Effect of long-term continuous cropping system on leaf photosynthetic characteristics and yield of processing tomato[J]. *Journal of Shihezi University(Natural Science)*, 2015, 33(1): 54 – 59. (in Chinese)
- [33] 李威. 冬闲季节轮作叶菜对大棚番茄栽培有机基质重复利用效果研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011.
Li Wei. Effect of rotating different leaf vegetables with tomato during winter fallow season under plastic tunnel on reuse of continuous cropping organic substrate[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2011. (in Chinese)