



## 不同蔬菜与番茄轮作对设施土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响

刘会芳, 韩宏伟, 王强, 庄红梅, 王浩\*

新疆农业科学院园艺作物研究所, 新疆 乌鲁木齐 830091

**摘要:** 【目的】番茄是一种受连作障碍影响明显的蔬菜作物, 本试验旨在研究不同蔬菜作物与番茄轮作后对设施土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响, 以期筛选出适宜与番茄轮作的蔬菜作物, 为从设施栽培模式选择角度缓解或避免番茄连作障碍提供理论依据。【方法】试验以连续两茬种植番茄后分别种植大白菜(A)、黄瓜(B)、辣椒(C)、茄子(E)、秋葵(F)、西葫芦(G) 6种作物为不同处理, 以继续种植番茄(D)和休耕闲置土壤(H)为对照, 采用16S rRNA和真菌ITS区测序、同时测定土壤酶活性、pH值、有机质含量、速效氮、磷、钾含量, 研究不同蔬菜作物与番茄轮作对土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响。【结果】种植作物土壤细菌和真菌多样性指数均显著高于闲置土壤(H); 番茄连作与轮作土壤中的细菌门水平群落结构比较固定, 但不同物种的丰度差异较大。真菌对于环境变化的响应比细菌更加敏感, 轮作各样本间真菌群落结构差异明显大于细菌群落结构, 在物种丰度和门水平上均存在较大差异; 轮作茄子和大白菜显著增加了土壤中硝化细菌[亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*)、亚硝化螺菌属(*Nitrosospira*)]的丰度; PCA分析表明轮作茄子和空白闲置土壤细菌和真菌的群落结构与其他处理的差异较大; 轮作不同作物土壤酶活性差异显著, 但变化规律不明显。轮作大白菜、黄瓜和空白闲置土壤过氧化氢酶活性显著高于番茄连作和轮作其他作物。不同蔬菜轮作土壤肥力主成分分析结果表明土壤pH值、有机质、速效氮与速效磷是主要贡献因子, 综合肥力排名第一的为空白土样, 其次为轮作黄瓜的土样, 综合肥力最低的为轮作茄子土样。【结论】种植作物可以显著提高土壤微生物多样性; 轮作茄子和大白菜显著增加了土壤中硝化细菌的丰度, 有利于土壤中氮素代谢和利用; 轮作黄瓜和大白菜, 显著提高土壤中过氧化氢酶的活性, 有利于降低番茄连作产生的自毒作用。因此综合分析认为, 茄子、黄瓜和大白菜是避免或缓解番茄连作障碍的潜在优势轮作作物。

**关键词:** 番茄, 连作与轮作, 土壤微生物, 酶活性

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFD0201005)

\*通信作者。E-mail: Wanghao183@163.com

收稿日期: 2020-03-11; 修回日期: 2020-06-28; 网络出版日期: 2020-09-25

番茄(*Lycopersicon esculentum* Mill.)是设施栽培中重要的蔬菜作物之一<sup>[1-2]</sup>,经济效益较高,因而往往连作,但番茄连作会使土壤微生物群落结构、酶活性及土壤理化性状发生变化,根际微生态平衡失调,有害微生物逐渐富集<sup>[3]</sup>,导致土壤微生物种群结构失衡,土壤质量下降,番茄产量和品质下降<sup>[4-5]</sup>,连作障碍已成为设施番茄栽培生产中普遍存在的重要问题。轮作、间作和套种能有效增加土壤中细菌数量,降低真菌数量,使土壤微生态得到极大改善,同时提高土壤酶活性,促进作物生长发育,对减轻连作障碍效果显著<sup>[6-10]</sup>。为此,本研究从土壤微生态角度出发,探讨设施不同蔬菜与番茄轮作对土壤微生物群落结构及酶活性的影响,筛选适宜与番茄轮作的蔬菜作物,为有效避免或缓解番茄连作障碍提供理论依据,对设施蔬菜产业可持续发展具有重要科学意义。

## 1 材料和方法

### 1.1 样品采集及试验处理

试验在新疆吐鲁番市高昌区地二堡乡(N42°52'55.65", E89°32'34.58")的设施日光温室内进行,土壤类型为灰漠土,温室内种植地面积为720 m<sup>2</sup>(长×宽=90 m×8 m)。在连续两茬种植番茄后,分别种植番茄、辣椒、黄瓜、大白菜、茄子、秋葵、西葫芦等7种常见蔬菜作物,以闲置土壤为空白对照(CK)。

于盛果期分别采集不同蔬菜作物的根际土壤。每个处理随机选择5株,将作物连根拔起后,抖落到报纸上,去除石子、根系等杂物,混匀后过筛。将每个处理样品分成两份,一份装入冻存管中,迅速放入液氮中保存用于土壤微生物基因组DNA提取,另一份自然风干,用于土壤酶活性测定。

### 1.2 试验方法

**1.2.1 DNA提取和PCR扩增:**根据OMEGA试剂盒E.Z.N.A™ Mag-Bind Soil DNA Kit说明书对土壤总DNA进行提取,DNA浓度和纯度利用NanoDrop2000进行检测,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量;用341F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')和805R(5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3')引物对细菌DNA的16S rRNA V3-V4区段进行PCR扩增;真菌ITS1-ITS2区扩增引物为:ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和ITS2R(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')。

**1.2.2 Illumina Miseq 测序:**用2%琼脂糖凝胶回收PCR产物,利用AxyPrep DNA Gel Extraction Kit(Axygen Biosciences, Union City, CA, USA)进行纯化,Tris-HCl洗脱,2%琼脂糖电泳检测。高通量测序文库的构建基于Illumina MiSeq平台的测序,由生工生物工程(上海)股份有限公司(Shanghai, China)完成,并使用Prinseq, Usearch, Qiime, RDP Classifier等分析软件对测序结果进行微生物多样性的分析。

**1.2.3 土壤酶活性测定:**参照关松荫<sup>[11]</sup>(1986)的方法进行,其中脲酶活性采用苯酚钠-次氯酸钠比色法测定,以1 d后5 g土壤中的NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N的质量(mg)表示;过氧化氢酶活性测定采用邻苯三酚比色法测定,以2 h后1 g土壤中的紫色没食子素质量(mg)表示;蔗糖酶活性用3,5-二硝基水杨酸比色法测定,以1 d后1 g土壤中的葡萄糖的质量(mg)表示;碱性磷酸酶活性用磷酸苯二钠比色法,以1 d后1 g土壤中的酚的质量(mg)表示;多酚氧化酶活性用邻苯三酚比色法测定,以2 h后1 g土壤中的紫色没食子素的质量(mg)表示;蛋白酶(protease)活性采用茚三酮比色法测定,以1 d后1 g土壤中的氨基氮的质量(mg)表示。

**1.2.4 土壤基本理化性质测定:** 土壤理化性质分析参照鲍士旦<sup>[12]</sup>的方法进行。采用电位法测定土壤 pH 值; 土壤有机质含量测定采用重铬酸钾-浓硫酸氧化法; 速效氮采用碱解扩散法测定; 速效磷采用碳酸氢钠-钼锑抗比色法测定; 速效钾用 1.0 mol/L 中性乙酸铵浸提-火焰光度法测定。

### 1.3 数据处理与分析

采用 Excel 2010 软件进行数据整理, 采用 SPSS 17.0 软件进行显著性分析( $P < 0.05$ )和主成分分析(Principal component analysis, PCA)。

## 2 结果和分析

### 2.1 轮作对土壤微生物多样性的影响

**2.1.1 轮作对土壤细菌群落结构的影响:** 由图 1 可见, 番茄连作与轮作土壤中细菌门水平丰度最高的 7 个门依次为变形菌门、拟杆菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、放线菌门、厚壁菌门和疣微菌门 (*Proteobacteria*、*Bacteroidetes*、*Acidobacteria*、*Gemmatimonadetes*、*Actinobacteria*、*Firmicutes*、*Verrucomicrobia*), 这 7 个门的丰度占总丰度的 86%–91%。

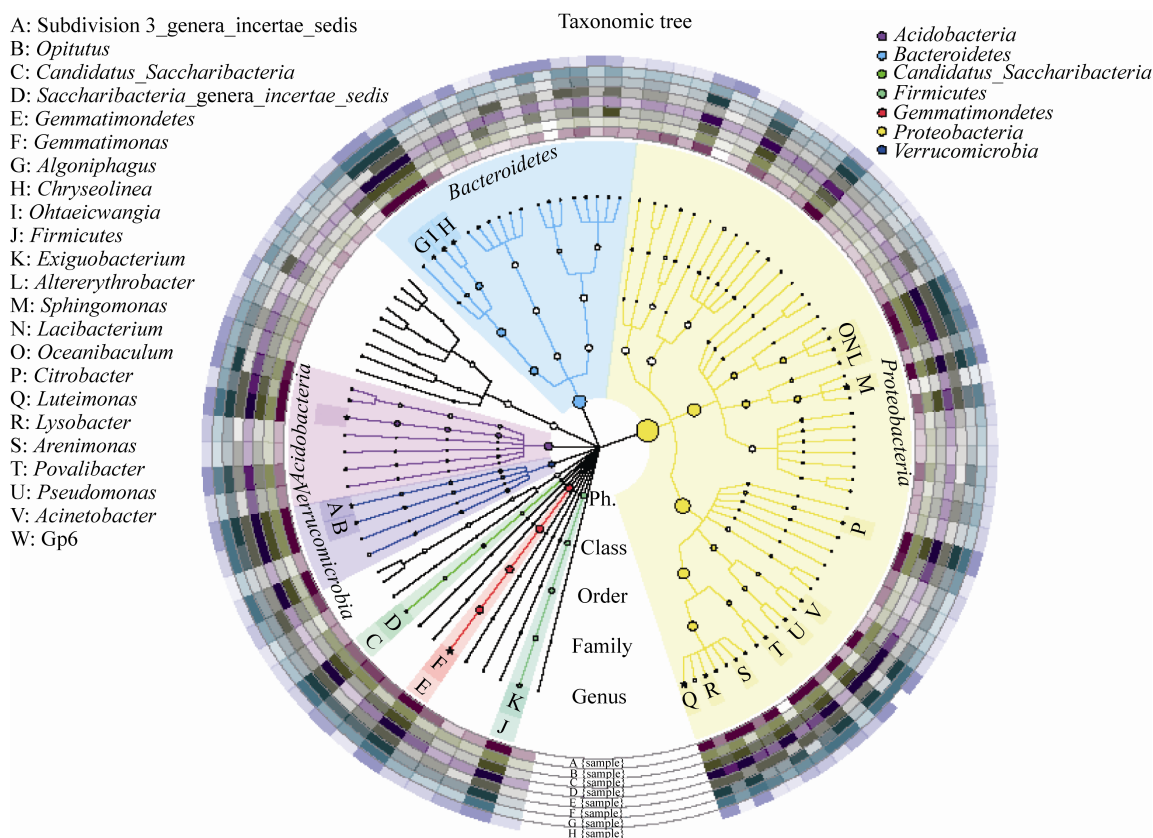


图 1. 番茄连作与轮作土壤中细菌分类与系统发育信息可视化环形图

Figure 1. Visualized annular map of bacterial taxonomy and phylogenetic information in tomato continuous cropping and rotation soils. The middle part of the circle is the evolutionary tree of the top 100 species in all samples, and the doors corresponding to the top 20 species (marked by asterisks) are marked by different colors; the size of circles and asterisks represents the abundance size; the outer ring is a thermal map; each ring is a sample, and each sample corresponds to a color; the color depth varies with species abundance.

由图 2 可见，番茄连作与轮作土壤细菌的门水平群落结构在各样品中基本一致，但相对百分比含量差异较大。与空白闲置土壤 CK 相比，螺旋体菌门(*Saccharibacteria*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)以及变形菌门(*Proteobacteria*)相对百分比含量明显增加，而放线菌门(*Actinobacteria*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)相对百分比含量明显较低。另外，轮作大白菜的土壤(A)中厚壁菌门(*Firmicutes*)明显高于其他处理土壤。

由 PCA 分析可见(图 3)，在轮作黄瓜、辣椒、秋葵和西葫芦，以及番茄连作的土壤中，细菌群落结构较为相似，与其他几个处理差异较大。其中空白闲置对照土壤与其他样品差异最大，说明种植作物对根际土壤微生态的影响很大。轮作茄子的土壤细菌与其他处理差异较大，说明种植茄子对于土壤细菌群落的影响要明显大于其他几种作物。

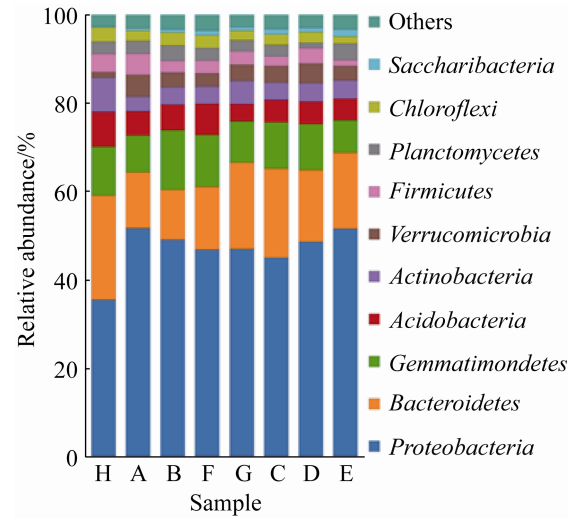


图 2. 番茄连作与轮作土壤中细菌门水平群落结构比较图

Figure 2. A comparative map of the horizontal community structure of Bacteriophyta in tomato continuous cropping and rotation soils. A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK; in order to get the best view effect, only the top ten species of abundance level are displayed, and other species are merged into Others to show in the graph.

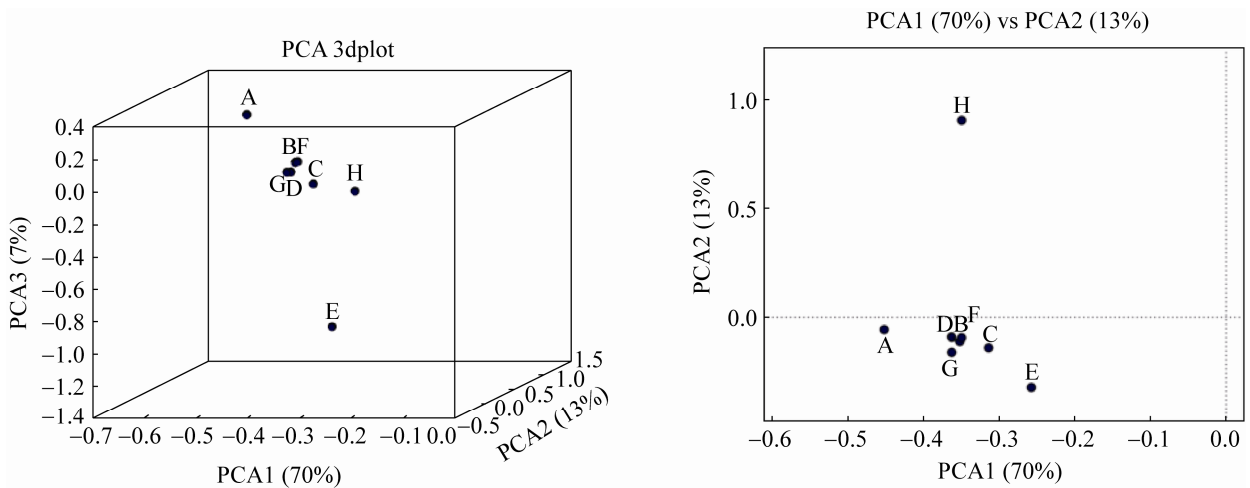


图 3. 番茄连作与轮作土壤中细菌 PCA 3dplot 和 2dplot 分析图

Figure 3. PCA analysis of bacteria in tomato continuous cropping and rotation soils. A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK; the closer the samples are on the coordinate map, the greater the similarity.

由表 1 可知, 各样品的覆盖度均大于 99%, 且 8 个样品的 Shannon 指数由大到小依次为秋葵>辣椒>番茄>黄瓜>西葫芦>大白菜>茄子>CK 土壤, 而其 Simpson 指数由小到大依次为辣椒<秋葵<番茄<西葫芦<黄瓜<茄子<大白菜<CK 土壤, 可见, 种植作物能提高土壤中的微生物多样性, 轮作秋葵、辣椒以及连作番茄的土壤, 其细菌群落多样性较高, 而轮作大白菜、茄子以及空白闲置的土壤, 其细菌群落多样性较低, 番茄同科作

物(番茄、茄子和辣椒)与非同科作物相比(黄瓜、大白菜、秋葵、西葫芦), 其土壤细菌群落多样性无明显规律。

**2.1.2 轮作对土壤有益细菌的影响:** 土壤中存在有助于土壤发育的各种有益微生物, 包括能够促进氮素循环的氨化细菌、硝化细菌、固氮菌以及具有防病、杀虫、促生、修复重金属污染、分解有毒气体等作用的芽孢杆菌属细菌, 根据文献整理了部分土壤有益细菌, 见表 2。从本试验 8 个

表 1. 细菌多样性指数表  
Table 1. Bacterial diversity index

Treatment	OTU	ACE index	Chao1 index	Simpson index	Shannon index	Coverage/%
A	2294	2516.11	2542.31	0.0078	6.1598	99.34
B	2252	2519.87	2524.26	0.0055	6.3127	99.00
C	2351	2605.71	2625.53	0.0044	6.3467	99.27
D	2441	2741.09	2749.29	0.0051	6.3357	99.19
E	1981	2298.99	2301.19	0.0058	6.1298	99.07
F	2437	2661.86	2654.72	0.0047	6.4212	99.23
G	2396	2681.51	2702.06	0.0054	6.2788	99.21
H	2056	2299.74	2313.60	0.0086	6.0111	99.28

A: Chinese cabbage; B: cucumber ; C: pepper ; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin ; H: CK.

表 2. 土壤有益细菌及其功能统计表

Table 2. Statistical tables of soil beneficial bacteria and their effects

Genus	Species	Function
<i>Bacillus</i>	<i>Bacillus subtilis</i>	Ammonifying bacteria
	<i>Bacillus mycooides</i>	Ammonifying bacteria
	<i>Bacillus putrefaciens</i>	Ammonifying bacteria
	<i>Bacillus mucilaginous</i>	Ammoniated bacteria, release soluble potassium
	<i>Bacillus megaterium</i>	Degradation of organic phosphorus
	<i>Bacillus licheniformis</i>	Disease Resistance
	<i>Bacillus thuringiensis</i>	Pest control
	<i>Bacillus laterosporus</i>	Promoting root growth, sterilizing and degrading heavy metals
	<i>Bacillus coagulans</i>	To break down the toxic gas
<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus plantarum</i>	Improvement of alkaline soil, degradation of heavy metals, resistance to pathogens
	<i>Lactobacillus acidophilus</i>	
<i>Streptomyces</i>	<i>Streptomyces flavorectus</i>	Disease resistance
<i>Proteus</i>	<i>Proteus species</i>	Ammonifying bacteria
<i>Nitrosomonas</i>		Nitrifying bacteria
<i>Nitrococcus</i>		
<i>Nitrosospira</i>		
<i>Nitrosolobus</i>		
<i>Nitrobacter</i>		
<i>Nitrococcus</i>		
<i>Nitrocystis</i>		
<i>Nitrocellulose</i>		
<i>Azotobacter</i>		Azotobacter
<i>Azomonas</i>		
<i>Beijerinckia</i>		
<i>Derxia Jensen et al</i>		
<i>Frankia</i>		

样品的物种数据中筛选表 2 中的有益细菌, 对其群落热图见图 4。受限于当前测序技术水平以及数据库完善程度, 土壤微生物多样性测序分析尚且不能精确分类到种水平的大多数微生物, 但是可以精确到属水平的大多数物种。从 8 个样品细菌中只筛选到 4 个属有益细菌, 分别是乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、亚硝化单胞菌属 (*Nitrosomonas*)、亚硝化螺菌属 (*Nitrosospira*) 以及亚硝化球菌属 (*Nitrococcus*)。

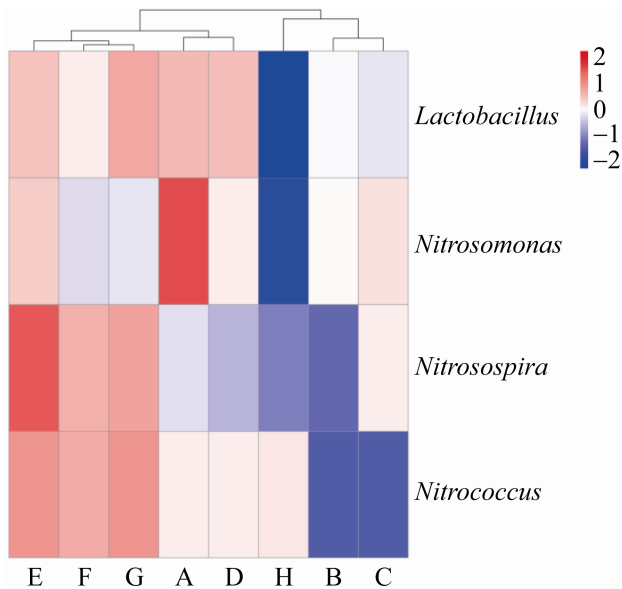


图 4. 番茄连作与轮作土壤中有益细菌热图分析  
Figure 4. Thermogram analysis of beneficial bacteria in tomato continuous cropping and rotation soil. A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK; each column in the figure represents a sample, the rows represent beneficial species, and the color blocks represent their relative contents; the more red the color, the higher the content, the bluer the color, and vice versa. In addition, cluster analysis was conducted on the samples; the more similar the contents of beneficial bacteria were, the closer the samples were, and the closer they were in the clustering tree above the figure.

由图 4 可见, 与番茄(D)连作相比, 轮作茄子、秋葵和西葫芦显著增加了土壤中亚硝化螺菌属 (*Nitrosospira*) 和亚硝化球菌属 (*Nitrococcus*) 的丰度, 轮作大白菜土壤中的亚硝化单胞菌属 (*Nitrosomonas*) 的丰度较高, 轮作黄瓜和辣椒的土壤中亚硝化球菌属 (*Nitrococcus*) 的丰度较低。空白对照土壤中乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、亚硝化单胞菌属 (*Nitrosomonas*) 和亚硝化螺菌属 (*Nitrosospira*) 的丰度均较低。轮作与连作对土壤中乳杆菌属 (*Lactobacillus*) 的丰度影响不明显, 但均明显高于空白闲置土壤。

**2.1.3 轮作对土壤真菌群落结构的影响:** 由图 5 可见, 番茄连作与轮作土壤中的真菌门水平群落结构在各样品间差异很大, 无论是门水平物种类别还是各物种的相对丰度。其中, CK 土壤的子囊菌门真菌 (*Ascomycota*) 相对含量最多, 黄瓜土壤的壶菌门真菌 (*Chytridiomycota*) 相对含量最高, 且该样品的门水平物种数量较多, 秋葵土壤的油壶菌门真菌 (*Olpidiomycota*) 相对含量最高。

由图 6 可见, 番茄连作与轮作土壤中真菌门水平丰度较高的 3 个门依次为子囊菌门 (*Ascomycota*)、担子菌门 (*Basidiomycota*)、接合菌门 (*Zygomycota*), 这 3 个门的丰度占总丰度的 54%–93%。

由 PCA 分析可见(图 7), 在轮作大白菜与辣椒, 轮作西葫芦、秋葵与连作番茄的土壤中真菌群落结构较相似, 其他样品之间差异较大。与细菌类似, 空白对照与其他样品真菌群落结构最不相似, 说明作物对于根际土壤微生态的影响较大。轮作茄子的土壤与其他土壤中真菌群落结构差异同样较大, 这与细菌结果一致。

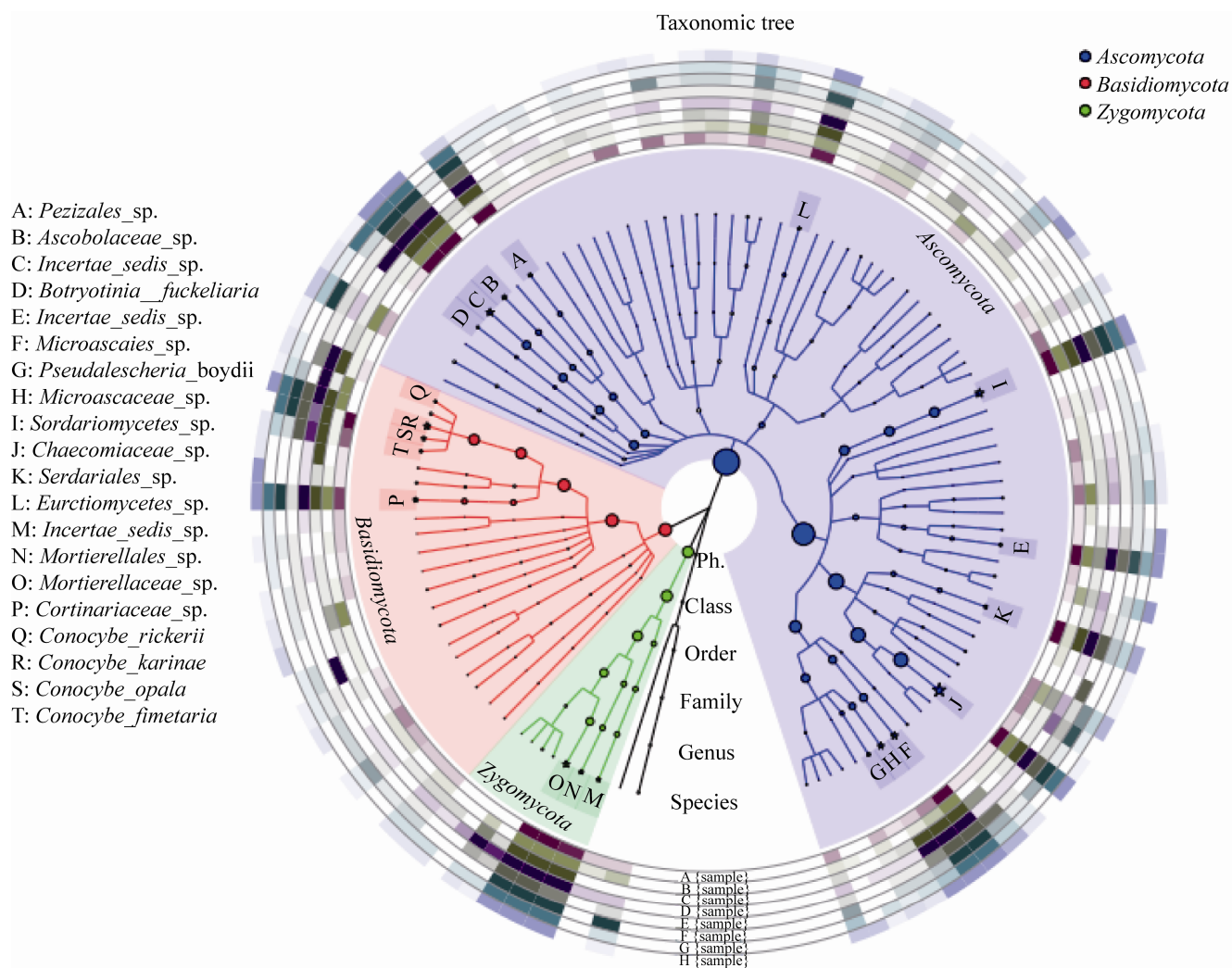


图 5. 番茄连作与轮作土壤中真菌分类与系统发育信息可视化环形图

Figure.5. Visualization of fungal taxonomy and phylogenetic information in tomato continuous cropping and rotation soils. The middle part of the circle in Figure 1 is the evolutionary tree of the top 100 species in all samples, and the doors corresponding to the top 20 species (marked by asterisks) are marked by different colors; the size of circles and asterisks represents the abundance size; the outer ring is a thermal map; each ring is a sample, and each sample corresponds to a color; the color depth varies with species abundance.

由表 3 可知, 各样品的覆盖度均大于 99%, Shannon 指数由大到小依次为黄瓜>番茄>辣椒>秋葵>CK>大白菜>西葫芦>茄子土壤, 而 Simpson 指数由小到大依次为黄瓜<CK, 辣椒<番茄<茄子<大白菜<秋葵<西葫芦土壤。轮作黄瓜、番茄、

辣椒的土壤, 其真菌群落多样性较高, 而轮作西葫芦、大白菜、茄子的土壤, 其真菌群落多样性相对较低, 番茄同科作物(番茄、茄子和辣椒)与非同科作物相比(黄瓜、大白菜、秋葵、西葫芦), 其对种植土壤的真菌群落多样性没有明显影响。

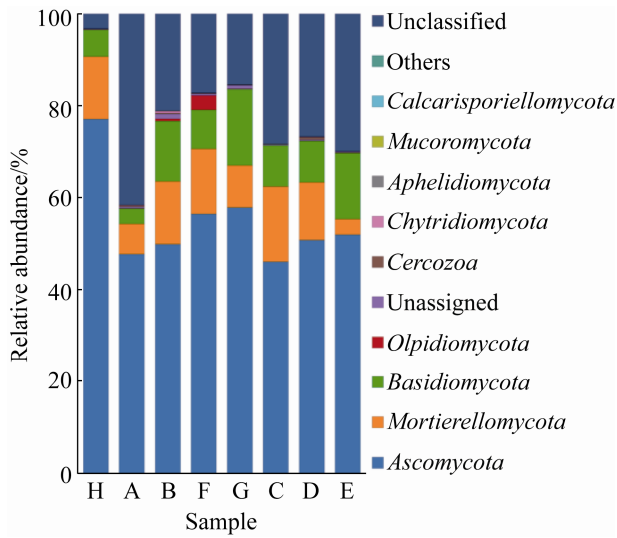


图 6. 番茄连作与轮作土壤中真菌门水平群落结构比较图

Figure 6. A comparative map of fungi phylum horizontal community structure in tomato continuous cropping and rotation soils. A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK. In order to get the best view effect, only the top ten species of abundance level are shown, and other species are merged into others in the figure.

番茄连作导致土壤从“细菌型”向“真菌型”转变，研究表明，连作障碍明显的土壤中含有大量的致病性真菌，这些真菌可能导致番茄枯萎病、青枯病、疫霉病等(表 4)。

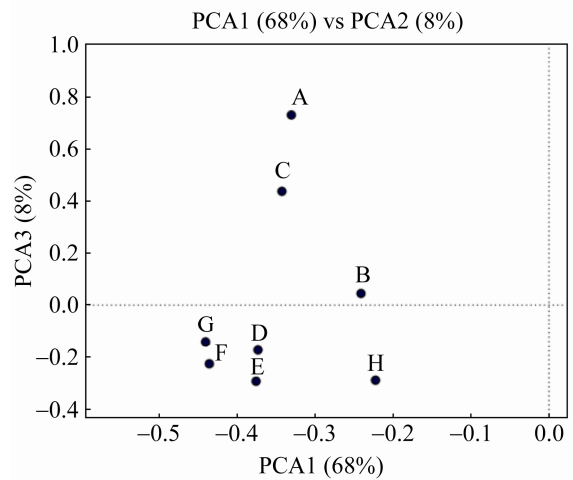
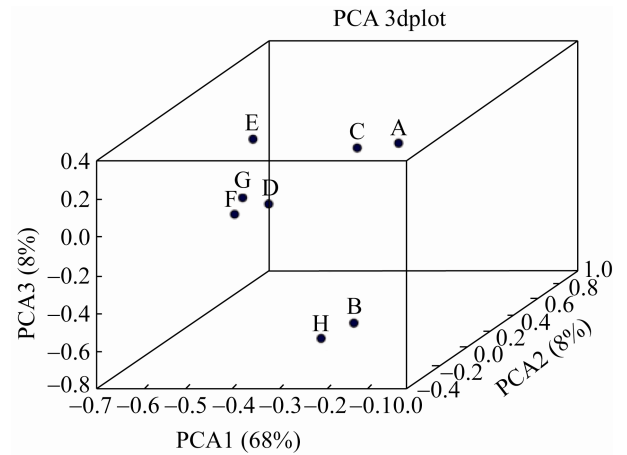


图 7. 番茄连作与轮作土壤中真菌 PCA 分析图

Figure 7. PCA analysis of fungi in tomato continuous cropping and rotation soils. A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK. The closer the samples are on the coordinate map, the greater the similarity.

表 3. 真菌多样性指数表  
Table 3. Diversity index of fungi

Treatment	OTU	ACE index	Chao1 index	Simpson index	Shannon index	Coverage/%
A	315	345.04	343.00	0.0783	3.513	99.82
B	341	351.45	352.11	0.0493	3.8316	99.92
C	327	352.29	364.28	0.0625	3.6782	99.84
D	337	379.57	382.38	0.0708	3.6882	99.77
E	298	338.35	331.00	0.0712	3.3146	99.85
F	337	356.99	376.14	0.0842	3.6311	99.86
G	368	395.28	401.11	0.0900	3.3561	99.86
H	272	281.60	288.87	0.0625	3.5947	99.95

A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK.



表 4. 番茄有害真菌及其作用统计表  
Table 4. Statistics and their effects of harmful fungi in tomatoes

Genus	Species	Function
<i>Alternaria</i>	<i>Alternaria solanacearum</i>	Tomato early blight
<i>Botrytis</i>	<i>Botrytis cinerea</i>	Tomato gray mold
<i>Fusarium</i>	<i>Fusarium oxysporum tomato</i>	Tomato fusarium wilt
	<i>Fusarium solani</i>	Tomato basal stem rot
<i>Nectria</i>	<i>Nectria haematococca</i>	The sexual state of <i>Fusarium solani</i>
<i>Didymella</i>	<i>Didymella lycopersici</i>	Tomato basal stem rot
<i>Diplodina</i>	<i>Diplodina lycopersici</i>	The asexual state of <i>Didymella lycopersici</i>
<i>Corynespora</i>	<i>Corynespora cassiicola</i>	Tomato basal stem rot
<i>Pythium</i>	<i>Pythium cucumerinum</i>	Tomato cataplexy
<i>Rhizoctonia</i>	<i>Rhizoctonia solani</i>	Tomato blight/Tomato basal stem rot
<i>Phytophthora</i>	<i>Phytophthora solanacearum</i>	tomato late blight/Tomato phytophthora root rot
<i>Pyrenochaeta</i>	<i>Pyrenochaeta</i>	Brown root rot
<i>Verticillium</i>	<i>Verticillium dahliae</i>	Tomato <i>Verticillium wilt</i>
<i>Sclerotium</i>	<i>Sclerotium rolfsii</i>	Tomato <i>Sclerotium rolfsii</i>
<i>Septoria</i>	<i>Septoria musiva</i>	tomato septoria leaf spot
<i>Cladosporium</i>	<i>Cladosporium fulvum</i>	Tomato leaf mold

依据有害真菌类群, 本试验 8 个样品中只筛选到大丽轮枝菌(*Verticillium dahliae*), 且其相对含量极低(0%–0.029%)。

## 2.2 番茄轮作与连作对土壤酶活性的影响

### 2.2.1 轮作与连作对土壤蔗糖酶的影响:

蔗糖酶对增加土壤中易溶性营养物质起着重要的作用。一般情况下, 土壤肥力越高, 蔗糖酶活性越强。由表 5 可知, 各耕作处理方式土壤中蔗糖酶活性大小顺序依次为黄瓜>西葫芦、茄子>番茄>辣椒>大白菜>秋葵>CK 土壤。

### 2.2.2 轮作与连作对土壤脲酶与蛋白酶的影响:

脲酶专性水解尿素, 产生氨和碳酸, 是土壤中速效氮的主要来源, 因此脲酶活性也是土壤肥力(特别是氮肥)的重要指标。蛋白酶参与土壤中蛋白质以及其他含氮有机化合物的转化反应, 是有机态氮向无机态氮进行转化的重要先导力量。由表 5

可知, 各耕作处理方式土壤中脲酶活性大小顺序依次为黄瓜、CK、秋葵、西葫芦、番茄、大白菜、辣椒>茄子土壤, 蛋白酶活性大小顺序依次为辣椒>大白菜>秋葵>黄瓜、番茄、西葫芦>茄子>CK 土壤。

### 2.2.3 轮作与连作对土壤碱性磷酸酶的影响:

磷酸酶能够水解土壤的有机磷化合物, 释放出相应的醇和无机磷, 磷酸酶的活性也是指示土壤肥力(特别是磷肥)重要指标之一。根据最适 pH 值的不同, 磷酸酶可分为酸性磷酸酶、中性磷酸酶和碱性磷酸酶 3 种。由于本试验中所采的土样经 pH 测定均为大于 7 的碱性土样, 因此本试验只测定了碱性磷酸酶的酶活。由表 5 可知, 各耕作处理方式土壤中碱性磷酸酶的活性大小顺序依次为番茄>黄瓜>秋葵、CK、西葫芦>茄子>大白菜>辣椒土壤。

表 5. 番茄轮作与连作土壤的土壤酶活性

Table 5. Soil enzyme activities in tomato rotation and continuous cropping soils

Treatment	Sucrase	Urease	Protease	Alkaline phosphatase	Catalase	Polyphenol oxidase
A	4.140±0.018e	0.5072±0.0041b	0.2135±0.0017b	2.093±0.018f	0.7521±0.007c	0.2481±0.0038a
B	9.869±0.610a	0.5192±0.002a	0.1515±0.0035d	2.424±0.005b	0.7781±0.012b	0.2575±0.0033a
C	6.017±0.008d	0.5051±0.0049b	0.2554±0.0074a	1.965±0.066g	0.5628±0.004d	0.2173±0.0058a
D	7.532±0.047c	0.5109±0.002ab	0.1461±0.0094d	3.001±0.022a	0.4539±0.008g	0.2292±0.061a
E	8.960±0.074b	0.4885±0.0016c	0.0972±0.004e	2.169±0.096e	0.4752±0.012ef	0.2386±0.0128a
F	2.722±0.014f	0.5121±0.0019ab	0.1729±0.0046c	2.309±0.011c	0.4847±0.006e	0.2339±0.0037a
G	9.196±0.034b	0.5117±0.0068ab	0.1404±0.0019d	2.268±0.016d	0.4658±0.006fg	0.2457±0.0054a
H	2.442±0.008f	0.5130±0.0010ab	0.0432±0.0048f	2.286±0.104cd	0.8443±0.005a	0.2670±0.0079a

A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK.

### 2.2.4 轮作与连作对土壤过氧化氢酶和多酚氧化酶的影响

过氧化氢酶催化土壤中的过氧化氢分解为水和氧气，多酚氧化酶能促进土壤中具有毒害作用的酚类物质的转化，这两种酶都与土壤的自净能力密切相关。由表 5 可知，各耕作处理方式土壤中过氧化氢酶的活性大小顺序依次为 CK>黄瓜>大白菜>辣椒>秋葵、茄子、西葫芦、番茄土壤，多酚氧化酶的活性均无显著差异。可见，不种植任何作物的空白土壤和轮作黄瓜、大白菜的土壤，其自净能力较强。

### 2.3 番茄轮作与连作对土壤理化性质的影响

土壤的酸碱性是土壤的基本特性，也是影响土壤肥力和作物生长的重要因素之一。土壤偏酸

性或偏碱性，均不同程度降低土壤养分的有效性。资料显示，番茄的土壤最适宜 pH 值在 6–7 之间，其幼苗在微碱性土壤中生长较为缓慢，但植株长大后生长良好。由表 6 可知，各耕作处理方式土壤的 pH 值大小顺序依次为茄子<黄瓜，CK<西葫芦<番茄<辣椒<秋葵<大白菜土壤。

土壤有机质是土壤固相部分的重要组成部分，是植物营养的主要来源之一。通常在其他条件相同或相近的情况下，在一定含量范围内，有机质的含量与土壤肥力水平呈正相关。由表 6 可知，各耕作处理方式土壤的有机质含量大小顺序依次为西葫芦>黄瓜>秋葵>茄子>CK>番茄>辣椒>大白菜土壤。

表 6. 番茄轮作与连作土壤的 pH 值与养分含量

Table 6. pH value and nutrient content of tomato rotation and continuous cropping soil

Treatment	pH	Organic matter/(g/kg)	Available nitrogen/(mg/kg)	Available phosphorus/(mg/kg)	Available potassium/(mg/kg)
A	8.09±0.006a	20.424±0.042g	157.4±1.318f	198.2±0.962h	340±1.684e
B	7.66±0.015d	37.091±0.485b	422.3±2.589b	252.7±0.998f	402±1.482d
C	7.83±0.01b	27.349±0.131f	270.8±1.642e	307.0±1.146e	424±1.461c
D	7.74±0.015c	29.162±0.198e	344.2±1.196c	331.5±2.209c	466±0.819b
E	7.50±0.021e	33.047±0.096d	270.8±3.368e	417.4±1.047a	398±2.383d
F	7.84±0.017b	34.840±0.222c	273.5±2.400e	240.9±0.627g	420±1.833c
G	7.67±0.01d	45.261±0.774a	328.2±0.952d	337.4±1.907b	333±1.527f
H	7.66±0.01d	29.217±0.453e	553.0±2.740a	320.7±2.019d	616±2.105a

A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK.

速效氮、速效磷、速效钾是指可以被植物直接迅速利用, 或经过简单转化而利用的氮、磷、钾, 其同土壤肥力紧密相关。由表 6 可知, 各耕作处理方式土壤的速效氮含量大小顺序依次为 CK>黄瓜>番茄>西葫芦>秋葵>辣椒、茄子>大白菜土壤, 速效磷含量大小顺序依次为茄子>西葫芦>番茄>CK>辣椒>黄瓜>秋葵>大白菜土壤, 速效钾含量大小顺序依次为 CK>番茄>辣椒>秋葵>黄瓜>茄子>大白菜>西葫芦土壤。

## 2.4 土壤肥力的主成分分析

**2.4.1 原始评价指标数据的标准化及评价指标间的相关性:** 选取土壤理化性质 pH 值、有机质(OM)、速效氮(AN)、速效磷(AP)、速效钾(AK)与土壤蔗糖酶(EN1)、脲酶(EN2)、蛋白酶(EN3)、碱性磷酸酶(EN4)、过氧化氢酶(EN5)、多酚氧化酶(EN6)活性, 共 11 个肥力因子作为主成分分析的评价指标。

由于肥力因子具有不同含义, 在数量级和量纲上都有所不同, 为保证客观性与科学性, 需对原始数据矩阵进行标准化处理<sup>[13]</sup>, 然后对土壤肥力各项指标进行相关性分析, 结果见表 7。

相关性矩阵表明(表 7), pH 值与速效磷之间具有较强的负相关性, pH 值与蛋白酶、速效氮与速效钾、过氧化氢酶与多酚氧化酶之间具有一定的正相关性, 速效氮与蛋白酶之间具有一定的负相关性。

**2.4.2 土壤肥力主成分分析贡献率与累积贡献率:** 根据土壤肥力主成分累积贡献率 $\geq 85\%$ 原则确定了本研究 4 个主成分, 按贡献率从大到小依次为 pH 值、有机质、速效氮和速效磷(表 8)。

**2.4.3 土壤肥力主成分分析主成分得分和综合得分:** 由表 9 可知, 经过土壤肥力综合评估后, 综合肥力排名第一的为空白土样, 其次为轮作黄瓜土样, 综合肥力最低的为轮作番茄同科作物辣椒和茄子土样。

表 7. 土壤肥力指标相关性矩阵

Table 7. Relevance matrix of soil fertility indicators

Indicators	pH	OM	AN	AP	AK	EN1	EN2	EN3	EN4	EN5	EN6
pH	1.000	-0.612	-0.564	-0.829	-0.283	-0.536	0.266	0.693	-0.204	0.220	-0.184
OM	-0.612	1.000	0.299	0.342	-0.226	0.537	0.208	-0.304	0.130	-0.380	0.137
AN	-0.564	0.299	1.000	0.250	0.785	-0.034	0.455	-0.719	0.315	0.438	0.598
AP	-0.829	0.342	0.250	1.000	0.204	0.449	-0.614	-0.513	0.117	-0.471	-0.157
AK	-0.283	-0.226	0.785	0.204	1.000	-0.489	0.187	-0.588	0.246	0.397	0.323
EN1	-0.536	0.537	-0.034	0.449	-0.489	1.000	-0.154	-0.004	0.219	-0.329	-0.098
EN2	0.266	0.208	0.455	-0.614	0.187	-0.154	1.000	0.047	0.349	0.411	0.371
EN3	0.693	-0.304	-0.719	-0.513	-0.588	-0.004	0.047	1.000	-0.297	-0.193	-0.668
EN4	-0.204	0.130	0.315	0.117	0.246	0.219	0.349	-0.297	1.000	-0.236	-0.004
EN5	0.220	-0.380	0.438	-0.471	0.397	-0.329	0.411	-0.193	-0.236	1.000	0.745
EN6	-0.184	0.137	0.598	-0.157	0.323	-0.098	0.371	-0.668	-0.004	0.745	1.000

表 8. 主成分分析的特征值与方差分析贡献率

Table 8. Eigenvalues of principal component analysis and contribution rate of variance analysis

Principal component	Initial eigenvalue			Extract the sum of squares of factor loads		
	Eigenvalues of principal components	Proportion of total variance	Cumulative percentage	Extract factor eigenvalues	Proportion of total variance	Cumulative percentage
pH	3.787	34.428	34.428	3.787	34.428	34.428
OM	3.227	29.336	63.764	3.227	29.336	63.764
AN	1.607	14.605	78.369	1.607	14.605	78.369
AP	1.229	11.169	89.537	1.229	11.169	89.537
AK	0.623	5.665	95.202			
EN1	0.466	4.238	99.440			
EN2	0.062	0.560	100			
EN3	1.86E-16	1.69E-15	100			
EN4	1.10E-16	9.97E-16	100			
EN5	-6.01E-17	-5.46E-16	100			
EN6	-9.66E-17	-8.78E-16	100			

表 9. 主成分得分与综合得分表

Table 9. Principal component score and comprehensive score table

Treatment	F1	F2	F3	F4	F	Ranking
A	-1.530	1.098	-0.218	-0.672	-0.311	6
B	0.600	0.406	1.487	-0.731	0.461	2
C	-1.051	-0.236	-0.636	0.163	-0.506	7
D	0.226	-0.441	0.321	2.110	0.231	3
E	0.401	-1.560	-1.345	-0.778	-0.603	8
F	-0.544	0.242	0.227	0.643	-0.011	4
G	0.280	-0.932	1.170	-0.716	-0.086	5
H	1.617	1.424	-1.006	-0.018	0.825	1

A: Chinese cabbage; B: cucumber; C: pepper; D: tomato; E: eggplant; F: okra; G: pumpkin; H: CK.

### 3 讨论

已有研究表明, 黄瓜与番茄交替种植比黄瓜单一种植更有利于细菌、真菌和放线菌积累<sup>[14]</sup>。大棚冬闲季节在连作番茄的有机基质中轮作蒜苗和白菜, 基质中微生物总量和细菌数比冬闲基质显著增加<sup>[4]</sup>。本实验细菌群落结构的分析结果表明, 与空白闲置土壤相比, 种植作物的土壤微生物多样性增加, 有益细菌的含量也增加, 这说

明作物种植影响了土壤中的细菌群落。植物的根系分泌物、残留在土壤中的腐殖质等都能诱导细菌的生长与增殖, 从而提高土壤中的细菌多样性和一些有益细菌的数量。番茄连作与轮作土壤中的细菌在门水平上群落结构比较固定, 但不同物种的丰度差异较大。轮作秋葵、辣椒以及连作番茄的土壤, 细菌群落多样性较高, 而轮作大白菜、茄子以及空白闲置土壤相反。本文提到的有益细菌中, 芽孢杆菌属和乳杆菌属均属于厚壁菌门。通过细菌门水平群落结构分析可知, 轮作大白菜土壤中厚壁菌门细菌含量最高, 结合有益细菌群落热图分析结果, 轮作西葫芦、大白菜、番茄连作和轮作茄子的土壤中乳杆菌属细菌丰度较高。因此轮作大白菜和茄子能够明显增加土壤中有有益细菌的含量。另外, 轮作茄子土壤中亚硝化螺菌属(*Nitrosospira*)、亚硝化球菌属(*Nitrococcus*)和亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*)的丰度较高, 从而加快了土壤氮素代谢和利用, 减少氮素损失, 这和刘素慧等<sup>[15]</sup>的研究一致。

真菌群落结构分析结果表明, 不种植任何作物的 CK 土样与其他土样之间差异最大, 这与细菌的结果一致, 但其真菌多样性保持在较高水平, 这或许是因为轮作大白菜、西葫芦和茄子可以降低土壤中的真菌多样性。和多数学者的观点一致, 真菌型土壤是地力衰竭的标志, 细菌型土壤是土壤肥力提高的一个生物指标。依据有害真菌类群, 本试验 8 个样品中只筛选到大丽轮枝菌 (*Verticillium dahliae*), 且其相对含量极低 (0%–0.029%)。这可能是由于番茄连作时间在 2 年内, 没有引起明显的连作障碍, 且试验地为温室大棚, 不容易引入病原真菌。也可能受限于目前的测序技术水平与数据库完善程度, 使得一些物种无法准确检测出。因此本分析所得数据过少, 不适于评价各种种植土样的质量。

将各样本间细菌群落结构的差异与真菌群落结构的差异做纵向对比, 可发现各样本间的真菌群落结构差异要明显大于细菌群落结构的差异, 主要体现在细菌群落结构在各物种丰度上虽然各不相同, 但门水平种类组成基本相同, 而真菌群落结构不但在各物种丰度上差异很大, 各样品门水平种类的组成也差异很大, 这可能是由于真菌对于环境变化的响应比细菌更加敏感。其中轮作黄瓜的土样中壶菌门 (*Chytridiomycota*)、轮作秋葵的土样中的油壶菌门 (*Olpidiomycota*) 以及连作番茄的土样中的丝足虫门 (*Cercozoa*), 这些门水平物种的含量明显高于其他样品 (见图 6), 揭示黄瓜对壶菌门真菌、秋葵对油壶菌门真菌、番茄对丝足虫门真菌可能存在比较强烈的诱导增殖作用, 后续可就这些点展开更为精细的实验, 进一步验证二者关系以探究其深层原因。

土壤酶是表征土壤中物质、能量代谢旺盛程

度和土壤质量水平的一个重要生物指标。研究认为, 设施栽培制度对土壤微生物和酶活性具有重要影响<sup>[16–18]</sup>。合理轮作能促进土壤生物化学过程, 有利于提高土壤酶活性<sup>[19]</sup>。过氧化氢酶可以分解土壤中过氧化物, 缓解作物自毒作用, 本研究中番茄连作土壤中的过氧化氢酶活性最低, 显著低于空白对照和轮作, 可能与番茄连作障碍形成有关。空白对照和轮作黄瓜、大白菜的过氧化氢酶活性最高, 可能是避免或缓解番茄连作障碍的潜在优势轮作作物。轮作黄瓜、西葫芦和茄子的土壤蔗糖酶活性高于连作, 而番茄连作土壤碱性磷酸酶活性最高。总体来说, 轮作不同蔬菜对土壤中被测的几种酶活性的影响没有表现出相似的规律性, 且多酚氧化酶、脲酶的活性差异并不显著, 这可能由于本研究仅基于番茄连作 2 年后开展轮作研究, 连作障碍尚不明显, 所得结论还需进一步验证。

土壤中的养分、微生物、酶活性等条件间能相互影响, 彼此促进或制约, 因此土壤肥力的改善是多方面因素作用的结果<sup>[20]</sup>。本研究运用主成分分析法, 将 11 个土壤肥力的原始指标降维、提取出 4 个主成分, 累计贡献率达 89.53%。通过主成分分析法, 对不同蔬菜与番茄轮作模式的综合得分顺序为: 空白闲置土壤 > 黄瓜 > 番茄 > 秋葵 > 西葫芦 > 大白菜 > 辣椒 > 茄子。其中空白闲置土壤得分最高, 其次是轮作黄瓜, 番茄连作, 三者得分均为正值, 说明土壤休耕及轮作黄瓜, 连作番茄 (连作第三年) 均能较好的保持土壤肥力。其余处理综合得分较低, 且均为负值, 说明轮作大白菜、辣椒、茄子、秋葵和西葫芦降低了土壤肥力。由此可知, 土壤肥力受不同种植模式的影响较大。

## 4 结论

不同蔬菜作物与番茄轮作与番茄连作相比,虽然在土壤细菌的门水平群落结构上差异不明显,但轮作明显增加了土壤中螺旋体菌门(*Saccharibacteria*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)和变形菌门(*Proteobacteria*)的丰度。轮作大白菜、茄子和西葫芦增加了土壤中亚硝化螺菌属(*Nitrosospira*)、亚硝化球菌属(*Nitrococcus*)等有益细菌的丰度,从而加快了土壤氮素代谢和利用,减少氮素损失。

轮作各样本间真菌群落结构差异明显大于细菌,不仅表现在物种丰度上,在门水平群落组成也存在较大差异,丰度较高的3个门依次为子囊菌门(*Ascomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)、接合菌门(*Ascomycota*、*Basidiomycota*、*Zygomycota*)。轮作不同作物土壤酶活性差异显著,但变化规律不明显,其中轮作黄瓜和大白菜显著提高了土壤中过氧化氢酶的活性。土壤休耕及轮作黄瓜,连作番茄(连作第三年)均能较好的保持土壤肥力。缓解或避免设施番茄连作障碍理想的轮作作物为黄瓜和大白菜。

## 参考文献

- [1] Giordani G, Pesci C. Soft and durum wheat: Cultivar comparison under continuous cropping and in rotation with sugarbeet. *Informatore Agrario*, 1989, 40: 71–76.
- [2] Yahiro T, Tanaka S. Effects of rotation crops on lightening the injury caused by continuous cropping in upland rice production. *Report of the Kyushu Branch of the Crop Science Society of Japan*, 1989, 56: 1–4.
- [3] Kang YL, Sun WQ, Liu JG, Jiang GY. Microbial community structure in rhizosphere soils of long-term continuously cropped processing tomato based on PLFA method. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2017, 25(4): 594–604. (in Chinese)
- 康亚龙, 孙文庆, 刘建国, 蒋桂英. PLFA 方法研究连作对加工番茄根际土壤微生物群落结构的影响. *中国生态农业学报*, 2017, 25(4): 594–604.
- [4] Fu HD. Analysis of soil ecology deterioration factors of protected tomato continuous monoculture. Doctoral Dissertation of Shenyang Agricultural University, 2017. (in Chinese)
- 富宏丹. 设施番茄连作土壤生态劣变成因解析. 沈阳农业大学博士学位论文, 2017.
- [5] Sun YY, Jiang GY, Liu JG, Zhang W, Tang ZM. Effects of continuous cropping tomato for processing on soil enzyme activities and microbial flora. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(13): 3599–3607. (in Chinese)
- 孙艳艳, 蒋桂英, 刘建国, 张伟, 唐志敏. 加工番茄连作对农田土壤酶活性及微生物区系的影响. *生态学报*, 2010, 30(13): 3599–3607.
- [6] Li W, Cheng ZH, Meng HW, Zhou J, Liang J, Liu XJ. Effect of rotating different vegetables on micro-biomass and enzyme in tomato continuous cropped substrate and afterculture tomato under plastic tunnel cultivation. *Acta Horticulturae Sinica*, 2012, 39(1): 73–80. (in Chinese)
- 李威, 程智慧, 孟焕文, 周静, 梁静, 刘雪娇. 轮作不同蔬菜对大棚番茄连作基质中微生物与酶及后茬番茄的影响. *园艺学报*, 2012, 39(1): 73–80.
- [7] Li WJ, Yang DL, Zhao JN, Wang H. Progress on effects of long-term continuous cropping and rotation systems on farmland soil biological characteristics. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2015, 31(3): 173–178. (in Chinese)
- 李文娇, 杨殿林, 赵建宁, 王慧. 长期连作和轮作对农田土壤生物学特性的影响研究进展. *中国农学通报*, 2015, 31(3): 173–178.
- [8] Kurle JE, Grau CR, Oplinger ES, Mengistu A. Tillage, crop sequence, and cultivar effects on sclerotinia stem rot incidence and yield in soybean. *Agronomy Journal*, 2001, 93(5): 973–982.
- [9] Qin SH, Cao L, Zhang JL, Shi SL, Wang D. Effect of rotation of leguminous plants on soil available nutrients and physical and chemical properties in continuous cropping potato field. *Acta Agronomica Sinica*, 2014, 40(8):

- 1452–1458. (in Chinese)  
秦舒浩, 曹莉, 张俊莲, 师尚礼, 王蒂. 轮作豆科植物对马铃薯连作田土壤速效养分及理化性质的影响. 作物学报, 2014, 40(8): 1452–1458.
- [10] Yu GB, Wu FZ, Zhou XG. Effects of rotations of cucumber with wheat and hairy vetch on soil micro-ecological environment and its yield. *Acta Pedologica Sinica*, 2011, 48(1): 175–184. (in Chinese)  
于高波, 吴凤芝, 周新刚. 小麦、毛苕子与黄瓜轮作对土壤微生态环境及产量的影响. 土壤学报, 2011, 48(1): 175–184.
- [11] Guan SY. Soil enzymes and their research methods. Beijing: Agricultural Press, 1986. (in Chinese)  
关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京: 农业出版社, 1986.
- [12] Bao SD. Soil and agricultural chemistry analysis. 3<sup>rd</sup> ed. Beijing: China Agriculture Press, 2007. (in Chinese)  
鲍士旦. 土壤农化分析. 第3版. 北京: 中国农业出版社, 2007.
- [13] Zhu JP, Yin RF. Application of SPSS in statistical analysis. Beijing: Tsinghua University Press, 2007. (in Chinese)  
朱建平, 殷瑞飞. SPSS 在统计分析中的应用. 北京: 清华大学出版社, 2007.
- [14] Li G, Wen JZ, Wu FZ, Zhang QF, Ye N. Microbial population structures and variation of microbial communities in rhizosphere of cucumber potted in the soil obtained from continuous cropping green house. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2006, 37(4): 444–448. (in Chinese)  
李刚, 文景芝, 吴凤芝, 张齐凤, 叶楠. 连作条件下设施黄瓜根际微生物种群结构及数量消长. 东北农业大学学报, 2006, 37(4): 444–448.
- [15] Liu SH, Liu SQ, Zhang ZK, Wei H, Qi JJ, Duan JF. Influence of garlic continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(5): 1000–1006. (in Chinese)  
刘素慧, 刘世琦, 张自坤, 尉辉, 齐建建, 段吉锋. 大蒜连作对其根际土壤微生物和酶活性的影响. 中国农业科学, 2010, 43(5): 1000–1006.
- [16] Wu FZ, Wang XZ. Study of relativity of soil microbial diversity and cucumber yield, quality in protected cultivation. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(10): 2274–2280. (in Chinese)  
吴凤芝, 王学征. 设施黄瓜连作和轮作中土壤微生物群落多样性的变化及其与产量品质的关系. 中国农业科学, 2007, 40(10): 2274–2280.
- [17] Yang WQ, Wang KY. Advances on soil enzymology. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2002, 8(5): 564–570. (in Chinese)  
杨万勤, 王开运. 土壤酶研究动态与展望. 应用与环境微生物学报, 2002, 8(5): 564–570.
- [18] Bending GD, Turner MK, Jones JE. Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the functional diversity of soil microbial communities. *Soil Biology & Biochemistry*, 2002, 34(8): 1073–1082.
- [19] Yao HY, Huang CY. Microbial ecology and experimental technology. Beijing: Science Press, 2006. (in Chinese)  
姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术. 北京: 科学出版社, 2006.
- [20] Zhang CJ, Kang WJ, Zhang CM, Xue YT, Zhou T, Liu C, Xiao HL, Shi SL. Evaluation of the effects of different rotation patterns on soil fertility based on principal component-cluster analysis. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2020, 34(1): 292–300. (in Chinese)  
张成君, 康文娟, 张翠梅, 薛雨彤, 周彤, 刘畅, 肖海龙, 师尚礼. 基于主成分-聚类分析评价不同轮作模式对土壤肥力的影响. 水土保持学报, 2020, 34(1): 292–300.

# Effect of vegetables-tomato rotation on soil microbial diversity, enzyme activity and physicochemical properties of vegetables in greenhouse

Huifang Liu, Hongwei Han, Qiang Wang, Hongmei Zhuang, Hao Wang\*

Research Institute of Horticultural Crops, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China

**Abstract:** **[Objective]** Tomato is a vegetable that is largely affected by continuous cropping. We investigated the effect of the rotation of different crops and tomato on soil microbial diversity, enzyme activity, and soil physico-chemical properties, with the aim to select rotation crops suitable for tomato and thus to provide a theoretical basis for alleviating or avoiding continuous cropping obstacles in tomato cultivation. **[Methods]** Together with tomatoes, cultivated over 2 consecutive years, we planted six crops, namely Chinese cabbage (A), cucumber (B), pepper (C), eggplant (E), okra (F), and zucchini (G); treatments with continuous tomato cultivation (D) and temporary non-crop soil (H) were used as controls. Using 16S rRNA and fungal ITS region sequencing, soil enzyme activity, pH value, organic matter content, and available nitrogen, phosphorus, and potassium levels were determined. This enabled us to investigate the effects of the rotation of different vegetable crops and tomato on soil microbial diversity, enzyme activity, and soil physicochemical properties. **[Results]** The diversity index values of bacteria and fungi in soil from treatments A, B, C, E, F, and G were significantly higher than that in H. The community structure of bacterial phyla in D soil and in A, B, C, E, F, and G soils was relatively stable, albeit with differences in species abundance. Fungi were more sensitive to environmental changes than bacteria, and the differences in fungal community structures were greater than those in bacterial communities. The abundance of nitrifying bacteria (*Nitrosomonas* and *Nitrospira*) in soil was significantly increased by rotation of eggplant and Chinese cabbage in the tomato field. Principal components analysis showed that the community structure of bacteria and fungi in E and H soil was significantly different from that of other treatments. Soil enzyme activity of different crops in rotation soils (A, B, C, E, F and G) was significantly different, but the change law was not obvious. Catalase activity in A, B, and H soil was significantly higher than that in other soils. According to the results of the soil fertility analysis, soil pH, organic matter, available nitrogen, and available phosphorus were the main contributing factors. **[Conclusion]** Crop cultivation can significantly increase the soil microbial diversity; rotation of eggplant and Chinese cabbage in the tomato field can significantly increase the abundance of nitrifying soil bacteria, which is beneficial to nitrogen metabolism and use. Rotation of cucumber and Chinese cabbage in the tomato field can significantly increase soil catalase activity, which is conducive to reducing the self-toxic effect produced by tomato in continuous cropping mode. Based on our results, eggplant, cucumber, and Chinese cabbage are potential dominant crops for avoiding or alleviating the tomato continuous cropping obstacle.

**Keywords:** tomato, continuous cropping and rotation, soil microorganisms, enzyme activity

(本文责编: 李磊)

Supported by the National Key Research and Development Plan (2016YFD0201005)

\*Corresponding author. E-mail: Wanghao183@163.com

Received: 11 March 2020; Revised: 28 June 2020; Published online: 25 September 2020