

烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤微环境和烟株生长发育的影响



罗贞宝, 李彩斌, 蔡何青, 钟军, 何轶*

贵州省烟草公司毕节市公司, 贵州毕节 551799

摘要: 由于在烤烟间作种植模式下土壤-真菌-植物相互作用的机制尚不清楚, 且这种三重相互作用对烟株生长的贡献仍难以预测, 因此本文采用 Illumina 高通量测序技术分析了烤烟单作 (CK) 和与大蒜间作 (T1 和 T2 处理) 对烟株根际土壤养分、酶活性、真菌群落组成和烟株生长发育的影响, 评价了间作对烟株根际土壤微环境和烟株生产力的调控。结果表明: 烤烟间作大蒜显著提高了烟株根际土壤的养分、酶活性、真菌群落的多样性和烟株的生物量; 虽然各个处理在门水平上的优势真菌是一样的, 但优势真菌的分布比例有差异。相关性分析表明, Ascomycota 与所有的养分和酶活性指标均呈正相关, 而养分和酶活性指标又与烟株生长发育呈正相关, 这强烈表明间作下的土壤微环境对烟株的生产性能有潜在的作用。综上所述, 烤烟间作不仅增加了烟株的生物量、显著提高了根际土壤养分和酶活性、优化了真菌群落的组成和多样性, 而这些可能是土壤-真菌-植物三者相互作用的结果。

关键词: 烤烟; 间作; 大蒜; 根际土壤; 养分; 酶活性; 真菌; 生长发育

DOI: [10.57237/j.life.2025.01.001](https://doi.org/10.57237/j.life.2025.01.001)

Effects on Rhizosphere Soil Microenvironment and Growth Development of Plants Under Tobacco-Garlic Intercropping

Luo Zhen-bao, Li Cai-bin, Cai He-qing, Zhong Jun, He Yi*

Bijie Branch of Guizhou Tobacco Company, Bijie 551799, China

Abstract: As the mechanism of the soil-fungi -plant interaction under the tobacco intercropping model is unclear, and the contribution of this triple interaction to tobacco plant growth is still difficult to predict, so, in this paper, Illumina high-throughput sequencing technology was used to analyze the effects of monoculture (CK) and intercropping with garlic (T1 and T2 treatments) on rhizosphere soil nutrients, enzyme activities, fungal community, tobacco plant growth, and to evaluate the regulation of rhizosphere soil microenvironment and plant productivity on intercropping. The results showed that intercropping significantly increased the nutrient, enzyme activity, fungal community diversity of rhizosphere soil and tobacco plant biomass. Although the dominant fungi in each treatment were the same at the gate level, the distribution ratio of dominant fungi was different. Correlation analysis showed that Ascomycota was positively

基金项目: 贵州省烤烟公司毕节市公司项目 (2022520500240196).

*通信作者: 何轶, zhjhp2005@126.com

收稿日期: 2025-03-16; 接受日期: 2025-05-20; 在线出版日期: 2025-06-30

<http://www.lifescitech.org>

correlated with all the nutrient and enzyme activity indexes, and the nutrient and enzyme activity indexes were positively correlated with the tobacco plants growth, which strongly indicated that the soil microenvironment under intercropping had a potential effect on the production performance of tobacco plants. In conclusion, tobacco intercropping not only increased the plants biomass, significantly improved the nutrients and enzyme activities of rhizosphere soil, optimized the composition and diversity of fungal community, which may be the result of soil-fungi-plant interaction.

Keywords: Flue-Cured Tobacco; Intercropping; Garlic; Rhizosphere Soil; Nutrient; Enzyme Activity; Fungi; Growth

1 引言

由于日益增长的产量需求和有限的耕地导致了烤烟长期的单一种植[4]，而长期的单作可能会影响植烟土壤微生物群落的多样性和丰度，从而降低土壤质量，最终阻碍烟草植株的生长发育，导致烟草产量和品质下降[1, 6]。许多研究已经表明，在间作系统中，土壤、微生物和植物可能以各种方式相互作用，微生物通过分解土壤有机质影响土壤养分周转，进而影响土壤酶特性和酶分泌；土壤酶在微生物和植物残骸分解过程中催化生化反应，为土壤提供植物生存所需的养分[20]。

虽然有部分研究报道了烟草-玉米和烟草-小麦的间作制度[23]；此外，间作大蒜在当归生长中后期，可有效增加脲酶、蔗糖酶和磷酸酶等根际土壤酶活性，提高植株抵制连作障碍的能力；且间作大蒜还可通过改变微生物群落功能多样性来改良土壤质量、恢复生态平衡[8]。由于不同作物的间作对土壤理化性质和微生物特性的影响不同，而烤烟间作大蒜对土壤养分、酶活性、土壤微生物群落结构等微环境和烤烟植株产质量的影响研究未见报道。因此，本文基于烟田间作试验，对贵州毕节七星关开展烤烟与大蒜间作烟田的高通测序，以期阐明间作对烟株根际土壤微环境和植株的影响，为单作烟田生态自我修复和耕地质量提升，推动烟田生态保护提供科学依据。

2 材料与方法

2.1 试验地点和材料

试验于 2022 年 4-10 月在贵州省七星关进行，该地属亚热带湿润季风性湿润气候，平均海拔 2200 米，年平均降雨量在 9109 mm 左右，年日照时数 1812 小时，无霜期 180 d 左右。

试验地为连作烟田，土壤主要为粘性土，试验前土壤肥力指标：pH5.7、有机质含量 29.32 g kg^{-1} 、全氮

含量 2.65 g kg^{-1} 、速效磷含量 21.28 mg kg^{-1} 、速效钾含量 248.19 g kg^{-1} 。

烤烟品种为云烟 87，当地生产上的主栽品种。

2.2 试验设计和取样方法

分别以烟田每 667M² 间作 0.5 万株 (T1) 和 1 万株大蒜 (T2) 为处理，不间作的单作烟田为对照 (CK)，4 月 27 日进行烟株移栽，5 月 5 日种植间作植物，6 月 30 日分别采集土壤样品，重复 3 次，并从土壤中去植物残杂和根系周围的大量土壤颗粒，自封袋单独收集土壤样本并暂存于装有冰袋的聚乙烯箱中后被运送到实验室，再通过 2 毫米的土壤筛完全均化，最后储存在 -80 ℃ 冰箱、备用。

2.3 试验指标的测定及其方法

2.3.1 根际土壤养分

根际土壤的有效氮、有效磷、有效钾和有机质含量分别采用凯氏定氮法、钼锑抗显色萃取法、电感耦合等离子体光谱仪法和 $\text{K}_2\text{Cr}_2\text{O}_7\text{-H}_2\text{SO}_4$ 氧化法测定[22]。

2.3.2 根际土壤酶活性

脲酶、蔗糖酶、磷酸酶、多酚氧化酶活性分别采用苯酚钠次氯酸钠比色法、3, 5-二硝基水杨酸比色法、磷酸苯钠比色法、底物诱导法进行测定[2]。

2.3.3 根际土壤微生物

首先，使用 DNA 试剂盒从每个样品的 3g 土壤中提取总土壤 DNA，然后利用引物对 ITS1 5'-GG AAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3' 和 ITS2 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3' 对 DNA 进行扩增，

最后用 Illumina MiSeq 测序仪进行高通量测序（由北京诺禾生物科技有限公司完成）。

2.3.4 烤烟植株的生长发育

在烟株移栽后 60d 左右，每个处理中选取 3 株具有代表性的烟株统计农艺性状的后进行破坏性采样，对其根、茎、叶进行干燥处理，测定其生物量。

2.4 数据分析

根际土壤真菌群落相对丰度等用 SPSS 16.0 软件进行 One-Way-ANOVA 单因素方差分析，使用 Uparse 软件将 Effective Tags 以 97%相似度的阈值聚类成 OTUs（Operational Taxonomic Units）利用 QIIME 软件计算 Alpha 多样性指数，利用 R 语言工具制作土壤真菌群落的组成，利用 Circos 软件制作 Circos 图分析土壤优势群落组成比例及其在样本中的分布比例，利用 LEfSe 软件分析土壤产生显著性差异影响的群落，利用 R 语言中 PCoA 分析土壤真菌群落结构差异，分析采用

独立样本 t 检验分析在 $P \leq 0.05$ 水平上的样本间显著性差异[18]。

3 结果与分析

3.1 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤微环境的影响

3.1.1 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤养分的影响

三个处理烟株根际土壤养分的差异较大，土壤养分的所有指标均表现为 $T1 > T2 > CK$ ；与 CK 处理相比，T1、T2 处理的有机质含量分别提高了 44.87%和 34.89%，有效氮含量分别提高了 30.09%和 19.75%，有效磷含量分别提高了 41.81%和 10.37%，有效钾分别提高了 33.58%和 19.48%（图 1）。

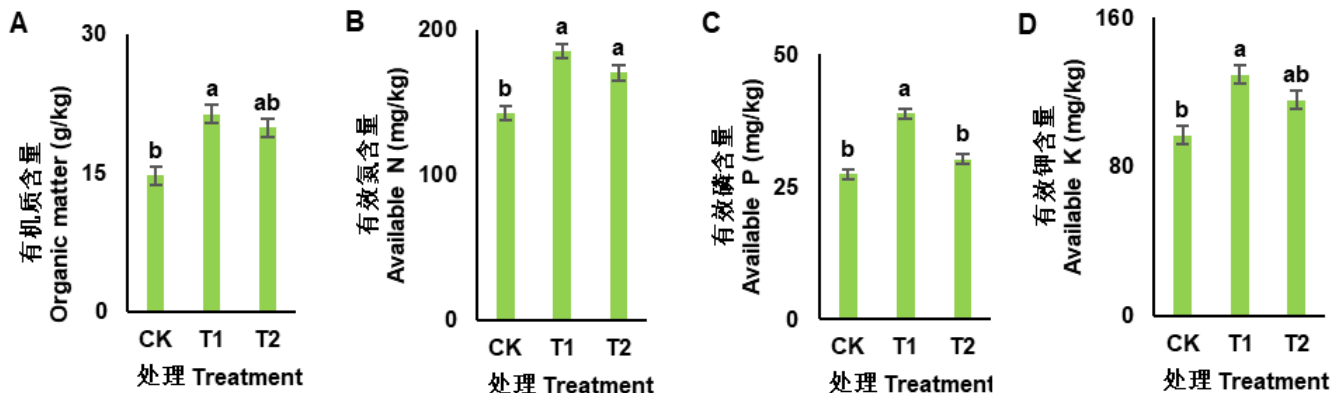


图 1 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤养分的影响

Figure 1 Effects on nutrients of rhizosphere soil in tobacco-garlic intercropping

3.1.2 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤酶活性的影响

三个处理烟株根际土壤酶活性的差异较显著，脲酶和酸性磷酸酶活性表现为 $T1 > T2 > CK$ ，T1 处理显著高于 T2 处理的而 T2 处理又显著高于 CK 的（图 2A、

图 1B）；多酚氧化酶活性表现为 $T2 > CK > T1$ ，T2 处理显著高于 CK 和 T1 处理的而 CK 和 T1 处理之间的差异不显著（图 2C）；蔗糖酶活性表现为 $T1 > CK > T2$ ，T1 处理显著高于 T2 处理而 CK 处理与 T1 和 T2 处理之间的差异不显著（图 2D）。

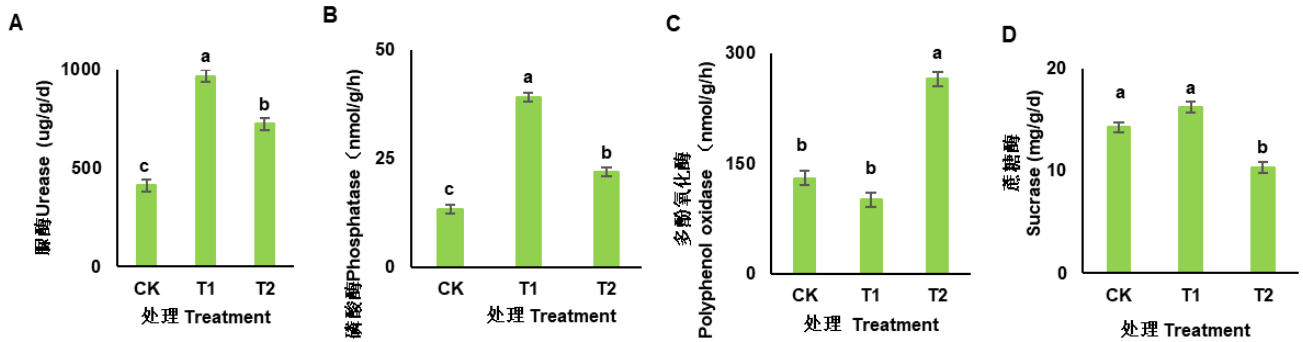


图2 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤酶活性的影响

Figure 2 Effects on enzyme activities of rhizosphere soil in tobacco-garlic intercropping

与 CK 处理相比，间作处理（T1 和 T2）的脲酶活性分别提高了 134.91%和 75.85%，酸性磷酸酶活性分别提高了 192.42%和 62.97%，土壤多酚氧化酶活性分别下降了 22.62%和提高 103.59%，蔗糖酶活性分别提高了 13.69%和下降了 27.53%

3.1.3 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤真菌群落丰度和多样性的影响

由图 3A 可知：烟田烟株根际土壤真菌丰度的变化随间作大蒜量的不同而有所不同，其大小排列为 T1>T2>CK，间作处理的显著高于对照的。此外，基于门水平的 Alpha 多样性结果表明：间作 T1 和 T2 处理

烟株根际土壤细菌的 Shannon、Ace、Chao 多样性指数均高于对照的。由此可见，间作处理的烟株根际土壤真菌群落的丰度和多样性显著高于对照。

OTU 分析表明(图 3B)，三个处理烟株根际土壤真菌总 OTUs 表现为 T1（2183 个）>T2（2034 个）>CK（1519 个）；而特有 OTUs 表现为 T1（918 个）>T2（901 个）>CK（322 个），分别占各自 OTUs 的 53.73%、33.71%、22.55%；共有 OTUs 为 707 个，分别占各自 OTUs 的 30.80%、41.38%、50.04%。这些数据表明，T1 处理的总 OTUs 数和特有 OTUs 数均高于 T2 和 CK 处理的，T2 处理的总 OTUs 数和特有 OTUs 数也高于 CK 处理的。

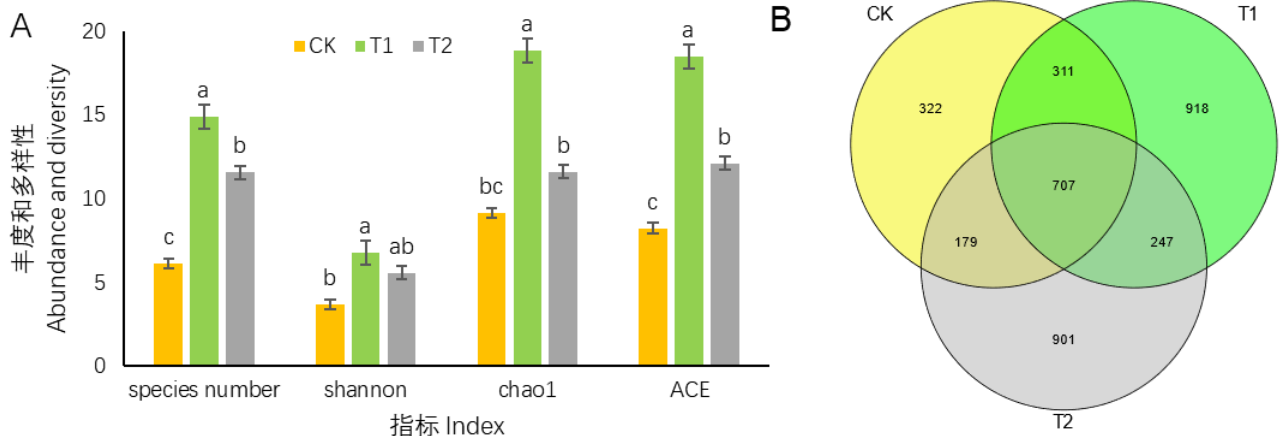


图3 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤真菌群落丰度和多样性的影响

Figure 3 Effects on fungal abundance and diversity of rhizosphere soil in tobacco-garlic intercropping

3.1.4 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤真菌群落结构及其差异的影响

丰度排前 100 的真菌共属于子囊菌门

（Ascomycota）、担子菌门（Basidiomycota）、壶菌门（Chytridiomycota）、被孢霉门（Mortierellomycota），约占总菌群的 68.53-95.42%，表明它们是优势菌门（图 4A）。

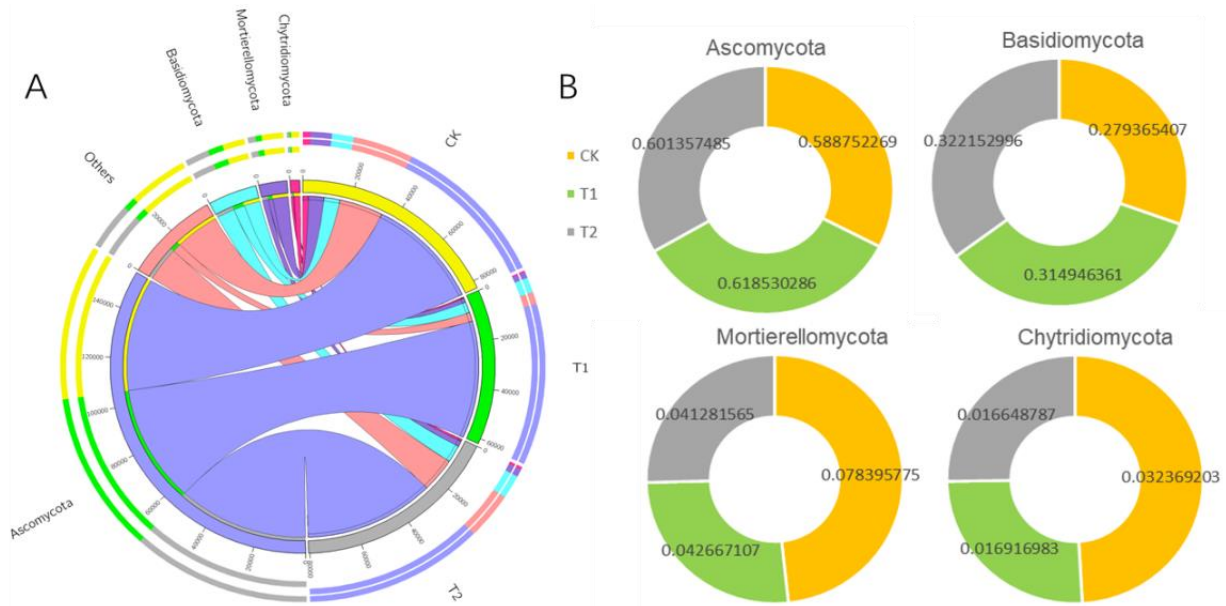


图 4 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤真菌群落结构及其差异的影响

Figure 4 Effects on fungal community structure and difference of rhizosphere soil in tobacco-garlic intercropping

基于门分类水平下各个处理优势真菌比例>2%的分布结果（图 4B）：在子囊菌门中是 T1(61.85%)>T2(60.13%)>CK(58.87%)，在担子菌门中是 T2(32.21%)>T1(31.49%)>CK(27.93%)，在壶菌门中是 T1(42.66%)>T2(41.28%)>CK(7.83%)，在被孢霉门中是 CK(3.23%)>T1(1.69%)>T2(1.66%)。

3.2 烤烟-大蒜间作对生长发育的影响

与 CK 处理的烟株生长发育相比（图 5），T1 和 T2 处理的株高分别增加了 18.12%和 15.34%，茎围分别增加了 7.45%和 8.43%，最大叶长分别增加了 8.08%和 7.05%，最大叶宽分别增加了 9.91%和 7.01%，根生物量分别增加了 5.32%和 3.22%，茎生物量分别增加了 18.2%和 6.96%，叶生物量分别增加了 12.57%和 6.15%，总生物量分别增加了 12.89%和 5.98%。

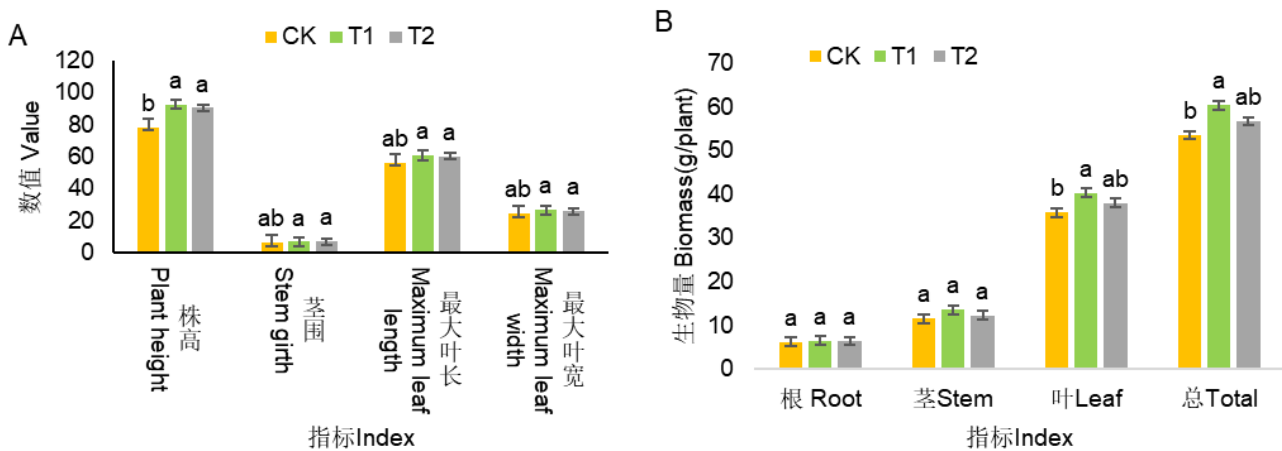


图 5 烤烟-大蒜间作对烟株生长发育的影响

Figure 5 Effects on plant growth development in tobacco-garlic intercropping

3.3 相关性分析

3.3.1 烤烟-大蒜间作烟株根际土壤真菌与养分和酶活性之间的冗余分析

由图 6A 可知：在门水平上，Ascomycota 和

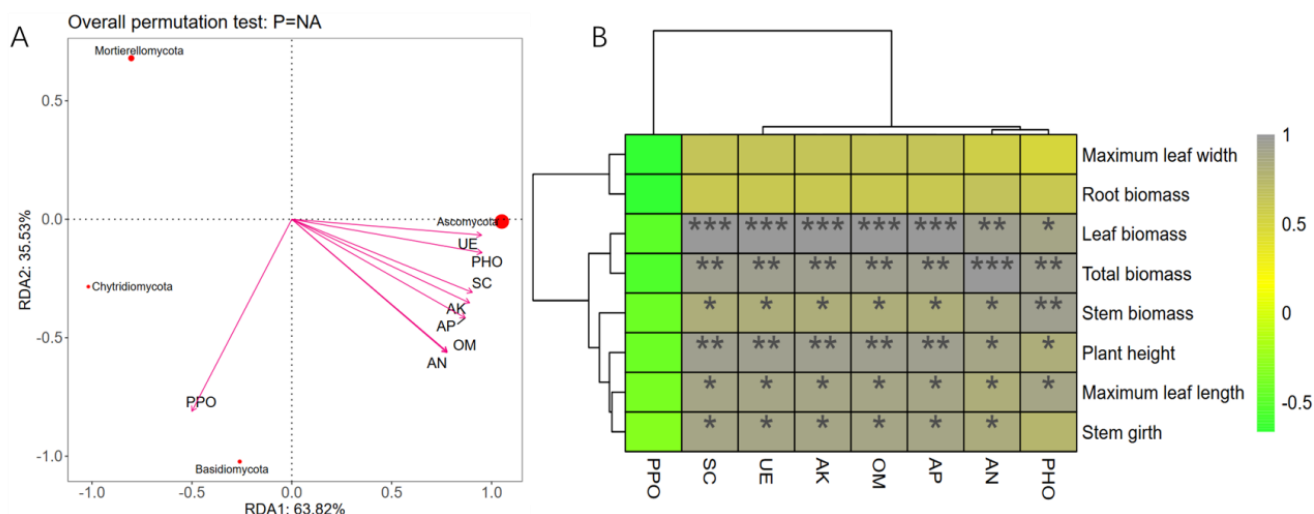


图 6 烤烟-大蒜间作对烟株根际土壤微环境与烟株生长发育间的相关性分析

Figure 6 Correlation analysis between rhizosphere soil microenvironment and growth of plants in tobacco-garlic intercropping

备注：OM、AN、AP、AK、UE、PPO、PHO、SC、Plant height、Stem girth、Maximum leaf length、Maximum leaf width、Root biomass、Stem biomass、Leaf biomass 和 Total biomass 分别代表有机质、有效氮、有效磷、有效钾、脲酶、多酚氧化酶、磷酸酶、蔗糖酶、株高、茎围、最大叶长、最大叶宽、根生物量、茎生物量、叶生物量和总生物量。

由图 6B 可知：Plant height 与 OM、AP、AK、UE、SC 呈 $P<0.01$ 的极显著正相关，与 AN 和 PHO 呈 $P<0.05$ 的显著正相关，与 PPO 呈不显著负相关；Stem girth 与 OM、AN、AP、AK、UE、SC 呈 $P<0.05$ 的显著正相关，分别与 PHO 和 PPO 呈不显著正、负相关；Maximum leaf length 和 Root biomass 与所有的土壤养分和酶活性指标均呈不显著正相关；Maximum leaf width 除了与 PPO 呈不显著负相关外，与其它指标均呈 $P<0.05$ 的显著正相关；Stem biomass 与 PHO 呈 $P<0.01$ 的极显著正相关，与 OM、AN、AP、AK、UE、SC 呈 $P<0.05$ 的显著正相关，与 PPO 呈不显著负相关；Leaf biomass 与 OM、AP、AK、UE、SC 和 AN 分别达到了 $P<0.001$ 和 $P<0.01$ 的极显著正相关，与 PHO 呈 $P<0.05$ 的显著正相关，与 PPO 呈不显著负相关；Total biomass 与 AN 和 OM、AP、AK、UE、PHO、SC 分别达到了 $P<0.001$ 和 $P<0.01$ 的极显著正相关，与 PPO 呈不显著负相关。

Basidiomycota 与所有的养分和酶活性指标均呈正相关性，Chytridiomycota 除了与 PPO 活性呈正相关性外、与其它指标均呈负相关性，Mortierellomycota 与所有的养分和酶活性指标均呈负相关性。

4 讨论

4.1 烤烟间作烟田的土壤养分和酶活性

间作的最大优点之一是利用不同植物之间的相互作用，改善土壤理化性质和酶活性，促进作物健壮生长[16]，其中酶活性是指示有机质降解、养分循环的重要参数，如蔗糖酶水解蔗糖反映了土壤有机碳的可转换性，而脲酶通过水解尿素影响土壤氮的代谢[17]。木薯-花生间作促进了土壤速效养分的吸收，从而提高了花生产量[12]。与黄瓜单作相比，黄瓜-大蒜/洋葱间作系统土壤脲酶活性升高[24]。本研究结果也显示了间作处理的养分含量、脲酶、酸性磷酸酶和蔗糖酶活性均显著高于对照，表明烤烟间作有助于提高烟株根际土壤的养分和酶活性。

4.2 烤烟间作烟田的土壤真菌群落

间作可促使土壤中特定功能真菌的富集, 表现为其多样性高于单作[3, 9, 21]。本研究表明, 间作处理的烟株根际土壤真菌群落丰富度和多样性均高于对照, 这可能是因为间作扩大了植物在表层土壤中的根系分布, 从而使土壤的渗透性增加, 营养元素的循环更加有效, 为真菌的生长和繁殖提供了更好的微环境。

间作可能影响微环境的变化而土壤微环境的变化导致微生物群落组成差异[10, 15]。本研究表明: 虽然单作和间作烟田土壤真菌群落在门水平上的群落组成相似, 这与前人的研究结果相近[7, 14]; 但各个处理优势菌的组成比例和分布比例均有显著性差异, 这说明间作在一定程度上改变了烤烟根际土壤细菌群落组成的比例。

4.3 烤烟间作烟田的烟株生长发育

在复杂的共生系统中, 积极的相互作用会促进作物的生长, 这些相互作用有利于提高土壤肥力和产量[18, 19]。在本研究中, 烤烟间作提高了烟株生物量, 这与前人对稻稻间作系统的研究结果一致[5]。

4.4 烤烟间作烟田的土壤-真菌-烟株三者之间的互作

有研究者认为不同的种植制度可以影响土壤微生物群落结构, 而微生物又能够释放土壤酶, 催化氧化还原、有机质矿化、腐殖物质在土壤中的合成、以及生长活性物的释放等多种生物化学反应, 从而改善植物的生长环境, 因此了解土壤-微生物-植物三者之间的互作关系, 有助于利用微生物资源为农业生产服务[11, 13]。本研究的相关性结果表明, 土壤养分和酶活性与真菌多样性和烟株生长发育之间均呈现出不同的相关性, 这强烈表明间作对烟株的生产性能有潜在的作用, 间作为子囊菌门创造适宜的环境, 使其能够更好地利用易降解的植物残留物部分, 促进土壤养分的积累, 而土壤养分的积累有利于促进植物的生长发育[9]。

5 结论

本试验采用 Illumina 高通量测序分析了烤烟单作(CK)和与大蒜间作(T1和T2处理)对烟株根际土

壤微环境和烟株生长发育的影响, 结果表明: 间作处理可以增加真菌的丰度多样性; 间作处理增加了烟株生物量, 这种优势可能是由于土壤-真菌-烟株三者的地下相互作用, 即优势可能来自于间作烟株土壤养分、酶活性和真菌群落的改善。

参考文献

- [1] 巩彪, 张丽丽, 隋申利, 等. 大蒜秸秆对番茄根结线虫病及根际微生态的影响 [J]. 中国农业科学, 2016, 49(5): 933-941. <https://doi.org/10.3864/j.issn.0578-1752.2016.05.013>
- [2] 贾丽琴. 豆科植物浸提液对马铃薯连作土壤微生物群落和酶活性的影响 [D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2016.
- [3] 景艺卓, 郭笑恒, 王晓丽, 等. 间作生姜对烤烟产质量、土壤细菌数量及理化性质的影响 [J]. 山东农业科学, 2022, 54(01): 86-94. <https://doi.org/10.14083/j.issn.1001-4942.2022.01.014>
- [4] 李柘锦, 朱文桥, 黄坤, 冀新威, 王成, 赵涛, 陈俊鸿, 叶兴奎, 马凌, 潘义宏. 连作对烤烟农艺性状、根系形态和土壤养分的影响 [J]. 江苏农业科学, 2022, 50(2), 67-72. <https://doi.org/10.15889/j.iss.1002-1302.2022.02.011>
- [5] 蓝妮, 向慧敏, 章家恩, 王福刚, 罗颢. 水稻与美人蕉间作对水稻生长、病虫害发生及产量的影响 [J]. 中国生态农业学报, 2018, 26 (8): 235-241. <https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.171208>
- [6] 马文富, 邓小鹏, 杜杏蓉, 代方秀, 李军营, 赵正雄, 王娜. 连作年限对植烟土壤化学特性及烟叶产质量的影响 [J]. 云南农业大学学报 (自然科学), 2021, 36(6): 993-999. [https://doi.org/10.12101/j.issn.1004-390X\(n\).202009011](https://doi.org/10.12101/j.issn.1004-390X(n).202009011)
- [7] 张东艳, 王军, 杨水平, 等. 玄参与烟草间作对土壤细菌群落结构的影响 [J]. 草业学报, 2017, 26(6): 120-130. <https://doi.org/10.11686/cyxb2016507>
- [8] 赵文婷, 邱黛玉. 大蒜对连作胁迫下当归根际微生物和酶活性的影响 [J]. 广东农业科学, 2015, 10(24): 29-33. <https://doi.org/10.16768/j.issn.1004-874x.2015.10.024>
- [9] Bai, Y. C., Li, B. X., Xu, C. Y., et al. (2022). Intercropping walnut and tea: Effects on soil nutrients, enzyme activity, and microbial communities [J]. *Frontiers in Microbiology*, 13, 576-589. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.852342>
- [10] Bainard, L. D., Koch, A. M., Gordon, A. M., and Klironomos, J. N. (2012a). Growth response of crops to soil microbial communities from conventional monocropping and tree-based intercropping systems [J]. *Plant Soil*, 363, 345-356. <https://doi.org/10.1007/s11104-012-1321-5>

- [11] Banerjee, S., Schlaeppi, K., van der Heijden, M. G. A., (2018). Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning [J]. *Nat. Rev. Microbiol.* 16 (9), 567–576. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0024>
- [12] Chen, Y., Bonkowski, M., Shen, Y., Griffiths, B. S., Jiang, Y. J., Wang, X. Y., et al. (2020). Root ethylene mediates rhizosphere microbial community reconstruction when chemically detecting cyanide produced by neighbouring plants [J]. *Microbiome* 8: 4. <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0775-6>
- [13] Delgado-Baquerizo, M., Reich, P. B., Trivedi, C., Eldridge, D. J., Abades, S., Alfaro, F. D., Bastida, F., Berhe, A. A., Cutler, N. A., Gallardo, A., García-Velázquez, L., Hart, S. C., Hayes, P. E., He, J. -Z., Hseu, Z. -Y., Hu, H. -W., Kirchmair, M., Neuhauser, S., Pérez, C. A., Reed, S. C., Santos, F., Sullivan, B. W., Trivedi, P., Wang, J. -T., Weber-Grell, L., Williams, M. A., Singh, B. K., (2020). Multiple elements of soil biodiversity drive ecosystem functions across biomes. *Nat. Ecol. Evol.* 4 (2), 210–220. <https://doi.org/10.1038/s41559-019-1084-y>
- [14] Egidi E, Wood J L, Celestina C, et al. Delving into the dark ecology: A continent-wide assessment of patterns of composition in soil fungal community from Australian tussock grasslands [J]. *Fungal Ecology*, 2019, 39: 356-370.
- [15] Floc'h, J. B., Hamel, C., Harker, K., et al. (2020). Fungal communities of the canola rhizosphere: keystone species and substantial between-year variation of the rhizosphere microbiome [J]. *Microbial Ecology*, 80(4), 762-777. <https://doi.org/10.1007/s00248-019-01475-8>
- [16] Gong, X., Liu, C., Li, J., et al. (2019). Responses of rhizosphere soil properties, enzyme activities, and microbial diversity to intercropping patterns on the Loess Plateau of China [J]. *Soil Tillage Research*, 195, 1022-1033. <https://doi.org/10.1016/j.still.2019.104355>
- [17] Hussain, S., Shafiq, I., Skalicky, M., Brestic, M., Rastogi, A., Mumtaz, M., et al. (2021). Titanium application increases phosphorus uptake through changes in Auxin content and later root formation in soybean [J]. *Front. Plant Sci.* 12: 743618. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.743618>
- [18] Liu, Z., Guo, Q., Feng, Z., Liu, Z., Li, H., Sun, Y., Liu, C., Lai, H., (2020b). Long-term organic fertilization improves the productivity of kiwifruit (*Actinidia chinensis* Planch.) through increasing rhizosphere microbial diversity and network complexity [J]. *Appl. Soil Ecol.* 147, 103426 <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2019.103426>
- [19] Oliveira T., Lucas R., Scarcell A. (2020). Fungal community differentially respond to warming and drought in tropical grassland soil [J]. *Molecular Ecology*, 29(8): 1550-1559. <https://doi.org/10.1111/15423>
- [20] Peng, X., Yan, X., Zhou, H., Zhang, Y. Z., and Sun, H. (2015). Assessing the contributions of sesquioxides and soil organic matter to aggregation in an Ultisol under long-term fertilization [J]. *Soil Till. Res.* 146, 89–98. <https://doi.org/10.1016/j.still.2014.04.003>
- [21] Zhang, M., Wang, N., Zhang, J., et al. (2019). Soil physicochemical properties and the rhizosphere soil fungal community in a mulberry (*Morus alba* L.)/Alfalfa (*Medicago sativa* L.) intercropping system [J]. *Forests*, 10(2), 167. <https://doi.org/10.3390/f10020167>
- [22] Zhao, J., Xie, H. J., Zhang, J. (2020). Analysis of microbial diversity and physicochemical properties in the rhizosphere microenvironment of salt-alkaline soil in the Yellow River Delta [J]. *Environmental Science*, 41(3), 1449-1455. <https://doi.org/10.13227/j.hjlx.201908044>
- [23] Zhou, G., Yin, X., Li, Y., Zhao, Z., Xu, L., and Ding, J. (2015b). Optimal planting timing for corn relay intercropped with flue-cured tobacco [J]. *Crop Sci.* 55 (6), 2852–2862. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.05.0396>
- [24] Zhou, X., Yu, G., and Wu, F. (2011). Effects of intercropping cucumber with onion or garlic on soil enzyme activities, microbial communities and cucumber yield [J]. *Eur. J. Soil Biol.* 47 (5), 279–287. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2011.07.001>