引用格式:田玉涵,赵海斌,颜静秋,等. 林下栽培松杉灵芝对土壤微生物群落结构与功能潜力的影响[J]. 延安大学学报(自然科学版),2026,45(3):38-46. [TIAN Y H,ZHAO H B,YAN J Q,et al. Effects of *Ganoderma tsugae* understory cultivation on soil microbial community structure and functional potential[J]. Journal of Yan'an University(Natural Science Edition),2026,45(3):38-46.]
DOI:10.13876/J.cnki.ydnse.260051

林下栽培松杉灵芝对土壤微生物群落结构与功能潜力的影响

田玉涵[1#],赵海斌[2,3#],颜静秋[1],田敬毅[1],柳晓东[1,3],贺晓龙[1,3*]

(1. 延安大学 生命科学学院;2. 延安大学 体育学院;3. 陕西省黄土高原菌产业生态循环发展工程技术研究中心,陕西 延安 716000)

摘　要:为探究林下松杉灵芝栽培对土壤微生物群落结构及功能潜力的影响,采集栽培前后林地土壤,采用宏基因组测序及reads有参注释方法,分析细菌、真菌群落组成与KEGG功能通路差异。结果表明:松杉灵芝林下栽培未显著改变土壤细菌、真菌的α与β多样性;门水平细菌优势类群为假单胞菌门、放线菌门,真菌以子囊菌门、担子菌门为主,优势门类丰度无显著差异。属水平菌群发生明显分化,栽培前慢生根瘤菌属、芽孢杆菌属等富集,栽培后黄杆菌属、节杆菌属等富集;枝孢属、链格孢属丰度显著升高,木霉属、根孢囊霉属在栽培前富集。KEGG三级通路出现变化,糠醛降解通路丰度下降,蛋白质合成、遗传信息处理等相关通路丰度上升。综上,林下松杉灵芝栽培造成部分菌群组成与功能潜力改变,可为林下食用菌土壤微生态研究提供理论依据。

关键词:松杉灵芝;宏基因组;土壤微生物;微生物多样性
中图分类号:Q938.1　S154.3　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:1004-602X(2026)03-0038-09

松杉灵芝(*Ganoderma tsugae*)隶属于灵芝科、灵芝属,又名铁杉灵芝、长白山灵芝,主要分布于中国的长白山地区[1-2]。其子实体富含多种活性成分,在增强机体免疫力、抗肿瘤、保肝解毒及抗氧化等方面表现出显著的药理活性[3-5]。

随着市场需求的不断扩大和生态农业理念的普及,松杉灵芝的栽培模式正逐渐从传统的设施袋料栽培向林下仿野生栽培转变[6-8]。林下栽培食用菌可通过菌丝体生长、代谢产物释放、胞外酶分泌以及栽培残余基质输入等途径,改变土壤养分和微生物群落结构[9]。例如,林下大球盖菇栽培可改变土壤养分含量及微生物群落组成[10];毛竹林下食用菌栽培能够显著影响土壤理化性质和细菌群落特征[11];羊肚菌林下栽培也会对土壤养分及土壤生物群落产生影响[12]。这些研究表明,林下食用菌栽培不仅是经济生产过程,也可能通过基质输入、菌丝生长和代谢活动影响土壤微生态系统。

灵芝类栽培对土壤微生物群落的影响也已受到关注。袁源等[13]基于16S rDNA扩增子测序分析了不同连作年限灵芝覆土细菌群落变化。相关研究还表明,杉木林下不同生长年限灵芝栽培土壤微生物群落存在差异,提示灵芝林下栽培可能通过改变土壤养分环境和微生物生境,影响土壤微生物群落演替[9]。然而,目前关于林下食用菌栽培对土壤

收稿日期:2026-04-16
基金项目:陕西省秦创原"科学家+工程师"队伍建设(2025QCY-KXJ-128);陕西省重点研发计划项目(2025NC-YBXM-078,2025NC-YBXM-270);陕西省教育厅产业化培育项目(24JC088);延安市科技项目(2024-QYL-063)
作者简介:田玉涵(2003—),女,硕士研究生,主要从事食药用真菌研究。#共同第一作者
*通信作者　E-mail:ydsky_mush@163.com

微生物影响的研究多集中于不同栽培年限或长期连作条件下的群落变化，而针对松杉灵芝林下仿野生栽培过程中土壤微生物群落结构及功能潜力变化特征的研究仍较为缺乏。

关于灵芝栽培土壤微生物的研究多采用16S rRNA或ITS扩增子测序技术。这些技术能够有效揭示微生物群落的物种组成，但在解析群落的功能潜力方面存在局限[13]。宏基因组学能够通过直接分析环境样品中的全部遗传物质，可同时获得微生物物种组成和功能基因信息[14-15]。近年来，宏基因组测序已广泛应用于农田、林地和根际土壤微生物研究。例如，李濛池等[16]利用宏基因组测序分析耕作方式与秸秆还田对马铃薯根际土壤微生物群落的影响，表明该技术能够有效揭示不同管理措施下土壤微生物组成及功能基因差异。由此可见，宏基因组学为深入解析林下食用菌栽培对土壤微生物功能特征的影响提供了有效手段。

基于此，本研究以松杉灵芝林下栽培土壤为研究对象，采集栽培前后土壤样品，利用宏基因组测序技术比较分析土壤细菌和真菌群落组成、多样性及功能潜力变化特征，探讨林下栽培松杉灵芝对土壤微生物群落结构及功能潜力的影响。通过明确松杉灵芝栽培过程中土壤微生物群落响应特征，揭示林下食用菌栽培模式下土壤微生物变化规律，为进一步认识林下食用菌栽培模式下土壤微生态变化及优化栽培管理模式提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　样品及其来源

本研究试验地位于陕西省延安市南泥湾林场，地处陕北黄土高原丘陵沟壑区，地势北高南低，平均海拔约1 230 m。该地区属于暖温带大陆性季风气候，四季分明，昼夜温差较大。供试材料为松杉灵芝（*Ganoderma tsugae*），采用林下栽培模式开展试验。本研究分别于2024年菌棒下地前（栽培前组，记为Before，编号NLZ01-NLZ03）以及2025年5月松杉灵芝两次采收后（栽培后组，记为After，编号NLZ04-NLZ06），在同一栽培区域采集土壤样品。每组设置3个生物学重复。栽培前样品采自菌棒下地前的拟栽培区域，栽培后样品采自松杉灵芝两次采收后的栽培区域。采用五点混合法采集0~10 cm表层土壤，去除地表凋落物、石块和粗根后充分混匀，形成一个混合样。采样工具使用前进行消毒，土壤样品置于无菌封口袋中低温运输至实验室，并保存于-80 ℃备用。

1.2　样品分析方法

1.2.1　土壤宏基因组DNA的提取

采用CTAB法对土壤样品进行基因组DNA的提取。利用Agilent 5400（Agilent，USA）检测DNA的浓度、完整性以及纯度。

1.2.2　文库构建与测序

采用Rapid Plus DNA Lib Prep Kit for Illumina9（ABclonal，USA，Catalog#：RK20208）构建宏基因组测序文库。将样品DNA使用Covaris超声打断仪（LE220R-plus，USA）随机打断至约350 bp，随后依次进行末端修复、加A尾、连接测序接头、片段筛选、PCR扩增及纯化完成文库制备。PCR扩增在T100 PCR仪（Bio-Rad，USA）上进行；片段筛选与纯化采用AMPure XP磁珠系统（Beckman Coulter，USA）。文库片段分布与质量使用Agilent 5400（Agilent，USA）检测；文库浓度采用Qubit 3.0（Invitrogen，USA）及CFX96实时荧光定量PCR系统（Bio-Rad，USA）进行定量（约1.5 nmol/L）。根据有效文库浓度与目标数据量进行pooling（Echo 550，Labcyte，USA），最终在Illumina NovaSeq X Plus平台（USA）采用PE150双端测序策略进行上机测序。

1.2.3　数据分析

对Illumina测序平台测序获得的原始数据质控使用Trimmomatic（0.39版本）软件，去宿主处理使用Bowtie2（2.3.5.1版本）进行比对过滤，获取用于后续分析的有效序列（clean data），结果见表1。物种注释与丰度估计采用Kraken2（2.0.7-beta版本）和自建的微生物核酸数据库（筛选NCBI NT核酸数据RefSeq全基因组数据库中属于细菌、真菌、古菌、病毒的序列）比对以计算样本中所含有物种的序列数，再用Bracken（2.0版本）对样本中物种的实际相对丰度进行注释。基于reads的KEGG功能注释采用HUMAnN3软件完成。将质控和去宿主后的有效序列与UniProt数据库中的UniRef90蛋白质数据库进行比对，比对过程基于DIAMOND完成。随后，根据UniRef90 ID与KEGG Orthology（KO）条目的对应关系，将比对到同一KO条目的UniRef90蛋白家族丰度进行汇总，获得各样品KEGG功能注释信息及相对丰度表，用于后续土壤微生物功能组成差异分析。

表1 土壤样品宏基因组测序数据质量统计

样本	Raw Reads	Raw Base	GC/%	Raw Q20/%	Raw Q30/%	Clean Reads	Cleaned/%	Clean Q20/%	Clean Q30/%
NLZ01	28019046	8.41	63	99.3	96.36	26532254	94.69	99.71	97.46
NLZ02	28328572	8.5	63	99.3	96.36	26897046	94.95	99.7	97.44
NLZ03	23877331	7.16	63	99.29	96.33	22645368	94.84	99.7	97.42
NLZ04	22679597	6.8	62	99.32	96.41	21542024	94.98	99.71	97.45
NLZ05	22182913	6.65	62	99.31	96.28	21012597	94.72	99.7	97.33
NLZ06	27330361	8.2	63	99.26	96.18	25802758	94.41	99.69	97.34

注:Raw Reads表示未经质控处理的原始测序序列数;Raw Bases表示原始测序碱基总量,单位为Gb;GC表示序列中鸟嘌呤和胞嘧啶碱基所占比例;Raw Q20和Raw Q30分别表示原始数据中碱基识别准确率达到99%和99.9%的碱基比例;Clean Reads表示去除接头序列、低质量序列及含较多未知碱基序列后获得的有效序列数;Cleaned表示有效序列数占原始序列数的比例;Clean Q20和Clean Q30分别表示质控后数据中碱基识别准确率达到99%和99.9%的碱基比例。

1.2.4 统计分析及数据的可视化

基于物种丰度矩阵,采用R语言(4.5.2版本)中的vegan软件包计算Chao1、Shannon和Simpson指数,用于评价土壤微生物α多样性。组间差异采用Welch两独立样本*t*检验分析。基于Bray-Curtis距离,进行主坐标分析(PCoA),并通过置换多元方差分析(PERMANOVA)检验组间差异显著性,进行土壤微生物群落β多样性分析。在门、属水平分别统计细菌和真菌群落组成,并利用堆叠柱状图展示优势类群相对丰度分布。采用LEfSe分析筛选栽培前后差异富集的细菌和真菌类群,筛选标准设定为LDA score>2.0。基于KEGG数据库注释结果,对土壤微生物功能组成进行分析。利用堆叠柱状图展示KEGG一级和二级功能分类组成特征;采用LEfSe分析筛选栽培前后差异富集的KEGG三级功能通路,筛选阈值设定为LDA score>2.0。进一步采用Welch *t*检验对差异功能通路进行统计分析,并通过Benjamini-Hochberg方法进行多重检验校正,以FDR值评价差异分析结果的可靠性。

2 结果与分析

2.1 栽培前后土壤微生物α多样性分析

结果表明(图1),林下栽培未引起细菌与真菌群落α多样性的显著改变。具体而言,细菌群落的Chao1指数、Shannon指数及Simpson指数在栽培前后差异均未达到统计学显著水平(*P*=0.445、0.174和0.102)。同理,真菌群落的各项α多样性指数在栽培前后亦保持稳定(*P*=0.353、0.992和0.981)。

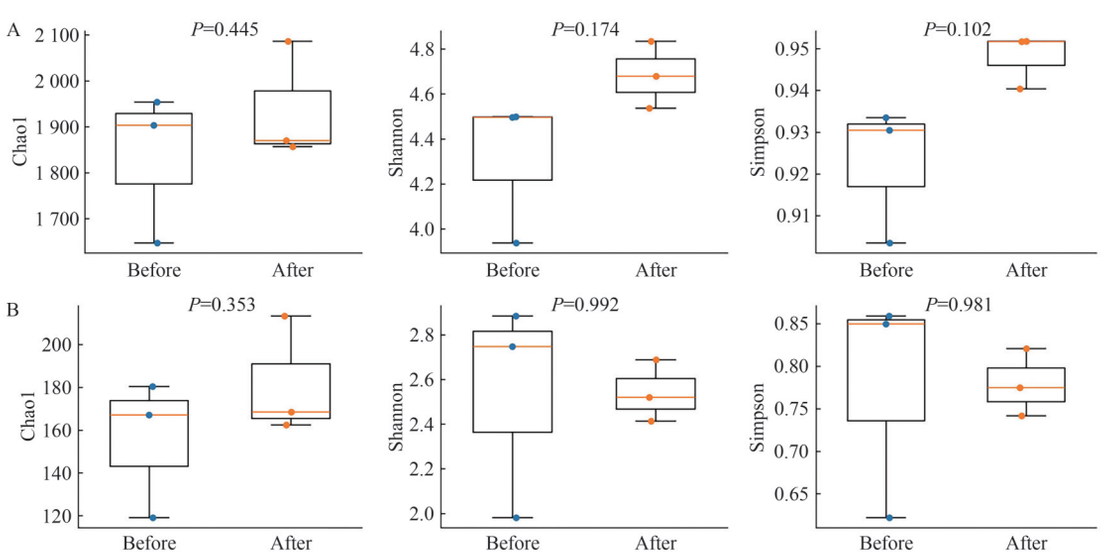


图1 栽培前后土壤微生物群落α多样性指数比较

注:A表示细菌群落α多样性指数,B表示真菌群落α多样性指数。Before表示栽培前土壤样品,After表示栽培并采收后土壤样品;每组*n*=3。Chao1指数用于表征群落物种丰富度,Shannon指数和Simpson指数用于表征群落多样性和均匀度。箱线图中箱体表示第25~75百分位数,中线表示中位数,上下须表示数据分布范围,散点表示各重复样品。*P*值采用Welch两独立样本*t*检验计算,*P*<0.05表示差异显著。

2.2　栽培前后土壤微生物β多样性分析

基于 Bray-Curtis 距离矩阵的 PCoA 结果显示（图 2）：细菌群落 PCoA 两轴分别解释了 31.73% 和 22.85% 的群落变异（累计 54.58%）；真菌群落 PCoA 第一、二轴分别解释了 43.63% 和 23.57% 的变异（累计 67.20%）。从排序图的分布来看，栽培前后的样本在坐标系中呈现出一定的空间分组分布特征。然而，置换多元方差分析（PERMANOVA）检验结果表明，栽培阶段对细菌（R^2=0.308，F=1.781，P=0.10）和真菌（R^2=0.332，F=1.991，P=0.10）群落结构的解释度均有限，组间差异未达到统计学显著水平。

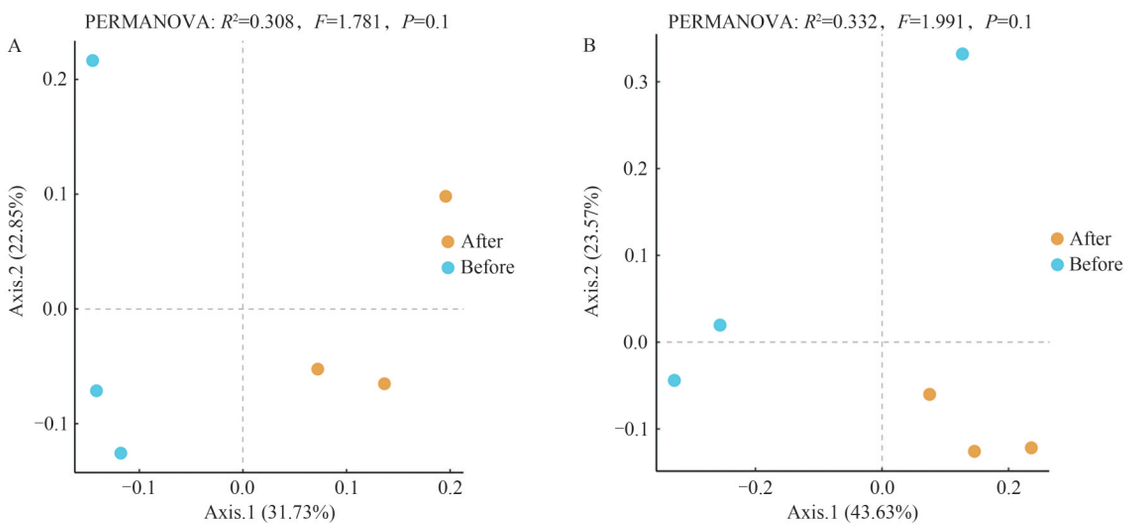


图 2　栽培前后土壤微生物群落β多样性分析

注：A 表示细菌群落，B 表示真菌群落。Before 表示栽培前土壤样品，After 表示栽培并采收后土壤样品；每组 n=3。PCoA 分析基于 Bray-Curtis 距离矩阵进行，每个点代表一个土壤样品，点间距离表示样品间群落组成差异程度。横坐标和纵坐标分别表示第一主坐标轴和第二主坐标轴对群落差异的解释率。组间差异采用 PERMANOVA 检验，P<0.05 表示差异显著。

2.3　栽培前后土壤细菌和真菌群落分析

2.3.1　细菌群落分析

在门水平上（图 3A），土壤细菌群落以假单胞菌门（*Pseudomonadota*）和放线菌门（*Actinomycetota*）为主导优势门。此外，还包含拟杆菌门（*Bacteroidota*）、酸杆菌门（*Acidobacteriota*）、厚壁菌门（*Bacillota*）和疣微菌门（*Verrucomicrobiota*）等。栽培前后优势菌门丰度无显著差异，核心菌群结构稳定。在属水平上（图 3B），细菌群落主要由慢生根瘤菌属（*Bradyrhizobium*）、贪噬菌属（*Variovorax*）和窄食单胞菌属（*Stenotrophomonas*）构成；栽培前后优势菌属丰度存在小幅波动：慢生根瘤菌属由 9.36±4.86% 降至 5.22±0.97%，食氮螺菌属与溶杆菌属也略有降低，三者差异均不显著（P>0.05）。致病杆菌属（*Xenorhabdus*）在栽培前极少检出，在栽培后平均丰度达到 2.81±4.80%，但因组内变异较大，差异未达到显著水平。

LEfSe 分析结果显示（图 4），栽培前富集的代表性菌属主要包括 *Bradyrhizobium*（慢生根瘤菌属）、*Saccharothrix*（糖丝菌属）、*Methylobacterium*（甲基杆菌属）、*Conexibacter*（康尼希杆菌属）和 *Bacillus*（芽孢杆菌属）；栽培后富集的代表性菌属主要包括 *Rhizobacter*（根杆菌属）、*Flavobacterium*（黄杆菌属）、*Brevundimonas*（短波单胞菌属）、*Arthrobacter*（节杆菌属）和 *Massilia*（马赛菌属）。

2.3.2　真菌群落分析

在门水平上（图 5A），土壤真菌群落以子囊菌门（*Ascomycota*）为核心优势类群。此外，担子菌门（*Basidiomycota*）、毛霉门（*Mucoromycota*）以及丰度较低的壶菌门（*Chytridiomycota*）也构成了群落的重要组分。栽培前后门类组成与丰度无显著变化，群落结构稳定。

在属水平上（图 5B），真菌群落主要由枝孢菌属（*Cladosporium*）、木霉属（*Trichoderma*）、根孢囊霉属（*Rhizophagus*）及链格孢属（*Alternaria*）等构成。此外，暗褐网柄牛肝菌属（*Phaeoclavulina*）、镰刀菌属（*Fusarium*）和轮枝菌属（*Verticillium*）等也占有一定比例。经过栽培，部分优势属的丰度发生了变化：枝孢菌属在栽培后显著升高，由 0.48±0.83% 增加至 12.04±3.34%（P=0.022），链格孢属与镰刀菌属

亦表现出不同程度的丰度上升。然而,部分在栽培前占据较高丰度的菌属在栽培后表现出明显的丰度下降,且这些菌属在栽培前样本中具有极高的组内变异性。例如,木霉属由10.88±11.19%降至0.29±0.09%,根孢囊霉属由7.14±4.58%降至1.02±1.06%,轮枝菌属由2.98±3.13%降至0.28±0.39%。

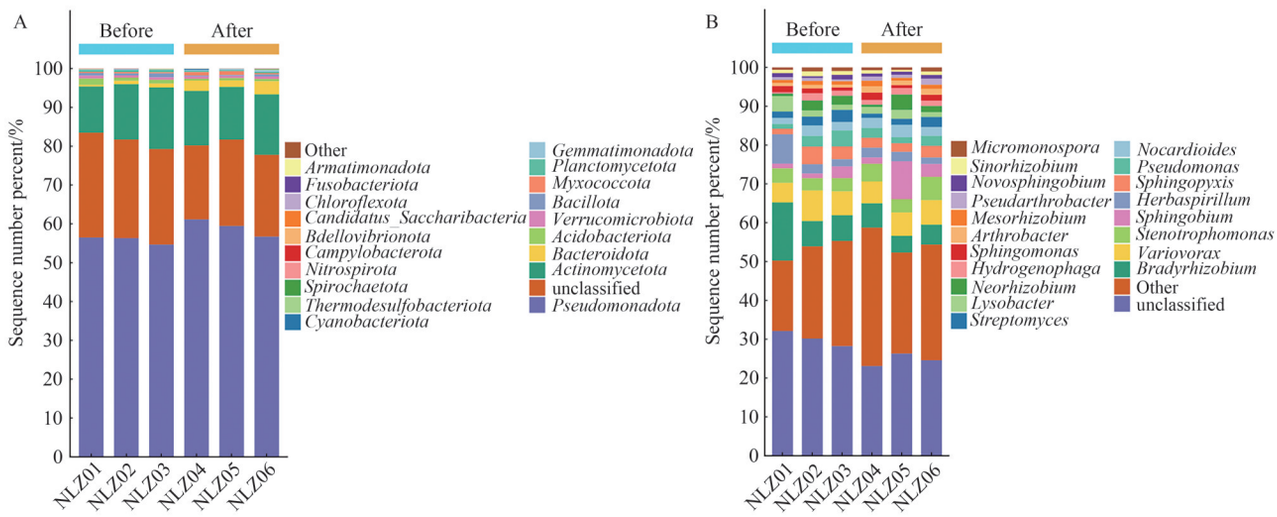


图3 栽培前后土壤细菌群落组成及相对丰度分布

注:A表示细菌门水平相对丰度组成,B表示细菌属水平相对丰度组成。Before表示栽培前土壤样品,After表示栽培并采收后土壤样品;每组n=3。柱状图中每个柱代表一个土壤样品,不同颜色表示不同细菌门或细菌属的相对丰度。

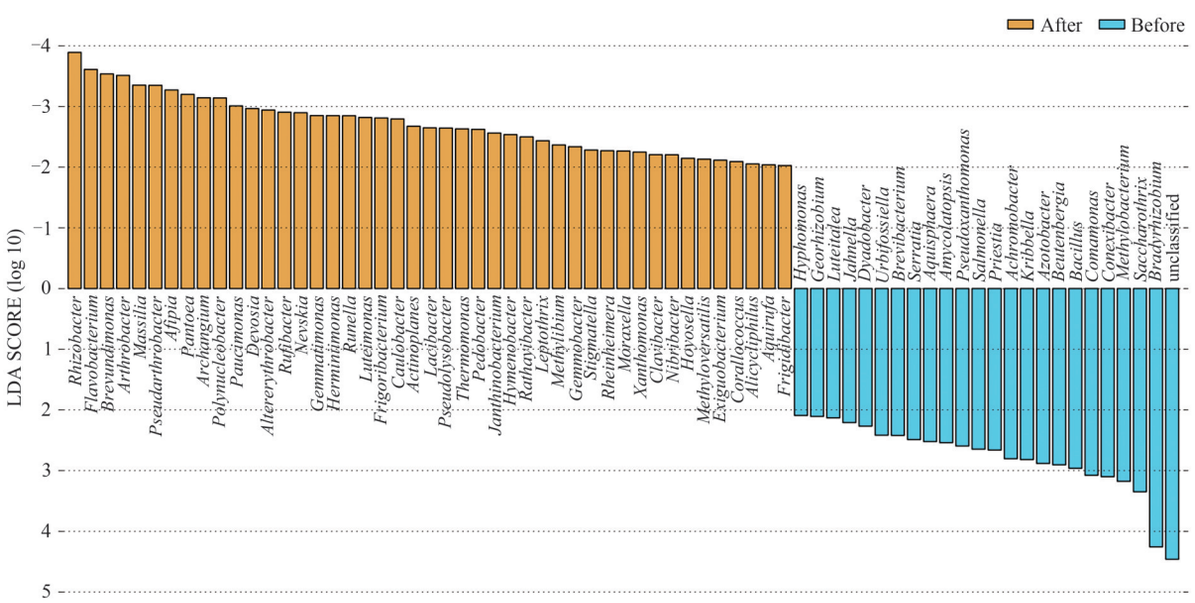


图4 栽培前后土壤差异细菌属LEfSe分析

注:Before表示栽培前土壤样品,After表示栽培并采收后土壤样品;每组n=3。LEfSe分析基于属水平细菌相对丰度表进行,差异菌属筛选标准为LDAscore>2.0。柱状图中LDAscore表示差异菌属对组间差异的贡献大小;蓝色表示在Before组中富集的细菌属,橙色表示在After组中富集的细菌属。LDAscore越大,说明该菌属对组间差异的贡献越大。

LEfSe分析结果显示(图5C),*Cladosporium*(枝孢属)和*Alternaria*(链格孢属)在栽培后差异贡献较大;*Trichoderma*(木霉属)和*Rhizophagus*(根孢囊霉属)是栽培前土壤中的主要差异富集类群。

2.4 土壤群落微生物功能组成与差异分析

KEGG功能注释表明,在一级功能水平上(图6A),共注释出6大功能类群。其中,代谢(Metabolism)通路为核心优势功能。在二级功能水平上(图6B),共注释出47个子功能类别。氨基酸代谢(Amino acid metabolism)与碳水化合物代谢(Carbohydrate metabolism)为主要二级通路。

进一步采用LEfSe分析筛选差异富集通路

(图6C),结果表明,栽培前土壤富集了与异生物质降解及复杂化合物处理相关的通路,如甲苯降解(Toluene degradation)、多环芳烃降解(Polycyclic aromatic hydrocarbon degradation)、细胞色素P450药物代谢(Drug metabolism-cytochrome P450)以及硫代谢(Sulfur metabolism)等。相比之下,栽培后土壤则富集于基础代谢与增殖相关通路,包括硫辛酸代谢(Lipoic acid metabolism)、核糖体(Ribosome)、光合生物固碳(Carbon fixation in photosynthetic organisms)、错配修复(Mismatch repair)和DNA复制(DNA replication)等。

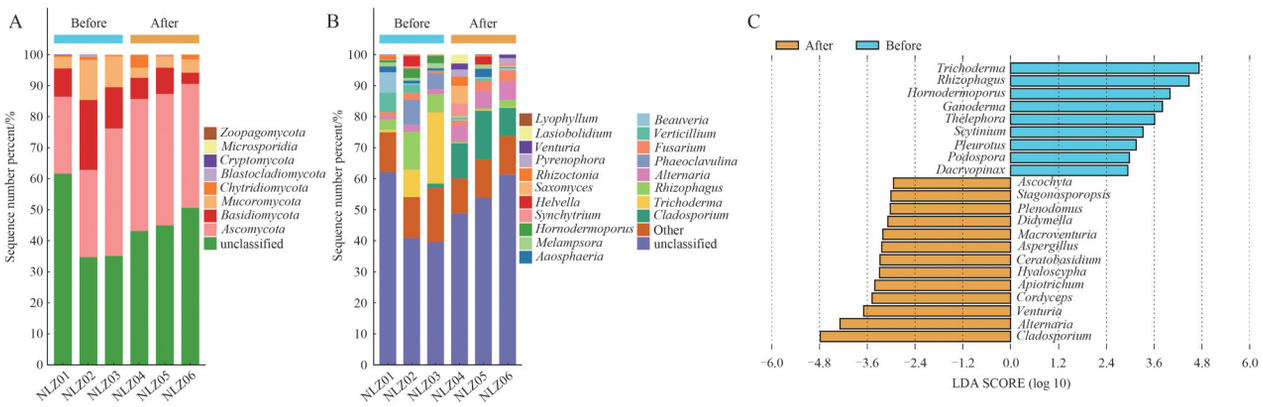


图5　栽培前后土壤真菌群落组成及差异真菌属分析

注:A表示土壤真菌群落门水平相对丰度组成,B表示土壤真菌群落属水平相对丰度组成,C表示LEfSe分析筛选的差异真菌属。Before表示栽培前土壤样品,After表示栽培并采收后土壤样品,每组n=3。A、B中柱状图表示各样品真菌类群相对丰度分布;C中基于属水平真菌相对丰度进行LEfSe分析,筛选标准为LDA score>2.0,橙色表示After组富集真菌属,蓝色表示Before组富集真菌属,LDA值越大表示该菌属对组间差异贡献越高。

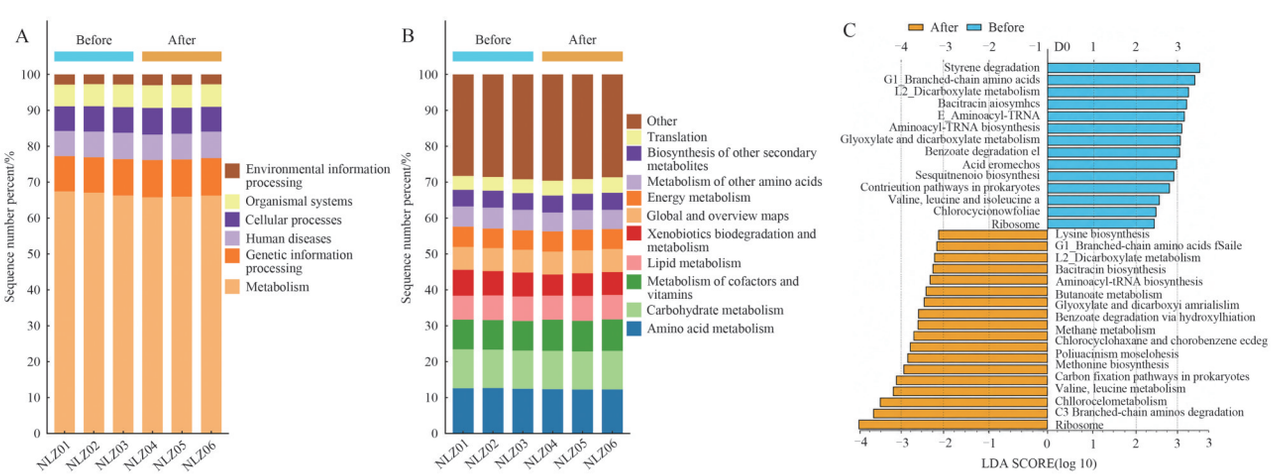


图6　栽培前后土壤微生物KEGG功能组成及差异功能通路分析

注:A表示土壤微生物KEGG一级功能分类组成,B表示KEGG二级功能分类组成,C表示LEfSe分析筛选的差异KEGG三级功能通路。Before表示栽培前土壤样品,After表示栽培并采收后土壤样品,每组n=3。A、B中柱状图表示不同KEGG功能类别的相对丰度分布;C中基于KEGG三级功能通路相对丰度进行LEfSe分析,筛选标准为LDA score>2.0,橙色表示After组富集功能通路,蓝色表示Before组富集功能通路,LDA值越大表示该功能通路对组间差异贡献越高。

3　讨论

本研究基于宏基因组reads有参注释结果,比较了松杉灵芝林下栽培前后土壤微生物群落结构与功能潜力变化。结果表明,栽培前后土壤细菌、真菌群落的α与β多样性均无显著差异,群落整体保持稳定,这与土壤环境异质性、微生物功能冗余、群落抗干扰与恢复能力及休眠菌群的调控作用密切相关[17-18]。不同于灵芝多年连作体系中微生物群落结构显著失衡的结果[19-20],本研究林下栽培模式下土壤微生物群落稳定性更高,表明林地土壤具备良好的环境缓冲能力。已有研究显示,林下食用菌栽培初期微生物可通过结构微调适应环境,且细菌群落协同作用可有效维持微生态稳定,同时栽培对

微生物群落的影响存在时间尺度效应[21-23]。

群落组成分析表明,栽培仅引起部分细菌、真菌门水平丰度小幅波动,多数变化未达显著水平。菌丝生长、基质残留与代谢产物释放等栽培过程可改变土壤微环境,进而影响微生物群落组成[9-10,23]。但本研究未测定土壤理化指标与酶活性,因此栽培诱导的微生境、资源供给变化与群落组成变异的关联分析仅为推测,尚无确定性结论。属水平部分菌群的差异富集或与基质输入、土壤资源改变相关,仍需结合理化数据进一步验证[24-25]。

相较于群落组成,KEGG三级功能通路更能反映栽培对土壤微生物功能潜力的影响。栽培前后KEGG一、二级通路组成稳定,证实土壤微生物存在功能冗余,群落小幅结构波动不会改变基础生态功能框架[26]。而三级通路出现特异性差异,说明林下栽培主要调控精细尺度的微生物功能潜力,而非整体群落多样性。

在KEGG三级潜在差异通路中,Furfural degradation(糠醛降解)在栽培后明显降低。糠醛源于木质纤维素半纤维素组分的转化分解[27-28]。灵芝栽培过程中的林地凋落物、菌棒基质与菌丝活动可改变土壤有机底物结构,调控微生物对木质纤维素衍生物的降解潜力[9,24]。该通路下降或反映土壤复杂有机物降解功能的适应性调整。因未测定土壤碳组分与降解酶活性,其具体驱动机制仍有待验证。

除糠醛降解外,部分与蛋白质合成和遗传信息处理相关的通路在栽培后相对丰度较高,这些通路与细胞生长、蛋白质合成和遗传信息维持有关。BASTIDA等[29]研究表明,有机改良可影响土壤微生物细胞功能状态,并与翻译、转录、能量产生和碳固定等细胞功能相关。因此,本研究中这些通路相对丰度升高,可能提示栽培后土壤微生物功能潜力向细胞维持、蛋白质合成和生长相关过程存在一定变化。但需要强调的是,本研究功能分析基于宏基因组reads的KEGG注释结果,反映的是功能基因相对丰度变化,而非实际转录活性、酶活性或代谢速率。还需注意,KEGG数据库中部分通路名称来源于综合注释体系,如疾病相关通路或真核生物相关通路,在土壤微生物研究中不应按照字面疾病含义进行生态学解释,而应结合底层KO条目和功能模块进行理解。基于此,本研究结果更适合用于提出林下栽培可能影响土壤微生物功能潜力的假设,而不是直接证明具体生态过程已经发生改变。

综上,松杉灵芝林下栽培未扰动土壤微生物整体群落多样性,仅改变部分菌群丰度与三级功能通路,群落整体稳定性较强。本研究存在明显局限:未结合土壤理化、酶活性指标解析驱动机制,且仅开展栽培前后表层土壤对比采样,无法反映长期栽培的群落动态演替规律。后续需依托长期定位试验、多时间与土层采样,结合土壤生态指标测定,系统揭示林下灵芝栽培对土壤微生物群落结构与功能的调控机制。

4 结论

本研究利用宏基因组测序技术分析了林下栽培松杉灵芝前后土壤微生物群落结构及功能潜力变化特征。结果表明,松杉灵芝林下栽培未显著改变土壤细菌和真菌群落α多样性及β多样性,说明在本研究采样尺度内,土壤微生物整体群落结构保持相对稳定。

进一步分析发现,松杉灵芝林下栽培前后土壤微生物优势类群组成总体保持一致,但部分细菌和真菌类群相对丰度发生变化,表明林下栽培过程可能对部分环境敏感型微生物产生调节作用。同时,KEGG功能注释结果显示,栽培前后部分三级功能通路存在差异,提示松杉灵芝栽培可能影响土壤微生物功能潜力。

综上,松杉灵芝林下栽培对土壤微生物群落的影响主要表现为部分微生物类群组成及功能潜力的响应变化,而未导致土壤微生物整体群落结构发生明显重构。本研究揭示了林下栽培松杉灵芝过程中土壤微生物群落结构及功能潜力变化特征,为进一步开展长期、多尺度林下食用菌栽培生态效应研究提供理论依据。

参考文献:

[1]杨学义,董鹏,张波,等.松杉灵芝菌丝生物学特性及其木质化机理初探[J/OL].菌物研究,1-13[2026-07-19].https://doi.org/10.13341/j.jfr.2023.1691.

[2]张鑫.松杉灵芝栽培工艺优化与多糖纯化及其功效研究[D].沈阳:沈阳农业大学,2025.

[3]栾泰龙.观赏与药用兼具的松杉灵芝[J].农村百事通,2014(2):30+73.

[4]杨学义,董鹏,张波,等.松杉灵芝菌丝体生物学特性及木质素含量测定[J].菌物研究,2026,24(1):51-60.

[5]LUO J,XU B,HU Y,et al. Analysis of chemical constituents in Ganoderma tsugae Murr. by UPLC-Q-TOF-MS/MS[J/OL]. Natural Product Research,[2026-07-19]. https://doi.org/10.1080/14786419.2025.2575127.

[6]高英旭.松杉灵芝林下栽培技术的研究[J].吉林林业科技,2018,47(3):9-12.

[7]闫梅霞,许世泉,张瑞,等.不同栽培模式下松杉灵芝的生长与有效成分含量[J].食用菌学报,2017,24(4):29-32.

[8]梁秀凤,胡海冰,庞启亮,等.松杉灵芝仿野生栽培技术[J].食用菌,2023,45(6):46-47+50.

[9]冯万艳,何荣健,朱列坤,等.林下栽培食用菌对土壤性质的影响研究进展[J].世界林业研究,2025,38(6):19-26.

[10]龚赛.林下大球盖菇栽培对土壤养分及微生物的影响[D].泰安:山东农业大学,2017.

[11]叶子豪,罗国安,王增,等.毛竹林下栽培食用菌对土壤性质及细菌群落特征的影响[J].林业科学,2024,60(8):143-151.

[12]彭彬,周文静,张艳,等.林下栽培不同羊肚菌对土壤养分及线虫群落特征的影响[J].应用与环境生物学报,2026,32(6):1036-1046.

[13]袁源,李琳,黄海辰,等.基于16S rDNA扩增子测序分析灵芝连作覆土细菌群落的变化[J].中国农学通报,2021,37(24):116-123.

[14]王慧,鞠峰.宏基因组学在环境微生物组研究中的应用与展望[J].微生物学通报,2024,51(6):1814-1833.

[15]曲颖,孙晓玥,滕新栋,等.基于宏基因组技术分析全球不同温度带土壤微生物多样性[J].微生物学通报,2023,50(5):1853-1871.

[16]李濛池,马建华,黄修梅,等.基于宏基因组测序分析耕作方式与秸秆还田对马铃薯根际土壤微生物群落的影响[J].江苏农业科学,2025,53(21):258-264.

[17]SHADE A,PETER H,ALLISON S D,et al. Fundamentals of microbial community resistance and resilience[J]. Frontiers in Microbiology,2012,3:417.

[18]LENNON J T,JONES S E. Microbial seed banks: the ecological and evolutionary implications of dormancy[J]. Nature Reviews Microbiology,2011,9(2):119-130.

[19]REN F,ZHANG Y,YU H,et al. Ganoderma lucidum cultivation affect microbial community structure of soil,wood segments and tree roots[J]. Scientific Reports,2020,10(1): 3435.

[20]YAO C,TAO N,LIU J,et al. Differences in soil microbiota of continuous cultivation of Ganoderma leucocontextum [J]. Agronomy,2023,13(3):888.

[21]梁晓君,周春柳,韦仕岩,等.杉木林下不同生长年限灵芝栽培土壤微生物群落变化特征[J].江西农业学报,2024,36(6):42-54.

[22]董石,刘怡萱,李星冉,等.羌塘高原地区藓状雪灵芝根际土壤细菌多样性研究[J].广西植物,2025,45(11):2105-2120.

[23]蒋天久,叶子豪,吴家森,等.林下灵芝种植年限对土壤活性有机碳及微生物功能多样性的影响[J].福建农业科技,2026,57(2):24-31.

[24]HARMAN G E,HOWELL C R,VITERBO A,et al. Trichoderma species—opportunistic,avirulent plant symbionts[J]. Nature Reviews Microbiology,2004,2(1):43-56.

[25]BENIREZT,RINCON A M,LIMON M C,et al. Biocontrol mechanisms of Trichoderma strains [J]. International Microbiology,2004,7(4):249-260.

[26]LOUCA S,POLZ M F,MAZEL F,et al. Function and functional redundancy in microbial systems [J]. Nature Ecology & Evolution,2018,2(6):936-943.

[27]BAO Y,DU Z,LIU X,et al. Furfural production from lignocellulosic biomass: one-step and two-step strategies and techno-economic evaluation [J]. Green Chemistry,2024,26(11):6318-6338.

[28]SYGULA E,LYCZKO J,KOZIEL J A,et al. Furfural release from lignocellulosic biomass biochars: Environmental and health implications[J]. Industrial Crops and Products,2025,237:122255.

[29]BASTIDA F,SELEVSEK N,TORRES I F,et al. Soil restoration with organic amendments: linking cellular functionality and ecosystem processes[J]. Scientific Reports,2015,5(1):15550.

[责任编辑　李晓霞　高小朋]

Effects of *Ganoderma tsugae* understory cultivation on soil microbial community structure and functional potential

TIAN Yuhan[1#], ZHAO Haibin[2,3#], YAN Jingqiu[1], TIAN Jingyi[1], LIU Xiaodong[1,3], HE Xiaolong[1,3*]

(1. School of Life Sciences, Yan'an University; 2. College of Physical Education, Yan'an University; 3. Research and Development Centre of Ecological and Sustainable application of Microbial Industry of the Loess Plateauin Shaanxi Province, Yan'an 716000, China)

Abstract: To investigate the effects of understory cultivation of *Ganoderma tsugae* on soil microbial community structure and functional potential, soil samples were collected from forest plots before and after cultivation. Metagenomic sequencing combined with reference-based read annotation was used to analyze differences in bacterial and fungal community composition and KEGG functional pathways. Results showed that understory cultivation of *G. tsugae* did not significantly alter α- and β-diversity of soil bacteria and fungi. At the phylum level, Pseudomonadota and Actinomycetota were dominant among bacteria, while Ascomycota and Basidiomycota were predominant among fungi, with no significant changes in abundance of dominant phyla. At the genus level, distinct shifts occurred: genera such as *Bradyrhizobium* and *Bacillus* were enriched prior to cultivation, whereas *Flavobacterium* and *Arthrobacter* became enriched afterward. The abundances of *Cladosporium* and *Alternaria* increased significantly, while *Trichoderma* and *Rhizophagus* were enriched before cultivation. Overall, KEGG tertiary pathways showed changes—specifically, the abundance of furfural degradation pathway decreased, while pathways related to protein synthesis and genetic information processing increased. In summary, understory cultivation of *G. tsugae* led to changes in certain microbial compositions and functional potentials, providing theoretical insights for research on soil microbiomes in understory edible mushroom cultivation.

Key words: *Ganoderma tsugae*; metagenomics; soil microorganisms; microbial diversity

(上接第37页)

Effects of pollination-insensitive floral longevity on seed production and pollen removal in *Lilium pumilum*

WANG Hao*, YANG Jiaxuan, GENG Wenhui, FANG min

(Key Laboratory of Applied Ecology of Loess Plateau, School of Life Sciences, Yan'an University, Yan'an 716000, China)

Abstract: To investigate the adaptive significance of pollination-insensitive floral longevity. Using *Lilium pumilum* (Liliaceae) as the experimental material, this study conducted supplemental pollination, pollinator observation and floral longevity manipulation experiments to monitor pollinator activity and examine the effects of pollination-insensitive floral longevity on seed number, seed quality and pollen removal efficiency. The results showed that pollination treatment did not significantly affect floral longevity. Field observations identified *Aporia crataegi* and *Andrena* spp. as the primary pollinators, which displayed markedly different foraging behaviors; *A. crataegi* exhibited significantly greater abundance, total flower visits and per-flower visitation frequency than *Andrena* spp. Furthermore, floral longevity manipulative experiments revealed that extended floral longevity significantly increased fruit set, seed number, seed set, and pollen removal rate, thereby enhancing female reproductive fitness and pollen dispersal, although it did not notably improve seed quality. Overall, this study offers valuable insights into the adaptive role of pollination-insensitive floral longevity and the evolution of floral traits in high-altitude plants, while also providing critical data for the conservation of wild *L. pumilum* germplasm resources.

Key words: *Lilium pumilum*; floral longevity; female fitness; pollen limitation; pollen; seed quality