北京林业大学学报
JOURNAL OF BEIJING FORESTRY UNIVERSITY

华北落叶松人工林土壤真菌群落的纬度格局及其影响因素

卢佞 王海燕 高文强 杨跃辉 刘雨薇 郭初泠 张亦凡 张广月

Latitudinal patterns of soil fungal communities and their influencing factors in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations

Lu Ning, Wang Haiyan, Gao Wenqiang, Yang Yuehui, Liu Yuwei, Guo Chuling, Zhang Yifan, Zhang Guangyue

引用本文:
卢佞, 王海燕, 高文强, 杨跃辉, 刘雨薇, 郭初泠, 张亦凡, 张广月. 华北落叶松人工林土壤真菌群落的纬度格局及其影响因素[J]. 北京林业大学学报, 2026, 48(10):47–61. doi: 10.12171/j.1000–1522.20260122
Lu Ning, Wang Haiyan, Gao Wenqiang, Yang Yuehui, Liu Yuwei, Guo Chuling, Zhang Yifan, Zhang Guangyue. Latitudinal patterns of soil fungal communities and their influencing factors in *Larix gmelinii* var. *principis–rupprechtii* plantations[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(10):47–61. doi: 10.12171/j.1000–1522.20260122

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20260122

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

植被恢复年限对塞罕坝华北落叶松人工林土壤碳氮磷储量的影响

Effects of vegetation recovery years on soil carbon, nitrogen and phosphorus stocks of *Larix gmelinii* var. *principis–rupprechtii* plantations in Saihanba, Hebei Province of northern China

北京林业大学学报, 2025, 47(5): 92–99. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240415

不同密度调控强度对华北落叶松人工林土壤质量的影响

Effects of different density regulation intensities on soil quality in *Larix principis–rupprechtii* plantation

北京林业大学学报, 2021, 43(6): 50–59. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20200322

基于水量平衡的华北落叶松人工林承载密度研究

Carrying density of *Larix principis–rupprechtii* plantations based on water balance

北京林业大学学报, 2024, 46(7): 1–8. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240023

间伐对华北落叶松凋落物分解及养分释放的影响

Effects of thinning on litter decomposition and nutrient release in *Larix gmelinii* var. *principis–rupprechtii* forests

北京林业大学学报, 2026, 48(5): 37–48. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250522

林分起源、年龄与纬度梯度对兴安落叶松林植被多样性及乔木层碳密度的影响

Effects of stand origin, age, and latitudinal gradients on biodiversity and tree-layer carbon density in *Larix gmelinii* forests

北京林业大学学报, 2026, 48(5): 26–36. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250458

间伐对华北落叶松人工林林分结构的影响

Influence of thinning on the stand structure of *Larix principis–rupprechtii* plantations

北京林业大学学报, 2026, 48(4): 116–124. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250393

DOI:10.12171/j.1000−1522.20260122

华北落叶松人工林土壤真菌群落的纬度格局及其影响因素

卢 佞[1,2] 王海燕[2] 高文强[1] 杨跃辉[2] 刘雨薇[2] 郭初泠[2] 张亦凡[2] 张广月[2]
（1. 中国林业科学研究院资源信息研究所，北京 100091；2. 林木资源高效生产全国重点实验室，森林培育与保护教育部重点实验室，北京林业大学林学院，北京 100083）

摘要:【目的】研究纬度梯度上华北落叶松人工林土壤真菌群落结构和多样性特征及其环境影响，为人工林生态管理与森林健康评估提供科学依据。**【方法】**本研究以华北落叶松人工林为对象，沿纬向梯度选择 8 个典型样点，每个样点设置 3 个样地，每个样地按 0 ~ 10 cm、10 ~ 20 cm 及 20 ~ 30 cm 3 个土层采集土壤样品，测定其理化性质，并基于高通量测序技术测定土壤真菌群落组成，进而分析土壤真菌群落组成与多样性沿纬度的变化格局及其与环境因子的关系。**【结果】**(1)华北落叶松人工林土壤真菌群落以子囊菌门和担子菌门为主要优势类群，丝盖伞属为共同优势属，不同土层和样点间优势属组成及相对丰度差异明显，群落组成表现出较强的空间异质性。(2)真菌 Alpha 多样性无显著的纬度变化趋势，而 Beta 多样性存在显著的纬度差异($P < 0.01$)，二者在不同土层间均呈现不同的波动趋势。(3)相关性及冗余分析表明，年均降水量、年均气温、海拔、林分郁闭度、pH 和全磷是影响真菌群落结构特征的主要驱动因子；土壤真菌 Alpha 多样性指数主要受到土壤含水量、海拔、黏粒含量和速效钾的影响。0 ~ 10 cm 和 10 ~ 20 cm 土层土壤真菌对土壤理化因子的敏感性高于 20 ~ 30 cm 土层。**【结论】**Alpha 多样性沿纬度无显著变化，Beta 多样性及群落结构沿纬度分异；优势门组成稳定，优势属组成及相对丰度空间异质性明显。年均降水量、年均气温、海拔、林分郁闭度、土壤 pH、全磷、土壤含水量、黏粒含量和速效钾是影响华北落叶松人工林土壤真菌群落结构与多样性空间变化的主要环境因子，也是其纬度分异的重要驱动因素。研究结果为理解华北落叶松人工林土壤真菌群落的纬度响应特征及其环境驱动机制提供了理论参考。

关键词：华北落叶松人工林；土壤真菌群落；纬度梯度；环境因子
中图分类号：S714.3 **文献标志码：**A **文章编号：**1000−1522(2026)10−0047−15
引文格式：卢佞，王海燕，高文强，等. 华北落叶松人工林土壤真菌群落的纬度格局及其影响因素 [J]. 北京林业大学学报，2026，48(10)：47−61. Lu Ning, Wang Haiyan, Gao Wenqiang, et al. Latitudinal patterns of soil fungal communities and their influencing factors in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(10): 47−61.

Latitudinal patterns of soil fungal communities and their influencing factors in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations

Lu Ning[1,2] Wang Haiyan[2] Gao Wenqiang[1] Yang Yuehui[2] Liu Yuwei[2]
Guo Chuling[2] Zhang Yifan[2] Zhang Guangyue[2]
(1. Institute of Forest Resource Information Techniques, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China;
2. State Key Laboratory of Efficient Production of Forest Resources, Key Laboratory of Forest Cultivation and Protection Ministry of Education, College of Forestry, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract: [**Objective**] This study investigates the structure and diversity of soil fungal communities in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations along a latitudinal gradient and examines their

收稿日期: 2026−03−14 **修回日期:** 2026−09−28
基金项目: 国家重点研发计划(2022YFD2200501)，国家自然科学基金项目(32572057)。
第一作者: 卢佞。主要研究方向：森林土壤学。Email: 2607040604@qq.com 地址：100083 北京市海淀区清华东路 35 号北京林业大学林学院。
责任作者: 高文强，副研究员。主要研究方向：应对气候变化的适应性森林经营、生物多样性和生态系统功能维持、树轮生态学等。Email: gwq9975@ifrit.ac.cn 地址：100091 北京市海淀区东小府 1 号中国林业科学研究院资源信息研究所。
本刊网址: https://j.bjfu.edu.cn; https://journal.bjfu.edu.cn

environmental drivers, aiming to provide a scientific basis for plantation ecosystem management and forest health assessment. [**Method**] This study focused on *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations. Eight typical sampling sites were selected along a latitudinal gradient, with three plots established at each site. Soil samples were collected from three depths of 0−10 cm, 10−20 cm, and 20−30 cm in each plot. Soil physicochemical properties were measured, and soil fungal community composition was determined using high-throughput sequencing. The variation patterns of soil fungal community composition and diversity along the latitudinal gradient and their relationships with environmental factors were then analyzed. [**Result**] (1) The soil fungal communities in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations were mainly dominated by Ascomycota and Basidiomycota, with *Inocybe* as a common dominant genus. The composition and relative abundance of dominant genera varied markedly among soil depths and sampling sites, indicating strong spatial heterogeneity in community composition; (2) Fungal alpha diversity showed no significant latitudinal trend, whereas beta diversity exhibited significant latitudinal differences ($P < 0.01$); both displayed different patterns of variation among soil layers; (3) Correlation and redundancy analyses showed that mean annual precipitation, mean annual temperature, altitude, stand canopy closure, pH, and total phosphorus were among the main driving factors shaping fungal community structure. The alpha diversity indices of soil fungi were mainly affected by soil water content, altitude, clay content, and readily available potassium. Soil fungi in the 0−10 cm and 10−20 cm layers were more sensitive to soil physicochemical factors than those in the 20−30 cm layer. [**Conclusion**] Alpha diversity showed no significant latitudinal trend, whereas beta diversity and community structure differed along the latitudinal gradient; the composition of dominant phyla remained stable, while the composition and relative abundance of dominant genera exhibited marked spatial heterogeneity. Mean annual precipitation, mean annual temperature, altitude, stand canopy closure, soil pH, total phosphorus, soil water content, clay content, and readily available potassium were the main environmental factors driving the spatial variation in soil fungal community structure and diversity in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations, and also represented important drivers of their latitudinal differentiation. These findings provide a theoretical reference for understanding the latitudinal response patterns of soil fungal communities in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations and their underlying environmental driving mechanisms.

Key words: *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations; soil fungal community; latitudinal gradient; environmental factors

华北落叶松（*Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii*）是华北地区重要的造林树种[1]，对维持森林生态系统功能及提升碳汇能力具有重要作用[2]。近年来，随着人工林面积的持续增加，如何实现华北落叶松人工林的可持续经营与地力维护已成为重要挑战。土壤真菌作为森林生态系统的关键组成部分[3]，主导着有机质分解、养分循环及植物健康维持等多个关键生态过程，其群落动态深刻影响着森林生态系统功能及其稳定性[4−6]。因此，探究华北落叶松人工林土壤真菌群落的纬度分布规律及其环境影响，不仅能揭示该区域真菌微生物生物地理规律，也可为气候变化背景下落叶松人工林经营管理提供理论支撑。

森林土壤真菌群落组成沿纬度梯度呈显著变化[7]。如中国东部森林从热带到温带的纬度梯度上，土壤真菌多样性随纬度升高而逐渐降低[8]。而针对我国西部森林的研究发现，真菌多样性并非随纬度降低而单调增加，而是呈现单峰模式。可见，真菌多样性在纬向梯度上存在复杂的区域变异，这种区域差异可能源于温度、降水以及土壤理化性质等环境因子的协同作用[9]。温度和降水作为主要的气候因子，特别是温度，不仅直接影响真菌的生理活动，也通过调控植被生长和土壤元素的生物地球化学循环间接影响真菌群落的组成与结构[10−11]。同时，土壤性质是驱动真菌群落纬度格局的局部调节因子。随纬度变化，土壤 pH 值、氮和磷含量等化学性质呈规律性变化，进而影响真菌群落的组成。例如，热带地区的一项研究表明，丛枝菌根真菌的丰富度受土壤 pH、温度、降水量及纬度等因素的共同调控[12]。庞泉沟华北落叶松人工林土壤真菌群落结构也受到土壤 pH、含水率、全氮含量、铵态氮含量、全碳含量的显著影响[13]。

目前，关于华北落叶松林土壤真菌群落的研究已取得一定进展，但大多集中于海拔梯度等方面，沿纬度梯度的系统研究仍较为有限[13−15]。因此，明确不同纬度下华北落叶松人工林土壤真菌多样性分布特征及其环境驱动机制，对完善森林生态系统微生物地理格局认知、指导人工林生态管理与森林健康评估具有重要意义。

1　研究区概况与研究方法

1.1　研究区概况

在华北落叶松主要分布区选择 8 个样点，分别为内蒙古旺业甸，北京京西、延庆，山西管涔山（岢岚县）、太岳山（七里裕林场）、大同，陕西太白和甘肃天水，纬度跨越约 7°，能够较好地反映区域范围内华北落叶松人工林土壤真菌群落的空间异质性。将 8 个样点按照纬度梯度划分为南部（太白、天水）：纬度在 33°58′12″～34°10′48″N 之间；中部（七里峪、岢岚）：纬度在 36°39′00″～38°38′24″N 之间；北部（大同、京西、延庆、旺业甸）：纬度在 39°51′00″～41°36′36″N 之间。样点其他详细信息参见文献 [16]。

1.2　土壤样品采集与处理

2023 年 7—11 月和 2024 年 7—8 月，开展华北落叶松人工林样地调查及土壤采样工作，在每个样点布设 3 个 20 m × 20 m 样地，每个样地按“S”形选取 5～7 个土壤采样点，每个采样点分别采集 0～10 cm，10～20 cm 和 20～30 cm 3 个土层的土样，将同一样地内各采样点土样按土层分别混合均匀后采用四分法取 1 kg 装袋，即为混合土样。同时，另取原状土测定容重和含水量。所采土样分别用于微生物及理化性质测定，并同步调查样地基本因子，具体内容见文献 16。采集的混合土样分为两部分处理：一部分以新鲜土状态置于−20 ℃ 冰箱中保存，供后续土壤微生物指标测定使用；另一部分则经自然风干后，去除石砾、动植物残体并进行磨细和过 2 mm、0.25 mm 土壤筛，用于土壤基本理化性质的分析。

1.3　土壤理化性质测定

土壤理化性质参考鲍士旦的《土壤农化分析》[17]进行测定。土壤容重（soil bulk density，BD）和含水量（soil water content，SWC）采用烘干法，质地用比重计法，全氮（total nitrogen，TN）、全磷（total phosphorus，TP）、碱解氮（alkali-hydrolyzed nitrogen，AN）、有效磷（available phosphorus，AP）、速效钾（readily available potassium，AK）、阳离子交换量（cation exchange capacity，CEC）、pH 及有机质（soil organic matter，SOM）分别按照《土壤农化分析》中所提方法进行测定。土壤脲酶采用苯酚−次氯酸钠比色法；过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法；蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法；中性及酸性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法[18]。

1.4　土壤基因组 DNA 提取及扩增子测序分析

土壤 DNA 提取、扩增子测序均委托北京诺禾致源科技股份有限公司完成。采用 CTAB 法提取土壤样品总 DNA，经琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量后，使用无菌水将样品稀释至 1 ng/μL。以稀释后的 DNA 为模板，采用针对真菌 ITS1 区的引物 ITS5-1737F 和 ITS2-2043R 进行 PCR 扩增，扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测后纯化回收目标条带，构建文库并经质检合格后，采用 Illumina NovaSeq 6000 平台进行测序。

1.5　气候数据获取

使用 ArcGIS 10.8.1 提取样地气候数据，年均气温（mean annual temperature，MAT）和年均降水量（mean annual precipitation，MAP）来源于全球气候数据库（http://www.worldclim.org，空间分辨率 30″）。

1.6　数据分析方法

采用 SPSS 29.0 进行描述统计和单因素方差分析，诺禾云平台计算 Alpha 多样性（包括 Chao1 指数、Observed_features 指数、Dominance 指数、Pielou 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数）并绘制群落相对丰度图，运用 R 4.4.3 软件完成非度量多维尺度分析（non-metric multidimensional scaling，NMDS）、相似性分析（analysis of similarities，ANOSIM）及 Mantel 检验（Mantel test）。使用 Canoco 5 以土壤真菌前 10 大门类的相对丰度为响应变量，环境因子为解释变量，对环境因子进行标准化后，均通过方差膨胀因子检验（VIF < 10）再进行冗余分析（redundancy analysis，RDA）。其余图件由 Origin 2024.0 绘制。

2　结果与分析

2.1　华北落叶松人工林不同土层深度土壤特征

如表 1～3 所示，在 10～20 cm 土层中，各样点间土壤有机质和速效钾含量差异均不显著，而中性磷酸酶活性在 3 个土层中均未表现出显著差异。同一样点不同土层间的差异主要表现为太白样点的土壤容重和过氧化氢酶活性，七里峪样点的黏粒含量及脲酶、蔗糖酶活性，旺业甸样点的有机质、全氮、碱解氮含量及蔗糖酶、过氧化氢酶和中性磷酸酶活性，京西样点的速效钾含量及酸性磷酸酶、中性磷酸酶活性，以及延庆样点的碱解氮含量及蔗糖酶、过氧化氢酶和中性磷酸酶活性在不同土层间均达到显著差异水平。

各区域土壤理化性质呈现出显著的空间差异。

表 1 不同纬度梯度上华北落叶松人工林的土壤物理性质（*N*=24）

Tab. 1 Soil physical properties of *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations along different latitudinal gradients (*N*=24)

物理性质	土层/cm	太白	天水	岢岚	大同	七里峪	旺业甸	京西	延庆
土壤含水量/%	0 ~ 10	23.33 ± 10.02Aab	17.33 ± 7.37Ab	19.33 ± 15.31Ab	27.33 ± 12.01Aab	23.00 ± 5.00Aab	20.00 ± 5.00Ab	37.00 ± 3.00Aa	18.00 ± 1.00Ab
	10 ~ 20	23.67 ± 2.52Ab	17.00 ± 8.54Ab	18.67 ± 14.15Ab	28.00 ± 12.12Aab	21.33 ± 7.02Ab	18.33 ± 6.66Ab	39.33 ± 7.57Aa	16.67 ± 0.58Ab
	20 ~ 30	14.67 ± 12.10Ab	18.00 ± 8.72Aab	19.00 ± 13.00Aab	29.00 ± 13.53Aab	22.33 ± 8.96Aab	16.33 ± 4.16Ab	35.00 ± 7.21Aa	16.67 ± 0.58Aab
黏粒含量/%	0 ~ 10	14.78 ± 2.60Abc	7.90 ± 6.04Ac	8.94 ± 2.59Ac	9.28 ± 3.71Ac	7.22 ± 1.03ABc	19.59 ± 3.72Aab	24.74 ± 4.73Aa	14.09 ± 5.86Abc
	10 ~ 20	12.03 ± 1.57Abc	8.93 ± 6.30Ac	12.03 ± 6.30Abc	8.59 ± 4.17Ac	8.25 ± 0.00Ac	18.21 ± 5.29Aab	25.42 ± 0.60Aa	11.00 ± 3.62Abc
	20 ~ 30	11.00 ± 3.15Acd	7.90 ± 6.71Acd	11.68 ± 2.98Ac	10.31 ± 4.49Acd	6.19 ± 0.00Bcd	19.93 ± 5.19Ab	27.83 ± 0.01Aa	3.78 ± 2.59Ad
粉粒含量/%	0 ~ 10	49.49 ± 12.54Aa	31.27 ± 19.16Ab	40.89 ± 4.87Aab	38.49 ± 4.29Aab	49.83 ± 3.91Aa	41.58 ± 7.60Aab	37.45 ± 3.63Aab	42.96 ± 2.14Aab
	10 ~ 20	52.92 ± 7.24Aa	32.99 ± 18.33Ab	41.24 ± 8.25Aab	41.58 ± 5.68Aab	50.17 ± 4.29Aab	43.99 ± 4.17Aab	36.08 ± 9.95Aab	39.86 ± 3.90Aab
	20 ~ 30	54.30 ± 5.19Aa	29.90 ± 19.75Ab	41.24 ± 8.25Aab	42.61 ± 4.76Aab	47.42 ± 3.72Aa	39.52 ± 2.98Aab	40.54 ± 3.16Aab	46.05 ± 5.09Aab
砂粒含量/%	0 ~ 10	35.74 ± 12.30Ab	60.82 ± 25.19Aa	50.17 ± 5.29Aab	52.23 ± 4.17Aab	42.96 ± 3.15Aab	38.83 ± 10.17Ab	37.81 ± 6.64Ab	42.95 ± 5.19Aab
	10 ~ 20	35.05 ± 5.74Ab	58.08 ± 24.60Aa	46.74 ± 2.38Aab	49.83 ± 1.57Aab	41.58 ± 4.29Aab	37.80 ± 8.40Aab	38.50 ± 9.75Aab	49.14 ± 5.19Aab
	20 ~ 30	34.71 ± 6.63Aab	62.20 ± 26.11Aa	47.08 ± 5.86Aab	47.08 ± 0.60Aab	46.39 ± 3.72Aab	40.55 ± 8.01Aab	31.62 ± 3.16Ab	50.17 ± 5.68Aab
土壤容重/（g·cm^{-3}）	0 ~ 10	1.33 ± 0.05Bbc	1.36 ± 0.08Aab	1.08 ± 0.13Ade	1.06 ± 0.22Ade	1.16 ± 0.15Abcd	1.13 ± 0.12Acde	0.92 ± 0.05Ae	1.55 ± 0.04Aa
	10 ~ 20	1.44 ± 0.11ABab	1.41 ± 0.17Aabc	1.13 ± 0.23Acde	1.03 ± 0.22Ade	1.16 ± 0.16Abcd	1.18 ± 0.19Abcd	0.85 ± 0.07Ae	1.53 ± 0.02Aa
	20 ~ 30	1.51 ± 0.07Aa	1.39 ± 0.05Aab	0.99 ± 0.15Ace	1.06 ± 0.21Acd	1.22 ± 0.12Abcd	1.28 ± 0.19Aabc	0.82 ± 0.12Ae	1.50 ± 0.08Aa

注：数值为平均值 ± 标准差。不同大写字母表示同一样点不同土层深度间差异显著（$P < 0.05$），不同小写字母表示不同样点同一土层深度间差异显著（$P < 0.05$）。下同。

表 2 不同纬度梯度上华北落叶松人工林的土壤化学性质（*N*=24）

Tab. 2 Soil chemical properties of *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations along different latitudinal gradients (*N*=24)

化学性质	土层/cm	太白	天水	岢岚	大同	七里峪	旺业甸	京西	延庆
pH	0 ~ 10	5.62 ± 0.28Acd	5.89 ± 0.16Acd	7.32 ± 0.34Aa	7.39 ± 0.54Aa	7.05 ± 0.28Aab	5.49 ± 0.37Acd	5.11 ± 0.57Ad	6.28 ± 0.76Abc
	10 ~ 20	5.87 ± 0.38Abc	5.88 ± 0.30Abc	7.54 ± 0.54Aa	7.47 ± 0.37Aa	7.15 ± 0.14Aa	5.52 ± 0.25Ac	5.36 ± 0.40Ac	6.33 ± 0.27Ab
	20 ~ 30	6.00 ± 0.42Abc	5.90 ± 0.38Abc	7.54 ± 0.53Aa	7.61 ± 0.44Aa	7.13 ± 0.17Aa	5.58 ± 0.26Abc	5.31 ± 0.75Ac	6.17 ± 0.14Ab
土壤有机质/（g·kg^{-1}）	0 ~ 10	51.57 ± 18.11Aab	22.14 ± 3.32Abc	40.86 ± 31.30Aabc	49.69 ± 23.66Aab	34.47 ± 5.66Aabc	56.02 ± 10.48Aa	65.58 ± 15.71Aa	11.58 ± 0.96Ac
	10 ~ 20	39.31 ± 18.05Aa	18.16 ± 10.69Aa	38.88 ± 30.59Aa	43.41 ± 23.71Aa	31.63 ± 7.08Aa	40.18 ± 11.66ABa	57.48 ± 19.65Aa	27.87 ± 37.76Aa
	20 ~ 30	30.97 ± 16.82Aabc	12.10 ± 5.76Abc	31.42 ± 16.19Aabc	46.20 ± 25.39Aa	34.72 ± 14.22Aab	32.10 ± 7.75Babc	57.65 ± 9.58Aa	7.28 ± 3.61Ac
全氮/（g·kg^{-1}）	0 ~ 10	1.41 ± 0.81Abc	0.76 ± 0.48Abc	0.80 ± 0.27Abc	1.58 ± 0.59Ab	1.24 ± 0.26Abc	1.57 ± 0.40Ab	2.90 ± 1.04Aa	0.40 ± 0.13Ac
	10 ~ 20	1.15 ± 0.75Aab	0.56 ± 0.33Aab	1.16 ± 1.19Aab	1.28 ± 0.81Aab	1.18 ± 0.25Aab	1.31 ± 0.44ABab	2.19 ± 1.08Aa	0.33 ± 0.10Ab
	20 ~ 30	0.95 ± 0.76Aab	0.44 ± 0.31Ab	1.18 ± 0.97Aab	1.67 ± 0.97Aab	1.04 ± 0.22Aab	0.80 ± 0.25Bab	2.11 ± 1.54Aa	0.26 ± 0.07Ab
碱解氮/（mg·kg^{-1}）	0 ~ 10	174.40 ± 45.69Aa	80.35 ± 45.05Aab	155.15 ± 113.83Aab	167.18 ± 68.59Aa	152.75 ± 66.17Aab	175.60 ± 35.41Aa	46.67 ± 7.29Ab	73.50 ± 9.26Aab
	10 ~ 20	129.90 ± 53.15Aab	61.34 ± 37.67Aab	138.60 ± 121.33Aab	153.95 ± 72.91Aa	108.25 ± 28.87Aab	134.71 ± 42.28ABab	45.50 ± 10.50Aab	38.50 ± 9.26Bb
	20 ~ 30	102.23 ± 48.99Aabc	56.53 ± 27.32Abc	143.61 ± 103.83Aab	158.76 ± 70.43Aa	101.03 ± 20.09Aabc	97.42 ± 13.01Babc	42.00 ± 3.50Ac	42.00 ± 24.50ABc
全磷/（g·kg^{-1}）	0 ~ 10	0.58 ± 0.21Aab	0.63 ± 0.11Aab	0.54 ± 0.37Aab	0.56 ± 0.14Aab	0.53 ± 0.12Aab	0.69 ± 0.16Aab	0.84 ± 0.39Aa	0.27 ± 0.08Ab
	10 ~ 20	0.52 ± 0.22Aab	0.50 ± 0.09Aab	0.51 ± 0.25Aab	0.57 ± 0.12Aab	0.55 ± 0.12Aab	0.63 ± 0.20Aa	0.77 ± 0.08Aa	0.28 ± 0.08Ab
	20 ~ 30	0.44 ± 0.21Ab	0.57 ± 0.07Ab	0.56 ± 0.21Ab	0.51 ± 0.30Ab	0.60 ± 0.22Ab	0.53 ± 0.13Ab	1.02 ± 0.45Aa	0.29 ± 0.07Ab
有效磷/（mg·kg^{-1}）	0 ~ 10	4.67 ± 0.59Aab	3.12 ± 1.44Aab	3.79 ± 0.90Aab	2.68 ± 0.63Aab	3.77 ± 2.30Aab	2.98 ± 1.15Aab	7.38 ± 6.49Aa	0.01 ± 0.00Ab
	10 ~ 20	3.06 ± 1.06Aab	2.35 ± 0.65Aab	4.54 ± 1.14Aa	2.42 ± 0.60Aab	3.52 ± 2.12Aab	2.68 ± 0.60Aab	6.32 ± 5.72Aa	0.01 ± 0.01Ab
	20 ~ 30	3.59 ± 1.81Aab	2.36 ± 1.26Ab	4.31 ± 0.40Aab	2.29 ± 0.45Ab	3.00 ± 1.28Aab	2.72 ± 0.58Ab	5.25 ± 2.41Aa	0.02 ± 0.02Ac
速效钾/（mg·kg^{-1}）	0 ~ 10	92.23 ± 24.02Ab	124.52 ± 40.81Aab	132.06 ± 42.85Aab	125.35 ± 39.42Aab	135.84 ± 33.96Aab	187.40 ± 87.38Aa	133.08 ± 35.31Aab	98.78 ± 3.56Aab
	10 ~ 20	72.32 ± 22.01Aa	109.42 ± 64.36Aa	120.75 ± 17.29Aa	129.76 ± 64.78Aa	139.61 ± 73.65Aa	130.80 ± 35.66Aa	77.52 ± 20.61Ba	92.61 ± 14.26Aa
	20 ~ 30	66.03 ± 13.70Ab	75.47 ± 23.56Aab	109.43 ± 23.56Aab	125.77 ± 44.22Aab	143.38 ± 75.37Aa	98.10 ± 42.85Aab	76.83 ± 11.70Bab	97.41 ± 21.81Aab
阳离子交换量/（cmol·kg^{-1}）	0 ~ 10	21.28 ± 4.32Ab	8.38 ± 3.03Aa	17.79 ± 7.17Ab	24.92 ± 3.88Ab	17.10 ± 1.19Ab	17.65 ± 5.53Ab	25.00 ± 6.60Ab	21.52 ± 2.33Ab
	10 ~ 20	13.59 ± 6.74Abc	6.43 ± 1.00Ac	17.48 ± 6.30Ab	19.90 ± 2.09Ab	15.92 ± 2.69Ab	17.83 ± 4.34Ab	29.92 ± 4.38Aa	20.89 ± 3.00Ab
	20 ~ 30	17.17 ± 1.22Aab	5.65 ± 2.02Ab	15.86 ± 6.47Aab	17.82 ± 8.25Aa	18.16 ± 5.55Aa	16.96 ± 4.06Aab	27.53 ± 11.39Aa	21.34 ± 4.24Aa

表 3　不同纬度梯度上华北落叶松人工林的土壤酶活性（*N*=24）

Tab. 3　Soil enzyme activities of *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations along different latitudinal gradients (*N*=24)

土壤酶	土层/cm	太白	天水	岢岚	大同	七里峪	旺业甸	京西	延庆
脲酶/（mg·g^{-1}）	0 ~ 10	0.11 ± 0.06Aa	0.03 ± 0.03Abc	0.08 ± 0.04Aab	0.10 ± 0.04Aa	0.09 ± 0.01Aa	0.10 ± 0.03Aa	0.03 ± 0.01Abc	0.01 ± 0.00Ac
	10 ~ 20	0.09 ± 0.05Aa	0.06 ± 0.05Aab	0.07 ± 0.05Aab	0.09 ± 0.02Aa	0.08 ± 0.01ABa	0.08 ± 0.03Aa	0.03 ± 0.01Aab	0.01 ± 0.00Ac
	20 ~ 30	0.06 ± 0.04Aab	0.01 ± 0.01Abc	0.06 ± 0.04Aab	0.08 ± 0.03Aa	0.06 ± 0.02Bab	0.06 ± 0.01Aab	0.03 ± 0.01Abc	0.01 ± 0.00Ac
蔗糖酶/（mg·g^{-1}）	0 ~ 10	19.42 ± 9.7Ab	5.26 ± 8.64Ab	28.05 ± 15.29Ab	55.28 ± 23.93Ab	29.80 ± 4.04Ab	19.76 ± 6.43Ab	184.51 ± 26.33Aa	210.63 ± 102.75Aa
	10 ~ 20	13.96 ± 1.38Ab	5.32 ± 6.79Ab	17.32 ± 15.75Ab	34.83 ± 12.54Ab	14.43 ± 5.7Bb	15.69 ± 5.72ABb	115.69 ± 76.79Aa	111.48 ± 6.32ABa
	20 ~ 30	8.25 ± 2.96Ac	4.78 ± 4.05Ac	13.65 ± 7.49Ac	22.80 ± 8.23Ac	12.53 ± 1.46Bc	5.10 ± 3.33Bc	106.73 ± 39.96Aa	64.23 ± 32.13Bb
过氧化氢酶/（mg·g^{-1}）	0 ~ 10	0.91 ± 0.10Ac	0.47 ± 0.13Ac	1.15 ± 0.08Ac	1.24 ± 0.05Ac	1.20 ± 0.12Ac	0.92 ± 0.04Ac	2.49 ± 1.27Ab	3.37 ± 0.39Aa
	10 ~ 20	0.79 ± 0.08ABab	0.39 ± 0.08Ab	1.09 ± 0.06Aa	1.19 ± 0.08Aa	1.18 ± 0.12Aa	0.74 ± 0.14Bab	1.01 ± 0.36Aab	0.86 ± 0.91Bab
	20 ~ 30	0.71 ± 0.08Bbc	0.29 ± 0.11Ac	1.04 ± 0.14Aab	1.16 ± 0.11Aab	1.11 ± 0.07Aab	0.49 ± 0.05Cbc	1.17 ± 0.94Aab	1.42 ± 0.33Ba
酸性磷酸酶/（mg·g^{-1}）	0 ~ 10	2.69 ± 0.24Ab	3.49 ± 0.98Aab	2.84 ± 1.46Ab	2.43 ± 0.44Ab	2.78 ± 1.15Ab	4.47 ± 0.75Aa	1.00 ± 0.10ABc	0.86 ± 0.02Ac
	10 ~ 20	3.06 ± 0.53Aab	2.40 ± 1.06Abc	2.08 ± 1.33Abc	2.68 ± 0.51Aab	2.76 ± 1.35Aab	4.17 ± 0.51Aa	1.04 ± 0.05Ac	0.93 ± 0.14Ac
	20 ~ 30	2.97 ± 0.34Aab	1.94 ± 1.26Ab	1.97 ± 0.67Ab	2.62 ± 0.28Ab	2.15 ± 0.41Ab	3.67 ± 0.51Aa	0.88 ± 0.03Bc	0.91 ± 0.08Ac
中性磷酸酶/（mg·g^{-1}）	0 ~ 10	0.93 ± 0.32Aa	0.60 ± 0.22Aa	0.54 ± 0.38Aa	0.69 ± 0.51Aa	0.94 ± 0.44Aa	0.95 ± 0.14Aa	0.95 ± 0.07Aa	1.13 ± 0.22Aa
	10 ~ 20	0.76 ± 0.25Aa	0.46 ± 0.31Aa	0.61 ± 0.8Aa	0.58 ± 0.44Aa	0.70 ± 0.20Aa	0.75 ± 0.13ABa	0.71 ± 0.17Ba	0.75 ± 0.07ABa
	20 ~ 30	0.58 ± 0.20Aa	0.42 ± 0.32Aa	0.63 ± 0.69Aa	0.60 ± 0.49Aa	0.80 ± 0.20Aa	0.61 ± 0.12Ba	0.87 ± 0.04ABa	0.54 ± 0.26Ba

土壤质地由南向北逐渐变细，天水样点砂粒含量显著高于中、北部（$P < 0.05$），而北部样点黏粒比例显著升高（$P < 0.05$），表现出更强的保水保肥能力。土壤 pH 呈“中部最高、南北较低”的分布格局，中部土壤偏中性至微碱性，而南部与北部样点表现为酸性。北部京西和旺业甸的有机质和全氮含量显著高于其他区域（$P < 0.05$），而延庆则普遍较低（$P < 0.05$）。土壤脲酶活性在太白、大同和旺业甸样点较高，延庆样点最低；蔗糖酶活性变幅最大，在京西和延庆显著高于其他样点；过氧化氢酶在天水样点普遍低于其他样点；酸性磷酸酶在旺业甸总体较高，而中性磷酸酶在各样点和土层间差异相对较小。

2.2　华北落叶松人工林土壤真菌群落组成

如图 1 所示，华北落叶松人工林 8 个样点 3 个土层的优势真菌门均为子囊菌门（Ascomycota）和担子菌门（Basidiomycota），在 0 ~ 10 cm、10 ~ 20 cm 和 20 ~ 30 cm 土层中，两者相对丰度之和分别为 58.51% ~ 82.51%、59.22% ~ 87.63% 和 57.63% ~ 91.40%。丝盖伞属（*Inocybe*）在 3 个土层中均具有较高的相对丰度，为共同优势属，其在 3 个土层的相对丰度占比分别为 0.23% ~ 18.94%、0.34% ~ 20.72% 和 0.22% ~ 23.13%。其余优势属在不同土层和样点间存在差异，其中 0 ~ 10 cm 土层中，晶杯菌属（*Hyaloscypha*）在延庆样点相对丰度最大（27.50%）；10 ~ 20 cm 土层中，Fungi_gen_Incertae_sedis 为优势类群（相对丰度 0.59% ~ 24.21%），*Inosperma* 为旺业甸样点特有菌属（相对丰度 16.34%）；20 ~ 30 cm 土层中粗糙孔菌属（*Trechispora*）为七里峪样点特有菌属（相对丰度 27.57%）。

2.3　华北落叶松人工林土壤真菌多样性纬度格局

2.3.1　土壤真菌 Alpha 多样性

如表 4 所示，华北落叶松人工林土壤真菌群落 Alpha 多样性指数在不同样点间存在一定的空间异质性，但无明显的纬度格局。大部分样点 Alpha 多样性指数在不同土层间未表现出显著差异。

北部样点真菌群落的 Chao1、Observed_features、Shannon 与 Simpson 多样性指数均保持较高水平，其中大同在 3 个土层中的群落多样性及均匀度均较高（Shannon 指数在 6.68 ± 0.57 ~ 6.76 ± 0.56 之间，Simpson 指数稳定为 0.97）。除延庆外，北部样点不同土层之间无显著差异，表明该区域真菌多样性沿垂直土层分布相对均一，群落受土层深度影响较弱。

中部样点中，七里峪样点在 20 ~ 30 cm 土层 Chao1 指数（833.29 ± 575.42）高于七里峪样点其他土层，表明该区域真菌群落对土层环境梯度响应相对敏感，深层土壤可能因有机质累积或根系活动而形成局部高多样性。

由图 2 可知，真菌 Alpha 多样性指数随纬度梯度的变化趋势均未达到显著水平（$P > 0.05$）。

2.3.2　土壤真菌 Beta 多样性

基于 ASV 丰度表，采用 Bray-Curtis 距离进行非度量多维尺度分析（NMDS），得到 Beta 多样性在不同纬度和土层间的差异（图 3）。NMDS 分析的胁强

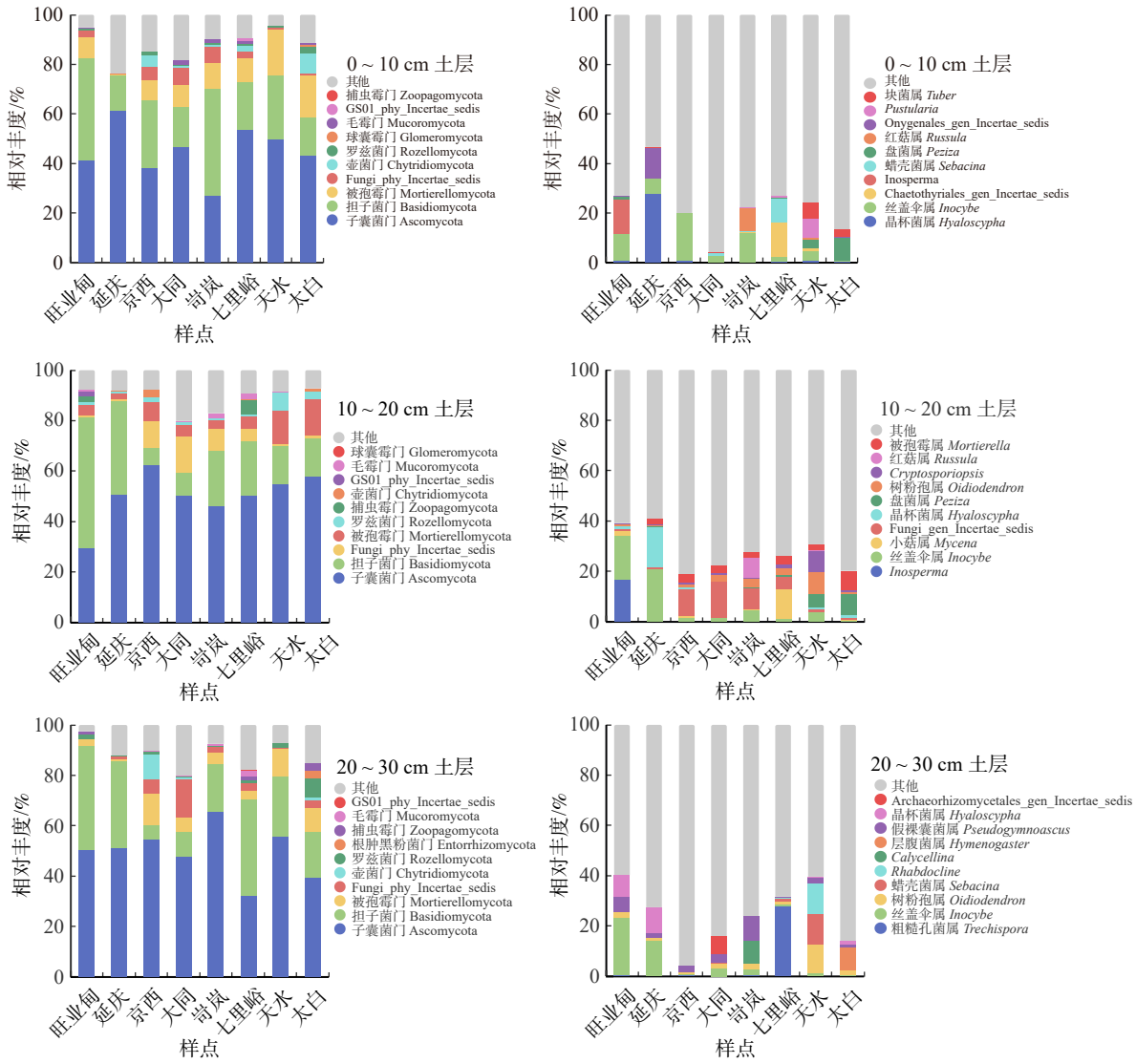


图 1 不同土层土壤真菌群落门和属水平的相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of soil fungal communities at the phylum and genus levels across different soil layers

系数(Stress 值)均小于 0.2，表明该分析结果具有良好的解释力。从样点在二维空间的分布及其置信椭圆来看，在 0 ~ 10 cm 土层中，除延庆样点明显偏离外，其余 7 个样点的置信椭圆存在较大面积重叠，呈现一定程度的相似性。在 10 ~ 20 cm、20 ~ 30 cm 土层，各样点的真菌群落均相对接近。相似性分析(ANOSIM)(图 4)结果表明，3 个土层中，不同纬度样点的土壤真菌群落结构均存在显著差异(P = 0.001)，表明纬度梯度是驱动土壤真菌群落结构变异的重要因素。

2.4 华北落叶松人工林土壤真菌群落对环境因子的响应

对门水平相对丰度排名前 10 的土壤真菌与环境因子进行 Pearson 相关性分析(图 5)。结果表明，0 ~ 10 cm 土层中，被孢霉门(Mortierellomycota)与土壤全磷、年均降水量、海拔呈显著正相关，Fungi_phy_Incertae_sedis 与 pH 和林分郁闭度呈显著正相关；壶菌门(Chytridiomycota)与粉粒含量、有效磷、年均降水量呈显著正相关，与砂粒含量显著负相关；罗兹菌门(Rozellomycota)与土壤含水量、有机质、全氮呈显著正相关；球囊霉门(Glomeromycota)与林分郁闭度呈显著负相关；毛霉门(Mucoromycota)与 pH、碱解氮、海拔呈显著正相关，而与土壤容重、年均气温呈显著负相关；捕虫霉门(Zoopagomycota)与粉粒含量、速效钾呈显著正相关。

10 ~ 20 cm 土层中，子囊菌门与速效钾呈显著负相关；担子菌门与土壤含水量、海拔呈显著负相关；Fungi_phy_Incertae_sedis 与土壤含水量、全氮、阳离子交换量呈显著正相关，而与土壤容重、年均气温呈显著负相关；被孢霉门与年均气温、年均降水量呈显著正相关，与林分郁闭度呈显著负相关；罗兹菌门与林分郁闭度呈显著负相关；毛霉门与坡度呈显著正相关。

20 ~ 30 cm 土层中，子囊菌门与坡度显著正相关，

表 4　不同土层土壤真菌 Alpha 多样性指数统计

Tab. 4　Statistics of soil fungal Alpha diversity indices

样点	土层/cm	Chao1指数	Observed_features指数	Dominance指数	Pielou指数	Shannon指数	Simpson指数
旺业甸	0 ~ 10	561.10 ± 120.87Aa	523.33 ± 101.51Aa	0.07 ± 0.02Aab	0.61 ± 0.01Aab	5.53 ± 0.24Aab	0.93 ± 0.02Aab
	10 ~ 20	549.58 ± 156.90Aa	516.67 ± 148.17Aa	0.13 ± 0.08Aa	0.54 ± 0.08Aa	4.82 ± 0.93Ab	0.87 ± 0.08Ab
	20 ~ 30	526.45 ± 225.65Aa	506.33 ± 215.51Aa	0.18 ± 0.22Aa	0.55 ± 0.18Aa	4.92 ± 1.94Aa	0.82 ± 0.22Aa
延庆	0 ~ 10	464.88 ± 70.52Ba	438.67 ± 69.10Ba	0.23 ± 0.21Aa	0.45 ± 0.10Ab	3.94 ± 0.98Bb	0.77 ± 0.21Ab
	10 ~ 20	659.89 ± 51.25Aa	633.33 ± 40.99Aa	0.11 ± 0.06Aab	0.55 ± 0.07Aa	5.13 ± 0.61ABab	0.89 ± 0.06Aab
	20 ~ 30	644.90 ± 105.36Aa	601.00 ± 102.20Aa	0.07 ± 0.01Aa	0.59 ± 0.01Aa	5.44 ± 0.17Aa	0.93 ± 0.01Aa
京西	0 ~ 10	659.21 ± 407.45Aa	629.00 ± 387.34Aa	0.12 ± 0.10Aab	0.57 ± 0.14Aab	5.22 ± 1.75Aab	0.88 ± 0.10Aab
	10 ~ 20	444.73 ± 339.82Aa	434.33 ± 323.04Aa	0.08 ± 0.07Aab	0.63 ± 0.13Aa	5.43 ± 1.41Aab	0.92 ± 0.07Aab
	20 ~ 30	534.59 ± 347.69Aa	528.00 ± 339.17Aa	0.10 ± 0.06Aa	0.56 ± 0.13Aa	5.00 ± 1.76Aa	0.90 ± 0.06Aa
大同	0 ~ 10	648.73 ± 204.95Aa	630.67 ± 197.92Aa	0.03 ± 0.01Ab	0.73 ± 0.02Aa	6.72 ± 0.31Aa	0.97 ± 0.01Aa
	10 ~ 20	736.11 ± 137.87Aa	707.33 ± 144.12Aa	0.03 ± 0.01Ab	0.71 ± 0.04Aa	6.68 ± 0.57Aa	0.97 ± 0.01Aa
	20 ~ 30	639.55 ± 113.04Aa	621.00 ± 98.29Aa	0.03 ± 0.02Aa	0.73 ± 0.08Aa	6.76 ± 0.56Aa	0.97 ± 0.02Aa
岢岚	0 ~ 10	312.11 ± 142.28Aa	304.67 ± 132.54Aa	0.06 ± 0.04Ab	0.72 ± 0.12Aa	5.80 ± 0.56Aab	0.94 ± 0.04Aa
	10 ~ 20	654.61 ± 255.37Aa	625.67 ± 233.68Aa	0.05 ± 0.02Aab	0.68 ± 0.03Aa	6.23 ± 0.21Aab	0.95 ± 0.02Aab
	20 ~ 30	616.37 ± 115.66Aa	587.33 ± 121.93Aa	0.06 ± 0.05Aa	0.64 ± 0.09Aa	5.90 ± 0.98Aa	0.94 ± 0.05Aa
七里峪	0 ~ 10	527.23 ± 123.37Aa	507.67 ± 117.60Aa	0.07 ± 0.09Aab	0.65 ± 0.16Aa	5.86 ± 1.66Aab	0.93 ± 0.09Aab
	10 ~ 20	552.07 ± 77.52Aa	530.00 ± 63.27Aa	0.05 ± 0.03Aab	0.67 ± 0.11Aa	6.04 ± 0.89Aab	0.95 ± 0.03Aab
	20 ~ 30	833.29 ± 575.42Aa	801.33 ± 552.35Aa	0.13 ± 0.19Aa	0.60 ± 0.25Aa	5.78 ± 2.86Aa	0.87 ± 0.19Aa
天水	0 ~ 10	570.69 ± 222.99Aa	541.00 ± 210.58Aa	0.06 ± 0.03Aab	0.63 ± 0.08Aab	5.67 ± 1.10Aab	0.94 ± 0.03Aab
	10 ~ 20	665.77 ± 79.17Aa	649.00 ± 67.51Aa	0.05 ± 0.03Aab	0.65 ± 0.07Aa	6.03 ± 0.52Aab	0.95 ± 0.03Aab
	20 ~ 30	712.56 ± 139.06Aa	679.67 ± 120.35Aa	0.11 ± 0.07Aa	0.57 ± 0.10Aa	5.33 ± 1.04Aa	0.89 ± 0.07Aa
太白	0 ~ 10	531.19 ± 61.03Aa	513.00 ± 64.37Aa	0.05 ± 0.04Ab	0.67 ± 0.11Aa	6.05 ± 1.14Aab	0.95 ± 0.04Aa
	10 ~ 20	750.30 ± 333.00Aa	732.33 ± 318.12Aa	0.05 ± 0.05Aab	0.66 ± 0.12Aa	6.21 ± 1.56Aab	0.95 ± 0.05Aab
	20 ~ 30	848.35 ± 196.48Aa	791.33 ± 182.01Aa	0.06 ± 0.02Aa	0.61 ± 0.05Aa	5.88 ± 0.40Aa	0.94 ± 0.02Aa

与粉粒含量呈显著负相关; Fungi_phy_Incertae_sedis 与土壤 pH 呈显著正相关; 壶菌门与黏粒含量、全磷、有效磷呈显著正相关, 与土壤 pH 呈显著负相关, 罗兹菌门与年均降水量呈显著正相关, 与林分郁闭度呈显著负相关; 根肿黑粉菌门(Entorrhizomycota)与林分郁闭度呈显著负相关; 捕虫霉门与年均降水量呈显著正相关, 而与林分郁闭度呈显著负相关; 毛霉门与土壤 pH 呈显著正相关。

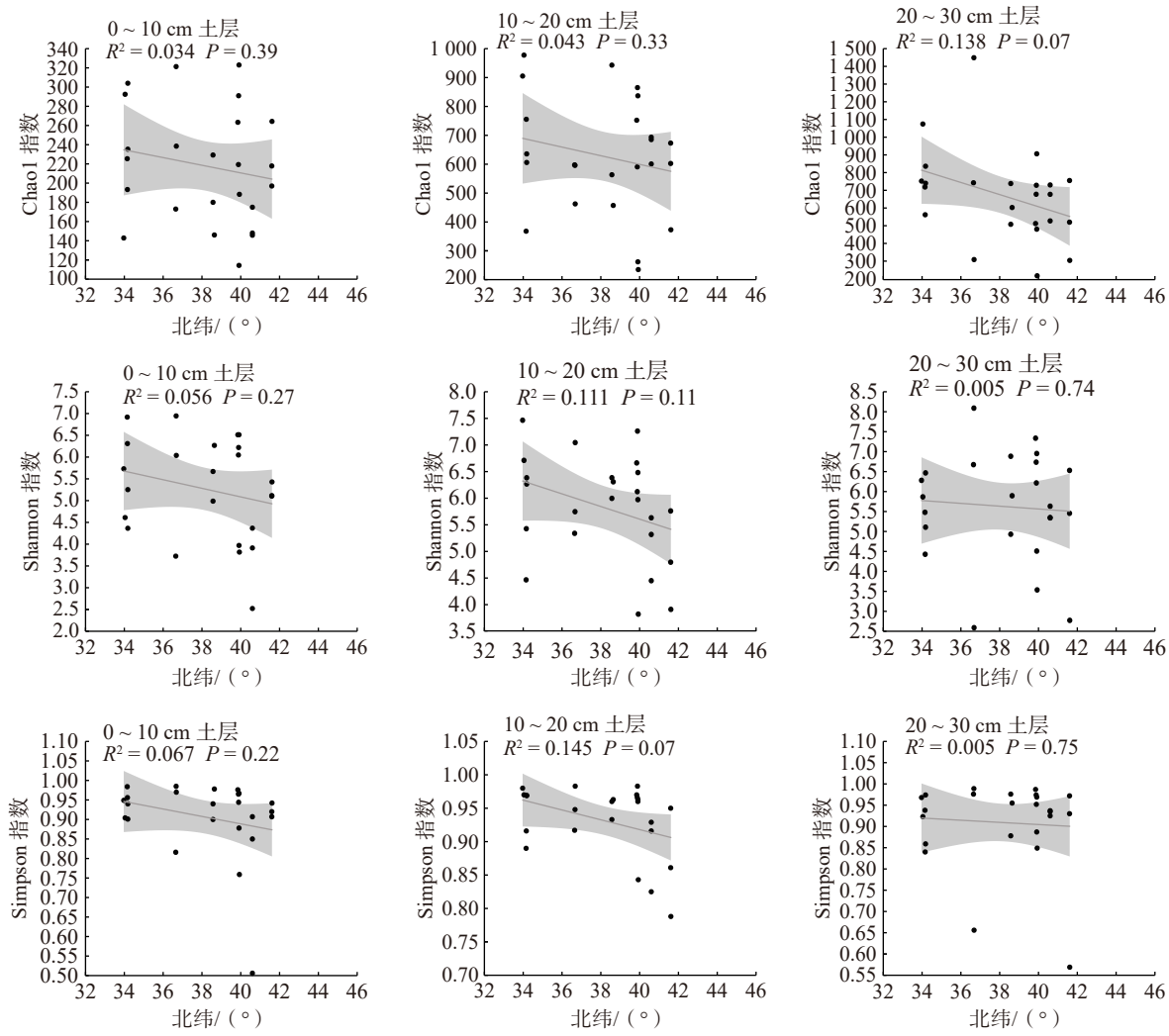
冗余分析结果(图 6)显示, 0 ~ 10、10 ~ 20 和 20 ~ 30 cm 土层的 RDA 轴 1 和轴 2 累计解释率分别为 33.66%、36.87% 和 39.25%。其中, 0 ~ 10 cm 土层真菌群落受年均降水量和年均气温显著影响; 10 ~ 20 cm 土层主要受海拔驱动; 20 ~ 30 cm 土层则主要受林分郁闭度、土壤 pH 和全磷影响。

Mantel 检验结果(图 7)表明, 0 ~ 10 cm 土层, Chao1 指数和 Observed_features 指数与土壤含水量、有机质和碱解氮均呈显著相关($P < 0.05$); Dominance 指数与碱解氮呈显著相关; Pielou 指数与海拔、土壤容重和有机质均呈显著相关($P < 0.05$); Shannon 指数与土壤容重、海拔均呈显著相关($P < 0.05$)。在 10 ~ 20 cm 土层, Chao1 指数和 Observed_features 指数与黏粒含量和全磷呈显著相关($P < 0.05$); Dominance 指数、Pielou 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数与海拔呈显著相关($P < 0.05$)。在 20 ~ 30 cm 土层中, Dominance 指数与 Pielou 指数与速效钾呈显著相关($P < 0.05$)。

3　讨　　论

3.1　纬度变化对土壤真菌群落结构的影响

土壤真菌作为森林生态系统中重要的分解者, 能够分泌多种胞外酶以降解土壤有机质, 尤其是木质纤维素[19], 其分解过程促进矿质营养的释放与循环, 进而间接影响植物的养分获取与生长[20]。本研究结果表明, 土壤真菌群落的优势菌门为担子菌门与子囊菌门, 与前人的研究结果一致, 即担子菌门和子囊菌门通常是森林土壤真菌群落中的优势类群[21−22]。



图中深色阴影区域表示 95% 的置信区间。

图 2 土壤真菌不同土层 Alpha 多样性沿纬度梯度的变化

Fig. 2 Latitudinal variation in the Alpha diversity of soil fungi across different soil layers

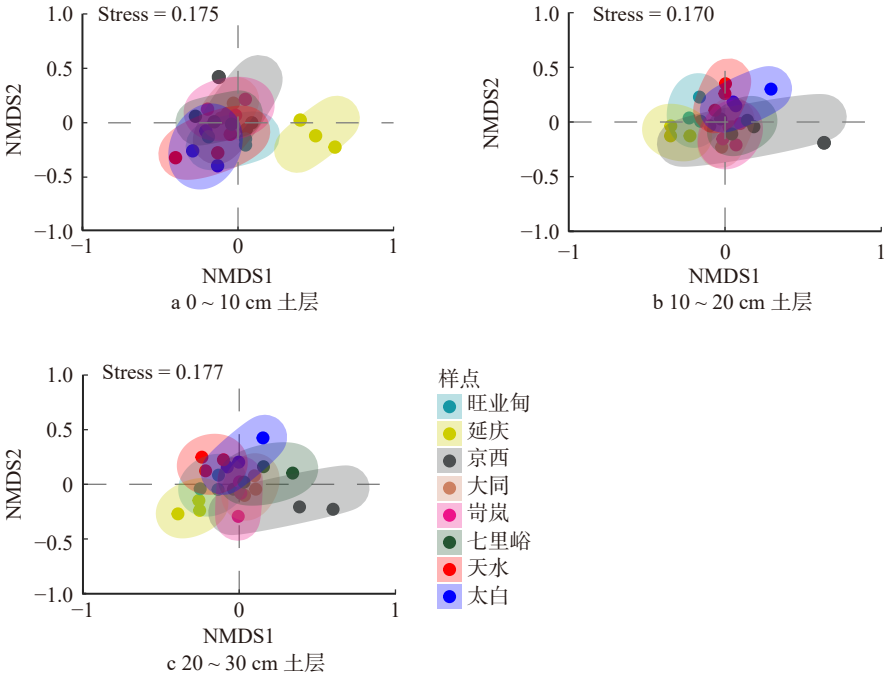


图 3 不同纬度土壤真菌群落结构组成的非度量多维排序

Fig. 3 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) of soil fungal community composition across different latitudes

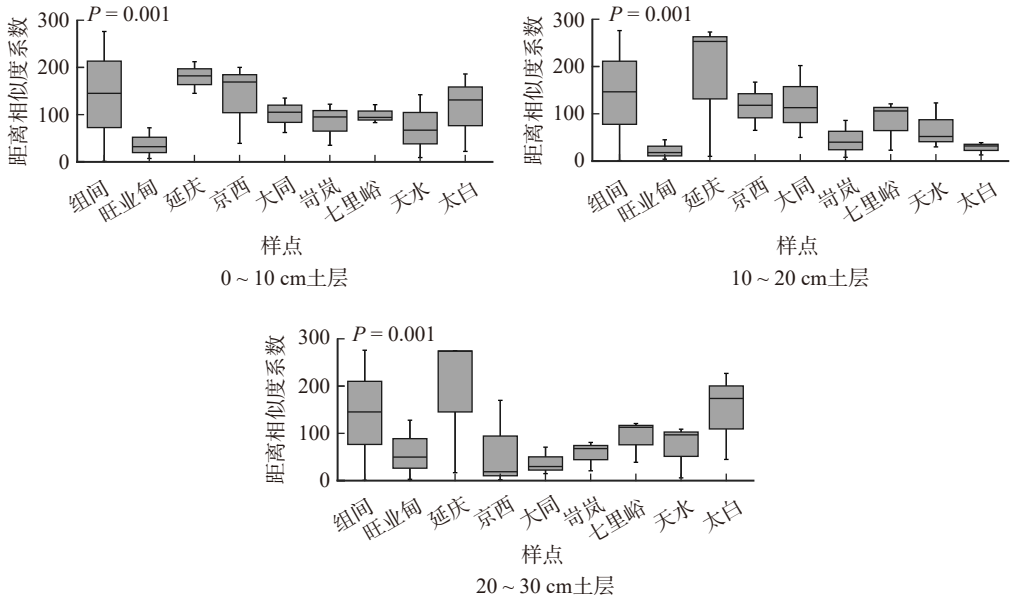


图 4　不同纬度土壤真菌相似性分析

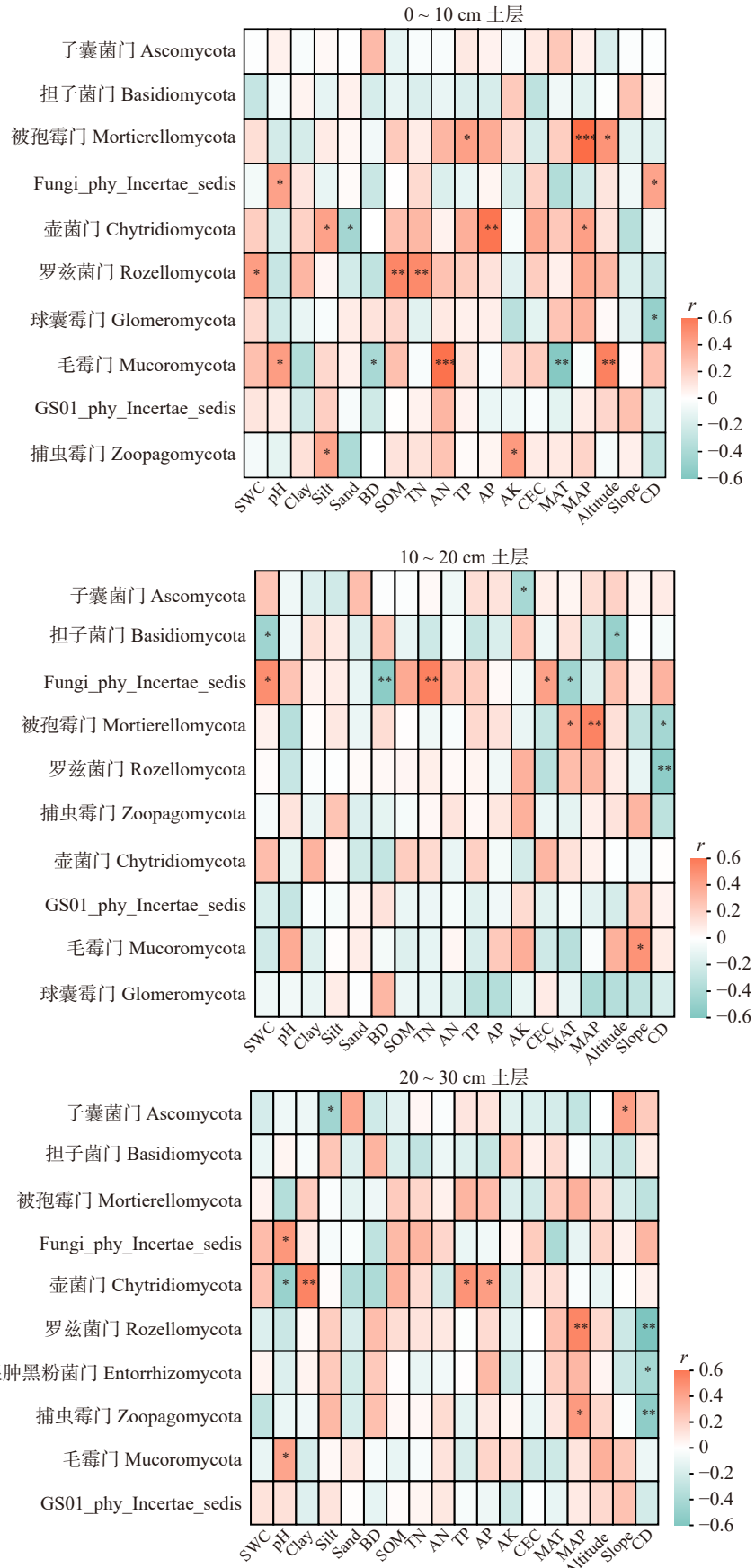
Fig. 4　ANOSIM analysis of soil fungal communities across different latitudes

亚高山针叶林土壤中针叶凋落物层较厚，其分解过程需要大量纤维素降解酶[23]。因而子囊菌门和担子菌门在此类土壤中往往占据优势地位。已有研究表明，子囊菌具有较高的基因替代率和进化速度，因而更能适应环境变化[24]，并在土壤有机质分解过程中发挥重要作用[25]。相比之下，在林地相对稳定的生态环境中，植物残体的持续累积更有利于担子菌的生长与繁殖[26]。本研究中子囊菌门占据优势地位，表明华北落叶松人工林可能处于一定程度的干扰环境中。

从属水平看，不同纬度样点间的优势属具有明显地域特征。丝盖伞属在各样点不同土层均具有较高丰度，说明其能够广泛适应不同的环境条件。该属是真菌界中典型的外生菌根类群[27]，能够与植物根系形成菌根共生体，既促进根系对养分的吸收，又增强植物对极端环境的适应能力[28]。而在 0 ~ 10 cm 土层中，晶杯菌属在北部区域延庆样点占比最高，该属为腐生真菌，能够显著促进土壤有机质中碳的积累，对地下生态系统的碳平衡具有重要意义[29]，有利于该区域落叶松人工林碳的积累。20 ~ 30 cm 土层中粗糙孔菌属为中部七里峪样点特有菌属，其为土壤腐生真菌，该属真菌可能与林下堆积大量枯落物形成腐生环境有关[30]。本研究中旺业甸样点纬度最高，其林下枯落物分解环境可能促进了腐生真菌的发育，这与 Feng 等[31]关于高纬度生态系统腐生真菌比例较高的报道相符。

3.2　纬度变化对土壤真菌群落多样性的影响

已有研究表明，中国东部森林从热带到温带，土壤真菌多样性逐渐降低[8]。然而，也有研究发现，土壤真菌并不遵循与大型生物相同的纬度多样性格局，而是呈现出中纬度地区土壤真菌多样性最高的分布模式[7]。相比之下，本研究结果显示，华北落叶松人工林土壤真菌 Alpha 多样性未表现出显著的纬度格局，但存在一定的空间差异。3 个土层中，Pielou、Shannon 与 Simpson 指数均在北部大同样点最高，而 Dominance 指数在大同样点最低。大部分样点 Alpha 多样性指数在不同土层间未表现出显著差异（$P > 0.05$）。这可能与研究区域均为单一树种有关，相对一致的凋落物输入、根系分泌物特征及其与土壤真菌形成的根际互作关系，可能在一定程度上削弱纬度梯度对局地土壤真菌 Alpha 多样性的直接作用，并对土壤真菌群落产生均质化作用[32]。区域尺度研究中指出，环境筛选对土壤真菌群落组成的影响强于扩散限制，表明局地环境异质性是真菌群落分异的重要来源[33]。然而，在北部延庆样点，0 ~ 10 cm 土层的 Chao1 指数和 Observed_features 指数显著低于其更深土层，0 ~ 10 cm 土层的 Shannon 指数显著低于 20 ~ 30 cm 土层（$P < 0.05$）。造成该差异的原因可能是不同样点、不同深度土层间土壤性质存在差异（表 1 ~ 3）。已有研究指出，真菌物种多样性随纬度升高呈下降趋势，但其空间变异主要受土壤 pH、碳氮比（C/N）和降水等环境因子的调控，而非直接由纬度变化所驱动[34]。此外，对外生菌根真菌群落的研究发现，群落相似性通常随地理距离增加而下降，表明地理隔离及扩散受限会限制部分真菌类群在不同样点间的迁移与定殖，进而增强空间异质性[35]。因此，华北落叶松人工林土壤真菌 Alpha 多样性未表现出显著纬度格局，可能并非单一由树种一致性



*表示在 $P < 0.05$ 水平显著相关，**表示在 $P < 0.01$ 水平极显著相关。SWC. 土壤含水量； Clay. 黏粒含量； Silt. 粉粒含量； Sand 砂粒含量；BD. 土壤容重；SOM. 土壤有机质；TN. 全氮；AN. 碱解氮；TP. 全磷；AP. 有效磷；AK. 速效钾；CEC. 阳离子交换量；MAT. 年均气温；MAP. 年均降水量；Altitude. 海拔；Slope. 坡度；CD. 郁闭度。下同。

图 5 不同土层土壤真菌与环境因子的相关性分析

Fig. 5 Correlation analysis between soil fungal communities and environmental factors across different soil depths

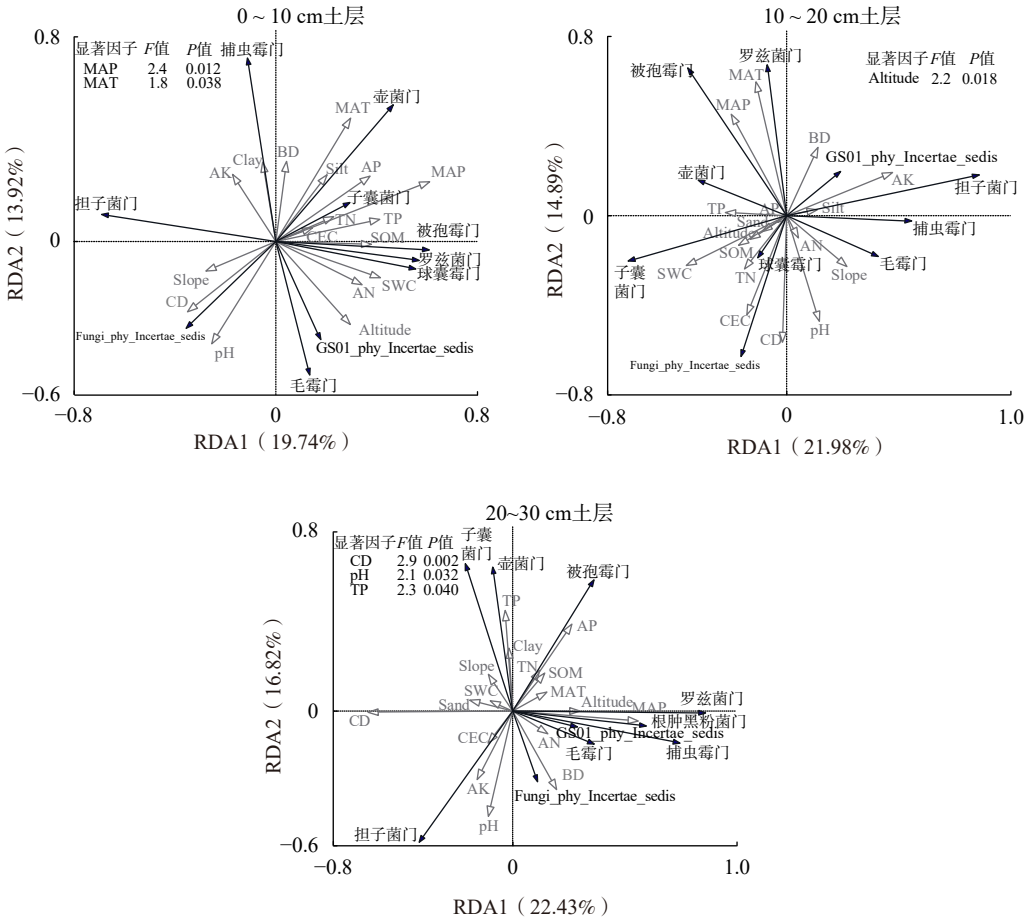


图 6　不同土层土壤真菌前 10 门与环境因子的冗余分析（RDA）

Fig. 6　Redundancy analysis (RDA) of the top ten fungal phyla and environmental factors across different soil depths

所致，更可能是样点跨度有限条件下，树种一致、土壤异质性以及真菌扩散限制共同作用的结果。

通过 NMDS 分析发现，真菌群落在 0 ~ 10 cm 土层中，除延庆样点呈现明显分离的趋势外，其余 7 个样点的置信椭圆存在较大面积重叠，呈现一定程度的相似性。在 10 ~ 20 cm、20 ~ 30 cm 土层的真菌群落均相对接近，说明土层深度对真菌群落的分布有一定的影响。ANOSIM 分析发现土壤真菌 Beta 多样性在不同纬度梯度、不同土层下均存在极显著差异（$P = 0.001$），而 Alpha 多样性指数无显著差异。导致该现象的原因是，真菌群落的 Alpha 多样性主要受土壤性质与植物类型等因素调控[36]，而 Beta 多样性则主要取决于环境差异和地理距离[35]。

3.3　环境因子对土壤真菌群落及多样性指数的影响

相关性与冗余分析结果表明，气候与土壤理化因子共同塑造了华北落叶松人工林土壤真菌群落。年均降水量、年均气温、海拔、林分郁闭度及土壤 pH 是主要驱动因子。研究发现，土壤真菌分布主要受年均气温和地上初级生产力的影响[8]。温度对真菌群落的直接影响和间接影响很难分离，因为这些因素具有高度相关性。温度直接调控真菌的代谢过程和生物化学过程[37]。在自然样地中，丛枝菌根真菌丰富度在温带主要受土壤 pH 和温度调控，在热带则主要受降水量和纬度影响[12]。海拔变化能在短距离引起气候环境因子的改变，而土壤微生物作为土壤生态系统的敏感指标，会对此类环境变化产生显著响应[38]。研究表明，海拔是影响贺兰山土壤微生物分布的重要因子，其中海拔变化对土壤真菌的影响尤为显著，并与真菌群落结构呈显著正相关关系[39]。

与阔叶树相比，针叶树对大型真菌分布的影响更为显著，这可能与其枯落物的化学组成及分解速率能够塑造特定真菌的生态位有关[40]。本研究中土壤 pH 在 0 ~ 10 cm、20 ~ 30 cm 均与真菌群落显著相关，是调控真菌群落结构的重要因子，这与前人的研究结果[41]一致。有研究表明，C、N、P 3 种元素对真菌群落结构具有显著影响，土壤真菌群落结构与碳、氮等营养元素密切相关[42]，且土壤养分含量会显著影响土壤真菌的相对丰度[43]。土壤机械组成是影响土壤真菌群落结构的重要因素[44–45]，在本研究中进一步证明，不同土层间，捕虫霉门的相对丰度与粉粒含量呈正相关，与砂粒含量呈显著负相关。10 ~ 20 cm 土层中，子囊菌门与速效钾有显著相关性，也

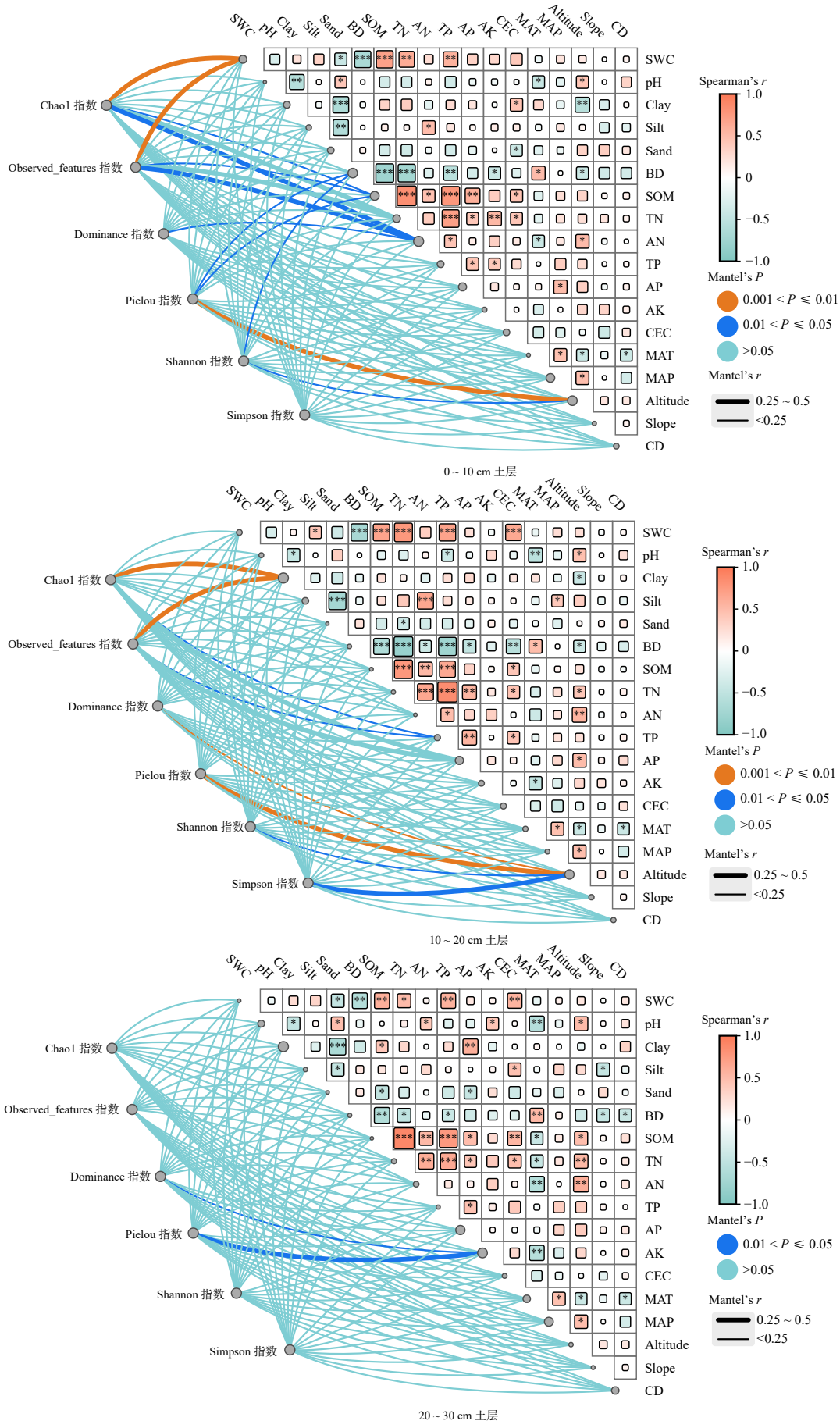


图 7 不同土层真菌 Alpha 多样性指数与环境因子的曼特尔检验

Fig. 7 Mantel test between fungal alpha diversity indices and environmental factors across different soil depths

与前人研究结果[46]一致。

Mantel 检验进一步揭示，真菌 Alpha 多样性与土壤含水量、有机质、碱解氮及速效钾显著相关，表明土壤养分和水分状况与真菌多样性变化密切相关。总体来看，华北落叶松人工林土壤真菌多样性与群落结构并非由单一因子决定，而是受土壤水分、养分状况以及气候、海拔和林分郁闭度等因素共同调控。已有研究表明，真菌多样性与土壤磷含量显著相关[47]，本研究也发现真菌 Alpha 多样性与土壤全磷显著相关。另有研究指出，土壤 pH、碱解氮、速效钾以及酸性磷酸酶和脲酶活性是塑造土壤真菌群落结构组成的重要环境因子[48]。同时，含水率和铵态氮是驱动真菌多样性变化的关键因子，且真菌群落的形成与变化通常受到多种环境因子交互作用的共同调控[49]。

相关性分析与 Mantel 检验结果发现：在垂直剖面上，与 0 ~ 10 cm、10 ~ 20 cm 土层土壤真菌呈显著相关的土壤理化因子种类多于 20 ~ 30 cm，表明浅层土壤真菌对环境因子的响应更为敏感。这可能是由于 0 ~ 10 cm、10 ~ 20 cm 土层对土壤理化性质变化更敏感。在森林生态系统中，植物根系主要集中在上层土壤，凋落物和根系分泌物为微生物提供了重要的营养物质[50]，使其在 0 ~ 10 cm 和 10 ~ 20 cm 土层表现出更高的敏感性。此外，20 ~ 30 cm 土层由于其较深的埋藏深度，可能存在更具稳定性的土壤结构和物理化学屏障[51]，使真菌对外部环境变化的响应滞后。这些因素协同作用，增加了 0 ~ 10 cm、10 ~ 20 cm 土层土壤真菌对环境变化的敏感性。

4　结　　论

（1）华北落叶松人工林土壤真菌群落组成具有较为稳定的优势类群，子囊菌门和担子菌门在不同土层和样点中均占主导地位，表明华北落叶松人工林土壤真菌群落总体上具有明显的针叶林土壤真菌组成特征；同时，不同样点间优势属更替明显，表明群落组成在稳定性方面具有较强的空间异质性。

（2）土壤真菌 Alpha 多样性未呈现显著的单向变化规律，但 Beta 多样性差异显著，表明纬度变化主要影响真菌群落的组成，而对局部范围内真菌多样性的影响相对较小。由此可见，在单一树种背景下，纬度并非决定真菌多样性格局的直接因素，相较而言，局地环境异质性以及样点间地理距离和真菌扩散受限等因素，对群落分异的作用更为突出。

（3）气候因子（年均降水量和年均气温）、海拔、土壤理化性质（pH、全磷）和林分郁闭度共同驱动土壤真菌群落组成；0 ~ 10 cm、10 ~ 20 cm 土层真菌对环境变化的响应强于 20 ~ 30 cm 土层。总体而言，华北落叶松人工林土壤真菌群落的形成与维持是多因子协同调控的结果。

参　考　文　献

[1] 高敏, 马香丽, 杨晋宇, 等. 围封对冀北山地华北落叶松人工林土壤动物群落结构的影响 [J]. 西北农林科技大学学报 (自然科学版), 2016, 44(3): 141−152, 159.
Gao M, Ma X L, Yang J Y, et al. Impact of enclosure on soil faunal communities of *Larix principis-rupprechtii* plantations in northern Hebei mountain area [J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2016, 44(3): 141−152, 159.

[2] 王玲玲, 徐福利, 王渭玲, 等. 不同林龄华北落叶松人工林地土壤肥力评价 [J]. 西南林业大学学报, 2016, 36(2): 17−24.
Wang L L, Xu F L, Wang W L, et al. Assessment of soil fertility in different aged *Larix principis-rupprechtii* plantation [J]. Journal of Southwest Forestry University, 2016, 36(2): 17−24.

[3] 叶佳舒, 李涛, 胡亚军, 等. 干旱条件下 AM 真菌对植物生长和土壤水稳定性团聚体的影响 [J]. 生态学报, 2013, 33(4): 1080−1090.
Ye J S, Li T, Hu Y J, et al. Influences of AM fungi on plant growth and water-stable soil aggregates under drought stresses [J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(4): 1080−1090.

[4] Castaño C, Dejene T, Mediavilla O, et al. Changes in fungal diversity and composition along a chronosequence of *Eucalyptus grandis* plantations in Ethiopia [J]. Fungal Ecology, 2019, 39: 328−335.

[5] Brundrett M C, Tedersoo L. Evolutionary history of mycorrhizal symbioses and global host plant diversity [J]. New Phytologist, 2018, 220(4): 1108−1115.

[6] Yang Y, Zhang Y E, Yu X X, et al. Soil microorganism regulated aggregate stability and rill erosion resistance under different land uses [J]. Catena, 2023, 228: 107176.

[7] Shi L L, Mortimer P E, Ferry Slik J W, et al. Variation in forest soil fungal diversity along a latitudinal gradient [J]. Fungal Diversity, 2014, 64: 305−315.

[8] Liu S E, Wang H, Tian P, et al. Decoupled diversity patterns in bacteria and fungi across continental forest eco-systems [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2020, 144: 107763.

[9] Wang J, Liu G B, Zhang C, et al. Higher temporal turnover of soil fungi than bacteria during long-term secondary succession in a semiarid abandoned farmland [J]. Soil and Tillage Research, 2019, 194: 104305.

[10] Priyashantha A K H, Dai D Q, Bhat D J, et al. Plant-fungi interactions: where it goes? [J]. Biology, 2023, 12(6): 809.

[11] Soudzilovskaia N A, Douma J C, Akhmetzhanova A A, et al. Global patterns of plant root colonization intensity by mycorrhizal fungi explained by climate and soil chemistry [J]. Global Ecology and Biogeography, 2015, 24(3): 371−382.

[12] Chaudhary V B, Cuenca G, Johnson N C. Tropical-temperate comparison of landscape-scale arbuscular mycorrhizal fungal species distributions [J]. Diversity and Distributions, 2018, 24(1):

116−128.

[13] 赵鹏宇, 李毳, 柴宝峰. 生境过滤驱动庞泉沟华北落叶松林土壤真菌群落的构建过程 [J]. 环境科学, 2018, 39(8): 3876−3884.
Zhao P Y, Li C, Chai B F. Environmental filters drive the assembly of the soil fungal community in the *Larix principis-rupprechtii* forests of the Guandi Mountains [J]. Environmental Science, 2018, 39(8): 3876−3884.

[14] Guo Y, Ji L, Wang M, et al. View from the top: insights into the diversity and community assembly of ectomycorrhizal and saprotrophic fungi along an altitudinal gradient in Chinese boreal *Larix gmelinii*-dominated forests [J]. Microorganisms, 2022, 10(10): 1997.

[15] Qi X, Liang X, Chai B, et al. Vertical fungal community distribution patterns along a stratified soil profile in subalpine *Larix principis-rupprechtii* plantations on China's Luya Mountain [J]. Fungal Biology, 2024, 128(8): 2285−2294.

[16] 卢佞, 高文强, 王海燕, 等. 华北落叶松人工林土壤细菌群落纬度分布特征及其影响因素 [J]. 生态学报, 2026, 46(6): 2830−2845.
Lu N, Gao W Q, Wang H Y, et al. The latitudinal distribution characteristics of soil bacterial communities in *Larix gmelinii* var. *principis-rupprechtii* plantations and the influencing factors [J]. Acta Ecologica Sinica, 2026, 46(6): 2830−2845.

[17] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
Bao S D. Soil agrochemical analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.

[18] 关松荫. 土壤酶及其研究法 [M]. 北京: 农业出版社, 1986.
Guan S Y. Soil enzymes and their research methods[M]. Beijing: Agricultural Publishing House, 1986.

[19] Andlar M, Rezić T, Marđetko N, et al. Lignocellulose degradation: An overview of fungi and fungal enzymes involved in lignocellulose degradation [J]. Engineering in Life Sciences, 2018, 18(11): 768−778.

[20] Müller K, Kubsch N, Marhan S, et al. Saprotrophic and ectomycorrhizal fungi contribute differentially to organic P mobilization in beech-dominated forest ecosystems [J]. Frontiers in Forests and Global Change, 2020, 3: 47.

[21] 满百膺, 向兴, 罗洋, 等. 黄山典型植被类型土壤真菌群落特征及其影响因素 [J]. 菌物学报, 2021, 40(10): 2735−2751.
Man B Y, Xiang X, Luo Y, et al. Characteristics and influencing factors of soil fungal community of typical vegetation types in Mount Huangshan, East China [J]. Mycosystema, 2021, 40(10): 2735−2751.

[22] 魏晓帅, 郭米山, 高广磊, 等. 呼伦贝尔沙地樟子松根内真菌群落结构与功能群特征 [J]. 北京大学学报 (自然科学版), 2020, 56(4): 710−720.
Wei X S, Guo M S, Gao G L, et al. Community structure and functional groups of fungi in the roots associated with *Pinus sylvestri* var. *mongolica* in the Hulunbuir Sandy Land [J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis, 2020, 56(4): 710−720.

[23] Wang W B, Zhang Q, Sun X M, et al. Effects of mixed-species litter on bacterial and fungal lignocellulose degradation functions during litter decomposition [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, 141: 107690.

[24] 王海英, 郭守玉, 黄满荣, 等. 子囊菌较担子菌具有更快的进化速率和更高的物种多样性 [J]. 中国科学: 生命科学, 2010, 40(8): 731−737, 765−772.
Wang H Y, Guo S Y, Huang M R, et al. Ascomycota has faster evolutionary rate and higher species diversity than Basidiomycota (Fungi) [J]. Science China Life Sciences, 2010, 40(8): 731−737, 765−772.

[25] Beimforde C, Feldberg K, Nylinder S, et al. Estimating the phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2014, 78: 386−398.

[26] 刘晓华, 魏天兴, 范德卉, 等. 晋西黄土区典型人工林植被恢复过程中土壤真菌群落结构特征 [J]. 水土保持研究, 2025, 32(6): 151−159.
Liu X H, Wei T X, Fan D H, et al. Characteristics of soil fungal community structure during vegetation restoration in typical artificial forests in loess region of western Shanxi Province [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2025, 32(6): 151−159.

[27] 李越, 杨雨泽, 李佳霖, 等. 寒温带地区主要建群树种土壤真菌群落结构分析 [J]. 西北农业学报, 2025, 34(8): 1506−1516.
Li Y, Yang Y Z, Li J L, et al. Analysis on soil fungal community structure of dominant constructive tree species in Cold Temperate Zone [J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2025, 34(8): 1506−1516.

[28] 李佳文, 赵珮杉, 高广磊, 等. 陕西榆林沙区樟子松根内真菌群落结构和功能群特征 [J]. 菌物学报, 2020, 39(10): 1854−1865.
Li J W, Zhao P S, Gao G L, et al. Root-associated fungal community structure and functional group of *Pinus sylvestri* var. *mongolica* in the desertified lands of Yulin in Shaanxi Province, western China [J]. Mycosystema, 2020, 39(10): 1854−1865.

[29] Peltoniemi K, Adamczyk S, Fritze H, et al. Site fertility and soil water -table level affect fungal biomass production and community composition in boreal peatland forests [J]. Environmental Microbiology, 2020, 23(10): 5733−5749.

[30] 江思源, 程雪飞, 张金池, 等. 毛竹入侵对杉木人工林表层土壤真菌多样性及群落结构的影响 [J]. 东北林业大学学报, 2023, 51(2): 91−96, 122.
Jiang S Y, Cheng X F, Zhang J C, et al. Effects of phyllostachys edulis invasion on surface soil fungal diversity and community structure in cunning-hamia lanceolata plantation [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2023, 51(2): 91−96, 122.

[31] Feng Y Z, Zhang J W, Berdugo M, et al. Temperature thresholds drive the global distribution of soil fungal decomposers [J]. Global Change Biology, 2022, 28(8): 2779−2789.

[32] Broeckling C D, Broz A K, Bergelson J, et al. Root exudates regulate soil fungal community composition and diversity [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, 74(3): 738−744.

[33] Kivlin S N, Winston G C, Goulden M L, et al. Environmental filtering affects soil fungal community composition more than

dispersal limitation at regional scales [J]. Fungal Ecology, 2014, 12: 14−25.

[34] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, et al. Structure and function of the global topsoil microbiome [J]. Nature, 2018, 560(7717): 233−237.

[35] Bahram M, Kõljalg U, Courty P E, et al. The distance decay of similarity in communities of ectomycorrhizal fungi in different ecosystems and scales [J]. Journal of Ecology, 2013, 101(5): 1335−1344.

[36] Geml J, Arnold A E, Semenova-Nelsen T A, et al. Community dynamics of soil-borne fungal communities along elevation gradients in neotropical and palaeotropical forests [J]. Molecular Ecology, 2022, 31(7): 2044−2060.

[37] Brown J H, Gillooly J F, Allen A P, et al. Toward a metabolic theory of ecology [J]. Ecology, 2004, 85(7): 1771−1789.

[38] Tang M Z, Li L, Wang X L, et al. Elevational is the main factor controlling the soil microbial community structure in alpine tundra of the Changbai Mountain [J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 12442.

[39] 马进鹏, 庞丹波, 陈林, 等. 贺兰山不同海拔植被下土壤微生物群落结构特征 [J]. 生态学报, 2022, 42(2): 667−676.
Ma J P, Pang D B, Chen L, et al. Characteristics of soil microbial community structure under vegetation at different altitudes in Helan Mountains [J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, 42(2): 667−676.

[40] 白慧, 姜海燕, 于凤强, 等. 高格斯台罕乌拉国家级自然保护区针阔混交林的大型真菌多样性 [J]. 云南农业大学学报 (自然科学), 2025, 40(1): 1−11.
Bai H, Jiang H Y, Yu F Q, et al. Diversity of macrofungi in mixed coniferous and broad-leaved forests of Gaogesitaihanwula National Nature Reserve [J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 2025, 40(1): 1−11.

[41] Liu D, Liu G H, Chen L, et al. Soil pH determines fungal diversity along an elevation gradient in Southwestern China [J]. Science China Life Sciences, 2018, 61(6): 718−726.

[42] 闫茹, 冯薇, 王玺婧. 呼伦贝尔沙地不同固沙植物土壤真菌群落组成及多样性 [J]. 中国水土保持科学, 2021, 19(1): 60−68.
Yan R, Feng W, Wang X Q. Composition and diversity of soil fungi community under different sand-fixing plants in the Hulun Buir Desert [J]. Science of Soil and Water Conservation, 2021, 19(1): 60−68.

[43] Xiang X J, Liu J, Zhang J, et al. Divergence in fungal abundance and community structure between soils under long-term mineral and organic fertilization [J]. Soil and Tillage Research, 2020, 196: 104491.

[44] Bach E M, Baer S G, Meyer C K, et al. Soil texture affects soil microbial and structural recovery during grassland restoration [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(12): 2182−2191.

[45] Jiang X, Wright A L, Wang X, et al. Tillage-induced changes in fungal and bacterial biomass associated with soil aggregates: a long-term field study in a subtropical rice soil in China [J]. Applied Soil Ecology, 2011, 48(2): 168−173.

[46] 张瑞平, 苟小梅, 张毅, 等. 生物有机肥与化肥配施对植烟土壤养分和真菌群落特征的影响 [J]. 西北农林科技大学学报 (自然科学版), 2020, 48(8): 85−92.
Zhang R P, Gou X M, Zhang Y, et al. Effects of bio-organic fertilizer combined with chemical fertilizer on nutrients and fungal community characteristics in tobacco growing soil [J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2020, 48(8): 85−92.

[47] Ma S, Chen X, Su H, et al. Phosphorus addition decreases soil fungal richness and alters fungal guilds in two tropical forests [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2022, 175: 108836.

[48] 陈芬, 余高, 孙约兵, 等. 汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其环境驱动因子 [J]. 环境科学, 2022, 43(8): 4342−4352.
Chen F, Yu G, Sun Y B, et al. Characteristics of microbial community structure in the surrounding farmlands of a mercury mining area and its environmental driving factors [J]. Environmental Science, 2022, 43(8): 4342−4352.

[49] 刘会会, 喻庆国, 王行, 等. 碧塔海湿地不同水分梯度下土壤真菌群落结构及功能类群研究 [J]. 微生物学报, 2022, 62(8): 3007−3023.
Liu H H, Yu Q G, Wang H, et al. Soil fungal community structure and functional groups under different moisture gradients in Bitahai Wetland, Southwest China [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(8): 3007−3023.

[50] Nakayama M, Imamura S, Taniguchi T, et al. Does conversion from natural forest to plantation affect fungal and bacterial biodiversity, community structure, and co-occurrence networks in the organic horizon and mineral soil? [J]. Forest Ecology and Management, 2019, 446: 238−250.

[51] 赵志慧. 极端干旱区防护林地土壤微生物多样性分析 [J]. 农业灾害研究, 2024, 14(5): 248−250.
Zhao Z H. Analysis of soil microbial diversity in shelterbelts in extreme arid areas [J]. Agricultural Disaster Research, 2024, 14(5): 248−250.

（责任编辑　孟　瑶
责任编委　孙向阳）