

不同菌根类型热带树木根系内生真菌群落数据库

赵晓静^{1,2,3}, 马路平^{1,2,3}, 石兆勇^{1,2,3*}, 吴姗薇^{1,2,3}, 高佳凯^{1,2,3}, 张鑫^{1,2,3},
王世华^{1,2,3}

- 1 河南科技大学 农学院, 河南 洛阳
- 2 河南省乡村人居环境工程中心, 河南 洛阳
- 3 洛阳市共生微生物与绿色发展重点实验室, 河南 洛阳

赵晓静, 马路平, 石兆勇, 吴姗薇, 高佳凯, 张鑫, 王世华. 不同菌根类型热带树木根系内生真菌群落数据库[J]. 微生物学报, 2026, 66(6): 3105-3114.

ZHAO Xiaojing, MA Luping, SHI Zhaoyong, WU Shanwei, GAO Jiakai, ZHANG Xin, WANG Shihua. A fungal community database associated with tropical tree roots of different mycorrhizal types[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(6): 3105-3114.

摘要: 热带雨林是生物多样性最为丰富的区域, 植物根系内生真菌在生态系统结构、功能及稳定性方面均发挥着重要作用。森林树木的不同类型菌根能够通过调控根系性状影响根围土壤的理化特性, 进而改变根系内生真菌的群落结构特征。然而, 目前尚无系统的数据集展示热带树木不同类型菌根对其根系内生真菌群落的调控机制。因此, 为揭示热带森林菌根类型与根系内生真菌群落的内在关联及其生态驱动机制, 本研究基于自然界最常见的丛枝菌根(arbuscular mycorrhiza, AM)和外生菌根(ectomycorrhiza, ECM), 通过系统整合热带森林不同演替阶段树木根系内生真菌数据构建了数据库。该数据库可为深入分析和理解热带森林不同类型菌根的生态功能、地下共生互作网络以及生态系统功能维持机制提供基础数据支撑。根据已发表文献以及 Hogan 等构建的热带树木根系内生真菌数据, 经系统整合与标准化处理, 建立了“不同菌根类型热带树木根系内生真菌群落数据库”。所有根功能性状指标数据采用算术平均法处理, 土壤环境数据则基于树种相对多度进行加权平均, 其余数据按树种分类汇总, 最后根据菌根类型归类。全部数据处理过程均经过严格的质控流程, 包括菌根类型验证、数据格式标准化以及异常值处理。本数据库共收录 5 969 条标准化记录, 涵盖 66 种木本植物物种拉丁名; 菌根类型(AM 和 ECM); 根长、根组织密度、根体积等 24 项根形态性状相关指标; 根系碳含量、氮含量、磷含量等 13 项根组织养分相关指标; 土壤有机质、全氮、全磷等 7 项土壤理化性质相关指标和根系内生真菌的操作分类

资助项目: 中原科技创新领军人才项目(254200510006); 国家自然科学基金(32171620); 河南省科技攻关项目(252102320074, 252102110191)

This work was supported by the Central Plains Science and Technology Innovation Leading Talents Program (254200510006), the National Natural Science Foundation of China (32171620), and the Scientific and Technological Research Project of Henan Province (252102320074, 252102110191).

*Corresponding author. E-mail: shizy1116@126.com

Received: 2026-02-05; Accepted: 2026-03-20; Published online: 2026-03-31

单元(operational taxonomic unit, OTU)丰度。本数据库的建立为解析热带森林地下生态互作机制、比较菌根共生功能,以及制定区域森林保护与恢复策略等方面奠定了坚实的数据基础。

关键词: 热带树木; 菌根类型; 根系性状; 根围土壤; 内生真菌群落; 数据库

数据库基本信息简介

Database profile

数据库名称	不同菌根类型热带树木根系内生真菌群落数据库
Title	A fungal community database associated with different mycorrhizal tropical tree-roots
数据通信作者	石兆勇(shizy1116@126.com)
Data corresponding author	SHI Zhaoyong (shizy1116@126.com)
数据作者	赵晓静, 马路平, 吴姗姗, 高佳凯, 张鑫, 王世华
Data authors	ZHAO Xiaojing, MA Luping, WU Shanwei, GAO Jiakai, Zhang Xin, Wang Shihua
数据时间范围	2010年(2、4、5、8、10、12月)、2015年(2、4、6、8、10、12月)、2018年(4-7月)
Time period	2010 (February, April, May, August, October, December), 2015 (February, April, June, August, October, December), 2018 (April to July)
地理区域	中国生态系统研究网络(China Ecosystem Research Network, CERN)西双版纳热带雨林生态系统研究站
Geographical scope	Xishuangbanna Tropical Rainforest Ecosystem Research Station of China Ecosystem Research Network
数据量	1.59 MB
Data volume	
数据格式	*.xlsx
Data format	
数据服务系统网址	https://doi.org/10.57760/sciencedb.37125
Data service system	
基金项目	中原科技创新领军人才项目(254200510006);国家自然科学基金(32171620);河南省科技攻关项目
Sources of funding	(252102320074, 252102110191) Central Plains Science and Technology Innovation Leading Talents Program (254200510006); National Natural Science Foundation of China (32171620); Scientific and Technological Research Project of Henan Province (252102320074, 252102110191)
数据库组成	数据库由4个数据集组成:XTBG-根形态性状数据集、XTBG-根组织养分数据集、XTBG-土壤性质数据集、XTBG-真菌OTU丰度数据集,共计5969条数据记录。其中,XTBG-根功能性状数据集包含根表面积、根平均直径、根组织密度等24项指标,共66条记录;XTBG-根组织养分数据集包含根系碳含量、氮含量、磷含量等13项指标,共66条记录;XTBG-土壤性质数据集包含土壤有机质、全氮、全磷等7项指标,共66条记录;XTBG-真菌OTU数据集包含由真菌扩增子测序序列在97%相似性阈值下聚类获得的OTU丰度及对应物种分类信息,共5771条记录
Database composition	The database consists of four datasets: XTBG-Root Morphological Traits Dataset, XTBG-Root Tissue Nutrient Dataset, XTBG-Soil Properties Dataset, and XTBG-Fungal OTU Abundance Dataset, totaling 5 969 data records. Among them, the XTBG-Root Functional Traits Dataset includes 24 indicators such as root surface area, average root diameter, and root tissue density, with a total of 66 records; the XTBG-Root Tissue Nutrient Dataset includes 13 indicators such as root carbon content, nitrogen content, and phosphorus content, with a total of 66 records; the XTBG-Soil Properties Dataset includes 7 indicators such as soil organic matter, total nitrogen, and total phosphorus, with a total of 66 records; the XTBG-Fungal OTU Dataset contains the OTU abundance and corresponding species classification information obtained by clustering the fungal amplicon sequencing sequences at a 97% similarity threshold, with a total of 5 771 records

A fungal community database associated with tropical tree roots of different mycorrhizal types

ZHAO Xiaojing^{1,2,3}, MA Luping^{1,2,3}, SHI Zhaoyong^{1,2,3*}, WU Shanwei^{1,2,3}, GAO Jiakai^{1,2,3}, ZHANG Xin^{1,2,3}, WANG Shihua^{1,2,3}

1 College of Agriculture, Henan University of Science and Technology, Luoyang, Henan, China

2 Henan Rural Human Settlement Environment Engineering Center, Luoyang, Henan, China

3 Luoyang Key Laboratory of Symbiotic Microorganisms and Green Development, Luoyang, Henan, China

Abstract: Tropical rainforests are the most biodiverse regions on Earth, in which plant root endophytic fungi play an important role in the ecosystem structure, function, and stability. Different mycorrhizal types of forest trees can affect the physical and chemical properties of rhizosphere soil by regulating root traits, thereby changing the structural characteristics of endophytic fungal communities in roots. However, there is no systematic dataset that demonstrates the mechanisms by which different mycorrhizal types of tropical trees regulate the endophytic fungal communities in their roots. To reveal the intrinsic relationship between mycorrhizal types in tropical forests and endophytic fungal communities in roots, as well as the ecological driving mechanisms underlying this relationship, this study established a database by systematically integrating data on endophytic fungal communities in roots of trees at different successional stages in tropical forests, based on the two most common mycorrhizal types, arbuscular mycorrhiza (AM) and ectomycorrhiza (ECM). This database provides fundamental data support for analyzing the ecological functions of different mycorrhizal types in tropical forests, belowground symbiotic interaction networks, and the maintenance mechanisms of ecosystem functions. Drawing on published literature and the dataset of Hogan et al. on root endophytic fungi in tropical trees, we systematically integrated and standardized data to establish a fungal community database associated with different mycorrhizal types of tropical trees. All functional trait data of roots were processed through the arithmetic mean method, while soil environmental data were weighted by the relative abundance of tree species. Other data were aggregated by tree species identity and finally classified according to mycorrhizal type. The entire data processing workflow was subjected to rigorous quality control, including verification of mycorrhizal types, standardization of data formats, and handling of outliers. This database contains a total of 5 969 standardized records, encompassing the Latin names of 66 woody plant species, mycorrhizal types (AM and ECM), 24 indicators related to root morphological traits (such as root length, root tissue density, and root volume), 13 indicators related to root tissue nutrients (such as root carbon content, nitrogen content, and phosphorus content), 7 indicators related to soil physical and chemical properties (such as soil organic matter, total nitrogen, and total phosphorus), and operational taxonomic units (OTUs) of endophytic fungi in roots, along with corresponding classification information. The establishment of this database provides a reliable data foundation for analyzing the belowground ecological interaction mechanisms of tropical forests, comparing the functions of mycorrhizal symbiosis, and informing the development of

regional forest conservation and restoration strategies.

Keywords: tropical trees; mycorrhizal type; root traits; rhizosphere soil; endophytic fungal communities; database

热带森林不仅物种资源丰富多样, 还是全球碳循环与气候调节的关键环节^[1-3]。作为热带森林生态系统的典型代表, 热带雨林凭借独特的地理环境和气候条件孕育了丰富的热带树木资源, 也构建了复杂的地下生态系统^[4-5]。地下部分是森林生态系统物质交换与能量流动的核心枢纽, 树木根系与土壤微生物的相互作用是维持热带森林稳定性和功能可持续性的重要过程^[6-7]。其中, 定殖于根系内部的内生真菌能够与寄主树木形成互利共生关系, 通过养分交换、信号传导和抗性诱导等机制, 不仅直接调控树木的生长发育, 还影响热带森林的生态系统进程^[8-9]。

菌根是植物根系与土壤中的真菌形成的互惠共生体, 菌根真菌通过扩大根系吸收范围、分泌胞外酶等方式帮助寄主树木高效获取养分并增强抗逆性; 树木则为真菌提供光合产物, 支撑其生长与繁殖^[10]。根据共生形态与功能的不同, 热带树木主要形成丛枝菌根(arbuscular mycorrhiza, AM)与外生菌根(ectomycorrhiza, ECM) 2种类型, 不同菌根类型的真菌与树木根系的共生机制、养分获取策略存在显著差异^[11-12]。AM真菌主要依靠其发达的根外菌丝直接吸收土壤中的无机养分, 并通过丛枝结构在根细胞内与寄主进行物质交换; 而ECM真菌则具有较强的有机质分解能力, 能够通过分泌酶类降解含氮、磷的有机化合物, 并借助菌套和深入皮层细胞间隙的哈蒂氏网与寄主建立养分传递通道^[13-14]。因此, AM树种通常更依赖土壤有效养分库, 而ECM树种则能直接利用土壤有机养分^[15]。

根围土壤作为树木根系与土壤微生物相互作用的微环境, 其理化性状直接决定了土壤养分的有效性, 同时也为微生物的定殖与生长提供了基础条件^[16]。根系性状是树木适应环境变化、提高养分吸收效率的重要功能性状^[17]。不

同菌根类型的树木通过调整根系性状、影响根系分泌物组成进而改变根围微环境, 调控根系内生真菌群落结构^[18-19]。AM树木多通过细化根系、增加分枝及分泌特定有机酸类分泌物扩大与土壤及真菌的接触范围, 在使特定AM真菌侵入定殖的同时, 为根系内生真菌提供多样化的微生境; ECM树木则倾向于加粗根系、形成致密表层结构, 通过酚类化合物、胞外酶等特定分泌物从有机质中吸收养分, 并与腐生微生物竞争有机氮, 抑制不利于ECM真菌定殖的杂菌生长, 间接筛选根系内生真菌类群^[20-22]。

当前, 多数研究聚焦于土壤性质、根系性状或某一类真菌群落, 针对热带森林中不同菌根类型树木的根围土壤特性、根系性状及根系内生真菌群落的协同研究仍相对薄弱, 且缺乏系统性的数据支撑。因此, 为填补这一数据缺口, 本研究基于Hogan等^[23]建立的热带树木根系内生真菌数据, 构建了“不同菌根类型热带树木根系内生真菌群落数据库”, 该数据库包含66种木本植物的物种信息、根系性状、根围土壤特性和内生真菌操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)丰度数据, 共5 969条记录。该数据库不仅为中国热带森林的生态保护修复、生态功能评估及菌根资源利用提供科学参考, 还补充了全球热带森林地下生态研究的区域数据库, 为跨区域对比研究和全球热带森林生态系统保护治理贡献了重要案例。

1 数据来源和处理方法

1.1 数据来源

本数据集的原始数据来源于Hogan等^[23]公开发表的数据, 涵盖西双版纳热带森林中3个中国生态系统研究网络(China Ecosystem Research Network, CERN)站点的数据, 每个站点具有不

同的演替状态和土壤条件。数据共计 6 586 条, 其中土壤数据 216 条, 涉及土壤有机质、总氮、总磷等 7 项指标, 每项指标均取自 216 个土壤采样点, 每个站点 72 个采样点; 根系相关数据 599 条, 来源于地块内先前标记并识别的 150 棵已知菌根类型的树木, 这些树木隶属于该森林 19 科 39 属 66 种代表性植物, 具体包括 150 条根形态性状数据, 涵盖根表面积、根平均直径、根组织密度等 24 项指标, 449 条根组织养分数据, 包含根系碳含量、根系氮含量、根系磷含量等 13 项指标; 5 771 条根系内生真菌操作分类单元(OTU)丰度数据。

1.2 数据处理

对原始数据进行整合, 以构建当前数据库“不同菌根类型热带树木根系内生真菌群落数据库”。具体整合方法如下: 根形态性状数据取各树种所有观测个体的算术平均值, 由于根形态性状主要受物种遗传特性决定, 种内变异相对较小, 采用算术平均值可有效反映树种的性状特征; 根组织养分数据以树种为单位进行分类和汇总; 土壤性质数据则以各树种在不同采样地的相对多度为权重, 即各树种在某采样地的个体数量占该样地总个体数量的比例, 通过加权平均法计算对应树种的土壤参数。之后, 根据菌根类型对上述数据归类, 得到涵盖 119 棵 AM 树下的 54 个树种、31 棵 ECM 树下的 12 个树种的根形态性状、根组织养分、土壤性质及根系内生真菌 OTU 丰度信息的综合数据库。其中, 根形态性状、根组织养分、土壤性质数据各有 66 条, 根系内生真菌 OTU 丰度数据有 5 771 条, 共计 5 969 条。

2 数据样本描述

本数据库包含了 66 个树种的物种基础信息、菌根类型、根形态性状、根组织养分、土壤性质及根系内生真菌 OTU 丰度数据, 具体内容及字段含义见表 1-4。

3 数据质量控制和评估

3.1 数据来源质量控制

本数据集的原始数据按标准化格式存储于国际公认的开放科学框架(open science framework, OSF)平台, 具有 DOI 和详细的版本变动记录, 确保了数据的可追溯性、可验证性与可复现性。数据获取后, 对原始数据的发表背景、取样设计、指标的测定方法等进行全面核验, 确认其采样范围、物种组成、测定方法等内容科学规范, 且满足本研究的需求。

3.2 数据处理质量控制

为获得更具代表性的物种水平性状值, 并减少个体测量误差的干扰, 根形态性状数据以树种为单位, 取所有观测个体的算术平均值; 根组织养分数据按树种进行分类汇总, 避免因样本分类不一致导致的数据偏差; 土壤性质数据则根据每个树种在不同采样地的相对多度, 采用加权平均法计算对应树种的土壤参数, 以更准确地反映不同树种实际生长的土壤环境。在完成数据整合后, 对生成的数据集检查指标间的内在关联, 确保关联字段无矛盾错误。例如, 验证“总根干质量”大于“根尖干质量”; 根系碳、氮、磷等养分指标的数值不超过 100%; 不同数据表中同一样本的信息完全匹配, 无同一编号样本树种不一致或同一树种菌根类型矛盾等问题。

3.3 数据规整质量控制

对所有数据进行格式标准化处理, 数值型数据统一保留一致精度, 字符型数据规范命名方式。例如, 菌根类型统一标注为“AM”或“ECM”, 以 FungalRoot 数据库^[24]作为主要判定依据, 相关国内外文献辅以佐证; 树种的拉丁学名采用“属名+种加词”的命名格式, 并已与 The Plant List 数据库^[25]核对。异常值采用 IQR 法和 Z-score 方法检测, 若异常值是录入或计算错误, 则通过原始数据核实后修正; 若异常值是真实观测值, 则保留, 避免丢失关键信息。

表1 本数据库“XTBG-根形态性状”数据集内容及字段含义

Table 1 Contents and field meanings of “XTBG-root morphological traits” data set in this database

字段名称	数据类型	量纲	字段说明
Sample	整数型	无	样本编号
Gen_sp	字符型	无	树种的拉丁学名(属名+种加词)
Mycorrhizal type	字符型	无	树种的菌根类型,包含AM和ECM
Diameter at breast height	浮点型	cm	胸径,即树木主干离地面特定高度处的直径
Height	浮点型	m	树高,即树木从地面根茎到树梢顶端的垂直高度
Total root fresh mass	浮点型	g	总根鲜质量,即根系样品在自然含水状态下、未经脱水处理的总质量
Total root dry mass	浮点型	g	总根干质量,即根系样品在完全去除水分后的总有机物质质量
Root tips fresh mass	浮点型	g	根尖鲜质量,即一级细根尖(根系分支顺序中最末端的根尖,直径 ≤ 2 mm)在自然含水状态下、未经脱水处理的总质量
Root tips dry mass	浮点型	g	根尖干质量,即一级细根尖(根系分支顺序中最末端的根尖,直径 ≤ 2 mm)在完全去除水分后的总有机物质质量
Remaining root fresh mass	浮点型	g	剩余根系鲜质量,即除一级细根尖(根系分支顺序中最末端的根尖,直径 ≤ 2 mm)外,剩余根系在自然含水状态下、未经脱水处理的总质量
Remaining root dry mass	浮点型	g	剩余根系干质量,即除一级细根尖(根系分支顺序中最末端的根尖,直径 ≤ 2 mm)外,剩余根系在完全去除水分后的总有机物质质量
Root tip mass fraction	浮点型	%	根尖质量分数,即一级细根尖(根系分支顺序中最末端的根尖,直径 ≤ 2 mm)干质量占根系总干质量的百分比
Root dry matter content	浮点型	mg/g	根系干质量分数,根系样品的干质量占鲜质量的比值
Root water content	浮点型	%	根系含水量,即根系组织中的水分占根系总鲜质量的百分比
Root length	浮点型	cm	根长,样品根系中所有根系长度的总和
Specific root length	浮点型	cm/g	比根长,即单位根干质量所拥有的根长
Root area	浮点型	cm ²	根表面积,即根系与土壤接触的总表面积
Specific root area	浮点型	cm ² /g	比根表面积,即单位质量根系所具有的表面积
Root average diameter	浮点型	mm	根平均直径,即根系样本直径的加权平均值
Root length density	浮点型	cm/m ³	根长密度,即单位土壤体积内所含有的根系总长度
Root volume	浮点型	cm ³	根体积,即根系在土壤中所占据的空间体积
Root tissue density	浮点型	g/cm ³	根组织密度,即单位根体积内所具有的根系干物质质量
Number root of tips	浮点型	无	根尖数,即生长于树木根部的最末端,具有活性、未受损伤的根尖的总数量
Branchiness	浮点型	tips/cm	分枝性,即根尖数与根长的比值
Specific root tip abundance	浮点型	tips/g	比根尖丰度,即单位根系干重所拥有的根尖数量
Forks	浮点型	无	分叉点,即在根系骨架图像中,一条根段分裂成两条或更多子根段的连接点
Crossings	浮点型	无	交叉点,即在二维投影图像上,两条或更多根段在空间上彼此跨越、形成视觉交叉的点

若数据集中出现缺失值,则统一标注为“NA”。

3.4 数据局限性与适用范围

本数据库为探究菌根类型对热带树木根系内生真菌群落的影响提供了关键数据支持,但仍存在一定局限性。例如,研究区域仅集中于西双版纳地区的3个样地,地理范围较为单一;

同时,土壤样品采集于2010年和2015年,根组织养分样品采集于2018年,二者采样时间不一致,且覆盖月份存在差异。采样时间差异可能导致季节波动影响真菌群落和根系性状,不同季节的温度、降水及植物生理状态差异则会引入额外变异,从而掩盖菌根类型与真菌群落

表2 本数据库“XTBG-根组织养分”数据集内容及字段含义

Table 2 Contents and field meanings of “XTBG-root tissue nutrients” data set in this database

字段名称	数据类型	量纲	字段说明
Sample	整数型	无	样本编号
Gen_sp	字符型	无	树种的拉丁学名(属名+种加词)
Mycorrhizal type	字符型	无	树种的菌根类型,包含AM和ECM
Aluminum	浮点型	%	根系铝含量,即根系铝质量占根系干物质质量的百分比
Boron	浮点型	%	根系硼含量,即根系硼质量占根系干物质质量的百分比
Calcium	浮点型	%	根系钙含量,即根系钙质量占根系干物质质量的百分比
Carbon	浮点型	%	根系碳含量,即根系碳质量占根系干物质质量的百分比
Copper	浮点型	%	根系铜含量,即根系铜质量占根系干物质质量的百分比
Iron	浮点型	%	根系铁含量,即根系铁质量占根系干物质质量的百分比
Magnesium	浮点型	%	根系镁含量,即根系镁质量占根系干物质质量的百分比
Manganese	浮点型	%	根系锰含量,即根系锰质量占根系干物质质量的百分比
Nitrogen	浮点型	%	根系氮含量,即根系氮质量占根系干物质质量的百分比
Phosphorus	浮点型	%	根系磷含量,即根系磷质量占根系干物质质量的百分比
Potassium	浮点型	%	根系钾含量,即根系钾质量占根系干物质质量的百分比
Sodium	浮点型	%	根系钠含量,即根系钠质量占根系干物质质量的百分比
Sulfur	浮点型	%	根系硫含量,即根系硫质量占根系干物质质量的百分比
Zinc	浮点型	%	根系锌含量,即根系锌质量占根系干物质质量的百分比

表3 本数据库“XTBG-土壤性质”数据集内容及字段含义

Table 3 Contents and field meanings of “XTBG-soil properties” data set in this database

字段名称	数据类型	量纲	字段说明
Sample	整数型	无	样本编号
Gen_sp	字符型	无	树种的拉丁学名(属名+种加词)
Mycorrhizal type	字符型	无	树种的菌根类型,包含AM和ECM
Soil organic matter	浮点型	g/kg	土壤有机质,即各种形态存在于土壤中的所有含碳的有机物质
Total N	浮点型	g/kg	全氮,即土壤中各种形态氮素含量之和
Total P	浮点型	g/kg	全磷,即土壤中各种形态磷素含量之和
Total K	浮点型	g/kg	全钾,即土壤中各种形态钾素总量
Available P	浮点型	mg/kg	有效磷,即土壤中可被植物吸收利用的磷素总量
Available K	浮点型	mg/kg	有效钾,即土壤中可被植物吸收利用的钾素总量
Soil pH	浮点型	无	土壤酸碱值,即土壤溶液的酸碱性强弱

表4 本数据库“XTBG-真菌OTU丰度”数据集内容及字段含义

Table 4 Contents and field meanings of “XTBG-fungal OTU abundance” data set in this database

字段名称	数据类型	字段说明
OTU_ID	字符型	OTU信息
Sample 1	整数型	样本1中该OTU所含序列数,共有66个样本
Taxonomy	字符型	该OTU对应物种分类信息

之间的真实关联。尽管在数据整合过程中对数据进行了标准化处理以降低季节变异的影响，但上述潜在影响仍难以完全消除。因此，建议用户在跨时间比较时谨慎理解，并结合具体研究目的，在结果解释中合理评估上述局限性。

4 数据价值

本数据库基于中国热带森林中 3 个不同演替状态和土壤条件的中国生态网络研究站点数据，系统整合了 54 个 AM 树种、12 个 ECM 树种的根形态性状、根组织养分、土壤性质及根系真菌 OTU 丰度数据，共 5 969 条，对相关研究具有重要的学术研究价值和实践应用价值。本数据库已成功支撑相关实证研究^[26]，该研究基于数据库 5 969 条记录，深入揭示了不同类型菌根对热带树木根系内生真菌群落结构的差异化调控机制，并证实土壤磷含量是影响两类树木根系真菌群落形成的关键因子，充分证明了本数据库在热带森林生态机制研究中具有较高的科学价值与实践可靠性。本数据库系统整合了西双版纳热带森林多站点、多树种的观测数据，覆盖根系形态、养分、土壤及真菌丰度等多维指标，能够系统支撑热带森林地下共生机制、菌根类型生态功能，以及区域森林生态系统保护与恢复等方面的研究。

4.1 菌根类型相关机制研究的数据支撑

该数据集涵盖 AM 树种和 ECM 树种完整的根形态性状、根组织养分、土壤性质及根系内生真菌 OTU 丰度信息，不仅为探究不同菌根类型热带树木在根系形态、根系养分吸收策略和根围土壤环境上的差异提供了直接的数据基础，也有助于解析“菌根类型-根系性状-土壤环境-真菌群落”的内在关联。本数据集支持将菌根类型作为分组变量或外生变量，将根系性状和土壤性质作为内生潜变量，真菌群落结构与多样性作为最终响应变量，用以构建结构方程模型。基于此，一方面可检验菌根类型对根系性状和

土壤性质的直接调控作用，另一方面也可量化根系性状与土壤环境在菌根-真菌互作中的中介效应，从而系统揭示菌根类型对真菌群落的直接影响，以及通过改变根系性状和土壤环境所传导的间接效应。

4.2 热带森林生态系统研究的重要补充

大多数热带森林研究关注物种、功能性状或土壤，但明确以菌根类型为线索，系统整合根系性状、土壤和真菌群落的数据库较为稀缺。本数据集针对西双版纳这一热带森林，提供了 66 个代表性树种的菌根类型、地下根系、根围土壤及根系真菌相关数据，不仅扩充了菌根类型研究下的综合数据，也丰富了全球热带森林生态系统数据库的区域代表性。

4.3 多领域融合研究的桥梁纽带

本数据库融合了植物生理学、土壤学与微生物学等多领域研究指标，为跨领域交叉研究提供了统一的数据平台。例如，生态学研究学者可结合土壤性质与真菌群落数据探究微生物对土壤养分循环的影响；植物学研究学者可分析菌根类型与根系性状的适配性；微生物学研究学者则能挖掘与不同树种共生的优势真菌类群，推动多领域理论的融合创新。

4.4 热带森林资源培育与管理的科学依据

数据库中涵盖的树种胸径、树高、根系干质量、养分含量等指标，直接反映了不同菌根类型树木的生长特性与环境适应性。林业工作者可基于这些数据，筛选出适应热带森林土壤条件的优势树种，优化热带森林人工培育方案；同时，通过解析真菌群落与树木生长的关联性，可为利用有益内生真菌改良树木生长状况、提升造林成活率提供实践指导。

4.5 基于菌根-土壤适配性的生态精准修复

热带森林作为全球生物多样性的重要区域，其生态系统的稳定性维持与生态修复一直是区

域生态安全的重大课题。本数据集明确了不同树种的菌根类型及其对应的土壤环境需求, 可为热带森林的生态修复提供精准参考。例如, 针对土壤养分匮乏区域, 优先选择菌根类型适配、养分吸收效率高的树种进行植被重建; 通过保护和引入关键内生真菌群落促进植物与微生物的共生体系形成, 提升生态系统的恢复力与稳定性。

4.6 生物多样性保护的理论与实践基础

该数据库包含 66 个热带木本植物物种的详细信息, 及其对应的内生真菌群落和土壤环境数据, 可为热带植物与微生物多样性的保护提供科学依据。通过识别对特定树种生存和生长至关重要的内生真菌类群、关键土壤因子, 能够针对性地制定保护措施, 避免因土壤退化、真菌群落破坏导致的物种濒危, 有助于保护热带森林生物多样性。

5 数据使用方法和建议

本数据库以 .xlsx 格式存储, 包含根形态性状、根组织养分、土壤性质及真菌丰度 4 个关联数据表。用户可直接下载, 并通过 Microsoft Excel、WPS Office 等软件, 或 SPSS、Python、R 语言等工具打开使用。各表间可通过 Sample 与 Gen_sp 字段进行跨表关联分析。本数据支持热带森林地下生态系统的多维度比较研究, 研究者可基于菌根类型字段系统比较 AM 与 ECM 树木的多维差异。本数据库共包含 66 个有效样本, 根系性状和土壤性质均为有实际数值的连续变量, 菌根类型为分类变量, 满足冗余分析 (redundancy analysis, RDA)、偏最小二乘结构方程模型 (partial least squares structural equation modeling, PLS-SEM) 等多元统计分析方法的数据要求, 可用于探究根系性状、土壤性质与真菌群落结构间的关系, 或根据 Gen_sp 字段, 计算不同树种在多个根系性状上的功能多样性和功能空间分布。

6 数据库可用性声明

本研究构建的“不同菌根类型热带树木根系内生真菌群落数据库”, 以 Microsoft Excel (*.xlsx) 格式存储, 数据库大小为 1.59 MB, 包含 XTBG-根形态性状、XTBG-根组织养分、XTBG-土壤性质、XTBG-真菌 OTU 丰度共 4 个数据集, 涵盖菌根类型、树种身份、根形态性状、根组织养分、土壤理化性质及内生真菌丰度等信息。本数据库的原始数据来源于 Hogan 等^[23]公开发表的中国热带森林根系内生真菌群落数据, 所有数据均经过严格的质量控制与标准化处理。为确保数据质量和一致性, 本数据库暂未开放研究者自行录入功能, 也未开发在线数据接口。未来, 将根据研究进展和用户反馈, 适时发布更新版本, 并通过 ScienceDB 数据平台及时发布。

获取方式: 本数据库已通过 ScienceDB 数据平台关联 DOI (10.57760/sciencedb.37125) 开放获取, 用户可通过该 DOI 直接检索下载完整数据集, 包含上述 4 个数据集 (DOI 为永久访问标识, 符合学术数据共享规范)。

作者贡献声明

赵晓静: 数据整理, 数据库建立与分析, 稿件初稿撰写、论文修改; 马路平: 数据整理, 稿件修改; 石兆勇: 研究思路, 稿件选题, 研究设计, 论文修改; 吴姗姗: 数据质量控制, 数据整合; 高佳凯: 图表制作, 稿件格式; 张鑫: 数据统计, 数据库建立; 王世华: 数据库分析, 稿件格式。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, da Fonseca GAB, Kent J. Biodiversity hotspots for conservation priorities[J]. Nature, 2000, 403(6772): 853-858.
- [2] Doughty CE, Keany JM, Wiebe BC, Rey-Sanchez C, Carter KR, Middleby KB, Cheesman AW, Goulden ML,

- da Rocha HR, Miller SD, Malhi Y, Fauset S, Gloor E, Slot M, Oliveras Menor I, Crous KY, Goldsmith GR, Fisher JB. Tropical forests are approaching critical temperature thresholds[J]. *Nature*, 2023, 621(7977): 105-111.
- [3] Pan YD, Birdsey RA, Fang JY, Houghton R, Kauppi PE, Kurz WA, Phillips OL, Shvidenko A, Lewis SL, Canadell JG, Ciais P, Jackson RB, Pacala SW, McGuire AD, Piao SL, Rautiainen A, Sitch S, Hayes D. A large and persistent carbon sink in the world's forests[J]. *Science*, 2011, 333(6045): 988-993.
- [4] 兰国玉, 胡跃华, 曹敏, 朱华, 王洪, 周仕顺, 邓晓保, 崔景云, 黄建国, 刘林云, 许海龙, 宋军平, 何有才. 西双版纳热带森林动态监测样地: 树种组成与空间分布格局[J]. *植物生态学报*, 2008, 32(2): 287-298.
Lan GY, Hu YH, Cao M, Zhu H, Wang H, Zhou SS, Deng XB, Cui JY, Huang JG, Liu LY, Xu HL, Song JP, He YC. Establishment of Xishuangbanna tropical forest dynamics plot: species compositions and spatial distribution patterns[J]. *Journal of Plant Ecology (Chinese Version)*, 2008, 32(2): 287-298 (in Chinese).
- [5] Cai ZQ, Zhang YH, Yang C, Wang S. Land-use type strongly shapes community composition, but not always diversity of soil microbes in tropical China[J]. *Catena*, 2018, 165: 369-380.
- [6] Ma LP, Shi ZY, Jing MM, Gao JK, Wu SW, Wang SS. Forest mycorrhizal types mediated environmental controls on global particulate and mineral-associated organic matter storage[J]. *Environmental Research*, 2025, 275: 121459.
- [7] Nottingham AT, Turner BL, Winter K, Chamberlain PM, Stott A, Tanner EVJ. Root and arbuscular mycorrhizal mycelial interactions with soil microorganisms in lowland tropical forest[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, 85(1): 37-50.
- [8] Yan L, Zhu J, Zhao XX, Shi JL, Jiang CM, Shao DY. Beneficial effects of endophytic fungi colonization on plants[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2019: 3327-3340.
- [9] Herre EA, Mejia LC, Kyllö DA, Rojas E, Maynard Z, Butler A, Van Bael SA. Ecological implications of anti-pathogen effects of tropical fungal endophytes and mycorrhizae[J]. *Ecology*, 2007, 88(3): 550-558.
- [10] 马路平, 石兆勇, 韦文敬, 杨爽. 基于Meta分析菌根菌对植物叶片生理的影响[J]. *草业学报*, 2024, 33(4): 99-109.
Ma LP, Shi ZY, Wei WJ, Yang S. Meta-analysis of the effects of mycorrhizal fungi on plant leaf physiology[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2024, 33(4): 99-109 (in Chinese).
- [11] Muthukumar T, Sha LQ, Yang XD, Cao M, Tang JW, Zheng Z. Mycorrhiza of plants in different vegetation types in tropical ecosystems of Xishuangbanna, southwest China[J]. *Mycorrhiza*, 2003, 13(6): 289-297.
- [12] Yang S, Shi ZY, Gao JK, Xu SX, Wang FY. Plant mycorrhizal type and molybdenum (Mo) contamination co-shape rhizospheric fungal communities in molybdenum mining areas[J]. *Applied Soil Ecology*, 2025, 208: 105986.
- [13] 马路平, 石兆勇, 张梦歌, 苑明莉. 中国植物丛枝菌根侵染特征研究[J]. *微生物学报*, 2024, 64(7): 2566-2582.
Ma LP, Shi ZY, Zhang MG, Yuan ML. Colonization characteristics of arbuscular mycorrhizal fungi in plants distributed in China[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, 64(7): 2566-2582 (in Chinese).
- [14] Courty PE, Buée M, Diedhiou AG, Frey-Klett P, Le Tacon F, Rineau F, Turpault MP, Uroz S, Garbaye J. The role of ectomycorrhizal communities in forest ecosystem processes: new perspectives and emerging concepts[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(5): 679-698.
- [15] Phillips RP, Brzostek E, Midgley MG. The mycorrhizal-associated nutrient economy: a new framework for predicting carbon-nutrient couplings in temperate forests[J]. *New Phytologist*, 2013, 199(1): 41-51.
- [16] Yang S, Shi ZY, Gao JK, Wu SW, Zhang X. Rhizosphere fungi are more sensitive than bacteria to tree mycorrhizal types in molybdenum mining areas[J]. *Rhizosphere*, 2025, 34: 101103.
- [17] Carmona CP, Bueno CG, Toussaint A, Träger S, Diaz S, Moora M, Munson AD, Pärtel M, Zobel M, Tamme R. Fine-root traits in the global spectrum of plant form and function[J]. *Nature*, 2021, 597(7878): 683-687.
- [18] Rillig MC, Mummey DL. Mycorrhizas and soil structure[J]. *New Phytologist*, 2006, 171(1): 41-53.
- [19] Badri DV, Vivanco JM. Regulation and function of root exudates[J]. *Plant, Cell & Environment*, 2009, 32(6): 666-681.
- [20] Yang S, Shi ZY, Wang XH, Wang FY. Mycorrhizal status and type dominate global fine root C:N:P stoichiometry[J]. *Plant Ecology*, 2024, 225(9): 1009-1021.
- [21] Vályi K, Mardhiah U, Rillig MC, Hempel S. Community assembly and coexistence in communities of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. *The ISME Journal*, 2016, 10(10): 2341-2351.
- [22] Pritsch K, Garbaye J. Enzyme secretion by ECM fungi and exploitation of mineral nutrients from soil organic matter[J]. *Annals of Forest Science*, 2011, 68(1): 25-32.
- [23] Hogan JA, Jusino MA, Smith ME, Corrales A, Song XY, Hu YH, Yang J, Cao M, Valverde-Barrantes OJ, Baraloto C. Root-associated fungal communities are influenced more by soils than by plant-host root traits in a Chinese tropical forest[J]. *New Phytologist*, 2023, 238(5): 1849-1864.
- [24] Soudzilovskaia NA, Vaessen S, Barcelo M, He JH, Rahimlou S, Abarenkov K, Brundrett MC, Gomes SIF, Merckx V, Tedersoo L. FungalRoot: global online database of plant mycorrhizal associations[J]. *New Phytologist*, 2020, 227(3): 955-966.
- [25] Kalwij JM. Review of 'The Plant List, a working list of all plant species' [J]. *Journal of Vegetation Science*, 2012, 23(5): 998-1002.
- [26] 赵晓静, 冀春花, 马路平, 杨爽, 李琰, 高佳凯, 吴姗姗, 张鑫, 石兆勇, 多勇昊. 不同菌根类型热带树木根系内生真菌多样性及其群落特征[J/OL]. *微生物学报*, 2026, 1-19. <https://doi.org/10.13343/j.cnki.wsxb.20250888>.
Zhao XJ, Ji CH, Ma LP, Yang S, Li Y, Gao JK, Wu SW, Zhang X, Shi ZY, Duo YH. Diversity and community characteristics of endophytic fungi in the roots of tropical trees with different mycorrhizal types[J/OL]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026: 1-19. <https://doi.org/10.13343/j.cnki.wsxb.20250888> (in Chinese).