

中南林业科技大学学报

Journal of Central South University of Forestry & Technology

ISSN 1673-923X，CN 43-1470/S

《中南林业科技大学学报》2026年第10期

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923X.2026.10.017

论文标题： 祁连山不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌群落及其影响因素

作　　者： 田晓萍，南忠仁，丁丽萍，等

收稿日期： 2025-10-28

引文格式： 田晓萍,南忠仁,丁丽萍,等.祁连山不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌群落及其影响因素[J].中南林业科技大学学报,2026,46(10):189-199.

Tian X P, Nan Z R, Ding L P, et al. Soil fungal communities and influencing factors of *Sabina przewalskii* natural forests at different altitudes of Qilian mountains[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(10):189-199.

相关论文推荐

Recommended articles

不同林龄红豆树土壤真菌群落组成和多样性

Composition structure and diversity of soil fungi community in *Ormosia hosiei* plantations at different ages

不同密度对杉木林根际土壤丛枝菌根真菌群落结构及共生格局的影响特征

Effects characteristic of different densities on arbuscular mycorrhizal fungal community structure and symbiotic patterns in rhizosphere soil of *Cunninghamia lanceolata* plantations

林地植被类型变化对土壤真菌群落结构的影响

Effects of forest vegetation type changes on the structure of soil fungal community

沙柳机械沙障分解对土壤细菌及真菌群落组成的影响

Effects of *Salix psammophila* sand barrier decomposition on soil bacterial and fungal community composition

不同枝龄落叶松枝内生真菌多样性和群落结构分析

Analysis of endophytic fungal diversity and community structure in *Larix olgensis* branches of different branch ages

陆均松和青梅叶际真菌群落多样性特征及其影响因子

Characteristics of arbuscular mycorrhizal fungal communities in urban park soils under different urbanization intensities in Nanchang

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923x.2026.10.017
http: //qks.csuft.edu.cn

祁连山不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌群落及其影响因素

田晓萍[1, 2, 3]，南忠仁[1]，丁丽萍[2]，钱万建[2]
（1. 兰州大学 资源环境学院，甘肃 兰州 730000；2. 张掖市林业科学研究院，甘肃 张掖 734000；
3. 张掖市草原工作站，甘肃 张掖 734000）

摘　要：【目的】揭示祁连山祁连圆柏天然林土壤真菌群落的海拔分布格局及其驱动因素，为祁连山生态环境保护提供土壤微生物学领域的理论依据与科学支撑。【方法】以祁连山地区不同海拔梯度的祁连圆柏天然林为研究对象，运用高通量测序技术对其土壤中的真菌多样性及群落组成进行测定与分析，并进一步探讨影响真菌群落结构的主要因素。【结果】不同海拔高度土壤真菌共有 6 门、27 纲、81 目、170 科、295 属、355 种。在门水平分类中，担子菌门 Basidiomycota 与子囊菌门 Ascomycota 占据主导地位，成为优势类群，相对丰度分别为 0.22 ～ 0.66 和 0.11 ～ 0.39。在属水平上，湿伞属 *Hygrocybe* 和被孢霉属 *Mortierella* 是土壤中的优势真菌。不同海拔间土壤真菌多样性存在显著差异（$P < 0.05$），中、低海拔土壤真菌群落丰富度和多样性显著高于高海拔土壤；土壤真菌群落多样性总体随着海拔升高呈先增大后降低的变化趋势。冗余分析和 Spearman 分析结果表明，海拔、土壤 pH 值、SOM、TP、AK 和 AP 是影响土壤真菌群落结构变化及多样性分布格局的关键环境因子。【结论】祁连山祁连圆柏天然林土壤真菌群落组成丰富，以担子菌门、子囊菌门为优势类群，土壤 pH 值、AP、TP 为驱动土壤真菌群落结构的核心变量，且真菌多样性与海拔、HN 呈负相关，与 AK 和 SOM 呈正相关。

关键词：祁连圆柏；海拔；土壤真菌群落；环境因子；祁连山
中图分类号：S791.44；S718.81　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1673-923X(2026)10-0189-11

Soil fungal communities and influencing factors of *Sabina przewalskii* natural forests at different altitudes of Qilian mountains

Tian Xiaoping[1,2,3], Nan Zhongren[1], Ding Liping[2], Qian Wanjian[2]

(1. College of Earth and Environmental Sciences, Lanzhou University, Lanzhou 730000, Gansu, China;
2. Zhangye Academy of Forestry, Zhangye 734000, Gansu, China; 3. Grassland Workstation of Zhangye City, Zhangye 734000, Gansu, China)

Abstract:【Objective】To reveal the altitudinal distribution pattern and driving factors of soil fungal communities in *Sabina przewalskii* natural forests, thereby providing a theoretical basis and scientific support in the field of soil microbiology for the ecological protection of the Qilian mountains.【Method】Focusing on the *Sabina przewalskii* natural forests soil at different altitudes in Qilian mountains, the high-throughput sequencing technology was used to analyze the diversity and community composition of soil fungi and explore the main factors influencing the soil fungal community structure. 【Result】A total of 6 phyla, 27 classes, 81 orders, 170 families, 295 genera and 355 species of soil fungi were discovered across different altitudes at the phylum level, Basidiomycota and Ascomycota dominated the fungal communities, with relative abundances of 0.22-0.66 and 0.11-0.39. *Hygrocybe* and *Mortierella* were the dominant genera. There were significant differences in soil fungal among different altitudes ($P < 0.05$), with the richness and diversity of soil fungal communities at low and medium altitudes being significantly higher than those at high altitudes. Overall, the soil fungal diversity first increased and then decreased with increasing altitude. Redundancy analysis (RDA) and Spearman correlation analysis showed that altitude, soil pH, SOM, TP, AK and AP were the key environmental factors affecting the community structure and diversity distribution pattern of soil fungal.【Conclusion】The soil fungal community in *Sabina przewalskii* natural forests of the Qilian mountains is rich

收稿日期（Received）：2025-10-28　　**修订日期**（Revised）：2026-01-17
基金项目：国家自然科学基金项目（32060337）；甘肃林业科技计划项目（2020kj006）。
第一作者：田晓萍（tianxiaoping8018@163.com），研究员。
引文格式：田晓萍 , 南忠仁 , 丁丽萍 , 等 . 祁连山不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌群落及其影响因素 [J]. 中南林业科技大学学报 , 2026,46(10):189-199.
Tian X P, Nan Z R, Ding L P, et al. Soil fungal communities and influencing factors of *Sabina przewalskii* natural forests at different altitudes of Qilian mountains[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(10):189-199.

in composition, with *Basidiomycota* and *Ascomycota* as the dominant phyla. Soil pH, AP and TP are the core variables driving the soil fungal community structure. In addition, fungal diversity is negatively correlated with altitude and HN, while positively correlated with AK and SOM.

Keywords: *Sabina przewalskii*; altitude; soil fungal community; environmental factor; Qilian mountain

真菌是土壤微生物群落的核心成员，在分解森林凋落物、改善土壤环境和维持土壤生态系统稳定性和生物多样性等方面具有不可或缺的地位[1]。土壤真菌的多样性特征、群落结构及其功能等因土壤物理及化学性质、植被类型和气候条件等不同而发生相应改变[2]。然而，不同生态系统的主导环境生物因子与非生物因子存在显著差异[3]。因此，明确影响不同生态系统土壤真菌群落多样性及其组成的主要驱动因素，对开展生态系统稳定性研究具有重要科学意义。

在山地森林生态系统中，不同海拔梯度下的空气温度与湿度、光照强度等环境因子差异显著影响植被组成和土壤养分，使土壤真菌群落结构发生变化[4]。虽然海拔梯度上土壤真菌群落的相关研究较多，但其多样性的海拔梯度分布特征和影响因素没有统一定论[5]。例如，江西官山土壤真菌香农指数和系统发育变异指数在海拔梯度上呈显著上升趋势[6]；青藏高原色季拉山土壤真菌多样性无明显海拔变化特征[7]，也有降低、单峰型或“U”形分布等特征[8-10]。土壤真菌群落随海拔变化呈现出差异化响应特征，与不同海拔梯度下地上植被与地下土壤理化性质有关[11]。因此，分析真菌群落对海拔、环境因子等的响应，可为深入理解环境梯度下土壤真菌多样性及其在气候变化中的生态作用和演替奠定基础，对山地生态系统植被恢复进程及其对环境变化的响应机制研究亦具有重要科学价值。

祁连山位于青藏、蒙新、黄土三大高原交汇区域，作为我国西部重要的生态屏障与水源涵养功能区，被列为国家生物多样性保护优先区域[12]。祁连圆柏 *Sabina przewalskii* 是我国特有的常绿针叶树，是祁连山水源涵养林乔木树种群落的建群种之一[13]。在祁连山林区，以它为建群种的天然林主要分布在海拔 2 500 ～ 3 500 m 的阳坡及半阳坡，垂直带幅度较宽[14]，独特的生境条件与分布特征为研究干旱区典型森林生态系统中土壤微生物群落随海拔的变化规律提供了理想材料。目前，朱庆征等[12]、陈倩[15]对祁连山国家公园土壤微生物多样性开展了相关探索，但针对祁连山阳坡唯一建群种祁连圆柏林这一特殊生境下，土壤真菌的海拔梯度分布规律及其影响因素仍缺乏系统探究。本研究以祁连山北坡中段不同海拔梯度祁连圆柏天然林地土壤为对象，采用高通量测序技术，探究海拔梯度驱动下土壤真菌群落组成结构、多样性及其影响因素，有助于更好地理解高寒生态系统土壤微生物沿海拔梯度的群落结构特征，为祁连山水源涵养林保护提供土壤微生物学领域的理论参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于祁连山国家级自然保护区寺大隆自然保护站向阳台资源管护站所辖天涝池流域（38°25′18″～38°26′38″ N，99°54′00″～99°56′55″ E）。海拔介于 2 600 ～ 3 450 m 之间，区域气候呈现显著的温带高寒半干旱特征，年均气温 0.6 ℃，无霜期≤ 140 d，年蒸发量 1081.7 mm，年均降水量 594 mm，其中 5—9 月降水约占全年的 80%，季节性积雪厚度 0.3 m。祁连圆柏林分布于海拔 2 600 ～ 3 400 m 的阳坡及半阳坡，呈离散斑块状，乔木物种单一，无伴生树种。灌木优势物种有金露梅 *Dasiphora fruticosa*、鬼箭锦鸡儿 *Caragana jubata*、高山绣线菊 *Spiraea alpina* 等。草本植物主要有珠芽蓼 *Polygonum viviparum*、黑穗苔草 *Carex atrata* 等。土壤以山地森林灰褐土为主要类型。

1.2 样品采集

2023 年 8 月，在寺大隆自然保护站向阳台资源管护站祁连圆柏林集中分布区，沿海拔 2 600 ～ 3 400 m 每隔 200 m 设置一个 20 m×20 m 的样方（3 100 m 为补充样方）。在各样方中，按“S”路线随机选取 6 个 5 m×5 m 的子样方，清除各子样方中的表层植被和杂物，采用三点采样法，用内径53 mm的土钻在样方四角和中心点采集0～20 cm 层土壤样品，去除土壤中根系、石砾等杂质后充分混匀。每个海拔采集土壤样品 6 份，共采集样品 36 份。部分样品现场过筛后储存于填充干冰的保温箱中，带回实验室用于土壤真菌高通量测序；部分样品带回室内，经过风干、研磨后，测定相关理化指标。同时记录各样点坐标、海拔等信息（表 1）。

表 1　样地基本特征
Table 1　Characteristics of sample plots

样地号 Plot No.	海拔 Altitude /m	经纬度 Latitude and longitude	坡度 Slope /(°)	坡位 Slope position	坡向 Slope direction	平均树高 Average height /m	平均胸径 Average DBH /cm	林分密度 Stand density /（株·hm^{-2}）	干扰情况 Disturbed condition
S1	2 600	38°26′39″N，99°54′00″E	28.56	下坡	东南坡	5.57	13.72	525	无
S2	2 800	38°26′14″N，99°55′10″E	19.42	中坡	西南坡	6.46	17.18	620	无
S3	3 000	38°26′18″N，99°55′39″E	30.05	下坡	南坡	5.71	13.37	950	无
S4	3 100	38°26′02″N，99°55′57″E	35.23	中坡	南坡	6.02	15.71	1 000	少量放牧
S5	3 200	38°25′31″N，99°56′28″E	29.32	中坡	南坡	6.56	17.69	1 225	无
S6	3 400	38°25′26″N，99°56′54″E	20.34	上坡	南坡	6.37	22.02	600	无

1.3　土壤理化指标测定

土壤有机质（SOM）采用重铬酸钾外加热法测定；pH 值用电位法测定；全氮（TN）、碱解氮（HN）分别采用凯氏定氮法和碱解扩散法测定；全磷（TP）、有效磷（AP）分别采用酸溶 - 钼锑抗比色法和双酸浸提 - 钼锑抗比色法测定；全钾（TK）、速效钾（AK）分别采用酸溶 - 火焰光度法和乙酸铵浸提 - 火焰光度法测定 [16]。

1.4　DNA 提取和高通量测序分析

采用 CTAB 法提取土壤总 DNA，提取完成后 DNA 纯度与浓度通过 Nano Drop NC2000 分光光度计及 0.2% 琼脂糖凝胶电泳检测。选取 ITS1-1F-F（CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA）和 ITS1-1F-R（GCTGCGTTCTTCATCGATGC）为引物，对真菌 ITS1-1F 区域扩增。扩增程序为：98 ℃下预变性 1 min，随后进行 30 个循环，每个循环包括 98℃变性 10 s、50 ℃退火 30 s、72 ℃延伸 30 s，最后于 72 ℃延伸 5 min。PCR 扩增产物经 Vazyme VAHTSTM DNA Clean Beads 纯化去除杂质，采用 Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit 定量。利用 Illumina NovaSeq 平台进行 2×250 bp 双末端测序。

以 QIIME2 平台为依托，利用内置 DADA2 插件依次执行质控、去噪、序列拼接及嵌合体去除，获得扩增子序列变体（ASV）数据集，对 ASV 数据集分别进行去单例序列、低丰度筛选（剔除所有样本中累计出现次数低于 3 次或单个样本中相对丰度低于 1×10^{-5} 的 ASV）和剔除长度偏离该范围 ±10% 的异常 ASV 序列。本研究中所有实验流程实施与各文库分析任务，均由武汉迈特维尔生物科技有限公司完成。

1.5　数据处理与分析

基于 QIIME2 平台并结合 perl 脚本，以 UNITE 真菌数据库（Release 9.0）为参照，完成 ASV 序列物种分类注释与组成分析；利用 QIIME2 技术计算样本 α 多样性、β 多样性指数，表征真菌群落结构特征。

采用 Excel 2019 软件整理数据，采用 Origin 2021 软件绘制图形，采用 SPSS 22.0 软件进行数据统计分析。运用单因素方差分析（ANOVA）检验土壤真菌 α 多样性与理化性质组间差异，冗余分析（RDA）基于 Canoco 5.0 软件实施，分析前期通过除趋势对应分析（DCA，gradient lengths ＜ 3）判断分析方法是否适用，结合方差膨胀系数（VIF）筛选解释变量（剔除 VIF ＞ 10 的变量），并利用 envfit 函数完成环境因子的显著性检验。同时，综合 RDA 与 Spearman 相关性分析，揭示真菌群落与环境因子的互作关系，并基于 FUNGuild 数据库实现真菌功能预测。

2　结果与分析

2.1　不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌群落多样性

2.1.1　不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌 α 多样性

对祁连山 6 个海拔梯度的祁连圆柏天然林土壤样本进行高通量测序，其覆盖度指数均≥ 99.50%，表明测序深度足以全面覆盖样本微生物群落，测序结果能够可靠表征土壤真菌真实组成结构（表 2）。丰富度指数（Chao1 与 ACE）在不同海拔间存在显著差异，且变化趋势相同，均在 2 600 m 最高，随后波动下降，3 200 m 处降至最低。Shannon 指数与 Simpson 指数呈现复杂响应模式，Shannon 指数在 3 000 m 最高，2 800 m 处最低；Simpson 指数则在 2 800 m 处最高，3 000 m 处最低（表 2）。整体上，中低海拔（2 600 ～ 3 000 m）多样性高于高海拔区域（3 200 ～ 3 400 m），土壤真菌群落多样性随海拔升高呈先升后降的“单峰”型变化趋势，在 3 000 m 处形成拐点。

表 2 土壤真菌 α 多样性指数 †
Table 2 α diversity index of soil fungi

样地号 Plot No.	海拔 Altitude /m	覆盖度 Coverage /%	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
S1	2 600	99.50±0.01 c	614.12±120.31 a	650.32±130.45 a	5.75±0.39 ab	0.89±0.08 ab
S2	2 800	99.65±0.00 b	424.69±97.50 b	440.64±107.54 b	4.03±0.62 d	0.97±0.09 a
S3	3 000	99.70±0.00 b	593.52±66.49 a	619.65±75.43 a	6.41±0.17 a	0.75±0.00 d
S4	3 100	99.70±0.01 b	381.84±114.05 b	403.28±126.87 b	5.12±0.31 bc	0.85±0.03 bc
S5	3 200	99.85±0.00 a	145.29±23.32 c	150.12±23.80 c	4.28±0.28 d	0.81±0.04 b
S6	3 400	99.68±0.00 b	376.06±63.54 b	399.17±74.91 b	4.92±0.99 d	0.93±0.03 c

† 数据为平均值 ± 标准偏差；不同小写字母表示不同海拔土壤真菌多样性差异显著（$P < 0.05$），下同。
Data are presented as mean±standard deviation. Different lowercase letters indicate significant differences in soil fungal diversity among different altitudes ($P < 0.05$), the same below.

2.1.2 土壤真菌群落主坐标分析

通过 PCoA 分析发现，不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌群落存在极显著分异（R^2=0.852，P=0.001）。前两轴累计解释 67.44% 的群落变异，可有效反映群落组成的空间分异特征。从 PC1-PC2 分布格局看，中海拔 3 000 m（S3）、3 100 m（S4）与除各自外的其他海拔高度土壤真菌群落分布较为分散，体现出独特的群落结构特征；低海拔 2 600 m（S1）、2 800 m（S2）样本及高海拔 3 200 m（S5）、3 400 m（S6）样本，分别在 PCoA 图中呈聚集分布，组内样本间距离较近，提示这两类海拔区间内的土壤真菌结构具有较高相似性，群落组成存在一定重叠（图 1）。

2.2 不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌结构

2.2.1 土壤真菌群落 ASV 分析

对 6 个海拔高度祁连圆柏天然林土壤样本的测序序列，以 97% 序列相似性进行 ASV 聚类分析，共得到真菌特征序列 ASV 总数 5 055 个，其中，S1 ～ S6 样地特有 ASV 数目分别为 1 254、738、1 274、755、307 和 695 个，6 个海拔样地共有 ASV 数目为 32 个。海拔 2 600、3 000 m 样地独有的 ASV 数目最多，分别占 ASV 总数的 24.81% 和 25.20%，海拔 3 200 m 样地的 ASV 数目最少，仅占 ASV 总数的 6.07%，说明祁连山不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌 ASV 组成存在一定的差异（图 2）。

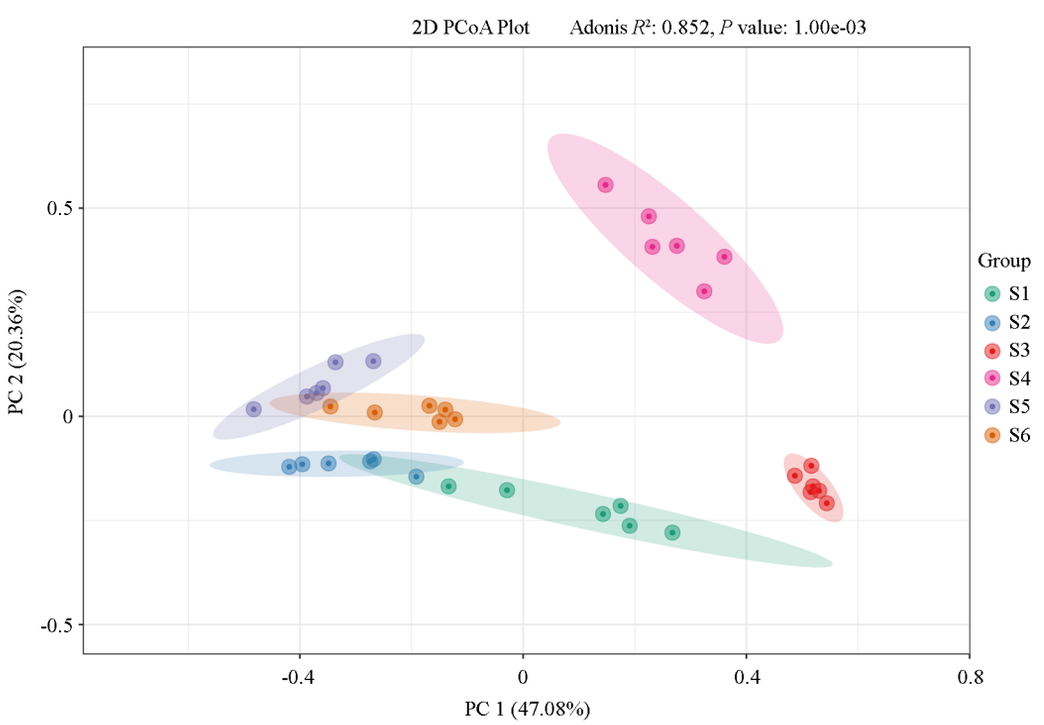


图 1 基于 Bray-Curtis 距离的土壤真菌群落主坐标分析（PCoA）
Fig. 1 PCoA of soil fungal communities based on Bray-Curtis distance

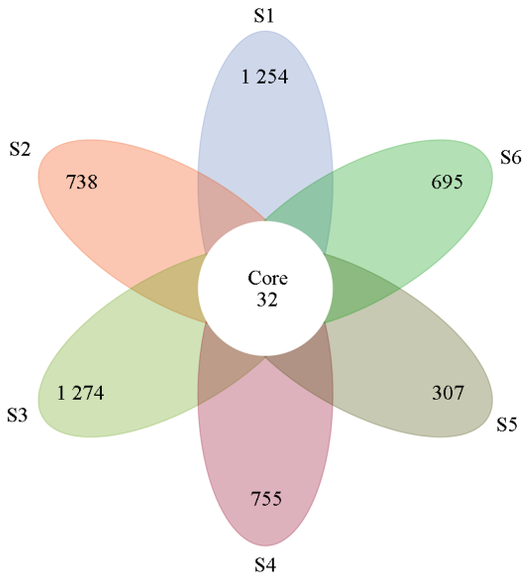


图 2　不同海拔土壤真菌 ASV 韦恩图
Fig. 2　ASV Venn diagram of fungi in soil at different altitudes

2.2.2　土壤真菌群落结构

祁连山 6 个海拔梯度的祁连圆柏天然林土壤样本中，共鉴定到真菌 6 门、27 纲、81 目、170 科、295 属、355 种，表明祁连圆柏天然林土壤中真菌群落组成丰富。在门水平上，土壤真菌群落的构成具有显著多样性，其核心门类主要涵盖六大类群，具体包括担子菌门 Basidiomycota、子囊菌门 Ascomycota、接合菌门 Zygomycota、壶菌门 Chytridiomycota、球囊菌门 Glomeromycota，此外还包含尚未能明确归入已知分类体系的未分类真菌类群（unclassified_Fungi）。其中，担子菌门、子囊菌门、球囊菌门和接合菌门为共有门类。担子菌门的相对丰度最高（0.22 ～ 0.66），在海拔 2 800 m（S2）处达峰值；子囊菌门次之（0.11 ～ 0.39），第三是接合菌门（0.02 ～ 0.30），均在海拔 3 000 m（S3）处相对丰度最高（图 3A）；而球囊菌门相对丰度极低（＜ 0.10），可忽略。除海拔 3 000 m 样地以子囊菌门为优势种外，其余海拔均以担子菌门占主导，表明担子菌门和子囊菌门为祁连圆柏天然林土壤的核心优势真菌群。

在属水平上，前十大优势属相对丰度占比为 41.04% ～ 71.53%，蜡壳耳属 *Sebacina*、棉革菌属 *Tomentella*、隐球酵母属 *Cryptococcus*、湿伞属 *Hygrocybe*、被孢霉属 *Mortierella* 和丝盖伞属 *Inocybe* 为各海拔共有优势属。湿伞属为全域性优势属，相对丰度为 0.09 ～ 0.55，于 2 800 m 处达到最高；被孢霉属为次优势属，在 3 000 m 处丰度最高。此外，不同海拔呈现特异优势菌属：隐球酵母属是 S1 和 S2 样地的相对优势菌属；丝盖伞属是 S4 和 S6 样地的相对优势菌属；unclassified_*Thelebolaceae* 是 S3 样地的相对优势菌属；米拉珊瑚属 *Melanophyllum* 是 S5 样地的相对优势菌属（图 3B）。

2.3　不同海拔祁连圆柏天然林土壤真菌的功能类群分析

基于 FUNGuild 数据库对各海拔土壤真菌群落进行营养型分类鉴定，结果显示，土壤真菌群落可划分为 7 种类型，其中腐生营养型（Saprotroph）、腐生 - 共生营养型（Saprotroph-Symbiotroph）、病理 - 腐生 - 共生营养型（Pathotroph-Saprotroph-Symbiotroph）和未定义真菌（Unassigned）为主要

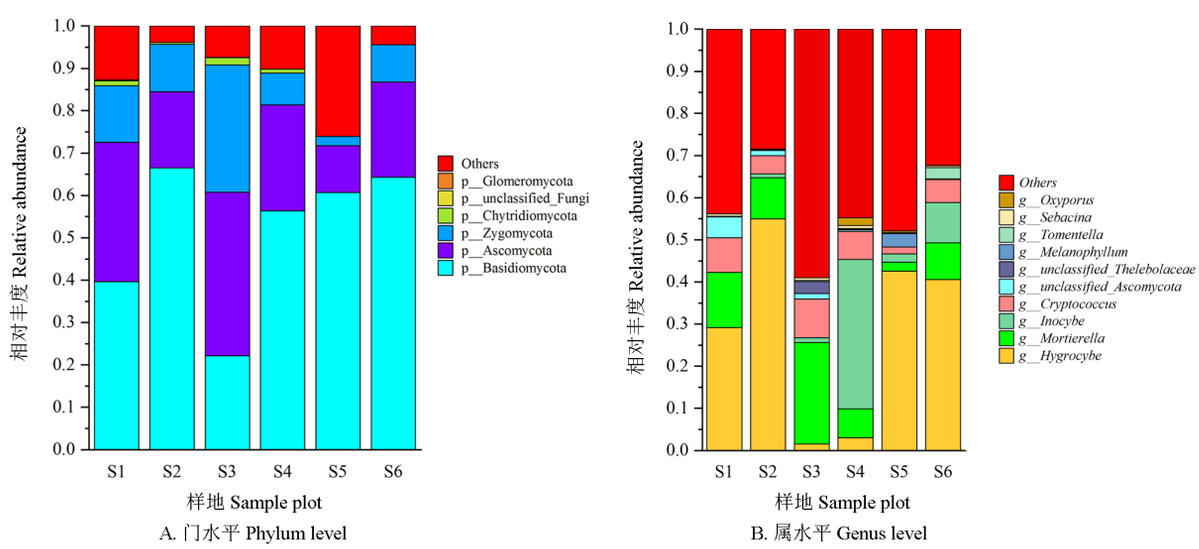


图 3　不同海拔土壤真菌群落相对丰度
Fig. 3　Relative abundance of soil fungal communities at different altitudes

营养型（图 4）。在这些营养型中，腐生 - 共生营养型占优势，其相对丰度均值为 0.42；其次为未定义真菌、病理 - 腐生 - 共生营养型和腐生营养型，相对丰度均值分别为 0.30、0.09 和 0.04。不同海拔样地中，各营养型真菌占比不同，腐生 - 共生营养型除在海拔 3 200 m 样地外，在其他海拔样地中均占绝对优势，其相对丰度为 0.34 ～ 0.70；未定义真菌在 6 个样地中占第二优势；共生营养型在海拔 3 200 m 样地占优势，其相对丰度均值为 0.41。

2.4 环境因子对祁连山祁连圆柏天然林土壤真菌群落的影响

2.4.1 不同海拔祁连圆柏天然林土壤理化性质

不同海拔梯度下，土壤理化性质均呈现显著差异，从整体变化趋势来看，各指标均随海拔升高呈先上升后下降趋势。土壤全氮（TN）、全钾（TK）含量在 3 200 m 达到峰值，分别为 3.63 g/kg 和 1.66 g/kg；全磷（TP）含量则在 3 100 m 最高（0.71 g/kg），随后显著降低。碱解氮（HN）、有效磷（AP）和速效钾（AK）含量在中海拔区域（3 000 m 和 3 100 m）最大，而土壤有机质（SOM）含量则在 3 200 m 达到最大值，为 63.34 g/kg。pH 值整体处于 8.34 ～ 8.61 的微碱性范围，随海拔升高呈波动下降趋势（表 3）。

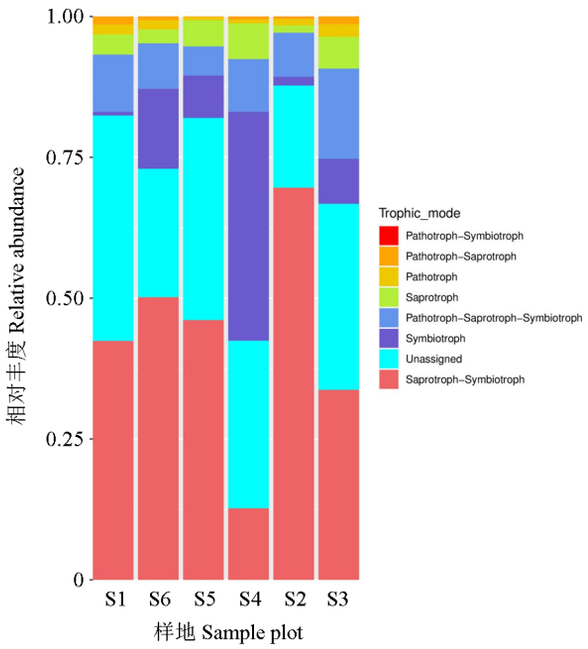


图 4 土壤真菌群落功能群分析

Fig. 4 Functional groups of soil fungal communities

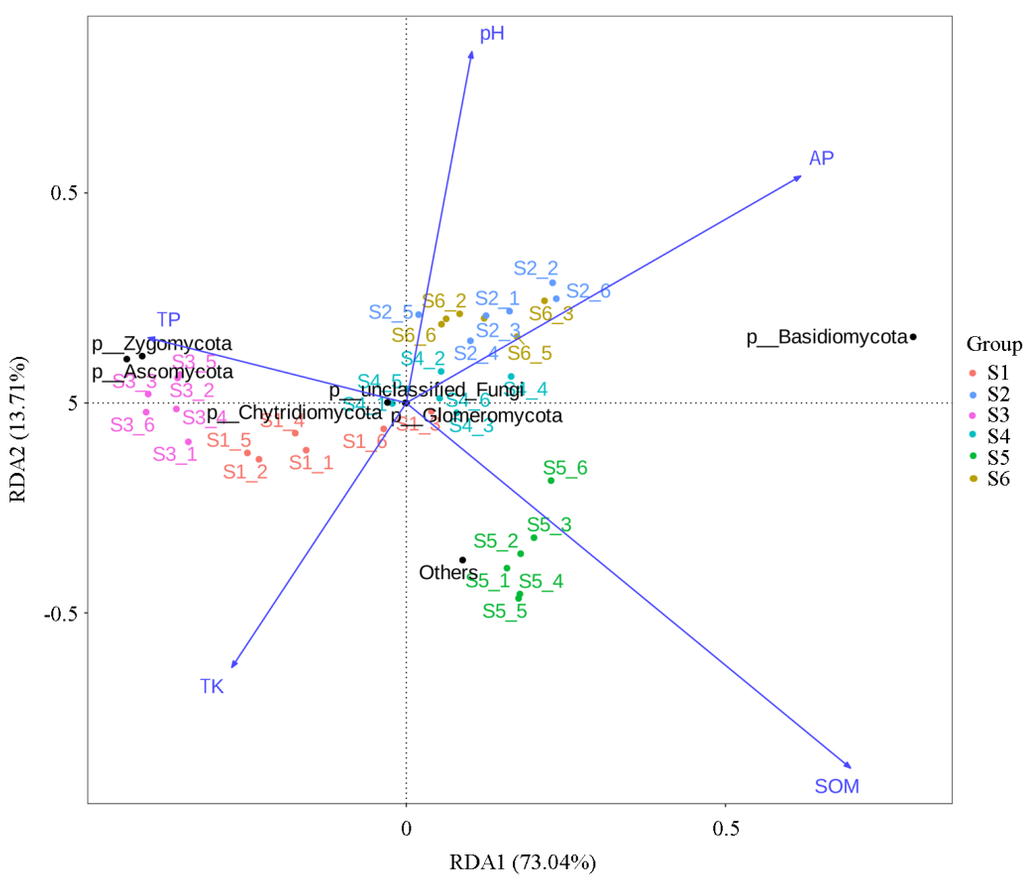


图 5 土壤真菌与土壤因子冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis of soil fungi and soil factors

表 3　不同海拔土壤理化性质
Table 3　Soil physicochemical properties at different altitudes

样地号 Plot No.	海拔 Altitude / m	全氮 TN /(g·kg^{-1})	全磷 TP /(g·kg^{-1})	全钾 TK /(g·kg^{-1})	碱解氮 HN /(mg·kg^{-1})	有效磷 AP /(mg·kg^{-1})	速效钾 AK /(mg·kg^{-1})	土壤有机质 SOM /(g·kg^{-1})	pH 值 pH value
S1	2 600	1.84±0.29 c	0.57±0.09 b	1.52±0.06 b	142.83±13.93 bc	9.66±1.49 c	117.71±6.48 b	31.22±3.61 b	8.50±0.07 ab
S2	2 800	2.17±0.18 bc	0.55±0.04 bc	1.60±0.04 ab	137.97±13.91 c	11.49±1.88 bc	161.64±9.70 b	33.66±4.28 b	8.61±0.28 a
S3	3 000	3.14±0.42 a	0.61±0.03 ab	1.65±0.06 a	223.35±26.56 ab	19.49±1.82 a	243.40±15.23 a	52.15±5.64 a	8.41±0.11 ab
S4	3 100	2.75±0.68 ab	0.71±0.06 a	1.57±0.07 ab	281.01±11.08 a	13.44±1.83 b	116.32±14.60 b	54.21±7.78 a	8.39±0.10 ab
S5	3 200	3.63±0.37 a	0.55±0.03 bc	1.66±0.02 a	202.44±31.91 b	11.61±0.00 bc	109.36±9.92 b	63.34±4.45 a	8.34±0.01 b
S6	3 400	2.68±0.19 ab	0.45±0.02 c	1.35±0.04 c	196.63±13.19 b	11.10±1.77 bc	116.08±4.01 b	50.81±3.06 a	8.46±0.05 ab

2.4.2　环境因子对祁连圆柏天然林土壤真菌群落的影响

土壤真菌 α 多样性指数与环境因子的相关性分析表明（表 4），不同指数对环境因子的响应特征存在明显分异。覆盖度与海拔、TK、HN 呈极显著正相关，与 pH 值、TP、AK 呈极显著负相关，与 SOM 呈显著正相关。Chao1 指数与 ACE 指数的响应趋势一致，二者均与海拔、SOM、HN 呈极显著负相关，与 pH 值、TP、AK 呈极显著正相关，与 AP 显著正相关。Shannon 指数与 TP、HN 呈极显著正相关，与海拔、土壤 SOM 呈极显著负相关；Simpson 指数与 TN 呈显著正相关，与 AP 呈极显著正相关。整体而言，pH 值、TP、SOM、HN、AK 及海拔是调控该区域土壤真菌 α 多样性的关键环境因子。其中，土壤 pH 值、TP、AP 和 AK 含量对真菌群落多样性表现出显著促进作用，而海拔、土壤 HN 及 SOM 含量则呈现抑制作用。

表 4　土壤真菌 α 多样性指数与环境因子相关性 †
Table 4　Correlations between α diversity index of soil fungi and environmental factors

多样性指数 Diversity index	海拔 Altitude /m	pH 值 pH value	土壤有机质 SOM	全氮 TN	全磷 TP	全钾 TK	碱解氮 HN	有效磷 AP	速效钾 AK
覆盖度 Coverage	0.521**	-0.601**	0.334*	0.264	-0.663**	0.498**	0.597**	0.049	-0.589**
Chao1 指数 Chao1 index	-0.618**	0.481**	-0.587**	-0.072	0.726**	-0.258	-0.617**	0.387*	0.618**
Ace 指数 Ace index	-0.611**	0.476**	-0.568**	-0.077	0.720**	-0.277	-0.604**	0.371*	0.609**
Shannon 指数 Shannon index	-0.449**	0.020	-0.562**	0.116	0.488**	-0.067	-0.225	0.498**	0.326
Simpson 指数 Simpson index	-0.282	0.279	-0.329	0.422*	0.231	0.164	0.060	0.561**	0.039

† * 表示 $P < 0.05$，** 表示 $P < 0.01$，下同。* indicates $P < 0.05$, ** indicates $P < 0.01$. The same below.

RDA1（73.04%）和 RDA2（13.71%）两轴共解释了 86.75% 的变异，剩余 13.25% 可能受未测环境因子或随机过程影响。土壤 pH 值、AP、TP、AK 及 SOM 是影响群落结构的关键驱动因子（$P < 0.01$），其中，AP、pH 值及 SOM 对群落分异的解释贡献率最为显著（图 5）。对土壤真菌主要贡献门和土壤理化因子的相关性分析结果显示，子囊菌门与土壤 AP 呈极显著正相关，与 AK 呈显著正相关，与 AP、SOM 呈极显著负相关，与海拔、HN 呈显著负相关；担子菌门与 AP 呈极显著正相关，与海拔、SOM 呈显著正相关，与 TN、TP 呈显著负相关；壶菌门与 TP、AK 呈极显著正相关，与 pH 值呈显著正相关，与海拔、SOM、HN 呈极显著负相关；接合菌门与 TP、AK 及 pH 值均呈极显著正相关，与海拔、SOM、HN 呈极显著负相关，与 AP 呈显著负相关；未分类的门与 TP、AK、pH 值呈极显著正相关，与海拔、HN、SOM 呈极显著负相关；其他门类与 TN、HN、SOM 呈极显著正相关，与 pH 值呈极显著负相关。海拔高度除与担子菌门显著正相关外，与其他菌门均呈负相关关系，土壤 pH 值除与未分类菌门负相关外，与其他菌门均呈正相关。因此，真菌群落主要受海拔、AP、HN 和 SOM 的影响（表 5）。

3　讨　论

3.1　土壤真菌多样性及其群落组成

本研究中，土壤真菌 α 多样性随海拔升高呈现差异化响应，中低海拔（2 600 ～ 3 000 m）真菌群落丰富度（Chao1 与 ACE 指数）及多样性（Shannon/Simpson 指数）显著高于高海拔（3 200 ～ 3 400 m），这与低温胁迫下微生物代谢活性受抑制的理论一致[17]。值得注意的是，除最低海拔（2 600 m）外，真菌多样性随海拔升高呈“先增后减”的

表 5 土壤真菌与环境因子相关性（门水平）
Table 5 Correlations between soil fungi (Phylum level) and environmental factors

土壤真菌 Soil fungi	海拔 Altitude	全氮 TN	全磷 TP	全钾 TK	碱解氮 HN	有效磷 AP	速效钾 AK	土壤有机质 SOM	pH 值 pH value
子囊菌门 Ascomycota	-0.413*	-0.020	0.542**	-0.290	-0.379*	-0.546**	0.399*	-0.556**	0.241
担子菌门 Basidiomycota	0.406*	-0.346*	-0.370*	-0.125	0.096	0.523**	-0.189	0.416*	0.130
壶菌门 Chytridiomycota	-0.582**	-0.140	0.651**	-0.095	-0.560**	-0.271	0.598**	-0.646**	0.397*
球囊菌门 Glomeromycota	-0.326	0.120	0.308	-0.070	-0.249	0.011	0.242	-0.003	0.233
未分类真菌 Unclassified_fungi	-0.600**	0.048	0.650**	-0.142	-0.557**	-0.286	0.549**	-0.424**	0.436**
接合菌门 Zygomycota	-0.562**	-0.175	0.670**	-0.105	-0.654**	-0.409*	0.640**	-0.741**	0.481**
其他 Others	-0.034	0.780**	-0.205	0.368*	0.528**	-0.028	-0.407*	0.478**	-0.601**

单峰模式，这可能与 3 000 m 样地土壤有效磷（19.49 mg/kg）、速效钾（243.40 mg/kg）的高含量有关。

在分类学组成上，担子菌门（相对丰度 0.22 ～ 0.66）与子囊菌门（相对丰度 0.11 ～ 0.39）构成群落核心类群，这一结果与祁连山同类型森林的已有研究结果吻合 [15,18]。担子菌门菌丝体传播范围广、距离长，在凋落物层厚、木质纤维含量高的生境中占据绝对优势，其高效分解木质纤维的功能使其成为森林生态系统碳循环的关键驱动者 [19]。子囊菌门是真菌界中物种多样性最高的类群，以腐生营养型为主且环境适应性强 [20]，为祁连圆柏天然林的次优势真菌，其相对丰度在 3 000 m 处达峰值（0.39%）。结合样地调查数据推测，该分布模式可能与该海拔较高的土壤含水量及较薄的枯落物层有关。这与本研究 FUNGuild 功能预测中“腐生 - 共生型真菌为优势功能类群”的结果契合，进一步印证了担子菌门在林下有机碳周转过程中的核心地位。属水平分析表明，湿伞属和被孢霉属为不同海拔共有优势菌属，湿伞属在 2 800 m 相对丰度最高，被孢霉属在 3 000 m 相对丰度最高。被孢霉属作为典型的腐生真菌，具有溶解土壤难溶性磷、促进植物磷素吸收、参与物质分解及土壤养分转化的功能 [21-22]，可能对祁连山区的植被恢复产生积极影响。关于湿伞属的生态功能的现有研究存在争议，传统认知认为其多生于草地，属于腐生型真菌 [23-24]；但 Griffith 等 [25] 通过碳、氮同位素特征分析，提出其可能与苔藓或林下植物形成共生关系，属于活体营养型真菌。值得关注的是，本研究未明确界定湿伞属的具体营养类型，但群落整体“腐生 - 共生营养型占优”的功能格局，为解析该属的营养策略提供了关键线索，推测湿伞属在本研究区域可能并非单一营养型，兼具腐生营养利用与潜在共生关联的双重特性 [22]。后续可通过宏基因组功能注释、原位共生结构观察等手段进一步明确其营养类型与生态功能。

3.2 土壤真菌群落与环境因子的关联性分析

不同区域真菌群落的环境驱动因子存在显著差异，由海拔高度决定的土壤理化特性是影响土壤真菌分布的关键因素 [5]。植物多样性、pH 值、土壤有机质、海拔等是影响贺兰山东坡不同植被类型土壤真菌群落组成的主要因子 [26]；土壤 pH 值、植物丰富度、总碳含量是影响五台山亚高山土壤真菌群落结构的重要因素 [27]。本研究表明，祁连圆柏天然林土壤真菌多样性与海拔呈显著负相关，主要是海拔梯度变化导致温度、光照等因子改变，通过抑制微生物代谢与酶活性，减缓有机物矿化，降低土壤养分有效性，最终驱动真菌多样性和群落结构变化；土壤 pH 值、AP 与 TP 含量构成影响祁连山真菌群落结构的核心变量，其中磷素的驱动作用较大，这与前人的研究结果相似 [15,18]。磷是真菌核酸、质膜等结构的基本元素 [17]，其含量提升可显著促进真菌对碳源的吸收与转化效率，进而增加群落多样性 [28]。磷素成为祁连山祁连圆柏天然林土壤真菌群落的主要影响因子，推测可能与研究区域成土过程及植被特性有关，如高寒干旱环境下成土速率缓慢，土壤发育程度低，磷素的活化与积累过程受抑，且祁连圆柏为常绿针叶林，枯枝落叶分解缓慢，向土壤归还的磷素量少。土壤速效钾可被植物直接吸收利用，间接改善真菌生存的养分微环境 [29-30]；土壤 pH 值作为全球微生物多样性的最佳预测因子 [31]，尽管本研究中不同海拔样地 pH 值均偏碱性且差异较小，但仍对真菌丰富度指数（Chao1 和 ACE 指数）产生显著影响。土壤碱解氮与真菌多样性呈显著负相关，推测可能是氮素积累引发土壤 pH 值下降与微生物碳源流失，改变了土壤养分平衡 [32]，或过量氮素抑制了特定真菌类群活性 [33]。

真菌群落 β 多样性的海拔分异特征进一步印证了环境过滤的调控作用。主坐标分析（PCoA）

结果显示，中海拔（3 000 m 与 3 100 m）样地真菌群落结构与高海拔（3 200 m 与 3 400 m）、低海拔（2 600 m 与 2 800 m）样地存在显著分异；而高、低海拔内部群落相似性较高。这一分布格局的形成，可能是海拔驱动的生境异质性差异 [8]。海拔变化通过改变温度、降水等气候条件，调控土壤水分、养分有效性等微生境特征 [11,17]，而真菌对这些环境变化具有高度敏感性。本研究中，所有样地均为祁连圆柏纯林，植被同质化消除了植物群落差异对真菌群落的干扰，因此中海拔与高、低海拔样地间的生境异质性成为 β 多样性分异的主要原因；而高、低海拔组内部样地环境条件相对均一，最终形成了相似性较高的真菌群落结构。从功能类群分化来看，不同真菌门对环境因子的响应存在显著差异，担子菌门与 AP、SOM 及海拔呈显著正相关，子囊菌门、接合菌门和壶菌门则与 TP、AK 呈显著正相关；海拔仅与担子菌门正相关，而 pH 值除未分类菌门外均与其他菌门呈正相关效应。这一差异化响应模式清晰地反映了不同真菌类群的生态位分化策略——通过适配特定环境条件实现资源竞争与共存，最终维持群落结构稳定性，这也与高寒环境下微生物的适应性进化特征相符。

本研究对祁连山祁连圆柏天然林土壤真菌群落结构特征及影响因素开展了相关探索，但仍存在一定局限性。一是采样时间仅在 8 月，未覆盖春、秋、冬季节，难以完整揭示真菌群落的季节动态特征；二是样点数量有限（6 个样地），可能制约研究结论的空间普适性；三是未测定土壤温度和水分等关键物理因子，无法全面解析环境因子对真菌群落的综合调控网络。针对以上不足，未来可从以下三个方面开展研究：一是实施全年多季节连续定位采样，系统阐明真菌群落的季节演替规律及其驱动机制；二是拓展样点的空间覆盖范围，结合空间插值分析技术，提升研究结论的区域普适性与代表性；三是补充测定土壤温度、含水率等关键指标，整合高通量测序与微生物功能预测技术，深入解析磷素介导的真菌群落结构与功能调控的分子路径，揭示季节尺度下真菌群落与环境因子的耦合响应机制。

4　结　论

1）祁连圆柏天然林中，不同海拔土壤真菌多样性之间差异显著，随着海拔升高土壤真菌群落多样性整体上呈先增加后降低的变化趋势。

2）土壤真菌群落组成丰富，共分属 6 门、27 纲、81 目、170 科、295 属、355 种。群落组成以担子菌门、子囊菌门为优势类群，其中担子菌门相对丰度为 0.22 ～ 0.66，子囊菌门为 0.11 ～ 0.39。

3）环境因子中，土壤 AP、pH 值、TP 为驱动群落结构的核心变量，且真菌多样性与海拔、土壤 HN 含量呈负相关，与土壤 AK、SOM 含量呈正相关。本研究揭示了海拔梯度下土壤理化性质与真菌群落的互作机制，可为寒旱区森林生态系统功能维持提供微生物学依据。

参考文献：

[1] 马媛 , 田路露 , 吕杰 , 等 . 天山北坡雪岭云杉森林土壤微生物群落及影响因素研究 [J]. 生态环境学报 ,2024,33(1):1-11.
Ma Y, Tian L L, Lyu J, et al. Soil microbial communities and influencing factors of *Picea schrenkiana* forest on the northern slope of Tianshan mountains[J]. Ecology and Environmental Sciences,2024,33(1):1-11.

[2] 周甜 , 杜君 , 刘永志 , 等 . 落叶松林建群种差异对土壤真菌多样性的影响 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2023,43(12):153-164.
Zhou T, Du J, Liu Y Z, et al. Effects of constructive species difference on soil fungal diversity in *Larix gmelini* forests[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2023,43(12):153-164.

[3] 孟兆云 , 李敏 , 杨勋爵 , 等 . 青海云杉根围土壤真菌群落组成及对海拔变化的响应 [J]. 菌物学报 ,2023,42(7):1635-1650.
Meng Z Y, Li M, Yang X J, et al. Composition of fungal community in rhizosphere soil of *Picea crassifolia* and its response to altitude change[J]. Mycosystema,2023,42(7):1635-1650.

[4] Shen C C, Gunina A, Luo Y, et al. Contrasting patterns and drivers of soil bacterial and fungal diversity across a mountain gradient[J]. Environmental Microbiology,2020,22:3287-3301.

[5] 周煜杰 , 贾夏 , 赵永华 , 等 . 森林生态系统土壤真菌群落及其影响因素研究进展 [J]. 生态环境学报 ,2020,29(8):1703-1712.
Zhou Y J, Jia X, Zhao Y H, et al. A review on soil fungal community and its affecting factors in forest ecosystem[J]. Ecology and Environmental Sciences,2020,29(8):1703-1712.

[6] Ma L W, Liu L, Lu Y S, et al. When microclimates meet soil microbes: temperature controls soil microbial diversity along an elevational gradient in subtropical forests[J]. Soil Biology and Biochemistry,2022,166:108566.

[7] Fu F W, Li J R, Li S F, et al. Elevational distribution patterns and drivers of soil microbial diversity in the Sygera mountains, southeastern Xizang, China[J]. Catena,2023,221:106738.

[8] 李星冉 , 刘怡萱 , 董石 , 等 . 西藏勒布沟土壤微生物多样性和群落组成的海拔分布特征及其影响因素 [J]. 生态学报 , 2025,45(19):9465-9475.

Li X R, Liu Y X, Dong S, et al. Elevation distribution characteristics and influencing factors of soil microbial diversity and community composition in Lebu valley, Xizang[J]. Acta Ecologica Sinica,2025,45(19):9465-9475.

[9] Sheng Y Y, Cong W, Yang L S, et al. Forest soil fungal community elevational distribution pattern and their ecological assembly processes[J]. Frontiers in Microbiology,2019,10:2226.

[10] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, et al. Soil carbon content drives the biogeographical distribution of fungal communities in the black soil zone of northeast China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015,83:29-39.

[11] 何柳 , 曹敏敏 , 鲁建兵 , 等 . 浙江凤阳山不同海拔常绿阔叶林土壤微生物特征 [J]. 浙江农林大学学报 ,2022,39(6):1267-1277.

He L, Cao M M, Lu J B, et al. Soil microbial characteristics of evergreen broad-leaved forest at different altitudes in Fengyang mountain, Zhejiang Province[J]. Journal of Zhejiang A & F University, 2022,39(6):1267-1277.

[12] 朱庆征 , 冯志培 , 冯二朋 , 等 . 祁连山区不同海拔植被带土壤微生物磷脂脂肪酸分析 [J]. 中国水土保持科学 (中英文), 2023,21(6):32-42.

Zhu Q Z, Feng Z P, Feng E P, et al. Phospholipid fatty acid analysis of soil microorganisms in different vegetation zones along different altitudinal gradients in Qilian mountains[J]. Science of Soil and Water Conservation,2023,21(6):32-42.

[13] 刘贤德 , 王清忠 , 孟好军 . 祁连圆柏 [M]. 北京 : 中国科学技术出版社 ,2006:49-53.

Liu X D, Wang Q Z, Meng H J. The *Sabina przewalskii*[M]. Beijing: China Science and Technology Press,2006:49-53.

[14] 田晓萍 , 南忠仁 , 陈鹏 , 等 . 祁连山祁连圆柏种群结构及空间分布格局 [J]. 西北林学院学报 ,2023,38(3):18-23.

Tian X P, Nan Z R, Chen P, et al. Population structure and spatial distribution patterns of *Sabina przewalskii* seedlings in the Qilian mountains[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2023,38(3):18-23.

[15] 陈倩 . 祁连山国家公园植物和土壤微生物多样性及群落构建机制 [D]. 杨凌 : 西北农林科技大学 ,2023:21-29.

Chen Q. Diversity and community assembly mechanisms of plant and soil microbial in Qilian mountain national park[D]. Yangling: Northwest A & F University,2023:21-29.

[16] 鲍士旦 . 土壤农化分析 [M].3 版 . 北京 : 中国农业出版社 , 2000:25-114.

Bao S D. Soil agrochemical analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agricultural Press,2000:25-114.

[17] 林思诺 , 苏延桂 , 吕坤 , 等 . 尖峰岭热带森林土壤真菌群落的海拔变化格局及驱动因素 [J]. 应用生态学报 ,2023,34(2):349-358.

Lin S N, Su Y G, Lyu K, et al. Altitudinal pattern and driving factors of soil fungal community in the tropical forest of Jianfengling, Hainan, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2023,34(2):349-358.

[18] 吴昊坤 , 戢爽 , 邱巡巡 , 等 . 祁连山南坡不同海拔高度土壤真菌群落结构特征 [J]. 森林与环境学报 ,2024,44(6):571-580.

Wu H K, Ji S, Qiu X X, et al. Structural characteristics of soil fungal communities at different altitudes on the southern slope of the Qilian mountains[J]. Journal of Forest and Environment, 2024,44(6):571-580.

[19] Frey S D, Knorr M, Parrent J L, et al. Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests[J]. Forest Ecology and Management,2004,196(1):159-171.

[20] 孟兆云 , 李敏 , 杨勋爵 , 等 . 寒温带地区典型森林类型中外生菌根真菌多样性和群落组成及其影响因素 [J]. 生态学报 , 2023,43(1):38-47.

Meng Z Y, Li M, Yang X J, et al. Diversity, community composition and influencing factors of ectomycorrhizal fungi in typical forest types in cold temperate regions[J]. Acta Ecologica Sinica,2023,43(1):38-47.

[21] Zhang H S, Wu X H, Li G, et al. Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and phosphate-solubilizing fungus (*Mortierella* sp.) and their effects on *Kosteletzkya virginica* growth and enzyme activities of rhizosphere and bulk soils at different salinities[J]. Biology and Fertility of Soils,2011,47:543-554.

[22] 宁琪 , 陈林 , 李芳 , 等 . 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响 [J]. 土壤学报 ,2022,59(1):206-217.

Ning Q, Chen L, Li F, et al. Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil[J]. Acta Pedologica Sinica,2022,59(1):206-217.

[23] Horak E. Monograph of the New Zealand Hygrophoraceae (Agaricales)[J]. New Zealand Journal of Botany,1990,28(3):255-309.

[24] 张译丹 . 甘肃省蜡伞科真菌物种多样性研究 [D]. 兰州 : 西北师范大学 ,2023:21-55.

Zhang Y D. Species diversity of Hygrophoraceae in Gansu Province[D]. Lanzhou: Northwest Normal University,2023:21-55.

[25] Griffith G W, Easton G L, Jones A W. Ecology and diversity of waxcap (*Hygrocybe* spp.) fungi[J]. Botanical Journal of Scotland, 2002,54(1):7-22.

[26] 庞丹波 , 吴梦瑶 , 赵娅茹 , 等 . 贺兰山东坡不同海拔土壤微生物群落特征及其影响因素 [J]. 应用生态学报 ,2023,34(7):1957-1967.

Pang D B, Wu M Y, Zhao Y R, et al. Soil microbial community

characteristics and its influencing factors at different elevations on the eastern slope of Helan mountain, northwest China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology,2023,34(7):1957-1967.

[27] 罗正明 , 刘晋仙 , 暴家兵 , 等 . 五台山亚高山土壤真菌海拔分布格局与构建机制 [J]. 生态学报 ,2020,40(19):7009-7017.
Luo Z M, Liu J X, Bao J B, et al. Elevational distribution patterns and assembly mechanisms of soil fungal community in mount Wutai, Shanxi, China[J]. Acta Ecologica Sinica,2020,40(19):7009-7017.

[28] 唐宏亮 , 郭秋换 , 张春潮 , 等 . 磷供应对玉米根际微生物碳源利用和功能多样性的影响 [J]. 中国生态农业学报 ,2015,23(10):1312-1319.
Tang H L, Guo Q H, Zhang C C, et al. Effects of phosphorus supply on microbial carbon source utilization and functional diversity of maize rhizosphere[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2015,23(10):1312-1319.

[29] 张树萌 , 黄懿梅 , 倪银霞 , 等 . 宁南山区人工林草对土壤真菌群落的影响 [J]. 中国环境科学 ,2018,38(4):1449-1458.
Zhang S M, Huang Y M, Ni Y X, et al. Effects of artificial forest and grass on soil fungal community at southern Ningxia mountain[J]. China Environmental Science,2018,38(4):1449-1458.

[30] 张胜男 , 闫德仁 , 黄海广 , 等 . 不同林龄沙地樟子松人工林土壤微生物群落结构 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2023,43(1):123-131,143.
Zhang S N, Yan D R, Huang H G, et al. The soil microbial community structure in the *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantations of different ages[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2023,43(1):123-131,143.

[31] Lauber C L, Hamady M, Knight R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. Applied and Environmental Microbiology,2009,75(15):5111-5120.

[32] Mao Q G, Lu X K, Zhou K J, et al. Effects of long-term nitrogen and phosphorus additions on soil acidification in an N-rich tropical forest[J]. Geoderma,2017,285:57-63.

[33] Treseder K K. Nitrogen additions and microbial biomass: a meta-analysis of ecosystem studies[J]. Ecology Letters,2008,11(10):1111-1120.

[本文编校：吴　彬]

（上接第 155 页）

[38] Vitousek P M, Naylor R, Crews T, et al. Nutrient imbalances in agricultural development[J]. Science,2009,324:1519-1520.

[39] Hocking B, Tyerman S D, Burton R A, et al. Fruit calcium: transport and physiology[J]. Frontiers in Plant Science,2016,7:569.

[40] 宋梅玲 , 王玉岑 , 鲍根生 , 等 . 狼毒防除对高寒草地群落植物养分重吸收的影响 [J]. 草业学报 ,2020,29(10):47-57.
Song M L, Wang Y Q, Bao G S, et al. Effect of *Stellera chamaejasme* removal on the nutrient resorption of plants in an alpine grassland community[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2020,29(10):47-57.

[41] Cai Z Q, Bongers F. Contrasting nitrogen and phosphorus resorption efficiencies in trees and lianas from a tropical montane rain forest in Xishuangbanna, south-west China[J]. Journal of Tropical Ecology,2007,23:115-118.

[42] Killingbeck K T. Nutrients in senesced leaves: keys to the search for potential resorption and resorption proficiency[J]. Ecology,1996,77(6):1716-1727.

[43] Du E, Terrer C, Pellegrini A F A, et al. Global patterns of terrestrial nitrogen and phosphorus limitation[J]. Nature Geoscience, 2020,13:221-226.

[44] Koerselman W, Meuleman A. The vegetation N∶P ratio: a new tool to detect the nature of nutrient limitation[J]. Journal of Applied Ecology,1996, 33:1441-1450.

[45] 曾昭霞 , 王克林 , 刘孝利 , 等 . 桂西北喀斯特森林植物 - 凋落物 - 土壤生态化学计量特征 [J]. 植物生态学报 ,2015,39(7):682-693.
Zeng Z X, Wang K L, Liu X L, et al. Stoichiometric characteristics of plants, litter and soils in karst plant communities of northwest Guangxi[J]. Chinese Journal of Plant Ecology,2015,39(7):682-693.

[46] Li Q, Zhang M H, Geng Q H, et al. The roles of initial litter traits in regulating litter decomposition: a “common plot” experiment in a subtropical evergreen broadleaf forest[J]. Plant and Soil,2020,452:207-216.

[本文编校：吴　彬]