浙 江 农 林 大 学 学 报, 2026, **43**(3): 562−572 https://zlxb.zafu.edu.cn
Journal of Zhejiang A&F University DOI: 10.11833/j.issn.2095-0756.20250305

引用格式: 李富祺, 张健本, 韩俊学, 等. 广西雅长人工林与天然林土壤养分和微生物群落多样性对比研究[J]. 浙江农林大学学报, 2026, **43**(3): 562−572. LI Fuqi, ZHANG Jianben, HAN Junxue, *et al*. A comparative study of soil nutrients and microbial community diversity between artificial and natural forests in Yachang, Guangxi[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2026, **43**(3): 562−572.

广西雅长人工林与天然林土壤养分和微生物群落多样性对比研究

李富祺[1]，张健本[1]，韩俊学[2]，祝鑫宇[3]，池　婷[4]，李梦莉[1]，蒙凤群[1,5]

（1. 广西大学 林学院，广西 南宁 530004；2. 广西壮族自治区国有雅长林场，广西 百色 533209；3. 中国林业科学研究院 热带林业实验中心，广西 凭祥 532600；4. 南京环境科学研究所 生态环境部，江苏 南京 210046；5. 广西大学 林学院 广西森林生态与保育重点实验室，广西 南宁 530004）

摘要：【**目的**】通过与地带性天然公益林对比，探究马尾松 *Pinus massoniana* 和尾叶桉 *Eucalyptus urophylla* 人工生态公益林土壤微生物多样性状况。【**方法**】在广西雅长兰科 Orchadaceae 植物自然保护区，调查马尾松和尾叶桉人工林、喀斯特林和土山天然林的土壤细菌和真菌群落，分析植物群落和土壤因子对不同林型土壤微生物群落组成及多样性差异的影响机制。【**结果**】人工林土壤总碳、总氮、总磷、速效钾和速效钙质量分数均显著低于地带性天然林 ($P<0.05$)，速效镁质量分数无显著差异；人工林速效磷质量分数显著低于土山天然林而高于喀斯特林 ($P<0.05$)。马尾松人工林细菌的 Shannon-Wiener、Simpson 和均匀度指数显著高于喀斯特林 ($P<0.05$)，而与土山天然林无显著差异，物种丰富度指数无显著差异；尾叶桉人工林细菌的物种丰富度、Shannon-Wiener、Simpson 和均匀度指数与天然林均无显著差异。人工林真菌的物种丰富度指数显著低于天然林 ($P<0.05$)，Shannon-Wiener、Simpson 和均匀度指数与天然林无显著差异。细菌和真菌群落组成在不同林型间均存在极显著差异 ($P<0.001$)，且主要影响因素均为植物群落组成 (解释度分别为 33.4% 和 21.2%) 和土壤总氮质量分数 (解释度分别为 24.8% 和 7.8%)；细菌群落组成差异还受土壤 pH (解释度为 20.9%) 的影响，而真菌群落组成则受土壤温度 (解释度为 7.2%) 的影响。这导致人工林中固氮细菌 (如黄杆菌科 Xanthobacteraceae) 以及富营养型且喜碱细菌 (如变形菌门 Proteobacteria、放线菌门 Actinobacteria、拟杆菌门 Bacteroidetes) 的相对丰度减少，而寡营养型且喜酸细菌 (如酸杆菌门 Acidobacteria、绿弯菌门 Chloroflexi) 的相对丰度增加。松树共生真菌 (如被孢霉科 Mortierellaceae、蜡壳耳科 Sebacinaceae) 在马尾松林中增加，桉树共生真菌 (如船壳菌科 Gloniaceae) 在尾叶桉林中增加，而天然林优势种栎类共生真菌 (如红菇科 Russulaceae)、富营养型且喜冷真菌 (如层腹菌科 Hymenogastraceae) 在 2 种人工林中减少。细菌功能类群在不同林型间无显著差异，而真菌功能类群则存在显著差异 ($P<0.05$)。【**结论**】马尾松和尾叶桉人工生态公益林仍面临植物群落单一和土壤养分下降的问题，导致土壤真菌多样性显著降低且功能类群发生了显著变化，但细菌多样性和功能类群均未受到明显影响。图 2 表 4 参 41

关键词：生态公益林；人工林；马尾松；尾叶桉；细菌；真菌；生物多样性

中图分类号：S714　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**2095-0756(2026)03-0562-11

A comparative study of soil nutrients and microbial community diversity between artificial and natural forests in Yachang, Guangxi

LI Fuqi[1], ZHANG Jianben[1], HAN Junxue[2], ZHU Xinyu[3], CHI Ting[4], LI Mengli[1], MENG Fengqun[1,5]

(1. College of Forestry, Guangxi University, Nanning 530004, Guangxi, China; 2. Guangxi Yachang Forest Farm, Baise 533209, Guangxi, China; 3. Experimental Centre of Tropical Forest, Chinese Academy of Forestry, Pingxiang 532600, Guangxi, China; 4. Ministry of Ecology and Environment, Nanjing Institute of Environmental Sciences, Nanjing

收稿日期：2025-05-24；修回日期：2025-10-21

基金项目：广西自然科学基金资助项目 (2023GXNSFBA026213)；国家自然科学基金资助项目 (32201431)

作者简介：李富祺 (ORCID: 0009-0008-7417-961X)，从事森林保护研究。E-mail: 18978544644@163.com。通信作者：蒙凤群 (ORCID: 0000-0002-7337-5327)，讲师，博士，从事森林保护研究。E-mail: fengqunmeng@gxu.edu.cn

210046, Jiangsu, China; 5. Guangxi Key Laboratory of Forest Ecology and Conservation, College of Forestry, Guangxi University, Nanning 530004, Guangxi, China）

Abstract:［**Objective**］This study aims to explore soil microbial diversity in artificial ecological pubic welfare forests of *Pinus massoniana* and *Eucalyptus urophylla* by comparing them with zonal natural public welfare forests.［**Method**］Soil bacterial and fungal communities were investigated in 2 artificial public welfare forests, and 2 natural pubic welfare forests (karst, and non-karst natural forests) in Yachang Orchid Natural Reserve, Guangxi. The influence mechanism of plant communities and soil factors on the composition and diversity of soil microbial communities across different forest types were analyzed.［**Result**］The contents of total carbon, total nitrogen, total phosphorus, available potassium, and available calcium in the soil of artificial forests were significantly lower than those in zonal natural forests ($P<0.05$), while there was no significant difference in available magnesium. The available phosphorus in artificial forests was significantly lower than that in non-karst natural forests and higher than that in karst forests ($P<0.05$). The Shannon-Wiener, Simpson, and evenness indices of bacteria in *P. massoniana* forests were significantly higher than those in karst forests ($P<0.05$), but there was no significant difference in non-karst natural forests. There was no significant difference in species richness index between *P. massoniana* forests and zonal natural forests. The species richness, Shannon-Wiener, Simpson, and evenness indices of bacteria in *E. urophylla* forests were not significantly different from those in zonal natural forests. The species richness index of fungi in artificial forests was significantly lower than that in zonal natural forests ($P<0.05$), while no significant differences were found in the Shannon-Wiener, Simpson, and evenness indices. There were significant differences in the composition of bacterial and fungal communities among different forest types ($P<0.001$), and the main influencing factors were plant community composition (explaining 33.4% and 21.2% of the variation, respectively) and soil total nitrogen content (explaining 24.8% and 7.8% of the variation, respectively). The difference in bacterial community composition was also influenced by soil pH (explaining 20.9% of the variation), while the fungal community composition was influenced by soil temperature (explaining 7.2% of the variation). This resulted in a significant decline in the relative abundance of nitrogen-fixing bacteria (such as Xanthobacteraceae) and copiotrophic and alkaliphilic bacteria (such as Proteobacteria, Actinobacteria and Bacteroidetes) in artificial forests, while the relative abundance of oligotrophic and acidophilic bacteria (such as Acidobacteria and Chloroflexi) increased. There was a significant increase in pine-associated symbiotic fungi (such as Mortierellaceae and Sebacinaceae) in *P. massoniana* forests, and eucalyptus-associated symbiotic fungi (such as Gloniaceae) in *E. urophylla* forests. In contrast, the symbiotic fungi (such as Russulaceae) of oak trees (the dominant species in natural forests) and copiotrophic, cold-adapted fungi (such as Hymenogastraceae) decreased in both artificial forests. There was no significant difference in bacterial functional groups among different forest types, while there were significant differences in fungal functional groups.［**Conclusion**］The artificial public welfare forests of *P. massoniana* and *E. urophylla* still face the problems of a monotonous plant community and declining soil nutrients, resulting in a significant reduction in fungal diversity and significant changes in functional groups, but bacterial diversity and functional groups have not been significantly affected. [Ch, 2 fig. 4 tab. 41 ref.]

Key words: ecological public welfare forest; artificial forest; *Pinus massoniana*; *Eucalyptus urophylla*; bacterium; fungus; biodiversity

生态公益林在水土保持、涵养水源、碳汇和生物多样性保护等方面具有重要作用。截至 2018 年，中国人工生态公益林面积已达 2 649 万 hm^2，其中南方林区的人工生态公益林占比约 1/3[1]。马尾松 *Pinus* *massoniana* 和桉树 *Eucalyptus* spp.是中国南方地区主要的速生丰产造林树种。截至 2018 年，马尾松和桉树人工林面积分别为 252 万 hm^2 和 547 万 hm^2，分别占全国森林面积的 1.15% 和 2.49%[1]。随着林业战略转变，部分近熟马尾松和桉树人工林由用材林转为生态公益林，营林方式也从短轮伐、多代连栽转为封山育林。然而，用材林的不当经营导致了病虫害暴发、生物多样性丧失及土壤退化等问题[2−4]。因此，人工生态公益林在转为封山育林后生态功能的恢复与提升，成为亟待解决的问题。目前，关于马尾松和桉树人工公益林生态功能的研究主要集中在碳汇、土壤养分、水源涵养和动植物多样性等方面[5−7]。土壤微生物作为连接地上与地下生态过程的桥梁，在维持生物地球化学循环、森林生物多样性以及生态系统功能中发挥着至关重要的作用[8]。同时，土壤微生物对环境变化反应敏感，是评估土壤质量和生态系统功能的重要指标[9]。然而，关于马尾松和桉树人工生态公益林土壤微生物多样性的研究尚未见报道，现有研究主要关注人工用材林的土壤微生物多样性，尤其是不同营林措施的影响[10−11]。部分研究通过对比桉树用材林与天然林的土壤微生物多样性评估人工林的多样性，但结论不一[12−13]，而针对马尾松人工林与天然林土壤微生物多样性的对比研究仍较为匮乏。

为探讨马尾松和桉树人工生态公益林土壤细菌与真菌多样性及其影响因素，本研究以广西雅长兰科植物国家级自然保护区的 2 种地带性天然林 (包括喀斯特林、土山天然林，均为公益林) 和 2 种人工生态公益林 (包括马尾松、尾叶桉 *E. urophylla* 人工林) 为研究对象，比较天然林与人工林的土壤微生物多样性，评估人工林的土壤细菌和真菌多样性状况，并结合植物群落和土壤理化性质，分析微生物群落组成与多样性差异的影响机制，为人工生态公益林的科学经营及生物多样性保护提供依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于广西雅长兰科植物国家级自然保护区 (24°44′16″~24°53′58″N，106°11′31″~106°27′04″E)，属南亚热带季风气候，年平均气温为 16.8 ℃，年平均降水量为 1 058.0 mm。研究区位于云贵高原东南边缘，喀斯特与非喀斯特地貌交织。非喀斯特地貌以褐红土、红壤和黄壤为主，喀斯特地貌则以石灰土为主。研究区的天然林主要为由细叶云南松 *Pinus yunnanensis* var. *tenuifolia* 原始林被严重破坏后自我恢复形成的天然次生林[14]。

1.2 样地设置及植物群落调查

2022 年 7—9 月，在保护区内设置喀斯特林 (38 a) 和土山天然林 (40 a) 样地，保护区外围设置马尾松人工林 (20 年生) 和尾叶桉人工林 (14 年生) 样地。每个林型内设置 5 个 20 m × 20 m 的样方，样方间距至少 500 m，每个样方进一步划分为 4 个 10 m × 10 m 的小样方。记录每个小样方内所有木本植物的物种名称及胸径或基径。喀斯特林以壳斗科 Fagaceae、金缕梅科 Hamamelidaceae、鼠李科 Rhamnaceae、豆科 Fabaceae 植物种为主 (占比＞5%)，其中以滇青冈 *Cyclobalanopsis glaucoides*、水锦树 *Wendlandia uvariifolia* 为优势种。土山天然林以壳斗科、大戟科 Euphorbiaceae、楝科 Meliaceae、漆树科 Anacardiaceae、桑科 Moraceae、豆科植物为主，其中以栓皮栎 *Quercus variabilis*、白栎 *Quercus fabri* 为优势种。马尾松林以松科 Pinaceae、楝科、报春花科 Primulaceae、大麻科 Cannabaceae 为主，其中以马尾松为优势种。尾叶桉林以桃金娘科 Myrtaceae、叶下珠科 Phyllanthaceae、大戟科、夹竹桃科 Apocynaceae 植物为主，其中以尾叶桉为优势种。

1.3 土壤样品采集与处理

在 4 个小样方中随机选择 3 个小样方，每个小样方设 4 个土壤采样点，采用环刀法采集表层 (0~10 cm) 土壤，并测定土壤温度、含水率和 pH。将同一小样方内 4 个采样点的土壤混合成 1 个样本。最终，每个林型采集 15 个土壤样本，4 个林型共采集 60 个样本，每个样本分别测定土壤养分和微生物群落。具体地，每个土样分成 2 份：一份风干用于测定土壤养分，另一份于−80 ℃ 冰箱保存，用于提取土壤 DNA。土壤养分测定方法均参考《土壤农化分析》[15]。对每个土壤因子进行数据标准化，使每个因子均值为 0，方差为 1，用于后续分析。

使用 MagaBio Soil/Feces Genomic DNA 提取试剂盒 (Bioer，杭州) 提取 DNA，并送至广东美格基因科技有限公司，在 Illumina Novaseq 6000 平台进行 2×250 bp 双端测序。细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区采

用 338F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3′) 和 806R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′) 引物扩增；真菌 ITS2 区采用 ITS3F(5′-GCATCGATGAAGAACGCAGC-3′) 和 ITS4R(5′-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3′) 引物扩增。测序数据通过 QIIME2 平台处理，按 97% 相似度聚类操作分类单元 (OTU)，并与 SILVA(细菌) 和 UNITE(真菌) 数据库比对进行物种分类。采用 PICRUSt2 软件基于 KEGG 数据库对细菌进行功能预测，使用 R 语言 FUNGuildR 包基于 FUNGuild 数据库对真菌进行功能类群注释。为排除丰度或采样强度的影响，每个细菌和真菌样本分别稀释至 38 868 条和 22 153 条序列。

1.4　数据分析

计算每个样本土壤细菌和真菌的物种丰富度指数、Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数、均匀度指数，计算公式均参考文献 [16]。对每个样本，计算各 OTU (科或门) 的相对丰度，即各 OTU (科或门) 的序列数占该样本总序列数的百分比。

通过单因素方差分析比较不同林型之间土壤微生物多样性、优势类群、功能类群和土壤理化性质的差异。使用基于 Bray-Curtis 距离的置换多元方差分析 (PERMANOVA) 和非度量多维尺度分析 (NMDS) 方法，分析土壤微生物群落组成的差异。通过指示物种分析确定各林型的指示 OTU。使用 Mantel 检验分析微生物群落与植物群落组成 (基于物种丰度)、土壤因子之间的相关性；同时，基于土壤微生物群落组成的 Bray-Curtis 距离和各土壤因子的欧氏距离、植物群落组成的 Bray-Curtis 距离，使用逐步线性回归模型解析各土壤因子、植物群落组成对微生物群落组成差异的解释度[17]。所有分析在 R 软件中进行，PERMANOVA 分析使用 vegan 包的 adonis2 函数，Bray-Curtis 距离和欧氏距离由 vegdist 函数计算；Mantel 检验使用 vegan 包的 mantel 函数；影响因素的解释度通过 relimpo 包的 calc.relimp 函数确定；指示物种分析采用 labdsv 包中的 indval 函数。图表数据以平均值±标准误表示。

2　结果与分析

2.1　不同林型土壤理化性质差异

表 1 显示：除速效镁外，各土壤理化因子在不同林型间均存在显著差异。喀斯特林的总碳和总氮质量分数最高，土山天然林次之，人工林最低。天然林的总磷质量分数均显著高于人工林 (P<0.05)。速效磷质量分数在土山天然林和尾叶桉林中较高，马尾松林次之，喀斯特林最低。土山天然林的速效钾质量分数最高，喀斯特林速效钾质量分数显著高于尾叶桉林 (P<0.05)，而与马尾松林无显著差异。喀斯特林的速效钙质量分数显著高于其他林型 (P<0.05)，土山天然林显著高于尾叶桉林 (P<0.05)，而与马尾松林无显著差异。喀斯特林的 pH 显著高于而温度显著低于其他林型 (P<0.05)，其余三者间无显著差异。尾叶桉林的含水率显著低于其他林型 (P<0.05)，其余三者间无显著差异。综上，除速效磷外，人工林的土壤养分水平低于天然林或与天然林相当。

表 1　不同林型土壤理化性质

Table 1　Soil physical and chemical properties in different forest types

林型	总碳/(g·kg^{-1})	总氮/(g·kg^{-1})	总磷/(g·kg^{-1})	速效磷/(mg·kg^{-1})	速效钾/(mg·kg^{-1})
喀斯特林	58.38±2.20 a	4.53±0.17 a	0.77±0.08 a	0.90±0.12 c	90.11±10.67 b
土山天然林	28.73±3.62 b	2.71±0.32 b	0.71±0.04 a	5.45±0.63 a	174.85±12.17 a
马尾松人工林	19.17±1.21 c	1.51±0.08 c	0.51±0.03 b	2.58±0.29 b	77.15±5.30 bc
尾叶桉人工林	14.06±1.39 c	1.03±0.10 d	0.45±0.04 b	3.68±1.19 a	60.54±2.52 c

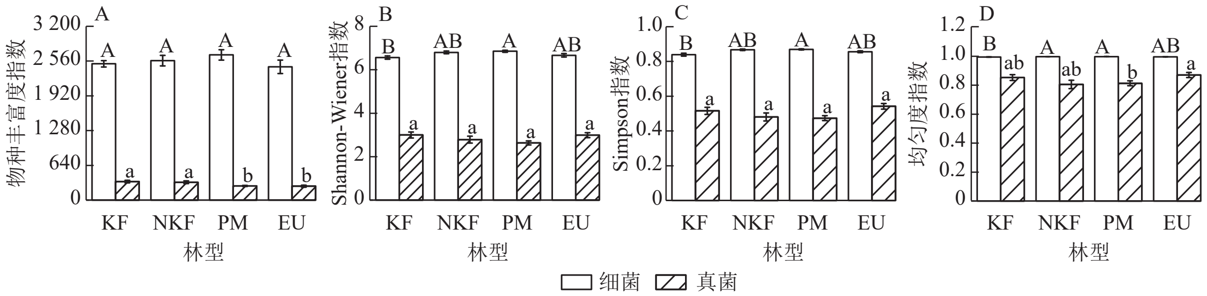
林型	速效钙/(mg·kg^{-1})	速效镁/(mg·kg^{-1})	pH	温度/℃	含水率/%
喀斯特林	6 394.51±260.01 a	437.57±26.29 a	6.25±0.14 a	23.34±0.16 b	13.12±0.77 a
土山天然林	942.85±176.42 b	422.35±20.07 a	5.01±0.04 b	25.92±0.27 a	12.40±0.85 a
马尾松人工林	631.85±54.39 bc	360.43±22.45 a	5.15±0.06 b	26.45±0.06 a	14.36±0.46 a
尾叶桉人工林	484.56±57.32 c	371.09±16.05 a	4.94±0.03 b	26.42±0.07 a	9.38±0.25 b

说明：同列不同小写字母表示不同林型间差异显著 (P<0.05)。

2.2　不同林型土壤细菌多样性和群落组成差异及其影响因素

土壤细菌的物种丰富度指数在不同林型间无显著差异 (图 1A)。马尾松林的 Shannon-Wiener 和

Simpson 指数显著高于喀斯特林 (P＜0.05)，但其余三者间无显著差异 (图 1B、图 1C)。马尾松林和土山天然林的均匀度指数显著高于喀斯特林 (P＜0.05)，但与尾叶桉林无显著差异，土山天然林、马尾松林、尾叶桉林间无显著差异 (图 1D)。PERMANOVA 和 NMDS 分析表明：不同林型的细菌群落组成存在显著差异 (F=12.23，R^2=0.40，P＜0.001，图 2)，任意 2 种林型之间的细菌群落组成均显著不同。



KF. 喀斯特林；NKF.土山天然林；PM.马尾松人工林；EU.尾叶桉人工林。不同大小写字母表示细菌和真菌多样性指数在不同林型间差异显著(P＜0.05)。

图 1　不同林型土壤细菌和真菌多样性指数

Figure 1　Diversity indices of soil bacteria and fungi in different forest types

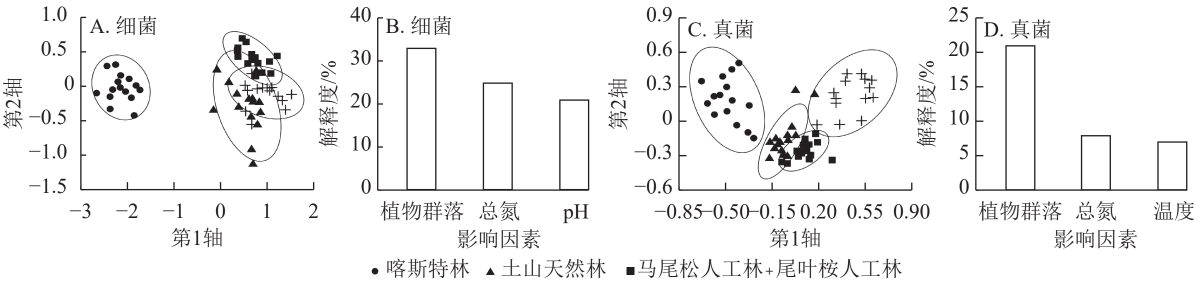


图 2　不同林型土壤细菌和真菌群落组成的 NMDS 分析及其组成差异的影响因素

Figure 2　NMDS analysis of soil bacterial and fungal community composition across different forest types and the influencing factors of their compositional differences

在门水平上，尽管 4 种林型的细菌优势类群基本相同，但相对丰度在不同林型间存在显著差异 (表 2)。主要优势类群酸杆菌门 Acidobacteria 相对丰度在马尾松林中显著高于喀斯特林 (P＜0.05)，但与土山天然林和尾叶桉林无显著差异，其余三者间也无显著差异。变形菌门 Proteobacteria 相对丰度在人工林中显著低于天然林 (P＜0.05)。绿弯菌门 Chloroflexi 相对丰度在尾叶桉林中最高，马尾松林次之，天然林最低。放线菌门 Actinobacteria 相对丰度在喀斯特林和尾叶桉林中显著高于土山天然林和马尾松林

表 2　门水平上不同林型土壤细菌和真菌群落的主要类群 (相对丰度＞5%) 及其相对丰度

Table 2　Major groups (relative abundance ＞5%) of soil bacterial and fungal communities at the phylum level in different forest types and their relative abundances

类群	门	相对丰度/%			
		喀斯特林	土山天然林	马尾松人工林	尾叶桉人工林
细菌	酸杆菌门Acidobacteria	29.23±1.60 b	34.99±3.30 ab	40.15±3.02 a	36.13±0.98 ab
	变形菌门Proteobacteria	26.91±1.32 a	27.19±2.01 a	21.44±1.44 b	22.32±1.17 b
	疣微菌门Verrucomicrobia	14.10±2.08 a	13.15±1.21 a	12.90±0.98 a	12.32±1.65 a
	绿弯菌门Chloroflexi	5.45±0.42 c	5.58±0.36 c	8.52±0.58 b	11.13±0.67 a
	放线菌门Actinobacteria	9.58±0.49 a	5.45±0.51 b	6.13±0.59 b	8.08±0.96 a
	拟杆菌门Bacteroidetes	9.45±1.04 a	6.07±1.04 b	3.77±0.69 c	2.65±0.24 c
真菌	担子菌门Basidiomycota	49.95±6.46 a	48.79±8.99 a	53.37±3.53 a	48.79±8.99 a
	被孢霉门Mortierellomycota	33.84±7.45 a	32.03±7.38 a	27.96±35.01 a	7.35±4.22 b
	子囊菌门Ascomycota	12.70±2.53 b	16.35±1.61 b	15.99±2.44 b	41.50±6.22 a

说明：不同小写字母表示相同真菌门和相同细菌门不同林型间差异显著 (P＜0.05)。

(P＜0.05)，但喀斯特林与尾叶桉林、土山天然林与马尾松林之间无显著差异。拟杆菌门 Bacteroidetes 相对丰度在喀斯特林中最高，土山天然林次之，人工林最低。疣微菌门 Verrucomicrobia 相对丰度在 4 种林型间无显著差异。

在科水平上，不同林型的细菌优势科存在差异 (表 3)。尾叶桉林和喀斯特林各自具有特有的优势科，而马尾松林和土山天然林则无特有优势科。其中，纤线杆菌科 Ktedonobacteraceae 为尾叶桉林的特有优势科，尾叶桉林的相对丰度最高，土山天然林和马尾松林次之，喀斯特林最低。梭菌科 Pyrinomonadaceae 和噬几丁质菌科 Chitinophagaceae 是喀斯特林的特有优势科，喀斯特林中梭菌科相对丰度显著高于其他林型 (P＜0.05)，而其他林型间无显著差异。噬几丁质菌科相对丰度在喀斯特林中最高，土山天然林次之，人工林最低。大部分优势科为 4 种林型共有，除西索恩氏菌科 Chthoniobacteraceae 外，这些优势科的相对丰度在不同林型间均存在显著差异。其中，索力氏菌科 Solibacteraceae 在土山天然林和尾叶桉林中显著高于喀斯特林和马尾松林 (P＜0.05)。未知科 2(酸杆菌门) 在马尾松林中显著高于其他林型 (P＜0.05)。黄杆菌科 Xanthobacteraceae 在人工林中显著低于天然林 (P＜0.05)。未知科 1(酸杆菌门) 在喀斯特林中显著低于其他林型 (P＜0.05)，而其他林型间无显著差异。

表 3　科水平上不同林型土壤细菌和真菌群落的主要类群 (相对丰度＞5%) 及其相对丰度

Table 3　Major groups (relative abundance＞5%) of soil bacterial and fungal communities at the family level in different forest types and their relative abundances

类群	门	科	相对丰度/%			
			喀斯特林	土山天然林	马尾松人工林	尾叶桉人工林
细菌	酸杆菌门Acidobacteria	未知科1	1.51±0.37 b	10.70±1.77 a	11.90±1.50 a	13.14±1.13 a
		索力氏菌科Solibacteraceae	5.12±0.23 b	6.90±0.80 a	5.28±0.25 b	6.48±0.38 a
		未知科2	6.33±1.35 b	6.2±1.21 b	10.04±0.86 a	6.06±0.54 b
		梭菌科Pyrinomonadaceae	8.83±0.78 a	0.60±0.13 b	0.51±0.15 b	0.40±0.18 b
	变形菌门Proteobacteria	黄杆菌科Xanthobacteraceae	10.08±0.44 a	11.15±0.65 a	7.45±0.77 b	7.60±0.50 b
	疣微菌门Verrucomicrobia	西索恩氏菌科Chthoniobacteraceae	9.39±2.15 a	9.20±1.33 a	8.14±0.93 a	8.83±1.54 a
	绿弯菌门Chloroflexi	纤线杆菌科Ktedonobacteraceae	0.37±0.18 c	3.28±0.66 b	3.47±0.86 b	8.12±0.85 a
	拟杆菌门Bacteroidetes	噬几丁质菌科Chitinophagaceae	6.09±0.43 a	3.80±0.66 b	2.02±0.41 c	1.44±0.23 c
真菌	被孢霉门Mortierellomycota	被孢霉科Mortierellaceae	33.81±7.48 a	32.03±7.38 a	27.95±5.01 a	7.35±4.22 b
	担子菌门Basidiomycota	红菇科Russulaceae	13.28±3.55 ab	27.42±8.69 a	5.96±3.45 b	9.31±4.29 b
		蜡壳耳科Sebacinaceae	7.72±3.97 b	2.19±0.61 b	30.82±5.94 a	11.16±1.93b
		革菌科Thelephoraceae	3.31±1.06 ab	3.78±1.44 ab	0.18±0.03 b	8.05±2.67 a
		鹅膏菌科Amanitaceae	6.01±3.32 a	1.39±0.65 a	1.73±0.74 a	0.80±0.56 a
		层腹菌科Hymenogastraceae	6.25±2.48 a	0.10±0.05 b	0.00±0.00 b	0.04±0.01 b
	子囊菌门Ascomycota	船壳菌科Gloniaceae	0.07±0.03 b	1.21±0.74 b	5.19±2.61 b	24.58±5.71 a

说明：不同小写字母表示相同真菌科、细菌科不同林型间差异显著 (P＜0.05)。

指示物种分析发现：喀斯特林细菌的指示 OTU 有 314 个 (https://zlxb.zafu.edu.cn/fileZJNLDXXB/journal/article/file/d5ea9075-6056-4245-a017-66c5a061609c.pdf)，集中 (占比＞5%) 分布于梭菌科、西索恩氏菌科、噬几丁质菌科、黄杆菌科和索力氏菌科，占比为 5.4%~10.2%。土山天然林有指示 OTU 12 个，分布较为零散。马尾松林有 82 个，集中于未知科 2、土圈菌科 Pedosphaeraceae、未知科 1、索力氏菌科和未知科 3(变形菌门)，占比为 6.1%~15.9%。尾叶桉林有 75 个，集中于纤线杆菌科、索力氏菌科、未知科 1、分枝杆菌科 Mycobacteriaceae 和西索恩氏菌科，占比为 5.3%~26.7%。这些指示 OTU，除 2 个 OTU 的相对丰度为 1.10% 外，其余均＜1.00%。

Mantel 检验显示：不同林型细菌群落组成与植物群落组成 (r=0.76，P＜0.001)、土壤因子 (r=0.81，P＜0.001) 均呈极显著相关。逐步回归分析显示：不同林型细菌群落组成的差异主要受植物群落组成、土壤总氮质量分数和 pH 异质性的影响，解释度分别为 33.4%、24.8% 和 20.9%，合计解释了群落组成

79.1% 的异质性 (图 2B)。

2.3 不同林型土壤真菌多样性和群落组成差异及其影响因素

土壤真菌物种丰富度指数在人工林中显著低于天然林 (P<0.05)，但在天然林之间、人工林之间无显著差异 (图 1A)。Shannon-Wiener 和 Simpson 指数在不同林型间无显著差异 (图 1B、C)。马尾松林的均匀度指数显著低于尾叶桉林 (P<0.05)，但与 2 种天然林无显著差异，其余三者间亦无显著差异 (图 1D)。PERMANOVA 和 NMDS 分析显示：不同林型的真菌群落组成存在显著差异 (F=7.33，R^2=0.29，P<0.001，图 2C)，任意 2 种林型间的群落组成均显著不同。

在门水平上，4 种林型真菌的优势类群相同 (表 2)。尾叶桉林中被孢霉门相对丰度显著低于其他林型 (P<0.05)，而子囊菌门则显著高于其他林型 (P<0.05)，其他林型间无显著差异。在科水平上，不同林型的优势科不完全一致 (表 3)。尾叶桉林和喀斯特林各有特有优势科，而马尾松林和土山天然林无特有优势科。革菌科为尾叶桉林特有优势科，其相对丰度显著高于马尾松林 (P<0.05)，但与 2 种天然林无显著差异。鹅膏菌科和层腹菌科为喀斯特林特有优势科，其中鹅膏菌科相对丰度在不同林型间无显著差异，层腹菌科相对丰度在喀斯特林中显著高于其他林型 (P<0.05)，其余三者间无显著差异。但大多数优势科为多个林型共有，这些科的相对丰度在不同林型之间存在显著差异。其中，被孢霉科相对丰度在尾叶桉林中显著低于其他林型 (P<0.05)，而船壳菌科相对丰度则显著高于其他林型 (P<0.05)，其他林型间无显著差异。红菇科相对丰度在土山天然林中显著高于人工林 (P<0.05)，而与喀斯特林无显著差异，其余三者间无显著差异。蜡壳耳科相对丰度在马尾松林中显著高于其他林型 (P<0.05)，其他林型间无显著差异。

指示物种分析显示：喀斯特林真菌指示 OTU 有 24 个 (相对丰度为 0.02%~9.30%)，集中分布在被孢霉科 (占 33.3%) 和链格孢科 Herpotrichiellaceae (占 8.3%)。土山天然林有 19 个 (相对丰度为 0.03%~3.60%)，集中在红菇科 (占 15.8%)。马尾松林有 25 个 (相对丰度为 0.01%~26.90%)，集中在被孢霉科、蜡壳耳科、丝盖伞科 Inocybaceae 和红菇科，占比为 8.0%~16.0%。尾叶桉林有 19 个 (相对丰度为 0.03%~9.20%)，集中在船壳菌科 (占 31.6%) 和口蘑科 Tricholomataceae (占 10.5%)。

Mantel 检验显示：不同林型真菌群落组成与植物群落组成 (r=0.56，P<0.001)、土壤因子 (r=0.41，P<0.001) 均极显著相关。逐步回归分析显示：植物群落组成的差异是导致不同林型真菌群落组成差异的主要因素，单独解释了 21.2% 的异质性，其次为土壤总氮质量分数 (7.8%) 和温度 (7.2%) 的差异，三者合计解释了 36.2% 的异质性 (图 2D)。

2.4 不同林型土壤细菌和真菌群落功能类群的差异

细菌获得了 6 类生物代谢通路功能类群 (表 4)。结果显示：各林型均以代谢功能类群 (包括碳水化合物代谢、氨基酸代谢、萜类与酮类化合物代谢、脂质代谢等) 占绝对优势，其次为遗传信息处理，其他功能类群所占比例较低。尽管部分功能类群在不同林型之间存在统计学差异，但占比差异较小 (<2%)。总体而言，不同细菌功能类群在各林型之间的差异不显著。

真菌确定了 7 种真菌营养类型 (表 4)。结果显示：各林型以共生型真菌和腐生-共生型真菌为优势，且不同林型相对丰度之间存在显著差异。其他营养类型相对丰度在不同林型中的比例较低，且无显著差异。其中，共生型真菌相对丰度在尾叶桉林中最高，且在马尾松林中显著高于喀斯特林 (P<0.05)，而与土山天然林无显著差异，2 种天然林间无显著差异。腐生-共生型相对丰度在尾叶桉林中显著低于 2 种天然林 (P<0.05)，而与马尾松林无显著差异，其余三者间无显著差异。

3 讨论

为精准评估人工生态公益林土壤微生物多样性，本研究选取 2 种典型地带性天然林作为参照：一是代表稳定成熟生态系统的土山天然林，二是生态系统相对脆弱的喀斯特天然林 (其土壤结构断裂、土层浅薄且肥力低)[18]。对比研究发现：马尾松和尾叶桉人工生态公益林的土壤肥力呈下降趋势。马尾松人工生态公益林的土壤细菌多样性显著高于喀斯特林，而与土山天然林无显著差异；尾叶桉人工生态公益林的细菌多样性与 2 种地带性天然林均无显著差异。2 种人工生态公益林的土壤真菌多样性显著低于天然林。此外，土壤细菌群落组成在不同林型间存在显著差异，而功能类群在各林型间无显著差异；真菌

表 4　不同林型土壤细菌和真菌功能类群及其相对丰度

Table 4　Functional groups of soil bacterial and fungal communities in different forest types and their relative abundances

类群	功能类群	相对丰度/%			
		喀斯特林	土山天然林	马尾松人工林	尾叶桉人工林
细菌	代谢	82.47±0.12 a	81.76±0.14 b	81.17±0.20 b	81.45±0.15 b
	遗传信息处理	11.09±0.15 b	11.23±0.14 b	11.85±0.14 a	11.55±0.09 ab
	细胞过程	3.98±0.12 b	4.55±0.16 a	4.71±0.14 a	4.64±0.13 a
	环境信息处理	1.93±0.03 a	1.91±0.02 a	1.86±0.01 a	1.91±0.02 a
	人类疾病	0.25±0.02 a	0.21±0.04 a	0.14±0.03 a	0.18±0.03 a
	有机系统	0.26±0.01 a	0.31±0.07 a	0.27±0.01 a	0.26±0.01 a
真菌	共生型	24.07±4.20 c	39.59±5.85 bc	44.03±5.00 b	64.06±4.83 a
	腐生-共生型	31.69±4.81 a	34.38±5.14 a	20.32±2.76 ab	8.43±3.92 b
	病理-腐生-共生型	2.68±1.02 a	1.24±0.27 a	1.48±0.20 a	4.74±3.08 a
	腐生型	2.09±0.48 a	4.57±1.00 a	4.74±1.51 a	3.42±0.52 a
	病理-腐生型	2.32±0.38 a	2.55±0.44 a	2.58±0.75 a	1.69±0.37 a
	病理-共生型	0.13±0.05 a	2.39±2.20 a	0.13±0.08 a	0.13±0.04 a
	病理型	0.61±0.20 a	1.44±0.87 a	0.50±0.10 a	0.14±0.02 a

说明：不同小写字母表示相同功能类群不同林型间差异显著(P<0.05)。

群落组成和功能类群在不同林型间均存在显著差异。

本研究表明：植物群落组成是影响细菌群落组成差异的主要因素，与此前研究一致[19−20]。本研究发现豆科植物在喀斯特林 (占比 6.8%) 和土山天然林 (5.4%) 中的比例较马尾松 (2.8%)、尾叶桉 (3.3%) 人工林高，这可能导致固氮菌 (如黄杆菌科) 在天然林中较为丰富。土壤 pH 和总氮质量分数也影响细菌群落的组成，与已有研究一致[21−23]。喜碱型、富营养型菌群 (如变形菌门、放线菌门、拟杆菌门[21−22, 24−25]) 在偏碱性喀斯特林、含氮量较高的土山天然林中更为丰富；而喜酸型、寡营养型菌群 (如酸杆菌门、绿弯菌门[21−22, 24−25])，在偏酸性、含氮量较低的人工林中更为丰富。在科水平上，本研究发现：梭菌科、黄杆菌科和噬几丁质菌科的相对丰度与土壤 pH、总氮均显著正相关，表现为喜碱、富营养型，在天然林中显著增加。相反，未知科 1、索力氏菌科、未知科 2 和纤线杆菌科的相对丰度与土壤 pH、总氮均显著负相关，表现为喜酸、寡营养型，在人工林中显著增加。这也解释了不同林型中指示 OTU 的差异。例如，喀斯特林的指示 OTU 以固氮和喜碱性菌群为主，土山天然林以固氮菌群为主，而 2 种人工林则以喜酸性菌群为主。这些影响因素通过影响细菌群落组成，进一步影响细菌多样性。以往研究发现，土壤细菌多样性与植物多样性及土壤总氮质量分数正相关[26−27]，且碱性环境中多样性较高[28]。然而，本研究发现：尽管喀斯特林的土壤总氮较高且偏碱性，细菌多样性却最低。可能原因是喀斯特林土壤断裂且土层薄，导致土壤结构受损[18]，从而降低了细菌多样性。其余林型细菌多样性差异不显著，可能与其土壤 pH 相似有关，而 pH 是影响细菌多样性的关键因子[29]。与本研究结果不同，谭宏伟等[11] 发现：桉树用材林土壤酶活性降低，导致细菌多样性下降；而 LAN 等[12] 则发现：施肥显著提高了桉树用材林的土壤养分和 pH，从而增加细菌多样性。可能由于人工公益林未施肥且处于封禁管理状态，因此其细菌多样性未显著下降，这表明人工林生态功能已有效恢复。细菌功能类群在各林型间差异不显著，进一步支持了这一结论。尽管此前尚未有关于马尾松人工林细菌功能类群与天然林的对比研究报道，但对桉树用材林与天然林的对比研究也观察到类似现象[30]，即代谢功能类群占据主导地位，而且两者之间的细菌功能类群差异并不显著。因此，鉴于 PICRUSt 功能预测方法的局限性，未来的研究应结合宏基因组测序以及氮磷等元素循环相关功能基因的分析，以便更准确地评估人工公益林生态功能的恢复状况。

相比细菌，土壤真菌通常与植物根系形成共生关系，因此植物群落在很大程度上影响真菌群落的组成[31]。2 种天然林中，栎类为优势树种，导致被孢霉科[32]、红菇科[33] 等与栎类共生的菌群显著增加；马尾松人工林中，与松树共生的被孢霉科[34]、蜡壳耳科[34] 等菌群显著增加；尾叶桉人工林中，与尾叶桉共生的船壳菌科[35] 显著增加。各林型的指示 OTU 与其优势植物形成共生关系。土壤总氮质量分数和温度也是影响真菌群落组成的主要因素，与已有研究结果一致[36−37]。本研究发现：土壤总氮质量分数较低且

温度较高的尾叶桉林中，富营养型、喜冷的菌群 (如被孢霉门[38]) 减少，而寡营养型、喜热的菌群 (如子囊菌门[39]) 增加。在科水平上，被孢霉科和层腹菌科的相对丰度与土壤质量分数总氮呈正相关而与土壤温度呈负相关，表现为富营养型且喜冷，在土壤总氮质量分数较高、温度较低的喀斯特林中显著增加。相反，蜡壳耳科和船壳菌科的相对丰度与土壤总氮质量分数呈负相关，与土壤温度呈正相关，表现为寡营养型且喜热，在土壤总氮质量分数较低、温度较高的人工林中显著增加。与以往认为土壤真菌多样性与植物多样性、土壤总氮和温度呈正相关的研究不完全一致[27, 39]。本研究发现：尽管人工林土壤温度较高，但由于植物群落单一且土壤总氮质量分数较低，真菌多样性较低。相比之下，天然林土壤温度虽较低，但植物种类丰富且土壤总氮质量分数较高，真菌多样性较高。相反，ZHU 等[13] 发现：适度人为干扰促进了连作桉树用材林的土壤真菌多样性。综上，人工林植物群落的单一性是导致土壤真菌多样性下降的关键因素，真菌功能类群也随之发生变化。在人工林中，共生型类群显著高于天然林，可能是由于人工林以单一树种为主，长期进化关系促使形成单一共生菌群，同时单一环境有利于其繁殖和传播，进而形成优势类群，这可能导致人工林生态系统功能的单一化。在本研究的尾叶桉公益林中的发现与桉树用材林的研究结果吻合[30]，均发现桉树纯林中的共生型真菌类群相对丰度显著高于天然林。然而，针对马尾松公益林，本研究结果与马尾松用材林存在差异。本研究发现马尾松公益林中共生型真菌类群丰度显著高于天然林，而 WU 等[40] 及文翕等[41] 的研究则表明两者差异不显著。造成这种差异的可能原因是，在 WU 等[40] 和文翕等[41] 研究的天然林中，尽管植物多样性较高，但共生型植物 (如豆科植物、菌根植物) 的占比可能也较高，从而提升了其共生型真菌类群的相对丰度。同样地，鉴于 FUNGuild 功能预测方法的局限性，未来应结合宏基因组测序等手段，以更准确地评估人工公益林生态功能的恢复状况。

4 结论

本研究发现：与地带性天然林相比，马尾松和尾叶桉人工公益林植物群落组成单一、土壤养分下降，显著降低了土壤真菌多样性并改变了其功能类群，但土壤细菌多样性和功能类群均未发生显著的变化。因此，通过与其他乡土阔叶树种混交，定期施肥，提高土壤肥力，有利于恢复和维持马尾松、尾叶桉人工生态公益林的微生物多样性。

5 参考文献

[1] 国家林业和草原局. 中国林业产业监测报告: 2018[M]. 北京: 中国林业出版社, 2019. National Forestry and Grassland Administration. *MonitoringReport of China Forestry Iindustry: 2018*[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2019.

[2] BROCKERHOFF E G, JACTEL H, PARROTTA J A, *et al*. Plantation forests and biodiversity: oxymoron or opportunity?[J]. *Biodiversity and Conservation*, 2008, **17**(5): 925−951. DOI: 10.1007/s10531-008-9380-x.

[3] WINGFIELD M, SLIPPERS B, HURLEY B, *et al*. Eucalypt pests and diseases: growing threats to plantation productivity[J]. *Southern Forests: A Journal of Forest Science*, 2008, **70**(2): 139−144. DOI: 10.2989/SOUTH.FOR.2008.70.2.9.537.

[4] 何佩云, 丁贵杰, 谌红辉. 连栽马尾松人工林土壤肥力比较研究[J]. 林业科学研究, 2011, **24**(3): 357−362. HE Peiyun, DING Guijie, CHEN Honghui. Comparison on soil fertilities of masson pine plantations of different generations[J]. *Forest Research*, 2011, **24**(3): 357−362. DOI: 10.13275/j.cnki.lykxyj.2011.03.018.

[5] 黄华蓉. 广东韶关市公益林乔木层碳密度和碳储量研究[J]. 亚热带植物科学, 2022, **51**(4): 282−287. HUANG Huarong. Carbon storage and carbon density of public welfare forest tree layers in Shaoguan, Guangdong[J]. *Subtropical Plant Science*, 2022, **51**(4): 282−287. DOI: 10.3969/j.issn.1009-7791.2022.04.006.

[6] 董辉, 严朝东, 苏纯兰, 等. 东莞 5 种生态公益林枯落物及土壤水文效应[J]. 水土保持学报, 2021, **35**(5): 144−149, 160. DONG Hui, YAN Chaodong, SU Chunlan, *et al*. Litter and soil hydrological effects of five no-commercial forests in Dongguan[J]. *Journal of Soil Water Conservation*, 2021, **35**(5): 144−149, 160. DOI: 10.13870/j.cnki.stbcxb.2021.05.021.

[7] 庞世龙, 黄小荣, 欧芷阳, 等. 桂南不同植被模式公益林植物多样性与土壤因子的关系[J]. 中南林业科技大学学报, 2015, **35**(5): 109−113. PANG Shilong, HUANG Xiaorong, OU Zhiyang, *et al*. Relationship between plant diversity and edaphic factors in non-commercial forests in southern Guangxi[J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2015, **35**(5): 109−113. DOI: 10.14067/j.cnki.1673-923x.2015.05.019.

[8] van der HEIJDEN M G, BARDGETT R D, van STRAALEN N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant

diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. *Ecology Letters*, 2008, **11**(3): 296−310. DOI: 10.1111/j.1461-0248.2007.01139.x.

[9] 陈保冬, 赵方杰, 张莘, 等. 土壤生物与土壤污染研究前沿与展望[J]. 生态学报, 2015, **35**(20): 6604−6613. CHEN Baodong, ZHAO Fangjie, ZHANG Xin, *et al*. Soil pollution and soil organisms: an overview of research progress and perspectives[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(20): 6604−6613. DOI: 10.5846/stxb201506231259.

[10] XU Yuxing, DU Apeng, WANG Zhichao, *et al*. Effects of different rotation periods of *Eucalyptus* plantations on soil physiochemical properties, enzyme activities, microbial biomass and microbial community structure and diversity[J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, **456**: 117683. DOI: 10.1016/j.foreco.2019.117683.

[11] 谭宏伟, 杨尚东, 吴俊, 等. 红壤区桉树人工林与不同林分土壤微生物活性及细菌多样性的比较[J]. 土壤学报, 2014, **51**(3): 575−584. TAN Hongwei, YANG Shangdong, WU Jun, *et al*. Comparison of *Eucalyptus* plantation with and other forests in soil microbial activity and bacterial diversity in red soil region, China[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2014, **51**(3): 575−584. DOI: 10.11766/trxb201309170421.

[12] LAN Guoyu, LI Yuwu, WU Zhixiang, *et al*. Soil bacterial diversity impacted by conversion of secondary forest to rubber or *Eucalyptus* plantations: a case study of Hainan Island, South China[J]. *Forest Science*, 2017, **63**(1): 87−93. DOI: 10.5849/forsci.16-012.

[13] ZHU Lingyue, WANG Xiuhai, CHEN Fangfang, *et al*. Effects of the successive planting of *Eucalyptus urophylla* on soil bacterial and fungal community structure, diversity, microbial biomass, and enzyme activity[J]. *Land Degradation & Development*, 2019, **30**(6): 636−646. DOI: 10.1002/ldr.3249.

[14] 李述万. 广西雅长林场国家级自然保护区维管束植物物种多样性研究[D]. 桂林: 广西师范大学, 2017. LI Shuwan. *Studies on Species Diversity of Vascular Plants in Yachang Orchid National Nature Reserve of Guangxi*[D]. Guilin: Guangxi Normal University, 2017.

[15] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 14−111. BAO Shidan. *Soil and Agricultural Chemistry Analysis*[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 14−111.

[16] 张荣, 李婷婷, 金锁. 等. 人为干扰对蒙顶山木荷次生林物种多样性及土壤理化性质的影响[J]. 浙江农林大学学报, 2020, **37**(5): 867−875. ZHANG Rong, LI Tingting, JIN Suo, *et al*. Effects of human disturbance on species diversity and soil physiochemical properties of *Schima superba* community in Mengding Mountain[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2020, **37**(5): 867−875. DOI: 10.11833/j.issn.2095-0756.20190554.

[17] ZHOU Zhenghu, WANG Chuankuan, LUO Yiqi. Response of soil microbial communities to altered precipitation: a global synthesis[J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2018, **27**(9): 1121−1136. DOI: 10.1111/geb.12761.

[18] 何永彬, 张信宝, 文安邦. 西南喀斯特山地的土壤侵蚀研究探讨[J]. 生态环境学报, 2009, **18**(6): 2393−2398. HE Yongbin, ZHANG Xinbao, WEN Anbang. Discussion on karst soil erosion mechanism in karst mountain area in Southwest China[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2009, **18**(6): 2393−2398. DOI: 10.16258/j.cnki.1674-5906.2009.06.046.

[19] GRÜTER D, SCHMID B, BRANDL H. Influence of plant diversity and elevated atmospheric carbon dioxide levels on belowground bacterial diversity[J]. *BMC Microbiology*, 2006, **6**: 68. DOI: 10.1186/1471-2180-6-68.

[20] PRADA-SALCEDO L D, WAMBSGANSS J, BAUHUS J, *et al*. Low root functional dispersion enhances functionality of plant growth by influencing bacterial activities in European forest soils[J]. *Environmental Microbiology*, 2021, **23**(4): 1889−1906. DOI: 10.1111/1462-2920.15244.

[21] 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. DOI: 10.1128/AEM.00335-09.

[22] ROUSK J, BÅÅTH E, BROOKES P C, *et al*. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(10): 1340−1351. DOI: 10.1038/ismej.2010.58.

[23] JIANG Shuai, XING Yajuan, LIU Guancheng, *et al*. Changes in soil bacterial and fungal community composition and functional groups during the succession of boreal forests[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **161**: 108393. DOI: 10.1016/j.soilbio.2021.108393.

[24] FIERER N, BRADFORD M A, JACKSON R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1354−1364. DOI: 10.1890/05-1839.

[25] BREWER T E, ARONSON E L, AROGYASWAMY K, *et al*. Ecological and genomic attributes of novel bacterial taxa that thrive in subsurface soil horizons[J]. *mBio*, 2019, **10**(5): e01318-19. DOI: 10.1128/mBio.01318-19.

[26] LIU Lan, ZHU Kai, WURZBURGER N, *et al*. Relationships between plant diversity and soil microbial diversity vary across taxonomic groups and spatial scales[J]. *Ecosphere*, 2020, **11**(1): e02999. DOI: 10.1002/ecs2.2999.

[27] REN Chengjie, LIU Weichao, ZHAO Fazhu, *et al*. Soil bacterial and fungal diversity and compositions respond differently to forest development[J]. *CATENA*, 2019, **181**: 104071. DOI: 10.1016/j.catena.2019.104071.

[28] MA Luwen, LIU Lan, LU Yaoshun, *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. DOI: 10.1016/j.soilbio.2022.108566.

[29] CHO S J, KIM M H, LEE Y O. Effect of pH on soil bacterial diversity[J]. *Journal of Ecology and Environment*, 2016, **40**(1): 10. DOI: 10.1186/s41610-016-0004-1.

[30] 汪众. 桉树混交林土壤养分和微生物群落结构特征研究[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2022. WANG Zhong. *Soil Nutrient Characteristics of Eucalyptus Mixed Plantation and Their Effect on Microbial Community Structure*[D]. Changsha: Central South University of Forestry and Technology, 2022. DOI: 10.27662/d.cnki.gznlc.2022.000434.

[31] CHEN Yun, XI Jingjing, XIAO Man, *et al*. Soil fungal communities show more specificity than bacteria for plant species composition in a temperate forest in China[J]. *BMC Microbiology*, 2022, **22**(1): 208. DOI: 10.1186/s12866-022-02591-1.

[32] DIEZ-HERMANO S, POVEDA J, BENITO Á, *et al*. Soil mycobiome and forest endophytic fungi: is there a relationship between them?[J]. *Forest Ecology and Management*, 2024, **562**: 121924. DOI: 10.1016/j.foreco.2024.121924.

[33] COSTA D, TAVARES R M, BAPTISTA P, *et al*. The influence of bioclimate on soil microbial communities of cork oak[J]. *BMC Microbiology*, 2022, **22**(1): 163. DOI: 10.1186/s12866-022-02574-2.

[34] TANG Xinghao, YANG Juanjuan, LIN Danhua, *et al*. Community assembly of ectomycorrhizal fungal communities in pure and mixed *Pinus massoniana* forests[J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, **362**: 121312. DOI: 10.1016/j.jenvman.2024.121312.

[35] SANTOLAMAZZA-CARBONE S, DURÁN-OTERO M, CALVIÑO-CANCELA M. Context dependency, co-introductions, novel mutualisms, and host shifts shaped the ectomycorrhizal fungal communities of the alien tree *Eucalyptus globulus*[J]. *Scientific Reports*, 2019, **9**(1): 7121. DOI: 10.1038/s41598-019-42550-x.

[36] WANG Miao, SHI Shuai, LIN Fei, *et al*. Response of the soil fungal community to multi-factor environmental changes in a temperate forest[J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, **81**: 45−56. DOI: 10.1016/j.apsoil.2014.04.008.

[37] CASTAÑO C, LINDAHL B D, ALDAY J G, *et al*. Soil microclimate changes affect soil fungal communities in a Mediterranean pine forest[J]. *New Phytologist*, 2018, **220**(4): 1211−1221. DOI: 10.1111/nph.15205.

[38] REN Y L, CAO Q B, LU M, *et al*. Differentiated contributions of plant diversity and soil parameters to shifts in fungal taxonomic composition across three altitudinal transects[J]. *Microbiology*, 2024, **93**(5): 640−653. DOI: 10.1134/S0026261723600404.

[39] TOMAO A, ANTONIO BONET J, CASTAÑO C, *et al*. How does forest management affect fungal diversity and community composition? Current knowledge and future perspectives for the conservation of forest fungi[J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, **457**: 117678. DOI: 10.1016/j.foreco.2019.117678.

[40] WU Linfang, ZHOU Luhong, ZOU Bingzhang, *et al*. Soil fungal diversity and functionality changes associated with multispecies restoration of *Pinus massoniana* plantation in subtropical China[J]. *Forests*, 2022, **13**(12): 2075. DOI: 10.3390/f13122075.

[41] 文翕, 党鹏. 亚热带 4 种林分土壤真菌群落结构及功能[J]. 福建农林大学学报 (自然科学版), 2024, **53**(2): 267−275. WEN Xi, DANG Peng. Structural and functional characteristics of soil fungal communities under 4 subtropical forest stands [J]. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University* (*Natural Science Edition*), 2024, **53**(2): 267−275. DOI: 10.13323/j.cnki.j.fafu(nat.sci.).202303009.