

DOI: 10.20103/j.stxb.202404230906

雒淑红, 林勇, 陈瑞蕊, 刘云, 韩继刚. 社会经济因素对上海绿地土壤致病真菌群落多样性和组成的影响. 生态学报, 2025, 45(4): 1965-1973.

Luo S H, Lin Y, Chen R R, Liu Y, Han J G. Effects of social-economic factors on the diversity and community composition of soil pathogenic fungi in Shanghai urban green space. Acta Ecologica Sinica, 2025, 45(4): 1965-1973.

社会经济因素对上海绿地土壤致病真菌群落多样性和组成的影响

雒淑红^{1,5}, 林勇³, 陈瑞蕊^{4,6}, 刘云^{1,5}, 韩继刚^{2,3,*}

1 中国科学院南京土壤研究所, 土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 211135

2 上海市野生动物植物和自然保护地研究中心, 上海 202162

3 上海市园林科学规划研究院, 上海 200232

4 南京林业大学化学工程学院, 南京 210037

5 中国科学院大学, 北京 100049

6 江苏省有机固体废弃物资源化协同创新中心, 南京 210095

摘要: 城市土壤中的真菌, 尤其是植物和动物致病真菌, 对植被生长和人类健康产生重要影响。然而, 目前人们对城市绿地土壤中致病真菌分布和影响因素的研究几乎是空白。选取上海绿地土壤为研究对象, 收集了社会经济因素和气候因素, 测定了土壤理化性质, 探讨了这些因素对城市土壤真菌群落尤其是致病真菌多样性及组成的影响。研究表明, 城市土壤真菌群落多样性与人均国内生产总值 (GDP) 显著负相关 ($P < 0.05$), 且人口密度和人均绿地面积等社会经济因素对真菌群落组成有显著影响。此外, 人口密度是影响土壤致病真菌群落组成, 特别是动物致病真菌的主要因素, 而年均温 (MAT)、年降水 (MAP) 等气候因子对非致病真菌群落组成影响更为显著。因此, 随着人类社会经济活动强度的增加, 城市土壤真菌多样性会减少, 而动物致病真菌的占比会增加。我们的研究首次揭示了社会经济因素对城市绿地土壤病原真菌多样性和群落组成产生的重要影响, 为保障城市绿地土壤质量和人类健康提供了重要的科学依据。

关键词: 致病真菌; 社会经济因素; 城市绿地; 影响因素

Effects of social-economic factors on the diversity and community composition of soil pathogenic fungi in Shanghai urban green space

LUO Shuhong^{1,5}, LIN Yong³, CHEN Ruirui^{4,6}, LIU Yun^{1,5}, HAN Jigang^{2,3,*}

1 State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China

2 Shanghai Wildlife and Protected Natural Areas Research Center, Shanghai 202162, China

3 Shanghai Academy of Landscape Architecture Science and Planning, Shanghai 200232, China

4 College of Chemical Engineering, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China

5 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

6 Jiangsu Collaborative Innovation Center for Solid Organic Waste Resource Utilization, Nanjing 210095, China

Abstract: Soil fungi in urban green space, including plant and animal pathogens, threaten plant growth as well as human health. These fungi can be found in various soil types, including urban green space. However, there is a lack of knowledge regarding the distribution and influencing factors of pathogenic fungi in soils of urban green space. In this study, we

基金项目: 上海市绿化和市容管理局科技攻关项目 (G200201); 国家重点研发计划 (2022YFD1500304-02); 江苏省碳达峰碳中和科技创新专项 (BK20220004)

收稿日期: 2024-04-23; **网络出版日期:** 2024-11-06

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: jghan9@gmail.com

conducted research in Shanghai's urban green spaces to investigate the diversity and influencing factors of soil pathogenic fungi. We found that the greater diversity of plant pathogenic fungi was primarily distributed in the outside of the middle ring road, while the higher diversity of animal pathogenic fungi was mainly concentrated in the inner ring road. In addition, according to the FUNGuild annotation, plant and animal pathogens accounted for 10.7% and 5.7% of the total fungal species, respectively. Specifically, the *Volutella*, *Monographella*, *Gibberella*, *Clonostachys* and *Curvularia* were the dominant plant pathogenic fungi, which account for 66% of the total plant pathogenic fungi. The dominant animal pathogenic fungi include *Trichosporon*, *Metarhizium*, *Madurella*, *Metacordyceps*, and *Beauveria*, which account for 99% of the total abundance of animal pathogenic fungi. Additionally, our results revealed a negative correlation between soil fungal community diversity and per capita GDP ($P < 0.05$), and significant effects of social-economic factors such as population density and per capita green space area on the composition of fungal communities. The Mantel test analysis revealed that the community composition of pathogenic and non-pathogenic fungi was significantly influenced by mean annual temperature and population density ($P < 0.05$), and pathogenic fungi exhibited a stronger response to population density compared to non-pathogenic fungi. Those results indicated population density had a greater impact on the composition of the pathogenic fungi community ($r = 0.43$), while non-pathogenic fungi community mainly response to mean annual temperature, mean annual precipitation, and per capita green space area. Moreover, the correlation coefficient between population density and the community composition of plant pathogenic fungi was 0.32, while for animal pathogenic fungi it was 0.39. These results indicate that the population density is the primary factor affecting the community composition of soil pathogenic fungi, especially animal pathogenic fungi, while climate factors such as mean annual temperature and mean annual precipitation more significantly affect the community composition of non-pathogenic fungi. Our study highlights the impact of human activities on the diversity and community composition of pathogenic fungi in urban green space, which has important implications for enhancing soil quality of urban green spaces and public health.

Key Words: pathogenic fungi; socio-economic factors; urban green space; influencing factors

真菌是地球上物种多样性最丰富的生物类群之一,它们在生态系统中扮演着重要角色,在土壤碳循环、植物营养和病害等方面有着重要影响^[1]。真菌可分为对生态系统有益的真菌以及对动植物健康构成威胁的致病真菌等^[2],其中致病真菌会对粮食安全和生态系统产生不利影响^[3]。一些具有侵略性的植物致病真菌,如尖孢镰刀菌,可以通过土壤传播等方式,影响作物的生长,进而威胁着粮食安全^[4-5]。此外,真菌还引发了一些重要疾病,会威胁到人类健康,如真菌感染导致的失明和慢性皮下感染等^[6]。在全球范围内,土壤中致病真菌的比例会随温度增加而呈上升趋势^[7],且全球数百万人受到威胁生命的侵袭性真菌感染^[6, 8]。这些致病真菌存在于与我们接触的土壤中^[9-10],因此了解土壤中的致病真菌的分布和影响因素非常重要。

以往有关真菌多样性的研究主要集中在自然生态系统和农田生态系统,更多的关注气候因子和土壤因子^[7, 11-12]。城市生态系统不仅受到自然因素的影响,还受到社会经济因素的控制^[13]。快速城市化的过程中,高强度人类社会经济活动对土地利用方式产生巨大影响^[14],进而影响了城市绿地微生物的多样性与功能^[15]。人类活动对城市生态系统影响较大,这是比较特殊的,也是与自然生态系统明显不同的,所以在城市生态系统中有必要考虑人类社会经济活动因素。此外,城市绿地也是城市生态系统的重要组成部分,在减少疾病、减缓气候变化、改善空气质量和控制雨水等基本环境过程中发挥着至关重要的作用^[16]。与自然生态系统相比,城市绿地土壤中植物致病真菌的比例更高^[9],一些威胁动植物和人类健康的土壤致病微生物则是由人为活动带来的。例如,将粪便、污泥和城市污水作为肥料用于城市绿地土壤,导致了这些病原微生物的传播和积累^[17]。城市绿地与居民的密切关系^[18],因此,加强对城市绿地土壤中致病真菌的影响因素的研究,对提升城市健康和公共卫生安全水平具有重要意义,但目前对人类活动在内的城市绿地土壤致病真菌的影响因素的研究仍是空白。

上海是中国最大的城市和金融中心,已成为世界上经济最发达、人口最密集的地区之一。尽管它只占全国总面积的 0.07%,占全国人口的 1.7%,但对全国国内生产总值(GDP)的贡献为 3.6%^[19]。过去几十年来,该地区经历了快速的城市化,因此上海为研究城市绿地土壤致病真菌多样性及组成提供了具有代表性的研究样地。在本研究中,我们研究了社会经济因素、土壤因子和气候因子对土壤致病真菌群落组成和多样性的影响,旨在强调社会经济因素对上海城市绿地土壤真菌群落多样性和组成的影响;对致病真菌和非致病真菌,尤其是动物致病真菌群落组成的影响,为保障绿地土壤质量和人类健康提供理论依据。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究区概况

上海位于中国东部(30°40'N—31°53'N,120°52'E—122°12'E),总面积为 $6.34 \times 10^5 \text{ km}^2$,包括 16 个行政区,这些区域具有不同的人口密度(580—31955 人/ km^2)、人均 GDP(5.1—34.7)和人均绿地面积(4.3—474.8 m^2),形成了社会经济因素的梯度。上海的年平均气温为 15.7℃,年平均降水量约为 1100 mm。城市绿地的总面积达到 $1.39 \times 10^5 \text{ km}^2$ ^[19]。

1.2 绿地土壤样品的采集

2018 年 6—8 月,采集上海公园及其周边绿地表层(0—20 cm)土壤样品共 311 个,采样点覆盖上海市的 16 个行政区(图 1)。每个采样点的位置具体位置使用全球定位系统(GPS)记录^[20]。土壤样品的采集参考骆玉珍等^[21]的方法:采用土钻在每个采样点取 5 个表层土壤混合为一个样品,去除石砾和植物根系等杂物,过孔径 2 mm 筛分后,样品冷藏保存于 4℃ 冷藏箱中,用于后续实验处理。

1.3 环境和社会经济因素

土壤 pH 值采用电位法测定,有机质通过重铬酸钾-硫酸氧化法测定,全氮则使用凯氏定氮法进行测定^[22]。从 <http://data.cma.cn/> 上收集了上海市的年均温(MAT)和年平降水(MAP)数据。人口密度、人均 GDP 和绿地面积是根据最新的城市人口普查和国家官方统计数据^[19]。我们使用人口密度而不是总人口,因为它更完整地反映了人类对城市环境的压力^[9]。

1.4 土壤 DNA 的提取

土壤 DNA 的提取按照 FastDNA spin kit for soil 试剂盒(MP Biomedicals,加利福尼亚州,美国)说明书,从 0.5 g 土壤样本中提取总基因组 DNA。提取的 DNA 使用 NanoDrop 2000 微量分光光度计(美国 Thermo Scientific 公司)测定其浓度,使用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测其纯度和质量,确定 DNA 纯度并保存于 -80℃ 冰箱,用于后续的扩增子测序分析。

1.5 土壤真菌高通量测序

利用引物 ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2R(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')来进行 ITS1 区 PCR 扩增^[23—24]。PCR 反应体系采用 TransGen AP221-02 试剂盒,反应体系为:5×FastPfu Buffer 4 μL ,dNTPs 2 μL (2.5 mmol/L),FastPfu Polymerase 0.4 μL ,正向引物和反向引物各 0.8 μL (0.5 $\mu\text{mol/L}$),土壤 DNA 10 ng,加水补足 20 μL 。PCR 反应程序为:预变性 95℃,5 min;随后进入 35 个循环:94℃,1 min;51℃,1 min;72℃,1 min;最后延伸 72℃,10 min。PCR 产物采用 2% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测,随后使用 AxyPrep

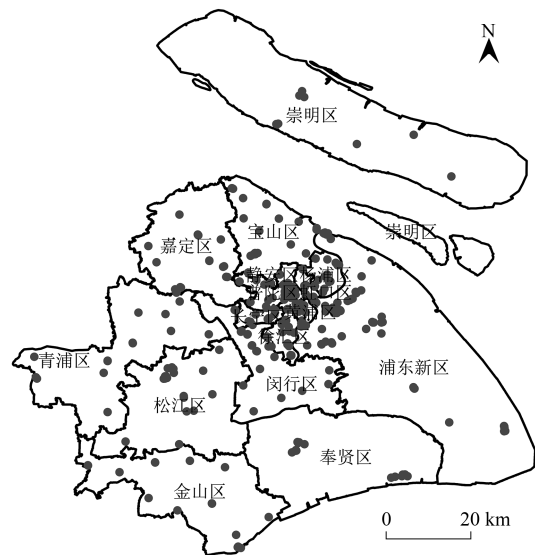


图 1 采样点分布示意图

Fig.1 The distribution map of the sampling sites

DNA 凝胶回收试剂盒 (Axygen Biosciences, 加利福尼亚州, 美国) 对目的条带进行回收和纯化, 2% 琼脂糖凝胶电泳检测。回收的产物通过 Quantus™ Fluorometer (Promega, 美国) 进行定量检测, 并使用 NEXTFLEX® Rapid DNA-Seq Kit 对纯化后的 PCR 产物进行建库。建库测序在 Illumina Miseq 测序平台 (上海美吉生物医药科技有限公司) 上进行。

1.6 生物信息学分析

根据 Edgar 等^[25]的方法, 使用 Uparse 软件 (Version 7.0.1090) 对 97% 相似度的序列进行操作分类单元 (Operational Taxonomic Units, OTUs) 聚类。利用 RDP (Ribosomal Database Project) classifier 的贝叶斯算法对 OTU 的代表序列进行物种分类学分析, 以获得各分类水平上样本的群落组成^[26]。此外, FUNGuild (1.0) 数据库用于分析真菌群落营养型 (<http://www.stbates.org/guilds/app.php>)^[27]。

1.7 数据分析

使用 R 软件中的“vegan”包^[28]计算土壤真菌群落 Alpha 多样性^[29]。利用 ArcGIS 10.7 软件的克里金插值法^[30]进行 Alpha 多样性指数在上海绿地土壤中的分布图。利用 R 中 ggplot2 包绘制植物和动物致病真菌群落组成的物种堆积柱状图^[31]。利用 SPSS 25.0 中的 Spearman 相关分析功能计算 Alpha 多样性以及优势植物和动物致病真菌与环境因子和社会经济因素之间的相关性^[9]。土壤真菌群落组成与环境因子和社会经济因素之间的相关性采用“vegan”包的 Mantel 检验^[28]。

2 结果与分析

2.1 上海绿地土壤致病真菌群落多样性和组成

如图 2 所示, 土壤真菌群落多样性 (香农指数) 的平均指数为 3.86, 最高值为 5.11, 最低值为 1.47, 土壤真菌群落多样性指数较高的地区主要分布在中环线以外的郊区。样地土壤真菌群落组成主要有 3 大类群, 分别是子囊菌门 (Ascomycota)、接合菌门 (Zygomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota), 分别占真菌总 OTU 的 90%、5% 和 2%。此外, 植物致病真菌群落多样性较高的地区主要分布在中环线以外的郊区, 而动物致病真菌群落多样性较高的地区主要分布在内环线以内的市区 (图 2)。

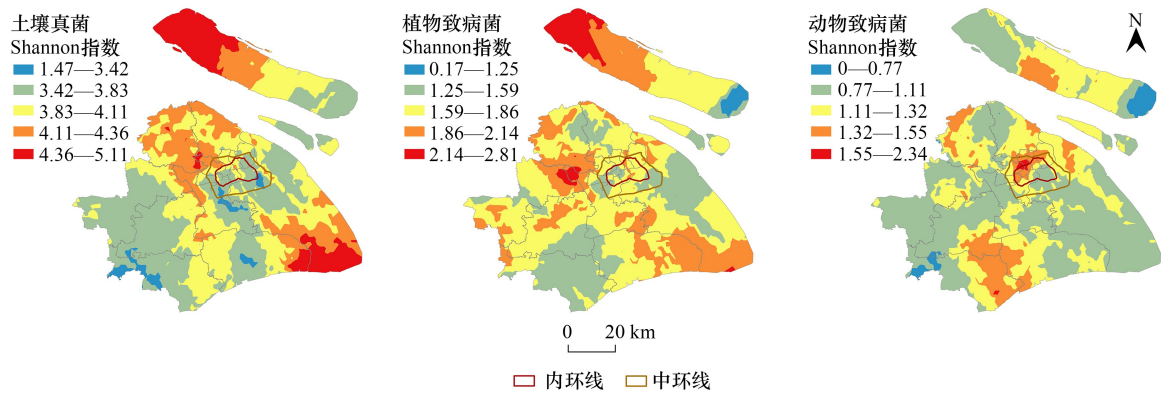


图 2 土壤真菌、植物和动物致病菌 Shannon 指数的空间分布

Fig.2 Spatial distribution of Shannon index of soil fungi, plant pathogens and animal pathogens in the study area

红色、橙色、黄色、绿色和蓝色分别对应多样性指数排名前 20%、40%、60%、80% 和 100% 的区域

根据 FUNGuild 注释结果, 植物致病菌和动物致病菌分别占总的真菌物种的 10.7% 和 5.7%。在属水平, 优势植物致病菌的组成包括周刺座霉属 (*Volutella*), 小画线壳属 (*Monographella*), 赤霉菌属 (*Gibberella*), 粘帚霉属 (*Clonostachys*) 和弯孢属 (*Curvularia*) 等, 优势植物致病菌占总的植物致病真菌丰度的 66%; 优势动物致病菌的组成包括丝孢酵母属 (*Trichosporon*), 绿僵菌属 (*Metarhizium*), *Madurella*, *Metacordyceps* 和白僵菌属 (*Beauveria*) 等, 优势动物致病菌占总的动物致病真菌丰度的 99% (图 3)。

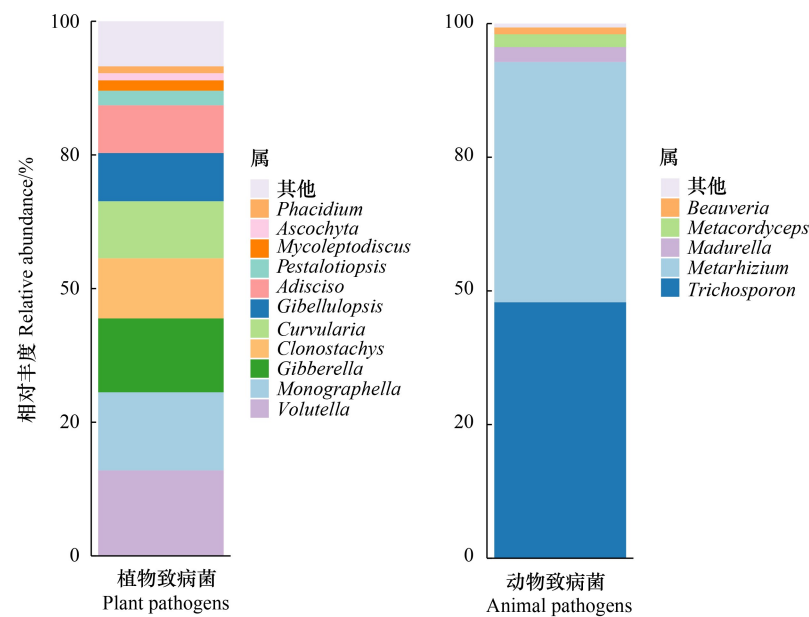


图 3 土壤优势植物和动物致病真菌群落(相对丰度>1%)在属水平的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of dominant plant and animal pathogenic fungi communities (relative abundance >1%) at genus levels

2.2 土壤真菌群落多样性和组成的驱动因素分析

将环境因子与土壤真菌 Alpha 多样性指数进行相关性分析,结果表明(表 1),土壤真菌群落多样性与人均 GDP 和土壤有机质含量呈显著负相关($P<0.05$)。此外,为探究影响上海绿地土壤真菌群落组成的主要环境因子,采用 Mantel 检验分析,结果显示(表 1),影响土壤真菌群落组成的主要因素是年均温、人口密度和人均绿地面积($P<0.01$),相关系数 r 值分别为 0.42、0.39 和 0.44,其中人均绿地面积与土壤真菌群落组成的相关性最大。

表 1 环境因子和社会经济因素与土壤真菌 Alpha 多样性指数和群落组成的相关性分析

Table 1 Correlation analysis between the environmental and socio-economic variables and alpha diversity and community composition of soil fungi

环境和社会经济因素 Environmental and socio-economic variables	Shannon 指数 Shannon index		群落组成 Community composition	
	相关系数 r 值	P 值	相关系数 r 值	P 值
土壤 pHSoil acidity/(g/kg)	-0.01	0.98	-0.14	0.80
土壤有机质 Soil organic matter/(g/kg)	-0.60 *	0.02	-0.04	0.36
土壤全氮 Soil total nitrogen/(g/kg)	-0.20	0.45	-0.05	0.27
年均温 Mean annual temperature/℃	-0.18	0.51	0.42 **	<0.01
年降水 Mean annual precipitation/mm	0.22	0.41	0.17	0.07
人口密度 Population density/(个/km ²)	-0.17	0.54	0.39 **	<0.01
人均 GDP GDP per capita/元	-0.52 *	0.03	0.07	0.32
人均绿地面积 Per capita green space area/m ²	0.20	0.46	0.44 **	<0.01

* 表示 $P<0.05$; ** 表示 $P<0.01$

2.3 土壤致病真菌和非致病真菌群落组成的驱动因素分析

Mantel 检验结果显示(表 2),致病真菌和非致病真菌群落组成都对年平均气温和人口密度有显著的响应($P<0.05$),而致病真菌对人口密度的响应大于非致病真菌。人口密度对致病真菌群落组成的影响较大, r 值为 0.43,而 MAT、MAP 和人均绿地面积对非致病真菌群落组成的影响较大。

人口密度与植物致病真菌群落组成的相关系数 r 值为 0.32, 与动物致病真菌群落组成的相关系数 r 值为 0.39(表 2)。表明植物和动物致病真菌群落组成都对人口密度有显著响应($P<0.05$), 而对动物致病真菌群落组成的影响大于植物致病真菌。此外, 动物致病真菌群落组成也对年平均气温有显著响应($P<0.05$), 而年平均气温对植物致病真菌无显著影响。说明人口密度主要是影响致病真菌群落组成, 尤其是动物致病真菌。

表 2 土壤非致病和致病真菌群落组成与环境因子和社会经济因素的关系

环境和社会经济因素 Environmental and socio-economic variables	非致病菌 群落组成		致病菌 群落组成		植物致病菌 群落组成		动物致病菌 群落组成	
	相关系数 r 值	P	相关系数 r 值	P	相关系数 r 值	P	相关系数 r 值	P
土壤 pH/(g/kg) Soil acidity	-0.01	0.55	-0.16	0.83	-0.05	0.60	-0.15	0.81
土壤有机质/(g/kg) Soil organic matter	-0.03	0.59	0.11	0.22	-0.06	0.69	0.17	0.11
土壤全氮/(g/kg) Soil total nitrogen	-0.16	0.91	0.10	0.19	0.13	0.10	0.10	0.19
年均温/℃ Mean annual temperature	0.28 *	0.02	0.28 *	0.04	0.17	0.12	0.36 *	0.02
年降水/mm Mean annual precipitation	0.18 *	0.04	0.10	0.19	-0.02	0.56	0.07	0.26
人口密度/(个/km ²) Population density	0.29 **	<0.01	0.43 **	<0.01	0.32 **	<0.01	0.39 **	<0.01
人均 GDP/元 GDP per capita	0.11	0.24	0.03	0.38	-0.03	0.57	0.13	0.19
人均绿地面积/m ² Per capita green space area	0.38 **	<0.01	0.21	0.11	0.21	0.08	0.26	0.07

* 表示 $P<0.05$; ** 表示 $P<0.01$

3 讨论

3.1 城市绿地土壤真菌群落多样性的影响因素

土壤真菌群落多样性受环境因素和人为因素的影响^[32]。在自然生态系统中, 真菌群落可能更容易受到气候变化的影响, 研究表明, 气候参数(即温度、干旱指数、降水/蒸发量)是预测真菌群落多样性的最重要的环境因素^[1, 7, 33]。在农田生态系统中, 土壤的物理、化学和生物特性对土壤真菌群落多样性具有显著影响^[34]。本研究结果表明土壤真菌群落多样性与人均 GDP 显著负相关, 表明了在城市生态系统中, 相比于土壤和气候因子, 人类社会经济活动对真菌群落组成的影响更为显著。城市的人均 GDP 反映了城市化程度和经济发展水平, 这些因素与土地利用方式等因素相关, 进而可能影响土壤真菌群落多样性。例如, 城市化过程中可能伴随着土地开垦、建筑工程等活动, 这些活动可能破坏土壤生态系统, 导致土壤真菌群落多样性的降低^[15]。同时, 城市化过程中也可能伴随着大量的污染物排放^[35], 这些污染物可能对土壤真菌群落多样性产生影响。

3.2 城市绿地土壤致病真菌群落组成的影响因素

本研究结果表明周刺座霉属(*Volutella*), 小画线壳属(*Monographella*), 赤霉菌属(*Gibberella*), 粘帚霉属(*Clonostachys*)和弯孢属(*Curvularia*)等为优势土壤植物致病真菌, 与前期有关城市绿地土壤植物致病真菌的研究结果一致^[36]。其中, 周刺座霉属(*Volutella*)是导致植物枯萎病的主要病原菌之一, 能够侵染黄杨等园林植物^[37]; 小画线壳属(*Monographella*)则会引发城市园林植物的叶斑病^[38]; 赤霉菌属(*Gibberella*)对风信子等园林植物造成危害, 导致植株干腐病^[39]; 粘帚霉属(*Clonostachys*)则是引起植物灰霉病的病原菌之一^[40]。此

外,丝孢酵母属(*Trichosporon*)为相对丰度最高的优势土壤动物致病菌,丝孢酵母属在自然界中分布广泛,属于潜在的人类致病菌,主要引起人类的表皮感染^[41],也可引起过敏性肺炎等^[42];绿僵菌属(*Metarhizium*)是一种动物病原菌,能够寄生在土壤中的昆虫,广泛应用于生物防治,尤其是对抗农业害虫,如蝗虫和白蚁^[43];*Metacordyceps* 和白僵菌属(*Beauveria*)在生态系统中也发挥着重要作用,能够有效控制和减少害虫数量^[44–45]。

人口密度是影响上海绿地土壤致病真菌群落组成的主要社会经济因子,且对动物致病菌的影响大于植物致病菌(表3)。一方面,人口密度的增加会导致土地利用类型的改变以及外来物种的引入。通过这些过程,人口密度直接影响了致病真菌群落组成。对人为变化敏感的物种消失或减少,而耐干扰的物种可能繁殖^[46]。另一方面,致病真菌可能通过人类和动物活动或其他途径引入土壤。例如,致病菌可以通过不当施用的原粪肥、受污染的灌溉水或径流渗入土壤中^[47–48],从而改变致病真菌群落组成。此外,人类活动的增加也破坏了致病真菌的自然生态位,为真菌的适应和进化创造了机会和挑战^[49]。且真菌具有较高的传播能力^[50–51],因此对于人口密度较高的大城市而言,人口密度的增加可能会促进动物致病真菌的传播,进而有可能会对人类健康产生不利的影响。

此外,本研究结果显示年平均温度对致病真菌群落组成也有显著影响。这与前人的研究结果相似,研究表明,随着温度的升高土壤传播的致病真菌的比例将会升高^[7]。原因可能是由于气候变化和全球气温的上升,会扩大包括致病真菌在内的许多真菌的地理分布,也可能导致新的致病真菌的出现。此外,诸如龙卷风等严重天气事件的数量和强度的增加,可能会使真菌孢子传播,并增加感染的机会^[49]。

4 结论

本研究结果表明,植物致病真菌群落多样性较高的地区主要分布在郊区,而动物致病真菌群落多样性较高的地区主要分布在内环线以内的市区。此外,社会经济因素,特别是人口密度和人均GDP,对上海城市绿地土壤真菌群落的多样性和组成具有显著影响。土壤真菌群落多样性与人均GDP显著负相关,表明随着人类社会经济活动强度的增加,土壤真菌多样性可能会减少。相比于气候和土壤性质,土壤动物致病真菌群落组成对人口密度的响应更加显著。综上所述,我们的研究结果强调了社会经济因素对上海绿地土壤真菌群落组成和多样性的影响,尤其是在动物致病真菌群落组成方面,人口密度的影响更为突出。

参考文献(References):

- [1] Tedersoo L, Bahram M, Põlme S, Kõljalg U, Yorou N S, Wijesundera R, Ruiz L V, Vasco-Palacios A M, Thu P Q, Suija A, Smith M E, Sharp C, Saluveer E, Saitta A, Rosas M, Riit T, Ratkowsky D, Pritsch K, Põldmaa K, Piepenbring M, Phosri C, Peterson M, Parts K, Pärtel K, Otsing E, Nouhra E, Njouonkou A L, Nilsson R H, Morgado L N, Mayor J, May T W, Majuakim L, Lodge D J, Lee S S, Larsson K H, Kohout P, Hosaka K, Hiiesalu I, Henkel T W, Harend H, Guo L D, Greslebin A, Grelet G, Geml J, Gates G, Dunstan W, Dunk C, Drenkhan R, Dearnaley J, De Kesel A, Dang T, Chen X, Buegger F, Brearley F Q, Bonito G, Anslan S, Abell S, Abarenkov K. Global diversity and geography of soil fungi. *Science*, 2014, 346(6213): e1256688.
- [2] 吴蕊, 曹红雨, 于明含, 高广磊, 丁国栋, 张英, 王家源. 科尔沁沙地不同水盐处理对豆田土壤真菌群落结构和功能的影响. *生态学报*, 2023, 43(21): 8716–8726.
- [3] Fisher M C, Henk D A, Briggs C J, Brownstein J S, Madoff L C, McCraw S L, Gurr S J. Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health. *Nature*, 2012, 484(7393): 186–194.
- [4] Qiu Z G, Egidi E, Liu H W, Kaur S, Singh B K. New frontiers in agriculture productivity: Optimised microbial inoculants and *in situ* microbiome engineering. *Biotechnology Advances*, 2019, 37(6): 107371.
- [5] Parry D W, Jenkinson P, McLeod L. *Fusarium* ear blight (scab) in small grain cereals—a review. *Plant Pathology*, 1995, 44(2): 207–238.
- [6] Brown G D, Denning D W, Gow N A R, Levitz S M, Netea M G, White T C. Hidden killers: human fungal infections. *Science Translational Medicine*, 2012, 4(165): 165rv13.
- [7] Delgado-Baquerizo M, Guerra C A, Cano-Díaz C, Egidi E, Wang J T, Eisenhauer N, Singh B K, Maestre F T. The proportion of soil-borne pathogens increases with warming at the global scale. *Nature Climate Change*, 2020, 10: 550–554.
- [8] Rokas A. Evolution of the human pathogenic lifestyle in fungi. *Nature Microbiology*, 2022, 7(5): 607–619.

- [9] Delgado-Baquerizo M, Eldridge D J, Liu Y R, Sokoya B, Wang J T, Hu H W, He J Z, Bastida F, Moreno J L, Bamigboye A R, Blanco-Pastor J L, Cano-Díaz C, Illán J G, Makhalanyane T P, Siebe C, Trivedi P, Zaady E, Verma J P, Wang L, Wang J Y, Grebenc T, Peñaloza-Bojacá G F, Nahberger T U, Teixido A L, Zhou X Q, Berdugo M, Duran J, Rodríguez A, Zhou X B, Alfaro F, Abades S, Plaza C, Rey A, Singh B K, Tedersoo L, Fierer N. Global homogenization of the structure and function in the soil microbiome of urban greenspaces. *Science Advances*, 2021, 7 (28): eabg5809.
- [10] Sun X, Liddicoat C, Tiunov A, Wang B, Zhang Y Y, Lu C Y, Li Z P, Scheu S, Breed M F, Geisen S, Zhu Y G. Harnessing soil biodiversity to promote human health in cities. *NPJ Urban Sustainability*, 2023, 3: 5.
- [11] 赵竟茹, 晏蒙, 吴远诺, 刘天赐, 李绍兵, 冷珂, 项兴佳, 刘佳. 添加毛叶苕子对红壤旱地土壤真菌群落的影响. *微生物学报*, 2024, 64 (2): 581-596.
- [12] Pellissier L, Niculita-Hirzel H, Dubuis A, Pagni M, Guex N, Ndiribe C, Salamin N, Xenarios I, Goudet J, Sanders I R, Guisan A. Soil fungal communities of grasslands are environmentally structured at a regional scale in the Alps. *Molecular Ecology*, 2014, 23(17): 4274-4290.
- [13] 王效科, 苏跃波, 任玉芬, 张红星, 孙旭, 欧阳志云. 城市生态系统: 人与自然复合. *生态学报*, 2020, 40(15): 5093-5102.
- [14] 王鸣雷, 邱思妍, 史文娇. 珠三角地区未来土地利用变化对生物多样性的影响. *生态学报*, 2024, 44(16): 1-15.
- [15] 黄鑫榕, 苏晓轩, 周曙屹聃, 朱永官, 杨小茹. 城市绿地微生物及其对城市化的响应. *微生物学报*, 2021, 61(12): 3887-3902.
- [16] Fan P L, Xu L H, Yue W Z, Chen J Q. Accessibility of public urban green space in an urban periphery: The case of Shanghai. *Landscape and Urban Planning*, 2017, 165: 177-192.
- [17] Brevik E C, Sauer T J. The past, present, and future of soils and human health studies. *SOIL*, 2015, 1(1): 35-46.
- [18] 韩继刚, 李刚, 张维维, 刘文, 刘舒, 马想, 张浪, 朱永官. 城市绿地土壤健康质量问题与对策. *应用生态学报*, 2022, 33(1): 268-276.
- [19] 上海统计局. 2019 年上海统计年鉴. 上海: 中国统计出版社, 2019.
- [20] Cheng W, Lei S G, Bian Z F, Zhao Y B, Li Y C, Gan Y D. Geographic distribution of heavy metals and identification of their sources in soils near large, open-pit coal mines using positive matrix factorization. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, 387: 121666.
- [21] 骆玉珍, 张维维, 李雅颖, 姚槐应, 王永杰, 韩继刚. 上海市公园绿地土壤肥力特征分析与综合评价. *中国土壤与肥料*, 2019(6): 86-93.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [23] Gardes M, Bruns T D. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes—application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, 1993, 2(2): 113-118.
- [24] White T J, Bruns T, Lee S, Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR Protocols*. Amsterdam: Elsevier, 1990: 315-322.
- [25] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996-998.
- [26] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, Cole J R. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(16): 5261-5267.
- [27] Nguyen N H, Song Z W, Bates S T, Branco S, Tedersoo L, Menke J, Schilling J S, Kennedy P G. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 2016, 20: 241-248.
- [28] Null R C T R, Team R, Null R C T, Core Writing T, Null R, Team R, Null R D C T, Core R, Team R, Team R D C J C. R: A language and environment for statistical computing. 2011, 1: 12-21.
- [29] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, Jeffries T C, Gaitan J J, Encinar D, Berdugo M, Campbell C D, Singh B K. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems. *Nature Communications*, 2016, 7: 10541.
- [30] Krige D G. A statistical approach to some mine valuation and allied problems on the Witwatersrand. *Journal of the Chemical, Metallurgical and Mining Society of South Africa*, 1951, 52(6): 119-139.
- [31] 李文珊, 孙诗瑶, 王焱, 王行. 土壤基质影响下的叶凋落物际细菌群落特征及其与分解速率的关联性研究. *生态学报*, 2024, 44(17): 1-15.
- [32] 王芳, 图力古尔. 土壤真菌多样性研究进展. *菌物研究*, 2014, 12(3): 178-186.
- [33] Maestre F T, Delgado-Baquerizo M, Jeffries T C, Eldridge D J, Ochoa V, Gozalo B, Quero J L, García-Gómez M, Gallardo A, Ulrich W, Bowker M A, Arredondo T, Barraza-Zepeda C, Bran D, Florentino A, Gaitán J, Gutiérrez J R, Huber-Sannwald E, Jankju M, Mau R L, Miriti M, Naseri K, Ospina A, Stavi I, Wang D L, Woods N N, Yuan X, Zaady E, Singh B K. Increasing aridity reduces soil microbial diversity and abundance in global drylands. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(51): 15684-15689.
- [34] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, 15(10): 579-590.
- [35] Grimm N B, Faeth S H, Golubiewski N E, Redman C L, Wu J G, Bai X M, Briggs J M. Global change and the ecology of cities. *Science*, 2008, 319(5864): 756-760.
- [36] 韩继刚, 骆玉珍, 张维维. 上海典型城市生态廊道的土壤真菌多样性. *园林*, 2024, 41(4): 34-41.

- [37] Wang X, Li Y X, Dong H X, Jia X Z, Zhang X Y. First report of *Volutella buxi* causing *Volutella* blight on *Buxus bodinieri* in central Plains China. *Plant Disease*, 2017, 101(7): 1325.
- [38] Garibaldi A, Gilardi G, Ortu G, Gullino M L. First report of *Plectosphaerella cucumerina* on greenhouse cultured wild rocket (*Diplotaxis tenuifolia*) in Italy. *Plant Disease*, 2012, 96 (12): 1825.
- [39] Tomioka K, Hirooka Y, Aoki T, Sato T. *Fusarium* rot of hyacinth caused by *Gibberella zeae* (Anamorph: *Fusarium graminearum*). *Journal of General Plant Pathology*, 2008, 74(3): 264-266.
- [40] Cota L V, Maffia L A, Mizubuti E S G, Macedo P E F, Antunes R F. Biological control of strawberry gray mold by *Clonostachys rosea* under field conditions. *Biological Control*, 2008, 46(3): 515-522.
- [41] Chagas-Neto T C, Chaves G M, Colombo A L. Update on the genus *Trichosporon*. *Mycopathologia*, 2008, 166(3): 121-132.
- [42] Walsh T J, Groll A, Hiemenz J, Fleming R, Roilides E, Anaissie E. Infections due to emerging and uncommon medically important fungal pathogens. *Clinical Microbiology and Infection*, 2004, 10: 48-66.
- [43] Stone L B L, Bidochka M J. The multifunctional lifestyles of *Metarhizium*: evolution and applications. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2020, 104(23): 9935-9945.
- [44] Kepler R M, Sung G H, Ban S, Nakagiri A, Chen M J, Huang B, Li Z, Spatafora J W. New teleomorph combinations in the entomopathogenic genus *Metacordyceps*. *Mycologia*, 2012, 104(1): 182-197.
- [45] Xiao G H, Ying S H, Zheng P, Wang Z L, Zhang S W, Xie X Q, Shang Y F, St Leger R J, Zhao G P, Wang C S, Feng M G. Genomic perspectives on the evolution of fungal entomopathogenicity in *Beauveria bassiana*. *Scientific Reports*, 2012, 2: 483.
- [46] Luck G W. A review of the relationships between human population density and biodiversity. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 2007, 82(4): 607-645.
- [47] Alegbeleye O O, Singleton I, Sant'Ana A S. Sources and contamination routes of microbial pathogens to fresh produce during field cultivation: a review. *Food Microbiology*, 2018, 73: 177-208.
- [48] Alegbeleye O O, Sant'Ana A S. Manure-borne pathogens as an important source of water contamination: an update on the dynamics of pathogen survival/transport as well as practical risk mitigation strategies. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 2020, 227: 113524.
- [49] Sun S, Hoy M J, Heitman J. Fungal pathogens. *Current Biology*, 2020, 30(19): R1163-R1169.
- [50] Cáliz J, Triadó-Margarit X, Camarero L, Casamayor E O. A long-term survey unveils strong seasonal patterns in the airborne microbiome coupled to general and regional atmospheric circulations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2018, 115(48): 12229-12234.
- [51] Barberún A, Ladau J, Leff J W, Pollard K S, Menninger H L, Dunn R R, Fierer N. Continental-scale distributions of dust-associated bacteria and fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(18): 5756-5761.