DOI: 10.20103/j.stxb.202503130569

阿勒恒别克·阿勒哈别克,高广磊,丁国栋,张英,赵珮杉,李启研.塔里木盆地荒漠土壤真菌群落结构和功能特征.生态学报,2026,46(8): - .
Alehengbieke Alehabieke, Gao G L, Ding G D, Zhang Y, Zhao P S, Li Q Y.Community structure and functional characteristics of desert soil fungi in the Tarim Basin.Acta Ecologica Sinica,2026,46(8): - .

塔里木盆地荒漠土壤真菌群落结构和功能特征

阿勒恒别克·阿勒哈别克[1],高广磊[1,2,3,4,5,*],丁国栋[1,3,4,5],张 英[1,3,4,5],赵珮杉[1],李启研[1]

1 北京林业大学水土保持学院, 北京 100083
2 北京林业大学林木资源高效生产全国重点实验室, 北京 100083
3 宁夏盐池毛乌素沙地生态系统国家定位观测研究站, 盐池 751500
4 北京林业大学林业生态工程教育部工程研究中心, 北京 100083
5 北京林业大学水土保持国家林业和草原局重点实验室, 北京 100083

摘要:为阐明极端环境下荒漠土壤真菌群落结构与功能特征及其驱动因子,以塔里木盆地巴楚、皮山、和田、民丰及且末县荒漠风沙土为研究对象,采用 Illumina MiSeq 高通量测序和 FUNGuild 平台鉴定的方法对其土壤真菌群落进行了分析。研究结果表明:(1)从塔里木盆地荒漠土壤中获得 1719 个土壤真菌 OTU,隶属于 11 门 40 纲 100 目 206 科 375 属 558 种。其中,子囊菌门(Ascomycota)占绝对优势,且包含较多的未鉴定属(相对丰度超过 30%)。巴楚县土壤真菌 α 多样性指数显著低于其他地区(P<0.05);土壤真菌 β 多样性差异显著,地理位置相近地区土壤真菌群落结构相似。(2)研究区腐生营养型和其他营养型土壤真菌相对丰度较高,病理营养型真菌相对丰度较低,且末县各营养型土壤真菌相对丰度较均匀。(3)土壤真菌 α 多样性与土壤 pH 极显著正相关(P<0.01),优势菌属分布受土壤全氮、全磷、电导率、pH、年均气温、年均降水量及年均日照时数等诸多环境因子驱动。地理位置、气候因子和土壤理化性质对荒漠土壤真菌群落组成的总解释量为 33.03%。共生营养型真菌相对丰度与各气候因子极显著正相关(P<0.01),与土壤电导率显著负相关(P<0.05);腐生营养型真菌与土壤 pH 极显著正相关(P<0.01),与年均日照时数显著正相关(P<0.05);病理营养型真菌与年均降水量显著负相关(P<0.05)。研究结果有助于深入理解塔里木盆地荒漠土壤真菌群落结构与生态功能,进而为荒漠生态系统生物多样性保育和功能性微生物资源开发提供科学依据。

关键词: 塔里木盆地;荒漠土壤;真菌群落;群落结构;功能特征;环境因子

Community structure and functional characteristics of desert soil fungi in the Tarim Basin

ALEHENGBIEKE Alehabieke[1], GAO Guanglei[1,2,3,4,5,*], DING Guodong[1,3,4,5], ZHANG Ying[1,3,4,5], ZHAO Peishan[1], LI Qiyan[1]

1 *School of Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing* 100083, *China*
2 *State Key Laboratory of Eficient Production of Forest Resources, Beijing Forestry University, Beijing* 100083, *China*
3 *Yanchi Ecology Research Station of the Mu Us Desert, Yanchi* 751500, *China*
4 *Engineering Research Center of Forestry Ecological Engineering, Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing* 100083, *China*
5 *Key Laboratory of State Forestry and Grassland Administration on Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing* 100083, *China*

Abstract: To elucidate the structure and functional characteristics of soil fungal communities in extreme arid desert environments and their driving factors, this study was designed to investigate the desert aeolian soils from Bachu, Pishan,

基金项目:新疆维吾尔自治区“天山英才”培养计划“科技创新团队”项目(2024TSYCTD0009);新疆维吾尔自治区重大科技专项(2024A03010-5)
收稿日期:2025-03-13; **网络出版日期**:2026-00-00

* 通讯作者 Corresponding author.E-mail: gaoguanglei@ bjfu.edu.cn

Hotan, Minfeng, and Qiemo counties in the Tarim Basin. Illumina MiSeq high-throughput sequencing and FUNGuild platform analysis were employed to characterize the soil fungal communities. The findings revealed: (1) A total of 1,719 soil fungal OTUs were obtained from the desert soil of the Tarim Basin, belonging to 11 phyla, 40 classes, 100 orders, 206 families, 375 genera, and 558 species. Among them, the phylum Ascomycota dominated absolutely, and contained a large number of unidentified genera (with a relative abundance exceeding 30%). The soil fungal α-diversity index in Bachu County was significantly lower than that in other regions ($P<0.05$). Significant β-diversity differences were observed, with geographically proximate areas harboring more similar fungal community structures. (2) Saprotrophic and "other" trophic modes predominated across the study area, whereas pathotrophic fungi showed relatively low abundance. Notably, Qiemo County exhibited a more balanced distribution of fungal trophic guilds. (3) The soil fungal α diversity exhibited a highly significant positive correlation with soil pH ($P<0.01$). The distribution of dominant fungal genera is driven by key environmental factors, including soil properties (TN, TP, EC, pH) and climate parameters (temperature, precipitation, sunshine duration). Geographic location, climatic factors, and soil physicochemical properties collectively explained 33.03% of the variance in desert soil fungal community composition. The relative abundance of symbiotrophic fungi showed highly significant positive correlations with all climatic factors ($P<0.01$) and a significant negative correlation with soil electrical conductivity ($P<0.05$). Saprotrophic fungi demonstrated a highly significant positive correlation with soil pH ($P<0.01$) and a significant positive correlation with annual mean sunshine duration ($P<0.05$). Pathotrophic fungi exhibited a significant negative correlation with annual mean precipitation ($P<0.05$). These findings provide critical insights into the structural and functional characteristics of fungal communities in the desert soils of Tarim Basin, and further offering a scientific foundation for biodiversity conservation and functional microbial resource utilization in arid ecosystems.

Key Words: Tarim Basin; desert soil; fungal community; community structure; functional characteristics; environmental factors

土壤真菌具有丰富的物种、遗传和功能多样性,在陆地生态系统物质循环和能量流动过程中发挥着重要的作用。其群落结构不仅能表征土壤生态功能平衡,而且对微环境变化的响应敏感性显著高于细菌群落[1]。功能群是根据物种在生态系统中的营养模式、资源利用策略及其对物质循环的贡献等生态功能特征,将具有相似功能角色的物种划分为同一类群[2]。腐生营养型真菌是土壤有机质的重要分解者,能够分解土壤中惰性有机碳,促进土壤养分循环[3]。共生营养型真菌可以与植物根系形成菌根促进植物的营养吸收[4]。病理营养型真菌的大量存在可能会引发植物病害,抑制植物生长[5]。土壤真菌群落受土壤理化性质、植被类型及气候条件等众多环境因素的驱动[6]。由经纬度等地理位置因素造成的气候条件差异能很好地解释土壤真菌群落结构和功能的变化[7]。其中,温度直接影响土壤真菌的生存和代谢,并通过改变植被和土壤元素循环间接影响真菌群落[8];降水变化协同土壤养分、pH 及碳氮等理化因子共同驱动荒漠土壤真菌群落的组成、多样性及功能特征[9]。因此,研究土壤理化性质和环境条件对真菌群落特性的影响有助于深入了解土壤真菌群落的生态过程。

荒漠生态系统极其脆弱,极易受到外界干扰而发生退行性演替。土壤真菌具有较强的适应逆境胁迫的能力,在干旱严酷的极端环境中仍然可以广泛分布。土壤真菌是荒漠生态系统的重要组成部分,对维持荒漠生态系统平衡起着重要作用。荒漠土壤真菌不仅能降解复杂有机质,还对荒漠土壤氮素快速转化具有重要作用[10]。土壤真菌可以缓解荒漠土壤微生物碳限制,而且在干旱胁迫条件下能促进宿主植物吸收水分和养分[11—12]。土壤、植被、气候及地理等因素影响荒漠土壤真菌群落[13]。地理隔离常伴随气候、土壤理化性质的梯度变化,通过环境过滤驱动群落分异。降水是最重要的限制性气候因子,极端干旱会显著降低丰富和稀有真菌的多样性[14],而降水增加则会提高荒漠土壤真菌的数量[15]。土壤湿度与碳、氮、磷含量等土壤特性通过影响真菌的生长和营养供应,进而驱动土壤真菌群落的结构和功能发生变化[16]。此外,有研究指出高土壤电

导率会导致真菌群落相对丰度下降[17],真菌生物量随土壤 pH 值的升高而降低[18]。因此,揭示环境条件与荒漠土壤真菌群落间的相关性有助于更好地理解荒漠生态系统。

新疆塔里木盆地气候极端干旱,水分资源十分匮乏,降水量少且季节分配不均匀,土壤沙化严重,是典型的生态脆弱区[19]。作为沙化土壤生态系统的土壤微生物群落对环境的响应和反馈与沙化土壤生态系统演化过程存在密切联系[20]。在贫营养、强紫外线及高蒸发的极端环境条件下,土壤真菌对荒漠生态环境的响应机制尚未明确。鉴于此,本研究以塔里木盆地荒漠土壤为研究对象,采用高通量测序技术和真菌功能群分析的方法,揭示荒漠土壤真菌群落结构与功能群特征,阐明其与当地气候条件、地理位置及土壤理化性质间的关系,以期为全球气候异常变化背景下极端环境生物多样性保育和微生物资源靶向利用提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　研究区概况

研究区位于新疆塔里木盆地(34°20′—43°39′N,71°39′—93°45′E),海拔 780—1300 m。塔里木盆地属于暖温带气候,年均气温 10—12℃,无霜期超 200 d,年均日照时数北部约 3 000h,南部不到 3000h,多风沙和浮尘天气。全区降水时空分布不均,大部分地区年降水量不足 50 mm,蒸发剧烈,年蒸发量约 2500—3500 mm(表 1)。盆地边缘是与山地连接的砾石戈壁,中心是辽阔沙漠,边缘和沙漠间是冲积扇和冲积平原,并有绿洲分布。土壤以风沙土为主,较为贫瘠,植被覆盖度极低(<5%),呈典型荒漠景观。区域内仅可见稀疏分布的耐旱灌木及草本植物,包括多枝柽柳(*Tamarix ramosissima*)、刚毛柽柳(*T. hispida*)、骆驼刺(*Alhagi camelorum*)及花花柴(*Karelinia caspia*)等,植株间距普遍大于 5 m,群落结构松散,地表裸露面积占比超过 90%。

表 1　研究区概况

Table 1　Overview of the study area

样地 Plots	纬度 Latitude/(N)	经度 Longitude/(°E)	年均气温 Annual mean temperature/℃	年均日照时数 Mean annual sunshine duration/h	年均降水量 Mean annual precipitation/mm
BC	39°19′	79°11′	13	2683.79	82.87
PS	37°33′	79°11′	13.12	2682.29	84.99
HT	37°34′	80°21′	14.35	2582.56	55.72
MF	37°02′	82°55′	12.9	2694.37	52.37
QM	38°34′	85°46′	11.83	2804.8	23.54

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo

1.2　土壤样本采集与处理

2023 年 7—8 月,结合历史资料和实地踏勘,进行调查采样。以巴楚县(BC)、皮山县(PS)、和田县(HT)、民丰县(MF)及且末县(QM)境内荒漠区域为研究区。每个研究区内设置 5 个自然状态、无人为干扰的荒漠风沙样地,每个样地随机布设 3 个 1 m×1 m 的样方。采用五点采样法采集土壤,混合为 1 个样品代表该样方。每个研究区共计 15 个重复样本(5 样地×3 样方)共采集 75 份土壤样本。每份样本均分为两部分:一部分(60 g)置于-4℃便携保温盒中,72h 内带回实验室并于-80℃冰箱中冷冻保存,用于后续土壤真菌分子生物学鉴定;另一部分(200 g)装入无菌塑封袋,用于土壤理化性质测定。

1.3　气象数据来源

气象数据来源于中国气象科学数据中心 (http://data.cma.cn),时间范围为 2012—2022 年,用以计算年均日照时数(St)、年均气温(Ta)及年均降水量(Pa)。

1.4　土壤理化性质测定

采用数据采集器(EM50,美国)测定土壤体积含水量(SWC)。待土壤样品自然风干后过 2mm 筛,土壤 pH 值(pH)采用 pH 分析仪(上海雷磁,中国)测定,电导仪(上海越平,中国)测定土壤电导率(EC)[21];土壤有机

碳(SOC)、土壤总碳(TC)含量使用总有机碳分析仪(vario TOC cube,德国)采用燃烧氧化-非分散红外法测定,测定土壤有机碳(SOC)前用稀盐酸去除无机碳[22];土壤全氮(TN)采用靛酚蓝比色法测定,土壤全磷(TP)采样钼锑钪比色法测定,比色法测定均使用全自动化学分析仪进行(Smartchem450,意大利)[23]。

1.5 土壤真菌分子鉴定和功能群划分

使用 PowerSoil® DNA 试剂盒(MO BIO 公司)对荒漠土壤样本中 DNA 进行抽提,采用真菌通用引物 ITS1F(5′-CTTGGTCATT TAGAGGAAGTAA-3′)和 ITS2(5′-GCTGCGTTCTT CATCGATGC-3′),对真菌 rDNA ITS 区段进行 PCR 扩增。PCR 扩增产物测序工作由北京奥维森生物技术有限公司使用 Illumina MiSeq PE300 高通量测序平台完成。在剔除低质量序列后,以 97%为阈值对有效序列划分 OTU。为减小因数据量不同而造成的误差,所有样本序列数抽平为 18191 条序列。

基于 FUNGuild 数据库对塔里木盆地荒漠土壤真菌营养型和功能群进行分类和鉴定[24],抽平并剔除非真菌 OTU 后共获得可划分 OTU 数量 1719 个。基于 FUNGuild 平台划分真菌功能群,对置信度为“很可能”(probable)和“极可能”(highly probable)的划分结果进行保留。本研究中真菌高通量测序原始序列已上传存储至 NCBI 数据库,项目编号为 PRJNA1222090。

1.6 数据处理与分析

将相对丰度≥10.00%的真菌属划分为优势属,1.00%—10.00%为常见属,<1.00%为稀有属[24]。利用 SPSS20 进行数据处理与分析,包括最小显著差异法(LSD)和斯皮尔曼相关性检验(Spearman′s rank correlation),显著性水平均为 $P<0.05$。运用 R-4.3.3 软件进行数据处理和绘图,包括韦恩图分析,α 多样性指数计算(Simpson、Shannon、Pielou),主坐标分析(PCoA)和非度量多维尺度分析(NMDS),方差分解分析(VPA),群落组成相对丰度图、聚类热图以及相关性矩阵图的分析。应用 Canoco for Windows 4.5 进行土壤真菌群落结构和土壤理化特性的冗余分析(RDA)。

2 结果与分析

2.1 荒漠土壤真菌群落多样性与组成

从研究区土壤样品中共获得 1719 个 OTU,各区域 OTU 数量排序为且末>皮山>民丰>和田>巴楚(图 1)。其中,共有 OTU 数量为 228 个,约占总数的 13.26%;巴楚、皮山、和田、民丰及且末特有 OTU 分别为 116、88、64、68、119 个。巴楚县土壤真菌 α 多样性指数最小,显著低于其他地区($P<0.05$),皮山、和田、民丰及且末土壤真菌 α 多样性指数无显著差异($P>0.05$)(表 2)。巴楚县土壤真菌群落结构与其他四县存在显著差异;且末与民丰、皮山与和田的土壤真菌群落结构分别相似,但两组之间存在差异(图 2)。

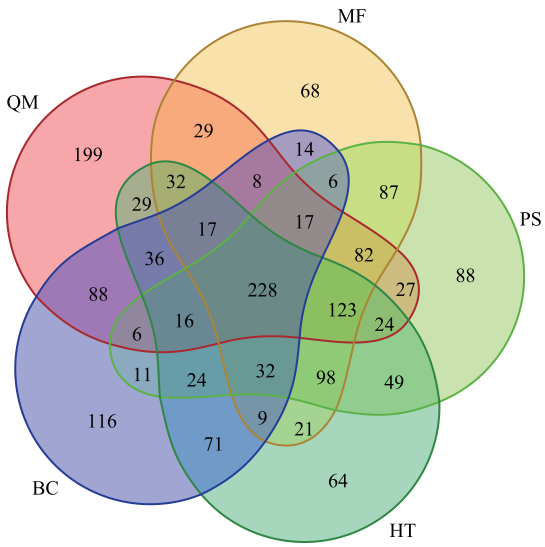

图 1 塔里木盆地荒漠土壤真菌 OTU 分布韦恩图

Fig.1 Venn map of fungal OTU number in desert soils of the Tarim Basin

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo

通过对 1719 个有效 OTU 分析,它们共属于 11 门 40 纲 100 目 206 科 375 属 558 种真菌。在门水平上,子囊菌门(Ascomycota)占绝对优势(图 3),且巴楚(93.23%)>和田(73.02%)>民丰(71.14%)>皮山(68.10%)>且末(57.00%)。其次是担子菌门(Basidiomycota),且皮山(19.30%)>和田(18.48%)>民丰(17.07%)>且末(13.19%)>巴楚(2.69%)。此外,未鉴定门(unidentified)在且末、皮山、民丰、和田、巴楚的相对丰度分别为 13.50%、9.49%、6.36%、3.28%和 3.04%。

表 2　塔里木盆地荒漠土壤真菌 α 多样性指数

Table 2　α diversity of fungal communities in desert soils of the Tarim Basin

样地 Plots	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Pielou 指数 Pielou index	样地 Plots	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Pielou 指数 Pielou index
BC	2.27±0.44b	0.56±0.13b	0.33±0.11b	MF	4.78±1.14a	0.89±0.17a	0.62±0.14a
PS	3.99±0.66a	0.88±0.88a	0.56±0.11a	QM	4.18±1.66a	0.85±0.21a	0.57±0.20a
HT	4.53±0.55a	0.89±0.06a	0.57±0.56a				

数值为平均值±标准差;不同小写字母表示差异显著(P<0.05)

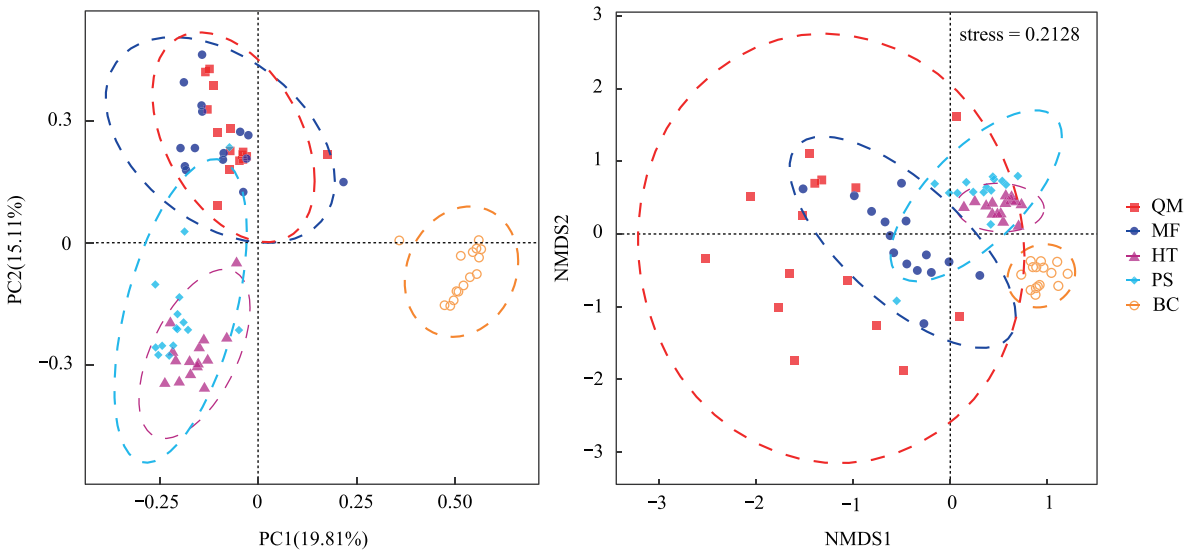

图 2　塔里木盆地荒漠土壤真菌群落结构主坐标分析(PCoA)与非度量多维尺度分析(NMDS)

Fig.2　Analyses of fungal community structure in Tarim Basin desert soils using Principal Coordinate Analysis (PCoA) and Non-metric Multidimensional Scaling (NMDS)

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo

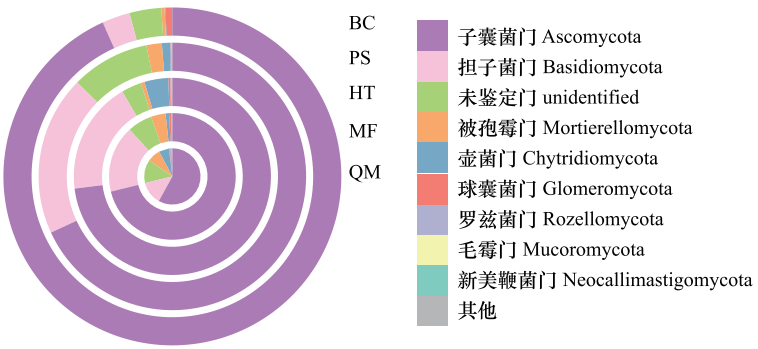

图 3　塔里木盆地荒漠土壤真菌门水平相对丰度

Fig.3　Relative abundance of fungal phylum in desert soil of Tarim Basin

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo

从属水平上看(图 4),研究区土壤真菌优势属和常见属共 20 属。其中,未鉴定属(unidentified)相对丰度都最高,占比分别为巴楚(74.25%)>且末(43.26%)>民丰(28.37%)>皮山(24.00%)>和田(21.61%)。经筛选发现高比例的未鉴定真菌属(相对丰度 74.75%)隶属于格孢菌目(Pleosporales),其余未鉴定属分散于其他类群,各目相对丰度均不足 5%。毛壳菌属(*Chaetomium*)是和田、皮山及巴楚土壤真菌共有优势属,占比分别为 20.95%、19.39%及 17.17%。皮山土壤真菌优势属还有 *Stolonocarpus*(11.71%)和 *Holtermanniella*(10.89%)。和田

和民丰土壤真菌特有优势属分别为毛球壳属(*Lasiosphaeria*)和光黑壳属(*Preussia*),分别占 15.34%和 14.93%。

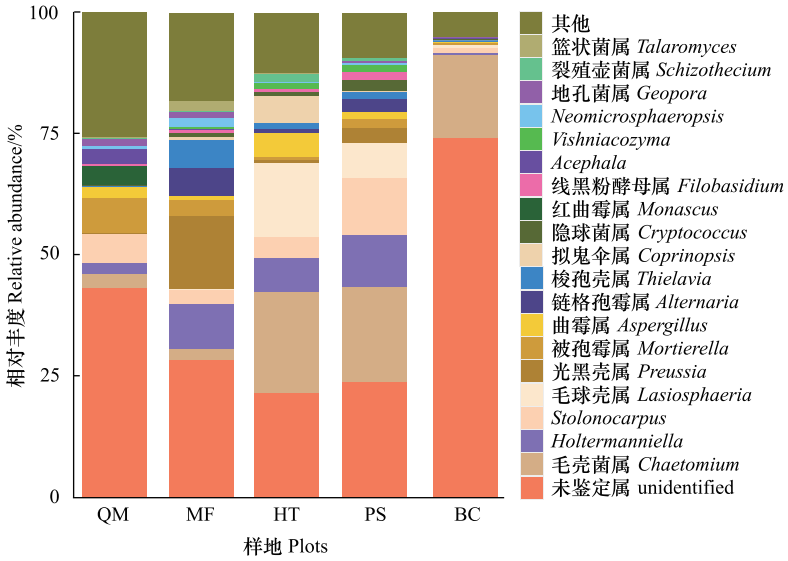

图 4 塔里木盆地荒漠土壤真菌属水平相对丰度

Fig.4 Relative abundance of desert soil fungi at the genus level in the Tarim Basin

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo

2.2 荒漠土壤真菌生态功能

通过分析,发现研究区土壤真菌功能群具有较强的空间异质性(图 5)。巴楚县荒漠土壤中腐生营养型真菌相对丰度较高(3.5%),且以未定义腐生营养型真菌为主要生态功能群。皮山县荒漠土壤中腐生营养型和

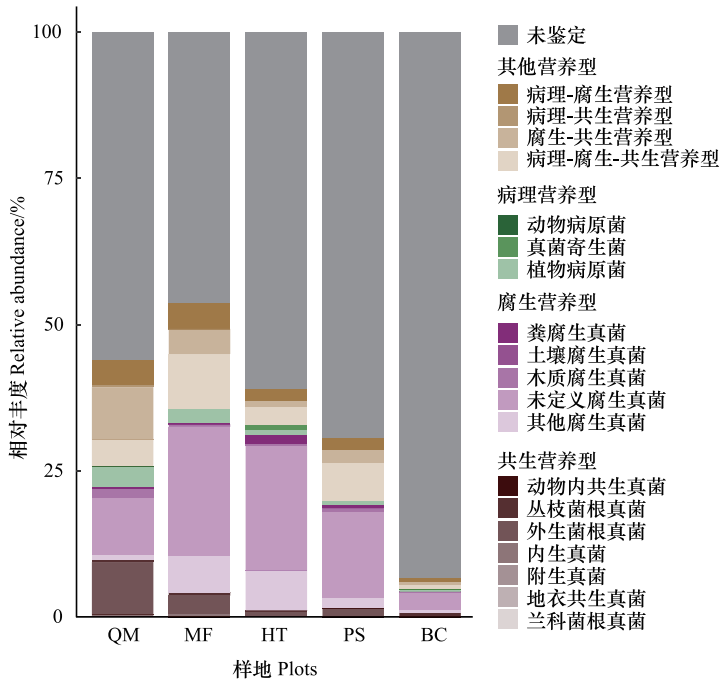

图 5 塔里木盆地荒漠土壤真菌功能群的相对丰度

Fig.5 Relative abundance of functional groups of soil fungi in desert soil of Tarim Basin

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo

其他营养型真菌分别占 17.62%和 10.83%,主要生态功能群分别是未定义腐生营养型(14.68%)和病理-腐生-共生营养型(6.49%)。和田县荒漠土壤中腐生营养型真菌占比最大(29.96%),其中未定义腐生真菌和其他腐生真菌分别占比 21.34%和 6.82%,其他营养型占 6.25%,主要生态功能群是病理-腐生-共生营养型(3.08%)。民丰县荒漠土壤中以腐生营养型和其他营养型为主(28.99%和 18.26%),共生营养型真菌和病理营养型占比较少(4.21%和 2.40%);腐生营养型真菌中未定义腐生真菌和其他腐生真菌占比分别为 21.90%和 6.41%,其他营养型真菌中主要生态功能群是病理-腐生营养型(4.58%)、腐生-共生营养型(4.25%)及病理-腐生-共生营养型(9.39%)。且末县荒漠土壤中各营养型土壤真菌分布较为均匀,腐生、共生、病理和其他营养型占比分别是 12.60%、9.76%、3.38%及 18.34%,其中主要生态功能群分别为未定义腐生真菌(9.73%)、外生菌根真菌(8.89%)、植物病原菌(3.34%)及腐生-共生营养型(8.92%)。

2.3　荒漠土壤真菌群落的环境相关性

通过分析,发现塔里木盆地荒漠土壤理化性质异质性较大(表 3)。巴楚县荒漠土壤 pH 显著低于其他样地(P<0.05)。巴楚县与皮山县的荒漠土壤含水量最高,显著高于民丰县和且末县(P < 0.05)。和田县荒漠土壤电导率最高,显著高于其他样地(P<0.05),皮山县、巴楚县、且末县及民丰县依次递减,且差异显著(P<0.05)。皮山和民丰的荒漠土壤全氮含量显著高于其余三地(P<0.05)。皮山县荒漠土壤全磷含量最高,显著高于其他样地(P<0.05)。巴楚与和田荒漠土壤有机碳含量显著高于其余三地(P<0.05)。民丰荒漠土壤总碳含量最高,显著高于其他样地(P<0.05)。

表 3　塔里木盆地荒漠土壤理化性质

Table 3　Physical and chemical properties in desert soils of the Tarim Basin

样地 Pots	pH	土壤含水量 SWC%	土壤电导率 EC/(μS/cm)	全氮 TN/(g/kg)	全磷 TP/(g/kg)	有机碳 SOC/(g/kg)	全碳 TC/(g/kg)
BC	8.40±0.05d	9.33±4.38a	653.07±73.30c	0.13±0.03b	0.33±0.06c	0.63±0.12a	11.36±2.82c
PS	9.07±0.32ab	7.99±7.32a	812.73±35.67b	0.71±0.09a	0.71±0.05a	0.33±0.08b	12.61±3.42c
HT	9.16±0.07a	6.95±1.14ab	1003.27±86.90a	0.11±0.05b	0.39±0.35b	0.73±0.34a	14.03±3.46bc
MF	8.86±0.18c	3.65±0.71b	109.01±8.71d	0.74±0.26a	0.23±0.05d	0.34±0.06b	17.34±3.27a
QM	8.98±0.20b	3.72±0.13b	229.07±18.80e	0.16±0.29b	0.17±0.83e	0.36±0.08b	16.60±3.33ab

SWC:土壤含水量 Soil water content;EC:土壤电导率 Soil electrical conductivity;TN:全氮 Total nitrogen;TP:全磷 Total phosphorus;SOC:有机碳 Total organic carbon;TC:全碳 Total carbon;数值为平均值±标准差;不同小写字母表示差异显著(P<0.05)

不同地区荒漠土壤真菌群落的主要环境影响因子存在差异。地理位置、气候因子及土壤理化性质对土壤真菌群落组成的总解释量为 33.03%。皮山与和田荒漠土壤真菌群落主要受土壤全磷含量和年均气温的影响,影响且末荒漠土壤真菌群落的关键环境因素是年均日照时数,民丰县荒漠土壤真菌群落主要受土壤总碳、全氮含量及经度驱动,巴楚荒漠土壤真菌群落受土壤有机质含量影响较大(图 6)。

相关性热图仅列出与环境存在显著相关性且相对丰度前 20 的土壤真菌属(图 7)。环境因子和土壤真菌关系较为复杂,土壤因子中壤全氮、全磷、电导率和 pH 等影响的真菌属较多,气候因子中年均气温、年均降水量与土壤真菌多表现为正相关,而年均日照时数与多数属成负相关。*Vishniacozyma*、*Stolonocarpus*、毛壳菌属及毛球壳属与年均气温和年均降水量极显著正相关(P<0.001),与年均日照时数和经度极显著负相关(P<0.01)。拟鬼伞属 *Coprinopsis*、裂殖壶菌属 *Schizothecium* 与年均温极显著正相关(P<0.001),与年均日照时数极显著负相关(P<0.001)。隐球菌属 *Cryptococcus* 和曲霉菌属 *Aspergillus* 与年均日照时数极显著负相关(P<0.001)。未鉴定属与年均气温极显著负相关(P<0.01),与年均日照时数极显著正相关(P<0.01)。被孢霉属 *Mortierella*、*Acephala*、红曲霉属 *Monascus* 与年均温和年均降雨量呈不同程度的负相关,而与年均日照时数和经度呈不同程度的正相关。真菌群落与土壤理化因子也存在不同的相关性,毛壳菌属与土壤全磷、土壤电导率、土壤有机质等极显著正相关(P<0.01),与土壤全碳极显著负相关(P<0.001)。毛球壳属与土壤全磷、土壤电导率及土壤 pH 等呈极显著正相关(P<0.01)。曲霉菌属、拟鬼伞属与土壤 pH 等极显著正相关(P<0.01)。裂

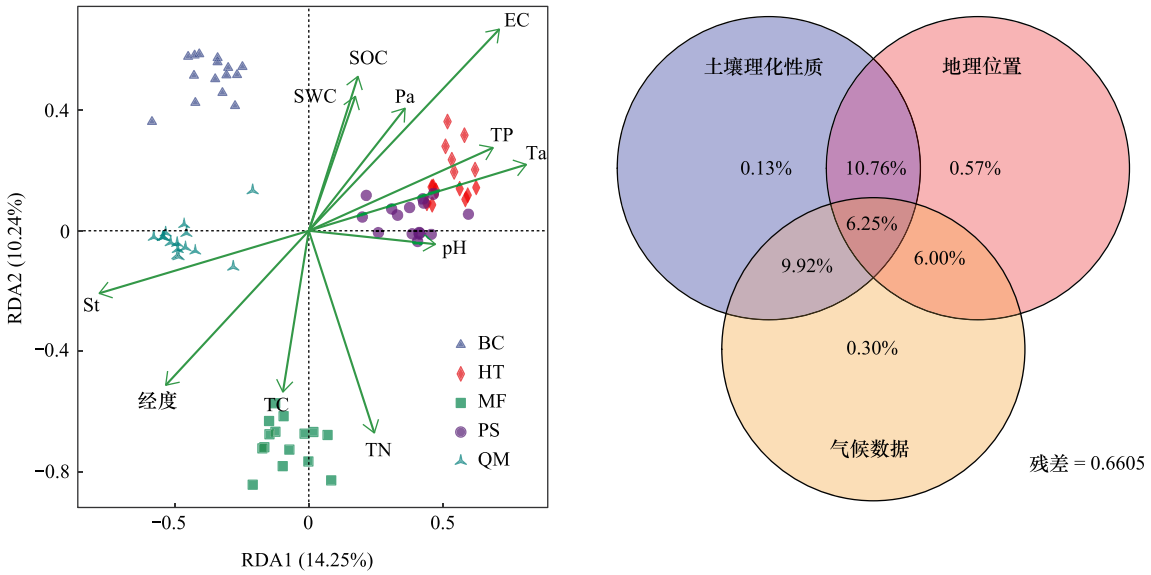

图 6 塔里木盆地荒漠土壤真菌群落结构与环境因子的冗余分析(RDA)及方差分析(VPA)

Fig.6 Redundancy analysis (RDA) and variance partitioning analysis (VPA) on the relationship between fungal community structure and environmental factors in Tarim Basin desert soils

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo;St:年均日照时数;pH:土壤酸碱度;Pa:年均降水量;EC:土壤电导率;TP:土壤全磷;Ta:年均气温;SWC:土壤含水率;SOC:土壤有机碳; TN:土壤全氮;TC:土壤全碳

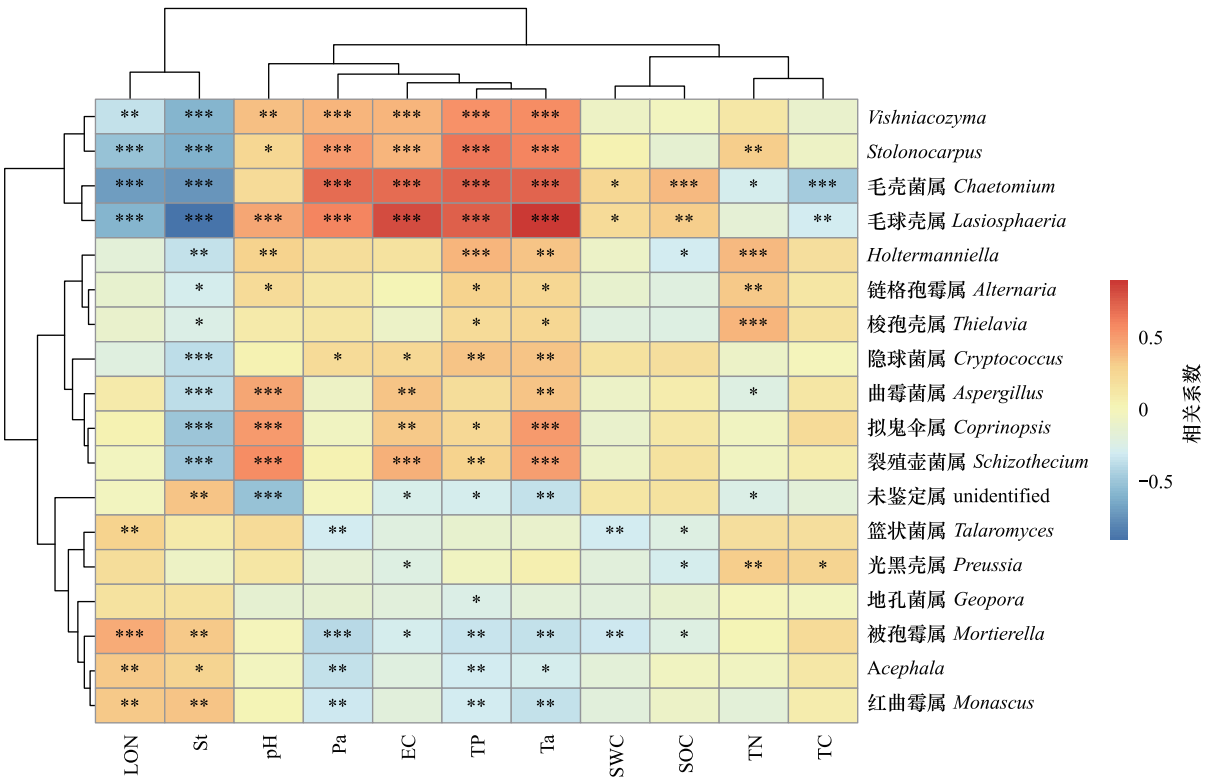

图 7 塔里木盆地荒漠土壤真菌属与环境因子相关性分析

Fig.7 Correlation analysis between desert soil fungal genera and environmental factors of the Tarim Basin

BC:巴楚 Bachu;PS:皮山 Pishan;HT:和田 Hotan;MF:民丰 Minfeng;QM:且末 Qiemo; * 表示相关性显著,$P<0.05$, ** 表示相关性极显著,$P<0.01$, *** 表示相关性极显著,$P<0.001$;LON:经度;St:年均日照时数;pH:土壤酸碱度;Pa:年均降水量;EC:土壤电导率;TP:土壤全磷;Ta:年均气温;SWC:土壤含水率;SOC:土壤有机碳; TN:土壤全氮;TC:土壤全碳

殖壶菌属与土壤电导率和土壤 pH 呈极显著正相关($P<0.01$)。*Vishniacozyma* 和 *Stolonocarpus* 与土壤全磷、土壤电导率呈极显著正相关($P<0.01$)。梭孢壳属与土壤全氮极显著正相关($P<0.01$)。*Holtermanniella* 与土壤全磷及土壤全氮呈极显著正相关($P<0.01$)。未鉴定属 unidentified 与土壤 pH 呈极显著负相关($P<0.01$)。

塔里木盆地荒漠土壤真菌 α 多样性与土壤 pH 呈极显著正相关性($P<0.01$)(表 4),Shannon 指数和 Pielou 指数与年均降水量呈显著负相关($P<0.05$)。共生营养型真菌相对丰度与气候因子呈极显著正相关($P<0.01$),与土壤电导率呈显著负相关($P<0.05$)。腐生营养型真菌相对丰度和土壤 pH 呈极显著正相关($P<0.01$),与年均日照时数呈显著正相关($P<0.05$)。病理营养型真菌相对丰度仅和年均降水量呈显著负相关($P<0.05$)。病理腐生营养型真菌相对丰度和土壤全碳含量呈极显著正相关($P<0.01$),和年均降水量和土壤含水量呈显著负相关($P<0.05$)。病理腐生共生营养型真菌相对丰度只和土壤全氮含量呈显著正相关($P<0.05$)。腐生共生营养型真菌相对丰度与土壤电导率以及年均温呈显著负相关($P<0.05$),和年均日照时数和年均降水量呈极显著正相关($P<0.01$)。

表 4　塔里木盆地荒漠土壤真菌多样性和营养型相对丰度与土壤理化性质和气候因子的相关性

Table 4　Correlations between desert soil fungal diversity and trophic mode relative abundance with soil physicochemical properties and climate factors in the Tarim Basin

	pH	土壤含水量 SWC/%	土壤电导率 EC/(μS/cm)	全氮 TN/(g/kg)	全磷 TP/(g/kg)	有机碳 SOC/(g/kg)	全碳 TC/V(g/kg)	年均气温 Ta/℃	年均日照时数 St/h	年均降水量 Pa/mm
Shannon 指数 Shannon index	0.432**	−0.308	−0.151	0.201	0.015	−0.186	0.319	0.081	0.046	−0.352*
Simpson 指数 Simpson index	0.513**	−0.222	−0.055	0.231	0.155	−0.195	0.246	0.084	−0.043	−0.298
Pielou 指数 Pielou index	0.406**	−0.287	−0.167	0.231	0.056	−0.209	0.324	0.005	0.027	−0.334*
共生营养型 Symbiotroph	0.123	−0.239	−0.376*	−0.034	−0.324	−0.207	0.254	0.423**	0.448**	0.465**
腐生营养型 Saprotroph	0.394**	−0.140	0.021	0.304	0.004	−0.048	0.194	0.345	0.326*	−0.161
病理营养型 Pathotroph	0.172	−0.206	−0.227	−0.015	−0.235	−0.061	0.094	−0.176	0.196	−0.352*
病理-腐生营养型 Pathotroph-Saprotroph	0.080	−0.345*	−0.312	0.078	−0.190	−0.131	0.427**	−0.219	0.230	−0.334*
病理-腐生-共生营养型 Pathotroph-Saprotroph-Symbiotroph	0.096	−0.206	−0.268	0.368*	0.052	−0.260	0.130	−0.104	0.098	−0.133
病理-共生营养型 Pathotroph-Symbiotroph	0.172	−0.128	−0.176	−0.079	−0.095	−0.077	0.232	−0.230	0.253	−0.309
腐生-共生营养型 Saprotroph-Symbiotroph	0.108	−0.247	−0.338*	−0.010	−0.263	−0.246	0.265	0.387*	0.409**	−0.405**

Ta:年均气温 Annual mean temperature;St:年均日照时数 Mean annual sunshine duration;Pa:年均降水量 Mean annual precipitation;* 表示相关性显著,$P<0.05$,** 表示相关性极显著,$P<0.01$,*** 表示相关性极显著,$P<0.001$

3　讨论

3.1　荒漠土壤真菌群落结构与组成

本文试验研究发现,塔里木盆地荒漠土壤真菌群落多样性呈现显著空间分异特征。巴楚荒漠土壤真菌 α 多样性显著低于其余四地。这可能是由于土壤真菌群落 α 多样性主要受土壤性质的影响[25],尤其是土壤 pH 通过影响土壤养分的有效性,加剧微生物之间的竞争,从而对真菌群落的生存和生长构成生理限制[26]。巴楚荒漠土壤 pH 显著低于其余四地,且三种 α 多样性指数与土壤 pH 极显著正相关,说明碱性土壤中真菌群

落 α 多样性较高。年均降水量与 Shannon 和 Pielou 指数呈负相关,这可能是由于降水通过淋溶盐分降低了土壤 pH[27],从而影响土壤真菌多样性。塔里木盆地荒漠土壤 β 多样性差异显著,这是由于土壤真菌 β 多样性受环境差异和地理距离影响[28]。地理位置相近的且末和民丰地区荒漠土壤真菌的群落结构相似,皮山与和田地区荒漠土壤真菌的群落结构相似,而巴楚荒漠土壤真菌的群落结构与其他四县差异显著。

塔里木盆地荒漠土壤真菌群落的优势菌门为子囊菌门和担子菌门,且子囊菌门占绝对优势。这两类真菌多为腐生菌,它们是干旱生态系统中碳和氮循环的重要驱动者[17,29]。子囊菌门真菌可产生厚壁的休眠孢子(如厚垣孢子)或抗逆性孢子(如具有褐色素的暗色孢子),能够更好地抵御沙漠环境压力[30—31];同时,担子菌门对于纤维素、木质素等复杂结构物质的降解能力较强[32]。在本研究中发现较多未识别的菌门,同时在属水平上未鉴定属(unidentified)在每个样地中相对丰度都最高,说明塔里木盆地荒漠土壤中具有较多尚未分类和未识别的真菌,表明沙漠极端环境催生了很多特有的土壤真菌类群。未鉴定属真菌高比例隶属于格孢菌目并非偶然,可能是该目真菌广适性进化策略与荒漠极端环境筛选压力共同作用的结果[33]。毛壳菌属真菌在和田、皮山及巴楚三县的荒漠土壤真菌中占优势,其不但对许多土传病原物具有抑制作用,还具有较强的纤维素降解能力[29],因此,对荒漠土壤中碳循环产生积极影响。*Stolonocarpus* 属是皮山荒漠土壤真菌的优势属,与肖方南等对塔里木河下游荒漠土壤真菌的研究结果相似[34]。*Holtermanniella* 属也是皮山荒漠土壤真菌的优势属,其菌株大多分离自植物体表,能够在荒漠土壤中定殖,可能是其微进化产生适应性变化的结果[35]。光黑壳属真菌是民丰荒漠土壤真菌的特有优势属,该菌为腐生共生营养型真菌,不仅能够分解植物残体、枯枝落叶等有机物质,还可与植物根系建立密切联系,帮助植物吸收水分和养分,对荒漠植被的生长具有积极意义[36]。毛球壳属是和田荒漠土壤真菌的特有的优势属,可分泌纤维素酶、木质素酶等来降解复杂的有机化合物,进而促进了荒漠生态系统中的物质循环和生态平衡[37]。

在塔里木盆地荒漠土壤中腐生营养型真菌相对丰度较高,且以未定义腐生营养型真菌为主要生态功能群。腐生真菌能够降解植物枯落物和动物粪便等有机质,可借助其腐生营养能力在低碳营养环境中获得优势[38]。并且它们可以降解死亡的细胞降低土壤有机质储存[39],在调控荒漠土壤有机质碳库方面发挥着重要作用。在塔里木盆地荒漠土壤中,病理营养型真菌含量较低,主要是由于腐生菌具备利用多样化有机碳源(如根际分泌物、凋落物)的能力,在资源竞争中占据优势,同时荒漠土壤高 pH 环境抑制病原菌胞外酶活性,进而挤压病理营养型真菌生态位所致[5,35]。另外,病理营养型真菌丰度低也与荒漠地生长的植物的抗性较强有密切关系。且末县荒漠土壤中共生营养型真菌相对丰富较大,共生营养型真菌通过和植物建立的共生(如菌根)生态学机制增强寄主植物的抗逆性,有利于提高荒漠土壤中寄主植物对生境的适应能力[40]。其他荒漠土壤中共生营养型真菌占比较少,可能是由于土壤电导率高,易破坏菌丝膜通透性抑制共生效率,从而导致丰度下降[29]。本研究中仍有大比例的生态功能真菌没有注释出来,可能是荒漠土壤真菌的更多生态功能还有待完善。在复合营养型真菌中,病理-腐生-共生营养型、病理-腐生营养型及腐生-共生营养型真菌为优势功能类群。真菌群落为了适应荒漠极端环境(如紫外线、温度、寡营养环境等),在其生活史中不停地改变营养方式,呈现出同一真菌具有多样的功能营养型的现象[41]。

3.2 荒漠土壤真菌群落与环境因素间的相关关系

土壤理化性质、气候及地理位置等是影响土壤真菌群落组成的重要预测因子[42]。不同土壤真菌属和营养型与环境因子之间的相关性存在差异,这可能是不同菌属真菌的生理特性和生活习性不同,对环境表现出不同的偏好性。通过对荒漠土壤真菌群落结构与环境因子的相关分析,发现土壤全氮、全磷、土壤电导率及土壤 pH 是影响土壤真菌群落结构的主要土壤理化因子。氮、磷元素对微生物的生存适应机制影响较大,氮磷养分含量会影响真菌的生长速率、繁殖能力及竞争能力,从而影响荒漠土壤真菌群落的结构和功能[43]。荒漠地区持续的干旱和高强度的太阳辐射,促成了盐碱化严重的土壤环境。腐生营养型真菌与土壤 pH 呈极显著正相关,这是因为荒漠土壤中腐生营养型真菌多属于子囊菌门,有研究指出子囊菌门在 pH 较高的土壤中丰度更高[44]。土壤真菌 α 多样性与 pH 呈极显著正相关($P<0.01$),原因可能是 pH 升高通过促进有机质矿化来

提高碳源有效性,进而为更多腐生真菌类群的生长提供资源基础。未鉴定属与 pH 负相关($P<0.01$),表明荒漠土壤中相对低 pH 的微环境可能通过选择压力(如铝毒胁迫)驱动了特定未知真菌类群的适应性进化。土壤电导率与土壤 pH、水分等因素相互关联,高电导率可能伴随荒漠土壤盐碱化,本研究中多数土壤真菌属与土壤电导率成显著正相关,表现出荒漠土壤真菌的嗜盐特性。相对于其他环境因子,受土壤含水量影响的优势真菌较少,这可能是因为在土壤含水量较低的情况下真菌产生更多菌丝并能保持稳定,进而减轻水分胁迫对真菌生长的限制[45—46]。

本研究基于多年平均气候数据(2012—2022 年)和夏季活跃期采样,有效解析了真菌群落对区域气候梯度的响应特征;但单次取样未能涵盖季节动态,需要未来多季节监测深化认识。本研究发现多数荒漠土真菌属与年均温度呈显著正相关,这可能是干旱导致土壤真菌群落结构的重组,对水分和温度较为敏感的真菌则可能减少或消失,而适应干旱和高温的真菌可能会占据优势地位[47];多数荒漠土壤真菌属与年均日照时数呈显著负相关,年均日照时数直接左右着土壤温度的变化以及植物的生长态势,而这些因素又与土壤真菌的代谢活动紧密交织、相互影响[48]。未鉴定属真菌与年均日照正相关,暗示其可能具有光保护或耐干旱胁迫的代谢特征。在本研究中发现,共生营养型真菌的相对丰度与包括年均日照时数在内的气候因子呈现出极显著的正相关关系,这进一步证实了年均日照时数通过影响植物根系发育,间接调控土壤真菌生态功能的重要作用机制。真菌群落组成与降水之间存在复杂的关系,这是由于不同真菌种类对降水变化的适应性不同[49],降水变化有直接的环境效应,也包括通过植物群落和土壤 pH 等因子的间接效应[50]。本研究中共生营养型真菌相对丰度与年均降水量呈极显著正相关,病理营养型真菌相对丰度与年均降水量呈负相关趋势。这种相关性可以解释为降水增加的情况下,植物生长旺盛,根系分泌物增多,可能会促进一些与植物共生或互惠共生的真菌的生长;而在干旱少雨条件下,植物生长被削弱,病理营养型真菌定殖有了可乘之机。塔里木盆地不同县的荒漠土壤真菌功能群具有较强的空间异质性,如且末县荒漠土壤真菌各营养型真菌的相对丰度较均匀,而其他县有所不同,这与地理位置导致的环境差异密切相关。地理位置相近地区荒漠土壤真菌群落结构相似,其功能群也具有相似性,说明地理位置差异可能导致生态环境差异,从而影响土壤真菌功能群。

4　结论

(1)本研究揭示了塔里木盆地荒漠土壤真菌群落结构存在显著空间异质性及其环境驱动机制。巴楚县荒漠土壤真菌 α 多样性指数显著低于其他区域($P<0.05$)。β 多样性呈显著空间分异模式,表现为邻近区域间的真菌群落相似性较高。真菌群落组成以子囊菌门和担子菌门为主,未鉴定属的相对丰度占比最高。营养型分析表明,腐生营养型和其他营养型真菌为全域优势功能类群,病理型和共生营养型真菌的丰度显著偏低,而且末县表现出独特的营养型均衡分布格局,说明局域环境对真菌功能分异具有调控作用。

(2)环境因子对真菌多样性及群落构建的调控效应存在多维分异特征。荒漠土壤真菌的 α 多样性指数与土壤 pH 呈极显著正相关,表明碱性生境更利于真菌多样性的维持。优势菌属分布受土壤全氮、全磷、电导率、pH、年均气温、年均降水量及年均日照时数等诸多环境因子驱动。基于方差分解分析(VPA),地理位置、气候因子和土壤理化性质的联合解释率达 33.03%,证实荒漠土壤真菌群落构建是地理隔离与环境过滤共同作用的结果。

(3)荒漠土壤真菌功能群对环境因子的响应呈显著营养类型特异性。共生营养型真菌相对丰度主要受气候因子调控,并与土壤电导率呈显著负相关($P<0.05$),反映其生态适应性受气候因子促进及土壤水盐胁迫。腐生营养型真菌的相对丰度和土壤 pH 及年均日照时数呈极显著正相关($P<0.01$),提示碱性环境与光热资源通过促进有机质分解驱动其生态位分异。病理营养型真菌的相对丰度和年均降水量呈显著负相关($P<0.05$),可能源于干旱胁迫对宿主-病原体互作网络的抑制作用。

参考文献(References):

[1] He D, Guo Z M, Shen W J, Ren L J, Sun D, Yao Q, Zhu H H. Fungal communities are more sensitive to the simulated environmental changes

than bacterial communities in a subtropical forest: the single and interactive effects of nitrogen addition and precipitation seasonality change. Microbial Ecology, 2022, 86(1): 521-535.

[2] Nguyen H N, Song Z, Bates T S, Branco S, Tedersoo L, Menke J, Schilling S J, Kennedy G P. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. Fungal Ecology, 2016, 20: 241-248.

[3] Li X L, Qu Z L, Zhang Y M, Zhang Y M, Ge Y, Sun H. Soil fungal community and potential function in different forest ecosystems. Diversity, 2022, 14(7): 520.

[4] 孟兆云, 李敏, 杨勋爵, 吕桂芬, 牛艳芳, 张亚萍. 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. 生态学报, 2023, 43(1): 38-47.

[5] Yuan M M, Kakouridis A, Starr E, Nguyen N, Shi S J, Pett R J, Nuccio E, Zhou J Z, Firestone M. Fungal-bacterial cooccurrence patterns differ between arbuscular mycorrhizal fungi and nonmycorrhizal fungi across soil niches. mBio, 2021, 12(2): e03509-20.

[6] Chen J, Shi Z M, Liu S, et al. Altitudinal variation influences soil fungal community composition and diversity in alpine-gorge region on the eastern Qinghai-Tibetan Plateau. Journal of Fungi, 2022, 8(8): 807.

[7] Li S, Shakoor A, Wubet T, Zhang N L, Liang Y, Ma K P. Fine-scale variations of fungal community in a heterogeneous grassland in Inner Mongolia: Effects of the plant community and edaphic parameters. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 122: 104-110.

[8] Ming J, Yibo T, Rui G, Li S Y, Guo J X, Zhang T. Effects of warming and nitrogen addition on soil fungal and bacterial community structures in a temperate meadow. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1231442.

[9] Huang Q, Jiao F, Huang Y, Li N, Wang B R, Gao H, An S S. Response of soil fungal community composition and functions on the alteration of precipitation in the grassland of Loess Plateau. Science of the Total Environment, 2021, 751: 142273.

[10] Niko J C, K. K C. Evidence for a fungal loop in shrublands. Journal of Ecology, 2021, 109(4): 1842-1857.

[11] 薛晖, 杨榕, 秦文昊, 董倩倩, 计占权, 贾阳阳. 冬季积雪变化背景下 AM 真菌对荒漠土壤胞外酶活性的影响. 土壤学报, 2025, 62(1): 285-296.

[12] 庞志强, 余迪求. 干旱胁迫下的植物根系-微生物互作体系及其应用. 植物生理学报, 2020, 56(2): 109-126.

[13] 李善家, 王福祥, 从文倩, 魏明, 王军强, 崔莉娟, 王子濠. 河西走廊荒漠土壤微生物群落结构及环境响应. 土壤学报, 2022, 59(6): 1718-1728.

[14] 徐鹏, 荣晓莹, 刘朝红, 杜芳, 尹本丰, 陶冶, 张元明. 极端干旱对温带荒漠土壤真菌群落和生态网络的影响. 生物多样性, 2022, 30(3): 70-83.

[15] Huang G, Li Y, Su Y G. Effects of increasing precipitation on soil microbial community composition and soil respiration in a temperate desert, Northwestern China. Soil Biology and Biochemistry, 2015, 83: 52-56.

[16] Hu Y G, Wang Z R, Zhang Z S, Song N P, Zhou H K, Li Y K, Wang Y N, Li C S, Lauren H. Alteration of desert soil microbial community structure in response to agricultural reclamation and abandonment. Catena, 2021, 207: 105678.

[17] 王亚妮, 胡宜刚, 王增如, 李昌盛. 开垦对阿拉尔绿洲盐渍化荒漠土壤微生物群落的影响. 中国沙漠, 2021, 41(6): 126-137.

[18] 岳雪娇, 黄沛, 李永华, 李文立, 邱贵福, 张秀凤, 李庆恩, 姚斌. 中国干旱半干旱区土壤微生物分布特征及其影响因素. 世界林业研究, 2022, 35(4): 64-69.

[19] 加沙来提·阿塔吾拉, 鲁艳, 张波, 张志浩, 李利. 塔里木盆地南缘绿洲-沙漠过渡带 8 种植物 C、N、P 生态化学计量特征的季节变化. 生态学报, 2024, 44(19): 8605-8616.

[20] 姚佳妮, 代金霞, 刘爽, 张钧杰, 胡明珠. 宁夏荒漠草原典型灌丛根际土壤细菌群落结构与功能. 生态学报, 2024, 44(20): 9285-9299.

[21] 鲍士旦. 土壤农化分析. 第 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.

[22] 王梅鑫, 刘良旭, 王少昆, 陈敏, 马旭君, Khaulenbek A, 郭珍林, 张晓雪, 曲浩. 恢复措施对退化荒漠草原植被与土壤的影响.中国沙漠, 2025, 45(4): 295-304.

[23] 邵磊磊, 颜培轩, 叶思琪, 张瑞, 白灏, 施光耀, 胡杨, 倪细炉. 贺兰山东坡丛枝菌根真菌群落结构及多样性特征及其与环境因子的关系. 生态学报, 2026, (1): 1-13. https://doi.org/10.20103/j.stxb.202501160140.

[24] 赵珮杉, 郭米山, 高广磊, 丁国栋, 张英, 任悦. 半干旱-亚湿润干旱沙区樟子松根内真菌群落结构和功能时空动态特征. 环境科学, 2023, 44(1): 502-511.

[25] Geml J, Arnold A E, Semenova-Nelsen T A, Nouhra E R, Drechsler-Santos E R, GóesNeto A, Morgado L N, Ödor P, Hegyi B, Grau O, Ibáñez A, Tedersoo L, Lutzoni F. Community dynamics of soil-borne fungal communities along elevation gradients in neotropical and Palaeotropical forests. Molecular Ecology, 2022, 31(7): 2044-2060.

[26] Zhang T, Wang N F, Liu H Y, Zhang Y Q, Yu L Y. Soil pH is a key determinant of soil fungal community composition in the Ny-Ålesund Region, Svalbard (High Arctic). Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 227.

[27] Kang X M, Yan Z Q, Hao Y B, Kang E Z, Yang A, Niu Y C, Li M, Li Y, Yan L, Zhang X D, Zhang K R. Divergent regulating modes of

greenhouse gas emissions at different soil layers under altered precipitation regime. Catena, 2024, 239: 107953.

[28] Egidi E, Delgado-Baquerizo M, Plett M J, Wang J T, Eldridge J D, Bardgett D R, Maestre T F, Singh K B. A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide. Nature Communications, 2019, 10(1): 1-9.

[29] 郑志玉, 郭晓雯, 闵伟. 不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应.环境科学, 2024, 45(1): 520-529.

[30] Geng X Z, Zuo J C, Meng Y H, Zhuge Y H, Zhu P, Wu N, Bai X F, Ni G Y, Hou Y P. Changes in nitrogen and phosphorus availability driven by secondary succession in temperate forests shape soil fungal communities and function. Ecology and Evolution, 2023, 13(10): e10593-e10593.

[31] 秦家凤, 李阳, 刘广全, 艾宁, 刘长海. 煤矿复垦区不同恢复年限沙棘人工林土壤真菌群落特征. 土壤通报, 2022, 53(6): 1413-1420.

[32] Tang K, Yuan B, Lai Q L, Wang R G, Bao H Z, Feng F Y. Hymenobacter terrenus sp. nov., isolated from biological soil crusts. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2015, 65(12): 4557-4562.

[33] An J Q, Fan C L, Fu Z Y, Zhang H P, Yang P. Analyses of the complete mitochondrial genome of Paraconiothyrium sp. and gene rearrangement diversity in the pleosporales. Diversity, 2022, 14(8): 601.

[34] 肖方南, 姜梦, 李媛媛, 党寒利, 彭梦文, 庄丽. 塔里木河下游柽柳灌丛土壤真菌群落结构及多样性分析. 干旱区地理, 2021, 44(3): 759-768.

[35] 周雅雯, 白莹莹, 阚泽宇, 王珍, 张艳, 倪永清. 天山乌鲁木齐河源 1 号冰川不同海拔可培养空气源酵母菌系统发育及多样性研究. 冰川冻土, 2021, 43(2): 589-600.

[36] Wang Y, Liu Y, Li J, Bai S J, Tian T. Fungal community composition and diversity in the rhizosphere soils of Argentina (syn. Potentilla) Anserina, on the Qinghai Plateau. Fungal Ecology, 2021, 54: 101107.

[37] Marin-Felix Y, Miller A N, Cano-Lira J F, Guarro J, García D, Stadler M, Huhndorf S M, Stchigel A M. Re-evaluation of the order sordariales: delimitation of Lasiosphaeriaceae s. str., and introduction of the new families Diplogelasinosporaceae, Naviculisporaceae, and Schizotheciaceae. Microorganisms, 2020, 8(9): 1430.

[38] Guo Z, Zhang X, Dungait J A J, Green S M, Quine T A. Contribution of soil microbial necromass to SOC stocks during vegetation recovery in a subtropical karst ecosystem. Science of the Total Environment, 2021, 761: 143945.

[39] 陈慧, 王楠, 丁斌乐, 谢婷思, 白尚斌. 毛竹扩张对常绿阔叶林土壤真菌群落的影响. 生态学报, 2025, 45(9): 4263-4275.

[40] 刘心葵, 武崇高, 刘雪峰, 刁桂萍. 不同地区樟子松枯梢病林下土壤真菌多样性. 森林工程, 2024, 40(6): 41-52.

[41] 陈羽彤, 张利敏, 王思琪, 周利军. 冻融季温带森林土壤真菌群落结构及功能类群对不同土壤有机碳输入的响应. 生态学报, 2024, 44(6): 2244-2255.

[42] 谢祎, 闫元元, 田兴武, 曲继松, 张丽娟, 朱倩楠, 赵军, 张金波, 蔡祖聪, 黄新琦. 宁夏设施栽培对土壤真菌群落结构和功能的影响. 生态学报, 2024, 44(18): 8383-8396.

[43] Fisseha A, Tamrat B, Zerihun B, Kebede F. Soil physicochemical property and arbuscular mycorrhizal fungi resilience to degradation and deforestation of a dry evergreen Afromontane forest in central Ethiopia. Land Degradation & Development, 2021, 32(11): 3338-3350.

[44] 杨虎, 王佩瑶, 李小伟, 王继飞, 杨君珑. 贺兰山东坡不同植被类型的土壤真菌多样性及其群落结构. 生态环境学报, 2022, 31(2): 239-247.

[45] Gao Y, Xu X T, Ding J J, Bao F, De Costa Y G, Zhuang W Q, Wu B. The responses to long-term water addition of soil bacterial, archaeal, and fungal communities in a desert ecosystem. Microorganisms, 2021, 9(5): 981.

[46] Canarini A, Fuchslueger L, Schnecker J, Metze D, Nelson B D, Kahmen A, Watzka M, Pötsch M E, Schaumberger A, Bahn M, Richter A. Soil fungi remain active and invest in storage compounds during drought independent of future climate conditions. Nature Communications, 2024, 15(1): 10410.

[47] Ignacio J Q, Klaus S, Álvaro L, Sara O, Iván P, Heijden M G A van der, Alguacil, M D M. Lower relative abundance of ectomycorrhizal fungi under a warmer and drier climate is linked to enhanced soil organic matter decomposition. The New Phytologist, 2021, 232(3): 1399-1413.

[48] Zhang H, Yin Q, Nakajima T, Makiko M N, Lu P, He J H. Influence of changes in solar radiation on changes of surface temperature in China. Acta Meteorologica Sinica, 2013, 27(1): 87-97.

[49] 赵莹, 李建平, 王誉陶, 张翼, 赵雅欣, 罗叙. 短期降水变化对荒漠草原土壤微生物群落的影响.生态学报, 2025, 45(1): 64-79.

[50] 郭蓉, 吴旭东, 王占军, 蒋齐, 俞鸿千, 贺婧, 刘文娟, 马琨. 荒漠草原土壤细菌和真菌群落对降水变化的响应. 应用生态学报, 2023, 34(6): 1500-1508.