

城乡不同绿地中毛白杨土壤及根系真菌群落结构研究

满孝武¹, 于健², 员媛^{1*}

1 北京林业大学生态与自然保护学院微生物研究所, 北京 100083

2 江苏农林职业技术学院风景园林学院, 江苏 句容 212400

摘要: 土壤微生物在土壤养分循环和能量流动等生物过程中起着重要的作用, 并且能敏感地响应环境条件的变化。本研究以天津市宝坻区毛白杨 *Populus tomentosa* 为研究对象, 探究 3 种不同环境条件(社区绿地 CG、公园绿地 PG 和高速公路旁绿地 HG)对毛白杨土壤和根系真菌群落结构的影响。研究结果表明, 3 个绿地间土壤真菌 Shannon 多样性指数存在显著差异(HG>CG>PG); 但根系真菌 Shannon 多样性指数无显著差异; 此外, 不同环境条件对真菌群落的组成起着重要作用。毛白杨土壤和根系真菌群落组成主要为丝盖伞属 *Inocybe*、地孔块菌属 *Geopora*、被孢霉属 *Mortierella*、棉革菌属 *Tomentella*、蓝状菌属 *Talaromyces*、块菌属 *Tuber*、层腹菌属 *Hymenogaster*、链格孢属 *Alternaria*、革菌属 *Thelephora*、克努夫菌属 *Knufia* 和桩菇菌属 *Paxillus* 等, 且差异分析表明丝盖伞属 *Inocybe*、棉革菌属 *Tomentella* 和地孔块菌属 *Geopora* 的相对多度在 3 个样地中差异显著。比较分析土壤和根系样品发现土壤真菌群落 α 多样性显著高于根系真菌群落, 两部位的真菌群落结构存在显著差异, 块菌属 *Tuber* 的相对多度在根系样品中显著高于土壤样品。真菌群落功能预测表明腐生功能类群在不同环境条件下和不同部位间均存在显著差异。研究结果阐述了环境变化对土壤微生物群落中真菌组的影响, 为森林生态系统的保护和林地可持续发展提供重要理论依据。

关键词: 毛白杨; 真菌多样性; 群落结构; Illumina MiSeq 测序; 功能预测

[引用本文] 满孝武, 于健, 员媛, 2022. 城乡不同绿地中毛白杨土壤及根系真菌群落结构研究. 菌物学报, 41(10): 1531-1545
Man XW, Yu J, Yuan Y, 2022. The fungal community structure in the rhizosphere soil and root of *Populus tomentosa* in different plantations. Mycosystema, 41(10): 1531-1545

基金项目: 江苏省高等学校自然科学研究面上项目(20KJB170019); 国家自然科学基金(31530002)

Supported by the Natural Science Research General Project of Jiangsu Province of China (20KJB170019) and the National Natural Science Foundation of China (31530002).

*Corresponding author. E-mail: yuanyuan1018@bjfu.edu.cn

ORCID: MAN Xiaowu (0000-0001-9290-9710), YU Jian (0000-0002-8933-0983), YUAN Yuan (0000-0001-6674-9848)

Received: 2022-01-20, accepted: 2022-02-11

The fungal community structure in the rhizosphere soil and root of *Populus tomentosa* in different plantations

MAN Xiaowu¹, YU Jian², YUAN Yuan^{1*}

1 Institute of Microbiology, School of Ecology and Nature Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China

2 School of Landscape Architecture, Jiangsu Vocational College of Agriculture and Forestry, Jurong 212400, Jiangsu, China

Abstract: Soil microorganisms play an important role in biological processes such as soil nutrient cycle and energy flow, and can respond sensitively to changes in environmental conditions. In this study, *Populus tomentosa* was used to explore the effects of three different environmental conditions (community greenbelt, CG; park greenbelt, PG; highway greenbelt, HG) on the structure of rhizosphere soil and root fungal communities. The results showed that there were significant differences in soil fungal diversity index among the three environmental conditions (HG>CG>PG), while there was no significant difference in fungal diversity index of root samples. Environmental conditions played an important role in the composition of fungal community. Fungal community of soil and root of *Populus tomentosa* was mainly composed of *Inocybe*, *Geopora*, *Mortierella*, *Tomentella*, *Talaromyces*, *Tuber*, *Hymenogaster*, *Alternaria*, *Thelephora*, *Knufia* and *Paxillus*. The relative abundance of *Inocybe*, *Tomentella* and *Geopora* was significantly different under different environmental conditions. Comparative analysis showed that the alpha diversity of fungal community in soil samples was significantly higher than that in root samples. There were significant differences in the structure of fungal community between soil and root samples. The relative abundance of *Tuber* in root samples was significantly higher than that in soil samples. The prediction of fungal community function revealed that there were significant differences in saprophytic functional groups under different environmental conditions and different compartments. This study clarified the effects of the changes of environmental conditions on soil fungal microbiome, and provided reference for forest ecosystem protection and sustainable development of forest land.

Keywords: *Populus tomentosa*; fungal diversity; community structure; Illumina MiSeq sequencing; function prediction

土壤微生物组十分复杂，主要由细菌和真菌组成。真菌作为自然生态系统的重要组成部分，在土壤微生物中发挥着重要作用(闫瑾等 2021)，参与生态系统的物质循环及能量流动，对植物生长和土壤健康至关重要(Navrátlová *et al.* 2019)。土壤真菌能将复杂有机物如有机碳等降解与转化为可供其他生物吸收利用的简单化合物，腐生类真菌会参与土壤腐殖化和矿

质化过程，对腐殖质和土壤团粒结构的形成起着十分重要的作用(刘会梅和张天宇 2008; Dai *et al.* 2021)。根系真菌群落包括了菌根真菌和内生真菌，菌根真菌作为共生真菌与植物形成密切的互作关系，这类真菌通过参与或调节植物与环境物质能量的交换影响着植物的生长、植物生物多样性和植物群落的结构(Ehrenfeld *et al.* 2005; 刘润进等 2009;

Govindarajulu *et al.* 2016); 内生真菌与宿主植物形成互利共生的关系, 可以调节宿主体内植物激素的水平, 从而发挥调控植物生长和协助宿主植物对抗恶劣环境的作用(刘圣越等 2021)。土壤及根系中的真菌群落复杂多变, 其多样性和群落结构也受到气候变化、土地利用方式、土壤质地类型和地上植被特性等复杂环境条件的影响(Schlöter *et al.* 2018; Saleem *et al.* 2019)。然而目前的研究多关注于环境条件对于植物地上部分的影响, 忽略了地下真菌组对环境条件变化的响应。

城乡森林作为人类密集居住区内的重要植被, 能够提供固碳释氧、减少空气中的污染物和消减噪音等多种生态功能服务, 还能吸附土壤中的重金属(如铅、铜等), 促进城乡土壤环境的恢复(Nowak 2000; Nowak & Dwyer 2007; Ailiyasi *et al.* 2014)。不同类型的绿地由于所处环境不同, 在城乡森林中扮演着不同的角色, 其功能也有差别。公路绿地树木处于污染较大的区域, 除了承担净化空气、防风护沙和调节小气候的作用外, 还需要承担修复土壤重金属的功能(徐学华等 2009; Zhang *et al.* 2019a)。社区绿地处于人口流动中心位置, 因此除改善人居住环境之外, 还需承担加速碳循环的功能(王新培 2016)。公园绿地一般与水体共同构成, 为了满足人们的需求, 通常会对这些绿地树木进行养护, 以达到树木健康和美观的效果(王雁等 2002; Zhang *et al.* 2019a)。在我国华北地区城乡森林常见的造林树种主要为杨柳科树木, 其中毛白杨 *Populus tomentosa* Carrière 因其材质优良、抗逆性强等特性成为华北城乡人工林的优势树种, 并且在城乡农业和林业景观中提供生态服务(Perry *et al.* 2001; Updegraff *et al.* 2004)。毛白杨生长受土壤养分、水分和光照等多种因素影响, 而目前对毛白杨在不同城乡绿地间的土壤真菌群落构成及

其功能更不清楚。

本研究以公路绿地、社区绿地和公园绿地中的毛白杨林为研究对象, 利用高通量测序技术研究土壤和根系真菌群落的组成, 比较分析我国华北地区重要的绿化树种毛白杨在不同环境条件下土壤及根系真菌群落组成和功能的差异, 旨在解析: (1) 不同环境条件下, 真菌组成和功能的差异; (2) 寄主选择性对于不同部位真菌组的影响。通过对 3 种绿地的地下真菌组成与功能差异的解析, 更清晰地了解环境变化对地下真菌的影响, 阐明环境条件对土壤及根系真菌组的影响。

1 材料与方法

1.1 采样地点和样品采集

采样地点位于天津市宝坻区潮白河流域内, 根据环境条件及毛白杨的生长状况, 选择绿地造林时间、立地条件和种植密度基本一致的 3 种地带作为实验样地, 分别位于宝平景苑小区附近(社区绿地 CG), 潮白河公园附近(公园绿地 PG)和津蓟高速附近(高速公路旁绿地 HG)(图 1, 表 1)。

2018 年 6–10 月, 采集毛白杨的土壤和根系样品用于真菌群落结构分析, 每个采样地点随机确定 5 棵毛白杨, 各取样点的间隔大于 10 m, 在距离树干 1–1.5 m 处用取土器钻取 15 cm 土芯, 土芯过 2 mm 筛装入自封袋, 同时收集植物根系, 抖落根系表面的土壤后, 装入自封袋获得植物根系样品, 所有样品放在装有冰袋的保温箱运回实验室。为保证采样时间间隔大致相同, 在每月 10–15 日进行采集, 每月每个样地采集土壤和根系样品各 5 份, 共采集土壤和根系样品各 75 份。

1.2 样品处理和 DNA 提取

1.2.1 土壤样品处理和 DNA 提取

分别将每个样地中相同时间采集的样品

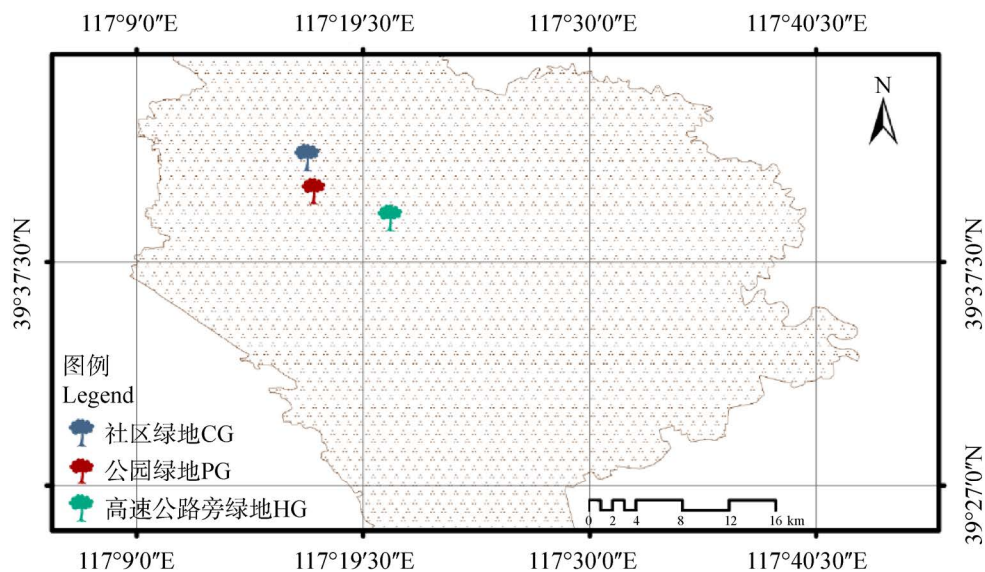


图 1 三个绿地地理位置
Fig. 1 Geographic location of three plantations of *Populus tomentosa* in Tianjin. CG: Community greenbelt; PG: Park greenbelt; HG: Highway greenbelt. The same below.

表 1 三个绿地样地信息概况
Table 1 General information of three plantations of *Populus tomentosa*

样地 Sample plot	面积 Area (m ²)	平均胸高直径 The mean diameter at breast height (cm)	土壤质地 Soil texture
社区绿地 CG	4 926	22.85	黏壤土 Clay loam
公园绿地 PG	6 413	23.45	壤质黏土 Loamy clay
高速公路旁绿地 HG	9 146	26.42	砂质壤土 Sandy loam

合并为一个样品，共获得土壤样品 15 份，用于后续土壤总 DNA 的提取。土壤总 DNA 提取采用 MAGEN 公司的 HiPure Soil DNA Kit 试剂盒，用 Nano Drop 2000 测定 DNA 的浓度和纯度。

1.2.2 根系样品处理和根系 DNA 提取

根系样品用流动清水清洗后，再用无菌水冲洗，并将根系样品剪成 2 cm 根段，在解剖镜下挑取根尖部分，放在装有 CTAB 缓冲液的离心管中保存，共获得根系样品 15 份，样品在 24 h 内完成 DNA 提取，采用 CTAB 法提取根尖基因组 DNA (Bainard *et al.* 2010)。

1.3 扩增和测序

合格的 DNA 样品送至苏州金唯智生物科技有限公司进行高通量测序，真菌 ITS2 区基因扩

增引物为 ITS86-F (5'-GTGAATCATCGARTC-3') 和 ITS4-R (5'-TCCTCCGCTTATTGAT-3')。25 μL 反应体系：TransStart Buffer 2.5 μL，dNTPs 2 μL，正反向 Primers 1 μL，TransStart *Taq* DNA 0.5 μL，模板 DNA 20 ng，ddH₂O 补至总体积 25 μL。PCR 反应参数：94 °C 预变性 5 min；94 °C 变性 30 s，57 °C 退火 30 s，72 °C 延伸 30 s，25 个循环；72 °C 终延伸 5 min。使用 Agilent 2100 生物分析仪(Agilent Technologies) 检测文库量，并且通过 Qubit 检测文库浓度。DNA 文库混合后，按 Illumina MiSeq (Illumina) 仪器进行 PE250 双端测序，由 MiSeq 自带的 MiSeq Control Software (MCS)读取序列信息。测序原始数据上传至 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>，项目号为 PRJNA787666。

1.4 序列处理和生物信息分析

利用 Mouter、QIIME2 (Bolyen *et al.* 2019) 对原始下机数据进行样本拆分、质量控制、嵌合体去除、去噪和注释(Nilsson *et al.* 2018)等, 利用真菌功能预测脚本 Guilds_v1.1.py (<https://github.com/UMNFuN/FUNGuild>)对真菌功能进行预测(Nguyen *et al.* 2016)。利用 IBM SPSS 26 和 RStudio 4.0.3 (Zhang *et al.* 2019b)等软件进行结果处理及生物信息学分析(Liu *et al.* 2020; Liu *et al.* 2021)。

2 结果与分析

2.1 不同绿地毛白杨土壤及根系真菌 α 多样性和 β 多样性分析

在所有土壤和根系样品中, 分别获得 424 986 和 501 990 条有效序列, 以 100%相似度聚类共得到 1 311 和 237 条扩增子序列变异特征序列 (amplicon sequence variants, ASVs), 剔除 unassigned 的 ASVs, 用于后续分析的 ASVs 分别为 795 和 184 条。

对土壤和根系样品的 α 多样性分析表明, 3 个样地中高速公路旁绿地的 Observed ASVs 和 Shannon 多样性指数最高, 其次为社区绿地, 最低的为公园绿地, 其中高速公路旁绿地土壤样品的 Shannon 多样性指数显著高于公园绿地 (ANOVA, $P<0.05$) (图 2A 和表 2), 3 个采样地点的根系样品无显著差异(图 2B 和表 2)。

对于土壤和根系样品, PCoA 分析结果表明两个主坐标解释了 37.1% (土壤)和 40.2% (根系)的差异, 其中 PC1 解释了 20.2%和 24.2%的差异, PC2 解释了 16.9%和 16%的差异(图 3)。同时, 不同采样地点的样品相互分离, 表明不同采样地点的真菌群落结构存在差异。进一步分析表明采样地点(绿地类型)是影响土壤及根系真菌群落变化的主要因素($R^2=0.35$, $P<0.01$ 和 $R^2=0.28$, $P<0.01$) (表 3)。采样时间也影响了

毛白杨真菌群落的变化, 但不显著($R^2=0.24$, $P>0.05$ 和 $R^2=0.220$, $P>0.05$) (表 3)。

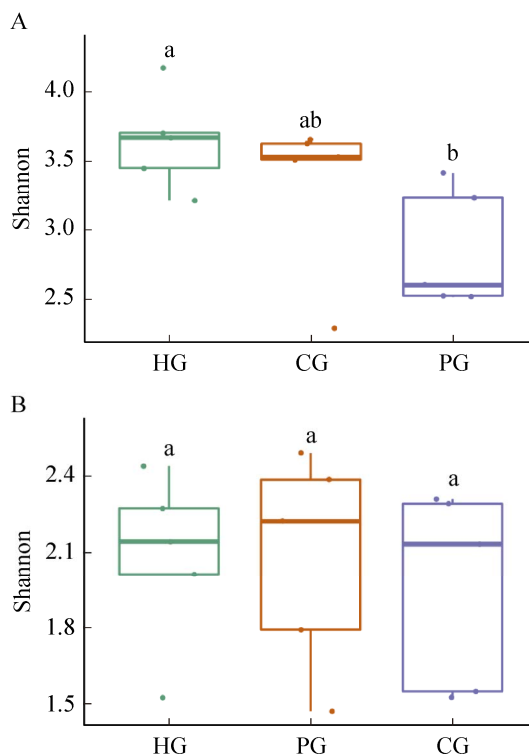


图 2 三种不同毛白杨绿地土壤及根系真菌 Shannon 指数 A: 土壤样品; B: 根系样品。盒图中不同的小写字母上标表示组间差异显著(ANOVA, $P<0.05$)

Fig. 2 The Shannon index of fungi in soil and root samples of *Populus tomentosa* in three different plantations. A: The soil samples; B: The root samples. The different letter in the box plot indicated that there was significant difference between groups (mean±standard deviation, mean±SD) (ANOVA, $P<0.05$).

2.2 不同绿地对毛白杨土壤及根系真菌群落组成的影响

真菌群落组成分析中, 本研究采用相对多度(relative abundance, RA)来评价真菌群落组成中不同分类水平各分类单元的丰度水平。结果表明, 土壤样品真菌群落的优势菌门为子囊菌门 Ascomycota (RA=45.94%) 和担子菌门 Basidiomycota (44.37%)。根系样品真菌群落的优势菌门子囊菌门 Ascomycota (51.22%)和担子

菌门 Basidiomycota (48.73%)。进一步分析样地真菌组成的差异, 结果表明社区绿地土壤样品中子囊菌门的相对多度显著高于高速公路旁和公园绿地样品[社区绿地(71.97%)>高速公路旁绿地(42.32%)>公园绿地(23.53%), $P<0.05$]; 公园绿地土壤样品中担子菌门的相对多度显著高于社区绿地和高速公路旁绿地样品[公园绿地(72.66%)>高速公路旁绿地(36.99%)>社区绿地(23.44%), $P<0.05$] (图 4A)。低丰度的球囊菌门 Glomeromycota 和罗兹菌门 Rozellomycota 在 3 个样地中也存在显著差异。与土壤样品相比, 根系样品在 3 个样地中无显著差异(图 4B)。

进一步分析毛白杨土壤和根系样品的真菌属组成及其丰度, 土壤样品中主要包括丝盖伞属 *Inocybe* (24.43%)、地孔菌属 *Geopora* (13.81%)、被孢霉属 *Mortierella* (7.00%)、棉革

菌属 *Tomentella* (4.63%)、篮状菌属 *Talaromyces* (2.00%)、块菌属 *Tuber* (1.71%)、层腹菌属

表 2 不同毛白杨绿地土壤及根系真菌 α 多样性
Table 2 The alpha diversity index of fungi in soil and root samples of *Populus tomentosa* in three different plantations

部位	样地	ASV 数	Shannon 指数
Compartment	Sample plot	Observed ASVs	Shannon index
土壤 Soil	CG	117.60±29.79 a	3.37±0.53 ab
	PG	110.60±34.55 a	2.84±0.48 b
	HG	143.40±12.48 a	3.66±0.31 a
根系 Root	CG	25.00±12.65 a	1.96±0.39 a
	PG	23.00±7.71 a	2.07±0.43 a
	HG	25.40±8.38 a	2.08±0.35 a

注: 表中不同小写字母代表组间存在显著差异(均值±标准差, mean±SD) (ANOVA, $P<0.05$)
Note: Different letters in the figures indicate a statistically significant difference (mean±standard deviation, mean±SD) (ANOVA, $P<0.05$).

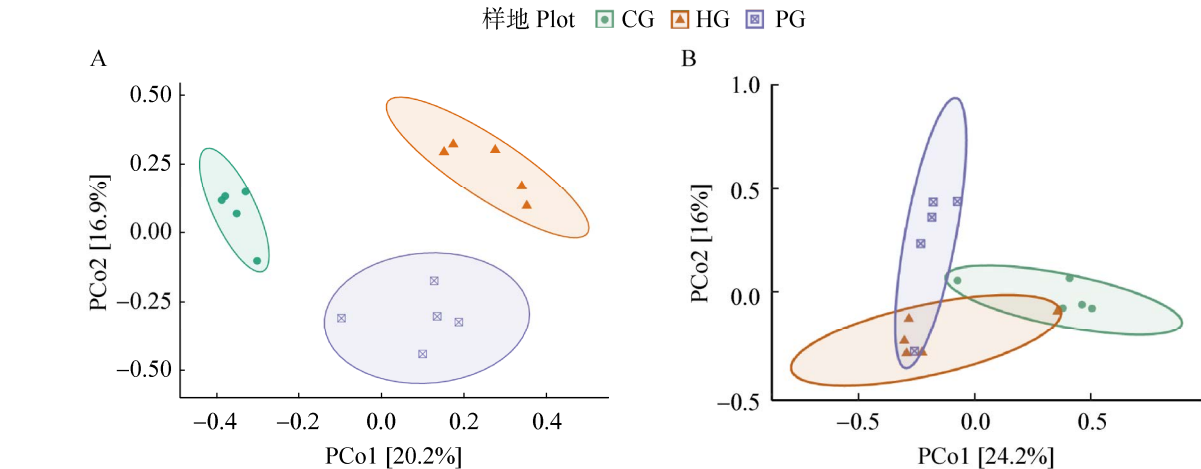


图 3 基于 Bray Curtis 距离矩阵的土壤(A)及根系(B)真菌群落 PCoA 分析
Fig. 3 Principal coordinate analysis of soil (A) and root (B) fungal communities of *Populus tomentosa* in three different plantations based on Bray Curtis distance matrix.

表 3 非生物因素对土壤和根系真菌群落组成的影响
Table 3 Effects of multiple abiotic factors on the fungal microbiome composition in soil and root samples of *Populus tomentosa*

Soil	Df	R ²	Pr (>F)	Root	Df	R ²	Pr (>F)
Plot	2	0.349	0.001 ***		2	0.279	0.004 **
Sampling time	4	0.248	0.115		4	0.220	0.741
Residual	8	0.403			8	0.501	
Total	14	1			14	1	

Note: * $P<0.05$; ** $P<0.01$; *** $P<0.001$.

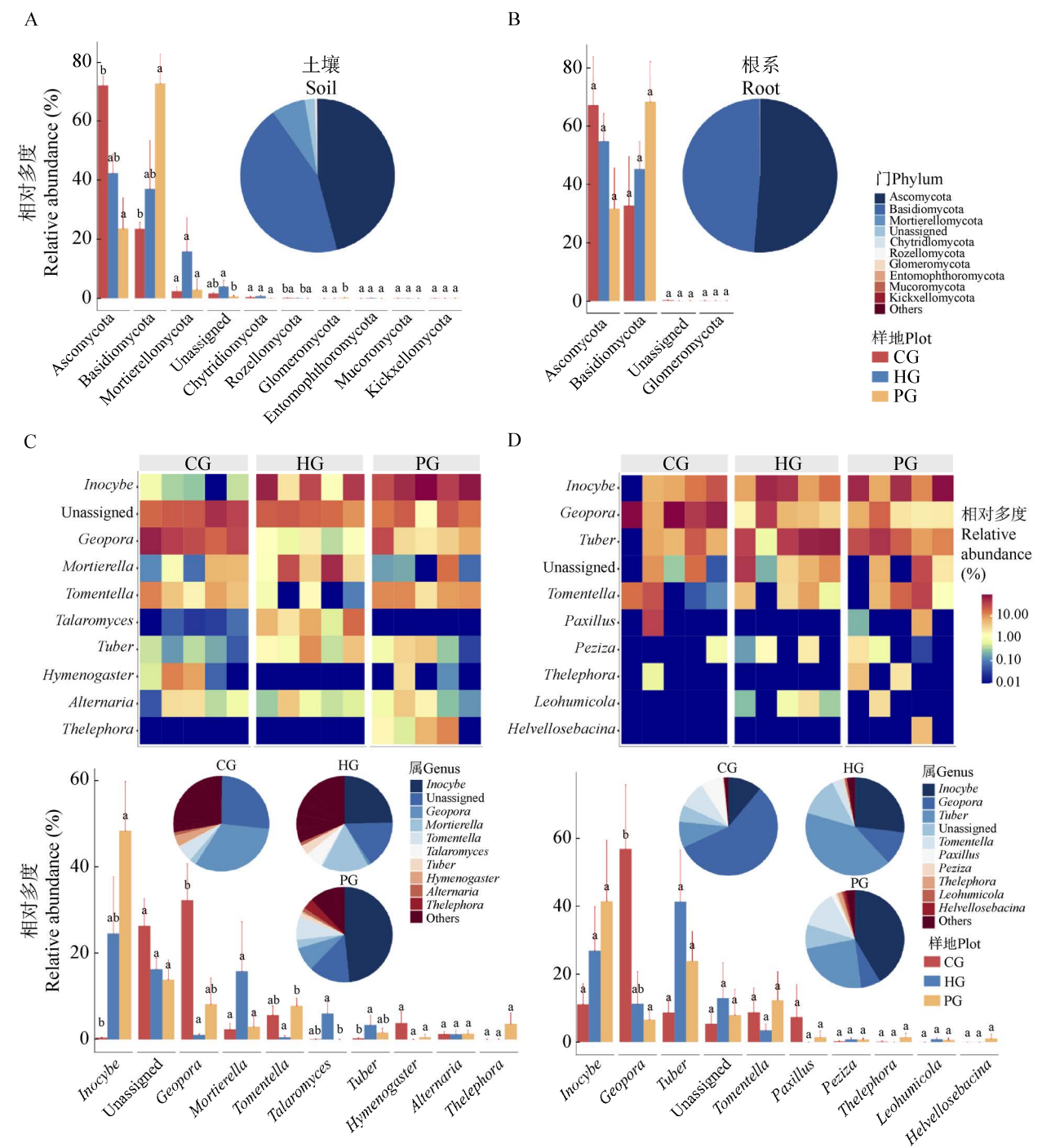


图 4 不同毛白杨绿地真菌群落门(A: 土壤, B: 根系)和属(C: 土壤, D: 根系)组成和差异
Fig. 4 The fungal community composition at phylum level (A: Soil; B: Root) and genus level (C: Soil; D: Root) of *Populus tomentosa* in three different plantations.

Hymenogaster (1.43%)、链格孢属 *Alternaria* (1.22%)、革菌属 *Thelephora* (1.20%)和克努夫菌属 *Knufia* (1.16%) (图 4C)。根系样品中主要为

丝盖伞属 *Inocybe* (26.45%)、地孔菌属 *Geopora* (24.95%)、块菌属 *Tuber* (24.62%)、棉革菌属 *Tomentella* (8.18%)、桩菇菌属 *Paxillus* (2.93%)、

盘菌属 *Peziza* (0.54%)、革菌属 *Thelephora* (0.51%)、狮色腐盘菌属 *Leohumicola* (0.44%)、马鞍蜡壳菌属 *Helvellosebacina* (0.35%)和黏滑菇属 *Hebeloma* (0.16%) (图 4D)。差异分析结果表明,在土壤样品中丝盖伞属 *Inocybe*、地孔菌属 *Geopora*、棉革菌属 *Tomentella*、篮状菌属 *Talaromyces* 和块菌属 *Tuber* 在 3 个样地中存在显著差异(Kruskal-Wallis, $P<0.05$) (图 4C),其中,丝盖伞属 *Inocybe* 和棉革菌属 *Tomentella* 在公园绿地样品的相对多度(48.38%, 7.76%)分别显著高于社区绿地和高速公路旁绿地(0.375%, 5.63%) (Kruskal-Wallis, $P<0.05$);地孔菌属 *Geopora* 在社区绿地样地的相对多度(32.25%)显著高于高速公路旁绿地(1.04%);篮状菌属 *Talaromyces* 在高速公路旁绿地的相对多度(5.96%)显著高于公园绿地(0) (Kruskal-Wallis, $P<0.05$)。在根系样品中,地孔菌属 *Geopora* 的相对多度在 3 个样地中存在显著差异,在社区绿地样品中最高,在公园绿地样品中最低。其余真菌属的相对多度在多样地中也有差异,但差异不显著(图 4D)。

2.3 毛白杨土壤和根系样品比较分析

毛白杨土壤和根系样品的比较中, α 多样性分析表明除 Coverage 指数外,土壤样品显著高于根系样品(ANOVA, $P<0.05$) (图 5A)。PCoA 和 PERMANOVA 分析表明土壤和根系对真菌群落组成有显著影响,但是只解释了轻微的变化($R^2=0.078$, $P<0.001$)。物种组成和差异分析表明块菌属 *Tuber* 的相对多度在根系样品(24.62%)中显著高于土壤样品(1.71%);被孢霉属 *Mortierella*、棉革菌属 *Tomentella* 和链格孢属 *Alternaria* 在土壤样品(7.00%、2.00%和 1.22%)的相对多度显著高于根系样品(0、0.05%和 0.08%) (Kruskal-Wallis, $P<0.05$) (图 5B–5E)。Venn 分析显示在毛白杨土壤和根系样品共发现 854 条真菌 ASV,其中土壤样品 ASV 有 795 条,根系样品

ASV 有 184 条,根系样品和土壤样品共有的 ASV 为 125 条。土壤和根系样品中特有的 ASV 为 670 和 59 条,分别占比 78.45%和 6.91% (图 5F)。

2.4 毛白杨绿地真菌群落功能分析

通过对 854 条 ASV 功能预测,共 489 条 ASV 被预测到功能,其中单一功能的 ASV 有 310 条,剩余 179 条 ASV 被注释为两种或多种功能。真菌群落的功能分析表明,土壤和根系样品中共获得 21 种真菌功能分类群,主要包括:外生菌根(ectomycorrhizal)功能群、植物病原(plant pathogen)功能群、木腐(wood saprotroph)功能群、动物病原(animal pathogen)功能群和叶腐(leaf saprotroph)功能群。土壤样品中,某些功能群在 3 个样地之间存在显著差异:社区绿地植物病原(plant pathogen)功能群、粪便腐生(dung saprotroph)功能群和叶腐(leaf saprotroph)功能群的相对多度(20.28%、8.47%和 4.75%)显著高于高速公路旁绿地(14.75%、4.81%和 2.67%)和公园绿地(13.88%、5.76%和 2.66%);丛枝菌根(arbuscular mycorrhizal)功能群在公园绿地样品中最为丰富(2.84%),显著高于社区绿地(0.13%)和高速公路旁绿地(0.12%);而凋落物腐生(litter saprotroph)功能群的相对多度在高速公路旁绿地样地(7.58%)显著高于公园绿地(3.85%)和社区绿地(3.50%)。根系样品中,仅动物病原(animal pathogen)功能群相对多度在高速公路旁绿地(6.11%)和社区绿地(0.60%)显著高于公园绿地(0.13%) (Kruskal-Wallis, $P<0.05$) (图 6A–6E)。

样品的真菌功能分类群差异分析显示土壤和根系间存在显著差异,木腐(wood saprotroph)功能群、粪腐(dung saprotroph)功能群和真菌寄生(fungal parasite)功能群在土壤样品(9.99%、6.35%和 2.90%)中显著高于根系样品(4.41%、2.99%和 0.50%) (Kruskal-Wallis, $P<0.05$) (图 6F–6G)。

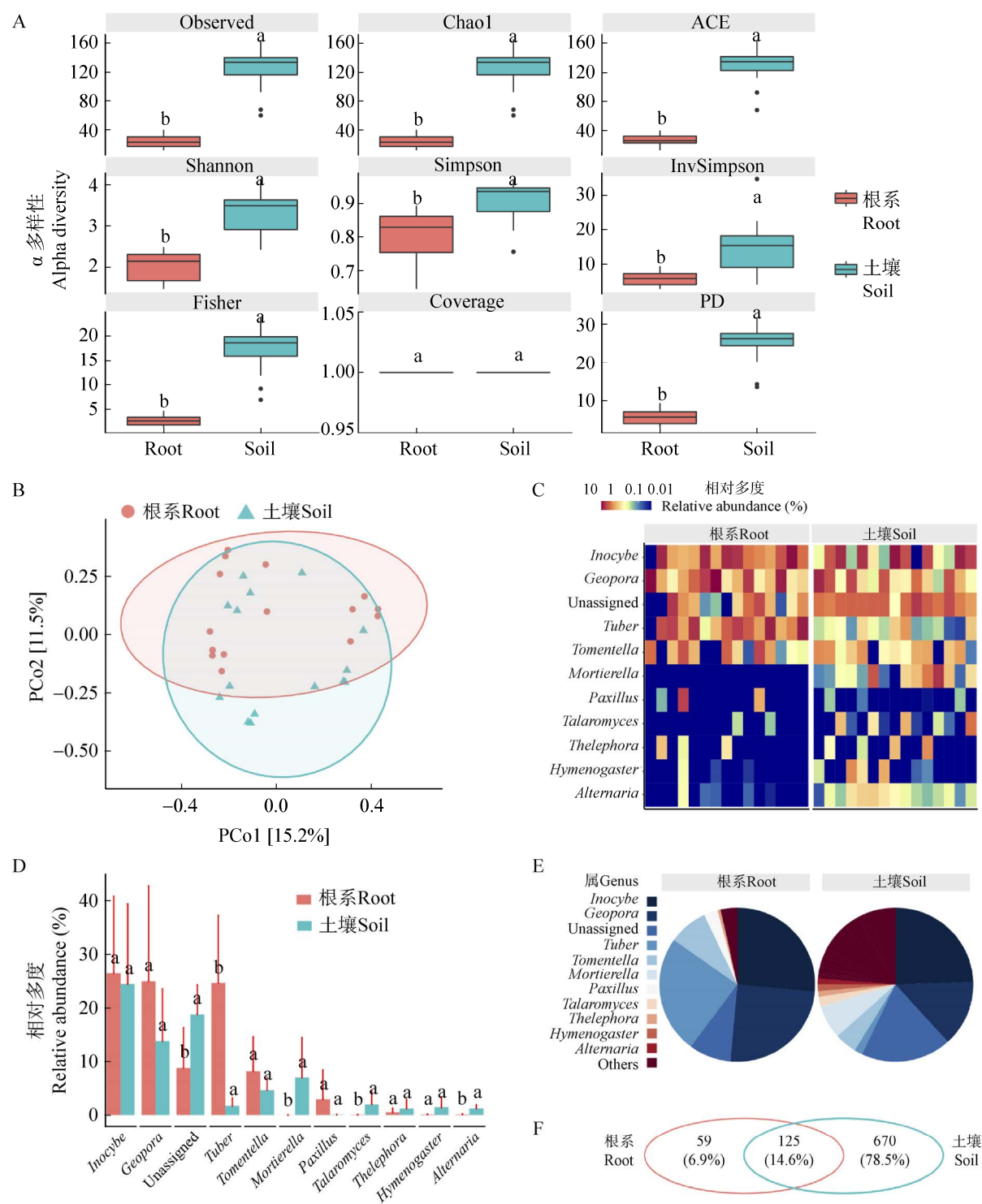


图 5 毛白杨土壤和根系真菌多样性和群落组成比较分析 A: 真菌群落 α 多样性分析; B: 真菌群落 PCoA 分析; 真菌群落组成(C 和 E)及差异(D); F: Venn 图

Fig. 5 Comparative analysis of the fungal diversity and community composition between soil and root samples of *Populus tomentosa*. A: Alpha diversity; B: PCoA analysis; The fungal community composition (C and E) and differences (D) of the community composition in soil and root samples at the genus level; F: Venn diagram.

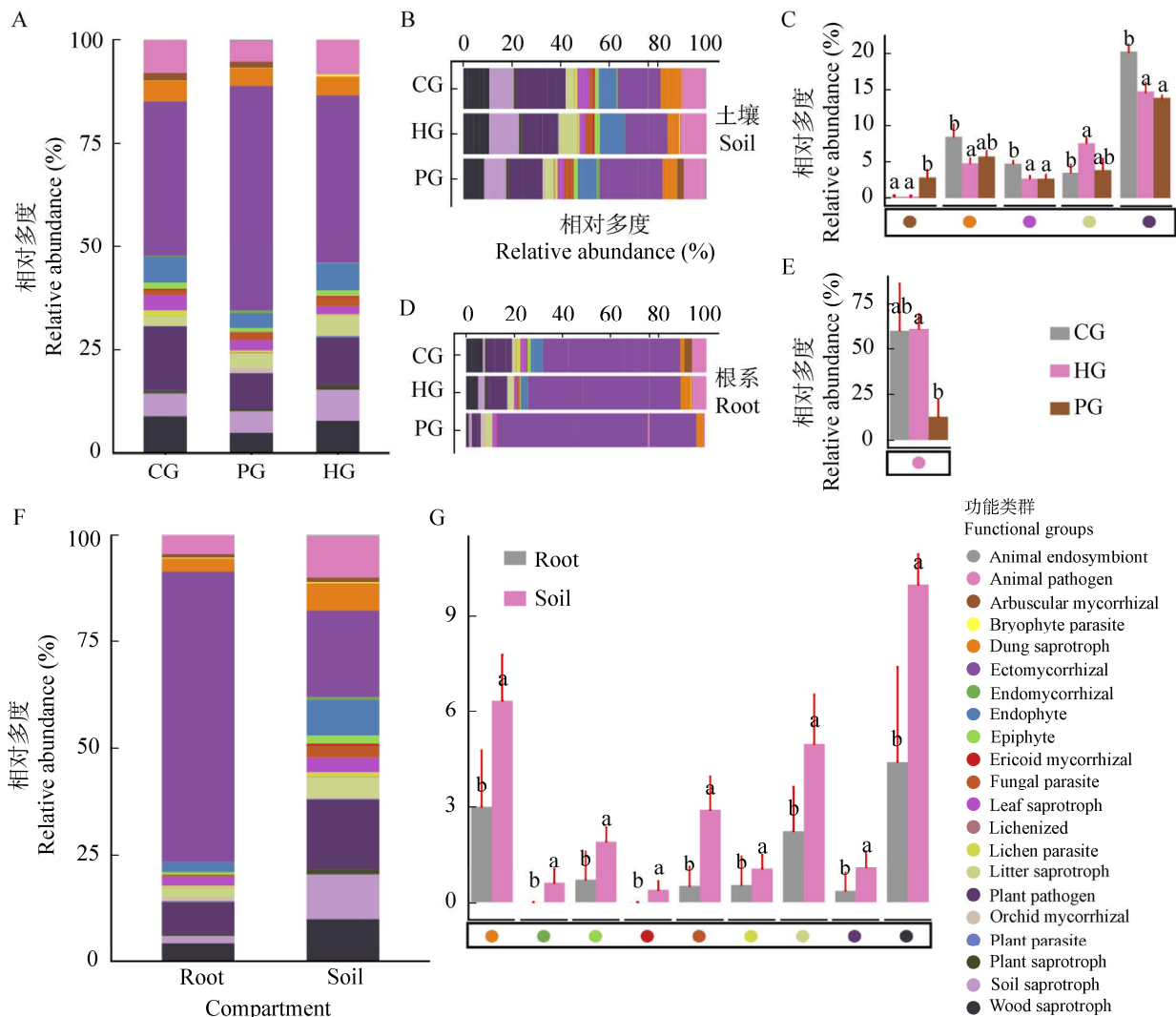


图6 毛白杨绿地真菌功能预测 3个样地所有样品真菌功能分类群组成(A); 3个样地土壤真菌功能分类群组成(B)和差异(C); 3个样地根系真菌功能分类群组成(D)和差异(E); 土壤和根系样品真菌功能分类群组成(F)和差异(G)

Fig. 6 Prediction of fungal functional groups of *Populus tomentosa* in three different plantations. Composition of all functional groups of fungi in three plantations (A); Composition (B) and differences (C) of functional groups of soil fungi in three different plantations; Composition (D) and differences (E) of functional groups of root fungi in three different plantations; Composition (F) and differences (G) of functional groups of fungi in soil and root samples.

3 讨论

本研究采用了高通量测序技术,对天津市宝坻区3种类型绿地中毛白杨林的土壤根系进行真菌群落分析,研究发现绿地类型、土壤样品和根系样品在毛白杨地下真菌群落上存在不同程度的差异,而采样时间对真菌

群落的构建影响并不显著。物种组成和功能预测分析显示了不同绿地类型、土壤样品和根系样品在真菌群落的组成和功能上的差异。上述研究结果为采样地点(绿地类型)和寄主选择对于真菌群落组成的影响提供了相关的证据,明确了环境变化对毛白杨地下真菌群落的影响。

3.1 环境条件对毛白杨土壤和根系真菌群落的影响

本研究中, 3 个样地毛白杨种植密度、树龄和林下植被均类似, 然而研究结果表明土壤和根系真菌组成存在差别。土壤真菌 α 多样性分析表明高速公路旁绿地 HG 土壤真菌 Shannon 指数显著高于公园绿地 PG, 略高于社区绿地 CG (图 2 和表 2)。基于 Bray 距离的 PCoA 分析表明 3 个采样地点, 无论是土壤还是根系真菌群落组成均显著不同。采样地点是影响土壤及根系真菌群落变化的主要因素(图 3 和表 3)。因此, 环境条件对于真菌群落的组成起着重要的作用。影响土壤真菌多样性和群落组成的环境因素诸多, 例如: 不同用地类型、植被类型和演替阶段等。陈惠君等(2021)对喀斯特峰丛洼地 3 种森林类型研究发现, 3 种森林类型土壤真菌物种多样性和真菌群落物种组成都有差异; 满百膺等(2021)研究发现在黄山 5 个典型植被类型常绿落叶阔叶混交林、落叶阔叶混交林、山地矮林、山地草甸和针阔混交林中, 土壤真菌多样性均有差异。本研究对 3 个样地土壤类型进行了鉴定, 发现社区绿地土壤类型属于黏壤土, 公园绿地为壤质黏土, 高速公路旁绿地样地为砂质壤土。土壤类型可能在真菌群落的组成过程中也发挥一定的作用。土壤类型可能通过影响土壤养分在土壤中的分布对土壤真菌多样性产生影响, 从而造成 3 个绿地间土壤真菌多样性的差异(高速公路旁绿地>社区绿地>公园绿地)。张森等(2020)的研究结果也证明了土壤质地对土壤真菌多样性的影响。Keiblinger *et al.* (2018)和侯佳渝等 (2021)报道, 不同绿地土壤中重金属含量和分布的特性存在差异, 对于土壤真菌群落的组成产生一定的影响。本研究中的 3 个绿地由于所处位置不同, 重金属含量可能存在一定的差异, 也是造成真菌群落组成的影响因素。相比较于一年生植物, 采样时间对于毛白杨真菌组的影响很小, 但是需要更多地关注不同季节对于真菌组的影响。

3.2 环境条件对毛白杨土壤和根系微生物群落组成及功能的影响

3 种毛白杨绿地土壤真菌门水平的物种组成主要包括两个优势菌门 Ascomycota (社区绿地: 71.97%, 高速公路旁绿地: 42.31%, 公园绿地: 23.53%)、Basidiomycota (公园绿地: 72.66%, 高速公路旁绿地: 36.99%, 社区绿地: 23.44%)。真菌组成种类相同, 但是不同环境条件下的相对多度有一定差异, 造成这种差异的原因还需要进一步的研究(邓娇娇等 2020; 徐瑾 2020; 陈建文等 2021)。进一步分析真菌属组成, 发现本研究中 3 个毛白杨绿地的土壤真菌优势属与已报道的杨树人工林土壤优势属存在差异(汪其同等 2017; 邓娇娇等 2020; 徐瑾 2020; 陈建文等 2021)。本研究中毛白杨土壤真菌组成主要包括: 丝盖伞属 *Inocybe*、地孔菌属 *Geopora*、被孢霉属 *Mortierella*、棉革菌属 *Tomentella*、篮状菌属 *Talaromyces*、块菌属 *Tuber*、层腹菌属 *Hymenogaster*、链格孢属 *Alternaria* 和革菌属 *Thelephora*, 而汪其同等 (2017)的研究显示杨树人工林根际土壤真菌优势属为链格孢属 *Alternaria*、曲霉属 *Aspergillus*、青霉属 *Penicillium* 和木霉属 *Trichoderma*; 并且其他对杨树土壤真菌群落的研究结果也各不相同。这种差异可能主要归因于植物的生长年龄、不同的采样时间和不同的土壤性质等(Bonito *et al.* 2014, 2019; Veach *et al.* 2019), 也可能是由于植物基因型的差异, 基因型能很大程度上影响土壤真菌群落的构成, 特别是对菌根真菌类群(Eom *et al.* 2000; Karliński *et al.* 2013; 陈惠君等 2021)。在 3 个毛白杨绿地根系真菌群落中, 优势门为 Ascomycota (社区绿地: 67.18%, 高速公路旁绿地: 54.87%, 公园绿地: 31.76%) 和 Basidiomycota (公园绿地: 68.23%, 高速公路旁绿地: 45.13%, 社区绿地: 32.66%)。Gottel *et al.* (2011)对美洲黑杨 *Populus deltoides* 根系真菌组成的研究结果发现盘菌亚门 Pezizomycotina

和伞菌亚门 Agaricomycotina 分别占比 40%和 25%，相比较已有的研究结果，在本研究中这两个优势菌门的相对多度更高，造成这种现象的原因可能是人工林的真菌群落组成更为简单(吴昊 2012)。

共生营养型真菌的增加会对病理营养型和腐生营养型真菌产生影响：一方面，共生营养型真菌可对植物致病菌产生拮抗作用，减少病原菌的定殖以保护植物免受病害(Nagy & Fossdal 2013; Frew *et al.* 2018)，导致病理营养型真菌不断减少；另一方面，菌根真菌(尤其是外生菌根真菌)对土壤中营养物质的大量摄取，使腐生真菌和其他微生物分解者受到抑制。在土壤样品中，外生菌根功能相对多度高的公园绿地其腐生和寄生功能的类群相对较低，高速公路旁绿地存在较高相对多度的凋落物腐生功能类群，可能是由于样地所处位置偏僻人为干扰较少，没有人为清理林下枯落物；而社区绿地和公园绿地位于人流较多的社区和公园周边，动物粪便和人为活动较多，因此存在较高相对多度的粪腐功能群，其次，社区中的人为干扰可能会造成植物伤痕，造成植物感染真菌病害，导致环境中植物病原功能群显著升高。有报道称公路旁土壤重金属污染更高(卜兴兵等 2021; 马香菊等 2021)。相关研究报道称，土壤重金属污染能显著改变土壤和根系外生菌根真菌多样性和群落结构(Hui *et al.* 2011; Huang *et al.* 2012, 2015)。推测本研究中 3 个绿地的土壤质地和重金属等元素也造成 3 个绿地中真菌功能群的差异。一些真菌的功能群出现了生活状态和生态策略的多态性，489 条被注释的 ASV 中有 179 条 ASV 拥有两种或以上的功能，这可能是由于真菌在不同环境中改变了生态策略(Arnold & Lutzoni 2007)。土壤中的木腐功能群、粪腐功能群、凋落物腐生功能群和真菌寄生功能群等均大于根系样品，这是由于土壤作为生态系统中的环境部分，其中的真菌需要承担更多分解者

的职能。另外，根系真菌群落是寄主植物对土壤中的真菌过滤和特异性选择后形成的(Wang *et al.* 2020)，因此在一些功能类群上稀少或缺失。

3.3 毛白杨土壤和根系对真菌群落的选择作用

寄主选择性对于真菌群落的多样性及网络复杂度都有一定影响。已有报道植物根系真菌群落与土壤真菌群落存在着显著的差异，但是二者具有一定程度的相关性(Danielsen *et al.* 2012; Ballauff *et al.* 2021)。Goldmann *et al.* (2016)对温带山毛榉森林土壤和根系真菌群落的研究表明，土壤真菌群落多样性显著高于根系真菌群落，根系相关的真菌群落主要来源于土壤真菌群落，但相较于土壤真菌群落，根系真菌群落对地理位置变化的响应远低于土壤真菌群落。对毛白杨的土壤和根系真菌群落分析表明土壤和根系真菌 α 多样性存在显著差异，土壤真菌 α 多样性显著高于根系样品。PCoA 分析结果显示，所有样品中土壤和根系真菌群落组成差异不大(图 5A, 5B); Venn 图分析表明，土壤和根系样品中特有的 ASV 为 670 和 59，两者共有的 ASV 数目为 125 (图 5F)。对于葡萄土壤和根系真菌群落的研究发现采样部位对于真菌组的差异占主要影响因素，而不同采样地点的影响因素很小(del Pilar Martínez-Diz *et al.* 2019)，表明寄主植物对于真菌群落的选择性。但在本研究的 3 个绿地间，土壤真菌群落的变化大于根系真菌群落的变化(图 2, 图 3, 表 3)。环境条件对土壤和根系真菌的影响不同，环境变化对土壤真菌群落影响大于根系真菌群落。植物和真菌的长期进化过程中，在植物的选择压力下，微生物组成呈现一定的稳定性。不同寄主植物在根系分泌物中的类型存在差异，对于土壤真菌的富集作用也产生一定影响，造成不同植物类型的根部真菌组成存在一定差异。Thiergart *et al.* (2020)对欧洲拟南芥 *Arabidopsis* 的研究发现采样地点对于土壤和根部真菌群落产生主要的影响，而寄主类型对于根部真菌群落组成的影响很小。

[REFERENCES]

- Ailiyasi A, Halik U, Aishan T, Jin H, Yinmier T, Aimaier R, 2014. Heavy metal accumulation capability of greening tree species in urban areas of Urumqi, China. *Journal of Northeast Forestry University*, 42(5): 18-21
- Arnold AE, Lutzoni F, 2007. Diversity and host range of foliar fungal endophytes: are tropical leaves biodiversity hotspots? *Ecology*, 88(3): 541-549
- Bainard LD, Klironomos JN, Hart MM, 2010. Differential effect of sample preservation methods on plant and arbuscular mycorrhizal fungal DNA. *Journal of Microbiological Methods*, 82(2): 1-130
- Ballauff J, Schneider D, Edy N, Irawan B, Daniel R, Polle A, 2021. Shifts in root and soil chemistry drive the assembly of belowground fungal communities in tropical land-use systems. *Soil Biology and Biochemistry*, 154: 108140
- Bolyen E, Rideout JR, Dillon MR *et al.*, 2019. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37(1): 852-857
- Bonito G, Benucci GMN, Hameed K, Weighill D, Jones P, Chen KH, Jacobson D, Schadt C, Vilgalys R, 2019. Fungal-bacterial networks in the *Populus* rhizobiome are impacted by soil properties and host genotype. *Frontiers in Microbiology*, 10(481): 1-21
- Bonito G, Reynolds H, Robeson MS, Nelson J, Hodkinson BP, Tuskan G, Schadt CW, Vilgalys R, 2014. Plant host and soil origin influence fungal and bacterial assemblages in the roots of woody plants. *Molecular Ecology*, 23(13): 3356-3370
- Bu XB, Feng Q, Liao C, Feng YC, Liu JQ, Wang HZ, 2021. Study on heavy metal pollution in expressway soil based on principal component analysis. *Journal of Safety and Environment*, Doi:10.13637/j.issn.1009-6094.2021.1673 (in Chinese)
- Chen HJ, Mo YF, Feng HM, Wang JY, Zeng FP, Song TQ, Peng WX, Du H, Wang F, 2021. Soil fungal community structure and influencing factors of different forest types in karst peak-depression. *Research of Agricultural Modernization*, 42(6): 1-12 (in Chinese)
- Chen JW, Zhang H, Li JJ, Liu Y, 2021. Soil fungal community structure and functional diversity in copper tailings dam and its surrounding areas. *Environmental Science*, 42(4): 2056-2065 (in Chinese)
- Dai Z, Xiong X, Zhu H, Xu H, Leng P, Li J, Tang C, Xu J, 2021. Association of biochar properties with changes in soil bacterial, fungal and fauna communities and nutrient cycling processes. *Biochar*, 3(3): 239-254
- Danielsen L, Thürmer A, Meinicke P, Buee M, Morin E, Martin F, Pilate G, Daniel R, Polle A, Reich M, 2012. Fungal soil communities in a young transgenic poplar plantation form a rich reservoir for fungal root communities. *Ecology and Evolution*, 2(8): 1935-1948
- del Pilar Martínez-Diz M, Andrés-Sodupe M, Bujanda R, Díaz-Losada E, Eichmeier A, Gramaje D, 2019. Soil-plant compartments affect fungal microbiome diversity and composition in grapevine. *Fungal Ecology*, 41: 234-244
- Deng JJ, Zhu WX, Zhang Y, Yin Y, Zhou YB, 2020. Soil fungal community structure and functional characteristics in different plantations in the aeolian sand region of northwest Liaoning Province. *Forest Research*, 33(1): 44-54 (in Chinese)
- Ehrenfeld JG, Ravit B, Elgersma K, 2005. Feedback in the plant-soil system. *Annual Review of Environment & Resources*, 30(1): 75-115
- Eom AH, Hartnett DC, Wilson GW, 2000. Host plant species effects on arbuscular mycorrhizal fungal communities in tallgrass prairie. *Oecologia*, 122(3): 435-444
- Frew A, Powell JR, Glauser G, Bennett AE, Johnson SN, 2018. Mycorrhizal fungi enhance nutrient uptake but disarm defences in plant roots, promoting plant-parasitic nematode populations. *Soil Biology and Biochemistry*, 126: 123-132
- Goldmann K, Schröter K, Pena R, Schöning I, Schruppf M, Buscot F, Polle A, Wubet T, 2016. Divergent habitat filtering of root and soil fungal communities in temperate beech forests. *Scientific Reports*, 6(1): 1-10
- Gottel NR, Castro HF, Kerley M, Yang Z, Pelletier DA, Podar M, Karpinets T, Uberbacher E, Tuskan GA, Vilgalys R, Doktycz MJ, Schadt CW, 2011. Distinct microbial communities within the endosphere and rhizosphere of *Populus deltoides* roots across contrasting soil types. *Applied and Environmental Microbiology*, 77(17): 5934-5944
- Govindarajulu M, Pfeffer PE, Jin H, Abubaker J, Douds DD, Allen JW, Bücking H, Lammers PJ, Hill YS, 2016. Nitrogen transfer in the arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Nature*, 435(7043): 819-823
- Hou JY, Yang YD, Cheng XJ, 2021. Distribution characteristics and sources of heavy metals in soils of different functional areas in Tianjin City. *Geophysical and Geochemical Exploration*, 45(5): 1130-1134 (in Chinese)
- Huang J, Nara K, Lian C, Zong K, Peng K, Xue S, Shen Z, 2012. Ectomycorrhizal fungal communities associated with Masson pine (*Pinus massoniana* Lamb.) in Pb-Zn mine sites of central south China. *Mycorrhiza*, 22(8): 589-602
- Huang J, Nara K, Zong K, Lian C, 2015. Soil propagule

- banks of ectomycorrhizal fungi along forest development stages after mining. *Microbial Ecology*, 69(4): 768-777
- Hui N, Jumpponen A, Niskanen T, Liimatainen K, Jones KL, Koivula T, Romantschuk M, Strömmer R, 2011. EcM fungal community structure, but not diversity, altered in a Pb-contaminated shooting range in a boreal coniferous forest site in Southern Finland. *FEMS Microbiology Ecology*, 76(1): 121-132
- Karliński L, Rudawska M, Leski T, 2013. The influence of host genotype and soil conditions on ectomycorrhizal community of poplar clones. *European Journal of Soil Biology*, 58: 51-58
- Keiblinger KM, Schneider M, Gorfer M, Paumann M, Deltedesco E, Berger H, Jöchlinger L, Mentler A, Zechmeister-Boltenstern S, Soja G, Zehetner F, 2018. Assessment of Cu applications in two contrasting soils-effects on soil microbial activity and the fungal community structure. *Ecotoxicology*, 27(2): 217-233
- Liu C, Cui YM, Li XZ, Yao MJ, 2020. *Microeco*: an R package for data mining in microbial community ecology. *FEMS Microbiology Ecology*, 97(2): fiae255
- Liu HM, Zhang TY, 2008. Research progress of soil fungi. *Journal of Shandong Agricultural University (Natural Science Edition)*, 39(2): 326-330 (in Chinese)
- Liu RJ, Jiao H, Li Y, Li M, Zhu XC, 2009. Research progress in arbuscular mycorrhizal fungi species diversity. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 20(9): 2301-2307 (in Chinese)
- Liu SY, Wang YF, He YZ, Li L, Fang SM, Zhang H, 2021. Research progress on the effects of endophytic fungi on growth and secondary metabolites of host plants. *Journal of Tianjin University of Traditional Chinese Medicine*, 40(1): 128-136 (in Chinese)
- Liu YX, Qin Y, Chen T, Lu MP, Qian XB, Guo XX, Bai Y, 2021. A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data. *Protein Cell*, 12(5): 315-330
- Ma XJ, Xu HT, Wang LP, 2021. Pollution characteristics and risk assessment of heavy metals in Lingang Coastal Wetland Park, Tianjin. *Journal of Environmental Engineering and Technology*, 11(5): 908-918 (in Chinese)
- Man BY, Xiang X, Luo YY, Mao XT, Zhang C, Sun BH, Wang X, 2021. Characteristics and influencing factors of soil fungal communities in typical vegetation types in Huangshan mountains. *Mycosystema*, 40(10): 2735-2751 (in Chinese)
- Nagy NE, Fossdal CG, 2013. Host responses in Norway spruce roots induced to the pathogen *Ceratocystis polonica* are evaded or suppressed by the ectomycorrhizal fungus *Laccaria bicolor*. *Plant Biology*, 15(1): 99-110
- Navrátilová D, Tlaskalova P, Kohout P, Drevojan P, Fajmon K, Chytrý M, Baldrian P, 2019. Diversity of fungi and bacteria in species-rich grasslands increases with plant diversity in shoots but not in roots and soil. *FEMS Microbiology Ecology*, 95(1): 1-33
- Nguyen NH, Song Z, Bates ST, Branco S, Tedersoo L, Menke J, Schilling JS, Kennedy PG, 2016. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 20: 241-248
- Nilsson RH, Larsson KH, Taylor AFS, Johan BP, Jeppesen TS, Schigel D, Kennedy P, Picard K, Glöckner FO, Tedersoo L, Saar I, Kõljalg U, Abarenkov K, 2018. The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. *Nucleic Acids Research*, 47(D1): 259-264
- Nowak DJ, 2000. Impact of urban forest management on air pollution and greenhouse gases. In: Bethesda MD (ed.) *Proceedings of the 1999 Aociety of American Foresters National Convention*. 1999 September 11-15. Society of American Foresters, Portland. 143-148
- Nowak DJ, Dwyer JF, 2007. Understanding the benefits and costs of urban forest ecosystems. In: Kuser JE (ed.) *Urban and community forestry in the northeast*. Springer, Dordrecht. 25-46
- Perry CH, Miller RC, Brooks KN, 2001. Impacts of short-rotation hybrid poplar plantations on regional water yield. *Forest Ecology and Management*, 143(1-3): 143-151
- Saleem M, Hu J, Jousset A, 2019. More than the sum of its parts: microbiome biodiversity as a driver of plant growth and soil health. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 50(1): 145-168
- Schlöter M, Nannipieri P, Sørensen SJ, Elsas JDV, 2018. Microbial indicators for soil quality. *Biology and Fertility of Soils*, 54(1): 1-10
- Thiergart T, Durán P, Ellis T, Vannier N, Garrido O, Kemen E, Roux F, Alonso BC, Ågren J, Paul SL, Hacquard S, 2020. Root microbiota assembly and adaptive differentiation among European *Arabidopsis* populations. *Nature Ecology & Evolution*, 4(1): 122-131
- Updegraff K, Baughman MJ, Taff SJ, 2004. Environmental benefits of cropland conversion to hybrid poplar: economic and policy considerations. *Biomass and Bioenergy*, 27(5): 411-428
- Veatch AM, Morris RH, Yip DZ, Yang Z, Engle NL, Cregger M, Tschaplinski TJ, Schadt CW, 2019. Rhizosphere microbiomes diverge among *Populus trichocarpa* plant-host genotypes and chemotypes, but it depends on

- soil origin. *Microbiome*, 7(15): 1-15
- Wang QT, Gao MY, Liu ML, Wang HT, Dong YF, Wang YP, 2017. Fungal community structure in rhizosphere soil of a poplar plantation based on high-throughput sequencing. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 28(4): 1177-1183 (in Chinese)
- Wang XL, Wang MX, Xie XG, Guo SY, Zhou Y, Zhang XB, Yu N, Wang ET, 2020. An amplification-selection model for quantified rhizosphere microbiota assembly. *Science Bulletin*, 65: 983-986
- Wang XP, 2016. Study on the greening management project of G Community in Changchun city. Master Thesis, Jilin University, Changchun. 1-40 (in Chinese)
- Wang Y, Su XH, Peng ZH, 2002. Research progress in plant shade tolerance. *Forest Research*, 2002(3): 349-355 (in Chinese)
- Wu H, 2012. Soil microbial community composition and its relationship with soil nutrients in different forest communities in Changbai Mountain. Master Thesis, Northeast Normal University, Changchun. 1-73 (in Chinese)
- Xu J, 2020. Effects of earthworms on soil enzyme activity and microbial community structure in a poplar plantation. Master Thesis, Nanjing Forestry University, Nanjing. 1-74 (in Chinese)
- Xu XH, Huang DZ, Wang XY, Wang SJ, Li YL, 2009. Absorption and distribution of heavy metal elements in *Populus tomentosa*. *Journal of Soil and Water Conservation*, 23(3): 78-81, 106 (in Chinese)
- Yan J, Hong M, Ye H, Li J, Zhang YC, Liang ZW, 2021. Response of soil fungal community structure to water and nitrogen control in *Stipa breviflora* desert steppe. *Chinese Journal of Grassland*, 43(10): 37-45 (in Chinese)
- Zhang J, Li S, Sun X, Tong J, Fu Z, Li J, 2019a. Sustainability of urban soil management: analysis of soil physicochemical properties and bacterial community structure under different green space types. *Sustainability*, 11(5): 1395
- Zhang JY, Liu YX, Zhang N, *et al.*, 2019b. NRT1.1B is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice. *Nature Biotechnology*, 37(6): 676-684
- Zhang M, Chen YF, Chen L, Huang PL, Wei LL, 2020. Diversity analysis of rhizosphere soil fungi of medicinal plant *Zanthoxylum nitidum* in different regions. *Biotechnology Bulletin*, 36(9): 167-179 (in Chinese)
- [附中文参考文献]
- 卜兴兵, 俸强, 廖肿, 冯元超, 刘家琴, 王会镇, 2021. 基于主成分分析法的高速公路土壤重金属污染研究. *安全与环境学报*, Doi:10.13637/j.issn.1009-6094.2021. 1673
- 陈惠君, 莫雅芳, 封红梅, 王家妍, 曾馥平, 宋同清, 彭晚霞, 杜虎, 王枫, 2021. 喀斯特峰丛洼地不同森林类型土壤真菌群落结构及影响因素. *农业现代化研究*, 42(6): 1-12
- 陈建文, 张红, 李君剑, 刘勇, 2021. 铜尾矿坝及其周边土壤真菌群落结构与功能多样性. *环境科学*, 42(4): 2056-2065
- 邓娇娇, 朱文旭, 张岩, 殷有, 周永斌, 2020. 辽西北风沙区不同人工林土壤真菌群落结构及功能特征. *林业科学研究*, 33(1): 44-54
- 侯佳渝, 杨耀栋, 程绪江, 2021. 天津市城区不同功能区绿地土壤重金属分布特征及来源研究. *物探与化探*, 45(5): 1130-1134
- 刘会梅, 张天宇, 2008. 土壤真菌研究进展. *山东农业大学学报(自然科学版)*, 39(2): 326-330
- 刘润进, 焦惠, 李岩, 李敏, 朱新产, 2009. 丛枝菌根真菌物种多样性研究进展. *应用生态学报*, 20(9): 2301-2307
- 刘圣越, 王跃飞, 何永志, 李霖, 房士明, 张晗, 2021. 内生真菌对宿主植物生长和次级代谢产物影响研究进展. *天津中医药大学学报*, 40(1): 128-136
- 马香菊, 徐慧韬, 王丽平, 2021. 天津临港滨海湿地公园重金属污染特征及风险评估. *环境工程技术学报*, 11(5): 908-918
- 满百膺, 向兴, 罗洋, 毛小涛, 张超, 孙丙华, 王希, 2021. 黄山典型植被类型土壤真菌群落特征及其影响因素. *菌物学报*, 40(10): 2735-2751
- 汪其同, 高明宇, 刘梦玲, 王华田, 董玉峰, 王延平, 2017. 基于高通量测序的杨树人工林根际土壤真菌群落结构. *应用生态学报*, 28(4): 1177-1183
- 王新培, 2016. 长春市 G 社区绿化管理项目研究. 吉林大学硕士论文, 长春. 1-40
- 王雁, 苏雪痕, 彭镇华, 2002. 植物耐荫性研究进展. *林业科学研究*, 2002(3): 349-355
- 吴昊, 2012. 长白山区不同森林群落中土壤微生物群落组成及其与土壤养分的关系. 东北师范大学硕士论文, 长春. 1-73
- 徐瑾, 2020. 蚯蚓对杨树人工林土壤酶活性及微生物群落结构的影响. 南京林业大学硕士论文, 南京. 1-74
- 徐学华, 黄大庄, 王秀彦, 王圣杰, 李玉灵, 2009. 河道公路绿化植物毛白杨对重金属元素的吸收与分布. *水土保持学报*, 23(3): 78-81, 106
- 闫瑾, 红梅, 叶贺, 李静, 张宇晨, 梁志伟, 2021. 短花针茅荒漠草原土壤真菌群落结构对水氮控制的响应. *中国草地学报*, 43(10): 37-45
- 张森, 陈裕凤, 陈龙, 黄飘玲, 韦露玲, 2020. 不同地区药用植物两面针根际土壤真菌种群多样性差异分析. *生物技术通报*, 36(9): 167-179