



毛竹入侵杉木林对土壤真菌群落多样性的影响

彭 辉¹, 陈焕伟², 李求洁³, 沈庆华¹, 周红敏^{2*}

(1. 百山祖国家公园龙泉保护中心, 浙江 龙泉 323700; 2. 龙泉市林业科学研究院, 浙江 龙泉 323700; 3. 龙泉市林业局, 浙江 龙泉 323700)

摘 要: 为揭示凤阳山毛竹入侵杉木林后土壤真菌群落结构组成和多样性的变化, 采用 Illumina Miseq 测序技术, 分析杉木纯林、毛竹纯林及毛竹入侵后的杉木林真菌群落结构特征。结果表明: 3 种林型的土壤真菌类群为 26 门 60 纲 113 属 415 OTU, 子囊菌门和担子菌门是绝对优势的两个菌门。两者的丰度占真菌总量 80.80% ~ 83.92%, 在 3 种林型间均不存在显著差异。识别出的 1% 以上的优势菌纲有 8 个, 为古根菌纲、伞菌纲、粪壳菌纲、锤舌菌纲、银耳纲、球囊菌纲、散囊菌纲和酵母菌纲。古根菌纲和伞菌纲占真菌总量的 50.82% ~ 75.40%。古根菌纲在毛杉混交林的相对丰度显著高于毛竹纯林 ($P < 0.05$), 与杉木纯林无显著差异。*Archaeorhizomyces* 为优势菌属 (20.07% ~ 51.51%) 且在毛杉混交林中最高、在毛竹纯林最低, 毛杉混交林中全氮、碱解氮和速效钾含量均显著低于杉木纯林和毛竹纯林。土壤真菌优势菌属水平丰度与土壤环境因子的斯皮尔曼相关性分析表明, 全磷与 *Meliniomyces*、毛壳菌属、*Hodophilus*、瓶霉属、*Heterocephalacria* 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与 *Wickerhamomyces* 呈极显著正相关 ($P < 0.01$)。毛竹入侵杉木林后土壤理化性质变化显著, 全磷、有效磷、pH、速效钾和碳磷比是影响土壤真菌群落结构的主要环境因子, 研究结果可为控制毛竹扩张, 维护生态稳定和多样性提供科学依据。

关键词: 真菌群落; 毛竹入侵; 杉木林; 高通量测序

毛竹 (*Phyllostachys edulis*) 是我国具有重要经济价值的竹种^[1-2]、具有生长快、产量高等特点^[3]。毛竹具有强大的繁殖能力, 幼竹在两三个月内的生长高度就可以到达林冠层^[4], 极易成为周边森林的“局部入侵种”^[5-6]。有研究表明, 毛竹不断入侵周边林分逐步发展为毛竹混交林或毛竹纯林, 特别是在无人干扰的保护区内, 造成生物多样性降低, 自然更新困难, 破坏了生态系统的稳定性^[4, 7-8]。杉木 (*Cunninghamia lanceolata*) 是我国南方重要的造林树种^[9], 杉木与毛竹的生长立地条件相似, 而且现实中较多杉木林和毛竹林毗邻生长^[10], 杉木林较易受到毛竹的入侵, 形成毛竹杉木混交林。目前毛竹入侵杉木林的研究主要为土壤养分及有机碳的影响^[11-12]、群落物种多样性^[13]等方面, 对毛竹入侵杉木林后土壤真菌群落组成变化尚未见报道。真菌对土壤环境的变化较为灵

敏^[14], 其群落结构组成的变化是作为评价生态系统恢复的重要指标^[15]。本研究以杉木纯林、毛竹纯林和毛竹入侵后的杉木林为研究对象, 探讨毛竹入侵杉木林后土壤真菌群落多样性变化情况, 为评估毛竹入侵对杉木林土壤生态系统影响提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验样地位于凤阳山自然保护区 (119° 06' ~ 119° 15' E、27° 46' ~ 27° 58' N), 年均降水量为 2438.2 mm。年均相对湿度为 80%, 区内年均气温 12.3℃, 土壤为黄壤, 地带性植被为典型的中亚热带常绿阔叶林, 植被呈明显的垂直分布。杉木林为 20 世纪 60 年代末栽植, 毗邻的毛竹林是在没有人为干扰的状态下从 2000 年开始逐渐扩张入侵杉木林。

1.2 土壤样品采集

在凤阳山保护区内选择典型的杉木纯林、毛竹纯林和毛竹入侵后的杉木林 3 种类型的林分, 分别在其中设置 3 个标准样方 (20 m × 20 m), 每个样方间隔 50 m 以上, 采用 5 点取样法进行取样, 去除表层枯枝落叶, 取土深度为 0 ~ 20 cm, 挑出石

收稿日期: 2023-02-24; 录用日期: 2023-08-03

基金项目: 浙江省林业科技重大项目 (2020SY04); 中国林业科学研究院重点课题 (CAFYBB2020ZB002-1)。

作者简介: 彭辉 (1981-), 高级工程师, 博士, 主要研究方向为森林培育。E-mail: 370092109@qq.com。

通讯作者: 周红敏, E-mail: 1445060304@qq.com。

砾和根系等杂质后,将5个点的土样等量混合,一份装入自封袋冷藏带回,用于土壤真菌多样性检测;另一份风干后用于土壤理化性质测定。

1.3 土壤 DNA 提取和高通量测序

采用EZ.N.A.®Soil DNA Kit 试剂盒抽提土壤总 DNA,真菌的扩增区域为18S V5-V7区,SSU0817F(5'-TTAGCATGGAATAATRRATAGGA-3')为上引物,下游引物为196R(5'-TCTGGACCTGGTGAGTTTCC-3')^[16],PCR产物鉴定用2%的琼脂糖凝胶电泳进行检测。用AxyPrep DNA Gel Extraction Kit 和Quantus™ Fluorometer 分别进行PCR产物纯化和定量检测。Miseq文库构建和Illumina测序委托上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.4 数据分析

测序所得数据采用fastp 0.19.6、Flash 1.2.11、Usearch 7、Mothur 1.30.2 和 Qiime 1.9.1 分别进行数据质控、双端序列拼接、OTU 聚类、Alpha 多样性和真菌在各分类水平的群落组成等分析。单因素方差分析和LSD法显著性检验采用SPSS 19.0进行,用Excel 2007 作图。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

3种林型的土壤理化性质见表1,毛杉混交林中全氮、碱解氮、速效钾和全碳含量均显著低于杉木纯林和毛竹纯林($P<0.05$),4个土壤指标在杉木纯林和毛竹纯林间差异不显著。土壤全氮和碱解氮含量均为杉木纯林最高,毛杉混交林最低;速效钾含量毛竹纯林最高,为 $95.00\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,毛杉混交林最低,为 $58.33\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$;全磷含量在3种林型间均存在显著差

异($P<0.05$),杉木纯林最高,为 $2.14\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,毛杉混交林最低,为 $0.46\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$;全钾含量和pH在3种林型间均不存在显著差异,全钾含量毛竹纯林最高,为 $16.07\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,毛杉混交林最低,为 $15.21\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。3种林型的pH范围为 $4.48\sim 4.85$,毛竹纯林最高,为 4.85 ,杉木纯林最低,为 4.48 ,土壤整体呈酸性。毛竹纯林的有效磷含量最高,为 $1.18\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,杉木纯林最低,为 $0.81\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,毛竹纯林有效磷含量与其他两个林型均存在显著差异($P<0.05$);碳氮比在3种林型间不存在显著差异;碳磷比在毛杉混交林中最大,在杉木纯林中最小,在3种林型间均存在显著差异($P<0.05$)。

2.2 土壤真菌群落多样性

表2为3种林型土壤真菌 α 多样性分析,毛竹纯林的Shannon指数显著高于杉木纯林和毛杉混交林($P<0.05$),Shannon指数结果排序为毛竹纯林>杉木纯林>毛杉混交林。Simpson指数由高到低依次为毛杉混交林>杉木纯林>毛竹纯林。3种林型的Ace指数和Chao1指数均不存在显著差异,毛竹纯林最高,毛杉混交林最低。3种林型的Coverage指数均在99.9%以上,表明测序结果真实全面地反映了真菌群落在样本中的情况。

2.3 真菌群落结构特征

3种林型的土壤样品中真菌类群为26门60纲113属415 OTU,菌群在门水平上鉴定出且相对丰度在1%以上的有3个,3种林型中优势真菌门的结构组成相似,由高到低依次为子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和毛霉菌门(Mucoromycota)(图1)。子囊菌门和担子菌门在杉木纯林、毛竹纯林和毛杉混交林3种林型的

表 1 3 种林型土壤理化性质

林型	全氮 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	全磷 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	全钾 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	碱解氮 ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	有效磷 ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	速效钾 ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	pH	全碳 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	碳氮比	碳磷比
杉木纯林	$4.28\pm 0.45\text{a}$	$2.14\pm 0.22\text{a}$	$15.93\pm 0.57\text{a}$	$159.07\pm 8.80\text{a}$	$0.81\pm 0.18\text{b}$	$84.67\pm 8.39\text{a}$	$4.48\pm 0.16\text{a}$	$67.45\pm 7.57\text{a}$	$15.77\pm 0.59\text{a}$	$31.52\pm 1.18\text{c}$
毛竹纯林	$4.06\pm 0.78\text{a}$	$1.02\pm 0.20\text{b}$	$16.07\pm 0.88\text{a}$	$155.24\pm 25.06\text{a}$	$1.18\pm 0.04\text{a}$	$95.00\pm 6.08\text{a}$	$4.85\pm 0.29\text{a}$	$66.22\pm 8.13\text{a}$	$16.48\pm 1.57\text{a}$	$65.87\pm 6.28\text{b}$
毛杉混交林	$2.75\pm 0.26\text{b}$	$0.46\pm 0.04\text{c}$	$15.21\pm 0.34\text{a}$	$113.72\pm 7.44\text{b}$	$0.89\pm 0.05\text{b}$	$58.33\pm 6.11\text{b}$	$4.76\pm 0.13\text{a}$	$44.64\pm 4.62\text{b}$	$16.24\pm 0.35\text{a}$	$97.37\pm 2.09\text{a}$

注:同列小写字母不同表示差异显著($P<0.05$)。下同。

表 2 3 种林型土壤真菌多样性指数

林型	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao1 指数	Coverage 指数
杉木纯林	$2.50\pm 0.14\text{b}$	$0.22\pm 0.03\text{ab}$	$184.61\pm 25.42\text{a}$	$184.55\pm 25.64\text{a}$	$0.9998\pm 0.0002\text{a}$
毛竹纯林	$3.31\pm 0.13\text{a}$	$0.08\pm 0.02\text{b}$	$216.99\pm 19.56\text{a}$	$218.88\pm 25.39\text{a}$	$0.9993\pm 0.0001\text{b}$
毛杉混交林	$2.10\pm 0.52\text{b}$	$0.34\pm 0.16\text{a}$	$175.97\pm 30.63\text{a}$	$179.01\pm 28.44\text{a}$	$0.9995\pm 0.0002\text{ab}$

相对丰度均大于 26%，是绝对优势的 2 个菌门。子囊菌门相对丰度在毛杉混交林中最高（60.15%），杉木纯林最低（46.52%）；担子菌门相对丰度在 3 种林型的由大到小排序为毛竹纯林、杉木纯林和毛杉混交林。毛竹纯林土壤中毛霉菌门的相对丰度（9.09%）最高，毛杉混交林（6.20%）最低。

在纲水平上，相对丰度在 1% 以上且鉴定出的真菌纲共有 8 个（图 1），其中：子囊菌门真菌在纲水平上为古根菌纲（Archaeorhizomycetes）（20.07% ~ 51.51%）、粪壳菌纲（Sordariomycetes）（4.36% ~ 10.43%）、锤舌菌纲（Leotiomycetes）（2.74% ~ 8.41%）、散囊菌纲（Eurotiomycetes）（0.35% ~ 2.54%）和酵母菌纲（Saccharomycetes）（0% ~ 3.06%）。古根菌纲在毛杉混交林的相对丰度显著高于毛竹纯林（ $P<0.05$ ），与杉木纯林无显

著差异。粪壳菌纲、锤舌菌纲和散囊菌纲在毛竹纯林的相对丰度均显著高于杉木纯林和毛杉混交林（ $P<0.05$ ），在杉木纯林和毛杉混交林间差异不显著。酵母菌纲在毛竹纯林的相对丰度为 3.06%，在杉木纯林中仅为 0.02%，在毛杉混交林中无酵母菌纲存在。担子菌门真菌在纲水平上为伞菌纲（Agaricomycetes）（23.89% ~ 31.91%）和银耳纲（Tremellomycetes）（1.65% ~ 5.69%）；伞菌纲在杉木纯林、毛竹纯林和毛杉混交林的相对丰度分别为 31.91%、30.75% 和 23.89%，在 3 种林型间无显著差异。银耳纲相对丰度在毛竹纯林最高（5.69%），在杉木纯林最低（1.65%）。毛霉菌门真菌在纲水平上为球囊菌纲（Glomeromycetes）（1.11% ~ 2.31%）。球囊菌纲在 3 种林型间均不存在显著差异。

在属的分类水平上，3 种林型中相对丰度

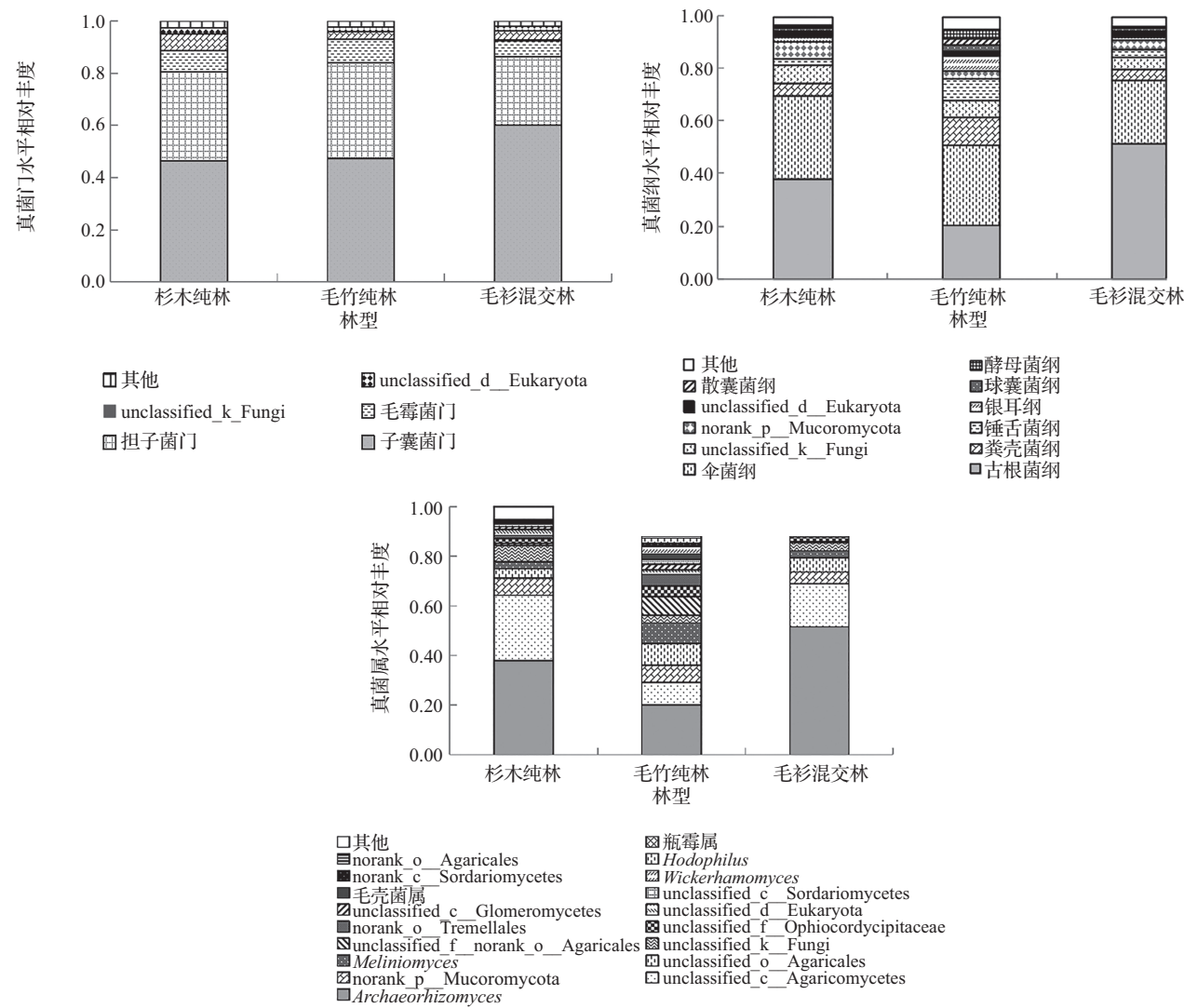


图 1 真菌门、纲和属水平上的相对丰度

在 1% 以上且鉴定出的优势菌属共有 6 个 (图 1)。杉木纯林和毛杉混交林相对丰度在 1% 以上且鉴定出的属类别相同, 为 *Archaeorhizomyces* (37.94%、51.51%) 和 *Meliniomyces* (2.75%、2.74%)。毛竹纯林中鉴定出的相对丰度在 1% 以上的属有 6 个, 分别为 *Archaeorhizomyces* (20.07%)、*Meliniomyces* (8.40%)、*Wickerhamomyces* (2.79%)、毛壳菌属 (*Chaetomium*) (2.22%)、*Hodophilus* (2.07%)、瓶霉属 (*Phialophora*) (1.67%)。*Archaeorhizomyces* 的相对丰度在毛杉混交林中最大, 显著高于毛竹纯林 ($P<0.05$), 与杉木纯林不存在显著差异。*Meliniomyces*、毛壳菌属和瓶霉属 3 个属在毛竹纯林中的相对丰度均显著高于杉木纯林和毛竹混交林 ($P<0.05$), 在杉木纯林和毛杉混交林中差异不显著。*Wickerhamomyces* 的相对丰度毛竹纯林高于杉木纯林, 在毛杉混交林中的相对丰度为 0%。

2.4 真菌群落多样性与环境因子的相关关系

RDA 相关分析可知 (图 2), RDA1 和 RDA2 的解释率分别为 58.93% 和 32.44%, 两个合理解释率为 91.37%, 表明土壤环境因子对真菌群落结构组成的影响较大。全磷对真菌群落结构的影响最大, 其次为有效磷、pH、速效钾和碳磷比。

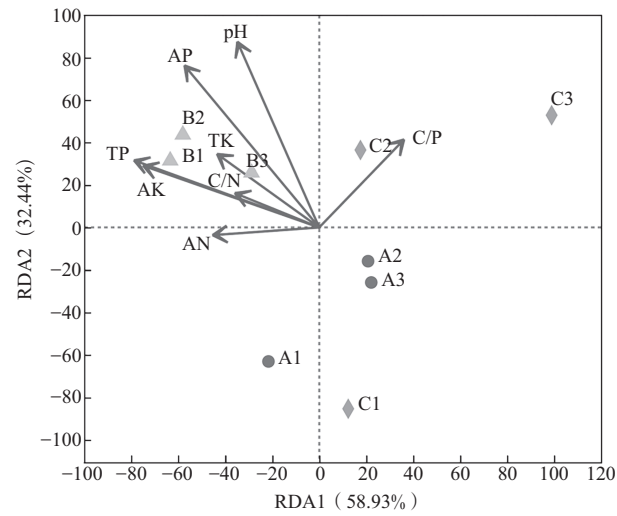


图 2 土壤真菌优势菌属与土壤理化性质的冗余分析
注: TP、TK、AN、AP、AK、C/N、C/P 分别表示全磷、全钾、碱解氮、有效磷、速效钾、碳氮比、碳磷比, 下同。A、B、C 分别表示杉木纯林、毛竹纯林、毛杉混交林, 其后数据为重复数。

图 3 为土壤真菌优势菌属水平丰度与土壤环境因子的斯皮尔曼相关性分析, 全磷与 *Meliniomyces*、毛壳菌属、*Hodophilus*、瓶霉属、*Heterocephalacria* 呈显著正相关 ($P<0.05$), 与 *Wickerhamomyces* 呈极

显著正相关 ($P<0.01$)。有效磷与 unclassified_f_norank_o_Agaricales 呈显著正相关 ($P<0.05$)。全钾与 *Heterocephalacria* 呈显著正相关 ($P<0.05$)。碳磷比与 unclassified_d_Eukaryota 呈显著负相关 ($P<0.05$)。pH 与 unclassified_c_Agaricomycetes 呈显著负相关。

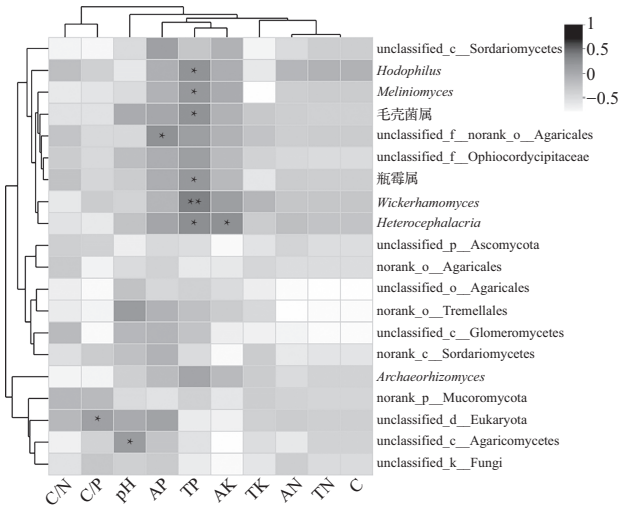


图 3 土壤环境因子与真菌属水平相关性
注: C 表示全碳; *、** 分别表示显著 ($P<0.05$)、极显著 ($P<0.01$) 相关。

3 讨论

3.1 毛竹入侵杉木林对土壤真菌群落多样性的影响

不同的林型树种生长过程中不仅从土壤中吸收营养元素, 而且还会释放分泌物^[17], 同时由于根系的空间分布格局和生物量等差异, 进而影响根际土壤环境和土壤微生物群落结构组成和多样性^[18]。毛竹纯林真菌群落多样性显著高于杉木纯林和毛杉混交林, 本研究中毛竹纯林的真菌多样性和物种数均高于杉木纯林和毛杉混交林, 毛杉混交林的 Shannon 指数显著低于杉木纯林和毛竹纯林, 与李永春等^[19]对天目山毛竹入侵阔叶林研究中竹阔混交林 Shannon 指数高于阔叶林和毛竹纯林不同。毛竹纯林真菌种类最丰富, 真菌个体数最多, 毛杉混交林真菌种类和个体数均最低。

3.2 毛竹入侵杉木林对土壤真菌群落结构的影响

3 种林型中共检测出真菌类群为 26 门 60 纲 113 属 415 OTU。3 种林型中优势菌门为子囊菌门和担子菌门, 两个菌群的相对丰度超过 80%。子囊菌门相对丰度最大, 其次为担子菌门, 与何苑峰等^[20]、乔沙沙等^[21]的结果相同。子囊菌门多为腐生营养型, 能够分解角质素和木质素等难分



解物质,在养分循环中起着重要的作用^[22-24]。子囊菌门在毛杉混交林中最高,在杉木纯林中最低。担子菌门在毛竹纯林中最高,在毛杉混交林中最低。子囊菌门和担子菌门的相对丰度变化幅度较大,表明子囊菌门和担子菌门对毛竹入侵引起的变化较为敏感。3种林型中在门水平上未鉴定出的真菌较少,相对丰度为4.70%~9.00%。在纲水平上,杉木纯林和毛杉混交林的优势菌纲排序一致,与毛竹纯林优势菌纲组成不同。杉木纯林和毛杉混交林的优势菌纲由高到低为古根菌纲>伞菌纲>粪壳菌纲>锤舌菌纲>银耳纲>球囊菌纲。毛竹纯林为伞菌纲>古根菌纲>粪壳菌纲。3种林型中 *Archaeorhizomyces* 为鉴定出的绝对优势菌属,与江思源等^[25]毛竹入侵对杉木人工林表层土壤真菌多样性及群落结构的影响中得出的杉木人工林最大优势真菌属为粗糙孔菌属 (*Trechispora*)、毛竹纯林为木霉属 (*Trichoderma*)、杉竹混交林为圆孢霉属 (*Staphylotrichum*) 结论不同,可能与立地条件不同有关。

3.3 环境因子对土壤真菌群落结构的影响

RDA 相关分析和斯皮尔曼相关性分析表明,土壤理化性质影响土壤真菌群落结构特征,全磷、有效磷、pH、速效钾和碳磷比是影响土壤真菌群落结构的主要因子。本研究中子囊菌门在高 pH、低速效钾和高碳氮比的杉木毛竹混交林土壤中含量较高。相对丰度在 1% 以上且鉴定出的优势菌属中, *Archaeorhizomyces* 受环境因子的影响较小。

综上所述,3种林型的土壤真菌群落组成和多样性受植被类型和土壤环境因子等影响^[26]。3种林型不同的植物的生长造成土壤理化性质的改变进而影响真菌生存的土壤环境,进一步导致土壤真菌群落结构组成变化。对毛竹林入侵杉木林至演替为毛竹纯林的土壤环境变化还需要进一步研究。

4 结论

(1) 毛竹入侵杉木林后土壤中全氮、碱解氮、速效钾和全碳含量均显著下降,全钾含量降低,土壤质量明显下降。

(2) 毛竹入侵杉木林后土壤中优势菌门相对丰度发生变化,但3种林型真菌组成相似,均以子囊菌门、担子菌门和毛霉菌门为主。毛竹入侵杉木林后真菌群落多样性降低。

(3) 土壤真菌群落结构特征的改变与土壤理

化性质密切相关,冗余分析表明,全磷、有效磷、pH、速效钾和碳磷比是影响土壤真菌群落结构的主要环境因子。

参考文献:

- [1] 申景昕,刘广路,范少辉,等. 毛竹向撂荒地扩展过程中的土壤养分特征[J]. 林业科学, 2020, 56(10): 26-33.
- [2] 马霜,王博雅,曹颖,等. 毛竹扩展蛋白基因鉴定及其表达分析[J]. 植物研究, 2022, 42(1): 29-38.
- [3] 陈本学,刘广路,蔡春菊,等. 不同施肥方式对毛竹林碳储量及土壤理化性质的影响[J]. 四川农业大学学报, 2018, 36(3): 323-328.
- [4] 白尚斌,周国模,王懿祥,等. 天目山保护区森林群落植物多样性对毛竹入侵的响应及动态变化[J]. 生物多样性, 2013, 21(3): 288-295.
- [5] 李伟成,盛海燕,钟哲科. 竹林生态系统及其长期定位观测研究的重要性[J]. 林业科学, 2006, 42(8): 95-101.
- [6] 刘烁,周国模,白尚斌. 基于光照强度变化的毛竹扩张对杉木影响的探讨[J]. 浙江农林大学学报, 2011, 28(4): 550-554.
- [7] 郑成洋,何建源,罗春茂,等. 不同经营强度条件下毛竹林植物物种多样性的变化[J]. 生态学杂志, 2003, 22(6): 1-6.
- [8] 赵天心,毛新伟,程敏,等. 毛竹种植对土壤细菌和真菌群落结构及多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2017, 28(11): 3740-3750.
- [9] 唐兴港,袁颖丹,张金池. 气候变化对杉木适生区和生态位的影响[J]. 植物研究, 2022, 42(1): 151-160.
- [10] 刘广路,范少辉,唐晓鹿,等. 毛竹向杉木林扩展过程中叶功能性状的适应策略[J]. 林业科学, 2017, 53(8): 17-24.
- [11] 徐道炜,刘金福,何中声,等. 毛竹向杉木林扩张对土壤活性有机碳及碳库管理指数影响[J]. 西部林业科学, 2019, 48(5): 22-36.
- [12] 范少辉,申景昕,刘广路,等. 毛竹向杉木林扩展对土壤养分含量及计量比的影响[J]. 西北植物学报, 2019, 39(8): 1455-1462.
- [13] 徐道炜,刘金福,何中声,等. 毛竹向杉木林扩张后的群落物种多样性特征[J]. 森林与环境学报, 2019, 39(1): 37-41.
- [14] Peay K G, Baraloto C, Fine P V. Strong coupling of plant and fungal community structure across western Amazonian rainforests[J]. ISME Journal: Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology, 2013, 7(9): 1852-1861.
- [15] Siciliano S D, Palmer A S, Winsley T, et al. Soil fertility is associated with fungal and bacterial richness, whereas pH is associated with community composition in polar soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 78: 10-20.
- [16] 彭辉,周红敏,张弓乔,等. 不同林龄红豆树土壤真菌群落组成和多样性[J]. 中南林业科技大学学报, 2021, 41(11): 129-135.

- [17] 袁仁文, 刘琳, 张蕊, 等. 植物根际分泌物与土壤微生物互作关系的机制研究进展 [J]. 中国农学通报, 2020, 36(2): 26–35.
- [18] 张晓, 黄晓强, 信忠保, 等. 北京山区不同林分林下植被根系分布特征及其影响因素 [J]. 北京林业大学学报, 2018, 40 (4): 51–57.
- [19] 李永春, 梁雪, 李永夫, 等. 毛竹入侵阔叶林对土壤真菌群落的影响 [J]. 应用生态学报, 2016, 27 (2): 585–592.
- [20] 何苑峰, 周国英, 王圣洁, 等. 杉木人工林土壤真菌遗传多样性 [J]. 中南林业科技大学学报, 2014, 34 (10): 2725–2736.
- [21] 乔沙沙, 周永娜, 柴宝峰, 等. 关帝山森林土壤真菌群落结构与遗传多样性特征 [J]. 环境科学, 2017, 38 (6): 2502–2512.
- [22] Christina B, Kathrin F, Stephan N, et al. Estimating the phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2014, 78 (1): 386–398.
- [23] 王诗慧, 常顺利, 李鑫, 等. 天山林区土壤真菌多样性及其群落结构 [J]. 生态学报, 2018, 41 (1): 124–134.
- [24] 陈雅昕, 邓娇娇, 周永斌, 等. 蒙古栎天然次生林土壤微生物群落特征及其土壤理化特性的关系 [J]. 沈阳农业大学学报, 2018, 49 (4): 409–416.
- [25] 江思源, 程雪飞, 张金池, 等. 毛竹入侵对杉木人工林表层土壤真菌多样性及群落结构的影响 [J]. 东北林业大学学报, 2023, 51 (2): 91–96, 122.
- [26] 陆梅, 田昆, 孙向阳, 等. 纳帕海典型湿地土壤真菌群落特征的积水条件和干湿季节变化 [J]. 林业科学, 2018, 54 (2): 98–109.

The effects of *Phyllostachys edulis* invasion in *Cunninghamia lanceolata* forest on the diversity of fungal community

PENG Hui¹, CHEN Huan-wei², LI Qiu-jie³, SHEN Qing-hua¹, ZHOU Hong-min^{2*} (1. Longquan Conservation Center of Baishanzu National Park, Longquan Zhejiang 323700; 2. Longquan Research Institute of Forestry, Longquan Zhejiang 323700; 3. Longquan Forestry Bureau, Longquan Zhejiang 323700)

Abstract: This study aimed to reveal the changes of soil fungal community structure and diversity after *Phyllostachys edulis* (moso bamboo) invaded *Cunninghamia lanceolata* (Chinese fir) forest in Fengyang mountain. Illumina Miseq high-throughput sequencing technology was used and the soil physical and chemical properties were measured to assess the composition and structure of fungal community across the pure Chinese fir forest, pure moso bamboo forest and Chinese fir forest mixed with moso bamboo. There were 26 phyla, 60 classes, 113 genera and 415 operational taxonomic units (OTU) in the 3 plantations. The dominant fungal phylum groups were Ascomycota and Basidiomycota, and the sum of their relative abundances were 80.80%–83.92%, there was no significant difference between the 2 dominant fungus of the 3 plantations. Archaeorhizomycetes, Agaricomycetes, Sordariomycetes, Leotiomyces, Tremellomycetes, Glomeromycetes, Eurotiomycetes and Saccharomycetes were relatively abundant classes in the 3 plantations, the relative abundances of Archaeorhizomycetes and Agaricomycetes accounted for 50.82%–75.40%. Archaeorhizomycetes was significantly higher in Chinese fir forest mixed with moso bamboo than that in pure moso bamboo forest ($P<0.05$), but there was no significant difference with pure Chinese fir forest. *Archaeorhizomyces* was the dominant genus (20.07%–51.51%), which was the highest in Chinese fir forest mixed with moso bamboo and the lowest in pure moso bamboo forest, the contents of total nitrogen, alkaline hydrolysis nitrogen and available potassium in Chinese fir forest mixed with moso bamboo were significantly lower than those in pure Chinese fir forest and pure moso bamboo forest. Spearman correlation analysis between abundance of dominant genera of soil fungi and soil environmental factors showed that, total phosphorus had significant positive correlation with *Meliniomyces*, *Chaetomium*, *Hodophilus*, *Phialophora*, *Heterocephalacria* ($P<0.05$), and *Wickerhamomyces* ($P<0.01$). The physical and chemical properties of soil changed significantly after *Phyllostachys edulis* invaded *Cunninghamia lanceolata* forest. The total phosphorus, available phosphorus, pH, available potassium and carbon and phosphorus ratio were the main factors affecting the community structure of soil fungi. This study can provide a scientific basis for controlling the expansion of *Phyllostachys edulis* and maintaining forest ecological stability and diversity.

Key words: fungal community; *Phyllostachys edulis* invasion; *Cunninghamia lanceolata* forest; high-throughput sequencing