

DOI: 10.11766/trxb202503300148

CSTR: 32215.14.trxb202503300148

吴琴勤, 叶子豪, 胡瀚文, 胡兆贵, 吴家森. 套种珍贵树种对杉木林土壤化学性质及微生物群落的影响[J]. 土壤学报, 2026, 63 (3): 955–967.

WU Qinqin, YE Zihao, HU Hanwen, HU Zhaogui, WU Jiasen. Effects of Mixed Planting Rare Tree Species on Soil Chemical Properties and Microbial Communities in *Cunninghamia lanceolata* Plantations[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026, 63 (3): 955–967.

# 套种珍贵树种对杉木林土壤化学性质及微生物群落的影响\*

吴琴勤<sup>1</sup>, 叶子豪<sup>1, 2</sup>, 胡瀚文<sup>3</sup>, 胡兆贵<sup>4</sup>, 吴家森<sup>1, 2†</sup>

(1. 浙江农林大学环境与资源学院, 杭州 311300; 2. 浙江农林大学森林食物资源挖掘与利用全国重点实验室, 杭州 311300; 3. 浙江农林大学林业与生物技术学院, 杭州 311300; 4. 庆元县生态林业发展中心, 浙江庆元 323800)

**摘要:** 杉木 (*Cunninghamia lanceolata*) 是我国亚热带地区一种重要的用材树种, 栽培历史悠久。然而, 长期的单一经营模式导致多种生态问题, 如土壤养分耗竭、生物多样性丧失和森林生产力下降。为实现杉木人工林的可持续发展, 提高其生态功能和经济效益, 将珍贵树种引入杉木人工林并探究套种对土壤化学性质及微生物群落的影响。以浙江省庆元林场杉木纯林 (PC) 及 4 种杉木-珍贵树种混交林 (南方红豆杉-MTC、红豆树-MOC、浙江楠-MPC、厚朴-MHC) 为对象, 基于多点采样法获取 0~10 cm 土层样品, 结合化学分析、高通量测序及网络模型, 系统解析套种对林地土壤-微生物互作的影响。结果表明: (1) 套种显著改善土壤化学性质, MPC 处理土壤 pH 提升 11.2% ( $P<0.05$ ), MTC 处理土壤有机碳含量达  $31.8 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ , 较 PC 增加 26.2% ( $P<0.05$ ), MOC 处理有效磷含量较 PC 提高 3.96 倍 ( $P<0.01$ )。 (2) 混交林细菌共现网络节点数、边数及路径长度增加, 各处理下微生物共现网络的度中心性、接近中心性和特征向量中心性存在显著差异 ( $P<0.05$ ), 其中 MTC 处理下土壤细菌共现网络的度中心性和特征向量中心性最高, 形成了更高效、稳定的细菌群落结构。 (3) 功能基因分析表明, PC 处理以氮呼吸和固氮功能为主, 而 MTC 和 MPC 处理分别激活木聚糖分解及硝酸盐还原功能。 (4) 偏最小二乘路径模型 (PLS-PM) 表明, 土壤化学性质通过调控关键微生物类群 (如放线菌门) 间接影响碳氮循环基因表达。套种珍贵树种通过优化土壤理化性质、增强微生物网络复杂性与功能冗余性, 显著提升杉木林生态系统稳定性。今后应优先推广南方红豆杉-杉木混交模式, 并辅以浙江楠套种协同优化土壤质量。

**关键词:** 杉木; 套种; 土壤微生物群落; 土壤功能; 生态系统稳定性; 南方红豆杉

**中图分类号:** S714 **文献标志码:** A

## Effects of Mixed Planting Rare Tree Species on Soil Chemical Properties and Microbial Communities in *Cunninghamia lanceolata* Plantations

WU Qinqin<sup>1</sup>, YE Zihao<sup>1, 2</sup>, HU Hanwen<sup>3</sup>, HU Zhaogui<sup>4</sup>, WU Jiasen<sup>1, 2†</sup>

(1. College of Environment and Resource Sciences, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, China; 2. National Key Laboratory for

\* 百山祖国家公园科学研究项目 (2023JBGS04, 2021ZDLY01) 资助 Supported by the Scientific Research Program of Baishanzu National Park, China (Nos. 2023JBGS04 and 2021ZDLY01)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: jswu@zafu.edu.cn

作者简介: 吴琴勤 (2001—), 女, 浙江丽水人, 硕士研究生, 主要从事土壤学研究。E-mail: kafukakakaya@163.com

收稿日期: 2025-03-30; 收到修改稿日期: 2025-07-28; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2025-09-09

*Development and Utilization of Forest Food Resources, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, China*; 3. *College of Forestry and Biotechnology, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, China*; 4. *Qingyuan County Ecological Forestry Development Center, Qingyuan, Zhejiang 323800, China*

**Abstract:** 【 Objective 】 *Cunninghamia lanceolata* is a significant timber species in subtropical China with a long cultivation history. However, persistent monoculture management has triggered multiple ecological issues, including soil nutrient depletion, biodiversity loss, and declining forest productivity. To enhance ecological functions and economic returns while achieving sustainable development of *Cunninghamia lanceolata* plantations, precious tree species were introduced through interplanting and their effects on soil chemical properties and microbial communities were investigated.【 Method 】 Soil samples were collected from pure *Cunninghamia lanceolata* plantations (PC) and four mixed forests: *Taxus wallichiana*-*C. lanceolata* (MTC), *Ormosia hosiei*-*C. lanceolata* (MOC), *Phoebe chekiangensis*-*C. lanceolata* (MPC), and *Houpoea officinalis*-*C. lanceolata* (MHC) in Qingyuan Forest Farm, Zhejiang Province. Soil chemical properties were analyzed via standard protocols. Microbial community composition was characterized using 16S rRNA and internal transcribed spacer (ITS) high-throughput sequencing, while co-occurrence network analysis and partial least squares path modeling (PLS-PM) were employed to decipher microbial interactions and functional linkages. 【 Result 】 (1) Interplanting significantly improved soil chemical properties. The MPC treatment increased soil pH by 11.2% ( $P < 0.05$ ), while the MTC treatment elevated soil organic carbon (SOC) content to  $31.8 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ , a 26.2% increase compared to PC ( $P < 0.05$ ). The MOC treatment significantly boosted available phosphorus (AP) content by 3.96 times relative to PC ( $P < 0.01$ ). (2) The bacterial co-occurrence networks in mixed forests exhibited increased nodes, edges, and path lengths. Significant differences ( $P < 0.05$ ) were observed in degree centrality, closeness centrality, and eigenvector centrality among the treatments. Notably, the MTC treatment resulted in the highest degree centrality and eigenvector centrality within the soil bacterial co-occurrence network, indicating the formation of a more efficient and stable bacterial community structure. (3) Functional gene analysis revealed distinct metabolic pathways: PC treatment was dominated by nitrogen respiration and nitrogen fixation functions, whereas MTC and MPC treatments activated xylanoly and nitrate reduction functions, respectively. (4) PLS-PM demonstrated that soil chemical properties indirectly influenced the expression of carbon and nitrogen cycling genes by regulating key microbial taxa, such as those within the Actinobacteria phylum. 【 Conclusion 】 Interplanting valuable tree species significantly enhances the stability of *Cunninghamia lanceolata* forest ecosystems by optimizing soil physicochemical properties and strengthening the complexity and functional redundancy of microbial networks. The improvements in soil chemistry (pH, SOC, AP), the formation of more complex and stable bacterial co-occurrence networks (particularly under MTC), and the shift towards specific functional genes (carbon decomposition, nitrate reduction) collectively underpin this increased ecosystem resilience. Based on the superior performance in fostering stable microbial structures and activating beneficial functional genes, the *Taxus wallichiana*-*C. lanceolata* mixed model (MTC) is prioritized for future promotion in southern China. Supplementing this with interplanting *Phoebe chekiangensis* is recommended to synergistically optimize overall soil quality.

**Key words:** *Cunninghamia lanceolata*; Mixed planting; Soil microbial community; Soil functionality; Ecosystem stability; *Taxus wallichiana*

全球森林生态系统正面临诸多压力，如气候变化、生物多样性减少、森林砍伐、森林退化等，且呈现出日益严峻的态势。在这样的背景下，科学的林业管理实践的重要性愈发凸显。它对于提升森林的生态功能以及生物多样性有着不可替代的作用<sup>[1]</sup>。杉木 (*Cunninghamia lanceolata*)，作为中国南方地区的主要人工造林树种，在木材生产和生态工程中扮

演着关键角色。然而，长期的单一杉木林经营模式导致了土壤退化、生物多样性下降以及生态系统服务功能的降低，对区域生态安全构成了威胁<sup>[2]</sup>。近年来，套种珍贵树种被视为改善人工林生态系统的重要策略<sup>[3]</sup>，如田晓等<sup>[4]</sup>关于杉木林下套种不同比例楠木的研究结果表明，套种既可优化乔木碳储量，又能缓解土壤退化情况。然而，现有研究多聚焦于

混交林对土壤理化性质和林分结构的直接影响，而对土壤微生物（细菌和真菌）群落的响应缺乏系统性探讨<sup>[5]</sup>。因此，有必要从多维度解析树种类型、土壤特性、微生物群落和土壤功能之间的内在联系。

土壤微生物群落作为森林生态系统功能的关键调节者，其多样性和稳定性直接关系到土壤养分循环和植物生长<sup>[6]</sup>。土壤微生物通过参与有机质分解、固氮、硝化等生态过程，影响森林生态系统的健康和生产力<sup>[7]</sup>。套种珍贵树种可改善土壤化学性质，调节土壤微生物群落的结构和功能，有利于特定功能微生物的富集和活性增强，从而加速土壤中有有机物质的分解与转化，促进土壤碳、氮循环<sup>[8-9]</sup>。与单一种植相比，杉木-闽楠混交林的土壤理化性质更优、酶活性更高，土壤微生物的多样性和稳定性升高，与碳水化合物代谢和能量代谢有关的功能基因的相对丰度增加<sup>[10]</sup>。细菌和真菌群落结构可能会对套种树种的改变产生不同的响应。在红壤区不同生态恢复林分中，林分类型对土壤真菌丰富度和多样性的影响显著，但对土壤细菌丰富度和多样性几乎无影响<sup>[11]</sup>。这可能是因为细菌和真菌在资源利用和竞争方面存在显著差异。细菌在利用简单底物方面较真菌更胜一筹，且对氮的需求较高，因此在碳氮比较低的土壤中，细菌的生长和繁殖可能更为活跃。而真菌在分解复杂有机物质方面具有优势，因此在有机质丰富的土壤中，真菌的活性可能更强<sup>[12]</sup>。

本研究旨在解析套种珍贵树种对杉木林土壤化学性质、微生物群落结构及其功能特征的系统性影响，并基于此提出以下科学假设：（1）套种将重塑土壤微生物群落组成，增强细菌与真菌群落的多样性及互作网络复杂性；（2）套种可提高参与碳氮循环的关键功能微生物的丰度，进而显著提升土壤速效养分含量。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

本研究在百山祖国家公园毗邻区域浙江省庆元县庆元林场（27°28'N，119°03'E）进行，该区域属亚热带季风湿润气候，四季分明，降水充沛。年均降水量 1 760 mm，年均气温 17.4℃。年均无霜期 245 d，年均日照 1 800.9 h。土壤为酸性红壤。杉木林于

2000 年种植，整地方式采用全垦，初始种植密度为每公顷 2 700 株。2015 年，以“砍密留稀，保优去劣”为原则对杉木林进行间伐，间伐面积 10 hm<sup>2</sup> 左右，间伐强度 20%。2016 年春，在间伐林分中按每公顷 900 株分别套种南方红豆杉、红豆树、浙江楠、厚朴等珍贵树种，构建“杉木+珍贵树种”二元混交样地。

### 1.2 试验设计

2023 年 6 月，在土壤类型、林龄和间伐强度一致的条件下，选取杉木纯林（PC）及 4 种混交林（南方红豆杉-杉木混交林（MTC）、红豆树-杉木混交林（MOC）、浙江楠-杉木混交林（MPC）、厚朴-杉木混交林（MHC））作为研究对象。每个处理设置 3 个 20 m×20 m 样地，采用“S”形多点采样。清除土层表面的凋落物后，使用土钻采集 0~10 cm 的土壤样品，每个土壤样品由 5 个子样品混合得到。样品充分混合后进行标记，冷冻处理后带回实验室。取部分新鲜土样，去除石块和植物根系，过 2 mm 筛后-80℃超低温保存，用于后续土壤细菌群落的高通量测序；余下鲜土自然风干、研磨，再分别过 2 mm 和 0.149 mm 筛，用于测定土壤理化指标。

### 1.3 分析测试方法

土壤 pH 通过 1:5 土水质量比悬液以 pH 计测定；土壤有机碳（SOC）采用重铬酸钾外加热氧化法测定；土壤碱解氮（AN）采用碱解扩散法测定；土壤有效磷（AP）经 0.03 mol·L<sup>-1</sup>NH<sub>4</sub>F-0.025 mol·L<sup>-1</sup>HCl 溶液联合提取后，以钼锑抗比色法测定；土壤速效钾（AK）以 1 mol·L<sup>-1</sup>乙酸铵溶液浸提—火焰光度法分析；土壤硝态氮（NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N）和铵态氮（NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N）经 2 mol·L<sup>-1</sup>KCl 溶液浸提后，分别采用紫外分光光度法和靛酚蓝比色法测定<sup>[13-14]</sup>。

采用十六烷基三甲基溴化铵（CTAB）标准法提取土样 DNA，并通过 Nanodrop 2000 和 1%琼脂糖凝胶电泳评估 DNA 浓度及完整性。采用针对 V3~V4 区域（341F 和 806R）的引物扩增 16S rRNA 基因<sup>[15]</sup>。同样，为了扩增内部转录间隔（ITS）rRNA，使用了 ITS2 区域的引物（ITS3-2024F 和 ITS4-2409R）<sup>[16]</sup>。进行 PCR 反应并纯化产物以制备测序文库。然后在 Illumina NovaSeq 平台上对上述文库进行测序，生成原始序列文件。

## 1.4 数据处理

使用 QIIME2 dada2 工具对每个样本的原始序列数据进行质量过滤、修剪、去噪和合并。随后, 识别并剔除嵌合序列。根据 Greengenes 的 16S rRNA 基因序列和真菌 ITS 序列鉴定统一数据库 (UNITE) 的 ITS 序列, 对序列进行分类, 并使用 QIIME2 特征表插件过滤掉干扰序列。根据 16S rRNA 基因序列推断出的细菌群落中功能基因的丰度, 使用原核功能预测工具 (FAPROTAX) 结合京都基因和基因组百科全书 (KEGG) 进行预测。此外, 使用真菌功能分类工具 (FUNGuild) 对从 ITS 序列中确定的真菌物种的功能基因进行预测和注释。

使用 SPSS 22 软件评估土壤化学性质和微生物  $\alpha$  多样性的正态性和方差齐性, 并进行单因素方差分析 (One-way ANOVA), 采用邓肯检验 (Duncan test) 进行多重比较 ( $P < 0.05$ ), 校正多重检验误差。使用 Origin 2022 软件绘制了土壤细菌和真菌的百分比堆叠条形图。使用 R 软件包 “psych” 分析相关热图, 并使用 R 软件包 “pheatmap” 绘制相关热图。使用 R 软件包 “vegan” 进行主坐标分析 (PCoA), 计算 Bray-Curtis 相异度 (Bray-Curtis dissimilarity), 评估各混交林对土壤微生物群落的影响, 并使用 “ggplot2” 软件包生成统计图。使用 R 软件包 “igraph” 对不同土壤细菌与真菌属间的斯皮尔曼相关性 (Spearman correlation) 进行分析, 并借助

Gephi-0.10.1 软件构建土壤细菌和真菌的共现网络图。在此基础上, 计算细菌、真菌群落的稳定性指标: 涵盖度中心性 (Degree centrality)、接近中心性 (Closness centrality) 和特征向量中心性 (Eigenvector centrality), 并依据度中心性值的大小进行排序, 进而筛选出细菌、真菌关键种群。最后, 运用 SPSS 22 软件对真菌群落的稳定性开展克鲁斯卡尔-沃利斯检验 (Kruskal-Wallis)。在对因子进行分类后, 使用 R 软件包 “plsrm” 构建偏最小二乘路径模型 (PLS-PM), 解析各因子对土壤生态功能组的作用路径与相对贡献; 使用 Origin 2022 软件绘制效应图, 直观揭示不同因子对关键细菌潜在功能 (Key Faprotax) 与关键真菌功能类群 (Key FUNGuild) 的差异化影响。

## 2 结果

### 2.1 套种对土壤化学性质的影响

套种不同珍贵树种对杉木林土壤部分化学性质具有显著调控作用 (表 1)。MPC 显著提升土壤 pH 至 4.56 ( $P < 0.05$ ), 较 PC 增幅达 11.2%; MTC 显著提高土壤有机碳 (SOC) 含量至  $31.8 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$  ( $P < 0.05$ ), 较 PC 处理增加 26.2%。MOC 处理显著促进土壤有效磷 (AP) 释放 ( $P < 0.01$ ), 其含量达  $3.17 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , 较 PC 提升 3.96 倍。MPC、MTC 速效钾 (AK) 含量分别为  $193.8 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  和  $180.3 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , 显著高于

表 1 杉木-珍贵树种混交林土壤化学性质

Table 1 Soil chemical properties of *Cunninghamia lanceolata*-rare tree species mixed forests

处理 Treatment	pH	SOC/ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	TN/ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	AP/ ( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	AK/ ( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	AN/ ( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	$\text{NO}_3\text{-N}/$ ( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	$\text{NH}_4^+\text{-N}/$ ( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )
MTC	4.38±0.17ab	31.8±0.16a	0.93±0.23a	1.53±0.12bc	180.33±24.44a	85.17±19.90a	4.50±2.31a	15.92±3.94ab
MOC	4.11±0.05b	23.1±0.25b	0.93±0.13a	3.17±0.36a	84.67±24.11c	84.00±9.26a	3.11±1.58a	18.18±2.02ab
MPC	4.56±0.25a	19.6±0.07c	0.93±0.20a	2.76±1.66ab	193.75±46.28a	81.67±11.25a	4.56±1.93a	20.16±2.46a
MHC	4.22±0.17b	25.0±0.17b	0.95±0.11a	0.88±0.49c	105.33±16.50bc	85.17±2.02a	1.83±0.97a	14.62±2.31ab
PC	4.10±0.04b	25.2±0.01b	1.06±0.12a	0.80±0.36c	145.00±35.16ab	89.83±8.81a	4.19±0.93a	13.99±3.25b

注: SOC, 土壤有机碳; TN, 全氮; AP, 有效磷; AK, 速效钾; AN, 碱解氮;  $\text{NO}_3\text{-N}$ , 硝态氮;  $\text{NH}_4^+\text{-N}$ , 铵态氮; MTC, 南方红豆杉-杉木混交林; MOC, 红豆树-杉木混交林; MPC, 浙江楠-杉木混交林; MHC, 厚朴-杉木混交林; PC, 杉木纯林。数据为平均值±标准差。同一列中的不同小写字母表示不同处理间具有显著差异 ( $P < 0.05$ )。下同。Note: SOC, Soil organic carbon; TN, Total nitrogen; AP, Available phosphorus; AK, Available potassium; AN, Alkali-hydrolyzable nitrogen;  $\text{NO}_3\text{-N}$ , Nitrate nitrogen;  $\text{NH}_4^+\text{-N}$ , Ammonium nitrogen; MTC, *Taxus wallichiana*-*C. lanceolata*; MOC, *Ormosia hosiei*-*C. lanceolata*; MPC, *Ormosia hosiei*-*C. lanceolata*; MHC, *Houpoa officinalis*-*C. lanceolata*; PC, *Cunninghamia lanceolata* plantations. Data are expressed as means ± standard deviation. Different letters in the same row indicate significant differences among treatments ( $P < 0.05$ ). The same below.

其他处理 ( $P < 0.05$ ), 且 MPC 处理的铵态氮 ( $\text{NH}_4^+\text{-N}$ ) 含量为  $20.16 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ , 显著高于 PC ( $P < 0.05$ )。不同处理总氮 (TN)、碱解氮 (AN) 含量在不同处理间的差异未达显著水平。

## 2.2 套种对土壤微生物群落多样性和组成的影响

不同处理下可鉴定出的土壤细菌和真菌群落在门水平上的分类情况如图 1 所示。细菌群落组成以酸杆菌门 (Acidobacteriota, 30.4%)、变形菌门 (Proteobacteria, 25.7%)、放线菌门 (Actinobacteriota, 14.3%) 和绿弯菌门 (Chloroflexota, 9.1%) 为主, 其次是多米杆菌门 (Dormibacterota, 3.2%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota, 3.0%) 和疣微菌门 (Verrucomicrobiota, 2.3%) (图 1a)。真菌群落组成以子囊菌门 (Ascomycota, 63.8%) 和担子菌门 (Basidiomycota, 17.0%) 为主, 其次是被孢霉门

(Mortierellomycota, 5.8%) 和未分类真菌 (Unclassified fungal, 2.9%) (图 1b)。

各处理间土壤微生物  $\alpha$  多样性指数不存在显著差异 (表 2,  $P > 0.05$ )。根据 Bray-curtis 距离对各处理的土壤细菌和真菌群落结构差异做 PCoA 分析 (图 2), 在土壤细菌群落中, MHC 和 PC 的分布相较于其他处理呈现出较为明显的聚集性; 而在土壤真菌群落中, 各处理的分布则相对较为分散。

## 2.3 套种对土壤微生物共现网络的影响

各混交林的细菌共现网络的节点数和边数较 PC 均有所增加, 而真菌网络的边数均减少 (图 3)。此外, 各处理间的网络拓扑特征存在显著差异 (图 4)。上述结果表明, 混交林的微生物共现模式与纯林的网络模式有很大不同, 且混交林的网络复杂性更高。

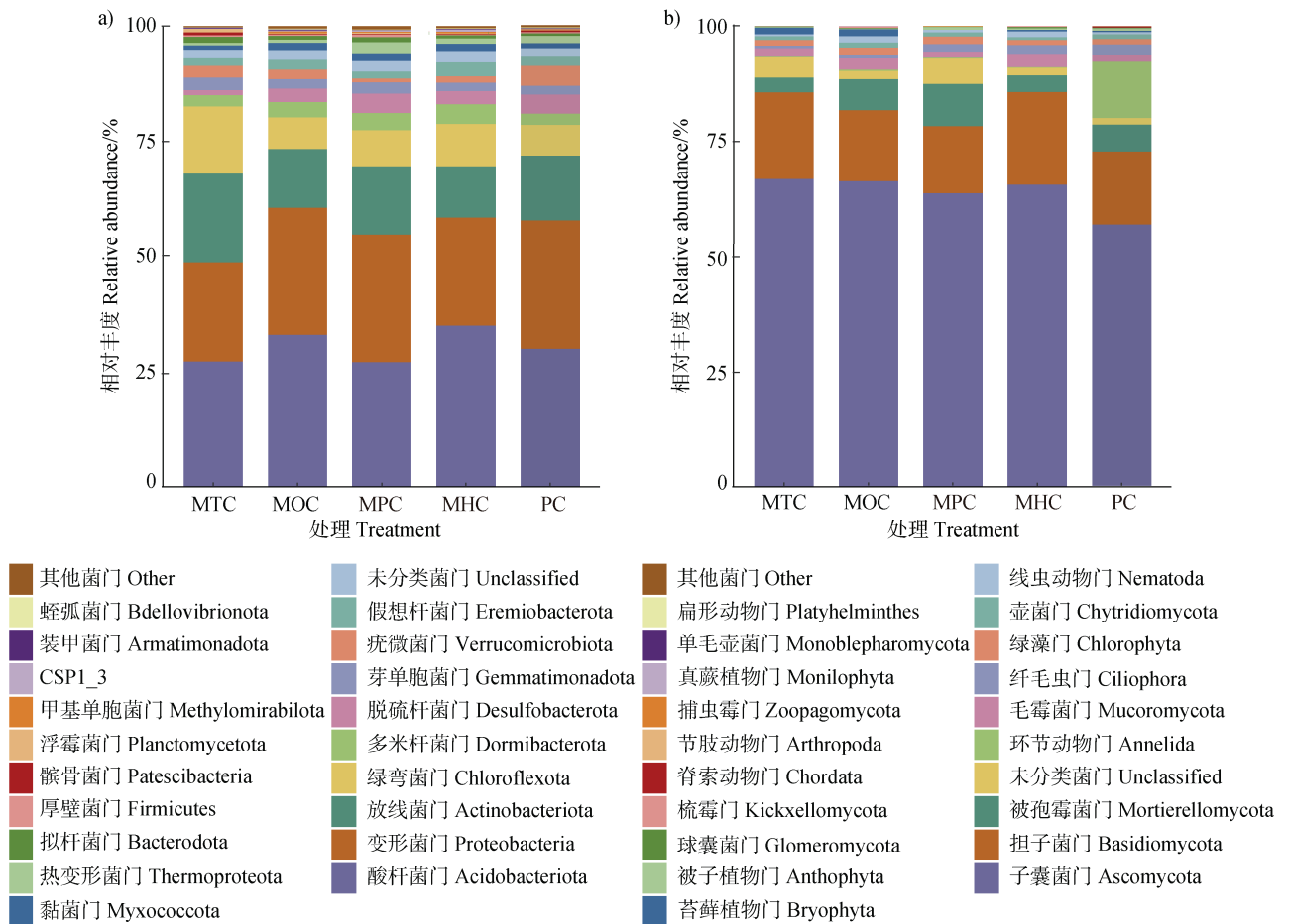


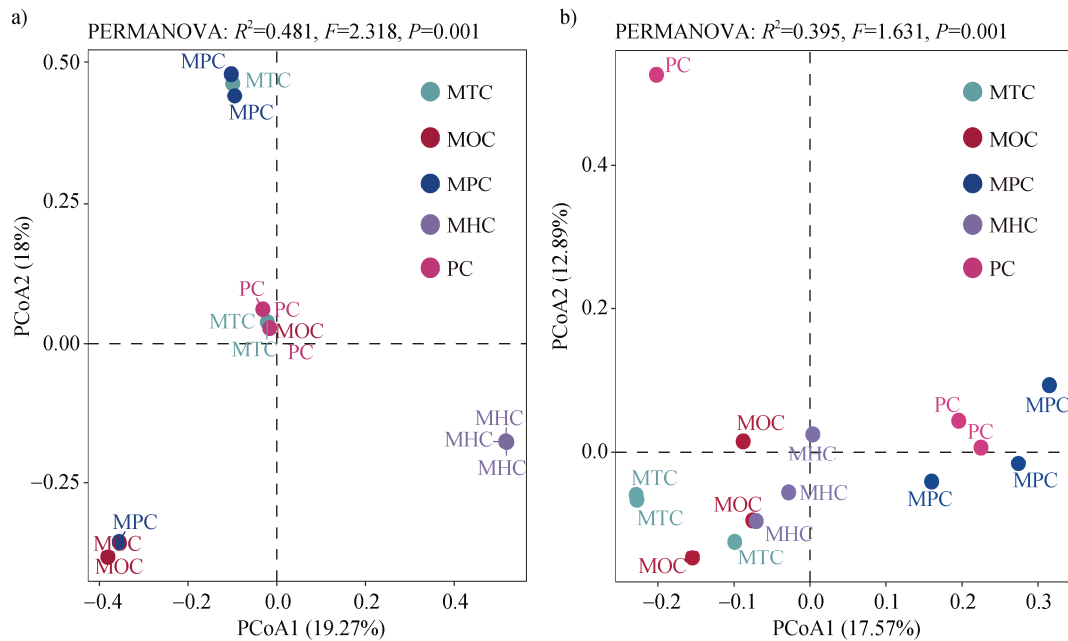
图 1 土壤细菌 (a)、真菌 (b) 群落在门水平上的相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of soil bacterial (a) and fungal (b) communities at the phylum level

表 2 杉木-珍贵树种混交林土壤微生物  $\alpha$  多样性Table 2 Soil microbial alpha diversity of *Cunninghamia lanceolata*-rare tree species mixed forests

处理 Treatment	BC	BF	BSh	BSi	FC	FF	FSh	FSi
MTC	1 607.55±606.86b	112.33±17.96a	9.74±0.36a	0.998 2±0.01a	830.67±48.13a	138.53±9.67a	6.83±0.12a	0.971 5±0.01a
MOC	1 971.82±122.08ab	127.97±11.63a	9.89±0.17a	0.997 9±0.01abc	763.33±109.69a	136.49±15.80a	6.73±0.36a	0.968 9±0.01a
MPC	2 274.17±206.37a	134.63±12.82a	10.07±0.25a	0.998 1±0.01ab	679.33±86.84a	134.51±19.43a	6.46±0.47a	0.960 6±0.01a
MTC	2 040.92±102.49ab	129.62±4.42a	9.76±0.13a	0.997 4±0.01bc	766.00±117.58a	138.28±17.82a	6.69±0.61a	0.967 5±0.01a
PC	1 886.47±70.51ab	120.70±10.88a	9.68±0.07a	0.997 4±0.01c	704.33±111.79a	128.06±18.25a	6.28±1.19a	0.931 4±0.07a

注: BC, 细菌 Chao1 丰富度估计量; BF, 细菌系统发育多样性指数; BSh, 细菌香农-威纳多样性指数; BSi, 细菌辛普森多样性指数; FC, 真菌 Chao1 丰富度估计量; FF, 真菌系统发育多样性指数; FSh, 真菌香农-威纳多样性指数; FSi, 真菌辛普森多样性指数。Note: BC, bacterial Chao1 richness estimate; BF, bacterial phylogenetic diversity index; BSh, bacterial Shannon-Wiener diversity index; BSi, bacterial Simpson diversity index; FC, fungal Chao1 richness estimate; FF, fungal phylogenetic diversity index; FSh, fungal Shannon-Wiener diversity index; FSi, fungal Simpson diversity index.



注: PERMANOVA, 置换多元方差分析;  $R^2$ , 决定系数;  $F$ , 伪  $F$  统计量;  $P$ , 显著性  $P$  值。Note: PERMANOVA, Permutational multivariate analysis of variance;  $R^2$ , Coefficient of determination;  $F$ , Pseudo- $F$  statistic;  $P$ ,  $P$ -value.

图 2 土壤细菌 (a)、真菌 (b) 群落主坐标分析 (PCoA)

Fig. 2 Principal coordinates analysis (PCoA) results of soil bacterial (a) and fungal (b) communities

## 2.4 套种对土壤微生物群落功能类群的影响

基于所有细菌功能群和真菌功能群建立了相应的分组聚类热图,反映了不同土壤样品中土壤细菌、真菌功能群相对丰度的差异。具体而言,在 PC 处理下氮呼吸 (Nitrogen respiration)、硝酸盐呼吸 (Nitrate respiration)、延胡索酸呼吸 (Fumarate respiration)、尿素分解 (Ureolysis) 和固氮 (Nitrogen

fixation) 功能较为活跃;而 MPC 处理下硝酸盐还原 (Nitrate reduction) 功能活跃;MTC 处理下木聚糖分解 (Xylanoly) 功能活跃 (图 5a)。真菌功能类群主要包括病理营养型 (Pathotroph)、腐生营养型 (Saprotroph) 和共生营养型 (Symbiotroph)。与 PC 相比,林下套种珍贵树种后,植物寄生真菌 (Plant parasite)、苔藓寄生真菌 (Bryophyte parasite)、叶

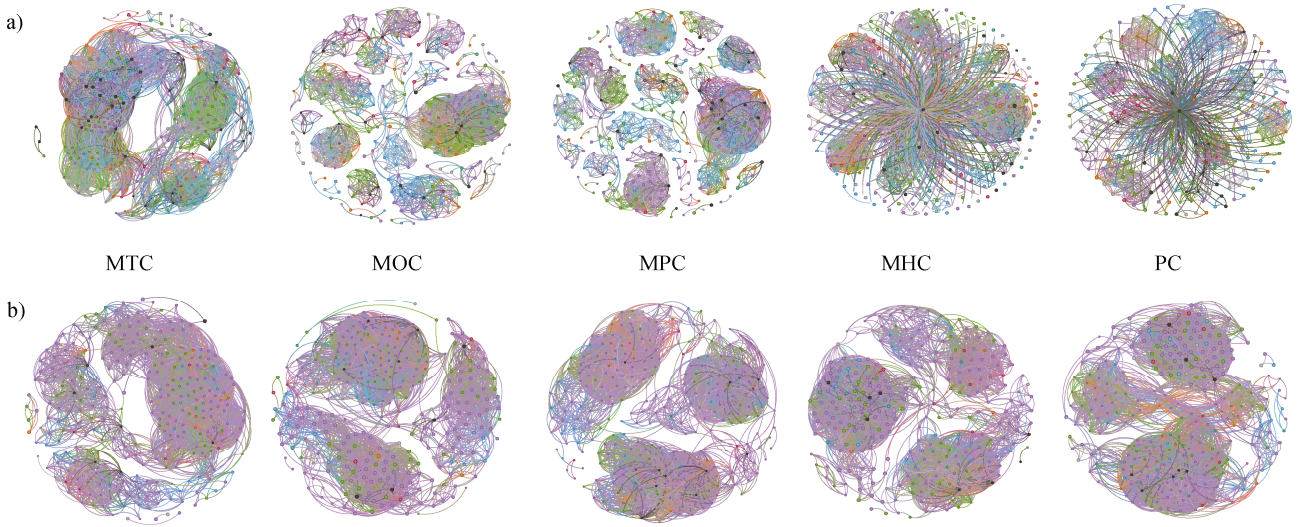
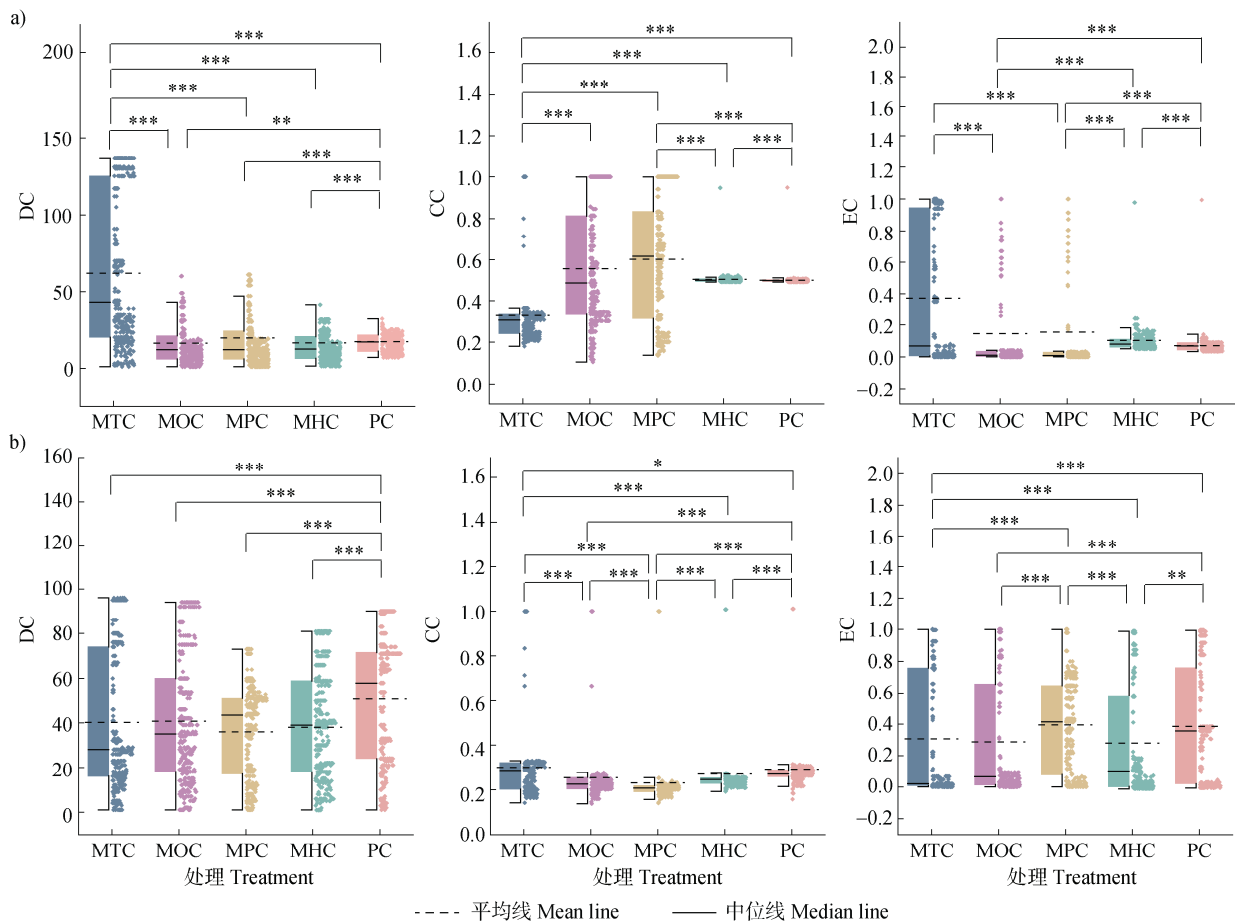


图 3 土壤细菌 (a)、真菌 (b) 共现网络模式

Fig. 3 Co-occurrence network patterns of communities of soil bacterial (a) and fungal (b)



注：DC，度中心性；CC，接近中心性；EC，特征向量中心性。\*， $P < 0.05$ ；\*\*， $P < 0.01$ ；\*\*\*， $P < 0.001$ 。Note：DC，degree centrality；CC，tightness centrality；EC，eigenvector centrality.\*， $P < 0.05$ ；\*\*， $P < 0.01$ ；\*\*\*， $P < 0.001$ 。

图 4 土壤细菌 (a)、真菌 (b) 的网络拓扑特征

Fig. 4 Network topological characteristics of soil bacterial (a) and fungal (b) communities

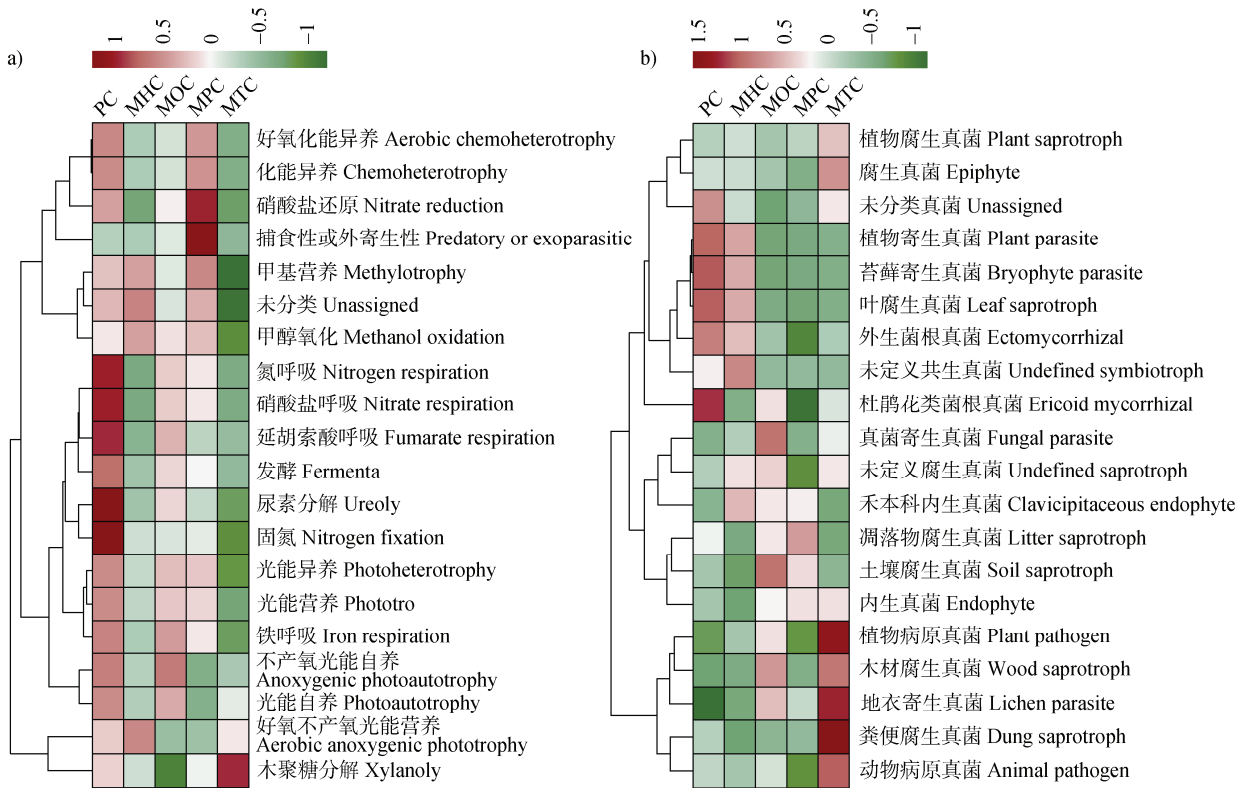


图5 土壤细菌 (a)、真菌 (b) 群落代谢功能群的变化

Fig. 5 Shifts in metabolic functional groups of bacterial (a) and fungal (b) communities

腐生真菌 (Leaf saprotroph) 和杜鹃花类菌根真菌 (Ericoid mycorrhizal) 的丰度下降 (图 5b)。

### 2.5 基于结构模型的土壤微生物多功能性效应

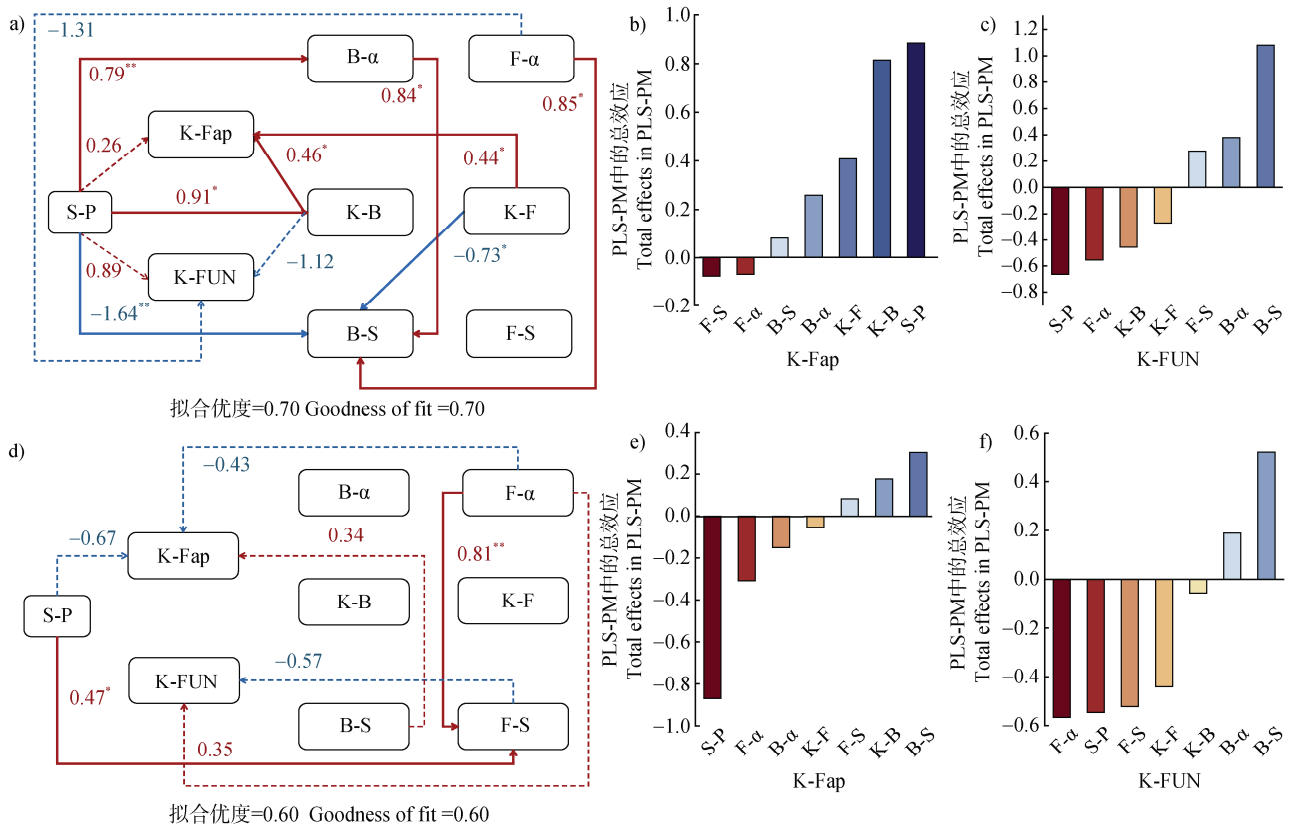
利用 PLS-PM 结构方程模型量化了土壤化学性质、土壤微生物群落和土壤微生物关键种群对关键细菌潜在功能 (Key Faprotax, K-Fap) 和关键真菌功能类群 (Key FUNGuild, K-FUN) 的直接效应和总体效应 (图 6)。在 MTC 处理下, 细菌关键种群和真菌关键种群对 K-Fap 有显著的正向直接影响 ( $P < 0.05$ )。土壤化学性质对 K-Fap 的直接效应并不显著 (图 6a), 但其对 K-Fap 的总影响却很高 (图 6b)。在 PC 处理下, 细菌群落稳定性对 K-Fap 有正面影响, 而土壤化学性质和真菌  $\alpha$  多样性则有负向影响 (图 6e)。与 PC 相比, MTC 处理下各因素对 K-FUN 的影响变化不明显, 仅有真菌群落稳定性的总影响由负变正 (图 6f)。

## 3 讨论

### 3.1 套种改变了土壤微生物组成和多样性

套种珍贵树种后, 杉木林下土壤细菌、真菌在

门水平上的相对丰度发生了变化 (图 1)。在 MPC 处理下, 随着浙江楠在混交林中的生长, 其对酸性物质的吸收和转化, 使得土壤中酸性物质的含量相对减少, 土壤 pH 提升, 酸杆菌门的相对丰度相应减少 (表 1, 图 1a), 这与李厚春等<sup>[17]</sup>的研究结果一致, 即酸杆菌门丰度与土壤 pH 呈显著负相关。MTC 处理下, 南方红豆杉作为针叶树种, 其凋落物具有较高的 C/N 比, 分解过程相对缓慢, 可长期缓慢释放有机碳, 从而显著提高了土壤有机碳含量 (表 1)。这为土壤微生物提供了较为长期的碳源和养分, 特别是那些能够分解木质素、纤维素等复杂有机物质的真菌 (如子囊菌门) 和细菌 (如变形菌门) 的种类和数量可能会增多 (图 1)。MOC 处理下, 土壤 pH 虽无显著变化, 但土壤有效磷含量却显著提高 (表 1,  $P < 0.05$ )。这是因为在强酸性环境下, 磷与  $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{Al}^{3+}$  和  $\text{Fe}^{3+}$  结合的氧化物的分解速率增加, 进而增强了磷的释放<sup>[18]</sup>。不同于针叶树种, 红豆树和浙江楠作为阔叶树种, 它们的凋落物具有较高的质量和较快的分解速率, 能够较快地向土壤中释放养分, 促进微生物的生长和活动。这与 Uroz 等<sup>[19]</sup>的研



注：S-P，土壤化学性质；B- $\alpha$ ，细菌  $\alpha$  多样性；K-B，细菌关键种群；B-S，细菌群落稳定性；F- $\alpha$ ，真菌  $\alpha$  多样性；K-F，真菌关键种群；F-S，真菌群落稳定性；K-Fap，关键细菌潜在功能；K-FUN，关键真菌功能类群。a) 为 MTC 处理下的 PLS-PM；d) 为 PC 处理下的 PLS-PM。红色表示负面影响，蓝色表示正面影响。实线表示显著影响，虚线表示影响不显著。b)、e) 分别为在 MTC 和 PC 处理下对 K-Fap 的直接和间接影响的总效应。c)、f) 分别为在 MTC 和 PC 处理下对 K-FUN 的直接和间接影响的总效应。\*， $P < 0.05$ ；\*\*， $P < 0.01$ 。Note: S-P, soil chemical properties; B- $\alpha$ , bacterial  $\alpha$ -diversity; K-B, bacterial key populations; B-S, bacterial community stability; F- $\alpha$ , fungal  $\alpha$ -diversity; K-F, fungal key populations; F-S, fungal community stability; K-Fap, key bacterial putative functions; K-FUN, key fungal functional guilds. a) PLS-PM under MTC treatment; d) PLS-PM under PC treatment. Red colour indicates negative impacts, blue colour indicates positive impacts. Solid lines indicate significant effects and dashed lines indicate non-significant effects. b) and e) are the total effects of direct and indirect effects on Key Faprotax under MTC and PC treatments, respectively. c) and f) are the total effects of direct and indirect effects on Key FUNGuild under MTC and PC treatments, respectively. \*,  $P < 0.05$ ; \*\*,  $P < 0.01$ .

图 6 基于偏最小二乘路径模型 (PLS-PM) 的土壤微生物多功能性总效应分析

Fig. 6 Total effect analysis of soil microbial multifunctionality based on partial least squares path modeling (PLS-PM)

究结果一致，即树种和根系分泌物可能会影响杉木混交种植园的土壤微生物群落。

本研究发现套种对土壤细菌和真菌群落  $\beta$ -多样性的影响大于  $\alpha$ -多样性(表 2, 图 2), 该结果与 Ding 等<sup>[10]</sup>的研究结果一致。这可能是由于微生物群落结构的变化并不一定会导致物种丰富度、多样性的变化，因为某些类群的变化可能会被其他类群的变化所补偿<sup>[20]</sup>。这种补偿现象很大程度上源于微生物群落普遍存在的功能冗余性，即不同分类群可能执行相似或相同的生态功能。因此，即使群落组成发生

显著改变，只要关键功能类群存在或功能相似的类群能够填补空缺，生态系统的功能过程（如养分循环）和整体的物种丰富度水平就可能得以维持<sup>[21]</sup>。

### 3.2 套种影响了微生物共现网络

网络分析揭示了微生物生态联系和过程之间复杂且潜在的相互作用。在本研究中，套种不同树种后，细菌、真菌网络结构发生了显著变化（图 3）。混交林中细菌网络的节点数、边数及路径长度均有所增加（图 3a），表明网络复杂性提升，这种复杂性可能与微生物群落结构的变化相关。某些关键类

群相对丰度的增减,会影响网络的连接方式,如放线菌门、拟杆菌门等类群在微生物网络中常占据关键节点,其丰度变化会改变与其他细菌的相互关系,进而影响边数和路径长度<sup>[22]</sup>。微生物群落变化和细菌网络复杂性的变化共同驱动着土壤生态系统的功能。复杂的细菌网络能够更有效地进行养分循环、有机物分解、土壤结构维持等生态过程。随着微生物群落的变化和网络复杂性的提升,这些生态功能的效率和稳定性也会相应提高,从而维持土壤生态系统的健康和稳定<sup>[23]</sup>。例如, Yuan 等<sup>[24]</sup>的研究结果证实了生态学中的关键理念:复杂性带来稳定性,即生态系统网络结构的复杂性与功能稳定性之间存在显著的正相关关系。本研究证实,混交林通过改变土壤环境(如提高 pH、增加有机碳及有效磷含量),显著增强了生境异质性和资源可利用性(表 1)。这种生境优化直接驱动了微生物群落的多样性提升,并促使细菌共现网络的节点数、边数及路径长度上升。各处理下微生物共现网络的度中心性、接近中心性和特征向量中心性存在显著差异(图 4),例如 MTC 处理下,细菌网络的度中心性显著提高( $P<0.001$ ),表明微生物互作强度与功能冗余性增强。这种高复杂性网络可通过“功能补偿效应”(Functional compensation effect)缓冲环境扰动,例如在养分波动时,关键菌群(如放线菌门)的代谢多样性可维持氮循环功能稳定<sup>[25]</sup>。偏最小二乘路径模型(PLS-PM)(图 6)显示,土壤化学性质通过影响关键微生物类群,间接提升碳氮循环相关功能基因的表达,最终使生态系统稳定性指数提高。

作为维系生物网络结构稳定性的核心枢纽,关键物种的存续直接决定生态网络功能的完整性,一旦发生缺失,将引发网络拓扑结构失序并导致系统功能级联崩溃,最终威胁整个生态系统的稳定运行<sup>[26]</sup>。通过网络分析(图 4)发现,混交林生态系统相较于单一林型具有更丰富的高枢纽性类群分布,其空间配置模式与网络鲁棒性指标呈显著正相关,表明枢纽类群的多样性对网络稳定性具有正向调控作用。进一步分析确定了具有较高程度值的关键微生物群,这些枢纽类群主要隶属于变形菌门、放线菌门和芽单胞菌门三大系统发育类群(图 1a)。这些细菌门作为森林生态系统的功能基石,通过驱动木质素降解、氮素矿化等关键过程,在土壤有机质转化与养分循环中发挥核心作用。Yang 等<sup>[27]</sup>研究

发现,放线菌门的相对丰度与土壤有机质含量(SOC)及 pH 间存在显著正相关,显示其代谢活动可能通过调节土壤理化环境来维持营养供给的稳态。该发现与 MTC 处理组的实验结果(表 1,图 1a)相印证:当土壤 pH 因套种提升至 4.38 时, SOC 含量同步增加 26.2%,由此引发的放线菌门丰度激增(增幅达 56.2%),从而增强了细菌群落的木聚糖分解功能(图 5)。

### 3.3 套种改变了土壤功能基因丰度

土壤中的微生物在生物地球化学循环中发挥了核心作用,它们参与碳和氮的转化与固定,影响了生态系统的碳储存能力和养分供给<sup>[28]</sup>。PC 处理下氮代谢功能特征(固氮、反硝化、脲解等功能活跃)是对高 C/N 比凋落物、土壤酸化的适应性响应(图 5a)。杉木凋落物的高 C/N 比导致其分解缓慢,释放氮的效率低,土壤有效氮匮乏<sup>[7]</sup>。微生物通过固氮和脲解主动补充氮源,同时依赖硝酸盐呼吸和氮呼吸获取能量,形成“开源节流”的氮代谢策略<sup>[29]</sup>。不仅如此,凋落物还会分解释放有机酸(如单宁酸),导致土壤 pH 降低,抑制硝化作用,促使硝酸盐通过反硝化(氮呼吸)或硝酸盐呼吸转化<sup>[30]</sup>。而反硝化过程产生的  $H^+$ ,进一步降低土壤 pH,形成“凋落物酸化→反硝化活跃→酸化加剧”的恶性循环。MPC 处理下硝酸盐还原功能活跃(图 5a),这是高碳输入、pH 提高及微生物群落重组共同作用的结果。浙江楠作为阔叶树种,其凋落物 C/N 比低,木质素含量少,分解速率快,可释放大量易分解有机碳<sup>[31]</sup>。但土壤中 SOC 含量较 PC 低,可能是因为浙江楠凋落物提供大量易利用碳源,激活微生物(如变形菌门)分解原有土壤惰性有机碳(如杉木残留的木质素),微生物通过“共代谢”同时消耗新鲜凋落物碳和原有 SOC,导致总 SOC 含量减少。在套种浙江楠后,土壤 pH 显著升高(表 1),这有利于促进反硝化菌的增殖,同时抑制极端酸敏感菌,优化硝酸盐还原酶的活性。MTC 处理下木聚糖分解功能活跃(图 5a),这是因为南方红豆杉的凋落物含有丰富的可溶性有机物质和易于分解的碳水化合物,如木聚糖,这些物质为微生物提供了丰富的碳源,促进了木聚糖分解功能的活跃。

在杉木纯林中,由于植物种类相对单一,杉木及其伴生的苔藓植物成为寄生真菌的主要宿主。这种单一宿主环境有利于能够适应并利用杉木或苔藓

植物的寄生真菌的定殖，导致这些寄生真菌在杉木纯林中的丰度较高。叶腐生真菌主要依赖植物凋落物中的叶片等有机物质作为营养来源<sup>[32]</sup>。在杉木纯林中，杉木叶片是主要的凋落物来源，其成分和性质相对一致，为叶腐生真菌提供了集中且稳定的营养资源。这种资源的集中性使得叶腐生真菌能够更好地适应环境并在林分中大量繁殖，进而表现出较高的丰度（图 5b）。杉木在生长过程中会向根际土壤分泌一些特定的化学物质，如酚类化合物等<sup>[33]</sup>，这些分泌物对某些真菌具有吸引或抑制作用。例如，杜鹃花类菌根真菌可能受杉木分泌物的诱导而向杉木根系聚集，从而形成更紧密的共生关系，提高其丰度。

### 3.4 套种后土壤功能基因预测的变化

不同混交林经营模式中，树种选择对土壤微生物功能预测指标（K-Fap 和 K-FUN）的调控效应凸显了适生树种配置的重要性。PLS-PM 分析（图 6）表明，在 MTC 处理中，尽管土壤化学性质对 K-Fap 的直接效应未达显著水平（ $P>0.05$ ），但其总效应值却呈现显著正向贡献。通过路径分解可知，土壤化学性质通过显著促进细菌关键种群（如放线菌门）的增殖，进而间接驱动 K-Fap 的响应。该发现表明，混交林的构建需综合考虑树种对微生物功能的直接调控及其介导的土壤环境间接效应。在 PC 处理中，土壤化学性质与真菌  $\alpha$  多样性对 K-Fap 均呈现总体的负向影响（图 6e）。这可能源于长期单一杉木林经营导致的土壤酸化与养分贫瘠化<sup>[34]</sup>，其不仅抑制真菌群落的多样性维持，还通过改变微生物资源竞争格局削弱系统功能稳定性。因此，通过套种适生树种改善土壤理化性质并优化关键功能类群结构，是激活土壤生态功能潜力、实现人工林可持续经营的重要途径。综上所述，推荐在杉木林中套种南方红豆杉，并将浙江楠作为辅助树种协同套种，以实现土壤状况的协同优化，提升土壤生态功能潜力，为人工林的可持续经营提供有力支撑。

## 4 结 论

不同珍贵树种的套种组合通过各自特性改善了土壤化学性质。具体而言，浙江楠（MPC）通过吸收和转化土壤中的酸性物质，显著提升土壤 pH；南方红豆杉（MTC）的高 C/N 比凋落物是其显著提升

土壤有机质含量的关键；红豆树（MOC）则依赖根系分泌物中的有机酸竞争磷酸根吸附点位，从而明显增加土壤有效磷含量。套种增加了土壤细菌网络的节点数、边数和路径长度，提升了细菌网络的复杂性和稳定性。PLS-PM 模型表明，套种通过直接改善土壤化学性质，间接促进与碳氮转化密切关联的微生物类群丰度上升，从而优化土壤生态功能网络的核心代谢途径。然而，结论受限于单季数据与区域样本，未来需结合多季节监测及跨区域验证，深入解析关键微生物的功能机制。建议在杉木林区优先套种南方红豆杉，并辅以浙江楠套种以协同优化土壤状况。

### 参考文献（References）

- [1] Huang L. Research progress on the ecological effects of forest management[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41 (10): 4226—4239. [黄麟. 森林管理的生态效应研究进展[J]. *生态学报*, 2021, 41 (10): 4226—4239.]
- [2] Wang J, Fu R B, Hao Z D, et al. Characteristics of soil nitrogen transformation in different clonal Chinese fir plantations[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2024, 61 (3): 802—812. [王敬, 付瑞彪, 郝兆东, 等. 不同无性系杉木人工林土壤氮素转化特征[J]. *土壤学报*, 2024, 61 (3): 802—812.]
- [3] Jiao J J, Sheng W X, Su G L, et al. Stand increment and diversity of understory species in *Cunninghamia lanceolata* plantation mixed with different rare tree species[J]. *Journal of Zhejiang Forestry Science and Technology*, 2022, 42 (3): 1—8. [焦洁洁, 盛卫星, 苏光浪, 等. 杉木人工林珍贵化改造对林分生长量与物种多样性的影响[J]. *浙江林业科技*, 2022, 42 (3): 1—8.]
- [4] Tiao X, Hu J Y, Liu J B, et al. Effects of simulation of various initial planting densities of Chinese fir with *Phoebe bournei* mixed forest on its carbon storage[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 31 (3): 598—604. [田晓, 胡靖宇, 刘静波, 等. 模拟不同初植密度杉木楠木混交林对碳储量的影响[J]. *西南农业学报*, 2018, 31 (3): 598—604.]
- [5] Ming A G, Yang Y J, Liu S R, et al. A decade of close-to-nature transformation alters species composition and increases plant community diversity in two coniferous plantations[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 1141.
- [6] Hu Y X, Zhang X Q, Chen H Y, et al. Effects of forest age and season on soil microbial communities in Chinese fir plantations[J]. *Microbiology Spectrum*, 2024, 12(8): e04075—23.
- [7] Zhang B B, Wang X H, Yang J Q, et al. Effects of litters

- different in quality on soil microbial community structure in *Cunninghamia lanceolata* plantation[J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, 58 (4): 1040—1049. [张冰冰, 万晓华, 杨军钱, 等. 不同凋落物质量对杉木人工林土壤微生物群落结构的影响[J]. 土壤学报, 2021, 58 (4): 1040—1049.]
- [ 8 ] Lei J, Duan A G, Guo W F, et al. Effects of tree species mixing and soil depth on the soil bacterial and fungal communities in Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) plantations[J]. Applied Soil Ecology, 2024, 195: 105270.
- [ 9 ] Lu X G, Guo Y L, Yao X Y, et al. Mixed with broadleaf tree species changes soil microbial stoichiometric characteristics in Chinese fir plantations: Insights at the aggregate scale[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2025, 25 (2): 3676—3689.
- [ 10 ] Ding K, Zhang Y T, Yrjälä K, et al. The introduction of *Phoebe bournei* into *Cunninghamia lanceolata* monoculture plantations increased microbial network complexity and shifted keystone taxa[J]. Forest Ecology and Management, 2022, 509: 120072.
- [ 11 ] Hou X L, Yu J B, Han X J, et al. Dynamic shifts in soil fungal functional group characteristics across distinct vegetation types during ecological restoration in degraded red soil regions[J]. Forests, 2024, 15 (1): 89.
- [ 12 ] Wang C Q, Kuzyakov Y. Mechanisms and implications of bacterial–fungal competition for soil resources[J]. The ISME Journal, 2024, 18 (1): wræ073.
- [ 13 ] Song G, Sun B, Jiao J Y. Comparison between ultraviolet spectrophotometry and other methods in determination of soil nitrate-N[J]. Acta Pedologica Sinica, 2007, 44 (2): 288—293. [宋歌, 孙波, 教剑英. 测定土壤硝态氮的紫外分光光度法与其他方法的比较[J]. 土壤学报, 2007, 44 (2): 288—293.]
- [ 14 ] Lu R K. Analytical methods for soil and agro-chemistry [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000. [鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.]
- [ 15 ] Logue J B, Stedmon C A, Kellerman A M, et al. Experimental insights into the importance of aquatic bacterial community composition to the degradation of dissolved organic matter [J]. The ISME Journal, 2016, 10 (3): 533—545.
- [ 16 ] Lin Y X, Ye G P, Kuzyakov Y, et al. Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2019, 134: 187—196.
- [ 17 ] Li H C, Li J J, Zhang H, et al. Effect of vegetation type on rhizosphere microorganisms of reclaimed soils in coal mining areas[J]. Acta Pedologica Sinica, 2024, 61 (5): 1455—1465. [李厚春, 李君剑, 张红, 等. 植被类型对煤矿区复垦土壤根际微生物的影响[J]. 土壤学报, 2024, 61 (5): 1455—1465.]
- [ 18 ] Yuan S Y, He J, Su D R. Advances in the effects of precipitation pattern change and grazing on soil phosphorus conversion in grassland[J]. Acta Agrestia Sinica, 2024, 32 (1): 25—36. [袁淑雅, 贺晶, 苏德荣. 降水格局变化和放牧对草地土壤磷转化影响的研究进展[J]. 草地学报, 2024, 32 (1): 25—36.]
- [ 19 ] Uroz S, Oger P, Tisserand E, et al. Specific impacts of beech and Norway spruce on the structure and diversity of the rhizosphere and soil microbial communities[J]. Scientific Reports, 2016, 6 (1): 27756.
- [ 20 ] Hartmann M, Widmer F. Community structure analyses are more sensitive to differences in soil bacterial communities than anonymous diversity indices[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, 72 (12): 7804—7812.
- [ 21 ] Ramond P, Galand P E, Logares R. Microbial functional diversity and redundancy: Moving forward[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2024, 49: fuæ031.
- [ 22 ] Meng L X, Xu C X, Wu F L, et al. Microbial co-occurrence networks driven by low-abundance microbial taxa during composting dominate lignocellulose degradation[J]. Science of the Total Environment, 2022, 845: 157197.
- [ 23 ] Qian J J, Akçay E. The balance of interaction types determines the assembly and stability of ecological communities[J]. Nature Ecology & Evolution, 2020, 4 (3): 356—365.
- [ 24 ] Yuan M M, Guo X, Wu L W, et al. Climate warming enhances microbial network complexity and stability[J]. Nature Climate Change, 2021, 11 (4): 343—348.
- [ 25 ] Boubekri K, Soumare A, Mardad I, et al. Multifunctional role of Actinobacteria in agricultural production sustainability: A review[J]. Microbiological Research, 2022, 261: 127059.
- [ 26 ] Hu H X, Mo Y X, Shen T, et al. Simulated high-intensity phorophyte removal mitigates the robustness of epiphyte community and destroys commensal network structure[J]. Forest Ecology and Management, 2022, 526: 120586.
- [ 27 ] Yang B, Feng W J, Zhou W J, et al. Association between soil physicochemical properties and bacterial community structure in diverse forest ecosystems[J]. Microorganisms, 2024, 12 (4): 728.
- [ 28 ] Xi Y Q, Li X, Liu X F. Effects of simulated nitrogen addition on soil organic carbon mineralization in subtropical *Cunninghamia lanceolata* plantation[J]. Soils, 2023, 55 (1): 196—204. [席颖青, 李晓, 刘小飞. 模拟氮添加对亚热带杉木人工林土壤有机碳矿化的影响[J]. 土壤, 2023, 55 (1): 196—204.]
- [ 29 ] Zhu L F, Chen X L. Research progress on the mechanism and applications of nitrate respiration and anaerobic ammonium oxidation[J]. Chinese Bulletin of Life

- Sciences, 2021, 33 (4): 428—437. [朱凌峰, 陈雪岚. 硝酸盐呼吸和厌氧氨氧化的机制及其应用研究进展[J]. 生命科学, 2021, 33 (4): 428—437.]
- [ 30 ] Wang M J, Huang Z Q, Zhang B B, et al. Soil nitrification and denitrification in *Cunninghamia lanceolata* plantations with different stand ages[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2023, 34 (1): 18—24. [王梦娟, 黄志群, 张冰冰, 等. 不同林龄杉木人工林土壤硝化和反硝化作用[J]. 应用生态学报, 2023, 34 (1): 18—24.]
- [ 31 ] Jiang N C, Qiu Y B, Zhang N J, et al. Characteristics of litter and soil nutrient content and stoichiometric ratio in mixed forest *Cunninghamia lanceolata* and broadleaved trees [J]. Journal of Zhejiang Forestry Science and Technology, 2024, 44 (4): 1—6. [姜年春, 邱勇斌, 张能军, 等. 杉木-阔叶树复层混交林凋落物和土壤养分及化学计量特征[J]. 浙江林业科技, 2024, 44 (4): 1—6.]
- [ 32 ] Yang J T, Pan Y J, Chang C L, et al. Effects of native plant-soil microbe interaction on plant invasion [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2024, 48 (12): 1547—1560. [杨佳婷, 潘应骥, 常春玲, 等. 本地植物与土壤微生物互作对植物入侵影响的研究进展[J]. 植物生态学报, 2024, 48 (12): 1547—1560.]
- [ 33 ] Lei J, Wu H B, Li X Y, et al. Response of rhizosphere bacterial communities to near-natural forest management and tree species within Chinese fir plantations[J]. Microbiology Spectrum, 2023, 11 (1): e02328—22.
- [ 34 ] Liu X, Wang Y Z, Liu Y H, et al. Response of bacterial and fungal soil communities to Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) long-term monoculture plantations[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 181.

(责任编辑：陈荣府)