植物生态学报 2026, **50** (7): 1591-1605 DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170
Chinese Journal of Plant Ecology CSTR: 32100.14.cjpe.2025.0170

互花米草治理后光滩保留与红树林替代对滨海湿地土壤真菌群落及有机碳组分的影响

陈诗愉[1] 殷荣宾[1,2] 任笑瀛[1] 陈骏马[1] 于思琦[1] 张雨硕[1] 余燕萍[1] 王维奇[1,2*]

[1]福建师范大学地理研究所, 福州 350117; [2]福建师范大学湿润亚热带生态-地理过程教育部重点实验室, 福州 350117

摘 要 互花米草(*Spartina alterniflora*)治理后, 保留光滩与种植红树林两种不同管理方式影响着湿地土壤微生物与碳循环过程。然而, 关于这两种治理方式如何影响土壤真菌群落的结构与功能、有机碳组分的分布与周转, 进而影响碳库活性和管理效率的系统认知仍存在明显不足。该研究选取福建省滨海湿地两个治理区为研究区域, 通过高通量测序(ITS1)和碳组分测定等方法, 系统分析互花米草治理后光滩湿地和红树林替代湿地真菌群落组成差异及其与不同稳定性有机碳组分含量的动态关联。结果表明, 红树林替代后湿地土壤真菌群落优势菌门仍为子囊菌门和担子菌门, 平均相对丰度之和达65%; 优势菌属转变为白冬孢酵母属(*Leucosporidium*)和暗壳腔菌属(*Phaeosphaeria*), 其分布受土壤含水量、容重和电导率显著调控。FUNGuild功能预测显示红树林替代前后均为腐生营养型相对丰度占比最高(15.4%–47.8%), 其中土壤腐生菌-未定义腐生菌和丛枝菌根真菌在功能分组中占比较高, 土壤植物病原菌在红树林替代后相对丰度有所降低。相较于光滩湿地, 红树林替代湿地有机碳含量有所降低, 但碳库活度指数(CPAI)和碳库管理指数(CPMI)呈现不同幅度的提升。真菌群落α多样性是影响易氧化态有机碳(EOC)含量的主要因子, 解释率为50.8%; 兼性腐生菌通过调控惰性有机碳(ROC)转化显著提升碳周转效率。综上, 该研究揭示了红树林替代通过强化腐生真菌功能优势, 有效促进土壤有机碳从惰性形态向活性形态的转化, 进而改变碳库管理指数。

关键词 红树林; 真菌群落; 土壤有机碳稳定性; 碳库管理; 滨海湿地

陈诗愉, 殷荣宾, 任笑瀛, 陈骏马, 于思琦, 张雨硕, 余燕萍, 王维奇 (2026). 互花米草治理后光滩保留与红树林替代对滨海湿地土壤真菌群落及有机碳组分的影响. 植物生态学报, 50, 1591-1605. DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

Effects of bare flat retention and mangrove replacement on soil fungal communities and organic carbon fractions in coastal wetlands following *Spartina alterniflora* control

CHEN Shi-Yu[1], YIN Rong-Bin[1,2], REN Xiao-Ying[1], CHEN Jun-Ma[1], YU Si-Qi[1], ZHANG Yu-Shuo[1], YU Yan-Ping[1], and WANG Wei-Qi[1,2*]

[1]Institute of Geography, Fujian Normal University, Fuzhou 350117, China; and [2]Key Laboratory of Humid Subtropical Eco-geographical Process of Ministry of Education, Fujian Normal University, Fuzhou 350117, China

Abstract

Aims After the control of *Spartina alterniflora*, two distinct management approaches—preserving bare mudflats and planting mangrove forests—have been found to influence wetland soil microorganisms and carbon cycling processes. However, there remains a significant gap in the systematic understanding of how these two management strategies affect the structure and function of soil fungal communities, the distribution and turnover of organic carbon components, and consequently impact carbon pool activity and management efficiency.

Methods Employing high-throughput sequencing (ITS1) and carbon fractionation techniques, we systematically analyzed differences in fungal community composition between bare flat wetlands and mangrove-restored wetlands as well as their dynamic associations with distinct stability classes of organic carbon components after *S. alterniflora* control.

Important findings The results demonstrated that Ascomycota and Basidiomycota remained the dominant fungal phyla in wetland soils following mangrove replacement, with a combined average relative abundance reaching 65%. The predominant genera shifted to *Leucosporidium* and *Phaeosphaeria*, whose distributions were significantly regulated by soil water content, bulk density, and electrical conductivity. FUNGuild functional

收稿日期Received: 2025-05-13 接受日期Accepted: 2025-08-25
基金项目: 国家自然科学基金(U25A20801)。Supported by the National Natural Science Foundation of China (U25A20801).
* 通信作者Corresponding author (wangweiqi@fjnu.edu.cn)

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

prediction revealed that saprotrophic fungi maintained the highest relative abundance (15.4%–47.8%) before and after mangrove replacement, with soil saprotrophs-undefined saprotrophs and arbuscular mycorrhizal fungi predominating in functional groups. The relative abundance of soil-borne plant pathogens decreased post-replacement. Compared to bare flats, mangrove-replaced wetlands exhibited reduced organic carbon content but showed varying increases in Carbon Pool Activity Index (CPAI) and Carbon Pool Management Index (CPMI). The alpha diversity of the fungal community emerged as the primary factor influencing easily oxidizable organic carbon (EOC) content, accounting for 50.8% of variance. Facultative saprotrophic fungi significantly enhanced carbon turnover efficiency by driving recalcitrant organic carbon transformation. Based on the above findings, this study demonstrates that mangrove replacement effectively promotes the transformation of soil organic carbon from recalcitrant to labile forms by enhancing the functional dominance of saprophytic fungi, consequently altering the CPMI. These findings advance the theoretical understanding of the interaction mechanisms between wetland organic carbon components and microbial communities, thereby providing scientific foundations for sustainable coastal wetland conservation.

Key words mangrove; fungal community; soil organic carbon stability; carbon pool management; coastal wetland

Chen SY, Yin RB, Ren XY, Chen JM, Yu SQ, Zhang YS, Yu YP, Wang WQ (2026). Effects of bare flat retention and mangrove replacement on soil fungal communities and organic carbon fractions in coastal wetlands following *Spartina alterniflora* control. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 50, 1591-1605. DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

滨海湿地位于海陆交汇处, 由于受自然和人类活动的双重影响, 成为脆弱边缘地带和生态敏感区域(张华兵等, 2021; 叶瑞超等, 2025)。互花米草(*Spartina alterniflora*)具有较强的竞争力和繁殖能力, 已成为湿地生态系统中的主要入侵物种(董波和刘迪, 2024)。近年来, 王丹等(2015)的研究表明, 互花米草入侵不仅改变了湿地土壤理化性质, 而且重塑了湿地生态系统的物质循环路径。尽管已有研究证实红树林、互花米草沼泽和光滩土壤的有机碳含量存在明显差异(徐耀文等, 2020), 但对于治理后湿地真菌群落特征及有机碳稳定性的影响仍缺乏系统研究。

基于分解速率和稳定程度的差异, 土壤有机碳组分可区分为不稳定的活性碳和较稳定的惰性碳(杜雪和王海燕, 2022)。有研究表明, 互花米草短期入侵虽提升表层土壤有机碳含量, 但其碱性环境可能加速无机碳横向输出, 削弱长期固碳效益(Lu et al., 2023)。此外, 潮间带的高程差异、沉积物粒度及水文连通性等局部环境差异可能导致不同恢复方式下有机碳分布的空间差异(Wen et al., 2019; Zhang et al., 2024)。相关研究也表明, 与光滩湿地相比, 红树林湿地固存有机碳能力的提升, 不仅改变了碳迁移路径, 也使湿地碳库容量和固碳潜力发生改变(何斌源等, 2007)。然而, 互花米草治理后, 保留光滩与人工种植红树林对土壤有机碳动态的影响及其区域差异仍不明确。

土壤微生物是调节碳库演变的重要角色(赵杼祺等, 2024), 不同微生物对有机碳的利用策略并不一致, 其中真菌在碳循环中扮演着重要的角色(刘满强等, 2007)。土壤真菌群落与植物存在密切关系, 植物通过凋落物和根际分泌物影响土壤微生物群落的结构与功能(王亚妮等, 2023)。此外, 土壤环境条件也对真菌群落产生影响, 如孟兆云等(2023)研究发现土壤容重、孔隙度、有机碳含量等是影响真菌群落的重要因子。真菌不同的功能分组也与植物养分吸收和有机物质分解等过程密切相关(李嫚等, 2024), 如腐生真菌是土壤有机质的重要分解者(于天赫等, 2021), 真菌通过碳代谢功能的发挥改变着土壤碳循环及碳赋存特征。互花米草治理后, 维持光滩湿地和红树林替代湿地土壤真菌群落的差异性还需进一步探究。

鉴于红树林湿地在发挥生态系统多功能性中的优势(盘远方等, 2024), 且互花米草治理后保持光滩湿地具有必要性, 科学治理方式的选择对于湿地保育十分关键。从当前研究进展来看, 互花米草治理后不同湿地土壤真菌群落和不同稳定性碳库的相关研究极为有限。故而本研究旨在揭示不同区域互花米草治理后光滩湿地和红树林替代湿地两种情景下土壤真菌群落多样性、功能类群和碳库特征。提出如下假设: 红树林替代后土壤真菌群落得到优化, 有机碳库稳定性发生改变, 土壤碳库管理指数有所提高。本研究的开展将有助于为互花米草治理后高碳汇模式的选择和湿地可持续管理提供参考。

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

1 材料和方法

1.1 研究区与采样点概况

研究区位于福建省宁德市, 属于中亚热带海洋性季风气候, 年平均气温为17.5 ℃, 无霜期270.4 d, 降水量2 350 mm。研究区互花米草分布面积占全省互花米草分布总面积的37.8% (巫磊和吴文挺, 2023), 约于2020年开展对互花米草的除治, 主要采取“刈割+翻耕”的方式进行, 从而抑制互花米草的繁殖。对互花米草进行治理后, 2–3个月开始人工种植红树林。采样点均位于高潮滩, 潮汐类型属规则半日潮, 东吾洋地处凸岸, 水动力相对和缓; 而溪邳村位于凹岸, 受潮流汇聚和河流径流叠加影响, 潮汐冲刷作用显著(Zhao et al., 2013)。在管护方面, 选择本土红树植物秋茄(*Kandelia obovate*)进行人工栽种后, 借助育苗技术提升成活率。同时, 针对潮汐规律的自然条件差异, 科学规划种植区域, 以确保红树林生态功能恢复, 采样时红树林高度约1 m, 且恢复成效显著。本研究选取宁德市福安市溪邳村(27.40° N, 120.33° E)和宁德市霞浦县东吾洋(27.28° N, 120.05° E)两个研究区(图1), 每个研究区分别设置治理后光滩湿地和红树林替代湿地两个生境, 共计4个样地。

1.2 样品采集

2023年7月, 于溪邳村和东吾洋进行野外土壤样品采集。在清除表面凋落物后, 采用五点采样法(Bu et al., 2014)分别采集4个样地内0–15 cm土层土壤, 每个样地采集3个重复土样。每份样品在剔除植物残体及其他杂质后分别密封于两份无菌自封袋内, 一份在自然风干后经研磨、过2 mm筛用于测定土壤碳组分, 另一份置于–20 ℃环境中带回实验室用于微生物及相关指标测定。

1.3 土壤样品测定与分析

1.3.1 土壤理化特征

土壤含水量、容重分别采用烘干法、环刀法测定(鲁如坤, 2000), 土壤pH及电导率分别采用便携式pH计(Starter300, OHAUS, Parsippany, USA)与电导仪(2265FS, Spectrum Technologies, Aurora, USA)在水土质量比为5:1的浸提液中进行测定(鲁如坤, 2000; Reddy & de Laune, 2008)。土壤全氮(TN)含量采用碳氮元素分析仪(Elementar Vario MAX CN, Elementar, Langenselbold, Germany)测定。

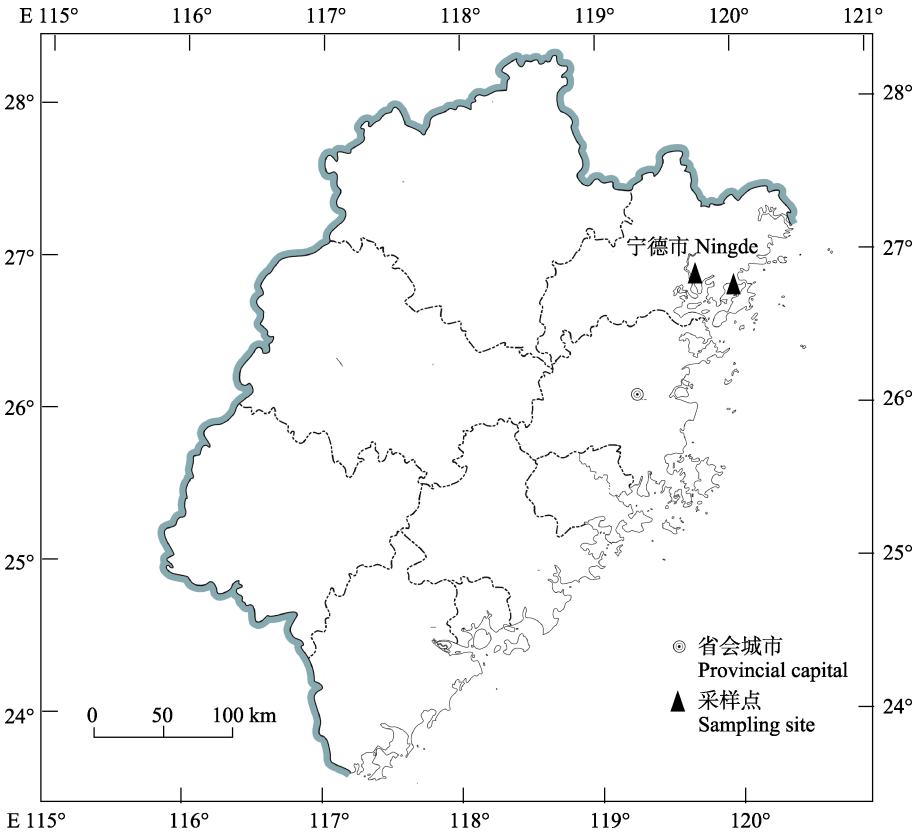


图1 福建宁德红树林恢复研究采样点地理位置。
Fig. 1 Location of sampling sites for mangrove restoration research in Ningde, Fujian.

DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

1.3.2 土壤碳组分的测定

为探究互花米草治理后光滩保留与红树林替代的土壤有机碳稳定性特征, 分析了不同活性有机碳组分, 具体为: 采用土壤碳氮元素分析仪(Elementar Vario MAX CN, Elementar, Langenselbold, Germany)测定土壤总有机碳(SOC)含量。采用333 mmol·L^{-1}高锰酸钾氧化法提取易氧化态有机碳(EOC), 用紫外分光光度计(Shimadzu UV-1800, Shimadzu Corporation, Kyoto, Japan)测定含量, 惰性有机碳(ROC)含量为总有机碳与易氧化态有机碳含量差值。

1.3.3 碳库管理指数的计算

土壤碳库管理指数(CPMI)是评价治理后不同管理措施对土壤碳库影响的重要指标(Blair et al., 1995)。其计算方法参考Zhao等(2014):

$$CPMI = CPI \times CPAI \times 100 \quad (1)$$

$$CPI = TOC_S/TOC_R \quad (2)$$

$$CPAI = CPA_S/CPA_R \quad (3)$$

$$CPA = C_A/C_{NA} \quad (4)$$

式中, CPI为碳库指数, CPAI为碳库活度指数, TOC_S为样品总有机碳含量, TOC_R为参照土壤总有机碳含量, CPA_S为样品碳活度, CPA_R为参照土壤碳库活度, C_A为土壤易氧化态有机碳含量, C_{NA}为惰性有机碳含量。本研究选取互花米草治理后光滩湿地土壤作为参照土壤。

1.3.4 真菌群落特征

为探究真菌群落与土壤碳动态的关联, 通过高通量测序分析土壤真菌群落的组成、多样性及功能潜力, 其中多样性包括反映群落丰富度和均匀度的α多样性和反映样本间差异的β多样性。具体步骤如下: 依据E.Z.N.A.Soil DNA Kit (Omega Bio-tek, Norcross, USA)说明书进行土壤基因组DNA抽提, 采用Nanodrop 2000 (ThermoFisher Scientific, Waltham, USA)测定土壤样本DNA纯度及浓度。样本储存于–20 ℃备用。选取通用引物ITS1F (CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA)和ITS2R (GCTGCGTTCTTCATCGATGC)对ITS1 (ITS1F-ITS2R)进行PCR扩增(Bellemain et al., 2010), 利用1%琼脂糖凝胶电泳30 min对扩增目的条带大小进行检测, 其中电压控制在170 V。采用Illumina Miseq/Nextseq 2000/Novaseq 6000 (Illumina, San Diego, USA)平台进行测序工作, 测序策略为PE250/PE300。在平台中分析获取运算分类单元(OUT)丰度数据, 使用Vsearch 2.7.1软件uparse算法对优质序列进行OTU聚类, 序列相似性阈值为97%。将OTU代表序列使用BLAST算法与Unite 8.2数据库进行比对, 其中e-value阈值设置为1e-5, 得到每个OTU对应的物种分类信息, 而后进行真菌群落结构组成分析、真菌群落多样性以及真菌群落的功能预测分析。

1.3.5 数据分析与图形绘制

使用Excel 2010软件对实验数据进行分类与整理, 并计算平均值及标准误差。通过SPSS 27.0软件中的成对样本*t*检验进行真菌群落α多样性、土壤碳组分等的差异分析, 显著性水平设定为$p = 0.05$。为解析真菌群落的β多样性, 进行Bray-Curtis距离计算后基于主坐标分析(PCoA)实现分布格局的可视化呈现。通过Canoco 5软件, 采用冗余分析(RDA)进行真菌群落α多样性与有机碳组分之间的关系探究。此外, 采用Origin 2022软件结合Correlation Plot插件, 对环境因子、真菌群落结构及不同碳组分之间的综合关系进行相关性热图分析。

2 结果和分析

2.1 互花米草治理方式对土壤真菌群落特征的影响

2.1.1 真菌群落α多样性特征

由表1可知, 溪邳村和东吾洋互花米草治理后的红树林替代湿地与光滩湿地相比, 土壤真菌

表1 不同湿地土壤真菌α多样性(平均值±标准误, $n = 3$)
Table 1 Diversity of fungal α in different wetlands (mean ± *SE*, $n = 3$)

采样点 Sampling site	Shannon-Wiener指数 Shannon-Wiener index	Simpson指数 Simpson index	Chao1指数 Chao1 index
溪邳村光滩湿地 Xipi bare flat wetland	5.69 ± 0.06^a	0.92 ± 0.01^a	643.71 ± 174.44^a
溪邳村红树林湿地 Xipi mangrove wetland	4.17 ± 0.83^a	0.80 ± 0.09^a	757.13 ± 108.67^a
东吾洋光滩湿地 Dongwuyang bare flat wetland	4.94 ± 0.37^a	0.95 ± 0.01^a	138.19 ± 34.32^a
东吾洋红树林湿地 Dongwuyang mangrove wetland	5.49 ± 0.30^a	0.93 ± 0.01^a	394.26 ± 95.10^a

同列不同小写字母表示同一治理区不同湿地间差异显著($p < 0.05$)。
Different lowercase letters in the same column meant significant difference between different wetlands in the same treatment area ($p < 0.05$).

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

Chao1指数在数值上较高, Simpson指数在数值上较低; 溪邳村红树林替代湿地的Shannon-Wiener指数在数值上较低, 而东吾洋红树林替代湿地在数值上较高, 但这些差异并未达到显著水平($p > 0.05$)。

2.1.2 真菌群落β多样性特征

研究区真菌群落β多样性如图2所示。由图可知, 主坐标第一主成分(PCoA1)和第二主成分(PCoA2)的累计方差贡献率为36.23%。点与点之间的距离越远, 表明群落结构差异越大。由此可见, 东吾洋和溪邳村湿地土壤的真菌群落结构差异较大, 其中东吾洋光滩湿地与红树林替代湿地土壤真菌群落结构差异较小, 而溪邳村光滩湿地与红树林替代湿地土壤真菌群落结构差异大(图2)。基于Bray-Curtis距离算法在OTU水平上进行Permanova分析, 进一步印证红树林替代显著影响湿地真菌群落结构($F = 2.1472$, $p = 0.001$)。

2.1.3 真菌群落水平结构特征

门水平上不同研究区土壤真菌群落的组成如图3A所示。两研究区土壤真菌群落相对丰度较高的5个门中占主导位置的是子囊菌门和担子菌门, 平均相对丰度之和为65%; 其中光滩湿地罗兹菌门平均相对丰度为7%, 红树林替代后平均相对丰度为13.8%, 因此红树林替代能有效提高土壤罗兹菌门真菌相对丰度。

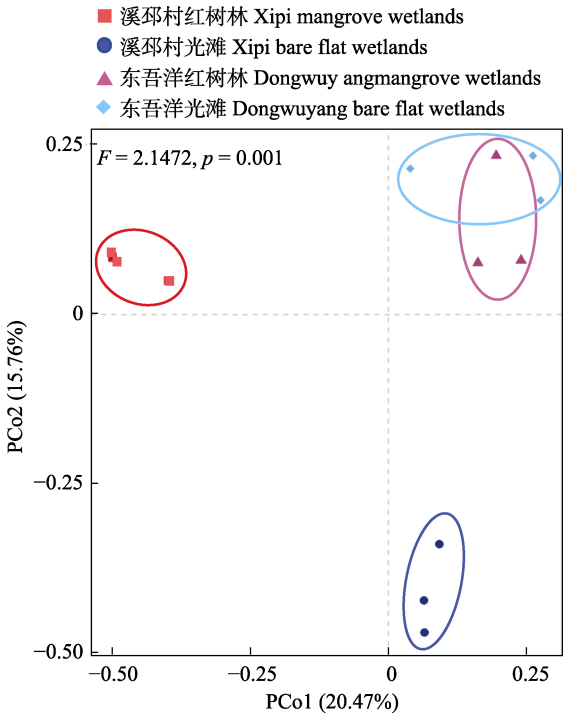


图2 溪邳村和东吾洋的光滩和红树林湿地土壤真菌群落的主坐标(PCo)分析。

Fig. 2 Principal coordinate (PCo) analysis of soil fungal communities in bare tidal flats and mangrove wetlands at Xipi Village and Dongwuyang.

属水平上不同研究区土壤真菌群落的组成如图3B所示。相对丰度前9的真菌菌属为白冬孢酵母属(*Leucosporidium*)、暗壳腔菌属(*Phaeosphaeria*)、枝孢菌属(*Cladosporium*)、*Amarenomyces*、小核衣属(*Pyrenula*)、裸脚伞属(*Gymnopus*)、*Operculomyces*、假裸囊菌属(*Pseudogymnoascus*)、长蠕孢属(*Helminthosporium*)。其中溪邳村光滩湿地优势菌属为裸脚伞属、*Operculomyces*和枝孢菌属, 相对丰度分别为7%、4%和3.5%。红树林替代后, 优势菌属转变为白冬孢酵母属、*Amarenomyces*和假裸囊菌属, 相对丰度分别为27.1%、9.4%和6.5%。东吾洋光滩湿地优势菌属为暗壳腔菌属、枝孢菌属和小核衣属, 相对丰度分别为10.7%、9.8%和3.7%。红树林替代后, 优势菌属为暗壳腔菌属、长蠕孢属和小核衣属, 相对丰度分别为12.2%、2.3%和2.9%。由此可见, 与互花米草治理后光滩湿地相比, 红树林替代湿地的枝孢菌属在溪邳村和东吾洋均有不同程度的降低。

利用Pearson相关性分析对两研究区光滩湿地和红树林湿地的优势菌属相对丰度与环境因子的关系进行探究(图4), 由图可知, 光滩湿地中暗壳腔菌属相对丰度与含水量呈显著正相关关系($p < 0.05$), 裸脚伞属相对丰度与容重呈显著负相关关系($p < 0.05$)、与有机碳含量和碳氮比极显著正相关($p < 0.01$), *Amarenomyces*相对丰度与全氮含量呈显著正相关关系($p < 0.05$)。红树林替代后, *Amarenomyces*相对丰度与碳氮比显著正相关($p < 0.05$), 假裸囊菌属相对丰度与有机碳含量、碳氮比呈显著正相关关系($p < 0.05$), 说明含水量、容重、有机碳、全氮含量及碳氮比对优势菌属影响较大。

2.1.4 功能预测

利用FUNGuild数据库对互花米草治理后不同湿地土壤真菌群落功能进行预测分析, 得到不同区域互花米草治理后光滩湿地和红树林替代湿地的土壤真菌营养类型如图5A所示, 其中腐生营养型相对丰度占比最高, 分别占溪邳村和东吾洋光滩湿地、红树林替代湿地的15.4%、47.8%和28.9%、21.5%, 其次是共生营养型, 分别占溪邳村和东吾洋的光滩湿地、红树林替代湿地的6.56%、5.84%和12.24%、18.36%。病理营养型在红树林替代后, 相对丰度有

DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

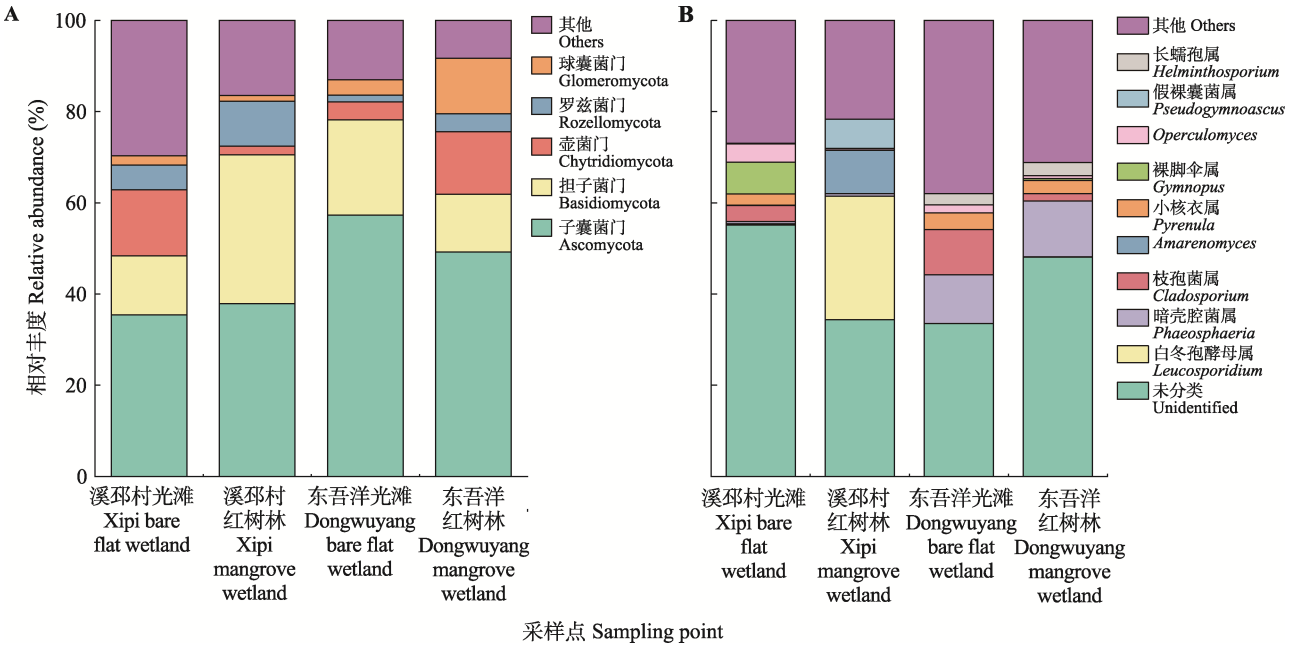


图3 不同湿地土壤真菌门(**A**)及属(**B**)水平群落组成。
Fig. 3 Community composition of the phylum (**A**) and genus (**B**) levels of fungi in different wetlands.

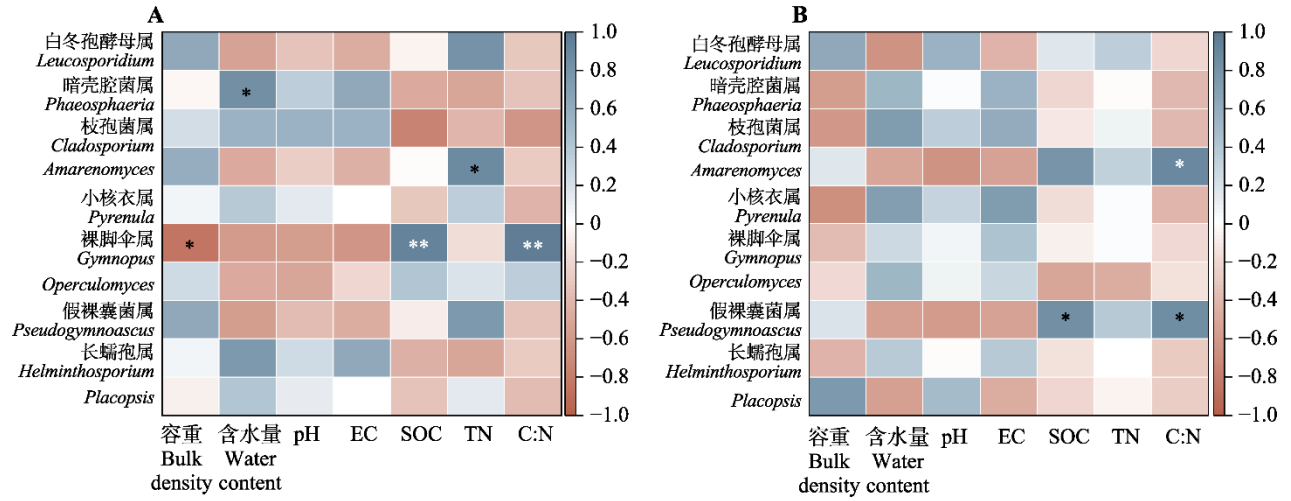


图4 两研究区光滩湿地(**A**)与红树林湿地(**B**)土壤真菌群落优势菌属相对丰度与环境因子相关性分析。*, $p < 0.05$; **, $p < 0.01$。EC, 电导率; SOC, 有机碳; TN, 全氮; C:N, 碳氮比。
Fig. 4 Correlation analysis between the relative abundance of dominant soil bacteria and environmental factors in the bare wetland (**A**) and mangrove wetland (**B**) in the two study areas. *, $p < 0.05$; **, $p < 0.01$. EC, electrical conductivity; SOC, soil organic carbon; TN, total nitrogen; C:N, carbon-to-nitrogen ratio.

所降低。同时选取土壤真菌群落中丰度排名前9的功能分组如图5B所示, 其中湿地土壤真菌群落中功能分组相对丰度占比最高的主要是土壤腐生菌-未定义腐生菌和丛枝菌根真菌, 相对丰度分别占真菌群落的27.4%和18.9%。与互花米草治理后光滩湿地相比, 红树林替代湿地土壤中植物病原菌相对丰度有所降低。

2.2 互花米草治理对不同稳定性有机碳含量的影响

互花米草治理后, 土壤碳组分含量变化如图6所示。光滩湿地土壤中SOC和ROC含量在数值上略高于红树林替代湿地, 但差异不显著($p > 0.05$)。EOC含量上, 红树林替代湿地显著高于光滩湿地($p < 0.05$)。同时根据公式对不同湿地表层土壤碳库管理指数进行计算, 结果显示, 大部分参数在数值上呈现相同的变化趋势, 即CPA、CPAI、CPMI数值上均表现为红树林替代湿地较高(表2)。

2.3 土壤真菌群落特征与不同稳定性有机碳的相关性分析

以不同湿地土壤真菌α多样性指数为解释变量, 以有机碳组分为响应变量进行冗余分析, 同时选取

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

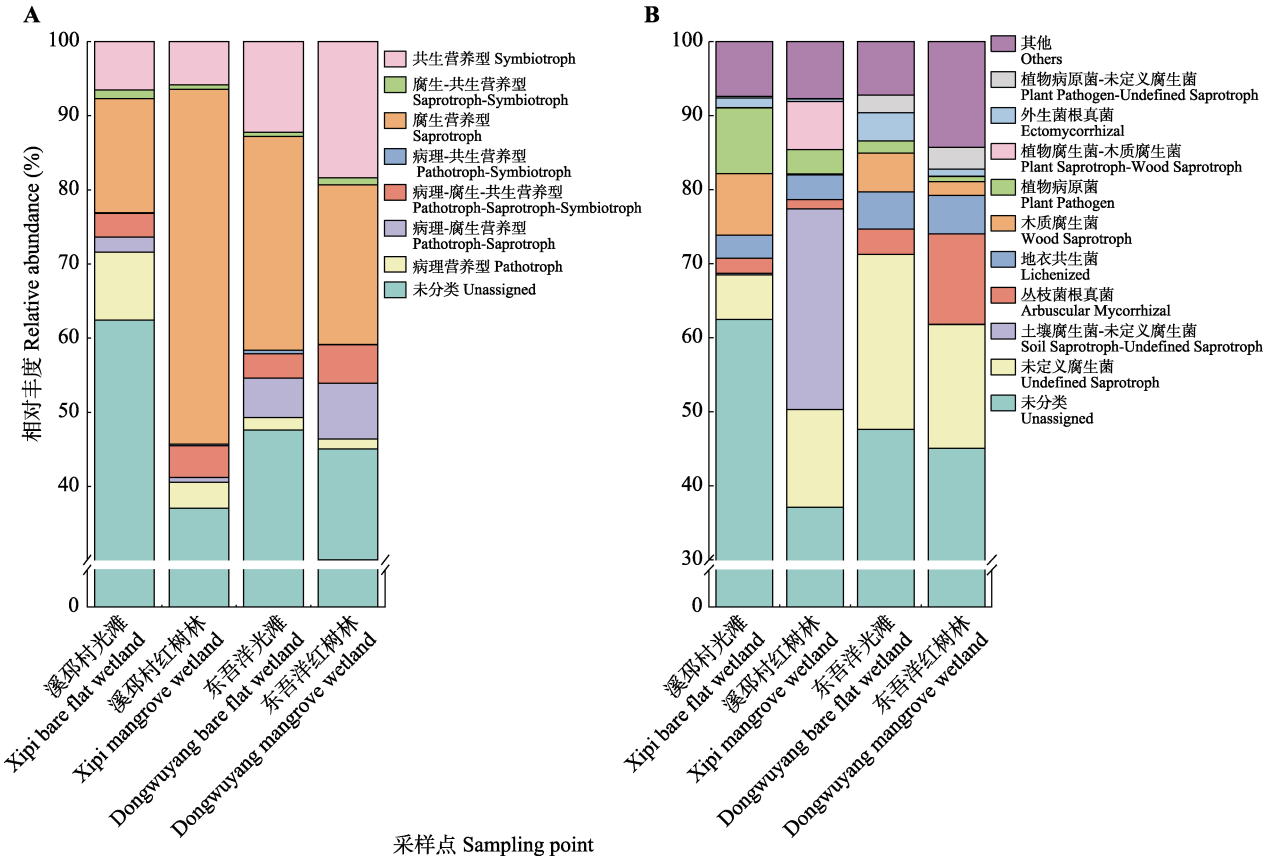


图5 不同湿地土壤真菌营养类型(**A**)和功能分组(**B**)相对丰度。
Fig. 5 Relative abundance of fungal trophic types (**A**) and functional groups (**B**) in different wetland soils.

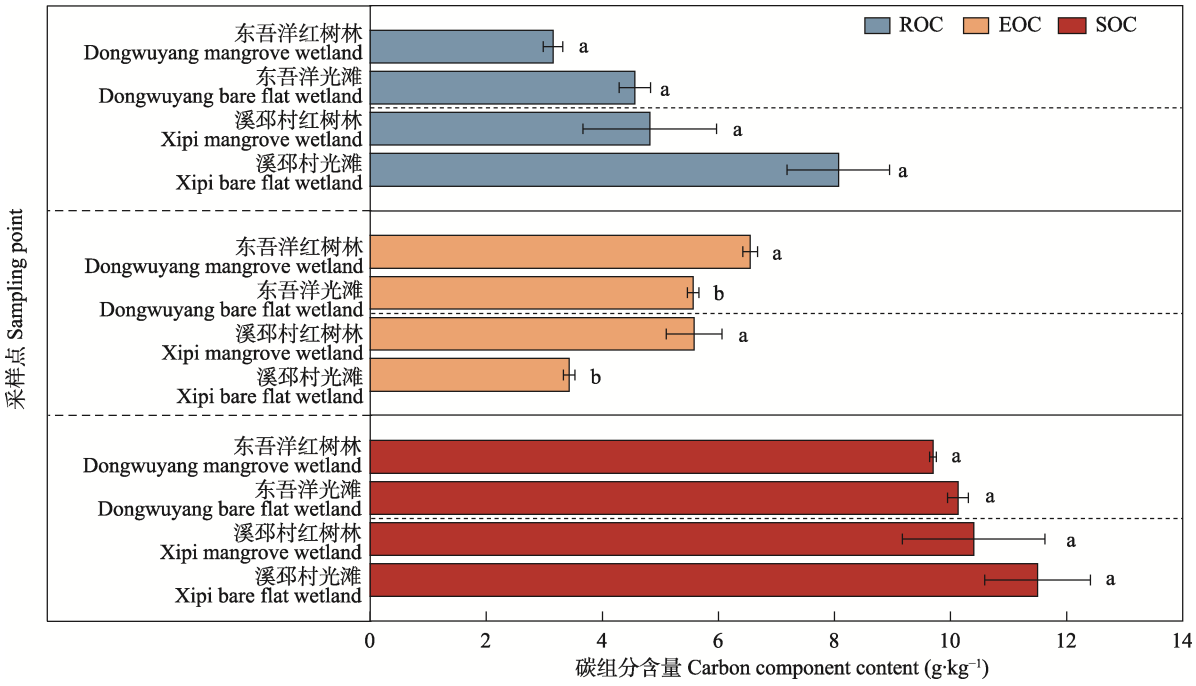


图6 不同湿地土壤有机碳(SOC)、易氧化态有机碳(EOC)、惰性有机碳(ROC)含量(平均值±标准误, n = 3)。不同小写字母表示同一治理区不同湿地间差异显著($p < 0.05$)。
Fig. 6 Soil organic carbon (SOC), easily oxidizable organic carbon (EOC) and recalcitrant organic carbon (ROC) contents in different wetlands (mean ± *SE*, n = 3). Different lowercase letters meant significant difference between different wetlands in the same treatment area ($p < 0.05$).

DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

表2 不同湿地土壤碳库管理指数
Table 2 Soil carbon pool management index of different wetlands

采样点 Sampling point	碳库活度 Carbon pool activity	碳库活度指数 Carbon pool activity index	碳库指数 Carbon pool index	碳库管理指数 Carbon pool management index
溪邳村光滩湿地 Xipi bare flat wetland	0.43 ± 0.04[a]	1.00 ± 0.00[a]	1.00 ± 0.00[a]	100.00% ± 0.00%[a]
溪邳村红树林湿地 Xipi mangrove wetland	1.36 ± 0.43[a]	3.06 ± 0.79[a]	0.91 ± 0.10[a]	269.13% ± 55.32%[a]
东吾洋光滩湿地 Dongwuyang bare flat wetland	1.23 ± 0.10[a]	1.00 ± 0.00[a]	1.00 ± 0.00[a]	100.00% ± 0.00%[a]
东吾洋红树林湿地 Dongwuyang mangrove wetland	2.09 ± 0.16[a]	1.73 ± 0.20[a]	0.96 ± 0.02[a]	164.77% ± 17.13%[a]

同列不同小写字母表示同一治理区不同湿地间差异显著($p < 0.05$)。
Different lowercase letters in the same column meant significant difference between different wetlands in the same treatment area ($p < 0.05$).

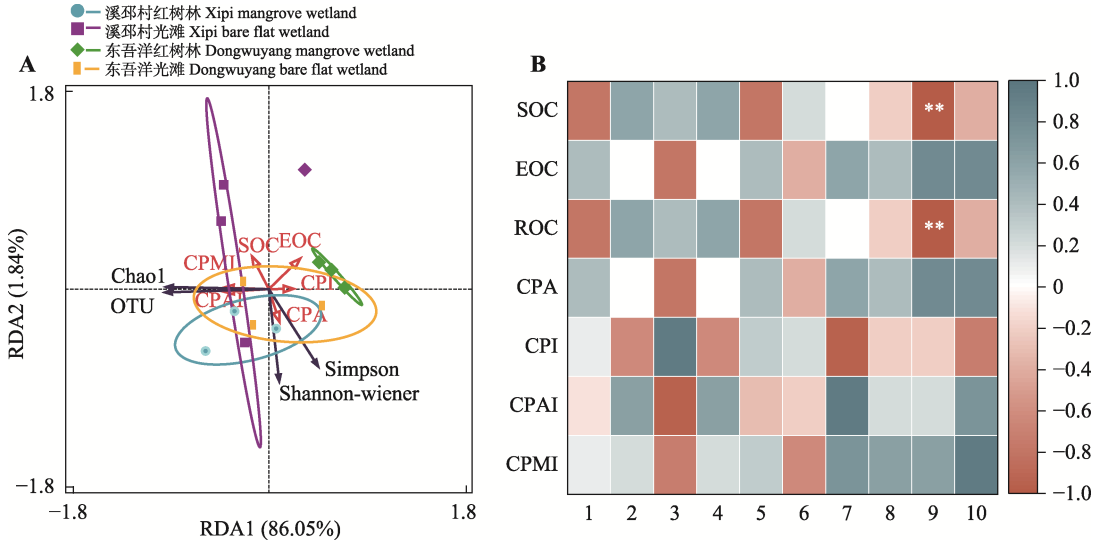


图7 真菌群落α多样性(**A**)和营养方式(**B**)与不同稳定性有机碳的关系分析。**, $p < 0.01$。1, 未定义腐生菌; 2, 土壤腐生菌-未定义腐生菌; 3, 木质腐生菌; 4, 植物腐生菌-木质腐生菌; 5, 植物腐生菌-未定义腐生菌; 6, 苔藓植物寄生菌-排泄物腐生菌-外生菌根-真菌寄生菌-叶子腐生菌-植物寄生虫-未定义的腐生菌-木质腐生菌; 7, 动物病原菌-植物内生菌-真菌寄生菌-植物病原菌-木质腐生菌; 8, 动物内共生菌-动物病原菌-植物内生菌-植物病原菌-未定义腐生菌; 9, 真菌寄生菌-植物病原菌-植物腐生菌; 10, 排泄物腐生菌-未定义腐生菌。CPA, 碳库活度; CPAI, 碳库活度指数; CPI, 碳库指数; CPMI, 碳库管理指数; EOC, 易氧化态有机碳含量; RDA, 冗余分析; ROC, 惰性有机碳含量; SOC, 有机碳含量。
Fig. 7 Relationship between fungal community *α* diversity (**A**) and trophic mode (**B**) with different stable organic carbon. **, $p < 0.01$. 1, undefined saprotroph; 2, soil saprotroph-undefined saprotroph; 3, wood saprotroph; 4, plant saprotroph-wood saprotroph; 5, plant saprotroph-undefined saprotroph; 6, bryophyte parasite-dung saprotroph-ectomycorrhizal-fungal parasite-leaf saprotroph-plant parasite-undefined saprotroph-wood saprotroph; 7, animal pathogen-plant endophyte-fungal parasite-plant pathogen-wood saprotroph; 8, animal endosymbiont-animal pathogen-plant endophyte-plant pathogen-undefined saprotroph; 9, fungal parasite-plant pathogen-plant saprotroph; 10, dung saprotroph-undefined saprotroph. CPA, carbon pool activity; CPAI, carbon pool activity index; CPI, carbon pool index; CPMI, carbon pool management index; EOC, easily oxidizable organic carbon content; RDA, redundancy analysis; ROC, recalcitrant organic carbon content; SOC, soil organic carbon content.

土壤有机碳组分与不同营养型真菌作Spearman相关性分析, 以此探究不同土壤真菌群落特征与不同稳定性碳库的关系, 结果如图7所示。由RDA结果可知, RDA1轴与RDA2轴方差累计贡献率分别为86.05%和1.84%, 对EOC变化的解释率为50.89% ($p < 0.01$), 说明真菌群落α多样性极显著影响EOC含量。同时, 在真菌群落功能上, 研究发现SOC和ROC与一类兼性腐生菌呈极显著负相关关系($p < 0.01$)。

3 讨论

3.1 互花米草治理方式对土壤真菌群落特征的影响

α多样性分析结果能反映菌群丰富度和多样性, 其中Chao1指数增加反映菌群丰富度增加, Shannon-Wiener指数越大或Simpson指数越小则表示菌群多样性越高(朱梦等, 2024)。本研究中, 尽管观察到土壤真菌Chao1指数在红树林替代湿地的数

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

值略高于光滩湿地、Simpson指数略低于光滩湿地(表1), 但均未呈现显著差异。研究表明, 红树林植被的引入可通过多种途径为微生物创造更有利的生境, 包括凋落物和根系分泌物的输入, 以及根系的保护作用, 从而增加土壤中的活性有机碳和养分含量(卿婷等, 2025)。同时, 植被通过其根系的生长改变沉积物的物理结构, 如增加孔隙度, 影响氧气和水的渗透, 能够有效地改善土壤的水热条件(廖万雪等, 2024)。然而, 本研究区域红树林替代湿地的种植年限尚短, 修复阶段的恢复时间不足, 幼龄红树林在根系分泌物释放、微环境塑造以及整体生态功能发挥上有待逐步提升, 这一结论也得到了已有研究的印证, 如有研究表明, 红树林系统在凋落物输入与腐解等方面具备微生物调节潜力, 但其驱动土壤真菌群落丰富度和多样性发生显著改变的生态过程仍需更长时间的累积方能充分显现(唐亮东等, 2024)。本研究通过PCoA (图2)进一步发现, 不同区域湿地土壤的真菌群落结构差异较大, 同时基于α多样性结果, 东吾洋湿地真菌群落多样性较溪邳村湿地呈现出更高水平, 表明地理位置和生境类型均调节着真菌群落结构。红树林替代过程使林下土壤理化性质发生了改变, 通过对土壤碳氮磷硫等元素进行有效的截留, 提高了真菌群落结构的多样性(黄嘉欣等, 2020)。而东吾洋湿地和溪邳村湿地土壤真菌群落特征差异主要是由于地理环境不同导致的, 这与喻江等(2024)的研究结果一致, 表明不同区域湿地生态系统的微生物群落符合“物种-区域”关系, 并表现出对特定环境的适应性。溪邳村由于潮汐作用和再造林过程, 有机质来源丰富但受环境扰动大, 真菌群落的生长和繁殖受影响较大; 东吾洋环境相对稳定, 为真菌生长提供了适宜生境。

本研究中, 溪邳村互花米草治理后光滩湿地的优势菌属为裸脚伞属, 红树林替代湿地优势菌属为白冬孢酵母属, 东吾洋光滩湿地和红树林替代湿地的优势菌属为暗壳腔菌属。从当前已有研究来看, 白冬孢酵母属为有益真菌, 能够对病原微生物产生有效的抑制作用, 形成有助于维持土壤生态功能的代谢产物(Nakagawa et al., 2006)。本研究中种植红树林后枝孢菌属相对丰度呈降低趋势, 这一菌属多寄生于土壤、海洋以及植物体内, 因此红树林替代后枝孢菌属相对丰度降低可能是枝孢菌属寄生于植物残体中(董锦润等, 2021)。不同研究区湿地土壤真菌群落中的优势菌门为子囊菌门和担子菌门, 这与Sui等(2022)的研究结果相似。子囊菌门以腐生菌为主, 适宜在湿地的环境生长并通过分泌多种胞外水解酶, 如木质素酶、纤维素酶, 促进分解植物残体中的木质素和角质素, 显著加速湿地生态系统中有机质的矿化速率, 进而促进碳、氮等关键营养元素的生物地球化学循环过程(Mendes et al., 2011)。担子菌门能够通过与植物共生, 促进土壤肥力提高, 从而对植被生长产生正向作用(Kumar & Atri, 2018)。与互花米草治理后光滩湿地相比, 红树林替代湿地土壤罗兹菌门相对丰度明显增加, 这可能与红树林种植丰富了生境土壤营养成分有关, 有研究指出罗兹菌门适宜生存于质量较高的环境条件下, 且与土壤营养成分含量呈正相关关系(Cao et al., 2021)。根据相关性分析, 光滩湿地中暗壳腔菌属与含水量呈显著正相关关系, 这主要归因于含水量影响土壤养分化学反应机制和迁移速率进而改变微生物群落的功能和活性特征(Gong et al., 2023)。裸脚伞属与土壤容重呈显著负相关关系, 可能是由于红树林替代湿地土壤表层凋落物的分解促进碳氮大量累积, 使土壤趋于疏松, 降低土壤容重并提高了土壤的通透性。过高的土壤容重将不利于对植物进行水分、养分的输送, 同时也对微生物活动和养分积聚产生限制作用(张昊等, 2020)。值得注意的是, 红树林替代后, *Amarenomyces*相对丰度与碳氮比呈现显著正相关关系, 假裸囊菌属与有机碳、碳氮比呈现显著正相关关系, 反映了植被替代对底物质量的调控作用。红树林凋落物输入显著提高土壤碳氮比, 高碳氮比有机质能够选择性地富集具有木质素分解能力的菌属, 特别是假裸囊菌属, 可降解红树林特有的多酚类化合物, 与有机碳的正相关关系也进一步佐证了碳源有效性对其生长的促进作用(Liu et al., 2019)。此外, 由FUNGuild功能预测(图5)可知, 两研究区的土壤真菌营养类型主要为腐生营养型、病理营养型和病理-腐生-共生营养型(图5A), 这与研究区域内优势菌门为子囊菌门和担子菌门相印证。其中不同区域湿地功能真菌均为腐生营养型丰度最高, 这与席守鸿等(2024)的研究结果一致。本研究中共生营养型真菌在各研究区相对丰度次于腐生营养型, 其作用机制主要是通过与植物形成共生关系, 进一步提升植物对土壤中营养物质的吸收能力, 增强植物抗逆性(彭丽鸿等, 2022)。而病理营养型真菌通过

DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

感染植物的部分组织进而限制植物生长、导致植物死亡, 对植被形成产生不利影响(李丹丹等, 2023)。与互花米草治理后光滩湿地比较, 红树林替代湿地土壤病理营养型真菌相对丰度呈下降趋势, 表明种植红树林优化了土壤微生物结构, 提高了湿地土壤健康水平。真菌功能分组结果显示, 占比较高的是土壤腐生菌-未定义腐生菌和丛枝菌根真菌, 腐生菌在土壤真菌功能类群中丰度优势明显, 这与已有研究结果(冯永钰等, 2024)相似。不同功能类型的腐生菌的存在有利于植物将土壤中的动植物残体分解转化成能够作为营养被吸收的无机物(熊丹等, 2020), 除了腐生菌外, 还有大量丛枝菌根真菌, 能够与大部分陆生植物产生关联, 通过广泛的菌丝体网络促进植物吸收氮、磷等营养元素(郭艳娥等, 2016)。研究还发现, 红树林替代后植物病原菌相对丰度显著降低, 与本研究中红树林湿地优势菌属为白冬孢酵母属(图3B)相印证, 能够通过抑制病原微生物来降低病害风险。

3.2 互花米草治理对不同稳定性有机碳含量的影响

红树林湿地土壤有机碳含量一般高于光滩湿地(林俊良等, 2024)。本研究中, 互花米草治理后溪邳村和东吾洋光滩湿地土壤中的SOC含量均高于红树林替代湿地, 说明原生湿地种植红树与互花米草治理后新生境种植红树林的影响并不一致, 主要是因为在土壤碳汇形成过程中, 滨海湿地次生演替植物发挥着重要作用, 互花米草治理后残留大量的植物残体, 在维持光滩湿地生境, 环境条件相对稳定, 植物残体分解后的碳输入埋藏较多, 而当光滩湿地被种植红树林这一人为干扰过程, 会加速分解碳的释放, 且由于短期内种植的红树林较小, 其光合固碳和向土壤输入碳的能力极为有限, 这种凋落物代谢过程所驱动的碳保持能力更具复杂性(Kristensen et al., 2008)。与此同时, 本研究发现红树林生境土壤生物活性高, 这也会促进碳的分解过程, 不利于SOC储量增长。可见, 湿地土壤中有机碳含量的变化受到多种复杂因素的影响, 包括植物入侵年限、有机物来源、土壤沉积时间、潮汐扰动和碳埋藏速率等(王栋等, 2023)。EOC作为一种易被氧化的土壤活性有机碳组分, 大多来源于植物残体和根系分泌物, 其含量变化与植物源输入量的增减以及微生物代谢活性的强弱显著正相关(张金硕等, 2024)。本研究中红树林替代湿地EOC含量显著高于光滩湿地($p < 0.05$), 可能是因为红树林系统通过凋落物输入和根系分泌物持续向土壤输送活性有机碳组分, 而密集的植被覆盖层可有效降低表层土壤暴露程度, 减少氧化环境对活性碳组分的分解损耗; 相比之下, 光滩湿地因缺乏植被覆盖, 表层土壤直接暴露于潮汐扰动和大气氧化环境, 导致活性碳组分更易通过物理氧化和潮汐淋溶作用流失(张晓曦等, 2024), 从而碳含量降低。

碳库管理指数能够反映土壤更新程度, 随着数值增大, 土壤有机碳周转速率、被微生物分解及利用效率均不断提高(徐明岗等, 2006)。从本研究的结果来看, 在红树林替代后两研究区土壤活度指数和碳库管理指数均有所提高, 已有的研究中, 红树林生态系统的碳汇功能与林龄呈显著正相关关系(许敬华等, 2023), 因此尽管红树林土壤有机碳含量当前较低, 短周期红树林的固碳效率未达到峰值, 但具备较强的长期固碳潜力。本研究中, 与光滩湿地相比, 红树林湿地具有更高的碳库活度与活度指数。有研究表明红树林湿地土壤中大团聚体含量高于光滩湿地, 大团聚体相较于微团聚体和粉黏粒的有机碳更容易发生氧化分解(朱玲等, 2023), 而微团聚体中的多糖等低活性有机碳组分与矿物结合更具稳定性, 其碳周转率慢于大团聚体中的中、高活性有机物质(Yang et al., 2010)。红树林湿地由于独特的潮汐环境和沉积物特性, 在受周期性淹水和退潮引起的干湿交替后, 大团聚体结构破坏进而驱动ROC向EOC转化(李传福等, 2024), 因此, 红树林湿地的碳库活度与活度指数高于光滩湿地。

3.3 土壤真菌群落特征与不同稳定性碳库的关系

本研究表明, 不同湿地土壤真菌α多样性与EOC含量具有极显著相关性($p < 0.01$), 主要是因为土壤中微生物, 特别是真菌具有较高的碳利用效率, 从而有利于碳的积聚(顾国海和李梦莎, 2018), 种植红树林后多样化的土壤真菌群落有利于提高碳库活度指数, 本研究中碳库管理指数计算结果(表2)也佐证了这一观点。红树林替代光滩后, 尽管SOC含量因分解加速而有所减少, 但碳库管理指数处于上升状态, 与真菌群落功能关系密切。根据本研究结果, 功能类群中丛枝菌根真菌相对丰度占比较高, 在对复杂有机物的分解上发挥重要作用, 同时分泌胞外代谢物如多糖等促进大团聚体形成, 增强碳库长期固存潜力(Siddiky et al., 2012)。有研究(邓少虹等,

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

2022)表明, 以真菌为主导的微生物群落结构对碳源利用效率较高, 通过对植物残体来源有机碳和微生物残体来源有机碳的调控促进有机碳的形成和稳定, 在促进碳循环和更新方面发挥积极作用(张琦等, 2020)。真菌群落的改善也可通过真菌菌丝及其分泌胶结物质促进土壤颗粒的积聚和大团聚体的形成(Xiao et al., 2023), 进而通过物理作用保护土壤有机碳。在真菌群落功能的角度上, 土壤SOC、ROC受兼性腐生菌影响显著, 腐生菌群作为对凋落物降解发挥作用最丰富的真菌群之一, 在演替过程中呈上升趋势(李德会等, 2021)。在腐生真菌丰度提高的同时, 枯落物的分解速率明显提升, 从而影响着土壤碳循环过程。

4 结论

综合上述研究结果, 红树林替代后作为湿地土壤真菌群落优势菌门的子囊菌门和担子菌门未发生显著变化, 红树林替代湿地优势菌属转变为白冬孢酵母属和暗壳腔菌属, 进一步分析表明, 土壤含水量和容重是优势菌属的关键影响因子。功能预测发现, 两研究区营养方式上, 红树林替代前后均为腐生营养型相对丰度占比最高, 功能分组中土壤腐生菌-未定义腐生菌和丛枝菌根真菌呈现出较高占比。相比于光滩湿地, 红树林替代湿地中病理营养型真菌相对丰度较低, 植物病原菌相对丰度有所降低。尽管当前红树林替代湿地土壤有机碳含量与光滩湿地相比无显著差异, 但真菌群落α多样性与EOC含量存在极显著正相关关系($p < 0.01$), 同时CPA、CPAI和CPMI呈升高趋势。由此可见, 在互花米草治理后进行的短期红树林替代进程中, 土壤真菌群落结构及土壤有机碳总量等指标均未发生显著改变, 微生物群落响应与土壤碳组分动态可能处于早期调整阶段, 红树林替代通过提升真菌群落多样性及腐生菌功能优势, 驱动土壤有机碳由惰性有机碳向易氧化态有机碳转化。故滨海湿地生态修复中需开展长期连续监测, 以准确评估红树林恢复对土壤微生物群落演替及碳循环功能的长期累积效应, 从而优化滨海湿地碳管理策略。

参考文献

Bellemain E, Carlsen T, Brochmann C, Coissac E, Taberlet P, Kauserud H (2010). ITS as an environmental DNA barcode for fungi: an *in silico* approach reveals potential PCR biases. *BMC Microbiol*, 10, 189. DOI: 10.1186/1471-2180-10-189.

Blair GJ, Lefroy RDB, Lisle L (1995). Soil carbon fractions based on their degree of oxidation, and the development of a carbon management index for agricultural systems. *Australian Journal of Agricultural Research*, 46, 1459-1466.

Bu XL, Han FY, Ruan HH, Zhu LJ (2014). Changes in chemical composition and spectral characteristics of dissolved organic matter from soils induced by biodegradation. *Soil Science*, 179, 197-204.

Cao JJ, Wang HR, Holden NM, Adamowski JF, Biswas A, Zhang XF, Feng Q (2021). Soil properties and microbiome of annual and perennial cultivated grasslands on the Qinghai-Tibetan Plateau. *Land Degradation & Development*, 32, 5306-5321.

Deng SH, Zheng XD, Mao WQ, Chen XB, Hu YJ, Cheng AW, He XY, Su YR (2022). Characteristics of microbial utilization for crop residue-derived C in paddy and upland soils. *Environmental Science*, 43, 1069-1076. [邓少虹, 郑小东, 毛婉琼, 陈香碧, 胡亚军, 程爱武, 何寻阳, 苏以荣 (2022). 稻田与旱地土壤中真菌和细菌对秸秆碳的利用特征. 环境科学, 43, 1069-1076.]

Dong B, Liu D (2024). The situation, influence and management methods of alien aquatic organism invasion in China. *Periodical of Ocean University of China*, 54(10), 134-144. [董波, 刘迪 (2024). 外来水生生物入侵的现状、影响及防控对策. 中国海洋大学学报(自然科学版), 54(10), 134-144.]

Dong JR, Li J, Chen YH, Feng XF (2021). Research progress on chemical components in secondary metabolites from *Cladosporium* fungi and their biological activities. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 52, 6076-6087. [董锦润, 李靖, 陈玉惠, 冯小飞 (2021). 枝孢属真菌次生代谢产物中化学成分及其生物活性的研究进展. 中草药, 52, 6076-6087.]

Du X, Wang HY (2022). Active components of forest soil organic carbon and its influencing factors in China. *World Forestry Research*, 35(1), 76-81. [杜雪, 王海燕 (2022). 中国森林土壤有机碳活性组分及其影响因素. 世界林业研究, 35(1), 76-81.]

Feng YY, Tuo YF, He XH, Xiang P, Li JQ, Yang QL, Zhu XH (2024). The impact of soil physicochemical characteristics of different vegetation types on soil microbial community diversity in Liziping Natural Reserve. *Journal of Northeast Forestry University*, 52(10), 95-103. [冯永钰, 脱云飞, 何霞红, 向萍, 黎建强, 杨启良, 朱雪虎 (2024). 栗子坪自然保护区不同植被类型土壤理化特性对土壤微生物群落多样性的影响. 东北林业大学学报, 52(10), 95-103.]

Gong XQ, Jarvie S, Zhang Q, Liu QF, Yan YZ, Su NE, Han P, Li FS (2023). Community assembly of plant, soil bacteria,

DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

and fungi vary during the restoration of an ecosystem threatened by desertification. *Journal of Soils and Sediments*, 23, 459-472.

Gu GH, Li MS (2018). Soil microbial functional diversity of different types of wetlands in coastal areas. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 46(24), 355-358. [顾国海, 李梦莎 (2018). 滨海不同湿地类型土壤微生物功能多样性. 江苏农业科学, 46(24), 355-358.]

Guo YE, Li F, Li YD, Duan TY (2016). Progress in the elucidation of the mechanisms of arbuscular mycorrhizal fungi in promotion of phosphorus uptake and utilization by plants. *Pratacultural Science*, 33, 2379-2390. [郭艳娥, 李芳, 李应德, 段廷玉 (2016). AM真菌促进植物吸收利用磷元素的机制. 草业科学, 33, 2379-2390.]

He BY, Fan HQ, Wang M, Lai TH, Wang WQ (2007). Species diversity in mangrove wetlands of China and its causation analyses. *Acta Ecologica Sinica*, 27, 4859-4870. [何斌源, 范航清, 王瑁, 赖廷和, 王文卿 (2007). 中国红树林湿地物种多样性及其形成. 生态学报, 27, 4859-4870.]

Huang JX, Zheng MX, Huang YY, Lai YP, Guo YP, Peng YS (2020). Composition and distribution of semi-mangrove communities in coastal areas in western Guangdong and their influence factors. *Wetland Science*, 18, 91-100. [黄嘉欣, 郑明轩, 黄颖彦, 赖依萍, 郭燕萍, 彭逸生 (2020). 粤西沿海地区半红树植物群落组成和分布及其影响因子研究. 湿地科学, 18, 91-100.]

Kristensen E, Bouillon S, Dittmar T, Marchand C (2008). Organic carbon dynamics in mangrove ecosystems—A review. *Aquatic Botany*, 89, 201-219.

Kumar J, Atri NS (2018). Studies on ectomycorrhiza: an appraisal. *The Botanical Review*, 84, 108-155.

Li CF, Xu JL, Ming YF, Gao S, Lü X, Yang YX, Li YQ, Jiao SY (2024). Effects of mushroom residue organic fertilizer combined with desulfurized gypsum on active organic carbon and its sensitivity in saline-alkali soil of the Yellow River delta. *Journal of Soil and Water Conservation*, 38, 387-397. [李传福, 徐家林, 明玉飞, 高舒, 吕欣, 杨宇轩, 李永强, 焦树英 (2024). 菇渣有机肥配施脱硫石膏对黄河三角洲盐碱土活性有机碳及其敏感性的影响. 水土保持学报, 38, 387-397.]

Li DD, Li JW, Gao GL, Zhang Y, Ren Y, Liu Y, Zhao PS (2023). Soil fungal community structure and functional characteristics associated with *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantations in the Horqin Sandy Land. *Journal of Desert Research*, 43, 241-251. [李丹丹, 李佳文, 高广磊, 张英, 任悦, 柳叶, 赵珮杉 (2023). 科尔沁沙地樟子松(*Pinus sylvestris* var. *mongolia*)人工林土壤真菌群落结构和功能特征. 中国沙漠, 43, 241-251.]

Li DH, Han ZL, Wu QG, Luo GR, Liang MX, Chen J (2021). Review of functional characteristics of saprophytic fungi affecting the decomposition of fine roots in forest ecosystem. *World Forestry Research*, 34(3), 25-31. [李德会, 韩周林, 吴庆贵, 罗国容, 梁明霞, 陈娟 (2021). 影响森林细根分解的腐生真菌功能特性研究综述. 世界林业研究, 34(3), 25-31.]

Li M, Deng QZ, Jing YT, Wu Y, Zhang CM, Xia S, Zhai YP, Yang P, Liu HL, Zhuang L (2024). Distribution characteristics and driving factors of soil fungi between alfalfa roots in different habitats in northern Tianshan Mountains. *Arid Land Geography*, 47, 1187-1198. [李嫚, 邓錡璋, 景玉婷, 伍勇, 张城铭, 夏珊, 翟亚萍, 杨盼, 刘红玲, 庄丽 (2024). 天山北部不同生境苜蓿根际土壤真菌分布特征及驱动因子. 干旱区地理, 47, 1187-1198.]

Liao WX, Tian ZB, Hou ZY, Zhu F, Chu ZS, Yuan J (2024). Effects of flooding conditions and vegetation types on the microbial community characteristics and the abundance of denitrification functional genes in the ecotone of Lake Erhai. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 14, 1364-1373. [廖万雪, 田泽斌, 侯泽英, 祝枫, 储昭升, 袁静 (2024). 淹水条件与植被类型对洱海湖滨带微生物群落特征及脱氮功能基因丰度的影响. 环境工程技术学报, 14, 1364-1373.]

Lin JL, Tian YC, Zhang YL, Bai XM, Zhang Q, Tao J, Yang YZ, Yang YW (2024). Characteristics of spatial distribution of soil organic carbon in mangrove wetlands at the estuary of Maoling River, Beibu Gulf. *Marine Environmental Science*, 43, 339-347. [林俊良, 田义超, 张亚丽, 白小梅, 张强, 陶进, 杨芸珍, 杨永伟 (2024). 北部湾茅岭江河口红树林湿地土壤有机碳空间分布特征. 海洋环境科学, 43, 339-347.]

Liu MQ, Hu F, Chen XY (2007). A review on mechanisms of soil organic carbon stabilization. *Acta Ecologica Sinica*, 27, 2642-2650. [刘满强, 胡锋, 陈小云 (2007). 土壤有机碳稳定机制研究进展. 生态学报, 27, 2642-2650.]

Liu XF, Lin TC, Vadeboncoeur MA, Yang ZJ, Chen SD, Xiong DC, Xu C, Li YQ, Yang YS (2019). Root litter inputs exert greater influence over soil C than does aboveground litter in a subtropical natural forest. *Plant and Soil*, 444, 489-499.

Lu RK (2000). *Analytical Methods for Soil and Agro-chemistry*. China Agricultural Science and Technology Press, Beijing. [鲁如坤 (2000). 土壤农业化学分析方法. 中国农业科技出版社, 北京.]

Lu ZY, Xiao K, Wang FF, Wang Y, Yu QB, Chen NW (2023). Salt marsh invasion reduces recalcitrant organic carbon pool while increases lateral export of dissolved inorganic carbon in a subtropical mangrove wetland. *Geoderma*, 437, 116573. DOI: 10.1016/j.geoderma.2023.116573.

Mendes R, Kruijt M, de Bruijn I, Dekkers E, van der Voort M, Schneider JHM, Piceno YM, DeSanti TZ, Andersen GL, Bakker PAHM, Raaijmakers JM (2011). Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. *Science*, 332, 1097-1100.

Meng ZY, Li M, Yang XJ, Lü GF, Niu YF, Zhang YP (2023).

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

Diversity, community composition and influencing factors of ectomycorrhizal fungi in typical forest types in cold temperate regions. *Acta Ecologica Sinica*, 43, 38-47. [孟兆云, 李敏, 杨勋爵, 吕桂芬, 牛艳芳, 张亚萍 (2023). 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, 43, 38-47.]

Nakagawa T, Ikehata R, Uchino M, Miyaji T, Takano K, Tomizuka N (2006). Cold-active acid β-galactosidase activity of isolated psychrophilic-basidiomycetous yeast *Guehomyces pullulans*. *Microbiological Research*, 161, 75-79.

Pan YF, Pan LH, Qiu ST, Qiu GL, Su ZN, Shi XF, Fan HQ (2024). Variations in tree height among mangroves and their environmental adaptive mechanisms in China's coastal areas. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 48, 483-495. [盘远方, 潘良浩, 邱思婷, 邱广龙, 苏治南, 史小芳, 范航清 (2024). 中国沿海红树林树高变异与环境适应机制. 植物生态学报, 48, 483-495.]

Peng LH, Cui CW, Wang JQ, Ma DX, Ren ZB, He ZM, Lin KM (2022). Effects of continuous planting on the structure and function of soil fungi community in Chinese fir plantation. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University* (*Natural Science Edition*), 51, 621-628. [彭丽鸿, 崔朝伟, 王佳琪, 马东旭, 任正标, 何宗明, 林开敏 (2022). 连栽对杉木人工林土壤表层真菌群落结构及功能的影响. 福建农林大学学报(自然科学版), 51, 621-628.]

Qing T, Ai L, Wu FZ, Zhu JJ, Ni XY (2025). Seasonal changes of soil enzymatic activities and stoichiometry under litter input. *Journal of Subtropical Resources and Environment*, 20(1), 126-135. [卿婷, 艾灵, 吴福忠, 朱晶晶, 倪祥银 (2025). 凋落物输入下土壤酶活性及其化学计量的季节性变化. 亚热带资源与环境学报, 20(1), 126-135.]

Reddy KR, de Laune RD (2008). *Biogeochemistry of Wetlands: Science and Applications*. CRC Press, Boca Raton, USA. 185.

Siddiky MRK, Schaller J, Caruso T, Rillig MC (2012). Arbuscular mycorrhizal fungi and collembola non-additively increase soil aggregation. *Soil Biology & Biochemistry*, 47, 93-99.

Sui X, Zeng XN, Li MS, Weng XH, Frey B, Yang LB, Li MH (2022). Influence of different vegetation types on soil physicochemical parameters and fungal communities. *Microorganisms*, 10, 829. DOI: 10.3390/microorganisms10040829.

Tang LD, Zhang W, Deng SW, Wang YH (2024). Identification and carbon stock change measurement of mangrove species based on combined vegetation indices. *Guangxi Sciences*, 31, 541-553. [唐亮东, 张威, 邓淞文, 王英辉 (2024). 基于组合植被指数的红树林树种遥感分类与生物碳储量变化研究. 广西科学, 31, 541-553.]

Wang D, Zhang R, Xiong J, Guo HQ, Zhao B (2015). Contribution of invasive species *Spartina alterniflora* to soil organic carbon pool in coastal wetland, stable isotope approach. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 39, 941-949. [王丹, 张荣, 熊俊, 郭海强, 赵斌 (2015). 互花米草入侵对滨海湿地土壤碳库的贡献——基于稳定同位素的研究. 植物生态学报, 39, 941-949.]

Wang D, Zou WN, Yang HL, Li Y, Liu JT, Tian F, Li XZ, Yuan L (2023). Spatial pattern of soil carbon storage in salt marsh wetlands around the Chongming Island in the Yangtze River Estuary. *Acta Ecologica Sinica*, 43, 8465-8475. [王栋, 邹维娜, 杨华蕾, 李阳, 刘君恬, 田丰, 李秀珍, 袁琳 (2023). 长江口崇明岛周缘盐沼湿地土壤碳储量的空间格局. 生态学报, 43, 8465-8475.]

Wang YN, Hu YG, Wang ZR, Li YK, Zhang ZH, Zhou HK (2023). Impacts of artificial revegetation on soil fungal community in desertified alpine grassland. *Acta Pedologica Sinica*, 60, 280-291. [王亚妮, 胡宜刚, 王增如, 李以康, 张振华, 周华坤 (2023). 人工植被重建对沙化高寒草地土壤真菌群落特征的影响. 土壤学报, 60, 280-291.]

Wen ZD, Song KS, Liu G, Shang YX, Hou JB, Lyu LL, Fang C (2019). Impact factors of dissolved organic carbon and the transport in a river-lake continuum in the Tibet Plateau of China. *Journal of Hydrology*, 579, 124202. DOI: 10.1016/j.jhydrol.2019.124202.

Wu L, Wu WT (2023). The optimum time window for *Spartina alterniflora* classification based on the filtering algorithm and vegetation phonology using GEE. *Journal of Geo-Information Science*, 25, 606-624. [巫磊, 吴文挺 (2023). GEE平台下结合滤波算法和植被物候特征的互花米草遥感提取最优时间窗口确定. 地球信息科学学报, 25, 606-624.]

Xi SH, Ming AG, Tan L, He J, Qin L (2024). Comparison of soil fungal community diversity and functional groups between native tree species and *Eucalyptus* plantations in south subtropical China. *Guihaia*, 44, 1232-1244. [席守鸿, 明安刚, 谭玲, 何江, 覃林 (2024). 南亚热带乡土树种与桉树人工林土壤真菌群落多样性和功能类群的比较. 广西植物, 44, 1232-1244.]

Xiao KQ, Zhao Y, Liang C, Zhao MY, Moore OW, Otero-Fariña A, Zhu YG, Johnson K, Peacock CL (2023). Introducing the soil mineral carbon pump. *Nature Reviews Earth & Environment*, 4, 135-136.

Xiong D, Ou J, Li LP, Yang ST, He YJ, Li CC (2020). Community composition and ecological function analysis of endophytic fungi in the roots of *Rhododendron simsii* in *Pinus massoniana* forest in central Guizhou. *Acta Ecologica Sinica*, 40, 1228-1239. [熊丹, 欧静, 李林盼, 杨舒婷, 何跃军, 李朝婵 (2020). 黔中地区马尾松林下杜鹃根部内生真菌群落组成及其生态功能. 生态学报, 40, 1228-1239.]

Xu JH, Li YM, Ding SL, Zhang QF, Chen YS (2023).

DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

Characteristics of rhizosphere microbial community structure evolution during mangrove plantation. *Wetland Science & Management*, 19(1), 9-14. [许敬华, 李意敏, 丁思龙, 张秋芳, 陈永山 (2023). 泉州湾红树林人工种植过程根际微生物群落结构演变特征. 湿地科学与管理, 19(1), 9-14.]

Xu MG, Yu R, Sun XF, Liu H, Wang BR, Li JM (2006). Effects of long-term fertilization on labile organic matter and carbon management index (CMI) of the typical soils of China. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizer*, 12, 459-465. [徐明岗, 于荣, 孙小凤, 刘骅, 王伯仁, 李菊梅 (2006). 长期施肥对我国典型土壤活性有机质及碳库管理指数的影响. 植物营养与肥料学报, 12, 459-465.]

Xu YW, Liao BW, Jiang ZM, Xin K, Wu F, Guan W (2020). Contents of organic carbon in soils of mangrove forest, *Spartina alterniflora* marsh and bare flat in Qi'ao Island, Zhuhai and their influencing factor. *Wetland Science*, 18, 85-90. [徐耀文, 廖宝文, 姜仲茂, 辛琨, 武锋, 管伟 (2020). 珠海淇澳岛红树林、互花米草沼泽和光滩土壤有机碳含量及其影响因素. 湿地科学, 18, 85-90.]

Yang YH, Fang JY, Ma WH, Smith P, Mohammat A, Wang SP, Wang W (2010). Soil carbon stock and its changes in northern China's grasslands from 1980s to 2000s. *Global Change Biology*, 16, 3036-3047.

Ye RC, Ye GP, Gao JJ, Han FY, Cheng YH, Feng MM, Yang P, Lin YX (2025). Effects of replacing *Spartina alterniflora* with *Kandelia obovata* on the abundance of soil denitrifying microorganisms in the Min River Estuary Wetland. *Journal of Subtropical Resources and Environment*, 20(2), 31-37. [叶瑞超, 叶桂萍, 高居娟, 韩风毅, 成于恒, 冯蒙蒙, 杨平, 林永新 (2025). 刈草种林对闽江河口湿地土壤反硝化微生物丰度的影响. 亚热带资源与环境学报, 20(2), 31-37.]

Yu J, Wang C, Long Y, Liu GH, Li CJ, Fan GQ, Yu ZH (2024). Bacterial community diversity and functional gene abundance of culturable bacteria in the wetland of Poyang Lake. *Environmental Science*, 45, 2223-2232. [喻江, 王淳, 龙永, 刘贵花, 李春杰, 范国权, 于镇华 (2024). 鄱阳湖湿地细菌群落多样性和可培养细菌功能基因丰度. 环境科学, 45, 2223-2232.]

Yu TH, Zhang NL, Yu S, Qu LY (2021). The characteristics of soil fungal community and effect factors under common tree species in urban parks of Beijing. *Acta Ecologica Sinica*, 41, 1835-1845. [于天赫, 张乃莉, 于爽, 曲来叶 (2021). 北京城市公园常见乔木土壤真菌群落特征及影响因素. 生态学报, 41, 1835-1845.]

Zhang H, Li JP, Wang YT, Zhang Y, Zhang J, Luo X, Zhang R (2020). Effect of enclosure and grazing on the soil stoichiometry characteristics of natural grassland on the Loess Plateau. *Journal of Soil and Water Conservation*, 34(5), 251-258. [张昊, 李建平, 王誉陶, 张翼, 张娟, 罗叙, 张茹 (2020). 封育与放牧对黄土高原天然草地土壤化学计量特征的影响. 水土保持学报, 34(5), 251-258.]

Zhang HB, Wang J, Liu YQ, Han S, Zhang YN (2021). Effects of human activities and the expansion of *Spartina alterniflora* on the evolution of habitat quality of the coastal wetland: taking the core area of Yancheng National Nature Reserve as an example. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 30, 1153-1163. [张华兵, 王娟, 刘玉卿, 韩爽, 张亚楠 (2021). 人类活动与互花米草扩张对滨海湿地生境质量演变的影响——以盐城国家级珍禽自然保护区核心区为例. 长江流域资源与环境, 30, 1153-1163.]

Zhang JS, Li SY, Sun XY, Zhou WZ, Zhao GY, Bai XT (2024). Characteristics of soil organic carbon and its components under different vegetation types in Shandong Province. *Soils*, 56, 350-357. [张金硕, 李素艳, 孙向阳, 周文志, 赵冠宇, 白雪亭 (2024). 山东省不同植被类型土壤有机碳及其组分分布特征. 土壤, 56, 350-357.]

Zhang Q, Wang SL, Wang H, Liu PZ, Wang XM, Zhang YH, Li HY, Wang R, Wang XL, Li J (2020). Effects of subsoiling and no-tillage frequencies on soil aggregates and carbon pools in the Loess Plateau. *Scientia Agricultura Sinica*, 53, 2840-2851. [张琦, 王淑兰, 王浩, 刘朋召, 王旭敏, 张元红, 李昊昱, 王瑞, 王小利, 李军 (2020). 深松与免耕频次对黄土旱塬春玉米田土壤团聚体与土壤碳库的影响. 中国农业科学, 53, 2840-2851.]

Zhang XX, Tian S, Zeng L, Chen LS, Zhang M, Liu KX, Hu JW, Liu C (2024). Effects of litter addition from common greening tree species in northern China on organic carbon composition characteristics of urban soils. *Plant Science Journal*, 42, 140-149. [张晓曦, 田爽, 曾磊, 陈灵素, 张蔓, 刘凯旋, 胡嘉伟, 刘冲 (2024). 北方常见绿化树种凋落物添加对城市土壤有机碳组成特征的影响. 植物科学学报, 42, 140-149.]

Zhang YK, Li M, Zhang J, Cui J, Wang XY, Song MM, Qiao QC, Long XE (2024). Spatial soil heterogeneity rather than the invasion of *Spartina alterniflora* drives soil bacterial community assembly in an Eastern Chinese intertidal zone along an estuary coastline. *Catena*, 237, 107784. DOI: 10.1016/j.catena.2023.107784.

Zhao FZ, Yang GH, Han XH, Feng YZ, Ren GX (2014). Stratification of carbon fractions and carbon management index in deep soil affected by the Grain-to-Green Program in China. *PLoS ONE*, 9, e99657. DOI: 10.1371/journal.pone.0099657.

Zhao QH, Liu SL, Deng L, Dong SK, Yang ZF, Liu Q (2013). Determining the influencing distance of dam construction and reservoir impoundment on land use: a case study of Manwan Dam, Lancang River. *Ecological Engineering*, 53, 235-242.

Zhao ZQ, Ji XY, Ma LL, Yu Q, Hu ZH (2024). Effects of nitrogen and phosphorus addition on colonization and community characteristics of soil fungi in woody debris.

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology

Journal of Subtropical Resources and Environment, 19(2), 1-8. [赵杼祺, 冀翔宇, 马璐璐, 于强, 胡振宏 (2024). 氮磷添加对土壤真菌在木质残体中定殖及群落特征的影响. 亚热带资源与环境学报, 19(2), 1-8.]

Zhu L, Zhou R, Shen YY, Chen YC, Tang RG, Ye GP, Cai YJ (2023). Effects of rice husk and its derived biochar on soil properties and stability of aggregates. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 29, 242-252. [朱玲, 周蓉, 沈玉叶, 陈有超, 唐荣贵, 叶桂萍, 蔡延江 (2023). 稻壳及稻壳生物炭对土壤团聚体稳定性及有机碳分布的影响. 植物营养与肥料学报, 29, 242-252.]

Zhu M, Kou LD, Chang XT, Wang B (2024). Differential analysis of fungal community diversity in three pickled melons from Dongfang, Hainan. *China Brewing*, 43(8), 100-105. [朱梦, 寇力丹, 常秀亭, 王彬 (2024). 三种海南东方酸瓜中真菌群落多样性差异分析. 中国酿造, 43(8), 100-105.]

责任编委: 韩广轩 责任编辑: 赵 航

DOI: 10.17521/cjpe.2025.0170

©植物生态学报 Chinese Journal of Plant Ecology