

# 中国亚热带地区沿海拔梯度土壤溶解性有机质组成及其与微生物的关系

——以武夷山为例

王淑真<sup>1,2</sup> 包明琢<sup>1,2</sup> 梁晶晶<sup>1,2</sup> 周垂帆<sup>1,2</sup>

(1 福建农林大学林学院, 福州 350002; 2 人工林可持续经营福建省高校工程研究中心, 福州 350002)

**【目的】** 溶解性有机质 (DOM) 是土壤的动态碳库, 在调节土壤养分循环和微生态中起着重要的桥梁作用。深入探讨沿海拔梯度土壤中 DOM 组分和微生物群落的动态变化, 阐明 DOM 组分在空间中的分布, 以期更好理解陆地生态系统对全球变暖的响应。**【方法】** 选取武夷山沿海拔分布的五种植被带 (阔叶林 EB, 针阔混交林 CB, 针叶林 CF, 亚高山矮林 DF, 高山草甸 AM), 应用傅立叶变换离子回旋共振质谱 (FT-ICR MS) 对土壤 DOM 组分进行表征, 结合 Illumina MiSeq 高通量测序, 探究不同海拔梯度 DOM 与微生物群落间的内在联系。**【结果】** 土壤 DOC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$  浓度整体上随海拔升高而增加, pH 值呈现出  $\text{AM} > \text{EB} > \text{CB} > \text{CF} > \text{SD}$ 。除 CF 外, 最大丰度对应 C、O 原子个数随海拔升高逐渐增大, M/Z 增加。针叶林 C、O、M/Z 三曲线集中分布, 结合 Shannon 指数可知, 其 DOM 分子的多样性较低。高山草甸 DOM 组分的化学多样性和均匀度最高, 细菌丰富度指数显著低于其他植被带; 真菌多样性逐渐增加。不同植被带中酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、变形菌门 (*Proteobacteria*)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、放线菌门 (*Actinobacteria*) 相对丰度较高。真菌中担子菌门 (*Basidiomycota*) 占比最大。土壤养分与微生物群落的冗余分析 (RDA) 表明: 酸杆菌门与 C/N 呈显著负相关, 绿弯菌门与 pH 呈正相关, 放线菌门等与 TN、TC、AK 浓度呈负相关; 担子菌门与  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  浓度呈正相关。DOM 组分与微生物群落的冗余分析表明: *Verrucomicrobia* 与单宁类物质呈负相关, 与木质素、蛋白质/脂质类、脂肪族类物质呈正相关。碳水化合物与绿弯菌门、担子菌门相对丰度呈负相关, 与变形菌门呈正相关。细菌的多样性指数与 DOM 相关性分析表明, 单宁类物质和多环芳烃与细菌群落的多样性呈负相关, 木质素/富含羧基的脂环分子 (CRAM) 结构、脂肪族或蛋白质、脂质类物质与真菌多样性指数呈负相关。**【结论】** 真菌在顽固性 DOM 分子降解过程中发挥着重要作用。高海拔地区 DOM 化学多样性较高。沿海拔梯度, DOM 碳库组分顽固性增强, 微生物种群向具有更大碳降解潜力的物种转移。微生物群落通过改变物种组成和代谢, 倾向于抵消沿海拔梯度引起的气候条件的变化对土壤养分影响。