J. Lake Sci.(湖泊科学),2027,39(2):000-000
DOI: 10.18307/2027.0222
©2027 by *Journal of Lake Sciences*

湖泊沉积物溶解性有机质类群分子多样性及其驱动因素：以长江和淮河中下游流域为例*

潘沁芸[1,2]，胡　盎[2**]，徐海燕[1**]，孟凡凡[2]，胡　婷[2]，耿梦蝶[3]，吴晓东[4]，王建军[2]
（1: 兰州交通大学环境与市政工程学院, 兰州 730070）
（2: 中国科学院南京地理与湖泊研究所, 湖泊与流域水安全全国重点实验室, 南京 211135）
（3: 兰州大学泛第三极环境中心，兰州 730000）
（4: 中国科学院西北生态环境资源研究院，冰冻圈国家重点实验室，兰州 730000）

摘　要：沉积物溶解性有机质（DOM）是湖泊碳库的重要活性组分，其分子多样性对湖泊碳循环及生态功能具有重要影响。本研究聚焦长江、淮河中下游流域，采集 38 个湖泊 80 个表层沉积物样品，基于傅里叶变换离子回旋共振质谱技术，按照分子组成特征划分 DOM 类群，解析富营养化胁迫下不同 DOM 类群的分子多样性特征及其驱动因素。结果表明，DOM 类群间分子丰富度和组成差异显著。其中，木质素类（39.63%）和蛋白质类（31.63%）构成 DOM 的主要组成部分，其 α 多样性（分子丰富度）均显著高于其它类群（$P < 0.05$），均值分别为 1125.75 和 783.73；二者 β 多样性（Bray-Curtis 不相似度）亦最低，均值分别为 0.30 和 0.38，表明其组成在空间分布上最为均一。DOM 多数类群分子丰富度与沉积物理化因子、土地利用因子显著相关，但分子丰富度、组成变化与营养状态指数均无显著相关性。随机森林分析进一步量化各因子对分子丰富度的重要性，结果显示沉积物溶解性有机碳是影响 7 个类群的主要因素，沉积物铵态氮（NH_4^+）主要驱动碳水化合物类、氨基糖类等生物可利用组分，表明沉积物理化因素是多数类群分子丰富度的主要驱动因素。此外，耕地面积占比等土地利用因素对木质素类、单宁类和稠环芳烃类贡献较高，暗示农业活动可能促进多种难降解分子在湖泊沉积物中累积。冗余分析结果显示，沉积物理化因素可解释多数类群的组成变化，其中单宁类和稠环芳烃类受土地利用（如耕地面积占比）和社会经济发展（如国内生产总值）等因子协同影响，表明自然与人为因素共同调控 DOM 类群分子多样性变化。本研究加深了对沉积物 DOM 类群分子多样性及其主要驱动因素的认识，可为富营养化背景下湖泊碳汇管理和流域尺度碳库稳定性评估提供分子层面的科学依据。
关键词：长江淮河流域；溶解性有机质；分子多样性；驱动因素

Characteristics and driving factors of chemodiversity of dissolved organic matter (DOM) groups: A case study in the middle and lower reaches of the Yangtze and Huaihe River basins*

Pan Qinyun[1,2], Hu Ang[2**], Xu Haiyan[1**], Meng Fanfan[2], Hu Ting[2], Geng Mengdie[3], Wu Xiaodong[4] & Wang Jianjun[2]
(1: *School of Environmental and Municipal Engineering*, *Lanzhou Jiaotong University*, *Lanzhou* 730070, *P.R.China*)
(2: *State Key Laboratory of Lake and Watershed Science for Water Security*, *Nanjing Institute of Geography and Limnology*, *Chinese Academy of sciences*, *Naning* 211135, *P.R.China*)
(3: *Center for the Pan-Third Pole Environment*, *Lanzhou University*, *Lanzhou* 730000, *P.R.China*)
(4: *State Key Laboratory of Cryosphere Science*, *Northwest Institute of Eco-environment and Resources*, *Chinese Academy of Sciences*, *Lanzhou* 730000, *P.R.China*)

Abstract: Abstract: Sediment dissolved organic matter (DOM) is a critical active component of lake carbon pools. The chemodiversity of DOM molecular groups is essential for understanding lake carbon cycling and ecological functions. This study

* 2026-03-04 收稿；2026-05-18 收修改稿；2026-06-04 录用。
江苏省自然科学基金项目（BK20240111）和中国科学院南京地理与湖泊研究所自主部署项目（NKL2023-QN04）联合资助。
**通讯作者；E-mail：anghu@niglas.ac.cn，hyxu12@163.com。

was conducted in the middle and lower reaches of the Yangtze River and Huaihe River basins. A total of 80 surface sediment samples were collected from 38 lakes. Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry (FT-ICR MS) was used to classify DOM into different molecular groups based on molecular compositional features. This study further examined the chemodiversity of various DOM groups and their driving mechanisms under eutrophication stress. The results revealed distinct differences in molecular richness and composition across DOM groups. Lignin-like (39.63%) and protein-like (31.63%) compounds dominated the sediment DOM components. These two groups showed significantly higher α diversity (molecular richness) than other groups ($P < 0.05$), with average values of 1125.75 and 783.73, respectively. Meanwhile, these groups had the lowest β diversity based on Bray-Curtis dissimilarity, with mean values of 0.30 and 0.38, respectively, reflecting spatially uniform DOM molecular composition. The molecular richness of most DOM groups was significantly correlated with sediment physicochemical properties and land-use variables. However, neither molecular richness nor compositional variation showed significant correlations with the trophic state index. Random forest analysis quantified the relative contribution of each variable to DOM molecular richness. Sediment DOM content was the dominant factor regulating the molecular richness of seven DOM groups. Sediment ammonium nitrogen (NH4+) primarily drove the variations in bioavailable DOM groups, including carbohydrate-like and amino sugar-like compounds. These results demonstrate that sediment physicochemical factors are the primary drivers of molecular richness for most sediment DOM groups. In addition, land-use variables such as cropland area proportion (Cropland%) exerted stronger effects on lignin-like, tannin-like, and polycyclic aromatic hydrocarbon-like DOM groups, indicating that agricultural activities facilitate the accumulation of recalcitrant molecules in lake sediments. Redundancy analysis showed that the compositional variation of most DOM groups was mainly controlled by sediment physicochemical factors. By contrast, tannin-like and polycyclic aromatic hydrocarbon-like compounds were also affected by land-use patterns (e.g., Cropland%) and socioeconomic factors (e.g., gross domestic product). These findings suggest that natural and anthropogenic factors jointly regulate the chemodiversity variations of sediment DOM molecular groups. This study improves the current understanding of sediment DOM chemodiversity and its dominant drivers, providing molecular-scale scientific evidence for lake carbon sink management and watershed-scale carbon pool stability assessment under eutrophication conditions.
Keywords: Yangtze-Huaihe River Basin; dissolved organic matter (DOM); chemodiversity; driving factors

湖泊是陆地水圈的重要组成部分，在全球碳循环中发挥着关键的碳汇功能与气候调节作用[1]。然而，基于遥感反演的21年时间序列数据显示，全球56.80%的湖泊（≥ 10 km^2）处于富营养化状态[2]。在富营养化背景下，藻类大量增殖并释放不稳定的溶解性有机质（DOM），加速微生物介导的有机质矿化，进而增加CO_2和CH_4排放，削弱湖泊净碳汇功能[3-4]。湖泊沉积物是内陆水体有机碳长期封存的主要载体，沉积物DOM作为碳周转的关键枢纽，其分子多样性可直接调控气候变暖背景下有机碳的分解转化效率、长期固存潜力及碳库稳定性[5]。因此，解析富营养化胁迫下湖泊沉积物DOM的分子多样性特征，有助于深化对湖泊碳汇功能与碳循环机制的认识[6]。

DOM是由多种可溶性有机分子组成的复杂非均质混合物，主要包括陆源植物、藻类和微生物来源有机质及其降解转化产物[7]。基于DOM分子的O/C与H/C比值，可将其划分为木质素类、蛋白质类、脂质类等类群[8]。DOM的分子多样性可从α多样性（分子丰富度）和β多样性（分子组成变化）两个维度进行定量表征[9]。不同类群的化学结构和生物可利用性差异较大，可通过不同转化途径影响沉积物碳库的累积与稳定[10]。具体而言，H/C比较高的脂质类、碳水化合物类等类群结构简单且活化能较低，易被微生物优先利用并快速矿化，从而促进CO_2等温室气体排放[11-12]；而H/C比较低的木质素类和稠环芳烃类等富含碳碳双键和醚键，反应活性较低，是沉积物碳库中相对稳定的组分，其在沉积物中的长期累积有利于维持碳库稳定性[13-14]。因此深入研究不同类群DOM分子多样性及其环境响应差异，有助于准确评估和预测生态系统DOM碳库稳定性[15]。

湖泊沉积物DOM的形成与演化是流域外源输入与湖泊内源转化共同作用的结果，通常受气候条件、人类活动和沉积物理化性质等因素协同调控[16-17]。已有研究表明，降水、土地利用和湖泊营养盐浓度等因素可显著影响DOM的分子丰富度和组成特征[15,18]。在人类活动强烈的流域中，农业面源污染、城市化和废

水排放等过程可改变入湖有机质来源，并通过影响湖泊营养状态和沉积物环境进一步调控沉积物DOM组成[6, 19]。然而，在富营养化背景下，湖泊营养状态、沉积物理化性质及流域土地利用等因素对沉积物DOM不同类群分子丰富度和组成变化的相对贡献仍不明确。我国长江、淮河中下游流域湖泊密集，人类活动强烈且富营养化问题突出，为识别沉积物DOM类群分子多样性的主要驱动因素提供了理想的研究区域[20]。

本研究采集了长江和淮河中下游流域38个湖泊的80个表层沉积物样本，基于傅里叶变换离子回旋共振质谱（FT-ICR MS）技术解析DOM的类群分子多样性。同时整合气候、土地利用、社会经济发展及理化参数，探讨各类群分子多样性的主要驱动因素。具体而言，本文旨在明确：长江淮河中下游流域湖泊沉积物DOM类群分子丰富度和组成特征如何？各类群分子丰富度和组成差异随湖泊营养状态如何变化？影响各类群分子丰富度和组成变化的主要因素是什么？以期为沉积物DOM的环境响应机制及碳汇管理提供分子层面的科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

长江和淮河中下游流域（28.00°~35.00°N, 111.00°~121.00°E）地势低平，海拔普遍低于 50 m，是我国淡水湖群分布最为密集的区域[21]。该流域夏季受东亚季风影响，降水充沛，年平均降水量变化范围为900~1400 mm，呈现雨热同期的气候特征。作为我国兼具重要战略意义的经济开发区、农业生产区以及生态承载区，该流域工农业活动强度较高[22]。在气候变化与高强度人类活动的双重影响下，大量氮、磷等营养盐伴随地表径流汇入湖泊，使该流域内湖泊富营养化问题尤为突出[19,22]。

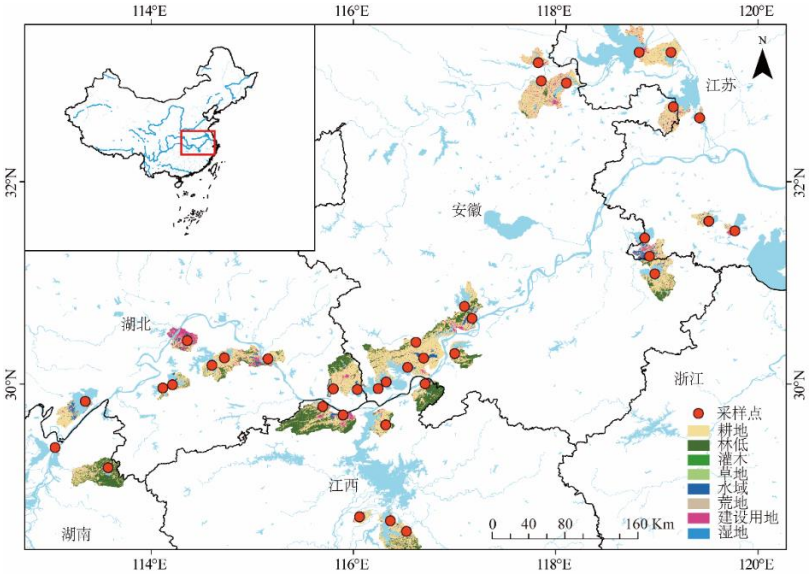

图 1 湖泊采样点分布图

Fig. 1 Distribution of sampling sites in lakes

1.2 样品采集

在长江和淮河中下游流域选取洪泽湖、升金湖、石臼湖和滆湖等 38 个浅水湖泊进行采样，地理分布范围为 28.55°~33.29 °N，113.00°~119.80 °E。根据湖泊水深、面积、营养水平等特征，在每个湖泊选取 1~3 个采样点位，共布设 80 个采样点（图 1）。于 2019 年 8—9 月，采用直径 6 cm 的重力采样器采集湖泊表层沉积物，采样深度范围为 0~5 cm。同时采用辛德勒采样器采集湖面 50 cm 以下的湖水样品。每个采样点重复采集 3 次，现场充分混匀后，分别合并为 1 份复合水样和 1 份复合沉积物样，装入无菌新试剂瓶中，于低温条件下尽快运至实验室，用于后续指标分析。沉积物样品经冷冻干燥后密封保存，用于后续 DOM

提取实验。

1.3 环境指标选取及测定

采用便携式多参数水质分析仪（ProPlus, YSI, USA）现场测定电导率（SPC）、pH、浊度（TUB）及溶解氧（DO），并通过塞氏盘测定水体透明度（SD）[23]。使用 Dionex DX-600 离子色谱测定水样中的 K^+、Na^+、Cl^-、Ca^{2+}、Mg^{2+}和 SO_4^{2-}[23]。按照《水和废水监测分析方法》测定叶绿素 a （Chl*a*）、水样总氮（TN）、总磷（TP）、溶解态总氮（DTN）、铵态氮（NH_4^+）、硝态氮（NO_3^-）、亚硝态氮（NO_2^-）、溶解态总磷（DTP）及磷酸根离子（PO_4^{3-}）。测定沉积物提取液中铵态氮（NH_4^+）、硝态氮（NO_3^-）、亚硝态氮（NO_2^-）、磷酸根离子（PO_4^{3-}）、TP、溶解性有机碳（DOC）及烧失量（LOI）[24]。使用电感耦合等离子体原子发射光谱法（ICP-AES）测定金属元素含量，包括 Cr、Co、Ni、Cu、Zn、As、Mo、Cd、Sb、Tl、Pb[23]。

1.4 FT-ICR MS 前处理及数据分析

称取 0.7 g 冻干沉积物样品，加入 30 mL 超纯水，充分混匀后超声提取 2 h。超声过程中通过循环冷却水控制水温，避免温度升高对 DOM 造成影响。提取液随后在 4000 r/min 条件下离心 20 min，收集上清液用于后续过滤和酸化处理。上清液经 0.45 μm 聚醚砜（PES）滤膜（25 mm, 津隆）过滤，并使用 1 mol/L HCl 酸化至 pH 为 2。本研究采用 Waters Oasis® HLB 固相萃取柱（3 cc/60 mg）进行富集，上样前依次使用质谱级甲醇和 pH 为 2 的超纯水对固相萃取柱进行活化。上样时每次加入 3 mL 酸化滤液，总上样体积为 15 mL。上样结束后，采用 pH 为 2 的超纯水淋洗固相萃取柱，随后用氮气吹干。最后采用 1.5 mL 质谱级甲醇洗脱 DOM 至预灼烧的棕色玻璃小瓶中，于-20 ℃冷冻保存备用[25]。

测定前，DOM 样品使用质谱级甲醇/超纯水混合溶液重新溶解，并将 DOC 浓度调节至 60 mg C/L。DOM 样品采用配备电喷雾电离源（ESI）的 15 T solariX XR 型 FT-ICR MS 进行分析，电离模式为 ESI 负离子模式。分析前，质谱仪采用 10 μg/mL 精氨酸甲醇溶液，并结合 Suwannee River fulvic acid（SRFA）的选定特征峰进行外部质量校准，质量校准误差控制在 0.1 ppm 以内。样品以 2 μL/min 流速进样，在质荷比 150-1200 范围内累计扫描 100 次以提高信噪比，完成谱图测试，采用吸收模式进行相位校正。测定过程中设置甲醇溶剂空白和固相萃取空白样，以监测仪器残留、样品间交叉污染及前处理过程污染。所有样品在 2 周内完成分析，以降低仪器状态变化对数据一致性的影响。

质谱原始数据采用 DataAnalysis 软件（Bruker Daltonics, v4.2）提取质荷比峰列表，所有质谱数据基于 DOM 同系物系列中相邻 14 Da（-CH_2 基团）质量差进行内部重校准[26]。借助 Formularity 软件（v1.0）完成分子式分配，分子式分配的相对质量误差控制在 1×10^{-6} 以内，信噪比阈值设定为 7 [27]。分子式分配时考虑 C、H、O、N、S 和 P 元素，元素组合范围设定为 $C_{1-\infty}H_{1-\infty}O_{1-\infty}N_{0-4}P_{0-1}S_{0-2}$，并排除含其它元素的分子式及具有同位素特征的峰。初步分配的分子式进一步依据氮规则、双键当量（DBE）和元素比值进行筛选，具体筛选标准包括：DBE 为非负整数，$0.333 \le H/C \le 2.25$，$O/C \le 1$，$N/C < 0.5$，$S/C < 0.2$，$P/C < 0.1$，$(S+P)/C < 0.2$[26,28]。当同一质荷比峰存在多个候选分子式时，考虑质量误差、元素组成合理性和杂原子数，优先选择质量误差最低且杂原子数最少的分子式作为最终分配结果。固相萃取空白样品按照相同流程进行峰提取和分子式分配，并从样品分子式列表中剔除在空白样品中检出的背景分子式。各分子的相对丰度通过其峰强度占该样品所有保留分配峰总强度的比例计算。

依据 O/C 和 H/C 比将鉴别出的分子划分为 8 类不同化合物类群，按照 H/C 比由高到低排序为：（1）碳水化合物类（O/C = 0.67-1.2, H/C = 1.5-2）；（2）氨基糖类（O/C = 0.55-0.67, H/C = 1.5-2.2）；（3）蛋白质类（O/C = 0.3-0.55, H/C = 1.5-2.2）；（4）脂质类（O/C = 0-0.3, H/C = 1.5-2.0）；（5）木质素类（O/C = 0.1-0.67, H/C = 0.7-1.5）；（6）不饱和烃类（O/C = 0-0.1, H/C = 0.7-1.5）；（7）单宁类（O/C = 0.67-1.2, H/C = 0.5-1.5）；（8）稠环芳烃类（O/C = 0-0.67, H/C = 0.2-0.7）[8,29]。该分类方法主要用于表征分子的元素组成特征，并不代表对具体化合物结构或完整生物大分子的直接鉴定[30]。例如，“蛋白质类”并不代表完整蛋白质，而是指具有相应 H/C 和 O/C 比特征的分子。

1.5 气候、土地利用与社会经济发展指标

气候数据来源于 WorldClim Version 2.1 数据集，该数据集基于全球 1970—2000 年气象监测数据，结合经纬度与海拔信息通过插值法生成，包含 19 个生物气候变量（Bio1~Bio19），空间分辨率约为 1 km[31]。

子流域土地利用数据基于流域边界提取获得，各湖泊流域边界通过 WWF HydroBASINS 工具确定（https://www.hydrosheds.org/）。土地利用基础数据源自 2019 年中国土地覆盖数据集（China Land Cover Dataset, CLCD），分辨率为 30 m[32]。研究区流域土地覆盖类型共 8 类，分别为耕地、林地、灌木、草地、水体、荒地、湿地和建设用地。

采用 ArcMap v10.7 软件计算子流域面积（Area）及不同土地覆盖类型的面积占比，子流域面积变化范围为 33.00~1291.81 km^2，其中耕地面积占比最高（28.91%~82.59%），其次为林地（0%~63.46%）、水域（3.89%~55.83%）、建设用地（0.58%~47.40%）和荒地（0~0.11%）；灌木、草地及湿地的面积占比总和不足 0.10%，故未纳入后续分析。

社会经济发展指标方面，纳入采样点所属市域国内生产总值（Municipal GDP, 10^8 RMB）和人口密度（PD, 千人/km^2），以及所属县域国内生产总值（County GDP, 10^8 RMB），以上数据均来源于中国经济社会大数据研究平台（https://data.cnki.net/）。此外，选取人类足迹指数（Footprint）用于量化人类活动强度，该指数源自一个整合多种人类压力源的数据集，数据空间分辨率为 1 km[33]。

1.6 统计分析

为量化每个湖泊的营养状态，基于 Chl*a*、TP、TN 和 SD 计算营养状态指数（TSI）。基于 TSI 可确定五种营养水平：低营养（TSI < 30）、中营养（30 ≤ TSI ≤ 50）、轻度富营养（50 < TSI ≤ 60）、中度富营养（60 < TSI ≤ 70）和高度富营养（TSI > 70），TSI 计算公式如下[34-35]：

$$TSI = 0.326TSI_{\mathrm{Chl}a} + 0.230TSI_{\mathrm{TP}} + 0.219TSI_{\mathrm{TN}} + 0.225TSI_{\mathrm{SD}} \quad (1)$$

$$TSI_{\mathrm{Chl}a} = 10[2.5 + 1.086\ln(Chla)] \quad (2)$$

$$TSI_{\mathrm{TP}} = 10[9.436 + 1.624\ln(TP)] \quad (3)$$

$$TSI_{\mathrm{TN}} = 10[5.453 + 1.694\ln(TN)] \quad (4)$$

$$TSI_{\mathrm{SD}} = 10[5.118 - 1.94\ln(SD)] \quad (5)$$

式中：TSI_{Chla}、TSI_{TP}、TSI_{TN} 和 TSI_{SD} 分别为基于 Chl*a*（μg/L）、TP（mg/L）、TN（mg/L）和 SD（m）的营养状态指数。

为深入探究 DOM 类群分子多样性的驱动因素，本研究选取 5 类驱动因子：气候、土地利用、社会经济发展、上覆水理化因子及沉积物理化因子。首先基于 Spearman 相关性分析，剔除高相关变量（|r| > 0.8）以最小化变量间的多重共线性；其中，气候因子经筛选后保留年平均降水量（MAP）、降水季节性（PS）、等温性（ISO）和最湿季度平均温度（MTWQ）。土地利用因子经筛选后保留流域面积（Area）、耕地面积占比（Cropland%）、林地面积占比（Forest%）、建设用地面积占比（Impervious%）和荒地面积占比（Barren%）。社会经济发展因子保留人类足迹（Footprint）、县域 GDP（County GDP）、市域 GDP（Municipal GDP）和人口密度（PD）。水体理化因子经筛选后保留 TP、TN、DTN、NH_4^+、NO_3^-、NO_2^-、Ca^{2+}、SO_4^{2-}、DO、TUB、SPC 和 pH。沉积物金属元素经主成分分析（PCA）降维提取前三个主成分（PC1 解释 46.9%方差，PC2 解释 18.7%，PC3 解释 14.2%），沉积物理化因子经筛选后保留 PC1、PC2、TP、NH_4^+、NO_3^-、NO_2^-、PO_4^{3-}、DOC、LOI、SPC 和 pH。

对 DOM 各类群分别计算分子多样性指数，从 α、β 多样性两个维度进行表征。α 多样性以分子丰富度（Richness）指数表征，即所鉴别的分子式数量[9]。β 多样性基于 DOM 分子式相对丰度矩阵计算 Bray-Curtis 不相似度，以表征样本间 DOM 类群的分子组成差异。针对 8 个 DOM 类群间 α 多样性的差异，采用 Kruskal-Wallis 检验，并结合 Dunn 检验（Bonferroni 校正）开展组间多重比较。采用 PERMANOVA 分析检验不同 DOM 类群间 β 多样性的整体差异，并采用 999 次置换评估显著性。

DOM 各类群 α 多样性与 TSI 间的关系通过线性模型探究，β 多样性与 TSI 的关联通过 Mantel 检验判定。基于 Spearman 秩相关分析与线性模型，解析类群分子丰富度与驱动因子间的相关性，进一步借助随机森林分析识别关键驱动因子并量化其相对重要性。采用冗余分析（RDA）研究环境因子对各类群组成变化的影响，并排除方差膨胀因子（VIF）≥ 10 的变量以防止多重共线性的影响。所有数据处理与统计分析均基于 R 软件（v 4.3.1）完成，分析及可视化处理借助“vegan”、“rfPermute”、“dplyr”和“ggplot2”等程序包实现。

2 结果

2.1 DOM 类群分子丰富度和组成差异

通过傅里叶变换离子回旋共振质谱技术，在长江和淮河中下游流域 80 个湖泊沉积物 DOM 样品中鉴定出 7774 种分子式。基于 O/C 和 H/C 比，将沉积物 DOM 划分为 8 类化合物，其中木质素类和蛋白质类作为优势组分，相对丰度均值分别为 39.63%和 31.63%。脂质类为次要组分，占比为 9.50%。氨基糖类、单宁类相对丰度较低，分别为 6.97%和 6.12%。稠环芳烃类、碳水化合物类和不饱和烃类较低，仅占 2.79%、2.49%、0.88%。

Kruskal-Wallis 检验结果显示，不同 DOM 类群的分子丰富度存在显著差异（$P < 0.001$）（图 2）。木质素类的分子丰富度最高，变化范围为 639~1539，均值为 1125.75，Dunn 检验显示其显著高于蛋白质类（$P = 0.017$）及其它类群（$P < 0.001$）；蛋白质类次之，范围为 278~1222，均值为 783.73，显著高于脂质类、碳水化合物类等（$P < 0.05$）。不饱和烃类最低，变化范围为 10~142，均值仅为 33.44。不同类群的 β 多样性间亦存在显著差异（PERMANOVA 检验, $P = 0.001$），木质素类的 Bray-Curtis 不相似度最低，均值为 0.30；蛋白质类的不相似度均值为 0.38，仅高于木质素类；不饱和烃类的不相似度均值达 0.56，其余类群介于其间（图 2）。

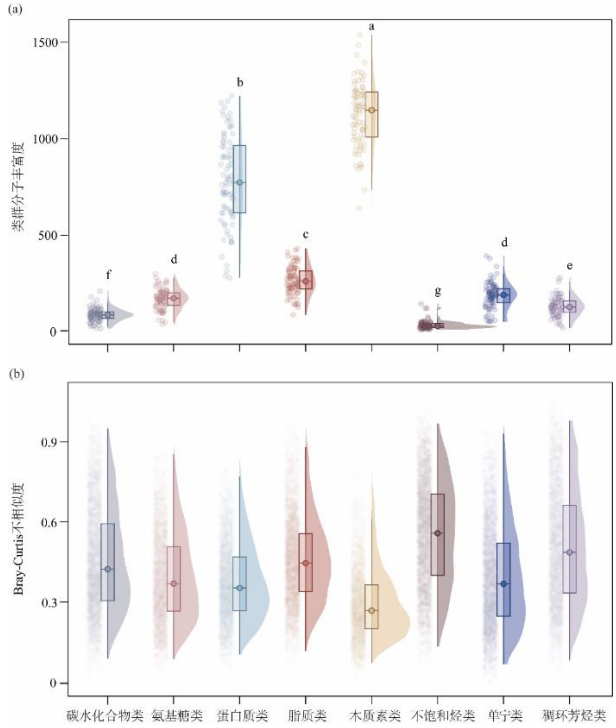

图 2 DOM 类群的分子丰富度（a）和组成差异（b）

（a）各类群分子丰富度，不同小写字母表示经 Dunn 检验后组间差异显著（$P < 0.05$）；（b）基于 Bray-Curtis 不相似度表征不同 DOM 类群的分子组成差异。小提琴图表示数据的核密度分布，箱线图表示中位数和四分位范围，散点表示原始数据点

Fig. 2 Molecular richness (a) and compositional differences (b) among DOM groups ((a) Molecular richness of each DOM group; different lowercase letters indicate significant differences among groups based on Dunn's test ($P < 0.05$). (b) Molecular compositional differences among DOM groups characterized based on Bray-Curtis dissimilarity. Violin plots represent the kernel density distribution of the data, boxplots show the median and interquartile range, and points represent raw data points)

2.2 DOM 类群分子多样性的驱动因素

线性模型表明，各类群分子丰富度与营养状态指数（TSI）均无显著相关性（图 3a、c, $P > 0.05$）。Mantel 检验结果亦显示各类群 Bray-Curtis 不相似度与 TSI 变化无显著相关性（图 3b、d, $P > 0.05$）。气候、土地利用、社会经济、水体及沉积物理化因子与 DOM 各类群分子丰富度间关联的结果表明，沉积物理化因子和土地利用因子与多数类群呈显著相关性，气候、社会经济发展和水体理化因子与较少数类群相关（图 4, $P < 0.05$）。

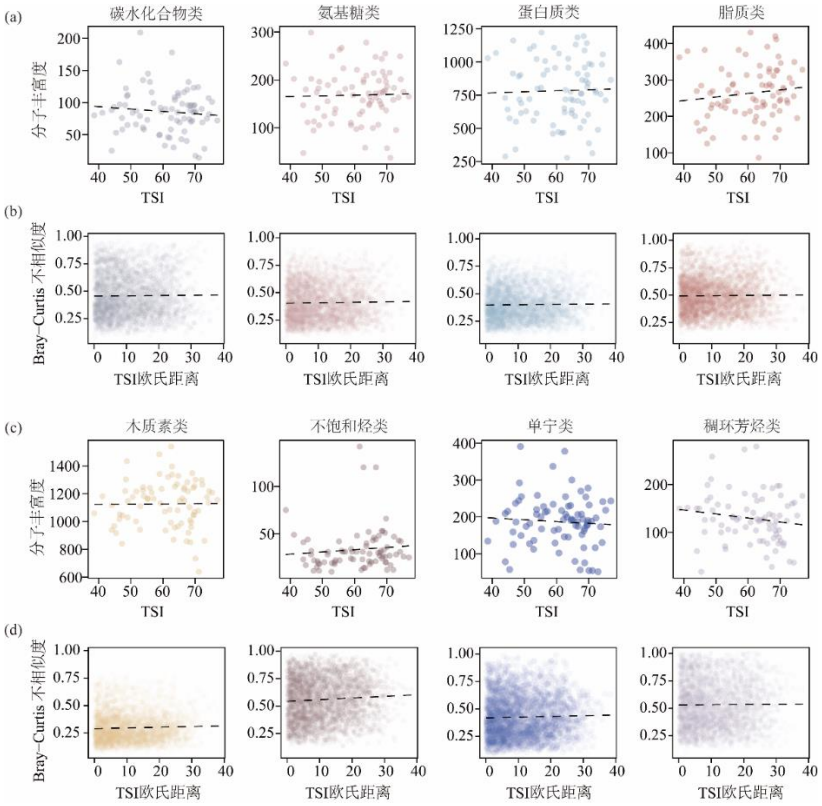

图 3 DOM 类群分子丰富度与 TSI 的相关性（a、c）及 Bray-Curtis 不相似度与 TSI 欧氏距离的相关性（b、d）（虚线表示无统计学显著性的线性回归拟合线（$P > 0.05$））

Fig. 3 Correlations between molecular richness of DOM groups and TSI (a, c), and between Bray-Curtis dissimilarity and Euclidean distance of TSI (b, d)

(Dashed lines indicate non-significant linear regression fitted lines ($P > 0.05$))

沉积物理化因子中，溶解性有机碳（DOC）、烧失量（LOI）、铵态氮（NH_4^+）、电导率（SPC）及金属元素主成分二轴（PC2）与超过半数类群分子丰富度显著正相关（图 4，$P < 0.05$）。相关性分析结果表明，沉积物 DOC 与蛋白质类、脂质类、氨基糖类和不饱和烃类的分子丰富度呈正相关（$R^2 = 0.08\text{-}0.59, P < 0.05$）；沉积物磷酸根离子（$PO_4^{3-}$）与蛋白质类显著负相关，pH 与碳水化合物类、氨基糖类和蛋白质类显著负相关（$P < 0.05$）。土地利用因子表现出类群特异性关联模式，林地面积占比(Forest%)与碳水化合物类、氨基糖类、蛋白质类和脂质类显著正相关($P < 0.05$)；而耕地面积占比(Cropland%)与氨基糖类、蛋白质类和脂质类显著线性负相关($R^2 = 0.05\text{-}0.09$，$P < 0.01$)，与单宁类、木质素类及稠环芳烃类显著线性正相关($R^2 = 0.07\text{-}0.13$，$P < 0.01$)。此外，荒地面积占比(Barren%)与单宁类和稠环芳烃类显著负相关，流域面积(Area)与稠环芳烃类、单宁类和木质素类显著正相关($P < 0.05$)。气候因子中，等温性(ISO)与木质素类($R^2 = 0.10$，$P < 0.01$)和稠环芳烃类($R^2 = 0.06$，$P < 0.05$)显著线性正相关。社会经济发展因子中，市域国内生产总值(Municipal GDP)与稠环芳烃类显著负相关($P < 0.01$)，人口密度(PD)与不饱和烃类($R^2 = 0.27$，$P < 0.001$)和脂质类($R^2 =$

0.10，$P < 0.01$)呈显著线性正相关。水体理化因子中，仅亚硝态氮（NO_2^-）、总氮（TN）、SPC 和 pH 与较少类群相关（$P < 0.05$），总磷（TP）等因子与各类群间均未表现出显著相关性（$P > 0.05$）。

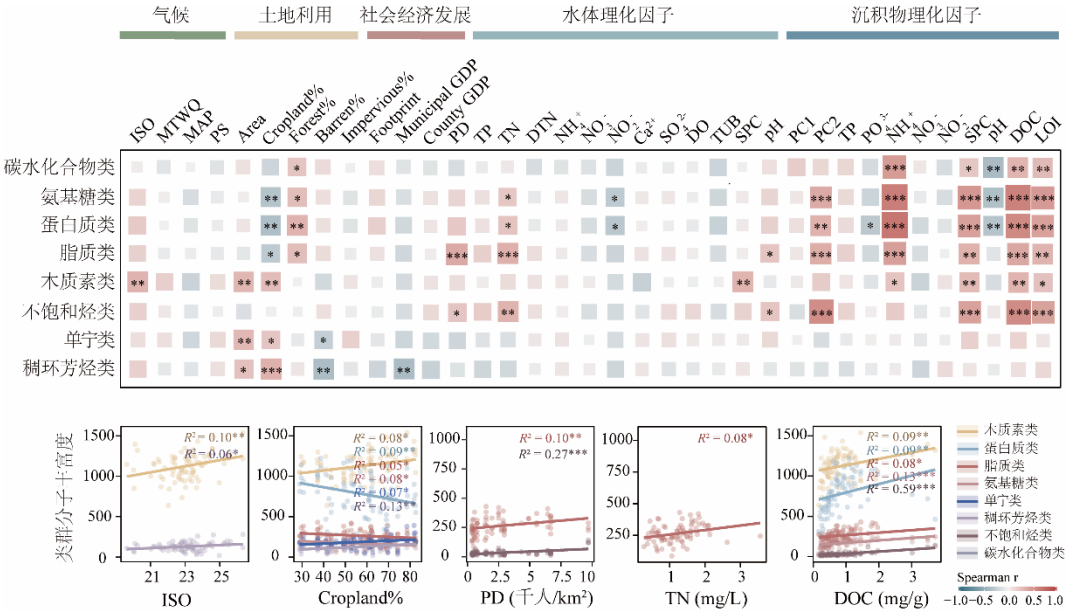

图 4 DOM 类群分子丰富度与驱动因子间的相关性（上方为 Spearman 秩相关热图，展示 DOM 各类群分子丰富度与驱动因子的相关性，驱动因子按气候、土地利用、社会经济发展、水体理化因子和沉积物理化因子五类分组排列；红色和蓝色方块分别表示正相关和负相关，方块颜色深浅及大小表示 Spearman 相关系数绝对值大小。下方为关键驱动因子与各类群分子丰富度的线性回归散点图，不同颜色代表不同 DOM 类群，图中仅展示显著线性关系（$P < 0.05$），实线为线性拟合线，对应颜色标注 R^2 及显著性水平。星号表示显著性***$P < 0.001$，**$P < 0.01$，*$P < 0.05$）

Fig. 4 Correlation between molecular richness of DOM groups and driving factors

(The upper panel shows a Spearman rank correlation heatmap illustrating the correlations between molecular richness of different DOM groups and driving factors. The driving factors are grouped into five categories: climate, land-use, socioeconomic development, water physicochemical factors, and sediment physicochemical factors. Red and blue squares indicate positive and negative correlations, respectively, and the color intensity and size of the squares represent the absolute values of Spearman correlation coefficients. The lower panel shows linear regression scatter plots between key driving factors and molecular richness of different DOM groups. Different colors represent different DOM groups. Only significant linear relationships are shown ($P < 0.05$), with solid lines indicating linear fitted lines. The corresponding colors denote R^2 values and significance levels. Asterisks indicate significance levels: ***$P < 0.001$, **$P < 0.01$, *$P < 0.05$)

通过随机森林分析量化各个因子对 DOM 不同类群分子丰富度的相对贡献，以均方误差（MSE）增加的百分比表示（图 5 a、c）。结果表明，不同类群的主要预测因子存在差异，其中沉积物理化因子对多数类群具有较高贡献（图 5a、c）。具体而言，碳水化合物类、氨基糖类、蛋白质类主要由沉积物 NH_4^+（23.94%~27.97%）和 DOC（16.14%~23.70%）驱动，累计贡献率高达 40.08%~51.67%。脂质类以沉积物 NH_4^+（12.47%）为最佳预测因子，与 DOC（10.87%）和人口密度（9.65%）的贡献相近；木质素类受 LOI（12.09%）、DOC（11.51%）、水体 SPC（10.97%）和耕地面积占比（9.82%）共同影响；不饱和烃类以 DOC 和人口密度为主要预测因子，贡献率分别为 16.36%和 13.39%。单宁类和稠环芳烃类受土地利用因子影响较为突出，单宁类中流域面积（8.36%）和耕地面积占比（7.18%）的贡献最高；稠环芳烃类中耕地（12.00%）和荒地面积占比（9.92%）贡献最高，市域国内生产总值次之（8.13%）。此外，气候和水体理化因子的相对贡献较低，仅对少数类群具有显著影响。气候因子中，ISO 对蛋白质类、木质素类和不饱和烃类的贡献

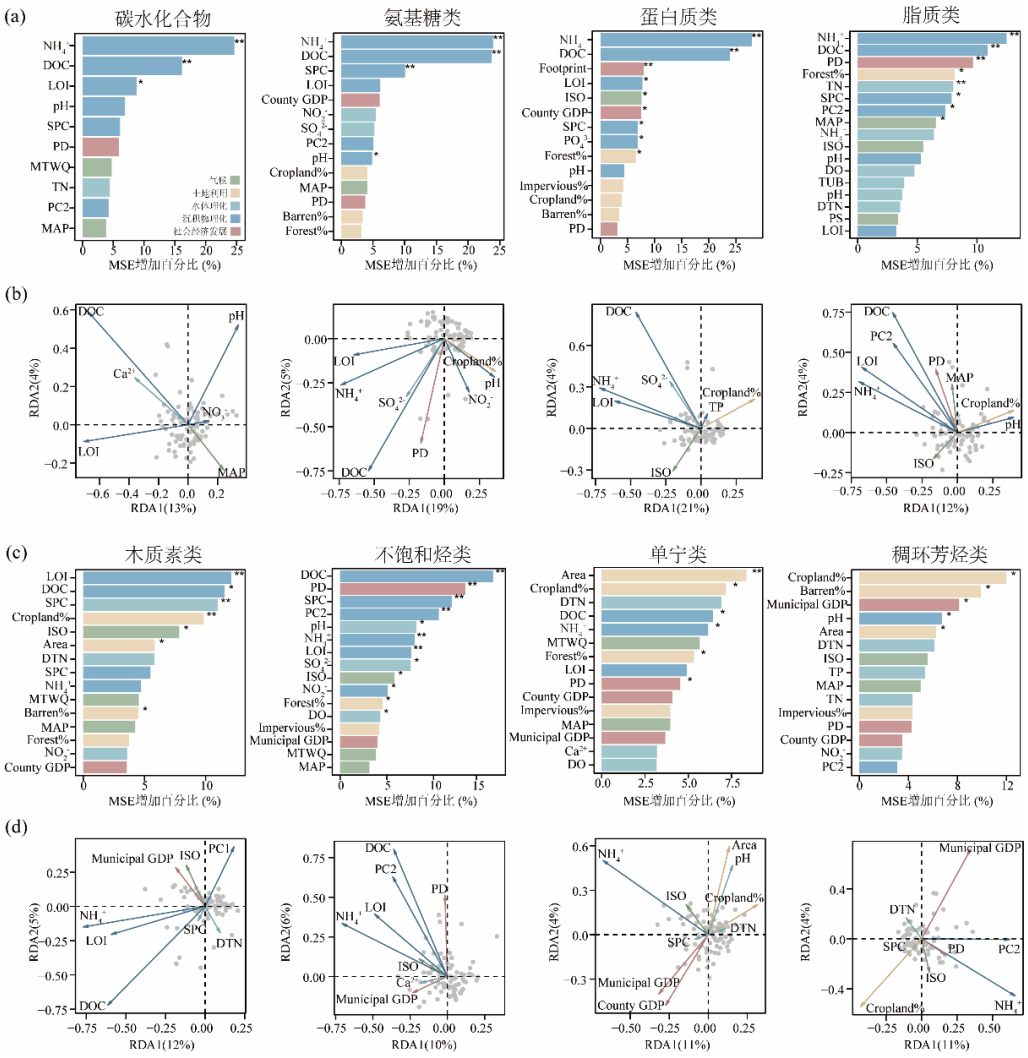

图 5 DOM 类群分子多样性的驱动因素分析

（图 a、c 展示基于随机森林模型评估的 DOM 类群分子丰富度主要驱动因子及其预测重要性，相对贡献由均方误差增加百分比（%IncMSE）表示，%IncMSE 越高表明相应的预测重要性越高；条形图中仅展示%IncMSE 高于 2%的驱动因子，星号表示显著性***$P < 0.001$，**$P < 0.01$，*$P < 0.05$。图 b、d 展示各类群分子组成结构与驱动因子的 RDA 排序图，反映分子组成结构在 RDA 排序空间中的分布。散点代表独立样本，箭头代表驱动因子，箭头长度反映该因子对 DOM 分子组成变异的解释能力，坐标轴百分比表示 RDA1 和 RDA2 对 DOM 组成变异的解释比例）

Fig. 5 Driving factor analysis of chemodiversity of DOM group (Panels a and c show the main driving factors and their predictive importance for the molecular richness of different DOM groups, as evaluated by the random forest model. Relative contributions are expressed as the percentage increase in mean squared error (%IncMSE), with higher %IncMSE values indicating greater predictive importance. Only driving factors with %IncMSE values higher than 2% are shown in the bar plots. Asterisks indicate significance levels: ***$P < 0.001$, **$P < 0.01$, *$P < 0.05$. Panels b and d show RDA ordination plots of the molecular compositional structures of DOM groups and their driving factors, reflecting the distribution of molecular composition in the RDA ordination space. Points represent individual samples, and arrows represent driving factors. Arrow length indicates the explanatory power of each factor for variation in DOM molecular composition. The percentages on the axes indicate the proportions of variation in DOM composition explained by RDA1 and RDA2)

分别为 7.57%、7.83%和 5.84%，年平均降水量（MAP）对脂质类贡献为 6.55%。水体理化因子中，SPC 对木质素类的贡献率最高（10.97%），TN 对脂质类的贡献其次（8.01%），pH、SO_4^{2-}和溶解氧对不饱和烃类存在显著影响（$P < 0.05$）。

通过冗余分析（RDA）分析探究 DOM 各类群组成变化的主要驱动因素，结果表明，碳水化合物类、氨基糖类、蛋白质类、脂质类、木质素类和不饱和烃类均以 DOC 和 LOI 等沉积物理化因子为主导，前两轴累计解释量为 16%~25%（图 5b、d）。单宁类和稠环芳烃类受沉积物理化因子（如 NH_4^+）、土地利用因子（如 Cropland%）和社会经济发展因子（如 GDP）等因子协同影响，前两轴累计解释量均为 15%。从驱动因子类型来看，沉积物理化因子对 8 类分子类群的组成均具有较强解释力，气候、土地利用、社会经济及水体理化因子则表现出类群特异性驱动作用。气候因子中，ISO 影响蛋白质类、脂质类、木质素类等 6 类组成变化；土地利用因子中，Cropland%可解释单宁类、稠环芳烃类、氨基糖类等 5 类组成变化；社会经济发展因子中，PD 对氨基糖类、脂质类和不饱和烃类具有较强解释力，GDP 可解释单宁类和稠环芳烃类的组成变化；水体溶解态总氮与硫酸根离子可分别影响单宁类、稠环芳烃类和氨基糖类、蛋白质类。

3 讨论

尽管湖泊沉积物 DOM 分子多样性日益受到关注，但富营养化胁迫下湖泊沉积物 DOM 各类群的分子多样性及其驱动因素研究仍然较少。本研究采集长江、淮河中下游流域 38 个湖泊中 80 个沉积物 DOM 样本，基于傅里叶变换离子回旋共振质谱（FT-ICR MS）技术，系统解析 DOM 类群分子丰富度、组成结构变化及其主要驱动因素。结果表明：（1）长江淮河流域中下游湖泊沉积物 DOM 以木质素类和蛋白质类为主要组成部分，类群 α 多样性（分子丰富度）与 β 多样性（Bray-Curtis 不相似度）均存在显著差异。（2）沉积物 DOM 各类群分子丰富度及组成变化与营养状态指数无显著线性相关。（3）多数类群的分子多样性主要由沉积物理化因素驱动，外源难降解类群还受到耕地占地面积等土地利用因素较大影响。

3.1 DOM 各类群分子多样性特征

本研究表明，长江、淮河中下游流域湖泊沉积物 DOM 以木质素类和蛋白质类为主要组分。其中木质素类的相对丰度在所有类群中最高，这与我国多数淡水湖泊沉积物的研究结果一致[36-37]。木质素类的分子丰富度和相对丰度较高，可能与流域内陆源有机质输入背景及其化学性质有关。长江、淮河中下游流域内耕地、林地及岸带植被广泛分布，植物残体、土壤有机质及颗粒有机物可经地表径流、土壤侵蚀和颗粒沉降等过程进入湖泊沉积物，这些有机质的转化产物可能构成木质素类分子的重要来源[38-39]。同时，木质素类分子通常具有较高芳香性和相对较低的生物可利用性，进入沉积物后易在埋藏过程中保存和累积[40-41]。此外，木质素类分子具有相对更宽的元素比值范围，涵盖峰响应强度各异的众多分子式，从而可能显示出更大的分子丰富度[8]。

蛋白质类、脂质类的分子丰富度低于木质素类，但显著高于不饱和烃类等类群，这可能反映出富营养化背景下内外源有机质的持续输入，以及沉积物低氧环境对活性分子的选择性保存[4,26]。一方面，高营养盐条件促进的浮游植物初级生产，藻华衰亡和微生物周转过程可向湖泊释放蛋白质类、脂质类等生物源活性分子[3]；同时城镇生活污水、养殖排水和农业等面源输入也可能向湖泊输送含氮有机物和营养盐，从而促进湖泊内源生物代谢与有机质合成[42-43]。另一方面，湖泊沉积物表层多处于低氧或厌氧环境，抑制微生物对有机质的降解，从而有利于该类组分在沉积物中的保存[26]。

木质素类和蛋白质类均具有较高的分子丰富度，且在空间上表现出较低的样点间组成差异。木质素类分子在不同湖泊沉积物中的组成差异最小，可能与研究区陆源输入背景相对一致、植被和土地利用格局具有空间连续性有关；同时，该类分子稳定的芳香性结构也可能降低了其在不同沉积环境下的降解差异[40-41]。蛋白质类分子的组成差异较小，则可能与研究区湖泊普遍较高的营养状态及沉积物表层低氧环境相关。富营养化背景下，藻类初级生产及微生物周转过程在研究区各湖泊中普遍发生，为蛋白质类分子提供了相对稳定的来源基础。而沉积物低氧环境对活性组分的保存效应在各样点间具有相似性，可能进一步缩小了样点间的组成差异[26]。上述结果表明，长江、淮河中下游湖泊沉积物 DOM 以木质素类和蛋白质类为优势类

群，这两类分子同时具有分子丰富度较高、空间异质性较低的共同特征。

3.2 DOM 类群分子多样性的驱动因素

既有研究揭示，湖泊富营养化加剧可改变水体 DOM 的组成结构和生物可利用性[19,44]。如太湖沉积物 DOM 研究表明，中度富营养化区域的脂质类、脂肪族化合物含量及其独特分子式数量高于轻度富营养化区域[6]。然而，本研究沿 TSI 梯度并未观察到沉积物 DOM 各类群分子多样性的单调变化规律（图 3）。长江、淮河中下游流域具有较高的营养盐背景值，可能使得类群分子多样性对富营养化的响应呈现非线性阈值效应[20,45]；抑或是 TSI 作为综合指数，可能掩盖了单一营养盐的作用机制。尽管水体理化因素对各类群分子多样性变化的解释有限，TN 对脂质类等不稳定类群的分子丰富度仍表现出显著正向影响（图 4），暗示氮营养盐对内源 DOM 产生的促进作用[46]。

相比之下，沉积物理化因素驱动了多数类群分子丰富度和组成差异的变化（图 4、图 5）。沉积物作为营养物质长期累积的“汇”，持续接收并混合不同来源、不同降解程度的有机质，承载着更长期的氮磷循环历史[47]。长江淮河流域受农业面源污染与历史污染累积影响，营养盐负荷高，导致溶解性有机碳（DOC）在表层沉积物中富集[37,48]。DOC 是微生物代谢的关键底物和沉积物有机质的主要组分，对大部分类群的分子丰富度和组成变化具有显著影响[49]。这与其生态功能相符，高 DOC 环境可支持多样化的微生物群落周转，促进 DOM 分子的合成与转化，进而驱动氨基糖类等生物源类群分子多样性变化[18,48]。铵态氮（NH_4^+）对高 H/C 比值的碳水化合物类等易降解类群表现出最强的驱动作用，而对低 H/C 比值的类群影响相对较弱，这一对比暗示易降解类群的分子丰富度受微生物氮代谢与转化的影响更为显著[46]。此外，电导率、金属元素和 pH 等因子对类群分子多样性的影响，反映了沉积物 DOM 与矿物基质的结合特性[5,50]。因此，在研究湖泊富营养化背景下沉积物 DOM 不同类群分子多样性的环境响应时，需同步关注沉积物环境的养分累积及生物地球化学过程。

在流域尺度上，气候条件、土地利用和社会经济发展因子对 DOM 各类群的分子多样性存在特异性调控作用，但其综合解释力弱于沉积物理化因子。具体而言，气候因子中等温性与木质素类、稠环芳烃等陆源难降解组分的分子丰富度呈显著正相关，表明温度变幅较小的环境可能限制微生物对芳香类化合物的分解能力，从而促使陆源植物残体及其衍生的难降解组分在沉积物中累积[26]；年平均降雨量对类群分子多样性的影响可能更为复杂，降雨可通过增强径流输入促进陆源有机质迁移，也可通过稀释湖水降低 DOM 分子丰富度[18,51]。此外，长江中下游地区湖泊多为浅水湖泊，其沉积物组分易受风浪及湖流扰动影响。例如，扰动过程可导致表层沉积物再悬浮，并改变沉积物氧化还原状态，从而进一步影响有机碳、营养盐和 DOM 分子的释放、迁移与转化[52-53]。因此，未来的研究应纳入风速、风向及再悬浮强度等指标，以探究风生流扰动对 DOM 分子多样性的影响。土地利用方式和社会经济发展水平对 DOM 的组成特征和分子多样性的影响已被广泛研究[51,54]。本研究中林地面积占比对蛋白质类等分子丰富度有积极作用，这可能与研究区常绿阔叶林持续向湖泊输送新鲜凋落物和土壤有机质等多样碳源有关；其中易降解但分解受沉积物厌氧环境抑制的微生物产物与外源输入的稳定组分可能共同促进沉积物有机碳的长期保存[55-56]。相对的，耕地面积占比与木质素类、单宁类、稠环芳烃类的分子丰富度和组成变化密切相关；这可能是由于耕地中农作物残体输入、秸秆焚烧以及农药和化肥的长期施用，促使芳香族及其它难降解 DOM 类群在土壤中累积，并通过降水径流、土壤侵蚀、人为排放等过程进入流域[57-59]。与此同时，长江中下游流域地势平坦、河网水系密布，较长的水力停留时间可能增强有机质的选择性保存作用，使难降解有机质类群更易在沉积物中留存，这可能解释了流域面积对难降解类群分子丰富度的显著贡献[60]。社会经济发展方面，人口密度（PD）与脂质类、不饱和烃类呈显著正相关（$P < 0.05$），且对这两类分子丰富度贡献较高；人类足迹（Footprint）对蛋白质类分子丰富度具有显著贡献（$P < 0.01$）；国内生产总值（GDP）是单宁类和稠环芳烃类组成变化的主要驱动因素之一（图 4、5）。生活污水中的蛋白质类、脂质类、不饱和烃等类群可直接输入流域湖泊[60]，不饱和烃类化合物则可能与沿海人为排放产物有关，如化石燃料燃烧等[61-62]。GDP 与稠环芳烃分子丰富度间的负相关关系，暗示经济增长过程中产业结构升级与污染控制措施的完善，使工业源稠环芳烃排放得到有效控制[63]。上述结果共同表明，长江、淮河中下游流域沉积物 DOM 类群分子多样性受沉积物理化因子与流域尺度因子的协同调控。农业面源污染与城市化进程正通过增强陆源有机质输入和内源生物量生产

的双重途径，可能持续改变沉积物 DOM 类群分子多样性，也可能因输入有机质的生物可利用性差异而改变沉积物碳库的化学稳定性，进而影响其长期碳埋藏效率[15]。因此，揭示湖泊沉积物 DOM 各类群分子多样性的驱动因素，对于准确评估流域碳汇功能以及实现双碳目标具有重要的科学支撑价值。

4 结论

1）长江、淮河中下游流域湖泊沉积物 DOM 由木质素类（39.63%）和蛋白质类（31.63%）构成主要组分，各类群 α 多样性（分子丰富度）和 β 多样性（Bray-Curtis 不相似度）在类群间差异显著。

2）沉积物 DOM 类群分子多样性与水体理化因子联系较弱，多数类群主要由沉积物理化因素驱动，其中铵态氮、溶解性有机碳尤为关键，体现了沉积环境对 DOM 类群分子多样性的重要调控作用。

3）碳水化合物类等活性较高的类群分子丰富度主要由沉积物铵态氮等因素驱动，单宁类等反应活性较低的类群则受耕地占地面积等土地利用因子影响更大，这表明 DOM 类群分子丰富度受内外源因子差异化调控，提示不同活性类群的环境响应差异可能影响沉积物碳库稳定性。

5 参考文献

[1] Heino J, Alahuhta J, Bini LM *et al*. Lakes in the era of global change: Moving beyond single-lake thinking in maintaining biodiversity and ecosystem services. *Biological Reviews*, 2021, **96**(1): 89-106. DOI: 10.1111/brv.12647.

[2] Xie G, Zhang YB, Wang Q *et al*. Multiple impacts of climate change and anthropogenic activities on lacustrine trophic state. *Global Change Biology*, 2025, **31**(9): e70510. DOI: 10.1111/gcb.70510.

[3] Zhou YQ, Davidson TA, Yao XL *et al*. How autochthonous dissolved organic matter responds to eutrophication and climate warming: Evidence from a cross-continental data analysis and experiments. *Earth-Science Reviews*, 2018, **185**: 928-937. DOI: 10.1016/j.earscirev.2018.08.013.

[4] Chen MS, Ding SM, Chen X *et al*. Mechanisms driving phosphorus release during algal blooms based on hourly changes in iron and phosphorus concentrations in sediments. *Water Research*, 2018, **133**: 153-164. DOI: 10.1016/j.watres.2018.01.040.

[5] Wen SL, Hu A, Dini-Andreote F *et al*. Molecular activity mediates the composition and assembly of dissolved organic matter in lake sediments. *Limnology and Oceanography*, 2025, **70**(5): 1196-1209. DOI: 10.1002/lno.70015.

[6] Xing JF, Zhou YP, He D *et al*. Sediment amplifies organic matter cycling and nutrients feedback in eutrophic lake zones. *Water Research*, 2025, **286**: 124164. DOI: 10.1016/j.watres.2025.124164.

[7] He C, He D, Chen CM *et al*. Application of Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry in molecular characterization ofdissolved organic matter. *Science China Earth Sciences*, 2022, **65**(12): 2219-2236, DOI: 10.1007/s11430-021-9954-0. [何晨, 何丁, 陈春茂等. 傅里叶变换离子回旋共振质谱在溶解性有机质组成分析中的应用. 中国科学: 地球科学, 2022, **52**(12): 2323-2341.]

[8] Kim S, Kramer RW, Hatcher PG. Graphical method for analysis of ultrahigh-resolution broadband mass spectra of natural organic matter, the van Krevelen diagram. *Analytical Chemistry*, 2003, **75**(20): 5336-5344. DOI: 10.1021/ac034415p.

[9] Tanentzap AJ, Fonvielle JA. Chemodiversity in freshwater health. *Science*, 2024, **383**(6690): 1412-1414. DOI: 10.1126/science.adg8658.

[10] Li Y, Heal K, Wang SZ *et al*. Chemodiversity of soil dissolved organic matter and its association with soil microbial communities along a chronosequence of Chinese fir monoculture plantations. *Frontiers in Microbiology*, 2021, **12**: 729344. DOI: 10.3389/fmicb.2021.729344.

[11] Minor EC, Oyler AR. Dissolved organic matter in large lakes: A key but understudied component of the carbon cycle. *Biogeochemistry*, 2023, **164**(1): 295-318. DOI: 10.1007/s10533-020-00733-z.

[12] Chen H, Xing P, Kao S *et al*. Macrophyte restoration promotes lake microbial carbon pump to enhance aquatic carbon sequestration. *Global Change Biology*, 2025, **31**(2): e70086. DOI: 10.1111/gcb.70086.

[13] Stegen JC, Johnson T, Fredrickson JK *et al*. Influences of organic carbon speciation on hyporheic corridor biogeochemistry and microbial ecology. *Nature Communications*, 2018, **9**: 585. DOI: 10.1038/s41467-018-02922-9.

[14] Nebbioso A, Piccolo A. Molecular characterization of dissolved organic matter (DOM): A critical review. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 2013, **405**(1): 109-124. DOI: 10.1007/s00216-012-6363-2.

[15] Cui YF, Wen SL, Stegen JC *et al*. Chemodiversity of riverine dissolved organic matter: Effects of local environments and watershed characteristics. *Water Research*, 2024, **250**: 121054. DOI: 10.1016/j.watres.2023.121054.

[16] Zhou YQ, Zhou L, Zhang YL *et al*. Unraveling the role of anthropogenic and natural drivers in shaping the molecular composition and biolability of dissolved organic matter in non-pristine lakes. *Environmental Science & Technology*, 2022, **56**(7): 4655-4664. DOI: 10.1021/acs.est.1c08003.

[17] Guo BX, Liu YQ, Wang JJ *et al*. Environmental and microbial factors shape dissolved organic matter across multiple ecosystems. *Communications Earth & Environment*, 2025, **6**: 917. DOI: 10.1038/s43247-025-02848-3.

[18] Kellerman AM, Dittmar T, Kothawala DN *et al*. Chemodiversity of dissolved organic matter in lakes driven by climate and hydrology. *Nature Communications*, 2014, **5**: 3804. DOI: 10.1038/ncomms4804.

[19] Liu D, Du YX, Yu SJ *et al*. Human activities determine quantity and composition of dissolved organic matter in lakes along the Yangtze River. *Water Research*, 2020, **168**: 115132. DOI: 10.1016/j.watres.2019.115132.

[20] Guan Q, Feng L, Hou XJ *et al*. Eutrophication changes in fifty large lakes on the Yangtze Plain of China derived from *MERIS* and OLCI observations. *Remote Sensing of Environment*, 2020, **246**: 111890. DOI: 10.1016/j.rse.2020.111890.

[21] Xie C, Huang X, Mu HQ *et al*. Impacts of land-use changes on the lakes across the Yangtze floodplain in China. *Environmental Science & Technology*, 2017, **51**(7): 3669-3677. DOI: 10.1021/acs.est.6b04260.

[22] Zhang H, Shan BQ. Historical distribution and partitioning of phosphorus in sediments in an agricultural watershed in the Yangtze-Huaihe region, China. *Environmental Science & Technology*, 2008, **42**(7): 2328-2333. DOI: 10.1021/es0720208.

[23] Geng MD, Zhang WZ, Hu T *et al*. Eutrophication causes microbial community homogenization *via* modulating generalist species. *Water Research*, 2022, **210**: 118003. DOI: 10.1016/j.watres.2021.118003.

[24] 国家环境保护总局《水和废水监测分析方法》编委会. 水和废水监测分析方法. 4 版. 北京：中国环境科学出版社，2002.

[25] 袁海军, 胡盎, 刘金福等. 沉积物中溶解性有机质的提取..

[26] Hu A, Jang KS, Tanentzap AJ *et al*. Thermal responses of dissolved organic matter under global change. *Nature Communications*, 2024, **15**: 576. DOI: 10.1038/s41467-024-44813-2.

[27] Tolić N, Liu YN, Liyu A *et al*. Formularity: Software for automated formula assignment of natural and other organic matter from ultrahigh-resolution mass spectra. *Analytical Chemistry*, 2017, **89**(23): 12659-12665. DOI: 10.1021/acs.analchem.7b03318.

[28] Stubbins A, Spencer RGM, Chen HM *et al*. Illuminated darkness: Molecular signatures of Congo River dissolved organic matter and its photochemical alteration as revealed by ultrahigh precision mass spectrometry. *Limnology and Oceanography*, 2010, **55**(4): 1467-1477. DOI: 10.4319/lo.2010.55.4.1467.

[29] Hu A, Choi M, Tanentzap AJ *et al*. Ecological networks of dissolved organic matter and microorganisms under global change. *Nature Communications*, 2022, **13**: 3600. DOI: 10.1038/s41467-022-31251-1.

[30] He C, Zhang YH, Li YY *et al*. In-house standard method for molecular characterization of dissolved organic matter by FT-ICR mass spectrometry. *ACS Omega*, 2020, **5**(20): 11730-11736. DOI: 10.1021/acsomega.0c01055.

[31] Fick SE, Hijmans RJ. WorldClim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 2017, **37**(12): 4302-4315. DOI: 10.1002/joc.5086.

[32] Yang J, Huang X. The 30 m annual land cover dataset and its dynamics in China from 1990 to 2019. *Earth System Science Data*, 2021, **13**(8): 3907-3925. DOI: 10.5194/essd-13-3907-2021.

[33] Mu HW, Li XC, Wen YN *et al*. A global record of annual terrestrial Human Footprint dataset from 2000 to 2018. *Scientific Data*, 2022, **9**: 176. DOI: 10.1038/s41597-022-01284-8.

[34] Zhang YL, Zhou YQ, Shi K *et al*. Optical properties and composition changes in chromophoric dissolved organic matter along trophic gradients: Implications for monitoring and assessing lake eutrophication. *Water Research*, 2018, **131**: 255-263. DOI: 10.1016/j.watres.2017.12.051.

[35] Carlson RE. A trophic state index for lakes. *Limnology and Oceanography*, 1977, **22**(2): 361-369. DOI: 10.4319/lo.1977.22.2.0361.

[36] Ni ZK, Xiao MQ, Luo J *et al*. Molecular insights into water-extractable organic phosphorus from lake sediment and its environmental implications. *Chemical Engineering Journal*, 2021, **416**: 129004. DOI: 10.1016/j.cej.2021.129004.

[37] Zhang WY, Wang YF, Fang FT *et al*. Characterization of sediment organic matter in the outer Yangtze River Estuary using stable isotopes, optical techniques, and FT-ICR-MS: Implications for the carbon burial mechanism. *Water Research*, 2024, **267**: 122512. DOI: 10.1016/j.watres.2024.122512.

[38] Ning CP, Sun S, Gao Y *et al*. Characterization of natural and anthropogenic dissolved organic matter in the Yangtze River basin using FT-ICR MS. *Water Research*, 2025, **268**: 122636. DOI: 10.1016/j.watres.2024.122636.

[39] Xu HC, Li A. Progress and prospects on the behavior and eco-environmental effect of dissolved organic matter in lakes. *J Lake Sci*, 2026, **38**(1): 29-46.

DOI: 10.18307/2026.0101. [徐华成, 李昂. 湖泊水体溶解有机质行为及生态环境效应研究进展与展望. 湖泊科学, 2026, **38**(1):29-46.]

[40] Jaffé R, Ding Y, Niggemann J *et al*. Global charcoal mobilization from soils *via* dissolution and riverine transport to the oceans. *Science*, 2013, **340**(6130): 345-347. DOI: 10.1126/science.1231476.

[41] Xu HC, Guo LD. Intriguing changes in molecular size and composition of dissolved organic matter induced by microbial degradation and self-assembly. *Water Research*, 2018, **135**: 187-194. DOI: 10.1016/j.watres.2018.02.016.

[42] Huang S, Xia J, Wang YL *et al*. Pollution loads in the middle-lower Yangtze River by coupling water quality models with machine learning. *Water Research*, 2024, **263**: 122191. DOI: 10.1016/j.watres.2024.122191.

[43] Lai XQ, Gao B, Xu DY. Research progress on component characteristics and influencing factors of dissolved organic matter in water bodies of the Yangtze River Basin. *Environmental Science*, 2025, **46**(5): 2719-2731. DOI: 10.13227/j.hjkx.202402128. [赖先强, 高博, 徐东昱. 长江流域水体溶解性有机质组分特征及其影响因素研究进展. 环境科学, 2025, **46**(5): 2719-2731.]

[44] Wen ZD, Shang YX, Song KS *et al*. Composition of dissolved organic matter (DOM) in lakes responds to the trophic state and phytoplankton community succession. *Water Research*, 2022, **224**: 119073. DOI: 10.1016/j.watres.2022.119073.

[45] Scheffer M, Carpenter SR. Catastrophic regime shifts in ecosystems: Linking theory to observation. *Trends in Ecology & Evolution*, 2003, **18**(12): 648-656. DOI: 10.1016/j.tree.2003.09.002.

[46] Goldberg SJ, Nelson CE, Viviani DA *et al*. Cascading influence of inorganic nitrogen sources on DOM production, composition, lability and microbial community structure in the open ocean. *Environmental Microbiology*, 2017, **19**(9): 3450-3464. DOI: 10.1111/1462-2920.13825.

[47] Bao KS, Zhang YF, Zaccone C *et al*. Human impact on C/N/P accumulation in lake sediments from Northeast China during the last 150 years. *Environmental Pollution*, 2021, **271**: 116345. DOI: 10.1016/j.envpol.2020.116345.

[48] Li SD, Fang J, Zhu XS *et al*. Properties of sediment dissolved organic matter respond to eutrophication and interact with bacterial communities in a plateau lake. *Environmental Pollution*, 2022, **301**: 118996. DOI: 10.1016/j.envpol.2022.118996.

[49] Sreeush MG, Kwon EY, Lee SS *et al*. Anthropogenically driven changes in the carbon to phosphorus ratio of marine dissolved organic matter. *Global Biogeochemical Cycles*, 2024, **38**(6): e2023GB008069. DOI: 10.1029/2023GB008069.

[50] Fan TT, Yao X, Sun ZL *et al*. Properties and metal binding behaviors of sediment dissolved organic matter (SDOM) in lakes with different trophic states along the Yangtze River Basin: A comparison and summary. *Water Research*, 2023, **231**: 119605. DOI: 10.1016/j.watres.2023.119605.

[51] Du YX, Chen FZ, Zhang YL *et al*. Human activity coupled with climate change strengthens the role of lakes as an active pipe of dissolved organic matter. *Earth's Future*, 2023, **11**(9): e2022EF003412. DOI: 10.1029/2022EF003412.

[52] Dadi T, Wendt-Potthoff K, Koschorreck M. Sediment resuspension effects on dissolved organic carbon fluxes and microbial metabolic potentials in reservoirs. *Aquatic Sciences*, 2017, **79**(3): 749-764. DOI: 10.1007/s00027-017-0533-4.

[53] Li YP, Tang CY, Wang JW *et al*. Effect of wave-current interactions on sediment resuspension in large shallow Lake Taihu, China. *Environmental Science and Pollution Research*, 2017, **24**(4): 4029-4039. DOI: 10.1007/s11356-016-8165-0.

[54] Li SL, Zhang H, Yi YB *et al*. Potential impacts of climate and anthropogenic-induced changes on DOM dynamics among the major Chinese rivers. *Geography and Sustainability*, 2023, **4**(4): 329-339. DOI: 10.1016/j.geosus.2023.07.003.

[55] Mamidala HP, Ganguly D, Purvaja R *et al*. Interspecific variations in leaf litter decomposition and nutrient release from tropical mangroves. *Journal of Environmental Management*, 2023, **328**: 116902. DOI: 10.1016/j.jenvman.2022.116902.

[56] Li TT, Yuan Y, Mou ZJ *et al*. Faster accumulation and greater contribution of glomalin to the soil organic carbon pool than amino sugars do under tropical coastal forest restoration. *Global Change Biology*, 2023, **29**(2): 533-546. DOI: 10.1111/gcb.16467.

[57] Qu LY, Dahlgren RA, Gan SC *et al*. Spatial variation of anthropogenic disturbances within watersheds determines dissolved organic matter composition exported to oceans. *Water Research*, 2024, **262**: 122084. DOI: 10.1016/j.watres.2024.122084.

[58] Du ZL, Fu QL, Liu JY *et al*. Molecular humification mechanisms of dissolved organic matter during maize straw composting enhanced by humus soil biomaterial: Paired-molecule mass difference reactomics analysis based on FT-ICR MS. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2025, **73**(34): 21504-21515. DOI: 10.1021/acs.jafc.5c05559.

[59] Kieta KA, Owens PN, Petticrew EL *et al*. Polycyclic aromatic hydrocarbons in terrestrial and aquatic environments following wildfire: A review. *Environmental Reviews*, 2023, **31**(1): 141-167. DOI: 10.1139/er-2022-0055.

[60] Zhang YX, Cheng DD, Song JX *et al*. How does anthropogenic activity influence the spatial distribution of dissolved organic matter in rivers of a typical

basin located in the Loess Plateau, China. *Journal of Environmental Management*, 2023, **340**: 117984. DOI: 10.1016/j.jenvman.2023.117984.

[61] Kim JH, Lee DH, Yoon SH *et al.* Contribution of petroleum-derived organic carbon to sedimentary organic carbon pool in the eastern Yellow Sea (the northwestern Pacific). *Chemosphere*, 2017, **168**: 1389-1399. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2016.11.110.

[62] Song J, Li M, Jiang B *et al.* Molecular Characterization of water-soluble humic like substances in smoke particles emitted from combustion of biomass materials and coal using ultrahigh-resolution electrospray ionization fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(5): 2575-2585. DOI: 10.1021/acs.est.7b06126.

[63] Geng C-X, Cao N, Xu W *et al.* Molecular characterization of organics removed by a covalently bound inorganic–organic hybrid coagulant for advanced treatment of municipal sewage. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(21): 12642-12648. DOI: 10.1021/acs.est.8b03306.