

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第3期

Vol.39 No.3

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

长三角典型站点冬季大气 PM _{2.5} 中 OC、EC 污染特征	康晖, 朱彬, 王红磊, 施双双 (961)
南京北郊能见度变化中二次无机盐消光的重要作用	于超, 于兴娜, 赵天良, 张蕾, 马国煦, 王咏薇 (972)
常州夏冬季 PM _{2.5} 中无机组分昼夜变化特征与来源解析	刘佳澍, 顾远, 马帅帅, 苏亚兰, 叶招莲 (980)
天津市春季道路降尘 PM _{2.5} 和 PM ₁₀ 中的元素特征	王士宝, 姬亚芹, 李树立, 张伟, 张蕾 (990)
北京、新乡夏季大气颗粒物中重金属的粒径分布及人体健康风险评价	张鑫, 赵小曼, 孟雪洁, 王小颖, 杨帅, 许晓鹏, 王书亭, 谷超, 王梦蕾, 任浩, 张子洋, 闫广轩, 曹治国, 王跃思 (997)
山西省武乡县城大气 PM _{2.5} 痕量重金属的生态和健康风险分析	郭墨霞, 耿红, 张晋宏, 周欢, 彭妍, 翟帅莹, 李金磊, 陈雨杉 (1004)
隧道中机动车排放颗粒物及无机元素特征	李凤华, 张衍杰, 张静, 袁远, 吴琳, 毛洪钧 (1014)
河南省 2013 年大气氨排放清单建立及分布特征	王琛, 尹沙沙, 于世杰, 卫军华, 谷幸珂, 官密秘, 张瑞芹 (1023)
城市道路行道树池裸地扬尘排放特征	李贝贝, 秦建平, 祁丽荣, 杨涛, 曲松, 石爱军, 黄玉虎 (1031)
DOC 和 CDPF 对柴油公交车颗粒物组分影响	楼狄明, 耿小雨, 宋博, 谭丕强, 胡志远, 刘继跃 (1040)
南水北调中线工程总干渠河南段原水中消毒副产物前体物变化规律	黄飘逸, 徐斌, 郭东良 (1046)
广州市流溪河水体中 6 种内分泌干扰素时空分布特征与环境风险	樊静静, 王赛, 唐金鹏, 戴玉女, 王林, 龙胜兴, 何文祥, 刘帅磊, 王佳希, 杨扬 (1053)
西藏拉萨河流域河水主要离子化学特征及来源	张清华, 孙平安, 何师意, 文化, 刘明隆, 于爽 (1065)
太子河下游河流硝酸盐来源及其迁移转化过程	李艳利, 杨梓睿, 尹希杰, 孙伟 (1076)
海南岛北部海湾沉积物重金属来源、分布主控因素及生态风险评价	曾维特, 杨永鹏, 张东强, 刘兵, 张航飞, 吴多誉, 王晓林 (1085)
天津农田重金属污染特征分析及降雨沥浸影响	许萌萌, 刘爱凤, 师荣光, 蓝靖, 田永, 赵宗山 (1095)
太湖出入湖河道与湖体水质季节差异分析	查慧铭, 朱梦圆, 朱广伟, 杨周生, 许海, 沈睿杰, 钟春妮 (1102)
春季敏感时期三峡水库典型支流沉积物-水界面氮释放特性	李欣, 宋林旭, 纪道斌, 刘德富, 苏青青, 吕林鹏, 王雄, 黄亚男, 吴庆 (1113)
不同湖泊入湖河流沉积物可转化态氮的空间分布及其影响因素	周睿, 袁旭音, Marip Ja Bawk, 于辉辉, 章琪, 唐豆豆 (1122)
水文气象因素对东南山区水库硅藻异常增殖的影响	孙祥, 朱广伟, 笪文怡, 余茂蕾, 杨文斌, 朱梦圆, 许海, 国超旋, 余丽 (1129)
深水型水库热分层诱导水质及真菌种群结构垂向演替	商潘路, 陈胜男, 黄廷林, 张海涵, 康鹏亮, 王跃, 钊珍芳, 刘彤彤 (1141)
太湖竺山湾春季浮游细菌群落结构及影响因素	薛银刚, 刘菲, 孙萌, 江晓栋, 耿金菊, 滕加泉, 谢文理, 张皓, 陈心一 (1151)
分层型水源水库沉积物需氧量特性	苏露, 黄廷林, 李楠, 张海涵, 文刚, 李扬, 陈家炜, 王晓江 (1159)
污水氮浓度和 NH ₄ ⁺ /NO ₃ ⁻ 比对粉绿狐尾藻去氮能力和植物体氮组分的影响	马永飞, 杨小珍, 赵小虎, 胡承孝, 谭启玲, 孙学成, 吴金水 (1167)
水体氮磷营养负荷对苦草净化能力和光合荧光特性的影响	周裔文, 许晓光, 韩睿明, 周晓红, 冯德友, 李致春, 王国祥 (1180)
化学预氧化耦合生物锰氧化对水中有机物的去除	菅之奥, 常洋洋, 王立新, 梁金松, 柏耀辉 (1188)
铜铁氧体法处理模拟染料废水	韩志勇, 韩昆, 郝昊天, 于建伟, 石宝友, 庄媛, 孔岩 (1195)
草酸根对 α-FeOOH 多相 UV-Fenton 催化能力的增效实验	苗笑增, 戴慧旺, 陈建新, 蒋柏泉, 龚炯 (1202)
生物质基纳米 HZO 杂化材料的研制及其除磷特性	邱慧, 秦智峰, 刘凤玲, 梁晨, 宋明霞, 许正文, 管益东 (1212)
铁锰氧化物/生物炭复合材料对水中硝酸根的吸附特性	郑晓青, 韦安磊, 张一璇, 史良干, 张潇 (1220)
PAAm/HACC 半互穿网络水凝胶的制备及其对水中腐殖酸的吸附性能	刘泽琨, 周少奇, 马福臻 (1233)
二氧化钛对地下水砷的吸附及再生回用	马文静, 阎莉, 张建锋 (1241)
一体式絮体-超滤工艺去除腐殖酸效能与机制	李文江, 于莉芳, 苗瑞, 马百文 (1248)
中国城镇污水处理厂温室气体排放时空分布特征	闫旭, 邱德志, 郭东丽, 齐星昊, 郑仕侃, 程轲, 孙剑辉, 刘建伟 (1256)
硝化耦合 CANON 的铁锰氮生物净化工艺启动与运行	李冬, 曹瑞华, 杨航, 王艳菊, 吕赛赛, 张杰 (1264)
纤维载体的生物膜 CANON 反应器的启动特性	顾澄伟, 陈方敏, 李祥, 黄勇, 尤星怡, 金润, 张文静, 董石语 (1272)
DO/NH ₄ ⁺ -N 实现短程硝化过程中生物膜特性	赵青, 卞伟, 李军, 王文啸, 孙艺齐, 梁东博, 张舒燕 (1278)
AUSB 中置曝气对 CANON 颗粒污泥工艺的影响	成朔, 李冬, 张杰, 李帅, 曹瑞华, 吕赛赛 (1286)
有机碳源对启动及运行 CANON 颗粒污泥工艺的影响	李冬, 王艳菊, 吕育锋, 曹瑞华, 李帅, 张杰 (1294)
中试一体式部分亚硝化-厌氧氨氧化反应器的启动与区域特性	周正, 王凡, 林兴, 董石语, 朱强, 李祥, 黄勇 (1301)
硝化液回流比对 ABR-MBR 工艺反硝化除磷效能的影响	吕亮, 尤雯, 张敏, 吴鹏, 沈耀良 (1309)
磁性纳米铁对厌氧颗粒污泥特性及其微生物群落的影响	宿程远, 郑鹏, 卢宇翔, 袁秋红, 赵力剑, 廖黎明, 黄智 (1316)
好氧颗粒污泥系统中溶解性微生物代谢产物的特征及主要组分	杨丹, 刘东方, 杜丽琼, 黄文力 (1325)
环丙沙星对膜生物反应器中微生物群落及抗性基因的影响	戴琦, 刘锐, 梁玉婷, 舒小铭, 徐灿灿, 陈吕军 (1333)
CEM-UF 组合膜-硝化/反硝化系统处理低 C/N 废水及种群结构分析	邢金良, 张岩, 陈昌明, 张博康, 郭威, 马翔山 (1342)
磷对混养反硝化污泥活性和微生物群落结构的影响	王佩琦, 周伟丽, 何圣兵, 黄荣振 (1350)
甲烷厌氧氧化协同硝酸盐还原菌群驯化及其群落特征	薛松, 张梦竹, 李琳, 刘俊新 (1357)
城市尾水排海过程中微生物及主要致病菌扩散规律	徐爱玲, 牛成洁, 宋志文, 郎秀臻, 郭明月 (1365)
氧四环素的微生物燃料电池处理及微生物群落	严伟富, 肖勇, 王淑华, 丁蕊, 赵峰 (1379)
近 30 年余干县耕地土壤碳氮比时空变异特征及其影响因素	江叶枫, 钟珊, 李婕, 王澜珂, 卞荣禧 (1386)
中宁枸杞土壤碳组分分布特征及其空间异质性	王幼奇, 赵云鹏, 白一茹, 张兴 (1396)
滨海滩涂围垦区不同围垦年限土壤酶活性变化及其与理化性质关系	解雪峰, 濮励杰, 王琪琪, 朱明, 王小涵 (1404)
青藏高原中东部表层土壤中多环芳烃的分布特征、来源及生态风险评价	周雯雯, 李军, 胡健, 李兆洲 (1413)
基于 UNMIX 模型的矿区周边农田土壤金属源解析	卢鑫, 胡文友, 黄标, 李元, 祖艳群, 湛方栋, 卞荣禧 (1421)
铁锰双金属材料在不同 pH 条件下对土壤 As 和重金属的稳定化作用	费群, 阎秀兰, 李永华 (1430)
我国 3 个城市人体血清中新型溴代阻燃剂水平趋势及分布特征	王庆华, 袁浩东, 金军, 李鹏, 马玉龙, 王英 (1438)
《环境科学》征订启事 (979) 《环境科学》征稿简则 (996) 信息 (1022, 1064, 1293)	

深水型水库热分层诱导水质及真菌种群结构垂向演替

商潘路, 陈胜男*, 黄廷林*, 张海涵, 康鹏亮, 王跃, 钊珍芳, 刘彤彤

(西安建筑科技大学环境与市政工程学院, 西安 710055)

摘要: 水体真菌种群在调控水库生态系统健康过程中发挥重要作用, 为探明热分层诱导深水型水库水体真菌种群结构垂向演替特征, 采集金盆水库主库区 0.5、10、25、40、60 和 70 m 水深水样, 分析水质参数、并运用高通量 DNA 测序技术诊断水库水体真菌种群结构垂向异质性. 结果表明, 金盆水库表层水温最高为 22.33℃, 底层最低为 7.21℃ ($P < 0.05$). 水体溶解氧(DO)随水深增加显著降低($P < 0.05$), 电导率、总磷(TP)和铁含量随着水深增加显著升高($P < 0.05$), 垂向形成稳定的变温层、斜温层和等温层结构. 水体真菌种群高通量 DNA 测序共发现 1 247 个 OTUs, 隶属 4 门 14 纲 39 属, 主要包括接合菌门(Zygomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、子囊菌门(Ascomycota)和壶菌门(Chytridiomycota). 等温层水体真菌种群 Shannon 指数和 Chao 1 多样性指数最高, 分别为 3.45 和 360, 显著高于斜温层水体($P < 0.05$). 红酵母属(*Rhodotorula*, 27.23%)、链格孢属(*Alternaria*, 24.28%)、分子孢子菌属(*Cladosporium*, 22.98%)、链格孢属(*Alternaria*, 32.00%)、亚隔孢壳属(*Didymella*, 17.47%)和分子孢子菌属(*Cladosporium*, 28.17%)分别是 0.5、10、25、40、60、70 m 的优势菌属, 不同水深均存在大量未知真菌(Unclassified). 热图(heat map)结果表明, 热分层期间金盆水库水体真菌种群结构垂向分布差异显著、不同水层具有不同的真菌种群结构. 主成分分析(PCA)表明水温、DO、TP、电导率是调控水体真菌种群结构垂向异质性的主要水质因子. 该研究结果为水源水库热分层期间水质与真菌群落的偶联机制提供科学依据.

关键词: 深水型水库; 热分层; 真菌种群; 高通量测序

中图分类号: X172; X524 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)03-1141-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.201706291

Vertical Distribution of Fungal Community Composition and Water Quality During the Deep Reservoir Thermal Stratification

SHANG Pan-lu, CHEN Sheng-nan*, HUANG Ting-lin*, ZHANG Hai-han, KANG Peng-liang, WANG Yue, ZHAO Zhen-fang, LIU Tong-tong

(School of Environmental and Municipal Engineering, Xi'an University of Architecture and Technology, Xi'an 710055, China)

Abstract: Freshwater fungal community composition plays pivotal roles in sustaining the function and health of drinking water reservoir ecosystems. To investigate the vertical evaluative characteristics of an aquatic fungal community under conditions of stable thermal stratification, water samples were collected at 0.5, 10, 25, 40, 60 and 70 m depths of Jinpen Reservoir during thermal stratification. Fungal community composition was determined using a high-throughput DNA sequencing technique and combined with water quality parameters. The results showed that the epilimnion, metalimnion, and hypolimnion water layers were formed in Jinpen Reservoir. The temperature decreased steadily from the surface at 22.33℃ to the bottom with 7.21℃ ($P < 0.05$). The dissolved oxygen (DO) concentration decreased significantly from the surface to the bottom ($P < 0.05$). The conductivity and the concentration total phosphorus and iron increased significantly from the surface to the bottom ($P < 0.05$). The high-throughput DNA sequencing revealed a total of 1 247 operational taxonomic units (OTUs), which were affiliated with four phylum, 14 classes, and 39 genera, including Zygomycota, Basidiomycota, Ascomycota, and Chytridiomycota. The highest Shannon diversity and Chao 1 were 3.45 and 360 at 60 m, respectively. The Shannon diversity and Chao 1 were significantly higher in the hypolimnion than in the metalimnion ($P < 0.05$). *Rhodotorula* (27.23%), *Alternaria* (24.28%), *Cladosporium* (22.98%), *Alternaria* (32.00%), *Didymella* (17.47%), and *Cladosporium* (28.17%) were the dominant species at 0.5 m, 10 m, 25 m, 40 m, 60 m, and 70 m, respectively. There are a number of unclassified fungi at different water depths. The heat map profile indicated significant differences in the vertical distribution of the fungal community composition in Jinpen Reservoir. A principle component analysis (PCA) indicated that water temperature, DO, TP, and conductivity had dramatic influences on the vertical distribution of the fungal community composition. The results provide new insights on the relationship between water quality and fungal community composition during reservoir thermal stratified periods.

Key words: deep reservoir; thermal stratification; fungal community; high-throughput sequencing

真菌种群结构在维持水体生态系统的正常运行中扮演着重要的角色^[1, 2]. 真菌通过代谢途径分解水体中纤维素和木质素含量高的有机质, 并被水生动物取食进入食物链, 有时也可以分解一些动物组织, 是食物链中的重要一环^[3, 4]. 水生真菌分解有

收稿日期: 2017-06-30; 修订日期: 2017-08-26

基金项目: 国家自然科学基金项目(51408466, 51478378); 国家重点研发计划项目(2016YFC0400706)

作者简介: 商潘路(1992~), 男, 硕士, 主要研究方向为水库功能微生物, E-mail: shangpanlu319@163.com

* 通信作者, E-mail: chenshengnan@xauat.edu.cn; huangtinglin@xauat.edu.cn

机物引起营养物质迁移,协同原生动物利用营养物质、促进水体物质能量流动,使微生物种群通过多种物质新陈代谢和能量转换的途径调节水体水质^[5,6]。水体真菌种群结构在维持淡水生态系统平衡起着重要的作用,水生真菌作为一个几乎未被开发的自然资源宝库,潜藏着巨大的研究及利用价值,尤其是水生真菌种类繁多的代谢产物越来越受到研究者的重视。水生真菌还能在多种基质上生长,引起水生植物和动物出现疾病。有些水生真菌还是水生植物的内生菌。大量文献集中研究了水库^[5,7,8]和湖泊^[9~11]沉积物中细菌和真菌种群。对于具有一定深度的湖库水体,由于水体的季节性热分层,每年都会进行混合状态与分层状态的周期性演替^[6]。这种独特的物理性热分层条件,也使得微生物种群结构与其他水生环境差异显著。目前为止,关于分层型水库水体真菌群落在热分层演化过程中的自然演替特征研究较少,并且多以单一真菌种群的描述为主,尚未有关于水体真菌群落功能多样性、群落结构组成以及参与生物地球化学循环情况的系统研究。

热分层对湖库生态系统的营养物质循环和新陈代谢方面起到重要的调控作用^[12]。在季节性物理热分层状态下,水体一般沿水深从上向下依次划分为变温层、斜温层(温跃层)和等温层^[13]。大量研究表明,热分层能够调控垂向水质变化和藻类种群丰富度的分布^[11]。另外,BIOLOG 技术被运用在细菌群落功能多样性对于水体热分层变化所产生的响应研究中,结果表明不同水层的细菌种群代谢功能存在显著差异。热分层能显著地影响水库水体微生物群落碳源代谢活性的垂向演替^[8,14]。然而,为了深入揭示深水型水源水库的功能微生物种群,需要进一步研究垂向水体的真菌种群结构。

随着分子生物技术的发展,高通量 DNA 测序技术为水环境微生物种群结构研究提供了新方法。其中,Illumina MiSeq 高通量测序技术和多元统计分析被广泛地应用在土壤^[15]、沉积物^[16,17]和湿地^[18]细菌种群和真菌群落的研究中。Yu 等^[19]研究了亚热带深水型水库热分层对细菌种群结构的影响,结果表明变温层和等温层的水质物化性质和细菌种群方面有明显的差异。张雅洁等^[20]利用高通量 DNA 测序技术研究了北京市北海公园景观湖水体细菌种群结构与水质的关系,认为水温是影响北海湖微生物群落结构的最主要环境因子。课题组前期利用 Illumina MiSeq 高通量 DNA 测序技术研究了

金盆水库热分层期间水体细菌种群结构多样性垂向演替特征,结果表明金盆水库热分层期间细菌种群垂向分布差异显著,水体溶解氧、电导率、硝态氮和总氮是驱动细菌种群垂向演替的主要水质因子^[21]。然而,纵览国内外研究进展,有关热分层诱导水源水库真菌种群垂向迁移的研究却鲜见报道。

本文通过高通量测序技术,以深水型水源水库金盆水库为研究对象,在对水库水质监测基础上,分析了热分层对水体真菌群落所产生的影响;其次以热分层为切入点,分析金盆水库在热分层演化过程中水体真菌群落的演变特征。具体研究内容为:基于金盆水库热分层演化过程中水体环境的演变,比较真菌群落在水体分层状态下上下水体之间的差异;分析真菌群落在长期分层状态下的演变特征;调查真菌种群结构与水体环境因子之间的偶联关系,以期为探明深水型水源水库水体微生物群落结构对物理性热分层的响应提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究样地概况

金盆水库坐落于陕西省西安市周至县(107°43'~108°24'E、34°42'~34°01'N),属深水型峡谷型水库,夏季和秋季处于分层状态,冬季上下水体混合^[13]。金盆水库作为西安市主要供水水源,库区面积 4.55 km²,总容积 2.0×10⁸ m³,每年向西安市提供生活饮用原水 3.0×10⁸ m³,日平均供水量为 7.8×10⁵ m³。金盆水库全年最大水深 94 m,最低水位 44 m,平均水深 60 m,水位波动较大^[6,13,22]。课题组前期研究表明,金盆水库热分层现象出现在每年的 8~11 月^[13,22]。因此本研究选取稳定分层期(2016 年 9 月 16 日),采集垂向水体进行水质和真菌结构垂向分布解析。在金盆水库主库区设置 3 个典型采样点,分别为采样点 A(34°02'49"N、108°12'17"E)、B(34°02'46"N、108°12'20"E)和 C(34°02'8"N、108°11'34"E),水样采自变温层(0.5 m、10 m)、斜温层(25 m、40 m)、等温层(60、70 m)水深,采用直立式有机玻璃取样器,每个水深采 2 L 水样,并立即送往实验室进行分析^[6,13,22,23]。

1.2 水质指标测定

水体样品的温度、溶解氧(DO)、pH、电导率、氧化还原电位(ORP)及叶绿素 a(Chl-a)用 HydroLab DS5 型(HACH, USA)多参数水质分析仪进行水库水体原位测定^[13,22],每个样点,分别在水深 0.5、10、25、40、60、70 m 进行测定。根据文献

[24]总氮(TN)、总磷(TP)、硝氮(NO_3^- -N)、氨氮(NH_4^+ -N)、高锰酸盐指数采用紫外-可见分光光度计(UVmini-1240,日本岛津)进行测定,铁(Fe)和锰(Mn)采用原子吸收法测定,数据为3次平均值($n=3$).

1.3 水体真菌群落结构分析

1.3.1 水体微生物总 DNA 提取

分别取1 L的水样经0.22 μm 醋酸纤维滤膜过滤,采用水体DNA提取试剂盒(Omega, USA)提取水体微生物总DNA,按照说明书的提取步骤进行.利用1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的DNA检测,分析DNA的完整性和相对浓度(Nano Drop 2000, USA), -20°C 保存待用^[21].

1.3.2 水体真菌种群结构高通量测序

本研究中使用Illumina MiSeq高通量DNA测序技术诊断热分层期间金盆水库垂向水体真菌种群组成.采用真菌通用引物(ITS1F-ITS2R)对内部转录间隔区(ITS)进行PCR扩增(C-1000, Bio-Rad, USA).PCR扩增体系为50 μL 体系:2.0 μL 脱氧核苷($2.5\text{ mmg}\cdot\text{L}^{-1}$),1 μL 引物($1\text{ }\mu\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$),0.4 μL 高保真DNA聚合酶(TaKaRa),4 μL 的5倍FastPfu Buffer, DNA模板(10 ng),预混液25 μL 、超纯水(Millipore)补足体系.PCR扩增程序包括:94 $^\circ\text{C}$ 预变性2 min;94 $^\circ\text{C}$ 变性45 s,57 $^\circ\text{C}$ 退火30 s,72 $^\circ\text{C}$ 延伸30 s,28个循环;72 $^\circ\text{C}$ 延伸5 min.每个样本重复3次($n=3$),将同一样品的PCR产物混合后用2%琼脂糖凝胶电泳(Bio-Rad, USA)检测,使用DNA凝胶回收试剂盒(Aaygen公司)切胶回收PCR产物,Tris-HCl洗脱、1%琼脂糖凝胶电泳检测.参照电泳初步定量结果,将PCR产物用蓝色荧光定量系统(Promega, USA)进行定量,之后按照每个样品的测序量要求,进行相应比例的混合进行测序.高通量DNA测序在上海凌恩生物科技有限公司进行.

1.4 数据分析

垂向水体水质指标统计分析采用单因素方差分析(One way-ANOVA)进行(Tukey's HSD 检验, SPSS16.0).高通量DNA测序序列首先根据OTU得到所有样品的有效序列,然后对得到的读子(reads)质量用Fast QC软件进行质控过滤^[25],接着根据读子(reads)之间的重叠关系,将成对的reads拼接成一条序列,最后按照OTU(operational taxonomic units)和引物序列拆分得到每个样本的优质序列,并在过程中根据正反OTU和引物方向校

正序列方向以及用Search软件去除嵌合体.测序所得的优质序列通过QIIME(<http://qiime.org/tutorials/index.html>)进行处理,区分样本后进行OTU聚类分析和物种分类学分析.基于OTU聚类分析结果,可以对OTU进行真菌多样性指数(Shannon、Simpson、Chao1和ACE指数)分析^[20, 21, 26~28].另外,Coverage指样品真菌群落文库的覆盖度,数值越高,说明样本中序列被测出的概率越高,而没有被检测出的概率越低;采用Chao1和ACE指数估计样本中所含OUT数目,在生态学中常用来估计物种总数,数值越高说明物种总数越多;真菌群落多样性Shannon和Simpson表示:Shannon值越小,群落多样性越低,而Simpson值越小,群落多样性越高.运用分类学信息,可以在各个分类水平上进行真菌群落结构的统计分析.采用R软件(Version 2.1.1)建立维恩(Venn)图,可用于统计多个样品中所共有和独有的OTU数目,可以比较直观地表明检测样品的OTU数目组成相似性及重叠情况^[29].采用R软件(Version 2.1.1)建立柱状图,可以观测样本在纲水平上的真菌群落结构,将多个样品的真菌群落结构分析放在一起对比时,还可以观测其变化情况^[30, 31].利用R软件(Version 2.1.1)构建真菌属水平上的热图(heat map),用颜色变化来反映二维矩阵的数据信息,通过颜色梯度反映不同样本在属水平上群落组成的相似性和差异性^[32].采用主成分分析(principal component analysis, PCA)方法,运用CANOCO(Version 4.5)软件解析水体真菌群落与水质之间的关系.在主轴PC1和主轴PC2构成的平面中,箭头表示水质因子,向量长短代表着相应水质指标在主轴中的作用,箭头位于的象限表示水质因子与轴间相关性的正负,并采用蒙特卡洛置换检验(Monte Carlo permutation)统计水质与真菌群落的相关性^[17, 33].

2 结果与讨论

2.1 热分层对水库水质垂向分布影响

金盆水库为典型深水型水源水库,形成稳定的变温层、斜温层和等温层结构^[22, 34].水质参数在变温层(0.5 m和10 m)和等温层(60 m和70 m)产生了明显的垂向变化,水温 and pH在变温层最高,水温从表层水体温度22.33 $^\circ\text{C}$ 逐渐降到底层水体温度7.21 $^\circ\text{C}$,变温层水体温度达到了21.98 $^\circ\text{C} \pm 0.54^\circ\text{C}$,在等温层水温降低到8.22 $^\circ\text{C} \pm 1.18^\circ\text{C}$,等温层水体

温度显著低于变温层($P < 0.05$). 水体 pH 为 8.18, 沿垂向方向逐渐降低(图 1). 溶解氧浓度在变温层达到最大($7.56 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \pm 0.75 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$), 在 60 m 水深处显著降低($P < 0.05$), 底部(70 m)为厌氧状态. 电导率在斜温层 25 m 处显著降低, 随着水深增加显著升高, 最大值出现在 60 m 水深处. 叶绿素 a 最大值出现在 0.5 m 处, 最小值出现在水深 60 m ($P < 0.05$). 在营养盐含量方面, 热分层期间垂向

上差异显著. 总氮、硝氮、氨氮以及总磷含量在变温层显著低于等温层, 总氮含量变化范围为 $1.230 \sim 1.520 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 硝氮含量变化范围为 $1.000 \sim 1.237 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 氨氮变化范围为 $0.113 \sim 0.244 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 总磷变化范围为 $0.018 \sim 0.036 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. 研究发现热分层期间总铁和总锰最高浓度出现在等温层, 总铁浓度变化范围为 $0.090 \sim 0.230 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 总锰浓度变化范围为 $0.020 \sim 0.050 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. 研究

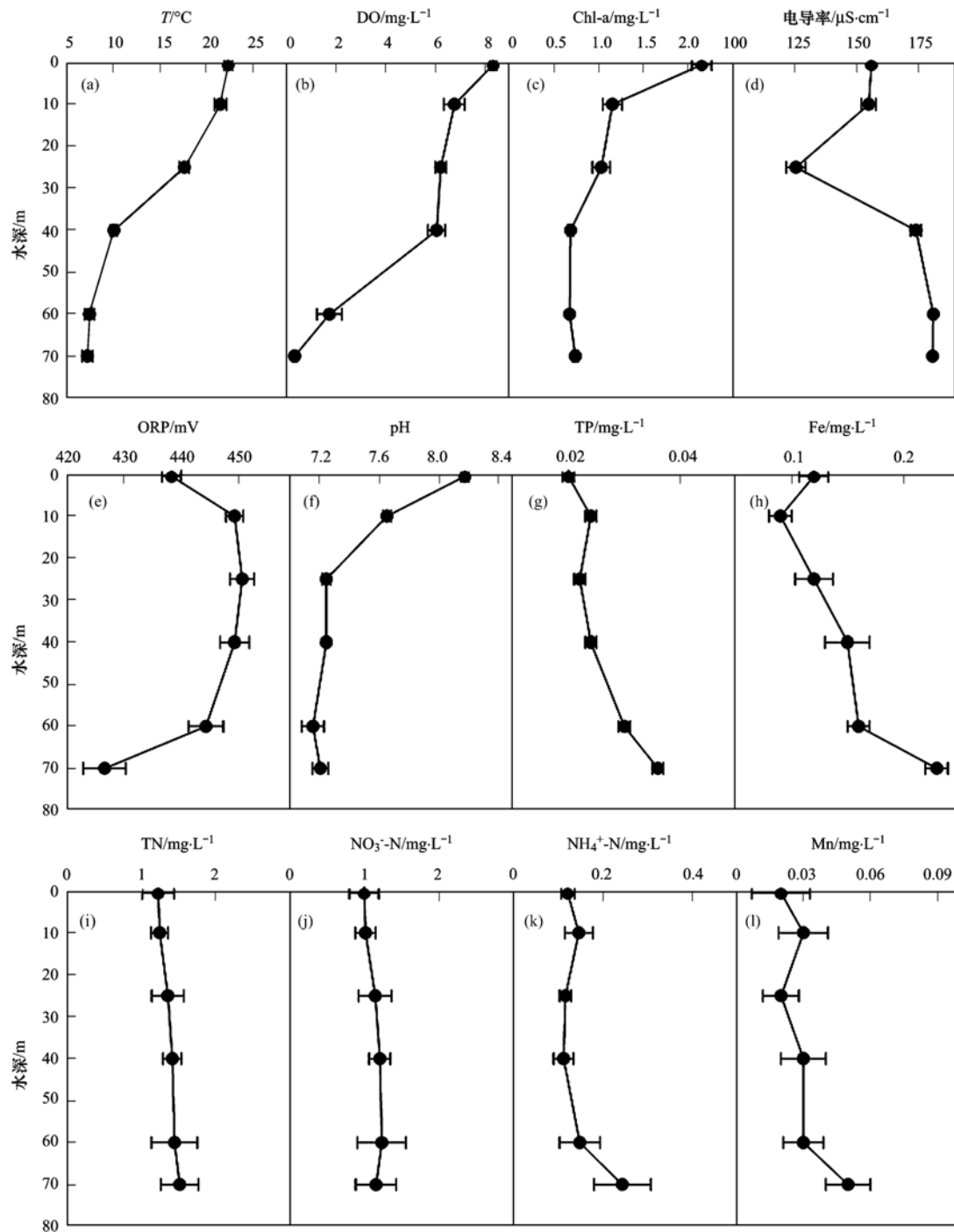


图 1 热分层期水库水质指标垂向演替特征

Fig. 1 Vertical changes in water quality parameters of the JINPEN drinking water reservoir during thermal stratification

结果表明金盆水库热分层对水质参数有显著影响，这也印证了金盆水库热分层期间温度梯度的存在是直接促进斜温层形成的主导因素，由于斜温层的稳定存在阻碍了上下水层间溶解氧和化学元素的交换，在等温层缺氧/厌氧条件下导致了沉积物中营养元素的加速释放，使得底部浓度升高。同时，由于沉积污染物内源释放加剧，导致底层水体的电导率升高。这和曾明正等^[35]的研究发现，周村水库热分层期间水温、DO、pH 和 Chl-a 在等温层是低于变温层的理论相符。马越等^[22]的研究也发现金盆水库热分层期间不同水层的总氮、硝氮和氨氮浓度差异显著，pH 沿垂向方向呈降低趋势。水体总铁浓度最高出现在等温层区域，可能是由于厌氧诱导表层沉积物中铁释放至上覆水体。Yang 等^[36]的研究表明在金盆水库水体分层状态下，水质参数垂向梯度变化显著，这与本研究结果一致。

2.2 热分层期间垂向水质真菌群落多样性分析

通过 Rank-abundance 曲线^[37]考察 6 个水深水体中真菌的物种丰度和物种均匀度(图 2)。构建方法是统计单一样品中，每一个 OTU 所含有的序列数，将 OTUs 按丰度(所包含的序列条数)由大到小等级排序，再以 OTU 等级为横坐标，以每个 OTU 中所含的序列数(也可用 OTU 中序列数的相对百分含量)为纵坐标做图。真菌的物种丰度和物种均匀度可以用 Rank-abundance 曲线来解释。横轴方向，曲线的宽度表明菌种的丰度，菌种的丰度越高，曲线在横轴上的数值越大；样品中菌种的均度由曲线的形状(平滑程度)来反映，曲线越平缓，菌种分布越均匀。根据 Illumina MiSeq 高通量测序结果，由图 2 可见，水深 60 m 的真菌种群丰富度最大，水深 0.5 m 的真菌菌种群丰富度最小；水深 0.5 m 的

Rank-abundance 最陡峭，表示物种均度变化不均匀；水深 60 m 的物种均度较均匀。

图 3 分析可见，在 97% 相似度水平下，水深 60 m 的 OTU 数最高，为 347，而水深 0.5 m 的 OTU 数最低，为 260。6 个不同水深点共有 123 个相同的 OTU 样本，占总数的 14.59%。金盆水库的真菌种群 OTU 数普遍低于细菌种群 OTU 数^[21]。由表 1 分析可见，不同水深之间真菌群落在多样性和丰富度上均有差异，6 个水深点真菌群落的覆盖度均达到 99%，说明真菌测序深度已经达到较高水平，数据可信度高。从 6 个水深样点平均长度为 435bp 的序列中总共检测出 211 804 条高质量的序列数。另外，在变温层、斜温层、等温层分别有 72 755、68 108 和 70 941 条序列数，每层平均序列数分别为 36 377、19 054 和 35 470。由 ACE 指数可知，水深 60 m 菌群的丰富度较高，ACE 指数为 355，40 m 的 ACE 指数低至 276。Chao1 丰富度指数所表现的趋势和 ACE 指数大致相同。ACE 指数和 Chao1 丰富度指数均高于 OTUs 值，说明在水体中，可能包含更多的未测得序列。通过与洱海^[4]、滇池^[38]水生真菌群落与多样性相比，结果表明本研究水体的丰富度均高于其他两个水体。Shannon 多样性指数在水深 60 m 最高，水深 40 m 最低，Shannon 值越大，说明真菌群落多样性越高。Simpson 指数代表 OTUs 在文库中分布的均匀度，Simpson 指数越高，表示文库中 OTUs 数分布越不均匀。6 个点的 Simpson 指数变化范围为 0.09~0.22，变幅较小，说明不同水深水体间 OTUs 数的分布差异较小。刘晓英^[4]对洱海水生真菌多样性与丰度进行分析，发现 Shannon 指数高于

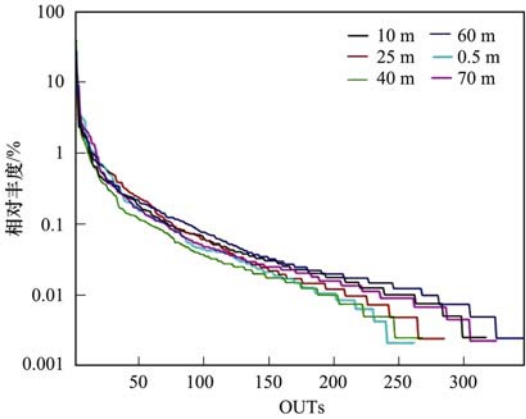


图 2 不同水深水体的真菌群落等级-多度曲线

Fig. 2 Rank-abundance curves of the water fungal community at different water depths

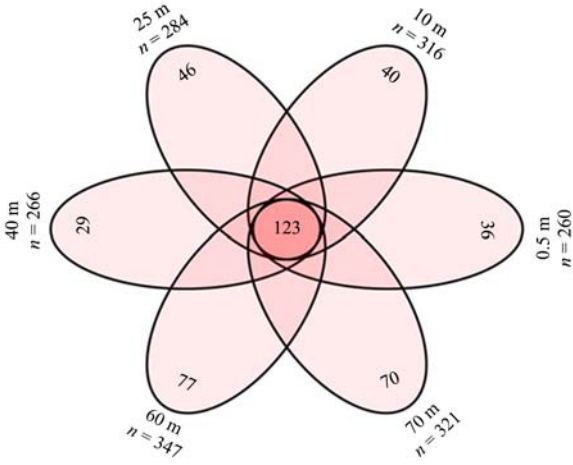


图 3 不同水深水体的真菌群落 OTUs 韦恩图

Fig. 3 Venn diagram of the water fungal community at different water depths

表 1 不同水深水体真菌群落多样性指数分析¹⁾

Table 1 Water fungal community diversity indexes at different water depths

热分层	水深/m	序列数	97% 相似度水平				覆盖度/%
			ACE	Chao1	Shannon 指数	Simpson 指数	
变温层	0.5	39602	271 (265, 284)	282 (268, 320)	3.33 (3.31, 3.34)	0.098 8 (0.096 8, 0.100 8)	99
	10	33153	322 (318, 333)	327 (320, 348)	3.01 (2.99, 3.04)	0.218 1 (0.213 4, 0.222 8)	99
斜温层	25	34477	292 (287, 304)	293 (287, 311)	3.30 (3.28, 3.32)	0.144 7 (0.141 3, 0.148 2)	99
	40	33631	276 (271, 289)	276 (270, 294)	2.66 (2.63, 2.68)	0.217 0 (0.213 0, 0.220 9)	99
等温层	60	33890	355 (351, 367)	360 (352, 383)	3.45 (3.42, 3.47)	0.126 8 (0.123 7, 0.129 9)	99
	70	37051	332 (327, 343)	335 (328, 356)	3.43 (3.41, 3.45)	0.090 3 (0.088 4, 0.092 1)	99

1) 括号中的数值表示各指数的最小值和最大值

本研究水体,可能与研究的生态环境不同有关. 吕德妍^[39]对海浪河下游真菌群落多样性进行研究,表明海浪河水体真菌种群的 Shannon 指数显著低于金盆水库水体. Luo 等^[38]对滇池真菌多样性研究发现 Shannon 指数也低于黑河金盆水库水体,说明本研究的金盆水库水体真菌群落多样性更高,原因可能是由于金盆水库位于秦岭、水库四周植被茂密,土壤真菌种群丰富,暴雨径流冲刷将大量林地土壤真菌携带至水库生态系统. 丰富的水体真菌群落结构将在水库水体自净过程(如有机物生物分解)中发挥重要作用.

2.3 水体真菌群落结构组成解析

由图 4 分析可见,金盆水库水体真菌主要是壶菌门(Chytridiomycota)和未知菌类. 这与太湖不同湖区水体真菌的优势种群是子囊菌门和担子菌门结果不一致^[40, 41],可能的原因是检测中水体自然环境因子不同,或是地理环境位置导致主要真菌优势

种群存在差异. 垂向分布可见,水深 10 m 和水深 25 m 的真菌种群相似度高,6 个水深点的真菌群落分析得出主要属于 4 个门. 6 个水深点的最主要类群均为 Chytridiomycota,此外,水深 60 m 的主要类群是 Ascomycota(18.89%);水深 70 m 的主要类群是 Ascomycota(23.93%);其中水深 10 m 的壶菌门(Chytridiomycota)占比最大为 47.98%. 结果显示,不同水深水体包括大量的未知真菌种类(Fungi unidentified),说明金盆水库生态系统为特殊生境,形成了特殊的真菌种类.

将序列按照彼此的相似性分类为多个单元,一个单元就是一个 OTU. 对于在 97% 相似水平下的 OTU 进行生物信息统计分析. 将 6 个水深点样本,共 1 247 个 OTU 统计到纲类别上形成柱状图(图 5),结果显示这 1 247 个 OTU 主要属于 14 个纲,具体结果如图 5 所示. 水深 0.5 m 水体中的主要类别如下, Dothideomycetes (32.46%)、Microbotryomycetes (24.42%)、Chytridiomycetes (20.36%)、Sordariomycetes(10.43%);水深 10 m 水体中的主要类别如下, Dothideomycetes (46.24%)、Sordariomycetes (15.89%)、Chytridiomycetes (12.71%)、Microbotryomycetes(11.56%);水深 25 m 水体中的主要类别如下, Dothideomycetes (46.51%)、Chytridiomycetes (22.07%)、Cystobasidiomycetes(12.43%);水深 40 m 水体中的主要类别如下, Dothideomycetes (49.92%)、Chytridiomycetes (26.29%)、Sordariomycetes (12.42%);水深 60 m 水体中的主要类别如下, Dothideomycetes (40.80%)、Chytridiomycetes (11.00%);水深 70 m 水体中的主要类别如下,

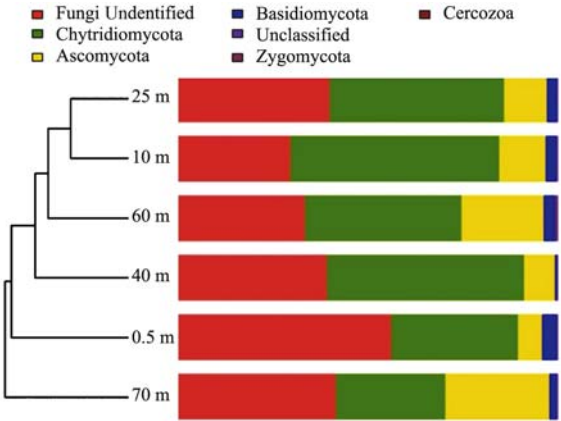


图 4 不同水深水体真菌群落结构聚类分析

Fig. 4 Water fungal community with cluster tree at different water depths

Dothideomycetes (59.69%)、Sordariomycetes (13.94%)。Illumina MiSeq 高通量测序结果表明, 6 个水样点的真菌种类均很丰富, 但优势菌群和多样性存在差异。具体而言, 座囊菌纲 (Dothideomycetes) 是各水深点中最占优势的种类 (超过 32.46% 的比例), 除此之外, 壶菌纲 (Chytridiomycetes, 26.29%) 是水深 40 m 的优势菌种, 微球黑粉菌亚纲 (Microbotryomycetes, 24.42%)

是水深 0.5 m 的优势菌种, 粪壳菌亚纲 (Sordariomycetes, 15.89%) 是水深 10 m 的优势菌种。壶菌纲 (Chytridiomycetes) 在水体中普遍存在^[42]。国内外研究结果表明, 目前尚未有关分层水库真菌群落结构多样性的相关研究, 但是, 水库热分层期间水体细菌种群在不同水深差异显著^[19], 说明热分层能够诱导微生物垂向发生迁移, 从而调控不同水层的水质质量。

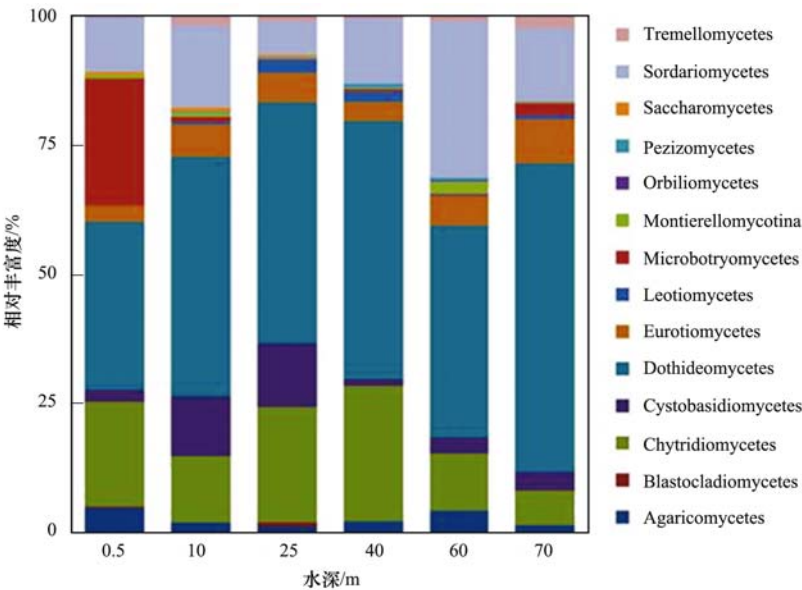


图5 不同水深水体的真菌群落结构组成
Fig. 5 Water fungal community structure at different water depths

为了更好地揭示水库热分层期间水质对水体真菌群落的影响, 采用多元降维统计分析. 热图 (heat map) 和主成分分析 (PCA) 表明, 水库垂向水体真菌群落组成有显著的差异. 热图可以直观地将数据值的大小以定义的颜色深浅反映出来. 常根据需要将数据进行菌种或样品间丰度相似性聚类, 将聚类后数据表示在热图上, 可将高丰度和低丰度的菌种分类聚集, 根据颜色梯度及相似程度来表明多个样品在属水平上群落组成的相似性和差异性. 在属水平上对样品和 OTU 类型进行聚类, 对聚类后各样品中不同 OTU (不同菌属) 所含序列的丰度作为热图 (图 6), 能够反映出在菌属水平上各样本真菌群落结构的相似性和差异性. 图 6 分析可见, 6 个水深水体的真菌种类均很丰富, 但优势菌群和多样性差异, 红酵母属 (*Rhodotorula*, 27.23%)、链格孢属 (*Alternaria*, 24.28%)、分子孢子菌属 (*Cladosporium*, 22.98%)、链格孢属 (*Alternaria*, 32.00%)、亚隔孢壳属 (*Didymella*, 17.47%) 和分子孢子菌属 (*Cladosporium*, 28.17%) 分别是 0.5、

10、25、40、60 和 70 m 的优势菌属. Unclassified 的真菌占比最大, 说明水体中存在大量的未探明的真菌. 刘晓英等^[4]对洱海水生真菌多样性进行研究发现, 枝孢属 (*Cladosporium*) 是丰度较高的常见菌属. 吕德妍等^[39]对海浪河下游真菌群落多样性进行研究发现, 水体的优势菌属分别是曲霉属 (*Aspergillus*) 和青霉属 (*Penicillium*). 这与本研究的水体中的优势菌属不同, 可能是因为所处的自然环境不同造成的.

2.4 真菌群落与水质的偶联关系分析

本研究通过主成分分析解释各维度解释结果的百分比, 前两个主成分可以解释总变异的 83%, 真菌种群结构的变异主要显示在 PC1 轴上, 解释总变异的 57%, 而 PC2 解释总变异的 26%. 从图 7 可以看出, 水深 10、25 和 40 m 的真菌种群相似度高. 水质指标对各水深水体真菌群落多样性分布影响分析显示, TP、温度、DO 对水深 10、25 和 40 m 的真菌种群结构影响较为显著 ($P < 0.05$), 温度会影响真菌代谢活性、低温区会存在耐冷真菌; 电导率、

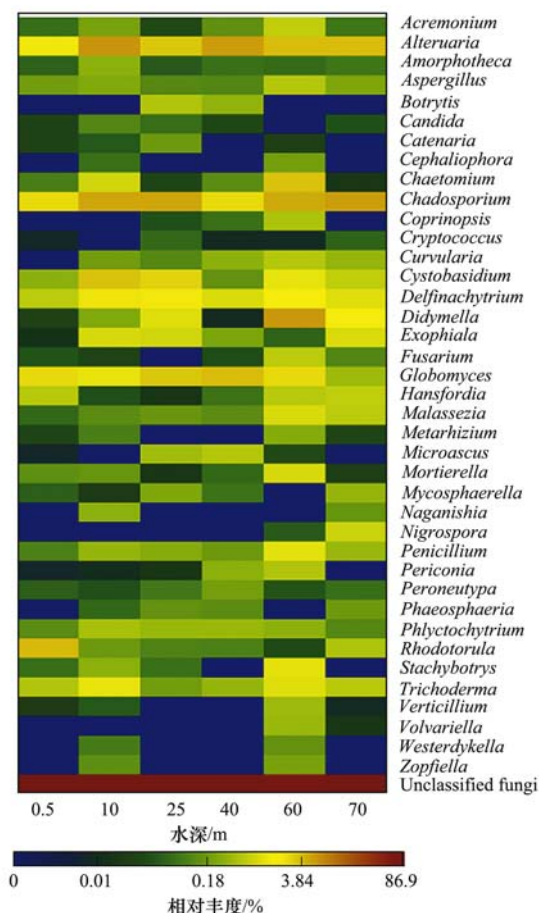


图6 不同水深水体优势真菌群落热图分析
Fig. 6 Heat map of the water fungal community at different water depths

NO_3^- -N对水深60 m的真菌种群结构影响较为显著; Chl-a、pH对水深0.5 m的真菌种群结构影响较为显著($P < 0.05$); TP、TN、 NO_3^- -N对水深70 m的真菌种群结构影响较为显著. 其中电导率、Fe与温度(T)、DO、ORP呈负相关关系($P < 0.05$), TP、TN、 NO_3^- -N与Chl-a、pH呈负相关关系($P < 0.05$). 研究运用高通量测序技术探究金盆水库热分层期间真菌种群的垂向演替特征, 结果表明水质物理、化学参数和真菌种群结构在变温层和等温层有显著地差异. 课题组先前的研究也论证了水温、溶解氧、pH、TN、 NO_3^- -N对水体浮游植物和细菌种群结构有显著地影响^[6, 13, 21], 说明水库水质因子可以诱导调控水体真菌发生垂向迁移. 宣淮翔等^[41]对太湖不同湖区水体及沉积物中的水生真菌多样性研究发现, 不同湖区的水生真菌多样性与湖区间不同营养水平有关, 其中TN、TP的浓度对于水体真菌种群结构具有较大的耦联作用. 吕德妍^[39]对海浪河下游流域水生真菌群落结构进行研究发现, 真菌多样性与河流温度变化极显著相关, 与磷含量呈显著相

关. 刘晓英^[4]对洱海水生真菌多样性进行研究表明, 温度与水生真菌多样性相关性较大. 目前, 针对饮水型水源水库生态系统功能微生物群落与水质健康的研究是一个热门课题^[43], 水生真菌能分解有机物引起营养物质和碳源释放, 从而可以净化水体环境、帮助原生动物利用营养物质、促进碳循环. 今后应将高通量DNA测序技术与稳定同位素标记(SIP)技术有机结合^[44], 从群落结构和代谢通路角度综合性诊断水库水生真菌与水质健康的耦联机制, 进一步揭示水库物理特征(自然季节性热分层、扬水曝气混合诱导)调控水库水体真菌代谢活性的分子生物学机制.

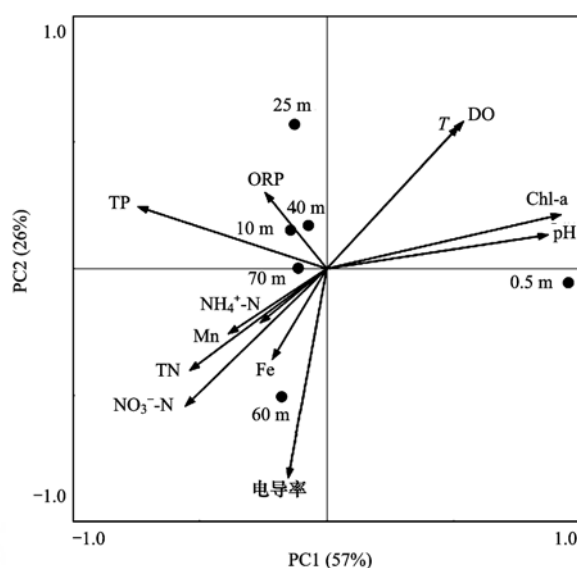


图7 不同水深水体真菌种群结构与水质指标的主成分分析
Fig. 7 Principle component analyses of the water fungal community and water quality at different water depths

3 结论

(1) 金盆水源水库热分层期间形成稳定的变温层、斜温层和等温层垂向分层结构, 水体分层状态下, 水质参数在变温层和等温层产生了显著垂向变化. 温度、pH、溶解氧沿垂向方向呈现减少趋势; 在营养盐含量上, 总氮、硝氮、氨氮以及总磷含量在变温层要显著低于等温层.

(2) Illumina MiSeq 测序结果表明, 不同水深水体的真菌种类均很丰富, 但优势菌群和多样性存在差异, 红酵母属(*Rhodotorula*, 27.23%)、链格孢属(*Alternaria*, 24.28%)、分子孢子菌属(*Cladosporium*, 22.98%)、链格孢属(*Alternaria*, 32.00%)、亚隔孢壳属(*Didymella*, 17.47%)、分子孢子菌属(*Cladosporium*, 28.17%)是0.5、10、25、

40、60、70 m 水深的优势菌属。

(3)主成分分析(PCA)表明,水库热分层期间,水体水质对真菌种群垂向结构有显著地影响,TP、温度、DO 对水深 10、25 和 40 m 的真菌种群结构影响较为显著;电导率、 NO_3^- -N 对水深 60 m 的真菌种群结构影响较为显著;Chl-a、pH 对水深 0.5m 的真菌种群结构影响较为显著;TP、TN、 NO_3^- -N 对水深 70 m 的真菌种群结构影响较为显著。本研究为更全面地理解水源水库热分层对真菌群落多样性的调控作用提供科学依据。

参考文献:

- [1] Cai L, Ji K F, Hyde K D. Variation between freshwater and terrestrial fungal communities on decaying bamboo culms [J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2006, **89**(2): 293-301.
- [2] Luo J, Zhang K Q, Cai L, *et al.* Freshwater fungi in mainland China [J]. *Journal of Huazhong Agricultural*, 2004, **23**(1): 7-13.
- [3] 邹彤雯,任立伟,张玉婷,等.水生真菌多样性概述[J]. *黑龙江科学*, 2015, **6**(7): 25, 29.
Zou T W, Ren L W, Zhang Y T, *et al.* The overview of the diversity of aquatic fungi [J]. *Heilongjiang Science*, 2015, **6**(7): 25, 29.
- [4] 刘晓英.洱海水生真菌多样性及 *Minimelanlocus* 属形态与系统学研究[D].大理:大理大学,2016. 10-16.
Liu X Y. Studies of aquatic fungal diversity in Erhai lake and Morphology, molecular phylogenetic systematics of *Minimelanlocus* [D]. Dali: Dali University, 2016. 10-16.
- [5] Röske K, Sachse R, Scheerer C, *et al.* Microbial diversity and composition of the sediment in the drinking water reservoir Saldenbach (Saxonia, Germany) [J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2012, **35**(1): 35-44.
- [6] Zhang H H, Huang T L, Chen S N, *et al.* Spatial pattern of bacterial community functional diversity in a drinking water reservoir, Shaanxi Province, Northwest China [J]. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 2013, **7**(3): 1647-1654.
- [7] Röske K, Röske I, Uhlmann D. Characterization of the bacterial population and chemistry in the bottom sediment of a laterally subdivided drinking water reservoir system [J]. *Limnologia-Ecology and Management of Inland Waters*, 2008, **38**(3-4): 367-377.
- [8] Zhang H H, Huang T L, Liu T T. Sediment enzyme activities and microbial community diversity in an oligotrophic drinking water reservoir, eastern China [J]. *PLoS One*, 2013, **8**(10): e78571.
- [9] Zhao D Y, Zeng J, Wan W H, *et al.* Vertical distribution of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in sediments of a eutrophic lake [J]. *Current Microbiology*, 2013, **67**(3): 327-332.
- [10] 侯梅锋,何士龙,李栋,等.连云港海底底泥及青海湖底泥细菌多样性研究[J]. *环境科学*, 2011, **32**(9): 2681-2688.
Hou M F, He S L, Li D, *et al.* Bacterial diversity in Lianyungang marine sediment and Qinghai Lake sediment [J]. *Environmental Science*, 2011, **32**(9): 2681-2688.
- [11] Kagami M, Amano Y, Ishii N. Community structure of planktonic fungi and the impact of parasitic chytrids on phytoplankton in lake Inba, Japan [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **63**(2): 358-368.
- [12] Elçi Ş. Effects of thermal stratification and mixing on reservoir water quality [J]. *Limnology*, 2008, **9**(2): 135-142.
- [13] Huang T L, Li X, Rijnaarts H, *et al.* Effects of storm runoff on the thermal regime and water quality of a deep, stratified reservoir in a temperate monsoon zone, in northwest China [J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **485-486**: 820-827.
- [14] Zhang H H, Huang T L, Chen S N, *et al.* Microbial community functional diversity and enzymatic activity in the sediments of drinking water reservoirs, northwest China [J]. *Desalination and Water Treatment*, 2014, **52**(7-9): 1608-1614.
- [15] Schmidt P A, Bálint M, Greshake B, *et al.* Illumina metabarcoding of a soil fungal community [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **65**: 128-132.
- [16] Zhang H H, Huang T L. Archaeal community structure and quantity in the oxygen deficient sediments from three water supply reservoirs [J]. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 2013, **7**(4): 2783-2789.
- [17] Wang Y, Sheng H F, He Y, *et al.* Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of Illumina tags [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, **78**(23): 8264-8271.
- [18] Jiang X T, Peng X, Deng G H, *et al.* Illumina sequencing of 16S rRNA tag revealed spatial variations of bacterial communities in a mangrove wetland [J]. *Microbial Ecology*, 2013, **66**(1): 96-104.
- [19] Yu Z, Yang J, Amalfitano S, *et al.* Effects of water stratification and mixing on microbial community structure in a subtropical deep reservoir [J]. *Scientific Reports*, 2014, **4**: 5821.
- [20] 张雅洁,李珂,朱浩然,等.北海湖微生物群落结构随季节变化特征[J]. *环境科学*, 2017, **38**(8): 3319-3329.
Zhang Y J, Li K, Zhu H R, *et al.* Community structure of microorganisms and its seasonal variation in Beihai Lake [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(8): 3319-3329.
- [21] Zhang H H, Chen S N, Huang T L, *et al.* Vertical distribution of bacterial community diversity and water quality during the reservoir thermal stratification [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2015, **12**(6): 6933-6945.
- [22] 马越,郭庆林,黄廷林,等.西安黑河金盆水库季节性热分层的水质响应特征[J]. *水利学报*, 2013, **44**(4): 406-415.
Ma Y, Guo Q L, Huang T L, *et al.* Response characteristics of water quality to the seasonal thermal stratification in Jin-pen reservoir along the Heihe river, Xi'an city in China [J]. *Journal of Hydraulic Engineering*, 2013, **44**(4): 406-415.
- [23] 黄廷林,秦昌海,李璇.峡谷型水源水库的氮、磷季节变化及其来源分析[J]. *环境科学*, 2013, **34**(9): 3423-3429.
Huang T L, Qin C H, Li X. Studies on seasonal variation and sources of nitrogen and phosphorus in a canyon reservoir used as water source [J]. *Environmental Science*, 2013, **34**(9): 3423-3429.
- [24] 国家环境保护总局.水和废水监测分析方法[M].(第四版).北京:中国环境科学出版社,2002.
- [25] Hamady M, Walker J J, Harris J K, *et al.* Error-correcting barcoded primers for pyrosequencing hundreds of samples in

- multiplex[J]. *Nature Methods*, 2008, **5**(3): 235-237.
- [26] 程建华, 窦智勇, 孙庆业. 铜陵市河流沉积物中硝化和反硝化微生物分布特征[J]. *环境科学*, 2016, **37**(4): 1362-1370.
- Cheng J H, Dou Z Y, Sun Q Y. Distribution characteristics of nitrifiers and denitrifiers in the river sediments of Tongling city [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(4): 1362-1370.
- [27] Kim O S, Imhoff J F, Witzel K P, *et al.* Distribution of denitrifying bacterial communities in the stratified water column and sediment-water interface in two freshwater lakes and the Baltic Sea[J]. *Aquatic Ecology*, 2011, **45**(1): 99-112.
- [28] Lee J A, Francis C A. Spatiotemporal characterization of San Francisco Bay denitrifying communities: a comparison of nirK and nirS diversity and abundance[J]. *Microbial Ecology*, 2017, **73**(2): 271-284.
- [29] Fouts D E, Szpakowski S, Purushe J, *et al.* Next generation sequencing to define prokaryotic and fungal diversity in the bovine rumen[J]. *PLoS One*, 2012, **7**(11): e48289.
- [30] Oberbauer L, Zachow C, Lackner S, *et al.* The ignored diversity: complex bacterial communities in intensive care units revealed by 16S pyrosequencing[J]. *Scientific Reports*, 2013, **3**: 1413.
- [31] Srinivasan S, Hoffman N G, Morgan M T, *et al.* Bacterial communities in women with bacterial vaginosis: high resolution phylogenetic analyses reveal relationships of microbiota to clinical criteria[J]. *PLoS One*, 2012, **7**(6): e37818.
- [32] Jami E, Israel A, Kotser A, *et al.* Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(6): 1069-1079.
- [33] Zhang H H, Huang T L, Chen S N, *et al.* Abundance and diversity of bacteria in oxygen minimum drinking water reservoir sediments studied by quantitative PCR and pyrosequencing[J]. *Microbial Ecology*, 2015, **69**(3): 618-629.
- [34] Ma W X, Huang T L, Li X, *et al.* Impact of short-term climate variation and hydrology change on thermal structure and water quality of a canyon-shaped, stratified reservoir [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2015, **22**(23): 18372-18380.
- [35] 曾明正, 黄廷林, 邱晓鹏, 等. 我国北方温带水库——周村水库季节性热分层现象及其水质响应特性[J]. *环境科学*, 2016, **37**(4): 1337-1344.
- Zeng M Z, Huang T L, Qiu X P, *et al.* Seasonal stratification and the response of water quality of a temperate reservoir-Zhoucun reservoir in north of China[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(4): 1337-1344.
- [36] Yang X, Huang T L, Zhang H H. Effects of seasonal thermal stratification on the functional diversity and composition of the microbial community in a drinking water reservoir[J]. *Water*, 2015, **7**(10): 5525-5546.
- [37] Bates S T, Clemente J C, Flores G E, *et al.* Global biogeography of highly diverse protistan communities in soil [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(3): 652-659.
- [38] Luo J, Yin J F, Cai L, *et al.* Freshwater fungi in lake Dianchi, a heavily polluted lake in Yunnan, China[J]. *Fungal Diversity*, 2004, **16**: 93-112.
- [39] 吕德妍. 海浪花下游真菌群落结构及理化因子相关性初步分析[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2011. 11-37.
- Lv D Y. Fungi community structure and physical and chemical factors correlation analysis; Hai lang river downstream [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2011. 11-37.
- [40] 郑九文, 邢鹏, 余多慰, 等. 不同水生植物残体分解过程中真菌群落结构[J]. *生态学杂志*, 2013, **32**(2): 368-374.
- Zheng J W, Xing P, Yu D W, *et al.* Fungal community structure during the decomposition of various aquatic plant litters [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2013, **32**(2): 368-374.
- [41] 宣淮翔, 安树青, 孙庆业, 等. 太湖不同湖区水生真菌多样性[J]. *湖泊科学*, 2011, **23**(3): 469-478.
- Xuan H X, An S Q, Sun Q Y, *et al.* Diversity of aquatic fungi in different areas of lake Taihu [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2011, **23**(3): 469-478.
- [42] Hu D M, Liu F, Cai L. Biodiversity of aquatic fungi in China [J]. *Mycology*, 2013, **4**(3): 125-168.
- [43] Comerma M, García J C, Romero M, *et al.* Carbon flow dynamics in the pelagic community of the Sau Reservoir (Catalonia, NE Spain) [J]. *Hydrobiologia*, 2003, **504**(1-3): 87-98.
- [44] Sun W M, Cupples A M. Diversity of five anaerobic toluene-degrading microbial communities investigated using stable isotope probing[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, **78**(4): 972-980.

CONTENTS

Characterization and Variation of Organic Carbon (OC) and Elemental Carbon (EC) in PM _{2.5} During the Winter in the Yangtze River Delta Region, China	KANG Hui, ZHU Bin, WANG Hong-lei, <i>et al.</i> (961)
Important Effect of Secondary Inorganic Salt Extinction on Visibility Impairment in the Northern Suburb of Nanjing	YU Chao, YU Xing-na, ZHAO Tian-liang, <i>et al.</i> (972)
Day-Night Differences and Source Apportionment of Inorganic Components of PM _{2.5} During Summer-Winter in Changzhou City	LIU Jia-shu, GU Yuan, MA Shuai-shuai, <i>et al.</i> (980)
Characteristics of Elements in PM _{2.5} and PM ₁₀ in Road Dust Fall During Spring in Tianjin	WANG Shi-bao, JI Ya-qin, LI Shu-li, <i>et al.</i> (990)
Particle Size Distribution and Human Health Risk Assessment of Heavy Metals in Atmospheric Particles from Beijing and Xinxiang During Summer	ZHANG Xin, ZHAO Xiao-man, MENG Xue-jie, <i>et al.</i> (997)
Ecological and Health Risks of Trace Heavy Metals in Atmospheric PM _{2.5} Collected in Wuxiang Town, Shanxi Province	GUO Zhao-xia, GENG Hong, ZHANG Jin-hong, <i>et al.</i> (1004)
Characteristics of Particulate and Inorganic Elements of Motor Vehicles Based on a Tunnel Environment	LI Feng-hua, ZHANG Yan-jie, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (1014)
A 2013-based Atmospheric Ammonia Emission Inventory and Its Characteristic of Spatial Distribution in Henan Province	WANG Chen, YIN Sha-sha, YU Shi-jie, <i>et al.</i> (1023)
Emission Characteristics of Wind Erosion Dust from Topsoil of Urban Roadside-Tree Pool	LI Bei-bei, QIN Jian-ping, QI Li-rong, <i>et al.</i> (1031)
Particulate Component Emission Characteristic from a Diesel Bus with DOC and CDPF	LOU Di-ming, GENG Xiao-yu, SONG Bo, <i>et al.</i> (1040)
Water Quality in the Henan Intake Area of the South-to-North Water Diversion Project	HUANG Piao-yi, XU Bin, GUO Dong-liang (1046)
Spatio-Temporal Patterns and Environmental Risk of Endocrine Disrupting Chemicals in the Liuxi River	FAN Jing-jing, WANG Sai, TANG Jin-peng, <i>et al.</i> (1053)
Fate and Origin of Major Ions in River Water in the Lhasa River Basin, Tibet	ZHANG Qing-hua, SUN Ping-an, HE Shi-yi, <i>et al.</i> (1065)
Identification of Nitrate Sources and the Fate of Nitrate in Downstream Areas: A Case Study in the Taizi River Basin	LI Yan-li, YANG Zi-rui, YIN Xi-jie, <i>et al.</i> (1076)
Sources, Distribution of Main Controlling Factors, and Potential Ecological Risk Assessment for Heavy Metals in the Surface Sediment of Hainan Island North Bay, South China	ZENG Wei-te, YANG Yong-peng, ZHANG Dong-qiang, <i>et al.</i> (1085)
Characteristics of Heavy Metals Pollution of Farmland and the Leaching Effect of Rainfall in Tianjin	XU Meng-meng, LIU Ai-feng, SHI Rong-guang, <i>et al.</i> (1095)
Seasonal Difference in Water Quality Between Lake and Inflow/Outflow Rivers of Lake Taihu, China	ZHA Hui-ming, ZHU Meng-yuan, ZHU Guang-wei, <i>et al.</i> (1102)
Characteristics of Nitrogen Release at the Sediment-Water Interface in the Typical Tributaries of the Three Gorges Reservoir During the Sensitive Period in Spring	LI Xin, SONG Lin-xu, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (1113)
Spatial Distributions of Transferable Nitrogen Forms and Influencing Factors in Sediments from Inflow Rivers in Different Lake Basins	ZHOU Rui, YUAN Xu-yin, Marip Ja Bawk, <i>et al.</i> (1122)
Effects of Hydrological and Meteorological Conditions on Diatom Proliferation in Reservoirs	SUN Xiang, ZHU Guang-wei, DA Wen-yi, <i>et al.</i> (1129)
Vertical Distribution of Fungal Community Composition and Water Quality During the Deep Reservoir Thermal Stratification	SHANG Pan-lu, CHEN Sheng-nan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (1141)
Community Structure and Influencing Factors of Bacterioplankton in Spring in Zhushan Bay, Lake Taihu	XUE Yin-gang, LIU Fei, SUN Meng, <i>et al.</i> (1151)
Characteristics of Sediment Oxygen Demand in a Drinking Water Reservoir	SU Lu, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i> (1159)
Effects of Wastewater Nitrogen Concentrations and NH ₄ ⁺ /NO ₃ ⁻ on Nitrogen Removal Ability and the Nitrogen Component of <i>Myriophyllum aquaticum</i> (Vell.) Verde	MA Yong-fei, YANG Xiao-zhen, ZHAO Xiao-hu, <i>et al.</i> (1167)
Effect of Nutrient Loadings on the Regulation of Water Nitrogen and Phosphorus by <i>Vallisneria natans</i> and Its Photosynthetic Fluorescence Characteristics	ZHOU Yi-wen, XU Xiao-guang, HAN Rui-ming, <i>et al.</i> (1180)
Removal of Organic Matter from Water by Chemical Preoxidation Coupled with Biogenic Manganese Oxidation	JIAN Zhi-yu, CHANG Yang-yang, WANG Li-xin, <i>et al.</i> (1188)
Treating Simulated Dye Wastewater by an <i>In Situ</i> Copper Ferrite Process	HAN Zhi-yong, HAN Kun, HAO Hao-tian, <i>et al.</i> (1195)
Experiment to Enhance Catalytic Activity of α -FeOOH in Heterogeneous UV-Fenton System by Addition of Oxalate	MIAO Xiao-zeng, DAI Hui-wang, CHEN Jian-xin, <i>et al.</i> (1202)
Fabrication of a Biomass-Based Hydrous Zirconium Oxide Nanocomposite for Advanced Phosphate Removal	QIU Hui, QIN Zhi-feng, LIU Feng-ling, <i>et al.</i> (1212)
Characteristic of Nitrate Adsorption in Aqueous Solution by Iron and Manganese Oxide/Biochar Composites	ZHENG Xiao-qing, WEI An-lei, ZHANG Yi-xuan, <i>et al.</i> (1220)
Preparation of PAAm/HACC Semi-Interpenetrate Network Hydrogel and Its Adsorption Properties for Humic Acid from Aqueous Solution	LIU Ze-jun, ZHOU Shao-qi, MA Fu-zhen (1233)
Groundwater Arsenic and Silicate Adsorption on TiO ₂ and the Regeneration of TiO ₂	MA Wen-jing, YAN Li, ZHANG Jian-feng (1241)
Removal Efficiency and Mechanism of Removal by Humic Acid of the Integrated Floc-ultrafiltration Process	LI Wen-jiang, YU Li-fang, MIAO Rui, <i>et al.</i> (1248)
Emission Inventory of Greenhouse Gas from Urban Wastewater Treatment Plants and Its Temporal and Spatial Distribution in China	YAN Xu, QIU De-zhi, GUO Dong-li, <i>et al.</i> (1256)
Start-up and Operation of Biofilter Coupled Nitrification and CANON for the Removal of Iron, Manganese and Ammonia Nitrogen	LI Dong, CAO Rui-hua, YANG Hang, <i>et al.</i> (1264)
Analysis of CANON Process Start-up with Fiber Carrier	GU Cheng-wei, CHEN Fang-min, LI Xiang, <i>et al.</i> (1272)
Characteristics of Biofilm During the Transition Process of Complete Nitrification and Partial Nitrification	ZHAO Qing, BIAN Wei, LI Jun, <i>et al.</i> (1278)
Effect of Intermediate-Setting Aeration on the CANON Granular Sludge Process in the AUSB Reactor	CHENG Shuo, LI Dong, ZHANG Jie, <i>et al.</i> (1286)
Effect of Organic Carbon Source on Start-up and Operation of the CANON Granular Sludge Process	LI Dong, WANG Yan-ju, LÜ Yu-feng, <i>et al.</i> (1294)
Start-Up and Regional Characteristics of a Pilot-scale Integrated PN-ANAMMOX Reactor	ZHOU Zheng, WANG Fan, LIN Xing, <i>et al.</i> (1301)
Effect of NO _x ⁻ -N Recycling Ratio on Denitrifying Phosphorus Removal Efficiency in the ABR-MBR Combined Process	LÜ Liang, YOU Wen, ZHANG Min, <i>et al.</i> (1309)
Effects of Magnetic Fe ₃ O ₄ Nanoparticles on the Characteristics of Anaerobic Granular Sludge and Its Interior Microbial Community	SU Cheng-yuan, ZHENG Peng, LU Yu-xiang, <i>et al.</i> (1316)
Characterization Composition of Soluble Microbial Products in an Aerobic Granular Sludge System	YANG Dan, LIU Dong-fang, DU Li-qiong, <i>et al.</i> (1325)
Influence of Ciprofloxacin on the Microbial Community and Antibiotics Resistance Genes in a Membrane Bioreactor	DAI Qi, LIU Rui, LIANG Yu-ting, <i>et al.</i> (1333)
Analysis of Low C/N Wastewater Treatment and Structure by the CEM-UF Combined Membrane-Nitrification/Denitrification System	XING Jin-liang, ZHANG Yan, CHEN Chang-ming, <i>et al.</i> (1342)
Effects of Phosphorus on the Activity and Bacterial Community in Mixotrophic Denitrification Sludge	WANG Pei-qi, ZHOU Wei-li, HE Sheng-bing, <i>et al.</i> (1350)
Acclimatization and Community Structure Analysis of the Microbial Consortium in Nitrate-Dependent Anaerobic Methane Oxidation	XUE Song, ZHANG Meng-zhu, LI Lin, <i>et al.</i> (1357)
Diffusion of Microorganism and Main Pathogenic Bacteria During Municipal Treated Wastewater Discharged into Sea	XU Ai-ling, NIU Cheng-jie, SONG Zhi-wen, <i>et al.</i> (1365)
Oxytetracycline Wastewater Treatment in Microbial Fuel Cells and the Analysis of Microbial Communities	YAN Wei-fu, XIAO Yong, WANG Shu-hua, <i>et al.</i> (1379)
Spatial and Temporal Variability of Soil C-to-N Ratio of Yugan County and Its Influencing Factors in the Past 30 Years	JIANG Ye-feng, ZHONG Shan, LI Jie, <i>et al.</i> (1386)
Spatial Heterogeneity of Soil Carbon and its Fractions in the Wolfberry Field of Zhongning County	WANG You-qi, ZHAO Yun-peng, BAI Yi-ru, <i>et al.</i> (1396)
Response of Soil Enzyme Activities and Their Relationships with Physicochemical Properties to Different Aged Coastal Reclamation Areas, Eastern China	XIE Xue-feng, PU Li-jie, WANG Qi-qi, <i>et al.</i> (1404)
Distribution, Sources, and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Soils of the Central and Eastern Areas of the Qinghai-Tibetan Plateau	ZHOU Wen-wen, LI Jun, HU Jian, <i>et al.</i> (1413)
Source Apportionment of Heavy Metals in Farmland Soils Around Mining Area Based on UNMIX Model	LU Xin, HU Wen-you, HUANG Biao, <i>et al.</i> (1421)
Stabilization Effects of Fe-Mn Binary Oxide on Arsenic and Heavy Metal Co-contaminated Soils Under Different pH Conditions	FEI Yang, YAN Xiu-lan, LI Yong-hua (1430)
Concentration and Distribution of Novel Brominated Flame Retardants in Human Serum from Three Chinese Cities	WANG Qing-hua, YUAN Hao-dong, JIN Jun, <i>et al.</i> (1438)