

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

基于碳减排目标与排放标准约束情景的火电大气污染物减排潜力

李辉, 孙雪丽, 庞博, 朱法华, 王圣, 晏培



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年12月

第42卷 第12期
Vol.42 No.12

目次(卷终)

基于碳减排目标与排放标准约束情景的火电大气污染物减排潜力	李辉, 孙雪丽, 庞博, 朱法华, 王圣, 晏培 (5563)
汽修行业挥发性有机物排放与控制现状及对策	王海林, 杨涛, 聂磊, 方莉, 张中申, 郝郑平 (5574)
西宁市生物质燃烧源大气污染物排放清单	高玉宗, 姬亚芹, 林孜, 林宇, 杨益 (5585)
新冠疫情期间四川盆地空气质量及影响因素分析	陈军辉, 冯小琼, 李媛, 王书肖 (5594)
基于 iLME + Geoi-RF 模型的四川省 PM _{2.5} 浓度估算	吴宇宏, 杜宁, 王莉, 蔡宏, 周彬, 吴磊, 敖逍 (5602)
《大气污染防治行动计划》后期成都大气 PM _{2.5} 中水溶性无机离子特征	李佳琪, 张军科, 董贵明, 邓嘉琳, 刘子锐, 王跃思 (5616)
洛阳市大气细颗粒物化学组分特征及溯源分析	孙佳侯, 董喆, 李利萍, 刘洋, 陈红阳, 张瑞芹 (5624)
北京市黑碳气溶胶浓度特征及其主要影响因素	曹阳, 安欣欣, 刘保献, 景宽, 王琴, 罗霄旭 (5633)
天津市郊夏季 VOCs 化学特征及其时间精细化的来源解析	王艺璇, 刘保双, 吴建会, 张裕芬, 冯银厂 (5644)
沈阳市挥发性有机物污染特征及反应活性	杜寒冰, 王男, 任万辉, 苏枞枞, 胡建林, 于兴娜 (5656)
典型化工集中区环境空气 SVOCs 污染特征及来源解析	葛祥, 吴健, 高松, 冯加良, 陈俊伟, 张舒惟, 焦正 (5663)
南京毒性挥发性有机化合物夏冬季源解析及健康风险评估	张子金, 林煜棋, 张煜烟, 曹梦瑶, 章炎麟 (5673)
基于排放清单和实地测试的工业 VOCs 排放特征: 以郑州市高新区为例	任何, 卢轩, 刘洋, 尹沙沙, 胡鹤霄 (5687)
我国水性建筑涂料 VOCs 排放特征及其环境影响	高美平, 王海林, 刘文文, 聂磊, 李国昊, 安小栓 (5698)
VOCs 源强不确定性对臭氧生成及污染防治影响的模拟分析	王峰, 汪健伟, 杨宁, 翟菁, 侯灿 (5713)
山东省 O ₃ 时空分布及影响因素分析	张森, 丁椿, 李彦, 王桂霞, 林晶晶, 孟赫, 许杨 (5723)
2020 年成都市典型臭氧污染过程特征及敏感性	钱骏, 徐晨曦, 陈军辉, 姜涛, 韩丽, 王成辉, 李英杰, 王波, 刘政 (5736)
基于高分辨率在线测量的轻型汽油车含氧挥发性有机物排放模型构建	郝钰琦, 袁自冰, 王梦雷, 沙青娥, 杜新悦, 刘元向, 刘学辉, 段乐君, 袁斌, 郑君瑜, 邵敏, 闫宇 (5747)
三重属性的承载力约束下中国水资源利用效率动态演进特征分析	张凯, 吴凤平, 成长春 (5757)
长江流域总氮排放量预测	丁肇慰, 郑华 (5768)
1980~2015 年长江流域净人为氮输入与河流氮输出动态特征	姚梦雅, 胡敏鹏, 陈丁江 (5777)
黄河水环境特征与氮磷负荷时空分布	韩谔, 潘保柱, 陈越, 刘亚平, 侯易明 (5786)
基于氮氧同位素解析不同降雨条件下硝酸盐污染源	邢子康, 余钟波, 衣鹏, 钱睿智, 王嘉毅 (5796)
水源水库真核微生物种群结构季相演替特征	张海涵, 黄鑫, 黄廷林, 刘凯文, 马曼丽, 刘祥, 苗雨甜, 宗容容 (5804)
达里湖表层水体浮游细菌群落结构的夏-冬季节差异	李文宝, 郭鑫, 张博尧, 杜蕾, 田雅楠 (5814)
尾水排放对受纳水体底栖生物膜细菌群落和水溶性有机质的影响机制	王钰涛, 范晨阳, 朱金鑫, 李轶, 王龙飞 (5826)
武汉典型饮用水水源中典型 POPs 污染特征与健康风险评估	张坤峰, 付青, 涂响, 昌盛, 樊月婷, 孙兴滨, 王山军 (5836)
上海沙田湖养殖区及周边水体中氟喹诺酮类抗性基因的分布特征及其与环境因子关系	徐慕, 李世豪, 马巾, 王丽卿, 张玮 (5848)
曝气人工湿地脱除低污染水中氮的影响因素	李琳琳, 李荣涛, 孔维静, 杨苹果, 杜志超, 毕斌, 卢少勇 (5857)
水平潜流人工湿地对畜禽养殖废水中特征污染物的去除	赵伟, 范增增, 杨新萍 (5865)
木屑生物炭对填料土的氮磷吸附及雨水滞留改良影响	孟依柯, 王媛, 汪传跃, 王报 (5876)
黑臭河道中聚乙烯醇/海藻酸钠固定微米沸石粉去除氨氮	魏超, 陈涛, 江桥, 王姝, 邱伟建, 成小英 (5884)
玉米秸秆生物炭对灰钙土吸附金霉素的影响	南志江, 蒋煜峰, 毛欢欢, 梁新茹, 邓雪儒 (5896)
饮用水砂滤池中微生物对微量污染物的降解潜力与途径	周洁, 王东麟, 林慧, 柏耀辉 (5905)
污水分析方法监测城市毒品滥用长期趋势	曹禹, 董小棠, 邵雪婷, 刘琳, 王德高 (5912)
阿奇霉素和铜对活性污泥古菌群落和 ARGs 的胁迫影响及后效应	高玉玺, 李星, 赵君如, 张忠兴, 樊晓燕 (5921)
典型冶炼行业场地土壤重金属空间分布特征及来源解析	李强, 曹莹, 何连生, 王耀峰, 龚成, 何书涵 (5930)
我国焦化场地多环芳烃和重金属分布情况及生态风险评价	王耀峰, 何连生, 姜登岭, 曹莹, 李强, 官健 (5938)
浙江省香榧主产区土壤重金属空间异质性及其生态风险	王敏, 董佳琦, 白龙龙, 张勇, 蒋仲龙, 姜雯雯, 吴家森, 张璐瑶, 方嘉, 傅伟军 (5949)
北方农田镉污染土壤玉米生产阈值及产区划分初探	管伟豆, 郭堤, 王萍, 张增强, 李荣华 (5958)
典型铅锌矿区耕地土壤团聚体重金属含量与农作物含量相关性及其风险评价	强瑞, 李英菊, 罗谦, 陈美凤, 李海燕, 黄先飞, 秦樊鑫 (5967)
雄安新区企业周边农田土壤-作物系统重金属污染风险及累积效应	周亚龙, 王乔林, 王成文, 刘飞, 宋云涛, 郭志娟, 杨志斌 (5977)
铜仁土壤-水稻重金属累积效应与安全种植区划	朱亮亮, 吴勇, 周浪, 唐乐斌, 宋波 (5988)
干湿交替对铈锰改性生物炭固定红壤 As 的影响	黄晓雅, 李莲芳, 朱昌雄, 黄金丽, 吴翠霞, 叶婧 (5997)
铵态氮肥和腐殖酸协同促进孔雀草对土壤中 Cd 的去除	王冰清, 阳琴, 李虹颖, 熊启中, 徐刚, 孙瑞波, 田达, 李军利, 郅红建, 叶新新 (6006)
稻田灌溉河流 CH ₄ 和 N ₂ O 排放特征及影响因素	吴双, 杨蔚桐, 盛扬悦, 方贤滔, 张天睿, 胡靖, 刘树伟, 邹建文 (6014)
节水灌溉和控释肥施用耦合措施对单季稻田 CH ₄ 和 N ₂ O 排放的影响	王永明, 徐永记, 纪洋, 冯彦房 (6025)
有机无机配施下西北旱区麦田土壤 N ₂ O 的排放特征及微生物特性	王楷, 史雷, 马龙, 王书停, 张然, 郑伟, 李紫燕, 翟丙年 (6038)
不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌群落、有机碳矿化及玉米产量的影响	孔培君, 郑洁, 栾璐, 陈紫云, 薛敬荣, 孙波, 蒋瑞霖 (6047)
氮磷添加对盐渍化草地土壤微生物特征的影响	杨建强, 刁华杰, 胡姝姝, 陈晓鹏, 王常慧 (6058)
化肥和有机肥配施生物炭对紫色土壤养分及磷赋存形态的影响	向书江, 余砾, 熊子怡, 罗东海, 王莹燕, 邓正昕, 王子芳, 高明 (6067)
浒苔生物炭与木醋液复配改良碱化土壤效果及提高油菜产量	王正, 孙兆军, Sameh El-Sawy, 王珍, 何俊, 韩磊, 邹本涛 (6078)
《环境科学》第42卷(2021年)总目录	(6091)
《环境科学》征订启事(5593) 《环境科学》征稿简则(5623) 信息(5643, 5835, 5883)	

水源水库真核微生物种群结构季相演替特征

张海涵, 黄鑫, 黄廷林, 刘凯文, 马曼丽, 刘祥, 苗雨甜, 宗容容

(西安建筑科技大学环境与市政工程学院, 陕西省环境工程重点实验室, 西北水资源与环境生态教育部重点实验室, 西安 710055)

摘要: 真核微生物广泛存在于水环境中且具有重要生态学功能, 揭示其群落演替及其驱动因子对于研究水体生态系统的能量流动和物质循环具有重要意义。然而关于水源水库中真核微生物群落季相演替特征的研究却鲜见报道。本研究通过对李家河水库水质监测, 并采用高通量测序技术和共生网络分析, 探究了真核微生物种群结构的季相变化及其与水质因子的响应关系。结果表明, 李家河水库水体 pH 处于 $(7.49 \pm 0.13) \sim (9.26 \pm 0.14)$, $\rho(\text{DO})$ 最低为 $(7.80 \pm 0.33) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, $\rho(\text{NH}_4^+ - \text{N})$ 最高为 $(0.31 \pm 0.01) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 水质整体符合地表水 II 类标准。真核微生物种群 Shannon 指数和 Chao1 丰富度指数夏季显著高于春秋季节。节肢动物门在春末至夏季中期为优势门, 刺胞动物门和绿藻门为夏末至秋季的优势门。Telonema sp. 为春末优势属 (50.53%), 扁藻属为夏初 (30.11%) 和秋初 (41.34%) 的优势属, Junceella sp. 在夏末及秋季前中期均有较高相对丰度。杯鞭虫属 (Bicosoeca sp.)、尖毛虫属 (Oxytricha sp.) 和壳虫属 (Tintinnidium sp.) 为共生网络中的关键节点, 与其他真核微生物间具有显著负相关。RDA 分析表明, 真核微生物群落结构的季相分布受不同水质指标的调控且差异显著。本研究结果将为了了解水源水库中的真核微生物群落结构动态变化及其与水环境的关系提供科学依据。

关键词: 水源水库; 真核微生物; 高通量测序; 网络关系响应; 种群季相演替

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)12-5804-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202104301

Seasonal Variation Characteristics of Eukaryotic Microbial Community Composition in the Source Water Reservoir

ZHANG Hai-han, HUANG Xin, HUANG Ting-lin, LIU Kai-wen, MA Man-li, LIU Xiang, MIAO Yu-tian, ZONG Rong-rong

(Key Laboratory of Northwest Water Resource, Environment and Ecology, Ministry of Education, Shaanxi Key Laboratory of Environmental Engineering, School of Environmental and Municipal Engineering, Xi'an University of Architecture and Technology, Xi'an 710055, China)

Abstract: Eukaryotic micro-organisms occur extensively in the aquatic environment and play an important role in ecological functions. Therefore, revealing the succession of their communities and its driving factors is of great significance in studying the energy flow and material circulation of the water ecosystem. However, little research is available on the seasonal succession characteristics of the eukaryotic microbial community in source water reservoirs. In this study, the seasonal variation in eukaryotic community structure and its response to water quality factors were explored by monitoring the water quality of the Lijiahe Reservoir, using high-throughput sequencing technology and symbiotic network analysis. The results showed that the pH of the Lijiahe Reservoir ranged from $(7.49 \pm 0.13) \sim (9.26 \pm 0.14)$, the lowest value of $\rho(\text{DO})$ was $(7.80 \pm 0.33) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, and the highest value of $\rho(\text{NH}_4^+ - \text{N})$ was $(0.31 \pm 0.01) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. The water quality of the Lijiahe Reservoir as a whole was in accordance with the Class II surface water standard. The Shannon index and the Chao1 richness index of the eukaryotic microbial community during the summer were significantly higher than those in spring and autumn. Arthropoda was the dominant category from late spring to mid-summer. The dominant species from late summer to autumn were members of Cnidaria and Chlorophyta. Telonema sp. was the dominant genus in late spring (50.53%) and Tetraselmis was the dominant genus in early summer (30.11%) and early autumn (41.34%). Junceella sp. had a high relative abundance in late summer and early and middle autumn. Bicosoeca sp., Oxytricha sp., and Tintinnidium sp., as key nodes, were strongly and negatively correlated with other eukaryotes. Redundancy analysis (RDA) of the eukaryotic microbial population and water quality showed that the seasonal distribution of eukaryotic microbial community structure was regulated by different water quality indexes, and there were significant differences. The results of this study will provide a scientific foundation for understanding the dynamic changes in the structure of eukaryotic microbial communities and their response to water environments in source water reservoirs.

Key words: source water reservoir; eukaryotic microorganism; high-throughput sequencing; network response relationship; community seasonal succession

水库具有特殊的水文和生态学特征, 其生态系统状态的变化可能威胁到生物多样性, 同时对居民用水安全造成重大影响^[1,2]。在水库运行过程中, 营养物质持续地在流速相对较缓的入库水体的携带下进入水库, 并在库区中滞留、沉降及富集, 最终导致水体富营养化^[3]。近年来, 水库面临的富营养化风险日益严重, 如三峡水库^[4]、广西大龙洞水库^[5]和湖北陆水水库^[6]、俄罗斯 Ivankovo 水库^[7]、美国 Eagle Creek 水库^[8]和巴西 Funil 水库^[9]等均表现为富营养化状态。城市用水主要来源为水库, 如果不对

水库富营养化过程加以干预、控制, 将给自来水厂及居民用水安全等造成难以估量的危害。因此, 密切监测水库水质变化, 对其生态系统演变特征进行探究迫在眉睫。

在对水库系统中的营养物质处理机制研究中, 浮游微生物常被认为是元素及营养物质转移的主要

收稿日期: 2021-04-27; 修订日期: 2021-05-28

基金项目: 国家自然科学基金项目 (51979217, 51978561)

作者简介: 张海涵 (1981 ~), 男, 博士, 教授, 主要研究方向为水库功能微生物, E-mail: zhanghaihan@xauat.edu.cn

参与者,同时被视为能量流动的重要贡献者^[10~12].在以往的研究中,研究者主要对水库中的细菌群落进行了广泛且深入地探究^[2,5,9,13,14].但是浮游微生物在生态功能中的作用不仅归因于细菌群落,还归因于微生物生态系统的其他组成部分,如真核微生物群落^[1,15].有研究表明,真核微生物是水生食物网的关键组成部分,具有重要的生态功能,其既是有机质的生产者,也是细菌生物量的主要消费者^[16,17].淡水生态系统中真核微生物群落的动态变化与环境变量密切相关^[18],并且有研究发现富营养化水域的物种多样性较少^[19].有研究发现,真核微生物分布广泛且种类繁多,对维持生态平衡和促进水生生态系统中的物质及能量循环至关重要^[15].但是与细菌等原核微生物相比,饮用水水库中真核微生物的群落组成和动态研究相对较少^[1].对水库真核微生物群落组成进行研究,了解其在水库中的分布特征及其在水库生态系统中的作用,对保护和维持水库生态系统的平衡具有重要意义^[20].

目前,对水体中的真核微生物的研究主要通过显微镜观察,但是这种方法不仅受到采样条件和保存技术的限制,而且在鉴定物种类别时也存在很大的误差^[20].随着高通量测序技术的出现和发展,可以更为高效快速地获取特定的 DNA 片段,并且得到更全面地群落组成^[21],更准确地评估真核微生物多样性.因此,高通量测序被广泛地应用于水体中真核微生物群落结构,进化关系以及真核微生物与环境之间相关性的研究中^[20,22],以探究真核微生物的群落组成,分布特征和影响因素^[23,24].Keck 等^[25]的研究利用高通量测序技术对 48 个湖泊中真核微生物群落进行对比发现,其群落组成存在显著的差异,并且在全球范围内,偏远的高海拔湖泊受当地人类活动的影响小于低海拔湖泊,同时研究表明人类活动的变化有利于光营养型和混合营养型物种的生态位竞争.Reich 等^[24]的研究发现,原位海水和 pH 降低调整后的海水中真菌群落结构和多样性存在显著差异,主要表现为优势群落间的丰度变化;同时在 pH 值较低的海水中,微生物群落中占主导地位的一些真菌是已知的病原真菌.共生网络分析方法是一种强大的生物信息分析技术,已广泛应用于探索水库^[26]、湖泊^[27]和海洋环境^[28]中微生物群落间复杂的相互作用关系.Yan 等^[1]的研究利用共生网络分析发现金盆水库中真核生物对浮游植物群落动态结构的变化具有一定响应,同时两者之间可能存在拮抗或互惠关系.Zheng 等^[20]的研究通过共生网络分析发现丹江口水库真核生物群落中的关键类群及其影响其结构的关键水质因子.但是,关于水源水库真核

微生物群落季相演替特征和驱动因素的研究却鲜见报道.

鉴于此,本文采用高通量测序技术,以陕西省西安市李家河水库为研究对象,在对水库水质跟踪监测基础上,通过调查研究李家河水库真核微生物群落结构组成和水质理化条件变化,结合共生网络分析对不同真核微生物种群间的共生与相互作用,及其与水质因子间的响应关系进行解析,明确了真核微生物的群落结构季相演替特征和驱动因素.具体研究如下:①探明李家河水库中的主要水质参数的变化;②通过高通量测序技术研究真核微生物群落结构的季相演替规律;③通过共生网络分析和多元数据统计方法解析真核微生物不同种群间的复杂联系及影响其群落结构的驱动因素,以期研究水生生态系统中的真核微生物和环境变量提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

李家河水库位于陕西省西安市蓝田县南面辋川镇境内,距离县城大约 19 km,库区位于 33°58'30"~33°59'41"N, 109°23'36"~109°24'36"E 之间.该水库于 2015 年运行,是一座以向西安市浐河以东区域供水为主,兼具发电和防洪功能的水库,总库容 5 690 万 m³^[13].随李家河水库的持续运行,该水库面临着富营养化的潜在风险^[29].

1.2 样品采集及水质分析

本研究在李家河水库设置 S1 (33°59'28"N; 109°23'46"E)、S2 (33°59'17"N; 109°24'00"E) 和 S3 (33°59'34"N; 109°23'55"E),共 3 个采样点.采样工作进行于 2020 年 5 月至 2020 年 10 月期间,每月于采样日下午 2 时~6 时在各采样点 2 m 深度处采集水样 2.5 L,用于部分水质参数总氮(TN)、总磷(TP)、氨氮(NH₄⁺-N)、硝氮(NO₃⁻-N)、总溶解性有机碳(DOC)、铁(Fe)、锰(Mn)和叶绿素 a(Chl-a)的测定以及真核微生物群落结构高通量测序.温度(*T*)、pH、溶解氧(DO)、电导率(conductivity, Cond)和浊度(turbidity, Tur)使用 Hydro-lab DS5 型(HACH, USA)多参数水质分析仪进行原位测定^[2].水质参数均参照文献[30]进行测定,所有水质参数分析在 48 h 内完成(*n* = 3).

1.3 水体真核微生物群落结构分析

1.3.1 水体微生物总 DNA 提取

水样(1 L)用已灭菌的 0.22 μm 聚碳酸酯膜(Millipore, 美国)过滤,用于真核微生物的富集^[1].将滤后膜粉碎并转移至已灭菌的 50 mL 离心管中,置于低温冰箱(-20℃)保存.样品中的总 DNA 通

过 DNA 提取试剂盒 (Water DNA Kit, Omega, 美国) 提取^[20], 而后使用 Nano Drop 2000 (Thermo Scientific, 美国) 确定其浓度和纯度^[14].

1.3.2 真核微生物高通量 DNA 测序

利用真核微生物特异性引物 1380F_1510R 扩增真核微生物 18S rRNA 基因的高变区 V9 区, 从不同样品中获得目标 DNA 序列^[31], 每个样本进行 3 次重复. PCR 扩增^[20] 采用 TRAGEN AP221-02, TransStart Fastpfu DNA 聚合酶体系, 混合液 (20 μL) 由 $5 \times$ 反应缓冲液 (4 μL)、2.5 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs (2 μL)、5 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 正向引物和反向引物 (0.8 μL)、快速 Pfu DNA 聚合酶 (0.4 μL)、BSA (0.2 μL)、模板 DNA (10 ng) 和 ddH₂O 组成; PCR 反应包括 95 $^{\circ}\text{C}$ 下初始变性 3 min, 95 $^{\circ}\text{C}$ 下变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 45 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min, 共 35 个循环. 通过 Illumina MiSeq PE300 (Illumina, 美国) 测序平台对真核微生物群落结构组成进行分析^[26], 测序工作在上海凌恩生物有限公司进行.

本研究中所有水样中真核微生物 18S rRNA 基因测序结果均已上传至 NCBI-SRA (美国国立生物技术信息中心) 数据库中 (网址: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), 编号为 SRP297316 和 SRP309745.

1.4 数据分析与处理

使用 Excel 2019 对本研究中所有数据进行初步梳理. 水质参数时间变化单因素方差分析 (One-way ANOVA) 使用软件 SPSS (version 24.0) 进行处理, 显著性水平的参数选取 0.05, 并进行 Tukey HSD 事后检验. 在 QIIME 2 (微生物生态学定量分析, version 1.9.1) 中将小于 50 bp 的真核微生物序列读数进行过滤预处理, 然后将相似性较高 ($\geq 97\%$) 的序列归为一个 OTU 分类单元^[26]. 使用 MOTHUR 软件进行真核微生物种群多样性计算. 分别使用 Circos 网站在线绘图功能 (<http://circos.ca/>) 和 R 语言绘制热图 (Heatmap) 对研究期间真核微生物种群门水平和属水平上的相对丰度变化情况进行可视化表达. 为了更直观深入地探明不同真核微生物之间的互作规律以及其同各水质指标之间的变化响应关系, 本研究将使用 Gephi 软件 (version 0.9.2) 对藻类和各水质指标绘制共生网络图, 参数设置为 $P < 0.05$, $|R| > 0.8$ ^[28]. 此外利用 CANOCO 4.5 软件对真核微生物与水质因子的关系进行 RDA 分析.

2 结果与讨论

2.1 李家河水库水质理化特性分析

本研究期间李家河水库各水质参数随时间动态变化情况如表 1 所示, 从春末 5 月至夏初 6 月水温

大幅上升, 而后在整个夏季 (6 月 ~ 8 月) 及秋初 9 月保持相对较高水平, 并在 8 月达到最高水温 (20.35 ± 0.64) $^{\circ}\text{C}$, 而后进入秋季开始呈下降趋势. DO 随着水温的上升呈现相反的变化趋势, 在夏季含量较低, 而在水温较低的春末及秋初的水体中具有较高的含量. Diaz 等^[32] 的研究表明, 溶解氧浓度可以反映水质的污染程度, 特别是与有机物含量有关的污染程度, 是衡量水质的重要指标. $\rho(\text{NH}_4^+-\text{N})$ 在夏初达到最高值 (0.31 ± 0.01) $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 在 7 月降到 (0.12 ± 0.02) $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 随后在夏末及秋季保持相对稳定. $\rho(\text{TN})$ 和 $\rho(\text{NO}_3^--\text{N})$ 均在春末 5 月达到最高值, 分别为 (3.09 ± 0.17) $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 (2.58 ± 0.31) $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 进入夏初两者均有较为明显的下降, 而后在 7 月上升; 同一时期 Chl-a 表现出相反变化趋势, 可能是因为藻类的增殖与消亡对水体中氮的利用与释放有关. $\rho(\text{TP})$ 在整个研究期间变化不大, 最高出现在秋初 9 月 (0.11 ± 0.02) $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$. $\rho(\text{Fe})$ 和 $\rho(\text{Mn})$ 均小于集中式生活饮用水地表水源地标准限值, 其中 $\rho(\text{Fe})$ 整体呈现先上升后下降趋势, 在 7 月达到最高值 (0.16 ± 0.01) $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 有研究表明较高的水中铁浓度可促进藻类水华的增殖^[33], 而藻类与真核微生物之间存在着密切的相互作用^[1], 而 $\rho(\text{Mn})$ 在研究期间变化不大. 浊度在整个研究期间处于较低水平, 7 月与 10 月的高浊度值主要是因为 7 月与 10 月采样期间李家河水库受到日径流输入的影响, 故其剧烈变化与径流的输入有密切的关联^[34]. 总体来说, 根据“地表水环境质量标准” (GB 3838-2002), 本研究期间李家河水库的 pH 符合地表水环境质量标准; DO 值均符合地表水年度 I 类标准; $\rho(\text{NH}_4^+-\text{N})$ 符合地表水 II 类标准, 而 $\rho(\text{TP})$ 和 $\rho(\text{TP})$ 偏高. 本研究期间监测结果显示, 李家河水库水质整体较为良好, 与以往研究的结果一致^[2,13].

2.2 真核微生物季相演替特征

2.2.1 多样性指数分析

在本研究中, 通过采用 α 多样性分析, 对李家河水库不同时期的真核微生物群落结构组成动态变化进行表征, 包括物种丰富度指数 (Chao1), Shannon 多样性指数 (H') 和 Simpson 多样性指数 (D). 对李家河水库 3 个采样点样品测序后, 共获 97% 相似水平及以上的 OTUs 有 3 230 个, 且对真核微生物群落覆盖率达到 99% (表 2). OTU 的最大值 612 出现于夏季 8 月, 而在夏初 6 月时, OTU 数达到全年最小值 464. 同时可以发现, 本研究中的 OTU 值于夏季整体较春秋季节高. 对研究期间 3 个采样点样品测序结果进行分析, 表 2 显示, 3 个采样点的 Chao1、

Shannon 和 Simpson 指数均值均在研究周期内差异性表现较为明显. 其中, Chao1 丰富度指数在春季整体表现最低, 其次为秋季, 表明李家河水库在夏季的真核微生物群落丰富度高于春秋季节, 秋季真核微生物群落丰富度又高于春季. 此外, 还可以从表 2 中发现研究期间每月对应的真核微生物群落 OTU 值均低于 Chao1 丰富度指数, 表明在李家河水库中

存在许多未知真核微生物序列^[18]. Shannon 和 Simpson 指数的最大值分别出现于 8 月(4.14)和 10 月(0.349), 而两者最小值分别出现于 10 月(2.35)和 6 月(0.056), 表明李家河水库真核微生物群落多样性在 6 月和 8 月达到最大, 而在 10 月时多样性最小. 综上所述, 李家河水库真核微生物群落丰富度和多样性均表现出夏季高于春秋季节.

表 1 李家河水库水质参数变化特征¹⁾

项目	月份						One-Way ANOVA
	5	6	7	8	9	10	
$\rho(\text{NH}_4^+-\text{N})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.15±0.06	0.31±0.01	0.12±0.02	0.17±0.03	0.16±0.03	0.16±0.01	***
$\rho(\text{NO}_3^--\text{N})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	2.58±0.31	1.67±0.18	2.03±0.05	2.03±0.08	2.03±0.03	2.08±0.01	***
$\rho(\text{TN})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	3.09±0.17	2.55±0.07	2.60±0.10	2.23±0.14	2.71±0.19	2.29±0.10	***
$\rho(\text{TP})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.06±0.01	0.04±0.01	0.06±0.01	0.05±0.00	0.11±0.02	0.04±0.01	***
$\rho(\text{DOC})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	3.15±0.11	3.19±0.17	3.92±0.08	3.62±0.08	4.92±0.04	3.14±0.07	***
$\rho(\text{Fe})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.01±0.01	0.06±0.01	0.16±0.01	0.11±0.01	0.01±0.01	0.04±0.01	***
$\rho(\text{Mn})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.01±0.01	0.02±0.00	0.01±0.00	0.03±0.00	0.01±0.00	0.02±0.01	***
$T/^\circ\text{C}$	13.39±0.75	19.74±0.14	19.79±0.57	20.35±0.64	20.16±0.04	16.47±0.04	***
pH	8.54±0.01	9.26±0.14	8.93±0.04	8.30±0.20	7.49±0.13	7.72±0.04	***
Tur/NTU	3.93±0.84	2.40±0.35	15.76±0.68	2.97±0.45	4.47±1.17	25.13±16.08	**
Cond/ $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$	231.67±0.58	231.00±2.00	239.67±2.52	201.33±1.53	228.67±0.58	226.33±0.58	***
$\rho(\text{DO})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	11.10±0.23	9.64±0.29	8.18±0.11	8.03±0.23	7.80±0.33	8.63±0.08	***
$\rho(\text{Chl-a})/\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$	7.42±0.35	13.60±0.36	11.16±0.90	5.57±0.34	5.61±0.24	3.25±0.13	***

1) 表中值为平均值±标准偏差(n=3); 使用单因素方差分析, 其中*表示P<0.05, **表示P<0.01, ***表示P<0.001

表 2 李家河水库真核微生物群落多样性指数分析¹⁾

月份	OTUs	97% 相似度水平			
		Chao1 指数	Shannon 指数(H')	Simpson 指数(D)	覆盖率/%
5	517	589 (560, 635)	3.37 (3.35, 3.39)	0.102 (0.100, 0.104)	99
6	464	564 (526, 626)	3.86 (3.84, 3.88)	0.056 (0.055, 0.057)	99
7	587	674 (642, 725)	2.89 (2.87, 2.91)	0.277 (0.273, 0.281)	99
8	612	738 (695, 802)	4.14 (4.11, 4.17)	0.093 (0.089, 0.098)	99
9	533	614 (584, 661)	3.65 (3.62, 3.68)	0.095 (0.092, 0.098)	99
10	517	616 (582, 669)	2.35 (2.33, 2.37)	0.349 (0.344, 0.354)	99

1) 括号外表示平均值, 括号内分别表示(最小值, 最大值)

2.2.2 真核微生物门水平群落结构特征

李家河水库研究期间, 对真核微生物群落门水平选取 OTU 相对丰度的前 19 具有代表性的物种进行 Circos 分析. 如图 1 所示, 真核微生物群落相对丰度在门水平上有明显季相的变化. 从中可以发现, 真核生物物种丰度在夏季时整体高于春秋季节. 在春末 5 月相对优势真核微生物为 Kathablepharidae 和节肢动物门(Arthropoda), 两者之和达到了 54.30%, 其次为褐藻门(Ochrophyta)和 Rigiifilida 分别占比 10.81% 和 9.49%. 夏初 6 月, 节肢动物门(Arthropoda)继续保持其相对丰度优势(23.84%), 同时为优势物种的是纤毛门(Ciliophora, 25.21%)和 Phragmoplastophyta(17.65%). 有研究表明, 纤毛虫是细菌捕食者之一^[19], 同时与藻类间存在共生关

系^[35], 说明纤毛虫不仅与环境因素有关, 还受到生物因素的影响. 到达 7 月后, 节肢动物门(Arthropoda)成为该月绝对优势物种, 占比达到了 60.81%, 而后进入 8 月衰减至 2.83%. 王昱等^[36]的研究发现节肢动物为底栖动物群落中的重要类群, 并在水质为清洁~轻污染情况下为优势类群. 从夏末 8 月至秋季, 李家河水库水体中的真核微生物种群结构发生了改变, 其中较为显著的是节肢动物门(Arthropoda)不再是优势门类, 而刺胞动物门(Cnidaria)、Others 和绿藻门(Chlorophyta)成为新的优势门类, 其中 Others 在 8 至 10 月占比逐月下降, 刺胞动物门(Cnidaria)在秋季 10 月成为绝对优势门类(77.27%), 绿藻门(Chlorophyta)则是在 9 月成为优势门类(45.79%). 研究表明, 刺胞动物门

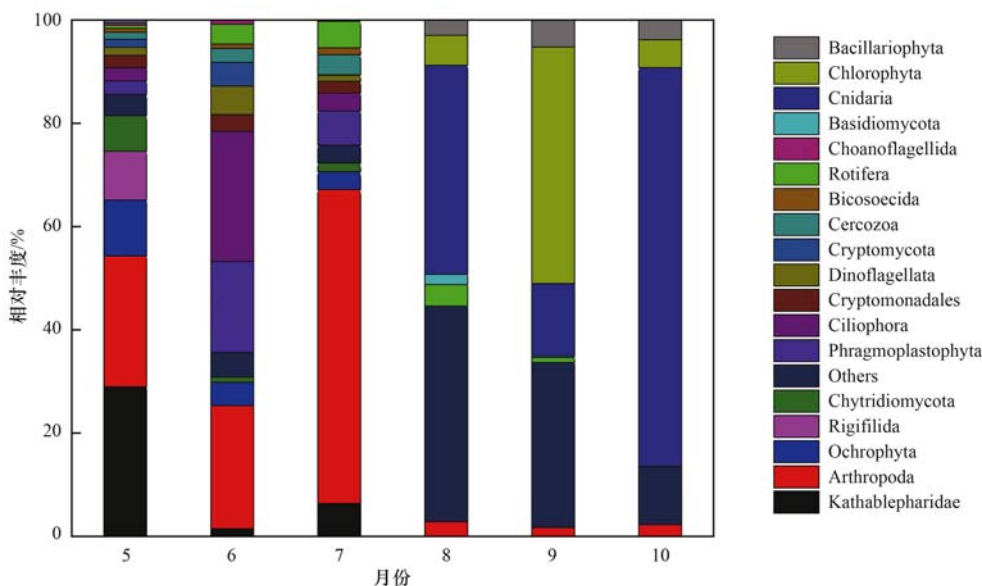


图 1 基于 18S rRNA 基因测序的真核微生物群落结构组成

Fig. 1 Eukaryotic microbial community compositions based on 18S rRNA gene sequencing

(Cnidaria) 组成和丰度在时间上的变化是常见的,可能是由局部尺度上的生物因素引起,例如藻类的结构复杂性^[37],藻类衰亡以及与附生藻类或其他种类的水生动物对底物的竞争^[38,39].

2.2.3 真核微生物属水平群落结构特征

采用热图(Heatmap)对李家河水库研究期间真核微生物属水平的群落结构变化(选取前 29 具有代表性的丰度物种)进行表征,如图 2 所示.随着时间的推移,李家河水库真核生物群落组成在属水平上表现出明显的多样性和差异性.在春季末 5 月, *Telonema* sp. 出现并在当月表现为绝对优势,其相对丰度为 50.53%. *Telonema* sp. 在海洋环境中被广泛地报道^[40], Lefèvre 等^[41]的研究通过高通量测序首次在淡水环境中发现它的存在.进入夏季后,初期 6 月扁藻属(*Tetraselmis* sp.)和隐核虫属(*Cryptocaryon* sp.)为最丰富的属类,占比分别为 30.11% 和 24.23%,另一具有较高相对丰度的属类为 *Phascolodon* sp.,其占比为 10.15%,其余属类相对丰度占比均低于 10%.扁藻属多见于海洋环境,但是也有一些淡水种, Hu 等^[4]对三峡地区真核浮游植物时空演替规律的研究发现,扁藻属在夏季为优势属类,并且有潜在的藻华暴发风险.隐核虫属是一种常见的鱼类寄生虫^[42],其在夏季的大量繁殖可能与鱼类产卵繁殖有关.鱼鳞藻属(*Mallomonas* sp., 20%)、隐藻属(*Cryptomonas* sp., 15.79%)、杯鞭虫属(*Bicosoeca* sp., 15.79%)、*Poteriospumella* sp. (10.66%) 和隐核虫属(*Cryptocaryon* sp., 10.26%) 在夏季中期 7 月成为相对丰度较高的属类. Maznah 等^[43]的研究表明,鱼鳞藻属为水体水质朝不良状态

发展的潜在指标.隐藻属广泛存在于不同水体环境中,并且其没有明显的季节分布特异性^[4].但是由隐藻属大量繁殖引发的水华现象也有报道^[44].此外,有研究报道衣藻属和隐藻属在藻类群落中发挥着主导作用^[44,45].夏季末 8 月真核微生物优势属类为 *Junceella* sp., 占比高达 75.51%. 在秋初 9 月,扁

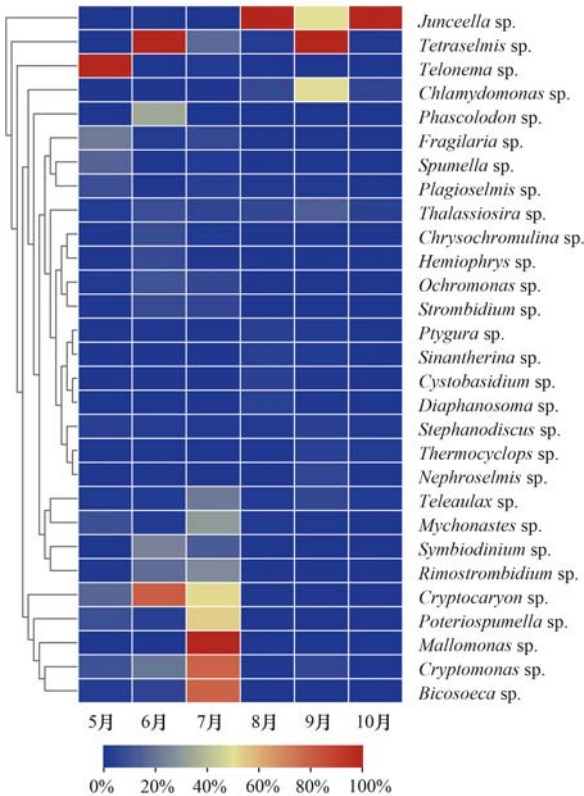


图 2 基于 18S rRNA 基因测序的真核微生物群落结构属水平热图分析

Fig. 2 Heatmap analysis of eukaryotic microbial community compositions at the genus level based on 18S rRNA gene sequencing

藻属 (*Tetraselmis* sp.), *Junceella* sp. 和衣藻属 (*Chlamydomonas* sp.) 为优势真核微生物属类, 占比分别为 41.34%, 20.55% 和 20.31%. 10 月 *Junceella* sp. 又重新成为绝对优势真核微生物属类, 占比高达 87.18%. 目前, 对于 *Junceella* sp. 在淡水环境中的生态学特性鲜有报道.

2.3 基于共生网络分析真核微生物互作关系

为探究真核微生物间的互作关系, 本研究采用共生网络分析技术对研究期间李家河水库相对丰度位于前 40 位的具有代表性的真核微生物属水平的物种进行物种间互作关系分析 (图 3). 该网络由 38 个节点及 312 条边组成. 不同颜色的节点代表不同的类群, 节点大小代表分类学丰度, 绿线代表负相关, 红线代表正相关, 线粗代表相关性的强度, 粗线表示相关性较强^[20]. 平均度大小与节点之间联系紧密性呈正相关, 本网络图 4 中平均度为 16.421, 表明李家河水库真核微生物之间的联系较为紧密. 所有的节点被划分为 3 个模块, 分别包含 13、17 和 8 个节点 (属), 模块是指一组彼此连接良好但与其他模块的 OTU 联系较少的 OTU, 在网络中, 同一模块中的大多数 OTU (节点) 具有密切的相关关系. 从图 3 中可以发现, 每个模块具有不同的组成特性, 在模

块 I 中真核微生物间主要以正相关关系为主, 而在模块 II 与模块 III 中则大多数为负相关关系. 同时也可以发现, 不同模块间也存在紧密的联系, 并以负相关关系为主. 正相关关系表明不同类群的真核微生物的生态位较为相似或彼此之间存在互利共生的关系, 而负相关则表明他们之间可能生态位不同或彼此之间存在竞争、拮抗的作用^[46]. *Phascolodon* sp. 仅与斜片藻属 (*Plagioselmis* sp.) 间出现负相关性 ($P < 0.01$), 说明两者间存在一定的捕食或者竞争关系, 与这两者类似的有亚历山大藻属 (*Alexandrium* sp.) 和弹跳虫属 (*Halteria* sp.). *Spumella* sp. 也仅与扁藻属 (*Tetraselmis* sp.) 存在负相关性 ($P < 0.01$), 不同的是其两者均为真核藻类, 两者之间可能存在着营养底物的竞争. 杯鞭虫属 (*Bicosoeca* sp.)、尖毛虫属 (*Oxytricha* sp.) 和壳虫属 (*Tintinnidium* sp.) 则表现出与其他真核微生物间强烈的相关性且以负相关性为主 ($P < 0.01$), 表明其对李家河水库真核微生物群落结构起着关键作用, 且在物种间多存在着竞争关系. 最近, Zheng 等^[20]通过共现网络分析对丹江口水库真核生物群落结构特征的研究发现, 群落结构随时空变化, 并且不同类群间的连通性较高. Xue 等^[26]的研究使用共现网络分析发现, 在亚热带水库中稀有类群和

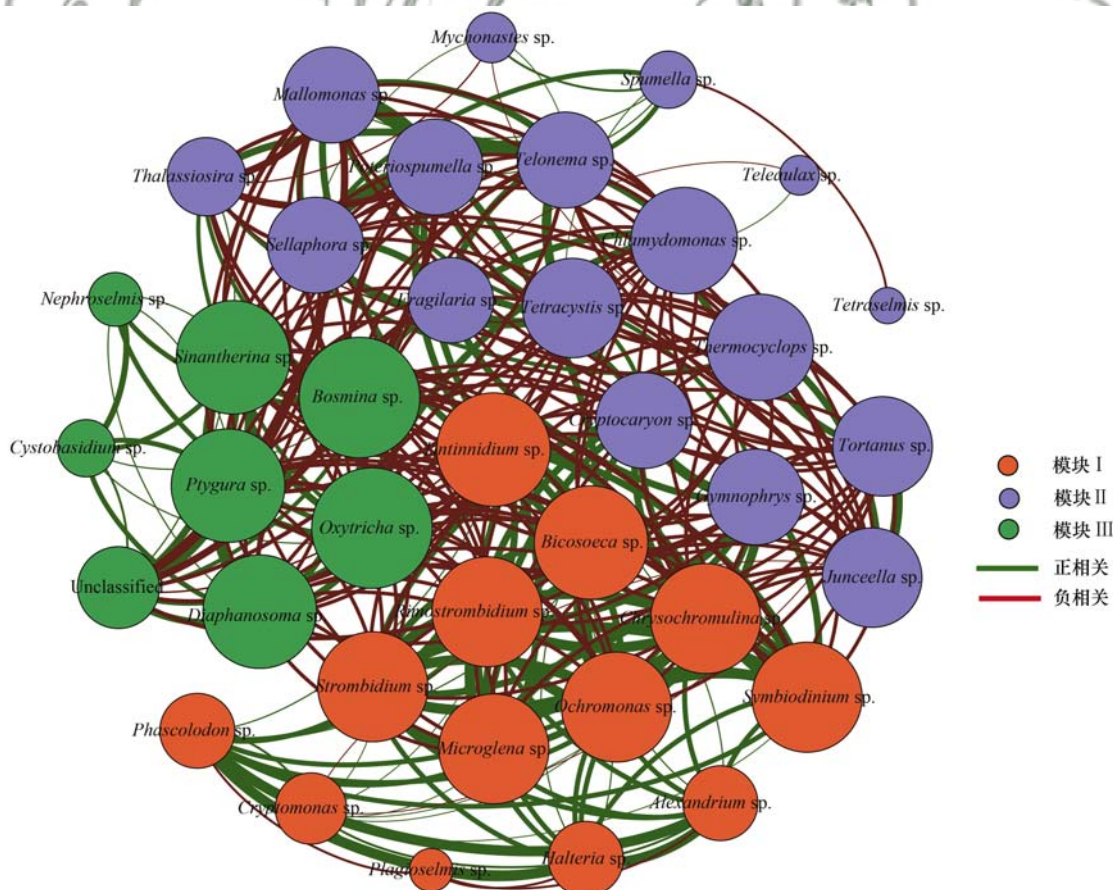


图 3 基于 18S rRNA 测序的真核微生物群落共生网络分析

Fig. 3 A co-occurrence network of eukaryotic microbial community based on 18S rRNA gene sequencing

非稀有类群的协同作用可能在维持真核微生物群落的稳定性和生态功能方面发挥重要作用。

2.4 真核微生物群落结构与水质的耦联关系

对真核微生物与水质进行网络分析,网络图4中共有46个节点,370条边。由图4可知,水质参数中,pH、Chl-a和电导率对真核微生物的影响较大,且pH和Chl-a对真核微生物的影响以正相关为主($P < 0.01$),而电导率主要呈现出与真核微生物的负相关性($P < 0.01$)。Chl-a与歪水蚤属(*Tortanus*

sp.)、隐核虫属(*Cryptocaryon* sp.)和挠足目温剑水蚤属(*Thermocyclops* sp.)存在负相关关系($P < 0.01$),表明这些真核动物可能与真核藻类间存在一定的竞争关系。同时可以发现,囊担菌属(*Cystobasidium* sp.)与水温呈现正相关性($P < 0.01$),Sen等^[47]的研究发现水温是影响其多样性的重要因素。此外,有研究表明,DO、Chl-a、水温、pH和电导率可能是影响浮游真核生物的主要因素^[48]。

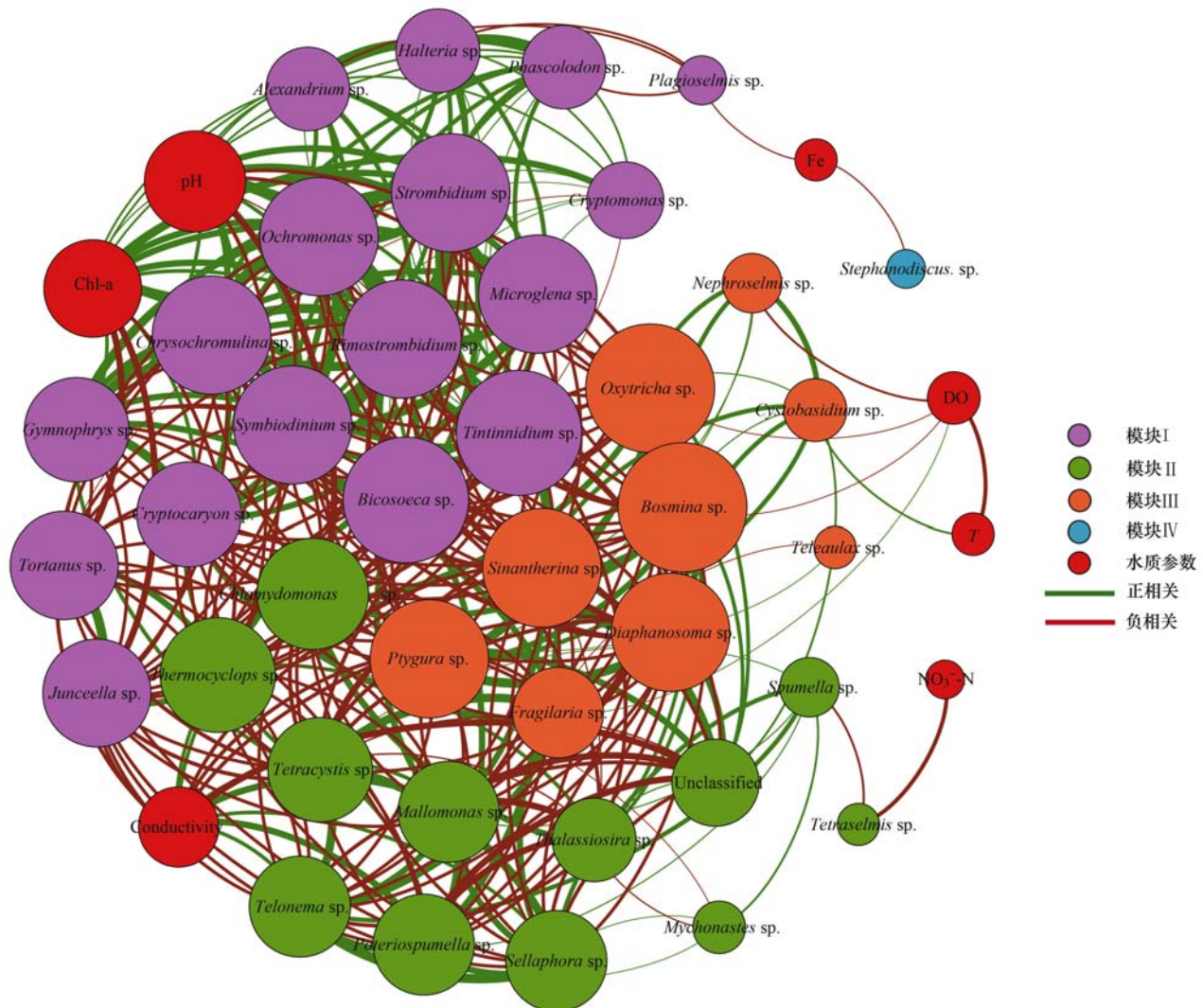


图4 基于18S rRNA测序的真核微生物群落与水质参数Network分析

Fig. 4 A co-occurrence network of the eukaryotic microbial community and water quality parameters based on 18S rRNA gene sequencing

对李家河水库真核微生物群落与水质关系进行冗余分析(RDA),结果表明(图5),在研究期间,李家河水库真核微生物群落结构受到不同水质的影响具有显著差异。水质共解释了真核微生物群落组成的86%的变异,其中RDA1解释了69.4%的变异,RDA2解释了16.6%的变异。从图5中可知,影响真核微生物群落结构最重要的决定因素依次为浊度、pH、DOC、TN、DO、TP、水温和电导率($P <$

0.05)。Chen等^[49]的研究发现,真核微生物群落结构主要与pH、DO和DOC浓度的变化有关,这与本研究的结果基本一致。不同时期,水质对真核微生物群落组成的影响也具有一定的差异,真核微生物群落结构组成在春季末及夏季主要受到TN、电导率、pH、DO和Mn浓度的影响($P < 0.05$),而在秋季TP、DOC、水温和浊度与其具有更为紧密的联系($P < 0.05$)。

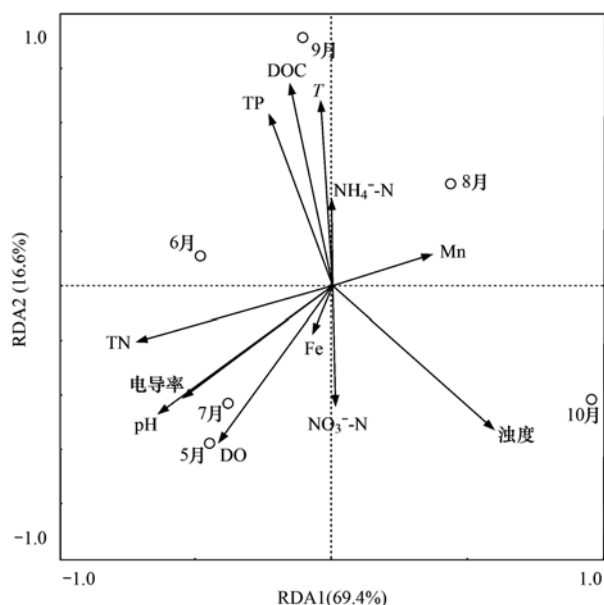


图5 李家河水库真核微生物群落与水质因子冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis of the eukaryotic community with the water quality of the Lijiahe Reservoir

3 结论

(1) 对研究期间李家河水库水质进行连续监测结果表明, 水库水质总体良好, pH 处于 $(7.49 \pm 0.13) \sim (9.26 \pm 0.14)$, $\rho(\text{DO})$ 最低为 $(7.80 \pm 0.33) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, $\rho(\text{NH}_4^+-\text{N})$ 最高为 $(0.31 \pm 0.01) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 整体符合 II 类地表水标准; $\rho(\text{Fe})$ 最高为 $(0.16 \pm 0.01) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, $\rho(\text{Mn})$ 最高为 $(0.03 \pm 0.00) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 两者均小于集中式生活饮用水地表水源地标准限值, 但总氮和总磷含量仍较高。

(2) 对高通量测序所获的 97% 相似水平及以上的 3 230 个 OTUs 进行多样性分析结果表明, OTU 值于夏季整体较春秋季节高, 多样性指数在研究期间呈现出较为显著的动态变化特征, 真核微生物群落 Chao1 丰富度指数和 Shannon 多样性指数 (H') 均表现出夏季高于春秋季节。

(3) 在门水平分析表明, 李家河水库真核生物群落组成具有一定的季节性差异。节肢动物门在春末至夏季中期为优势门类。此外, 纤毛门 (25.21%) 为夏初真核微生物优势门类。刺胞动物门和绿藻门为夏末至秋季优势门类, 而刺胞动物门为秋季绝对优势门类 (77.27%)。

(4) 李家河水库真核生物群落组成在属水平上表现出较门水平更为明显的多样性和时间差异性。Telonema sp. 为春末 5 月优势属类 (50.53%)。扁藻属 (30.11%) 为夏初 6 月优势属类。鱼鳞藻属 (20%) 在夏季中期 (7 月) 成为相对丰度较高的属类。Junceella sp. 在夏末 8 月及秋季前中期均有较高

相对丰度, 最高占比达 87.18%。扁藻属 (41.34%) 为 9 月优势属类。

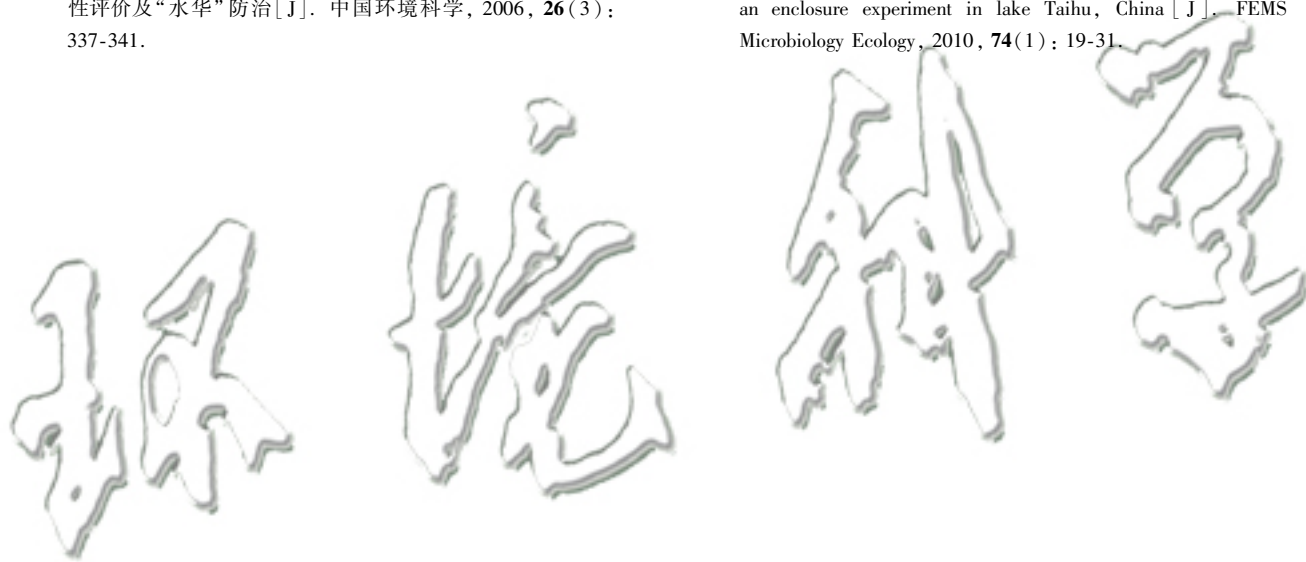
(5) 杯鞭虫属、尖毛虫属和壳虫属表现出与其他物种间存在强烈的相关性且以负相关性为主。RDA 分析表明, 真核微生物群落结构组成在春季末及夏季主要受到 TN、电导率、pH、DO 和 Mn 浓度的影响, 在秋季主要受到 TP、DOC、水温和浊度的影响。网络分析表明, 真核微生物多与 pH 和 Chl-a 呈现正相关关系, 与电导率呈负相关关系。

参考文献:

- [1] Yan M M, Chen S N, Huang T L, et al. Community compositions of phytoplankton and eukaryotes during the mixing periods of a drinking water reservoir: dynamics and interactions [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2020, 17(4), doi: 10.3390/ijerph17041128.
- [2] 闫苗苗, 张海涵, 黄廷林, 等. 分层型水库藻类季相演替的细菌种群驱动机制[J]. 环境科学, 2021, 42(1): 221-233. Yan M M, Zhang H H, Huang T L, et al. Mechanism of algal community dynamics driven by the seasonal water bacterial community in a stratified drinking water reservoir [J]. Environmental Science, 2021, 42(1): 221-233.
- [3] 卢金锁, 胡亚潘. 深水型水库藻类功能组时空演替及生境变化的影响[J]. 环境科学, 2013, 34(7): 2611-2617. Lu J S, Hu Y P. Spatiotemporal succession of algae functional groups and the influence of environment change in a deep-water reservoir [J]. Environmental Science, 2013, 34(7): 2611-2617.
- [4] Hu Y X, Liu X D, Xing W Y, et al. Marker gene analysis reveals the spatial and seasonal variations in the eukaryotic phytoplankton community composition in the Yangtze River, Three Gorges Reservoir, China [J]. Journal of Plankton Research, 2019, 41(6): 835-848.
- [5] 辛胜林, 梁月明, 彭文杰, 等. 亚热带典型岩溶水库细菌丰度和细菌生产力及其与环境因子的关系[J]. 环境科学, 2018, 39(12): 5647-5656. Xin S L, Liang Y M, Peng W J, et al. Relationship between the bacterial abundance and production with environmental factors in a subtropical karst reservoir [J]. Environmental Science, 2018, 39(12): 5647-5656.
- [6] Jiang Y G, Xiao P, Yu G L, et al. Revealing cryptic changes of cyanobacterial community structure in two eutrophic lakes using eDNA sequencing [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2020, 17(17), doi: 10.3390/ijerph17176356.
- [7] Kopylov A I, Kosolapov D B, Rybakova I V. Assessing the abundance, biomass, and production of heterotrophic bacteria in upper Volga reservoirs [J]. Water Resources, 2019, 46(1): 45-51.
- [8] Clercin N A, Druschel G K. Influence of environmental factors on the production of MIB and geosmin metabolites by bacteria in a eutrophic reservoir [J]. Water Resources Research, 2019, 55(7): 5413-5430.
- [9] Guedes I A, Rachid C T C C, Rangel L M, et al. Close link between harmful cyanobacterial dominance and associated bacterioplankton in a tropical eutrophic reservoir [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9, doi: 10.3389/fmicb.2018.00424.
- [10] Yang N, Li Y, Zhang W L, et al. Cascade dam impoundments restrain the trophic transfer efficiencies in benthic microbial food

- web[J]. *Water Research*, 2019, **170**, doi: 10.1016/j.watres.2019.115351.
- [11] Zubkov M V, Tarran G A. High bacterivory by the smallest phytoplankton in the North Atlantic Ocean[J]. *Nature*, 2008, **455**(7210): 224-226.
- [12] Caron D A. Inorganic nutrients, bacteria, and the microbial loop[J]. *Microbial Ecology*, 1994, **28**(2): 295-298.
- [13] 闫苗苗, 陈胜男, 黄廷林, 等. 分层型水库藻类垂直向演替的水质与细菌种群调控[J]. *环境科学*, 2020, **41**(7): 3285-3296.
- Yan M M, Chen S N, Huang T L, *et al.* Water quality and bacterial population driving mechanism of algae vertical succession in stratified reservoir[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(7): 3285-3296.
- [14] 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.
- [15] De Vargas C, Audic S, Henry N, *et al.* Eukaryotic plankton diversity in the sunlit ocean[J]. *Science*, 2015, **348**(6237), doi: 10.1126/science.1261605.
- [16] Liu L M, Liu M, Wilkinson D M, *et al.* DNA metabarcoding reveals that 200- μ m-size-fractionated filtering is unable to discriminate between planktonic microbial and large eukaryotes[J]. *Molecular Ecology Resources*, 2017, **17**(5): 991-1002.
- [17] Liu L M, Yang J, Yu Z, *et al.* The biogeography of abundant and rare bacterioplankton in the lakes and reservoirs of China[J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(9): 2068-2077.
- [18] 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.
- [19] Lefranc M, Th  not A, Lep  re C, *et al.* Genetic diversity of small eukaryotes in lakes differing by their trophic status[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(10): 5935-5942.
- [20] Zheng B H, Chen Z J, Li Y Y, *et al.* Structural characteristics and driving factors of the planktonic eukaryotic community in the Danjiangkou reservoir, China[J]. *Water*, 2020, **12**(12), doi: 10.3390/w12123499.
- [21] Van Dijk E L, Auger H, Jaszczyszyn Y, *et al.* Ten years of next-generation sequencing technology[J]. *Trends in Genetics*, 2014, **30**(9): 418-426.
- [22] McInnes A S, Laczka O F, Baker K G, *et al.* Live cell analysis at sea reveals divergent thermal performance between photosynthetic ocean microbial eukaryote populations[J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(5): 1374-1378.
- [23] Taylor J D, Cunliffe M. Multi-year assessment of coastal planktonic fungi reveals environmental drivers of diversity and abundance[J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(9): 2118-2128.
- [24] Reich M, Wichels A, Panzer K, *et al.* Impacts of a reduction in seawater pH mimicking ocean acidification on the structure and diversity of mycoplankton communities[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2017, **79**(3): 221-233.
- [25] Keck F, Millet L, Debroas D, *et al.* Assessing the response of micro-eukaryotic diversity to the Great Acceleration using lake sedimentary DNA[J]. *Nature Communications*, 2020, **11**(1), doi: 10.1038/S41467-020-17682-8.
- [26] Xue Y Y, Chen H H, Yang J R, *et al.* Distinct patterns and processes of abundant and rare eukaryotic plankton communities following a reservoir cyanobacterial bloom[J]. *The ISME Journal*, 2018, **12**(9): 2263-2277.
- [27] Chen S N, He H Y, Zong R R, *et al.* Geographical patterns of algal communities associated with different urban lakes in China[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2020, **17**(3), doi: 10.3390/ijerph17031009.
- [28] Wang Y, Zhang R, Zheng Q, *et al.* Bacterioplankton community resilience to ocean acidification; evidence from microbial network analysis[J]. *ICES Journal of Marine Science*, 2016, **73**(3): 865-875.
- [29] 温成成, 黄廷林, 李楠, 等. 人工强制混合充氧及诱导自然混合对水源水库水质改善效果分析[J]. *环境科学*, 2020, **41**(3): 1227-1235.
- Wen C C, Huang T L, Li N, *et al.* Effects of artificial destratification and induced-natural mixing on water quality improvement in a drinking water reservoir[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(3): 1227-1235.
- [30] 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.
- [31] Liu L M, Chen H H, Liu M, *et al.* Response of the eukaryotic plankton community to the cyanobacterial biomass cycle over 6 years in two subtropical reservoirs[J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(9): 2196-2208.
- [32] Diaz R J, Rosenberg R. Spreading dead zones and consequences for marine ecosystems[J]. *Science*, 2008, **321**(5891): 926-929.
- [33] Landa M, Blain S, Christaki U, *et al.* Shifts in bacterial community composition associated with increased carbon cycling in a mosaic of phytoplankton blooms[J]. *The ISME Journal*, 2015, **10**(1): 39-50.
- [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] Stoecker D K, Lavrentyev P J. Mixotrophic plankton in the polar seas: a pan-arctic review[J]. *Frontiers in Marine Science*, 2018, **5**, doi: 10.3389/fmars.2018.00292.
- [36] 王昱, 刘娟娟, 冯起, 等. 黑河流域底栖动物群落结构及水质评价[J]. *中国环境科学*, 2020, **40**(3): 1305-1319.
- Wang Y, Liu J J, Feng Q, *et al.* Macrobenthos community structure and water quality evaluation of Heihe river basin[J]. *China Environmental Science*, 2020, **40**(3): 1305-1319.
- [37] Fraschetti S, Terlizzi A, Bevilacqua S, *et al.* The distribution of hydroids (Cnidaria, Hydrozoa) from micro-to macro-scale: spatial patterns on habitat-forming algae[J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 2006, **339**(2): 148-158.
- [38] Boero F, Fresi E. Zonation and evolution of a rocky bottom hydroid community[J]. *Marine Ecology*, 1986, **7**(2): 123-150.
- [39] Cunha A F, Jacobucci G B. Seasonal variation of epiphytic hydroids (Cnidaria: Hydrozoa) associated to a subtropical sargassum cymosum (Phaeophyta: Fucales) bed[J]. *Zoologia (Curitiba)*, 2010, **27**(6): 945-955.
- [40] Klaveness D, Shalchian-Tabrizi K, Thomsen H A, *et al.* *Telonema antarcticum* sp. nov., a common marine phagotrophic flagellate[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2005, **55**(Pt 6): 2595-2604.
- [41] Lef  vre E, Roussel B, Amblard C, *et al.* The molecular diversity of freshwater picoeukaryotes reveals high occurrence of putative

- parasitoids in the plankton[J]. PLoS One, 2008, **3**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0002324.
- [42] Watanabe Y, How K H, Zenke K, *et al.* Stable and quantitative small-scale laboratory propagation of *Cryptocaryon irritans* [J]. MethodsX, 2020, **7**, doi: 10.1016/j.mex.2020.101000.
- [43] Maznah W O W, Makhloogh A. Water quality of tropical reservoir based on spatio-temporal variation in phytoplankton composition and physico-chemical analysis [J]. International Journal of Environmental Science and Technology, 2015, **12**(7): 2221-2232.
- [44] 黄亚男, 纪道斌, 龙良红, 等. 三峡库区典型支流春季特征及其水华优势种差异分析[J]. 长江流域资源与环境, 2017, **26**(3): 461-470.
Huang Y N, Ji D B, Long L H, *et al.* The variance analysis of characteristics and blooms of the typical tributaries of the Three Gorges Reservoir in spring[J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2017, **26**(3): 461-470.
- [45] 周广杰, 况琪军, 胡征宇, 等. 三峡库区四条支流藻类多样性评价及“水华”防治[J]. 中国环境科学, 2006, **26**(3): 337-341.
Zhou G J, Kuang Q J, Hu Z Y, *et al.* Assessment of algal diversity and water blooms prevention in four tributaries of Three Gorges Reservoir[J]. China Environmental Science, 2006, **26**(3): 337-341.
- [46] Hou F R, Zhang H J, Xie W J, *et al.* Co-occurrence patterns and assembly processes of microeukaryotic communities in an early-spring diatom bloom[J]. Science of the Total Environment, 2020, **711**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134624.
- [47] Sen K, Bai M H, Sen B, *et al.* Disentangling the structure and function of mycoplankton communities in the context of marine environmental heterogeneity [J]. Science of the Total Environment, 2021, **766**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142635.
- [48] Auld R R, Myktyczuk N C S, Leduc L G, *et al.* Seasonal variation in an acid mine drainage microbial community [J]. Canadian Journal of Microbiology, 2017, **63**(2): 137-152.
- [49] Chen M J, Chen F Z, Xing P, *et al.* Microbial eukaryotic community in response to *Microcystis* spp. bloom, as assessed by an enclosure experiment in lake Taihu, China [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2010, **74**(1): 19-31.



CONTENTS

Emission Reduction Potential of Air Pollutants of Thermal Power Industry Based on Carbon Emission Reduction Target and Emission Standard Constraint Scenarios	LI Hui, SUN Xue-li, PANG Bo, <i>et al.</i> (5563)
Volatile Organic Compounds in the Vehicle Repairing Industry of China: Emission, Management, Purification, and Policy	WANG Hai-lin, YANG Tao, NIE Lei, <i>et al.</i> (5574)
Pollutant Emission Inventory of Biomass Combustion Sources in Xining City	GAO Yu-zong, JI Ya-qin, LIN Zi, <i>et al.</i> (5585)
Analysis of Air Quality and Influencing Factors in Sichuan Basin During the COVID-19 Outbreak	CHEN Jun-hui, FENG Xiao-qiong, LI Yuan, <i>et al.</i> (5594)
Estimation of PM _{2.5} Concentration in Sichuan Province Based on Improved Linear Mixed Effect Model and Geo-intelligent Random Forest	WU Yu-hong, DU Ning, WANG Li, <i>et al.</i> (5602)
Characterization of Water-soluble Inorganic Ions in Atmospheric PM _{2.5} in Chengdu During the Later Stage of the Air Pollution Prevention and Control Action Plan	LI Jia-qi, ZHANG Jun-ke, DONG Gui-ming, <i>et al.</i> (5616)
Characteristics of Chemical Composition and Source Apportionment of Atmospheric Fine Particulate Matter in Luoyang	SUN Jia-bin, DONG Zhe, LI Li-ping, <i>et al.</i> (5624)
Characteristics and Main Influencing Factors of Black Carbon Aerosol in Beijing	CAO Yang, AN Xin-xin, LIU Bao-xian, <i>et al.</i> (5633)
Chemical Characteristics and Source Apportionment with Temporal Refinement for VOCs in Tianjin Suburb in Summer	WANG Yi-xuan, LIU Bao-shuang, WU Jian-hui, <i>et al.</i> (5644)
Pollution Characteristics and Reactivity of Volatile Organic Compounds in Shenyang	DU Han-bing, WANG Nan, REN Wan-hui, <i>et al.</i> (5656)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric SVOCs Around Typical Chemical Industry Zones	GE Xiang, WU Jian, GAO Song, <i>et al.</i> (5663)
Source Analysis and Health Risk Assessment of Toxic Volatile Organic Compounds in Nanjing in Summer and Winter	ZHANG Zi-jin, LIN Yu-chi, ZHANG Yu-xian, <i>et al.</i> (5673)
Emission Characteristics of Industrial VOCs Based on Emission Inventory and Field Test: A Case Zhengzhou High-tech Zone	REN He, LU Xuan, LIU Yang, <i>et al.</i> (5687)
VOCs Emission Characteristics of Water-based Architectural Coatings and the Influence on the Atmospheric Environment in China	GAO Mei-ping, WANG Hai-lin, LIU Wen-wen, <i>et al.</i> (5698)
WRF-Chem Simulations of the Impacts of Uncertainty in VOCs Emissions on Ozone Formation and Control Strategies	WANG Feng, WANG Jian-wei, YANG Ning, <i>et al.</i> (5713)
Spatial and Temporal Distribution of Ozone and Influencing Factors in Shandong Province	ZHANG Miao, DING Chun, LI Yan, <i>et al.</i> (5723)
Chemical Characteristics and Contaminant Sensitivity During the Typical Ozone Pollution Processes of Chengdu in 2020	QIAN Jun, XU Chen-xi, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i> (5736)
Development of an Emission Model for Oxygenated Volatile Organic Compounds from Gasoline Vehicles Based on the Online Measurement	HAO Yu-qi, YUAN Zi-bing, WANG Meng-lei, <i>et al.</i> (5747)
Dynamic Evolution Characteristics of Water Resources Utilization Efficiency in China Under the Constraint of Triple Attribute Carrying Capacity	ZHANG Kai, WU Feng-ping, CHENG Chang-chun (5757)
Prediction of Total Nitrogen Load in Yangtze River Basin	DING Zhao-wei, ZHENG Hua (5768)
Dynamic of Net Anthropogenic Nitrogen Inputs and Riverine Nitrogen Export in the Yangtze River Basin in 1980-2015	YAO Meng-ya, HU Min-peng, CHEN Ding-jiang (5777)
Characteristics of Water Environment and Spatial-temporal Distribution of Nitrogen and Phosphorus Load in the Yellow River	HAN Xu, PAN Bao-zhu, CHEN Yue, <i>et al.</i> (5786)
Analysis of Nitrate Pollution Sources Under Different Rainfall Conditions Based on $\delta^{15}\text{N}$ and $\delta^{18}\text{O}$ Values	XING Zi-kang, YU Zhong-bo, YI Peng, <i>et al.</i> (5796)
Seasonal Variation Characteristics of Eukaryotic Microbial Community Composition in the Source Water Reservoir	ZHANG Hai-han, HUANG Xin, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (5804)
Characteristics of Planktonic Bacteria Community Between Summer and Winter Surface Water in Dali Lake	LI Wen-bao, GUO Xin, ZHANG Bo-yao, <i>et al.</i> (5814)
Impacts of Wastewater Effluent Discharge on Bacteria Community and Water-soluble Organic Matter in Benthic Biofilm in Receiving River	WANG Yu-tao, FAN Chen-yang, ZHU Jin-xin, <i>et al.</i> (5826)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Typical POPs in Typical Drinking Water Sources in Wuhan	ZHANG Kun-feng, FU Qing, TU Xiang, <i>et al.</i> (5836)
Investigation on Fluoroquinolone Resistance Genes in the Intensive Aquaculture Area of Shatianhu Intensive Aquaculture Farm and Surrounding Waterbodies in Shanghai, China	XU Mu, LI Shi-hao, MA Jin, <i>et al.</i> (5848)
Influencing Factors of Nitrogen Removal from Low-Pollution Water by Aerated Constructed Wetland	LI Lin-lin, LI Rong-tao, KONG Wei-jing, <i>et al.</i> (5857)
Removal of Characteristic Pollutants in Livestock Wastewater by Horizontal Subsurface Flow Constructed Wetlands	ZHAO Wei, FAN Zeng-zeng, YANG Xin-ping (5865)
Improvement of Nitrogen and Phosphorus Adsorption and Stormwater Retention Capacity by Hardwood Biochar as an Additive Material in Filler Soil	MENG Yi-ke, WANG Yuan, WANG Chuan-yue, <i>et al.</i> (5876)
Removal of Ammonia Nitrogen from Polyvinyl Alcohol/Sodium Alginate Fixed Micron Zeolite Powder in Black and Smelly Rivers	WEI Chao, CHEN Tao, JIANG Qiao, <i>et al.</i> (5884)
Effect of Corn Stalk Biochar on the Adsorption of Aureomycin from Sierozem	NAN Zhi-jiang, JIANG Yu-feng, MAO Huan-huan, <i>et al.</i> (5896)
Microbial Degradation Potential and Transformation Pathway of Micropollutants in Sand Filters of Drinking Water Treatment Plants	ZHOU Jie, WANG Dong-lin, LIN Hui, <i>et al.</i> (5905)
Long-term Trends in Illicit Drugs Abuse in the City Assessed by Wastewater Analysis	CAO Yu, DONG Xiao-tang, SHAO Xue-ting, <i>et al.</i> (5912)
Stress and Post Effects of Azithromycin and Copper on Archaeal Community and ARGs in Activated Sludge	GAO Yu-xi, LI Xing, ZHAO Jun-ru, <i>et al.</i> (5921)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Soil Heavy Metals at Typical Smelting Industry Sites	LI Qiang, CAO Ying, HE Lian-sheng, <i>et al.</i> (5930)
Distribution and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons and Heavy Metals in Coking Sites in China	WANG Yao-feng, HE Lian-sheng, JIANG Deng-ling, <i>et al.</i> (5938)
Spatial Variation and Risk Assessment of Heavy Metals in Soils of Main <i>Torreya grandis</i> Plantation Region in Zhejiang Province	WANG Min, DONG Jia-qi, BAI Long-long, <i>et al.</i> (5949)
Investigations on the Derivation of Safe Maize-Producing Threshold of Soil Cd Content and on Classification of Cd Contaminated Maize-Producing Areas in Northern China	GUAN Wei-dou, GUO Di, WANG Ping, <i>et al.</i> (5958)
Relationship Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metal Contents in Soil Aggregates and in Crops Around a Typical Pb-Zn Mining Area	QIANG Yu, LI Ying-ju, LUO Qian, <i>et al.</i> (5967)
Heavy Metal Pollution and Cumulative Effect of Soil-crop Systems Around Typical Enterprises in Xiong'an New District	ZHOU Ya-long, WANG Qiao-lin, WANG Cheng-wen, <i>et al.</i> (5977)
Heavy Metal Accumulation Effect and Safe Planting Zoning of Soil and Rice in Tongren	ZHU Liang-liang, WU Yong, ZHOU Lang, <i>et al.</i> (5988)
Effect of Dry-Wet Alternation on the Immobilization of Arsenic in Red Soil by Cerium Manganese Modified Biochar	HUANG Xiao-ya, LI Lian-fang, ZHU Chang-xiong, <i>et al.</i> (5997)
Ammonium Nitrogen Fertilizer and Humic Acid Synergically Promote the Removal of Cd from Soil by <i>Tagetes patula</i> L.	WANG Bing-qing, YANG Qin, LI Hong-ying, <i>et al.</i> (6006)
Characteristics and Influencing Factors of the Dissolved Methane and Nitrous Oxide Concentrations and Emissions from a Rice Paddy Drainage River in China	WU Shuang, YANG Wei-tong, SHENG Yang-yue, <i>et al.</i> (6014)
Coupling Effects of Water-saving Irrigation and Controlled-release Fertilizer (CRF) Application on CH ₄ and N ₂ O Emission in Single Cropping Paddy Field	WANG Yong-ming, XU Yong-ji, JI Yang, <i>et al.</i> (6025)
Effects of Manure Combined Chemical Fertilizers on Soil N ₂ O Emission and Microbial Characteristics of Wheat Crop System in Northwest Arid	WANG Kai, SHI Lei, MA Long, <i>et al.</i> (6038)
Effects of Different Types of Straw Returning on the Bacterial Community, Organic Carbon Mineralization and Maize Yield in Upland Red Soil	KONG Pei-jun, ZHENG Jie, LUAN Lu, <i>et al.</i> (6047)
Effects of Nitrogen and Phosphorus Additions on Soil Microorganisms in Saline-alkaline Grassland	YANG Jian-qiang, DIAO Hua-jie, HU Shu-ya, <i>et al.</i> (6058)
Effects of Combined Application of Biochar with Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers on Nutrients and Phosphorus Forms in Purple Soils	XIANG Shu-jiang, YU Luo, XIONG Zi-yi, <i>et al.</i> (6067)
Effects of <i>Enteromorpha prolifera</i> Biochar and Wood Vinegar Co-application on Takyric Solonetz Improvement and Yield of Oil Sunflower	WANG Zheng, SUN Zhao-jun, Sameh El-Sawy, <i>et al.</i> (6078)