

目次

加速能源转型与产业结构调整的环境健康协同效益评估:以京津冀鲁地区为例	杨玺, 孙奕生, 常世彦, 李胜悦, 郑昊天, 王书肖, 张希良 (3627)
基于不同电力需求的中国减排降碳协同增效路径	向梦宇, 王深, 吕连宏, 张楠, 白梓函 (3637)
城市碳达峰碳中和行动评估方法与应用	张保留, 白梓函, 张楠, 吕连宏, 阳平坚 (3649)
基于可解释性机器学习的城市 O ₃ 驱动因素挖掘	董佳奇, 胡冬梅, 闫雨龙, 彭林, 张辉辉, 牛月圆, 段小琳 (3660)
基于响应曲面法的臭氧生成敏感性分析	朱禹寰, 陈冰, 张雅茹, 刘晓, 李光耀, 舍静, 陈强 (3669)
基于 WRF-CMAQ/ISAM 模型的榆林市夏季 O ₃ 来源解析	王伊凡, 仝纪龙, 陈羽翔, 林鑫, 刘永乐, 敖丛杰, 刘浩天 (3676)
基于轻量级梯度提升机的南京大气臭氧浓度预测	朱珈莹, 安俊琳, 冯悦政, 贺婕, 张玉欣, 王俊秀 (3685)
2022 年广东省冬季一次臭氧污染过程的气象成因及潜在源区分析	李婷苑, 陈靖扬, 龚宇, 沈劲 (3695)
夏季对流层臭氧辐射强迫对华北地区天气和空气质量的影响	杜楠, 陈磊, 廖宏, 朱佳, 李柯 (3705)
气象、本地光化学生成和外围传输对长沙市 2018~2020 年臭氧污染趋势变化影响的识别	杨俊, 杨雷峰, 丁华, 谢丹平, 刘妍妍, 余涛, 吕明, 袁自冰 (3715)
2000~2021 年成渝城市群 PM _{2.5} 时空变化及驱动机制多维探测	徐勇, 郭振东, 郑志威, 戴强玉, 赵纯, 黄雯婷 (3724)
基于 GTWR-XGBoost 模型的四川省 PM _{2.5} 小时浓度估算	吴迪, 杜宁, 王莉, 吴宇宏, 张少磊, 周彬, 张显云 (3738)
2013~2021 年邢台 PM _{2.5} 重污染过程输送和增长特性	江琪, 盛黎, 靳雨晨, 王继康, 尤媛, 王飞 (3749)
基于高分辨率在线观测数据分析上海市城区秋冬季大气有机气溶胶化学特征及污染来源	朱书慧 (3760)
机动车尾气碳质气溶胶排放因子及其稳定碳同位素特征	于鸣媛, 王谦, 付明亮, 戈畅, 谢峰, 曹芳, 章炎麟 (3771)
沈阳工业区夏季 VOCs 组成特征及其对二次污染形成的贡献	关璐, 苏枫枫, 库盈盈, 胡建林, 于兴娜 (3779)
疫情管控期间深圳市城区 VOCs 的变化特征及减排效果评估	云龙, 林楚雄, 李成柳, 邱志诚, 古添发, 李光程, 张明棣, 郭健锋 (3788)
西安市冬季道路扬尘中有机质组成特征及其氧化潜势	王擎雯, 陈庆彩, 王超, 王瑞鹤, 刘国瑞, 李豪, 李艳广 (3797)
淮北孙疃矿区地表尘中多环芳烃类化合物的污染特征及致癌风险评价	徐振鹏, 钱雅慧, 洪秀萍, 罗钟庚, 高秀龙, 梁汉东 (3809)
雄安建设初期白洋淀水质时空差异及其对降雨和土地利用的响应	王子铭, 杨丽虎, 宋献方 (3820)
流域尺度污染溯源模拟-优化防控方法:以铜陵市顺安河流域为例	刘国王辰, 陈磊, 李佳奇, 张钰晨, 赵奕欣, 刘妍琪, 沈珍瑶 (3835)
南昌市浅层地下水水质评价及监测指标优化	郑紫吟, 储小东, 徐金英, 马志飞 (3846)
闪电河流域“三水”氢氧同位素特征及水体转换分析	杨丽娜, 贾德彬, 高瑞忠, 苏文旭, 卢方园, 郝玉胜 (3855)
金沙江丰富类和稀有类浮游真核微生物的分布特征与影响因素	燕炳成, 崔戈, 孙胜浩, 王沛芳, 王超, 吴程, 陈娟 (3864)
嘉陵江不同干扰断面河道沉积物细菌群落多样性	竹兰萍, 张拓, 李佳宁, 王佳颖, 郭伟亮, 徐飞, 张富斌 (3872)
水库水深变化对不同浮游微生物群落及网络互作关键种的影响	王洵, 廖琴, 王沛芳, 袁秋生, 胡斌, 邢小蕾, 徐浩森 (3881)
典型工业区地下水细菌群落多样性特征与环境因子响应初探	吴建强, 张书源, 王敏, 陈敏, 叶文娟, 熊丽君, 黄沈发 (3892)
太湖流域肥料施用策略调整对典型作物系统氮磷流失的影响	俞映倬, 王逸之, 杨根, 杨林章, 段婧婧, 韩雪梅, 薛利红 (3902)
基于机器学习的长江流域农田氮径流流失负荷估算	张有福, 潘哲祺, 陈丁江 (3913)
千岛湖地区上梧溪流域地表径流非点源氮污染分类识别	俞珂, 严璇, 唐张轩, 张方方, 何圣嘉, 姜培坤 (3923)
沱江和涪江水系干支流氮磷营养盐的空间分布特征	李子阳, 周明华, 徐鹏, 陈露, 刘祥龙, 林洪羽, 江南, 任兵, 张博文 (3933)
外秦淮河底泥污染及疏浚效果	张沐, 任增谊, 张曼, 赵琼, 尹洪斌 (3945)
新污染物多环芳烃衍生物的来源、分布与光化学行为	葛林科, 王子宇, 曹胜凯, 车晓佳, 朱超, 张蓬, 马宏瑞 (3957)
镉砷在针铁矿界面共吸附的相互作用机制	苏子贤, 刘赛红, 管玉峰, 陶亮 (3970)
环糊精键合 Fe-TAML 催化剂的制备及其活化 H ₂ O ₂ 氧化水中有机微污染物	刘清泉, 蔡本哲, 蔡喜运 (3978)
Co(II) 活化过一硫酸盐降解氨基三甲膦酸的性能及反应机制	朱敬林, 汪舒 (3990)
微塑料诱导下污泥造粒潜能变化及微生物富集特征	谢晴帆, 俞楠, 张妮, 谢周云, 单珂欣, 吴亦馨, 唐力, 夏静芬, 杨国靖 (3997)
中国农田土壤 Cd 累积分布特征及概率风险评价	王静, 魏恒, 潘波 (4006)
渝东南典型地质高背景区土壤重金属来源解析及污染评价	蒋玉莲, 余京, 王锐, 王佳彬, 李瑜, 余飞, 张云逸 (4017)
基于 PMF 模型的农田土壤重金属源暴露风险综合评价:以浙江省某电子垃圾拆解区为例	方嘉, 何影, 黄乃涛, 支裕优, 傅伟军 (4027)
乌鲁木齐市郊农田土壤及农作物中多环芳烃的污染特征及风险评价	范悦, 曹双瑜, 艾力江·努尔拉, 于芸云江·吗米提敏, 阿不都艾尼·阿不里, 谢宣宣, 古丽斯坦·阿不都拉, 刘河疆 (4039)
荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因分布特征及驱动机制	黄福义, 周曙仡, 苏建强, 朱永官 (4052)
近 15 年我国土壤抗生素污染特征与生物修复研究进展	赵晓东, 乔青青, 秦宵睿, 李晓晶, 李永涛 (4059)
改性生物炭修复砷镉复合污染土壤研究进展	吕鹏, 李莲芳, 黄晓雅 (4077)
沼液还田对土壤-作物系统重金属累积的影响:Meta 分析	赵奇志, 杨志敏, 孔凡靖, 熊海灵, 朱康文, 陈玉成 (4091)
两种铁改性生物炭对微碱性砷镉污染土壤的修复效果	梁欣冉, 何丹, 郑墨华, 付庆灵, 胡红青, 朱俊 (4100)
秸秆离田对土壤 Cd 生物有效性及水稻 Cd 积累的影响	王子钰, 周航, 周坤华, 谭文韬, 蒋毅, 唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 曾鹏, 廖柏寒 (4109)
秸秆与脱硫石膏配施改良黄河三角洲盐碱地的理化性质	赵惠丽, 于金艺, 刘涛, 王丽, 赵英 (4119)
基于环境 DNA 的复合污染土壤生物评价和胁迫诊断	黄湘云, 钟文军, 刘训杰, 毕婉娟, 钱林皓, 张效伟 (4130)
地质高背景区土壤-玉米重金属综合质量评价	张传华, 王钟书, 刘力, 刘燕 (4142)
浙江省蔬菜生产系统重金属污染生态健康风险	张述敏, 刘翠玲, 杨桂玲, 邓美华 (4151)
生物炭配施磷肥对土壤养分、酶活性及紫花苜蓿养分吸收的影响	刘鑫裕, 王冬梅, 张泽洲, 张鹏, 樊桐桐 (4162)
低密度聚乙烯微塑料对空心菜生长和生理特征的影响	周颖, 蒋文婷, 刘训悦, 朱高荻, 唐荣贵, 章海波, 蔡延江 (4170)
沼液施用对麦茬口期土壤微生物群落结构特征及功能的影响	乔宇颖, 奚辉, 李娜, 陈喜靖, 沈阿林, 喻曼 (4179)
大同铅锌尾矿不同污染程度土壤细菌群落分析及生态功能特征	刘泽勋, 庄家尧, 刘超, 郑康, 陈玲 (4191)
马尾松采伐迹地火烧黑炭对土壤有机碳组分和碳转化酶活性的影响	姚智, 焦鹏宇, 吴晓生, 严强, 刘先, 胡亚林, 王玉哲 (4201)
《环境科学》征订启事(3648)	
《环境科学》征稿简则(3659)	
信息(3714, 4150, 4178)	

水库水深变化对不同浮游微生物群落及网络互作关键种的影响

王洵^{1,2}, 廖琴^{1,2}, 王沛芳^{1,2*}, 袁秋生^{1,2}, 胡斌^{1,2}, 邢小蕾^{1,2}, 徐浩森^{1,2}

(1. 河海大学浅水湖泊综合治理与资源开发教育部重点实验室, 南京 210098; 2. 河海大学环境学院, 南京 210098)

摘要: 为揭示水库水深变化对不同浮游微生物类群多样性及生态网络的影响, 于2021年在横山水库采集表层及深层水样, 利用16S和18S rDNA分子标记进行高通量测序, 探究水深变化对不同微生物类群群落结构、种间互作网络和关键种的影响机制。结果发现, 横山水库表层(0.5 m)和深层(5 m)中细菌群落多样性(Richness、Simpson、Shannon和Pielou's Evenness指数)均高于真核微生物群落。细菌群落不同水深处的主要优势物种为变形菌门、放线菌门和拟杆菌门, 其相对丰度在门水平上无明显差异; 真核微生物群落不同水深处群落组成基本相同, 但其相对丰度差异较大, 包括节肢动物门、纤毛门和淡色藻门等。此外, 表层水体微生物网络的图密度、平均聚类系数等均高于深层, 表明表层微生物物种间具有较强的关联性, 能够较好地传递物质、能量和信息, 且对外界变化的响应速度更快; 细菌群落分子生态网络节点和边的数量、关键物种数目和种类均高于真核微生物群落, 表明细菌群落网络规模更大, 种间协同合作关系和网络连通性更强。不同水深处的细菌群落和真核微生物群落间相互作用皆以正相关为主导, 两个类群在水库深层的负相关性均略高于表层, 表明深层物种间竞争大于表层物种间的竞争。此外, 表层水体中群落全物种及关键种变化的环境影响因子基本相同, 然而在深层水体中差异较大, 表明水深变化对关键种的影响机制与全物种并不相同。研究结果进一步揭示了水库建设对不同微生物群落稳定性和种间互作关系的影响, 可为预测水库微生物群落及物质循环变化提供理论依据。

关键词: 水库; 细菌; 真核微生物; 共现网络; 关键物种

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)07-3881-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202208191

Effects of Reservoir Water Depth on Different Plankton Communities and Keystone Species of Network Interaction

WANG Xun^{1,2}, LIAO Qin^{1,2}, WANG Pei-fang^{1,2*}, YUAN Qiu-sheng^{1,2}, HU Bin^{1,2}, XING Xiao-lei^{1,2}, XU Hao-sen^{1,2}

(1. Key Laboratory of Integrated Regulation and Resource Development on Shallow Lakes, Ministry of Education, Hohai University, Nanjing 210098, China; 2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China)

Abstract: In order to understand the impacts of the reservoir construction on the diversity and ecological network of different microbial communities, seven sampling sites were set up in the Hengshan Reservoir in 2021. Water samples were collected from the surface and bottom of the reservoir. After filtering and extracting total DNA samples, high-throughput sequencing was carried out based on 16S and 18S rDNA to investigate the response of community structure, molecular ecological network, and keystone species of different microbial groups to water environment changes. The results showed that the Richness, Simpson, Shannon, and Pielou's Evenness indices of bacterial community in the surface and bottom layers were higher than those in the eukaryote community. The dominant community of bacteria included Proteobacteria, Actinobacteria, and Bacteroidetes, and the eukaryote community included Arthropoda, Ciliophora, Ochrophyta, etc. Moreover, the density and average clustering coefficient of the microbial networks in the surface waters of different phytoplankton communities were higher than those in the bottom waters. It was also observed that the microbial ecological networks in the surface waters were more closely related, and the number of nodes and edges, as well as the number of keystone species, of bacterial communities in the surface and bottom layers were significantly higher than those in the eukaryote microbial communities, indicating that the bacterial community network was larger, and the cooperative relationship and network connectivity between species were stronger. The interaction between bacterial community and eukaryote community in different water depths was dominated by positive correlation, and the negative correlation of the two groups in the bottom layer was slightly greater than that in the surface, indicating that the competition between bottom-layer species was greater than that between surface-layer species. In addition, the environmental impact factors of all species and keystone species of the community in surface water were basically the same, but they differed greatly in deep water, indicating that the influence mechanism of water depth change on keystone species was not the same as that of all species. The results further revealed the effects of reservoir construction on the stability and interspecific interactions of different microbial communities and provided a theoretical basis for predicting variations in microbial community and material cycling in reservoirs.

Key words: reservoir; bacteria; eukaryotic microbes; co-occurrence network; keystone species

为有效开发水能等清洁能源,改善生态环境,促进经济发展和社会进步,我国近年来兴建了大批水库。水库水域面积大、垂向深度大,且具有水体季节性热分层等特征,导致营养物质、有机物和污染物在库区积累,从而影响水库水质^[1,2]。因此水库建设对水环境的影响研究成为近年来水库水环境变化的热点问题。

收稿日期: 2022-08-21; 修订日期: 2022-10-17

基金项目: 国家自然科学基金青年科学基金项目(42007149); 中央高校基本科研业务费专项(B230201026); 江苏省环洪泽湖生态农业生物技术重点实验室开放课题项目(HZHLAB2301); 国家自然科学基金重大研究计划重点支持项目(92047201); 国家自然科学基金重大研究计划集成项目(92047303)

作者简介: 王洵(1989~),女,博士,副教授,主要研究方向为水库微生物生态, E-mail: xwang2014@hhu.edu.cn

* 通信作者, E-mail: pfwang2005@hhu.edu.cn

微生物包括原核微生物(如细菌)、真核微生物(如真菌、藻类、原虫)和非细胞型微生物,以上微生物种群在数量和功能上能够影响水库的生境^[3,4],其中原核微生物(重点指细菌)和真核微生物作为水环境微生物群落的重要组成,对水环境的生态功能有重要影响^[5,6].徐沙^[7]发现三峡上游库区建成后会改变水文条件(如水位上升和流速变缓等),降低真核微生物多样性.此外,细菌群落和真核微生物群落在形态特征、生长速率、环境敏感性和底物利用方面存在区别,水库建设导致的水环境变化对两者的影响势必会存在差异性.Sun等^[8]利用高通量测序获得河口水库不同位置的1652个细菌 OTU (operational taxonomic unit) 和1182个真菌 OTU,两者 OTU 数目差异明显,且水库入口处的微生物在门和属的水平上种类和数量均与水库后部的不同.李桂豪^[9]对黄渤海表层水浮游细菌与真核微生物进行研究发现,影响浮游细菌群落结构变化的最主要环境因子是温度、盐度和氮磷比,而影响真核微生物群落的只有水温.

近年来,科学家深入研究分子生态学相关知识,生物分子技术(如高通量测序和 PCR 等)也广泛应用于水中微生物群落稳定性、多样性等方面的检测^[10].其中,高通量测序从 DNA 角度切入,经历了三代的发展,适用于土壤、水体和海洋等多种环境,可用来反映原位状况下微生物的状态.高通量测序技术的不断更新也使得人们对于微生物群落的认知更加深入,Keck等^[11]利用高通量测序技术对比分析48个湖泊中的真核微生物群落在19世纪末和21世纪初的DNA样本发现,其群落组成发生巨大变化,其多样性也趋于均匀.闫苗苗^[12]利用高通量测序技术发现西安市两座水源水库的藻类关键节点与细菌关系以正相关为主,但同样是关键节点的栅藻与 *Solitalea* 和 *Reduncus* 属等多种细菌显著负相关($P < 0.05$),具体相互作用与原因还需进一步研究.以上研究皆表明虽然目前微生物技术手段进展很大,但在对比不同微生物类群的网络互作和影响因子方面仍有不足.微生物网络构建是微生物研究中一种流行的探索性数据分析技术,共现网络有利于从复杂数据中归纳简单结论,其应用也非常广泛,在很多领域都发挥了重要作用.Yan等^[13]利用共现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.汤琼^[14]对长江上游微生物群落进行共现网络分析表明,浮游细菌的种间相互作用比浮游真核生物更复杂,但两者的生物地理格局及其驱动过程尚不清楚.目前的研究主要侧重水库对

微生物群落多样性的研究,重点关注不同水生生物对于水环境改变后的变化特征,缺少水库建设对不同水深不同微生物间的比较研究,以及不同水深不同微生物间生态网络 and 关键物种的差别研究.

本研究将利用高通量测序技术分析水库不同深度细菌和真核微生物群落变化,探明水深变化对不同微生物类群的影响机制,结合共现网络分析揭示不同微生物类群种间互作关系,并辨识关键物种.本研究对理解水库生态系统中微生物的群落结构,维持生态系统稳定有重要意义.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

本文选择江苏省南京市的一座小型水源水库——横山水库开展研究.横山水库集水流域面积为3.8 km²,坝高16 m,库容273万 m³,最大水深10 m,平均深度7 m,属于小(I)型水库.

1.2 样品采集及水质分析

本研究于2021年12月进行水样采集,共设置7个采样点,其中采样点1~3靠近山脉,人类活动较少;采样点5~8靠近公路,人类活动较多(图1).各采样点收集水深0.5 m和5 m两层水样各5 L,样品编号为b1.S(1号采样点表层水样)、b1.B(1号采样点深层水样)等.在现场使用HQ40d多参数水质分析仪(Hach, CO, USA)和Hach 2100P浊度计(CO, USA)对pH、溶解氧(DO)、电导率(EC)、氧化还原电位(ORP)、水温(T)和浊度进行原位测定^[15].总磷(TP)采用钼酸铵分光光度法测定,总氮(TN)通过碱性过硫酸钾紫外分光光度法测定,磷酸盐(PO_4^{3-})、硝酸盐(NO_3^-)、亚硝酸盐(NO_2^-)和氨氮(NH_4^+)使用水质自动分析仪(AA3 Seal, Norderstedt, Germany)测定,硅酸盐(SiO_4^{4-})采用钼酸盐蓝分光光度法测定,总有机碳浓度(TOC)采用总有机碳分析仪(Elementar, Frankfurt, Germany)测定.此外,本研究在各采样点各深度均采集3个平行样品,在采样48 h内进行过滤,得到42个微生物样品,以进行下一步细菌和真核微生物群落测定.

1.3 细菌和真核微生物高通量测序

采用MoBio PowerWater DNA提取试剂盒(CA, USA)对42个微生物样品DNA进行提取.分别使用16S和18S分子标记对DNA样品进行目的片段的扩增,16S采用引物515F和806R以鉴定细菌多样性;18S采用引物528F和706R以鉴定真核微生物多样性^[16].PCR扩增包括变性、退火、延伸和冷却等步骤,具体条件可参考文献[17].随后通过

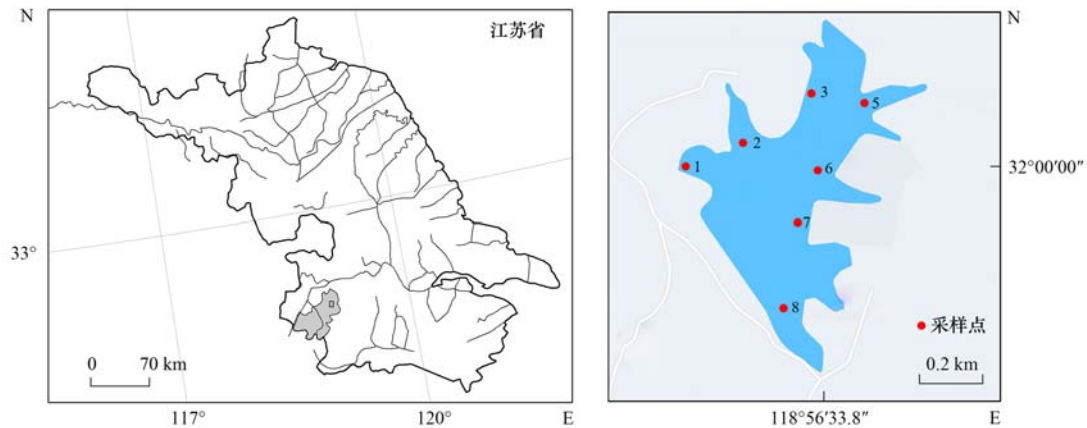


图1 横山水库现场采样点设置示意

Fig. 1 Sampling sites in the Hengshan Reservoir

Illumina HiSeq2500 (Illumina, USA) 测序平台对细菌和真核微生物进行测序, 测序工作在广东美格基因科技有限公司进行. 细菌和真核微生物测序数据已上传美国生物技术信息中心 (NCBI), 编号为 PRJNA859627 和 PRJNA859633.

1.4 数据分析与处理

本研究选择 Richness、Simpson、Shannon 和 Pielou's Evenness 指数对微生物群落 α 多样性进行表征, 并采用 ANOVA 显著性分析验证不同深度不同微生物类群群落多样性差异. 中性模型从随机扩散、随机物种形成和生态漂移的角度解释了微生物分类群的丰度^[18]. 利用其对微生物群落进行拟合, 能够直观分析群落组成模式变化^[19]. 其中, R^2 表示整体拟合优度, m 值量化了群落层面的迁移率, Nm 值是元群落规模 (N) 与 m 值的乘积.

同时, 本研究采用 Cytoscape (V3.9.1) 软件中 CoNet 算法构建微生物群落分子生态网络, 利用 Gephi 软件 (V0.9.2) 进行可视化处理, 并计算获得网络拓扑结构参数. 此外, 利用 R 语言 (V4.2.0) WGCNA 和 rnetcarto 包计算微生物各物种的模块内连通性 (Z_i) 和模块间连通性 (P_i), 从而确定各群落关键物种. 此外, 利用 R 语言 vegan 包进行 mantel 和 BioEnv 分析, 识别影响微生物群落全物种和关键种结构变化的驱动因子, 并采用冗余分析方法 (RDA) 揭示微生物群落结构环境因子的相关性.

2 结果与分析

2.1 不同水深细菌和真核微生物群落多样性指数变化

本研究发现, 细菌和真核微生物群落的 Richness 指数表现为: $B.S = B.B > E.B > E.S$, 表明细菌群落丰富度大于真核微生物群落; Pielou's

Evenness、Shannon 和 Simpson 指数均为: $B.B > B.S > E.B > E.S$, 表明细菌群落均匀度和多样性均高于真核微生物 (图2). 因此, 横山水库细菌和真核微生物群落多样性间存在显著差异. 然而, 同一微生物群落 α 多样性虽然在表层和深层水体中存在差异, 但并不显著 (ANOVA, $P > 0.05$).

2.2 不同水深细菌和真核微生物群落结构组成变化

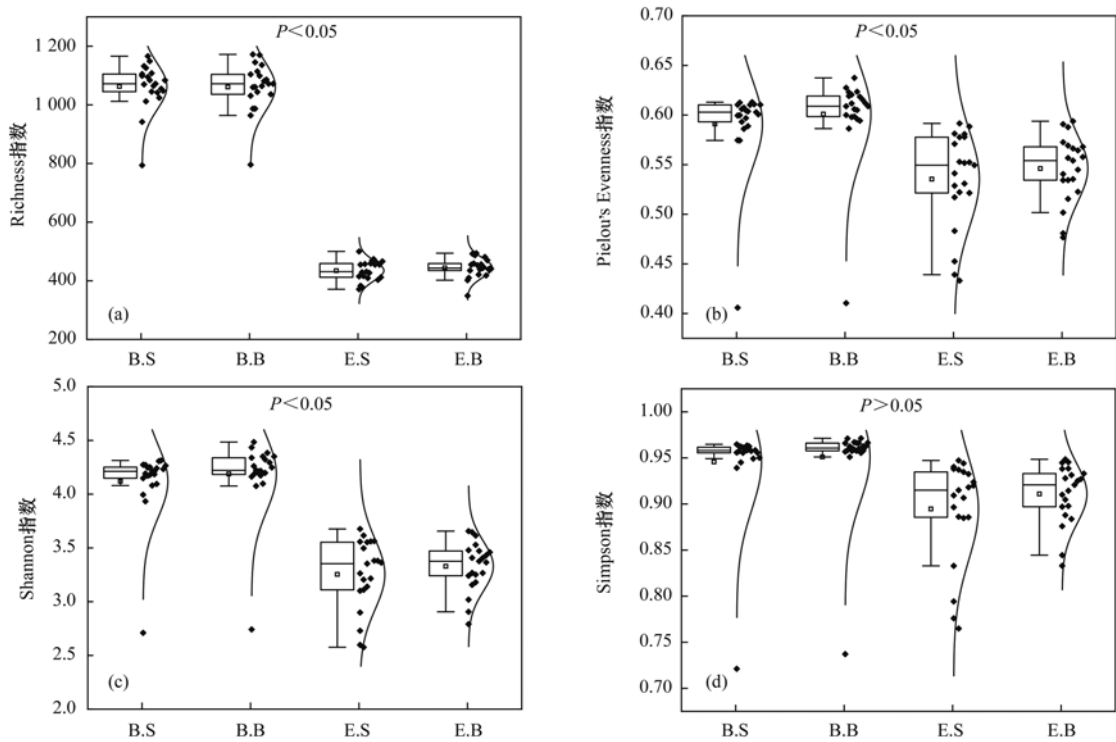
选取细菌和真核微生物群落门水平相对丰度前 15 的物种进行分析 (图3). 细菌群落优势门类为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、蓝细菌门 (Cyanobacteria)、疣微菌门 (Verrucomicrobia) 和浮霉菌门 (Planctomycetes), 其相对丰度占总群落的 94.33% ~ 96.51%. 真核微生物群落优势门类为节肢动物门 (Arthropoda)、纤毛门 (Ciliophora)、淡色藻门 (Ochrophyta)、隐藻门 (Cryptomonadales)、Kathablepharidae 和甲藻门 (Dinoflagellata), 占总群落的 89.20% ~ 93.84%. 真核微生物群落不同水深处优势物种基本相同, 但其相对丰度差异较大, 如样点 6 的节肢动物门在深层比例 (26.08%) 明显高于表层 (2.47%).

2.3 细菌和真核微生物群落组装模式变化

为探究横山水库微生物群落组装模式变化, 本研究构建了微生物群落的中性模型. 由图4可知, 细菌和真核微生物的中性模型均有很高的解释率, 细菌群落整体拟合优度 R^2 为 0.928, 真核微生物群落的 R^2 为 0.946. 同时, 细菌群落的迁移率 m 值为 0.843, 高于真核微生物的 0.788, 表明水库中真核微生物群落的扩散限制更为显著. Nm 为元群落规模 (N) 与迁移率 (m) 的乘积, 本研究中细菌群落 Nm 为 53 311, 真核微生物 Nm 为 11 239.

2.4 细菌和真核微生物群落的环境影响因子

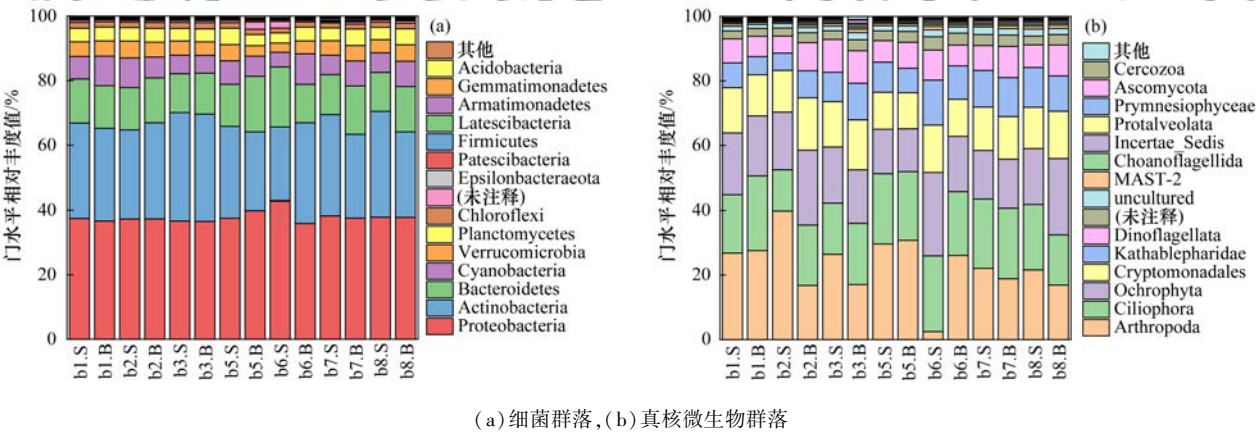
为探究横山水库细菌和真核微生物群落对环境



B. S 和 B. B 分别为细菌群落表层和深层各样点; E. S 和 E. B 分别为真核微生物群落表层和深层各样点

图 2 α 多样性指数之间的对比

Fig. 2 Comparison of the α -diversity index



(a) 细菌群落, (b) 真核微生物群落

图 3 门水平上各采样点微生物群落物种组成

Fig. 3 Microbial community composition at phylum level at different sampling sites

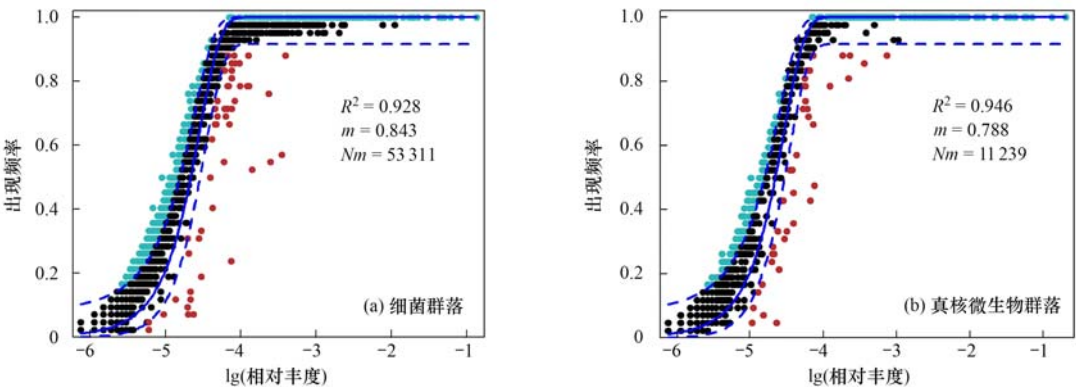


图 4 中性模型分析

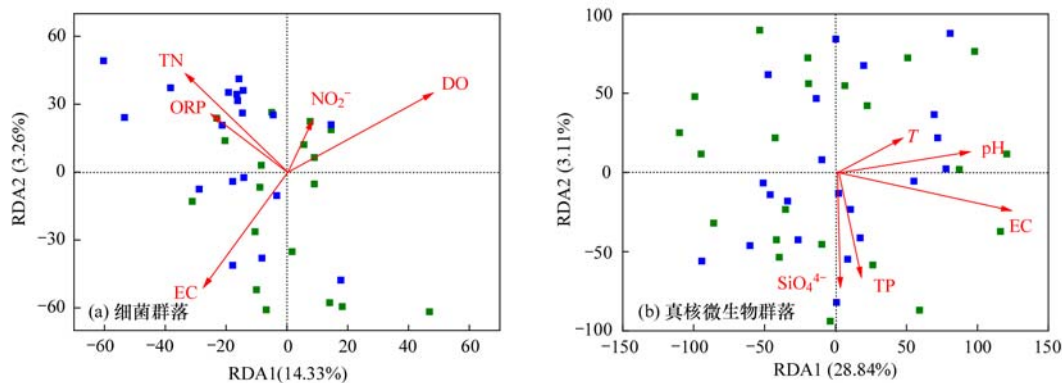
Fig. 4 Neutral model analysis

的响应,本研究首先使用 BioEnv 分析对环境因子进行初筛,随后根据 DCA (detrended correspondence analysis)判定(表 1 中 Axis lengths 前四轴均小于 3.0)采用 RDA 识别微生物群落变化的显著影响因

子. 结果表明,水体中对细菌群落结构影响最大的环境因素依次是 NO_2^- 、TN、ORP、DO 和 EC,而对真核微生物群落结构影响最大的环境因素依次是 TP、 SiO_4^{4-} 、pH、EC 和 T (图 5).

表 1 DCA 分析
Table 1 DCA analysis

菌群	DCA1	DCA2	DCA3	DCA4
细菌	2.157 114 732	0.423 590 105	0.452 887 557	0.354 128 901
真核微生物	1.765 297 116	1.483 520 025	1.297 994 049	1.283 512 792



绿色块表示表层微生物样品,蓝色块表示深层微生物样品

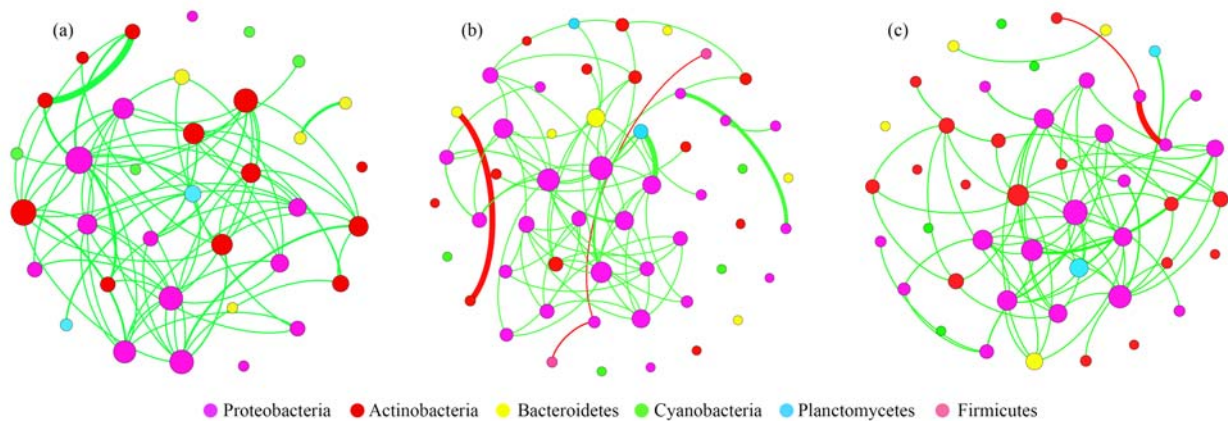
图 5 横山水库细菌群落和真核微生物群落的 RDA 分析

Fig. 5 RDA analysis of bacterial community and eukaryotic microbial community of the Hengshan Reservoir

2.5 不同水深细菌和真核微生物群落分子生态网络与拓扑特性分析

为更好了解横山水库不同微生物类群的种间相互作用,本研究分析了不同深度细菌和真核微生物群落的共现网络.由图 6 可知,细菌表层群落共现网络中包括 5 种门类,深层包括 6 种门类,细菌整体群落共现网络包括 5 种门类.同时,不同水深处的细菌群落间相互作用皆以正相关为主导,且表层水体中细菌群落

的正相关性更强.但深层网络节点数比表层多,表明深层水体中细菌群落相关联的物种数目更多.由图 7 可知,横山水库表层真核微生物群落的重要门类有褐藻门、节肢动物门、甲藻门、Kathablepharidae 和绿藻门等,深层起重要作用的有隐藻门、褐藻门、甲藻门、绿藻门和 Kathablepharidae 等,群落整体在门水平中起重要作用的类群有褐藻门、隐藻门、节肢动物门、绿藻门和甲藻门等.因此,不同水深间真核微生物种优势种群和多样性存在差异,各物种在不同深度的相对丰度变化差异也较为明显,体现了水库水深对真核微



(a)0.5 m 细菌群落,(b)5 m 细菌群落,(c)整体细菌群落;节点大小与物种丰度相关;
绿色连线为正相关,红色连线为负相关,连线的粗细表示相关系数的大小

图 6 横山水库不同水深处的细菌群落生态网络

Fig. 6 Bacterial community ecological network at different water depths of the Hengshan Reservoir

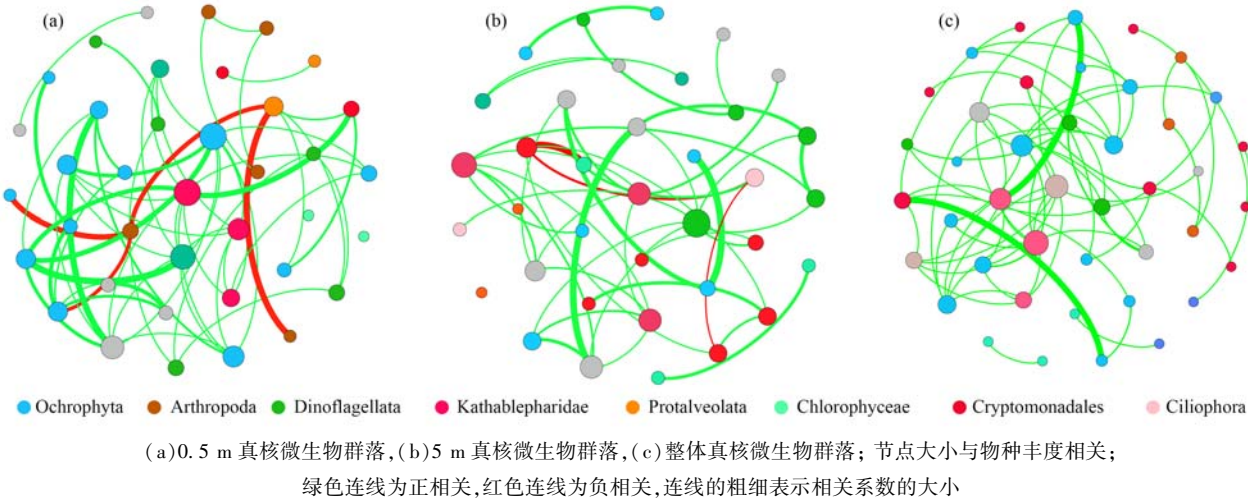


图 7 横山水库不同水深处的真核微生物群落生态网络

Fig. 7 Eukaryotic microbial community ecological network at different water depths of the Hengshan Reservoir

生物群落结构的影响的重要性. 此外,真核微生物群落不同水深处的相互作用皆以正相关为主导,其中,群落整体的正相关率为 100%.

本研究的细菌和真核微生物群落生态网络拓扑特性如表 2 所示. 对比不同水深中微生物群落的拓扑参数可知,细菌群落深层的节点数和边数均比表

层多,表明其深层网络规模更大,而真核微生物群落则相反. 细菌和真核微生物群落表层的生态网络密度、平均聚类系数均比高层,而表层的网络图平均路径长度比高层短,表明表层微生物群落具有较低的分隔程度和较高的连通度. 此外,不同深度的微生物群落种间相互作用皆以正相关为主导.

表 2 横山水库微生物共现网络指标

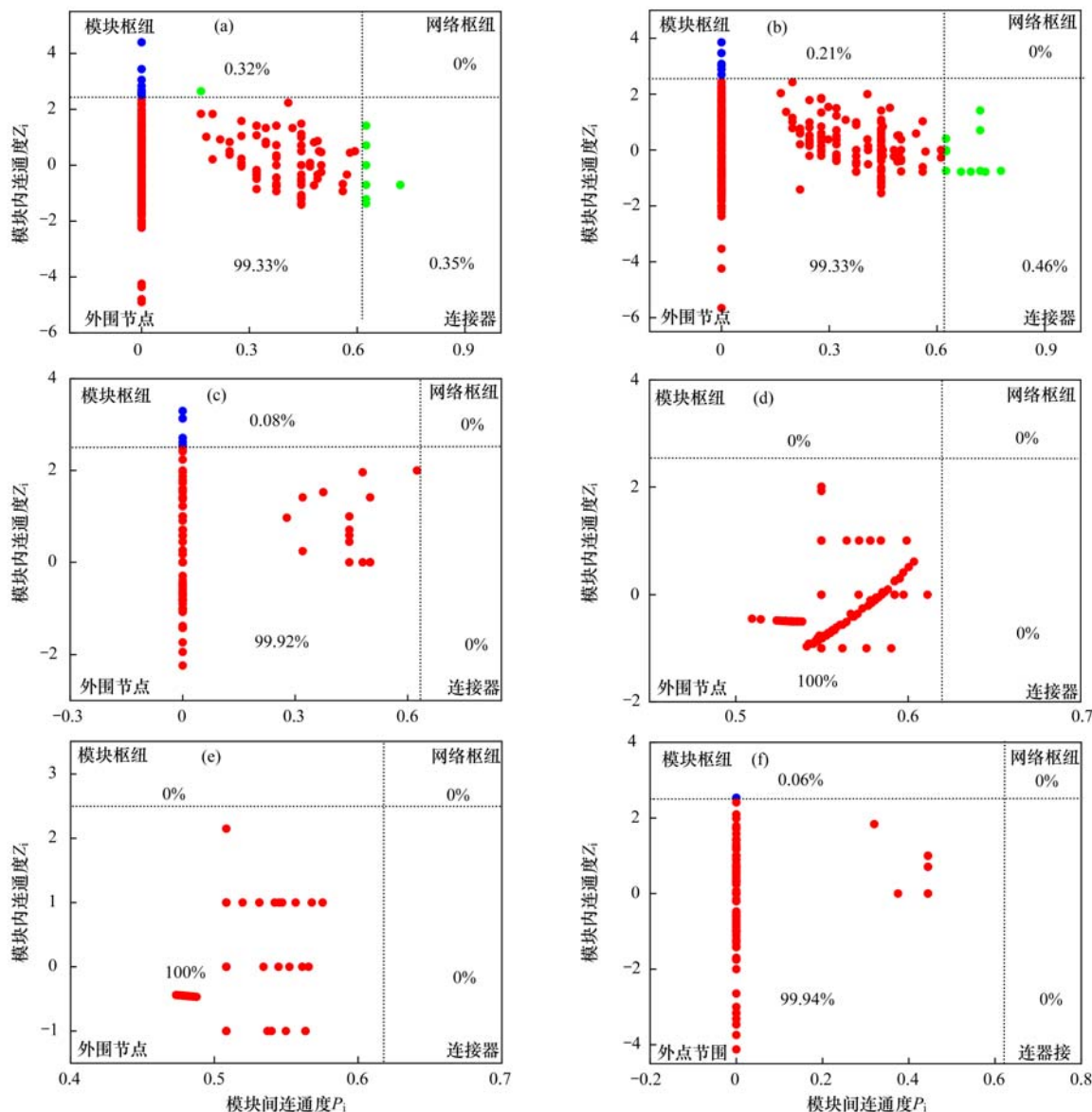
拓扑参数	细菌群落			真核微生物群落		
	0.5 m 处	5 m 处	整体	0.5 m 处	5 m 处	整体
节点数	43	53	46	38	36	42
边数	70	73	69	60	42	68
正相关/%	100	95.71	97.10	93.33	92.86	100
负相关/%	0	4.29	2.90	6.67	7.14	0
平均度	1.044	1.321	1.5	1.579	1.167	1.619
图密度	0.059	0.025	0.033	0.043	0.033	0.039
平均聚类系数	0.134	0.09	0.078	0.192	0.115	0.216
平均路径长度	1.607	2.015	1.758	1.37	1.592	1.396
网络直径	4	5	4	3	4	3
模块化	0.577	0.697	0.61	0.635	0.755	0.662

2.6 细菌和真核微生物群落关键物种及其环境影响因子

在共现网络中,不同节点代表不同的微生物物种,根据节点的拓扑特征可以识别群落的关键物种. 节点的属性类型一般划分为 4 类:外围节点 ($Z_i < 2.5$, $P_i < 0.62$)、连接器 ($Z_i < 2.5$, $P_i \geq 0.62$)、模块枢纽 ($Z_i \geq 2.5$, $P_i < 0.62$) 和网络枢纽 ($Z_i \geq 2.5$, $P_i \geq 0.62$). 根据已有研究, $Z_i \geq 2.5$ 或 $P_i \geq 0.62$ 的节点被定义为关键物种^[20]. 由图 8(a) 和 8(b) 可知,细菌群落深层网络中连接器比例大于表层,而模块枢纽比例相反,表明深层网络模块之间相互作用更紧密,而表层网络物种之间的联系更多. 由图 8(e) ~ 8(f) 知,真核微生物表层和深层网络中的节点均为外围节点,仅在整体水平中有一类关键种,占

所有物种的 0.06%. 图 9 为表层及深层细菌群落关键物种在门水平的组成,其中,表层网络中关键种大部分属于变形菌门和酸杆菌门,深层网络中关键种大部分属于变形菌门、拟杆菌门和放线菌门. 真核微生物群落在表层和深层均无关键种,仅在整体水体中有一类关键种——淡色藻门.

本研究采用 RDA 对细菌和真核微生物群落关键物种组成的重要影响因子进行识别. 由于真核微生物在表层和深层均没有关键种,所以本研究仅对细菌群落全物种和关键物种环境因子采用 BioEnv 初筛并绘制 RDA 图. 由图 10 可知,表层水体中对整体细菌群落结构影响最大的环境因素依次是 TOC、 SiO_4^{4-} 、ORP、EC 和浊度 (Turb),而对关键种群落结构影响最大的环境因素依次是 SiO_4^{4-} 、pH、ORP、



(a)、(b)和(c)分别表示表层(0.5 m深)、深层(5 m深)和整体的细菌群落；(d)、(e)和(f)分别表示表层(0.5 m深)、深层(5 m深)和整体的真核微生物群落；红点表示外围节点,蓝点表示模块枢纽,绿点表示连接器；百分数表示4种节点的占比

图 8 横山水库不同水深水体细菌和真核微生物群落 Z_i - P_i 图

Fig. 8 The Z_i - P_i diagram of bacterial community and eukaryotic microbial community in surface and deep water

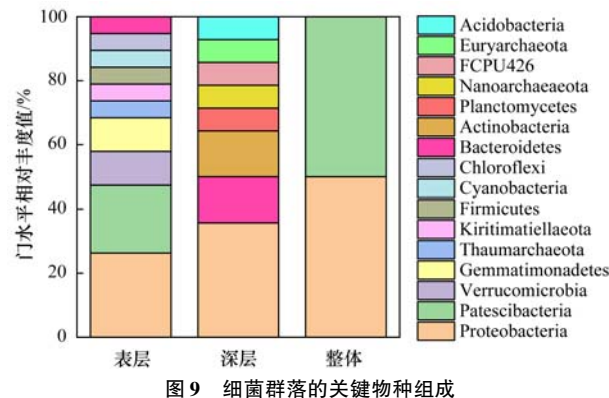


图 9 细菌群落的关键物种组成

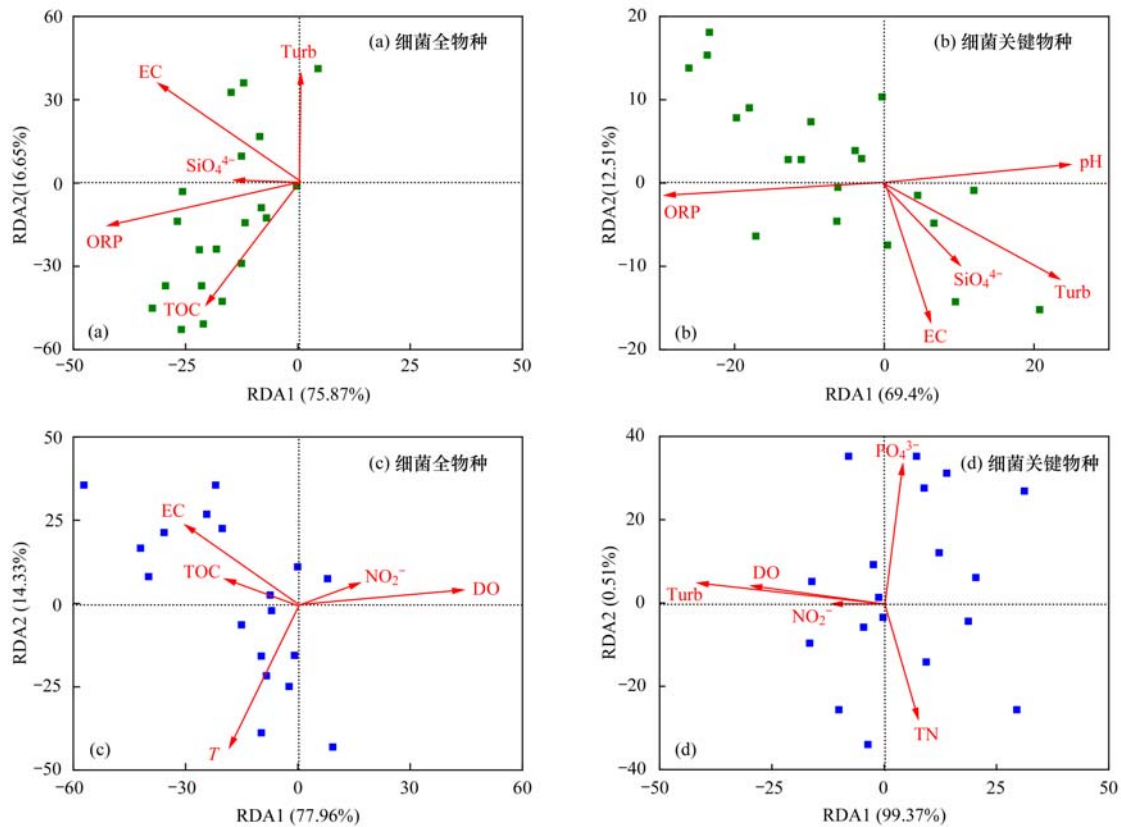
Fig. 9 Composition of keystone species of bacterial community

EC 和 Turb. 深层水体中对整体细菌群落结构影响最大的环境因素依次是 EC、 T 、 NO_2^- 、DO 和 TOC,

而对关键种的依次是 PO_4^{3-} 、 NO_2^- 、TN、DO 和 Turb.

3 讨论

横山水库水深会驱动不同浮游微生物群落多样性和结构变化,且与细菌相比,真核微生物群落组成具有更加明显的空间变化. 本研究中细菌群落多样性明显高于真核微生物群落,这是由于细菌群落能够利用简单的化合物沉积物更快构建动态社区,促进快速建立多样性^[18,19]. 同时,横山水库不同深度下细菌群落主要优势门类 and 相对丰度差异较小,变形菌门、放线菌门和拟杆菌门是优势门类,与三峡水库^[20]、城市饮用水源水库^[21]和丹江口水库^[22]等



绿色块表示表层微生物样品,蓝色块表示深层微生物样品

图 10 横山水库表层和深层细菌群落的 RDA 分析

Fig. 10 RDA analysis of surface and deep bacterial communities in the Hengshan Reservoir

结果一致,其中变形菌门是湖泊、河流和海洋等大多数水环境的第一优势菌门,这可能与变形菌门包含了绝大多数反硝化功能菌群有关^[23].对真核微生物群落而言,横山水库不同深度下其主要优势物种类基本相同,但相对丰度差异较大.隐藻门、Kathablepharidae 和甲藻门为优势门,但同一样点处表层相对丰度普遍大于深层,主要是因为表层水源容易受到阳光的照射,有利于以上藻类的繁殖和生长^[24].不同水深中共同拥有的类群包括褐藻门、甲藻门和绿藻门,可能是因为以上藻类细胞小、生长要求低且繁殖能力强,在营养丰富环境会迅速生长^[25].

横山水库不同深度微生物群落由扩散限制和环境选择共同控制.已有研究利用中性模型证明水环境中微生物群落结构变化主要受随机过程的影响^[26,27].本研究中细菌和真核微生物的 R^2 值均超过 0.9,说明两者拟合程度很高,中性过程在两群落的构建中均起到一定作用.除此之外,现有许多研究利用 m 值比较不同物种的扩散限制差异,如 Chen 等^[18]和 Liu 等^[28]在金沙江和亚热带地区土壤中均发现真菌比细菌更易受到扩散限制.本研究中真核微生物群落的迁移率($m = 0.788$)低于细菌群落($m = 0.843$),表明水库中真核微生物群落更易受扩散

限制.细菌和真核微生物的体型差异可能是造成两者 m 值差异的原因之一,与较小的细菌相比,体型较大的真核微生物在区域或全球范围内的长距离传播更容易受到限制^[29].除扩散限制外,环境因素也与两个微生物类群在不同水深下的变化紧密相连,其中 EC 是影响两者的最重要环境因子,吴桐桐等^[30]发现 EC 值过高会影响细胞渗透性,引起养分不平衡,降低酶活性,甚至对微生物造成毒性;DO 的含量能显著影响浮游生物的生存与生长^[31],且细菌群落受 DO 的影响更多;pH 能通过影响细胞膜蛋白等的活性来影响微生物对营养物的吸收与运转,进而对浮游生物群落组成产生影响^[32],且真核微生物群落受 pH 的影响更多.同时,本研究中两个微生物群落的分布格局也分别与 TN、 NO_2^- 、TP 和 SiO_4^{4-} 等营养盐指标联系紧密.营养盐是微生物生长的必需物质,如溶解无机氮是异养细菌重要的氮源^[33];硅酸盐能够促进硅藻及其它藻类生长,且一定程度上能抑制淡水蓝藻水华的产生^[34].其次,对比细菌群落不同深度的环境因子可知,不管是细菌全物种还是关键种,其在表层和深层的环境驱动因子具有显著差异,表明水深变化导致的环境异质性是改变微生物群落的驱动因素^[15].此外,对比相同水深的细菌全物种和关键种的环境因子可知,影响

表层中两者的环境因子基本相同,但影响深层两者的环境因子差异大,表明水深不仅会直接影响不同类群微生物的群落结构,还会通过环境因子驱动同种微生物间群落关系发生变化^[35]。

已有研究表明,网络的拓扑特征可以反映微生物之间的连通性和相互作用水平^[36]。相比深层水体,横山水库表层水体中细菌和真核微生物群落的网络平均度和平均聚类系数更高、平均路径长度更短,表明表层微生物连通度较高,且物种间的相互作用更复杂^[37,38]。因此,表层水体微生物群落种间相互作用紧密,对外界扰动响应迅速,群落稳定性差,而深层微生物群落对外界扰动具有缓冲效应,群落稳定性较强。此外,细菌群落深层网络规模更大,构成的关联更多,而真核微生物网络呈现相反结果。横山水库细菌群落的多样性指数更高,网络比真核微生物更密集,种间相互作用也更复杂,说明水库建设使细菌群落具有更好的稳定性,抗胁迫能力明显更高^[37]。网络图中节点之间的作用包括正相互作用和负相互作用,其中前者主要表示为合作关系,后者主要表示为竞争关系^[38],微生物之间的相互作用可以反映浮游微生物群落在变化环境中的适应性^[39]。横山水库不同深度微生物群落种间互作皆以正相关为主,但深层负相关比例略高于表层,表明深层中物种间的竞争大于表层中物种间的竞争。此外,本研究中各网络图的模块化参数均大于 0.4,表明每个网络的整体拓扑结构均呈现高水平的模块化^[40,41],与其他复杂环境(例如土壤^[42]、湿地沉积物^[43]和海水^[44])构建的网络相似。

本研究还通过共现网络的拓扑结构的分析甄别微生物群落的关键物种。在细菌共现网络中,变形菌门在不同水深处既是优势种又是关键种,对于维持群落稳定性具有重要意义^[45]。拟杆菌门作为水环境异养厌氧浮游细菌的主要类群之一,是降解水体有机物的主要成员^[46],横山水库深层溶解氧含量低、有机物含量较高,这可能是其能成为深层关键种的原因之一;此外,其体积较小,能更好地躲避水体中原生动物的捕食,因而能够成为缓滞流水体中的关键物种^[47]。值得注意的是,关键物种不一定是优势物种,比如虽然颤藻细菌门在横山水库中相对丰度不高,但可以通过它的媒介作用、传递作用以及联络作用参与不同生态过程^[48]。本研究中真核微生物共现网络中只筛选出 1 个关键物种,表明水库建设使其共现网络变得简单脆弱,造成真核微生物共现网络变得简单化的原因,还可能由于水库中众多协同污染物的释放及积累,对真核微生物群落的毒害作用引起^[49]。

4 结论

(1)细菌群落的 α 多样性显著高于真核微生物群落,但同种微生物群落在不同水深处 α 多样性差异小。细菌群落在不同水深处的主要优势物种及其相对丰度在门水平上无明显差异;真核微生物群落在不同水深处群落组成基本相同,但群落优势物种的相对丰度差异大。由中性模型知,真核微生物群落受扩散限制较细菌群落更为显著。

(2)不同水深处的细菌和真核微生物群落间相互作用皆以正相关为主导,深层物种间竞争大于表层物种间的竞争。且表层的细菌和真核微生物群落的生态网络联系相较于深层更紧密,对外界变化的响应速度更快,但保持系统稳定性的能力较弱。另外,细菌对环境适应能力较强,所以其网络较真核微生物稳定。

(3)细菌群落关键种表层和深层存在很大的差异,表层网络中关键种大部分属于变形菌门和颤藻细菌门;深层网络大部分属于变形菌门、拟杆菌门和放线菌门。真核微生物共现网络中仅有一个关键物种——淡色藻门,使其群落和功能更容易受到干扰而发生改变。

参考文献:

- [1] Ustaoglu F, Tepe Y, Aydin H, *et al.* Evaluation of surface water quality by multivariate statistical analyses and WQI: case of Comlekci Stream, (Giresun-Turkey) [J]. *Fresenius Environmental Bulletin*, 2020, **29**(1): 167-177.
- [2] Chen J G, Wang J F, Guo J Y, *et al.* Eco-environment of reservoirs in China: characteristics and research prospects [J]. *Progress in Physical Geography: Earth and Environment*, 2018, **42**(2): 185-201.
- [3] Bush T, Butler I B, Free A, *et al.* Redox regime shifts in microbially mediated biogeochemical cycles [J]. *Biogeosciences*, 2015, **12**(12): 3713-3724.
- [4] Hannula S E, Morrien E, de Hollander M, *et al.* Shifts in rhizosphere fungal community during secondary succession following abandonment from agriculture [J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(10): 2294-2304.
- [5] 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*, 2020, **170**, doi: 10.1016/j.watres.2019.115351.
- [6] 薛银刚, 刘菲, 孙萌, 等. 太湖竺山湾春季浮游细菌群落结构及影响因素 [J]. *环境科学*, 2018, **39**(3): 1151-1158.
Xue Y G, Liu F, Sun M, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton in spring in Zhushan Bay, Lake Taihu [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(3): 1151-1158.
- [7] 徐沙. 基于宏基因组技术探究甲藻水华生消过程中微生物群落特征及功能代谢变化 [D]. 重庆: 西南大学, 2016.
Xu S. Microbial community characteristics and functional metabolic changes during the progress of dinoflagellates blooming based on metagenomic technology [D]. Chongqing: Southwest

- University, 2016.
- [8] Sun Z, Li G P, Wang C W, *et al.* Community dynamics of prokaryotic and eukaryotic microbes in an estuary reservoir[J]. *Scientific Reports*, 2014, **4**, doi: 10.1038/srep06966.
- [9] 李桂豪. 黄渤海表层水浮游细菌与真核微生物群落组成和时空分布研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2018.
- Li G H. Community composition and spatio-temporal distribution of bacterioplankton and microbial eukaryotes in the surface waters of the Bohai Sea and the Yellow Sea[D]. Beijing: University of Chinese Academy of Sciences, 2018.
- [10] Liu G, Ling F Q, Van Der Mark E J, *et al.* Comparison of particle-associated bacteria from a drinking water treatment plant and distribution reservoirs with different water sources[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep20367.
- [11] 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.
- [12] 闫苗苗. 水源水库藻类种群时空演替的伴生菌群驱动机制研究[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2020.
- Yan M M. Disentangling the drivers of spatiotemporal succession of phytoplankton from drinking water reservoirs: insights into compositions and Co-occurrence of bacterial communities[D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2020.
- [13] 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.
- [14] 汤琼. 筑坝对长江上游微生物群落的影响研究[D]. 重庆: 重庆交通大学, 2021.
- Tang Q. Effect of damming on microbial community in the upper reaches of the Yangtze River[D]. Chongqing: Chongqing Jiaotong University, 2021.
- [15] 王润, 张佳佳, 袁秋生, 等. 筑坝蓄水对不同水深浮游微生物群落结构和种间互作模式的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(7): 3623-3634.
- Wang X, Zhang J J, Yuan Q S, *et al.* Effects of damming and impoundment on planktonic microbial community structure and interspecific interaction patterns in different water depths[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(7): 3623-3634.
- [16] 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.
- [17] 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.
- [18] Chen J, Wang P F, Wang C, *et al.* Fungal community demonstrates stronger dispersal limitation and less network connectivity than bacterial community in sediments along a large river[J]. *Environmental Microbiology*, 2019, **22**(3): 832-849.
- [19] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, *et al.* Functional molecular ecological networks[J]. *mBio*, 2010, **1**(4), doi: 10.1128/mBio.00169-10.
- [20] 秦宇, 郑望, 张曦, 等. 三峡库区中段水体微生物群落结构与环境因子相关性研究[J]. *长江流域资源与环境*, 2021, **30**(5): 1184-1193.
- Qin Y, Zheng W, Zhang X, *et al.* Correlation between microbial community structure and environmental factors in the middle section of the Three Gorges Reservoir Area[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2021, **30**(5): 1184-1193.
- [21] 郭俊. 上海市饮用水源水库微生物群落变化研究[D]. 上海: 上海师范大学, 2020.
- [22] 胡愈忻, 彭玉, 李瑞雯, 等. 基于环境 DNA 宏条形码的丹江口水库浮游生物多样性及群落特征[J]. *湖泊科学*, 2021, **33**(6): 1650-1659.
- Hu Y X, Peng Y, Li R W, *et al.* Plankton diversity and community characteristics in Danjiangkou Reservoir based on environmental DNA metabarcoding[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2021, **33**(6): 1650-1659.
- [23] 李恩超. 焦化纳滤浓水的生物脱氮及其微生物菌群结构分析[J]. *环境工程学报*, 2019, **13**(10): 2461-2467.
- Li E C. Biological denitrifying processes and microbial communities analysis in a sequencing batch reactor treating NF concentrate from coking wastewater[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2019, **13**(10): 2461-2467.
- [24] 郑保海. 丹江口水库浮游真核生物群落结构特征和驱动因素及水质驱动因子评价[D]. 南阳: 南阳师范学院, 2021.
- Zheng B H. The structure characteristics and driving factors of plankton eukaryotic community and evaluation of water quality driving factors in Danjiangkou Reservoir[D]. Nanyang: Nanyang Normal University, 2021.
- [25] 王雅苹. 中国潮间带微生物及黄渤海海底栖真菌的多样性及生物地理学研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2018.
- Wang Y P. Biogeography of benthic intertidal microbes along the coasts of China and fungi in the Bohai Sea and the North Yellow Sea[D]. Beijing: University of Chinese Academy of Sciences, 2018.
- [26] Mo Y Y, Zhang W J, Yang J, *et al.* Biogeographic patterns of abundant and rare bacterioplankton in three subtropical bays resulting from selective and neutral processes[J]. *The ISME Journal*, 2018, **12**(9): 2198-2210.
- [27] Roguet A, Laigle G S, Thieriault C, *et al.* Neutral community model explains the bacterial community assembly in freshwater lakes[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2015, **91**(11), doi: 10.1093/femsec/fiv125.
- [28] Liu S E, Wang H, Deng Y, *et al.* Forest conversion induces seasonal variation in microbial β -diversity[J]. *Environmental Microbiology*, 2018, **20**(1): 111-123.
- [29] Ma B, Dai Z M, Wang H Z, *et al.* Distinct biogeographic patterns for archaea, bacteria, and fungi along the vegetation gradient at the continental scale in eastern China[J]. *mSystems*, 2017, **2**(1), doi: 10.1128/mSystems.00174-16.
- [30] 吴桐桐, 徐基胜, 周云鹏, 等. 黄河三角洲不同生境土壤理化特性及细菌群落结构特征[J]. *农业环境科学学报*, 2022, **41**(10): 2250-2261.
- Wu T T, Xu J S, Zhou Y P, *et al.* Variation in soil properties and bacterial community composition of different habitat soils in the Yellow River Delta[J]. *Journal of Agro-Environmental Science*, 2022, **41**(10): 2250-2261.
- [31] 杨潇, 马吉顺, 张欢, 等. 鄱阳湖不同水文期浮游生物群落结构特征和影响因素及水质评价[J]. *水生生物学报*, 2021, **45**(5): 1093-1103.
- Yang X, Ma J S, Zhang H, *et al.* Community structure and the water quality during different hydrological periods in Poyang Lake[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2021, **45**(5): 1093-1103.
- [32] 高冲, 杨肖娥, 向律成, 等. pH 和温度对薏苡植物床去除富营养化水中氮磷的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2008, **27**(4): 1495-1500.

- Gao C, Yang X E, Xiang L C, *et al.* The effects of pH and temperature on removal of nitrogen and phosphorus from eutrophicated water by *Coix Lachryma-jobi*. L [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2008, **27**(4): 1495-1500.
- [33] 王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子 [J]. 环境科学, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- Wang H, Zhao W, Xie Z G, *et al.* Bacterial community structure characteristics in the Biliuhe Reservoir and its key driving factors [J]. Environmental Science, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- [34] 孙凌, 金相灿, 杨威, 等. 硅酸盐影响浮游藻类群落结构的围隔试验研究 [J]. 环境科学, 2007, **28**(10): 2174-2179.
- Sun L, Jin X C, Yang W, *et al.* Effects of silicate on the community structure of phytoplankton in enclosures [J]. Environmental Science, 2007, **28**(10): 2174-2179.
- [35] 黄杰, 邓玥, 李天翠, 等. 怒江真核浮游生物的海拔分布格局及其环境影响因素 [J]. 长江科学院院报, 2023, **40**(4): 59-65.
- Huang J, Deng Y, Li T C, *et al.* Altitude distribution and environmental impact of eukaryotic plankton in the Nujiang River Basin [J]. Journal of Yangtze River Scientific Research Institute, 2023, **40**(4): 59-65.
- [36] Deng Y, Jiang Y H, Yang Y F, *et al.* Molecular ecological network analyses [J]. BMC Bioinformatics, 2012, **13**, doi: 10.1186/1471-2105-13-113.
- [37] Yang Y Z, Gao Y C, Huang X N, *et al.* Adaptive shifts of bacterioplankton communities in response to nitrogen enrichment in a highly polluted river [J]. Environmental Pollution, 2019, **245**: 290-299.
- [38] Zhang B G, Zhang J, Liu Y, *et al.* Co-occurrence patterns of soybean rhizosphere microbiome at a continental scale [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **118**: 178-186.
- [39] Faust K. Open challenges for microbial network construction and analysis [J]. The ISME Journal, 2021, **15**(11): 3111-3118.
- [40] Qin Y, Tang Q, Lu L H, *et al.* Changes in planktonic and sediment bacterial communities under the highly regulated dam in the mid-part of the Three Gorges Reservoir [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2021, **105**(2): 839-852.
- [41] 沈烽, 黄睿, 曾巾, 等. 分子生态网络分析研究进展 [J]. 环境科学与技术, 2016, **39**(S1): 94-98, 173.
- Shen F, Huang R, Zeng J, *et al.* Progress of the molecular ecology network analysis [J]. Environmental Science & Technology, 2016, **39**(S1): 94-98, 173.
- [42] Williams R J, Howe A, Hofmockel K S. Demonstrating microbial co-occurrence pattern analyses within and between ecosystems [J]. Frontiers in Microbiology, 2014, **5**, doi: 10.3389/fmicb.2014.00358.
- [43] Cheung M K, Wong C K, Chu K H, *et al.* Community structure, dynamics and interactions of bacteria, archaea and fungi in subtropical coastal wetland sediments [J]. Scientific Reports, 2018, **8**(1), doi: 10.1038/s41598-018-32529-5.
- [44] Reji L, Tolar B B, Smith J M, *et al.* Differential co-occurrence relationships shaping ecotype diversification within *Thaumarchaeota* populations in the coastal ocean water column [J]. The ISME journal, 2019, **13**(5): 1144-1158.
- [45] Zhang J X, Yang Y Y, Zhao L, *et al.* Distribution of sediment bacterial and archaeal communities in plateau freshwater lakes [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, **99**(7): 3291-3302.
- [46] 孙超, 曾湘, 李光玉, 等. 红树林沉积物中天然多聚有机物厌氧降解菌多样性与细菌新类群分离 [J]. 微生物学报, 2021, **61**(4): 987-1001.
- Sun C, Zeng X, Li G Y, *et al.* Diversity of anaerobic degrading bacteria for natural organic polymers in mangrove sediments and isolation of novel groups of bacteria [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, **61**(4): 987-1001.
- [47] 周佳莹, 耿世伟, 郑博洋, 等. 基于 eDNA 技术的河湖水生生物群落结构特征解析 [J]. 中国给水排水, 2022, **38**(11): 91-97.
- Zhou J Y, Geng S W, Zheng B Y, *et al.* Analysis of aquatic biological community composition in rivers and lakes based on eDNA technology [J]. China Water & Wastewater, 2022, **38**(11): 91-97.
- [48] 卫鹏, 毕相东, 戴伟, 等. 淡水养殖池塘微型和超微型浮游植物的群落结构组成 [J]. 大连海洋大学学报, 2022, **37**(1): 113-119.
- Wei P, Bi X D, Dai W, *et al.* Community structure composition of nanophytoplankton and picophytoplankton in freshwater culture ponds [J]. Journal of Dalian Ocean University, 2022, **37**(1): 113-119.
- [49] Li Q L, Zeng A R, Jiang X, *et al.* Are microplastics correlated to phthalates in facility agriculture soil? [J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, **412**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.125164.

CONTENTS

Assessing the Environmental and Health Co-benefits of Accelerated Energy Transition and Industrial Restructuring: A Case Study of the BTHS Region	YANG Xi, SUN Yi-sheng, CHANG Shi-yan, <i>et al.</i> (3627)
Synergistic Paths of Reduced Pollution and Carbon Emissions Based on Different Power Demands in China	XIANG Meng-yu, WANG Shen, LÜ Lian-hong, <i>et al.</i> (3637)
Evaluation Method and Application for Urban Carbon Peaking & Neutrality Performance	ZHANG Bao-liu, BAI Zi-han, ZHANG Nan, <i>et al.</i> (3649)
Revealing Driving Factors of Urban O ₃ Based on Explainable Machine Learning	DONG Jia-qi, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i> (3660)
Sensitivity Analysis of Ozone Formation Using Response Surface Methodology	ZHU Yu-huan, CHEN Bing, ZHANG Ya-ru, <i>et al.</i> (3669)
Analysis of O ₃ Sources in Yulin City in Summer Based on WRF-CMAQ/ISAM Model	WANG Yi-fan, TONG Ji-long, CHEN Yu-xiang, <i>et al.</i> (3676)
Atmospheric Ozone Concentration Prediction in Nanjing Based on LightGBM	ZHU Jia-ying, AN Jun-lin, FENG Yue-zheng, <i>et al.</i> (3685)
Meteorological Formation Mechanisms and Potential Sources of an Ozone Pollution Process in Winter of 2022 in Guangdong Province	LI Ting-yuan, CHEN Jing-yang, GONG Yu, <i>et al.</i> (3695)
Impact of Summer Tropospheric Ozone Radiative Forcing on Meteorology and Air Quality in North China	DU Nan, CHEN Lei, LIAO Hong, <i>et al.</i> (3705)
Identification of Impacts from Meteorology and Local and Transported Photochemical Generation on Ozone Trends in Changsha from 2018 to 2020	YANG Jun, YANG Lei-feng, DING Hua, <i>et al.</i> (3715)
Spatio-temporal Variation and Multi-dimensional Detection of Driving Mechanism of PM _{2.5} Concentration in the Chengdu-Chongqing Urban Agglomeration from 2000 to 2021	XU Yong, GUO Zhen-dong, ZHENG Zhi-wei, <i>et al.</i> (3724)
Estimation of PM _{2.5} Hourly Concentration in Sichuan Province Based on GTWR-XGBoost Model	WU Di, DU Ning, WANG Li, <i>et al.</i> (3738)
Transmission and Growth Characteristics of Severe PM _{2.5} Pollution Events from 2013 to 2021 in Xingtai, Hebei	JIANG Qi, SHENG Li, JIN Yu-chen, <i>et al.</i> (3749)
Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Urban Shanghai During Cold Season Based on High Time-resolution Measurements of Organic Molecular Markers	ZHU Shu-hui (3760)
Emission Factors of Carbonaceous Aerosol and Stable Carbon Isotope for In-use Vehicles	YU Ming-yuan, WANG Qian, FU Ming-liang, <i>et al.</i> (3771)
Composition Characteristics of Volatile Organic Compounds and Associated Contributions to Secondary Pollution in Shenyang Industrial Area in Summer	GUAN Lu, SU Cong-cong, KU Ying-ying, <i>et al.</i> (3779)
Characteristics of VOCs and Assessment of Emission Reduction Effect During the Epidemic Lockdown Period in Shenzhen Urban Area	YUN Long, LIN Chu-xiong, LI Cheng-liu, <i>et al.</i> (3788)
Characteristics of Organic Matter Composition and Oxidation Potential in Road Dust in Winter in Xi'an	WANG Qing-wen, CHEN Qing-cai, WANG Chao, <i>et al.</i> (3797)
Contamination Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Compounds in Surface Dust of Suntuan Mining Area in Huaibei	XU Zhen-peng, QIAN Ya-hui, HONG Xiu-ping, <i>et al.</i> (3809)
Spatial-temporal Variation in Water Quality and Its Response to Precipitation and Land Use in Baiyangdian Lake in the Early Stage of the Construction of Xiong'an New Area	WANG Zi-ming, YANG Li-hu, SONG Xian-fang (3820)
Simulation of Pollution Apportionment and Optimization of Control Methods in Watershed Scale: A Case Study of the Shun'an Watershed in Tongling City	LIU Guo-wangchen, CHEN Lei, LI Jia-qi, <i>et al.</i> (3835)
Evaluation of Shallow Groundwater Quality and Optimization of Monitoring Indicators in Nanchang	ZHENG Zi-yin, CHU Xiao-dong, XU Jin-ying, <i>et al.</i> (3846)
Hydrogen and Oxygen Isotopic Characteristics and Influencing Factors of "Three Waters" in Shandian River Basin	YANG Li-na, JIA De-bin, GAO Rui-zhong, <i>et al.</i> (3855)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Abundant and Rare Planktonic Microeukaryotes in Jinsha River	YAN Bing-cheng, CUI Ge, SUN Sheng-hao, <i>et al.</i> (3864)
Bacterial Community Diversity in Channel Sediments of Different Disturbance Sections of the Jialing River	ZHU Lan-ping, ZHANG Tuo, LI Jia-ning, <i>et al.</i> (3872)
Effects of Reservoir Water Depth on Different Plankton Communities and Keystone Species of Network Interaction	WANG Xun, LIAO Qin, WANG Pei-fang, <i>et al.</i> (3881)
Correlation Between the Diversity Characteristics of Groundwater Bacterial Community and Environmental Factors in Typical Industrial Areas	WU Jian-qiang, ZHANG Shu-yuan, WANG Min, <i>et al.</i> (3892)
Effects of Fertilizer Application Strategy Adjustments on Nitrogen and Phosphorus Loss from Typical Crop Systems in Taihu Lake Region	YU Ying-liang, WANG Yi-zhi, YANG Bei, <i>et al.</i> (3902)
Estimation of Cropland Nitrogen Runoff Loss Loads in the Yangtze River Basin Based on the Machine Learning Approaches	ZHANG Yu-fu, PAN Zhe-qi, CHEN Ding-jiang (3913)
Classification and Identification of Non-point Source Nitrogen Pollution in Surface Flow of the Shangwu River Watershed in the Qiandao Lake Region	YU Ke, YAN Yan, TANG Zhang-xuan, <i>et al.</i> (3923)
Spatial Distribution of Nitrogen and Phosphorus Nutrients in the Main Stream and Typical Tributaries of Tuojiang River and Fujiang River	LI Zi-yang, ZHOU Ming-hua, XU Peng, <i>et al.</i> (3933)
Sediment Pollution and Dredging Effect of Waqinhuai River	ZHANG Mu, REN Zeng-yi, ZHANG Man, <i>et al.</i> (3945)
Critical Review on Environmental Occurrence and Photochemical Behavior of Substituted Polycyclic Aromatic Hydrocarbons	GE Lin-ke, WANG Zi-yu, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (3957)
Cadmium and Arsenic Interactions During Co-adsorption onto Goethite	SU Zi-xian, LIU Sai-hong, GUAN Yu-feng, <i>et al.</i> (3970)
Preparation of Catalyst Cyclodextrin-Fe-TAML to Activate H ₂ O ₂ and Oxidize Organic Micropollutants in Water	LIU Qing-quan, CAI Ben-zhe, CAI Xi-yun (3978)
Performance and Reaction Mechanism of Co(II) Mediated Activation of Peroxymonosulfate for Degrading Nitrilotris (Methylene Phosphonic Acid)	ZHU Jing-lin, WANG Shu (3990)
Change in Granulation Potential and Microbial Enrichment Characteristics of Sludge Induced by Microplastics	XIE Qing-fan, YU Nan, ZHANG Ni, <i>et al.</i> (3997)
Accumulation Characteristics and Probabilistic Risk Assessment of Cd in Agricultural Soils Across China	WANG Jing, WEI Heng, PAN Bo (4006)
Source Analysis and Pollution Assessment of Soil Heavy Metals in Typical Geological High Background Area in Southeastern Chongqing	JIANG Yu-lian, YU Jing, WANG Rui, <i>et al.</i> (4017)
Integrated Analysis on Source-exposure Risk of Heavy Metals in Farmland Soil Based on PMF Model: A Case Study in the E-waste Dismantling Area in Zhejiang Province	FANG Jia, HE Ying, HUANG Nai-tao, <i>et al.</i> (4027)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Farmland Soil and Crops in the Suburbs of Urumqi	FAN Yue, CAO Shuang-yu, Nuerla Ailijiang, <i>et al.</i> (4039)
Distribution and Driving Mechanisms of Antibiotic Resistance Genes in Desert-Oasis Continuum	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yidan, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4052)
Characteristics of Antibiotic Contamination of Soil in China in Past Fifteen Years and the Bioremediation Technology: A Review	ZHAO Xiao-dong, QIAO Qing-qing, QIN Xiao-rui, <i>et al.</i> (4059)
Modified Biochar for Remediation of Soil Contaminated with Arsenic and Cadmium: A Review	LÜ Peng, LI Lian-fang, HUANG Xiao-ya (4077)
Effect of Biogas Slurry Return to Field on Heavy Metal Accumulation in Soil-crop System: A Meta-analysis	ZHAO Qi-zhi, YANG Zhi-min, KONG Fan-jing, <i>et al.</i> (4091)
Remediation Effect of Two Iron-modified Biochars on Slightly Alkaline Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	LIANG Xin-ran, HE Dan, ZHENG Zhao-hua, <i>et al.</i> (4100)
Effects of Straw Removal Measure on Soil Cd Bioavailability and Rice Cd Accumulation	WANG Zi-yu, ZHOU Hang, ZHOU Kun-hua, <i>et al.</i> (4109)
Application of Desulphurized Gypsum with Straw to Improve Physicochemical Properties of Saline-alkali Land in Yellow River Delta	ZHAO Hui-li, YU Jin-yi, LIU Tao, <i>et al.</i> (4119)
Biological Evaluation and Key Stress Factor Diagnosis of Compound Contaminated Soil Based on Environmental DNA	HUANG Xiang-yun, ZHONG Wen-jun, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4130)
Comprehensive Quality Assessment of Soil-Maize Heavy Metals in High Geological Background Area	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (4142)
Ecological Risk and Health Risk of Heavy Metal Pollution in Vegetable Production System of Zhejiang Province	ZHANG Shu-min, LIU Cui-ling, YANG Gui-ling, <i>et al.</i> (4151)
Effect of Biochar with Phosphorus Fertilizer on Soil Nutrients, Enzyme Activity, and Nutrient Uptake of <i>Alfalfa</i>	LIU Xin-yu, WANG Dong-mei, ZHANG Ze-zhou, <i>et al.</i> (4162)
Effects of Low-density Polyethylene Microplastics on the Growth and Physiology Characteristics of <i>Ipomoea aquatica</i> Forsk	ZHOU Ying, JIANG Wen-ting, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4170)
Effects of Biogas Slurry Application on Soil Microbial Communities Structure and Function During Wheat-rice Stubble Period	QIAO Yu-ying, XI Hui, LI Na, <i>et al.</i> (4179)
Analysis of Soil Bacterial Community Structure and Ecological Function Characteristics in Different Pollution Levels of Lead-zinc Tailings in Datong	LIU Ze-xun, ZHUANG Jia-yao, LIU Chao, <i>et al.</i> (4191)
Effect of Fire-deposited Charcoal on Soil Organic Carbon Pools and Associated Enzyme Activities in a Recently Harvested <i>Pinus massoniana</i> Plantation Subjected to Broadcast Burning	YAO Zhi, JIAO Peng-yu, WU Xiao-sheng, <i>et al.</i> (4201)