环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第45卷 第3期
2024年3月15日

目 次

富营养化湖泊藻华腐解产生的溶解性有机质动态变化及其环境效应

张瑾[1], 陈明滢[2], 郝智能[3,4], 钟寰[1], 何欢[2], 雷沛[1,2,5*]

(1. 南京大学环境学院污染控制与资源化研究国家重点实验室, 南京 210023; 2. 南京师范大学环境学院, 南京 210023; 3. 中国科学院生态环境研究中心环境化学与生态毒理学国家重点实验室, 北京 100085; 4. 中国科学院大学, 北京 100049; 5. 中国科学院生态环境研究中心环境水质学国家重点实验室, 北京 100085)

摘要: 富营养化和有害藻华是湖泊面临的主要环境问题,富营养化湖泊藻华在后期会发生衰亡和腐解并产生大量藻源溶解性有机质(DOM),影响水体DOM的质量和活性,并对关键元素的生物地球化学循环产生重要调控作用. 为探究不同富营养化程度湖泊水体藻华腐解过程,对藻华腐解过程中水体DOM总量、生物有效性、相对分子质量和组分的动态变化进行分析,并探讨了藻华腐解引发的环境效应. 结果表明,藻华腐解显著提高DOM浓度、生物有效性和各荧光组分强度. 随着腐解的进行,DOM浓度逐渐降低,而相对分子质量逐渐增大. 在分子水平上,超高分辨率质谱结果显示腐解过程中不饱和烃和脂肪族化合物优先被微生物利用,并生成木质素、缩合烃和高O/C值的单宁酸等惰性分子. 藻华腐解过程中细菌群落主要优势种从变形菌门(46%)逐渐变为拟杆菌门(42%). 此外,藻华腐解还导致水体CO_2和CH_4排放显著升高1.2~5倍,且排放量可以由DOM光学指标a_{254}预测. 该结果为全面揭示藻华腐解过程中DOM特征的动态变化,以及湖泊富营养化治理和环境效应预测提供理论依据和科学支撑.

关键词: 溶解性有机质; 生物有效性; 相对分子质量; 藻华腐解; 温室气体

中图分类号: X524 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3301(2024)03-1539-14 **DOI:** 10.13227/j.hjkx.202305135

Dynamic Changes of Dissolved Organic Matter Derived from Algal Decomposition and the Environmental Effects in Eutrophic Lakes

ZHANG Jin[1], CHEN Ming-ying[2], HAO Zhi-neng[3,4], ZHONG Huan[1], HE Huan[2], LEI Pei[1,2,5*]

(1. State Key Laboratory of Pollution Control and Resource Reuse, School of the Environment, Nanjing University, Nanjing 210023, China; 2. School of Environment, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China; 3. State Key Laboratory of Environmental Chemistry and Ecotoxicology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 4. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 5. State Key Laboratory of Environmental Aquatic Chemistry, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China)

Abstract: The global occurrences of lake eutrophication have led to algal bloom and the subsequent algal decomposition, releasing high amounts of algae-derived dissolved organic matter (DOM) into the lake water. Algae-derived DOM could regulate the quantity and composition of DOM in lake water and further impact the biogeochemical cycles of multiple elements. In this study, the dynamic changes in the quantity and quality of DOM during algal decomposition under different eutrophic scenarios (e.g., from oligotrophication to severe eutrophication) were monitored, and the corresponding environmental effects (e.g., microbial responses and greenhouse gas emissions) caused by algal decomposition were further explored. The results showed that algal decomposition significantly increased the DOM levels, bioavailability, and intensities of fluorescent components in the water. The total DOM levels gradually decreased, whereas the average molecular weight increased along the decomposition process. Furthermore, unsaturated hydrocarbon and aliphatic compounds were preferentially utilized by microorganisms during algal decomposition, and some refractory molecules (e.g., lignin, condensed hydrocarbons, and tannin with high O/C values) were synchronously generated, as evidenced by the results from ultra-high-resolution mass spectrometry. The dominant bacterial species during algal decomposition shifted from Proteobacteria (46%) to Bacteroidetes (42%). In addition, algae addition resulted in 1.2-5 times the emissions of CO_2 and CH_4 from water, and the emission rates could be well predicted by the optical index of a_{254} in water. This study provides comprehensive perspectives for understanding the environmental behaviors of aquatic DOM and further paves the ways for the mitigation of lake eutrophication.

Key words: dissolved organic matter; bioavailability; relative molecular weight; algal decomposition; greenhouse gas

城市化迅速发展导致大量富含氮磷的废污水直接或间接排入湖泊水体,使得湖泊富营养化成为最严重的水环境问题之一[1]. 全球面积超过25 km^2的湖泊中,有60%都处于富营养化状态,而我国达到富营养化状态的大型湖泊(面积大于10 km^2)甚至超过总数的85%[1]. 湖泊富营养化不仅对水生生态系统带来严重的危害,同时也对碳等元素生物地球化学循环产生重要调控作用[2,3]. 湖泊藻华一般会经历"复苏-暴发-衰亡-休眠"的循环[4]. 在藻华暴发阶段,浮游植物生产力显著增加,导致碳沉降率增加[5];而在藻华衰亡和腐解阶段,藻细胞的凋亡会向水体释放大量糖类、类蛋白和木质素等物质,成为湖水中溶解性有机质(DOM)的重要来源[6]. DOM是连接生命形态碳

收稿日期: 2023-05-15; **修订日期:** 2023-06-12
基金项目: 国家自然科学基金项目(42107383);江苏省自然科学基金项目(BK20200322);环境模拟与污染控制国家重点联合实验室专项经费项目(20K02ESPCR)
作者简介: 张瑾(1999~),女,博士研究生,主要研究方向为溶解性有机质的环境行为与效应,E-mail: zhangjin@smail.nju.edu.cn
* 通信作者,E-mail: peilei@njnu.edu.cn

和无机碳的关键纽带，并对污染物（如重金属和有机污染物等）的生物有效性和环境行为产生重要影响[7]. DOM直接参与水体有机碳动态循环过程，部分活性和半活性组分可以被微生物利用并以CO_2和CH_4的形式释放回大气，而另一部分难降解组分则以相对惰性有机质的形式保存在湖泊水体和沉积物中[8]. 因此全面了解藻华腐解过程中DOM性质的变化，对理解富营养湖泊碳库的动态变化以及富营养化治理具有重要意义.

已有研究模拟了蓝藻和刚毛藻等浮游植物腐解过程中DOM的变化[9,10]，然而，以上研究多以单一手段表征DOM特性，不利于全面揭示DOM组成变化. 例如，三维荧光光谱法常用于解析DOM的荧光组分信息，但它缺乏相应的分子结构解释[4,11]. DOM相对分子质量对污染物的生物有效性具有重要影响[12,13]，有研究表明63%~94%的重金属与较高芳香度且相对分子质量高的DOM组分络合[13]. 而目前对藻华腐解过程中水体DOM相对分子质量分布及生物有效性的变化关注较少. 富营养化湖泊水体温室气体的产生和排放也是当前关注的热点[14,15]. 已有研究发现湖泊富营养化会促进DOM的矿化并提升温室气体的排放[15,16]. 然而，富营养化湖泊水体温室气体排放过程复杂，受到光合作用、呼吸作用和分解作用等共同影响[17]，藻华腐解对湖泊温室气体排放的影响目前尚未得到充分认知，不利于全面理解和准确预测藻华引起的湖泊温室气体排放效应.

为此，本研究模拟不同富营养化程度的湖泊藻华腐解过程，以全面揭示水体DOM总量、生物有效性、相对分子质量和组分的动态变化. 其中，采用不同尺寸的透析袋对DOM进行相对分子质量分级实验以探究藻华腐解过程中DOM相对分子质量变化. 结合三维荧光光谱和超高分辨率质谱（傅里叶变换离子回旋共振质谱，FT-ICR MS），从分子水平揭示藻华腐解过程DOM组成变化. 此外，还同步关注了藻华腐解过程中细菌群落结构多样性的变化以及CO_2和CH_4排放量的变化. 本研究通过全面揭示藻华腐解过程中DOM的动态变化和引发的环境效应，以期为未来湖泊富营养化治理和修复提供数据基础和科学支撑.

1 材料与方法

1.1 区域概况

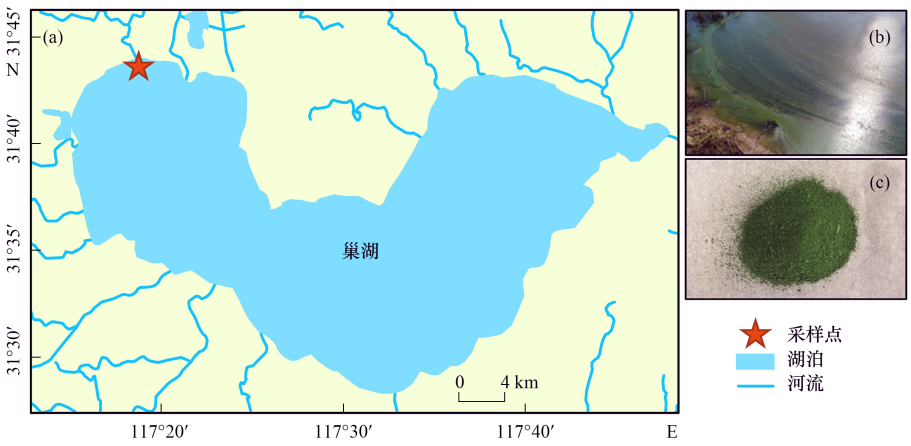
巢湖位于安徽省中部，为长江下游左岸水系湖泊，是我国第五大淡水湖. 巢湖湖面东西长约55 km，南北宽约21 km，湖岸线周长约180 km，湖面面积约为780 km^2，平均水深2.9 m. 巢湖的湖水补给主要来自于地表径流，沿湖共有35条河流并呈放射状汇入巢湖，其中南淝河、杭埠河和白石天河3条河流入湖径流量占总径流量75%以上[18]. 近几十年来，随着社会经济迅速发展，周边城镇产生的大量废污水排放入湖，加剧了巢湖的富营养化进程[19]. 巢湖的藻华暴发主要集中在每年5~8月，并呈现西高东低以及湖周高湖心低的特点[19]. 2019~2020年巢湖水体富营养化指数在50~70之间，其中，西半湖区水体富营养化指数为61，长期处于中度甚至重度富营养化状态[20].

1.2 样品采集与处理

巢湖西半湖的北部湖湾主要承接合肥市排放的生活污水，是富营养化相对严重的区域；同时，受东南季风的影响，每年夏季有大量藻类聚集在西半湖的北部湖湾[21]. 因此，选择该区域采集藻华样品[图1(a)]，以重点考察富营养化湖泊藻华腐解对水体DOM产生的影响和环境效应. 采样点设置在南淝河入湖河口处[图1(b)]，使用125目浮游生物采集网在藻类聚集的水面来回拖动，采集藻类样品置于车载冰箱并尽快运回实验室. 用超纯水清洗样品表面杂质后冷冻干燥获取藻粉[图1(c)]. 藻粉用于后续藻华腐解模拟实验，以保证每次藻添加量的均一性和实验结果的稳定性. 巢湖藻华期间藻类以微囊藻（*Microcystis* spp.）为主[22]，这也是我国其它淡水湖泊藻华暴发时的优势种[23~25]. 因此，从巢湖采集的藻类样品可以较好地代表我国典型富营养化湖泊状况. 同步选取湖面相对清洁的区域采集湖泊表层水样品，低温运至实验室作为室内培养实验用水.

1.3 实验设置

为考察湖泊不同富营养化程度下藻华腐解产生的藻源DOM动态变化特征，本研究向40 mL未过滤湖水中分别加入0、1、5和10 mg藻粉，以分别模拟湖泊水体的贫营养（记为“对照组”）、轻度富营养（记为“低加藻组”）、中度富营养（记为“中加藻组”）和重度富营养（记为“高加藻组”）状态. 各实验组水体中初始叶绿素a浓度分别为（15.3±1.76）、（241±19.4）、（969±20.0）和（1 919±59）$\mu g \cdot L^{-1}$，其中各加藻组叶绿素a浓度与富营养化湖泊水体叶绿素a浓度范围（150~3 000 $\mu g \cdot L^{-1}$）基本一致[26]. 藻水培养体系用封口膜密封，充分混匀后置于恒温箱中避光培养，培养温度为23℃（藻华腐解期9~11月巢湖流域平均气温），避光以防止培养过程中DOM发生光降解. 取样时间点设定为0、1、3、7、12、18和24 d. 各实验组均设置3个平行. 在每个时间点进行破坏性取样，测定水体DOC浓度，同时对DOM进行紫外-可见光谱和三维荧光光谱表征，以观察藻华腐解过程中DOM的动态变化特征. 同步测定藻华腐解过程产生的温室气



(a) 采样点分布示意图，(b) 采样点照片，(c) 冻干藻粉

图 1　巢湖采样点位

Fig. 1　Sampling sites of Chaohu Lake

体（包括 CO_2 和 CH_4）浓度，以探究藻华腐解带来的环境效应．此外，分别在腐解前期（1 d 或 3 d）、中期（12 d）和后期（24 d）额外选取对照组和高加藻处理组样品，用于 DOM 分级测定和 DOM 超高分辨率质谱表征，以及观察藻华腐解过程中 DOM 相对分子质量和分子组成变化；同时，对水体细菌丰度和群落结构进行调查，以考察藻华腐解不同阶段细菌丰度和群落变化及其对藻源 DOM 的响应．

1.4　指标分析

1.4.1　DOC 浓度测定及 DOM 生物可利用性组分的确定

取部分水样经 0.45 μm 滤膜过滤，所得滤液即为待测 DOM 样品．利用总有机碳分析仪（TOC-V_{CPH}，Shimadzu，Japan）测量 DOC 浓度（mg·L^{-1}，以 C 计），以表示藻华腐解产生的藻源 DOM 总量的变化．DOM 生物降解过程中 DOC 浓度随时间（t）的动态变化符合 G 模型，即：$DOC=c_1e^{-k_1t}+c_2e^{-k_2t}+c_3e^0$．该模型确定了 DOM 由 3 种不同生物可利用性组分的指数衰减项之和组成，包括易降解组分（c_1）、半易降解组分（c_2）和难降解组分（c_3），k_1 和 k_2 分别表示易降解和半易降解组分的一级衰减常数[27]．该模型已被广泛用于水体 DOM 生物降解过程中不同生物可利用性组分的定量评估[28, 29]．

1.4.2　DOM 紫外-可见吸收光谱测定

利用紫外-可见分光光度计（UV-1800，Shimadzu）测量水体 DOM 紫外-可见吸收光谱，测量波长范围为 200~800 nm，间隔为 1 nm，以 Milli-Q 超纯水作为空白．分别选取 a_{254}、$SUVA_{254}$ 和光谱斜率 $S_{275\sim295}$ 以表示 DOM 浓度[30]、DOM 芳香性[31] 和 DOM 相对分子质量[32]的变化．

1.4.3　DOM 相对分子质量分级测定

对 DOM 进行相对分子质量分级测定以探究藻华腐解过程中 DOM 相对分子质量变化．分别使用相对分子质量为 3 500 和 10 000 的透析袋（SnakeSkin® Dialysis Tubing，Thermo Scientific，USA），将藻源 DOM 分为相对分子质量<3 500 组分（小分子）、相对分子质量为 3 500~10 000 组分（中分子）和相对分子质量>10 000 组分（大分子）[33]．剪取一定长度相对分子质量为 3 500 的透析袋，向其中加入 20 mL 浓缩过滤藻源 DOM 溶液，然后将其放入含 400 mL 去离子水烧杯中，在恒温（4℃）和黑暗条件下持续搅拌 48 h．透析结束后，烧杯中溶液即为相对分子质量<3 500 组分．而后将透析袋中的样品（相对分子质量>3 500）转移到相对分子质量为 10 000 的透析袋中进行下一步分级．重复上述过程，最终透析袋中的样品为相对分子质量>10 000 组分，而透析袋外的样品为相对分子质量 3 500~10 000 组分．取样结束后，每个组分样品测定 DOC 浓度以评估不同分子组分的比例．分级 DOC 的整体回收率在 93.6%~100% 之间．

1.4.4　DOM 三维荧光光谱测定

利用荧光分光光度计（F-7000，Hitachi）测定水体 DOM 三维荧光光谱．采用 1 cm 石英比色皿，光源为 150 W 氙灯，电压设定为 700 V，波长误差为±1 nm．其中，波长的扫描范围为：激发波长（E_x）200~400 nm 和发射波长（E_m）250~580 nm，波长间隔均为 5 nm，扫描速度为 12 000 nm·min^{-1}，以 Milli-Q 超纯水作为空白．采用荧光区域积分进行 DOM 组分分析，根据荧光峰的位置不同，可将三维荧光光谱划分为 5 个区域[34]，分别对应 5 类物质，包括酪氨酸类蛋白质（E_x：200~250 nm；E_m：280~330 nm）、色氨酸类蛋白质（E_x：200~250 nm；E_m：330~380 nm）、类富里酸（E_x：200~250 nm；E_m：380~550 nm）、溶解性微生物代谢产物（E_x：250~340 nm；E_m：280~380 nm）和类腐殖酸（E_x：250~400 nm；E_m：380~550 nm）．

1.4.5 DOM超高分辨质谱表征

利用傅立叶变换离子回旋共振质谱仪(FT-ICR MS, Bruker SolariX, 15.0 T)表征水体DOM分子组成[29,35]. 将待测水样酸化至pH值<2,然后通过固相萃取柱(Agilent Bond Elute PPL,0.5 g,6 mL)进行有机组分的富集和浓缩. 样品负载后,用甲醇洗脱,收集洗脱液进行上机分析. 根据分子式中是否存在杂原子N和S将分子分为4类:CHO、CHON、CHOS和CHONS,根据分子式的H/C和O/C将分子分为7类,包括脂类(O/C:0~0.3;H/C:1.5~2.0)、蛋白质类(O/C:0.3~0.67;H/C:1.5~2.2)、木质素类(O/C:0.3~0.67;H/C:0.7~1.5)、碳水化合物类(O/C:0.67~1.2;H/C:1.5~2.4)、不饱和烃类(O/C:0~0.3;H/C:0.7~1.5)、缩合烃类(O/C:0~0.67;H/C:0.2~0.7)和单宁酸类(O/C:0.67~1.0;H/C:0.5~1.5)[35].

1.4.6 水体细菌丰度以及群落结构测定

使用0.22 μm滤膜对藻华腐解溶液进行抽滤,将滤膜于-80℃中保存待测. 采用DNA提取试剂盒(MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA)对样本DNA进行提取,以稀释后的基因组DNA为模板,使用515F(5′-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3′)和909R(5′-CCCCGYCAATTCMTTTRAGT-3′)作为PCR扩增引物,随后进行细菌16S rRNA荧光定量以及Illumina高通量测序[36]. 测序结果利用Qiime(V1.9.0)进行质量控制、OUT聚类、物种注释以及均一化处理[37].

1.4.7 水体温室气体浓度测定

将50 mL离心管的盖子预先打孔并用硅橡胶(南大704硅橡胶,室温固化硅橡胶). 待加入湖水和适量藻粉后,拧紧离心管盖并用硅橡胶将离心管盖周围一圈密封随后进行培养. 在每个取样点,用注射器和三通阀定量抽取培养系统中顶空气体,然后将气体迅速注入气相色谱(HP-5890 Series II, Agilent Technologies Inc.,USA),得到样品的色谱图. 以色谱标准物质CH_4和CO_2保留时间为定性依据,以峰面积作为响应值,计算藻华腐解过程中产生CH_4和CO_2的量[38].

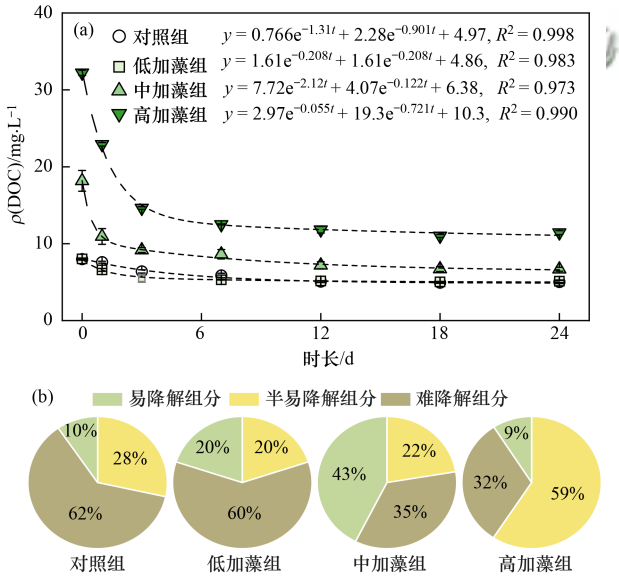
1.5 统计分析

采样点位图由ArcGIS 10.8制作,数据图由Origin 8.5制作,Mental检验相关关系图由RStudio 4.2.0制作. 利用IBM SPSS Statistics 26进行统计分析,包括单因素方差分析(ANOVA)和平均值t检验,显著性水平为$P<0.05$.

2 结果与讨论

2.1 DOM总量及生物有效性变化

随着藻华腐解的进行,水体DOC浓度均呈现出指数衰减的趋势[图2(a)]. 所有实验组DOC的降解均遵循先快后慢的特点,其中,前3 d的DOC降解率可达总降解率的54%~87%. 随着藻密度的增加,水体初始ρ(DOC)(以C计,下同)从对照组7.99 mg·L^{-1}增加到高加藻组32.2 mg·L^{-1},这说明藻华腐解可以显著提高水体DOM总量. 经过24 d的腐解,对照组、低、中和高加藻处理组ρ(DOC)分别降至5.02、5.12、6.68和11.4 mg·L^{-1},对应DOC降解率分别为37%、36%、63%和65%,即DOC初始浓度越高,DOC降解速率越快,最终DOC降解率越高. 这表明水体富营养化程度越高,藻华腐解向水体释放DOM越多,进而促进微生物的增长,以加剧DOM的生物降解[39]. 进一步通过G模型分析发现,对照组水体DOM易降解(c_1)和半易降解(c_2)组分占比分别为10%和28%,而高加藻处理组这两者占比分别达到43%和22%[图2(b)],这说明随着富营养化程度的加剧,藻华腐解会向水体输入更高比例的活性有机质组分[28]. 以上结果表明,随着水体富营养化程度的加剧,藻华腐解会向水体释放更多数量和更高比例的活性有机质,从而驱动微生物的增长并对DOM的动态变化产生重要调控作用[40,41].



(a) DOC浓度,(b) DOM生物可利用性组分占比

图2 藻华腐解过程中水体DOM浓度和生物有效性动态变化

Fig. 2 Dynamic changes in concentrations and bioavailability of DOM during algal decomposition

2.2 DOM光谱指标变化

DOM吸收系数a_{254}会随其含有化合物的芳香环缩合程度、含碳比例以及总含碳量增加而增加,主要表征DOM相对浓度[30]. 本研究中,低、中和高加藻处理组水体a_{254}随着腐解的进行下降趋势非常明显,24 d腐解过程中分别降低了41%、71%和83%,且下降主要集中在腐解前3 d[图3(a)]. 对照组水体a_{254}在腐

解过程中变化不大.

$SUVA_{254}$主要用于指示DOM芳香性[31]. 加藻组水体$SUVA_{254}$表现出不同的变化趋势. 其中,低和中加藻组水体$SUVA_{254}$在腐解前3 d分别从1.69 L·(mg·m)$^{-1}$和2.34 L·(mg·m)$^{-1}$降至1.13 L·(mg·m)$^{-1}$和1.29 L·(mg·m)$^{-1}$,随后又逐渐上升到1.60 L·(mg·m)$^{-1}$和1.70 L·(mg·m)$^{-1}$左右并保持稳定[图3(b)]. 而高加藻组水体$SUVA_{254}$则一直处于降低趋势,从初始2.40 L·(mg·m)$^{-1}$降低至1.28 L·(mg·m)$^{-1}$[图3(b)]. $SUVA_{254}$的降低可能与部分含氧官能团的芳香性物质被微生物生长利用有关[31,42],这部分物质的降解速率可能高于非腐殖组分的分解以及芳香类腐殖组分的生成速率. 当低和中加藻组中引入的这部分物质消耗殆尽后,水体腐殖化逐渐增加. 而高加藻组中引入的这部分芳香性物质过多,从而使$SUVA_{254}$一直处于下降趋势. 对照组水体$SUVA_{254}$在3 d后逐渐增大并于12 d趋于稳定,到腐解末期$SUVA_{254}$增大了约1.5倍[图3(b)],这表明随着腐解的进行,容易分解的物质被逐步消耗从而使富含芳香环结构的腐殖质占比逐步升高,导致对照组水体DOM腐殖化程度增强[43].

$S_{275\sim295}$可反映DOM相对分子质量大小,且值越大表示DOM相对分子质量越小[32]. 各加藻组水体$S_{275\sim295}$随腐解时间均呈下降趋势[图3(c)],表明腐解过程中藻源DOM的相对分子质量逐渐增大. 与本研究结果类似,Balch等[44]也发现藻源DOM的相对分子质量随培养时间逐渐增大,45 d DOM的相对分子质量为6 d的两倍. 这表明藻华腐解产生的小分子物质会优先被微生物利用而消耗,最终剩下一些难降解的相对分子质量较高的物质[45]. 此外,富营养化水体$S_{275\sim295}$显著升高并与藻密度呈正相关,低、中和高加藻组水体初始$S_{275\sim295}$分别达到37.1、52.3和58.1 μm^{-1}[图3(c)],这可能是由于内源性有机质含有较多的小分子氨基酸和碳水化合物,从而导致相对分子质量随藻密度增加而逐渐降低[46]. 对照组水体$S_{275\sim295}$稳定在21.5~32.4 μm^{-1}之间,平均值为25 μm^{-1},保持相对稳定[图3(c)],表明对照组水体DOM相对分子质量变化不大.

2.3　DOM相对分子质量变化

随着藻华腐解的进行,DOM小分子组分(相对分子质量<3 500)、中分子组分(相对分子质量3 500~10 000)和大分子组分(相对分子质量>10 000)浓度均呈下降趋势. 小、中和大分子组分ρ(DOC)分别从12.0、6.61和9.77 mg·L^{-1}降至2.92、1.01和1.67 mg·L^{-1}[图4(a)]. 其中,小分子组分和中分子组分ρ(DOC)共减少了14.7 mg·L^{-1},减少量要高于大分子组分的减少量(8.10 mg·L^{-1}),这表明随着藻华腐解的进行,水体DOM相对分子质量逐渐增大,与上述$S_{275\sim295}$变化趋势保持一致[图3(c)]. 在藻华腐解不同阶段,不同分子组分比例变化不大,小、中和大分子组分的平均占比分别为45%、34%和21%[图4(b)],这也表明了藻华腐解会向水体输入大量氨基酸等小分子物质,这些小分子物质一般具有较高的生物活性,从而对水体微生物增长和污染物的转化产生重要影响[45].

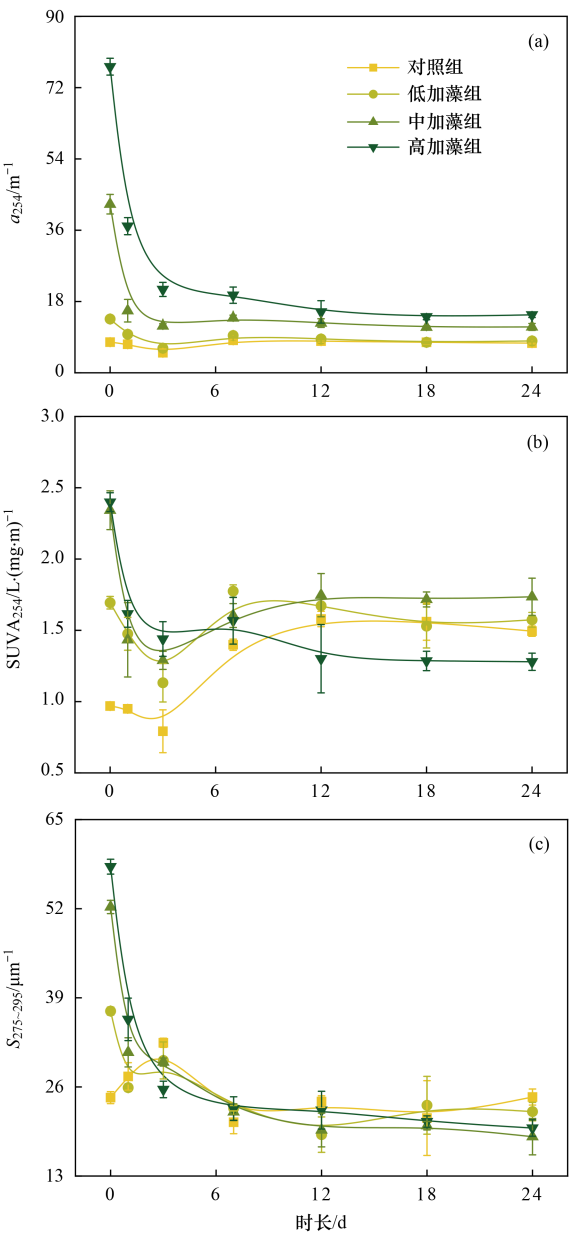


图3　藻华腐解过程中DOM紫外-可见光谱指标变化

Fig. 3　Dynamic changes in DOM ultraviolet-visible spectra parameters during algal decomposition

2.4　DOM组分变化

2.4.1　DOM荧光组分变化

藻华腐解过程中,加藻组湖水DOM各组分的荧光强度均有不同程度的下降,而对照组中相关组分

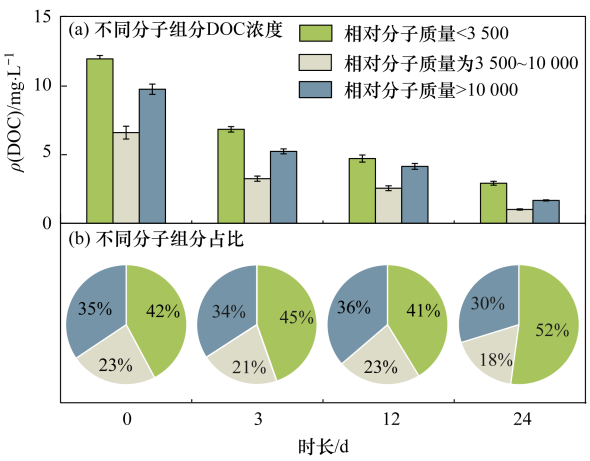
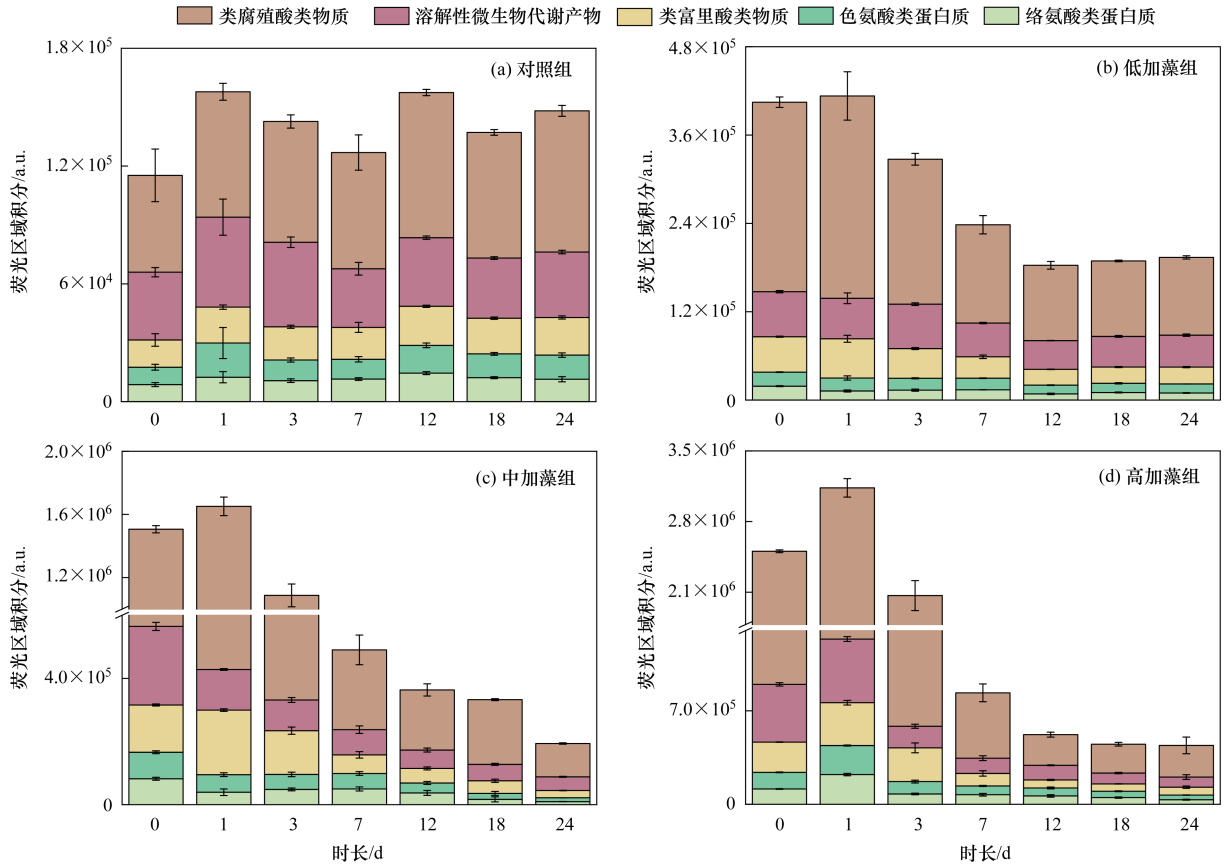


图4 藻华腐解过程中水体DOM相对分子质量动态变化

Fig. 4 Dynamic changes in DOM relative molecular weight during algal decomposition

的荧光强度没有明显变化[图5(a)]. 低加藻组DOM各组分荧光强度下降了30%~60%[图5(b)],中和高加藻组各组分荧光强度减少量都超过70%[图5(c)和5(d)],这与DOC和a_{254}下降规律类似,表明藻源DOM的输入加剧了细菌对不同DOM组分的降解利用. 随着富营养化程度的增加,DOM各组分荧光强度均显著升高. 例如,与对照组相比,高加藻处理组中络氨酸类蛋白质、色氨酸类蛋白质、类富里酸类物质、溶解性微生物代谢产物和类腐殖酸类物质荧光强度分别提高了200%~1 689%、183%~1 309%、203%~1 653%、129%~1 153%和210%~3 160%[图5(d)],说明藻华腐解会向水体中输入大量活性迥异的有机质. 其中,类腐殖酸类物质荧光强度增量最大,表明藻华腐解可以产生大量含氧官能团类腐殖酸芳香性物质[42]. 随着藻华腐解的进行,此类物质的减少量是其余4种组分总减少量的2倍,这与上述高加藻组水体$SUVA_{254}$随腐解时间逐渐降低的变化趋势保持一致[图3(b)].



a. u. 无量纲单位(arbitrary unit)

图5 藻华腐解过程中水体DOM荧光组分强度的动态变化

Fig. 5 Dynamic changes in relative intensities of DOM fluorescent components during algal decomposition

2.4.2 DOM分子组成变化

对藻华腐解过程中DOM进行FT-ICR MS分析,进一步从分子水平解析DOM组成的变化. 从元素组成上来看,藻华腐解显著提高了水体DOM中生物可利用性高的CHON类化合物占比(表1). 从分子组成上看,藻华腐解显著提高了水体DOM中相对分子质量低的脂肪类和碳水化合物的比例,碳水化合物、脂质、类蛋白和不饱和烃的比例分别从1.8%、3.1%、11.8%和8.7%提高到2.7%、5.3%、17.5%和14.1%(表1). 从时间趋势上看,高加藻组水体DOM随着腐解的进行,脂质、类蛋白和不饱和烃等组分呈现降低趋势,而缩合烃、木质素和单宁酸的比例随着

腐解程度有所提高(表1),这表明生物活性高的类蛋白、类糖和脂质等组分可以在短期内参与微生物代谢和物质循环,而高O/C值的木质素和单宁酸难以被生物降解[28, 47, 48]. 对照组水体DOM分子组成整体变化不大,脂质、碳水化合物和类蛋白的比例略有降低,同时,木质素的比例略有增加(表1).

表1　基于FT-ICR MS分析的藻华腐解过程中DOM各组分比例变化

Table 1　Changes in percentages of DOM components during algal decomposition based on FT-ICR MS analysis

组分	高加藻组/%			对照组/%		
	1 d	12 d	24 d	1 d	12 d	24 d
CHO类化合物	35.6	29.7	38.1	38.5	39.4	38.7
CHON类化合物	47.7	51	42.9	43.5	41.5	42.7
CHOS类化合物	16.7	19.3	19	18	19.1	18.6
碳水化合物	2.7	4.1	3.2	1.8	2.1	1.5
缩合烃	1.6	2.4	2.7	3.7	3.7	3.5
木质素	51.4	53.8	57	62.1	62.7	66.1
脂质	5.3	3.8	3.4	3.1	3	2.7
类蛋白	17.5	16	13.9	11.8	11.6	9.4
单宁酸	6.3	8.2	6.8	7.9	8.3	7.1
不饱和烃	14.1	10.6	11.6	8.7	7.7	8.9

DOM分子的van Krevelen图进一步解析藻华腐解期间水体DOM组成的变化. 高加藻组水体DOM中易降解组分主要为具有低O/C值的木质素(16%)、不饱和烃(35%)和脂肪族化合物(脂质、蛋白质和碳水化合物,共占比约44%[图6(a)],表明这些物质优先被水体微生物消耗,其中占比25%的含氮和含硫的不饱和分子很可能来源于藻类功能细胞成分的亚基或片段,例如,核苷酸(DNA和RNA)、叶绿素II和藻蓝蛋白都含有杂环,H/C值为1~1.3[49]. 而在腐解后期消失的分子(代表半易降解组分)不仅数量比初期少了一半以上,而且主要属于蛋白质和木质素(总占比约70%)[图6(b)],表明当低O/C值的木质素和不饱和烃被优先消耗完后,部分高O/C值的结构多糖也可供细菌降解利用. 对照组易降解和半易降解的组分主要属于蛋白质类和部分木质素,且这两种组分仅占腐解期间所有DOM分子的12%[图6(e)和6(f)],说明对照组中可生物利用DOM比例很低,导致腐解期间对照组水体DOM特性变化不大.

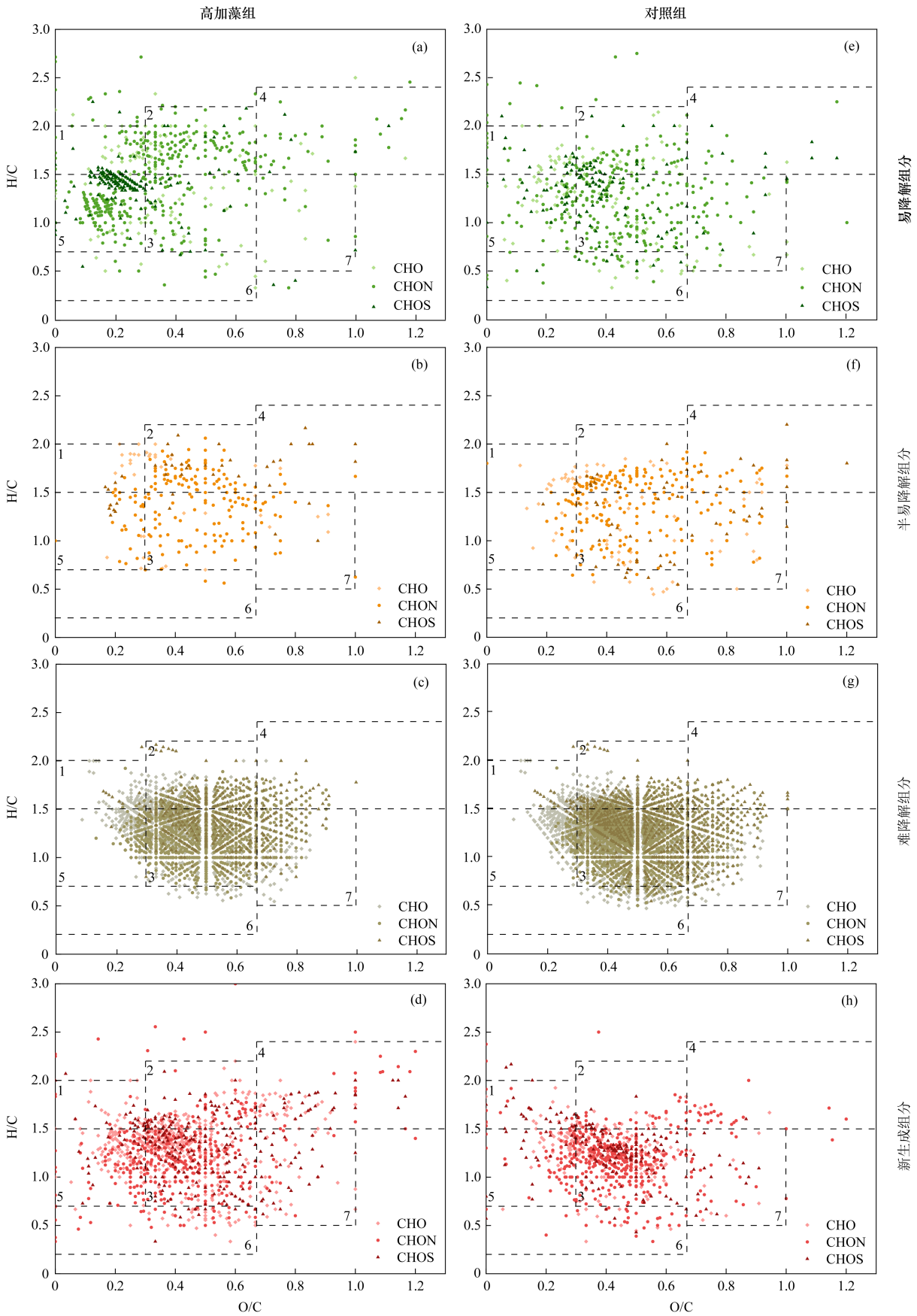
高加藻组和对照组水体中腐解全程都存在的DOM分子是微生物难利用的组分,这些分子绝大多数都属于木质素和单宁酸[图6(c)和6(g)]. 其中,多数物质落入富羧酸脂环分子(carboxyl-rich alicyclic molecules, CRAM)区域,CRAM是一类广泛分布于DOM中的惰性分子,其结构具有多样性且含有大量的带支链的脂环族化合物[50]. CRAM可以在原核和真核生物中的膜成分和次级代谢产物中检测到,因此湖水中CRAM的来源应该包括藻类和一些水生植物细胞壁和膜成分的分解[50]. 对照组水体DOM中难降解分子的比例(59%)高于加藻组(41%),说明藻源DOM为水体微生物提供了更多可利用的活性和半活性组分,该比例也与基于DOC浓度变化的G模型拟合得到的结果保持一致[图2(b)]. 此外,无论是高加藻组还是对照组,新生成的分子主要为木质素、缩合烃和具有高O/C值的单宁酸[图6(d)和6(h)],代表藻华腐解过程中微生物代谢生成的难降解分子,这可能也是导致对照组水体腐解过程中DOM腐殖化程度加重的原因.

2.5　藻华腐解引发的环境效应

2.5.1　水体细菌丰度和群落结构

藻华腐解产生的藻源DOM输入显著增加了水体细菌的丰度. 对照组水体细菌丰度在藻华腐解期间没有发生明显变化;而在高加藻组,腐解前期(1 d)水体细菌丰度相对于对照组就提高了一个数量级,并且随着藻华腐解的进行,细菌DNA丰度呈上升趋势[图7(a)],从1.14×10^8 copies·mL^{-1}增加到1.82×10^8 copies·mL^{-1},这是因为藻华腐解产生大量活性有机质,促进了微生物的增长繁殖.

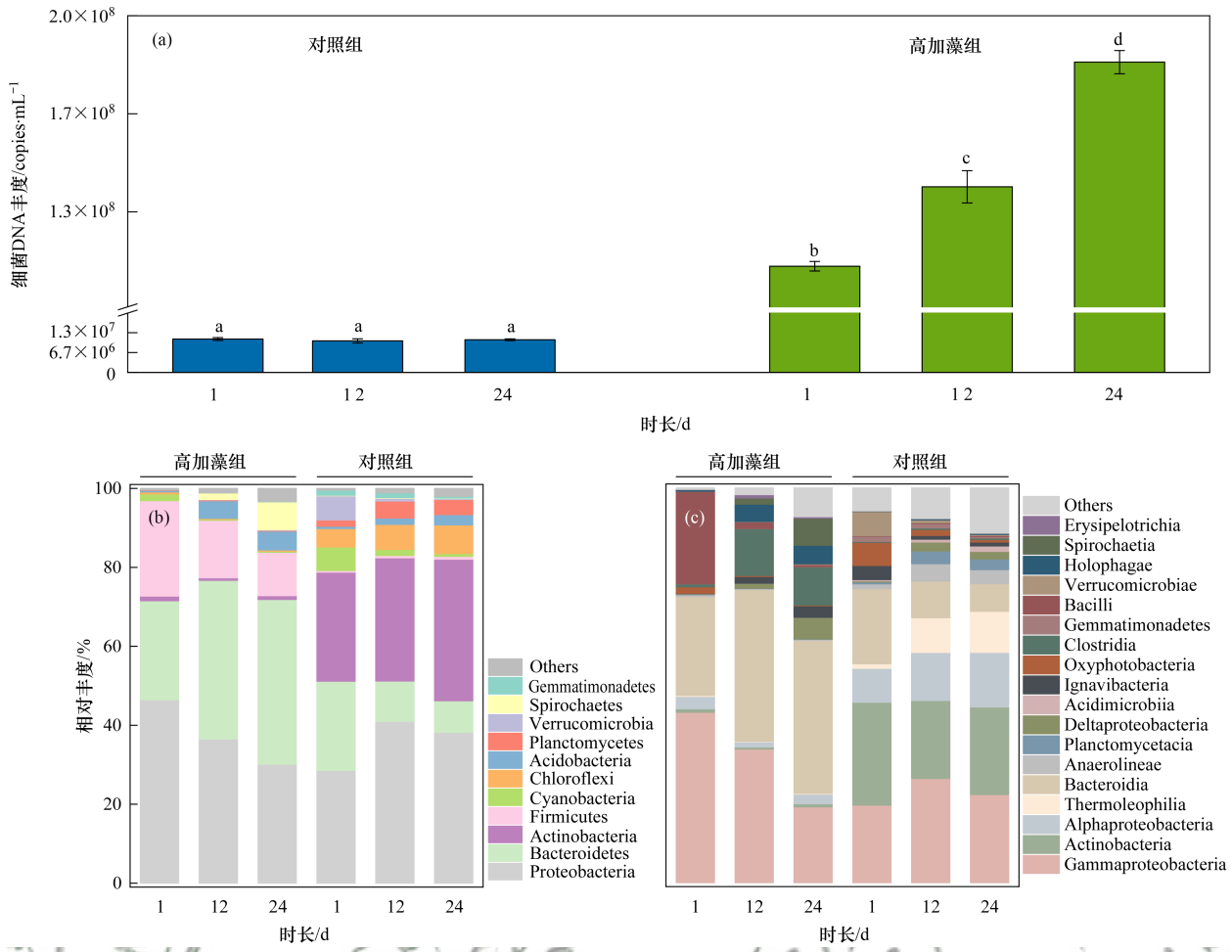
藻华腐解产生的藻源DOM显著改变了水体细菌的群落结构. 对照组水体中细菌主要为变形菌门(Proteobacteria, 29%)和放线菌门(Actinobacteria, 28%),且随着藻华腐解的进行,两者分别增加到38%和36%;而拟杆菌门(Bacteroidetes)从初始23%降低到8%[图7(b)]. 高加藻组腐解前期变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门(Firmicutes)为优势种类,其相对丰度分别为46%、25%和24%[图7(b)],表明藻源DOM的输入显著提升了它们的初始丰度[51]. 随着藻华腐解的进行,变形菌门和厚壁菌门的相对丰度降低到30%和11%,而拟杆菌门相对丰度增加到42%. 此外,酸杆菌门(Acidobacteria)和螺旋体门(Spirochaetes)在腐解中后期的相对丰度也较高(1.65%~7.04%)[图7



在藻华腐解过程中,仅在1 d存在的分子表示为易降解组分,在1 d和12 d存在的分子表示为半易降解组分,全程都存在的分子表示为难降解组分,腐解24 d新出现的分子表示为新生成组分;DOM组分按H/C和O/C值分成7类,1~7分别指脂类、蛋白质类、木质素类、碳水化合物、不饱和烃类、缩合烃类和单宁酸类

图6 藻华腐解过程中DOM组分van Krevelen图

Fig. 6 van Krevelen diagram of the identified components in DOM during algal decomposition



(a) 细菌丰度，(b) 门水平细菌群落组成，(c) 纲水平细菌群落组成；(a)中不同小写字母表示存在显著性差异

图 7　藻华腐解过程中水体细菌的丰度和群落组成的变化

Fig. 7　Variations in bacterial abundance and community composition during algal decomposition

(b)]. 在纲水平上，藻源 DOM 的输入显著提高了 γ-变形菌(Gammaproteobacteria)、芽孢杆菌(Bacilli)和拟杆菌(Bacteroidia)的相对丰度，随着藻华腐解的进行，γ-变形菌和芽孢杆菌的相对丰度逐渐降低，拟杆菌和梭菌(Clostridia)的相对丰度逐渐上升[图 7(c)]. 而对照组水体微生物的优势菌为 γ-变形菌、α-变形菌(Alphaproteobacteria)和放线菌等，其中，拟杆菌和产氧光合细菌(Oxyphotobacteria)的相对丰度随腐解进行而明显降低，而嗜热油菌(Thermoleophilia)的相对丰度则从 1.1% 提高到 10.4%[图 7(c)].

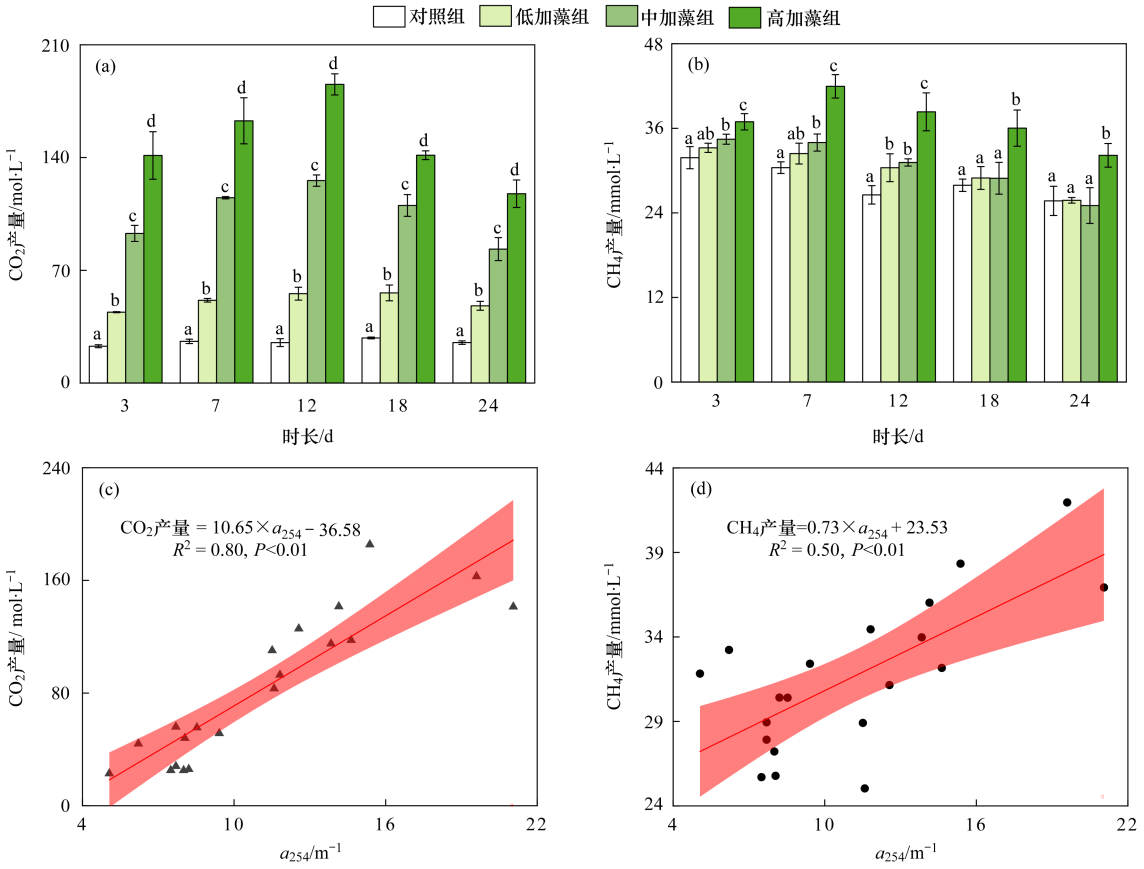
本研究表明藻华腐解过程中拟杆菌门、厚壁菌门和变形菌门为优势菌，而这几类菌也是刚毛藻和蓝藻等腐解过程中的优势菌[10,51]. 在水环境中，拟杆菌门通常与纤维素等多糖的分解有关，产生低聚糖或短链脂肪酸，例如乙酸和丙酸等有机酸，并能快速在植物表面定殖和生长[52]. 在藻类腐解前期，黄杆菌(*Flavobacterium*)是拟杆菌门的优势属(占细菌总丰度的 18%)，前期研究认为黄杆菌在富营养化湖泊中具有重要的生态功能，可有效降解蛋白质和纤维素等物质[53]. 厚壁菌门是一个快速生长的富营养型菌(r 策略)，可以在富含活性碳底物的环境中快速分类增殖[54]，这也是富营养化水体中厚壁菌门的相对丰度要远高于对照组的原因[图 7(b)]. 随着藻源 DOM 浓度、活性组分的降低和难降解分子的富集，厚壁菌门的相对丰度逐渐降低并被其它门属所取代. 其中，芽孢杆菌在初期是优势菌群，该类典型的反硝化细菌可以产生胞外纤维素酶，与碳和氮的代谢密切相关[55,56]. 随着腐解过程中溶解氧的消耗，芽孢杆菌逐渐被厌氧的梭菌所取代，Xing 等[57]也发现在微囊藻水华厌氧降解过程中梭菌占据主导地位(高达 72%)，而梭菌在 DOM 发酵过程中产生的小分子中间体(如乙酸盐和乙醇等)也可以被产甲烷古菌利用生成 CH_4，影响富营养化湖泊水体温室气体的排放.

变形菌门可以分解植物凋落物中的顽固碳化合物，且与氮循环过程密切相关[58,59]. 本研究中藻华腐解初期变形菌门中的优势属是气单胞菌属(*Aeromonas*)，相对丰度为 22.3%. 气单胞菌在地表水

中很常见，具有广泛的外切酶（淀粉酶、蛋白酶、脂肪酶和核酸酶等）[60]，甚至可以高效分解有机污染化合物，如杀虫剂溴氰菊酯[61]. 以上结果表明，由于可利用的养分类型和环境因子的变化，水体细菌群落随藻华腐解的进行发生明显的变化[52]. 在此过程中细菌及其之间的共生作用又驱动了碳和氮等营养元素循环，如增强固碳、发酵、产甲烷和反硝化等过程，反过来又改变了它们的环境，导致湖泊营养水平的变化[62]. 因此，需要进一步研究藻华腐解输入的DOM与微生物群落之间的相互作用机制，包括对微生物相关功能基因的预测分析，为湖泊藻华暴发的治理提供理论依据.

2.5.2 温室气体排放

随着藻华腐解的进行，各加藻组水体CO_2累积产量逐渐增加，在12 d达到峰值趋势稳定；而对照组水体的CO_2累积产量保持相对不变. 从整个腐解过程来看，对照组、低、中和高加藻处理组CO_2累积产量的平均值分别为25.4、50.9、105.4和149.7 mol·L^{-1}［图8(a)］，表明藻源DOM输入可以显著加剧水体CO_2释放，且藻密度越高，水体CO_2产量也越高. 齐天赐等[63]研究也发现巢湖表层水体CO_2浓度与溶解性有机碳浓度呈显著正相关. CH_4生成对藻源DOM输入的响应要小于CO_2，其中，低加藻组和中加藻组水体的CH_4累积产量与对照组没有明显差异，并且随着腐解时间逐渐降低. 仅高加藻处理组水体CH_4累积产量有所上升，在腐解7 d达到峰值并趋于稳定；高加藻组水体CH_4累积产量平均值为37.1 mmol·L^{-1}，比对照组高1.3倍［图8(b)］，说明湖泊重度藻华堆积区是CH_4重要的排放源[14, 64]. 同时，进一步研究发现，不同富营养化水体CO_2产量与湖水DOM光学指标a_{254}有较好的正相关关系［图8(c)］，水体CH_4产量与a_{254}也存在类似的正相关关系［图8(d)］. 考虑到水体a_{254}指标测定的便捷性以及与湖泊富营养化状态的良好关联性[65]，这为预测全球尺度的不同营养状态湖泊温室气体排放及贡献提供了理论支撑和数据基础.



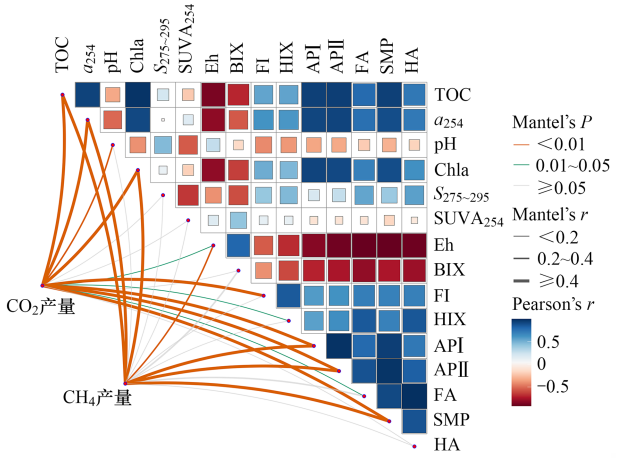
(a)和(b)中不同小写字母表示显著性差异，(c)和(d)中红色背景表示95%置信带

图8 温室气体CO_2和CH_4的产量及其与a_{254}之间的关系

Fig. 8 Greenhouse gas production of CO_2 and CH_4 and its relationships to a_{254}

同时，进一步开展Mantel检验发现不同营养状态湖泊水体的DOC、叶绿素a、a_{254}、络氨酸类物质、色氨酸类物质和溶解性微生物代谢产物显著影响湖泊水体温室气体CO_2和CH_4的产量（Mantel's P<0.01，Mantel's r≥0.4），表明CO_2和CH_4的产生与生物可利用度高的DOM组分密切相关（图9）. 在富营养湖泊中，

藻源 DOM 的输入显著提高了这部分物质的量，从而提高了产甲烷菌等微生物的数量[16, 66]，进而促进了 DOM 的矿化过程，导致温室气体产量增加．藻华腐解促进 CO_2 产生的另一个可能原因是 pH 值的变化（图 9，与 pH 显著相关，Mantel's $P<0.05$），藻源 DOM 的输入造成水体 pH 值下降，改变水体中碳酸盐平衡，导致游离 CO_2 相对于碳酸根和碳酸氢根的浓度增加[67]．因此，富营养湖泊藻华腐解会增加温室气体的排放[15, 16]．



API、APⅡ、FA、SMP 和 HA 是基于三维荧光光谱的荧光区域积分方法解析的 5 类物质，分别为络氨酸类、色氨酸类蛋白质、类富里酸类、溶解性微生物代谢产物和类腐殖酸类组分；BIX、FI 和 HIX 分别表示生物源指数[68]、荧光指数[69]和腐殖化指数[70]；热图的颜色梯度表示皮尔逊等级相关系数（对应于 Pearson's r），正值越大（深蓝色）表示正相关性越强，负值越大（深红色）表示负相关性越强；两种温室气体产量使用 Mantel 分析与每个理化性质和光谱指数相关联，连线的宽窄和颜色对应于 Mantel's r 的统计量和显著性 P 值

图 9　Mental 分析 CO_2 和 CH_4 产量与水体理化性质及 DOM 光谱指数的相关关系

Fig. 9　Correlation between CO_2 and CH_4 production and physicochemical properties of water and DOM spectral indices by Mental tests

此外，Zhou 等[71]发现太湖溶解 CH_4 浓度与表示陆地腐殖物质的 C2-C4 荧光峰和 DOM 的芳香性呈显著正相关，认为陆源类腐殖质的输入可能在促进富营养湖泊 CH_4 的生产释放方面超过藻华．因此未来需要重点关注并探究不同来源和组成的有机质对温室气体排放的贡献及机制．同时，预计未来大气 CO_2 浓度升高和变暖场景下湖泊营养负荷的增加，未来湖泊藻华可能进一步扩大并加剧[72, 73]，变暖和富营养化之间的协同作用可能会成比例地增加 CO_2 和 CH_4 产量与排放导致气候变暖加速，起到正反馈的作用[74]，因此，需要进一步探索湖泊富营养化和气候变暖之间的关系，这对准确预测未来气候变化和富营养化情景下湖泊在全球温室气体收支中的作用至关重要．

需要注意的是，本研究结果主要是基于室内微宇宙封闭培养体系获取的；而在实际原位真实条件下，多种环境因素会影响 DOM 的环境行为和生物有效性．例如，本研究主要关注考察藻华腐解过程中 DOM 的生物降解过程，光降解对 DOM 组分的变化并未纳入考虑．这是因为在水体富营养化严重的区域，藻华堆积会导致水体透明度显著下降[75]，但真实条件下光降解与生物降解对 DOM 变化相对贡献仍应予以关注．此外，发生富营养化的湖口区域一般还会接收陆源河流输入，因而此区域水体 DOM 主要来自于多种来源 DOM 的混合．而最新研究发现，不同来源 DOM 不同比例的混合会显著影响 DOM 的生物活性（包括生物降解能力、光降解能力、自由基产率和氧化还原能力等），且呈现明显的非线性变化[76]，这说明真实场景中富营养化湖泊中水体 DOM 的变化和环境效应可能更为复杂．如何从室内模拟结果拓展到野外原位真实条件下 DOM 的动态变化，还需要在后续研究中进一步关注．

3　结论

（1）随着藻华腐解的进行，水体 DOC 浓度呈现出指数衰减的趋势且降解速率先快后慢．水体 DOC 和 a_{254} 结果指示藻华腐解显著提高水体 DOM 总量，而 G 模型发现藻华腐解显著提高了水体 DOM 的生物有效性，其中水体 DOM 易降解和半易降解组分占比从 38% 提高到 65%．

（2）藻华腐解过程中水体 $S_{275\sim295}$ 逐渐降低，水体 DOM 小、中和大分子组分浓度均呈下降趋势，但水体 DOM 的相对分子质量逐渐增大．

（3）藻源 DOM 输入增大了水体 DOM 各荧光组分的强度，并随藻华腐解的进行而逐渐降低．在分子水平上，藻华腐解过程中不饱和烃和脂肪族化合物（脂质、蛋白质和碳水化合物）优先被微生物利用，并生成木质素、缩合烃和具有高 O/C 值的单宁酸等惰性分子．

（4）藻源 DOM 的输入显著提高了水体细菌的丰度并改变了细菌群落，使细菌优势菌门为变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门．不同藻华腐解阶段细菌群落有明显差异，优势种从前期的变形菌门变为拟杆菌门．此外，富营养湖泊藻华腐解也会显著增加温室气体 CO_2 和 CH_4 的排放，且湖水 DOM 光学指标 a_{254} 与 CO_2 和 CH_4 产量均有良好的正相关关系．

参考文献：

[1]　Wang S L, Li J S, Zhang B, *et al*. Trophic state assessment of global inland waters using a MODIS-derived Forel-Ule index[J]. Remote Sensing of Environment, 2018, **217**: 444-460.

[2]　Huisman J, Codd G A, Paerl H W, *et al*. Cyanobacterial blooms

[J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, **16**(8): 471-483.

[3] Hou X J, Feng L, Dai Y H, *et al*. Global mapping reveals increase in lacustrine algal blooms over the past decade [J]. Nature Geoscience, 2022, **15**(2): 130-134.

[4] 朱金杰, 邹楠, 钟寰, 等. 富营养化巢湖沉积物溶解性有机质光谱时空分布特征及其环境意义[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(7): 2528-2538.
Zhu J J, Zou N, Zhong H, *et al*. Spatiotemporal characteristics and its environmental application of dissolved organic matter (DOM) in sediments from Chaohu Lake, a eutrophic lake [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(7): 2528-2538.

[5] Knoll L B, Vanni M J, Renwick W H, *et al*. Temperate reservoirs are large carbon sinks and small CO_2 sources: Results from high-resolution carbon budgets [J]. Global Biogeochemical Cycles, 2013, **27**(1): 52-64.

[6] Villacorte L O, Ekowati Y, Neu T R, *et al*. Characterisation of algal organic matter produced by bloom-forming marine and freshwater algae[J]. Water Research, 2015, **73**: 216-230.

[7] Kellerman A M, Dittmar T, Kothawala D N, *et al*. Chemodiversity of dissolved organic matter in lakes driven by climate and hydrology [J]. Nature Communications, 2014, 5, doi: 10.1038/ncomms4804.

[8] 庞佳丽, 许燕红, 何毓新, 等. 太湖梅梁湾藻华暴发消退-周期表层水体溶解性有机质分子特征[J]. 湖泊科学, 2020, **32**(6): 1599-1609.
Pang J L, Xu Y H, He Y X, *et al*. Molecular characteristics of surface dissolved organic matter in Meiliang Bay of Lake Taihu over the algal blooming-disappearance cycle [J]. Journal of Lake Sciences, 2020, **32**(6): 1599-1609.

[9] 李翔, 李致春, 汪旋, 等. 蓝藻衰亡过程中上覆水溶解性有机物变化特征[J]. 环境科学, 2021, **42**(7): 3281-3290.
Li X, Li Z C, Wang X, *et al*. Characteristics of dissolved organic matter in overlying water during algal bloom decay [J]. Environmental Science, 2021, **42**(7): 3281-3290.

[10] 王玉明, 周盼盼, 周维成, 等. 刚毛藻腐烂过程中溶解性有机物的释放和细菌群落的变化[J]. 水生生物学报, 2023, **47**(1): 80-91.
Wang Y M, Zhou P P, Zhou W C, *et al*. Dissolved organic matter release and bacterial community shifts during the decomposition of *Cladophora* [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2023, **47**(1): 80-91.

[11] 井晨, 单保庆, 李思敏, 等. 夏季白洋淀有色溶解性有机质(CDOM)光学特性及其来源分析[J]. 环境科学学报, 2022, **42**(10): 342-352.
Jing C, Shan B Q, Li S M, *et al*. Spatial differences of optical properties of CDOM and their source apportionment in Baiyangdian Lake in Summer [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2022, **42**(10): 342-352.

[12] Lin H, Xia X H, Bi S Q, *et al*. Quantifying bioavailability of pyrene associated with dissolved organic matter of various molecular weights to *Daphnia magna* [J]. Environmental Science & Technology, 2018, **52**(2): 644-653.

[13] 李雅妮, 徐华成, 江和龙. 鄱阳湖水体溶解有机质分子量分布、荧光特征及对重金属分布的影响[J]. 湖泊科学, 2020, **32**(4): 1029-1040.
Li Y N, Xu H C, Jiang H L. Molecular weight distribution, fluorescence characteristics of dissolved organic matter and their effect on the distribution of heavy metals of Lake Poyang [J]. Journal of Lake Sciences, 2020, **32**(4): 1029-1040.

[14] 闫兴成, 张重乾, 季铭, 等. 富营养化湖泊夏季表层水体温室气体浓度及其影响因素[J]. 湖泊科学, 2018, **30**(5): 1420-1428.
Yan X C, Zhang C Q, Ji M, *et al*. Concentration of dissolved greenhouse gas and its influence factors in the summer surface water of eutrophic lake [J]. Journal of Lake Sciences, 2018, **30**(5): 1420-1428.

[15] Xiao Q T, Xu X F, Duan H T, *et al*. Eutrophic Lake Taihu as a significant CO_2 source during 2000-2015 [J]. Water Research, 2020, **170**, doi: 10.1016/j.watres.2019.115331.

[16] Zhou C Q, Peng Y, Yu M T, *et al*. Severe cyanobacteria accumulation potentially induces methylotrophic methane producing pathway in eutrophic lakes [J]. Environmental Pollution, 2022, **292**, doi: 10.1016/j.envpol.2021.118443.

[17] 荀凡, 杜先, 陈新芳, 等. 秋季连续打捞蓝藻对水-气界面温室气体通量的影响[J]. 湖泊科学, 2020, **32**(6): 1707-1722.
Xun F, Du X, Chen X F, *et al*. Effects of continuous cyanobacterial salvaging on greenhouse gas flux on water-air interface in autumn [J]. Journal of Lake Sciences, 2020, **32**(6): 1707-1722.

[18] Fang T, Lu W X, Li J, *et al*. Levels and risk assessment of metals in sediment and fish from Chaohu Lake, Anhui province, China [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2017, **24**(18): 15390-15400.

[19] 张民, 史小丽, 阳振, 等. 2012-2018年巢湖水质变化趋势分析和蓝藻防控建议[J]. 湖泊科学, 2020, **32**(1): 11-20.
Zhang M, Shi X L, Yang Z, *et al*. The variation of water quality from 2012 to 2018 in Lake Chaohu and the mitigating strategy on cyanobacterial blooms [J]. Journal of Lake Sciences, 2020, **32**(1): 11-20.

[20] 吴转璋, 朱超, 唐萍, 等. 巢湖湖区浮游植物群落与水质因子相关性分析[J]. 生物学杂志, 2023, **40**(1): 79-84.
Wu Z Z, Zhu C, Tang P, *et al*. Correlation analysis of phytoplankton community and water quality factors in Chaohu Lake [J]. Journal of Biology, 2023, **40**(1): 79-84.

[21] 殷长秦, 王体健, 石春娥, 等. 巢湖流域典型站点的风场特征分析[J]. 大气科学学报, 2012, **35**(2): 249-256.
Yin C Q, Wang T J, Shi J E, *et al*. Analysis on wind characteristics at typical sites over Chaohu Lake basin [J]. Transactions of Atmospheric Sciences, 2012, **35**(2): 249-256.

[22] Jiang Y J, He W, Liu W X, *et al*. The seasonal and spatial variations of phytoplankton community and their correlation with environmental factors in a large eutrophic Chinese lake (Lake Chaohu)[J]. Ecological Indicators, 2014, **40**: 58-67.

[23] Tao Y Q, Xue B, Zhong J C, *et al*. Influences of pH, heavy metals and phosphate and their co-influences on the sorption of pentachlorophenol on cyanobacterial biomass [J]. Water Research, 2012, **46**(11): 3585-3594.

[24] Yu G L, Jiang Y G, Song G F, *et al*. Variation of *Microcystis* and microcystins coupling nitrogen and phosphorus nutrients in Lake Erhai, a drinking-water source in Southwest Plateau, China [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2014, **21**(16): 9887-9898.

[25] 罗宜富, 李磊, 李秋华, 等. 阿哈水库叶绿素a时空分布特征及其与藻类、环境因子的关系[J]. 环境科学, 2017, **38**(10): 4151-4159.
Luo Y F, Li L, Li Q H, *et al*. Spatial and temporal distribution of chlorophyll a and its relationship to algae and environmental factors in Aha Reservoir [J]. Environmental Science, 2017, **38**(10): 4151-4159.

[26] 李柯, 关保华, 刘正文. 蓝藻碎屑分解速率及氮磷释放形态

的实验分析[J]. 湖泊科学，2011，**23**(6)：919-925.
Li K，Guan B H，Liu Z W. Experiments on decomposition rate and release forms of nitrogen and phosphorus from the decomposing cyanobacterial detritus[J]. Journal of Lake Sciences，2011，**23**(6)：919-925.

[27] Westrich J T，Berner R A. The role of sedimentary organic matter in bacterial sulfate reduction：The *G* model tested[J]. Limnology and Oceanography，1984，**29**(2)：236-249.

[28] Bai L L，Cao C C，Wang C H，*et al*. Toward quantitative understanding of the bioavailability of dissolved organic matter in freshwater lake during cyanobacteria blooming[J]. Environmental Science & Technology，2017，**51**(11)：6018-6026.

[29] Lei P，Zhang J，Zhu J J，*et al*. Algal organic matter drives methanogen-mediated methylmercury production in water from eutrophic shallow lakes[J]. Environmental Science & Technology，2021，**55**(15)：10811-10820.

[30] Shang Y X，Song K S，Jacinthe P A，*et al*. Characterization of CDOM in reservoirs and its linkage to trophic status assessment across China using spectroscopic analysis [J]. Journal of Hydrology，2019，**576**：1-11.

[31] 宁成武，包妍，黄涛，等. 夏季巢湖入湖河流溶解性有机质来源及其空间变化[J]. 环境科学，2021，**42**(8)：3743-3752.
Ning C W，Bao Y，Huang T，*et al*. Sources and spatial variation of dissolved organic matter in summer water of inflow rivers along Chaohu Lake watershed[J]. Environmental Science，2021，**42**(8)：3743-3752.

[32] 罗燕清，万智巍，晏彩霞，等. 鄱阳湖沉积物溶解性有机质光谱特征[J]. 环境科学，2022，**43**(2)：847-858.
Luo Y Q，Wan Z W，Yan C X，*et al*. Spectral characteristics of dissolved organic matter in sediments from Poyang Lake [J]. Environmental Science，2022，**43**(2)：847-858.

[33] Chen G，Lin C，Chen L，*et al*. Effect of size-fractionation dissolved organic matter on the mobility of prometryne in soil[J]. Chemosphere，2010，**79**(11)：1046-1055.

[34] Chen W，Westerhoff P，Leenheer J A，*et al*. Fluorescence excitation - Emission matrix regional integration to quantify spectra for dissolved organic matter [J]. Environmental Science & Technology，2003，**37**(24)：5701-5710.

[35] Hao Z N，Yin Y G，Cao D，*et al*. Probing and comparing the photobromination and photoiodination of dissolved organic matter by using ultra-high-resolution mass spectrometry [J]. Environmental Science & Technology，2017，**51**(10)：5464-5472.

[36] Li X Z，Rui J P，Mao Y J，*et al*. Dynamics of the bacterial community structure in the rhizosphere of a maize cultivar[J]. Soil Biology and Biochemistry，2014，**68**：392-401.

[37] Caporaso J G，Kuczynski J，Stombaugh J，*et al*. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. Nature Methods，2010，**7**(5)：335-336.

[38] Blum P W，Hershey A E，Tsui M T K，*et al*. Methylmercury and methane production potentials in North Carolina Piedmont stream sediments[J]. Biogeochemistry，2018，**137**(1)：181-195.

[39] 高小丰，吴莹，朱卓毅. 长江口外浮游植物死亡释放溶解有机质的降解及其溶氧消耗[J]. 海洋与湖沼，2015，**46**(5)：1010-1017.
Gao X F，Wu Y，Zhu Z Y. Degradation of dissolved organic matter from dead phytoplankton off the Changjiang river estuary and the resulting dissolved oxygen consumption [J]. Oceanologia et Limnologia Sinica，2015，**46**(5)：1010-1017.

[40] Chen M S，Ding S M，Chen X，*et al*. Mechanisms driving phosphorus release during algal blooms based on hourly changes in iron and phosphorus concentrations in sediments [J]. Water Research，2018，**133**：153-164.

[41] Tang Y，Zhang M Y，Sun G X，*et al*. Impact of eutrophication on arsenic cycling in freshwaters[J]. Water Research，2019，**150**：191-199.

[42] Ren D，Huang B，Yang B Q，*et al*. Photobleaching alters the photochemical and biological reactivity of humic acid towards 17α-ethynylestradiol[J]. Environmental Pollution，2017，**220**：1386-1393.

[43] 姚佳，杨飞，张毅敏，等. 黑藻叶、茎腐解释放溶解性有机物的特性[J]. 中国环境科学，2017，**37**(11)：4294-4303.
Yao J，Yang F，Zhang Y M，*et al*. Research on the dissolved organic matter of *Hydrilla verticillata*'s leaf and stem decomposition [J]. China Environmental Science，2017，**37**(11)：4294-4303.

[44] Balch J，Guéguen C. Effects of molecular weight on the diffusion coefficient of aquatic dissolved organic matter and humic substances [J]. Chemosphere，2015，**119**：498-503.

[45] 张国正，赵敏，李勇，等. 水生植物腐解过程中溶解性有机质的释放特征[J]. 中国给水排水，2022，**38**(19)：93-101.
Zhang G Z，Zhao M，Li Y，*et al*. Release characteristics of dissolved organic matter during decomposition of aquatic plants [J]. China Water & Wastewater，2022，**38**(19)：93-101.

[46] 沈烁，王育来，杨长明，等. 南淝河不同排口表层沉积物DOM光谱特征[J]. 中国环境科学，2014，**34**(9)：2351-2361.
Shen S，Wang Y L，Yang C M，*et al*. Spectral characteristic of dissolved organic matter (DOM) in the surface sediments from different discharging points along the Nanfei River in Hefei City，Anhui Province[J]. China Environmental Science，2014，**34**(9)：2351-2361.

[47] Austin A T，Ballaré C L. Dual role of lignin in plant litter decomposition in terrestrial ecosystems [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America，2010，**107**(10)：4618-4622.

[48] Zhou L，Zhou Y Q，Tang X M，*et al*. Resource aromaticity affects bacterial community successions in response to different sources of dissolved organic matter[J]. Water Research，2021，**190**，doi：10.1016/j.watres.2020.116776.

[49] Bittar T B，Vieira A A H，Stubbins A，*et al*. Competition between photochemical and biological degradation of dissolved organic matter from the cyanobacteria Microcystis aeruginosa [J]. Limnology and Oceanography，2015，**60**(4)：1172-1194.

[50] Hertkorn N，Benner R，Frommberger M，*et al*. Characterization of a major refractory component of marine dissolved organic matter [J]. Geochimica et Cosmochimica Acta，2006，**70**(12)：2990-3010.

[51] 刘新，王友权，徐华成，等. 富营养化湖泊藻型及草型区微生物群落对有色可溶有机物组成的影响[J]. 生态环境学报，2017，**26**(8)：1403-1409.
Liu X，Wang Y Q，Xu H C，*et al*. Effects of microbial communities on the composition of algae-derived and grass-derived chromophoric dissolved organic matter in Eutrophic Lake [J]. Ecology and Environmental Sciences，2017，**26**(8)：1403-1409.

[52] Han B，Addo F G，Mu X Y，*et al*. Epiphytic bacterial community shift drives the nutrient cycle during *Potamogeton malaianus* decomposition [J]. Chemosphere，2019，**236**，doi：10.1016/j.chemosphere.2019.06.223.

[53] Eiler A，Bertilsson S. *Flavobacteria* blooms in four eutrophic lakes：Linking population dynamics of freshwater bacterioplankton to resource availability [J]. Applied and Environmental

Microbiology, 2007, **73**(11): 3511-3518.

[54] Zhao B Y, Xing P, Wu Q L. Microbes participated in macrophyte leaf litters decomposition in freshwater habitat [J]. Fems Microbiology Ecology, 2017, **93** (10), doi: 10.1093/femsec/fix108.

[55] Wang P F, Wang X, Wang C, *et al*. Shift in bacterioplankton diversity and structure: Influence of anthropogenic disturbances along the Yarlung Tsangpo River on the Tibetan Plateau, China [J]. Scientific Reports, 2017, **7**, doi: 10.1038/s41598-017-12893-4.

[56] Akhtar N, Sharma A, Deka D, *et al*. Characterization of cellulase producing *Bacillus* sp. for effective degradation of leaf litter biomass [J]. Environmental Progress & Sustainable Energy, 2013, **32** (4): 1195-1201.

[57] Xing P, Guo L, Tian W, *et al*. Novel *Clostridium* populations involved in the anaerobic degradation of *Microcystis* blooms [J]. The ISME Journal, 2011, **5**(5): 792-800.

[58] Wang C, Gao H, Chen J, *et al*. Long-term effects of decabromodiphenyl ether on denitrification in eutrophic lake sediments: Different sensitivity of six-type denitrifying bacteria [J]. Science of the Total Environment, 2021, **774**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.145147.

[59] Melo-Nascimento A O d S, Treumann C, Neves C, *et al*. Functional characterization of ligninolytic *Klebsiella* spp. strains associated with soil and freshwater[J]. Archives of Microbiology, 2018, **200**(8): 1267-1278.

[60] Pemberton J M, Kidd S P, Schmidt R. Secreted enzymes of *Aeromonas*[J]. Fems Microbiology Letters, 1997, **152**(1): 1-10.

[61] Kalwasińska A, Kesy J, Wilk I, *et al*. Neustonic versus epiphytic bacteria of eutrophic lake and their biodegradation ability on deltamethrin[J]. Biodegradation, 2011, **22**(4): 699-707.

[62] Wang Y, Guo M L, Li X L, *et al*. Shifts in microbial communities in shallow lakes depending on trophic states: Feasibility as an evaluation index for eutrophication [J]. Ecological Indicators, 2022, **136**, doi: 10.1016/j.ecolind.2022.108691.

[63] 齐天赐, 肖启涛, 苗雨青, 等. 巢湖水体二氧化碳浓度时空分布特征及其水-气交换通量[J]. 湖泊科学, 2019, **31**(3): 766-778.
Qi T C, Xiao Q T, Miao Y Q, *et al*. Temporal and spatial variation of carbon dioxide concentration and its exchange fluxes in Lake Chaohu[J]. Journal of Lake Sciences, 2019, **31**(3): 766-778.

[64] Xiao Q T, Zhang M, Hu Z H, *et al*. Spatial variations of methane emission in a large shallow eutrophic lake in subtropical climate [J]. Journal of Geophysical Research: Biogeosciences, 2017, **122** (7): 1597-1614.

[65] Zhang Y L, Zhou Y Q, Shi K, *et al*. Optical properties and composition changes in chromophoric dissolved organic matter along trophic gradients: Implications for monitoring and assessing lake eutrophication[J]. Water Research, 2018, **131**: 255-263.

[66] 胡万婷, 唐千, 孙伟, 等. 水体中蓝藻水华分解产甲烷动态过程研究[J]. 中国环境科学, 2017, **37**(2): 702-710.
Hu W T, Tang Q, Sun W, *et al*. Dissolved methane dynamics during the degradation of organic matter derived from cyanobacterial bloom[J]. China Environmental Science, 2017, **37** (2): 702-710.

[67] Nydahl A C, Wallin M B, Tranvik L J, *et al*. Colored organic matter increases CO_2 in meso-eutrophic lake water through altered light climate and acidity[J]. Limnology and Oceanography, 2019, **64**(2): 744-756.

[68] 吕伟伟, 姚昕, 张保华. 太湖北部湖区春、冬季节天然有机质的荧光特征及环境意义[J]. 环境科学, 2018, **39**(8): 3601-3613.
Lü W W, Yao X, Zhang B H. Fluorescence characteristics and environmental significance of organic matter in the northern part of Lake Taihu in spring and winter [J]. Environmental Science, 2018, **39**(8): 3601-3613.

[69] McKnight D M, Boyer E W, Westerhoff P K, *et al*. Spectrofluorometric characterization of dissolved organic matter for indication of precursor organic material and aromaticity [J]. Limnology and Oceanography, 2001, **46**(1): 38-48.

[70] 张巧颖, 孙伟, 杜瑛珣, 等. 太湖蓝藻胞内有机质的微生物降解[J]. 环境科学, 2021, **42**(4): 1870-1878.
Zhang Q Y, Sun W, Du Y X, *et al*. Biodegradation of algae-derived organic matter (I-DOM) from Lake Taihu [J]. Environmental Science, 2021, **42**(4): 1870-1878.

[71] Zhou Y Q, Xiao Q T, Yao X L, *et al*. Accumulation of terrestrial dissolved organic matter potentially enhances dissolved methane levels in eutrophic Lake Taihu, China[J]. Environmental Science & Technology, 2018, **52**(18): 10297-10306.

[72] Visser P M, Verspagen J M H, Sandrini G, *et al*. How rising CO_2 and global warming may stimulate harmful cyanobacterial blooms[J]. Harmful Algae, 2016, **54**: 145-159.

[73] Ma J J, Wang P F, Wang X, *et al*. Cyanobacteria in eutrophic waters benefit from rising atmospheric CO_2 concentrations [J]. Science of the Total Environment, 2019, **691**: 1144-1154.

[74] Yan X C, Xu X G, Wang M Y, *et al*. Climate warming and cyanobacteria blooms: Looks at their relationships from a new perspective[J]. Water Research, 2017, **125**: 449-457.

[75] 李春华, 叶春, 张咏, 等. 太湖湖滨带藻密度与水质、风作用的分布特征及相关关系[J]. 环境科学研究, 2013, **26**(12): 1290-1300.
Li C H, Ye C, Zhang Y, *et al*. Temporal and spatial distribution of algal density and its relationship with water quality and wind factor in the littoral zone of Lake Taihu [J]. Research of Environmental Sciences, 2013, **26**(12): 1290-1300.

[76] Zhang S Q, Yin Y G, Yang P J, *et al*. Using the end-member mixing model to evaluate biogeochemical reactivities of dissolved organic matter (DOM): autochthonous versus allochthonous origins [J]. Water Research, 2023, **232**, doi: 10.1016/j.watres.2023.119644.

HUANJING KEXUE Vol. 45 No. 3
Environmental Science (monthly) Mar. 15, 2024

CONTENTS