Eco-Environmental Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社

2020
Vol.41 No.7
第41卷 第7期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第7期
2020年7月15日

目 次

中国钢铁行业大气环境影响 …… 汤铃, 薛晓达, 伯鑫, 贾敏, 郭静, 田军, 黄满堂, 崔维庚, 王彤, 李时蓓, 敬红, 甄瑞卿, 孙露, 成国庆(2981)
华北地区大气细颗粒物($PM_{2.5}$)年际变化及其对土地利用/覆被变化的响应 …… 杨伟, 姜晓丽(2995)
郑州市民运会期间大气 $PM_{2.5}$ 改善效果评估 …… 王申博, 娄亚敏, 徐艺斐, 袁明浩, 苏方成, 张瑞芹(3004)
成都夏冬季 $PM_{2.5}$ 中水溶性无机离子污染特征 …… 冯炎鹏, 张军科, 黄小娟, 刘琴, 张巍, 张建强(3012)
川南自贡市大气颗粒物污染特征及传输路径与潜在源分析 …… 雷雨, 张小玲, 康平, 王浩霖, 青泉, 欧奕含, 卢宁生, 邓中慈(3021)
四川省典型行业挥发性有机物源成分谱 …… 徐晨曦, 陈军辉, 韩丽, 王继钦, 王波(3031)
成都市工业挥发性有机物排源成分谱 …… 周子航, 邓也, 周小玲, 吴柯颖, 谭钦文, 尹代娟, 宋丹林, 陈秋宇, 曾文虢(3042)
郑州市典型工业企业 VOCs 排放特征及风险评估 …… 齐一谨, 倪经纬, 赵东旭, 杨艺, 韩丽岩, 李博伟(3056)
阳泉市区夏季挥发性有机物污染特征、来源解析及其环境影响 …… 牛月圆, 刘倬诚, 李如梅, 高千卓, 邓萌杰, 闫雨龙, 胡冬梅, 吴婧, 彭林(3066)
典型光化学污染期间杭州大气挥发性有机物污染特征及反应活性 …… 景盛翱, 叶旭红, 高雅琴, 彭亚荣, 李英杰, 王倩, 沈建东, 王红丽(3076)
华北地区典型重工业城市夏季近地面 O_3 污染特征及敏感性 …… 欧盛菊, 魏巍, 王晓琦, 姚森, 周志博, 关攀博, 段文娇, 姚诗音(3085)
稳定同位素模型解析大气氨来源的参数敏感性 …… 顾梦娜, 潘月鹏, 何月欣, 田世丽, 王彦君, 吕雪梅, 倪雪, 孙杰, 吴电明, 方运霆(3095)
苏州市大气中汞的形态分布特征及来源分析 …… 卢仁杰, 吴也正, 张晓婕, 沈莹, 吴福全, 薛媛媛, 邹强, 麻春艳(3102)
轻型汽油车稳态工况下的尾气排放特征 …… 谢岩, 廖松地, 朱曼妮, 王怡然, 王日超, 张立航, 余飞, 钟庄敏, 白莉, 黄江荣, 刘俊文, 郑君瑜(3112)
非超低与超低排放煤电机组启动过程 NO_x 排放特征对比分析 …… 李辉, 朱法华, 孙雪丽, 王宗爽, 王圣, 裴杰, 谭玉菲, 薛峰, 郭敏, 郑桂博(3121)
邢台市区道路可悬浮灰尘重金属污染特征及来源识别 …… 宋怡, 卢新卫, 周潇, 葛子赫(3130)
叶片微观结构变化对其颗粒物滞纳能力的影响 …… 魏文俊, 王兵, 牛香(3136)
关中平原降水氢氧稳定同位素特征及其水汽来源 …… 赵明华, 陆彦玮, Rachana Heng, 司炳成(3148)
岩溶流域不同水体硝酸盐的来源解析 …… 田永著, 韩志伟, 赵然, 李耕, 曾祥颖, 黄家琰(3157)
木沥河流域氮素污染及其污染源解析 …… 齐冉, 徐菲菲, 杨帆, 颜昌宙(3165)
辽河口沉积物环境要素时空动态及影响因素分析 …… 齐玥, 孙永光, 马恭博, 吴楠, 付元宾(3175)
鄱阳湖多尺度流域磷源输送特征及其生态效应 …… 王朔月, 高扬, 陆瑶, 贾珺杰, 李兆喜, 马明真, 温学发(3186)
象山港流域入湾河流水体中重金属风险评价及其来源解析 …… 王磊, 汪文东, 刘懂, 李刚, 于红梅, 黄沙, 徐耀阳(3194)
乐安河河流水体典型全氟化合物的浓度及其前体物的污染贡献 …… 张慧, 王世亮, 余杨(3204)
连云港海州湾海域表层水体和沉积物中微塑料的分布特征 …… 李征, 高春梅, 杨金龙, 吴立珍, 张硕, 刘艳华, 靳迪迪(3212)
茅洲河流域民用井中耐药基因的分布特征与健康风险 …… 吴黛灵, 邹海燕, 何璐茜, 高方舟, 应光国, 何良英(3222)
金盆水库沉积物铁锰释放规律 …… 路林超, 黄廷林, 李楠, 齐允之, 张晗, 王晨旭, 司凡(3231)
城市湖泊沉积物微塑料污染特征 …… 王璇, 牛司平, 宋小龙, 饶竹, 战楠(3240)
西藏尼洋河沉积物中微生物群落结构特征分析 …… 刘晓丹, 黄毅, 王永花, 汪贝贝, 吴兵, 陆光华(3249)
海水中的红霉素与营养盐对微藻的复合影响 …… 王娜, 赵卫红, 苗辉(3257)
梯级电站作用下牡丹江底栖动物沿程变化规律 …… 温佳琦, 王皓冉, 陈永灿, 刘昭伟(3266)
宁波市典型城市下垫面雨水径流污染特征解析 …… 徐宇婕, 龚玥敏, 毕军鹏, 王洋, 程军蕊, 王侃(3275)
分层型水库藻类垂向演替的水质与细菌种群调控 …… 闫苗苗, 陈胜男, 黄廷林, 贾竞宇, 刘凯文, 苗雨甜, 宗容容(3285)
长距离供水系统中消毒副产物分布特征及二次加氯的影响 …… 毕薇薇, 叶胜, 于建全, 杨玉龙, 陈晨, 李青松, 马晓雁(3297)
供水管网终端消毒副产物分布特征及预测模型 …… 刘俊萍, 陈镜吉, 宋亚丽, 杨玉龙, 李青松, 马晓雁(3307)
碱和磁复合改性小麦秸秆生物炭对水体中镉的吸附特性及机制 …… 崔志文, 任艳芳, 王伟, 张黎明, 张陆云, 王曦玥, 何俊瑜(3315)
弱磁场强化氧化石墨烯负载纳米零价铁(GO-nFe^0/WMF)对水中Cr(Ⅵ)的去除特性及机制 … 计盟, 鲍建国, 朱晓伟, 杜江坤, 郑汉(3326)
一硫代砷在针铁矿上的吸附及影响因素 …… 廖丹雪, 单慧媚, 张进贤, 彭三曦, 黄健, 陈辉, 赵超然, 曾春芽(3337)
生物滤池快速启动 ANAMMOX 运行策略及菌群特征 …… 王晓曈, 杨宏, 苏杨, 刘旭妍(3345)
低碳源条件下供氧模式对活性污泥系统脱氮性能的影响 …… 张欣瑞, 池玉蕾, 王倩, 金鑫, 石烜, 金鹏康(3356)
羟胺对厌氧氨氧化污泥群落的影响 …… 邢崇阳, 范禹辰, 陈璇, 郭劲松, 申渝, 晏鹏, 方芳, 陈猷鹏(3365)
低温下丝状菌膨胀污泥的微生物多样性 …… 高春娣, 张娜, 韩徽, 任浩, 李悦, 侯春艳, 王传德, 彭永臻(3373)
我国剩余污泥厌氧消化的主要影响因素及强化 …… 董滨, 高君, 陈思思, 杨殿海, 戴晓虎(3384)
城镇河流 CO_2 及 CH_4 排放与市政排水管网污水输入的关联影响 …… 李磊, 陈浩, 朱弈, 王宇晖, 聂云汉, 赵昕, 贾其隆, 叶建锋(3392)
控释尿素对黄河故道沙性潮土 N_2O 排放的影响 …… 姜右锦, 袁俊吉, 丁维新, 刘阳, 张松林(3402)
我国典型露地蔬菜生产中的温室气体排放 …… 张芬, 程泰鸿, 陈新平, 王孝忠(3410)
不同母质发育土壤 Cd 环境行为对水分管理模式的响应差异 …… 黄敬, 李欣阳, 文沙, 蒋凯, 龙坚, 彭佩钦, 侯红波(3418)
锰基改性生物炭对弱碱性 Cd 污染土壤团聚体结构以及 Cd 含量特征的影响 …… 孙彤, 付宇童, 李可, 徐应明, 孙约兵(3426)
钝化与叶面阻控对不同基因型红菜苔镉累积的影响 …… 曹坤坤, 李成成, 胡学玉, 郭晓, 黄洋(3434)
叶面喷施 2,3-二巯基丁二酸对水稻幼苗镉吸收转运及抗氧化系统的影响 …… 杨晓荣, 黄永春, 刘仲齐, 黄益宗, 程六龙, 张长波(3441)
《环境科学》征订启事(3011) 《环境科学》征稿简则(3084) 信息(3174, 3185, 3391)

Eco-Environmental Knowledge Web

环 境 科 学
Environmental Science

第41卷第7期 2020年7月
Vol.41, No.7 Jul., 2020

分层型水库藻类垂向演替的水质与细菌种群调控

闫苗苗, 陈胜男*, 黄廷林*, 贾竞宇, 刘凯文, 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: 浮游藻类和细菌是水生食物网的重要组成部分,在水源水库生态系统物质循环和能量流动方面发挥关键作用,藻类的空间演替与水体细菌种群代谢和结构演变关系密切. 因此,本文以李家河水库为研究对象,在分析水库水质指标基础上,采用高通量 DNA 测序技术和 Biolog 技术,研究水库藻类暴发期,浮游藻类和细菌群落结构垂向演替特征及其与水质的偶联关系. 结果表明,李家河水库在 8 月处于热分层期,水体 pH、DO 和NH_4^+-N随深度变化均逐渐降低($P<0.001$). 藻密度和 Chla 呈现同步变化趋势($P<0.001$),表层最大分别为3 364.33 × 10^4 cells·L^{-1}和 7.03 μg·L^{-1}. 藻类群落结构在水深 0 m 和 3 m 处以微囊藻为主,而在水深 6 m 处,小环藻取代微囊藻成为最优藻属,相对丰度达 57.28%. Biolog 结果表明,微囊藻的暴发对细菌代谢活性及其相对丰度产生较大影响,但细菌种群代谢活性多样性变化不显著. 高通量测序共发现1 420个 OTUs,隶属于 10 个细菌门类,其中放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)在不同水层均为最优门类,其相对丰度之和达 50% 以上; 绿菌门(Chlorobi)和浮霉菌门(Planctomycetes)的相对丰度随着水深增加发生显著变化,均在 6 m 深度达到最大值,分别为 10.29% 和 6.78%,且与水层藻密度呈显著负相关($P<0.05$); 厚壁菌门(Firmicutes)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)与藻密度呈显著正相关($P<0.05$). 热图(Heat map)指纹图谱表明,李家河水库的细菌群落结构垂向分布差异显著,且随着水深的增加,细菌群落分布更均匀并趋于多样性. 冗余分析(RDA)表明,细菌和藻类的群落结构的垂向分布受不同水质指标调控且差异显著. 对水源水库藻类暴发期藻类与细菌群落的偶联机制进行探究,为水源藻华消涨的分子微生态驱动机制研究提供科学依据.

关键词: 分层型水库; 藻类; 细菌种群代谢; 高通量 DNA 测序; 种群垂向演替

中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)07-3285-12 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202001131

Water Quality and Bacterial Population Driving Mechanism of Algae Vertical Succession in Stratified Reservoir

YAN Miao-miao, CHEN Sheng-nan*, HUANG Ting-lin*, JIA Jing-yu, LIU Kai-wen, 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: Phytoplankton and bacteria are important components of the aquatic food web, and play a critical role in substance circulation and energy exchange in freshwater ecosystems. The succession of algae is closely related to the metabolism and structural succession of bacterial populations in the water column. Thus, in this study, the vertical succession characteristics of phytoplankton and bacteria community structure and their coupling with water quality were investigated during an algal bloom in the Lijiahe Reservoir using high-throughput DNA sequencing and Biolog technologies. The results showed that the Lijiahe Reservoir was in the thermal stratification stage in August, and the pH, dissolved oxygen, and NH_4^+-N of the water column gradually decreased with depth ($P<0.001$). Algal cell concentration and chlorophyll *a* exhibited a simultaneous trend ($P<0.001$), and the maximum values in the surface layer were 3 363.33 × 10^4 cells·L^{-1} and 7.03 μg·L^{-1}, respectively. The algal community structure was dominated by *Microcystis* at water depths of 0 m and 3 m, and at 6 m water depth, *Cyclotella* replaced *Microcystis* as the most dominant algae, with a relative abundance of 57.28%. Biolog analysis indicated that the outbreak of *Microcystis* had a significant impact on bacterial metabolic activity and its relative abundance, but the diversity of bacterial population metabolic activity varied less. A total of 1 420 operational taxonomic units were found by high-throughput sequencing, belonging to 10 bacterial phyla. Of these, Actinobacteria and Proteobacteria dominated in all water layers, and their relative abundances were more than 50%. The relative abundance of Chlorobi and Planctomycetes varied significantly with water depth, reaching their maxima at a depth of 6 m with values of 10.29% and 6.78%, respectively, which were both negatively correlated with algal density ($P<0.05$). Firmicutes and Gemmatimonadetes were positively correlated with algal density ($P<0.05$). A heat map fingerprint showed that the vertical distribution of the bacterial community structure of the Lijiahe Reservoir varied significantly, and with the increase in water depth, the bacterial community was more uniformly distributed and tended to diversify. Redundancy analysis (RDA) showed that the vertical distribution of the bacterial and algal community structure was regulated by different water qualities, and the difference was significant. This study investigated the coupling

收稿日期: 2020-01-14; **修订日期**: 2020-01-20

基金项目: 国家自然科学基金项目(51978561, 51979217); 陕西省重点研发计划项目(2018ZDXM-SF-020, 2018KW-011)

作者简介: 闫苗苗(1994~),女,硕士,主要研究方向为水库浮游藻类及功能微生物,E-mail: Ymmzsj@163.com

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

mechanism of algal and bacterial communities during the algal bloom in the Lijiahe Reservoir, and the results provided a scientific basis for the investigation of the molecular microecological driving mechanism of water-source algal blooms.

Key words: stratified reservoir; algae; bacterial community metabolism; high-throughput DNA sequencing; community vertical succession

随着地下水污染问题的加剧及城市地下水开采的严格限制,水库已逐渐成为我国大部分城市的主要供水水源,而水库作为重要的生态系统,不仅能够为人类提供饮用水资源,还具有农业灌溉、防洪和发电等多种重要的生态功能[1,2]. 然而,由于水库特殊的生态学特征,如水体流动性差、水力停留时间长、季节性热分层明显等,近年来,水库水质污染问题日益严重,尤其是水体富养化导致的藻类周期性大量繁殖. 近年来,国内如山东周村水库[1]、三峡水库[3]和厦门溪东水库[4]等,以及国外如美国 Barberton 水库[5]、南非 Malilangwe 水库[6]和韩国 Daechung 水库[7]等均出现藻类暴发现象. 在藻类大量繁殖的过程中,不仅会大大降低水体透明度、消耗水中溶解氧以及破坏水生生态系统平衡等[1],而且,由于大部分藻类尤其是蓝藻,能够释放毒性较强的藻毒素,这些藻毒素不仅能够直接危及水生生物的健康安全,且其通过这些水生生物在食物链不断向上传递富集后,造成人体多种器官组织的破坏,对人类的健康安全造成巨大威胁[8]. 因此,有关水源水库生态系统健康演替规律研究迫在眉睫.

伴随藻华生消机制的不断深入研究,人们认识到,藻华的形成与水体中的微生物,如细菌、真菌和浮游动物等具有紧密联系[9]. 而这些水体中的微生物作为初级生产力的主要贡献者,在水生食物网、营养物质循环、全球生物化学循环和氧气释放等方面发挥着关键作用[10,11]. 近年来,大量研究结果表明,微生物与形成藻华的物种之间的相互作用是调节微生物与藻类种群动态的重要因素[1,12~24]. 浮游藻类能够为细菌等水体中的微生物提供氧气和生长所需的有机质,而微生物则可以分解藻类难以直接利用的有机物,为藻类生长提供生长必须的氮磷营养盐和必须的生长因子,循环利用营养物质,从而维持生态系统的平衡[12,25,26]. 除了这种互利共生关系外,藻类和微生物之间还存在相互抑制、相互竞争和寄生等多种隐秘的生态学相互作用[20],都会影响微生物群落结构组成. 近年来,大量研究都聚焦于研究细菌与浮游藻类的相互关系[1,4,5,10~16,18,21~23,26,27]. 例如,Zhang 等[1]利用高通量 DNA 测序技术,在研究周村水库在藻类暴发和衰亡期间,水体中细菌和真菌群落多样性的动态变化特征发现,藻类暴发显著改变了水库中细菌和真菌的群落结构. Su 等[12]对太湖水体中细菌群落组成的动态变化以及细菌群落组成如何受到蓝藻藻华和环境因素的影响进行了研究,结果表明,α 生物多样性指数与微囊藻的丰度以及藻毒素浓度呈显著负相关,说明微囊藻及其藻毒素可能通过降低其生物多样性来影响细菌群落结构. Tada 等[28]利用氨基酸组成和激发发射矩阵(EEM)分析方法,研究了威氏海链藻(*Thalassiosira weissflogi*)和 *Heterocapsa triquetra* 胞内释放的溶解性有机物对浮游细菌群落结构及多样性的影响,研究发现,硅藻和甲藻体内释放的溶解性有机物中的特定氨基酸可能影响细菌群落结构和多样性的变化. 然而,分层型水源水库藻类演替的水质和水体细菌代谢和种群演替驱动机制尚不明确.

综上所述,水源水库藻华暴发可能与某些特定的细菌群落结构存在着一一对应的关系. 但是,关于西安李家河水库藻类和细菌之间的相互作用及其垂向演替并未见相关报道. 因此,本实验以李家河水库为研究对象,采用高通量 DNA 测序和 Biolog 技术分析了在李家河水库微囊藻暴发期间,水质参数、浮游藻类及细菌群落结构在垂向上的演变特征,并且通过主成分分析方法探究了细菌群落组成垂向演替的调控因子. 主要目的为:①探明在微囊藻暴发期间,水库中的主要水质参数的垂向演变规律;②研究在藻类暴发期间,浮游藻类群落结构的垂向变化特征;③通过高通量测序技术研究细菌群落结构的垂向演替,并通过主成分分析方法探究细菌群落结构同藻类和水质参数间的偶联关系. 本文对水源水库藻类暴发期藻类与细菌群落的偶联机制进行探究,以期为分层型水库水体藻华消涨的分子微生态驱动机制研究提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

李家河水库(33°51′ ~ 34°08′N; 109°17′ ~ 109°36′E)位于陕西省西安市蓝田县境内,是西安市浐河以东地区的重要水源工程. 其建成于 2015 年,属峡谷分层型水源水库,总库容 5.69×10^7 m^3,平均水深 56 m,最大水深 80 m. 伴随水库供水服役时间的延长,水库生态系统呈现逐年富营养化趋势[29].

1.2 样品采集及水质参数测定

本研究于 2017 年 8 月 2 日,在李家河水库分别选取位于主库区的 S1(33°59′28″N; 109°23′46″E)、S2(33°59′34″N; 109°23′55″E)和 S3(33°59′17″N;

109°24′00″E)为采样点,进行样品采集. 采用直立式有机玻璃取样器,分别在每个采样点的深度 0、3 和 6 m 处各采集 1.5 L 水样,并在 24 h 内带回实验室进行各项水质指标的分析. 其中,水温(T)、pH、溶解氧(DO)、叶绿素 a(Chla)、电导率(conductivity, Cond)、浊度(turbidity, Tur)使用美国 HACH Hydro-Lab DS-5 型多参数水质分析仪进行原位在线测定. 总氮(TN)、硝氮(NO_3^--N)、氨氮(NH_4^+-N)、总磷(TP)、溶解性有机碳(DOC)、铁(Fe)和锰(Mn)等化学指标均参照文献[30]进行测定,其中硝氮(NO_3^--N)和氨氮(NH_4^+-N)分别采用紫外分光光度法和纳氏试剂分光光度法(DR5000,美国 HACH)进行测定,总氮(TN)和总磷(TP)于高压锅消解后(121℃, 30 min),也根据紫外分光光度法进行测定,溶解性有机碳(DOC)采用 TOC 分析仪(TOC-LCPN,日本岛津)进行测定,而铁(Fe)和锰(Mn)的浓度基于火焰原子吸收光谱法采用原子吸收光谱仪(ICE-3000,美国赛默飞)进行测定. 所有水质参数分析在 48 h 内完成(n=3).

1.3　浮游藻类计数及鉴定

取 500 mL 混匀水样,加 1% 酸性 Lugol 溶液保存,沉淀 48 h 后,使用真空抽滤装置将水样浓缩至 10 mL. 对浮游藻类计数前,先充分混匀藻液,然后用移液枪吸取 100 μL 到浮游生物计数框中,盖上盖玻片,待藻细胞沉降至计数框底部后,在 10×40 倍显微镜下(CX31 显微镜,日本奥林巴斯公司)计数 100 个视野,藻密度以 10^4 cells·L^{-1} 为单位来计,每个样本计数两次(若 2 次计数的结果与平均值相差超过 15%,则需对其进行第 3 次计数),然后取平均值为最终计数结果[30]. 藻类计算公式为:

$$N = \frac{A}{A_C} \times \frac{V_W}{V} \times n \qquad (1)$$

式中,N 为每升水体中浮游藻类个数(× 10^4 cells·L^{-1}); A 为计数框面积(mm^2),即 400 mm^2; A_C 为计数面积(mm^2),即视野面积×视野数; V_W 为水样经沉淀浓缩后的样品体积(mL),即 10 mL; V 为计数框体积,即 0.1 mL; n 为每片计数所得浮游藻类的细胞个数.

1.4　水体细菌群落代谢活性测定

将 20 mL 原水倒入已灭菌的 V 型加液槽中,采用 8 排电子移液枪(Bio-Rad,美国)将液体加入 ECO 微平板(ECO Microplate,美国 Matrix Technologies 公司)中,每个微孔加入 150 μL 原水,实验过程在超净工作台完成. 随后将 ECO 板置于聚乙烯盒中,放置在 30℃的恒温培养箱中连续培养 240 h,每隔 24 h 测定微平板在 590 nm 处的吸光度值并绘制细菌群落代谢活性曲线,即 AWCD 曲线[31]. 除此之外,选取第 120 h 的吸光度值进行六大类碳源利用差异性分析、细菌群落多样性指数和多元统计分析.

ECO 微平板含有 96 个微孔,其中每 32 孔为一组,共 3 组平行样,每组的第一个孔为空白对照. 该技术主要依据微生物在新陈代谢中产生的酶与四唑类物质(TTC 和 TV 等)发生颜色反应的浊度差异从而检测微生物代谢特征指纹图谱. 其中,采样孔平均颜色变化率(AWCD)间接反映细菌群落结构的代谢活性,AWCD 值越大反映细菌代谢活性越强. 采样孔平均颜色变化率($AWCD_{590\ nm}$)计算公式为[32]:

$$AWCD_{590\ nm} = \sum (A_i - R)/31 \qquad (2)$$

式中,A_i 为 ECO 微平板每一组中各孔在波长 590 nm 下的吸光度值,R 为对照空白在波长 590 nm 下的吸光度,若 $A_i - R \leqslant 0$ 则记为 0. 群落丰富度指数(S)是指每组中 AWCD 值 > 0.2 的孔数. 香农多样性指数(H')[32]:

$$H' = -\sum P_i \ln P_i \qquad (3)$$

式中,$P_i = (A_i - R) / \sum (A_i - R)$,即第 i 孔的相对光密度与每组总的相对光密度比值.

1.5　水体细菌群落结构分析

1.5.1　水样总微生物 DNA 提取

在超净工作台,取 500 mL 水样,用 0.22 μm 滤膜过滤,然后对过滤在滤膜上的样品进行 DNA 的提取. 采用 CTAB/SDS 方法,利用 DNA 提取试剂盒(Water DNA Kit, Omega,美国)来进行细菌总 DNA 的提取,最后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA.

1.5.2　高通量 DNA 测序

Illumina MiSeq 高通量 DNA 测序在上海美吉生物公司进行,测序平台为 Illumina MiSeq PE300 (Illumina, USA)[33]. 选取 16S rRNA 基因的高变区 V3-V4 区域,运用细菌特异性引物 338F-806R 进行扩增. 其中 F 端引物序列为 ACTCCTACGGGAGGCAGCAG, R 端引物序列为 GGACTACHVGGGTWTCTAAT[1]. 所有细菌的 DNA 样品均使用 PCR 仪(ABI GeneAmp® 9700, CA,美国)进行扩增,且一式 3 份. PCR 反应混合物(20 μL)由 10 ng 模板 DNA、5 μmol·L^{-1} 正向和反向引物(0.8 μL)、5×反应缓冲液 4 μL、2.5 mmol·L^{-1} dNTPs(2 μL)、快速 Pfu DNA 聚合酶(0.4 μL)、0.2 μL BSA 和 ddH_2O 组成. 而 PCR 反应包括 98℃下初始变性 3 min, 98℃下变性 10 s, 55℃退火 30 s, 72℃延伸 45 s, 72℃延伸 10 min,共 27 个循环[34].

本研究中的所有高通量测序的 16S rRNA 基因

序列数据均已上传至美国国立生物技术信息中心(NCBI-SRA)数据库中(网址:http://www.ncbi.nlm.nih.gov/),编号:SRP174567.

1.6 数据处理与分析

本研究使用 Excel 2010 和 Origin 8.0 对数据进行处理. 使用 SPSS 对数据进行单因素方差分析(One-way ANOVA),采用 Tukey HSD 检验,显著性水平设定为 0.01. 采用 CANOCO 4.5 对各项指标进行冗余分析(PCA),在分析之前,除了 pH 值,其余所有的水质指标均使用蒙特卡罗置换检验($P<0.05$)进行 $\log(x+1)$ 转换,以使分析数据符合正态性和同方差性[1]. 使用微生物生态学定量分析(QIIME 2,版本 1.9.1)对 Illumina MiSeq 原始 DNA 序列进行处理和检验. 经过组装和质量筛选后,将具有 97% 及以上相似性的序列划分为同一分类单元(OTU). 使用 MOTHUR 软件计算 Chao 丰富度指数(Chao 1)、Shannon 多样性指数(H')和 Simpson 多样性指数(D)[32]. 选择每个 OTU 最具代表性的序列,然后使用 RDP 数据库为每个代表性序列注释分类信息[1,27].

2 结果与讨论

2.1 水质分析

李家河水库在 2017 年 8 月处于热分层期,水库坝前区域靠近岸边,含有大量外源有机物如腐殖质等,且此时正处于夏季,水温较高,光照强度较大,加之水体扰动小,因此易产生藻华现象[35,36]. 由表 1 可知,随着水深增加,藻密度逐渐降低. 其中,表层 0 m 藻密度最高($F=82.48$, $P<0.001$),主要是由于表层水体光照强度充足,水温较高且 DO 浓度大. 当水深大于 3 m 时,受光照强度、水温及其 DO 等影响,藻类生长受到一定抑制导致藻密度急剧下降[37]. 与此同时,Chla 与藻密度呈现相同变化趋势($F=37.60$, $P<0.001$),本研究表明 Chla 与藻密度呈正相关. 随着水深不断增加,pH 下降趋势较显著($F=112.56$, $P<0.001$). 表层水体呈弱碱性主要是由于大量藻类进行光合作用打破了水体中碳酸盐平衡. 此外,DO 随深度变化,呈现降低趋势,尤其是在深度 6 m 处,DO 降低幅度最大($F=714.50$, $P<0.001$),由深度 0 m 处(6.41 ± 0.22) $mg\cdot L^{-1}$ 迅速降至(0.12 ± 0.00) $mg\cdot L^{-1}$,这主要是受藻密度大幅度较低所致[2,35]. TN、NH_4^+-N 和 NO_3^--N 随水深变化显著,其中 TN 和 NO_3^--N 浓度随深度变化逐渐增加,而 NH_4^+-N 则逐渐降低($F=26.87$, $P<0.001$),该结果可能一方面受到藻密度显著变化的影响,另一方面可能与此时水库水体处于热分层期存在一定关联[31]. TP 随水深以及藻密度变化并不显著,除此之外 Fe 和 Mn 含量随深度变化也无明显差异,这可能是因为此时藻密度相较于藻类暴发高峰期而言比较低,作为藻类暴发前期,其藻类仍处于生长期所导致[35]. 有研究发现,在藻类暴发高峰期以及衰亡期时,水体当中 Fe 的含量会发生剧烈升高,这主要是因为 Fe 作为藻类生长所必需的的微量元素,参与藻类的光合作用和呼吸作用等生命活动[38]. 并且,Zhang 等[1]的研究发现,在藻华前期,水库中 Fe 的浓度一直处于最低值,而在藻华衰退期时,Fe 的浓度则突然显著增加($P<0.001$). Landa 等[39]在研究浮游植物大量繁殖过程中,与碳循环增加有关的细菌群落组成的变化时指出,较高浓度的铁可以促进海洋环境中藻华的形成.

表 1 李家河水库不同水深水质参数[1)]

Table 1 Spatial variation of water quality parameters in the Lijiahe Reservoir

项目	水深/m			One-Way ANOVA
	0	3	6	
pH	8.73±0.10A	8.42±0.11A	7.50±0.10B	***
DO/mg·L^{-1}	6.41±0.22A	5.33±0.31B	0.12±0.01C	***
T/℃	26.50±1.00A	26.07±0.80AB	22.80±1.00C	**
TN/mg·L^{-1}	1.83±0.05B	1.82±0.04B	2.12±0.14A	*
NO_3^--N/mg·L^{-1}	1.41±0.01B	1.41±0.02B	1.81±0.01A	***
NH_4^+-N/mg·L^{-1}	0.14±0.00A	0.15±0.03A	0.05±0.02B	***
TP/mg·L^{-1}	0.09±0.01A	0.09±0.00A	0.08±0.00A	NS
DOC/mg·L^{-1}	2.97±0.32A	3.13±0.24A	3.00±0.11A	NS
Fe/mg·L^{-1}	0.02±0.00A	0.02±0.01A	0.03±0.00A	NS
Mn/mg·L^{-1}	0.00±0.00A	0.01±0.00A	0.00±0.00A	NS
Tur/NTU	11.20±1.00A	10.80±1.04A	10.00±1.10A	NS
Cond/μS·cm^{-1}	206.33±11.15B	208.00±10.15B	255.33±11.06A	**
Chla/μg·L^{-1}	7.03±0.52A	4.40±0.48B	3.40±0.58C	***
藻密度×10^4/cells·L^{-1}	3364.33±234.59A	1638.00±232.70B	821.67±273.32C	***

1)表中值为平均值±标准偏差($n=3$);使用单因素方差分析,不同的大写字母表示统计差异性,其中 * 表示 $P<0.05$, ** 表示 $P<0.01$, *** 表示 $P<0.001$,NS 表示无显著差异

2.2　藻类群落结构

李家河不同水深处藻类群落结构(属水平)如图 1 所示. 随着水深的增加,藻类群落结构发生显著变化. 其中,在深度 0 m 和 3 m 处,微囊藻(*Microcystis*)占绝对优势,其相对丰度在整个藻类群落结构中达 93% 以上. 而在水深 6 m 处,藻类群落结构发生显著改变,微囊藻的优势地位被小环藻(*Cyclotella*)所取代,其中小环藻的相对丰度为 57.28%,其次为微囊藻(23.30%),除此之外,针杆藻(*Synedra*)也作为优势藻之一出现,相对丰度达 7.44%. 微囊藻隶属于蓝藻门,是引起淡水藻华的常见藻种,某些微囊藻会产生藻毒素,毒性较强,能够抑制水生生物的生长[13,17,40,41]. 微囊藻在高温及较高的光照强度下可快速生长,而在低温条件下其生长则会受到抑制[8]. 并且在氮营养盐浓度较低的情况下,微囊藻仍可大量生长繁殖,这主要是由于蓝藻自身具有固氮的能力,就算水体中的氮源不充足,也能够通过固定空气中的氮气(N_2)来满足自身对氮源的需求[42,43]. 因此,在夏季,由于天气晴朗、温度较高且水面较为平静,充分满足了微囊藻的生长条件,故易暴发微囊藻藻华,而随着全球气候变暖,藻华的持续时间通常延长至秋季[44,45]. 此外,在水深 3 m处,虽然其藻密度较水深 0 m 减少了 51.31%,但微囊藻仍为绝对优势藻种,说明微囊藻在水深 0 m 至 3 m 均能较好生长. 而在水深 6 m 处,硅藻门的小环藻取代微囊藻,成为该水层相对丰度最大的优势藻种. 与微囊藻相比,小环藻对温度的适应范围更加广泛,并且在高温下小环藻的光能利用效率高[46,47]. 王敏等[47]对嘉陵江重庆出口段长期监测发现,该地在每年 1 月下旬至 3 月上旬期间会发生小环藻暴发,在暴发期间,小环藻相对丰度达 85%～94%,且有研究表明春季水温适宜小环藻生长,较低的温度和水体扰动以及适宜的光照强度均促进小环藻的暴发. 而 Yang 等[48]在研究亚热带水库浮游藻类群落结构演替的外部和内部因子时发现,针杆藻(*Synedra*)的数量在 8～9 月期间达到最大,占总藻密度的 36%,这主要是因为针杆藻相比于其他藻种对有效的水下光环境恶化具有耐受性.

2.3　细菌群落代谢活性及其碳源利用率

李家河水库不同水深处细菌群落代谢活性用 $AWCD_{590\ nm}$ 曲线来表征,如图 2 所示. 从中可知,在不同水深处,细菌代谢活性呈现一定的差异性. 在水深 6 m 处,$AWCD_{590\ nm}$ 值为最大,而水深 0 m 和 3 m 处的 $AWCD_{590\ nm}$ 无显著区别. 由于 $AWCD_{590\ nm}$ 曲线可间接表征细菌的代谢活性,因此结果表明,水深6 m处的细菌代谢活性最大,其次为水深 3 m 和 0 m 的细菌群落. 这一结果与 Yang 等[31]的研究结果相似,他们发现在水体热分层期间,随着水深增加,细菌代谢活性也逐渐升高. 这可能是由于微囊藻释放藻毒素抑制细菌生长,并且微囊藻仍处于生长期,会争夺水体中大部分营养物质,并且,聚集在表层的大量微囊藻严重影响了水体透光率,进而对细菌群落代谢活性也会产生不利影响. 但也有研究发现,随着藻密度增大,细菌群落整体代谢活性会升高[49],这可能是由于地理位置以及微生物群落结构的差异所造成. Zhang 等[32]在研究不同饮用水水库沉积物中细菌和真菌的群落功能多样性时发现,细菌和真菌群落的对碳源的利用模式在不同水库之间存在显著差异.

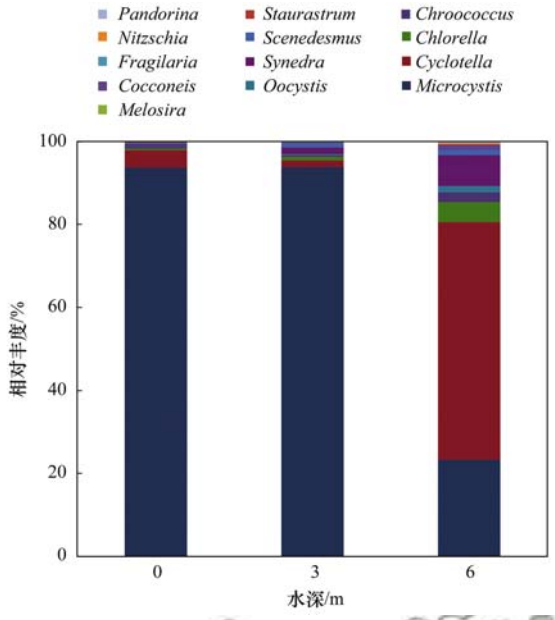


图 1　李家河水库不同水深藻类群落结构

Fig. 1　Phytoplankton community structure at different water depths in the Lijiahe Reservoir

在使用 Biolog 技术测定细菌代谢活性时,选取培养第 120 h 的吸光度进行细菌群落对不同碳源利

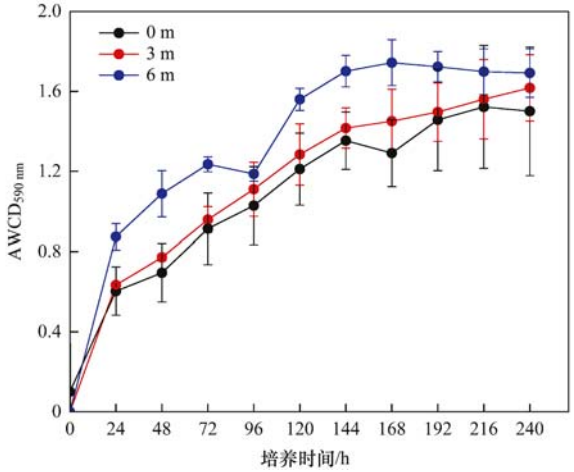


图 2　李家河水库不同水深细菌群落 $AWCD_{590\ nm}$ 曲线

Fig. 2　$AWCD_{590\ nm}$ curves of bacterial communities at different depths of the Lijiahe Reservoir

用的差异性分析、细菌群落丰富度指数和香农多样性指数分析,如表 2 所示. 从中可知,在不同水深处,细菌群落对氨基酸类、糖类和胺类的利用无显著差异,但其对酚类碳源的利用却呈现显著差异,相比于水深 0 m 和 6 m,细菌群落对酚类碳源利用率在水深 3 m 处显著降低. 就物种丰富度而言,随着水深增加,细菌群落丰度逐渐增加,但细菌群落的香农多样性指数(H')并无显著差异(表 2). 综上所述,微囊藻的暴发对细菌代谢活性及其丰度产生较大影响,但不改变细菌多样性的变化,并且在水深 6 m 处细菌代谢活性和丰度均达到最大. 有研究发现,处于不同水层处的细菌对糖类、氨基酸类、酯类和醇类的利用呈现出显著差异,其中位于混合层的细菌对氨基酸类、醇类、胺类和羧酸类的利用率最高,而变温层的细菌对糖类、氨基酸类、酯类和醇类的利用率最低,并且与本文研究结果类似,他们还发现香农多样性指数在不同水层间的变化不明显,即随深度变化无显著差异[31].

表 2 基于 Biolog 微生物群落水平生理图谱对细菌群落第 120 h 的代谢参数分析[1)]

Table 2 Metabolic parameters of the bacterial community at 120 h based on Biolog microbial community level

代谢参数	水深/m			One-way ANOVA	F 值
	0	3	6		
氨基酸类	1.16 ±0.20A	1.37 ±0.17A	1.46 ±0.22A	NS	1.76
羧酸类	1.32 ±0.01A	1.16 ±0.18B	1.48 ±0.00A	*	7.34
糖类	1.29 ±0.19A	1.54 ±0.08A	1.68 ±0.21A	NS	4.21
胺类	0.61 ±0.49A	1.06 ±0.34A	0.73 ±0.08A	NS	1.09
酚类	1.21 ±0.13A	0.18 ±0.28B	1.01 ±0.18AB	**	16.66
多聚物	1.93 ±0.10A	1.29 ±0.41B	2.13 ±0.16A	*	7.73
丰富度指数(R)	23 ±1B	26 ±0A	27 ±2A	*	5.77
香农多样性指数(H')	3.06 ±0.08A	3.17 ±0.03A	3.22 ±0.20A	NS	1.07

1)表中值为平均值 ± 标准偏差(n = 3); 使用单因素方差分析,不同的大写字母表示统计差异性,其中 * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$,NS 表示无显著差异

2.4 细菌群落结构多样性分析

2.4.1 多样性指数分析

对李家河水库不同水深处的细菌群落进行 α 多样性分析,其中包括 ACE、Chao 1、Shannon 多样性指数(H')和 Simpson 多样性指数(D)分析,其覆盖率均达到 99% 以上,说明数据可靠(表 3). ACE 和 Chao 1 反映样本之间的丰富度,其值越大,则表明细菌群落丰富度越高[1]. 而 Shannon 多样性指数和 Simpson 多样性指数均表征微生物群落多样性,其中 Shannon 多样性指数越高,表明细菌群落多样越大,而 Simpson 多样性指数刚好与之相反,当其值越高时,表明细菌群落多样越小[2]. 由表 3 可知,Chao 1 丰富度指数均高于细菌的 OTU 值,说明在李家河水库还有很多未知序列的细菌有待进一步研究[31,50,51]. 在水深 6 m 处,ACE、Chao 1 和 Shannon 多样性指数均达到最大值,而在水深 3 m 处,细菌群落、Chao 1 和 Shannon 多样性指数最低,并且不同水深处的 Simpson 多样性指数在 0.02 ~ 0.03 之间波动,无显著差异. 结合细菌群落代谢活性和多样性分析来看,在水深 6 m 处,随着藻密度的大幅度降低及藻类群落结构的显著改变,细菌数量升至最高,其群落的生物多样性也达到最大,并且在该水深处,细菌对不同碳源的代谢活性最高,而在水深 3 m 处,虽然藻密度较水深 0 m 也有显著降低的趋势,但由于藻类群落结构并未发生改变,仍以微囊藻为主,故其细菌数量、群落多样性及碳源代谢活性均处于较低水平. 以上结果表明,藻类数量及群落结构的改变对细菌丰度、生物活性及群落多样性均具有显著影响. 有研究发现,水体微生物群落 Chao 1 指数随深度的不同而呈现出显著差异,Shannon 多样性指数(H')在水库底层较高[50]. Yang 等[31]通过研究热分层时期细菌群落的动态特征发现恒温层中的细菌群落多样性显著高于变温层的细菌群落多样性,热分层能够显著改变水生生态系统中微生物的群落结构.

表 3 李家河水库不同水深细菌群落多样性指数分析

Table 3 Bacterial community diversity and richness estimators at different water depths of the Lijiahe Reservoir

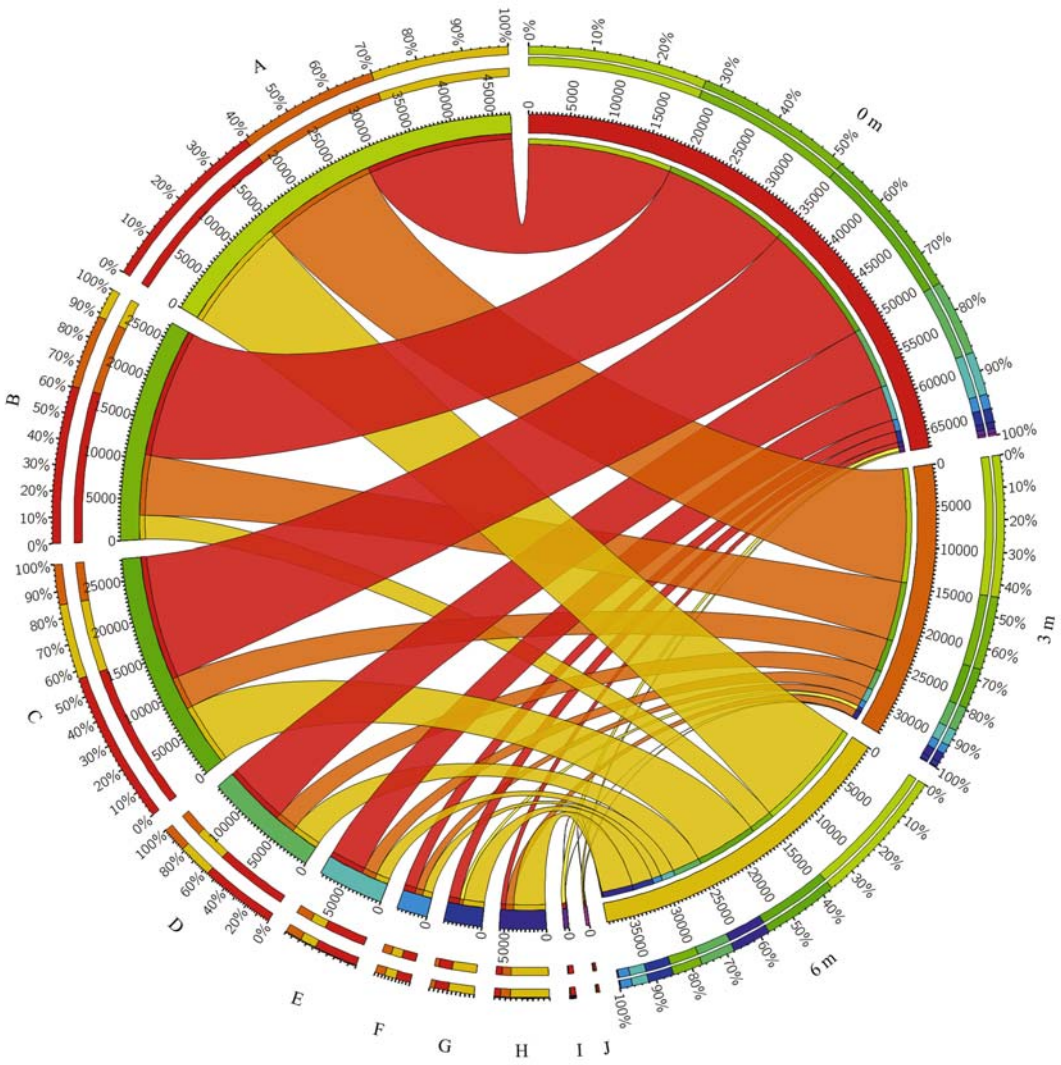
水深/m	ACE 指数	Chao 1 指数	Shannon 指数(H')	Simpson 指数(D)	覆盖率/%
0	465 (453, 488)	481 (459, 528)	4.51 (4.50, 4.52)	0.02 (0.02, 0.02)	99
3	435 (415, 466)	434 (412, 478)	4.15 (4.13, 4.17)	0.03 (0.03, 0.03)	99
6	479 (470, 497)	484 (471, 514)	4.52 (4.50, 4.53)	0.03 (0.03, 0.03)	99

2.4.2 细菌群落结构组成分析

在微囊藻暴发期间,李家河水库不同水深处门水平的细菌群落呈现显著差异. 如图 3 所示,高通量测序所得到的具有 97% 及以上相似性的1 420个

OTU 隶属于 10 个细菌门类，分别为放线菌门（Actinobacteria）、蓝细菌门（Cyanobacteria）、变形菌门（Proteobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、疣微菌门（Verrucomicrobia）、绿菌门（Chlorobi）、浮霉菌门（Planctomycetes）、绿弯菌门（Chloroflexi）、厚壁菌门（Firmicutes）和芽单胞菌门（Gemmatimonadetes）. 本文中将蓝细菌门作为藻类，因此不对其进行细菌群落分析. 在微囊藻暴发期间，放线菌门和变形菌门在细菌群落结构中占有较大比例，二者相对之和达 50% 以上. 其中，放线菌门在不同深度处的相对丰度均高于变形菌门，并且在水深 3 m 处，放线菌门的相对丰度最大为 43. 86%，而变形菌门与之相反，在该深度相对丰度最小为 12. 53%. 拟杆菌门、疣微菌门和绿弯菌门垂向分布呈现明显规律，随着水深增加，拟杆菌门和疣微菌门的相对丰度逐渐升高，而绿弯菌门则依次降低. 绿菌门和浮霉菌门的相对丰度随着水深增加呈现显著增加趋势（$P < 0.001$），其中绿菌门由 0. 94%（0 m）升至 10. 43%（6 m），浮霉菌门由 2. 11%（0 m）升至 6. 88%（6 m），并且与藻密度呈显著负相关（$P < 0.05$）. 厚壁菌门（Firmicutes）和芽单胞菌门（Gemmatimonadetes）作为稀有藻属，虽在细菌群落中占比较低，但其相对丰度随着藻密度降低而逐渐减小，与藻密度呈显著正相关关系（$P < 0.05$）.

以上结果说明，李家河水库在藻类暴发期间，细菌群落变化特征明显，且细菌与藻类之间均存在正相关或负相关关联，这表明细菌与微囊藻暴发存在紧密联系，可能会在藻华的形成过程中起到关键作用. 其中，藻类和细菌之间的正相关关系意味着二者之间互利共生，占据相同的生态位，且细菌对藻类暴发可能起到促进作用，而负相关关系则表明藻类同细菌之间可能存在竞争或相互抑制或寄生等拮抗作



字母 A ~ J 分别代表 Actinobacteria、Cyanobacteria、Proteobacteria、Bacteroidetes、Verrucomicrobia、Chloroflexi、Planctomycetes、Chlorobi、Firmicutes、Gemmatimonadetes

图 3　李家河水库不同水深细菌门水平群落结构 Circos 分析

Fig. 3　Circos analysis of the bacterial community structure at the phylum level in different water depths of the Lijiahe Reservoir

用[41]. Liu 等[4]在研究微囊藻藻华期间浮游细菌和附着细菌的群落动态时发现,藻华的发生使得放线菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和 γ-变形杆菌门的生活方式发生显著改变,并且发现相比于浮游细菌,附着细菌与藻类之间存在更多的显著正相关,且相关系数很高,表明这些细菌对藻华的发生具有一定的促进作用. Yang 等[31]的研究发现在蓝藻暴发期间,放线菌门成为主导细菌门类,而在水库热分层期间,拟杆菌门和浮霉菌门的相对丰度则有所降低. Ji 等[52]对 3 个富营养湖泊的研究发现,在藻类暴发期,放线菌门、变形菌门、拟杆菌门以及浮霉菌是主要的优势细菌门类. Zhang 等[1]探究了周村水库暴发蓝藻藻华的前期、中期和衰亡期间细菌群落结构演替规律,发现在藻华期间,放线菌门(23.18%)、变形菌门(22.77%)、拟杆菌门(8.33%)及厚壁菌门(4.71%)为主要的细菌门类,并且在藻密度降低时,放线菌门由 23.18% 升高至 36.54%. Wei 等[53]采用分子生物学方法,对中国东部黄前水库的浮游细菌群落进行研究时发现,β-变形菌、拟杆菌门、放线菌门及 γ-变形菌是该水库细菌群落中主要组成门类.

为了进一步研究微囊藻暴发对细菌群落结构的影响,用热图分析了不同水深处细菌群落属水平相对丰度位于前 49 位的代表性物种,如图 4 所示. 与门水平的变化特征相一致,李家河水库属水平细菌群落结构在垂向分布上呈现显著差异,随着水深的增加,藻密度持续降低,属水平的细菌群落分布更均匀且趋于多样性. 其中,聚球藻属(*Synechococcus*)和微囊藻属(*Microcystis*)属于蓝藻,在此不作讨论. 新鞘脂菌属(*Novosphingobium*)和 *Fluviicola* 在深度 0 m 处相对丰度最大,分别为 5.64% 和 5.45%,并且伴随藻密度的降低,其相对丰度也呈下降趋势,这意味着这两种菌属对于藻类生长可能起到促进作用,与藻华的形成具有紧密联系. Hahn 等[54]在研究中也检测到了 *Fluviicola*,并发现其与其他菌属如芽孢杆菌属(*Bacillus*)和硝化螺菌属(*Nitrospira*)在较深水层处丰度最高. 而玫瑰弯菌属(*Roseiflexus*)与藻密度呈显著负相关($P < 0.05$),其相对丰度随藻密度降低而依次增加,且在水深 6 m 处玫瑰弯菌属相对丰度达到最大值 10.61%,这表明玫瑰弯菌属对藻类暴发可能产生抑制作用. 玫瑰单胞菌属(*Roseomonas*)在水深 0 m 和 3 m 处占优,最大相对丰度为 5.86%,与藻密度呈显著正相关($P < 0.05$). 有研究发现玫瑰单胞菌属(*Roseomonas*)和鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)均具有溶藻特性[55]. 而 *Magnetospirillum*、*Terrimicrobium* 和 *Sediminibacterium*

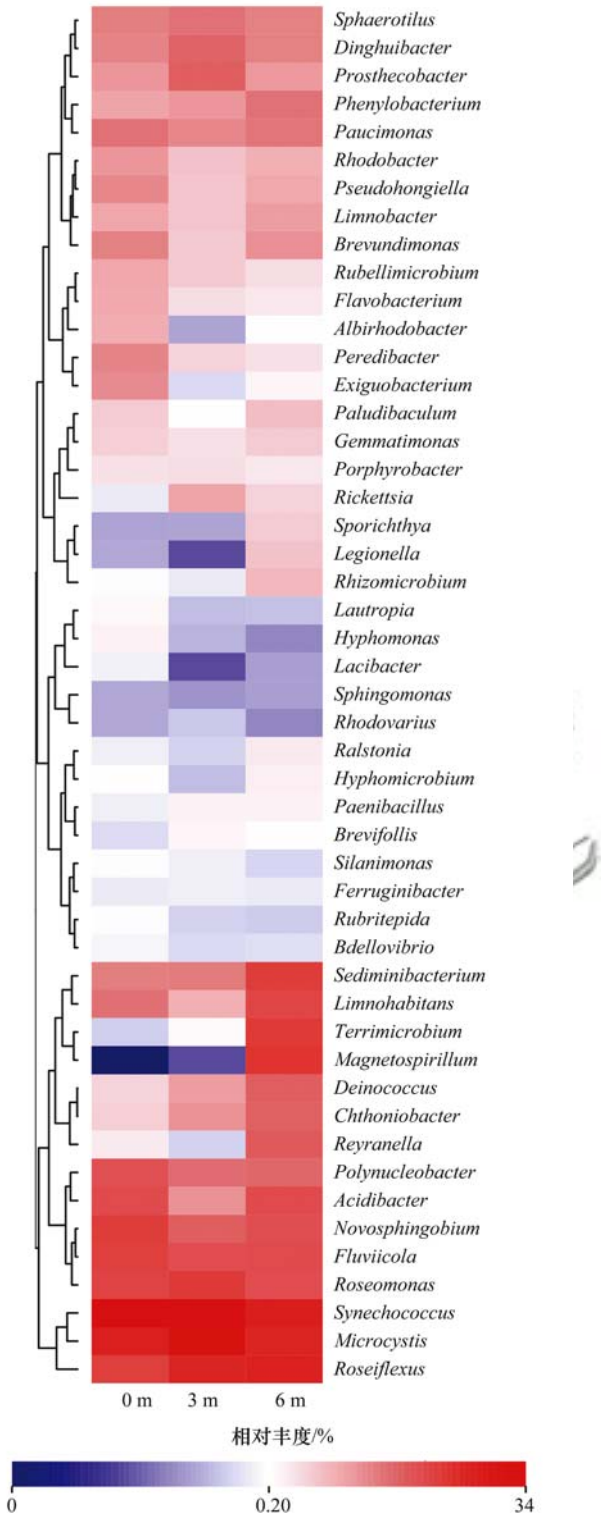


图 4 李家河水库不同水深细菌群落结构在属水平热图分析

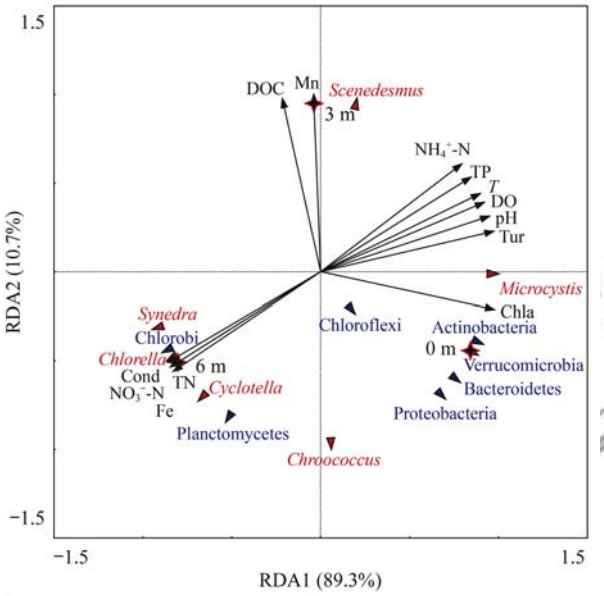
Fig. 4 Color-scale heat map of bacterial communities at the genus level at different water depths of the Lijiahe Reservoir

只在水深 6 m 处占优,相对丰度分别为 7.11%、5.95% 和 5.54%,而在其他深度所占比例均不足 2%,说明上述 3 种菌属为水深 6 m 处的特有优势藻属,且与藻密度呈反比. *Limnohabitans* 作为水生生态系统中最丰富的类群之一,其也在水深 6 m 处相对丰度达最大,值为 4.54%. *Limnohabitans* 属于 β-变

形菌，具有在藻类基质上生长的能力，且其对基质具有较高的吸收率，这使得其在生态系统中具有独特的竞争优势，在淡水浮游生物群落中起着关键作用[31]. 玫瑰单胞菌属（*Roseomonas*）、鞘脂菌属（*Sphingobium*）和 *Limnohabitans* 等在湖泊或水库中普遍存在[1,10,12,56,57].

2.5　细菌群落结构与水质偶联关系分析

为了更好地了解水质对细菌和藻类群落结构的影响，通过冗余分析研究了细菌和藻类群落结构同水质指标之间的偶联关系. 由图 5 可知，所选环境因子共解释了细菌和藻类群落结构的 100% 的变异，其中 RDA1 轴解释 89.3%，RDA2 轴解释 10.7%. 在水深 0、3 和 6 m 处的细菌和藻类的群落结构受不同水质指标调控，且差异显著. 在水深 0 m 处，细菌和藻类群落结构与温度（*T*）、溶解氧（DO）、pH、浊度（Tur）、TP、氨氮（NH_4^+-N）和叶绿素 a（Chla）显著相关，且这些水质指标尤其对藻类群落中微囊藻属（*Microcystis*）和细菌群落中放线菌门（Actinobacteria）以及疣微菌门（Verrucomicrobia）具有较大影响，对上述细菌和藻类具有促进作用. 而在水深 3 m 处，溶解性有机碳（DOC）和锰（Mn）对细菌和藻类群落结构影响显著，其中绿弯菌门（Chloroflexi）与其呈显著正相关（$P<0.01$），而栅藻（*Scenedesmus*）与其呈显著负相关（$P<0.01$）. 在水深 6 m 处，总氮（TN）、硝氮（NO_3^--N）、电导率（Cond）和铁（Fe）是细菌和藻类群落结构的关键调控因子，且与绿菌门（Chlorobi）、浮霉菌门（Planctomycetes）、小球藻属（*Chlorella*）、针杆藻属（*Synedra*）和小环藻属（*Cyclotella*）呈显著正相关（$P<0.01$）. 以上结果表明，李家河水库细菌和浮游藻类的群落结构受环境因子调控特征明显，其群落结构能够响应环境因子发生显著改变. Zhang 等[1]通过 RDA 分析发现，在藻华前后，细菌群落结构与电导率（$P<0.05$）和氨氮（$P<0.01$）显著相关，表明在藻类暴发前后细菌群落结构主要受电导率和氨氮调控. Wang 等[5]在研究淡水水库中蓝藻藻华对调控浮游细菌群落组装的机制时发现，浮游细菌群落的时间分布在很大程度上受温度、电导率、Chla、DON、TOC 和 HCO_3^- 来调控，且在非水华时期，相同的环境变量可以解释更高的浮游细菌群落变化，而浮游藻类群落的时间分布受温度、电导率、pH、NH_4^+、NO_x、DON、SRP 和 TOC 影响显著，占观察到的变异的 21.6%~52.8%. Su 等[27]发现水体中浮游植物和浮游细菌均受环境条件变化的影响，其中水温和氮是影响浮游植物和浮游细菌的主要因素. 冗余分析结果表明，环境参数分别解释了浮游植物和浮游细菌 51.0% 的和 46.7% 的变异. 谢丽娟等[58]发现在微囊藻藻华衰亡阶段，浮游细菌群落组成与 pH、NO_3^--N、浮游藻类的生物量密切相关，而附着细菌群落除了受 pH 和浮游藻类生物量影响外，还与 DO 和 TP 呈显著相关. Bell 等[59]认为浮游藻类的大规模暴发会提高对水体中磷营养盐的吸收，从而限制其他微生物对磷的利用. Wei 等[53]则发现在黄前水库表层水体中，NO_3^--N 和 DO 是影响细菌群落结构的关键因素，冗余分析表明 NO_3^--N、DO、pH 等与大多数细菌群落呈负相关.



红色三角和红色字体表示浮游藻类，蓝色三角和和蓝色字体表示细菌

图 5　李家河水库不同水深细菌和藻类群落同水质因子的冗余分析

Fig. 5　Redundancy analysis of the bacterial and algal community with water quality at different depths of the Lijiahe Reservoir

3　结论

（1）李家河水库水质指标在垂向分布呈现显著差异. 随水深增加，藻密度和 Chla 呈现同步降低趋势（$P<0.001$）. pH 随深度增加其下降趋势显著（$P<0.001$），DO 从（6.41 ± 0.22）mg·L^{-1}（0 m）迅速降至（0.12 ± 0.00）mg·L^{-1}（6 m），与藻密度显著降低相关. TN 和 NO_3^--N 浓度随深度逐渐增加，而 NH_4^+-N 则逐渐降低（$P<0.001$）.

（2）随水库水体深度增加，藻类群落结构变化显著. 其中水深 0 m 和 3 m 以微囊藻为绝对优势藻属，其相对丰度均为 90% 以上，而在水深 6 m 处，小环藻取代微囊藻成为最优藻属，相对丰度达 57.28%，且针杆藻比例明显增大，其相对丰度由表层的 0.42% 增至 7.44%.

（3）微囊藻的暴发对细菌代谢活性及其相对丰

度产生较大影响,但不改变细菌多样性的变化. 细菌代谢活性在水深 6 m 处最大,其次为 3 m 和 0 m. 在水深 3 m 处,细菌群落对酚类碳源利用率显著降低. 细菌群落丰度随水深增加呈增大趋势,但其多样性并无显著差异.

(4)放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)在藻类暴发期占较大比例,其相对丰度之和达 50% 以上. 绿菌门(Chlorobi)和浮霉菌门(Planctomycetes)与藻密度呈显著负相关($P < 0.05$),且相对丰度均在水深 6 m 达最大,分别为 10.29% 和 6.78%. 随藻密度下降,细菌群落分布更均匀且趋于多样性. 新鞘脂菌属(*Novosphingobium*)等与藻密度呈显著正相关($P < 0.05$),而玫瑰弯菌属(*Roseiflexus*)等则与藻密度呈反比.

(5)在垂向分布上,细菌和藻类的群落结构受不同水质指标调控且差异显著,这些水质指标对细菌和藻类群落的演替起到关键作用. 在水深 0 m 处,细菌和藻类群落结构与 T、DO、pH、浊度、TP、NH_4^+-N 和 Chla 显著相关. 而 DOC 和 Mn 对水深 3 m 处的细菌和藻类群落结构影响较为显著. 水深 6 m 处的细菌和藻类群落主要受到 TN、NO_3^--N、Cond 和 Fe 的调控.

参考文献:

[1] Zhang H H, Jia J Y, Chen S N, *et al*. Dynamics of bacterial and fungal communities during the outbreak and decline of an algal bloom in a drinking water reservoir[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2018, **15**(2): 361.

[2] 商潘路. 水源水库水质及浮游藻类种群结构时空演替规律研究[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2018.

[3] 周川, 蔚建军, 付莉, 等. 三峡库区支流澎溪河水华高发期环境因子和浮游藻类的时空特征及其关系[J]. 环境科学, 2016, **37**(3): 873-883.
Zhou C, Wei J J, Fu L, *et al*. Temporal and spatial distribution of environmental factors and phytoplankton during algal bloom season in Pengxi River, Three Gorges Reservoir [J]. Environmental Science, 2016, **37**(3): 873-883.

[4] Liu M, Liu L M, Chen H H, *et al*. Community dynamics of free-living and particle-attached bacteria following a reservoir *Microcystis* bloom[J]. Science of the Total Environment, 2019, **660**: 501-511.

[5] Wang K, Razzano M, Mou X Z. Cyanobacterial blooms alter the relative importance of neutral and selective processes in assembling freshwater bacterioplankton community[J]. Science of the Total Environment, 2020, **706**: 135724, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.135724.

[6] Dalu T, Wasserman R J. Cyanobacteria dynamics in a small tropical reservoir: understanding spatio-temporal variability and influence of environmental variables[J]. Science of the Total Environment, 2018, **643**: 835-841.

[7] Oh H M, Ahn C Y, Lee J W, *et al*. Community patterning and identification of predominant factors in algal bloom in Daechung Reservoir (Korea) using artificial neural networks [J]. Ecological Modelling, 2007, **203**(1-2): 109-118.

[8] Mello F D, Braidy N, Marçal H, *et al*. Mechanisms and effects posed by neurotoxic products of cyanobacteria/microbial eukaryotes/dinoflagellates in algae blooms: a review [J]. Neurotoxicity Research, 2018, **33**(1): 153-167.

[9] Van Wichelen J, Vanormelingen P, Codd G A, *et al*. The common bloom-forming cyanobacterium *Microcystis* is prone to a wide array of microbial antagonists[J]. Harmful Algae, 2016, **55**: 97-111.

[10] Isabwe A, Yang J R, Wang Y M, *et al*. Community assembly processes underlying phytoplankton and bacterioplankton across a hydrologic change in a human-impacted river[J]. Science of the Total Environment, 2018, **630**: 658-667.

[11] Zhao D Y, Shen F, Zeng J, *et al*. Network analysis reveals seasonal variation of co-occurrence correlations between cyanobacteria and other bacterioplankton[J]. Science of the Total Environment, 2016, **573**: 817-825.

[12] Su X M, Steinman A D, Tang X M, *et al*. Response of bacterial communities to cyanobacterial harmful algal blooms in Lake Taihu, China[J]. Harmful Algae, 2017, **68**: 168-177.

[13] Wilhelm S W, Farnsley S E, LeCleir G R, *et al*. The relationships between nutrients, cyanobacterial toxins and the microbial community in Taihu (Lake Tai), China[J]. Harmful Algae, 2011, **10**(2): 207-215.

[14] Li H B, Xing P, Chen M J, *et al*. Short-term bacterial community composition dynamics in response to accumulation and breakdown of *Microcystis* blooms[J]. Water Research, 2011, **45**(4): 1702-1710.

[15] Berry M A, Davis T W, Cory R M, *et al*. Cyanobacterial harmful algal blooms are a biological disturbance to Western Lake Erie bacterial communities[J]. Environmental Microbiology, 2017, **19**(3): 1149-1162.

[16] Parulekar N N, Kolekar P, Jenkins A, *et al*. Characterization of bacterial community associated with phytoplankton bloom in a eutrophic lake in South Norway using 16S rRNA gene amplicon sequence analysis[J]. PLoS One, 2017, **12**(3): e0173408.

[17] Scherer P I, Millard A D, Miller A, *et al*. Temporal dynamics of the microbial community composition with a focus on toxic cyanobacteria and toxin presence during harmful algal blooms in two South German lakes[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, **8**: 2387.

[18] Liu M, Xiao T, Sun J, *et al*. Bacterial community structures associated with a natural spring phytoplankton bloom in the Yellow Sea, China[J]. Deep Sea Research Part Ⅱ: Topical Studies in Oceanography, 2013, **97**: 85-92.

[19] Sun J Y, Song Y, Ma Z P, *et al*. Fungal community dynamics during a marine dinoflagellate (*Noctiluca scintillans*) bloom[J]. Marine Environmental Research, 2017, **131**: 183-194.

[20] Tan S J, Zhou J, Zhu X S, *et al*. An association network analysis among microeukaryotes and bacterioplankton reveals algal bloom dynamics[J]. Journal of Phycology, 2015, **51**(1): 120-132.

[21] Teeling H, Fuchs B M, Becher D, *et al*. Substrate-controlled succession of marine bacterioplankton populations induced by a phytoplankton bloom[J]. Science, 2012, **336**(6081): 608-611.

[22] Guo Y Y, Liu M, Liu L M, *et al*. The antibiotic resistome of free-living and particle-attached bacteria under a reservoir cyanobacterial bloom [J]. Environment International, 2018, **117**: 107-115.

[23] Xiao X, Pei M, Liu X, *et al*. Planktonic algal bloom significantly alters sediment bacterial community structure[J].

Journal of Soils and Sediments, 2017, **17**(10): 2547-2556.

[24] Jia Y, Han G M, Wang C Y, *et al*. The efficacy and mechanisms of fungal suppression of freshwater harmful algal bloom species[J]. Journal of Hazardous Materials, 2010, **183**(1-3): 176-181.

[25] Naeem S, Hahn D R, Schuurman G. Producer-decomposer co-dependency influences biodiversity effects[J]. Nature, 2000, **403**(6771): 762-764.

[26] Niu Y, Shen H, Chen J, *et al*. Phytoplankton community succession shaping bacterioplankton community composition in Lake Taihu, China[J]. Water Research, 2011, **45**(14): 4169-4182.

[27] Su X M, Steinman A D, Xue Q J, *et al*. Temporal patterns of phyto- and bacterioplankton and their relationships with environmental factors in Lake Taihu, China[J]. Chemosphere, 2017, **184**: 299-308.

[28] Tada Y, Nakaya R, Goto S, *et al*. Distinct bacterial community and diversity shifts after phytoplankton-derived dissolved organic matter addition in a coastal environment[J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 2017, **495**: 119-128.

[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] 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.

[32] Zhang H H, Huang T L, Chen S N, *et al*. Microbial community functional diversity and enzymatic activity in the sediments of drinking water reservoirs, Northwest China[J]. Desalination and Water Treatment, 2014, **52**(7-9): 1608-1614.

[33] 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.

[34] Liu L M, Liu M, Wilkinson D M, *et al*. DNA metabarcoding reveals that 200-μm-size-fractionated filtering is unable to discriminate between planktonic microbial and large eukaryotes[J]. Molecular Ecology Resources, 2017, **17**(5): 991-1002.

[35] Huang Y W, Yang C, Wen C C, *et al*. S-type dissolved oxygen distribution along water depth in a canyon-shaped and algae blooming water source reservoir: reasons and control[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2019, **16**(6): 987.

[36] Kosakowska A, Ne˛dzi M, Pempkowiak J. Responses of the toxic cyanobacterium *Microcystis aeruginosa* to iron and humic substances[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2007, **45**(5): 365-370.

[37] Shi X L, Li S N, Zhang M, *et al*. Temperature mainly determines the temporal succession of the photosynthetic picoeukaryote community in Lake Chaohu, a highly eutrophic shallow lake[J]. Science of the Total Environment, 2020, **702**: 134803.

[38] Zhang T, He J, Luo X Z. Effect of Fe and EDTA on freshwater cyanobacteria bloom formation[J]. Water, 2017, **9**(5): 326.

[39] 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.

[40] Wiltsie D, Schnetzer A, Green J, *et al*. Algal blooms and cyanotoxins in Jordan lake, North Carolina[J]. Toxins, 2018, **10**(2): 92.

[41] 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.

[42] Xu H, Paerl H W, Qin B Q, *et al*. Nitrogen and phosphorus inputs control phytoplankton growth in eutrophic Lake Taihu, China[J]. Limnology and Oceanography, 2010, **55**(1): 420-432.

[43] Li J, Hansson L A, Persson K M. Nutrient control to prevent the occurrence of cyanobacterial blooms in a eutrophic lake in southern Sweden, used for drinking water supply[J]. Water, 2018, **10**(7): 919.

[44] Zhang M, Shi X L, Yang Z, *et al*. Long-term dynamics and drivers of phytoplankton biomass in eutrophic Lake Taihu[J]. Science of the Total Environment, 2018, **645**: 876-886.

[45] Paerl H W, Otten T G. Harmful cyanobacterial blooms: causes, consequences, and controls[J]. Microbial Ecology, 2013, **65**(4): 995-1010.

[46] 许珍, 殷大聪, 陈进, 等. 温度和光强对 4 种常见水华藻叶绿素荧光特性的影响[J]. 长江科学院院报, 2017, **34**(6): 39-44.
Xu Z, Yin D C, Chen J, *et al*. Effects of temperature and illumination on chlorophyll fluorescence characteristics of four common bloom algae[J]. Journal of Yangtze River Scientific Research Institute, 2017, **34**(6): 39-44.

[47] 王敏, 袁绍春, 徐炜, 等. 嘉陵江重庆出口段小环藻水华影响因素分析[J]. 重庆交通大学学报(自然科学版), 2016, **35**(6): 86-90, 94.
Wang M, Yuan S C, Xu W, *et al*. Influence factor analysis on *Cyclotella* bloom of Jialing River Estuary in Chongqing[J]. Journal of Chongqing Jiaotong University (Natural Science), 2016, **35**(6): 86-90, 94.

[48] Yang W, Zheng Z M, Zheng C, *et al*. Temporal variations in a phytoplankton community in a subtropical reservoir: an interplay of extrinsic and intrinsic community effects[J]. Science of The Total Environment, 2018, **612**: 720-727.

[49] Guidi F, Pezzolesi L, Vanucci S. Microbial dynamics during harmful dinoflagellate *Ostreopsis* cf. *ovata* growth: bacterial succession and viral abundance pattern[J]. Microbiologyopen, 2018, **7**(4): e00584.

[50] 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.

[51] 商潘路, 陈胜男, 黄廷林, 等. 深水型水库热分层诱导水质及真菌种群结构垂向演替[J]. 环境科学, 2018, **39**(3): 1141-1150.
Shang P L, Chen S N, Huang T L, *et al*. Vertical distribution of fungal community composition and water quality during the deep reservoir thermal stratification[J]. Environmental Science, 2018, **39**(3): 1141-1150.

[52] Ji B, Qin H, Guo S D, *et al*. Bacterial communities of four adjacent fresh lakes at different trophic status[J]. Ecotoxicology

and Environmental Safety, 2018, **157**: 388-394.

[53] Wei G S, Li J, Wang N X, *et al*. Spatial abundance and diversity of bacterioplankton in a typical stream-forming ecosystem, Huangqian Reservoir, China [J]. Journal of Microbiology and Biotechnology, 2014, **24**(10): 1308-1318.

[54] Hahn M W, Pöckl M, Wu Q L. Low intraspecific diversity in a *polynucleobacter* subcluster population numerically dominating bacterioplankton of a freshwater pond [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, **71**(8): 4539-4547.

[55] Bai S J, Huang L P, Su J Q, *et al*. Algicidal effects of a novel marine actinomycete on the toxic dinoflagellate *Alexandrium tamarense* [J]. Current Microbiology, 2011, **62**(6): 1774-1781.

[56] Zhang H H, Huang T L, Chen S N, *et al*. Abundance and diversity of bacteria in oxygen minimum drinking water reservoir sediments studied by quantitative PCR and pyrosequencing [J]. Microbial Ecology, 2015, **69**(3): 618-629.

[57] Zeder M, Peter S, Shabarova T, *et al*. A small population of planktonic *Flavobacteria* with disproportionally high growth during the spring phytoplankton bloom in a prealpine lake [J]. Environmental Microbiology, 2009, **11**(10): 2676-2686.

[58] 谢丽娟, 余得昭, 曾诚, 等. 细菌群落组成对微囊藻水华分解过程的响应[J]. 湖泊科学, 2016, **28**(1): 22-30.
Xie L J, Yu D Z, Zeng C, *et al*. The response of bacterial community composition to the decomposition of *Microcystis* blooms [J]. Journal of Lake Science, 2016, **28**(1): 22-30.

[59] Bell T A S, Sen-Kilic E, Felföldi T, *et al*. Microbial community changes during a toxic cyanobacterial bloom in an alkaline Hungarian lake [J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2018, **111**(12): 2425-2440.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 41 No. 7

Jul. 15, 2020

CONTENTS

Contribution of Emissions from the Iron and Steel Industry to Air Quality in China ····· TANG Ling, XUE Xiao-da, BO Xin, *et al.* (2981)

Interannual Characteristics of Fine Particulate Matter in North China and Its Relationship with Land Use and Land Cover Change ····· YANG Wei, JIANG Xiao-li (2995)

Evaluation of the Reduction in $PM_{2.5}$ Concentration During the National Traditional Games of Ethnic Minorities in Zhengzhou ····· WANG Shen-bo, LOU Ya-min, XU Yi-fei, *et al.* (3004)

Pollution Characteristics of Water-soluble Inorganic Ions in Chengdu in Summer and Winter ····· FENG Yan-peng, ZHANG Jun-ke, HUANG Xiao-juan, *et al.* (3012)

Analysis of Transport Pathways and Potential Sources of Atmospheric Particulate Matter in Zigong, in South of Sichuan Province ····· LEI Yu, ZHANG Xiao-ling, KANG Ping, *et al.* (3021)

Source Composition Spectrum of Volatile Organic Compounds in Typical Industries in Sichuan ····· XU Chen-xi, CHEN Jun-hui, HAN Li, *et al.* (3031)

Source Profiles of Industrial Emission-Based VOCs in Chengdu ····· ZHOU Zi-hang, DENG Ye, ZHOU Xiao-ling, *et al.* (3042)

Emission Characteristics and Risk Assessment of Volatile Organic Compounds from Typical Factories in Zhengzhou ····· QI Yi-jin, NI Jing-wei, ZHAO Dong-xu, *et al.* (3056)

Characteristics, Source Apportionment, and Environmental Impact of Volatile Organic Compounds in Summer in Yangquan ····· NIU Yue-yuan, LIU Zhuo-cheng, LI Ru-mei, *et al.* (3066)

Characteristics and Reactivity of VOCs in Hangzhou During a Typical Photochemical Pollution Episode ····· JING Sheng-ao, YE Xu-hong, GAO Ya-qin, *et al.* (3076)

Pollution Characteristics and Sensitivity of Surface Ozone in a Typical Heavy-Industry City of the North China Plain in Summer ····· OU Sheng-ju, WEI Wei, WANG Xiao-qi, *et al.* (3085)

Source Apportionment of Atmospheric Ammonia: Sensitivity Test Based on Stable Isotope Analysis in R Language ····· GU Meng-na, PAN Yue-peng, HE Yue-xin, *et al.* (3095)

Distribution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric Mercury Speciation in Suzhou ····· LU Ren-jie, WU Ye-zheng, ZHANG Xiao-jie, *et al.* (3102)

Emission Characteristics of Light-Duty Gasoline Vehicle Exhaust Based on Acceleration Simulation Mode ····· XIE Yan, LIAO Song-di, ZHU Man-ni, *et al.* (3112)

Comparative Analysis of NO_x Emission Characteristics of Non-Ultra-Low- and Ultra-Low-Emission Coal-Fired Power Units During the Start-Up Process ····· LI Hui, ZHU Fa-hua, SUN Xue-li, *et al.* (3121)

Source Identification and Pollution Characteristics of Heavy Metals in Suspended Particles of Urban Road Dust from Xingtai City ····· SONG Yi, LU Xin-wei, ZHOU Xiao, *et al.* (3130)

Impacts of Leaf Surface Micromorphology Variation on the Ability to Capture Particulate Matter ····· WEI Wen-jun, WANG Bing, NIU Xiang (3136)

Analysis of Hydrogen and Oxygen Stable Isotope Characteristics and Vapor Sources of Precipitation in the Guanzhong Plain ····· ZHAO Ming-hua, LU Yan-wei, Rachana Heng, *et al.* (3148)

Analysis of Nitrate Sources in Different Waters of a Karst Basin ····· TIAN Yong-zhu, HAN Zhi-wei, ZHAO Ran, *et al.* (3157)

Analysis of Nitrogen Pollution and Its Pollution Sources in the Muli River Basin ····· QI Ran, XU Fei-fei, YANG Fan, *et al.* (3165)

Temporal and Spatial Variation Patterns of the Environmental Elements in the Sediments of the Liaohe Estuary and the Related Influencing Factors ····· QI Yue, SUN Yong-guang, MA Gong-bo, *et al.* (3175)

Transport Characteristics of Phosphorus Sources at the Multi-scale Watershed and the Associated Ecological Effects on Poyang Lake ····· WANG Shuo-yue, GAO Yang, LU Yao, *et al.* (3186)

Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metals in the River of a Typical Bay Watershed ····· WANG Lei, WANG Wen-dong, LIU Dong, *et al.* (3194)

Concentrations of Typical Perfluoroalkyl Acids and Contributions of Their Precursors in the Water of the Le'an River in China ····· ZHANG Hui, WANG Shi-liang, YU Yang (3204)

Distribution Characteristics of Microplastics in Surface Water and Sediments of Haizhou Bay, Lianyungang ····· LI Zheng, GAO Chun-mei, YANG Jin-long, *et al.* (3212)

Profiles and Risk of Antibiotic Resistance Genes in Domestic Wells in the Maozhou River Basin ····· WU Dai-ling, ZOU Hai-yan, HE Lu-xi, *et al.* (3222)

Release Mechanisms of Iron and Manganese from Sediments in Jinpen Reservoir ····· LU Lin-chao, HUANG Ting-lin, LI Nan, *et al.* (3231)

Characterization of Microplastic Pollution of Sediments from Urban Lakes ····· WANG Xuan, NIU Si-ping, SONG Xiao-long, *et al.* (3240)

Structural Characteristics of Microbial Communities in the Sediments of the Niyang River in Tibet ····· LIU Xiao-dan, HUANG Yi, WANG Yong-hua, *et al.* (3249)

Combined Effects of Erythromycin and Nutrients on Microalgae in Seawater ····· WANG Na, ZHAO Wei-hong, MIAO Hui (3257)

Longitudinal Distribution of Benthic Macroinvertebrates Affected by a Hydropower Plant Cascade in the Mudan River ····· WEN Jia-qi, WANG Hao-ran, CHEN Yong-can, *et al.* (3266)

Analysis of Rainwater Runoff Pollution Characteristics of Various Typical Underlying Surfaces in Ningbo ····· XU Yu-jie, GONG Yue-min, BI Jun-peng, *et al.* (3275)

Water Quality and Bacterial Population Driving Mechanism of Algae Vertical Succession in Stratified Reservoir ····· YAN Miao-miao, CHEN Sheng-nan, HUANG Ting-lin, *et al.* (3285)

Distribution Characteristics of Disinfection By-Products and the Effects of Booster Chlorination in Long-Distance Water Supply Systems ····· BI Wei-wei, YE Sheng, YU Jian-quan, *et al.* (3297)

Occurrence and Prediction Model of Disinfection By-Products in Tap Water ····· LIU Jun-ping, CHEN Jing-ji, SONG Ya-li, *et al.* (3307)

Adsorption Characteristics and Mechanism of Cadmium in Water by Alkali and Magnetic Composite Modified Wheat Straw Biochar ····· CUI Zhi-wen, REN Yan-fang, WANG Wei, *et al.* (3315)

Enhanced Chromate (Ⅵ) Removal Characteristics and Mechanism Using Graphene Oxide Immobilized Nanoscale Zero-Valent Iron Coupled with a Weak Magnetic Field (GO-nFe^0/WMF) ····· JI Meng, BAO Jian-guo, ZHU Xiao-wei, *et al.* (3326)

Characteristics and Influencing Factors of Monothioarsenate Adsorption on Goethite ····· LIAO Dan-xue, SHAN Hui-mei, ZHANG Jin-xian, *et al.* (3337)

Fast Start-Up ANAMMOX Operation Strategy and Flora Characteristics of a Biofilter ····· WANG Xiao-tong, YANG Hong, SU Yang, *et al.* (3345)

Effects of Aeration Strategy on Denitrifying Performance of Activated Sludge Processes in Treating Low-Carbon-Source Municipal Wastewater ····· ZHANG Xin-rui, CHI Yu-lei, WANG Qian, *et al.* (3356)

Effect of Hydroxylamine on Community of ANAMMOX Sludge ····· XING Chong-yang, FAN Yu-chen, CHEN Xuan, *et al.* (3365)

Microbial Diversity of Filamentous Sludge Bulking at Low Temperature ····· GAO Chun-di, ZHANG Na, HAN Hui, *et al.* (3373)

Main Influencing Factors and Strengthening of Anaerobic Transformation of Excess Sludge in China ····· DONG Bin, GAO Jun, CHEN Si-si, *et al.* (3384)

Relationship Between CO_2 and CH_4 Emissions in Urban Rivers and Sewage Discharging from a Municipal Drainage Network ····· LI Lei, CHEN Hao, ZHU Yi, *et al.* (3392)

Effects of Controlled-Release Urea Application on N_2O Emission in Maize-Cultivated Sandy Loam Soil ····· JIANG You-jin, YUAN Jun-ji, DING Wei-xin, *et al.* (3402)

Greenhouse Gas Emissions for Typical Open-Field Vegetable Production in China ····· ZHANG Fen, CHENG Tai-hong, CHEN Xin-ping, *et al.* (3410)

Effects of Water Management on Soil Properties and Cd Behavior of Typical Paddy Soils ····· HUANG Jing, LI Xin-yang, WEN Sha, *et al.* (3418)

Effect of Mn-Modified Biochar on the Characteristics of Aggregate Structure and the Content of Cd in Weakly Alkaline Cd-Contaminated Soil ····· SUN Tong, FU Yu-tong, LI Ke, *et al.* (3426)

Effects of the Immobilization of Cadmium in Soil Alone or Combined with Foliar Application of Selenium on Cadmium Accumulation in the Plants of Different Genotypes of Tsai-tai ····· CAO Kun-kun, LI Cheng-cheng, HU Xue-yu, *et al.* (3434)

Effects of Foliar Spraying of 2,3-dimercaptosuccinic Acid on Cadmium Uptake, Transport, and Antioxidant System in Rice Seedlings ····· YANG Xiao-rong, HUANG Yong-chun, LIU Zhong-qi, *et al.* (3441)