

环境科学

(HUANJING KEXUE)

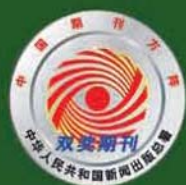
ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第7期

Vol.37 No.7

2016

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

2015 年北京市两次红色预警期间 PM _{2.5} 浓度特征	
..... 程念亮, 张大伟, 陈添, 石爱军, 孙峰, 刘保献, 邹本东, 王琴, 李倩, 王小菊, 姜磊, 孟凡 (2409)	
北京市冬季雾霾天人体呼吸高度 PM _{2.5} 变化特征对气象因素的响应	张南, 熊黑钢, 葛秀秀, 段鹏程, 毛先如, 王亚龙 (2419)
兰州大气细颗粒物中多环芳烃污染特征及来源分析	李英红, 饶志国, 谭吉华, 段晋春, 马永亮, 贺克斌 (2428)
南京北郊冬季 PM _{2.5} 中芳香酸的测定及来源解析	张亚飞, 马嫣, 仝鲁, 王振, 王利朋, 朱麟 (2436)
海洋-大气过程对南海气溶胶数浓度谱分布的影响	孔亚文, 盛立芳, 刘骞, 李秀镇 (2443)
新疆准东煤田降尘重金属污染及健康风险评价	杨春, 塔西甫拉提·特依拜, 侯艳军, 高宇潇, 刘芳, 夏楠 (2453)
重庆地区大气场降水氢氧同位素变化特征及与大气环流的关系	温艳茹, 王建力 (2462)
湖水氢氧同位素组分的时间变化特征及影响因素分析	
..... 徐敬争, 肖薇, 肖启涛, 王伟, 温学发, 胡诚, 刘诚, 刘寿东, 李旭辉 (2470)	
河水-地下水侧向交互带地球化学特征: 以重庆市马鞍溪为例	
..... 张宇, 杨平恒, 王建力, 谢世友, 陈峰, 詹兆君, 任娟, 张海月, 刘黛薇, 孟元可 (2478)	
亚热带典型岩溶流水气界面 CO ₂ 交换通量变化过程及其环境影响	李丽, 蒲俊兵, 李建鸿, 于爽, 肖琼, 张陶 (2487)
淹水条件下三峡库区典型消落带土壤释放 DOM 的光谱特征: 紫外-可见吸收光谱	
..... 梁俭, 江韬, 卢松, 魏世强, 王定勇, 陈雪霜, 王齐磊 (2496)	
淹水条件下三峡库区典型消落带土壤释放 DOM 的光谱特征: 荧光光谱	
..... 梁俭, 江韬, 卢松, 魏世强, 王定勇, 陈雪霜, 王齐磊 (2506)	
华东地区某水源水中 13 种磺胺类抗生素的分布特征及人体健康风险评价	
..... 金磊, 姜蕾, 韩琪, 薛佳怡, 叶辉, 曹国民, 林匡飞, 崔长征 (2515)	
北京水环境中氯胺酮和去甲氯胺酮的浓度水平	张华方, 杨军, 杜鹏, 王琮淙, 李喜青 (2522)
输水期间于桥水库流域水体中溶解态多环芳烃的分布特征与风险	昌盛, 赵兴茹, 付青, 郭睿, 王山军 (2530)
卤系阻燃剂在东江工业水体中的质量浓度及其分配特征	何明靖, 李琦, 赵佳渊, 王登祥 (2539)
岩溶地下水多环芳烃、脂肪酸分布特征及来源分析	谢正兰, 孙玉川, 张媚, 廖昱, 江泽利, 王尊波, 梁作兵 (2547)
哈尔滨主城区不同下垫面融雪径流污染特性	孙夕涵, 刘硕, 万鲁河, 王宏 (2556)
降水对泃河水质和水体微生物的影响	卢思丹, 孙寓姣, 赵轩, 王蕾, 郑丹阳 (2563)
不同磷源下铜绿微囊藻的生长差异及对砷酸盐的响应	王振红, 张汉鹏, 罗专溪 (2570)
布洛芬和双氯芬酸在不同构型人工湿地中的去除行为研究	景瑞瑛, 杨扬, 戴玉女, 万翔, 邵义萍, 樊静静 (2577)
化学预氧化对苏氨酸生成三氯乙醛的影响	蔡广强, 傅学敏, 刘丽君, 卢小艳, 张金松, 刘嘉祺, 曲莹 (2586)
活性炭负载 Co ₃ O ₄ 活化过一硫酸盐降解金橙 G	王忠明, 陈家斌, 张黎明, 李文卫, 黄天寅 (2591)
碳纳米管活化过一硫酸盐降解金橙 G 过程及动力学	张黎明, 陈家斌, 李文卫, 王忠明, 黄天寅 (2601)
碳纳米管修饰电极电催化还原去除废水中的氯霉素	邓飞, 唐柏彬, 张进忠, 汤民, 刘江 (2610)
铁刨花-Fenton-絮凝工艺对染料生产废水中 AOX、色度和 TOC 的去除效果研究	
..... 舒小铭, 徐灿灿, 文晓刚, 朱静娜, 赵远, 刘锐, 陈吕军 (2618)	
Fenton 氧化去除制药企业活性污泥中 AOX 的效果研究	陈思, 徐灿灿, 刘锐, 李国华, 陈吕军, 郑伟 (2625)
中试规模微气泡曝气生物膜反应器运行性能评估	刘春, 张晶, 张静, 陈晓轩, 张磊, 曹丽亚 (2632)
基于 CANON 工艺的新型 HABR 反应器生物脱氮性能研究	鲍林林, 陈婉秋 (2639)
异养与硫自养反硝化协同处理高硝氮废水特性研究	李祥, 马航, 黄勇, 朱亮, 杨朋兵, 朱强 (2646)
基于高通量测序的 ABR 厌氧氨氧化反应器各隔室细菌群落特征分析	
..... 陈重军, 张海芹, 汪瑶琪, 喻徐良, 王建芳, 沈耀良 (2652)	
NUA-DAS 生态滤池脱氮效果与反硝化菌特征研究	汪龙眠, 仇皓雨, 车昱晓, 张松贺, 郭照冰, 张毅敏 (2659)
葡萄藻生物膜贴壁培养处理含钴工业废水与烃类生产的耦合	程鹏飞, 王艳, 杨期勇, 汤明, 刘天中 (2666)
拉乌尔菌 sari01 的分离及其异养硝化好氧反硝化特性	颜薇芝, 郝健, 孙俊松, 史吉平 (2673)
海水异养硝化-好氧反硝化芽孢杆菌 SLWX ₂ 的筛选及脱氮特性	成钰, 李秋芬, 费聿涛, 张艳 (2681)
焦化废水活性污泥中降解硫化物细菌种群多样性分析	徐伟超, 蒙小俊, 尹莉, 张玉秀, 李海波, 曹宏斌 (2689)
浮游微型真核生物群落对电厂温排水增温的响应	戴文芳, 阳石页, 阙治家, 熊金波 (2696)
磷脂脂肪酸 (PLFA) 法检测蒙古沙冬青根围土壤微生物群落结构	左易灵, 贺学礼, 王少杰, 赵丽莉 (2705)
半干旱区土壤微生物呼吸对极端降水的响应	赵慢, 王蕊, 李如剑, 杜兰兰, 吴得峰, 孙棋棋, 高鑫, 郭胜利 (2714)
三峡库区消落带 N ₂ O 排放及其影响因素	李睿, 雷利国, 江长胜, 柴雪思, 黄哲, 范志伟, 郝庆菊 (2721)
不同量碳源输入梯度下果园排水沟底泥氮素反硝化与 N ₂ O 排放研究	高雪梅, 余冬立, 颜晓元, 夏永秋 (2731)
冬季污泥堆肥过程温室气体排放特征	易建婷, 杨雨洽, 张成, 陈宏, 赵秀兰, 木志坚 (2738)
藏东南春季拉山土壤中有机氯农药和多环芳烃的浓度分布及来源解析	罗东霞, 张淑娟, 杨瑞强 (2745)
基于地质统计及随机模拟技术的天津武清区土壤重金属源解析	宋志廷, 赵玉杰, 周其文, 刘潇威, 张铁亮 (2756)
水热变化对三峡水库消落带紫色土有机碳矿化的影响	丁长欢, 王莲阁, 唐江, 慈恩, 谢德体 (2763)
减磷施肥有机肥对紫色土旱坡地磷素流失的消减效应	韩晓飞, 高明, 谢德体, 王子芳, 陈晨 (2770)
水稻根际与非根际土壤硫素赋存形态转化及其迁移规律	
..... 杜光辉, 饶伟, 李鑫, 张亚楠, 王代长, 杨军, 化党领, 刘世亮, 李培培, 刘红恩 (2779)	
组配改良剂对污染稻田中 Pb、Cd、Cu 和 Zn 钝化效果持续性比较	
..... 吴玉俊, 周航, 杨文骏, 邹紫今, 朱维, 辜娇峰, 彭佩钦, 张平, 曾敏, 廖柏寒 (2791)	
生物法回收贵金属铂纳米颗粒及其机制	商儒, 朱能武, 康乃馨, 石超宏 (2799)
热处理天然褐铁矿制备 γ-Fe ₂ O ₃ 及其 NH ₃ -SCR 活性探究	徐彬, 陈天虎, 刘海波, 朱承驻, 陈冬, 邹雪华, 蒋阳 (2807)
《环境科学》征订启事 (2569) 《环境科学》征稿简则 (2576) 信息 (2744, 2769, 2790)	

浮游微型真核生物群落对电厂温排水增温的响应

戴文芳¹, 阳石页¹, 阙治家¹, 熊金波^{1,2*}

(1. 宁波大学海洋学院, 宁波 315211; 2. 浙江海洋高效健康养殖协同创新中心, 宁波 315211)

摘要: 浮游微型真核生物作为初级生产者, 细菌捕食者和较大型生物寄生者, 在维持生态系统稳定中起核心作用。因此, 研究浮游微型真核生物对温排水增温的响应对评价近年来大量电厂兴建的环境效应具有重要意义。沿象山港乌沙山电厂温排水水流采集表层水样, 利用 Illumina 技术测定 18S rDNA 基因研究浮游微型真核生物群落组成。真核浮游生物的主要组成为囊泡虫门(Protalveolata)、纤毛亚门(Ciliophora)、甲藻门(Dinoflagellata)和丝足虫类(Cercozoa)。多元回归树分析发现浮游微型真核生物多样性主要受溶解氧、硝态氮和温度的控制。温排水造成的增温梯度显著地改变了浮游微型真核生物的群落组成(Global $R_{ANOSIM} = 0.422$, $P < 0.001$); 反向选择筛选到空间距离、溶解氧、叶绿素 a 和温度是造成群落变异的主要因子。浮游微型真核生物的空间分布遵循空间距离-群落相似性衰减模型($R = -0.192$, $P = 0.039$), 周转速率为 0.002。此外, 筛选到 15 个敏感的真核生物科, 其相对丰度与增温幅度显著相关。重要的是对某一特定的科, 其相对丰度随温度的变化与其已知的生态功能相吻合, 可以作为评价温排水增温的指示种群。本研究阐明了温排水增温梯度下真核浮游生物群落的空间分布规律, 并为评价温排水对微生态效应提供了灵敏的生物学指标。

关键词: 电厂温排水; 微型真核生物群落; 驱动因子; 空间分布; 指示科

中图分类号: X172; X826 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)07-2696-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.2016.07.037

Responses of Plankton Microeukaryotic Community to Increasing Temperatures Created by Power Plant Thermal Discharges

DAI Wen-fang¹, YANG Shi-ye¹, QUE Zhi-jia¹, XIONG Jin-bo^{1,2*}

(1. School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, China; 2. Collaborative Innovation Center for Zhejiang Marine High-efficiency and Healthy Aquaculture, Ningbo 315211, China)

Abstract: Plankton microeukaryotes are primary producers, bacterial grazers and parasites in the ocean, thus contributing essential roles in marine ecosystem stability. For this reason, understanding how the microeukaryotic community responds to increasing temperature created by thermal discharges is key to evaluating the ecological and environmental consequences of a power plant. In this study, using an Illumina sequencing based analysis of eukaryotic 18S rDNA gene, we investigated the compositions of microeukaryotic community along a thermal gradient caused by the discharge from the Wusha Mountain power plant in Xiangshan Bay. The plankton microeukaryotic communities were dominated by Protalveolata, Ciliophora, Dinoflagellata and Cercozoa. A multivariate regression tree revealed that microeukaryotic diversity was primarily controlled by dissolved oxygen (DO), followed by nitrate and temperature. Thermal discharge significantly altered the compositions of microeukaryotic community, evidenced by an analysis of similarity (Global $R_{ANOSIM} = 0.422$, $P < 0.001$). A forward selection procedure showed that the variations of microeukaryotic community were primarily shaped by geographic distance, DO, chlorophyll a, and temperature. The spatial distribution of microeukaryotic community followed a distance-decay for similarity relationship, with a turnover of 0.002. In addition, 15 sensitive eukaryotic families were screened, the relative abundances of which were significantly associated with the discharge-induced temperature gradient. For a given eukaryotic family, the pattern of enrichment or decline was consistent with its known ecological function, which could be served as bio-indicators for temperature anomalies. Collectively, this study demonstrates the spatial pattern of microeukaryotic community in responses to increasing temperature, and provides sensitive bio-indicators for evaluating the ecological consequences of thermal discharge.

Key words: power plant thermal discharge; microeukaryotic community; driving factor; spatial distribution; bio-indicators

为解决社会经济迅速发展对电力的需求, 沿海地区电厂相继投入建设。沿海建厂最主要的目的是就地抽提海水用于汽轮机等产热设备的冷却, 然后将冷却水排回取水海域。冷却水的温度一般比正常水体高 8 ~ 10℃, 持续的温排水排放会在邻近海域形成一个持续的高温区^[1], 且存在明显的随距离增加而下降的水温梯度变化^[2]。水温升高能加速微生物对有机物的降解, 使悬浮物的浓度增大, 加速受纳

水体的富营养化进程, 已经对水体微环境、较大型浮游动植物产生了诸多负面影响^[3~5], 如: 温排水带来的温升造成海水环境缺氧, 继而对底栖生物、

收稿日期: 2015-12-20; 修订日期: 2016-02-16

基金项目: 浙江省自然科学基金项目(LY15D060002); 宁波市自然科学基金项目(2015A610246); 浙江省新苗人才计划项目(2015R40506)

作者简介: 戴文芳(1991~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为海洋环境科学, E-mail: daiwenfang6283@163.com

* 通讯联系人, E-mail: xiongjinbo@nbu.edu.cn

鱼类等造成危害^[1]。然而尚缺乏温排水对在物质能量循环过程中起基础作用的浮游微型生物对增温响应规律的研究^[6, 7]。

海洋浮游植物将地球上约一半的 CO_2 固定为有机质^[8]。因此,长期的海区定位站点主要关注了海水增温对浮游植物的影响,发现增温会降低净生产量^[9, 10],尽管海水增温能够促进浮游植物的丰度和光合作用^[11]。造成这种结果的主要原因是异养微生物呼吸对增温的敏感性高于浮游植物的初级生产力^[12, 13]。换言之,海水增温促进了光合作用积累的有机质,经异养微生物增强的活性降解后返回到大气中^[9, 10, 14],或经微生物碳泵沉降到海床中储存^[13, 15]。此外,海水增温使浮游生物的群落组成从以较大型的真核藻类为主向微型生物转变^[16],意味着浮游微型生物在海水增温干扰下将发挥更重要的生态功能^[9]。有研究表明,浮游真核生物能够通过摄食浮游植物和细菌的密度,同时作为鱼类饵料上行控制渔业资源^[17]。因此,浮游真核生物对增温的响应对整个微食物网的平衡至关重要,决定着海洋生态系统在全球气候变暖背景下的生态功能稳定性^[6, 10]。

目前,国内外学者针对海水增温对浮游微型真核生物的影响开展了一些研究,发现电厂温排水增温降低了浮游动物群落物种数、丰度及多样性^[18]; 0.52°C 的温升使浮游生态系统的初级生产量与总呼吸量的比值提高了 1.2 倍^[19]; 改变了浮游植物^[4]和浮游动物的群落结构^[3, 20],群落周转速率加快,进而导致生态系统的功能稳定性降低^[21]。这些研究为评价温排水增温对微型真核浮游生物多样性及群落组成提供了基础数据,表明浮游真核生物对温升变化敏感。然而,这些研究主要利用镜检检测较大型浮游动、植物多样性和组成作为指标来评价海水增温的微生态效应^[3, 4, 18],存在耗时、耗力且灵敏度较差的缺陷。此外,镜检只能检测到相对丰度较高的物种,而忽略了在应对环境变化时可能具有重要作用的稀有物种。近年来,以 18S rDNA 基因为分子标记,极大地拓展了对真核微生物多样性的认识^[17],但现有研究主要集中在对真核生物的多样性调查,缺乏微型真核微生物对环境干扰,如海水温升、响应的研究^[17]。鉴于冬季低的本底温度,电厂温排水增温可能会对浮游微型真核生物造成更大的影响。因此,本研究在冬季采集海水,通过 Illumina 测序技术分析微型真核生物群落在象山港电厂温排水增温梯度下的响应规律,以期回答:

①象山港浮游微型真核生物的组成特征;②温排水增温梯度下真核微生物群落的空间分布特征及环境驱动因子;③能否筛选到敏感的真核微生物种群来指示增温幅度。区别于监测站的水化指标监测,本研究能够为评价电厂温排水对环境的影响提供敏感的生物学指标。

1 材料与方法

1.1 样品采集

2014 年 12 月在象山港乌沙山电厂温排水影响区域选择了宁波海洋监测站常年监测的 11 个站点,采集表层海水(水深 25 ~ 50 cm)。为了便于数据的比较及保持监测数据的连续性,本研究中站点编号沿用监测站历年监测时的站点编号。其中 W8(位于横山码头外侧,受温排水影响较小)为对照站点(图 1)。为了获得对照站点的重复样品,在 W8 站点 30 m × 30 m 水域范围内取 4 个重复;在温排水口水流梯度 3 个(排水口 E2、E4、E6)、左侧 4 个(左侧 L1 和 L4,新增 N1 和 N3),右侧 3 个(右侧 R1、R3 和 R5)站点各取 1 个水样,共计 14 个样品。水质监测指标有:水温、pH、盐度、溶解氧,并记录采样位点经纬度坐标。样品的采集、贮存、运输和预处理均按《海洋调查规范》(GB/T 12763-2007)和《海洋监测规范》(GB 17378-2007)中规定的方法进行。

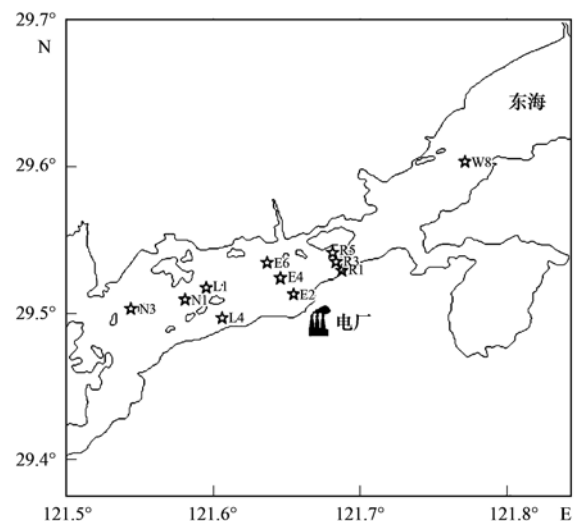


图 1 采样站点示意

Fig. 1 Distribution of sampling sites

1.2 水体理化性质测定

海水温度、pH、溶解氧(DO)和盐度用 Multi 350i 多功能便携式水质检测仪(Sea-Bird)原位测定。其它水质理化指标根据《海洋监测规范》(GB

17378-2007)的标准方法测定:磷酸盐(PO_4^{3-})用抗坏血酸还原磷钼蓝法;硝酸盐(NO_3^-)用锌镉还原法;亚硝酸盐(NO_2^-)用重氮-偶氮法;氨盐(NH_4^+)用次溴酸钠氧化法;化学需氧量(COD)用碱性高锰酸钾法;石油类油污物(Oil)浓度用紫外分光光度计法;叶绿素 a(Chla)采用丙酮萃取分光光度法,分光光度计测定在 647 nm 和 665 nm 的吸光值,根据公式 $\text{Chla} = 12.70A_{665} - 2.79A_{647}$ 计算叶绿素 a 浓度^[22]。

1.3 DNA 的提取和纯化

采集的水样先经 100 μm 灭菌尼龙筛绢预过滤去除较大的浮游生物,然后经 0.22 μm 孔径的滤膜(Millipore, Boston, MA, USA)抽滤收集微生物。滤膜用无菌剪刀剪碎后,利用 Power Soil® DNA 试剂盒(MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA)按照操作说明提取微生物总 DNA,并用 NanoDrop ND-1000 分光光度计(NanoDrop Technologies, Wilmington, USA)测定 DNA 浓度和纯度。DNA 样品 -80℃ 保存备用。

1.4 真核浮游生物 18S rDNA 基因扩增及 Illumina 测序

取每个样品纯化后的 DNA 50 ng 作为模板,PCR 扩增真核浮游生物的 18S rDNA 基因。引物为 3NDF(5'-GGCAAGTCTGCTGCCAG-3')和 V4_euk_R2(5'-ACGGTATCTRATCCTT CG-3')。其中在每个引物的 5'端带有用于 Illumina 测序的接头和区分样品来源的 6 碱基的 Barcode 序列。PCR 反应参数如下:30 个循环,95℃ 变性 30 s,55℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s,最后 72℃ 延伸 10 min^[23]。每个样品 PCR 重复 3 次以减少扩增过程造成的偏差。PCR 产物凝胶电泳检测,得到与扩增预期大小一致且无非特异性的条带后,用 PCR 片段纯化试剂盒纯化(TaKaRa Biotech, Japan)。利用 NanoDropND-1000 测定浓度后,每个样品取等量的 PCR 产物混合,在 Miseq 双末端测序平台测序(Illumina, San Diego, USA)。

1.5 Illumina 数据处理

下机后的数据用 FLASH 软件拼接二端序列^[24],然后用 Qiime (quantitative insights into microbial ecology) 流程分析,包括质控和去嵌合体^[25]。简言之,剪接掉 3 个以上的连续且质控分子小于 20 的碱基,保留 > 300 bp 的长序列,再用 UCHIME 去掉嵌合体^[24]。用 UCLUST 将序列在 97% 的相似性水平聚类为 OTUs (operational

taxonomic units, 分类操作单元);挑选在每个 OTU 里丰度和覆盖度最高的序列为代表序列,用 PyNAST 在 Silva 数据库中比对,获得 OTUs 的物种分类信息^[26, 27]。去掉不属于真核生物的序列。为了提高数据的可靠性,去掉在所有样品中只检测到 1 次的序列(Singleton),同时通过对每个样品随机取样 27 100 条(对应所有样品中最低的测序深度)序列消除样品间由于测序深度造成的偏差。

1.6 统计分析

为研究电厂温排水增温对真核生物的影响,采用多元回归树聚类法(multivariate regression tree, MRT)筛选影响真核微生物多样性的环境因子^[28]。利用 Bray-Curtis 距离比较真核微生物群落结构在不同增温幅度下的差异^[29],并用相似性(analysis of similarity, ANOSIM)检测差异的显著性^[30]。运用单因素方差分析(one-way analysis of variance)比较不同种群在增温梯度下的差异显著性。运用空间距离-群落相似性模型评价真核微生物的空间分布特征。由于环境因子间的相关性以及空间距离的自相关性,利用基于距离的多元线性模型(distance-based multivariate linear model, DistLM)筛选与真核微生物群落显著相关的环境因子。简言之,首先使用边际检验(marginal tests)评估单一环境变量的贡献,然后用顺序检验(sequential tests)反向选择筛选与真核微生物群落最相关的环境因子组合及环境变量的累积解释比例。在典范对应分析(canonical correspondence analysis, CCA)中建立微型真核浮游生物群落与环境因子、空间距离间的相互关系。利用 Pearson 相关性分析挑选丰度与增温幅度显著相关的种群,作为指示增温的指示种。

2 结果与分析

2.1 温排水增温对水体理化性质的影响

电厂温排水显著地($P < 0.001$)增加了邻近水域的温度(表 1),增温幅度与距离排水口的距离正相关($R = 0.529$, $P < 0.001$, 皮尔森相关性)。与对照站点 W8 相比,站点 E2、E4 和 R1 增温 2 ~ 3℃,站点 L1、L4、R3 和 R5 增温 1 ~ 2℃,站点 E6、N1 和 N3 增温 0 ~ 1℃。此外,温排水增温显著地降低了水体中的溶解氧和叶绿素 a 浓度;增加了硝酸盐、化学需氧量的浓度和油污的含量;但对其它测定的主要环境因子没有显著的影响(表 1)。

2.2 真核浮游生物群落结构组成

质控和去掉单一序列后,在 14 个样品中共获得

452 352条有效序列,每个样品平均 $32\,311 \pm 4\,558$ 条序列. 均一化到每个样品27 100后,在 97% 的相似性水平获得1 886个 OTUs. 宁波象山港浮游真核微生物群落中,主要组成为囊泡虫门(Protalveolata)、纤毛亚门(Ciliophora)、甲藻门(Dinoflagellata)、隐

藻目(Cryptomonadales)、后生动物(Metazoa)、绿藻类(Chlorophyta)和丝足虫类(Cercozoa)等优势类群(表2). 单因素方差分析结果发现甲藻门、隐藻目和丝足虫类在不同增温幅度下相对丰度差异显著($P < 0.05$, 表2).

表 1 环境因子在不同增温幅度下的均值比较¹⁾

环境指标	对照	$\Delta T\,0 \sim 1^{\circ}\text{C}$	$\Delta T\,1 \sim 2^{\circ}\text{C}$	$\Delta T\,2 \sim 3^{\circ}\text{C}$	<i>P</i>
温度/ $^{\circ}\text{C}$	12.2 $\pm$ 0.09	12.8 $\pm$ 0.15	13.3 $\pm$ 0.03	14.4 $\pm$ 0.05	<0.001
盐度/ ‰	23.1 $\pm$ 0.04	23.1 $\pm$ 0.26	22.9 $\pm$ 0.21	23.4 $\pm$ 0.10	0.548
油污/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.009 $\pm$ 0.001	0.011 $\pm$ 0.001	0.012 $\pm$ 0.001	0.011 $\pm$ 0.001	0.004
pH	8.2 $\pm$ 0.12	8.2 $\pm$ 0.01	8.2 $\pm$ 0.01	8.2 $\pm$ 0.01	0.985
溶解氧/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	8.7 $\pm$ 0.13	8.3 $\pm$ 0.09	8.2 $\pm$ 0.27	8.0 $\pm$ 0.09	0.034
化学需氧量/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.622 $\pm$ 0.009	0.745 $\pm$ 0.003	0.71 $\pm$ 0.01	0.74 $\pm$ 0.01	<0.001
磷酸盐/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.040 $\pm$ 0.001	0.040 $\pm$ 0.004	0.038 $\pm$ 0.003	0.033 $\pm$ 0.007	0.653
亚硝酸盐/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.005 $\pm$ 0.001	0.007 $\pm$ 0.002	0.008 $\pm$ 0.001	0.006 $\pm$ 0.001	0.351
硝酸盐/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.779 $\pm$ 0.013	0.773 $\pm$ 0.045	0.801 $\pm$ 0.012	0.898 $\pm$ 0.002	0.041
氨盐/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.028 $\pm$ 0.001	0.016 $\pm$ 0.005	0.025 $\pm$ 0.004	0.020 $\pm$ 0.001	0.202
叶绿素 a/ $\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$	1.30 $\pm$ 0.020	1.02 $\pm$ 0.131	1.00 $\pm$ 0.017	1.10 $\pm$ 0.004	0.045

1) 黑体字为组间差异显著($P < 0.05$, 单因素方差分析), 下表同

表 2 浮游微型真核生物种类在不同增温幅度下的相对丰度比较/%

种类	Control	$\Delta T\,0 \sim 1^{\circ}\text{C}$	$\Delta T\,1 \sim 2^{\circ}\text{C}$	$\Delta T\,2 \sim 3^{\circ}\text{C}$	<i>P</i>
囊泡虫	33.9 $\pm$ 9.7	32.1 $\pm$ 4.2	38.2 $\pm$ 2.4	32.0 $\pm$ 2.7	0.911
纤毛亚门	10.2 $\pm$ 2.5	10.5 $\pm$ 3.4	11.9 $\pm$ 3.6	16.0 $\pm$ 0.7	0.642
甲藻门	14.1 $\pm$ 2.1	14.7 $\pm$ 1.3	7.7 $\pm$ 3.9	10.6 $\pm$ 6	0.046
隐藻目	8.3 $\pm$ 2.6	9.6 $\pm$ 1.2	10.3 $\pm$ 1.1	10.6 $\pm$ 2.3	0.009
后生动物	4.8 $\pm$ 5.6	3.2 $\pm$ 2.4	14.8 $\pm$ 3.5	4.5 $\pm$ 3.3	0.505
绿藻门	5.0 $\pm$ 0.8	6.3 $\pm$ 2.1	5.1 $\pm$ 1.9	6.7 $\pm$ 1.2	0.043
丝足虫类	9.0 $\pm$ 1.9	5.3 $\pm$ 1.2	2.5 $\pm$ 1.6	3.4 $\pm$ 1.4	<0.001
尖尾全沟藻	4.8 $\pm$ 0.7	5.1 $\pm$ 1.4	3.4 $\pm$ 1.5	5.3 $\pm$ 1.1	0.522
褐藻门	1.9 $\pm$ 1.1	2.3 $\pm$ 1.0	2.0 $\pm$ 2.2	1.8 $\pm$ 0.5	0.969
其它	5.8 $\pm$ 1.1	8.3 $\pm$ 1.5	3.3 $\pm$ 0.8	7.4 $\pm$ 2.1	0.006

2.3 温排水增温对真核浮游生物多样性和群落组成的影响

利用多元回归树分析(图2),发现溶解氧是影响真核浮游生物群落多样性的首要因素(解释了22.2%的多样性变异),其次为硝态氮(17.9%)和温度(13.8%).

主坐标分析发现在增温梯度下,真核浮游生物

群落依增温幅度聚类,其中第一轴和第二轴共同解释了32.7%的群落变异(图3). 群落差异性检测分析表明在不同增温幅度下群落差异显著($R_{\text{ANOSIM}} = 0.422$, $P < 0.001$),此外,除增温 $\Delta T\,1 \sim 2^{\circ}\text{C}$ 和 $\Delta T\,2 \sim 3^{\circ}\text{C}$ 间差异不显著之外,其它组间群落组成差异均达到显著水平(表3).

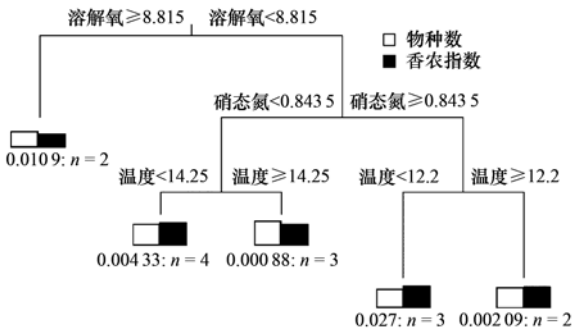


图 2 多元回归树分析控制真核微生物多样性的环境因子

Fig. 2 Multiple regression tree analysis for identification of factors shaping the eukaryotic diversity

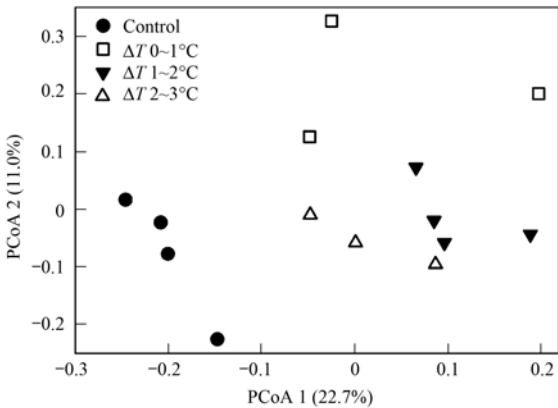


图 3 主坐标分析真核微生物群落不同增温幅度下的差异

Fig. 3 Principal coordinates analysis (PCoA) of the eukaryotic community using Bray-Curtis distance

表 3 基于 Bray-Curtis 距离的群落差异性分析¹⁾

Table 3 Community dissimilarity test based on analysis of similarity (ANOSIM) using Bray-Curtis distance

	Control	ΔT 0 ~ 1℃	ΔT 1 ~ 2℃	ΔT 2 ~ 3℃
Control				
ΔT 0 ~ 1℃	0.031			
ΔT 1 ~ 2℃	0.027	0.030		
ΔT 2 ~ 3℃	0.037	0.029	0.196	

2.4 不同增温幅度下微型真核浮游生物群落的空间分布特征

由于水流、潮汐等因素可能会影响浮游生物的空间分布特征,导致自由态微生物的随机扩散而呈现无规则的分布^[31]. 因此,利用空间距离-群落相似性模型分析浮游微型真核生物群落的空间分布特征,结果表明在温排水影响下随着站点间空间距离的增加,真核生物群落的相似性递减,尽管相关性较低,但达到显著相关水平 ($R = -0.192$, $P = 0.039$),其周转速率为 0.002(图 4).

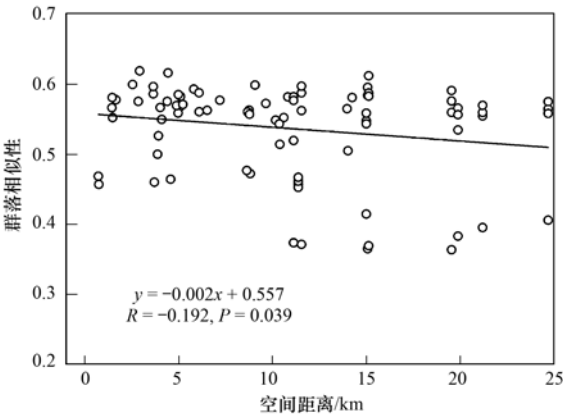


图 4 浮游真核微生物群落相似性与空间距离的拟合相关性
Fig. 4 Correlation between the eukaryotic community similarity (1-Bray-Curtis distance) and geographic distances

2.5 真核浮游生物群落与环境因子、空间距离间的相互关系

为了评估空间距离(作为扩散限制的指标)和水体理化性质对真核浮游生物群落变异的相对贡献,利用反向选择筛选与群落变异最相关的环境因子组合,发现空间距离、叶绿素 a、溶解氧和温度的组合与群落变异的相关性最高,累积解释了 52.3% 的群落变异(表 4). 去趋势对应分析(detrended correspondence analysis, DCA)发现第一和二轴的轴长值(axis lengths)大于 4,适合单峰模型. 因此,采用典范对应分析(CCA)建立群落变异与环境因子间的相互关系,发现叶绿素 a 和溶解氧与对照站点的浮游微型真核生物群落正相关,而受到温排水影

响的浮游微型真核生物群落与温度正相关(图 5). 这些结果表明在电厂温排水影响的区域范围内,温度直接改变了浮游微型真核生物的群落结构;此外,增温导致的叶绿素 a 和溶解氧浓度减低(表 1)也间接地作用于微型真核生物的组成.

表 4 反向选择筛选与微型真核微生物群落变异最相关的环境因子

Table 4 Distance-based multivariate linear model for microeukaryotic community showing the percentage of variation explained

环境变量	by forward-selection of variables			
	<i>F</i>	<i>P</i>	控制变异比例/%	累积比例/%
单一检测				
空间距离	1.33	0.038	19.4	
叶绿素 a	1.70	0.007	12.4	
温度	1.56	0.023	11.5	
化学需氧量	1.51	0.035	11.2	
溶解氧	1.50	0.041	11.1	
磷酸盐	1.28	0.174	9.6	
油污	1.25	0.161	9.4	
硝态氮	1.24	0.170	9.4	
总无机氮	1.22	0.175	9.3	
pH	1.19	0.183	9.0	
亚硝态氮	1.17	0.190	8.9	
余氯	0.81	0.758	6.3	
铵态氮	0.72	0.882	5.7	
反向选择				
空间距离	1.33	0.038	19.4	19.4
叶绿素 a	1.99	0.041	13.4	32.8
溶解氧	0.64	0.045	10.6	43.4
温度	1.37	0.049	8.9	52.3
油污	1.37	0.168	8.6	60.9
总无机氮	1.15	0.299	7.0	67.9
磷酸盐	1.00	0.445	6.1	74.0
硝态氮	0.92	0.532	5.7	79.7
余氯	0.76	0.577	4.9	84.6
亚硝态氮	0.86	0.494	4.5	89.1

2.6 筛选敏感的真核微生物指示增温幅度

在科水平筛选与温度幅度显著相关,且相对丰度较高(在所有样品中的平均相对丰度 > 1%)的真核微生物科. 共筛选到 15 个真核微生物科,主要属于分别为丝足虫类(Cercozoa)、囊泡虫(Alveolata)和藻类. 其中 13 个种群与温度负相关,即增温导致其相对丰度降低;2 个与温度正相关(图 6). 尽管

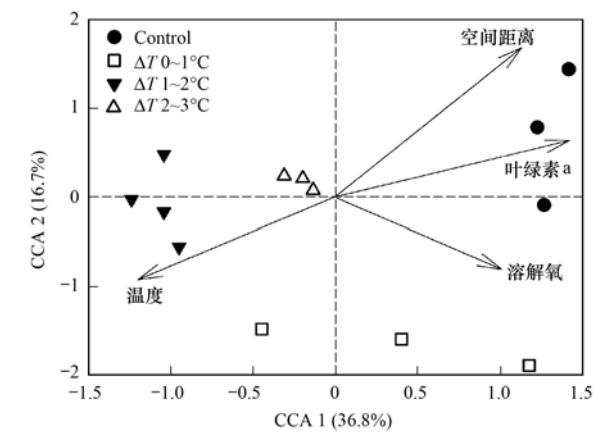


图5 典范对应分析建立真核微生物群落变异与环境因子、空间距离间的相互关系

Fig. 5 Canonical correspondence analysis (CCA) revealing the relationship between eukaryotic communities and environmental factors, the spatial distances

这 15 个种群的相对丰度值差别较大,但在海水增温梯度影响下,其相对丰度线性变化(图 6)。因此,可以作为指示温排水增温幅度的指示种群。

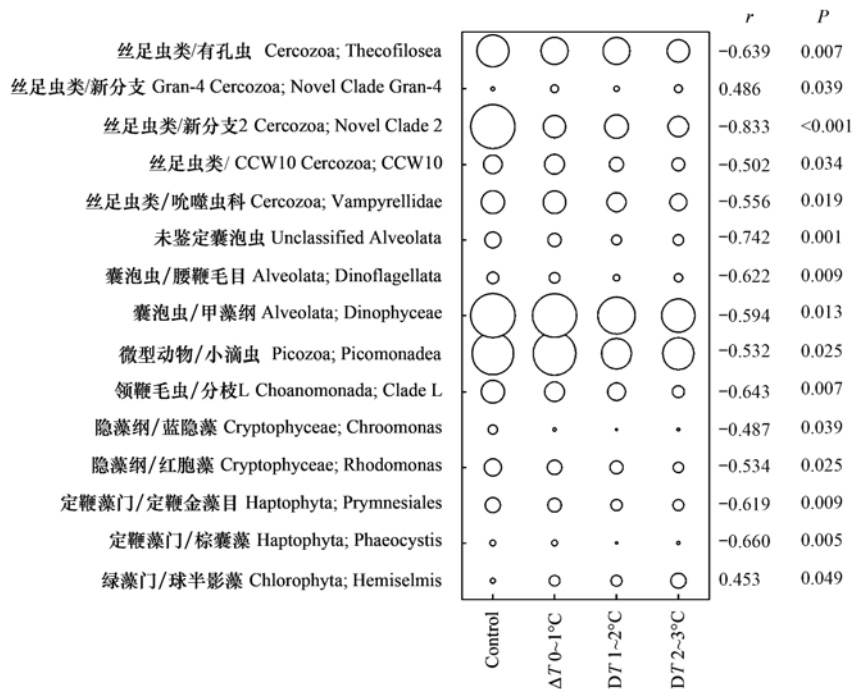
3 讨论

随着国家对海洋环境的重视,亟需评估沿海大量电厂的兴建对环境的影响。本研究通过研究温排水增温梯度下的微型真核浮游生物,发现微真核浮游生物群落不是随机分布的,增温梯度显著地改变

了真核浮游生物的群落组成,并明确了导致群落变异的环境因子。同时筛选到了能够指示增温幅度的敏感浮游真核生物科,这为评价温排水对生态系统的影响提供了新的监测生物学指标。

3.1 增温改变了微型真核浮游生物群落组成

电厂温排水显著地增加了邻近海水的温度,进而影响水体理化性质,如氨氮、溶解氧等。研究发现溶解氧、硝态氮和温度是影响真核浮游生物多样性的主要因素(图 2)。浮游微型动物均为化能异养型生物,因此增温导致的溶解氧降低能够抑制其多样性。此外,硝态氮作为海水环境中主要的无机氮,能够为浮游藻类提供氮源,促进藻类的生长。例如,增温促进的硝态氮增加,促进了绿藻门和隐藻目相对丰度的增加(表 2),进而改变了微型真核浮游生物的群落组成。本研究中发现囊泡虫门、纤毛亚门和腰鞭毛目等为主要的浮游微型真核生物,相似的群落组成在我国黄海^[32]、北太平洋^[33]和北极圈^[34]均有发现,表明浮游微型真核生物在主要组成上在各海区具有一定的普遍性。此外,增温显著地改变了真核浮游生物的群落组成(图 3)。类似的,在象山港电厂温排水的作用下改变了浮游植物^[4]和浮游动物^[3]的群落组成。事实上,在其它电厂温排水增温的影响下也发现增温改变了硅藻的组成,并加快了硅藻群落在时间尺度上的周转速率,进而导致



圆圈直径大小与相对丰度成比例,右侧 r 和 P 值为不同站点温度与该科相对丰度的相关性分析

图6 与增温幅度显著相关的 15 个真核指示种群

Fig. 6 Identification of the 15 eukaryotic assemblages serving as bio-indicators along the temperature gradient

生态功能的稳定性降低^[21]. 在象山港电厂中通过围隔实验发现 0.52℃ 的增温使总初级生产量与总生物量的比值提高了 1.5 倍,即加快了生物碳的代谢速率^[19],可能对气候变暖产生正反馈作用^[12]. 此外,在胶州湾原位调查实验中也发现浮游动物群落的周转率与该海区表层水温显著正相关^[35]. 这些结论与本研究结果相一致. 冬季海水温度较低(12℃),温度能够促进浮游动物种类的增加,促进对浮游植物造成捕食压力^[5];以及不同物种对温度有不同的敏感性^[3,4],进而改变浮游真核生物组成. 此外,长期增温使浮游植物从大型向微型转变^[9],导致总的浮游植物生物量减少,表现为叶绿素 a 的浓度降低(表 1),引起浮游微型真核生物群落的变化. 可见,真核浮游生物的群落组成和功能均能够对增温产生灵敏的响应. 考虑到浮游微型真核生物在食物网中承上启下的重要作用^[17],其群落的改变可能影响生态功能. 因此,今后的工作需要关注浮游微型真核生物群落的改变对生态功能的潜在影响.

3.2 驱动浮游微型真核生物群落变异的环境因子

真核浮游生物如浮游植物作为海洋生物的初级生产力,在物质能量循环过程中发挥着重要的作用^[12],因此明确浮游微型真核生物群落的空间分布特征及其环境驱动因子,对于明确生态系统的稳定性和功能至关重要. 从直觉上判断,水流的扰动作用会掩盖海水增温对真核微生物的影响. 此外,Finlay^[31]认为浮游微型真核生物的高多样性和扩散能力,导致其在海洋环境中无处不在,是随机分布的. 然而,在电厂温排水造成的增温梯度下随着空间距离的增加群落相似性衰减(图 4),表明在水流和潮汐的干扰下仍能够检测到海水增温对微型真核生物群落的影响. 在其它对浮游微型真核生物的生态调查中也发现其分布受空间距离的影响^[32,36],说明浮游真核微生物的扩散速率低于环境因子对定殖的选择压力,即通过物种选择(Species sorting)筛选适应环境的真核浮游生物种群. 因此,进一步利用反向选择来筛选驱动群落变异的环境因子,发现空间距离、叶绿素 a、溶解氧和温度是驱动微型真核生物群落变异的主要环境因子(表 3 和图 5). 朱艺峰等^[37]研究象山港国华电厂温排水附近海域浮游动物群落主要受季节水温、溶解氧和海域增温的影响,与本研究结果相一致. 溶解氧能够促进化能异养浮游动物的生长,如在高溶解氧的表层发现最高丰度的丝足虫类^[36],与对照 W8 站点微型真核生物

群落组成与溶解氧浓度正相关的结果吻合(图 5). 此外,浮游植物的次级代谢产物能够为异养生物的生长提供底物,叶绿素 a 作为浮游植物生物量的间接指标,对浮游微型真核生物群落的影响在其它研究中也报道^[36]. 温度作为影响微生物活性的主要因素,能够促进嗜温性微生物的生长. 通过季节性采样发现浮游动物多样性数随水温增加而下降的拐点水温范围为 20.3 ~ 22.3℃,在低于 20.3℃ 时,电厂温排水增温增加了浮游微型动物的多样性^[3]. 本研究的采样季节在冬季,采样当天的水温只有 12℃,低于大多数微型真核生物的最适生长温度. 因此,温排水增温能够促进特定种群的增殖和代谢活性,进而影响浮游微型真核生物的群落结构^[19,32,37]. 同时,冬季环境水温较低,温排水的增温能使藻类提前达到其增殖的温度,导致种群数量增加^[38]. 类似的,本研究发现甲藻和绿藻的相对丰度随增温梯度增加(表 2). 值得注意的是:温排水增温对浮游微型真核生物群落的直接影响较低(8.9%,表 4),因此增温主要通过改变水体的理化性质,如溶解氧和浮游植物的初级生产力等,间接影响浮游真核生物的群落组成. 类似的,在土壤生态系统中增温也主要是通过间接效应影响微生物群落组成和功能结构^[39,40]. 尽管过去认为浮游微型真核生物具有较宽的温度耐受性,如浮游动物可以通过水平或垂直的迁移策略减轻增温造成的损伤. 本研究结果发现较小的温升(<3℃)能够显著地改变微型真核生物的群落组成和多样性(图 2 和 3),说明浮游微型真核生物对增温非常敏感.

3.3 利用微型真核浮游生物科指示增温幅度

研究浮游微型真核生物对温排水增温的响应特征,最终期望能够利用敏感的种群来指示和评价电厂温排水对海洋环境的影响. 事实上,有研究通过长期的季节性采样将特定真核生物丰度与温度拟合,依据其分布峰的特征(在最适宜温度区间内分布的集中度)将真核生物分为温度敏感型和不敏感型种类,并利用温度敏感型表征全球变暖生态效应的指标^[41]. 基于此思路,筛选与增温幅度显著相关的浮游微型真核生物种群,筛选到 15 个浮游真核生物科(图 6). 值得注意的是,在 15 个指示种群中,13 个指示科与增温幅度负相关,表明温升对浮游微型真核生物存在严重的负面影响. 这种趋势与其它在象山港的研究一致,即大部分物种倾向于迁出排水口,表现为在较高增温站点丰度降低^[3]. 此外,对于特定物种,其相对丰度的变化与该物种已知的生

态功能相吻合。例如: 球半隐藻 (*Hemiselmis*) 具有较高的温度耐受性^[42], 其相对丰度与温度显著正相关 ($r = 0.453$, $P = 0.049$)。这种变化趋势与长期检测结果一致, 在全球气候变暖背景下的浮游植物由较大型藻向微型藻转变^[9]。相反地, 丝足虫类 (*Cercozoa*) 对增温敏感^[38], 属于该门的指示种相对丰度与温度负相关 (图 6)。一些重要物种丰度的降低能够对生态功能造成严重的负面影响, 有研究发现增温导致中华哲水蚤高丰度消退的时间提前, 引起浮游动物群落结构变化, 导致对赤潮生物摄食压力下降, 最终使东海赤潮暴发的频率增加^[43]。类似地, 有研究通过浮游微生物群落的变化特征来评价水质^[44]。因此, 利用敏感的真核浮游生物来评价和预测增温造成的生态效应具有较强的可行性和应用价值。

4 结论

(1) 电厂温排水显著地增加了邻近水域的温度, 增温主要通过改变水体理化性质的间接作用影响浮游微型真核生物群落组成, 环境选择是造成群落变异的主要因素。

(2) 筛选到敏感的微型真核浮游生物指示科, 其丰度的变化与增温幅度显著相关, 可以评价增温对浮游微型真核生物的影响并预测对生态功能可能的影响; 区别于传统的水质监测, 为评价电厂温排水对环境的影响提供了生物学指标。

致谢: 本研究在采样过程中得到了宁波市海洋环境监测中心的支持和帮助, 在此表示感谢!

参考文献:

- [1] 黄晓琛, 陈雪初, 彭欣, 等. 滨海电厂温排水对海洋环境的影响研究进展[J]. 海洋环境科学, 2014, **33**(6): 972-976.
- [2] Li X Y, Li B, Sun X L. Effects of a coastal power plant thermal discharge on phytoplankton community structure in Zhanjiang Bay, China[J]. Marine Pollution Bulletin, 2014, **81**(1): 210-217.
- [3] 朱艺峰, 黄简易, 林霞, 等. 象山港国华电厂强增温海域浮游动物群落结构和多样性的时空特征[J]. 环境科学, 2013, **34**(4): 1498-1509.
- [4] 李婷, 韩晓, 林霞. 象山港国华电厂强增温海域浮游植物群落结构的季节性格局[J]. 生态科学, 2014, **33**(2): 353-360.
- [5] 杜萍, 刘晶晶, 徐晓群, 等. 象山港不同生境冬季浮游动物生态特征比较研究[J]. 水产科技情报, 2011, **38**(2): 92-99.
- [6] Azam F, Malfatti F. Microbial structuring of marine ecosystems[J]. Nature Reviews Microbiology, 2007, **5**(10): 782-791.
- [7] 裘琼芬, 张德民, 叶仙森, 等. 象山港网箱养殖对近海沉积物细菌群落的影响[J]. 生态学报, 2013, **33**(2): 483-491.
- [8] Field C B, Behrenfeld M J, Randerson J T, *et al.* Primary production of the biosphere: integrating terrestrial and oceanic components[J]. Science, 1998, **281**(5374): 237-240.
- [9] Sarmento H, Montoya J M, Vázquez-Domínguez E, *et al.* Warming effects on marine microbial food web processes: how far can we go when it comes to predictions? [J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 2010, **365**(1549): 2137-2149.
- [10] Taylor G T, Muller-Karger F E, Thunell R C, *et al.* Ecosystem responses in the southern Caribbean Sea to global climate change [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2012, **109**(47): 19315-19320.
- [11] Li W K W, Harrison W G, Head E J H. Coherent assembly of phytoplankton communities in diverse temperate ocean ecosystems [J]. Proceedings: Biological Sciences, 2006, **273**(1596): 1953-1960.
- [12] Wohlers J, Engel A, Zöllner E, *et al.* Changes in biogenic carbon flow in response to sea surface warming[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2009, **106**(17): 7067-7072.
- [13] John E H, Wilson J D, Pearson P N, *et al.* Temperature-dependent remineralization and carbon cycling in the warm Eocene oceans [J]. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology, 2014, **413**: 158-166.
- [14] Vázquez-Domínguez E, Vaqué D, Gasol J M. Ocean warming enhances respiration and carbon demand of coastal microbial plankton[J]. Global Change Biology, 2007, **13**(7): 1327-1334.
- [15] Jiao N Z, Herndl G J, Hansell D A, *et al.* Microbial production of recalcitrant dissolved organic matter: long-term carbon storage in the global ocean[J]. Nature Reviews Microbiology, 2010, **8**(8): 593-599.
- [16] Giovannoni S J, Vergin K L. Seasonality in ocean microbial communities[J]. Science, 2012, **335**(6069): 671-676.
- [17] Massana R, Pedrós-Alió C. Unveiling new microbial eukaryotes in the surface ocean[J]. Current Opinion in Microbiology, 2008, **11**(3): 213-218.
- [18] 李亚红, 周箴, 赵小芳, 等. 大港发电厂温排水对附近海域浮游动物影响研究[J]. 环境保护科学, 2014, **40**(3): 5-8.
- [19] 蔡泽富, 杨红, 焦俊鹏, 等. 温排水对围隔生态系统各粒级海洋浮游生物的影响[J]. 水产学报, 2011, **35**(8): 1240-1246.
- [20] 王扬才, 吴雄飞, 施慧雄, 等. 象山港电厂附近海域浮游动物群落特征研究[J]. 宁波大学学报(理工版), 2011, **24**(3): 5-10.
- [21] Hillebrand H, Soininen J, Snoeijs P. Warming leads to higher species turnover in a coastal ecosystem [J]. Global Change Biology, 2010, **16**(4): 1181-1193.
- [22] Inskeep W P, Bloom P R. Extinction coefficients of chlorophyll *a* and *b* in *N*, *N*-dimethylformamide and 80% acetone[J]. Plant Physiology, 1985, **77**(2): 483-485.

- [23] Xiong J B, Ye X S, Wang K, *et al.* Biogeography of the sediment bacterial community responds to a nitrogen pollution gradient in the East China Sea[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, **80**(6): 1919-1925.
- [24] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, *et al.* UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection[J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(16): 2194-2200.
- [25] 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.
- [26] DeSantis T Z, Hugenholtz P, Larsen N, *et al.* Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, **72**(7): 5069-5072.
- [27] Caporaso J G, Bittinger K, Bushman F D, *et al.* PyNAST: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment[J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(2): 266-267.
- [28] De'ath G. Multivariate regression trees: a new technique for modeling species-environment relationships[J]. *Ecology*, 2002, **83**(4): 1105-1117.
- [29] Lozupone C, Knight R. UniFrac: a new phylogenetic method for comparing microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(12): 8228-8235.
- [30] Clarke K R. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure[J]. *Australian Journal of Ecology*, 1993, **18**(1): 117-143.
- [31] Finlay B J. Global dispersal of free-living microbial eukaryote species[J]. *Science*, 2002, **296**(5570): 1061-1063.
- [32] Gong J, Shi F, Ma B, *et al.* Depth shapes α - and β -diversities of microbial eukaryotes in surficial sediments of coastal ecosystems [J]. *Environmental Microbiology*, 2015, **17**(10): 3722-3737.
- [33] Brown M V, Philip G K, Bunge J A, *et al.* Microbial community structure in the North Pacific ocean [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3**(12): 1374-1386.
- [34] Lovejoy C, Massana R, Pedrós-Alió C. Diversity and distribution of marine microbial eukaryotes in the Arctic Ocean and adjacent seas[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, **72**(5): 3085-3095.
- [35] 刘光兴, 张志南. 胶州湾北部浮游动物的生物量和生产力 [J]. *中国海洋大学学报*, 2000, **30**(2 II): 58-64.
- [36] Monier A, Comte J, Babin M, *et al.* Oceanographic structure drives the assembly processes of microbial eukaryotic communities [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(4): 990-1002.
- [37] 朱艺峰, 戴美霞, 周晓红, 等. 环境因子对国华电厂温排水海域浮游动物群落 β 多样性的影响 [J]. *应用生态学报*, 2015, **26**(8): 2543-2552.
- [38] Jiang Z B, Zeng J N, Chen Q Z, *et al.* Potential impact of rising seawater temperature on copepods due to coastal power plants in subtropical areas [J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 2009, **368**(2): 196-201.
- [39] Xu Z L. Determining optimal temperature and salinity of *Lucifer* (Dendrobranchiata: Sergestioidea: Luciferidae) based on field data from the East China Sea [J]. *Plankton and Benthos Research*, 2010, **5**(4): 136-143.
- [40] Sym S D. Basal lineages of green algae-their diversity and phylogeny[A]. In: Ohtsuka S, Suzuki T, Horiguchi T, *et al* (Eds.). *Marine Protists*[M]. Japan: Springer, 2015. 89-105.
- [41] Zhou J Z, Xue K, Xie J P, *et al.* Microbial mediation of carbon-cycle feedbacks to climate warming[J]. *Nature Climate Change*, 2012, **2**(2): 106-110.
- [42] Xiong J B, Sun H B, Peng F, *et al.* Characterizing changes in soil bacterial community structure in response to short-term warming[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, **89**(2): 281-292.
- [43] Liu D Y, Sun J, Zou J Z, *et al.* Phytoplankton succession during a red tide of *Skeletonema costatum* in Jiaozhou Bay of China[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2005, **50**(1): 91-94.
- [44] Casé M, Leça E E, Leitão S N, *et al.* Plankton community as an indicator of water quality in tropical shrimp culture ponds[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2008, **56**(7): 1343-1352.

CONTENTS

Concentration Characteristics of PM _{2.5} in Beijing During Two Red Alert Periods	CHENG Nian-liang, ZHANG Da-wei, CHEN Tian, <i>et al.</i> (2409)
Response of Human Respiratory Height PM _{2.5} Variation Characteristics to Meteorological Factors During Winter Haze Days in Beijing	ZHANG Nan, XIONG Hei-gang, GE Xiu-xiu, <i>et al.</i> (2419)
Pollutional Characteristics and Sources Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Atmospheric Fine Particulate Matter in Lanzhou City	LI Ying-hong, RAO Zhi-guo, TAN Ji-hua, <i>et al.</i> (2428)
Determination and Source Apportionment of Aromatic Acids in PM _{2.5} from the Northern Suburb of Nanjing in Winter	ZHANG Ya-fei, MA Yan, QI Lu, <i>et al.</i> (2436)
Impact of Marine-atmospheric Process on Aerosol Number Size Distribution in the South China Sea	KONG Ya-wen, SHENG Li-fang, LIU Qian, <i>et al.</i> (2443)
Assessment of Heavy Metals Pollution and Its Health Risk of Atmospheric Dust Fall from East Part of Junggar Basin in Xinjiang	YANG Chun, Tashpolat Tiyp, HOU Yan-jun, <i>et al.</i> (2453)
Variations of Stable Isotope in Precipitation and Its Atmospheric Circulation Effect in Chongqing	WEN Yan-ru, WANG Jian-li (2462)
Temporal Dynamics of Stable Isotopic Composition in Lake Taihu and Controlling Factors	XU Jing-zheng, XIAO Wei, XIAO Qi-tao, <i>et al.</i> (2470)
Geochemical Characteristics of Lateral Hyporheic Zone Between the River Water and Groundwater, a Case Study of Maanxi in Chongqing	ZHANG Yu, YANG Ping-heng, WANG Jian-li, <i>et al.</i> (2478)
Variations of CO ₂ Exchange Fluxes Across Water-air Interface and Environmental Meaning in a Surface Stream in Subtropical Karst Area, SW China	LI Li, PU Jun-bing, LI Jian-hong, <i>et al.</i> (2487)
Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter (DOM) Releases from Soils of Typical Water-Level Fluctuation Zones of Three Gorges Reservoir Areas; UV-Vis Spectrum	LIANG Jian, JIANG Tao, LU Song, <i>et al.</i> (2496)
Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter (DOM) Releases from Soils of Typical Water-Level Fluctuation Zones of Three Gorges Reservoir Areas; Fluorescence Spectra	LIANG Jian, JIANG Tao, LU Song, <i>et al.</i> (2506)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Thirteen Sulfonamides Antibiotics in a Drinking Water Source in East China	JIN Lei, JIANG Lei, HAN Qi, <i>et al.</i> (2515)
Concentrations of Ketamine and Norketamine in the Water Environment in Beijing	ZHANG Hua-fang, YANG Jun, DU Peng, <i>et al.</i> (2522)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Water of Yuqiao Reservoir Watershed During the Water Delivery Period	CHANG Sheng, ZHAO Xing-ru, FU Qing, <i>et al.</i> (2530)
Concentrations and Partitioning of Halogenated Flame Retardants in Industrial Water of Dongjiang River	HE Ming-jing, LI Qi, ZHAO Jia-yuan, <i>et al.</i> (2539)
Distribution Characteristics and Source Identification of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, Fatty Acids in Water of Karst Underground River	XIE Zheng-lan, SUN Yu-chuan, ZHANG Mei, <i>et al.</i> (2547)
Pollution Characteristics of Snowmelt Runoff on Different Underlying Surface in Main Urban Area of Harbin	SUN Xi-han, LIU Shuo, WAN Lu-he, <i>et al.</i> (2556)
Impact of Precipitation on Fenghe River Water and Aquatic Microorganisms	LU Si-dan, SUN Yu-jiao, ZHAO Xuan, <i>et al.</i> (2563)
Response of <i>Microcystis aeruginosa</i> Growth to Arsenate Under Different Phosphorus Regimes	WANG Zhen-hong, ZHANG Han-peng, LUO Zhuan-xi (2570)
Removal Behavior of Ibuprofen and Diclofenac in Different Constructed Wetlands	JING Rui-ying, YANG Yang, DAI Yu-ni, <i>et al.</i> (2577)
Influence of Chemical Pre-oxidation on Chloral Hydrate Formation of Threonine	CAI Guang-qiang, FU Xue-min, LIU Li-jun, <i>et al.</i> (2586)
Activated Carbon Supported Co ₃ O ₄ Catalysts to Activate Peroxymonosulfate for Orange G Degradation	WANG Zhong-ming, CHEN Jia-bin, ZHANG Li-ming, <i>et al.</i> (2591)
Kinetics for Degradation of Orange G with Peroxymonosulfate Activated by Carbon Nanotubes	ZHANG Li-ming, CHEN Jia-bin, LI Wen-wei, <i>et al.</i> (2601)
Removal of Chloramphenicol in Wastewater by Electrochemical Reduction with Carbon Nanotubes-Modified Electrode	DENG Fei, TANG Bo-bin, ZHANG Jin-zhong, <i>et al.</i> (2610)
Removal of AOX, Chroma and TOC in Chemical Dye-stuff Wastewater with Iron Scraps-Fenton-Coagulation Combined Process	SHU Xiao-ming, XU Can-can, WEN Xiao-gang, <i>et al.</i> (2618)
Removal of AOX in Activated Sludge of a Chemical Pharmaceutical Industry with Fenton Oxidation	CHEN Si, XU Can-can, LIU Rui, <i>et al.</i> (2625)
Performance Evaluation of a Pilot-scale Microbubble-aerated Biofilm Reactor	LIU Chun, ZHANG Jing, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2632)
Nitrogen Removal Performance of Novel HABR Reactor over CANON Process	BAO Lin-lin, CHEN Wan-qiu (2639)
Characteristics of a Combined Heterotrophic and Sulfur Autotrophic Denitrification Technology for Removal of High Nitrate in Water	LI Xiang, MA Hang, HUANG Yong, <i>et al.</i> (2646)
Characteristics of Microbial Community in Each Compartment of ABR ANAMMOX Reactor Based on High-throughput Sequencing	CHEN Chong-jun, ZHANG Hai-qin, WANG Yao-qi, <i>et al.</i> (2652)
Nitrogen Removal and the Characteristics of Denitrification Bacteria Using NUA-DAS Ecofilter	WANG Long-mian, QIU Hao-yu, CHE Yu-xiao, <i>et al.</i> (2659)
Coupling of Hydrocarbon Accumulation and Cobalt Removal During Treatment of Cobalt Enriched Industrial Wastewater with <i>Botryococcus braunii</i> Biofilm Attached Cultivation	CHENG Peng-fei, WANG Yan, YANG Qi-yong, <i>et al.</i> (2666)
Isolation of <i>Raoultella</i> sp. sarI01 and Its Heterotrophic Nitrification-Aerobic Denitrification Characteristics	YAN Wei-zhi, HAO Jian, SUN Jun-song, <i>et al.</i> (2673)
Screening and Nitrogen Removing Characteristics of Heterotrophic Nitrification-Aerobic Denitrification Bacteria SLWX ₂ from Sea Water	CHENG Yu, LI Qiu-fen, FEI Yu-tao, <i>et al.</i> (2681)
Biodiversity of Thiocyanate-degrading Bacteria in Activated Sludge from Coking Wastewater	XU Wei-chao, MENG Xiao-jun, YIN Li, <i>et al.</i> (2689)
Responses of Plankton Microeukaryotic Community to Increasing Temperatures Created by Power Plant Thermal Discharges	DAI Wen-fang, YANG Shi-ye, QUE Zhi-jia, <i>et al.</i> (2696)
Characteristics of Soil Microbial Community Structure in the Rhizospheric Soil of <i>Ammopiptanthus mongolicus</i> by Phospholipid Fatty Acid (PLFA)	ZUO Yi-ling, HE Xue-li, WANG Shao-jie, <i>et al.</i> (2705)
Response of Soil Respiration to Extreme Precipitation in Semi-arid Regions	ZHAO Man, WANG Rui, LI Ru-jian, <i>et al.</i> (2714)
Features and Influencing Factors of N ₂ O Emissions from Drawdown Area in the Three Gorges Reservoir	LI Rui, LEI Li-guo, JIANG Chang-sheng, <i>et al.</i> (2721)
Denitrification Loss and N ₂ O Emission from Different Carbon Inputs in Orchard Drains Sediments	GAO Xue-mei, SHE Dong-li, YAN Xiao-yuan, <i>et al.</i> (2731)
Emissions Characteristics of Greenhouse Gas from Sewage Sludge Composting Process in Winter	YI Jian-ting, YANG Yu-han, ZHANG Cheng, <i>et al.</i> (2738)
Distribution and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) and Organochlorine Pesticides (OCPs) in Soils from Shergyla Mountain, Southeast Tibetan Plateau	LUO Dong-xia, ZHANG Shu-juan, YANG Rui-qiang (2745)
Applications of Geostatistical Analyses and Stochastic Models to Identify Sources of Soil Heavy Metals in Wuqing District, Tianjin, China	SONG Zhi-ting, ZHAO Yu-jie, ZHOU Qi-wen, <i>et al.</i> (2756)
Effects of Soil Moisture and Temperature Variations on Organic Carbon Mineralization of Purple Soil in the Hydro-fluctuation Belt of the Three Gorges Reservoir	DING Chang-huan, WANG Lian-ge, TANG Jiang, <i>et al.</i> (2763)
Reduction Effect of Reduced Phosphorus Fertilizer and Combining Organic Fertilizers on Phosphorus Loss of Purple Soil Sloping Field	HAN Xiao-fei, GAO Ming, XIE De-ti, <i>et al.</i> (2770)
Transformation and Migration of Sulfur Speciation in the Rhizosphere and Bulk Soil of Paddy Soil	DU Guang-hui, RAO Wei, LI Xin, <i>et al.</i> (2779)
Comparison of the Persistence of a Combined Amendment Stabilizing Pb, Cd, Cu and Zn in Polluted Paddy Soil	WU Yu-jun, ZHOU Hang, YANG Wen-tao, <i>et al.</i> (2791)
Bio-inspired Recovery of Platinum Nanoparticle and Its Mechanism	SHANG Ru, ZHU Neng-wu, KANG Nai-xin, <i>et al.</i> (2799)
Preparation of γ -Fe ₂ O ₃ Catalyst by Heat Treatment of Natural Limonite for Selective Catalytic Reduction of NO by NH ₃	XU Bin, CHEN Tian-hu, LIU Hai-bo, <i>et al.</i> (2807)

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 赵进才

副主编: 赵景柱 郝吉明 田 刚

编 委: (按姓氏笔画排序)

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
赵进才 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄 耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976年8月创刊)

2016年7月15日 第37卷 第7期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 7 Jul. 15, 2016

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清华大学环境学院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	赵进才	Editor-in -Chief		ZHAO Jin-cai
编 辑	《环境科学》编辑委员会 北京市2871信箱(海淀区双清路 18号, 邮政编码:100085) 电话:010-62941102, 010-62849343 传真:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel:010-62941102, 010-62849343; Fax:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn
出 版	科 学 出 版 社 北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷 装 订	北京北林印刷厂	Printed	by	Beijing Bei Lin Printing House
发 行	科 学 出 版 社 电话:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com	Distributed	by	Science Press Tel:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易集团有限公司 (北京399信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301
CN 11-1895/X

国内邮发代号: 2-821

国内定价: 120.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行