

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

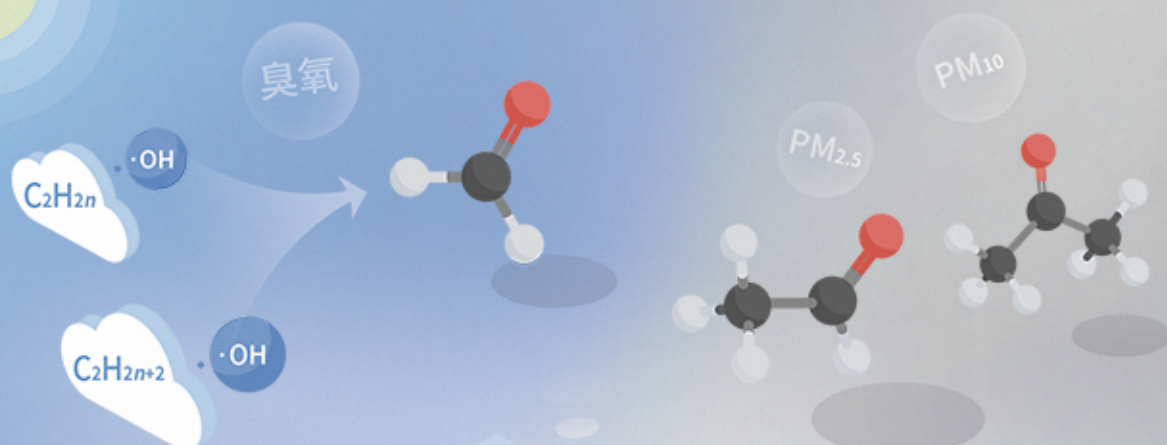
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

基于PMF和源示踪物比例法的大气羰基化合物来源解析：以南京市观测为例
胡崑，王鸣，王红丽，景盛翱，陈文泰，卢兴东



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年1月

第42卷 第1期
Vol.42 No.1

目次

2019年国庆节前后北京气态氨和气溶胶铵盐浓度的同步观测	顾梦娜, 潘月鹏, 宋琳琳, 李萍, 田世丽, 武岳洋, 杨婷婷, 李浩洋, 石生伟, 吐莉尼沙, 吕雪梅, 孙倩, 方运霆(1)
基于无人机探空和数值模拟天津一次重污染过程分析	杨旭, 蔡子颖, 韩素芹, 史静, 唐颖潇, 姜明, 邱晓滨(9)
中原城市群典型城市秋冬季大气 PM _{2.5} 污染特征及溯源	苗青青, 姜楠, 张瑞芹, 赵孝因, 齐静文(19)
沈阳市冬季大气 PM _{2.5} 中水溶性离子污染特征及来源解析	王国祯, 任万辉, 于兴娜, 侯思宇, 张毓秀(30)
保定地区 PM _{2.5} 中重金属元素的污染特征及健康风险评价	雷文凯, 李杏茹, 张兰, 徐静, 赵文吉, 刘子锐(38)
基于 PMF 和源示踪物比例法的大气羰基化合物来源解析:以南京市观测为例	胡崑, 王鸣, 王红丽, 景盛翔, 陈文泰, 卢兴东(45)
2019年天津市挥发性有机物污染特征及来源	高璟贇, 肖致美, 徐虹, 李立伟, 李鹏, 唐邈, 杨宁, 李源, 毕温凯, 陈魁(55)
柳州市春季大气挥发性有机物污染特征及源解析	刘齐, 卢星林, 曾鹏, 于爽(65)
天津市郊夏季的臭氧变化特征及其前体物 VOCs 的来源解析	罗瑞雪, 刘保双, 梁丹妮, 毕晓辉, 张裕芬, 冯银厂(75)
2017年春夏期间南京地区臭氧污染输送影响及潜在源区	谢放尖, 陆晓波, 杨峰, 李文青, 李洁, 谢轶嵩, 王艳, 刘益和, 王庆九, 胡建林(88)
2006~2019年珠三角地区臭氧污染趋势	赵伟, 高博, 卢清, 钟志强, 梁小明, 刘明, 马社霞, 孙家仁, 陈来国, 范绍佳(97)
大型石化企业邻近区域大气沉降中多环芳烃赋存特征及源解析	李大雁, 齐晓宝, 吴健, 黄沈发, 王敏, 沙晨燕, 沈城(106)
叶片大气颗粒物滞纳能力评估方法的定量对比	岳晨, 李广德, 席本野, 曹治国(114)
东江流域敌敌畏的排放量估算及归趋模拟	张冰, 张芊芊, 应光国(127)
松花江哈尔滨段及阿什河抗生素的分布规律与生态风险评估	杨尚乐, 王旭明, 王伟华, 胡雪莹, 高立伟, 孙兴滨(136)
东北小兴凯湖沉积物 POPs 污染特征及生态风险评估	李慧, 李捷, 宋鹏, 程云轩, 焦立新, 杨亚铮(147)
河南省地表水源中 PPCPs 分布及生态风险评估	周颖, 吴东海, 陆光华, 姚晶晶, 魏磊, 韩枫(159)
无锡-常州地下水中内分泌干扰物的赋存特征和健康风险评估	王淑婷, 饶竹, 郭峰, 刘成海, 战楠, 王娅南, 彭洁, 杨鸿波(166)
清江流域地表水重金属季节性分布特征及健康风险评估	刘昭, 周宏, 曹文佳, 刘伟, 兰圣涛(175)
会仙岩溶湿地丰平枯时期地下水金属元素污染与健康风险	李军, 赵一, 邹胜章, 蓝美宁, 樊连杰, 谢浩, 秦月, 朱丹尼(184)
三峡库区城镇化影响下河流 DOM 光谱特征季节变化	陈昭宇, 李思悦(195)
不同植物覆盖下黄河三角洲湿地土壤中微塑料的分布	岳俊杰, 赵爽, 程昊东, 段鑫越, 石洪华, 汪磊, 端正花(204)
基于宏基因组学探讨东平湖水库的菌群结构、耐药基因谱及其公共健康风险	张红娜, 崔娜, 申红妙(211)
分层型水库藻类季相演替的细菌种群驱动机制	闫苗苗, 张海涵, 黄廷林, 宗容容, 刘凯文, 苗雨甜, 杨尚业, 黄鑫, 王娜(221)
丹江口库区浮游真菌组成与功能及其影响因素	郑保海, 王晓宇, 李英军, 陈彦, 李百炼, 李玉英, 陈兆进(234)
太湖出流河道藻颗粒变化及其水质效应	郭宇龙, 许海, 陈旭清, 郑建中, 詹旭, 朱广伟, 朱梦圆(242)
石盘丘小流域不同土地利用方式下土壤氮磷流失形态及通量	邓华, 高明, 龙翼, 黎嘉成, 王莹燕, 王子芳(251)
前期干旱天数对生物滞留系统除氮性能的影响	陈焱, 李欣芮, 郑爽, 刘臻, 余雪花, 程启洪(263)
浒苔生物炭对雨水径流中氨氮的吸附特性及吸附机制	陈友媛, 李培强, 李闲驰, 孙萍, 赵新月, 李洁, 李晋, 辛至然(274)
填料对潮汐流人工湿地中 CANON 作用强化的影响	刘冰, 郑煜铭, 秦会安, 古励(283)
FeMnNi-LDHs 对水中 As(Ⅲ) 的吸附性能与机制	廖玉梅, 余杰, 魏世强, 蒋珍茂(293)
硝酸钙添加和铅改性膨润土覆盖联用控制底泥中磷释放的效果及机制	张宏华, 林建伟, 詹艳慧, 俞阳, 张志斌(305)
某市污水厂抗生素和抗生素抗性基因的分布特征	颜亚玮, 於驰晟, 李菲菲, 姚鹏城, 刘宏远(315)
不同污泥在微波预处理-厌氧消化过程中抗性基因分布及菌群结构演替	李慧莉, 武彩云, 唐安平, 佟娟, 魏源送(323)
天然富硒土地划定的富硒阈值	王惠艳, 曾道明, 郭志娟, 成晓梦, 彭敏, 孙跃(333)
融合自然-人为因子改进回归克里格对土壤镉空间分布预测	高中原, 肖荣波, 王鹏, 邓一荣, 戴伟杰, 刘楚藩(343)
南方典型水稻土镉(Cd)累积规律模拟	戴雅婷, 傅开道, 杨阳, 王美娥, 陈卫平(353)
闽西南土壤-水稻系统重金属生物可给性及健康风险	林承奇, 蔡宇豪, 胡恭任, 于瑞莲, 郝春莉, 黄华斌(359)
干湿交替灌溉制度下纳米修复材料对杂交水稻籽粒 Cd 累积及产量的影响	杨茹, 陈馨睿, 张颖, 崔俊义, 武立权, 马友华, 廖江, 何海兵(368)
三元复合调理剂对土壤镉赋存形态和糙米镉累积的调控效应	蒋毅, 刘雅, 辜娇峰, 杨世童, 曾雄, 王轩宁, 周航, 廖柏寒(378)
风化煤组配改良剂结合水分管理对水稻根际土壤与稻米甲基汞含量的影响	郑顺安, 吴泽赢, 杜兆林, 倪润祥, 姚启星(386)
不同施肥措施对水稻土壤微生物拮抗性的影响	郑开凯, 马志远, 孙波, 梁玉婷(394)
氮添加影响下新疆天山雪岭云杉林土壤酶活性及其与环境因子的相关性	张涵, 贡璐, 刘旭, 邵康, 李昕竹, 李蕊希(403)
黄土丘陵区撂荒农田土壤酶活性及酶化学计量变化特征	钟泽坤, 杨改河, 任成杰, 韩新辉(411)
生物炭对土壤酶活性和细菌群落的影响及其作用机制	冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 曾强, 陈楠, 李小龙, 任天宝, 姬小明, 刘国顺(422)
植被恢复对刺萼龙葵根际土壤细菌群落结构与功能的影响	张瑞海, 宋振, 付卫东, 郭玲玲, 高金会, 王然, 王忠辉, 张国良(433)
黄壤稻田土壤微生物量碳氮及水稻品质对生物炭配施氮肥的响应	史登林, 王小利, 刘安凯, 侯再芬, 梁国太(443)
等碳量添加秸秆和生物炭对土壤呼吸及微生物量碳氮的影响	何甜甜, 王静, 符云鹏, 符新妍, 刘天, 李亚坤, 李建华(450)
秸秆与氮肥配比对农田土壤内外源碳释放的影响	孙昭安, 张轩, 胡正江, 王开永, 陈清, 孟凡乔(459)
生物炭与化肥混合对氨挥发和磷固定的影响	杨文娜, 邓正昕, 李娇, 郑杰炳, 王子芳, 高明(467)
氮肥减投条件下膜材料使用对稻田氨挥发排放的影响	俞映惊, 王梦凡, 杨根, 何世颖, 段婧婧, 杨林章, 薛利红(477)
微塑料对斑马鱼胚胎孵化影响及其在幼鱼肠道中的积累	赵佳, 饶本强, 郭秀梅, 高进勇(485)
无人机热红外支持下的城市微尺度热环境模拟	阳少奇, 冯莉, 田慧慧, 刘艳霞(492)
基于人居尺度的中国城市热岛强度时空变化及其驱动因子解析	孙艳伟, 王润, 郭青海, 高超(501)

分层型水库藻类季相演替的细菌种群驱动机制

闫苗苗, 张海涵*, 黄廷林*, 宗容容, 刘凯文, 苗雨甜, 杨尚业, 黄鑫, 王娜

(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: 浮游藻类和水体中的细菌是水生食物网的组成部分, 在淡水生态系统的结构和功能中发挥着关键作用. 然而, 对于水库当中藻类和细菌群落如何互作及其对变化的环境条件的响应研究却较少. 本文以李家河水库为研究对象, 采用 16S rDNA 高通量测序技术和共生网络分析方法, 分析了藻类种群时空演替与细菌群落的生态互作关系. 结果表明, 在藻类群落结构中, 硅藻和绿藻也为全年优势门类, 且在 8 月, 蓝藻取代硅藻成为第二大优势门类, 平均相对丰度为 30.13%. DNA 测序分析表明, 变形菌门、放线菌门和拟杆菌门为全年优势细菌, 其中变形菌门在 7 月达到全年最大相对丰度 71.68%. 酸杆菌门和异常球菌-栖热菌门作为稀有类群, 其相对丰度最大分别为 10.20% 和 5.56%. 共生网络分析表明, 藻类与细菌之间的关系以正相关居多, 表明二者之间的互作关系可能以互利共生为主. *Methylobacter* 作为关键节点, 与小球藻呈显著正相关. 栅藻作为藻类群落中的关键节点, 与甲基杆菌属、*Solitalea* 和红育菌属等多种细菌显著负相关. RDA 分析表明, 藻类和细菌群落的演替受到水温、pH 和电导率的显著调控, 环境因子对藻类和细菌群落变异解释分别为 93.1% 和 90%. 本研究结果将为深水型水源水库生态系统中藻菌互作关系的微生态驱动机制提供科学依据.

关键词: 分层型水库; 藻类; 细菌群落; 高通量 DNA 测序; 共生网络

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)01-0221-13 DOI: 10.13227/j.hjks.202006234

Mechanism of Algal Community Dynamics Driven by the Seasonal Water Bacterial Community in a Stratified Drinking Water Reservoir

YAN Miao-miao, ZHANG Hai-han*, HUANG Ting-lin*, ZONG Rong-rong, LIU Kai-wen, MIAO Yu-tian, YANG Shang-ye, HUANG Xin, WANG Na

(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 crucial components of aquatic food webs, playing critical roles in the structure and function of freshwater ecosystems. However, there are few studies on how the algal and bacterial communities interact and respond to changing environmental conditions in the water reservoirs. Thus, the ecological interaction relationship between the temporal succession of the phytoplankton community and the bacterial community was investigated using 16S rDNA high-throughput sequencing and a co-occurrence network in the Lijiahe Reservoir. The results showed that Bacillariophyta and Chlorophyta were also dominant taxa in the phytoplankton community. In August, Cyanobacteria replaced Bacillariophyta as the second-most dominant taxa, with an average relative abundance of 30.13%. DNA sequencing showed that Proteobacteria, Actinobacteria, and Bacteroidetes dominated throughout the year. Proteobacteria reached a maximum relative abundance of 71.68% in July. Acidobacteria and Deinococcus-Thermus, which were rare taxa, reached maximum relative abundances of 10.20% and 5.56%, respectively. The co-occurrence network showed that the association between algae and bacteria was mainly positive, indicating that the interaction between them may be dominated by mutualism. As a keystone taxa, *Methylobacter* was significantly and positively related to *Chlorella*. *Scenedesmus* was also a keystone taxa and was significantly and negatively correlated with various bacteria, such as *Methylobacter*, *Solitalea*, and *Rhodospirillum rubrum*. An RDA analysis showed that the succession of algal and bacterial communities was significantly regulated by water temperature, pH, and conductivity, and the environmental factors explained 93.1% and 90% of the variation in the algal community and bacterial community, respectively. The results will provide a scientific basis for exploring the micro-ecological driving mechanism of the interaction between algae and bacteria in deep drinking water reservoir ecosystems.

Key words: stratified reservoir; algae; bacterial community; high-throughput DNA sequencing; co-occurrence network

近年来受人类活动的影响, 水体富营养化现象导致藻类大量繁殖从而形成有害藻华 (HABs) 的问题日益严重, 且由于水库和湖泊具有水力停留时间和更新周期长、流速慢以及自净能力低等独特的生态学特征, HABs 在这两种水体中频繁发生^[1,2]. 近年来 HABs 在影响范围、发生频率和强度等方面趋

于严重^[3,4], HABs 的发生使得水体水质恶化, 水生

收稿日期: 2020-06-24; 修订日期: 2020-07-02

基金项目: 国家自然科学基金项目 (51979217, 51978561)

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: yanmm@xauat.edu.cn

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

生态系统遭到破坏,水生生物多样性和稳定性减弱,且蓝藻分泌的藻毒素不仅危害水生生物安全,还能够引发一系列与 HABs 相关的疾病,对人类健康造成严重威胁^[2,5-8]. 因此,全面深入了解藻类演替的关键因素及其动态变化机制,从而制定保护水生生态系统的有效策略,对预防藻类暴发具有重要意义.

HABs 的形成较为复杂,它是由多个不同因素同时作用而非单一因素所造成的灾害事件^[9]. 在过去的研究中,人们普遍认为光照、水温、氮磷营养盐和水动力条件等非生物因素在藻华的形成和消亡过程中起着至关重要的作用^[10-12]. 然而,随着近年来人们研究的不断深入,发现与藻类生长在同一生境中的微生物,如细菌^[13-20]、真菌^[16,21,22]、真核微生物^[23-25]和浮游动物^[26-28]等与藻类关系紧密. 在水生生态系统中,水体微生物,尤其是细菌群落,在藻华生消过程中起到了重要的生态学作用^[8,29,30]. 细菌群落在微食物网结构中扮演着重要角色,不仅能够调节生物地球化学循环,产生刺激藻类生长的必需生物化合物(如脂类和维生素)^[8,31],吸收基本元素^[32],而且还能通过群体感应调节藻菌互作关系^[33],有些细菌还具有杀藻特性^[30,34]. 藻华可以通过物种相互作用或因其导致的水质变化而显著影响微生物群落. Zhang 等^[16]的研究发现,在藻类暴发过程中,水体中细菌和真菌的群落结构均发生显著改变. Su 等^[19]研究了与蓝藻藻华相关的细菌群落的响应机制,发现微囊藻及其产生的微囊藻毒素可能会通过减少其生物多样性来调控细菌群落结构. Shi 等^[17]通过对 16S rRNA 测序技术,研究了细菌在蓝藻藻华长期分解过程中的群落动态和功能变化,结果表明细菌群落组成和功能在蓝藻藻华降解过程中发生显著变化. Shao 等^[35]采用高通量测序技术探索了微囊藻分解过程中附着菌群的群落变化,发现微囊藻藻华的分解显著改变了附着菌群结构的动态. 一些研究还揭示了细胞外碳释放百分比与藻类的特定细胞裂解速率呈正相关^[36,37],这表明浮游植物的裂解物和渗出物是影响细菌生长和群落结构的关键驱动力^[38,39]. 因此,藻类和细菌群落之间确实存在潜在的联系,但目前大多数学者集中于研究藻华期间细菌群落结构的变化,但对于较长周期内,藻类和细菌群落之间的演替特征及相互作用的研究却较少,尤其是在水源水库中更是少见.

鉴于此,本文对陕西省西安市李家河水库中藻类和细菌群落进行了为期 1 a 的跟踪监测,并通过共生网络分析对藻类和细菌群落的互作关系进行解析,旨在揭示水库水体中藻类和细菌群落的演替规律及二者之间的潜在关联. 主要目的为:①探明水库

中藻类群落结构的季相变化特征;②通过高通量测序技术研究细菌群落结构随时间的演替规律;③通过共生网络分析和多元数据统计方法解析藻类和细菌群落之间的复杂联系及影响其群落结构的驱动因素. 本文的研究结果将为水源水库中藻类和细菌群落间的关系提供新的见解,以期为有效地管理水生生态系统、藻华预警以及控藻提供可靠的科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

李家河水库位于陕西省西安市蓝田县,是陕西省西安市居民的重要供水水源地,属典型的峡谷分层型水源水库. 该水库 2015 年建成,供水服役时间较短,但随着水库供水服役时间延长,水库生态系统呈现富营养化趋势^[14,40]. 因此本文选择李家河水库作为研究对象,探究其藻类和细菌群落互作驱动机制可为有效地管理水生生态系统、藻华预警及控藻技术提供可靠的科学依据.

1.2 样品采集及水质参数测定

本次研究的采样点为塔前断面(33°59'34"N; 109°23'55"E),该点位于李家河水库主库区内. 采样工作于 2018 年 10 月到 2019 年 10 月期间每月进行一次,共采集 12 个月的水样,每月采集水样为 2.0 L,分别用于细菌群落结构、藻密度、叶绿素 a (Chla)、总氮(TN)、硝氮(NO_3^- -N)、氨氮(NH_4^+ -N)、总磷(TP)、溶解性有机碳(DOC)以及铁(Fe)和锰(Mn)的测定,而水温(T)、溶解氧(DO)、pH、浊度(turbidity, Tur)和电导率(conductivity, Cond)则采用多参数水质分析仪(HACH Hydro-Lab DS-5, 美国)进行原位在线测定. 关于各水质指标的测定方法在文献[14]中已有详细描述.

1.3 细菌群落结构分析

1.3.1 总 DNA 的提取

在超净工作台将 500 mL 水样用预先灭过菌的 0.22 μm 滤膜进行过滤,过滤后将包含微生物的滤膜剪碎并保存至 -20℃ 冰箱直至总 DNA 的提取. 采用 CTAB/SDS 方法对总 DNA 进行提取,使用 DNA 提取试剂盒(Water DNA Kit, Omega, 美国)根据说明书进行提取并纯化,并采用 2% 琼脂糖凝胶电泳对抽提的总 DNA 进行检测.

1.3.2 高通量测序

16S rRNA 基因测序的细菌特异性引物为 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'),扩增该基因的高变区 V3-V4 区域^[17]. 使用 PCR 仪(ABI GeneAmp® 9700, CA, 美国)对细菌的 DNA 测序样品进行扩增.

PCR 反应混合物为 20 μL , 分别由 0.8 μL 浓度为 5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的正向和反向引物、4 μL 的 5 倍缓冲溶液、2 μL dNTPs (浓度为 2.5 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$)、0.2 μL BSA、0.4 μL 快速 Pfu DNA 聚合酶、模板 DNA (10 ng) 及 ddH₂O 组成. 初始变性 (98℃ 下持续 3 min)、复变性 (98℃ 下持续 10 s)、退火 (55℃ 下持续 30 s)、延伸 (72℃ 下持续 45 s) 和再延伸 (72℃ 下持续 10 min) 构成整个热循环过程, 且循环 27 次^[14,16]. Illumina MiSeq PE300 (Illumina, USA) 为测序平台, 主要测序工作在上海美吉生物有限公司进行. 本研究中的所有关于 16S rRNA 基因测序的原始数据均上传至 NCBI-SRA 数据库 (美国国立生物技术信息中心), 其编号为 SRP239070.

1.4 数据处理与分析

使用 SPSS 软件对水质参数进行单因素方差分析 ($P < 0.05$). 高通量测序所得原始数据使用软件 QIIME 2 进行过滤筛选, 并按照 97% 的相似性水平进行 OTU 聚类分析^[25]. 细菌群落的多样性指数使用 MOTHUR 软件计算. 细菌门和属水平的群落结构分别使用 Circos 软件和 R 软件进行绘制^[41]. 使用

Cytoscape 软件对藻类和细菌群落进行共生网络分析, 其中参数设置为 $P < 0.05$, $|R| > 0.8$ ^[42]. 藻类和细菌群落与环境因子的关系使用 CANOCO 4.5 软件进行 RDA 分析. 数据分析中关于季节划分采用平均气温法^[43].

2 结果与讨论

2.1 水质指标分析

研究期间李家河水库各水质指标参数如表 1 所示, 可看出, 各水质参数在全年呈现显著差异. TN 和 NO₃⁻-N 浓度在春夏季整体偏高于秋冬季, 二者浓度最大值均出现在夏末 (9 月), 分别为 (3.87 ± 0.00) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 (3.30 ± 0.01) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$. NH₄⁺-N 浓度在春季至夏初 (3 ~ 6 月) 低于秋冬季, 6 月之后, NH₄⁺-N 浓度逐渐升高, 并在夏末 (9 月) 迅速增大至全年最高水平 (0.23 ± 0.01) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 超过秋初 (10 月) 的最大浓度值 (0.13 ± 0.03) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 此外, TP、DOC 和浊度的值也在 9 月达到全年最大, 分别为 (0.09 ± 0.00) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 、(4.97 ± 0.41) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 (49.30 ± 0.06) NTU. 这些水质指标在 9 月期间显

表 1 李家河水库 2018 年 10 至 2019 年 9 月期间水质参数变化特征¹⁾

Table 1 Variation of the water qualities in the Lijiahe Reservoir from October 2018 to September 2019							
月份	$T/^\circ\text{C}$	DO $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	Tur $/\text{NTU}$	Cond $/\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$	pH	DOC $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	TN $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$
10	18.20 ± 0.10	8.50 ± 0.10	7.30 ± 0.06	242.67 ± 2.52	7.52 ± 0.02	2.57 ± 0.09	2.22 ± 0.04
11	14.36 ± 0.21	8.86 ± 0.11	4.60 ± 0.07	246.67 ± 2.52	7.70 ± 0.03	2.92 ± 0.07	2.35 ± 0.01
12	9.16 ± 0.24	12.28 ± 0.18	6.55 ± 0.00	249.33 ± 2.08	8.15 ± 0.04	3.12 ± 0.30	2.45 ± 0.03
1	5.08 ± 0.26	12.10 ± 0.21	8.13 ± 0.00	253.33 ± 2.08	8.16 ± 0.04	3.55 ± 1.33	2.55 ± 0.09
2	2.98 ± 0.07	15.05 ± 0.18	4.50 ± 0.00	260.33 ± 0.58	7.96 ± 0.05	2.34 ± 0.20	2.32 ± 0.09
3	5.10 ± 0.06	15.39 ± 0.22	9.60 ± 0.06	269.00 ± 1.00	7.91 ± 0.04	2.84 ± 0.50	2.38 ± 0.03
4	15.39 ± 0.06	13.19 ± 0.25	4.00 ± 0.07	274.33 ± 0.58	9.30 ± 0.03	1.59 ± 0.14	2.47 ± 0.01
5	17.21 ± 0.07	11.26 ± 0.22	2.60 ± 0.14	260.00 ± 1.00	8.82 ± 0.02	3.37 ± 0.11	3.16 ± 0.06
6	21.38 ± 0.20	10.02 ± 0.61	3.90 ± 0.12	272.33 ± 4.16	8.92 ± 0.05	2.60 ± 0.39	2.22 ± 0.10
7	23.68 ± 0.16	11.97 ± 0.53	2.50 ± 0.07	228.33 ± 1.15	9.65 ± 0.08	3.91 ± 0.30	3.03 ± 0.03
8	21.70 ± 0.16	9.82 ± 0.73	11.70 ± 0.07	267.33 ± 1.15	9.33 ± 0.07	3.90 ± 0.21	3.15 ± 0.03
9	16.73 ± 0.16	8.98 ± 0.94	49.30 ± 0.06	216.33 ± 2.08	7.61 ± 0.05	4.97 ± 0.41	3.87 ± 0.00
One-Way ANOVA *** *** *** *** *** *** ***							
月份	NO ₃ ⁻ -N $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	NH ₄ ⁺ -N $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	TP $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	Fe $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	Mn $/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	藻密度 × 10 ⁴ $/\text{cells}\cdot\text{L}^{-1}$	Chla $/\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$
10	2.04 ± 0.02	0.13 ± 0.03	0.05 ± 0.00	0.01 ± 0.00	0.01 ± 0.00	461.67 ± 14	5.21
11	2.06 ± 0.01	0.04 ± 0.00	0.05 ± 0.00	0.00 ± 0.00	0.01 ± 0.00	453.33 ± 16	5.56
12	2.17 ± 0.01	0.04 ± 0.00	0.04 ± 0.00	0.01 ± 0.00	0.01 ± 0.00	321.67 ± 5	4.61
1	2.26 ± 0.00	0.06 ± 0.01	0.03 ± 0.00	0.01 ± 0.00	0.00 ± 0.00	259.17 ± 11	3.81
2	2.20 ± 0.02	0.07 ± 0.01	0.02 ± 0.00	0.07 ± 0.00	0.01 ± 0.00	615.83 ± 27	7.31
3	2.23 ± 0.01	0.04 ± 0.01	0.02 ± 0.00	0.05 ± 0.00	0.05 ± 0.00	392.50 ± 13	4.65
4	2.05 ± 0.00	0.02 ± 0.00	0.02 ± 0.00	0.02 ± 0.00	0.02 ± 0.00	575.83 ± 22	7.79
5	2.47 ± 0.03	0.03 ± 0.00	0.04 ± 0.00	0.04 ± 0.00	0.02 ± 0.00	495.00 ± 20	7.53
6	1.73 ± 0.06	0.03 ± 0.01	0.02 ± 0.00	0.04 ± 0.00	0.01 ± 0.00	1 511.67 ± 60	12.51
7	2.44 ± 0.01	0.06 ± 0.01	0.03 ± 0.00	0.00 ± 0.00	0.00 ± 0.00	1 346.67 ± 54	11.87
8	2.23 ± 0.00	0.05 ± 0.01	0.03 ± 0.00	0.08 ± 0.00	0.02 ± 0.00	528.00 ± 20	7.29
9	3.30 ± 0.01	0.23 ± 0.01	0.09 ± 0.00	0.01 ± 0.00	0.00 ± 0.00	260.00 ± 10	3.61
One-Way ANOVA *** *** *** *** *** *** ***							

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

著增大,主要是由于李家河水库在 2019 年 9 月 15 日有径流输入,而径流一方面本身会携带一些污染物进入水库,另一方面也会将水库周围的泥沙冲刷到水库中,故水库中这些水质指标的动态变化很大程度上与径流输入密切相关^[44],这也可以从 9 月浊度显著升高的趋势中看出. Fe 和 Mn 的全年最大值分别出现在 8 月和 3 月,值为 $(0.08 \pm 0.00) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $(0.05 \pm 0.00) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. 对于物理指标, T 、DO 和 pH 值整体也呈现春夏高于秋冬季节的趋势,但在 9 月受暴雨径流的影响,其值均有所下降. 此外,从 T 的变化趋势也可以看出,李家河水库在 2018 年 10 月至 2019 年 2 月期间水体处于持续混合状态,故在此期间 T 不断下降,此后,温度开始回升并逐渐升高,表明水库从持续混合期逐渐开始进入热分层期. 在 7 月底,李家河水库扬水曝气开始运行,受扬水曝气强制混合水体的影响,8 月温度较 7 月相比稍有降低.

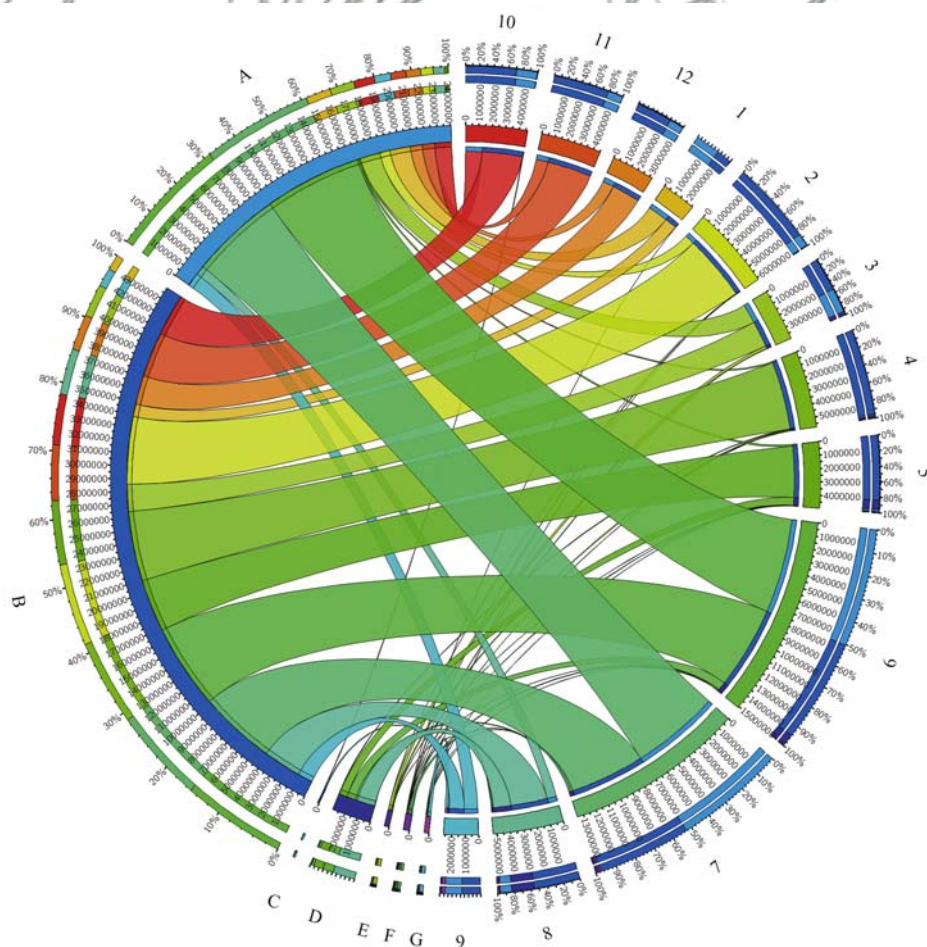
在时间分布上,李家河水库全年藻密度和 Chla 总体呈现夏初大于秋冬季节的趋势(表 1). 藻密度和 Chla 的峰值均出现在夏初 6 月,其中藻密度为

$1.512 \times 10^4 \text{ cells} \cdot \text{L}^{-1}$ ($P < 0.01$), Chla 为 $12.51 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$ ($P < 0.01$). 而在夏季 8 ~ 9 月,藻密度和 Chla 显著降低,下降幅度分别为 $818.67 \times 10^4 \text{ cells} \cdot \text{L}^{-1}$ ($P < 0.001$) 和 $4.58 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$ ($P < 0.001$). 由于李家河水库在 2019 年期间 7 月底开始运行扬水曝气系统,这使得水库上下水体发生强制混合,藻类的生长因此受到显著影响,大部分藻类在水体混合过程中因无法适应周围环境的剧烈变化而逐渐衰亡^[45],故藻密度和 Chla 值在 8 ~ 9 月较之前相比大幅度降低. 而在秋冬季节藻密度和 Chla 较低,除了低温对藻类的影响外,另一方面也与秋冬季节水库处于自然混合期有关.

2.2 藻类季相演替特征

2.2.1 藻类门水平群落结构特征

李家河水库全年藻类门水平的群落结构变化采用 Circos 对其进行分析,如图 1 所示. 在研究期间,李家河水库共检出浮游藻类 7 门 39 属,其中硅藻 12 属、绿藻 14 属、蓝藻 7 属、甲藻和裸藻各 2 属,而隐藻和金藻各 1 属. 在全年,浮游藻类群落结构主要由硅藻和绿藻组成,其相对丰度之和在 82.42% ~



字母 A ~ G 分别表示硅藻、绿藻、隐藻、蓝藻、甲藻、裸藻和金藻,数字表示月份,分别为 2018 年 10 月至 2019 年 9 月

图 1 李家河水库浮游藻类群落结构 Circos 分析(门水平)

Fig. 1 Circos representation of the phytoplankton community at the phylum level in the Lijiahe Reservoir

100% 范围内波动(除 8 月外). 但在 8 月, 蓝藻开始大量繁殖, 并取代硅藻成为仅次于绿藻的第二大优势藻类, 相对丰度达 26.99%. 蓝藻之所以能在 8 月藻类群落结构中占优势并取代硅藻的位置, 与其自身所具有的浮力调节机制有关. 当水体中的营养盐含量丰富且水温适宜(高于 20℃)时, 光便成了共栖藻类竞争的主要甚至是唯一的有限资源, 故藻类的垂直分布对其竞争光照资源至关重要, 占据绝佳的垂直位置将有助于竞争藻类吸收足够的光线, 而此时蓝藻所具有的能够通过改变自身细胞密度从而实现任意调节其本身在水体中所处的位置的能力, 使其在与其他藻类在竞争有限光照资源中占有一定优势^[1]. 此外, 李家河水库硅藻和绿藻在全年的动态变化均呈现双峰型波动的演替模式, 不同在于二者所达峰值的时间并不同步. 其中, 硅藻在全年的相对丰度分别于冬季 1 月和夏季 7 月达到峰值, 分别为 61.74% 和 52.97%, 而绿藻在全年的相对丰度则分别于冬季 2 月和春季 4 月达到最大, 分别为 86.06% 和 95.40%. 并且, 1 月和 4 月不仅分别是硅藻和绿藻各自达到相对丰度全年最大值的时间, 也是绿藻和硅藻各自达到全年最小值的时间.

2.2.2 藻类属水平群落结构特征

李家河水库全年藻类属水平的群落结构变化采用热图来进行表征. 由图 2 可知, 小球藻(绿藻门)和小环藻(硅藻门)为李家河水库的全年优势藻属. 除 2019 年 5~8 月外, 其余时间小球藻和小环藻的相对丰度之和的平均值达 91.09%. 其中小球藻和小环藻的最大值分别出现在春季 4 月和冬季 1 月, 值分别为 87.12% 和 58.20%. 在时间分布上, 小球藻和小环藻的相对丰度在全年均呈现春夏整体低于秋冬季节的变化趋势, 但在扬水曝气运行以后, 小球藻和小环藻与之前相比具有明显升高趋势. 对于小球藻, 其属于单细胞藻类, 繁殖速度较快, 且对低温等恶劣条件的生长适应性强^[1,3,46], 故在相同生境条件下, 受秋冬季节低温或扬水曝气运行扰动等条件的影响, 小球藻在藻类群落结构中的生长优势逐渐显现. 此外, 有研究表明, 人工诱导混合过程对藻类群落具有不同的影响, 水体混合强度较低时有利于蓝藻的生长, 而增加水体混合强度后, 硅藻和绿藻的生长受到促进^[47].

此外, 李家河水库中还有针杆藻、栅藻、颤藻、湖丝藻和金杯藻等只在固定时间大量繁殖的优势藻属. 针杆藻在 2019 年 6 月~7 月期间大量繁殖, 其在藻类群落结构中的占比大幅度增加, 分别为 43.99% 和 48.02%. 杨毓等^[48]在研究金盆水库藻形态功能组的季节演替规律时, 在较为常见的藻类形

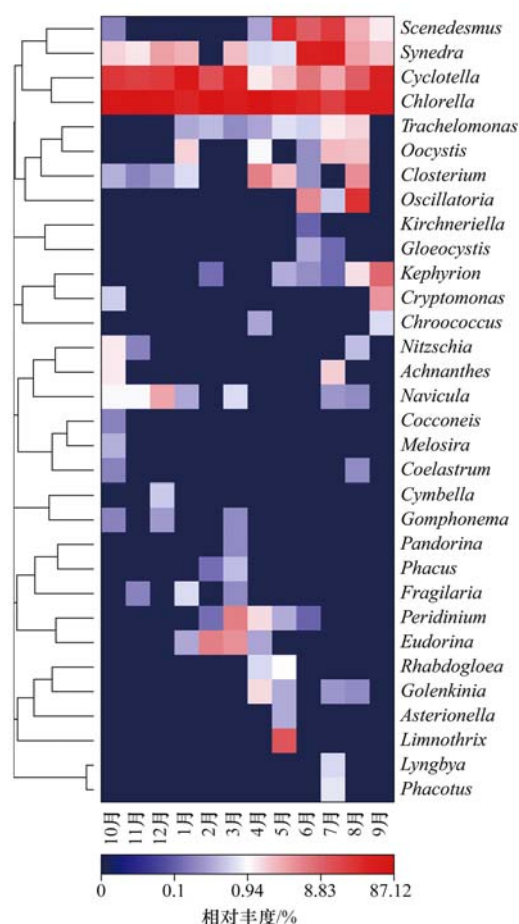


图2 李家河水库浮游藻类群落结构热图分析(属水平)

Fig. 2 Heat map showing the phytoplankton classified at the genus level in the Lijiahe Reservoir

态功能组 VI 中也检测到了针杆藻, 该藻与功能组 VI 中其他藻类在藻类群落中的占比达 85.67%. Yang 等^[49]在研究四明湖水水库浮游藻类群落结构的时间演替规律时也发现了针杆藻, 不同的是, 在该水库针杆藻的数量在 8~9 月期间显著增多, 相对丰度达 36%, 并发现藻类的这种演替规律受种间相互作用的影响显著. 栅藻在 5 月和 7 月的相对丰度达到全年最大, 分别为 31.99% 和 21.53%. 而颤藻和湖丝藻作为蓝藻, 其相对丰度分别于 8 月和 5 月达到最大值, 分别为 26.99% 和 11.45%. 对于金杯藻, 其在 9 月相对丰度达 8.33%. 李家河水库的藻类群落结构随时间呈现显著动态变化特征, 对环境改变响应及时.

2.3 细菌群落结构季相分布特征

2.3.1 多样性指数分析

对李家河水库细菌样品测序后, 共获得 97% 相似水平及以上的 OTUs 有 7496 个(表 2). 从所有样品的细菌群落 99% 覆盖率可看出, 测序已达到较高深度. OTU 的最大值出现于秋初 10 月, 值为 968, 而在春末 5 月时, OTU 数达到全年最小值 365. 此外, 秋冬季节的 OTU 值整体高于春夏季节. Zhang 等^[50]

采用高通量测序技术对水源水库热分层时期细菌群落的垂向分布进行研究,发现 OTUs 的最高值 476 和最低值 346 分别出现在垂向 5 m 和 0.5 m. 从表 2 中可看出,ACE、Chao1、Shannon 和 Simpson 指数在全年呈现显著的动态变化特征. ACE 和 Chao1 丰富度指数在春夏整体显著低于秋冬季节,这两个指数的最小值均在夏初 6 月出现,分别为 440 和 434,且最大值 1 190 和 1 194 均出现于秋初 10 月,表明李家河水库在秋冬季节的细菌群落丰富度比夏秋季节高. 此外,还发现每月对应的细菌群落 OTUs 值均低于 Chao1 丰富度指数,说明在李家河水库中存在许多未知细菌序列^[51]. Shannon 指数的最大值和 Simpson 指数的最小值则分别出现于 1 月和 4 月,分别为 4.53 和 0.026,表明李家河水库细菌群落在 1 月和 4 月时多样性达到最高,且 Shannon 指数在全年整体也呈现秋冬高于春夏季节的趋势,而 Simpson

指数则刚好与之相反,表明在春夏季节的李家河水库细菌群落多样性低于秋冬季节.

2.3.2 细菌群落结构组成分析

李家河水库全年门水平的细菌群落结构如图 3 所示,细菌群落结构组成及生物多样性随时间呈现显著差异,且具有多样化趋势. 在研究期间,共检出 17 个细菌门类,有变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻门(Cyanobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、异常球菌-栖热菌门(Deinococcus-Thermus)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、浮霉菌门(Planctomycetes)、厚壁菌门(Firmicutes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、Patescibacteria、装甲菌门(Armatimonadetes)、纤维杆菌门(Fibrobacteres)、Margulisbacteria 和 Dependientiae.

表 2 李家河水库 2018 年 10 月至 2019 年 9 月期间细菌群落多样性指数分析¹⁾

Table 2 Analysis of the bacterial community diversity index in the Lijiahe Reservoir from October 2018 to September 2019						
月份	OTUs	97% 相似度水平				
		ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数 (H')	Simpson 指数 (D)	覆盖率/%
10	968	1 190 (1 140, 1 254)	1 194 (1 132, 1 280)	4.35 (4.33, 4.37)	0.055 (0.053, 0.056)	99
11	738	902 (860, 959)	856 (818, 910)	4.26 (4.24, 4.28)	0.039 (0.038, 0.040)	99
12	861	1 024 (984, 1 075)	965 (933, 1 010)	4.35 (4.33, 4.38)	0.038 (0.037, 0.039)	99
1	906	1 017 (989, 1 057)	987 (960, 1 026)	4.53 (4.51, 4.55)	0.028 (0.027, 0.028)	99
2	516	768 (702, 858)	741 (670, 845)	3.85 (3.84, 3.86)	0.039 (0.039, 0.040)	99
3	470	967 (878, 1 076)	739 (653, 864)	3.86 (3.84, 3.87)	0.041 (0.041, 0.042)	99
4	557	977 (901, 1 069)	801 (724, 913)	4.24 (4.23, 4.26)	0.026 (0.025, 0.026)	99
5	365	551 (506, 612)	487 (438, 568)	2.87 (2.85, 2.89)	0.201 (0.198, 0.205)	99
6	372	440 (415, 478)	434 (407, 482)	3.38 (3.36, 3.39)	0.098 (0.096, 0.099)	99
7	371	443 (416, 484)	472 (428, 551)	2.91 (2.89, 2.93)	0.186 (0.183, 0.189)	99
8	687	851 (807, 912)	852 (797, 934)	4.52 (4.51, 4.53)	0.029 (0.029, 0.030)	99
9	685	877 (828, 943)	882 (821, 971)	4.19 (4.17, 4.20)	0.038 (0.037, 0.038)	99

1) 括号外表示平均值,括号内分别表示最小值和最大值

全年优势细菌有变形菌门、放线菌门、蓝藻门和拟杆菌门. 变形菌门在全年的相对丰度均高于 10%, 在 7 月达到最大值 71.68%, 与此同时, 针杆藻的相对丰度也同步达到全年最大, 表明变形菌门和针杆藻可能存在互利共生的关系. 对于放线菌门, 其相对丰度除在夏季 6~7 月期间较低外, 其余时间的相对丰度在 28.15%~46.64% 范围内波动. 而蓝藻门在 5 月成为绝对优势物种, 其相对丰度达到全年最大值 59.20%. 在分析藻类群落时也出现了蓝藻, 但其动态变化趋势与细菌群落中监测到的蓝藻有所差异, 这主要与所参照的群体不同有关, 本文主要将蓝藻作为藻类进行分析, 故在此不做详细讨论. 与变形菌门和放线菌门对比, 拟杆菌门在细菌群落中的比例偏低, 其相对丰度在冬末 2 月达到最大值 28.05%, 而最小值 3.63% 则出现于夏初 6 月. 作为稀有类群, 酸杆菌门为 12 月和 1 月的优势菌, 而异

常球菌-栖热菌门则只在 9 月占优, 且酸杆菌门和异常球菌-栖热菌门的相对丰度最大值分别为 10.20% (12 月) 和 5.56% (9 月). 此外, 疣微菌门、浮霉菌门、厚壁菌门、硝化螺旋菌门和绿弯菌门也为稀有细菌类群, 但其在全年的平均相对丰度却不足 5%, 其在全年的最大相对丰度依次为 4.16%、2.74%、2.29%、1.54% 和 1.33%, 且厚壁菌门、硝化螺旋菌门和绿弯菌门的最大值均出现于 12 月. Xu 等^[52] 在研究水库生态系统中细菌群落的季节性动态变化及其与蓝藻群落的相关性时, 发现细菌群落呈现显著时空变化特征, 且在春夏季节, 放线菌门、变形菌门、拟杆菌门和绿菌门这些异养细菌与蓝藻的优势类群聚球菌呈正相关, 表明聚球菌的增殖可能对这些特异性类群的生长产生促进作用. Parulekar 等^[53] 使用 16S rRNA 基因测序技术研究了挪威南部富营养化湖泊中与藻华相关的细菌群落的动态变化特征, 发

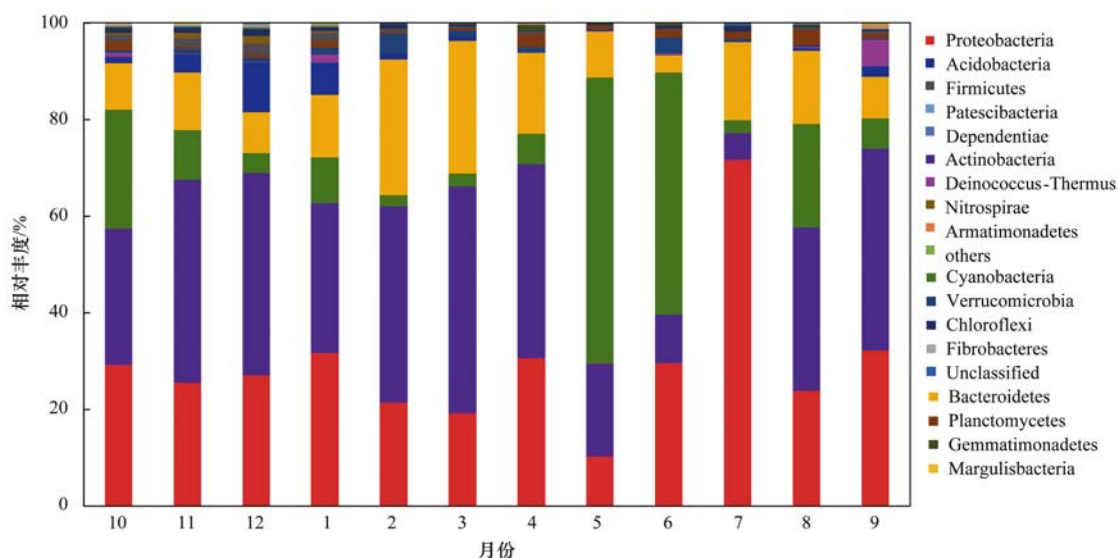


图3 李家河水库 2018 年 10 至 2019 年 9 月期间细菌群落结构组成(门水平)

Fig. 3 Bacterial community compositions at the phylum level in the Lijiahe Reservoir from October 2018 to September 2019

现细菌群落以变形菌门、拟杆菌门、蓝藻门、放线菌门和疣微菌门为主,且其丰度在采样期间差异显著. Zhou 等^[54]的研究发现,藻华暴发初期细菌群落以 γ -变形菌门和拟杆菌门为主,而在藻华暴发开始至结束, α -变形菌门、蓝藻门和放线菌门在细菌群落中占比最为丰富.

对相对丰度位于前 60 的具有代表性的细菌属水平的物种进行分析,如图 4 所示. 李家河水库属水平的细菌群落随时间呈现显著差异,但生物多样性较门水平物种更丰富. *Limnohabitans* 为全年优势菌属,其相对丰度值在 6 月、7 月和 9 月不足 1%,其余时间均大于 7%,且在 10 月达到全年最大值

19.32%. Chen 等^[55]在研究珠江三角洲表层微生物群落结构的变化时也检测到了 *Limnohabitans*,且发现其与水体中的污染物质全氟烷基酸呈显著正相关. 红育菌属 (*Rhodoferrax*)、甲基孢囊菌属 (*Methylocystis*) 和 *Sediminibacterium* 在秋冬的相对丰度显著高于春夏季节,并分别于 11 月、1 月和 3 月达到全年最大值 14.07%、22.18% 和 27.71%. 而 *Levinella* 作为稀有菌属只在夏季出现,且在 7 月达到全年最大值 13.22%. 不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 虽在全年均有发现,但只在 7 月和 9 月期间大量繁殖并占优,其相对丰度分别为 50.85% 和 18.99%. 此外,不动杆菌属和针杆藻属在 7 月同步达到全年

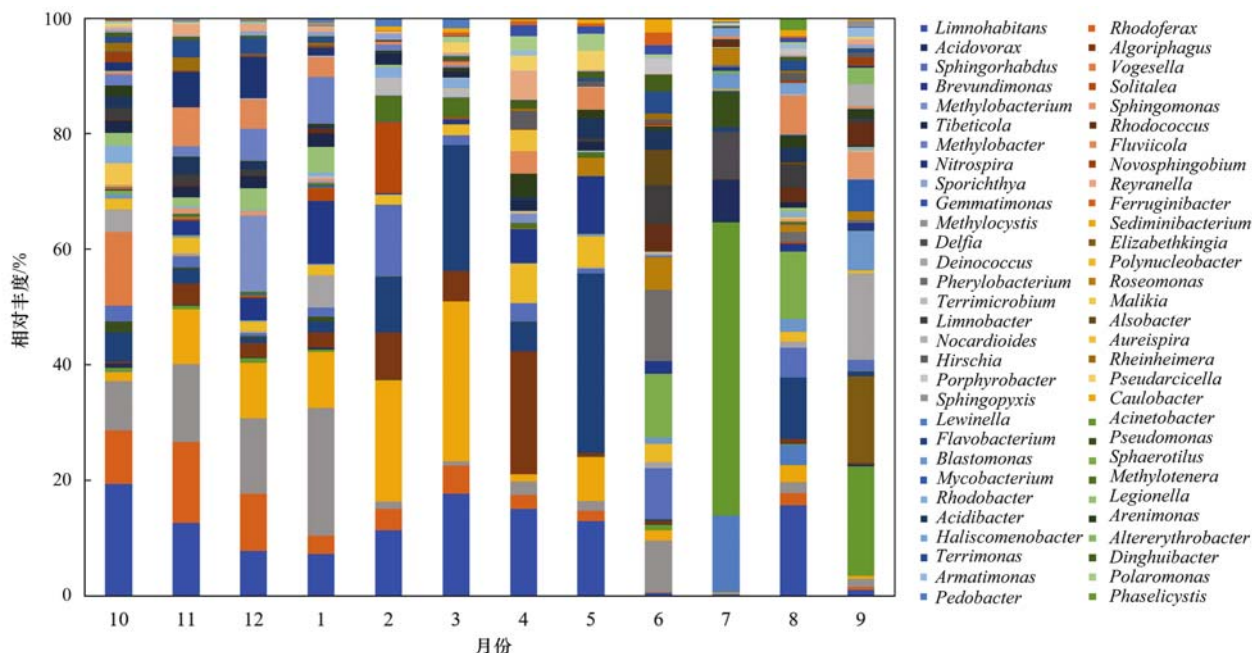


图4 李家河水库 2018 年 10 至 2019 年 9 月期间细菌群落结构组成(属水平)

Fig. 4 Bacterial community compositions at the genus level in the Lijiahe Reservoir from October 2018 to September 2019

最大值,表明二者可能存在互利共生的关系. Zhang 等^[16]的研究发现,在藻类暴发期,不动杆菌属、*Limnobacter*、玫瑰单胞菌属(*Roseomonas*)、聚球菌属和 *Sphingobium* 为细菌群落的主要优势菌属,且在藻华形成的全过程中,水体中的细菌群落组成发生了显著变化.

Algoriphagus 的最大相对丰度为 21.26% (4 月),为 2 ~ 4 月期间的优势菌属. 黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 在 3 月和 5 月的相对丰度较大,其相对丰度在 3 月为 21.83%,是该月仅次于 *Sediminibacterium* 的第二大优势菌属,而在 4 月,黄杆菌属的相对丰度达到全年最大值 31.13%,成为该月相对丰度值最大的绝对优势菌属. Bižić-Ionescu 等^[56]研究了德国的一个贫营养湖泊蓝藻藻华衰亡过程中异养细菌突然大规模增殖的动态变化时也发现了丰度较高的黄杆菌属,结果表明,在冬季,湖表面结冰使得蓝藻生长受到影响,而在蓝藻藻华衰亡过程中,藻类的分解促进了细菌的繁殖. Liu 等^[57]的研究还发现玫瑰杆菌属 (*Roseobacter*) 和黄杆菌属为藻华暴发时期的优势类群,而在藻华衰退时期,玫瑰杆菌属则为唯一占比较为丰富的类群. 此外,代尔夫特菌属 (*Delftia*)、*Elizabethkingia*、*Vogesella*、*Solitalea*、苯基杆菌属 (*Phenylobacterium*) 和甲基杆菌属 (*Methylobacterium*) 作为稀有菌属,只在特定时间占优,其最大相对丰度分别为 8.21% (7 月)、14.97% (9 月)、12.73% (10 月)、12.35% (2 月)、12.32% (6 月) 和 13.19% (12 月). 而假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、*Polynucleobacter*、芽单胞菌属 (*Blastomonas*)、玫瑰单胞菌属、分枝杆菌属 (*Mycobacterium*)、*Limnobacter* 和 *Alsobacter* 全年相对丰度则偏低,其最大相对丰度分别为 6.21%、6.72%、6.78%、5.72%、5.43%、6.79% 和 6.07%,其中玫瑰单胞菌属、*Limnobacter* 和 *Alsobacter* 均为 6 月的稀有优势菌属,而 *Blastomonas* 和分枝杆菌属为 9 月的稀有优势菌属,假单胞菌属和 *Polynucleobacter* 分别在 7 月和 4 月占优. *Sphingorhabdus* 在 2 月、6 月和 8 月占优,相对丰度分别为 12.46%、8.79% 和 5.14%. *Deinococcus* 则只在 1 月和 9 月占优,相对丰度最大为 14.95% (9 月). 球衣菌属 (*Sphaerotilus*) 和短波单胞菌属 (*Brevundimonas*) 的最大相对丰度分别为 11.76% (8 月) 和 10.87% (1 月),其中球衣菌属为 6 月和 8 月的优势稀有菌属,短波单胞菌属为 1 月、4 月和 5 月的优势稀有菌属. 此外 *Methylobacter*、*Fluviicola* 和硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 作为稀有菌属,其相对丰度最大值分别为 8.12%、6.69% 和 7.16%,*Methylobacter* 为 12 月和 1 月的优

势菌属,*Fluviicola* 为 11 月和 8 月的优势菌属,硝化螺菌属为 11 月和 12 月的优势菌属.

2.4 基于共生网络分析藻类与水体细菌的互作机制

对李家河水库全年藻类同细菌的互作关系进行共生网络分析,关于该网络结构的具体参数如表 3 所示. 从中可知,李家河藻菌互作的网络结构图由 89 个节点和 406 条连接线构成. 其中,节点表示每个物种,连接线表示不同物种间的相关关系,可看出李家河水库中藻类和细菌联系较为紧密. 此外,平均度表示网络图中每个节点(物种)与其他节点之间联系的紧密程度,该值越大则表明网络图中不同节点间的联系越紧密^[3]. 故从平均度值 9.124 也可进一步说明李家河水库中藻类同细菌之间的关系较紧密.

表 3 李家河水库细菌和藻类群落结构的网络分析参数 ($R=0.8$)

Table 3 Network parameters of the structure of the bacterial and algal communities in the Lijiahe Reservoir ($R=0.8$)

项目	参数	项目	参数
平均度	9.124	连接部件	1
平均加权度	6.529	平均聚类系数	0.442
网络直径	7	平均路径长度	2.755
图密度	0.104	节点	89
模块化	0.383	边	406

在图 5 中,李家河水库藻类和细菌之间的 406 个相关关系中,有 251 个为正相关,155 个负相关. 在细菌群落中,*Methylobacter* 为关键节点,其连接数为 22,与 *Methylobacter* 具有显著正相关的有 9 个物种,其中藻类有小球藻 (*Chlorella*)、空球藻 (*Eudorina*)、多甲藻 (*Peridinium*) 和扁裸藻 (*Phacus*),细菌有噬冷菌属 (*Algoriphagus*)、地杆菌属 (*Pedobacter*) 和黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 等. 而与 *Methylobacter* 具有负相关关系的物种有 13 个且均为细菌,有紫杆菌属 (*Porphyrobacter*)、红球菌属 (*Rhodococcus*)、芽单胞菌属 (*Blastomonas*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 和球衣菌属 (*Sphaerotilus*) 等. 结果表明,*Methylobacter* 不仅与藻类具有互作关系,也与其他细菌具有紧密联系,并且其与藻类的互作关系为相互促进,但与同类则以相互竞争为主. 在藻类群落中,关键节点为栅藻 (*Scenedesmus*),其连接数为 21,与其具有正相关的有 8 个物种,细菌有玫瑰单胞菌属 (*Roseomonas*)、*Phaselicystis* 和芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 等,藻类有金杯藻属 (*Kephyrion*)、多芒藻属 (*Golenkinia*) 和囊裸藻属 (*Trachelomonas*). 而与栅藻呈显著负相关的物种有 13 个,除小环藻 (*Cyclotella*) 外,其余均为细菌,有甲基杆菌属 (*Methylobacter*)、*Solitalea*、红育菌属 (*Rhodoferrax*) 和硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 等. 该结果同样说明,藻类不

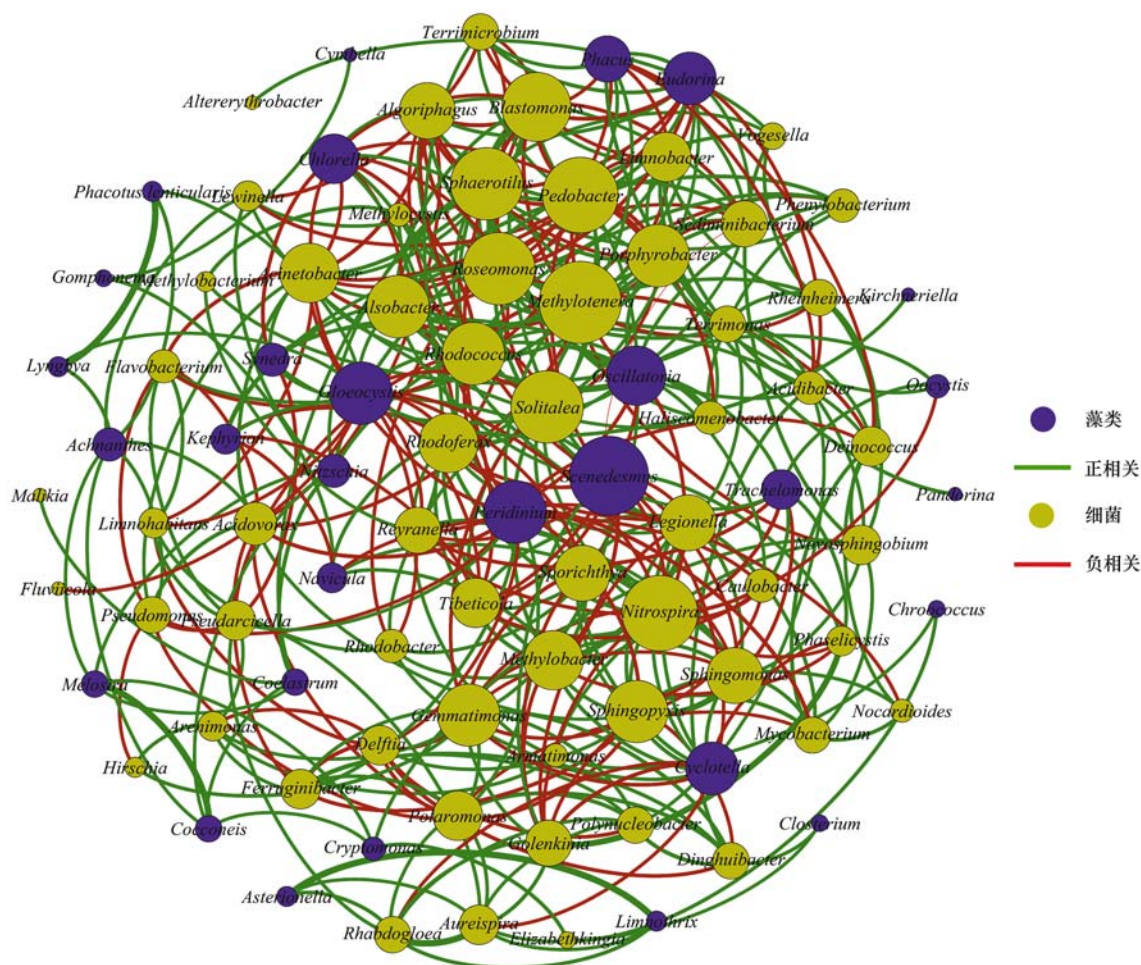


图5 李家河水库 2018 年 10 至 2019 年 9 月细菌与浮游藻类群落共生网络分析

Fig. 5 A co-occurrence network of the bacterial and algal communities in the Lijiahe Reservoir from October 2018 to September 2019

仅与细菌具有互作关系,也与其他藻类具有紧密联系.故浮游藻类同细菌之间的互作关系广泛存在于水环境生态系统中,不仅有种间互作,也存在种内互作. Yang 等^[49]研究了亚热带水库中浮游藻类群落的时间变化规律,定量分析了外部和内部因素对藻类群落动态的影响,发现藻类群落结构不仅受到来自周围环境改变所引起的外部因素的影响,也受到基于不同藻类之间的种间相互作用的内部因素的影响.

在李家河水库中,藻类群落中的优势藻属与不同细菌具有显著相关关系.小球藻与红育菌属和 *Algoriphagus* 显著正相关 ($P < 0.01$),但同红球菌属 (*Rhodococcus*) 显著负相关 ($P < 0.01$).小环藻 (*Cyclotella*) 与鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*)、*Sphingopyxis*、游鱼孢菌属 (*Sporichthya*) 和甲基杆菌属 (*Methylobacter*) 显著正相关 ($P < 0.01$),但同芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 和 *Phaselicystis* 显著负相关 ($P < 0.01$).针杆藻 (*Synedra*) 与红球菌属和不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 显著正相关 ($P < 0.01$),但与 *Pseudarcicella* 显著负相关 ($P < 0.01$).对于颤藻

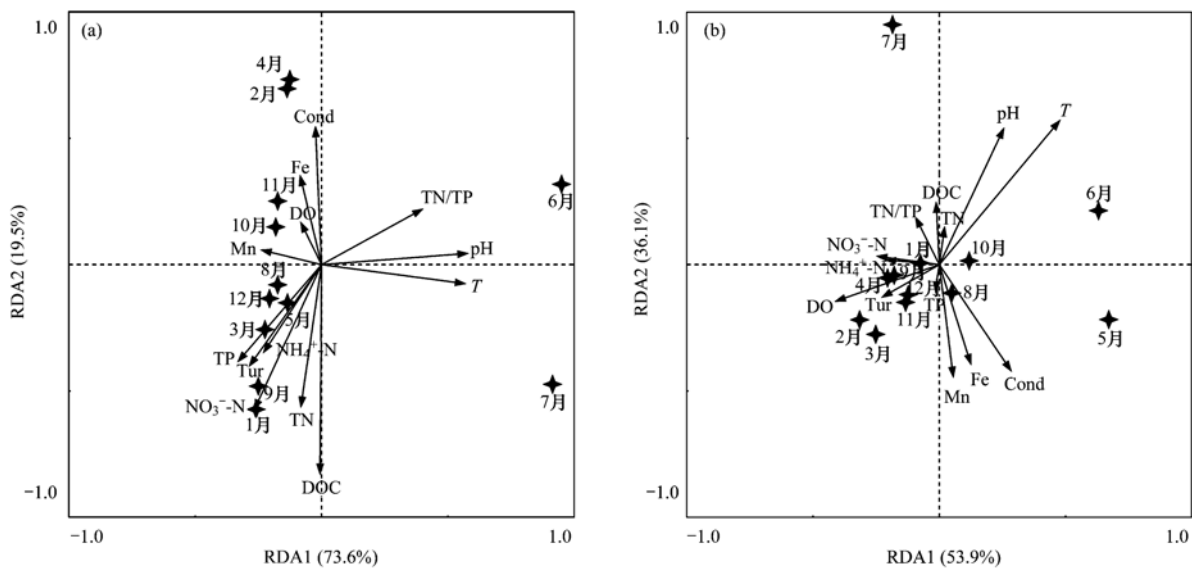
(*Oscillatoria*),其只与 *Reyranella* 和硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 呈显著负相关 ($P < 0.01$),但与 *Alsobacter*、紫杆菌属 (*Porphyrobacter*)、束縛杆菌属 (*Halscomenobacter*)、球衣菌属 (*Sphaerotilus*) 和苯基杆菌属 (*Phenylobacterium*) 均呈正相关 ($P < 0.01$).湖丝藻 (*Limnithrix*) 只与 *Aureispira* 呈显著正相关 ($P < 0.01$).而金杯藻 (*Kephyrion*) 则与 *Alsobacter* 呈显著正相关 ($P < 0.01$),而与红育菌属呈显著负相关 ($P < 0.01$).以上结果表明,在李家河水库中,不同的优势藻与其呈显著相关的细菌具有显著差异,优势藻属与细菌群落间的关系复杂多样.最近, Liu 等^[41]利用实时荧光定量 PCR 和 16S rRNA 高通量测序技术研究了亚热带分层水库中,自由生活和附着在颗粒上的细菌群落对微囊藻藻华的响应机制,研究发现藻华发生后,细菌群落表现出趋于附着颗粒生长方式的演替特征,且优势和稀有菌属在深度和时间上呈现出截然不同的变化趋势. Xue 等^[23]使用了 18S rDNA 测序技术探究了在一个亚热带水库蓝藻藻华过程中,优势和稀有真核浮游生物的共现模式,并发现藻华的暴发显著改变了真核浮游生物

群落结构组成和稀有浮游生物多样性,但对优势浮游生物的多样性却无任何影响。

2.5 藻类与细菌群落同水质的偶联关系分析

RDA 分析表明,李家河水库全年的藻类和细菌群落结构受不同水质因子的影响显著,所选水质因子均能较为全面地解释藻类和细菌群落结构的演替,对藻类和细菌群落变异的解释率分别为 93.1% 和 90% (图 6)。其中,藻类群落结构的变化受到 DOC、 NO_3^- -N、pH、水温和电导率的显著影响,并且 DOC 和 NO_3^- -N 的影响最为显著。而对于细菌而言,水温、pH 和电导率是影响其群落演替的驱动因素。该结果表明,各水质因子均显著影响藻类和细菌群落的演替,其中水温、pH 和电导率是决定浮游藻类和细菌群落变异的共有环境因子,而 DOC 和 NO_3^- -N 则是显著影响李家河水库藻类群落演替的特有水质因子。Su 等^[58]对太湖浮游藻类和浮游细菌群落及其与环境因子之间的响应关系进行了为期一年的调

查研究发现,环境因子对藻类和细菌群落演替具有重要影响,水温和氮营养盐是影响细菌群落结构的主要驱动力。并且 Zhang 等^[16]在研究水库藻华全过程中细菌和真菌的群落组成特征及其与环境因子的关系时也观察到类似结论,发现在藻华生消过程中,细菌的群落结构主要受到电导率和氨氮的驱动。Zhu 等^[18]在研究湖泊中细菌群落结构的季节演替与空间分布特征时发现,驱动细菌群落结构组成时空变化的关键环境因子有藻密度、Chla、水温和 TN。Wei 等^[59]的研究发现,DO 和 NO_3^- -N 为黄前水库中驱动细菌群落演替的关键因素。Zhou 等^[60]研究了扬水曝气运行期间水库水体微生物的群落结构变化特征,结果表明,水温、DO、Chla、TOC (总有机碳) 和 TN 是影响水库水体微生物群落变化的关键因素。从以上研究可看出,不同的水生生态系统中的微生物群落结构受到不同环境因素调控,且随时空差异发生显著变化。



(a) 藻类和水质因子的偶联关系分析, (b) 细菌和水质因子的偶联关系分析

图 6 李家河水库藻类和细菌群落同水质因子的冗余分析

Fig. 6 Redundancy analysis of the algal and bacterial communities with the water quality of the Lijiahe Reservoir

3 结论

(1) 李家河水库藻类群落在全年呈现显著季节变化差异。在研究期间,除 8 月外,硅藻和绿藻的相对丰度之和达 80% 以上。在 8 月,蓝藻大量繁殖,相对丰度最大达到 26.99%。小球藻和小环藻为全年优势藻属,针杆藻、栅藻和颤藻等则只在特定时间占优。

(2) 变形菌门、放线菌门和拟杆菌门为全年优势细菌。变形菌门在全年的最大相对丰度达 71.68%,与针杆藻属同步在 7 月达到全年最大值。放线菌门除夏季 6~7 月外,其余时间的相对丰度在

28.15%~46.64% 范围内波动。而拟杆菌门在细菌群落中的占比偏低,于冬末 2 月达到最大值 28.05%。

(3) *Limnohabitans* 为全年优势菌属,在 10 月达到全年最大值 19.32%。红育菌属、甲基孢囊菌属和 *Sediminibacterium* 在秋冬的相对丰度显著高于春夏季节,其最大值分别为 14.07%、22.18% 和 27.71%。不动杆菌属只在 7 月和 9 月大量繁殖,并且其相对丰度在 7 月与针杆藻同步达到全年最大值 50.85%。*Algoriphagus* 和黄杆菌属均于 4 月达到全年最大,其相对丰度分别为 21.26% 和 31.13%。

(4) 网络分析表明,李家河水库中藻类与细菌

关系密切,且其互作关系以正相关居多,在406个相关关系中,251个为正相关,155个为负相关。*Methylothera*和栅藻分别作为细菌和藻类群落中连接藻菌互作网络结构的关键节点,均与两种群落中的不同物种具有显著相关性。

(5)RDA分析表明,在李家河水库中,所选环境因子共解释了93.1%的浮游藻类群落结构变化和90%的细菌群落结构变化。水温、pH和电导率作为驱动因素,均显著影响浮游藻类和细菌群落的演替。浮游藻类的群落结构还受DOC和 NO_3^- -N的显著影响。

参考文献:

- [1] Yu Q, Liu Z W, Chen Y C, *et al.* Modelling the impact of hydrodynamic turbulence on the competition between *Microcystis* and *Chlorella* for light[J]. *Ecological Modelling*, 2018, **370**: 50-58.
- [2] Zhao C S, Shao N F, Yang S T, *et al.* Predicting cyanobacteria bloom occurrence in lakes and reservoirs before blooms occur[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **670**: 837-848.
- [3] Escalas A, Catherine A, Maloufi S, *et al.* Drivers and ecological consequences of dominance in periurban phytoplankton communities using networks approaches[J]. *Water Research*, 2019, **163**, doi: 10.1016/j.watres.2019.114893.
- [4] Yu L Y, Zhang Y Q, Li M Z, *et al.* Comparative metatranscriptomic profiling and microRNA sequencing to reveal active metabolic pathways associated with a dinoflagellate bloom[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **699**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134323.
- [5] 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.
- [6] Peng Y Z, Zhang Z, Kong Y, *et al.* Effects of ultrasound on *Microcystis aeruginosa* cell destruction and release of intracellular organic matter[J]. *Ultrasonics Sonochemistry*, 2020, **63**, doi: 10.1016/j.ultsonch.2019.104909.
- [7] Wiltse D, Schnetzer A, Green J, *et al.* Algal blooms and cyanotoxins in Jordan Lake, North Carolina[J]. *Toxins*, 2018, **10**(2), doi: 10.3390/toxins10020092.
- [8] Zhou J, Zhang B Y, Yu K, *et al.* Functional profiles of phycospheric microorganisms during a marine dinoflagellate bloom[J]. *Water Research*, 2020, **173**, doi: 10.1016/j.watres.2020.115554.
- [9] O'Neil J M, Davis T W, Burford M A, *et al.* The rise of harmful cyanobacteria blooms: the potential roles of eutrophication and climate change[J]. *Harmful Algae*, 2012, **14**: 313-334.
- [10] Li H M, Tang H J, Shi X Y, *et al.* Increased nutrient loads from the Changjiang (Yangtze) River have led to increased harmful algal blooms[J]. *Harmful Algae*, 2014, **39**: 92-101.
- [11] Long T Y, Wu L, Meng G H, *et al.* Numerical simulation for impacts of hydrodynamic conditions on algae growth in Chongqing Section of Jialing River, China[J]. *Ecological Modelling*, 2011, **222**(1): 112-119.
- [12] Yang Z J, Xu P, Liu D F, *et al.* Hydrodynamic mechanisms underlying periodic algal blooms in the tributary bay of a subtropical reservoir[J]. *Ecological Engineering*, 2018, **120**: 6-13.
- [13] Fuentes J L, Garbayo I, Cuaresma M, *et al.* Impact of microalgae-bacteria interactions on the production of algal biomass and associated compounds[J]. *Marine Drugs*, 2016, **14**(5), doi: 10.3390/md14050100.
- [14] 闫苗苗,陈胜男,黄廷林,等. 分层型水库藻类垂直演替的水质与细菌种群调控[J]. *环境科学*, 2020, **41**(7): 3285-3296.
- [15] Yan M M, Chen S N, Huang T L, *et al.* Water quality and bacterial population driving mechanism of algae vertical succession in stratified reservoir[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(7): 3285-3296.
- [16] Amin S A, Hmelo L R, Van Tol H M, *et al.* Interaction and signalling between a cosmopolitan phytoplankton and associated bacteria[J]. *Nature*, 2015, **522**(7554): 98-101.
- [17] 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), doi: 10.3390/ijerph15020361.
- [18] Shi L M, Huang Y X, Zhang M, *et al.* Bacterial community dynamics and functional variation during the long-term decomposition of cyanobacterial blooms in-vitro[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **598**: 77-86.
- [19] Zhu C M, Zhang J Y, Nawaz M Z, *et al.* Seasonal succession and spatial distribution of bacterial community structure in a eutrophic freshwater Lake, Lake Taihu[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **669**: 29-40.
- [20] 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.
- [21] Eiler A, Bertilsson S. Composition of freshwater bacterial communities associated with cyanobacterial blooms in four Swedish lakes[J]. *Environmental Microbiology*, 2004, **6**(12): 1228-1243.
- [22] 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.
- [23] 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.
- [24] 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.
- [25] Liu L M, Chen H H, Liu M, *et al.* Response of the eukaryotic plankton community to the cyanobacterial biomass cycle over 6 years in two subtropical reservoirs[J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(9): 2196-2208.
- [26] Yan M M, Chen S N, Huang T L, *et al.* Community compositions of phytoplankton and eukaryotes during the mixing periods of a drinking water reservoir: Dynamics and interactions[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2020, **17**(4), doi: 10.3390/ijerph17041128.
- [27] García-Chicote J, Armengol X, Rojo C. Zooplankton abundance: a neglected key element in the evaluation of reservoir water quality[J]. *Limnologia*, 2018, **69**: 46-54.
- [28] Bouvy M, Pagano M, Troussellier M. Effects of a cyanobacterial bloom (*Cylindrospermopsis raciborskii*) on bacteria and zooplankton communities in Ingazeira reservoir (northeast Brazil)[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2001, **25**(3): 215-227.

- [28] Li C C, Feng W Y, Chen H Y, *et al.* Temporal variation in zooplankton and phytoplankton community species composition and the affecting factors in Lake Taihu—a large freshwater lake in China[J]. *Environmental Pollution*, 2019, **245**: 1050-1057.
- [29] 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.
- [30] Needham D M, Fuhrman J A. Pronounced daily succession of phytoplankton, archaea and bacteria following a spring bloom[J]. *Nature Microbiology*, 2016, **1** (4), doi: 10.1038/NMICROBIOL.2016.5.
- [31] Segev E, Wyche T P, Kim K H, *et al.* Dynamic metabolic exchange governs a marine algal-bacterial interaction[J]. *eLife*, 2016, **5**, doi: 10.7554/eLife.17473.
- [32] Adachi M, Kanno T, Okamoto R, *et al.* Population structure of *Alexandrium* (Dinophyceae) cyst formation-promoting bacteria in Hiroshima Bay, Japan [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, **69**(11): 6560-6568.
- [33] Huang X Q, Zhu J M, Cai Z H, *et al.* Profiles of quorum sensing (QS)-related sequences in phycospheric microorganisms during a marine dinoflagellate bloom, as determined by a metagenomic approach[J]. *Microbiological Research*, 2018, **217**: 1-13.
- [34] Meyer N, Bigalke A, Kaulfuß A, *et al.* Strategies and ecological roles of algicidal bacteria[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2017, **41**(6): 880-899.
- [35] Shao K Q, Zhang L, Wang Y P, *et al.* The responses of the taxa composition of particle-attached bacterial community to the decomposition of *Microcystis* blooms[J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **488-489**: 236-242.
- [36] Agustí S, Duarte C M. Phytoplankton lysis predicts dissolved organic carbon release in marine plankton communities [J]. *Biogeosciences*, 2013, **10**(3): 1259-1264.
- [37] Lasternas S, Agustí S. The percentage of living bacterial cells related to organic carbon release from senescent oceanic phytoplankton [J]. *Biogeosciences*, 2014, **11** (22): 6377-6387.
- [38] Wang W J, Zhang Y L, Shen H, *et al.* Changes in the bacterial community and extracellular compounds associated with the disaggregation of *Microcystis* colonies [J]. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2015, **61**: 62-66.
- [39] 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.
- [40] 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.
- [41] 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.
- [42] Wang Y, Zhang R, Zheng Q, *et al.* Bacterioplankton community resilience to ocean acidification: evidence from microbial network analysis[J]. *ICES Journal of Marine Science*, 2016, **73**(3): 865-875.
- [43] 雷波, 刘翔, 张方辉, 等. 三峡水库上游长寿湖浮游藻类的季节变化特征及关键环境影响因子[J]. *湖泊科学*, 2017, **29**(2): 369-377.
- Lei B, Liu S R, Zhang F H, *et al.* Seasonal phytoplankton dynamics and its relationship with key environmental factors in Lake Changshou, upper reaches of the Three Gorges Reservoir [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2017, **29**(2): 369-377.
- [44] Ma W X, Huang T L, Li X, *et al.* Impact of short-term climate variation and hydrology change on thermal structure and water quality of a canyon-shaped, stratified reservoir [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2015, **22**(23): 18372-18380.
- [45] 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**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134803.
- [46] Liu M Z, Ma J R, Kang L, *et al.* Strong turbulence benefits toxic and colonial cyanobacteria in water: a potential way of climate change impact on the expansion of harmful algal blooms [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **670**: 613-622.
- [47] Lofton M E, McClure R P, Chen S Y, *et al.* Whole-ecosystem experiments reveal varying responses of phytoplankton functional groups to epilimnetic mixing in a eutrophic reservoir[J]. *Water*, 2019, **11**(2), doi: 10.3390/w11020222.
- [48] 杨毓, 卢金锁, 张颖. 深水型水库藻形态功能组(MBFG)的季节演替特征[J]. *环境科学*, 2017, **38**(1): 121-128.
- Yang Y, Lu J S, Zhang Y, *et al.* Seasonal succession characteristics of the morphologically-based functional groups (MBFG) in deep-water reservoir[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(1): 121-128.
- [49] 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.
- [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] Xu Z, Woodhouse J N, Te S H, *et al.* Seasonal variation in the bacterial community composition of a large estuarine reservoir and response to cyanobacterial proliferation [J]. *Chemosphere*, 2018, **202**: 576-585.
- [53] 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), doi: 10.1371/journal.pone.0173408.
- [54] Zhou J, Richlen M L, Sehein T R, *et al.* Microbial community structure and associations during a marine dinoflagellate bloom [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.01201.
- [55] Chen L G, Tsui M M P, Lam J C W, *et al.* Variation in

- microbial community structure in surface seawater from Pearl River Delta: Discerning the influencing factors[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **660**: 136-144.
- [56] Bižić-Ionescu M, Amann R, Grossart H P. Massive regime shifts and high activity of heterotrophic bacteria in an ice-covered lake [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(11), doi: 10.1371/journal.pone.0113611.
- [57] 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.
- [58] 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.
- [59] 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.
- [60] Zhou Z Z, Huang T L, Gong W J, *et al.* Field research on mixing aeration in a drinking water reservoir: performance and microbial community structure [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2019, **16**(21), doi: 10.3390/ijerph16214221.

《环境科学》再获“百种中国杰出学术期刊”称号

2019年11月19日,中国科技论文统计结果发布会在北京举行,会议公布了“百种中国杰出学术期刊”获奖名单。《环境科学》连续18次荣获“百种中国杰出学术期刊”称号。“百种中国杰出学术期刊”是根据中国科技学术期刊综合评价指标体系进行评定。该体系利用总被引频次、影响因子、基金论文比、他引总引比等多个文献计量学指标进行统计分析,对期刊分学科进行评比,其评价结果客观公正,为我国科技界公认,并具有广泛影响。



CONTENTS

Concurrent Collection of Ammonia Gas and Aerosol Ammonium in Urban Beijing During National Celebration Days Utilizing an Acid-Coated Honeycomb Denuder in Combination with a Filter System	GU Meng-na, PAN Yue-peng, SONG Lin-lin, <i>et al.</i>	(1)
Heavy Pollution Episode in Tianjin Based on UAV Meteorological Sounding and Numerical Model	YANG Xu, CAI Zi-ying, HAN Su-qin, <i>et al.</i>	(9)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} Pollution in Typical Cities of the Central Plains Urban Agglomeration in Autumn and Winter	MIAO Qing-qing, JIANG Nan, ZHANG Rui-qin, <i>et al.</i>	(19)
Characteristics and Sources of Water-soluble Ion Pollution in PM _{2.5} in Winter in Shenyang	WANG Guo-zhen, REN Wan-hui, YU Xing-na, <i>et al.</i>	(30)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Collected in Baoding	LEI Wen-kai, LI Xing-ru, ZHANG Lan, <i>et al.</i>	(38)
Source Apportionment of Ambient Carbonyl Compounds Based on a PMF and Source Tracer Ratio Method: A Case Based on Observations in Nanjing	HU Kun, WANG Ming, WANG Hong-li, <i>et al.</i>	(45)
Characterization and Source Apportionment of Atmospheric VOCs in Tianjin in 2019	GAO Jing-yun, XIAO Zhi-mei, XU Hong, <i>et al.</i>	(55)
Characteristics and Source Apportionment of Ambient VOCs in Spring in Liuzhou	LIU Qi, LU Xing-lin, ZENG Peng, <i>et al.</i>	(65)
Characteristics of Ozone and Source Apportionment of the Precursor VOCs in Tianjin Suburbs in Summer	LUO Rui-xue, LIU Bao-shuang, LIANG Dan-ni, <i>et al.</i>	(75)
Transport Influence and Potential Sources of Ozone Pollution for Nanjing During Spring and Summer in 2017	XIE Fang-jian, LU Xiao-bo, YANG Feng, <i>et al.</i>	(88)
Ozone Pollution Trend in the Pearl River Delta Region During 2006-2019	ZHAO Wei, GAO Bo, LU Qing, <i>et al.</i>	(97)
Distribution Characteristics and Source Apportionment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Atmospheric Deposition in Areas Adjacent to a Large Petrochemical Enterprise	LI Da-yan, QI Xiao-bao, WU Jian, <i>et al.</i>	(106)
Quantitative Comparison of Methods to Assess the Airborne Particulate Matter Retention Capacity of Leaves	YUE Chen, LI Guang-de, XI Ben-ye, <i>et al.</i>	(114)
Emission Estimation and Fate Simulation of Dichlorvos in the Dongjiang River Watershed	ZHANG Bing, ZHANG Qian-qian, YING Guang-guo	(127)
Distribution and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in the Songhua River Basin of the Harbin Section and Ashe River	YANG Shang-le, WANG Xu-ming, WANG Wei-hua, <i>et al.</i>	(136)
Characteristics and Ecological Risk Assessment of POPs Pollution in Sediments of Xiaoxingkai Lake in the Northeast China	LI Hui, LI Jie, SONG Peng, <i>et al.</i>	(147)
Distribution and Ecological Risk Assessment of PPCPs in Drinking Water Sources of Henan Province	ZHOU Ying, WU Dong-hai, LU Guang-hua, <i>et al.</i>	(159)
Occurrence Characteristics and Health Risk Assessment of Endocrine Disrupting Chemicals in Groundwater in Wuxi-Changzhou	WANG Shu-ting, RAO Zhu, GUO Feng, <i>et al.</i>	(166)
Seasonal Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Water of Qingjiang River	LIU Zhao, ZHOU Hong, CAO Wen-jia, <i>et al.</i>	(175)
Metal Pollutions and Human Health Risks in Groundwater from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	LI Jun, ZHAO Yi, ZOU Sheng-zhang, <i>et al.</i>	(184)
Seasonal Variation of DOM Spectral Characteristics of Rivers with Different Urbanization Levels in the Three Gorges Reservoir Area	CHEN Zhao-yu, LI Si-yue	(195)
Distribution of Micro-plastics in the Soil Covered by Different Vegetation in Yellow River Delta Wetland	YUE Jun-jie, ZHAO Shuang, CHENG Hao-dong, <i>et al.</i>	(204)
Metagenomic Analysis Provides Insights into Bacterial Communities, Antibiotic Resistomes, and Public Health Risks in the Dongping Lake Reservoir	ZHANG Hong-na, CUI Na, SHEN Hong-miao	(211)
Mechanism of Algal Community Dynamics Driven by the Seasonal Water Bacterial Community in a Stratified Drinking Water Reservoir	YAN Miao-miao, ZHANG Hai-han, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i>	(221)
Community Structure, Function, and Influencing Factors of Planktonic Fungi in the Danjiangkou Reservoir	ZHENG Bao-hai, WANG Xiao-yu, LI Ying-jun, <i>et al.</i>	(234)
Changes in Algal Particles and Their Water Quality Effects in the Outflow River of Taihu Lake	GUO Yu-long, XU Hai, CHEN Xu-qing, <i>et al.</i>	(242)
Characteristics of Soil Nitrogen and Phosphorus Losses Under Different Land-use Schemes in the Shipanqiu Watershed	DENG Hua, GAO Ming, LONG Yi, <i>et al.</i>	(251)
Influence of Antecedent Dry Days on Nitrogen Removal in Bioretention Systems	CHEN Yao, LI Xin-rui, ZHENG Shuang, <i>et al.</i>	(263)
Effect of <i>Enteromorpha prolifera</i> Biochar on the Adsorption Characteristics and Adsorption Mechanisms of Ammonia Nitrogen in Rainfall Runoff	CHEN You-yuan, LI Pei-qiang, LI Xian-chi, <i>et al.</i>	(274)
Effect of Filter Medium on the Enhancement of Complete Autotrophic Nitrogen Removal over Nitrite Process in a Tidal Flow Constructed Wetland	LIU Bing, ZHENG Yu-ming, QIN Hui-an, <i>et al.</i>	(283)
Adsorption Effect and Mechanism of Aqueous Arsenic on FeMnNi-LDHs	LIAO Yu-mei, YU Jie, WEI Shi-qiang, <i>et al.</i>	(293)
Combined Use of Zirconium-Modified Bentonite Capping and Calcium Nitrate Addition to Control the Release of Phosphorus from Sediments	ZHANG Hong-hua, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i>	(305)
Distribution Characteristics of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Wastewater Treatment Plants	XIE Ya-wei, YU Chi-sheng, LI Fei-fei, <i>et al.</i>	(315)
Occurrence of Antibiotic Resistance Genes and Bacterial Community Structure of Different Sludge Samples During Microwave Pretreatment-Anaerobic Digestion	LI Hui-li, WU Cai-yun, TANG An-ping, <i>et al.</i>	(323)
Selenium Threshold for the Delimitation of Natural Selenium-Enriched Land	WANG Hui-yan, ZENG Dao-ming, GUO Zhi-juan, <i>et al.</i>	(333)
Improved Regression Kriging Prediction of the Spatial Distribution of the Soil Cadmium by Integrating Natural and Human Factors	GAO Zhong-yuan, XIAO Rong-bo, WANG Peng, <i>et al.</i>	(343)
Simulation Cadmium (Cd) Accumulation in Typical Paddy Soils in South China	DAI Ya-ting, FU Kai-dao, YANG Yang, <i>et al.</i>	(353)
Bioaccessibility and Health Risks of the Heavy Metals in Soil-Rice System of Southwest Fujian Province	LIN Cheng-qi, CAI Yu-hao, HU Gong-ren, <i>et al.</i>	(359)
Effects of Nano Material on Cadmium Accumulation Capacity and Grain Yield of Indica Hybrid Rice Under Wetting-drying Alternation Irrigation	YANG Ru, CHEN Xin-rui, ZHANG Ying, <i>et al.</i>	(368)
Regulation Control of a Tribasic Amendment on the Chemical Fractions of Cd and As in Paddy Soil and Their Accumulation in Rice	JIANG Yi, LIU Ya, GU Jiao-feng, <i>et al.</i>	(378)
Combined Effect of Weathered Coal Based Amendments and Soil Water Management on Methylmercury Accumulation in Paddy Soil and Rice Grains	ZHENG Shun-an, WU Ze-ying, DU Zhao-ling, <i>et al.</i>	(386)
Effects of Fertilization Strategies on the Cadmium Resistance of Paddy Soil Microorganisms	ZHENG Kai-kai, MA Zhi-yuan, SUN Bo, <i>et al.</i>	(394)
Soil Enzyme Activity in <i>Picea schrenkiana</i> and Its Relationship with Environmental Factors in the Tianshan Mountains, Xinjiang	ZHANG Han, GONG Lu, LIU Xu, <i>et al.</i>	(403)
Effects of Farmland Abandonment on Soil Enzymatic Activity and Enzymatic Stoichiometry in the Loess Hilly Region, China	ZHONG Ze-kun, YANG Gai-he, REN Cheng-jie, <i>et al.</i>	(411)
Effect of Biochar on Soil Enzyme Activity & the Bacterial Community and Its Mechanism	FENG Hui-lin, XU Chen-sheng, HE Huan-hui, <i>et al.</i>	(422)
Effects of Vegetation Restoration on the Structure and Function of the Rhizosphere Soil Bacterial Community of <i>Solanum rostratum</i>	ZHANG Rui-hai, SONG Zhen, FU We-dong, <i>et al.</i>	(433)
Response of Microbial Biomass Carbon and Nitrogen and Rice Quality in a Yellow Soil Paddy Field to Biochar Combined with Nitrogen Fertilizer	SHI Deng-lin, WANG Xiao-li, LIU An-kai, <i>et al.</i>	(443)
Effects of Adding Straw and Biochar with Equal Carbon Content on Soil Respiration and Microbial Biomass Carbon and Nitrogen	HE Tian-tian, WANG Jing, FU Yun-peng, <i>et al.</i>	(450)
How Different Ratios of Straw Incorporation to Nitrogen Fertilization Influence Endogenous and Exogenous Carbon Release from Agricultural Soils	SUN Zhao-an, ZHANG Xuan, HU Zheng-jiang, <i>et al.</i>	(459)
Effect of Biochar and Chemical Fertilizer Mixture on Ammonia Volatilization and Phosphorus Fixation	YANG Wen-na, DENG Zhen-xin, LI Jiao, <i>et al.</i>	(467)
Effects of Film Materials on Ammonia Volatilization Emissions from a Paddy System After Reducing Nitrogen Fertilizer Application	YU Ying-liang, WANG Meng-fan, YANG Bei, <i>et al.</i>	(477)
Effects of Microplastics on Embryo Hatching and Intestinal Accumulation in Larval Zebrafish <i>Danio rerio</i>	ZHAO Jia, RAO Ben-qiang, GUO Xiu-mei, <i>et al.</i>	(485)
Urban Micro-Scale Thermal Environment Simulation Supported by UAV Thermal Infrared Data	YANG Shao-qi, FENG Li, TIAN Hui-hui, <i>et al.</i>	(492)
Estimation of the Urban Heat Island Intensity Change and Its Relationships with Driving Factors Across China Based on the Human Settlement Scale	SUN Yan-wei, WANG Run, GUO Qing-hai, <i>et al.</i>	(501)