

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

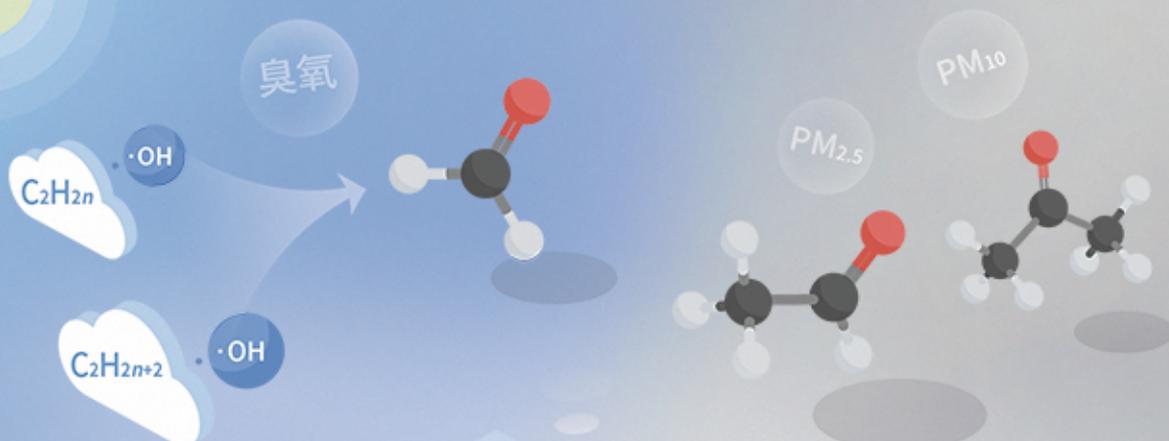
环境科学

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 高璟璇, 肖致美, 徐虹, 李立伟, 李鹏, 唐逸, 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, 李浩, 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, 朱丹滢 (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, 王盛燕, 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, 戴俊杰, 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吸附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, 王轩宇, 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, 鄂玲玲, 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)

《环境科学》征订启事(8) 《环境科学》征稿简则(220) 信息(233, 352, 421)

丹江口库区浮游真菌组成与功能及其影响因素

郑保海¹, 王晓宇¹, 李英军¹, 陈彦¹, 李百炼^{2,3}, 李玉英^{1,2*}, 陈兆进^{1,2*}

(1. 南阳师范学院水资源与环境工程学院, 南水北调中线水源区水安全河南省协同创新中心, 南阳 473061; 2. 河南省南水北调中线水源区流域生态安全国际联合实验室, 南阳 473061; 3. 加州大学河滨分校环境科学系, 河滨 CA92521, 美国)

摘要: 浮游真菌是水生态系统的重要组成部分, 研究其群落组成和功能对于管理和维护丹江口水库生态环境具有重要意义。本实验采用 Illumina 公司 MiSeq 测序平台对 2019 年 10 月丹江口水库表层浮游真菌群落组成进行分析, 并结合 FUNGuild 功能预测分析其生态功能。MiSeq 测序结果表明丹江口水库浮游真菌由 6 门和 213 属组成, 其中子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为优势种群。丹江口水库水质监测结果表明, 其水质整体处于良好状态, 符合 I 或 II 饮用水源标准。RDA 分析表明氮磷营养盐(TN、TP)、水温(T)、氧化还原电位(ORP)和卡尔森营养状态指数(TLI)是影响浮游真菌分布的重要因素。Spearman 秩相关分析表明, 理化因子主要与链格孢属(*Alternaria*)、芽枝霉属(*Cladosporium*)、青霉属(*Penicillium*)、路德酵母属(*Lodderomyces*)和 *Acremonium* 等优势属呈显著相关。FUNGuild 功能预测分析表明丹江口浮游真菌的营养型和功能群主要为病理营养型(pathotroph)、腐生营养型(saprotroph)和病理-腐生营养型(pathotroph-saprotroph), 其中黑鸡嘴样品植物病原菌(plant pathogen)和动物病原菌(animal pathogen)比例显著高于其他样品。本研究初步分析了丹江口库区浮游真菌群落组成和生态功能, 表明其具有一定程度的潜在生态风险, 后续丹江口水库生物监测中浮游真菌监测需要加以重视。

关键词: 丹江口水库; 浮游真菌; 群落组成; 高通量测序; FUNGuild

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)01-0234-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202006192

Community Structure, Function, and Influencing Factors of Planktonic Fungi in the Danjiangkou Reservoir

ZHENG Bao-hai¹, WANG Xiao-yu¹, LI Ying-jun¹, CHEN Yan¹, LI Bai-lian^{2,3}, LI Yu-ying^{1,2*}, CHEN Zhao-jin^{1,2*}

(1. Collaborative Innovation Center of Water Security for Water Source Region of Mid-route Project of South-North Water Diversion of Henan Province, School of Water Resource and Environmental Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China; 2. International Joint Laboratory of Watershed Ecological Security for Water Source Region of Middle Route Project of South-North Water Diversion in Henan Province, Nanyang 473061, China; 3. Department of Environmental Sciences, University of California, Riverside, Riverside CA 92521, USA)

Abstract: Planktonic fungi are important components of aquatic ecosystems, and analyses of their community composition and function have far-reaching significance for the ecological management and maintenance of the Danjiangkou reservoir. The composition and function of the planktonic fungal community in the surface water layer of the Danjiangkou Reservoir in October 2019 was investigated using Illumina MiSeq sequencing combined with FUNGuild analyses. According to the results, the reservoir community is primarily composed of 6 phyla 213 genera, with Ascomycota and Basidiomycota being the dominant phyla. The water quality monitoring results for the Danjiangkou Reservoir met the Grade I or II water quality standards for the Environmental Quality Standards for Surface Water (GB 38382-2002). A redundancy analysis (RDA) of the planktonic fungal community and environmental factors showed that TN, TP, T, ORP, and TLI are important factors influencing the distribution of planktonic fungi. The Spearman correlation analysis showed that *Alternaria*, *Cladosporium*, *Penicillium*, *Lodderomyces*, and *Acremonium* were significantly correlated with physical and chemical water quality parameters. FUNGuild was used to predict the nutritional and functional groups of planktonic fungi, and the results showed that pathotrophs, saprotrophs, and pathotroph-saprotrophs were the major components. The pathotroph composition analysis showed that the proportions of plant pathogens and animal pathogens in the Heijizui samples were significantly higher than those observed in the other monitoring sites. The community composition, function, and influencing factors of the planktonic fungi community in the Danjiangkou Reservoir were investigated and indicated that it is potentially at ecological risk and more attention needs to be paid to planktonic fungi in the biological monitoring of water quality.

Key words: Danjiangkou Reservoir; planktonic fungi; community structure; high-throughput sequencing; FUNGuild

丹江口水库作为亚洲最大的人工淡水湖, 是南水北调中线工程的水源地, 截止 2019 年年底已为南水北调中线工程累计调水量近 300 亿 m³。丹江口水库水质状况直接关系到受水区居民的饮水安全。湖泊中的微生物在水生生态系统中的物质循环和污染

收稿日期: 2020-06-19; 修订日期: 2020-07-13

基金项目: 国家自然科学基金项目(51879130); 河南省南水北调中线水源区水生态安全创新型科技团队专项(17454)

作者简介: 郑保海(1981~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为环境保护与生态修复, E-mail: baohaizheng1981@163.com

* 通信作者, E-mail: lyying200508@163.com; zhaojin_chen@163.com

物释放等过程中起到重要作用,因此研究其群落组成和功能对于管理和维护湖泊生态环境具有深远的意义^[1,2].

之前湖泊微生物研究主要集中于浮游细菌和古菌群落组成、分布特征、功能及其与水质的关系等^[3-7],浮游真菌研究相对较少^[8-10]. Kagami 等^[11]和 Wang 等^[12]分别采用 PCR-DGGE 和克隆文库方法对浮游真菌群落进行了研究. 有研究表明水体中浮游真菌群落受到水体类型及其 pH 值、温度、电导率以及氮、磷、有机质等理化性质的影响^[13,14]. 随着分子生物学技术,特别是高通量测序 (high-throughput sequencing) 在微生物生态学研究中的应用,更全面地展示生物群落的组成结构^[15],在湖泊和水库等淡水生态系统微生物应用引起越来越多研究者的关注^[16]. 目前研究者已采用该方法研究了浮游真菌群落组成、分布特征及其影响因素等^[9,17,18],但这些研究主要关注于浮游真菌群落结构 (α 和 β 多样性) 及其影响因素,对浮游真菌的生态功能研究尚未开展. FUNGuild 是一个进行真菌功能比对的数据库,能将高通量测序获得的真菌基因序列信息与真菌的生态功能联系起来,对真菌的营养类型进行鉴定并进行具体的功能分类^[19]. FUNGuild 功能预测分析已应用于土壤、植物、湖泊和海洋生态系统中,在真菌生态功能研究中得到较为广泛地应用^[5,20,21]. 目前,高通量测序结合 FUNGuild 功能预测分析在丹江口水库浮游真菌生态功能尚未使用. 因此,本研究采用高通量测序技术对表层水体浮游真菌群落多样性进行分析,考察其群落组成和分布特征,采用 FUNGuild 进行功能分析,通过探明丹江口水库浮游真菌生态功能,以期对丹江口水库水环境保护提供参考依据.

1 材料与方法

1.1 样品采集和理化因子测定

根据丹江口水库所处位置的地理和环境特征,选取了丹江口水库河南库区的 5 个生态位点,分别是库区河南库区的库心 (KX)、南水北调中线工程的取水口上游 100 m 处的渠首 (QS)、支流鹤河和丹江交汇处的黑鸡嘴 (HJZ)、游船和渔船停靠的宋岗港口 (SG) 及丹江口水库湖北库区和河南库区交界处的台子山 (TZS),具体地理位置信息见文献^[5,6,10].

2019 年 10 月初使用 GPS 对每个采样点准确定位后,用柱状采水器采集水深 50 cm 处水样 2 L,低温避光带回实验室,每个采样点样品设置 3 个重复. 把 1 000 mL 水样放入灭菌容器中存于便携式冰箱

中,4 h 内送回实验室提取浮游真菌 DNA,剩余水样用于其它理化指标的测定. 其中 pH 值、水温 (T)、电导率 (Cond)、氧化还原电位 (ORP)、溶解氧 (DO) 使用 YSI 现场测定,透明度 (SD) 使用塞氏盘法现场测定,化学需氧量 (COD)、高锰酸盐指数、总氮 (TN)、总磷 (TP)、铵态氮 ($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)、硝氮 ($\text{NO}_3^- - \text{N}$) 和叶绿素 (Chla) 等理化指标按照文献^[22].

1.2 样品总 DNA 提取

每个样品使用 20 μm 滤网过滤 600 mL 表层水样至灭菌烧杯中,除去大型浮游植物和浮游动物,然后用 0.22 μm 无菌滤膜过滤预处理过的水样以收集浮游真菌,最后在超净工作台将滤膜取出、剪碎后放入 50 mL 预灭菌离心管^[23]. 用 Omega Water DNA Kit (Omega, USA) 试剂盒提取水样 DNA. 经微量紫外分光光度计 (NanoDrop[®] ND-1000, Wilmington, DE, USA) 测定收集到的浮游真菌 DNA 的浓度和纯度.

1.3 高通量测序和 PCR 扩增

采用通用引物 ITS1F (5'-CTTGGTCATTTAGAG GAAGTAA-3') 和 ITS2R (5'-GCTGCGTTCATTCAG ATGC-3') 对浮游真菌 ITS 区扩增,以获得目的基因片段. PCR 反应体系为 20 μL , 包含 5 \times FastPfu 缓冲液 4 μL 、2.5 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTPs 2 μL 、Forward Primer (5 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 0.8 μL 、Reverse Primer (5 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 0.8 μL 、FastPfu Polymerase 0.4 μL 、BSA 0.2 μL 和 Template DNA 10 ng, 补充 dH_2O 至 20 μL . PCR 反应条件为 95 $^\circ\text{C}$ 预变性 3 min, 35 \times (95 $^\circ\text{C}$ 变性 30 s; 55 $^\circ\text{C}$ 复性 30 s; 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 45 s); 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 10 min, 10 $^\circ\text{C}$ 直到停止. 每个样品做 3 个重复,将不同样品的 PCR 扩增物均一化至 10 $\text{nmol} \cdot \text{L}^{-1}$ 后等体积混合,将最终产物寄送上海美吉生物医药科技有限公司,使用 MiSeq PE300 测序仪 (Illumina Inc, San Diego, CA, USA) 完成序列测定

1.4 高通量数据分析

将 Illumina MiSeq 测序得到的下机数据 (raw data) 经处理后得到有效数据 (effective tags). 采用 QIIME 软件进行生物信息学分析,根据序列的相似度,将序列归为多个 OTU (operational taxonomic unit)^[24]. 采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析,并在各个分类水平下统计每个样品的群落组成. 基于 OTU 计算稀释曲线、群落丰富度指数 (Chao1、ACE) 和群落多样性指数 (Shannon、Simpson) 等^[25]. 高通量测序结果采用 FUNGuild v1.0 软件分析真菌功能分类^[19]. 将获得 OTU 上传到 FUNGuild 分析平台 (<https://github.com/UMNFuN/FUNGuild>) 进行分析,下载运行结果后对结果进行筛选. 为了不过度解

读真菌功能群,将结果中置信度为“可能”(possible)等级进行删除,仅保留“极可能”(highly probable)和“很可能”(probable)两个等级。

2 结果与分析

2.1 丹江口水质理化性质及其富营养化评价

参照文献[22]对丹江口水库 TN、TP、DO 等 12 项理化性质进行监测,结果如表 1 所示. 通过单因素方差分析,不同位点之间理化性质差异较大的有 SD、DO、ORP、COD、高锰酸盐指数、TN、NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N, 其中库心位点 SD、ORP 最高, COD、

NH₄⁺-N 含量最低; 渠首和宋岗位点 NO₃⁻-N 显著高于其他点位. 参照《地表水环境质量标准》(GB 38382-2002)对丹江口库区水质进行评价,参与评价的水质指标有 T、pH 值、DO、高锰酸盐指数、NH₄⁺-N、TP、TN,除 TN 外各项指标均符合 I 或 II 饮用水源标准(表 1). 丹江口水库 TN 含量的范围为 1.201 ~ 2.129 mg·L⁻¹之间. 卡尔森营养状态指数(TLI)是我国湖泊富营养化评价的基本方法,基于 TN、TP、高锰酸盐指数、Chla 和 SD 计算的丹江的水库 TLI 指数介于 30.72 ~ 42.11,表明其均为中营养. 综上,丹江口水库水质整体处于良好状态(表 1).

表 1 各样品水体主要理化参数与 TLI 指数¹⁾

Table 1 Main physical and chemical properties and TLI of the different samples

样品	T/°C	pH	SD/m	DO /mg·L ⁻¹	Cond /S·m ⁻¹	ORP/mV	COD /mg·L ⁻¹
QS	24.97 ± 0.15a	8.57 ± 0.02b	3.33 ± 0.15c	6.91 ± 0.05a	245.00 ± 2.65	199.00 ± 2.00b	13.22 ± 0.33d
SG	25.43 ± 0.15bc	8.58 ± 0.01b	3.00 ± 0.10b	7.01 ± 0.05a	254.00 ± 3.61	194.33 ± 1.15b	11.42 ± 0.09c
KX	25.73 ± 0.06c	8.55 ± 0.01b	3.93 ± 0.06d	7.13 ± 0.03b	245.67 ± 1.53	218.67 ± 1.53d	7.53 ± 0.04a
HJZ	25.23 ± 0.15ab	6.96 ± 0.01a	2.90 ± 0.10b	8.53 ± 0.03d	245.05 ± 7.94	180.67 ± 2.52a	10.72 ± 0.25b
TZS	25.67 ± 0.12c	9.03 ± 0.02c	1.90 ± 0.10a	8.22 ± 0.04c	243.09 ± 4.00	204.33 ± 2.08c	10.47 ± 0.02b
样品	高锰酸盐指数 /mg·L ⁻¹	TP /mg·L ⁻¹	TN /mg·L ⁻¹	NH ₄ ⁺ -N /mg·L ⁻¹	NO ₃ ⁻ -N /mg·L ⁻¹	Chla /mg·m ⁻³	TLI
QS	2.44 ± 0.03c	0.013 ± 0.003a	1.444 ± 0.012b	0.051 ± 0.003d	1.252 ± 0.047e	0.41 ± 0.01a	31.35
SG	3.00 ± 0.02d	0.010 ± 0.001a	1.269 ± 0.06a	0.043 ± 0.002c	1.075 ± 0.006d	0.40 ± 0.03a	30.72
KX	2.23 ± 0.03b	0.015 ± 0.002a	2.005 ± 0.032c	0.011 ± 0.003a	0.085 ± 0.005a	0.64 ± 0.02b	33.17
HJZ	1.96 ± 0.02a	0.021 ± 0.002b	2.110 ± 0.021d	0.019 ± 0.002b	0.323 ± 0.007b	0.85 ± 0.01c	36.01
TZS	3.46 ± 0.03e	0.011 ± 0.002a	1.910 ± 0.009e	0.016 ± 0.004ab	0.562 ± 0.008c	6.45 ± 0.07d	42.11

1) 数据数值为平均值 ± 标准偏差(n=3),同一列不同小写字母表示处理在 P < 0.05 水平达到显著,下同

2.2 浮游真菌群落结构分析

各样品平均测序条带数为 71 592,按最小样本序列数进行抽平处理(表 2). 稀释性曲线表明在测序条带 10 000 条以上时,曲线进入平台期[图 1(a)]. 高通量测序结果表明丹江口浮游真菌主要由 6 个门、22 个纲、55 个目、126 科和 213 个属组成,其中子囊菌门(Ascomycota, 占比 26.54% ~ 85.51%)和担子菌门(Basidiomycota, 占比 8.09% ~ 70.27%)为绝对优势种群,总占比 83.91% ~ 96.82%. 其中渠首样品与其他样品子囊菌门和担子菌门占比差异较大,担子菌门为最优菌门(占比 70.27%)[图 1(b)]. 采用非加权组平均聚类(UPGMA)和非度量多维尺度分析(NMDS)对浮游

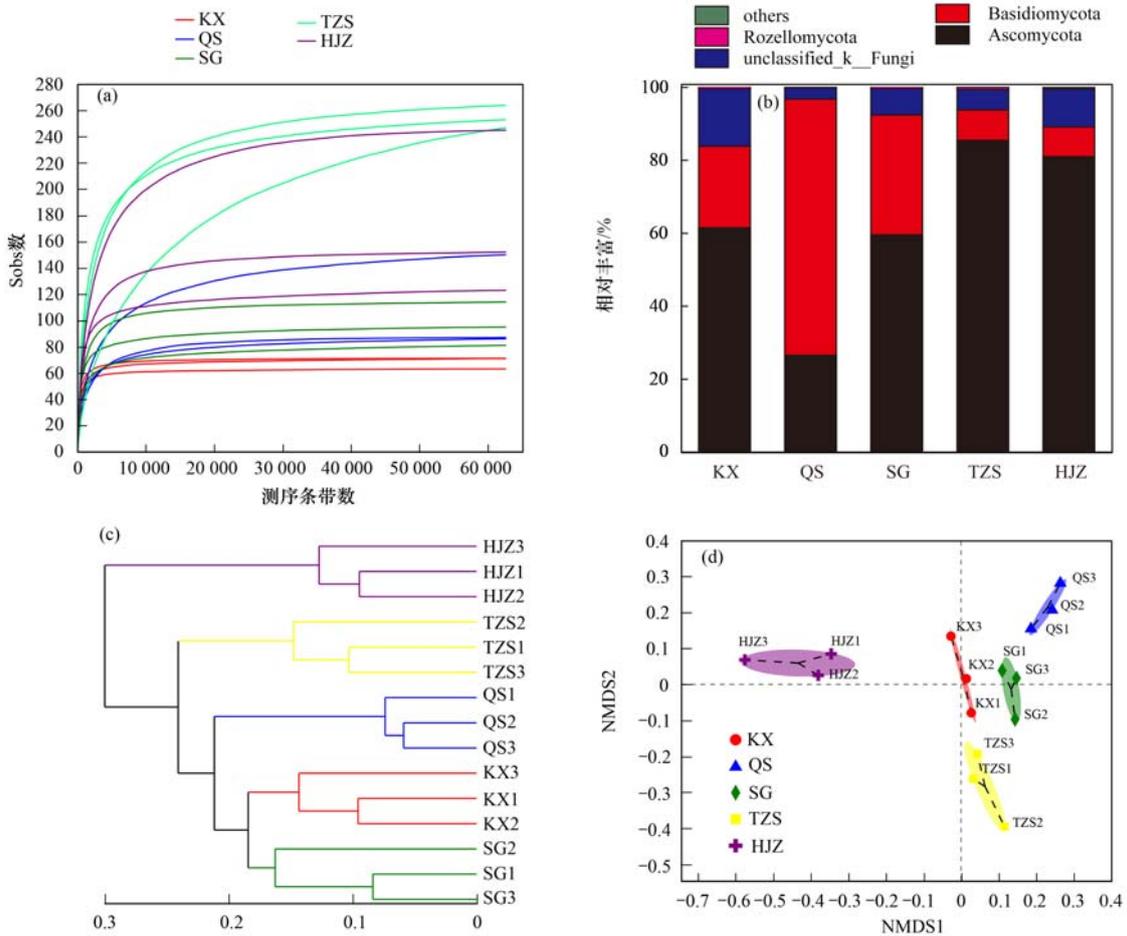
真菌群落进行分析,结果表明在 UPGMA 聚类树中库心和宋岗样品最为相似,黑鸡嘴样品差异最大[图 1(c)]. NMDS 分析结果与之类似,库心和宋岗样品分布于图 1(d)中间,黑鸡嘴样品与其他样品距离最远,分布于图 1(d)左侧,渠首和台子山分布于图 1(d)右上和右下. 对各样品多样性指数进行分析,黑鸡嘴和台子山样品的 Ace 指数和 Chao1 指数显著高于其他样品,黑鸡嘴样品的 Shannon 指数最高,而 Simpson 指数最低(表 2). 综合 Sobs 数和多样性指数,浮游真菌群落多样性排序为:台子山 > 黑鸡嘴 > 渠首 > 宋岗 > 库心.

为了进一步确定各样品真菌丰富度差异,笔者采用在线统计工具 LEfSe 来统计差异的生物标志物

表 2 不同样品浮游真菌多样性评估表

Table 2 Estimation of planktonic fungal community diversity in the different samples

样品	序列条数	Sobs 数	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao1 指数	覆盖率/%
KX	73 250 ± 805	68.33 ± 3.77a	2.58 ± 0.14b	0.15 ± 0.03a	69.35 ± 4.66a	69.33 ± 4.64a	100 ± 0b
QS	68 549 ± 5366	107.67 ± 29.94a	1.59 ± 0.14a	0.39 ± 0.05b	110.39 ± 32.23a	109.44 ± 31.6a	99.99 ± 0.01b
SG	72 194 ± 4156	96.67 ± 13.52a	2.36 ± 0.22ab	0.20 ± 0.04ab	99.13 ± 12.25a	98.08 ± 12.97a	99.99 ± 0b
HJZ	72 068 ± 2716	173.33 ± 52.04b	2.68 ± 0.17b	0.15 ± 0.04a	175.65 ± 51.35b	175.2 ± 51.34b	99.99 ± 0b
TZS	71 901 ± 2611	254.67 ± 7.04c	2.04 ± 0.77ab	0.34 ± 0.17ab	270.31 ± 9.3c	272.09 ± 9.05c	99.96 ± 0.03a



(a) 稀异性曲线; (b) 门分类水平浮游真菌组成; (c) UPGMA 发育树; (d) NMDS 分析图
 图 1 不同样品浮游真菌稀异性曲线、门分类水平上组成、UPGMA 发育树和 NMDS 分析图

Fig. 1 Rarefaction curves, relative abundance of sequences at the phylum level of fungal communities, UPGMA tree, and NMDS of planktonic fungal community structures in the different samples

(biomarker), 结果在 $LDA \geq 3.0$ 的水平上共有 2 个门和 18 个属具有显著差异 (图 2). 在门的水平上, 台子山样品的子囊菌门和渠首样品的担子菌门存在显著差异. 在属的水平上, 库心样品的葡萄穗霉属

(*Stachybotrys*) 和丝孢酵母属 (*Trichosporon*), 渠首样品的 *Sclerostagonospora*、红酵母属 (*Rhodotorula*) 和 *Naganishia* 等, 宋岗样品的球腔菌属 (*Mycosphaerella*), 台子山样品的芽枝霉属 (*Cladosporium*)、假尾孢菌属 (*Pseudocercospora*) 和黑团孢属 (*Periconia*) 等以及黑鸡嘴样品的 *Simplicillium*、侧齿霉属 (*Engyodontium*) 和篮状菌属 (*Talaromyces*) 等存在差异, 这些差异属均属于子囊菌门和担子菌门.

2.3 浮游真菌群落与环境因子的 RDA 分析

利用 Canoco 5 软件对浮游真菌 OTU 水平群落丰度与环境因子进行冗余分析 (redundancy analysis, RDA), 为了避免环境因子间共线性的影响, 去除了方差膨胀因子 (Variance inflation factor, VIF) 大于 20 的环境因子, 结果如图 3 所示. 第 1 排序轴与第 2 排序轴解释度分别为 50.97% 和 32.85%, 其中 $T (R^2 = -0.9021, P = 0.001)$ 、 $TN (R^2 = -0.8323, P = 0.006)$ 和 $TLI (R^2 = -0.9517, P = 0.009)$ 与第一排序轴显著负相关, $ORP (R^2 =$

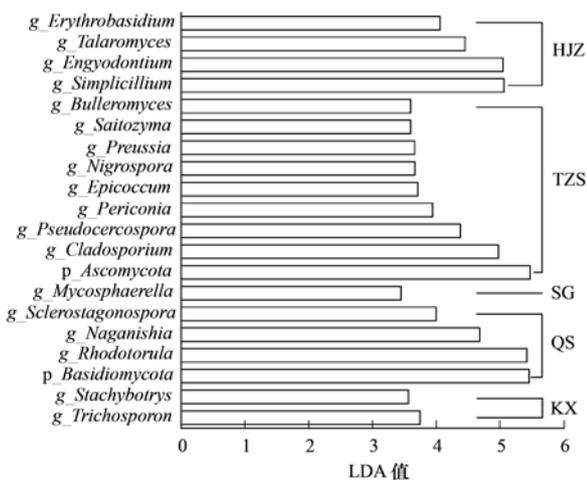


图 2 LEfSe 分析不同样品差异细菌分布

Fig. 2 LEfSe identified the most differentially abundant taxa among the different stations

0.999 8, $P = 0.039$) 和 TP ($R^2 = -0.993 7, P = 0.004$) 与第二排序轴显著相关, 这些环境因子是影响浮游真菌群落组成的主要因素。

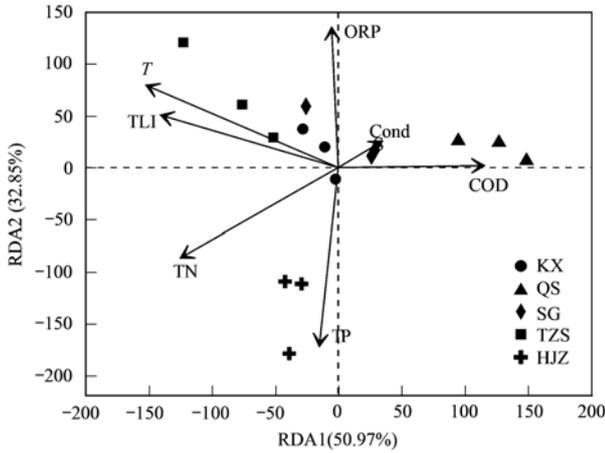


图3 浮游真菌物种与环境因子的 RDA 分析
Fig. 3 RDA ordination biplot between planktonic fungal species and environmental factors

2.4 属分类水平浮游真菌群落与环境因子的 Spearman 秩相关分析

为进一步明确属分类单元的浮游真菌与环境因子的相关性, 对属分类单元丰度前 20 的浮游真菌与环境因子进行 Spearman 秩相关分析, 相关性热图如 4 所示。结果表明链格孢属 (*Alternaria*)、芽枝霉属 (*Cladosporium*)、青霉属 (*Penicillium*)、线黑粉菌属 (*Filobasidium*)、丝孢酵母属和黑团孢属主要与 DO、Chla、TLI、pH、高锰酸盐指数、*T*、ORP 和 SD 等呈显著正相关 ($P < 0.05$), 侧齿霉属、*Naganishia*、篮状菌属、路德酵母属 (*Lodderomyces*)、*Acremonium* 主要与

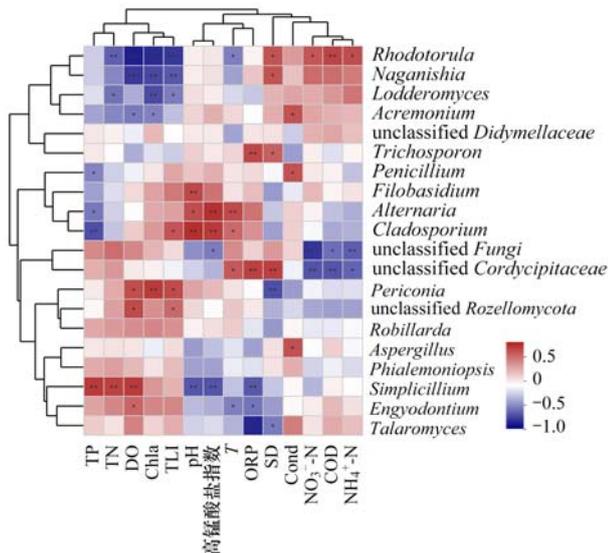


图4 浮游真菌属分类单元与环境因子的 Spearman 相关分析热图
Fig. 4 Heat map and hierarchical clustering tree of Spearman correlation analysis results of planktonic fungal genera and physicochemical water quality parameters

TN、DO、Chla、TLI、ORP 等呈显著负相关 ($P < 0.05$), 红酵母属与 TN ($R = -0.646$)、DO ($R = -0.888$)、Chla ($R = -0.844$)、TLI ($R = -0.796$) 显著负相关的同时, 与 SD ($R = 0.609$)、 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ ($R = 0.589$)、COD ($R = 0.661$) 和 $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ ($R = 0.632$) 显著正相关。

2.5 FUNGuild 功能预测分析

采用 FUNGuild 预测了不同样品真菌群落的营养型和功能群, 结果表明可被区分为 6 个不同的营养型 (trophic mode), 其中病理营养型 (pathotroph)、腐生营养型 (saprotroph) 和病理-腐生营养型 (pathotroph-saprotroph) 为主要组成, 占比分别为 1.27% ~ 75.83%、2.38% ~ 48.10% 和 11.22% ~ 96.20% (图 5)。其中黑鸡嘴样品以病理营养型为主, 其他样品均以病理-腐生营养型为主。病理营养型对应的真菌主要有 *Simplicillium*、侧齿霉属、*Cystobasidium*、丝孢酵母属和球腔菌属, 腐生营养型主要对应的是黑孢霉属 (*Nigrospora*)、线黑粉菌属 (*Filobasidium*)、篮状菌属和帚枝霉属 (*Sarocladium*), 病理-腐生营养型主要对应的为红酵母属、圆酵母属 (*Torula*) 和掷孢酵母属 (*Sporobolomyces*)。病理营养型主要分别植物病原菌 (plant pathogen) 和动物病原菌 (animal pathogen), 黑鸡嘴样品均显著高于其他样品。

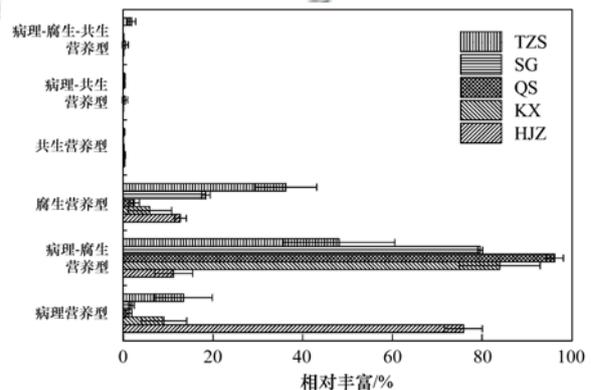


图5 不同样品真菌群落的营养型组成比例

Fig. 5 Relative abundance of trophic modes assigned by FUNGuild for the fungal communities

3 讨论

3.1 丹江口水库浮游真菌组成和功能

随着分子生物技术的发展, 高通量 DNA 测序技术为水环境微生物种群结构研究提供了新方法, 目前其已经用于水库、湖泊等淡水真菌种群, 表现出技术上的优势^[9,10,26,27]。商潘路等^[27]采用 Illumina MiSeq 高通量 DNA 测序技术分析了金盆水库不同深度真菌种群结构, 发现由接合菌门、担子菌门、子囊菌门和壶菌门这 4 门 14 纲 39 属的真菌组成。刘

晋仙等^[26]采用高通量测序对琵琶海、马营海和公海中不同深度的水生真菌群落进行分析,发现子囊菌门、担子菌门、壶菌门和隐真菌门为其优势种群。丹江口水库浮游真菌高通量测序结果表明其主要由子囊菌门和担子菌门等 6 门 22 纲 213 属组成,相较于高潘路等^[27]测定的 4 门 39 属群落更为丰富。优势种群子囊菌门和担子菌门为水体中常见的主要的真菌门,其占总群落的 83.91%~96.82%,占比组成与高潘路等^[27]和刘晋仙等^[26]的有较大差异,同时与 2017 年 5 月测定的丹江口水库浮游真菌组成也有较大差异^[10],表现出浮游真菌群落明显的时间和空间分布格局差异。

FUNGuild 等预测分析真菌功能平台的开发和优化,为真菌生态功能研究提供了良好的基础,目前其已少量应用于湖泊、海洋生态系统中真菌生态功能研究^[21,28,29]。Sun 等^[21]采用 FUNGuild 对海洋中夜光藻(*Noctiluca scintillans*)暴发过程中真菌功能进行预测,发现其主要由共生营养型(symbiotroph)、病理营养型和腐生营养型组成,病理营养型在消退阶段比例有明显提高。Luis 等^[28]对新喀里多尼亚红树林沉积物中真菌功能进行了分析,腐生营养型和病理-腐生-共生营养型(pathotrophs-saprotrophs-symbiotrophs)是其主要组成,同时病理型在湿季高于干季。目前水库中浮游真菌功能预测分析鲜见报道,FUNGuild 预测表明丹江口水库浮游真菌主要为病理营养型、腐生营养型和病理-腐生营养型,其组成与 Sun 等^[21]研究的海洋真菌和 Luis 等^[28]研究的海洋沉积物真菌功能组成有较大差异。其中黑鸡嘴样品中植物病原菌、动物病原菌均显著高于其他位点,可能因为黑鸡嘴点位为支流鹤河和丹江交汇进入丹江口水库,上流存在农耕施肥和畜牧养殖带来的农业面源污染^[30],潜在的物病原菌和动物病原菌随降雨等过程进入丹江口水库,造成一定的生态风险。该结果与 Zhang 等^[31]的研究结果一致,即西安 3 个城市湖泊中存在疾病相关的真菌种群。因此,后续丹江口水库生物监测,特别是病理营养型真菌监测需要加以重视。FUNGuild 虽然在一定程度上解析了真菌的功能,但由于这种方法是基于已有文献和数据,大部分真菌功能仍未被解析出来,具有一定的局限性。同时,浮游真菌中存在大量未知真菌(unclassified)^[10,26,27],可见浮游真菌的群落和功能具有复杂性,丹江口水库浮游真菌的群落和功能研究仍有待深入。

3.2 水质理化因素影响丹江口浮游真菌组成和功能

长期监测表明,丹江口水库水质总体较好^[32,33]。但库区周边及其上游河流存在农业面源、

工业废水以及村镇生活污水等污染,水体 TN 含量的范围为 1.201~2.129 mg·L⁻¹,虽然国家地表水断面考核总氮不参评,但仍存在一定程度的生态风险^[34]。有研究表明水体中浮游真菌群落受到水体类型及其 pH 值、温度、电导率以及氮、磷、有机质等理化性质的影响^[13,14,17,35]。水体中营养盐是广泛报道的对水体微生物群落结构具有重要影响的参数^[36,37],RDA 分析表明氮、磷营养盐(TN、TP)是影响丹江口水库浮游真菌群落的重要因素。Spearman 秩相关分析表明 *Simplicillium* 与 TN 和 TP 显著正相关,*Rhodotorula* 与 NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 显著正相关的同时,与 TN 显著负相关。*Simplicillium* 和 *Rhodotorula* 通过 FUNGuild 分别属于病理营养型和病理-腐生营养型。DO 是影响水体微生物的重要因素,Zhang 等^[31]的研究表明 DO 是影响西安城市湖泊浮游真菌的重要因素。Spearman 秩相关分析表明丹江口水库浮游真菌群落中 *Simplicillium*、黑团孢属、*Periconia* 与 DO 显著正相关,*Lodderomyces*、*Acremonium*、*Naganishia*、*Rhodotorula* 与 DO 显著负相关。Chla 能影响丹江口库区浮游真菌群落,与红酵母属、*Naganishia*、路德酵母属和 *Acremonium* 显著负相关,与黑团孢属显著正相关。高锰酸盐指数作为有机污染的指标,有小娟等^[38]的研究表明其是影响象山港内西沪港海域细菌群落结构的主要水环境因子。高锰酸盐指数与链格孢属和芽枝霉属显著正相关,与 *Simplicillium* 显著负相关。温度会影响真菌代谢活性,刘晓英^[39]对洱海水生真菌多样性进行的研究表明,温度与水生真菌多样性相关性较大。与之类似,温度是影响丹江口浮游真菌群落的重要因素。

4 结论

(1) 2019 年 10 月丹江口水库水质监测表明水质整体处于良好状态,符合 I 或 II 饮用水源标准。

(2) 高通量测序表明丹江口库区浮游真菌由于子囊菌门和担子菌门等 6 门及 213 属组成。环境因子与群落的 RDA 分析表明,氮磷营养盐(TN、TP)、T、ORP 和 TLI 等是影响浮游真菌分布的重要因素。

(3) FUNGuild 功能预测分析表明,丹江口浮游真菌的营养型和功能群主要为病理营养型、腐生营养型和病理-腐生营养型,其中病理营养型、病理-腐生营养型占比较高,存在一定程度的生态风险。

参考文献:

- [1] Bunse C, Pinhassi J. Marine bacterioplankton seasonal succession dynamics [J]. Trends in Microbiology, 2017, 25 (6): 494-505.
- [2] 李佳岭,牟晓真,李文均. 珠江河口的浮游细菌生态学研究发展[J]. 微生物学报, 2018, 58(4): 598-607.

- Li J L, Mou X Z, Li W J. Advances in ecological research of Pearl River Estuarine bacterioplankton[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2018, **58**(4): 598-607.
- [3] Liu L M, Yang J, Yu Z, *et al.* The biogeography of abundant and rare bacterioplankton in the lakes and reservoirs of China [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(9): 2068-2077.
- [4] Fan L M, Barry K, Hu G D, *et al.* Bacterioplankton community analysis in tilapia ponds by Illumina high-throughput sequencing [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2016, **32**(1), doi: 10.1007/s11274-015-1962-7.
- [5] Chen Z J, Xu G, Ding C Y, *et al.* Illumina MiSeq sequencing and network analysis the distribution and co-occurrence of bacterioplankton in Danjiangkou Reservoir, China[J]. *Archives of Microbiology*, 2020, **202**(4): 859-873.
- [6] 陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 等. 丹江口水库枯水期浮游细菌群落组成及影响因素研究[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(1): 336-344.
Chen Z J, Ding C Y, Zhu J Y, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton during low water periods in Danjiangkou Reservoir[J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(1): 336-344.
- [7] Zhang C L, Xie W, Martin-Cuadrado A B, *et al.* Marine Group II Archaea, potentially important players in the global ocean carbon cycle[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.01108.
- [8] Wurzbacher C M, Bärlocher F, Grossart H P. Fungi in lake ecosystems[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2010, **59**(2): 125-149.
- [9] Taylor J D, Cunliffe M. Multi-year assessment of coastal planktonic fungi reveals environmental drivers of diversity and abundance[J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(9): 2118-2128.
- [10] Chen Z J, Yuan J, Sun F, *et al.* Planktonic fungal community structures and their relationship to water quality in the Danjiangkou Reservoir, China[J]. *Scientific Reports*, 2018, **8**, doi: 10.1038/s41598-018-28903-y.
- [11] Kagami M, Amano Y, Ishii N. Community structure of planktonic fungi and the impact of parasitic chytrids on phytoplankton in Lake Inba, Japan [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **63**(2): 358-368.
- [12] Wang X, Singh P, Gao Z, *et al.* Distribution and diversity of planktonic fungi in the West Pacific Warm Pool[J]. *PLoS One*, 2014, **9**(7), doi: 10.1371/journal.pone.0101523.
- [13] Cudowski A, Pietryczuk A, Hauschild T. Aquatic fungi in relation to the physical and chemical parameters of water quality in the Augustów Canal[J]. *Fungal Ecology*, 2015, **13**: 193-204.
- [14] Goh T K, Hyde K D. Biodiversity of freshwater fungi [J]. *Journal of Industrial Microbiology*, 1996, **17**(5-6): 328-345.
- [15] Van Dijk E L, Auger H, Jaszczyszyn Y, *et al.* Ten years of next-generation sequencing technology [J]. *Trends in Genetics*, 2014, **30**(9): 418-426.
- [16] Tan B, Ng C, Nshimiyimana J P, *et al.* Next-generation sequencing (NGS) for assessment of microbial water quality: current progress, challenges, and future opportunities [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.01027.
- [17] Reich M, Wichels A, Panzer K, *et al.* Impacts of a reduction in seawater pH mimicking ocean acidification on the structure and diversity of mycoplankton communities[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2017, **79**(3): 221-233.
- [18] 张莉, 林佳宁, 张远, 等. ITS 高通量测序研究黄海微型真核浮游生物多样性及分布特征[J]. *环境科学*, 2018, **39**(5): 2368-2379.
- Zhang L, Lin J N, Zhang Y, *et al.* Eukaryotic micro-plankton community diversity and characteristics of regional distribution in the Yellow Sea by ITS high-throughput Sequencing [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(5): 2368-2379.
- [19] Nguyen N H, Song Z W, Bates S T, *et al.* FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild[J]. *Fungal Ecology*, 2016, **20**: 241-248.
- [20] 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.
- [21] 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.
- [22] 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.
- [23] 陈兆进, 陈海燕, 李玉英, 等. 南水北调中线干渠(河南段)浮游细菌群落组成及影响因素[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(4): 1505-1513.
Chen Z J, Chen H Y, Li Y Y, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton in the Main canal of the Mid-line Project of South-to-North Water Division in sections of Henan Province[J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(4): 1505-1513.
- [24] 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.
- [25] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, *et al.* Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(23): 7537-7541.
- [26] 刘晋仙, 李鑫, 罗正明, 等. 亚高山湖群中真菌群落的分布格局和多样性维持机制[J]. *环境科学*, 2019, **40**(5): 2382-2393.
- Liu J X, Li C, Luo Z M, *et al.* Distribution pattern and diversity maintenance mechanisms of fungal community in subalpine lakes [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5): 2382-2393.
- [27] 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.
- [28] Luis P, Saint-Genis G, Vallon L, *et al.* Contrasted ecological niches shape fungal and prokaryotic community structure in mangroves sediments[J]. *Environmental Microbiology*, 2019, **21**(4): 1407-1424.
- [29] Li W, Wang M M, Burgaud G, *et al.* Fungal community composition and potential depth-related driving factors impacting distribution pattern and trophic modes from Epi-to abyssopelagic zones of the Western Pacific Ocean [J]. *Microbial Ecology*, 2019, **78**(4): 820-831.
- [30] 王光谦, 左海凤, 魏加华, 等. 南水北调中线工程水源地老鹳河流域农业非点源污染关键源区识别[J]. *地学前缘*, 2010, **17**(6): 13-20.
Wang G Q, Zuo H F, Wei J G, *et al.* Identifying critical source areas for agricultural non-point source pollution in Laoguanhe

- Watershed of Middle Route of the South-to-North Water Diversion Project[J]. *Earth Science Frontiers*, 2010, **17**(6): 13-20.
- [31] Zhang H H, Wang Y, Chen S N, *et al.* Water bacterial and fungal community compositions associated with urban lakes, Xi'an, China [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2018, **15**(3), doi: 10.3390/ijerph15030469.
- [32] 张菲, 田伟, 孙峰, 等. 丹江口库区表层浮游细菌群落组成与 PICRUSt 功能预测分析[J]. *环境科学*, 2019, **40**(3): 243-251.
Zhang F, Tian W, Sun F, *et al.* Community structure and predictive functional analysis of surface water bacterioplankton in the Danjiangkou Reservoir[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 243-251.
- [33] 朱媛媛, 田进军, 李红亮, 等. 丹江口水库水质评价及水污染特征[J]. *农业环境科学学报*, 2016, **35**(1): 139-147.
Zhu Y Y, Tian J J, Li H L, *et al.* Water quality assessment and pollution profile identification of Danjiangkou Reservoir, China [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2016, **35**(1): 139-147.
- [34] 赵爽, 倪兆奎, 黄冬凌, 等. 基于 WQI 法的鄱阳湖水质演变趋势及驱动因素研究[J]. *环境科学学报*, 2020, **40**(1): 179-187.
Zhao S, Ni Z K, Huang D L, *et al.* Evolution of water quality of poyang lake using WQI method and driving factors identification [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(1): 179-187.
- [35] Solé M, Fetzer I, Wennrich R, *et al.* Aquatic hyphomycete communities as potential bioindicators for assessing anthropogenic stress[J]. *Science of The Total Environment*, 2008, **389**(2-3): 557-565.
- [36] 赵维, 王敬敬, 徐松, 等. 渤海湾表层海水中浮游细菌群落随离岸距离的分布特征及其影响因素[J]. *海洋学报*, 2019, **41**(12): 156-171.
Zhao W, Wang J J, Xu S, *et al.* Distribution characteristics and influencing factors of bacterioplankton community with offshore distance variation in the surface seawater of Bohai Bay [J]. *Haiyang Xuebao*, 2019, **41**(12): 156-171.
- [37] Wang Y Q, Sen K, He Y D, *et al.* Impact of environmental gradients on the abundance and diversity of planktonic fungi across coastal habitats of contrasting trophic status[J]. *Science of The Total Environment*, 2019, **683**: 822-833.
- [38] 有小娟, 李秋芬, 张艳, 等. 象山港内西沪港海域沉积环境细菌群落结构的时空变化及其主要环境影响因子[J]. *应用与环境生物学报*, 2013, **19**(5): 742-749.
You X J, Li Q F, Zhang Y, *et al.* Spatial and temporal variation of bacterial community structures and their main environmental influencing factors in sediment environment of Xihu Area in Xiangshan Bay [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2013, **19**(5): 742-749.
- [39] 刘晓英. 洱海水生真菌多样性及 *Minimelanolus* 属形态与系统学研究[D]. 大理: 大理大学, 2016.
Liu X Y. Studies of aquatic fungal diversity in Erhai Lake and morphology, molecular phylogenetic systematics of *Minimelanolus*[D]. Dali: Dali University, 2016.

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)