

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

环境DNA宏条形码监测湖泊真核浮游植物的精准性

张丽娟, 徐杉, 赵峥, 周小华, 冯庆, 杨江华, 李飞龙, 王志浩, 张效伟



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年2月

第42卷 第2期
Vol.42 No.2

目次

2013~2017年中国PM _{2.5} 污染防治的健康效益评估	张梦娇, 苏方成, 徐起翔, 张瑞芹, 魏煜, 谢刘震	(513)
区域气象条件和减排对空气质量改善的贡献评估	武文琪, 张凯山	(523)
2016年1月京津冀地区大气污染特征与多尺度传输量化评估	姚森, 张哈宇, 王晓琦, 杨书申	(534)
广州市2020年春节期间烟花爆竹燃放对空气质量的影响	裴成磊, 王宇骏, 毕燕茹, 廉秀峰, 周倩妮, 王在华, 马理, 李梅	(546)
长三角地区一次区域污染过程中细颗粒物的来源解析及其光学特性	夏丽, 朱彬, 王红磊, 康汉青	(556)
南京市不同天气过程下颗粒物中水溶性离子分布特征及其来源解析	张杨, 王红磊, 刘安康, 陈魁, 张艺馨, 刘思晗	(564)
天津市冬季气溶胶吸湿因子的粒径分布特征	丁净, 张裕芬, 郑乃源, 张会涛, 余卓君, 李立伟, 元洁, 唐森, 冯银厂	(574)
输送、滞留叠加海上回流的长时间沙尘天气影响判断及贡献分析	张哲, 乔利平, 周敏, 黄丹丹, 安静宇, 郭会琴, 王红丽, 黄成, 董赵鑫, 王书肖	(584)
洛阳市秋冬季PM _{2.5} 中多环芳烃的污染特征、来源解析及健康风险评价	齐静文, 张瑞芹, 姜楠, 李利萍, 苗青青	(595)
郑州市臭氧污染变化特征、气象影响及输送源分析	王旭东, 尹沙沙, 杨健, 袁明浩, 张瑞芹, 李亚松, 卢轩	(604)
基于正交试验的臭氧及其前体物的非线性响应及控制方案	李光耀, 陈强, 郭文凯, 张瑞欣, 夏佳琦	(616)
汽车工业区大气挥发性有机物(VOCs)变化特征及来源解析	叶露, 邵菁菁, 俞华明	(624)
兰州市高分辨率人为源排放清单建立及在WRF-Chem中应用评估	郭文凯, 李光耀, 陈冰, 夏佳琦, 张瑞欣, 刘晓, 朱玉凡, 陈强	(634)
2010~2017年四川省机动车污染物排放趋势分析	李媛, 石嘉诚, 陈军辉, 潘玉瑾, 周虹辉, 范武波, 叶宏, 钱骏, 刘政	(643)
珠江三角洲海陆交互沉积物中镉生物有效性及生态风险评价	王芳婷, 包科, 陈植华, 黄长生, 张彩香, 赵信文, 刘学浩	(653)
乌梁素海流域地表水中全氟化合物分布、来源及其生态风险	史锐, 毛若愚, 张梦, 吕永龙, 宋帅, 赵纪新	(663)
乌梁素海冰盖中微塑料的分布特征及其与盐度、叶绿素a的响应关系	王志超, 杨建林, 杨帆, 杨文焕, 李卫平, 李兴	(673)
张家口清水河拦沙坝对磷输移、滞留的影响	王维, 李叙勇	(681)
三峡水库典型支流磷素赋存形态特征及其成因	杨凡, 王丽婧, 纪道斌, 李虹, 李莹杰, 李鑫, 许杨, 田盼, 吴雅婷	(688)
巢湖沉积物氮磷分布及污染评价	王艳平, 徐伟伟, 韩超, 胡维平	(699)
巢湖南淝河河口底泥污染特征及疏浚决策	杨盼, 杨春晖, 马鑫雨, 尹洪斌	(712)
氧化强化对氢氧化钙原位固磷效果的影响	徐楚天, 李大鹏, 岳薇, 吴宇涵, 孙培荣, 汤尧禹, 黄勇	(723)
降雨径流事件对三峡水库香溪河库湾甲烷释放的影响	陈敏, 许浩震, 王雪竹, 肖尚斌	(732)
典型喀斯特河流-水-气界面二氧化碳交换特性及其营养调控因素	刘睿, 张静, 陈祖胜, 倪茂茂, 刘文胜	(740)
江苏省代表性水源地抗生素及抗性基因赋存现状	王龙飞, 程逸群, 胡晓东, 朱金鑫, 李轶	(749)
尾矿库水体环境抗生素抗性基因的分布特征	黄福义, 朱永官, 苏建强	(761)
涡河流域中部地区地下水化学特征及其成因分析	郑涛, 焦团理, 胡波, 龚建师, 侯香梦, 王赫生	(766)
天津七里海湿地水化学组成及主要离子来源分析	何明霞, 张兵, 夏文雪, 崔旭, 王中良	(776)
秸秆覆盖与氮减施对土壤氮分布及地下水氮污染影响	张万锋, 杨树青, 孙多强, 靳亚红, 姜帅, 刘鹏	(786)
环境DNA宏条形码监测湖泊真核浮游植物的精准性	张丽娟, 徐杉, 赵峰, 周小华, 冯庆, 杨江华, 李飞龙, 王志浩, 张效伟	(796)
浮游植物群落及粒径结构对光吸收特性的影响	黄新, 施坤, 张运林, 朱广伟, 周永强	(808)
松花江干流2014~2019年夏季着生藻类群落结构特征及其对环境因子的响应	于宗灵, 陈威, 赵然, 李中宇, 董英莉, 张蕊, 王业耀, 金小伟	(819)
汛期前后老鹳河干流人类干扰下浮游细菌多样性及功能预测	韩雪梅, 龚子乐, 杨晓明, 李玉英, 陈兆进, 朱会会, 王凡梅	(831)
两种典型PPCPs在潜流人工湿地中的季节性去除效果及降解产物	李超予, 杨怡潇, 张宁, 谢慧君, 胡振, 张建	(842)
人工生态系统对城市河流中抗生素和ARGs的去除	周海东, 黄丽萍, 陈晓萌, 李丹妍, 李昕, 崔锦裕	(850)
紫外氯胺组消毒供水系统中病毒微生物的分布特征	韩雪, 孙坚伟, 张力, 王哲明, 白晓慧	(860)
高炉水渣负载硫化纳米零价铁对水中土霉素去除	孙秋楠, 张荣斌, 邓曼君, 李远, 王学江	(867)
胺硫改性生物炭对水溶液中不同重金属离子的吸附特性及吸附稳定性	汪存石, 何敏霞, 周峰, 陈靛, 祝建中	(874)
电凝聚氧化耦合工艺的有机物处理特性及去除机制解析	谢新月, 许建军, 张少华, 刘雨果, 金鑫, 金鹏康	(883)
微米零价铁对剩余活性污泥和餐厨垃圾厌氧联合消化的加强效果及机制	陈圣杰, 姚福兵, 皮洲洁, 侯坤杰, 何丽, 李小明, 王东波, 杨麒	(891)
河南省典型工业区周边农田土壤重金属分布特征及风险评价	孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 杨军, 郑国砥, 乔鹏炜, 卞建林, 陈同斌	(900)
南京市绿地土壤重金属分布特征及其污染评价	陈佳林, 李仁英, 谢晓金, 王红, 徐静, 邵京, 简静, 阿克居里·乌尔曼, 沈嘉, 央宗	(909)
复合改良剂FZB对砷污染土壤的修复效果	丁萍, 贺玉龙, 何欢, 余江	(917)
石灰配施有机物料修复酸性Cd污染稻田	李光辉, 成晴, 陈宏	(925)
叶面喷施纳米MnO ₂ 对水稻富集镉的影响机制	周一敏, 黄雅媛, 刘晓月, 李冰玉, 刘羽翼, 李卓晴, 王薪琪, 雷鸣	(932)
典型喀斯特地区土壤-作物系统镉的富集特征与污染评价	王锐, 邓海, 贾中民, 严明书, 周蛟, 董金秀, 王佳彬, 余飞	(941)
辣椒果实高中低镉型对镉的富集、转运特性及在亚细胞分布特点比较	邵晓庆, 贺章咪, 徐卫红	(952)
4种草本植物对镉的富集特征	陈迪, 李伯群, 杨永平, 和兆荣, 李雄	(960)
不同施肥条件下紫色土旱坡地可溶性有机碳流失特征	熊子怡, 郑杰炳, 王丹, 王富华, 王鑫燕, 王子芳, 高明	(967)
降雨变化对荒漠草原植物群落多样性与土壤C:N:P生态化学计量特征的影响	高江平, 赵锐锋, 张丽华, 王军锋, 谢忠奎	(977)
水分管理对水稻生长与根际激发效应的影响特征	林森, 肖谋良, 江家彬, 魏亮, 李科林, 刘守龙, 祝贞科, 葛体达, 吴金水	(988)
铜胁迫对小麦根系微域微生物群落的影响	葛艺, 徐民氏, 徐绍辉, 徐艳	(996)
臭氧污染、氮沉降和干旱胁迫交互作用对杨树叶和细根非结构性碳水化合物的影响	李品, 周慧敏, 冯兆忠	(1004)
颗粒物有机源示踪物的筛选与应用综述	李源速, 吴爱华, 童梦雪, 栾胜基, 李鸷	(1013)
《环境科学》征订启事		(522)
《环境科学》征稿简则		(722)
信息		(748, 899, 924)

汛期前后老鹳河干流人类干扰下浮游细菌多样性及功能预测

韩雪梅^{1,2}, 龚子乐^{1,2}, 杨晓明^{1,2}, 李玉英^{1,2*}, 陈兆进^{1,2}, 朱会会^{1,2}, 王凡梅^{1,2}

(1. 南阳师范学院水环境与资源工程学院, 南阳 473061; 2. 南阳师范学院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, 南水北调中线水源区水安全河南省协同创新中心, 南阳 473061)

摘要: 老鹳河是丹江口水库距离调水口最近的入库支流, 水质好坏直接影响调水安全。为探究老鹳河干流汛期前后浮游细菌的群落组成和功能变化规律, 分别于 2018 年和 2019 年汛期前(5 月)与汛期后(10 月)对老鹳河干流 4 个典型生态位点进行水质分析和浮游细菌高通量测序, 杨河位点(YH)属轻度干扰; 西峡北位点(XX)属中度干扰; 挡子岭位点(DZL)属重度干扰; 张营位点(ZY)属中度干扰。结果表明, 老鹳河干流浮游细菌由 40 门 599 属组成, 汛期前浮游细菌多样性高于汛期后, 中度干扰有利于 Shannon-Wiener 指数的提高。LEfSe 分析显示, 汛期前优势门中杨河的装甲菌门, 西峡北的 Epsilonbacteraeota 和厚壁菌门, 挡子岭的蓝藻门与其他样点有显著性差异; 汛期后仅挡子岭的厚壁菌门和蓝藻门与其他样点有显著性差异。浮游细菌群落 PCoA 分析显示, 汛期前后各个样点区分明显, 汛期前各样点间群落差异大于汛期后; RDA 和 CCA 分析表明, 流经县城后引起浮游细菌多样性下降的主要环境因子为总氮和氨氮。PICRUSt 浮游细菌功能基因预测发现, COG 基因 10 大类功能家族为优势类群。与氮代谢相关的 30 个 KO 功能基因呈现出汛期前样点间差异大于汛期后, 汛期前杨河碳酸酐酶基因(*cynT* 和 *can*)与其他样点差异显著的特征。氮和磷是老鹳河调控浮游细菌群落结构和水体富营养化的主要因子, 氮输入的变化会造成河流不同区域氮代谢功能的改变。

关键词: 老鹳河; 浮游细菌; 高通量测序; 氮功能预测; 人类干扰

中图分类号: X172; X52 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)02-0831-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202007082

Diversity and Function Prediction of Bacterioplankton Under Human Disturbance in the Main Stream of the Laoguan River Before and After the Flood Season

HAN Xue-mei^{1,2}, GONG Zi-le^{1,2}, YANG Xiao-ming^{1,2}, LI Yu-ying^{1,2*}, CHEN Zhao-jin^{1,2}, ZHU Hui-hui^{1,2}, WANG Fan-mei^{1,2}

(1. School of Water Resources and Environmental Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China; 2. International Joint Laboratory of Watershed Ecological Security and Collaborative, Innovation Center of Water Security for Water Source Region of Middle Route Project of South-North Water Diversion in Henan Province, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China)

Abstract: The Laoguan River is the tributary of Danjiangkou Reservoir located nearest to the water diversion outlet, and water quality here directly affects the safety of the diverted water. To explore the community composition and functional change of bacterioplankton in the Laoguan River before and after the flood season, four representative sites were sampled in the main stream before (May) and after (October) the 2018 and 2019 flood seasons. Water quality was assessed and high-throughput sequencing of bacterioplankton was performed. Yanghe (YH) was slightly disturbed, Xixiabei (XX) was moderately disturbed, Dangziling (DZL) was heavily disturbed, and Zhangying (ZY) was moderately disturbed. In total, 599 genera from 40 phyla were collected. The diversity of bacterioplankton before the flood season was higher than afterwards, and moderate levels of disturbance increased the Shannon-Wiener diversity index. LEfSe analysis indicated that significant differences existed in some dominant phyla; Armatimonadete in Yanghe, Epsilonbacteraeota and Firmicutes in Xixiabei, and Cyanophyta in Dangziling dominated before flood season, while significant differences only occurred in Firmicutes and Cyanophyta in Dangziling after the flood season. The PCoA of the bacterioplankton community showed that the sampling points were distinct before and after the flood season, and that differences among samples were greater before the flood season. The RDA and CCA indicated that total nitrogen and ammonia nitrogen were the main environmental factors causing declines in bacterioplankton diversity. PICRUSt showed a total of ten dominant categories of COG function genes. A total of 30 KO function genes related to nitrogen metabolism group also different between the two periods, with greater differences before flood season. The genes *cynT* and *can* in Yanghe were significant different from the other three sampling points before the flood season. Overall, nitrogen and phosphorus were the main factors regulating the bacterioplankton community structure and eutrophication in the Laoguan River. Changes in nitrogen inputs will result in changes in microbial nitrogen metabolic

收稿日期: 2020-07-09; 修订日期: 2020-08-03

基金项目: 国家自然科学基金项目(51879130, 31300442, U1704124); 清华大学开放研究基金项目(klhse-2019-B-04); 河南省教育厅重点项目(18B180020, 19B180007)

作者简介: 韩雪梅(1981~), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为环境生物学, E-mail: hanxueimei916@163.com

* 通信作者, E-mail: lyying200508@163.com

function in different regions of the river.

Key words: Laoguan River; bacterioplankton; high-throughput sequencing; nitrogen function prediction; human disturbance

了解自然生物多样性,并确定调节群落构建和多样性模式(空间或时间)的主要因素,对于预测生态系统功能对环境变化的反应具有重要作用^[1]. 高通量测序技术易操作、成本低廉,能快速高通量得到特定的 DNA 片段,更全面地展示生物群落的组成结构,极大地推动了浮游生物多样性研究^[2~4]. 浮游细菌是水域生态系统的重要组成部分,参与有机物降解及营养物的循环过程,维持生态系统的功能和进程^[5]. 浮游细菌群落在水域生态系统中高度可变,水体的物理化学特征、有机质的浓度和类型以及食物网的组成和物种间的相互作用等均能影响浮游细菌的群落组成^[6,7]. 微生物介导的氮代谢是地球氮循环的主要驱动力,其通过同化和异化等代谢过程影响水域生态系统中的物质循环和污染物释放^[8],在氨氧化、硝化、硫酸盐还原和甲烷生产等生物化学循环过程中起着重要作用^[9,10],基于基因组预测氮循环过程,有利于理解生物与地球环境相互作用及协同演化的机制,从而更好地保护水生态环境^[11].

浮游细菌空间格局的形成,受空间异质性和空间连通度的影响,水域生态系统中水位的变化(包括汛期)改变了空间连通度,进而影响了群落空间构成. 乡镇和城区人类活动和土地利用方式的改变是造成流域空间差异的主要原因^[12],因此,汛期前后水位相似状况下,了解群落较低扩散水平维持时间长短带来的浮游细菌群落多样性和功能差异,以及对环境压力和干扰变化作出的复杂反应^[13,14],对于了解水域生态系统中浮游细菌在生态系统中的功能和作用,治理和保护水生态环境具有深远的意义^[7]. 老鹳河位于长江流域汉江水系丹江口水库上游,是丹江口水库距离调水口最近的入库支流,更是南水北调中线工程核心水源区的重要水源涵养区和浸没区. 近些年来,研究南水北调水源地主要是针对水库主库区的水环境^[15,16]、调水前后的水质变化^[17]和农业面源污染^[18]等方面展开调查,对入库支流水质以及生物环境变化研究较少. 随着丹江口水库周边地区社会经济环境的快速发展和城镇化水平的不断提高,对入库支流所受的自然和人为因素开展水质监测,对于确保南水北调中线供水水质安全具有重要的意义.

丹江口水库老鹳河干流流经乡镇和县城,选取4个典型生态采样位点,代表人类不同干扰强度下生境变化,采用高通量测序技术分析浮游细菌群落结构,基于 PICRUS1 进行浮游细菌功能基因预测,尤

其是氮循环功能基因多样性,结合水质环境理化指标,进一步探讨引起浮游细菌群落结构和功能变化的环境因子,以期老鹳河流域水资源可持续开发、利用以及环境保护政策的制定提供参考依据.

1 材料与方法

1.1 老鹳河干流样点概况

老鹳河发源于洛阳市栾川县冷水乡南泥湖村,自西北向东南,流经栾川、卢氏、西峡,至淅川县金河镇上河村注入丹江口水库,是丹江口水库上游的主要支流. 河流全长 255 km,总流域面积 4 219 km²,多年平均流量 40 m³·s⁻¹,河流流经深山区,泥沙含量小,多年平均含沙量 1.45 kg·m⁻³. 该流域属北亚热带季风区大陆性气候,多年平均降水量约 816 mm,集中于 7~9 月,降水量在时间和空间上分布很不均匀.

沿老鹳河干流自上游至下游选取 4 个采样位点,杨河样点(YH)以上河段流经山区,受人类活动干扰较少,代表轻度干扰. 西峡北样点(XX)位于西峡县城城区入口处,这 2 个样点间流经区域主要受乡镇生活和农业用地影响,代表中度干扰. 堵子岭样点(DZL)位于西峡县和淅川县两城区交界处,流经西峡县城,主要受城市生活和工业用水排放影响,代表重度干扰;张营样点(ZY)位于淅川县城出口处,流经淅川县城,淅川县是丹江口库区水质重点保护区,与西峡县相比,受到干扰减少,代表中度干扰(图 1).

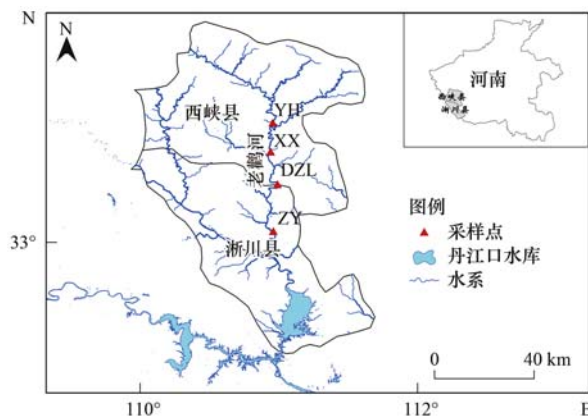


图 1 老鹳河干流采样点分布示意

Fig. 1 Location of sampling sites in the main stream of the Laoguan River

1.2 水样采集与水质理化指标测定

每年 7~9 月为老鹳河汛期^[19,20],水质样品采集分别于 2018 年和 2019 年的 5 月(汛期前)和 10

月(汛期后)枯水期(水位相似)进行取样,共计采样4次。柱状采水器采取0 m~0.5 m 表层水2 L,每个样点平行采样3次^[21]。所取水样600 mL置于预先灭菌容器中低温保存,带回实验室提取细菌总DNA,剩余水样完成水质指标测定。

水质理化指标测定参照《地表水环境质量标准》(GB 38382-2002)^[21],采用多参数水质测定仪(YSI EXO)现场测定溶解氧(DO)、电导率(Cond)、氧化还原电势(ORP)、pH 值和水温(T)。采用SAN⁺⁺连续流动分析仪测定总磷(TP)、总氮(TN)、氨氮(NH_4^+-N)和硝氮(NO_3^--N)质量浓度;采用重铬酸钾回流法测定化学需氧量(COD);采用分光光度法测定叶绿素a(Chla)质量浓度^[22]。

1.3 总DNA提取和高通量测序

600 mL 表层新鲜水样先经20 μm 筛绢过滤以除去样品中所含有的大型浮游植物和浮游动物,再用0.22 μm 无菌微孔滤膜过滤以收集浮游细菌。滤膜剪碎后置于50 mL 无菌离心管中,按照Omega Water DNA Kit(Omega, USA)的操作步骤,提取浮游细菌总DNA。最后采用微量紫外分光光度计(NanoDrop® ND-1000, Wilmington, DE, USA)测定提取得到的总DNA的浓度和纯度。采用通用引物(338F/806R)对细菌16S rRNA 基因的V3~V4 区进行PCR 扩增,扩增体系为5 $\times$ FastPfu 缓冲液4 μL 、2.5 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs 2 μL 、上游引物(5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$)0.8 μL 、下游引物(5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$)0.8 μL 、FastPfu 聚合酶0.4 μL 和DNA 模板10 ng,补充ddH₂O 至20 μL 。PCR 扩增的反应体系为:94 $^{\circ}\text{C}$, 5 min; 30 $\times$ (94 $^{\circ}\text{C}$, 30 s; 54 $^{\circ}\text{C}$, 30 s; 72 $^{\circ}\text{C}$, 45 s); 72 $^{\circ}\text{C}$, 10 min^[23,24]。上海美吉生物医药科技有限公司的MiSeq PE300 测序仪(Illumina Inc, San Diego, CA, USA)完成高通量测序。

1.4 数据分析

1.4.1 生物信息学分析

利用QIIME(Quantitative Insights into Microbial Ecology)软件对高通量测序数据进行生物信息学分析,依据序列相似度,将序列划分为不同的OTU(operational taxonomic unit)。统计各个样品含有OTU 类型数和每种类型OTU 中含有的序列数,得到每个OTU 的分类学信息^[25]。

1.4.2 生物多样性与标记物分析

Sobs 指数、Ace 指数和Chao1 指数表征 OTU 丰富度; Shannon-Wiener 指数(H')表征群落多样性; Simpson Dominance(D)表征群落优势度。

LEfSe 在线工具寻找组与组之间有统计学差异的生物标志物,进一步确定各组细菌丰富度差

异^[26]。LEfSe 法可以分析不同样品中的差异类群,所有菌在门、纲、目、科和属水平的差异信息用饼图表示,最内圈表示门水平的差异,依次往外的圈表示纲、目、科和属,不同颜色扇形面积表示在此范围内的菌均有差异。

1.4.3 PICRUST 功能预测分析

采用PICRUST 软件预测浮游细菌功能,利用QIIME 获得的 closed OTU Table 与 COG 数据库和KEGG 数据库进行比对,获得功能预测信息,具体分析步骤基于在线分析平台(<http://picrust.github.io/picrust/>)^[27]。

1.4.4 统计学分析

Adonis(非参数多因素分析)分析不同分组因素对样品差异的解释度, Mantel Test 用于检验群落距离矩阵和环境变量距离矩阵之间的相关性。DCA(detrended correspondence analysis)、PCoA(principal coordinates analysis)、RDA(redundancy analysis)和CCA(canonical correspondence analysis)用于分析样点和浮游细菌群落的分布特征以及与环境因子之间的相互关系^[28]。相关统计分析基于R3.6.0 软件vegan 软件包完成。

单因素或多因素ANOVA 用于探讨样点间环境因子和浮游细菌群落的差异, Tukey HSD 比较两两之间的不同, $P < 0.05$ 表示有显著性差异,相关统计分析在IBM SPSS Statistics 23 软件中完成。

2 结果与分析

2.1 老鹳河干流水质理化性质

老鹳河干流杨河、西峡北、垵子岭和张营这4 个样点主要理化指标分析结果显示(表1),杨河作为采样起点,与其他样点相比, TN、 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 、TP、Chla 和 DO 的质量浓度较低, ORP 值最高。与杨河相比,西峡北样点的 DO、TN、 NO_3^--N 和 TP 较高。水流到达垵子岭后, ORP 值降低, DO、TN、 NO_3^--N 和 TP 与西峡北相似,但 NH_4^+-N 和 Chla 的质量浓度有所上升。从淅川县城流出到达张营样点后, COD 有所升高,但 TN、 NH_4^+-N 和 TP 质量浓度有所降低。

2.2 浮游细菌群落组成

此次测序,获得有效样本数目45,有效序列数目2 275 419,有效碱基数目976 356 700,序列平均长度429 bp, 4 个样点操作分类单元 OTUs 平均数712。浮游细菌由40 门组成,隶属599 属。杨河样品包含36 门, 453 属;西峡北样品包括32 门, 526 属;垵子岭样品包括35 门, 444 属;张营样品包括37 门, 529 属。

表 1 老鸹河干流水质主要理化参数¹⁾

Table 1 Physicochemical parameters of water quality in the main stream of the Laoguan River											
采样位点	DO /mg·L ⁻¹	Cond /μS·cm ⁻¹	ORP/mV	pH 值	T/℃	COD /mg·L ⁻¹	TN /mg·L ⁻¹	NH ₄ ⁺ -N /mg·L ⁻¹	NO ₃ ⁻ -N /mg·L ⁻¹	TP /mg·L ⁻¹	Chla /μg·L ⁻¹
YH	1.48a	295.33ab	185c	8.27bc	28.20b	38.15ab	0.98a	0.044a	0.599a	0.003a	1.66a
XX	4.99b	280.67a	150.33bc	7.43a	23.40a	16.83a	1.75bc	0.072a	1.379b	0.041b	1.18a
DZL	5.21b	339.33ab	103.67a	8.63c	28.20c	18.40a	2.33c	0.425b	1.530b	0.051b	11.83b
ZY	3.35ab	367.33b	141.33ab	8.13b	24.33a	61.73b	1.47ab	0.035a	1.260b	0.019a	11.29b

1) 同一列不同小写字母表示样点在 $P < 0.05$ 水平达到显著性差异, $n = 4$

γ -变形菌纲 (γ -Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、蓝藻门 (Cyanobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia) 和装甲菌门 (Armatimonadetes) 的序列总和占全部序列的 95.2% ~ 98.84%, 为优势门. γ -Proteobacteria 和拟杆菌门为优势度最高的两大类群, γ -Proteobacteria 在 4 个样点的占比均在 30% 以上, 拟杆菌门占比接近 20%. 从汛期前到汛期后, 这 2 个类群在杨河和西峡北的丰度均有所上

升, 而在张营的丰度都有所下降. 放线菌门为汛期前 4 个样点的第 3 优势门, 但到汛期后除杨河样点外, 其他 3 个样点第 3 优势门转变为厚壁菌门. LEfSe 分析表明 (图 2), 优势门中, 汛期前杨河的装甲菌门, 西峡北的 Epsilonbacteraeota 和厚壁菌门, 挡子岭的蓝藻门与其他样点有显著性差异; 而在汛期后, 仅挡子岭的厚壁菌门和蓝藻门与其他样点有显著性差异 ($P < 0.05$).

属的水平上进行 LEfSe 分析表明 (图 2), 汛期

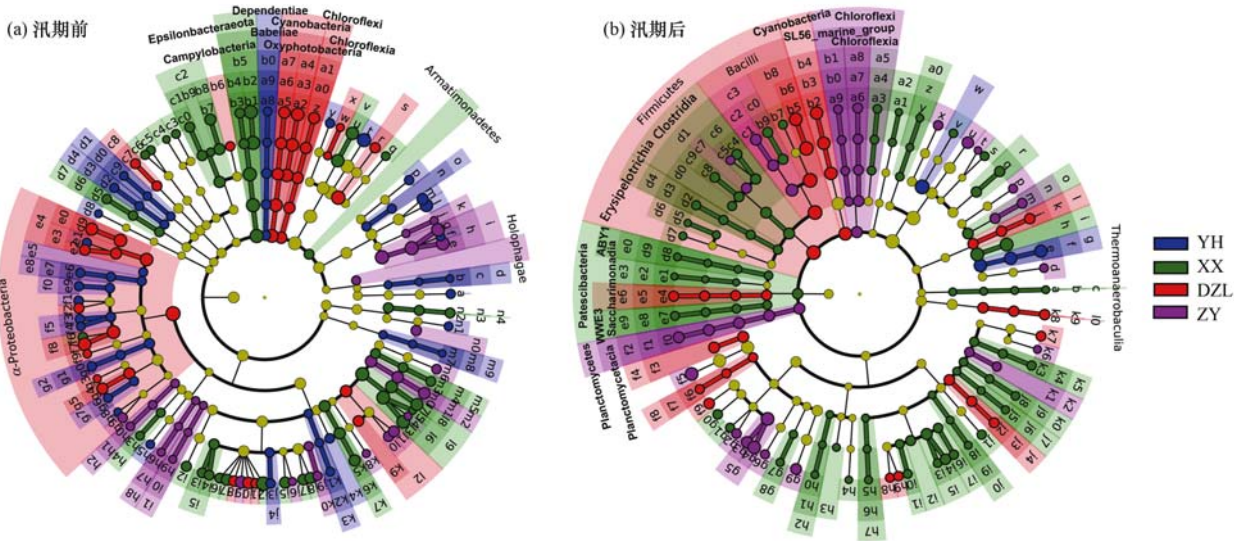


图 2 老鸹河干流不同样点差异细菌分布 LEfSe 分析

Fig. 2 LEfSe analysis of bacterioplankton in the main stream of the Laoguan River

前, 杨河样品中 38 属与其他样点有差异, 其中 γ -Proteobacteria 的 *Limnohabitus*, α -Proteobacteria 的 *Sphingorhabdus*, 拟杆菌门的 *Sediminibacterium*、*Pseudarcicella*, 装甲菌门的 *Armatimonas*, 放线菌门的 *Candidatus_Aquiluna* 为优势属; 西峡北样品中 57 属有差异, 其中 γ -Proteobacteria 的 *Acinetobacter*、*Malikia*、*C39* 和 *Hydrogenophaga*, 放线菌门的 *CL500-29_marine_group* 为优势属; 挡子岭样品中 30 属有差异, α -Proteobacteria 的 *Rhodobacter*, 拟杆菌门的 *Candidatus_Aquiesstis*、放线菌门的 *Mycobacterium* 为优势属; 张营样品中 24 属有差异, 仅放线菌门的 *hgcI_clade* 为优势属. 与汛期前相比, 汛期后具有差异的属较少. 杨河样品中 4 属有差

异, 其中放线菌门的 *Candidatus_Aquiluna* 为优势属; 西峡北样品中 6 属有差异, 仅拟杆菌门的 *Cloacibacterium* 为优势属; 挡子岭样品中 20 属有差异, 其中厚壁菌门的 *Bacillus* 和蓝藻门的 *Cyanobium_PCC-6307* 为优势属; 张营样品中 33 属有差异, 其中 α -Proteobacteria 的 *Phenylobacterium*, 放线菌门的 *CL500-29_marine_group* 和厚壁菌门的 *Enterococcus* 为优势属.

2.3 浮游细菌多样性

老鸹河 4 个样点样品文库覆盖率均在 98.8% 以上, 能够反映该区域浮游细菌群落的种类和结构. 汛期前多样性指数均显著高于汛期后 (Student's t -test, $P < 0.05$). 汛期前后一些多样性指数在样点

间变化趋势相似(表 2),杨河到西峡北 Shannon-Wiener 指数均有所上升;西峡北到垵子岭 Sobs、Ace 和 Chao1 指数均呈现出下降的特点;而垵子岭到张营 Chao1 指数又有所上升。

表 2 老鹳河干流浮游细菌群落多样性分析¹⁾

Table 2 Diversity indices of bacterioplankton in the main stream of the Laoguan River							
时期	采样位点	序列数	Sobs 指数	Ace 指数	Chao1 指数	H'	D
汛期前	YH	51 316a	879b	1 740b	1 371b	3. 868a	0. 044a
	XX	53 001a	885b	1 571b	1 326b	4. 409b	0. 033a
	DZL	52 675a	762a	1 358a	1 155a	4. 388b	0. 037a
	ZY	57 832a	810ab	1 550b	1 283b	4. 38b	0. 032a
汛期后	YH	45 578ab	426a	1 029a	728a	3. 129a	0. 103b
	XX	53 118b	767c	1 446b	1 160c	3. 931b	0. 064ab
	DZL	41 681a	456a	745a	643a	3. 82b	0. 062ab
	ZY	46 784ab	651b	1 013a	944b	4. 034b	0. 055a

1) 不同小写字母表示同一时期同一指标不同位点间差异显著, $P < 0. 05$; 汛期后,XX, $n = 5$,DZL, $n = 4$,其余 $n = 6$

两个采样时期,分别在 OTU 水平上对老鹳河干流 4 个样点浮游细菌群落进行 Adonis 分析和 PCoA 排序。汛期前,Adonis ($R^2 = 0. 418\ 2$, $P = 0. 001$) 表明,不同分组间存在极显著差异。PCoA 显示[图 3 (a)],PC1 轴解释度为 27. 04%,PC2 轴解释度为 21. 11%。沿 PC2 轴方向浮游细菌群落对 4 个样点分组清晰,杨河与西峡北差异最为明显,从垵子岭到

张营,群落结构又与杨河逐渐接近,这与多样性指数分析结果相一致。汛期后,Adonis ($R^2 = 0. 271\ 4$, $P = 0. 039$) 表明,不同分组间存在显著性差异,但区别不如汛期前明显。PCoA 显示[图 3 (b)],PC1 轴解释度为 45. 42%,PC2 轴解释度为 19. 75%。沿 PC1 轴方向 4 个样点区分不明显,沿轴 2 方向样点在不同年份分布有所差异。

2.4 浮游细菌群落与环境因子相关性

2018 年,Mantel Test 分析表明,理化因子与浮游细菌群落优势属间存在极显著相关性 ($P = 0. 003$),DCA 分析第一轴长为 2. 810 1 (< 4),理化参数与优势属进行 RDA 排序[图 4 (a)],RDA1 轴解释度为 35. 33%,RDA2 轴解释度为 18. 28%。汛期前后各样点区分明显,与 TN、ORP、DO 和 T 有关。汛期前,杨河与其他样点差异较大,引起群落差异的主要环境因子为 T 和 ORP。汛期后,张营与其他样点差异较大,引起差异的主要环境因子为 TN、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 pH 值。排序图也表明,*Malikia* 和 *Flavobacterium* 与 pH 值和 Cond 正相关。

2019 年,Mantel Test 分析表明,理化因子与浮游细菌群落优势属间也存在显著相关性 ($P = 0. 001$),DCA 分析第一轴长为 3. 776 ($> 3. 5$),理化指标与优势属进行 CCA 排序[图 4 (b)],CCA1 轴解释度为 41. 62%,CCA2 轴解释度为 12. 89%。汛期前后样点区分更为明显,汛期后 DO、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 ORP 较高。汛期前,杨河和张营群落相似,西峡北和垵子岭群落相似;汛期后,杨河又呈现出与其他 3 个样点不同的特征。这些样点间的区别主要与 T 、TN 和 pH 值有一定关联。排序表明,*Limnohabitans*、*Polynucleobacter*、*hgcI* _ clade、*Flavobacterium*、*Luteolibacter* 和 *Sporichthyaceae* 与 Cond 正相关;*Chryseobacterium*、*Brevundimonas* 和 *Acinetobacter* 与 ORP、DO 和 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 正相关。

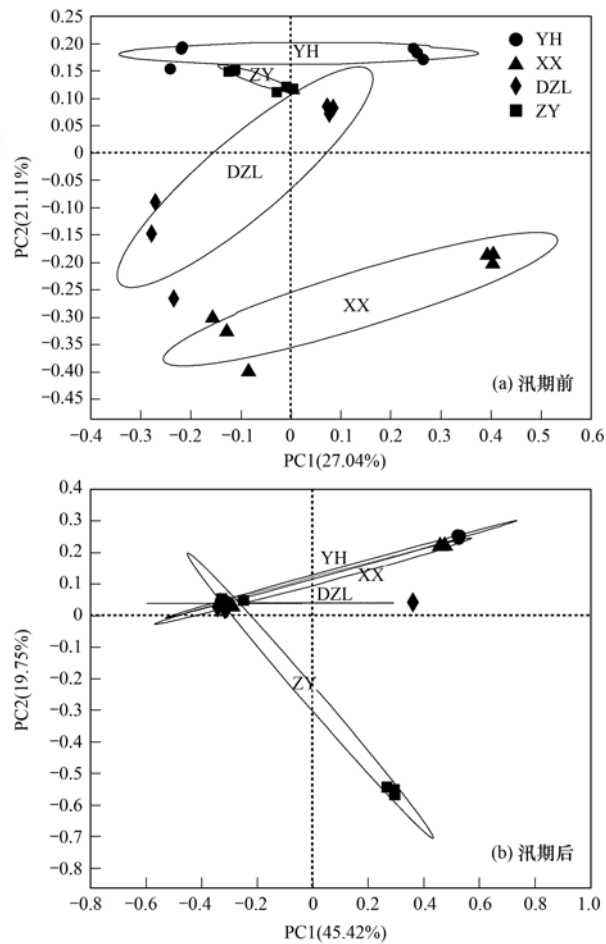


图 3 老鹳河干流不同样点浮游细菌 PCoA 排序

Fig. 3 PCoA biplot of bacterioplankton in the mainstream of the Laoguan River

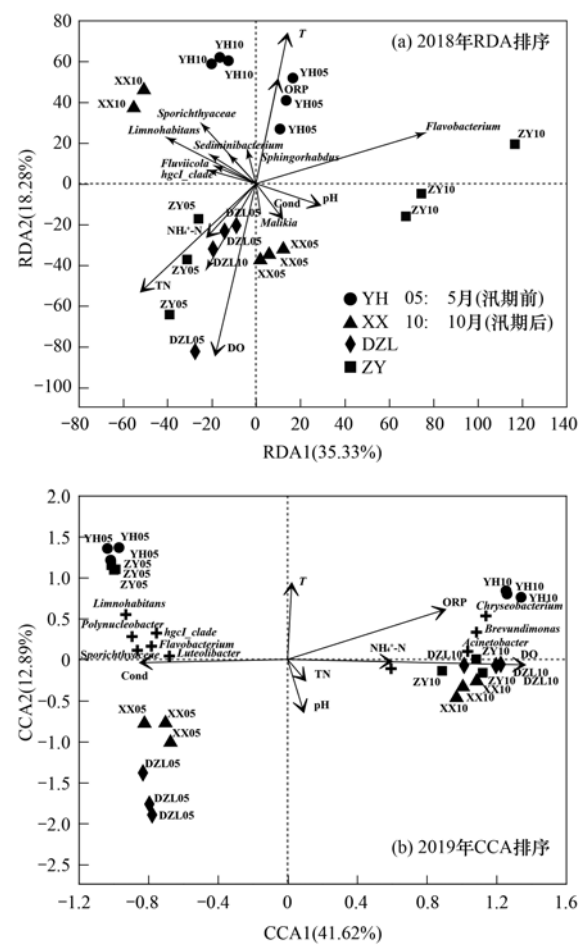


图4 老鹤河干流浮游细菌与环境因子排序

Fig. 4 Ordination plot of bacterioplankton and environmental factors in the mainstream of the Laoguan River

为进一步明确浮游细菌与环境因子的关系,将优势门和优势属与环境因子进行 Spearman 相关分析. 具有 LEfSe 差异的类群中,在门的水平上[图 5 (a)], γ -Proteobacteria 与 pH 值和 Chla 负相关;装甲菌门与 pH 值正相关,与 ORP 和 NH_4^+ -N 负相关;厚壁菌门与 pH 值负相关,与 TP 正相关;蓝藻门与

pH 值、DO、TP、 NO_3^- -N、COD 和 Chla 均正相关;Epsilonbacteraeota 与 T 和 Chla 负相关,与 TN、 NO_3^- -N 和 COD 正相关.

在属的水平上[图 5 (b)],*Armatimonas* 和 *Candidatus _ Aquirestis* 与 pH 值正相关,*Cloacibacterium*、*CL500-29_marine_group* 和 *Candidatus _ Aquiluna* 与其负相关;*Cloacibacterium*、*Candidatus _ Aquirestis*、*C39*、*Cyanobium _ PCC-6307*、*Malikia* 和 *Hydrogenophaga* 与 TP 正相关,*Sphingorhabdus*、*Pseudarcicella* 和 *Limnohabitans* 与其负相关;*C39* 和 *Pseudarcicella* 与 COD 正相关;*Mycobacterium* 与 Cond 正相关;*CL500-29_marine_group*、*hgcI_clade*、*C39* 和 *Mycobacterium* 与 TN 正相关;*CL500-29_marine_group* 和 *C39* 与 NO_3^- -N 正相关;*Cyanobium _ PCC-6307* 与 DO 正相关,*Rhodobacter*、*hgcI _ clade*、*Sphingorhabdus*、*Pseudarcicella* 和 *Limnohabitans* 与其负相关;*Cyanobium _ PCC-6307* 与 Chla 正相关,*Candidatus _ Aquiluna*、*hgcI _ clade*、*Sphingorhabdus*、*C39*、*Pseudarcicella* 和 *Sediminibacterium* 与其负相关;*Cloacibacterium*、*Candidatus _ Aquirestis*、*C39*、*Malikia* 和 *Hydrogenophaga* 与 T 负相关;*Armatimonas*、*Rhodobacter* 和 *Mycobacterium* 与 ORP 负相关;*Armatimonas* 和 *Sphingorhabdus* 与 NH_4^+ -N 负相关.

浮游细菌多样性指数与环境因子进行 Spearman 相关分析表明(表 3),Sobs 指数与 T 和 NH_4^+ -N 负相关,与 COD 正相关;Ace 指数与 DO、ORP、 NH_4^+ -N 和 Chla 均负相关,与 COD 正相关;Chao1 指数与 DO、ORP、T、 NH_4^+ -N 和 Chla 负相关,与 COD 正相关; H' 与 COD、TN、 NO_3^- -N 和 TP 正相关,与 ORP 和 T 负相关;D 与 H' 相反.

表3 老鹤河干流浮游细菌多样性指数与环境因子 Spearman 相关系数¹⁾

Table 3 Spearman coefficients for bacterioplanktonic diversity indices and environmental factors in the main stream of the Laoguan River

项目	DO	Cond	ORP	pH 值	T	COD	TN	NH_4^+ -N	NO_3^- -N	TP	Chla
Sobs 指数	-0.26	-0.01	-0.25	0.03	-0.46 **	0.45 **	0.20	-0.31 *	0.2	0.06	-0.17
Ace 指数	-0.60 **	0.01	-0.31 *	-0.15	-0.13	0.37 *	0.15	-0.33 *	0.13	-0.18	-0.56 **
Chao1 指数	-0.42 **	0.06	-0.31 *	-0.03	-0.34 *	0.49 *	0.25	-0.33 *	0.24	-0.02	-0.36 *
H'	0.10	0.15	-0.34 *	0.13	-0.56 **	0.35 *	0.38 **	-0.12	0.38 *	0.48 **	0.07
D	0.03	-0.26	0.31 *	-0.14	0.42 **	-0.35 *	-0.39 **	0.15	-0.38 *	-0.40 **	0.05

1) **表示在 0.01 级别(双尾),相关性显著; *表示在 0.05 级别(双尾),相关性显著

2.5 浮游细菌功能预测

基于 COG 数据库 PICRUSt 功能基因预测表明,25 个功能基因家族中一般功能预测(R 类),氨基酸运输和代谢(E 类),细胞壁、细胞膜和膜结构的生物合成(M 类),转录(K 类),能量产生和转换(C 类),无机离子转运与代谢(P 类),碳水化合物的运

输和代谢(G 类),信号传导机制(T 类),翻译、核糖体结构和生物合成(J 类),以及复制、重建和修复(L 类)十大类功能基因家族为主要功能基因家族,汛期前和汛期后占比分别为 66.6% 和 66.3%,核结构(Y 类)功能基因在各个样点基本缺失. 聚类结果表明[图 6(a)],汛期前后功能基因类群变化明显,汛

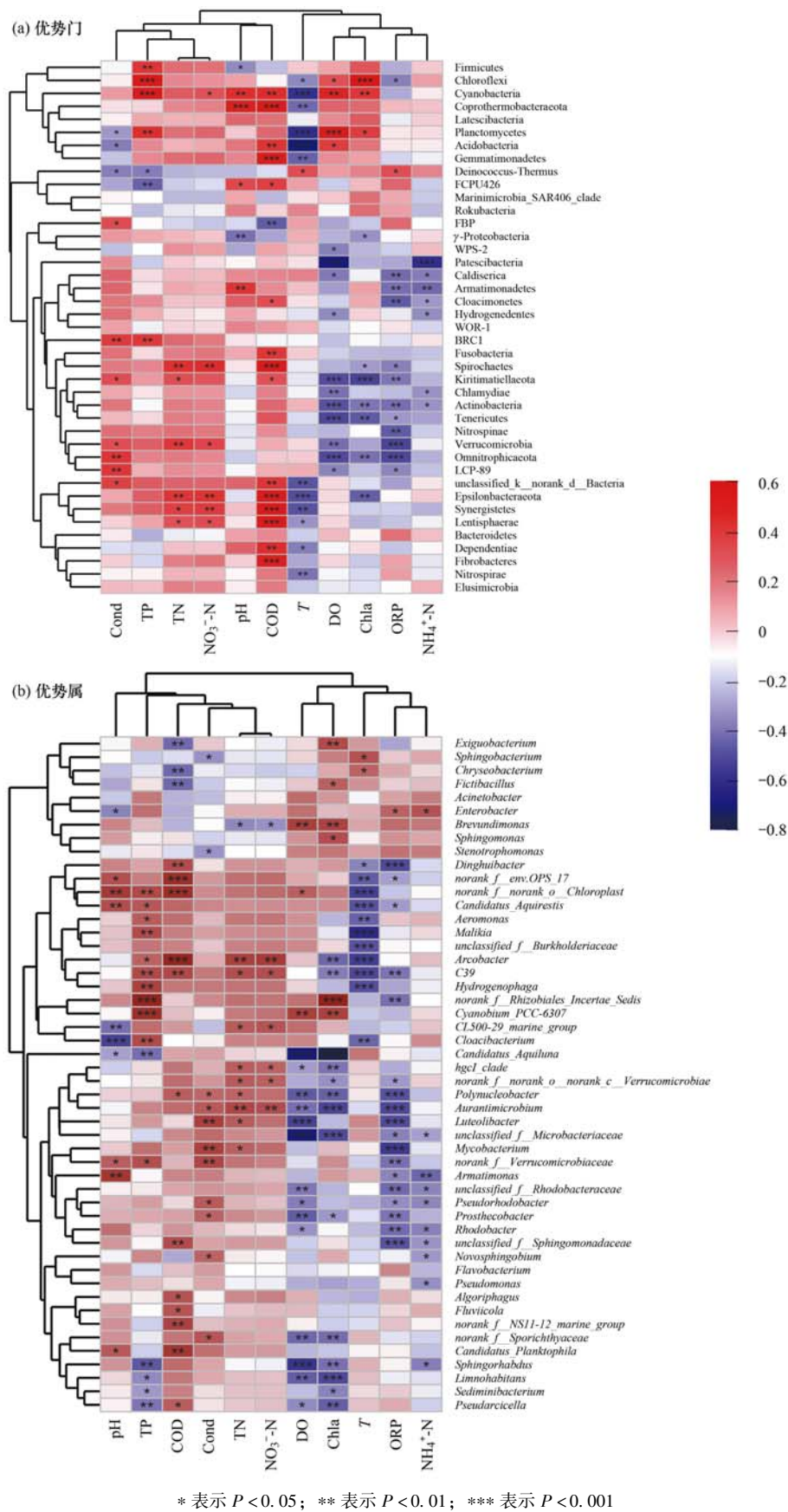


图5 老鹳河干流浮游细菌优势类群与环境因子相关性热图

Fig. 5 Correlation heat map of dominant bacterioplankton and environmental factors in the main stream of the Laoguan River

期前,杨河与其他3个样点差异较大;汛期后,西峡北与其他样点间差异较大。

KEGG数据库中参与氮代谢直系同源基因(KO)有65个,此次样品中PICRUSt功能预测共发

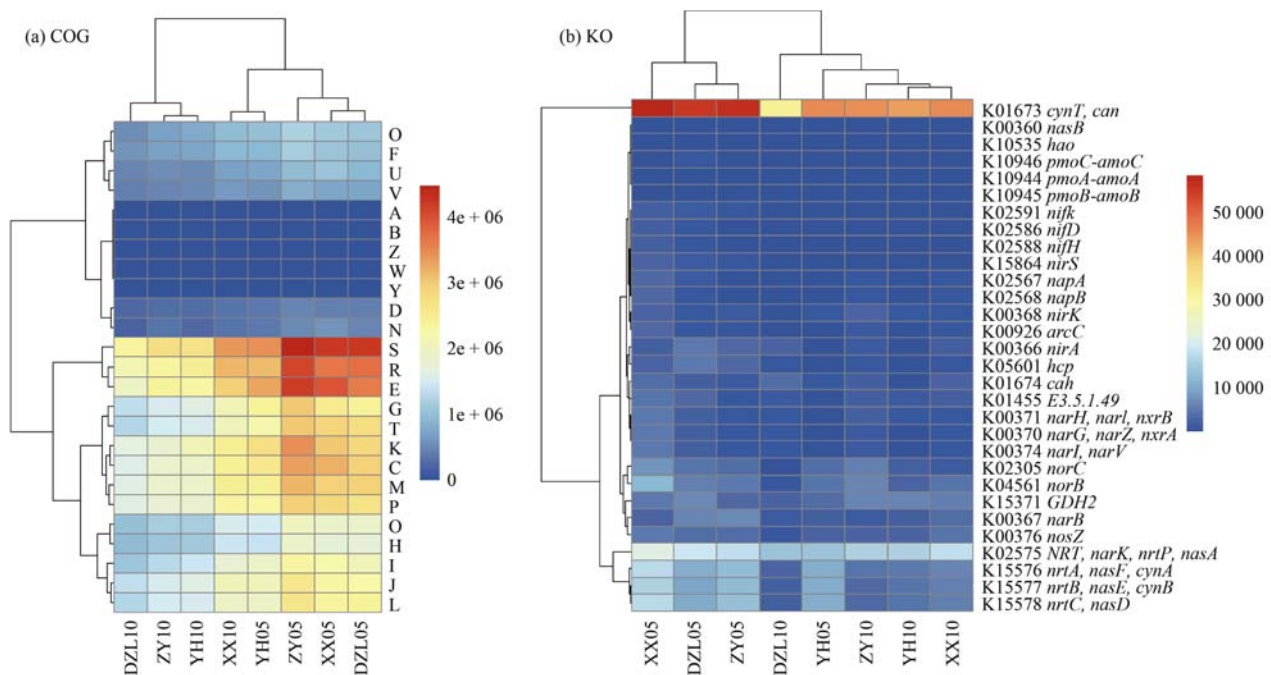


图6 老鹳河干流不同样点浮游细菌功能基因聚类热图

Fig. 6 Cluster heatmap of bacterioplanktonic function genes in different sites in the main stream of the Laoguan River

现48个与氮代谢相关KO,氮代谢功能相关基因丰富. 汛期前和汛期后优势功能基因(>5%)为谷氨酰胺合成酶基因(*glnA*和*GLUL*)、碳酸酐酶基因(*cynT*和*can*)、硝酸单加氧酶基因(*ncd2*和*npd*)、谷氨酸合成酶(NADPH)长链基因(*glbB*)和亚硝酸还原酶大亚基基因(NADH)(*nirB*). 汛期前4个样点样品有显著差异的KO有28个,汛期后有显著差异的KO有12个($P < 0.05$). 汛期前,杨河的优势功能基因碳酸酐酶基因(*cynT*和*can*)与其他样点间差异显著. 以30个具有显著性差异的KO聚类发现[图6(b)],汛期前,除杨河外其他3个样点聚集在一起,说明这3个样点间氮代谢差异较小,与杨河差异较大;汛期后,4个样点差异较小,挡子岭与其他样点有所差异. 整体来看,与氮代谢相关的功能基因KO,汛期前样点之间的差异大于汛期后,这与COG功能基因评价结果不一致.

3 讨论

3.1 汛期前后浮游细菌多样性空间变化特征

7~9月为老鹳河汛期,汛期前浮游细菌多样性整体高于汛期后. 汛期高水位增加了空间连接,强水流增强了空间扰动,空间差异变小,降低了浮游细菌群落在空间上的差异,这种效应在汛期后依然存在;非汛期较低的流速为浮游细菌的繁殖提供了稳定的环境,长达8个多月的枯水期,维持了较长时间较高程度的空间差异,有利于处于竞争弱势的浮游细菌的增殖,提高了多样性.

汛期前后老鹳河干流空间上存在着明显差异. 杨河到西峡北河段主要受农村乡镇的干扰,这段区域DO、TN、 NO_3^- -N和TP上升,浮游细菌多样性增加. 西峡北到挡子岭段河段流经西峡县县城,主要受城区生活的影响, NH_4^+ -N和Chla质量浓度上升,ORP值下降,浮游细菌多样性明显下降,该地区人口和产业密集,居民生活污水和工厂废水的排放是该段河流浮游细菌多样性下降的主要原因^[29~31]. 挡子岭到张营,河流流经淅川县县城,淅川县是南水北调水源区水质保护的重点城市之一,这段河流TN、 NH_4^+ -N和TP均有所下降,达到与杨河相似的水平,浮游细菌多样性也再次回升.

浮游细菌群落PCoA、CCA和RDA排序也呈现出类似的结果,杨河与西峡北差异最为明显,挡子岭到张营,群落结构又与杨河逐渐接近. 笔者也发现汛期前空间上的差异大于汛期后的差异. 该结果与刘睿等^[32]在渭河完成的有关浮游细菌群落结构特征及其关键驱动因子的研究结果相一致,其发现细菌群落结构的差异在平水期最大,丰水期最小. 以上结果也再次验证了人类活动(包括氮和磷的输入)的轻度干扰有利于多样性的增加,而重度干扰会降低多样性这一生态学理论.

3.2 汛期前后浮游细菌群落空间变化特征

老鹳河干流浮游细菌群落组成丰富,与丹江口水库^[33]和南水北调中线干渠^[34]等水体的浮游细菌组成较为类似. 变形菌门在水环境中普遍存在,是水环境中主要的原核生物^[35],也是老鹳河的第一优

势门. 细菌的随流输运能力受河流流量变化的影响, 对某些类型细菌如厚壁菌门有明显的影[36,37]. 赣江丰水期细菌群落特征研究表明, 暴雨径流中变形菌门和放线菌门会被厚壁菌门所取代, 从而成为丰度最高的菌群[36,38]; 汛期后, 笔者也发现类似的群落演变, 但仅仅第3优势门由放线菌门转变为厚壁菌门, 变形菌门和拟杆菌门依然是优势度最高的两大类群.

汛期前, 西峡北变形菌门下 *Acinetobacter*、*Malikia*、*C39* 和 *Hydrogenophaga* 这4个优势属与其他3个样点有差异; 汛期后, 样点间4个属的差异消失, 卢思丹等[39]的研究也发现 *Acinetobacter* 为沔河丰水期的优势属. CCA 排序和相关性分析也发现 *Acinetobacter* 与 ORP、DO 和 NH_4^+ -N 正相关; *Malikia* 和 *Hydrogenophaga* 与 TP 正相关. 从杨河到西峡北, 流经区域主要存在农业面源污染和农村生活污水的排放, 变形菌门生长快速[40], 水量较低情况下, 氮、磷等营养盐的大量输入, 有利于变形菌门快速繁殖, 因此, 汛期前观察到西峡北区域浮游细菌多样性的提高.

西峡北到埡子岭后, 蓝藻门的数量有了大幅度的增加, 这段河流流经西峡县县城, 地处两县城交界处, 人口密集, 生活及粪便污水和工业废水的大量排放, 带来了丰富的营养元素, 造成蓝藻门的大量繁殖, 研究中也发现蓝藻门与 pH 值、DO、TP、 NO_3^- -N 和 COD 正相关. 袁博等[41]的研究也发现类似结果, 自灞河上游至灞河河口, 变形菌门一直是相对丰度最高的门分类群落, 下游河段中蓝藻门的相对丰度在逐渐增加. 蓝藻是水体富营养化引起水华的主要藻类, 浅水湖泊和水产养殖池塘的水体富营养化易暴发蓝藻[42]. 蓝藻门大量繁殖需要进行大量的光合作用, 并且与 TP 呈正相关[35], 这与本研究的结果相一致. 笔者也发现, 埡子岭汛期前较高的叶绿素质量浓度与蓝藻门密切相关, 该样点叶绿素质量浓度已达到富营养化的标准. Haukka 等[43]曾报道在生态系统中添加营养物质后会引引起水体富营养化, 而水生态环境中输入 TN 和磷酸盐后浮游细菌的群落结构发生变化与此有关. 老鹳河河流中, 磷和氮是调控浮游生物细菌群落的主要因子, 也是造成水体富营养化的主要原因.

3.3 汛期前后浮游细菌功能预测空间变化特征

预测浮游细菌功能, 能够深入了解水域生态系统的发展方向. 老鹳河干流浮游细菌功能具有 25 个 COG 基因功能家族, 48 个与氮代谢相关 KO 基因, 表现出功能上的丰富性. 汛期前, COG 基因和 KO 基因聚类结果相一致, 杨河与其他样点的差异

明显, 反映了浮游细菌功能上的变化, 在氮和磷输入上升的情况下, 会改变浮游细菌群落功能, 进而影响水体中氮循环过程. 董志颖等[44]也采用 PICRUSt 分析预测了过量氮输入对细菌群落代谢潜力的影响, 发现了微生物中的固氮、硝化、异化硝酸盐还原、反硝化、异化硝酸盐还原到铵和同化硝酸盐还原途径的关键基因在一定程度上受到氮输入的影响.

汛期后, 埡子岭的 KO 氮代谢基因与其他样点差异明显. 水质理化分析呈现出相一致的结果, 埡子岭 TN、 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 质量浓度最高, 过量的氮输入会引起水体富营养化, 改变浮游细菌氮代谢过程. COG 基因和 KO 基因聚类呈现出不一致的结果, 西峡北的 COG 基因与其他样点差异明显. 西峡北 TN、 NO_3^- -N 和 TP 质量浓度均较高, COG 基因作为综合性的功能预测基因, 除了预测氮循环功能外, 还包括磷、碳和硫等物质的循环过程, 笔者推测乡镇土地利用方式, 增加了营养盐的输入(包括面源污染), 也改变了浮游细菌的群落功能.

4 结论

老鹳河干流浮游细菌群落组成丰富, 汛期前浮游细菌多样性高于汛期后, 汛期前群落空间上的差异也大于汛期后, 表明汛期过后随着时间延长, 群落异质性增加. 老鹳河流经乡镇或重点保护区域后浮游细菌多样性上升, 说明中度干扰有利于群落多样性提高; 以县城为代表的重度干扰则会提高蓝藻门优势地位, 降低浮游细菌多样性, 增加水体富营养化的风险. 从影响群落构建的环境因子来看, 氮和磷是老鹳河调控浮游细菌多样性和水体富营养化的主要因子, 氮输入的变化会造成河流不同区域氮代谢功能的改变.

参考文献:

- [1] Chapin III F S, Zavaleta E S, Eviner V T, *et al.* Consequences of changing biodiversity[J]. *Nature*, 2000, **405**(6783): 234-242.
 - [2] 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.
 - [3] 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.
 - [4] 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.
 - [5] 黄艺, 舒中亚. 基于浮游细菌生物完整性指数的河流生态系统健康评价——以滇池流域为例[J]. *环境科学*, 2013, **34**(8): 3010-3018.
- Huang Y, Shu Z Y. Bacterioplankton index of biotic integrity (BP-IBI): an approach for assessing river ecosystem health in

- Dianchi watershed[J]. *Environmental Science*, 2013, **34**(8): 3010-3018.
- [6] Newton R J, Jones S E, Eiler A, *et al.* A guide to the natural history of freshwater lake bacteria [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2011, **75**(1): 14-49.
- [7] 任丽娟, 何昶, 邢鹏, 等. 湖泊水体细菌多样性及其生态功能研究进展[J]. *生物多样性*, 2013, **21**(4): 421-432.
- Ren L J, He D, Xing P, *et al.* Bacterial diversity and ecological function in lake water bodies[J]. *Biodiversity Science*, 2013, **21**(4): 421-432.
- [8] 鲍林林, 陈永娟, 王晓燕. 北运河沉积物中氨氧化微生物的群落特征[J]. *中国环境科学*, 2015, **35**(1): 179-189.
- Bao L L, Chen Y J, Wang X Y. Diversity and abundance of ammonia-oxidizing prokaryotes in surface sediments in Beiyun River[J]. *China Environmental Science*, 2015, **35**(1): 179-189.
- [9] Hanson C A, Fuhrman J A, Horner-Devine M C, *et al.* Beyond biogeographic patterns: processes shaping the microbial landscape [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, **10**(7): 497-506.
- [10] Xia N, Xia X H, Liu T, *et al.* Characteristics of bacterial community in the water and surface sediment of the Yellow River, China, the largest turbid river in the world[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2014, **14**(11): 1894-1904.
- [11] 张日钊, 李斐然, 袁倩倩, 等. 海洋氮循环过程及基于基因组代谢网络模型的预测[J]. *微生物学报*, 2020, **60**(6): 1130-1147.
- Zhang R Z, Li F R, Yuan Q Q, *et al.* Marine nitrogen cycle and prediction based on genome-scale metabolic network model[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, **60**(6): 1130-1147.
- [12] Isabwe A, Yang J R, Wang Y M, *et al.* Community assembly processes underlying phytoplankton and bacterioplankton across a hydrologic change in a human-impacted river[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **630**: 658-667.
- [13] Fuhrman J A. Microbial community structure and its functional implications[J]. *Nature*, 2009, **459**(7244): 193-199.
- [14] Wang Y M, Liu L M, Chen H H, *et al.* Spatiotemporal dynamics and determinants of planktonic bacterial and microeukaryotic communities in a Chinese subtropical river [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, **99**(21): 9255-9266.
- [15] 谭香, 夏小玲, 程晓莉, 等. 丹江口水库浮游植物群落时空动态及其多样性指数[J]. *环境科学*, 2011, **32**(10): 2875-2882.
- Tan X, Xia X L, Cheng X L, *et al.* Temporal and spatial pattern of phytoplankton community and its biodiversity indices in the Danjiangkou reservoir [J]. *Environmental Science*, 2011, **32**(10): 2875-2882.
- [16] 赵佐平, 闫莎, 同延安, 等. 汉江流域上游生态环境现状及治理措施[J]. *水土保持通报*, 2012, **32**(5): 32-36, 60.
- Zhao Z P, Yan S, Tong Y A, *et al.* Eco-environmental status assessment and countermeasures in the upper Hanjiang river basin [J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2012, **32**(5): 32-36, 60.
- [17] Ma F B, Li C H, Wang X, *et al.* A Bayesian method for comprehensive water quality evaluation of the Danjiangkou reservoir water source area, for the middle route of the south-to-north water diversion project in China[J]. *Frontiers of Earth Science*, 2014, **8**(2): 242-250.
- [18] 涂安国, 尹炜, 陈德强, 等. 丹江口库区典型小流域地表径流氮素动态变化[J]. *长江流域资源与环境*, 2010, **19**(8): 926-932.
- Tu A G, Yin W, Chen D Q, *et al.* Dynamic change research of nitrogen loss from surface runoff in the typical small watershed of Danjiangkou reservoir area [J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2010, **19**(8): 926-932.
- [19] 柴颖, 柴国武. 老灌河流域径流对降水响应关系[J]. *河南水利与南水北调*, 2019, (8): 25-26.
- Chai Y, Chai G W. The relationship between rainfall in Laoguan River watershed and runoff of Laoguan River [J]. *Henan Water Resources & South-to-North Water Diversion*, 2019, (8): 25-26.
- [20] 代贞伟, 王磊, 伏永朋, 等. 丹江口水库老灌河流域地下水水化学特征[J]. *中国地质调查*, 2019, **6**(5): 43-49.
- Dai Z W, Wang L, Fu Y P, *et al.* Hydrochemical characteristics of groundwater in Laoguanhe River Basin of Danjiangkou Reservoir [J]. *Geological Survey of China*, 2019, **6**(5): 43-49.
- [21] 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.
- [22] Sun W, Xia C Y, Xu M Y, *et al.* Application of modified water quality indices as indicators to assess the spatial and temporal trends of water quality in the Dongjiang River [J]. *Ecological Indicators*, 2016, **66**: 306-312.
- [23] Chen Z J, Zheng Y, Ding C Y, *et al.* Integrated metagenomics and molecular ecological network analysis of bacterial community composition during the phytoremediation of cadmium-contaminated soils by bioenergy crops [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2017, **145**: 111-118.
- [24] 郑远, 李玉英, 丁传雨, 等. 能源植物修复镉污染土壤对根际细菌网络结构的影响[J]. *环境科学学报*, 2016, **36**(7): 2605-2612.
- Zheng Y, Li Y Y, Ding C Y, *et al.* Effects of bioenergy cropping on rhizosphere bacteria networks structure in Cd-contaminated soil [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2016, **36**(7): 2605-2612.
- [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] Segata N, Izard J, Waldron L, *et al.* Metagenomic biomarker discovery and explanation [J]. *Genome Biology*, 2011, **12**(6), doi: 10.1186/gb-2011-12-6-r60.
- [27] Langille M G I, Zaneveld J, Caporaso J G, *et al.* Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences [J]. *Nature Biotechnology*, 2013, **31**(9): 814-821.
- [28] Ter Braak C J F, Smilauer P. CANOCO reference manual and CanoDraw for Windows user's guide: software for canonical community ordination (Version 4.5) [M]. Ithaca: Microcomputer Power, 2002.
- [29] Yu S Y, Xu Z X, Wu W, *et al.* Effect of land use types on stream water quality under seasonal variation and topographic characteristics in the Wei River basin, China [J]. *Ecological Indicators*, 2016, **60**: 202-212.
- [30] Zhang Y H, Huang C C, Pang J L, *et al.* Comparative study of the modern flood slackwater deposits in the upper reaches of Hanjiang and Weihe River Valleys, China [J]. *Quaternary International*, 2012, **282**: 184-191.
- [31] Zhang Z M, Wang X Y, Zhang Y, *et al.* The over polluted water quality assessment of Weihe River based on kernel density estimation [J]. *Procedia Environmental Sciences*, 2012, **13**: 1271-1282.
- [32] 刘睿, 吴巍, 周孝德, 等. 渭河浮游细菌群落结构特征及其关键驱动因子 [J]. *环境科学学报*, 2017, **37**(3): 934-944.
- Liu R, Wu W, Zhao X D, *et al.* Bacterioplankton community

- structure in Weihe River and its relationship with environmental factors[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, **37**(3): 934-944.
- [33] 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.
- [34] 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 cancel 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.
- [35] 张雅洁, 李珂, 朱浩然, 等. 北海湖微生物群落结构随季节变化特征[J]. *环境科学*, 2017, **38**(8): 3319-3329.
Zhang Y J, Li K, Zhu H R, *et al.* Community structure of microorganisms and its seasonal variation in Beihai Lake[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(8): 3319-3329.
- [36] 王鹏, 陈波, 李传琼, 等. 赣江南昌段丰水期细菌群落特征[J]. *中国环境科学*, 2016, **36**(8): 2453-2462.
Wang P, Chen B, Li C Q, *et al.* Bacterial communities in Nanchang section of the Ganjiang River in wet season[J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(8): 2453-2462.
- [37] Read D S, Gweon H S, Bowes M J, *et al.* Catchment-scale biogeography of riverine bacterioplankton[J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(2): 516-526.
- [38] 刘君政, 王鹏, 肖汉玉, 等. 城市河流细菌群落特征及影响因素——以鄱阳湖流域赣江南昌段为例[J]. *湖泊科学*, 2018, **30**(3): 741-752.
Liu J Z, Wang P, Xiao H Y, *et al.* Characteristics of aquatic bacterial community and the influencing factors in an urban river—a case study of Nanchang section of the Ganjiang River, Lake Poyang basin[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2018, **30**(3): 741-752.
- [39] 卢思丹, 孙寓姣, 赵轩, 等. 降水对沔河水质和水体微生物的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(7): 2563-2569.
Lu S D, Sun Y J, Zhao X, *et al.* Impact of precipitation on Fenghe River water and aquatic microorganisms[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(7): 2563-2569.
- [40] Yan Q Y, Stegen J C, Yu Y H, *et al.* Nearly a decade-long repeatable seasonal diversity patterns of bacterioplankton communities in the eutrophic Lake Donghu (Wuhan, China)[J]. *Molecular Ecology*, 2017, **26**(14): 3839-3850.
- [41] 袁博, 吴巍, 郭梦京, 等. 瀾河流域 DOM 荧光光谱特征及其对细菌组成的影响[J]. *中国环境科学*, 2019, **39**(8): 3383-3395.
Yuan B, Wu W, Guo M J, *et al.* Fluorescence spectroscopic characteristics of DOM and its effects on bacterial composition in Bahe River basin[J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(8): 3383-3395.
- [42] 王小冬, 刘兴国, 陆诗敏, 等. 不同浓度蓝藻水华在好氧条件下的光合作用[J]. *中国环境科学*, 2019, **39**(8): 3412-3419.
Wang X D, Liu X G, Lu S M, *et al.* Photosynthetic activities of cyanobacterial blooms of different concentrations under aerobic conditions with aeration[J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(8): 3412-3419.
- [43] Haukka K, Kolmonen E, Hyder R, *et al.* Effect of nutrient loading on bacterioplankton community composition in lake mesocosms[J]. *Microbial Ecology*, 2006, **51**(2): 137-146.
- [44] 董志颖, 洪慢, 胡晗静, 等. 过量氮输入对寡营养海水细菌群落代谢潜力的影响[J]. *环境科学学报*, 2018, **38**(2): 457-466.
Dong Z Y, Hong M, Hu H J, *et al.* Effect of excess nitrogen loading on the metabolic potential of the bacterial community in oligotrophic coastal water[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2018, **38**(2): 457-466.

CONTENTS

Health Impact Attributable to the Control of PM _{2.5} Pollution in China During 2013-2017	ZHANG Meng-jiao, SU Fang-cheng, XU Qi-xiang, <i>et al.</i> (513)
Contributions of Emissions Reduction and Regional Meteorological Conditions to Air Quality Improvement	WU Wen-qi, ZHANG Kai-shan (523)
Air Pollution Characteristics and Quantitative Evaluation of Multi-scale Transport in the Beijing-Tianjin-Hebei Region in January, 2016	YAO Sen, ZHANG Han-yu, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (534)
Influence of Burning Fireworks on the Atmosphere During the Spring Festival in Guangzhou in 2020	PEI Cheng-lei, WANG Yu-jun, BI Yan-ru, <i>et al.</i> (546)
Source Apportionment and Optical Properties of Fine Particles Associated with Regional Pollution in the Yangtze River Delta	XIA Li, ZHU Bin, WANG Hong-lei, <i>et al.</i> (556)
Distribution Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Ions in Particulate Matter Under Different Weather Processes in Nanjing	ZHANG Yang, WANG Hong-lei, LIU An-kang, <i>et al.</i> (564)
Size Distribution of Aerosol Hygroscopic Growth Factors in Winter in Tianjin	DING Jing, ZHANG Yu-fen, ZHENG Nai-yuan, <i>et al.</i> (574)
Time-Determination and Contribution Analysis of Transport, Retention, and Offshore Backflow to Long-Term Sand-Dust Coupling	ZHANG Zhe, QIAO Li-ping, ZHOU Min, <i>et al.</i> (584)
Characterization, Sources, and Health Risks of PM _{2.5} -bound PAHs During Autumn and Winter in Luoyang City	QI Jing-wen, ZHANG Rui-qin, JIANG Nan, <i>et al.</i> (595)
Characteristics, Meteorological Influences, and Transport Source of Ozone Pollution in Zhengzhou City	WANG Xu-dong, YIN Sha-sha, YANG Jian, <i>et al.</i> (604)
Nonlinear Response Characteristics and Control Scheme for Ozone and Its Precursors Based on Orthogonal Experimental Methods	LI Guang-yao, CHEN Qiang, GUO Wen-kai, <i>et al.</i> (616)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in the Automobile Industrial Park of Shanghai	YE Lu, TAI Qing-qing, YU Hua-ming (624)
Establishment of a High-resolution Anthropogenic Emission Inventory and Its Evaluation Using the WRF-Chem Model for Lanzhou	GUO Wen-kai, LI Guang-yao, CHEN Bing, <i>et al.</i> (634)
Trends in Vehicle Emissions in Sichuan Province, 2010-2017	LI Yuan, SHI Jia-cheng, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i> (643)
Bioavailability and Ecological Risk Assessment of Cadmium in the Sea-Land Interaction Sediments of the Pearl River Delta	WANG Fang-ting, BAO Ke, CHEN Zhi-hua, <i>et al.</i> (653)
Distribution, Sources, and Ecological Risks of Polyfluoroalkyl Substances in the Surface Water of the Wuliangsuhai Watershed	SHI Rui, MAO Ruo-yu, ZHANG Meng, <i>et al.</i> (663)
Distribution Characteristics of Microplastics in Ice Sheets and Its Response to Salinity and Chlorophyll a in the Lake Wuliangsuhai	WANG Zhi-chao, YANG Jian-lin, YANG Fan, <i>et al.</i> (673)
Effect of Check Dam on Phosphorus Transport and Retention in the Qingshui River, in Zhangjiakou City	WANG Wei, LI Xu-yong (681)
Characteristics of Phosphorus Speciation and Genesis in Typical Tributaries of the Three Gorges Reservoir	YANG Fan, WANG Li-jing, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (688)
Distribution of Nitrogen and Phosphorus in Lake Chaohu Sediments and Pollution Evaluation	WANG Yan-ping, XU Wei-wei, HAN Chao, <i>et al.</i> (699)
Sediment Pollution Characteristics and Dredging in the Nanfei River Estuary, Chaohu Lake	YANG Pan, YANG Chun-hui, MA Xin-yu, <i>et al.</i> (712)
Effect of Oxidation Strengthening on In-situ Phosphorus Immobilization of Calcium Hydroxide	XU Chu-tian, LI Da-peng, YUE Wei, <i>et al.</i> (723)
Impact of Rainfall-Runoff Events on Methane Emission from Xiangxi Bay of the Three Gorges Reservoir	CHEN Min, XU Hao-ting, WANG Xue-zhu, <i>et al.</i> (732)
Water-air Carbon Dioxide Exchange and Nutritional Controls in a Typical Karst River	LIU Rui, ZHANG Jin, CHEN Zu-sheng, <i>et al.</i> (740)
Occurrence of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Representative Drinking Water Resources in Jiangsu Province	WANG Long-fei, CHENG Yi-qun, HU Xiao-dong, <i>et al.</i> (749)
Diversity and Abundance of Antibiotic Resistance Genes in Tailings Ponds	HUANG Fu-yi, ZHU Yong-guan, SU Jian-qiang (761)
Hydrochemical Characteristics and Origin of Groundwater in the Central Guohe River Basin	ZHENG Tao, JIAO Tuan-li, HU Bo, <i>et al.</i> (766)
Hydrochemical Characteristics and Analysis of the Qilihai Wetland, Tianjin	HE Ming-xia, ZHANG Bing, XIA Wen-xue, <i>et al.</i> (776)
Effects of Straw Mulching and Nitrogen Reduction on the Distribution of Soil Nitrogen and Groundwater Nitrogen Pollution	ZHANG Wan-feng, YANG Shu-qing, SUN Duo-qiang, <i>et al.</i> (786)
Precision of eDNA Metabarcoding Technology for Biodiversity Monitoring of Eukaryotic Phytoplankton in Lakes	ZHANG Li-juan, XU Shan, ZHAO Zheng, <i>et al.</i> (796)
Effect of Phytoplankton Community Composition and Size Structure on Light Absorption Properties	HUANG Xin, SHI Kun, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (808)
Periphytic Algae Community Structure and Its Relation to Environment Factors in the Main Stream of the Songhua River from 2014 to 2019	YU Zong-ling, CHEN Wei, ZHAO Ran, <i>et al.</i> (819)
Diversity and Function Prediction of Bacterioplankton Under Human Disturbance in the Main Stream of the Laoguan River Before and After the Flood Season	HAN Xue-mei, GONG Zi-le, YANG Xiao-ming, <i>et al.</i> (831)
Seasonal Removal Efficiency and Degradation Products of Two Typical PPCPs in Subsurface Flow Constructed Wetlands	LI Chao-yu, YANG Yi-xiao, ZHANG Ning, <i>et al.</i> (842)
Removal of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes from Urban Rivers Using Artificial Ecosystems	ZHOU Hai-dong, HUANG Li-ping, CHEN Xiao-meng, <i>et al.</i> (850)
Distribution Characteristics of Viruses Microorganisms in a Water Supply System with Combined Ultraviolet Chloramine Disinfection	HAN Xue, SUN Jian-wei, ZHANG Li, <i>et al.</i> (860)
Removal of Oxytetracycline from Water Using Blast Furnace Slag Loaded Sulfide Nanoscale Zero-valent Iron	SUN Qiu-nan, ZHANG Rong-bin, DENG Man-jun, <i>et al.</i> (867)
Heavy Metal Ion Adsorption Properties and Stability of Amine-sulfur Modified Biochar in Aqueous Solution	WANG Cun-shi, HE Min-xia, ZHOU Feng, <i>et al.</i> (874)
Characteristics and Removal Mechanism of an Electro-Hybrid Ozonation-Coagulation System in the Treatment of Organic Matters	XIE Xin-yue, XU Jian-jun, ZHANG Shao-hua, <i>et al.</i> (883)
Enhancement Effects and Mechanisms of Microscale Zero Valent Iron on the Performance of Anaerobic Co-digestion of Waste Activated Sludge and Food Waste	CHEN Sheng-jie, YAO Fu-bing, PI Zhou-jie, <i>et al.</i> (891)
Spatial Distribution and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils Surrounding a Typical Industrial Area of Henan Province	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (900)
Distribution Characteristics and Pollution Evaluation of Heavy Metals in Greenbelt Soils of Nanjing City	CHEN Jia-lin, LI Ren-ying, XIE Xiao-jin, <i>et al.</i> (909)
Remediation Effect of Compound Modifier FZB on Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	DING Ping, HE Yu-long, HE Huan, <i>et al.</i> (917)
Remediation of Cd Contaminated Acidic Rice Fields Using the Combined Application of Lime and Organic Matter	LI Guang-hui, CHENG Qing, CHEN Hong (925)
Effect and Mechanism of Foliar Application Nano-MnO ₂ on Cadmium Enrichment of Rice	ZHOU Yi-min, HUANG Ya-yuan, LIU Xiao-yue, <i>et al.</i> (932)
Characteristics of Cadmium Enrichment and Pollution Evaluation of a Soil-Crop System in a Typical Karst Area	WANG Rui, DENG Hai, JIA Zhong-min, <i>et al.</i> (941)
Comparison of Enrichment and Transport of Cadmium in the Fruit of High and Low Enrichment Pepper Varieties and Its Distribution in Subcells	SHAO Xiao-qing, HE Zhang-mi, XU Wei-hong (952)
Cadmium Accumulation Characteristics of Four Herbs	CHEN Di, LI Bo-qun, YANG Yong-ping, <i>et al.</i> (960)
Characteristics of Dissolved Organic Carbon Loss in Purple Soil Sloping Fields with Different Fertilization Treatments	XIONG Zi-yi, ZHENG Jie-bing, WANG Dan, <i>et al.</i> (967)
Effects of Precipitation Changes on Plant Community Diversity and Soil C:N:P Ecological Stoichiometric Characteristics in a Desert Steppe of China	GAO Jiang-ping, ZHAO Rui-feng, ZHANG Li-hua, <i>et al.</i> (977)
Effect of Water Management on Rice Growth and Rhizosphere Priming Effect in Paddy Soils	LIN Sen, XIAO Mou-liang, JIANG Jia-bin, <i>et al.</i> (988)
Effects of Copper Pollution on Microbial Communities in Wheat Root Systems	GE Yi, XU Min-min, XU Shao-hui, <i>et al.</i> (996)
Ozone Pollution, Nitrogen Addition, and Drought Stress Interact to Affect Non-structural Carbohydrates in the Leaves and Fine Roots of Poplar	LI Pin, ZHOU Hui-min, FENG Zhao-zhong (1004)
Review of Screening and Applications of Organic Tracers in Fine Particulate Matter	LI Yuan-ju, WU Ai-hua, TONG Meng-xue, <i>et al.</i> (1013)