

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法

杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年5月

第42卷 第5期
Vol.42 No.5

目次

北京冬季 PM _{2.5} 中有机气溶胶的化学特征和来源解析	徐楠, 王甜甜, 李晓, 唐荣志, 郭松, 胡敏 (2101)
北京地区 2019 年 2~3 月供暖结束后两次污染过程特征分析	尹晓梅, 蒲维维, 王继康, 刘湘雪, 乔林 (2110)
北京 2019 年冬季一次典型霾污染特征与成因分析	廉涵阳, 杨欣, 张普, 陈义珍, 杨小阳, 赵好希, 何友江, 赵丹婷 (2121)
青岛沿海地区夏季和冬季新粒子生成特征对比	孙悦, 朱玉姣, 孟赫, 刘兵, 刘玉虹, 董灿, 姚小红, 王文兴, 薛丽坤 (2133)
太原市城乡居民采暖季室内灰尘中重金属的污染特征及其生态风险评价	黄浩, 徐子琪, 严俊霞, 赵秀阁, 王丹璐 (2143)
西安市新装修公共场所空气污染物浓度分析及健康风险评价	范洁, 樊灏, 沈振兴, 党文鹏, 郑伟, 王志华, 付毅 (2153)
超低排放典型燃烧源颗粒物及水溶性离子排放水平与特征	胡月琪, 王铮, 郭建辉, 冯亚君, 丁萌萌, 颜旭 (2159)
合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落的高通量测序分析	姜少毅, 孙博文, 代海涛, 王润芳, 马大卫, 朱仁斌 (2169)
郑州市细颗粒物时空差异及管控措施影响	董喆, 袁明浩, 苏方成, 张剑飞, 孙佳葆, 张瑞芹 (2179)
2016~2019 年江西省臭氧污染特征与气象因子影响分析	钱悦, 许彬, 夏玲君, 陈燕玲, 邓力琛, 王欢, 张根 (2190)
天山北坡城市群气溶胶光学特性时空分布特征	张喆, 王建丽, 王瑾杰, 陈香月, 刘兴涛, 阿提干·吾斯曼 (2202)
基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法	杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺 (2213)
太湖水体 Chl-a 预测模型 ARIMA 的构建及应用优化	李娜, 李勇, 冯家成, 单雅洁, 钱佳宁 (2223)
松花湖水空间差异及富营养化空间自相关分析	丁洋, 赵进勇, 张晶, 付意成, 彭文启, 陈渠昌, 李艳艳 (2232)
会仙岩溶湿地丰平枯水期地表水污染及灌溉适用性评价	朱丹尼, 邹胜章, 李军, 樊连杰, 赵一, 谢浩, 朱天龙, 潘民强, 徐利 (2240)
京杭大运河中下游段天然水化学变化特征及驱动因素	程中华, 邓义祥, 卓小可, 代丹, 于涛 (2251)
次降雨过程中不同土地利用配置对径流中氮流失的影响	罗义峰, 陈方鑫, 周豪, 龙翼, 严冬春, 谭文浩, 李丹丹, 陈晓燕 (2260)
碳氮同位素解析典型岩溶流域地下水中硝酸盐来源与归趋	任坤, 潘晓东, 梁嘉鹏, 彭聪, 曾洁 (2268)
冰封状态下里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异	李文宝, 杨旭, 田雅楠, 杜蕾 (2276)
城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析: 以京津冀北运河为例	邱莹, 靳燕, 苏振华, 邱琰茗, 赵栋梁, 郭道宇 (2287)
太湖春夏两季反硝化与厌氧氨氧化速率的空间差异及其影响因素	赵锋, 许海, 詹旭, 朱广伟, 郭宇龙, 康丽娟, 朱梦圆 (2296)
三峡库区典型支流水库浮游动植物群落结构特征及其与环境因子的关系	陈莎, 谢青, 付梅, 江韬, 王永敏, 王定勇 (2303)
铁硫改性生物炭去除水中的磷	桑倩倩, 王芳君, 赵元添, 周强, 蔡雨麒, 邓颖, 田文清, 陈永志, 马娟 (2313)
钢渣对水体中磷的去除性能及机制解析	罗晓, 张峻搏, 何磊, 杨雪晶, 吕鹏翼 (2324)
BS-18 两性修饰膨润土对四环素和诺氟沙星复合污染的吸附	王新欣, 孟昭福, 刘欣, 王腾, 胡啸龙, 孙秀贤 (2334)
Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ 复合光催化剂的制备及其可见光催化性能	高闯闯, 刘海成, 孟无霜, 郝双玲, 薛婷婷, 陈国栋, Joseph Acquah (2343)
可见光驱动下罗丹明 B 自活化过硫酸盐降解双酚 A	张怡晨, 白雪, 石娟, 金鹏康 (2353)
铁钛共掺杂氧化铝诱导表面双反应中心催化臭氧氧化去除水中污染物	张帆, 宋阳, 胡春, 吕来 (2360)
硫化铁铜双金属复合材料的制备及除铬机制	屈敏, 王源, 陈辉霞, 王兴润, 徐红彬 (2370)
电催化-生物电化学耦合系统处理青霉素废水的机制	曲有鹏, 吕江维, 董跃, 冯玉杰, 张杰 (2378)
缺氧/好氧交替连续流的生活污水好氧颗粒污泥运行及污染物去除机制	李冬, 杨敬畏, 李悦, 李帅, 张诗睿, 王文强, 张杰 (2385)
反硝化除磷污泥聚集体内原位除磷活性及有机物浓度的影响	吕永涛, 姜晓童, 徒彦, 王旭东, 潘永宝, 刘爽, 崔双科, 王磊 (2396)
基于臭氧旁路处理的污泥原位减量技术工艺	薛冰, 刘宾寒, 韦婷婷, 王先恺, 陈思思, 董滨 (2402)
活性炭对城市有机固废厌氧消化过程抗生素抗性基因行为特征的影响	马佳莹, 王盼亮, 汪冰寒, 苏应龙, 谢冰 (2413)
6 种农业废弃物初期碳源及溶解性有机物释放机制	凌宇, 闫国凯, 王海燕, 董伟羊, 王欢, 常洋, 李丛宇 (2422)
中国典型农田土壤有机碳密度的空间分异及影响因素	李成, 王让会, 李兆哲, 徐扬 (2432)
不同水分条件和微生物生物量水平下水稻土有机碳矿化及其影响因子特征	刘琪, 李宇虹, 李哲, 魏晓梦, 祝贞科, 吴金水, 葛体达 (2440)
青藏高原林地土壤的氮转化特征及其影响因素分析: 以祁连山和藏东南地区为例	何芳, 张丽梅, 申聪聪, 陈金全, 刘四义 (2449)
基于物元可拓模型的兰州市主城区公园表土重金属污染评价	胡梦琨, 李春艳, 李娜娜, 吉天琪, 郑登友 (2457)
长期施用化肥和有机肥对稻田土壤重金属及其有效性的影响	夏文建, 张丽芳, 刘增兵, 张文学, 蓝贤瑾, 刘秀梅, 刘佳, 刘光荣, 李祖章, 王萍 (2469)
川南山区土壤与农作物重金属特征及成因	韩伟, 王成文, 彭敏, 王乔林, 杨帆, 徐仁廷 (2480)
宁东能源化工基地核心区表层土壤中多环芳烃的空间分布特征、源解析及风险评价	杨帆, 罗红雪, 钟艳霞, 王幼奇, 白一茹 (2490)
重金属钝化剂阻控生菜 Cd 吸收的功能稳定性和适用性	庞发虎, 吴雪姣, 孔雪菲, 曾宪, 王晓宇, 陈兆进, 姚伦广, 韩辉 (2502)
典型污染稻田水分管理对水稻镉累积的影响	张雨婷, 田应兵, 黄道友, 张泉, 许超, 朱捍华, 朱奇宏 (2512)
油茶果壳改性生物炭吸附性能及其耦合淹水对土壤 Cd 形态影响	蔡彤, 杜辉辉, 刘孝利, 铁柏清, 杨宇 (2522)
土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响	徐飞, 张拓, 怀宝东, 隋文志, 杨雪 (2531)
渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落	程森, 路平, 冯启言 (2541)
3 种常用除草剂对细菌抗生素耐药性的影响	李曦, 廖汉鹏, 崔鹏, 白玉丹, 刘晨, 文畅, 周顺桂 (2550)
污水再生利用微生物控制标准及其制定方法探讨	陈卓, 崔琦, 曹可凡, 陆韻, 巫寅虎, 胡洪营 (2558)
《环境科学》征订启事 (2439)	
《环境科学》征稿简则 (2479)	
信息 (2152, 2231, 2286)	

冰封状态下达里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异

李文宝, 杨旭, 田雅楠, 杜蕾

(内蒙古农业大学水资源利用与保护自治区重点实验室, 呼和浩特 010018)

摘要: 细菌是湖泊生态环境、物质能量循环的关键参与者。为了解寒旱区湖泊冰封状态下上部水体中浮游细菌群落结构变化特征, 于2019年1月中旬, 在内蒙古达里湖进行了15个取样点处的湖冰底层、冰下表层水等样品(“底冰”和“表水”)的采集与分析。结果表明, 在门类水平上, 达里湖底冰中浮游细菌群落多样性比表水中略低, 且优势浮游细菌门类的相对含量出现明显冰-水差异。虽然底冰和表水中优势浮游细菌门类均由 Proteobacteria、Actinobacteria、Cyanobacteria、Bacteroidetes、Verrucomicrobia、Planctomycetes、Tenericutes 及 Gemmatimonadetes 等组成, 但 Proteobacteria 的相对含量在底冰中平均达到 63.64%, 而表水中的平均相对含量下降到 26.75%, 明显小于 Actinobacteria 的平均相对含量 (39.10%)。再者, 由于冰封过程中“冷冻浓缩”作用导致氮(N)、磷(P)等元素迁移幅度不同, 促使底冰和表水中 Proteobacteria 和 Actinobacteria 等优势细菌门类相对含量存在明显的差异响应, 导致主要浮游细菌属种的相对含量出现冰-水明显不同。整体上, 总磷(TP)和溶解性总磷(DTP)等变化成为影响底冰中优势细菌门类结构变化的环境因子, 而溶解态无机磷(DIP)和氨氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)等变化成为影响表水中优势细菌门类结构变化的环境因子。显然, 不同形态 N、P 元素的迁移幅度等成为影响冰封状态下湖泊表层水体中浮游细菌结构差异的主要影响因素, 这也将为进一步分析寒旱区湖泊水生态环境提供基础数据。

关键词: 冰封; 元素迁移; 浮游细菌; 结构; 达里湖

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)05-2276-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202009218

Changes in the Bacterioplankton Community Between “Ice” and “Water” in the Frozen Dali Lake

LI Wen-bao, YANG Xu, TIAN Ya-nan, DU Lei

(Inner Mongolia Key Laboratory of Water Resources Protection and Utilization, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China)

Abstract: Bacteria are the key components of water ecosystems, and play important roles in material and energy cycle processes. To understand the changes in the bacterioplankton community in frozen lakes, we collected 15 “bottom ice” samples and 15 “surface water” samples under the ice sheet from Dali Lake, which is an inland closed lake in the Inner Mongolia Plateau. Combined with comparisons of the physicochemical proxies between “bottom ice” and “surface water” samples, the phylum community characteristics of the bacterioplankton were analyzed in detail. Although the bacterioplankton were mainly comprised of Proteobacteria, Actinobacteria, Cyanobacteria, Bacteroidetes, and 11 other phyla in the “bottom ice” and “surface water”, the average relative abundances of the dominant planktonic bacteria were clearly different. For example, the average relative abundance of Proteobacteria was approximately 63.64% in the “bottom ice” samples, but decreased to approximately 26.75% in the surface water samples, which was visibly smaller than the relative abundance of Actinobacteria with an average value of approximately 39.10%. We concluded that the changes in the contents of nutrient elements and physicochemical proxies must be the primary factors influencing the changes in the bacterioplankton community in the frozen Dali Lake. The changes in the physicochemical proxies could have been responsible for the changes in the bacteria community in the “bottom ice” and “surface water”. Otherwise, the different physiological characteristics of the planktonic bacteria phyla caused the different responses to the changes in the contents of the nutrient elements and physicochemical proxies in the frozen lake. For example, the major bacterioplankton phyla were mainly influenced by the changes in total phosphorus and dissolved total phosphorus in the “bottom ice” and by the changes in dissolved inorganic phosphorus and ammonia nitrogen in the “surface water”. The results will provide basic data to analyze the lake ecological environment in Northern China.

Key words: frozen; element migration; bacterioplankton; community; Dali Lake

细菌是湖泊水生态系统的重要组成部分, 同时也是水体物质能量循环的主要参与者^[1~3]。近年来, 以河流和湖泊等水域作为主要研究区, 对不同时间阶段、不同空间环境下细菌群落特征及影响因素等开展了广泛研究^[4~6], 这为分析湖泊等水体微生态环境奠定了丰富的理论基础。其中, 浮游细菌对水环境变化敏感, 水体理化指标等的改变往往会导致浮游细菌群落结构的变化^[7~10]。

在一些典型气候区, 如我国蒙新高原内的湖泊, 由于冬季寒冷, 常会经历 5~6 个月的冰封期^[11]。而结冰过程的“冷冻浓缩”效应, 往往会导致冰下水体理化性质变化明显^[12], 进而可能对水

收稿日期: 2020-09-22; 修订日期: 2020-10-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(51469025, 51669021); 国家重点研发计划项目(2019YFC0409205); 内蒙古自治区高等学校“青年科技英才支持计划”项目(NJYT-20-A14)

作者简介: 李文宝(1980~), 男, 博士, 主要研究方向为湖泊水环境水生态演变, E-mail: tianshitd@126.com

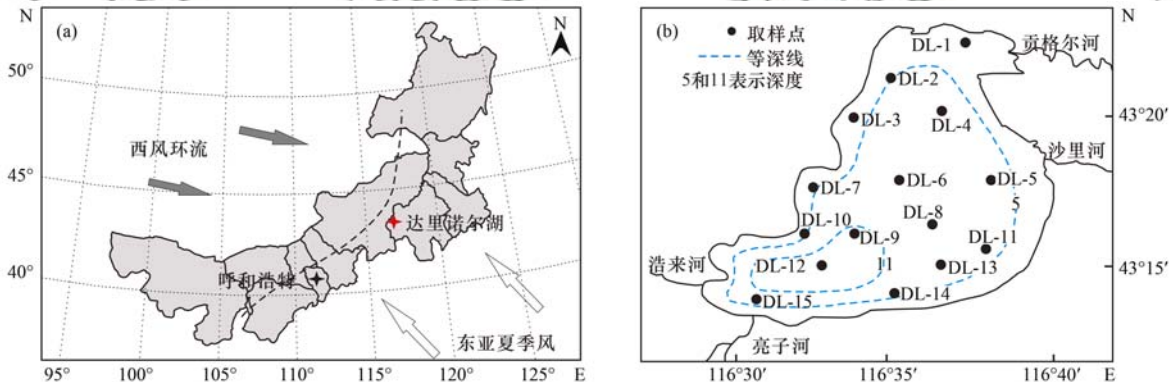
体细菌群落结构特征产生影响。现有研究成果显示,北方寒旱区水体中不仅蕴含丰富的微生物资源,且由于典型的地理位置和气候条件,生存于其中的微生物多具有区域性生理过程^[13~15]。所以,开展冰封关键时期湖泊冰、水中浮游细菌群落结构特征及理化指标变化的对比分析,不仅可以弥补以往研究中“结冰过程分析”的不足,也可为寒旱区湖泊冰封-非冰封状态下水生态环境演变对比提供基础数据。

基于此,本文选择位于内蒙古高原的达里湖作为研究对象,通过对2019年1月湖泊冰-水界面处的底层冰体(底冰)和冰下表层水体(表水)等样品采集,结合样品理化指标参数的测试,利用 Illumina MiSeq 测序方法,对冰封状态下底冰和表水中浮游细菌群落组成、优势细菌门类相对含量进行了对比分析。进一步,讨论了冰封状态下浮游细菌群落结构对水体理化指标参数变化的响应关系,以期为深入研究中国北方寒区湖泊水体微生物群落结构对结冰过程的响应提供理论参考。

1 研究区概况

达里湖位于内蒙古自治区赤峰市克什克腾旗(43°12'~43°24'N, 116°24'~116°40'E, 图1),其东北为贡格尔草原,西南是浑善达克沙地。在地理位置上,达里湖地处东亚夏季风影响区的边缘地带,属于中温带气候区,年均气温1~2℃,每年11月上旬到次年4月中旬为湖泊冰封阶段^[11,16],气温低于-20℃的天数超过100 d,1月温度最低,平均气温-22℃。此外,达里湖区域年降水量约为350~400 mm 和年均蒸发量约为1 300 mm^[16,17]。

利用近5年的卫星遥感影像进行反演,结果显示达里湖水面积平均约为189 km²,年均变化范围在1%左右^[17],湖盆西南深东北浅,最大深度约13 m,平均深度约6.5 m。达里湖无河流外泄,补给来源主要为大气降水、地下水及河流输入,而蒸发成为湖泊主要的排泄方式^[19]。在冬季,由于湖冰的覆盖,湖泊水体与外界交换减弱,且流动缓慢,垂向交换近于停滞^[16],这也为分析冰封引起的湖泊水体中元素迁移及细菌群落结构变化提供了良好基础。



(a) 达里湖位置概况,黑色虚划线代表东亚夏季风北部边缘;(b) 达里湖取样点分布及水深示意(修改自文献[17,18])

图1 研究区及取样点概况示意

Fig. 1 Study area and sampling locations of Dali Lake

2 材料与方法

2.1 样品采集

根据地形、地貌及水文特征,结合达里湖每年11月下旬开始冰封、1月冰层达到最厚的结冰过程特征,在湖内共设计15个取样点,依次命名为DL-1、DL-2、DL-3、DL-4、DL-5、DL-6、DL-7、DL-8、DL-9、DL-10、DL-11、DL-12、DL-13、DL-14和DL-15(图1和表1),并于2019年1月中旬采集了15个取样点湖冰-水交汇的底层湖冰(冰底以上5 cm处冰体)和冰下表层水(在测量冰厚的基础上,选取冰下湖水上部0~10 cm处水体)等两类样品(下称“底冰、表水”),其中DL-1和DL-10取样点水体全部冻结,

因此未采集到表水样品,而DL-2和DL-5号取样点底冰样品可能受到污染,未检测到底冰的有效数据。

具体取样过程:利用冰钎等工具将冰层逐渐钻透,根据实际冰层厚度,在完全贯穿冰层前,采集底冰样品,并置于聚乙烯瓶中;在钻透冰层、测量冰厚后,利用取水器,采集表水约1.0 L。分取适量表水和底冰融水样品,进行常规理化指标测试;再将剩余的表水和底冰融水样品,先经5 μm 无菌微滤孔滤膜过滤杂质颗粒后,再经0.22 μm 无菌微滤孔滤膜过滤收集浮游细菌^[20],过滤完成,滤膜分别置于10 mL 无菌离心管中,放置在-20℃ 以下条件中保存,用于后续实验分析。

表 1 达里湖不同取样点水深及冰厚监测结果/m

Table 1 Ice thickness and water depth in different sampling locations in Dali Lake/m

项目	取样点编号 (DL)														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
冰厚	0.5	0.7	0.7	0.65	0.7	0.65	0.65	0.65	0.7	0.45	0.7	0.65	0.7	0.6	0.6
冰下水深	0.0	5.8	6.5	6.5	6.1	7.9	6.4	7.5	7.5	0.0	8.2	7.5	8.5	7.9	7.6

2.2 理化指标测试

利用多参数水质监测仪, 结合便携式光学法溶解氧测定仪、电导率仪和塞氏圆盘等对样品中 pH、溶解氧 (DO) 和电导率 (EC) 等理化指标进行现场测定, 同时测量冰厚和冰下水深 (表 1). 此外, 化学需氧量 (COD)、总氮 (TN)、氨氮 ($\text{NH}_4^+ \text{-N}$)、总磷 (TP)、溶解性总磷 (DTP) 和溶解态无机磷 (DIP) 等理化指标则是在内蒙古农业大学水资源利用与保护自治区重点实验室及达里湖观测站完成, 具体测试方法参照文献 [21].

2.3 DNA 提取与 PCR 扩增

样品 DNA 提取前期处理工作在同济大学海洋地质国家重点实验室完成, 按照 FastDNA[®] Spin Kit 试剂盒说明步骤提取基因组总 DNA. DNA 产物利用 16S rRNA 对 V4-V5 区扩增引物进行 PCR 扩增, 引物选择 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')-806R (5'-GGACTACVSGGGTATCTAAT-3'). 修饰后的通用引物含有不同的 Tag 标签用于区别样品. PCR 扩增体系 20 μL , 其中含 5 $\times$ FastPfu 缓冲液 4 μL 、2.5 $\text{mmol} \cdot \text{d}^{-1}$ NTPs 2 μL 、正向引物 (5 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 0.8 μL 、反向引物 (5 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 0.8 μL 、FastPfu 聚合酶 0.4 μL 、DNA 模板 10 ng. 增补 ddH₂O 至 20 μL . PCR 扩增的反应条件为: 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); 10 min. 最后, 利用上海美吉生物医药科技公司 MiSeq PE300 测序仪 (Illumina Inc. San Diego. CA. USA) 完成序列测定 [14].

2.4 数据处理

对原始数据进行拼接、去杂质及非特异性片段后, 基于有效数据进行 OTU 聚类 and 物种分类分析, 将具有 $\geq 97\%$ 相似性的序列分配给相同的 OTU. 选取每类中最长的序列为代表序列, 在 QIIME 中调用 Blast 方法对序列数据库进行比对, 获得每个 OTU 代表序列的分类学信息. 本次实验样品的平均序列长

度为 253.3 bp, 最短为 224.3 bp, 最长为 314.8 bp.

利用 QIIME 计算样品 Shannon、Sobs、Heip 和 Coverage 等 α 多样性指数; 利用 R 语言程序绘制 Venn 图; 利用 CANOCO 软件 (4.5 版本) 进行优势细菌与环境因子的冗余分析 (RDA, redundancy analysis), 利用 ANOSIM 分析用于检验组间差异是否显著大于组内差异, 在进行环境因子相关性分析前, 利用 VIF 方差膨胀因子分析方法对自相关因子进行甄别.

3 结果与讨论

3.1 底冰和表水中理化指标差异

在达里湖冰封时期, 湖面被厚层湖冰所覆盖, 由于结冰过程产生的“冷冻浓缩”效应 [22,23], 往往会导致冰下水体, 特别是冰下表层水部分理化指标参数出现明显变化.

对比底冰和表水中典型理化指标参数的含量变化, 可以发现两种不同状态湖水中的 pH、EC、COD、TN 和 TP 等典型理化指标参数的含量确实存在明显差异: 除个别取样点外, 多数取样点表水中 EC、COD、TN 和 TP 等指标参数的含量均比底冰中高 (图 2). 就平均值而言, 除 pH 外, 表水中 COD、TN、TP 和 DIP 等指标参数的平均含量同样明显比底冰中的平均值高 (表 2).

基于冰-水中各指标参数变异率的计算, 对于氮 (N)、磷 (P) 等元素不同形态而言, 结冰过程中 P 元素变化最为明显, 如 TP 的冰-水变异率为 0.52, DTP 的冰-水变异率为 0.55, DIP 的冰-水变异率为 0.53; 相对地, TN 层冰-水变异率相对较小, 约为 0.25, 而 $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ 的冰-水变异率为 0.41 (表 2); 而对 COD、DO、pH 和 EC 等 4 个指标而言, EC 的冰-水变化幅度最大 (变异率为 0.47), 而 pH 的冰-水变异率最小, 仅为 0.01 (表 2), 由于湖冰中 DO 是在冰体融化后测定, 可能会导致测试结果偏小, 因此仅在此进行变化情况的初步展示, 不再讨论.

表 2 底冰和表水中理化指标参数平均值及冰-水变异率¹⁾

Table 2 Changes in the physicochemical proxies between bottom ice and surface water

理化指标	$\text{NH}_4^+ \text{-N}$ / $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	TN / $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	TP / $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	DTP / $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	DIP / $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	COD / $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	pH	EC / $\text{mS} \cdot \text{cm}^{-1}$	DO / $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$
底冰	0.27	1.88	0.70	0.55	0.56	154.84	9.60	311.61	6.71
表水	0.65	3.14	2.21	1.91	1.83	327.17	9.33	861.62	8.89
冰-水变异率	0.41	0.25	0.52	0.55	0.53	0.36	0.01	0.47	0.14

1) 变异率根据各指标参数的相对含量的方差计算

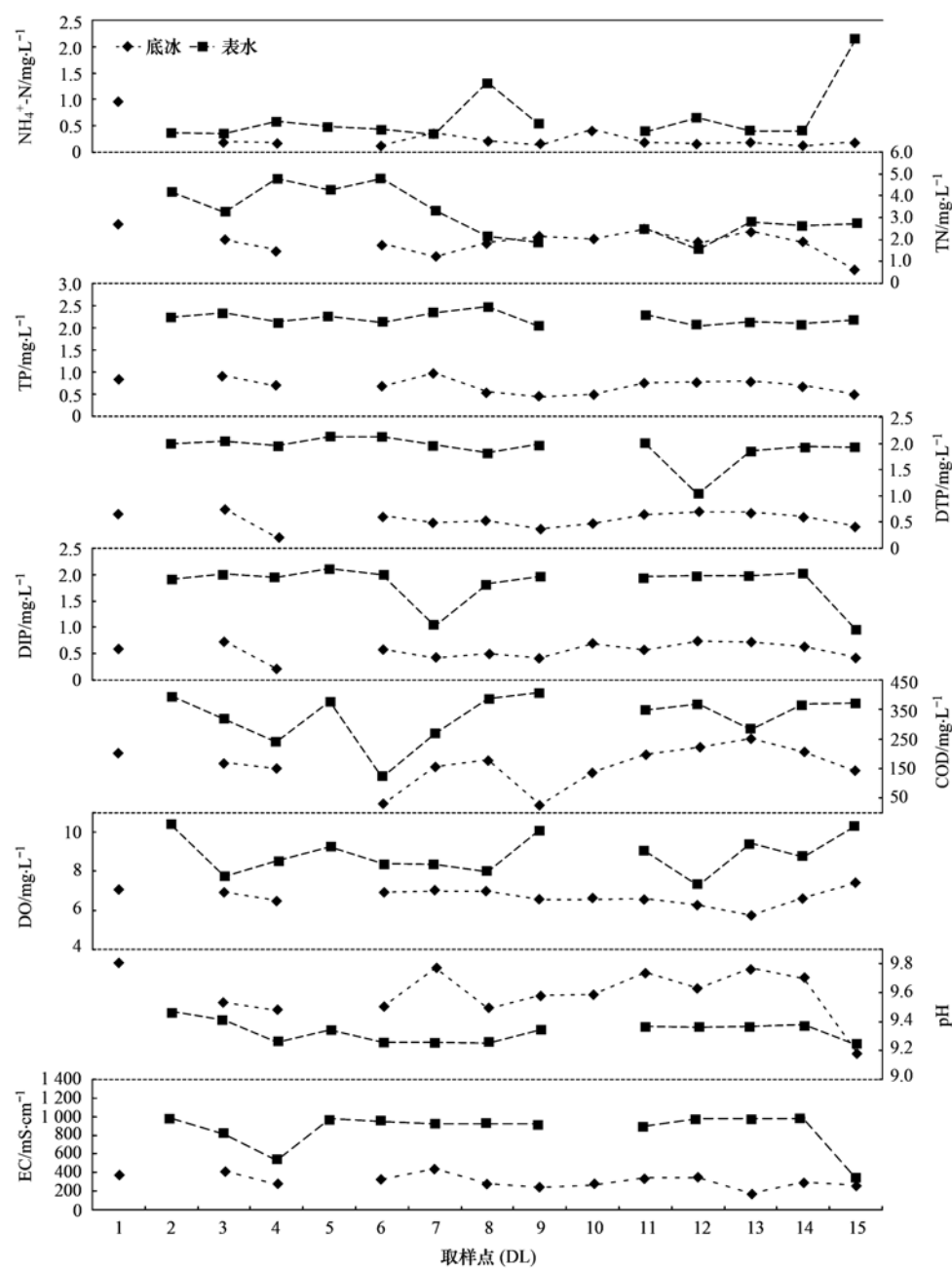


图2 底冰和表水中典型理化指标参数含量比较

Fig. 2 Comparisons of the physicochemical proxies between bottom ice and surface water

整体上,通过底冰和表水中部分典型理化指标参数的对比,可以发现结冰状态下表水中多数理化指标参数的平均值都比底冰中平均值明显升高,指示了“结冰过程”中的冰体净化效应^[23](图2).此外,虽然在水平方向上,不同取样点处底冰和表水的理化指标参数值变化存在一定程度的空间差异,如表水中TN含量在DL-8至DL-15均出现明显下降.但就整体而言,冰封状态下的冰-水中多数理化指标参数的垂向差异的确比取样点间的水平差异要明显^[22](图2).

3.2 底冰和表水中浮游细菌群落多样性对比

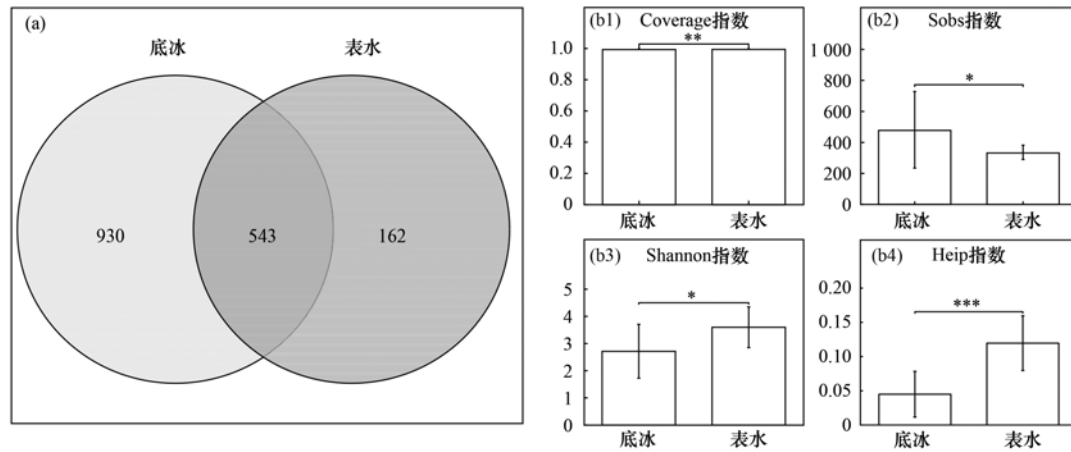
为分析达里湖水体浮游细菌组成及变化特征,

在统计达里湖底冰和表水中共有及独有 OTU 个数的基础上,绘制了 Venn 图.同时,对序列质量进行控制和筛选,在各采样点样品分析结果群落覆盖度 (Coverage 指数)均高于 99%,显示测序结果可以反映样品真实性的基础上,结合衡量样品丰富度、均匀度的 Sobs 和 Heip 指数及代表浮游细菌组成多样性的 Shannon 指数^[24,25],对比分析了结冰状态下底冰和表水浮游细菌群落的结构差异.

冰封条件下,达里湖底冰独有 OTU 为 930 个,远远大于表水中独有的 162 个 OTUs,同时底冰和表水共享 543 个 OTUs,分别占到底冰 OTU 总数的约 37%、表水 OTU 总数的约 77% [图 3(a)].此外,α

多样性指标参数值在底冰和表水样品也存在明显的差异性。例如,代表浮游细菌群落丰富度的 Sobs 指数在底冰中数值明显高于表水,而代表浮游细菌群落均匀性的 Heip 指数却是在表水中的值明显高于底

冰,这显示虽然底冰中浮游细菌群落的丰富度较高,但是群落结构并不均匀[图 3(b)].同时,表水中浮游细菌群落的 Shannon 指数也明显比底冰中的高,显示表水中浮游细菌群落的多样性更高[图 3(b)].



(a) 底冰和表水中 OTU 分布 Venn 图; (b) 底冰和表水中 α 多样性指标参数的差异; 星号表示两组样本间的显著性差异情况:

* 表示 $0.01 < P \leq 0.05$, ** 表示 $0.001 < P \leq 0.01$, *** 表示 $P \leq 0.001$

图 3 底冰和表水中 OTU 及 α 多样性指数组间差异

Fig. 3 Compositions of the OTUs and α indexes between bottom ice and surface water

在冰封状态下的达里湖,底冰和表水中浮游细菌群落的 α 多样性指标参数存在显著的差异,底冰中虽然存在较多的独有 OTU,即浮游细菌群落的丰富度较高,但显然在冰封这种极端环境中,浮游细菌的多样性、均匀度却受到影响,相对较低。

3.3 底冰和表水中优势浮游细菌门类结构特征比较

基于底冰和表水中浮游细菌群落结构特征相关指数的差异,在门类水平上对冰封状态下底冰-表水中优势浮游细菌群落组成特征进行了对比分析。在计算过程中,将相对含量小于 1% 的浮游细菌门类以 others 统一归类^[14]。

虽然 Proteobacteria (变形菌门)、Actinobacteria (放线菌门)、Cyanobacteria (蓝细菌门)、Bacteroidetes (拟杆菌门)和 Verrucomicrobia(疣微菌门)等优势细菌门类在多数取样点底冰和表水样品中的相对含量及整体平均相对含量均排在前 5 位[图 4(a)和 4(b)],但是不同优势细菌门类的平均相对含量却呈现明显差异,显示底冰和表水中优势浮游细菌门类的组成结构(即相对含量)存在显著变化。

在底冰中,Proteobacteria 的相对含量占有绝对优势,平均为 62.91%。在部分取样点,Proteobacteria 的相对含量甚至超过 90%[图 4(a)和 4(b)];而 Actinobacteria 相对含量相对较小,平均为 19.92%,Cyanobacteria 相对含量平均为 7.01%,Bacteroidetes 相对含量平均为 4.74%,Verrucomicrobia 相对含量平均为 2.52%。相对地,

在表水中,Proteobacteria 的相对含量明显下降,平均相对含量占比仅为 25.15%,明显小于 Actinobacteria 为 40.37% 的平均相对含量。当然,除去个别取样点外(如 DL-15),不同取样点表水中 Actinobacteria 相对含量的差异幅度不大,最高为 46.77%,与平均相对含量的差异不大(40.37%)。其他优势细菌门类,如 Cyanobacteria 相对含量平均为 13.05%,Bacteroidetes 相对含量平均为 12.59%,Verrucomicrobia 相对含量平均为 2.76%。整体上,相对于底冰样品,上述优势细菌门类的相对含量均出现了一定幅度的上升[图 4(b)]。

此外, Tenericutes (软壁菌门)和 Gemmatimonadetes (芽单胞菌门)的相对含量在表水样品中也超过了 1%,且明显高于底冰样品中的相对含量[图 4(a)和 4(b)]。而 Planctomycetes(浮霉菌门)在部分底冰样品中的相对含量超过 1%, unclassified_k__norank_d__Bacteria(未分门类的反硝化细菌)则在部分表水样品中的相对含量超过 1%[图 4(a)]。通过对相对含量排在前 15 位的优势浮游细菌门类进行组间差异检验,可以发现相对含量差异明显的优势细菌门类主要集中在 Proteobacteria、Actinobacteria、Cyanobacteria 和 Bacteroidete 等 4 个细菌门类[图 4(c)],基本对应了不同细菌门类在底冰和表水中相对含量的变化特征。

整体上,达里湖底冰和表水中主要优势浮游细菌门类相对含量构成与多数淡水湖泊中优势浮游细

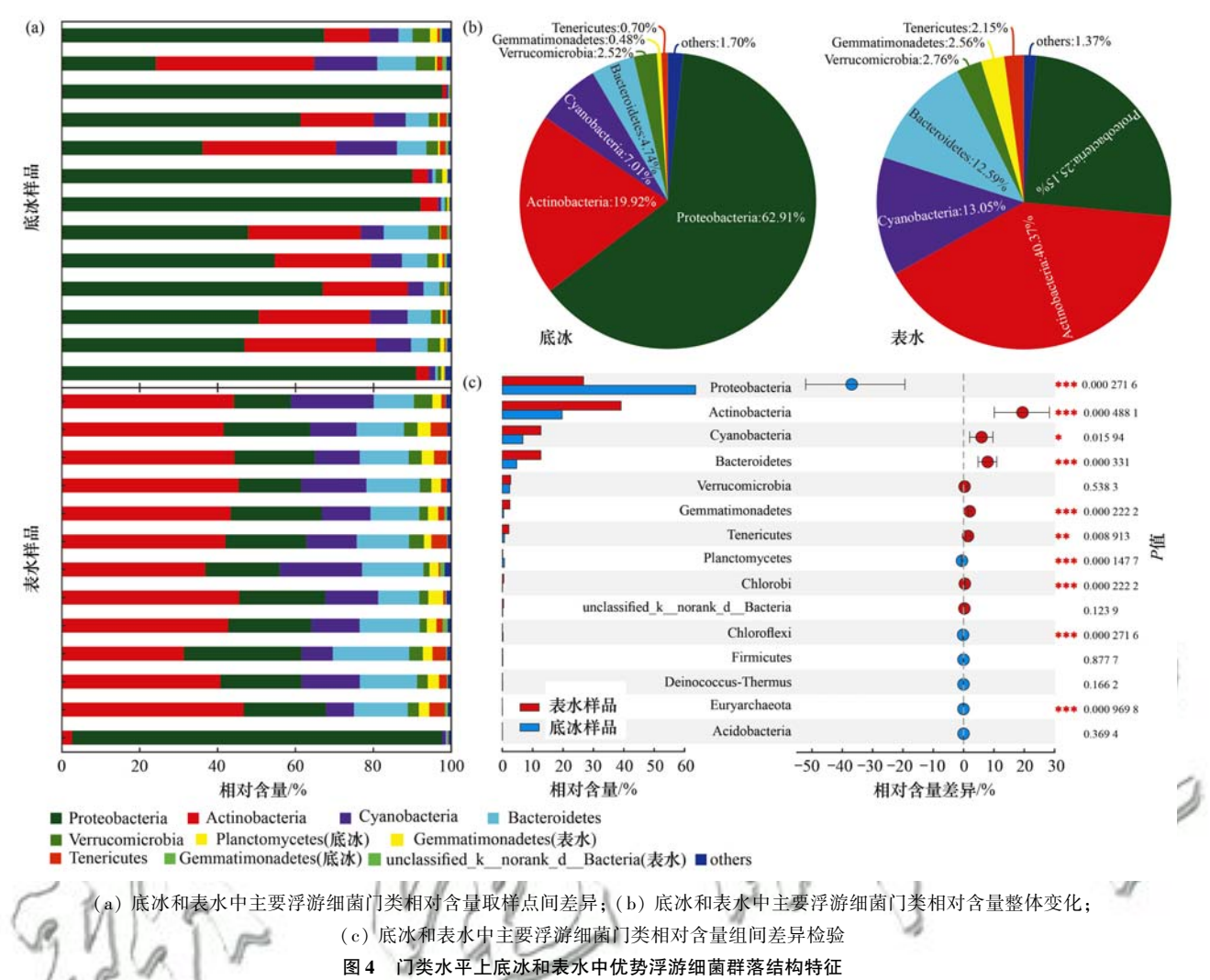


Fig. 4 Characteristics of the bacterioplankton community in bottom ice and surface water

菌门类结构相似^[26,27]。不过，需要注意地是底冰中 Proteobacteria 菌门相对含量与夏季中层水体中的相对含量较为接近^[14]。冰封条件下，由于湖泊冰盖的形成，在引起元素迁移的同时^[22,23]，也对冰-水中浮游细菌群落结构特征产生了影响。特别地，导致 Proteobacteria、Actinobacteria 和 Cyanobacteria 等优势浮游细菌门类的相对含量出现了明显的冰-水差异。

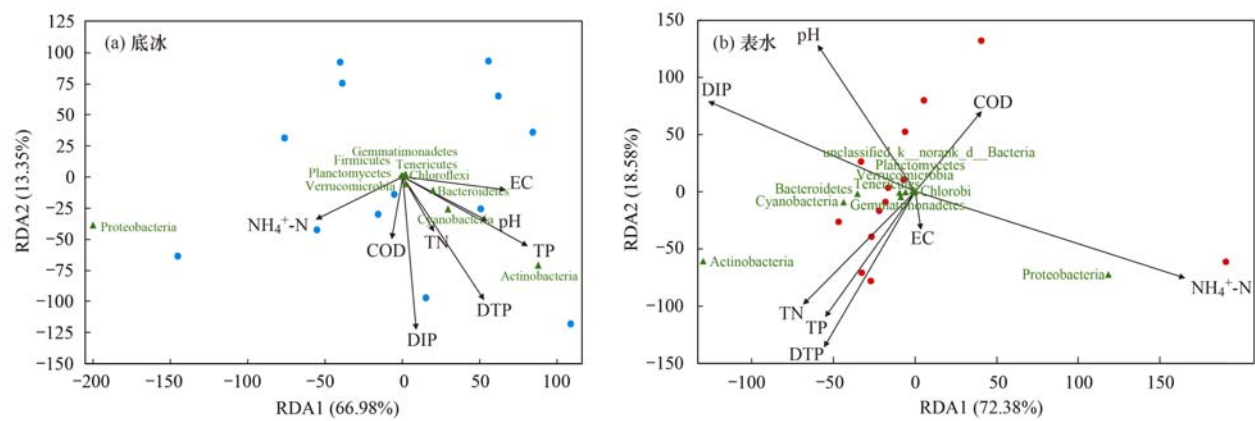
3.4 底冰和表水中优势细菌门类与典型水体理化指标的相关性

细菌作为湖泊水生态系统中的重要组成部分，其群落结构和水体理化指标参数变化存在密切联系。基于水体中 COD、EC、TN、TP、DIP、DTP 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 等水体理化指标参数的变化，在 VIF 方差膨胀因子分析方法对自相关环境因子进行甄别基础上，利用冗余分析(RDA，在 DCA 分析基础上进行，两种菌群的 lengths of gradient 第一轴数值均小于 3)及 SPSS 软件分析了门类水平上浮游细菌群落变化与各理化指标参数间的相互关系。

在冰封状态下，底冰和表水中理化指标参数变

化和大部分的菌群结构变化存在良好的相关性，这显示浮游细菌群落结构组成的确会对水体理化指标参数变化产生一定程度的响应。同时，由于结冰过程导致的水体理化指标改变，同一优势细菌门类对“冰、水”中相同理化指标的响应关系并不一致。结果显示，TP 和 DTP 等指标参数的变化是影响底冰中浮游细菌群落结构特征的主要因子，而 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 DIP 等指标参数则是影响表水中浮游细菌群落结构变化的主要因子(图 5)。

基于 SPSS 软件数据分析，选取样品中平均相对含量较高的 Proteobacteria、Actinobacteria、Cyanobacteria 和 Bacteroidetes 等 7 个优势浮游细菌门类分别与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 DIP 等典型理化指标进行了相关性分析(表 3)。如在表水中，Proteobacteria 与 DIP 呈明显的负相关，与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 呈显著正相关，而 Actinobacteria、Bacteroidetes 和 Gemmatimonadetes 等则与 DIP 呈明显的正相关，与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 呈显著负相关。此外，Verrucomicrobia 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 呈明显的负相关。对于其它理化指标，如 EC 同样是影响表水中



图中蓝色和红色圆点分别表示底冰和表水的取样点，绿色三角代表优势细菌门类，黑色箭头代表不同水体理化指标参数

图 5 底冰和表水中浮游细菌菌群与水体理化指标参数的 RDA 分析

Fig. 5 RDA of the major bacterioplankton phyla and water physicochemical proxies in bottom ice and surface water

优势浮游细菌门类相对含量的主要因素，与 Actinobacteri、Bacteroidetes 和 Cyanobacteria 呈明显正相关，与 Proteobacteria 呈明显负相关。而 COD 则分别与 Bacteroidetes 和 Tenericutes 相对含量呈明显

负相关。相对地，在底冰中，Proteobacteria 与 TP 和 DTP 等指标参数呈现明显负相关，而 Actinobacteri 和 Cyanobacteria 等则与 TP 和 DTP 等指标参数呈现明显正相关(表 3)。

表 3 浮游细菌优势细菌门类相对含量变化和典型水体理化指标参数的相关性¹⁾

Table 3 Relationships between the major bacterioplankton phyla and water physicochemical proxies in bottom ice and surface water

项目	门类	TN	NH ₄ ⁺ -N	TP	DTP	DIP	COD	EC
底冰	Proteobacteria	-0.274	0.108	-0.602 *	-0.571 *	-0.399	0.005	-0.464
	Actinobacteria	0.237	-0.246	0.560 *	0.558 *	0.408	0.048	0.392
	Cyanobacteria	0.159	0.035	0.767 **	0.556 *	0.338	0.095	0.603 *
	Bacteroidetes	0.324	-0.181	0.316	0.366	0.223	-0.344	0.303
	Verrucomicrobia	0.501	0.377	0.532	0.588 *	0.466	0.015	0.494
	Tenericutes	0.078	-0.063	0.616 *	0.535	0.250	-0.024	0.699 **
	Gemmatimonadetes	0.017	0.044	0.730 **	0.734 **	0.511	0.311	0.665 *
表水	Proteobacteria	-0.176	0.836 **	-0.181	-0.092	-0.667 *	0.129	-0.785 **
	Actinobacteria	0.169	-0.802 **	0.133	0.214	0.625 *	-0.185	0.699 **
	Cyanobacteria	0.360	-0.515	0.382	0.306	0.467	0.073	0.616 *
	Bacteroidetes	-0.116	-0.680 *	0.016	-0.404	0.616 *	-0.087	0.749 **
	Verrucomicrobia	0.123	-0.592 *	0.145	-0.216	0.240	-0.065	0.475
	Tenericutes	0.448	0.084	-0.163	0.149	-0.056	-0.633 *	-0.402
	Gemmatimonadetes	0.004	-0.730 **	-0.188	0.052	0.770 **	-0.108	0.525

1) *表示在 0.05 级别(双尾)相关性显著; **表示在 0.01 级别(双尾)相关性显著; 黑体字表示显著相关

显然，结冰过程造成的 N 和 P 等不同形态营养元素由“冰”到“水”的迁移变化幅度及“冰”、“水”物理状态的改变^[23]，导致底冰和表水中优势浮游细菌结构组成对理化指标的变化产生不同程度的响应。整体上，在冰封状态下的达里湖，如 TP 和 DTP 等含量变化成为影响底冰中优势细菌门类相对含量变化的因子，而 DIP 和 NH₄⁺-N 等含量变化则成为影响表水中优势细菌门类相对含量变化的因子。这与夏季开放状态下达里湖表层水体浮游细菌群落结构变化的主要因素存在差异^[14]。

3.5 冰封状态下浮游细菌群落结构变化及影响因素分析

结冰过程往往导致湖泊水体受到“冷冻浓缩”

效应的影响，进而会引起表层湖水性质出现改变^[22,23](图 2)：一方面，结冰过程使冰下表水受大气环流、陆源输入等外界条件变化干扰的程度较小，水体流动缓慢^[16,19]；另一方面，结冰过程的“冷冻浓缩”效应会导致底冰快速净化，表水中营养盐迅速累积(图 2)^[23]。这些改变促使冰-水理化性质的改变，可能影响浮游细菌菌群结构^[28,29]。

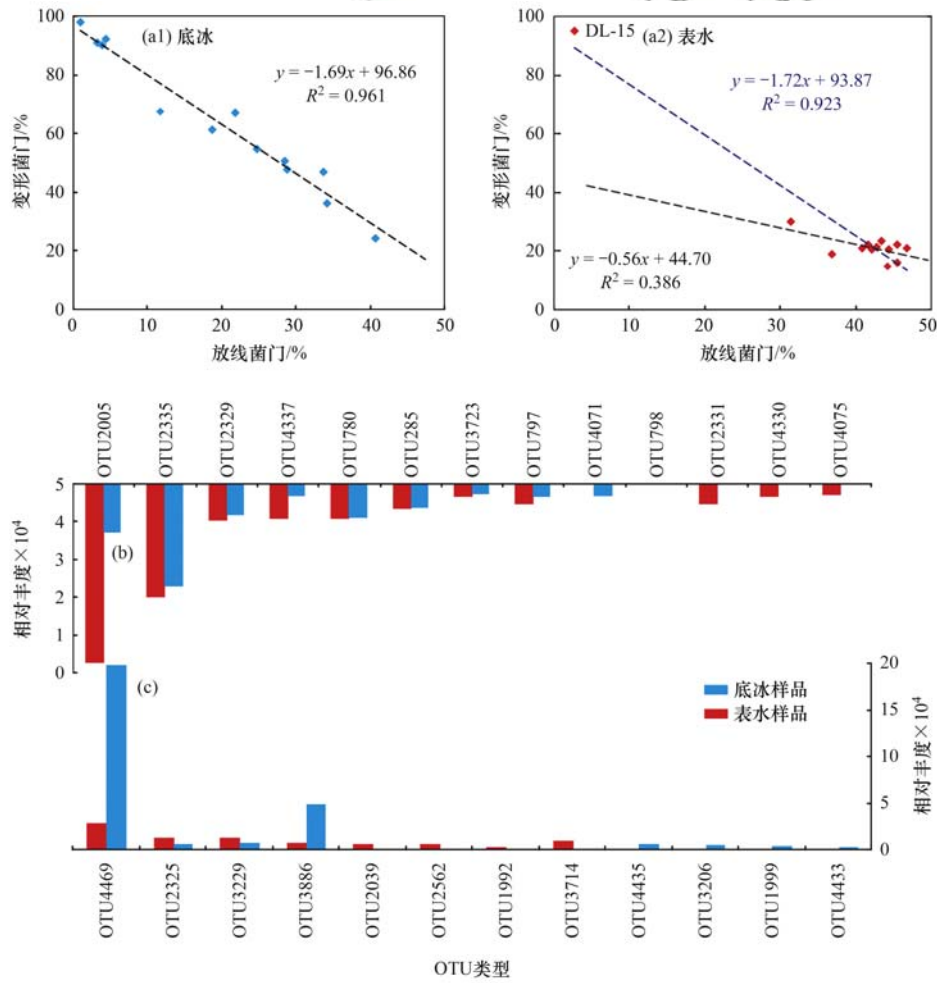
作为冰封状态下变化最为明显的细菌门类，Proteobacteria 平均相对含量由底冰中的绝对第一位转变为表水中的第二位，而 Actinobacteria 平均相对含量则由底冰中的第二位转变为表水中的第一位。如表 3 所示，Proteobacteria 和 Actinobacteria 平均相对含量无论在底冰还是表水中，其对营养元素变化

的响应关系均是相反的. 这显示冬季达里湖 *Proteobacteria* 平均相对含量可能主要受到 P 元素含量的限制, 而水体中 N 元素的富集则会明显促进其相对含量的增加^[30,31]; 相对地, 虽然 *Actinobacteria* 相对含量变化往往会受到富营养化程度等因素影响^[32,33], 但是 P 元素对 *Actinobacteria* 相对含量变化主要存在促进作用, 而 N 元素的富集显然抑制了其相对含量的增加(表 3). 同时, 虽然结冰过程导致不同形态 N 和 P 元素均发生迁移, 但是 N 元素在冰-水间的变化率却明显低于 P 元素的变化率(表 2), 显然表水中明显富集的 P 元素所引起的菌群结构改变可能部分抵消了 N 元素所引起的菌群结构改变程度(表 2 和表 3), 导致表水中 *Actinobacteria* 的相对含量最终表现出增加趋势, 显示 P 元素的主导作用^[34,35].

结冰过程中水体其他物理指标的改变也会对浮游细菌门类的相对含量及结构特征产生影响. 在

达里湖, EC 的变化与多数浮游细菌门类存在明显的正相关, 即对多数细菌门类相对含量改变均产生明显促进作用. 不过, 表水中 EC 值的升高却抑制了 *Proteobacteria* 的发展, 这也可能成为 *Proteobacteria* 相对含量在表水中迅速下降的另一因素. 此外, 在表水中, *Bacteroidetes* 和 *Cyanobacteria* 相对含量均与 EC 存在显著正相关, 这不仅和其多发现于高盐度、富营养化水体中存在一定程度的相关性^[36,37], 也再次说明了结冰过程中不同指标的变化幅度成为部分优势浮游细菌相对含量变化的关键影响因素之一.

显然, 结冰状态下“冰”和“水”理化指标的差异导致了优势细菌门类的结构出现一定程度变化. 基于 OTU 相对含量的分析, 结果显示底冰中相对含量前 30 位的 OTU 归属于 27 个菌种共 7 个菌门 (*Proteobacteria*、*Actinobacteria*、*Cyanobacteria*、*Bacteroidetes*、*Verrucomicrobia*、*Tenericutes* 和



(a) 表水和底冰中 *Proteobacteria* 与 *Actinobacteria* 的相对含量的相互关系; (b) *Proteobacteria* 菌门中主要 OTU 在底冰和表水中的组成差异; (c) *Actinobacteria* 菌门中主要 OTU 在底冰和表水中的组成差异. 其中 (a2) 图中“表水”中深蓝色字体相关公式代表全部取样点中两者相对含量变化的关系, 黑色字体相关公式代表删除 DL-15 取样点后其余取样点间相关关系

图 6 底冰和表水中 *Proteobacteria* 与 *Actinobacteria* 的相互关系

Fig. 6 Relationships between *Proteobacteria* and *Actinobacteria* in bottom ice and surface water

Gemmatimonadetes), 而表水中前 30 位的 OTU 归属于 26 个菌种共 6 个菌门 (Proteobacteria、Actinobacteria、Cyanobacteria、Bacteroidetes、Verrucomicrobia 和 Tenericutes)。

以相对含量占据明显优势的 Proteobacteria 和 Actinobacteria 菌门为例, 如底冰中 Proteobacteria 和 Actinobacteria 相对含量的负相关关系明显 ($R^2 = 0.961$, $n = 13$), 而在表水中的相关性则出现明显下降 [$R^2 = 0.386$, $n = 12$, 去掉 DL-15 取样点, 图 6 (a)]. 在 OTU 水平上, 底冰中 Proteobacteria 主要来自 7 个菌种的 8 个 OTU, 而表水中 Proteobacteria 则主要来自 8 个菌种的 8 个 OTU. 其中, OTU4435 (属于 *s__unclassified_g__Rheinheimera*)、OTU3206 (属于 *s__uncultured_bacterium_g__Herminiimonas*) 主要在底冰中出现, 而 OTU2039 (属于 *s__unclassified_f__Comamonadaceae*)、OTU2562 (属于 *s__unclassified_g__MWH-UniP1_aquatic_group*)、OTU1992 (属于 *s__uncultured_bacterium_g__Methylobacter*)、OTU3714 (属于 *s__uncultured_bacterium_g__norank_f__Chesapeake-Delaware_Bay*) 则主要在表水中出现 [图 6(b)]. 其次, 底冰中 Actinobacteria 主要来自 9 个菌种的 9 个 OTU, 而表水中 Actinobacteria 则主要来自 9 个菌种的 11 个 OTU. 其中 OTU4071 (属于 *s__uncultured_bacterium_g__Candidatus_Aquiluna*) 在底冰中出现, 而 OTU797 和 OTU4075 (属于 *s__unclassified_c__Actinobacteria*)、OTU2331 (属于 *s__uncultured_bacterium_g__hgcI_clade*)、OTU4330 (属于 *s__uncultured_actinobacterium_g__norank_f__Nitriliruptoraceae*) 则主要在表水中出现 [图 6 (c)].

总之, 基于冰-水中优势浮游细菌门类中菌种类型改变以及主要 OTU 相对含量的变化, 如 OTU4469 (属于 *s__unclassified_g__Pseudomonas*) 和 OTU2005 (属于 *s__uncultured_actinobacterium_g__CL500-29_marine_group*) 相对含量均表现出了明显冰-水差异 [图 6(b)], 可以发现浮游细菌群落结构的确对冰封状态做出了一定程度的响应; 由于不同浮游细菌生理习性的差异, 如 *s__unclassified_f__Comamonadaceae* 的含量会受到表水中营养盐含量增加、污染指数升高等因素的积极影响^[38,39], 进而导致其在表水中的相对含量出现明显上升. 这也说明冰封状态下底冰、表水中主要浮游细菌群落结构的差异明显受到 N 和 P 等元素冰-水迁移幅度等因素的影响。

4 结论

(1) 虽然底冰和表水中优势浮游细菌门类的组

成特征相似, 但是冰封状态下底冰和表水中优势浮游细菌门类的平均相对含量出现较大程度的差异. 在底冰中, 以 Proteobacteria 成为相对含量最大的细菌门类, 平均相对含量达到 63.64%; 而表水中, 平均相对含量第一的优势细菌门由 Proteobacteria (26.75%) 转变为 Actinobacteria (40.37%). 整体上, 虽然冰封状态下达里湖主要优势浮游细菌门类与其他淡水湖泊相似, 但是冰盖的形成导致底冰中浮游细菌丰富度较高, 而浮游细菌的多样性却比表水中略低。

(2) 冰封状态下, 达里湖底冰、表水中优势浮游菌群门类对不同形态 N、P 元素及其他理化指标改变的响应程度并不一致. 如 Proteobacteria 在底冰中受到 TP 和 DTP 含量的抑制作用, 而在表水中受 NH_4^+ -N 含量变化的促进作用; 相对地, Actinobacteria 在表水中受 NH_4^+ -N 含量变化的抑制作用, 而在底冰中受 TP 和 DTP 含量的促进作用. 整体上, TP 和 DTP 含量变化成为影响底冰中优势浮游细菌结构变化的主要因素, 而 DIP 和 NH_4^+ -N 含量变化成为影响表水中优势浮游细菌结构变化的主要因素. 这也说明浮游细菌群落结构即细菌种属构成的转变对冰封状态做出了一定程度的响应。

参考文献:

- [1] Garcia S L, Salka I, Grossart H P, et al. Depth-discrete profiles of bacterial communities reveal pronounced spatio-temporal dynamics related to lake stratification [J]. Environmental Microbiology Reports, 2013, 5(4): 549-555.
- [2] Baatar B, Chiang P W, Rogozin D Y, et al. Bacterial communities of three saline meromictic lakes in central Asia [J]. PLoS One, 2016, 11(3), doi: 10.1371/journal.pone.0150847.
- [3] 任丽娟, 何聃, 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.
- [4] Li M C, Wei G S, Shi W C, et al. Distinct distribution patterns of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in sediment and water column of the Yellow River estuary [J]. Scientific Reports, 2018, 8(1), doi: 10.1038/s41598-018-20044-6.
- [5] 戴文芳, 郭永豪, 郁维娜, 等. 三门湾近海有机污染对浮游细菌群落的影响 [J]. 环境科学, 2017, 38(4): 1414-1422.
Dai W F, Guo Y H, Yu W N, et al. Effects of coastal organic pollution on bacterioplankton community in Sammen Bay [J]. Environmental Science, 2017, 38(4): 1414-1422.
- [6] 薛银刚, 刘菲, 孙萌, 等. 太湖竺山湾春季浮游细菌群落结构及影响因素 [J]. 环境科学, 2018, 39(3): 1151-1158.
Xue Y G, Liu F, Sun M, et al. Community structure and influencing factors of bacterioplankton in spring in Zhushan Bay, Lake Taihu [J]. Environmental Science, 2018, 39(3): 1151-1158.
- [7] 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.
- [8] Bosshard P P, Santini Y, Grütter D, *et al.* Bacterial diversity and community composition in the chemocline of the meromictic alpine Lake Cadagno as revealed by 16S rDNA analysis [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2000, **31**(2): 173-182.
- [9] Jiang J G, Shen Y F. Development of the microbial communities in Lake Donghu in relation to water quality [J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2007, **127**(1-3): 227-236.
- [10] 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): 1252-1260.
- 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): 1252-1260.
- [11] 李文宝, 刘志娇, 杨旭, 等. 内蒙古高原达里诺尔湖夏季水体稳定同位素变化特征 [J]. 湖泊科学, 2019, **31** (2): 539-550.
- Li W B, Liu Z J, Yang X, *et al.* Changes of stable oxygen and hydrogen isotopes in summer Dali-nor lake in Inner Mongolia of Northern China [J]. Journal of Lake Sciences, 2019, **31** (2): 539-550.
- [12] 刘晓旭, 李畅游, 李文宝, 等. 冰封期达里诺尔湖同位素与营养盐分布特征及关系的定量分析 [J]. 湖泊科学, 2015, **27**(6): 1159-1167.
- Liu X X, Li C Y, Li W B, *et al.* The distribution and relationship of isotope and nutrient during freeze-up period in the Lake Dalinuer: A quantitative approach [J]. Journal of Lake Sciences, 2015, **27**(6): 1159-1167.
- [13] Yuan G, He J F, Chen M, *et al.* Factors dominating bacterioplankton abundance and production in the Nordic seas and the Chukchi Sea in summer 2012 [J]. Acta Oceanologica Sinica, 2017, **36**(8): 153-162.
- [14] 杜蕾, 李文宝, 杨旭, 等. 达里诺尔湖夏季水体浮游细菌群落垂直变化特征差异 [J]. 地球科学, 2020, **45** (5): 1818-1829.
- Du L, Li W B, Yang X, *et al.* Vertical changes of planktonic bacteria community and predictive functional analysis in summer Dali-Nor Lake [J]. Earth Science, 2020, **45** (5): 1818-1829.
- [15] Anesio A M, Sattler B, Foreman C, *et al.* Carbon fluxes through bacterial communities on glacier surfaces [J]. Annals of Glaciology, 2010, **51**(56): 32-40.
- [16] 刘志娇. 达里诺尔湖水动力条件及氢氧稳定同位素试验研究 [D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2015.
- [17] 王旭阳. 基于 3S 技术的达里诺尔湖水深反演研究 [D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2017.
- [18] Xiao J L, Si B, Zhai D Y, *et al.* Hydrology of Dali Lake in central-eastern Inner Mongolia and Holocene East Asian monsoon variability [J]. Journal of Paleolimnology, 2008, **40** (1): 519-528.
- [19] 李文宝, 杜蕾, 王旭阳, 等. 内蒙古达里诺尔湖水体稳定同位素空间分布特征指示的区域补给差异 [J]. 湖泊科学, 2019, **31** (5): 1334-1343.
- Li W B, Du L, Wang X Y, *et al.* Regional groundwater recharges based on the characteristics of stable isotope distribution in Dali-nor Lake in Inner Mongolia [J]. Journal of Lake Sciences, 2019, **31** (5): 1334-1343.
- [20] Kanukollu S, Wemheuer B, Herber J, *et al.* Distinct compositions of free-living, particle-associated and benthic communities of the *Roseobacter* group in the North Sea [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2016, **92** (1), doi: 10.1093/femsec/fiv145.
- [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] 李文宝, 李畅游, 刘晓旭, 等. 达里诺尔湖水体稳定氢、氧同位素组成变化对结冰过程的响应 [J]. 地球科学——地质大学学报, 2015, **40** (12): 2081-2090.
- Li W B, Li C Y, Liu X X, *et al.* Changes of stable oxygen and hydrogen isotopes and their responses to freezing process in Dali-Nor Lake in cold-arid areas of China [J]. Earth Science—Journal of China University Geosciences, 2015, **40** (12): 2081-2090.
- [23] 杨芳, 李畅游, 史小红, 等. 乌梁素海冰封期湖泊冰盖结构特征对污染物分布的影响 [J]. 湖泊科学, 2016, **28** (2): 455-462.
- Yang F, Li C Y, Shi X H, *et al.* Impact of seasonal ice structure characteristics on ice cover impurity distributions in Lake Ulansuhai [J]. Journal of Lake Sciences, 2016, **28** (2): 455-462.
- [24] Chao A N. Nonparametric estimation of the number of classes in a population [J]. Scandinavian Journal of Statistics, 1984, **11** (4): 265-270.
- [25] Rogers M B, Firek B, Shi M, *et al.* Disruption of the microbiota across multiple body sites in critically ill children [J]. Microbiome, 2016, **4** (1), doi: 10.1186/s40168-016-0211-0.
- [26] Lauro F M, DeMaere M Z, Yau S, *et al.* An integrative study of a meromictic lake ecosystem in Antarctica. The ISME Journal, 2011, **5** (5): 879-895.
- [27] 吴庆龙, 江和龙. 中国湖泊微生物组研究 [J]. 中国科学院院刊, 2017, **32** (3): 273-279.
- Wu Q L, Jiang H L. China lake microbiome project [J]. Bulletin of Chinese Academy of Sciences, 2017, **32** (3): 273-279.
- [28] Humbert J F, Dorigo U, Cecchi P, *et al.* Comparison of the structure and composition of bacterial communities from temperate and tropical freshwater ecosystems [J]. Environmental Microbiology, 2009, **11** (9): 2339-2350.
- [29] Ji B, Liang J C, Ma Y Q, *et al.* Bacterial community and eutrophic index analysis of the East Lake [J]. Environmental Pollution, 2019, **252**: 682-688.
- [30] 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.
- [31] 丁铁睿, 李定龙, 张毅敏, 等. 涪湖底泥细菌群落结构及多样性 [J]. 环境科学学报, 2017, **37** (5): 1649-1656.
- Ding Y R, Li D L, Zhang Y M, *et al.* The structure and the diversity of sediment microbial communities in Gehu Lake [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017, **37** (5): 1649-1656.
- [32] Allgaier M, Grossart H P. Diversity and seasonal dynamics of *Actinobacteria* populations in four lakes in northeastern Germany [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, **72** (5): 3489-3497.
- [33] Zhi X Y, Li W J, Stackebrandt E. An update of the structure and 16S rRNA gene sequence-based definition of higher ranks of the class *Actinobacteria*, with the proposal of two new suborders and four new families and emended descriptions of the existing higher taxa [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2009, **59** (3): 589-608.
- [34] 刘晓波, 康世昌, 刘勇勤, 等. 青藏高原纳木错湖细菌群落特征及其与高山湖泊的对比 [J]. 冰川冻土, 2008, **30** (6): 1041-1047.
- Liu X B, Kang S C, Liu Y Q, *et al.* Microbial community structures in the Nam Co Lake, Tibetan Plateau, and comparison

- with other alpine lakes [J]. Journal of glaciology and Geocryology, 2008, **30**(6): 1041-1047.
- [35] 曾巾, 杨柳燕, 肖琳, 等. 湖泊氮素生物地球化学循环及微生物的作用[J]. 湖泊科学, 2007, **19**(4): 382-389.
Zeng J, Yang L Y, Xiao L, *et al.* Biogeochemical cycling of nitrogen in lakes and the role of microorganisms in conversion of nitrogen compounds [J]. Journal of Lake Sciences, 2007, **19**(4): 382-389.
- [36] Havens K E, Philips E J, Cichra M F, *et al.* Light availability as a possible regulator of Cyanobacteria species composition in a shallow subtropical lake [J]. Freshwater Biology, 1998, **39**(3): 547-556.
- [37] Chen K, Allen J, Lu J R. Community structures of phytoplankton with emphasis on toxic Cyanobacteria in an Ohio Inland Lake during bloom season [J]. Journal of Water Resource and Protection, 2017, **9**(11): 1299-1318.
- [38] 冯胜, 秦伯强, 高光. 细菌群落结构对水体富营养化的响应 [J]. 环境科学学报, 2007, **27**(11): 1823-1829.
Feng S, Qin B Q, Gao G. Response of bacterial communities to eutrophic water in Lake Taihu [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2007, **27**(11): 1823-1829.
- [39] 张胜男, 赵吉睿, 张晓军, 等. 乌梁素海浮游细菌群落结构及其对富营养化因子的响应 [J]. 微生物学通报, 2014, **41**(6): 1082-1093.
Zhang S N, Zhao J R, Zhang X J, *et al.* Planktonic bacterial community structure and its response to eutrophic factors in Lake ULanSuHai [J]. Microbiology China, 2014, **41**(6): 1082-1093.

《环境科学》多项引证指标名列前茅

2020 年 12 月 29 日,中国科学技术信息研究所在中国科技论文统计结果发布会上公布了 2019 年度中国科技论文统计结果. 统计结果显示《环境科学》2019 年度总被引频次 12 057,影响因子 2.256,多项引证指标位居环境科学技术及资源科学技术类科技期刊前列.

CONTENTS

Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Atmospheric PM _{2.5} in Winter in Beijing	XU Nan, WANG Tian-tian, LI Xiao, <i>et al.</i> (2101)
Characteristics of Two Pollution Episodes Before and After City Heating in Beijing from February to March of 2019	YIN Xiao-mei, PU Wei-wei, WANG Ji-kang, <i>et al.</i> (2110)
Analysis of Characteristics and Causes of a Typical Haze Pollution in Beijing in the Winter of 2019	LIAN Han-yang, YANG Xin, ZHANG Pu, <i>et al.</i> (2121)
New Particle Formation Events in Summer and Winter in the Coastal Atmosphere in Qingdao, China	SUN Yue, ZHU Yu-jiao, MENG He, <i>et al.</i> (2133)
Characteristics of Heavy Metal Pollution and Ecological Risk Evaluation of Indoor Dust from Urban and Rural Areas in Taiyuan City During the Heating Season	HUANG Hao, XU Zi-qi, YAN Jun-xia, <i>et al.</i> (2143)
Concentration Analysis and Health Risk Assessment of Air Pollutants in Newly Decorated Public Places in Xi'an	FAN Jie, FAN Hao, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (2153)
Emission Concentration and Characteristics of Particulate Matter and Water-Soluble Ions in Exhaust Gas of Typical Combustion Sources with Ultra-Low Emission	HU Yue-qi, WANG Zheng, GUO Jian-hui, <i>et al.</i> (2159)
High-Throughput Sequencing Analysis of Microbial Communities in Summertime Atmospheric Particulate Matter in Hefei City	JIANG Shao-yi, SUN Bo-wen, DAI Hai-tao, <i>et al.</i> (2169)
Spatiotemporal Variations in Fine Particulate Matter and the Impact of Air Quality Control in Zhengzhou	DONG Zhe, YUAN Ming-hao, SU Fang-cheng, <i>et al.</i> (2179)
Characteristics of Ozone Pollution and Relationships with Meteorological Factors in Jiangxi Province	QIAN Yue, XU Bin, XIA Ling-jun, <i>et al.</i> (2190)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics of Aerosol Optical Properties in Urban Agglomerations on the North Slope of the Tianshan Mountains	ZHANG Zhe, DING Jian-li, WANG Jin-jie, <i>et al.</i> (2202)
Comprehensive Classification Method of Urban Water by Remote Sensing Based on High-Resolution Images	YANG Zi-qian, LIU Huai-qing, LÜ Heng, <i>et al.</i> (2213)
Construction and Application Optimization of the Chl-a Forecast Model ARIMA for Lake Taihu	LI Na, LI Yong, FENG Jia-cheng, <i>et al.</i> (2223)
Spatial Differences in Water Quality and Spatial Autocorrelation Analysis of Eutrophication in Songhua Lake	DING Yang, ZHAO Jin-yong, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2232)
Pollution and Irrigation Applicability of Surface Water from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	ZHU Dan-ni, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (2240)
Changes in Water Chemistry and Driving Factors in the Middle and Lower Reaches of the Beijing-Hangzhou Grand Canal	CHENG Zhong-hua, DENG Yi-xiang, ZHUO Xiao-ke, <i>et al.</i> (2251)
Effects of Different Land Use Practices on Nitrogen Loss from Runoff During Rainfall Events	LUO Yi-feng, CHEN Fang-xin, ZHOU Hao, <i>et al.</i> (2260)
Sources and Fate of Nitrate in Groundwater in a Typical Karst Basin: Insights from Carbon, Nitrogen, and Oxygen Isotopes	REN Kun, PAN Xiao-dong, LIANG Jia-peng, <i>et al.</i> (2268)
Changes in the Bacterioplankton Community Between "Ice" and "Water" in the Frozen Dali Lake	LI Wen-bao, YANG Xu, TIAN Ya-nan, <i>et al.</i> (2276)
Analysis of the Spatial Changes in Bacterial Communities in Urban Reclaimed Water Channel Sediments; A Case Study of the North Canal River	QIU Ying, JIN Yan, SU Zhen-hua, <i>et al.</i> (2287)
Spatial Differences and Influencing Factors of Denitrification and ANAMMOX Rates in Spring and Summer in Lake Taihu	ZHAO Feng, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (2296)
Structural Characteristics of Zooplankton and Phytoplankton Communities and Its Relationship with Environmental Factors in a Typical Tributary Reservoir in the Three Gorges Reservoir Region	CHEN Sha, XIE Qing, FU Mei, <i>et al.</i> (2303)
Application of Iron and Sulfate-Modified Biochar in Phosphorus Removal from Water	SANG Qian-qian, WANG Fang-jun, ZHAO Yuan-tian, <i>et al.</i> (2313)
Analysis of the Performance and Mechanism of Phosphorus Removal in Water by Steel Slag	LUO Xiao, ZHANG Jun-bo, HE Lei, <i>et al.</i> (2324)
Adsorption of BS-18 Amphoterically Modified Bentonite to Tetracycline and Norfloxacin Combined Pollutants	WANG Xin-xin, MENG Zhao-fu, LIU Xin, <i>et al.</i> (2334)
Preparation of Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ Composite Photocatalysts and Their Visible Light Photocatalytic Performance	GAO Chuang-chuang, LIU Hai-cheng, MENG Wu-shuang, <i>et al.</i> (2343)
Activation of Permonosulfate by Rhodamine B for BPA Degradation Under Visible Light Irradiation	ZHANG Yi-chen, BAI Xue, SHI Juan, <i>et al.</i> (2353)
Fe-Ti Co-Doped Alumina-Induced Surface Dual Reaction Center for Catalytic Ozonation to Remove Pollutants from Water	ZHANG Fan, SONG Yang, HU Chun, <i>et al.</i> (2360)
Preparation of Sulfidated Copper-Iron Bimetallic Compositing Material and Its Mechanism for Chromium Removal	QU Min, WANG Yuan, CHEN Hui-xia, <i>et al.</i> (2370)
Mechanisms of Penicillin Wastewater Treatment by Coupled Electrocatalytic and Bioelectrochemical Systems	QU You-peng, LÜ Jiang-wei, DONG Yue, <i>et al.</i> (2378)
Aerobic Granular Sludge Operation and Nutrient Removal Mechanism from Domestic Sewage in an Anaerobic/Aerobic Alternating Continuous Flow System	LI Dong, YANG Jing-wei, LI Yue, <i>et al.</i> (2385)
In-situ Phosphorus Removal Activity and Impact of the Organic Matter Concentration on Denitrifying Phosphorus Removal in Sludge Aggregates	LÜ Yong-tao, JIANG Xiao-tong, TU Yan, <i>et al.</i> (2396)
In-situ Sludge Reduction Technology Based on Ozonation	XUE Bing, LIU Bin-han, WEI Ting-ting, <i>et al.</i> (2402)
Effects of Activated Carbon on the Fate of Antibiotic Resistance Genes During Anaerobic Digestion of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste	MA Jia-ying, WANG Pan-liang, WANG Bing-han, <i>et al.</i> (2413)
Release Mechanisms of Carbon Source and Dissolved Organic Matter of Six Agricultural Wastes in the Initial Stage	LING Yu, YAN Guo-kai, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2422)
Spatial Differentiation of Soil Organic Carbon Density and Influencing Factors in Typical Croplands of China	LI Cheng, WANG Rang-hui, LI Zhao-zhe, <i>et al.</i> (2432)
Characteristics of Paddy Soil Organic Carbon Mineralization and Influencing Factors Under Different Water Conditions and Microbial Biomass Levels	LIU Qi, LI Yu-hong, LI Zhe, <i>et al.</i> (2440)
Analysis of Nitrogen Transformation Characteristics and Influencing Factors of Forestland Soil in the Qinghai-Tibet Plateau; A Case Study of the Qilian Mountains and Southeast Tibet	HE Fang, ZHANG Li-mei, SHEN Cong-cong, <i>et al.</i> (2449)
Using the Matter-Element Extension Model to Assess Heavy Metal Pollution in Topsoil in Parks in the Main District Park of Lanzhou City	HU Meng-jun, LI Chun-yan, LI Na-na, <i>et al.</i> (2457)
Effects of Long-Term Application of Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers on Heavy Metals and Their Availability in Reddish Paddy Soil	XIA Wen-jian, ZHANG Li-fang, LIU Zeng-bing, <i>et al.</i> (2469)
Characteristics and Origins of Heavy Metals in Soil and Crops in Mountain Area of Southern Sichuan	HAN Wei, WANG Cheng-wen, PENG Min, <i>et al.</i> (2480)
Spatial Distribution Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Topsoil PAHs in the Core Area of the Ningdong Energy and Chemical Industry Base	YANG Fan, LUO Hong-xue, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (2490)
Functional Stability and Applicability of Heavy Metal Passivators in Reducing Cd Uptake by Lettuce	PANG Fa-hu, WU Xue-jiao, KONG Xue-fei, <i>et al.</i> (2502)
Effects of Water Management on Cadmium Accumulation by Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) Growing in Typical Paddy Soil	ZHANG Yu-ting, TIAN Ying-bing, HUANG Dao-you, <i>et al.</i> (2512)
Adsorption Properties of Oiltea Camellia Shell-Modified Biochar and Effects of Coupled Waterlogging on Soil Cd Morphology	CAI Tong, DU Hui-hui, LIU Xiao-li, <i>et al.</i> (2522)
Effects of Land Use Changes on Soil Fungal Community Structure and Function in the Riparian Wetland Along the Downstream of the Songhua River	XU Fei, ZHANG Tuo, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (2531)
Distribution of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in a Fishery Reclamation Mining Subsidence Area	CHENG Sen, LU Ping, FENG Qi-yan (2541)
Effects of Three Commonly Used Herbicides on Bacterial Antibiotic Resistance	LI Xi, LIAO Han-peng, CUI Peng, <i>et al.</i> (2550)
Discussion of Microbial Control Standards of Water Reclamation and Formulation Methods	CHEN Zhuo, CUI Qi, CAO Ke-fan, <i>et al.</i> (2558)