

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

长江经济带PM_{2.5}空间异质性和驱动因素的地理探测

王丽丽, 刘笑杰, 李丁, 孙颖琦



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年3月

第43卷 第3期
Vol.43 No.3

目次

2000~2020年天津PM _{2.5} 质量浓度演变及驱动因子分析	蔡子颖,郝国,韩素芹,唐颖潇,杨旭,樊文雁,姚青,邱晓滨(1129)
天津市PM _{2.5} -O ₃ 复合污染特征及来源分析	肖致美,徐虹,高璟,蔡子颖,毕温凯,李鹏,杨宁,邓小文,戴运峰(1140)
基于随机森林模型的武汉市城区大气PM _{2.5} 来源解析	张志豪,陈楠,祝波,陶卉婷,成海容(1151)
华北南部重污染城市周边区域二次气溶胶的化学特征及来源解析	任秀龙,胡伟,吴春苗,胡偲豪,高娜娜,张崇崇,岳亮,王金喜,樊景森,牛红亚(1159)
“大气十条”实施结束川南城市群秋季霾污染过程中水溶性离子特征	吴安南,黄小娟,何仁江,李金建,叶林麟,吴涛,肖智丹,刘子锐,王跃思,张小玲,张军科(1170)
郑州市典型污染过程PM ₁₀ 中重金属浓度、来源及健康风险评估	翟诗婷,王申博,张栋,赵孝因,杨洁茹,刘洋,陈红阳,张瑞芹(1180)
长江经济带PM _{2.5} 空间异质性和驱动因素的地理探测	王丽丽,刘笑杰,李丁,孙颖琦(1190)
长三角地区PM _{2.5} 浓度对土地利用/覆盖转换的空间异质性响应	周丽霞,吴涛,蒋国俊,张建珍,濮励杰,徐飞,解雪峰(1201)
“2+26”城市春节和元宵节期间污染特征、气象影响和预报回顾分析	朱媛媛,王晓斐,汪巍,刀语,王帅,陈善荣(1212)
基于小波变换的山西省PM _{2.5} 污染特征及影响因素	张可可,胡冬梅,闫雨龙,彭林,段小琳,尹浩,王凯,邓萌杰(1226)
中国地表臭氧浓度估算及健康影响评估	赵楠,卢毅敏(1235)
湖南省臭氧污染基本特征分析及长期趋势变化主控因素识别	刘妍妍,杨雷峰,谢丹平,泽仁央宗,黄志烟,杨俊,赵鹏,韩静磊,贾文超,袁自冰(1246)
山东半岛近地面O ₃ 浓度时空变化及潜在源区解析	李乐,刘旻霞,肖仕锐,王思远,米佳乐(1256)
COVID-19疫情期间雄安新区VOCs的变化特征、臭氧生成潜势及来源解析	刘新军,王淑娟,刘程,范莉茹,付翠轻,齐堃,宿文康(1268)
淄博市城区臭氧超标期间的VOCs污染特征与来源解析	王帅,王秀艳,杨文,王雨燕,白瑾丰,程颖(1277)
淄博市夏季城区与背景点VOCs污染特征比较	秦涛,徐勃,王信梧,李丽明,杨文,王晓丽,耿春梅(1286)
四川省餐饮源挥发性有机物组分特征和清单	钱骏,韩丽,陈军辉,王斌,姜涛,徐晨曦,李英杰,王成辉,王波(1296)
餐饮源气相与颗粒相多环芳烃排放特征	李源,吴爱华,童梦雪,栾胜基,李骞(1307)
堆肥厂不同工作区空气真菌的多样性与群落结构	于奥园,邢礼军,孙兴滨,仇天雷,王旭明,高敏(1315)
城市扬尘污染主要成因与精准治尘思路	李廷昆,冯银厂,毕晓辉,张裕芬,吴建会(1323)
黄河干流水质评价与时空变化分析	刘彦龙,郑易安(1332)
典型山地城市河流营养元素空间分布特征及影响因素分析:以重庆市清水溪为例	王超,叶秋,贾伯阳,何文战,党超军,黄焱,杜浪(1346)
三峡库区支流的河-湖两态及其对沉积物不同形态磷含量的影响	黄伟,张研,罗晓佼,张磊(1356)
派河及其支流溶解性有机质分子组成特征	詹亚,尹浩,冯景伟,冯艾荣,胡艳云,张刘,郑刘根(1365)
粤港澳大湾区典型潮间带环境多介质中Cd形态空间分布特征及其影响因素	崔新月,莫武秋,廖建波(1375)
骆马湖及主要入湖河流表层水体中抗生素的赋存特征及风险评价	龚润强,赵华璋,高占欣,胡冠九,卜元卿,张圣虎,邱慧(1384)
宁夏第三排水沟中抗生素的污染特征与生态风险评估	李富娟,高礼,李凌云,郑兰香,陶红,杨桂钦(1394)
百年以来北方湖泊沉积物PAHs的变化特征及其对人类活动的响应	龚雄虎,赵中华,丁琪琪,张路,姚书春,薛滨(1404)
长江流域河流和湖库的浮游细菌群落差异	胡愈忻,张静,黄杰,段春建,李天翠,刘威,王英才,胡圣(1414)
河套平原灌溉间隙期乌梁素海水体细菌群落结构特征	史玉娇,李文宝,张博尧,姚国旺,史小红(1424)
不同空间尺度的景观结构对袁河浮游细菌群落的影响	舒旺,王鹏,丁明军,张华,黄高翔,聂明华(1434)
鄱阳湖白鹤保护区微塑料表面微生物群落结构特征	刘淑丽,简敏菲,邹龙,胡启武(1447)
微塑料对变形杆菌生物膜生长发育的影响	陶辉,戚怡婷,于多,杨兰,顾颖,厉彦辉(1455)
乌梁素海低密度微塑料聚合物沉降规律	刘禹,史小红,张生,郝若男,孙标,赵胜男(1463)
老化前后微塑料对富里酸的吸附	宋亚丽,俞娅,郝磊,汪华,朱文芳(1472)
天津市滨海河流N、O ₃ 扩散通量及控制因子	汤梦瑶,胡晓康,王洪伟,王云仓,常素云,王松庆,钟继承(1481)
铁矿石和生物炭添加对潜流人工湿地污水处理效果和温室气体排放及微生物群落的影响	陈鑫童,郝庆菊,熊艳芳,胡剑,江长胜(1492)
降雨径流污染风险等级识别与优化方法	齐小天,张质明,赵鑫,胡文翰,刘迪(1500)
基于贝叶斯网络的给水管网消毒副产物生成因素分析	江杉杉,王臻宇,高权,杨愿愿,高方舟,胡佩,应光国(1512)
聚硫代酰胺修饰活性炭对Au(Ⅲ)的选择性吸附效果与机制	赵文金,张顺,安晓强,兰华春,刘会娟,曲久辉(1521)
F/M对活性污泥微生物生态网络的影响	张冰,孙展翔,文湘华(1529)
城乡融合区土壤元素地球化学特征与源解析:以天府新区青龙片区为例	刘书准,王德伟,施泽明,唐亮,章凤英,廖程,李晓雨,徐文斌(1535)
基于总量与形态的矿区周边土壤重金属生态风险与健康风险评估	王蕊,陈楠,张二喜(1546)
湖南锡矿山周边土壤-农作物系统镉迁移转化特征及污染评价	张龙,宋波,黄凤艳,肖乃川,顿梦杰(1558)
生物炭负载氧化石墨烯对离子型稀土土壤中重金属的阻控效应	杨士,刘祖文,龙培,毕永顺,林苑,左华伟(1567)
溶解性有机质强化棉花修复镉污染土壤	闵涛,罗彤,陈丽丽,茹思博,李俊华(1577)
铁锰氧化物-微生物负载生物炭材料对镉和砷的吸附机制	连斌,吴骥子,赵科理,叶正钱,袁峰(1584)
不同冬小麦品种镉富集转运及离子组特征差异	刘畅,徐应明,黄青青,陶雪莹,王林,孙约兵,赵立杰(1596)
镉胁迫下不同小麦品种对镉的积累特性	任超,任成仲,王浩,朱利文,李竞天,杜倩倩,李萍(1606)
嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响	刘坤和,薛玉琴,竹兰萍,徐飞,朱志豪,张拓,张富斌(1620)
蚯蚓/钾锰改性生物炭对As污染红壤中细菌多样性和群落结构的影响	苏倩倩,李莲芳,朱昌雄,叶婧,刘雪,耿兵,田云龙,黄晓雅(1630)
DA-6和EDDS施用对龙葵生长、Cd吸收和土壤细菌群落结构的影响	罗洋,孙丽,刘方,任军,郭金梅,闫修民(1641)
地膜覆盖对农田土壤养分和生态酶计量学特征的影响	胡志娥,肖谋良,王双,童瑶瑶,鲁顺保,陈剑平,葛体达(1649)
增温和增雨对黄土丘陵区撂荒地土壤呼吸的影响	王兴,钟泽坤,朱玉帆,王佳懿,杨改河,任成杰,韩新辉(1657)
秸秆还田、地膜覆盖及施氮对冬小麦田N ₂ O和N ₂ 排放的影响	彭毅,李惠通,张少维,阳婷,王筱斐,周春菊,王林权(1668)
基于Meta分析的不同生产条件下秸秆还田对土壤氮挥发的影响	赵政鑫,王晓云,田雅洁,王锐,赵青,蔡焕杰(1678)
施肥对农田土壤抗生素抗性基因影响的整合分析	冉继伟,肖琼,黄敏,蔡岸冬,张文菊(1688)

河套平原灌溉间隙期乌梁素海水体细菌群落结构特征

史玉娇, 李文宝*, 张博尧, 姚国旺, 史小红

(内蒙古农业大学水利与土木建筑工程学院, 水资源保护与利用自治区重点实验室, 呼和浩特 010018)

摘要: 为研究河套平原末端乌梁素海在灌溉间隙期水体中细菌群落组成和相应的功能, 于2020年9月开展湖上取样工作并对pH、TN、TP、DIP、DTP、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、Chla、EC和SAL等指标进行分析. 利用16S rRNA高通量测序方法对乌梁素海表层水15个样本中附着细菌和浮游细菌分别进行测定. 结果表明: ①附着细菌丰富度和群落多样性大于浮游细菌, 而在均匀度上两者中位数相同; ②前五大优势细菌门类中Proteobacteria和Actinobacteriota各取样点浮游细菌均明显高于附着细菌, Bacteroidota中附着细菌和浮游细菌各取样点丰度高低交错, 相反, Verrucomicrobiota和Cyanobacteria中各取样点附着细菌的含量均高于浮游细菌; ③冗余分析显示, pH对优势附着细菌的影响最为显著, 优势浮游细菌中电导率和盐度的影响最为显著; ④PICRUSt2功能预测分析表明, 附着细菌和浮游细菌代谢功能最强, 表现出丰富的代谢功能. 其中共有29个氮相关的有效KO和88个磷相关的有效KO, 以固氮功能和无机磷溶解功能最强, 且浮游细菌在两种功能中发挥着更大的作用.

关键词: 细菌; 群落结构; 乌梁素海; 河套平原; 功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)03-1424-10 DOI: 10.13227/j.hjks.202107108

Characteristics of Bacterial Community Structure in Wuliangsu Lake During an Irrigation Interval in Hetao Plain

SHI Yu-jiao, LI Wen-bao*, ZHANG Bo-yao, YAO Guo-wang, SHI Xiao-hong

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

Abstract: In order to study the bacterial community composition and corresponding function in Wuliangsu Lake at the end of the Hetao Plain during the irrigation gap period, lake samples were collected in September 2020, and the pH, TN, TP, DIP, DTP, $\text{NH}_4^+\text{-N}$, Chla, EC, SAL, and other indicators were analyzed. The 16S rRNA high-throughput sequencing method was used to explore the attached bacteria and bacterioplankton in 15 samples of the surface water in Wuliangsu Lake. The experimental results showed that: ① the alpha diversity Chao and Shannon indices of attached bacteria were greater than that of bacterioplankton, but the median of Shannoneven index was the same. ② In each sampling point, the bacterioplankton of Proteobacteria and Actinobacteria in the top five dominant bacteria phyla were higher than that of attached bacteria, and the abundance of attached bacteria and bacterioplankton of Bacteroidota were staggered. On the contrary, the contents of attached bacteria of Verrucomicrobiota and Cyanobacteria were all higher than that of bacterioplankton. ③ Redundant analysis showed that pH had the most significant effect on dominant attached bacteria, and the effect of conductivity and salinity in dominant bacterioplankton was the most significant. ④ PICRUSt2 function prediction analysis showed that attached bacteria and planktonic bacteria had the strongest metabolic functions, showing abundant metabolic functions. There were 29 nitrogen-related effective KOs and 88 phosphorus-related effective KOs, with the greatest nitrogen-fixing function and strong inorganic phosphorus-dissolving function, and bacterioplankton played a greater role in the two functions.

Key words: bacterial; community structure; Wuliangsu Lake; Hetao Plain; function prediction

细菌作为湖泊生态系统中重要组成部分,在水体能量循环和物质转化等方面发挥的作用不容忽视^[1-3]. 湖泊中细菌群落结构特征是湖泊水环境质量变化的重要指示指标之一^[4,5]. 通常,细菌可以分为附着细菌和浮游细菌两大类:附着细菌是指水中主要附着在浮游植物和有机碎屑和颗粒物上的一种细菌类群;浮游细菌则不附着在任何物体上,是在水体中营浮游生活的一种原核生物类群^[6,7]. 虽然它们以不同形态存在于水体中,但二者共同影响着微生物系统的结构特征和群落生态功能的变化^[8,9].

寒旱区湖泊由于其特殊的地理位置和气候特征,逐渐成为国内外研究的焦点. 其中,乌梁素海作为内蒙古西部的典型寒旱区湖泊,是黄河流域大型灌区——河套平原灌区灌排工程的重要组成部分,它不仅是河套灌区压盐退排水的承接载体,同时也

是黄河水质安全的保障^[10,11]. 目前,在“一湖两海”和“黄河流域生态保护”等政策背景下,虽然在乌梁素海农业面源污染控制和水生态环境改善等方面取得一系列成果,形成了一系列的生态维护方案^[12],但是在乌梁素海微生态结构特征和生态功能分析等方面的研究却相对匮乏,因此这不利于在机制上解释N和P等典型营养元素的迁移转换过程. 基于此,展开对乌梁素海细菌群落的研究,不仅可以弥补乌梁素海在微生态研究中的不足,也可为湖泊环境演变提供理论依据.

收稿日期: 2021-07-12; 修订日期: 2021-08-18

基金项目: 内蒙古自治区科技重大项目(2020ZD0009); 内蒙古自治区科技攻关项目(2020GG0009); 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); 国家重点研发计划项目(2019YFC0409205)

作者简介: 史玉娇(1998~),女,硕士研究生,主要研究方向为湖泊水环境水生态演变, E-mail: Shiyujiaoshj@163.com

* 通信作者, E-mail: tianshi126@126.com

由于每年4月上旬和10月下旬分别为乌梁素海春灌期和秋灌期,所以期间补水期带来的外源物质将留存在湖泊中,和湖泊内部系统相互影响,并在9月湖泊综合降解能力达到最大^[13],这期间水体中的微生态系统必然发挥着至关重要的作用。因此,以河套平原灌溉退水期的9月为时间节点,对湖泊水体微生态系统展开研究,必将有利于反映灌溉间隙期湖泊微生态系统的结构特征。本文利用高通量测序技术,结合水体典型理化指标,对乌梁素海表水中附着细菌和浮游细菌群落结构特征进行了对比分析,同时开展细菌群落生态功能的对比预测,通过进一步分析排水过程对湖泊水环境水生态的影响,以期开展外源输入和内源释放相互关系研究提供基础资料。

1 研究区概况

乌梁素海位于内蒙古自治区巴彦淖尔市乌拉特

前旗境内($40^{\circ}36' \sim 41^{\circ}03'N$, $108^{\circ}43' \sim 108^{\circ}57'E$),地处河套平原东部,是黄河流域最大的湖泊,也是寒旱区典型浅水型湖泊。由于受到中温带大陆性季风气候的控制,湖泊区域呈现出干旱少雨和降水少而不均的气候特征,而这种气候特征使湖泊呈现出明显的季节性变化^[14,15]。根据气象资料显示,湖泊多年平均气温为 $7.2^{\circ}C$,多年平均降水量为 224 mm,多年平均蒸发量为 1 502 mm,大约每年 12 月上旬开始结冰,翌年 3 月份开始消融,冰冻期长达 5 个月。水源主要经过各渠干流入总排干,最终汇入乌梁素海,且农田退水是湖泊补给主要的水源,达到总入湖量的 90% 以上(图 1)。由于乌梁素海位于黄河流域河套平原末端,因此是河套灌区农田退水的重要排泄通道,其生态功能的稳定不仅是当地经济发展的基础,也对当地人民的生活发展具有极其重要的作用。

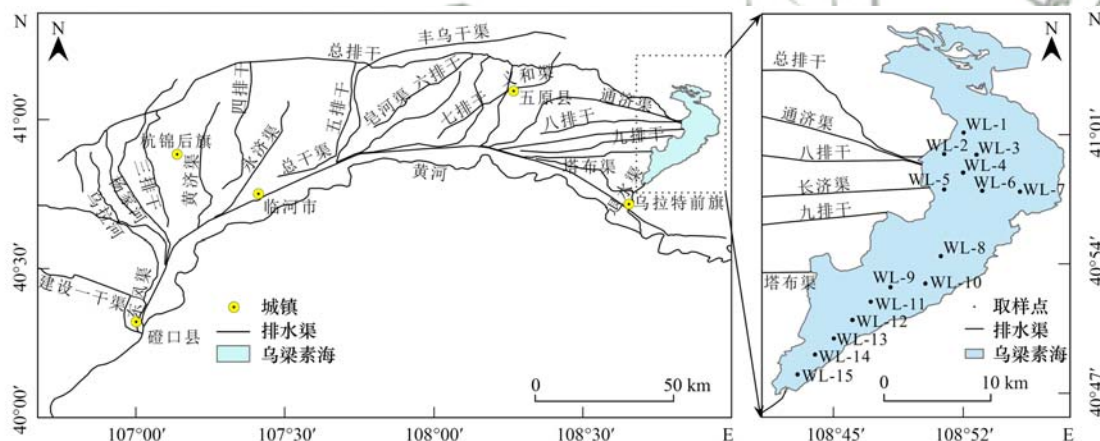


图1 乌梁素海位置及采样点分布示意

Fig. 1 Location of Wuliangsu Lake and the distribution of sampling sites

2 材料与方法

2.1 样品采集

根据水面面积和周围环境特征,在湖面布设 15 个取样点,由北到南依次为 WL-1、WL-2、WL-3、WL-4、WL-5、WL-6、WL-7、WL-8、WL-9、WL-10、WL-11、WL-12、WL-13、WL-14 和 WL-15。采用 GPS 定位系统于 2020 年 9 月完成湖水取样工作。具体取样方法:利用取水器对 15 个点进行表水样品采集,采集完成后装入 1 L 聚乙烯取样瓶中带回实验室,取样的同时利用多参数水质监测仪对水体进行 pH 等指标的测定。在实验室内,将 1 L 样品平分为 2 份,其中 0.5 L 用于水体理化指标的测定,另外 0.5 L 用于浮游和附着细菌的收集。收集方法:水样首先通过 $5 \mu m$ 的水滤膜进行过滤,用于去除杂质和附着细菌的收集,再将 $5 \mu m$ 过滤后的水样经过 $0.22 \mu m$ 的水滤膜进行过滤^[4,16],用于收集浮游细

菌,将过滤后的两种滤膜立即放于 $-80^{\circ}C$ 的液氮中保存,用于后续 DNA 提取和 PCR 扩增^[17]。

2.2 数据处理

利用 Illumina MiSeq 进行测序,Fastp 软件对原始测序序列进行质控,同时使用 FLASH 软件进行拼接;过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基,设置 50 bp 的窗口,如果窗口内的平均质量值低于 20,过滤质控后 50 bp 以下的 reads,去除含 N 碱基的 reads。根据 PE reads 之间的 overlap 关系,将成对 reads 拼接成一条序列,拼接序列的 overlap 区允许错配的最大比率为 0.2,筛选不符合序列。根据序列首尾两端的 barcode 和引物区分样品,barcode 允许的错配数为 0,最大引物错配数为 2。最终使用 UPARSE 软件,根据 97% 相似度对序列进行 OTU 聚类并剔除嵌合体。利用 RDP classifier 对每条序列进行物种分类注释,设置比对阈值为 70%^[18~21]。

通过抽平后的 OTU,利用 R 语言作出 Venn 图;

利用 mothur 计算 Chao 指数、Shannoneven 指数和 Shannon 指数来研究群落丰富度、群落均匀度和群落多样性;利用 IQ-TREE 选取出前五大优势细菌门类,再进一步分析各站点附着细菌和浮游细菌的丰度变化情况;利用 R 语言 vegan 包中 rda 进行冗余分析来反映优势细菌门类和各环境因子之间的关系;利用 PICRUS2 软件对 KEGG 代谢通路中第二代谢层级和氮磷代谢层级进行功能预测分析.

3 结果与分析

3.1 乌梁素海表水理化性质

在灌溉间隙期,乌梁素海水源补给相对减少,对 pH、水温 (WT)、溶解氧 (DO)、总氮 (TN)、游离态氨氮 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$)、叶绿素 (Chla)、总磷 (TP)、溶解性无机磷 (DIP)、溶解性总磷 (DTP)、盐度 (SAL) 和电导率 (EC) 等 11 个指标的测定,结果显示,WT、pH 和

DO 分别在 $16.60 \sim 17.80^\circ\text{C}$ 、 $7.99 \sim 9.01$ 和 $1.90 \sim 9.01 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 之间,平均值分别为 17.25°C 、 8.60 和 $6.50 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$,均呈现湖泊南部区域偏高的趋势. $\rho(\text{TN})$ 、 $\rho(\text{NH}_4^+\text{-N})$ 、 $\rho(\text{Chla})$ 和 $\rho(\text{TP})$ 分别在 $0.81 \sim 3.18 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 、 $0.03 \sim 1.08 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 、 $2.01 \sim 22.27 \mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $0.04 \sim 0.12 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 之间,平均值分别为 1.40 、 0.40 、 10.00 和 $0.06 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$,它们在湖泊南部变化不明显,但在湖泊北部波动较大. $\rho(\text{DIP})$ 在 $0.01 \sim 0.05 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 之间浮动,平均值为 $0.02 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$,各取样点在平均值上下浮动,以湖泊最南部和最北部含量最高. $\rho(\text{DTP})$ 、 $\rho(\text{SAL})$ 和 EC 分别在 $0.01 \sim 0.06 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 、 $0.50 \sim 1.69 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $0.84 \sim 2.70 \text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$ 之间,平均值分别为 $0.04 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 、 $1.20 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $2.00 \text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$,它们整体变化趋势相同. 总体上讲,在水平方向上,不同理化指标存在一定的空间差异,其中 WT、pH、Chla、DTP、SAL 和 EC 变化显著,其余指标变化范围不大(图 2).

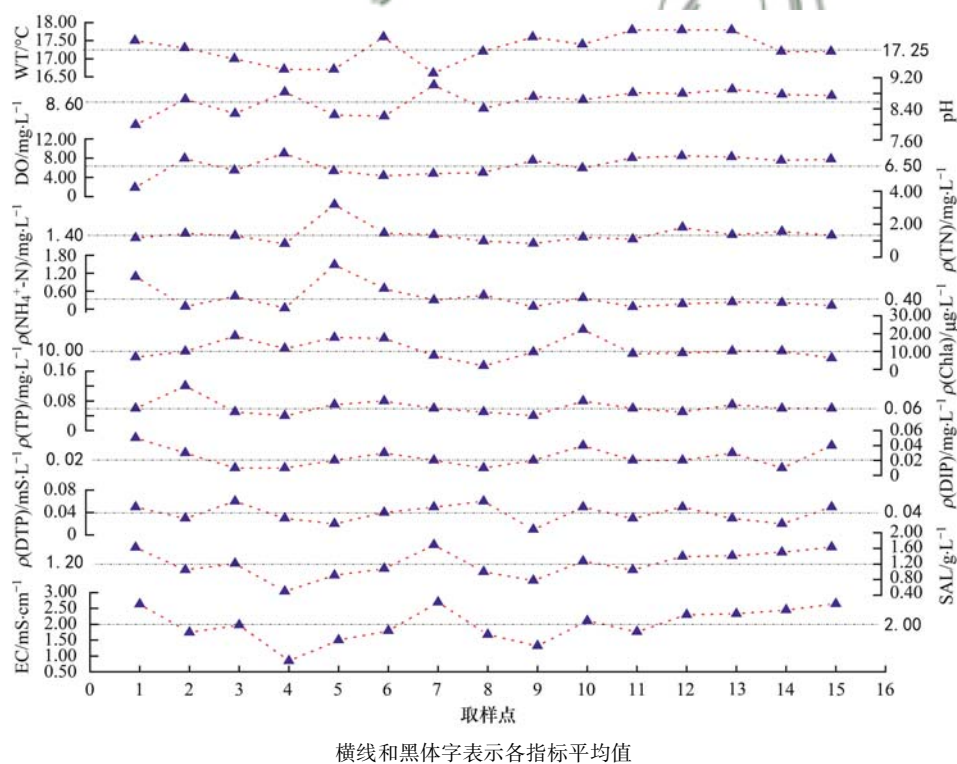


图 2 乌梁素海水体典型理化指标变化特征

Fig. 2 Variation characteristics of typical physical and chemical indexes in Wuliangsu Lake

3.2 OTU 聚类 and 细菌群落多样性

为了解乌梁素海表层水体中细菌群落组成,通过对 97% 相似水平下的序列进行聚类,绘制出 Venn 图. 同时利用 α 多样性中衡量群落丰富度、均匀度和多样性的 Chao、Shannoneven 和 Shannon 指数对乌梁素海表层水体的附着细菌和浮游细菌进行了对比分析^[22,23].

灌溉间隙期,乌梁素海表水中总共统计 OTU 数

目为 7 616 个,其中归属于附着细菌的 OTU 数目为 4 952 个,归属于浮游细菌的 OTU 数目为 5 182 个. 浮游细菌和附着细菌共享 OTU 数目为 2 518 个,即附着细菌和浮游细菌共有的 OTU 个数占附着细菌 OTU 总数的 50.85%,占浮游细菌 OTU 总数的 48.59% (图 3). 显然,乌梁素海表水中附着细菌和浮游细菌中的 OTU 数量差异不大. 此外,进一步利用 α 多样性指数对细菌群落进行分析. 其中,附着

细菌中反映群落丰富度 Chao 指数的中位数和均值都高于浮游细菌,显示附着细菌丰富度大于浮游细菌丰富度,并且附着细菌各个取样点 Chao 指数的空间变化幅度比浮游细菌大;反映群落均匀度的 Shannoneven 指数中,虽然附着细菌和浮游细菌的 Shannoneven 值中位线是一致的,但浮游细菌 Shannoneven 指数均值比浮游细菌 Shannoneven 指数

均值略高且取样点间的空间分布更加均匀;Shannon 指数则综合反映了细菌群落的丰富度和均匀度,Shannon 值越大,群落多样性越高,显然乌梁素海表水中附着细菌 Shannon 指数中位数和均值都高于浮游细菌,因此附着细菌群落多样性比浮游细菌高,且各取样点间 Shannon 指数的分布比浮游细菌更均匀(图 3)。

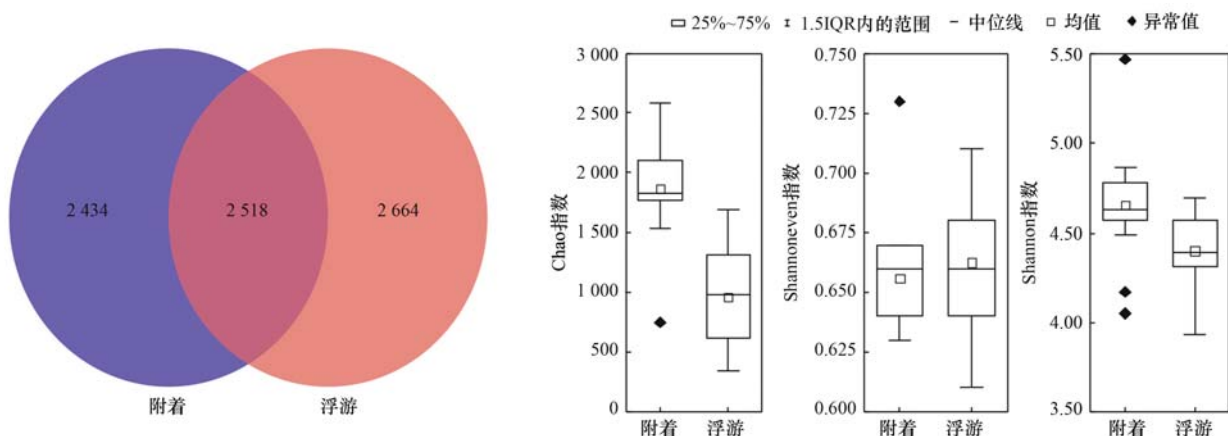


图 3 群落组成 Venn 图和细菌多样性指数

Fig. 3 Venn diagram of community composition and bacterial diversity index chart

3.3 优势细菌门类对比

细菌作为水体中重要的组成部分,其群落组成和水体环境关系极为密切。基于附着细菌和浮游细菌 OTU 组成和 α 多样性的差异,结合极大似然法 ML (maximum likelihood) 构建揭示细菌群落进化过程的系统发生进化树,在细菌门类水平找到相对含量总和达到 90% 以上的前五大优势细菌门类,并对各取样点优势细菌门类下附着细菌和浮游细菌的具体丰度展开研究。

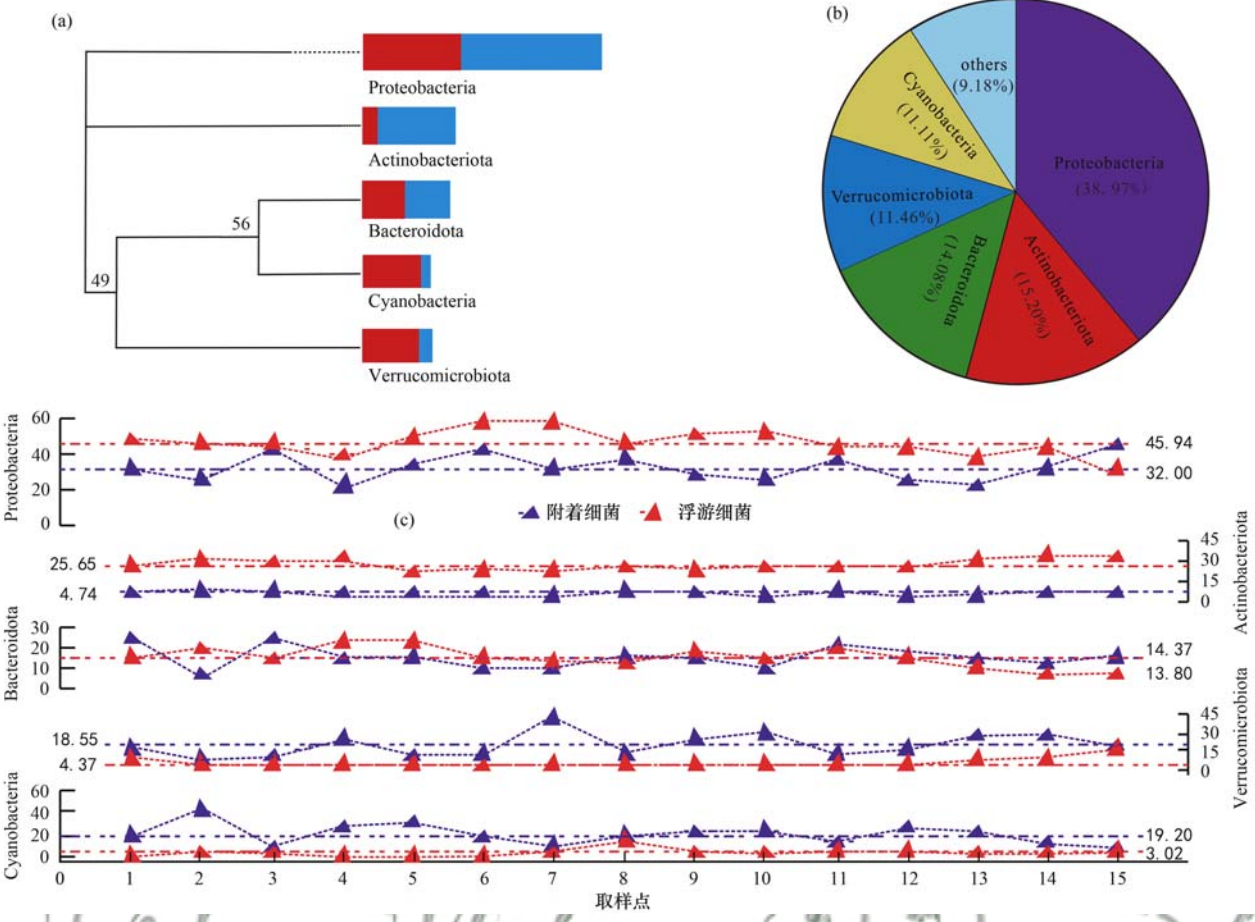
根据系统发生进化树得知,在乌梁素海表水中,相对含量最高的是变形菌门 (Proteobacteria),约为 38.97%;第二位是放线菌门 (Actinobacteriota),约为 15.20%;第三位是拟杆菌门 (Bacteroidota),约为 14.08%;第四位的疣微菌门 (Verrucomicrobiota) 和第五位的蓝细菌门 (Cyanobacteria) 相对含量均约为 11.00%。这五大优势细菌门类的相对含量超过 90.00%,是乌梁素海表水菌群结构中的重要组成门类。在优势细菌门类相对含量基础上,进一步对五大优势细菌门类中附着细菌和浮游细菌空间分布情况进行了分析(图 4)。具体来看,乌梁素海表水中各取样点附着细菌和浮游细菌的空间分布具有很大差异性。Proteobacteria 细菌门类中来自浮游态的相对含量高于附着态的,且仅在 WL-15 点处附着态的相对含量高于浮游态的相对含量,而在 WL-3 点处二者的含量差值达到最小。在 Actinobacteriota 中浮游态远高

于附着态,且附着态的含量变化相对稳定,各点连线趋向于一条直线。Bacteroidota 中附着态和浮游态的含量呈现出高低交替的情况。相反, Verrucomicrobiota 和 Cyanobacteria 中附着态高于浮游态。

3.4 优势细菌门类和典型理化指标相关性

细菌作为水体生态环境的重要组成部分,其优势细菌门类结构特征和水体理化指标变化关系密切^[17,24]。在通过 VIF 方差膨胀因子分析后,选取 Proteobacteria 等前五位优势细菌门类,利用 RDA 分析(图 5),分别对 DO、pH、EC、TP、TN、DTP、DIP、SAL、WT、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 Chla 这 11 个理化指标变化对优势附着和优势浮游细菌群落结构的水环境变化响应关系进行了对比分析。

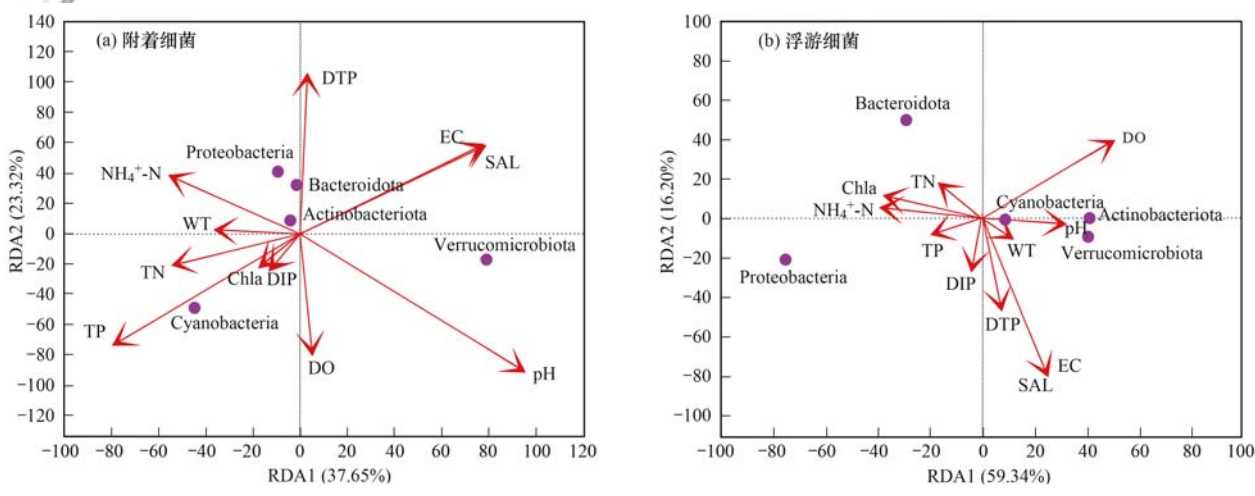
在乌梁素海表层水体中,水体理化指标与优势附着细菌和优势浮游细菌之间确实存在一定的响应,但对附着态和浮游态优势细菌的影响并不一致。基于冗余分析得到 DTP、EC、SAL、pH 和 TP (如 pH 中 $r = 0.680$ 、 $P = 0.024$, TP 中 $r = 0.539$ 、 $P = 0.110$) 是影响优势附着细菌的主要因子(图 5 和表 1), Chla 和 DIP 对优势附着细菌的解释程度最小。而 EC、SAL、DO、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 Chla (如 SAL 中 $r = 0.775$ 、 $P = 0.006$; EC 中 $r = 0.777$ 、 $P = 0.007$; DO 中 $r = 0.659$ 、 $P = 0.039$) 是影响优势浮游细菌的主要因子(图 5 和表 1), WT 对优势浮游细菌解释程度最小。另一方面,结合水体理化指标参数和优势细



(a) 系统发生进化树; (b) 各优势细菌门类所占比例; (c) 各取样点优势细菌门类附着细菌和浮游细菌相对百分含量对比, 图中纵坐标为百分含量%, 横线和黑体字表示各细菌门类平均值

图 4 乌梁素海附着细菌和浮游细菌优势细菌门类结构特征对比

Fig. 4 Comparison of the structural characteristics of the dominant bacteria phyla of attached bacteria and planktonic bacteria in Wuliangsu Lake



圆点代表优势细菌门类, 箭头代表环境因子, 箭头的长短代表相关性的强弱

图 5 附着细菌和浮游细菌与水体理化指标参数 RDA 分析

Fig. 5 RDA analysis of adherent bacteria and planktonic bacteria and physical and chemical index parameters of water

菌门类进行分析, 不难发现, 同一类细菌门类下优势附着细菌和优势浮游细菌对环境的选择大有不同. 对于 N 和 P 相关指标, 如 DIP 对 Proteobacteria 中附着细菌呈现负相关, 而对浮游细菌呈正相关. 再如,

NH_4^+-N 对 Actinobacteriota 中附着细菌呈正相关, 而对浮游细菌呈负相关. 对于其他指标参数, 如 EC 对 Bacteroidota 中附着细菌为正相关, 对浮游细菌为负相关.

表 1 附着细菌与浮游细菌和理化指标的 Mantel 检验¹⁾

Table 1 Mantel test of attached bacteria and planktonic bacteria and physical and chemical indexes

指标	附着细菌		浮游细菌	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
WT	0.197	0.771	0.138	0.885
pH	0.680	0.024	0.322	0.526
EC	0.484	0.173	0.777	0.007
DO	0.338	0.483	0.659	0.039
SAL	0.499	0.144	0.775	0.006
DIP	0.118	0.928	0.241	0.703
DTP	0.434	0.301	0.424	0.320
TP	0.539	0.110	0.210	0.759
NH ₄ ⁺ -N	0.349	0.472	0.410	0.343
TN	0.315	0.530	0.224	0.725
Chla	0.126	0.922	0.391	0.371

1) 黑体字表示附着细菌和浮游细菌中 *P* 的最小值

3.5 KEGG 代谢通路功能预测

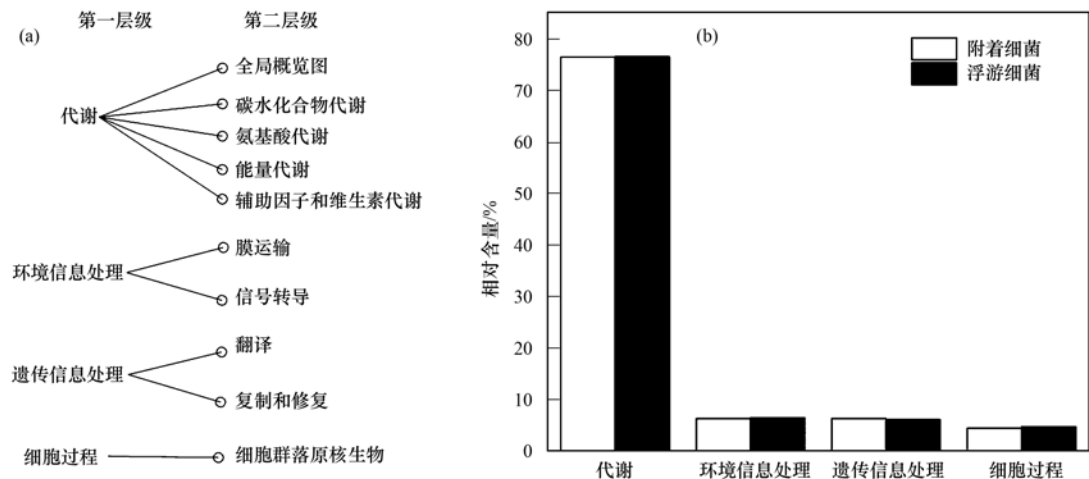
为获得乌梁素海表层水体中细菌群落的功能,更加全面地了解微生态系统特征,本文利用 PICRUS2 进行分析,将获得的 OTU 对应的 KEGG 家族信息、丰度信息和代谢通路的功能丰度谱与 KEGG 数据库信息进行对比,从而获得细菌群落生态功能信息.

3.5.1 第二层级代谢通路

选取 KEGG 代谢通路的第二代代谢水平进行功能预测,结果显示:全局概览图(global and overview maps)、碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、

氨基酸代谢(amino acid metabolism)、能量代谢(energy metabolism)、辅助因子和维生素代谢(metabolism of cofactors and vitamins)、膜运输(membrane transport)、信号转导(signal transduction)、细胞群落原核生物(cellular community-prokaryotes)、翻译(translation)以及复制和修复(replication and repair)是乌梁素海表水细菌群落的主要生态功能,且浮游细菌功能丰度上都略高于附着细菌(图 6).

不过,对比 KEGG 数据库发现:全局概览图、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、能量代谢、辅助因子和维生素代谢的第一层级属于代谢层级(metabolism),该层级上附着细菌占比 76.44%,浮游细菌占比 76.55%. 膜运输、信号转导的第一层级属于环境信息处理(environmental information processing),该层级中附着细菌占比 6.33%,浮游细菌占比 6.52%. 翻译、复制和修复的第一层级属于遗传信息处理(genetic information processing),该层级中附着细菌占比 6.39%,浮游细菌占比 6.11%. 细胞群落原核生物的第一层级属于细胞过程(cellular processes),该层级中附着细菌占比 4.49%,浮游细菌占比 4.78%. 由此可见,乌梁素海表水的代谢功能最强,占据了整体功能的 75% 以上,且附着细菌和浮游细菌的代谢功能差别不大.



(a) 乌梁素海菌群主要功能, (b) 第一层级下附着细菌和浮游细菌功能占比

图 6 乌梁素海细菌群落功能预测结果

Fig. 6 Results of prediction of bacterial community function in Wuliangsu Lake

3.5.2 氮和磷代谢相关分析

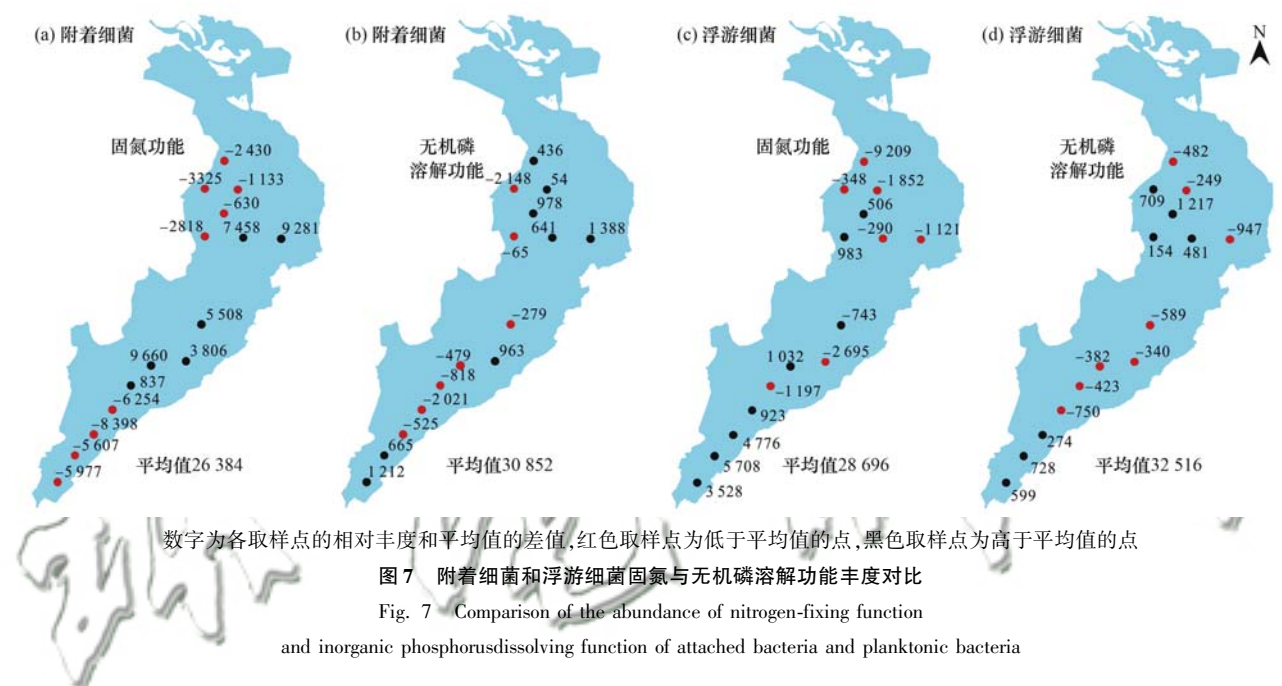
氮和磷元素作为湖泊典型营养元素,其迁移转化过程的分析是湖泊水环境和水生态分析过程中的关键^[25,26]. 本文基于 PICRUS2 对乌梁素海表水细菌群落在第二代代谢水平分析,又进一步选取 KO

(KEGG orthology) 代谢通路对附着细菌和浮游细菌群落中氮和磷代谢相关的功能进行了分析. 最终在乌梁素海表水细菌群落生态功能中共选出 29 个氮相关的有效 KO 和 88 个磷相关的有效 KO,且各取样点的附着细菌和浮游细菌表现出一定程度的空间

差异性. 通过对筛选出的基因进行归类统计, 在此选取相对丰度最高的固氮功能 KO 和无机磷溶解功能 KO, 并分析各取样点附着细菌和浮游细菌的差异(图 7).

一方面, 从固氮功能上看, 附着细菌功能丰度分布不均匀, 在湖泊中部的固氮能力最强, 最南部的固氮能力最弱, 整体呈现出先增加后降低的趋势. 相反, 浮游细菌整体分布较均匀, 只有在湖泊最南部功能丰度略高, 和附着细菌呈现出相反的情况. 具体来看, 附着细菌和浮游细菌在固氮功能丰度上呈现

出高低交错的情况, 其中湖泊两端的取样点浮游细菌要高于附着细菌; 而湖泊中部的取样点附着细菌要高于浮游细菌, 即湖泊中部和湖泊两端的现象恰好相反. 另一方面, 和固氮功能不同的是, 无机磷溶解功能中附着态和浮游态的细菌分布都较为均匀, 且浮游细菌整体都强于附着细菌, 所以从总体讲, 无机磷溶解功能中浮游细菌发挥着更大的作用. 附着细菌和浮游细菌在氮磷代谢中不仅具有一定的差异性, 而且浮游细菌所发挥的作用较附着细菌更为稳定.



4 讨论

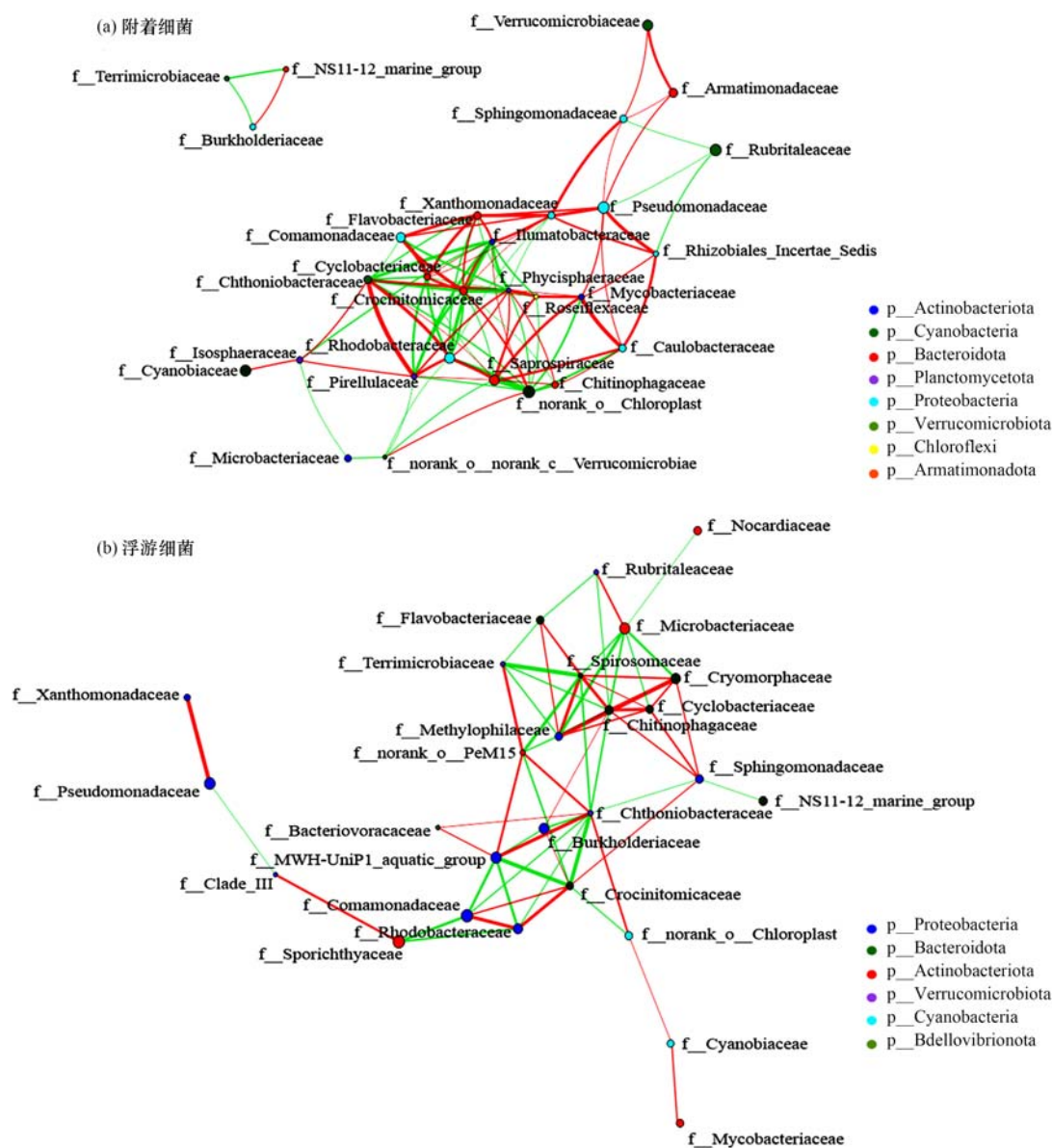
在地理位置上, 乌梁素海位于黄河流域河套平原末端, 农田退水是该湖泊的主要水源, 而 9 月临近秋灌且春灌时滞留在湖泊中的 N 和 P 无机物和湖泊中其他元素之间逐渐达到平衡, 此时期湖泊也没有灌溉水源上的补给, 所以受到外界条件变化干扰程度较小, 这就为本研究在灌溉间隙期开展细菌群落研究提供了机会.

基于对乌梁素海表层水体中细菌群落的初步分析发现, 它和大多数淡水湖泊相似, 这些典型的淡水细菌大多隶属于 Proteobacteria、Cyanobacteria、Bacteroidota、Actinobacteriota 和 Verrucomicrobiota, 以 Actinobacteriota 和 Proteobacteria 数量最为丰富^[27], 对比此前研究发现, Proteobacteria 一直以相对丰度最高成为第一大优势菌群^[28,29], 且近些年相对含量略有下降趋势. 此外, 由于农田退水的排放, 使湖泊在灌溉间隙期的富营养化程度要高于一年内其他时段, 但综合降解能力却达到最大^[13,30], 原因是可

以吸收水体中 N 和 P 等无机物的 Bacteroidota 和 Cyanobacteria 在该时段发挥着重要的作用, 且它们是保证水质的关键因素^[31,32]. 进一步, 将五大优势细菌门类附着态和浮游态细菌在科水平上通过网络分析后不难发现, 附着态和浮游态细菌优势菌科存在一定差异. 一方面, 附着细菌中 f_Xanthomonadaceae、f_Chthoniobacteraceae、f_Crocinitomicaceae 和 f_Phycisphaeraceae 测度值较大, 其中 f_Xanthomonadaceae 和 f_Chthoniobacteraceae 属于优势细菌门类下的优势菌科, 分别隶属于 Proteobacteria 门和 Cyanobacteria 门. 相对地, 浮游细菌中 f_Chitinophagaceae 和 f_Chthoniobacteraceae 测度值最大, 二者均为优势细菌门类下的优势菌科, 分别隶属于 Bacteroidota 门和 Verrucomicrobiota 门. 这表明虽然附着态和浮游态细菌处在相同的环境下, 但二者的优势菌科却截然不同, 且灌溉间隙期附着态 Cyanobacteria 门下 f_Chthoniobacteraceae 和浮游态 Bacteroidota 门下 f_Chitinophagaceae 是吸收湖泊中 N 和 P 等无机物的关键菌科. 另一方面, 从整体优势菌

科上看,附着细菌 Cyanobacteria 门下 f_Chthoniobacteraceae 主要和 f_Pirellulaceae 具有显著相关性且呈现正相关,而浮游细菌 Verrucomicrobiota 门下 f_Chthoniobacteraceae 主要和 f_Crocinitomicaceae

具有显著相关性且呈现负相关.因此,隶属于不同细菌门类下的同一优势菌科之间存在很大程度上的差异,并且各菌科的丰度变化可能受到灌溉间隙期湖泊中 N 和 P 等无机物的影响(图 8).



节点的大小表示物种丰度大小,不同颜色表示不同的物种;红色连线表示正相关,绿色连线表示负相关;
线的粗细表示相关性系数的大小,线越粗,表示物种之间的相关性越高

图 8 附着细菌和浮游细菌在科水平上空间共现网络

Fig. 8 Spatial co-occurrence network diagram of attached bacteria and planktonic bacteria at the family level

灌溉间隙期水体中营养元素对细菌的相对含量产生了一定的影响.在乌梁素海中,TP 的变化虽然对细菌中多数门类的相对含量改变具有明显的抑制作用,但是却对 Cyanobacteria 中附着细菌具有促进作用.对比水体理化指标参数中 TP 和 Cyanobacteria 中附着细菌在各点的分布情况,不难发现,二者在整体上变化趋势相同,这说明 TP 和 Cyanobacteria 之间确实存在一定的关系.但 RDA 分析后发现,TP 对 Cyanobacteria 中浮游细菌却具有抑

制作用,这表明同一指标对同一门类下的不同形态细菌的影响程度不同,同时这也是 Cyanobacteria 中附着细菌在各取样点的相对含量高于浮游细菌的关键因素.对于其他理化指标,如 EC 对 Actinobacteriota 中附着态和浮游态细菌也出现了上述同样的情况,这也进一步证实了同一指标对不同形态菌群的影响存在一定的差异.

基于以上分析,又进一步对附着细菌和浮游细菌在功能方面进行了预测.结果表明乌梁素海表水

中附着细菌和浮游细菌差异不大,都可以很好地进行营养物质的分解吸收和维生素的摄取。但是,在固氮功能和无机磷溶解功能上,附着细菌和浮游细菌表现出一定的差异。在 KO 代谢通路中,由于湖泊中部 Verrucomicrobiota 细菌门类中附着细菌相对含量的增加,导致了湖泊中部附着细菌的固氮能力增强,这表明固氮功能明显受到 Verrucomicrobiota 细菌门类中附着细菌含量的影响。对应地,笔者发现各取样点中 Proteobacteria 和 Actinobacteriota 的浮游细菌在相对含量上均高于附着细菌,这和无机磷溶解功能中各取样点变化趋势相同(除 WL-7 取样点外),而 Proteobacteria 和 Actinobacteriota 又和 P 等营养元素之间关系密切^[3],说明 Proteobacteria 和 Actinobacteriota 菌群在无机磷溶解功能上发挥着更大的作用。综合两种功能来看,浮游细菌在能量流动方面发挥着更重要的作用,这和此前的研究结果保持一致^[33]。

5 结论

(1) 乌梁素海表层水体进行抽平分析后共得到 OTU 为 7 616 个,并将附着细菌和浮游细菌对比后发现,前者群落多样性要大于后者。湖泊内细菌群落主要由 Proteobacteria、Actinobacteriota、Bacteroidota、Verrucomicrobiota 和 Cyanobacteria 组成(总体达到 90% 以上),和大多数淡水湖泊组成相似。同时,湖泊内优势附着态细菌和优势浮游态细菌与理化指标之间存在不同的响应关系。例如,优势附着态细菌主要和 DTP、EC、SAL、pH 和 TP 等具有显著相关性,而优势浮游态细菌主要和 DO、EC、SAL、NH₄⁺-N 和 Chla 等表现出相关性。

(2) PICRUSt2 功能预测分析表明,附着细菌和浮游细菌总体功能差异不大,二者的第一层级主要包括代谢、环境信息处理、遗传信息处理和细胞过程等功能,第二层级主要包括碳水化合物代谢、能量代谢和信号转导等功能,其中,代谢功能以相对含量最高占据绝对优势。进一步在第二层级上对 N 和 P 营养元素所发挥的功能进行深入预测后,共得到 29 个氮相关的有效 KO 和 88 个磷相关的有效 KO,其中以固氮功能和无机磷溶解功能最强。虽然二者在空间分布上表现出一定的差异性,但无机磷溶解功能所表现的差异性更为明显,且整体上浮游细菌在两种功能中发挥着更大的作用。

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] 李文宝, 杨旭, 田雅楠, 等. 冰封状态下达里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异[J]. *环境科学*, 2021, **42**(5): 2276-2286.
Li W B, Yang X, Tian Y N, *et al.* Changes in the bacterioplankton community between “ice” and “water” in the frozen Dali lake [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2276-2286.
- [4] 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.
- [5] 赵君, 王鹏, 徐启渝, 等. 袁河流域不同土地利用方式下河流浮游细菌群落结构特征[J]. *环境科学学报*, 2020, **40**(3): 890-900.
Zhao J, Wang P, Xu Q Y, *et al.* Effects of land use in drainage basin on bacterioplankton communities in the Yuan river [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(3): 890-900.
- [6] 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.
- [7] 咎帅君, 樊景凤, 明红霞, 等. 辽河口浮游细菌和附着细菌群落结构及多样性分析[J]. *海洋环境科学*, 2016, **35**(4): 594-599.
Zan S J, Fan J F, Ming H X, *et al.* Associated and free-living bacteria community structure and diversity of liaohu estuary [J]. *Marine Environmental Science*, 2016, **35**(4): 594-599.
- [8] 魏佳明, 崔丽娟, 李伟, 等. 表流湿地细菌群落结构特征[J]. *环境科学*, 2016, **37**(11): 4357-4365.
Wei J M, Cui L J, Li W, *et al.* Characteristics of bacterial communities in surface-flow constructed wetlands [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(11): 4357-4365.
- [9] Ji P, Rhoads W J, Edwards M A, *et al.* Impact of water heater temperature setting and water use frequency on the building plumbing microbiome [J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(6): 1318-1330.
- [10] 全栋, 史小红, 赵胜男, 等. 2006—2017 年乌梁素海夏季水体营养状态及影响因子[J]. *湖泊科学*, 2019, **31**(5): 1259-1267.
Quan D, Shi X H, Zhao S N, *et al.* Eutrophication of Lake Ulansuhai in 2006-2017 and its main impact factors [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2019, **31**(5): 1259-1267.
- [11] 李卫平, 滕飞, 杨文焕, 等. 乌梁素海冰封期冰—水中污染物空间分布特征及污染评价[J]. *灌溉排水学报*, 2020, **39**(2): 122-128, 144.
Li W P, Teng F, Yang W H, *et al.* Spatial distribution characteristics and pollution assessment of ice-water pollutants during the ice-sealing period in Wuliangsu Hai [J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2020, **39**(2): 122-128, 144.
- [12] 田野, 冯启源, 唐明方, 等. 基于生态系统评价的山水林田湖草生态保护与修复体系构建研究——以乌梁素海流域为例[J]. *生态学报*, 2019, **39**(23): 8826-8836.
Tian Y, Feng Q Y, Tang M F, *et al.* Ecological protection and restoration of forest, wetland, grassland and cropland based on the perspective of ecosystem assessment: a case study in

- Wuliangsuhai watershed[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(23): 8826-8836.
- [13] 马雪鑫, 李畅游, 史小红, 等. 乌梁素海水环境容量分析[J]. *灌溉排水学报*, 2019, **38**(6): 105-112.
Ma X X, Li C Y, Shi X H, *et al.* Environment capacity of the Wuliangsuhai Lake[J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2019, **38**(6): 105-112.
- [14] 姜涛, 张生, 赵胜男, 等. 乌梁素海盐分在冰-水-沉积物间的分布及迁移特征[J]. *湖泊科学*, 2019, **31**(4): 969-975.
Jiang T, Zhang S, Zhao S N, *et al.* Distribution and migration characteristics of salinity in ice-water-sediment in lake Ulansuhai[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2019, **31**(4): 969-975.
- [15] 全栋, 张生, 史小红, 等. 环境因子对乌梁素海水体营养状态的影响: 基于2013-2018年监测数据的分析[J]. *湖泊科学*, 2020, **32**(6): 1610-1619.
Quan D, Zhang S, Shi X H, *et al.* Impact of water environment factors on eutrophication status of lake Ulansuhai based on monitoring data in 2013-2018[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2020, **32**(6): 1610-1619.
- [16] Yang C Y, Wang Q, Simon P N, *et al.* Distinct network interactions in particle-associated and free-living bacterial communities during a *Microcystis aeruginosa* bloom in a plateau lake[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.01202.
- [17] 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.
- [18] Chen S F, Zhou Y Q, Chen Y R, *et al.* Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. *Bioinformatics*, 2018, **34**(17): i884-i890.
- [19] Magoc T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(21): 2957-2963.
- [20] Stackebrandt E, Goebel B M. Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 1994, **44**(4): 846-849.
- [21] Zhou L, Wang P F, Huang S H, *et al.* Environmental filtering dominates bacterioplankton community assembly in a highly urbanized estuarine ecosystem[J]. *Environmental Research*, 2021, **196**, doi: 10.1016/j.envres.2021.110934.
- [22] Chao A N. Nonparametric estimation of the number of classes in a population[J]. *Scandinavian Journal of Statistics*, 1984, **11**(4): 265-270.
- [23] 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**, doi: 10.1186/s40168-016-0211-0.
- [24] Kirchman D, Dittel A, Findlay S, *et al.* Changes in bacterial activity and community structure in response to dissolved organic matter in the Hudson River, New York[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2004, **35**(3): 243-257.
- [25] Zhang T, Shao M F, Ye L. 454 Pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(6): 1137-1147.
- [26] 李亚莉, 杨正健, 许尤, 等. 清江上游利川段浮游细菌群落结构特征及其影响因素[J]. *生态学杂志*, 2020, **39**(11): 3756-3765.
Li Y L, Yang Z J, Xu Y, *et al.* Community structure of planktonic bacteria and its driving factors along the upstream area of Qingjiang river in Lichuan city, Hubei province[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, **39**(11): 3756-3765.
- [27] 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.
- [28] 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.
- [29] 李靖宇, 杜瑞芳, 赵吉. 乌梁素海富营养化湖泊湖滨湿地过渡带细菌群落结构的高通量分析[J]. *微生物学报*, 2015, **55**(5): 598-606.
Li J Y, Du R F, Zhao J. High-throughput analysis of bacterial community of transition zone in littoral wetland of Wuliangsuhai Eutrophic lake[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2015, **55**(5): 598-606.
- [30] 杜丹丹, 李畅游, 史小红, 等. 乌梁素海水体营养状态季节性变化特征研究[J]. *干旱区资源与环境*, 2019, **33**(12): 186-192.
Du D D, Li C Y, Shi X H, *et al.* Seasonal changes of nutritional status of lake Wuliangsuhai[J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2019, **33**(12): 186-192.
- [31] 王天宇, 赵文, 尹东鹏, 等. 北京市各种水体蓝细菌物种多样性研究[J]. *微生物学杂志*, 2020, **40**(2): 31-43.
Wang T Y, Zhao W, Yin D P, *et al.* Species diversity of cyanobacteria in various waters in Beijing[J]. *Journal of Microbiology*, 2020, **40**(2): 31-43.
- [32] 罗同阳, 高庆华, 董聪, 等. 白洋淀水域夏季细菌群落结构及与环境因子的关系[J]. *淡水渔业*, 2021, **51**(1): 96-102.
Luo T Y, Gao Q H, Dong C, *et al.* Bacterial community structure in Baiyangdian lake in summer and its relationship with environmental factors[J]. *Freshwater Fisheries*, 2021, **51**(1): 96-102.
- [33] 邓茹, 陈曦, 裴丽萍, 等. 基于高通量测序及 Biolog-ECO 方法的雄安新区鲢鳙淀细菌群落结构与功能多样性分析[J]. *大连海洋大学学报*, 2021, **36**(5): 752-759.
Deng R, Chen X, Qiu L P, *et al.* High-throughput sequencing and Biolog-ECO method were used to analyze the bacterial community structure and functional diversity in the Shihou Lake of Xiong'an area[J]. *Journal of Dalian Ocean University*, 2021, **36**(5): 752-759.

CONTENTS

Analysis of Change and Driving Factors of PM _{2.5} Mass Concentration in Tianjin from 2000 to 2020	CAI Zi-ying, HAO Jian, HAN Su-qin, <i>et al.</i>	(1129)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, GAO Jing-yun, <i>et al.</i>	(1140)
Source Analysis of Ambient PM _{2.5} in Wuhan City Based on Random Forest Model	ZHANG Zhi-hao, CHEN Nan, ZHU Bo, <i>et al.</i>	(1151)
Chemical Characteristics and Sources of Atmospheric Aerosols in the Surrounding District of a Heavily Polluted City in the Southern Part of North China	REN Xiu-long, HU Wei, WU Chun-miao, <i>et al.</i>	(1159)
Characteristics of Water-soluble Ions in an Autumn Haze Process in the Southern Sichuan Urban Agglomeration After the Implementation of China's Air Pollution Prevention and Control Action Plan	WU An-nan, HUANG Xiao-juan, HE Ren-jiang, <i>et al.</i>	(1170)
Concentration, Source, and Health Risk Assessment of PM ₁ Heavy Metals in Typical Pollution Processes in Zhengzhou	ZHAI Shi-ting, WANG Shen-bo, ZHANG Dong, <i>et al.</i>	(1180)
Geographical Detection of Spatial Heterogeneity and Drivers of PM _{2.5} in the Yangtze River Economic Belt	WANG Li-li, LIU Xiao-jie, LI Ding, <i>et al.</i>	(1190)
Spatial Heterogeneity of PM _{2.5} Concentration in Response to Land Use/Cover Conversion in the Yangtze River Delta Region	ZHOU Li-xia, WU Tao, JIANG Guo-jun, <i>et al.</i>	(1201)
Analysis of Pollution Characteristics, Meteorological Impact, and Forecast Retrospective During the Spring Festival and the Lantern Festival in "2+26" Cities	ZHU Yuan-yuan, WANG Xiao-fei, WANG Wei, <i>et al.</i>	(1212)
Pollution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} in Shanxi Province Based on Wavelet Transform	ZHANG Ke-ke, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i>	(1226)
Estimation of Surface Ozone Concentration and Health Impact Assessment in China	ZHAO Nan, LU Yi-min	(1235)
Analysis of Ozone Pollution Spatio-temporal Evolution Characteristics and Identification of Its Long-term Variation Driving Factor over Hunan Province	LIU Yan-yan, YANG Lei-feng, XIE Dan-ping, <i>et al.</i>	(1246)
Temporal and Spatial Variation in O ₃ Concentration Near the Surface of Shandong Peninsula and Analysis of Potential Source Areas	LI Le, LIU Min-xia, XIAO Shi-ni, <i>et al.</i>	(1256)
Characteristics, Ozone Formation Potential, and Source Apportionment of VOCs During the COVID-19 Epidemic in Xiong'an	LIU Xin-jun, WANG Shu-juan, LIU Cheng, <i>et al.</i>	(1268)
Characteristics and Source Analysis of VOCs Pollution During the Period of Ozone Exceeding the Standard in Zibo City	WANG Shuai, WANG Xiu-yan, YANG Wen, <i>et al.</i>	(1277)
Comparison of VOCs Pollution Characteristics Between an Urban Site and a Background Site in Summer in Zibo	QIN Tao, XU Bo, WANG Xin-wu, <i>et al.</i>	(1286)
Emission Characteristics and Inventory of Volatile Organic Compounds from Cooking in Sichuan Province	QIAN Jun, HAN Li, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i>	(1296)
Emission Characteristics of Gas-and Particle-Phase Polycyclic Aromatic Hydrocarbons from Cooking	LI Yuan-ju, WU Ai-hua, TONG Meng-xue, <i>et al.</i>	(1307)
Diversity and Community Structure of Airborne Fungi in Different Working Areas of Composting Plants	YU Ao-yuan, XING Li-jun, SUN Xing-bin, <i>et al.</i>	(1315)
Main Problems and Refined Solutions of Urban Fugitive Dust Pollution in China	LI Ting-kun, FENG Yin-chang, BI Xiao-hui, <i>et al.</i>	(1323)
Water Quality Assessment and Spatial-temporal Variation Analysis in Yellow River Basin	LIU Yan-long, ZHENG Yi-an	(1332)
Spatial Distribution and Influential Factors of Nutrients in Rivers of a Typical Mountainous City: A Case Study of the Qingshuixi River in Chongqing	WANG Chao, YE Qiu, JIA Bo-yang, <i>et al.</i>	(1346)
River-Lake States in the Tributary of the Three Gorges Reservoir Area and Their Effects on the Phosphorus Content of Different Forms in the Sediment	HUANG Wei, ZHANG Xing, LUO Xiao-jiao, <i>et al.</i>	(1356)
Molecular Signatures of Dissolved Organic Matter in the Paihe River and Its Tributaries	ZHAN Ya, YIN Hao, FENG Jing-wei, <i>et al.</i>	(1365)
Multiphase Spatial Distribution Characteristics of Cd Morphology in Typical Intertidal Zones in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area and Its Influencing Factors	CUI Xin-yue, MO Wu-qiu, LIAO Jian-bo	(1375)
Occurrence Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in the Surface Water of Luoma Lake and Its Main Inflow Rivers	GONG Run-qiang, ZHAO Hua-jin, GAO Zhan-qi, <i>et al.</i>	(1384)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in the Third Drain of Ningxia	LI Fu-juan, GAO Li, LI Ling-yun, <i>et al.</i>	(1394)
Historical Changes and Responses to Human Activities of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Lake Sediments from Northern China During the Past 100 Years	GONG Xiong-hu, ZHAO Zhong-hua, DING Qi-qi, <i>et al.</i>	(1404)
Characteristics of Bacterioplankton Community Between River and Lake/Reservoir in the Yangtze River Basin	HU Yu-xin, ZHANG Jing, HUANG Jie, <i>et al.</i>	(1414)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Wuliangs Lake During an Irrigation Interval in Hetao Plain	SHI Yu-jiao, LI Wen-bao, ZHANG Bo-yao, <i>et al.</i>	(1424)
Effects of Landscape Structures on Bacterioplankton Communities at Multi-spatial Scales in the Yuanhe River	SHU Wang, WANG Peng, DING Ming-jun, <i>et al.</i>	(1434)
Microbial Community Structure on Microplastic Surface in the <i>Grus leucogeranus</i> Reserve of Poyang Lake	LIU Shu-li, JIAN Min-fei, ZOU Long, <i>et al.</i>	(1447)
Influence of Microplastics on the Development of <i>Proteus</i> Biofilm	TAO Hui, QI Yi-ting, YU Duo, <i>et al.</i>	(1455)
Deposition Law of Low-Density Microplastics Aggregation in Wuliangs Lake	LIU Yu, SHI Xiao-hong, ZHANG Sheng, <i>et al.</i>	(1463)
Adsorption of Fulvic Acid on Virgin and Aging Microplastics	SONG Ya-li, YU Ya, ZHENG Lei, <i>et al.</i>	(1472)
Diffusive Fluxes and Controls of N ₂ O from Coastal Rivers in Tianjin City	TANG Meng-yao, HU Xiao-kang, WANG Hong-wei, <i>et al.</i>	(1481)
Effects of Hematite and Biochar Addition on Wastewater Treatment Efficiency, Greenhouse Gas Emission, and Microbial Community in Subsurface Flow Constructed Wetland	CHEN Xin-tong, HAO Qing-ju, XIONG Yan-fang, <i>et al.</i>	(1492)
Identification and Optimization Method of Rainfall-Runoff Pollution Risk Level	QI Xiao-tian, ZHANG Zhi-ming, ZHAO Xin, <i>et al.</i>	(1500)
Factor Analysis of Disinfection Byproduct Formation in Drinking Water Distribution Systems Through the Bayesian Network	JIANG Shan-shan, WANG Zhen-yu, GAO Quan, <i>et al.</i>	(1512)
Selective Adsorption of Au(Ⅲ) by Activated Carbon Supported Polythioamides and Adsorption Mechanism	ZHAO Wen-jin, ZHANG Shun, AN Xiao-qi, <i>et al.</i>	(1521)
Impacts of F/M Ratio on Microbial Networks in Activated Sludge	ZHANG Bing, SUN Chen-xiang, WEN Xiang-hua	(1529)
Geochemical Characteristics and Source Apportionment of Soil Elements in an Urban-rural Integration Area: A Case Study in the Qinglong Area of Tianfu New District	LIU Shu-huai, WANG De-wei, SHI Ze-ming, <i>et al.</i>	(1535)
Ecological and Health Risk Assessments Based on the Total Amount and Speciation of Heavy Metals in Soils Around Mining Areas	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi	(1546)
Characteristics of Antimony Migration and Transformation and Pollution Evaluation in a Soil-Crop System Around a Tin Mine in Hunan Province	ZHANG Long, SONG Bo, HUANG Feng-yan, <i>et al.</i>	(1558)
Effect of Controlling Heavy Metals in Soil of Rare Earth Mining Area by Biochar Supported Graphene Oxide	YANG Shi, LIU Zu-wen, LONG Bei, <i>et al.</i>	(1567)
Enhanced Remediation of Cd Contaminated Soil by Cotton with DOM	MIN Tao, LUO Tong, CHEN Li-li, <i>et al.</i>	(1577)
Novel Insight into the Adsorption Mechanism of Fe-Mn Oxide-Microbe Combined Biochar for Cd(Ⅱ) and As(Ⅲ)	LIAN Bin, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i>	(1584)
Variations in Cadmium Accumulation and Transport and Ionic Traits Among Different Winter Wheat Varieties	LIU Chang, XU Ying-ming, HUANG Qing-qing, <i>et al.</i>	(1596)
Cadmium Accumulation Characteristics of Different Heat Varieties Under Cadmium Stress	REN Chao, REN Yu-zhong, WANG Hao, <i>et al.</i>	(1606)
Effect of Different Land Use Types on the Diversity of Soil Bacterial Community in the Coastal Zone of Jialing River	LIU Kun-he, XUE Yu-qin, ZHU Lan-ping, <i>et al.</i>	(1620)
Effects of Earthworms/Biochar on Bacterial Diversity and Community in As-contaminated Red Soil	SU Qian-qian, LI Lian-fang, ZHU Chang-xiong, <i>et al.</i>	(1630)
Effects of DA-6 and EDDS on Growth and Cd Uptake by <i>Solanum nigrum</i> L. and on the Soil Bacterial Community Structure	LUO Yang, SUN Li, LIU Fang, <i>et al.</i>	(1641)
Effects of Plastic Mulch Film on Soil Nutrients and Ecological Enzyme Stoichiometry in Farmland	HU Zhi-e, XIAO Mou-liang, WANG Shuang, <i>et al.</i>	(1649)
Effects of Warming and Increased Precipitation on Soil Respiration of Abandoned Grassland in the Loess-Hilly Regions	WANG Xing, ZHONG Ze-kun, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i>	(1657)
Effect of Film Mulching, Straw Retention, and Nitrogen Fertilization on the N ₂ O and N ₂ Emission in a Winter Wheat Field	PENG Yi, LI Hui-tong, ZHANG Shao-wei, <i>et al.</i>	(1668)
Effects of Straw Returning on Soil Ammonia Volatilization Under Different Production Conditions Based on Meta-analysis	ZHAO Zheng-xin, WANG Xiao-yun, TIAN Ya-jie, <i>et al.</i>	(1678)
Impacts of Fertilization on Soil Antibiotic Resistance Genes Across Croplands: A Meta-Analysis	RAN Ji-wei, XIAO Qiong, HUANG Min, <i>et al.</i>	(1688)