

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征

张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁铎, 侯思宇



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年7月

第43卷 第7期
Vol.43 No.7

目次

两种模式下中国未来发电行业发展情景及其环境效益分析	刘春景, 吕建毅, 赵汶畅, 徐卿, 金玉佳 (3375)
基于 LEAP 模型的兰州市道路交通温室气体与污染物协同减排情景模拟	庞可, 张芊, 马彩云, 祝禄祺, 陈恒葵, 孔祥如, 潘峰, 杨宏 (3386)
基于半级别的城市空气质量预报评估方法探讨	王晓彦, 朱莉莉, 许荣, 高愈霄, 朱媛媛, 汪巍, 刘冰 (3396)
厦门港大气 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价	肖思晗, 蔡美君, 李香, 黄屋, 王坚, 朱清墩, 吴水平 (3404)
南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征	张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁铖, 侯思宇 (3416)
晋中盆地主要城市冬季 PM _{2.5} 传输特征分析	王小兰, 王雁, 闫世明, 岳江, 郭伟, 郝振荣 (3423)
鄂尔多斯市夏秋季黑碳气溶胶时间演变特征及其来源解析	孔祥晨, 张连霞, 张彩云, 王红磊, 许晶, 郑佳峰 (3439)
济源冬季 VOCs 污染特征、来源和 SOAP	王芳, 李利霞, 王红果, 赵宗生, 张建平, 张栋 (3451)
长株潭城区 8 月 VOCs 污染特征及来源分析	罗达通, 张青梅, 刘湛, 尤翔宇, 黄杰, 宋云飞, 张敬巧 (3463)
2019 年 7 月石家庄市 O ₃ 生成敏感性控制策略解析	朱家贤, 王晓琦, 欧盛菊, 张新宇 (3473)
华北平原 AOD 时空演化与影响因素	郭霖, 孟飞, 马明亮 (3483)
基于地基太阳光度计观测的长安区气溶胶光学特性变化及其与颗粒物浓度的关系	郑玉蓉, 王旭红, 崔思颖, 冯子豪, 张秀, 刘康 (3494)
基于长时序“地-星”数据的京津冀大气污染时空分布及演变特征	王耀庭, 殷振平, 郑祚芳, 李炬, 李青春, 孟春雷, 李威 (3508)
近十年洪泽湖富营养化状态变化趋势及原因分析	陈天宇, 刘常清, 史小丽, 李云, 范子武, 贾本有, 廖轶鹏 (3523)
高原湖泊周边浅层地下水: 磷素时空分布及驱动因素	杨恒, 李桂芳, 叶远行, 陈清飞, 崔荣阳, 张丹, 陈安强 (3532)
三峡水库不同支流库湾蓄水区溶解氧分层特性及差异性	纪道斌, 方娇, 龙良红, 杨正健, 赵星星, 杨霞, 郭亚丽 (3543)
典型喀斯特城市湖泊溶解性有机质成分特征及来源解析	倪茂飞, 周慧, 马永梅, 苏印, 王晓丹, 王志康 (3552)
骆马湖表层水和沉积物中全氟化合物赋存特征、来源及健康风险评估	黄家浩, 吴玮, 黄天寅, 陈书琴, 项颂, 庞燕 (3562)
千岛湖浮游植物群落结构的垂向分布特征及其影响因素	王吉毅, 霍翟, 国超旋, 朱广伟, 龚志军, 范亚文, 王建军 (3575)
泗河水系沉积物磷的存在形态及其空间分布特征	张子涵, 张鑫茹, 贾传兴, 甘延东, 王世亮 (3587)
降雨径流过程中土地利用优化配置对磷流失的影响	周豪, 陈方鑫, 罗义峰, 龙翼, 周继, 王小燕, 李丹丹, 陈晓燕 (3597)
典型生物滞留设施重金属累积分布特征与风险评价	储杨阳, 杨龙, 周媛, 王喜龙, 王嗣禹, 张敏 (3608)
筑坝蓄水对不同水深浮游微生物群落结构和种间互作模式的影响	王洵, 张佳佳, 袁秋生, 胡斌, 刘胜 (3623)
天津独流减河流域不同等级河流沉积物细菌区系及功能辨识	刘嘉元, 丰玥, 杨雪纯, 张彦, 李德生, 刘福德 (3635)
地表水悬浮态多环芳烃时空变化特征及主要输入源响应机制	彭珂醒, 李瑞飞, 周亦辰, 卓泽铭, 张晋, 李梅, 李雪 (3645)
北京市通州区河流中微塑料组成的空间分布及潜在来源解析	门聪, 李頔, 左剑恶, 邢薇, 刘梦瑶, 魏凡钦, 胡嘉敏, 谢珍雯, 邢鑫, 沈杨贵 (3656)
微塑料对鲫鱼生长、肝脏损伤和肠道微生物组成的影响	胡嘉敏, 左剑恶, 李金波, 张艳艳, 艾翔, 龚大惠, 张继文, 孙丁明 (3664)
不同类型脱水药剂对底泥固化效果和理化性质的影响	任俊, 殷鹏, 王威振, 唐婉莹, 尹洪斌, 朱丽娟 (3672)
微纳米粒径生物炭的结构特征及其对 Cd ²⁺ 吸附机制	马文艳, 裴鹏刚, 高歌, 孙约兵 (3682)
不同生物炭对磷的吸附特征及其影响因素	连宁海, 张树楠, 刘锋, 邢宏霖, 吴金水 (3692)
Mg-La-Fe/沸石复合材料的制备及其处理低浓度含磷废水的性能	印学杰, 宋小宝, 丁陈蔓, 冯彦房, 杨根, 何世颖, 薛利红 (3699)
一体式部分亚硝化-厌氧氨氧化工艺污泥膨胀发生和恢复过程中微生物群落演替及 PICRUS2 功能预测分析	李亚男, 闫冰, 郑蕊, 姚丽, 隋倩雯, 魏源送 (3708)
丝状菌膨胀污泥好氧颗粒化稳定性及微生物多样性	高春娣, 杨箫阳, 欧家丽, 韩颖璐, 程阳阳, 彭永臻 (3718)
2000~2020 年长江流域植被 NDVI 动态变化及影响因素探测	徐勇, 郑志威, 郭振东, 宴世卿, 黄雯婷 (3730)
近 40 年来福建省水稻土有效磷富集效应及潜在生态风险评估	陈中星, 邱龙霞, 陈瀚闾, 范协裕, 毋亭, 沈金泉, 邢世和, 张黎明 (3741)
土地利用变化对西南喀斯特土壤团聚体组成、稳定性以及 C、N、P 化学计量特征的影响	何宇, 盛茂根, 王轲, 王霖娇 (3752)
长江经济带矿山土壤重金属污染及健康风险评价	张浙, 卢然, 伍思扬, 贾智彬, 王宁 (3763)
煤矸石堆积区周边土壤重金属污染特征与植物毒性	尚誉, 桑楠 (3773)
燃煤工业区不同土地利用类型土壤汞含量污染评价	李强, 姚万程, 赵龙, 张朝, 张恩月, 苏迎庆, 刘庚 (3781)
广州市南沙区第四剖面镉富集特征及生物有效性	王芳婷, 包科, 黄长生, 赵信文, 顾涛, 曾敏 (3789)
黔西北山区耕地重金属健康风险评价及环境基准	徐梦琪, 杨文毅, 杨利玉, 陈勇林, 景灏楠, 吴攀 (3799)
土壤重金属生物可利用性影响因素及模型预测	张加文, 田彪, 罗晶晶, 吴凡, 张聪, 刘征涛, 王晓南 (3811)
添加有机物料对豫中烟田土壤呼吸的影响	鲁琪飞, 叶协锋, 韩金, 潘昊东, 张明杰, 王晶, 杨佳豪, 姚鹏伟, 李雪利 (3825)
不同稻作系统土壤的 CH ₄ 产生潜力与产生途径	沈皖豫, 黄琼, 马静, 张广斌, 徐华 (3835)
东部平原矿区复垦土壤微生物群落特征及其组装过程	马静, 董文雪, 朱燕峰, 肖栋, 陈浮 (3844)
同质环境下不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构差异及其影响因素	李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏庐潞, 马飞 (3854)
岩溶与非岩溶区水稻土团聚体细菌群落结构和功能类群比较	肖筱怡, 靳振江, 冷蒙, 李雪松, 熊丽媛 (3865)
紫色土中微生物群落结构及功能特征对土壤 pH 的差异响应	王智慧, 蒋先军 (3876)
有机物料还田对稻田土壤 DOM 碳源代谢能力的影响	肖怡, 李峥, 黄容, 汤奥涵, 李冰, 王昌全 (3884)
《环境科学》征订启事 (3403) 《环境科学》征稿简则 (3462) 信息 (3493, 3655, 3834)	

筑坝蓄水对不同水深浮游微生物群落结构和种间互作模式的影响

王洵^{1,2}, 张佳佳^{1,2}, 袁秋生^{1,2}, 胡斌^{1,2}, 刘胜^{1,2}

(1. 河海大学浅水湖泊综合治理与资源开发教育部重点实验室, 南京 210098; 2. 河海大学环境学院, 南京 210098)

摘要: 微生物群落之间通过直接或间接的关系相互作用, 在生态过程中发挥重要作用, 然而目前对于水库微生物种间互作模式的关注仍然较少. 选择江苏省横山水库为研究区域, 分别采集表层及深层水样, 探究浮游微生物群落结构和分子生态网络对水深变化的响应规律, 并辨识不同水深处浮游微生物群落的关键物种. 结果发现, 表层浮游微生物丰富度及均匀度均高于深层, 且不同深度浮游微生物群落结构具有显著差异. 水深通过改变环境异质性间接对浮游微生物群落产生影响, 其中总有机碳(TOC)、硝酸盐(NO_3^-)、铵盐(NH_4^+)和磷酸盐(PO_4^{3-})等指标对浮游微生物群落结构影响最为显著. 此外, 深层浮游微生物分子生态网络的节点数和边数均显著高于表层, 且深层浮游微生物群落中关键物种数目和种类均显著高于表层, 表明深层浮游微生物群落网络规模更大, 但表层浮游微生物群落种间协同合作关系和网络连通性更强. 上述结果将为水库微生物群落种间相互作用研究提供科学依据, 对预测水库生态系统中微生物的生态规律及全球物质循环影响具有重要意义.

关键词: 水库; 水深; 浮游微生物; 分子生态网络; 关键物种

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)07-3623-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202109104

Effects of Damming and Impoundment on Planktonic Microbial Community Structure and Interspecific Interaction Patterns in Different Water Depths

WANG Xun^{1,2}, ZHANG Jia-jia^{1,2}, YUAN Qiu-sheng^{1,2}, HU Bin^{1,2}, LIU Sheng^{1,2}

(1. Key Laboratory of Integrated Regulation and Resource Development on Shallow Lakes of Ministry of Education, Hohai University, Nanjing 210098, China; 2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China)

Abstract: Microbial communities play an important role in ecological processes through direct or indirect interactions. However, the interspecific interaction pattern of reservoir microorganisms has still received little attention. The Hengshan Reservoir in Jiangsu province was selected as the research area. Surface and deep water samples were collected to respectively explore the response of planktonic microbial community structure and the molecular ecological network to water depth changes, as well as to identify the key species of planktonic microbial communities in different water depths. The results showed that the richness and evenness of planktonic microorganisms in the surface layer were higher than those in the deep layer, and there were significant differences in the community structure of planktonic microorganisms in different depths. Water depth indirectly affected the planktonic microbial community by changing the environmental heterogeneity, among which the indicators such as TOC, NO_3^- , NH_4^+ , and PO_4^{3-} had the most significant impact on the planktonic microbial community structure. In addition, the number of nodes and edges of the deep planktonic microbial molecular ecological network were significantly higher than those on the surface, and the type and number of key species in the deep planktonic microbial community were significantly higher than those on the surface, indicating that the network scale of the deep planktonic microbial community was larger; however, the interspecific cooperative relationship and network connectivity of the surface planktonic microbial community were stronger. These results will provide a scientific basis for the study of interspecific interactions of reservoir microbial communities and are of great significance for predicting the ecological law of microorganisms in reservoir ecosystems and the impact of global material cycles.

Key words: reservoir; water depths; planktonic microorganisms; molecular ecological network; keystone species

我国水资源季节分配不均且年际变化大, 为了实现水资源在时间上的再分配, 近几十年来我国兴建了大批水库以缓解水资源短缺等问题. 目前, 全国已建成各类水库98 112座, 总库容达8 983亿 m^3 , 其中, 大型水库744座, 中型水库3 978座^[1]. 水源水库通常具有水深较大、流动性差和水温分层等特点. 水库水质相应特征的相关研究已经成为水库水环境变化的热点问题^[2]. 王禹冰等^[3]对北京密云水库的研究发现, 水库水深变化会影响 pH、溶解氧、电导率和氨氮等水体理化性质, 从而改变不同水深处的水环境质量. 因此, 探究水库不同水深对水环境的影响, 对于保障周边地区饮水安全、生态健康和经济发展具有举足轻重的作用.

作为水生态系统里的生产者、消费者和分解者, 微生物种类多样、数量庞大, 且与各类物质代谢循环密切相关. Zhao等^[4]的研究发现泸沽湖细菌群落的丰富度随水深增加呈非线性下降趋势, 水深是细菌群落丰富度和更替的主要驱动因素. Tran等^[5]对坦噶尼喀湖微生物在垂直深度上的分布和功能进行了系统性的研究, 发现有氧混合表层和缺氧深层水体的微生物组成和代谢潜力有明显的差异, 这与

收稿日期: 2021-09-12; 修订日期: 2021-11-17

基金项目: 国家自然科学基金青年科学基金项目(42007149); 国家自然科学基金重大研究计划重点项目(92047201); 中央高校基本科研业务费(B200201057, B200204033); 国家自然科学基金重大研究计划集成项目(92047303)

作者简介: 王洵(1989~), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为水环境微生物生态, E-mail: xwang2014@hhu.edu.cn

不同深度微生物在物质循环过程中的作用密切相关. 王雪等^[6]的研究发现宁武亚高山湖泊公海不同深度之间的细菌群落具有明显不同的空间分布格局. 值得注意的是, 微生物不是单独存在于环境中, 总是有较多种群聚集在一起. 微生物通过直接或间接的相互作用能实现个体无法实现的系统级功能, 例如营养循环和维持生态稳定性等, 因此解释和预测物种间相互作用是生态学的重要内容^[7]. 探索种群间的关联作用有助于弄清群落成员共享的生态位, 全面了解微生物群落结构, 并揭示群落组成的生态规律^[8].

然而, 目前对于水库微生物的研究主要集中在群落多样性和环境影响因子. 例如, 秦宇等^[9]的研究关注三峡库区中段的微生物群落结构特征与关键驱动因子; 王欢等^[10]的研究探究不同季节里碧流河水库微生物多样性和影响因素的差异; Wang 等^[11]的研究阐明了受向家坝建设影响, 细菌群落结构的分布特征及与环境因子的相关性. 目前利用数据集直接研究微生物种间相互作用和关键种的研究较少, 这限制了对群落互作关系和功能组成方面的认识, 因而提供的生物关联信息不全面.

生态网络模型是阐明微生物群落相互作用的重要工具. 微生物之间往往存在着复杂的互作关系, 利用可视化网络对其进行分析, 可以为复杂微生物群落的环境响应问题提供一些新见解, 补充传统研究方法难以给予的额外信息^[12]. 在一个生态网络中, 节点表示微生物物种, 连线表示物种间的相互作用关系, 一系列拓扑参数如模块化、聚类系数和连接度等能够反映出该群落的系统特征. Mo 等^[13]的研究利用共生网络阐明盐度对杏林湾水库微真核浮游生物群落的影响机制. 其中, 根据节点在网络中的位置和连通度可识别关键种, 并分析其在网络中的潜在功能. 例如, 曾有学者在构建小麦根际和土壤的细菌共现网络时, 发现土壤的细菌模块枢纽是 *Gemmatimonas phototrophica*, 其含有紫色细菌的光合反应中心^[14], 推断其可能控制特定模块内的碳合成^[15]. 关键种一旦从群落中消失, 就会导致生态网络系统发生重大改变^[16].

位于江苏省南京市的横山水库是一座以防洪和灌溉为主的水库, 其水质状况对于周边区域生态系统稳定具有重要影响. 本研究采集横山水库水深 0.5 m (表层) 和 5 m (深层) 处水样, 利用 16S rRNA 扩增子高通量测序揭示不同深度微生物群落结构, 借助生物信息学分析方法构建微生物群落生态网络, 并识别不同深度微生物群落关键物种, 对深入解析和预测水库生态系统中微生物群落生存模式具有

重要意义.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

横山水库位于江苏省南京市, 水库集水面积 3.7 km², 大坝坝长 440 m, 最大坝高 16 m, 坝顶宽度 5.6~6.5 m. 水库库容 273 万 m³, 属于小(I)型水库. 根据现场调研, 该水库最小水深 6 m 左右. 该水库西北部人类活动较少, 东南部紧邻住宅区, 人类活动较多.

1.2 样品采集和实验室测定

本研究于 2021 年 1 月在横山水库进行野外采样. 由于现场采样条件的限制, 4 号点未采集, 因此只有 7 个样点. 7 个采样点的具体坐标位置如图 1 和表 1 所示. 本研究采用无人机水体取样设备, 采集每个采样点水面下 0.5 m 和 5 m 两层水样, 即表层 (surface, S) 和深层 (bottom, B) 水样. 共采集 14 个点位, 每个点位采集水样 5 L. 采用 HQ40d 便携多参数分析仪 (Hach, CO, USA) 现场测定水体的 pH、水温 (T)、电导率 (EC)、溶解氧 (DO) 和氧化还原电位 (ORP). 浊度通过 Hach 2100P 浊度计 (CO, USA) 现场进行测定.

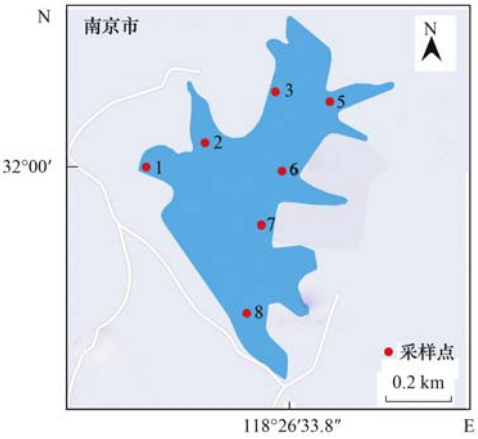


图 1 横山水库采样点位置

Fig. 1 Location map of sampling points of Hengshan Reservoir

表 1 采样点经纬度

Table 1 Longitude and latitude of sampling sites		
采样点	纬度(N)	经度(E)
1	32°00′0.2″	118°56′19.1″
2	32°00′3.1″	118°56′24.2″
3	32°00′7.2″	118°56′32.0″
5	32°00′5.7″	118°56′37.9″
6	31°59′58.6″	118°56′33.3″
7	31°59′53.0″	118°56′29.8″
8	31°59′46.6″	118°56′28.6″

在实验室中, 水样先经过孔径 0.45 μm 的 Whatman 滤膜 (NJ, USA) 过滤, 再采用 Liquid-TOC

分析仪(Elementar, Frankfurt, Germany)测定总有机碳(TOC)浓度,采用钼酸盐蓝分光光度法测量溶解性硅酸盐(SiO_4^{4-})浓度,利用过硫酸盐消化酸水解后比色法测定总氮(TN)和总磷(TP)^[17].硝酸盐(NO_3^-)、亚硝酸盐(NO_2^-)、铵盐(NH_4^+)和磷酸盐(PO_4^{3-})均由 AA3 Seal 自动分析仪(Norderstedt, Germany)测定.各指标测定均设置3个平行样品,共测定42个水样.

用于进行16S rRNA扩增子高通量测序的水样于48 h内经滤膜(0.22 μm , Milipore)抽滤,每张滤膜抽滤500 mL,每个水样获得6张滤膜.抽滤后获得的滤膜于 -80°C 冷冻保存,用于下一步DNA的提取.样点编号中S表示表层水样,B表示深层水样.样品编号为S-1(1号点表层水样)、B-1(1号点深层水样)、S-2和B-2等.本研究每个采样点每层水样均采集3个平行样品,共获得42个微生物样品.

1.3 水体浮游微生物16S rRNA扩增子高通量测序

本研究采用 MoBio PowerWater DNA 提取试剂盒(CA, USA)对浮游微生物群落DNA完成抽提,并利用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA的完整性和纯度,同时利用NanoDrop One(Thermo Scientific, DE, USA)检测DNA的浓度和纯度.

以基因组DNA为模板,选择引物515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'),对V4可变区进行PCR扩增.反应条件为:94℃初始变性5 min,然后在94℃下变性30 s,52℃下退火30 s,72℃下延伸30 s,共30个循环,最后在72℃下延伸10 min.扩增产物使用1%琼脂糖凝胶电泳检测,主带长度在290~310 bp的样品进行下一步实验.

利用 GeneTools Analysis Software (Version4.03.05.0, SynGene)对PCR产物的浓度进行对比,根据等质量原则计算各样品所需体积,将各PCR产物充分均匀地混合.使用E. Z. N. A.® Gel Extraction Kit 凝胶回收试剂盒(Omega, USA)回收PCR混合产物.按照NEBNext® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina® 标准流程进行建库操作.使用Illumina HiSeq2500平台对构建的扩增子文库进行PE250测序.

浮游微生物16S rRNA基因高通量测序序列已上传至美国国立生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)的序列片段数据库(Sequence Read Archive, SRA),其序列登录号为PRJNA756625.

1.4 数据预处理及分析

测序数据预处理包括:对原始测序的reads进

行裁剪(Trimmomatic, V0.33),丢弃含N、质量值低于20及小于100 bp的reads.随后使用FLASH(V1.2.11)完成拼接,用Mothur(V1.35.1)完成分配,获得有效的拼接片段.并利用usearch(V8.0.1517)对有效的拼接片段进行聚类,相似度为97%的reads聚类为操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs).

为了解样品内物种多样性,本研究采用Chao1指数、Equitability指数和Simpson指数对群落 α 多样性进行表征,采用PCoA分析对群落 β 多样性进行表征,并利用ANOSIM函数进一步表明表层和深层浮游微生物群落是否存在差异.为分析表层和深层水体间理化及生源物质指标的差异性,首先进行PCA分析以直观表示.再计算环境因子矩阵在不同水深处间的差异(即欧氏距离, Euclidean 距离),以1号样点表层水样为基准,获得各样点的每层水样与其的欧氏距离,对同一个采样点不同水深进行差异显著性检验,以说明水深对环境异质性的影响.为探究环境异质性的影响,分别计算每个点位浮游微生物群落结构在两个水深处的差异性(即bray-curtis距离),以全部欧氏距离为横坐标,群落差异性为纵坐标,进行相关性分析,并建立两者间的线性关系.

同时,使用Mantel分析、膨胀系数分析和冗余分析(redundancy analysis, RDA)识别影响微生物群落结构变化的重要因子.首先通过Mantel和膨胀系数分析初筛影响群落结构的环境因子,留下 $P < 0.05$ 且vif < 20的环境因子,再进行RDA分析筛选影响最为显著的因子.以上分析均通过R语言(V3.2.1)中vegan包实现.

网络构建方法为采用Cytoscape软件(V3.8.0)中插件Conet进行计算确定节点和边的信息.随后利用Gephi(V0.9.2)软件进行可视化处理,构建生态网络图,并计算获得网络节点数、平均度、网络直径和平均路径长度等拓扑结构参数.同时,利用R语言WGCNA包和rnetcarto包分别计算相关矩阵的P值和分析各点在网络中的位置,获得各物种的模块内连通性(within-module connectivity, Z_i)和模块间连通性(connectivity among modules, P_i),由此识别微生物群落关键物种.

2 结果与分析

2.1 水库不同深度水体理化指标变化

横山水库7个采样点的水体理化指标见图2.水质的酸碱度为中性,表层水体的电导率和水温比深层高.水库的溶解氧浓度整体较高,采样点1~3

的溶解氧浓度明显高于采样点 5~8. 除采样点 2 和 6, 其余点位表层水体的氧化还原电位均高于深层. 除采样点 2 外, 其余各点表层水体的浊度均比深层水体高, 采样点 2 呈现相反趋势则是因为该处水深较浅, 导致取深为 5 m 的水样时扰乱底部沉积物, 造成浊度较表层高.

生源物质指标结果如图 3 所示, 水库的 $\rho(\text{TN})$

普遍较高, 范围为 $0.859 \sim 1.723 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, $\rho(\text{TP})$ 在 $0.006 \sim 0.085 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. 其中, 采样点 5~8 的 TN 和 TP 浓度明显高于采样点 1~3. 深层水体的 TOC 浓度和 NO_2^- 浓度均高于表层. 除采样点 1 和 3, 其余点位表层水体的 SiO_4^{4-} 浓度高于深层. 除采样点 2 和 3, 其余点位深层水体的 NH_4^+ 浓度均高于表层.

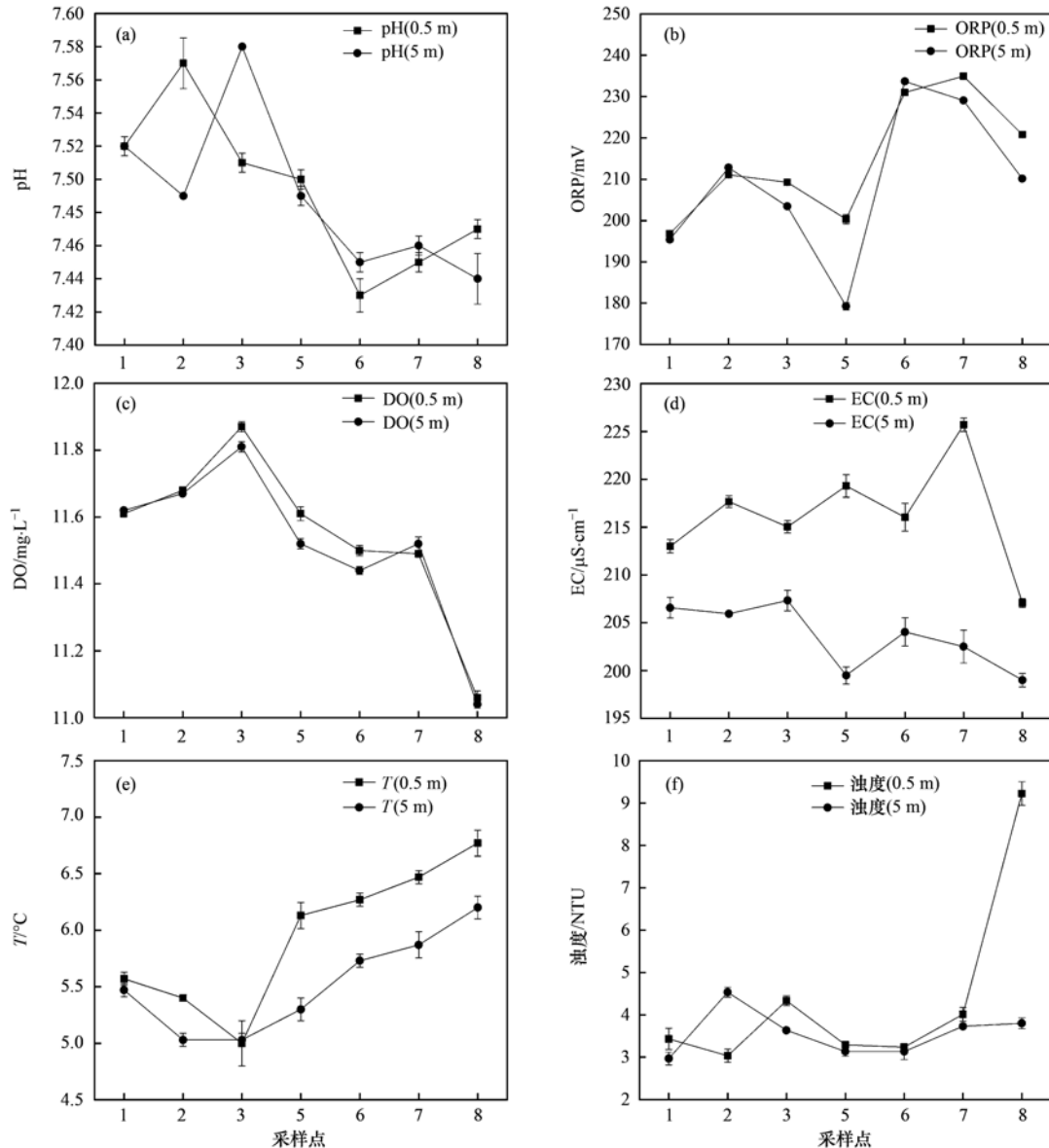


图 2 横山水库各采样点水体理化指标

Fig. 2 Physical and chemical indexes of water body at each sampling point in Hengshan Reservoir

为探究不同水深对环境因子的综合影响, 本研究对表层和深层水体的理化及生源物质指标进行 PCA 分析. 由图 4 可知, PC1 轴解释了环境因子构成变化的 33.4%, PC2 轴解释了 26.03%. 同时, 计算各样品与 1 号样点表层水样的欧氏距离, 比较环境因子在同一个采样点不同水深间的差异, 并对各采样点的表层和深层进行差异显著性检验, 结果如图 5 所示. 各采样点不同水深间欧氏距离的差异具有

显著性 ($P < 0.01$). 这说明环境因子构成在表层和深层水体间差异具有显著性, 进一步表明水深会影响水体环境异质性, 同时也证明本研究深度设置合理.

2.2 水库不同深度浮游微生物群落优势种变化

通过分类学分析可得门水平上浮游微生物物种组成以及相对丰度变化, 结果如图 6 所示. 各采样点的优势浮游微生物共有 9 个门, 其中变形菌门

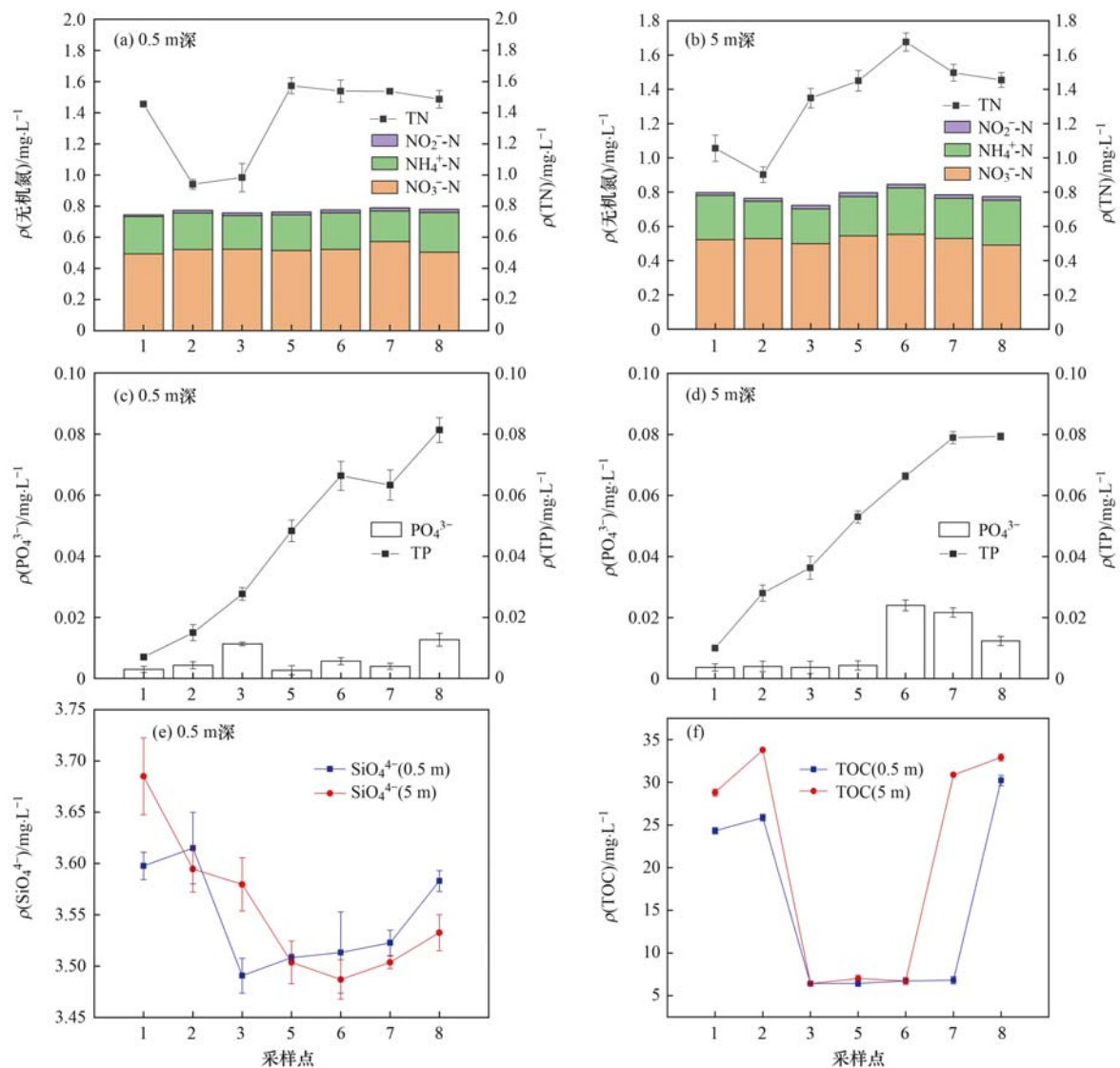


图3 横山水库水体生源物质分布情况

Fig. 3 Distribution of biogenic substances in Hengshan Reservoir

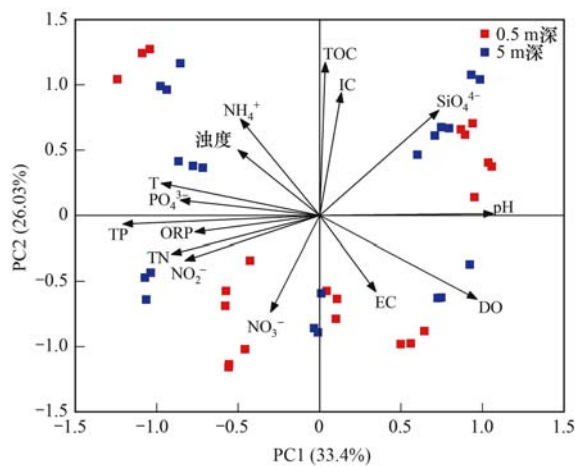


图4 不同水深处理化因素差异分析

Fig. 4 Difference analysis of chemical factors in different water depths

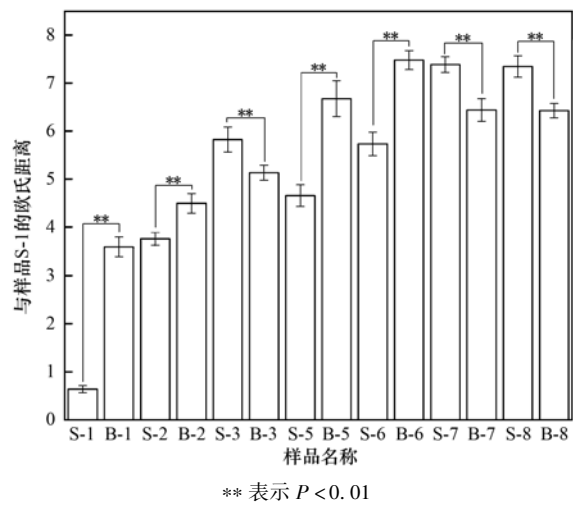


图5 各样品与S-1间的欧氏距离

Fig. 5 Euclidean distance between each sample and S-1

(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes)相对丰度最高.同时,人类活动影响较少的西北部采样点,其表层和深层水体优势浮游微生物门相对丰度

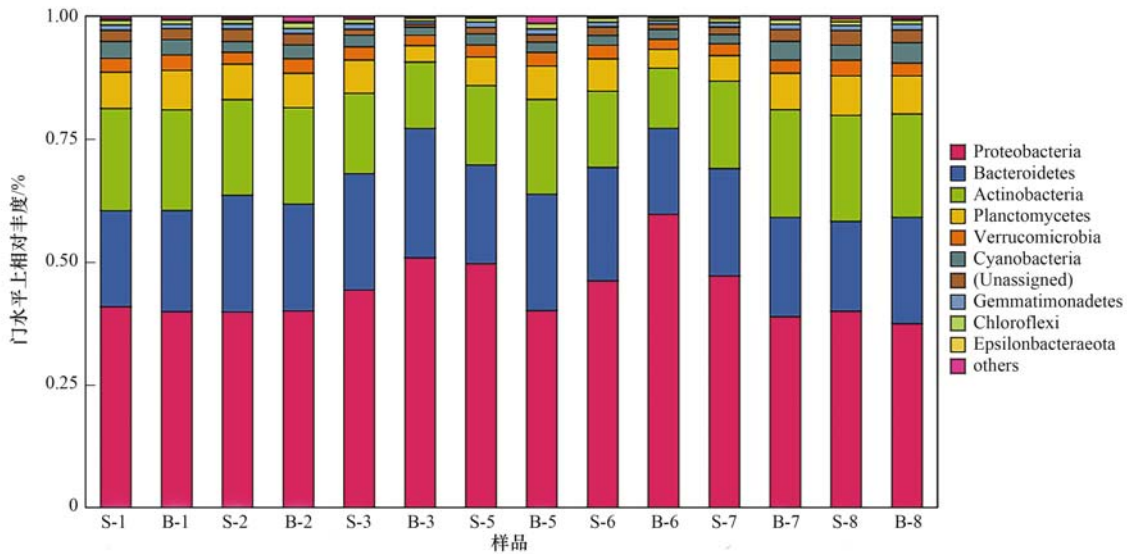


图6 门水平上不同水深处浮游微生物群落物种相对丰度

Fig. 6 Species relative abundance of planktonic microbial community in different water depths at the phylum level

变化较小. 例如 Proteobacteria 和 Bacteroidetes 在采样点 1 和 2 的相对丰度相近.

2.3 水库不同深度 α 多样性变化

本研究选择 3 个指数表征浮游微生物群落 α 多样性, 其中 Chao1 指数表征微生物丰富度, Equitability 指数表征微生物均匀性, Simpson 指数

是表征微生物丰富度和均匀度的综合性指标. 由图 7(a) 可知, 横山水库浮游微生物在表层水体中丰富度更高, 且 Chao1 指数均衡性较高; 由图 7(b) 可知, 水库浮游微生物在表层水体中均匀度显著高于深层. 同时, 图 7(c) 结果也进一步表明, 表层水体微生物群落 α 多样性显著高于深层.

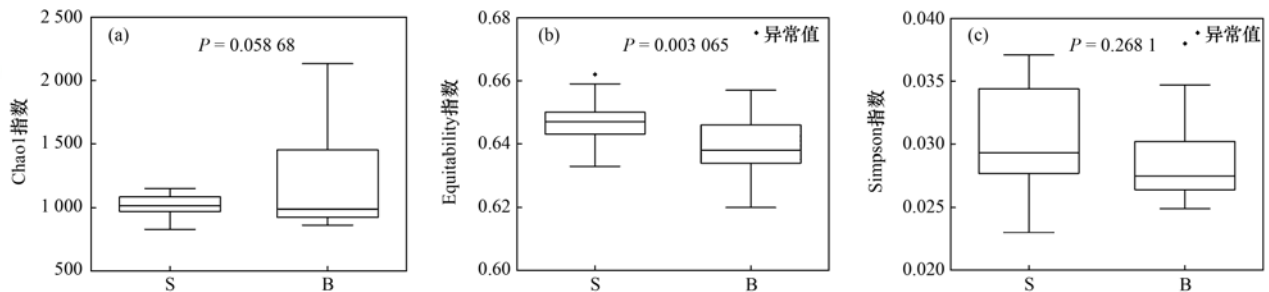


图7 α 多样性指数组间差异分析箱型图

Fig. 7 Box chart of α diversity index inter group difference analysis

2.4 水库不同深度 β 多样性变化

本研究采用主坐标分析 (PCoA) 对各采样点浮游微生物群落结构进行聚类. 由图 8 可知, PCoA1 轴

对浮游微生物群落结构变化的解释率为 54.8%, PCoA2 轴的解释率为 13.5%. 其中, 表层水体采样点较为集中, 表明各采样点表层浮游微生物群落结构较为相似. 进一步对比表层及深层样点聚类情况发现, 表层浮游微生物群落结构与深层存在显著差异 (ANOSIM, $P < 0.05$), 表明水深会显著改变浮游微生物群落结构.

2.5 群落组成的环境影响因子

为探究影响浮游微生物群落变化的重要因子, 本研究对浮游微生物群落结构变化及环境异质性进行了相关性分析. 结果如图 9 所示, 浮游微生物群落结构变化与环境异质性变化呈显著正相关 ($r = 0.36391$, $P < 0.05$), 即随着环境异质性的增大, 群落差异性逐渐增大, 表明环境异质性会影响浮游微

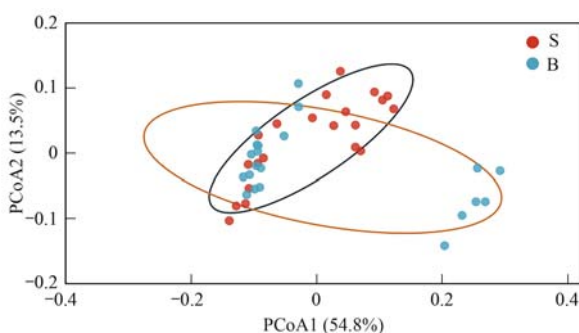


图8 不同水深处浮游微生物群落的 PCoA 图

Fig. 8 PCoA diagram of planktonic microbial community in different water depths

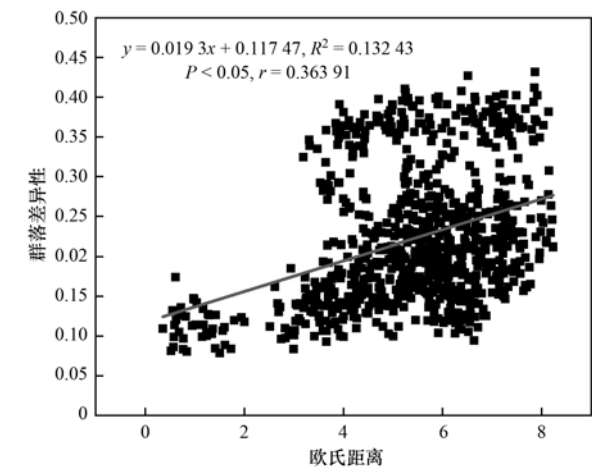


图9 浮游微生物群落与环境差异性的相关性分析
Fig. 9 Correlation analysis between planktonic microbial community and environmental differences

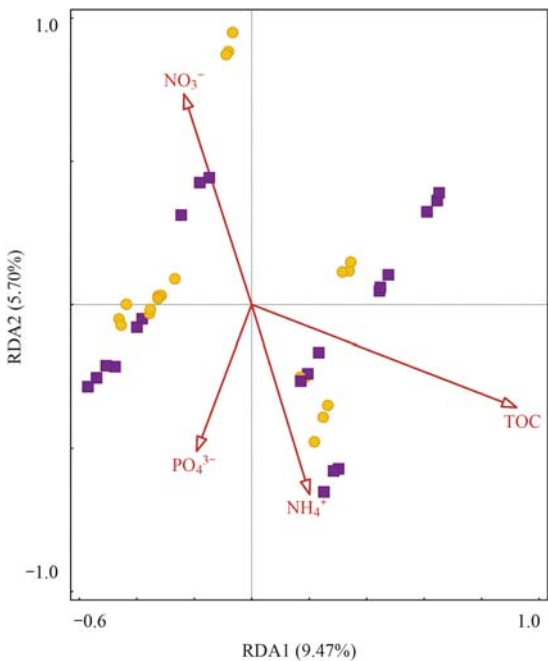
生物群落.

为确定影响浮游微生物群落结构变化的显著环境因子,本研究利用 Mantel 和膨胀系数分析对环境因子进行初筛. 结果如表 2 所示,当 $P < 0.05$ 且 $vif < 20$ 时, NH_4^+ 、 NO_3^- 、 PO_4^{3-} 、TOC 和 pH 这 5 个环境因子会显著影响浮游微生物群落结构. 为进一步从上述 5 个因子中筛选出重要环境影响因子,本研究采用 DCA (detrended correspondence analysis) 分析判定,选择 RDA 分析微生物群落结构与初筛获得的 5 个环境因子的相关性 (DCA 分析中前 4 轴的最大梯度长度为 $1.1457 < 3.0^{[9]}$).

表2 Mantel 分析和膨胀系数

Table 2 Mantel analysis and expansion coefficient table			
项目	r 值	P 值	vif 值
TN	0.042 36	0.279	12.081 953
NH_4^+	0.410 7	0.001	11.086 162
NO_3^-	0.264	0.003	3.104 052
NO_2^-	-0.053 8	0.693	15.749 349
TP	0.010 88	0.369	49.045 807
PO_4^{3-}	0.223 1	0.017	10.938 535
SiO_4^{4-}	0.065 36	0.197	11.205 777
IC	0.022 83	0.368	3.878 326
TOC	0.432	0.001	10.755 012
TC	0.428 6	0.001	—
pH	0.187 4	0.018	9.627 009
ORP	0.106 7	0.077	11.646 017
DO	0.180 7	0.032	22.616 893
EC	0.023 98	0.303	50.202 689
水温	0.105 7	0.076	84.575 571
浊度	0.065 85	0.278	3.769 202

由图 10 可知, RDA1 轴的解释率为 9.47%, RDA2 轴的解释率为 5.70%. 且结果表明,横山水库浮游微生物群落结构主要受到 TOC、 NO_3^- 、 NH_4^+ 和 PO_4^{3-} 的影响,其中 TOC 的影响最为显著. 因此,生源物质变化是横山水库浮游微生物群落结构变化的



黄色圆形表示表层微生物样品,紫色方块表示深层微生物样品
图10 水体环境因子与浮游微生物群落的 RDA 分析

Fig. 10 RDA analysis of water environmental factors and planktonic microbial community

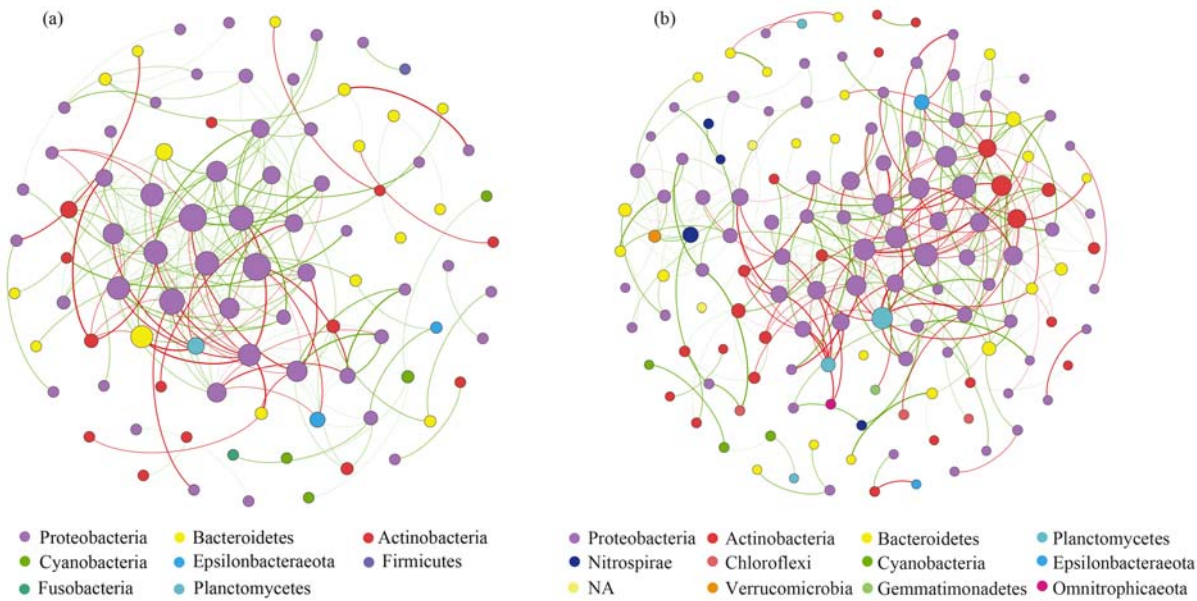
显著影响因素.

2.6 不同水深处的网络结构与拓扑特性分析

为探究群落种间互作关系,本研究在门分类水平上构建横山水库不同水深的浮游微生物群落生态网络,结果如图 11 所示. 由图 11 (a) 可知表层网络中共发现生物种有:变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、蓝细菌门和厚壁菌门等共 8 种,由图 11 (b) 可知深层有:变形菌门、浮霉菌门、硝化螺旋菌门、绿弯菌门和疣微菌门等共 12 种,表明深层水体中浮游微生物群落中共发现的物种数目更多. 节点的大小与连接数 (即度) 有关,连接越多则点越大. 结果表明,表层和深层浮游微生物群落网络中连接关系最多的物种均为变形菌门.

为进一步探究不同深度浮游微生物网络特性,本研究对生态网络拓扑特性进行计算. 由表 3 可知,深层浮游微生物分子生态网络的节点数和边数均高于表层,表明其网络规模更大. 同时,表层和深层水体浮游微生物间相互作用以正相关为主,即以协同合作为主,竞争关系较弱,其中表层水体微生物协同合作关系比例更高. 此外,由表 3 还可知,表层与深层网络模块化指数均大于 0.4,表明两网络均具有模块结构,同一个模块的微生物群落可看作有相似的生态位^[16]. 本研究发现深层网络模块化指数大于表层网络,表明深层网络形成更大的节点模块用以维持网络的结构和功能.

此外,表层网络的平均度、图密度和平均聚类



(a)横山水库 0.5 m 深处的浮游微生物生态网络,(b)5 m 深处的浮游微生物生态网络;不同颜色的节点代表不同的门,节点的大小按度设置;绿线表示正相关关系,红线表示负相关关系;NA 表示未识别物种

图 11 门水平上横山水库不同水深处的浮游微生物生态网络

Fig. 11 Ecological network of planktonic microorganisms in different water depths of Hengshan Reservoir at the phylum level

系数均较高,表明表层水体中浮游微生物生态网络联系更紧密、聚集程度更高.同时,由表 3 可知,表层网络图平均路径长度更短,进一步表明表层水体中浮游微生物群落的物种分离程度低、连通度高.因此,表层浮游微生物间传递物质、能量和信息的效率更高,对外界变化响应速度更快,而深层浮游微生物群落抗环境干扰能力更强.

表 3 横山水库分子生态网络拓扑属性

Table 3 Topological attribute table of molecular ecological network of Hengshan Reservoir

拓扑参数	表层(0.5 m)	深层(5 m)
节点数	90	141
边数	234	360
正相关/%	79.91	67.78
负相关/%	20.09	32.22
平均度	2.6	2.553
图密度	0.058	0.036
平均聚类系数	0.464	0.387
平均路径长度	3.351	3.733
网络直径	11	8
模块化	0.5	0.62

2.7 不同水深对浮游微生物群落关键物种的影响

模块内连通度(Z_i)反映一个节点在模块内的作用,模块间连通度(P_i)反映该节点参与其他模块的程度.一般可将节点分为 4 个角色,分别是外围节点(peripherals)、连接器(connectors)、模块枢纽(module hubs)和网络枢纽(network hubs).外围节点($Z_i < 2.5$, $P_i < 0.62$)表示只有少数连接且基本与模块内节点相连,连接器($Z_i < 2.5$, $P_i \geq 0.62$)表

示与其他模块的连接度高,模块枢纽($Z_i \geq 2.5$, $P_i < 0.62$)表示与模块内节点有较为密切的连接,网络枢纽($Z_i \geq 2.5$, $P_i \geq 0.62$)表示既与模块内节点高度连接又与其他模块的节点连通度高.一般将 $Z_i \geq 2.5$ 或 $P_i \geq 0.62$ 的节点视为关键物种^[7],即除外围节点外的其他 3 类.

由图 12 可知,表层和深层浮游微生物网络中绝大部分节点为外围节点,且两网络均未出现网络枢纽,表明两个生态网络都没有同时与模块内和模块间高度连通的节点.两个网络中连接器的比例均较低,表明网络所划分的模块之间连通性较低,但由占比(表层网络中连接器占 0.06%,深层网络中占 0.04%)可知 0.5 m 深的网络模块之间相互作用更紧密.深层网络中的模块枢纽显著高于表层,表明深层网络的模块内物种之间的联系更紧密.综合结果表明,不同水深处的网络结构是不同的.

从关键物种的占比来看,从表层至深层水体,关键物种由 0.65% 上升为 1.00%.本研究在表层浮游微生物网络中筛选出 23 个物种为关键物种,其中两个物种为连接器,分别属于拟杆菌门(Bacteroidetes)和绿弯菌门(Chloroflexi);深层浮游微生物网络中共筛选出 51 个关键物种,其中两个物种为连接器,分别属于浮霉菌门(Planctomycetes)和变形菌门(Proteobacteria).

图 13 为表层及深层浮游微生物群落在门水平的关键物种组成.从中可知,深层浮游微生物群落的关键物种数显著高于表层,表明深层群落功能更复

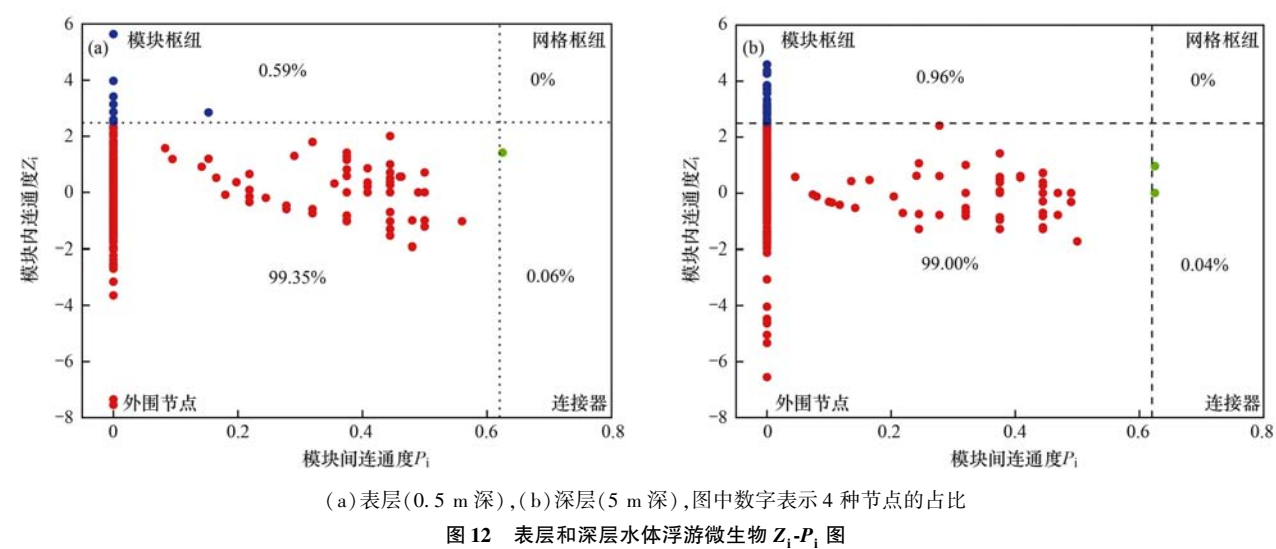


Fig. 12 The Z_i-P_i diagram of planktonic microorganisms in surface and deep water

杂. 其中, 表层网络中模块枢纽和连接器大部分属于变形菌门和拟杆菌门; 深层网络中大部分属于绿弯菌门、变形菌门和拟杆菌门. 此外, 由 2.2 节图 6 可知, 变形菌门和拟杆菌门在横山水库丰度最高, 表明其对于维持群落稳定性具有重要意义. 此外, 虽然绿弯菌门在群落中相对丰度较低, 但其在关键物种中占比显著, 在深层浮游微生物种间互作方面发挥着重要作用.

外, 本研究还发现生源物质浓度在人类活动较多的采样点 5 ~ 8 显著高于人类活动较少的采样点 1 ~ 3, 表明人类活动也会显著改变水库生源物质分布. 同样, Wang 等^[17]的研究发现澜沧江中下游人口密集, 人为排放进一步促进了梯级水库养分的增加, 导致水库氮、磷浓度均显著增加.

本研究发现水深会显著改变水体环境异质性, 而环境异质性与浮游微生物群落变化具有显著相关性, 因此水深会驱动浮游微生物群落多样性和结构变化. 商潘路等^[19]研究金盆水库发现垂向分布上真菌种群的优势菌群和多样性存在显著差异, 种群结构受水深影响. 本研究中表层水体浮游微生物多样性高于深层水体浮游微生物, 且不同水深间微生物群落存在差异, 体现了水库分层水位对微生物群落结构的重要性, 这与密云水库的研究结果一致^[20]. 这是由于微生物的垂直分布受光照影响, 深层水体接收的光照较表层少, 微生物间竞争关系强, 最终导致对光照需求少的微生物成为优势物种, 使群落多样性降低. 曾有研究发现大龙洞水库在垂直方向上细菌丰度表现为: 表层 > 中层 > 底层, 并认为这与浮游细菌的光合作用主要集中在真光层有关^[21]. 另一方面, 已有研究表明, 随着营养盐水平的增加, 细菌群落多样性呈下降趋势^[22], 与本研究中的深层生源物质浓度高于表层结果一致. 此外, 本研究中浮游微生物的分布格局与 TOC 、 NO_3^- 、 NH_4^+ 和 PO_4^{3-} 等生源物质指标联系紧密, 以上营养盐在微生物生长发育过程中发挥重要作用. 例如, 有研究表明在全球范围内, 水库是碳的净排放源^[23]; TOC 可以在生物、地质和化学过程发挥重要作用^[24]; 在各种水生生态环境中, 溶解无机氮是异养细菌重要的氮源^[10]; 磷酸盐是影响南海南部海域浮游细菌群落丰度和多样

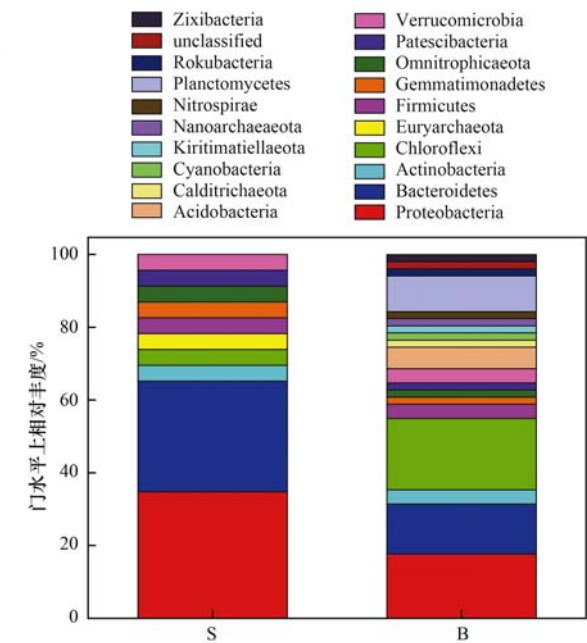


Fig. 13 Composition diagram of keystone species

3 讨论

本研究发现, 深层水体的各生源物质浓度均高于表层, 这是由于蓄水后库区流速减缓, 水体颗粒物沉降作用增强, 其上吸附的生源物质随颗粒物沉降进入深层^[18], 从而导致深层生源物质浓度升高. 此

性的主要因素^[25]. 综上,水环境中微生物的群落会随着位置而发生不同,这是群落适应性、环境因子和人类活动变化共同导致的结果^[26].

已有研究表明,微生物群落网络拓扑结构的平均度和平均聚类系数越高,平均路径长度越低,物种间的相互作用越复杂^[27]. 本研究发现表层浮游微生物群落生态网络更为复杂,且共享生态位发展得更多. 有研究发现,网络连通性较高,可能与微生物对环境扰动的快速响应有关^[7,28,29],因此,本研究中表层微生物群落网络连通性较高表明,表层微生物群落更易受环境扰动的影响^[30]. 本研究表层浮游微生物协同合作关系更强的原因:一方面是表层水体中光照更充足且水温更高,已有研究表明资源更丰富的区域负相关关系少^[31,32];另一方面,表层水体的生源物质浓度低于深层水体,当表层细菌群落将可生化性强的物质消耗后,可能会协同合作来分解或合成环境中难以利用的物质,这样会增加物种间彼此之间的协同作用^[33]. 此外,环境因素对浮游细菌模块有正向或负向影响^[34],其中一些模块更容易受到养分变化的影响,有助于整个群落的响应^[35]. 值得注意的是,不同种类微生物所需营养盐的适宜浓度不同,严重的营养污染会导致共生网络变得简单和脆弱,并且过量的营养物质会影响微生物群落之间的潜在相互作用,从而进一步损害生态系统的功能^[27]. 微生物间相互作用是动态的,依据所处的环境作出响应^[36,37]. 综上所述,水深不仅会影响微生物的群落结构,还会通过环境因子驱动微生物间物种间互作模式发生变化.

由连接器和模块枢纽占比可知,不同水深处拓扑作用不同,模块性质也有显著变化. 表层水体的关键种数目和种类均低于深层水体,这一模式表明如果关键种受环境影响而消失,表层微生物群落可能更容易分裂,更容易受到整个群落崩溃的影响^[38]. 关键种在维持群落和功能方面发挥重要作用^[39,40]. 变形菌门既作为优势种又作为关键种,表明它们积极参与了水库生态系统的功能和过程^[41]. 在将复杂分子转化为简单化合物的过程中拟杆菌门发挥着重要作用^[20]. 曾有学者发现拟杆菌门已进化出一种独特的降解机制,可以介导大部分拟杆菌藻类多糖的降解^[42]. 有研究表明拟杆菌门与高浓度的溶解有机碳具有很强的相关性,说明在高浓度的有机碳下,拟杆菌门具有较高的活性^[43],该水库部分点位 TOC 浓度高,这可能是拟杆菌成为关键种的原因. 作为深层网络中关键种占比最高的绿弯菌门,具有多种营养方式,能涵盖已知的所有类型^[44],参与多种物质循环,包括 3-羟基丙酸循环固碳^[45]和通过亚硝酸盐

氧化菌参与硝化作用^[46]等,是生态学过程的重要参与者.

4 结论

(1)水深通过改变环境异质性对浮游微生物群落产生影响,其中表层水体浮游微生物群落的 α 多样性显著高于深层,且表层和深层浮游微生物群落结构存在显著差异.

(2)共现网络分析结果表明,表层浮游微生物间正相关关系占比 79.91%,显著高于深层微生物间正相关关系(67.78%),说明表层微生物生态网络联系更紧密,传递物质、能量和信息的效率更高,对外界变化的响应速度更快.

(3)表层浮游微生物网络中模块枢纽和连接器大部分属于拟杆菌门和变形菌门;深层网络中大部分属于绿弯菌门、变形菌门和拟杆菌门. 从表层至深层水体关键物种占比由 0.65% 上升为 1.00%,且深层水体浮游微生物中关键物种的种类和数目更多.

参考文献:

- [1] 中华人民共和国水利部. 2019 年全国水利发展统计公报 [M]. 北京:中国水利水电出版社,2020.
- [2] 曾明正,黄廷林,邱晓鹏,等. 我国北方温带水库——周村水库季节性热分层现象及其水质响应特性[J]. 环境科学, 2016, **37**(4): 1337-1344.
Zeng M Z, Huang T L, Qiu X P, et al. Seasonal stratification and the response of water quality of a temperate reservoir-Zhoucun Reservoir in north of China[J]. Environmental Science, 2016, **37**(4): 1337-1344.
- [3] 王禹冰,王晓燕,庞树江,等. 水库水体热分层的水质及细菌群落分布特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(6): 2745-2752.
Wang Y B, Wang X Y, Pang S J, et al. Water quality characteristics and distribution of bacterial communities during thermal stratification in the Miyun Reservoir[J]. Environmental Science, 2019, **40**(6): 2745-2752.
- [4] Zhao W Q, Hu A, Ni Z Y, et al. Biodiversity patterns across taxonomic groups along a lake water-depth gradient: effects of abiotic and biotic drivers[J]. Science of the Total Environment, 2019, **686**: 1262-1271.
- [5] Tran P Q, Bachand S C, McIntyre P B, et al. Depth-discrete metagenomics reveals the roles of microbes in biogeochemical cycling in the tropical freshwater Lake Tanganyika[J]. The ISME Journal, 2021, **15**(7): 1971-1986.
- [6] 王雪,刘晋仙,柴宝峰,等. 宁武亚高山湖泊细菌群落的时空格局及驱动机制[J]. 环境科学, 2019, **40**(7): 3285-3294.
Wang X, Liu J X, Chai B F, et al. Spatio-temporal patterns of microbial communities and their driving mechanisms in subalpine lakes, Ningwu, Shanxi[J]. Environmental Science, 2019, **40**(7): 3285-3294.
- [7] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, et al. Functional molecular ecological networks[J]. mBio, 2010, **1**(4), doi: 10.1128/mBio.00169-10.
- [8] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, et al. Using network

- analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(2): 343-351.
- [9] 秦宇, 郑望, 张曦, 等. 三峡库区中段水体微生物群落结构与环境因子相关性研究[J]. *长江流域资源与环境*, 2021, **30**(5): 1184-1193.
- Qin Y, Zheng W, Zhang X, *et al.* Correlation between microbial community structure and environmental factors in the middle section of the Three Gorges Reservoir Area[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2021, **30**(5): 1184-1193.
- [10] 王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. *环境科学*, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- Wang H, Zhao W, Xie Z G, *et al.* Bacterial community structure characteristics in the Biliuhe Reservoir and its key driving factors[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- [11] Wang J T, Fan H B, He X J, *et al.* Response of bacterial communities to variation in water quality and physicochemical conditions in a river-reservoir system[J]. *Global Ecology and Conservation*, 2021, **27**, doi: 10.1016/j.gecco.2021.e01541.
- [12] Fuhrman J A, Steele J A. Community structure of marine bacterioplankton: patterns, networks, and relationships to function[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2008, **53**(1): 69-81.
- [13] Mo Y Y, Peng F, Gao X F, *et al.* Low shifts in salinity determined assembly processes and network stability of microeukaryotic plankton communities in a subtropical urban reservoir[J]. *Microbiome*, 2021, **9**(1), doi: 10.1186/s40168-021-01079-w.
- [14] Zeng Y H, Baumbach J, Barbosa E G V, *et al.* Metagenomic evidence for the presence of phototrophic Gemmatimonadetes bacteria in diverse environments[J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2016, **8**(1): 139-149.
- [15] Fan K K, Weisenhorn P, Gilbert J A, *et al.* Wheat rhizosphere harbors a less complex and more stable microbial co-occurrence pattern than bulk soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **125**: 251-260.
- [16] 熊俊茗, 马丽媛, 黄珊珊, 等. 分子生态网络揭示冶金微生物对能源底物的响应[J]. *生物工程学报*, 2020, **36**(12): 2674-2684.
- Xiong J M, Ma L Y, Huang S S, *et al.* Molecular ecological network reveals the response of metallurgical microorganisms to energy substrates[J]. *Chinese Journal of Biotechnology*, 2020, **36**(12): 2674-2684.
- [17] Wang X, Wang C, Wang P F, *et al.* How bacterioplankton community can go with cascade damming in the highly regulated Lancang-Mekong River Basin[J]. *Molecular Ecology*, 2018, **27**(22): 4444-4458.
- [18] 史鹏程, 朱广伟, 杨文斌, 等. 新安江水库悬浮颗粒物时空分布、沉降通量及其营养盐效应[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2137-2148.
- Shi P C, Zhu G W, Yang W B, *et al.* Spatial-temporal distribution of suspended solids and its sedimentation flux and nutrients effects in Xin'anjiang Reservoir, China[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2137-2148.
- [19] 商潘路, 陈胜男, 黄廷林, 等. 深水型水库热分层诱导水质及真菌种群结构垂向演替[J]. *环境科学*, 2018, **39**(3): 1141-1150.
- Shang P L, Chen S N, Huang T L, *et al.* Vertical distribution of fungal community composition and water quality during the deep reservoir thermal stratification[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(3): 1141-1150.
- [20] Chen Y J, Liu Y, Wang X Y. Spatiotemporal variation of bacterial and archaeal communities in sediments of a drinking reservoir, Beijing, China[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2017, **101**(8): 3379-3391.
- [21] 辛胜林, 梁月明, 彭文杰, 等. 亚热带典型岩溶水库细菌丰度和细菌生产力及其与环境因子的关系[J]. *环境科学*, 2018, **39**(12): 5647-5656.
- Xin S L, Liang Y M, Peng W J, *et al.* Relationship between the bacterial abundance and production with environmental factors in a subtropical karst reservoir[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(12): 5647-5656.
- [22] 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.
- [23] Keller P S, Marcé R, Obrador B, *et al.* Global carbon budget of reservoirs is overturned by the quantification of drawdown areas[J]. *Nature Geoscience*, 2021, **14**(6): 402-408.
- [24] 王从锋, 胡子龙, 杨正健, 等. 基于碳氮同位素的澜沧江水库 TOC 来源差异性分析[J]. *环境科学*, 2019, **40**(7): 3039-3048.
- Wang C F, Hu Z L, Yang Z J, *et al.* Analysis of total organic carbon source differences between new and old cascade reservoirs using carbon and nitrogen isotopes[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(7): 3039-3048.
- [25] 白洁, 刘小沙, 侯瑞, 等. 南海南部海域浮游细菌群落特征及影响因素研究[J]. *中国环境科学*, 2014, **34**(11): 2950-2957.
- Bai J, Liu X S, Hou R, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton in the southern South China Sea[J]. *China Environmental Science*, 2014, **34**(11): 2950-2957.
- [26] Ung P, Peng C, Yuk S, *et al.* Dynamics of bacterial community in Tonle Sap Lake, a large tropical flood-pulse system in Southeast Asia[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **664**: 414-423.
- [27] Yang Y Z, Gao Y C, Huang X N, *et al.* Adaptive shifts of bacterioplankton communities in response to nitrogen enrichment in a highly polluted river[J]. *Environmental Pollution*, 2019, **245**: 290-299.
- [28] Chen J, Wang P F, Wang C, *et al.* Fungal community demonstrates stronger dispersal limitation and less network connectivity than bacterial community in sediments along a large river[J]. *Environmental Microbiology*, 2020, **22**(3): 832-849.
- [29] Zhang B G, Zhang J, Liu Y, *et al.* Co-occurrence patterns of soybean rhizosphere microbiome at a continental scale[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **118**: 178-186.
- [30] 李冰, 李玉双, 魏建兵, 等. 不同土地利用方式对土壤细菌分子生态网络的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(3): 1456-1465.
- Li B, Li Y S, Wei J B, *et al.* Effects of different land use types on the molecular ecological network of soil bacteria[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(3): 1456-1465.
- [31] De Menezes A B, Richardson A E, Thrall P H. Linking fungal-bacterial co-occurrences to soil ecosystem function[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2017, **37**: 135-141.
- [32] Banerjee S, Kirkby C A, Schmutter D, *et al.* Network analysis reveals functional redundancy and keystone taxa amongst bacterial and fungal communities during organic matter decomposition in an arable soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **97**: 188-

- 198.
- [33] 陈光哲, 姜星宇, 胡洋. 不同营养程度湖泊中细菌群落组成及其分子生态网络特征[J]. 环境科学研究, 2020, **33**(2): 375-384.
- Chen G Z, Jiang X Y, Hu Y. Characteristics of bacterial communities and their co-occurrence networks in lake ecosystem with different trophic states [J]. Research of Environmental Sciences, 2020, **33**(2): 375-384.
- [34] Cao X Y, Zhao D Y, Xu H M, *et al.* Heterogeneity of interactions of microbial communities in regions of Taihu Lake with different nutrient loadings: a network analysis[J]. Scientific Reports, 2018, **8**, doi: 10.1038/s41598-018-27172-z.
- [35] Ren Z, Qu X D, Peng W Q, *et al.* Nutrients drive the structures of bacterial communities in sediments and surface waters in the river-lake system of Poyang Lake [J]. Water, 2019, **11**(5), doi: 10.3390/w11050930.
- [36] Liu A, Archer A M, Biggs M B, *et al.* Growth-altering microbial interactions are responsive to chemical context [J]. PLoS One, 2017, **12**(3), doi: 10.1371/journal.pone.0164919.
- [37] 朱瑞芬, 刘杰淋, 王建丽, 等. 基于分子生态学网络分析松嫩退化草地土壤微生物群落对施氮的响应[J]. 中国农业科学, 2020, **53**(13): 2637-2646.
- Zhu R F, Liu J L, Wang J L, *et al.* Molecular ecological network analyses revealing the effects of nitrogen application on soil microbial community in the degraded grasslands [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, **53**(13): 2637-2646.
- [38] Olesen J M, Bascompte J, Dupont Y L, *et al.* The modularity of pollination networks [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2007, **104**(50): 19891-19896.
- [39] Xue Y Y, Chen H H, Yang J R, *et al.* Distinct patterns and processes of abundant and rare eukaryotic plankton communities following a reservoir cyanobacterial bloom [J]. The ISME Journal, 2018, **12**(9): 2263-2277.
- [40] 李前, 李忠武, 聂小东, 等. 水土流失防治措施对马尾松林土壤微生物群落分子生态网络的影响[J]. 土壤学报, 2022, **59**(3): 819-832.
- Li Q, Li Z W, Nie X D, *et al.* Effects of prevention and control measures of soil erosion on molecular ecological network of soil microbial community in pinus massoniana plantation [J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, **59**(3): 819-832.
- [41] Zhang J X, Yang Y Y, Zhao L, *et al.* Distribution of sediment bacterial and archaeal communities in plateau freshwater lakes [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, **99**(7): 3291-3302.
- [42] Krüger K, Chafee M, Ben Francis T, *et al.* In marine *Bacteroidetes* the bulk of glycan degradation during algae blooms is mediated by few clades using a restricted set of genes [J]. The ISME Journal, 2019, **13**(11): 2800-2816.
- [43] 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.
- [44] 鲜文东, 张潇橦, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum Chloroflexi [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- [45] Zarzycki J, Brecht V, Müller M, *et al.* Identifying the missing steps of the autotrophic 3-hydroxypropionate CO₂ fixation cycle in *Chloroflexus aurantiacus* [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2009, **106**(50): 21317-21322.
- [46] Sorokin D Y, Lüscher S, Vejmekova D, *et al.* Nitrification expanded: discovery, physiology and genomics of a nitrite-oxidizing bacterium from the phylum *Chloroflexi* [J]. The ISME Journal, 2012, **6**(12): 2245-2256.

CONTENTS

Development Scenarios and Environmental Benefits Analysis of Future Power Generation Industry Under Two Modes in China	LIU Chun-jing, LÜ Jian-yi, ZHAO Wen-chang, <i>et al.</i>	(3375)
Forecasting of Emission Co-reduction of Greenhouse Gases and Pollutants for the Road Transport Sector in Lanzhou Based on the LEAP Model	PANG Ke, ZHANG Qian, MA Cai-yun, <i>et al.</i>	(3386)
Discussion of Air Quality Forecasting Evaluation for Cities Based on Half-level Method	WANG Xiao-yan, ZHU Li-li, XU Rong, <i>et al.</i>	(3396)
Characterization and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} in Xiamen Port	XIAO Si-han, CAI Mei-jun, LI Xiang, <i>et al.</i>	(3404)
Deposition Characteristics of Water-soluble Inorganic Nitrogen and Organic Nitrogen in Atmospheric Precipitation in the Northern Suburbs of Nanjing	ZHANG Jia-ying, YU Xing-na, ZHANG Yu-xiu, <i>et al.</i>	(3416)
Analysis of PM _{2.5} Transmission Characteristics in Main Cities of Jinzhong Basin in Winter	WANG Xiao-lan, WANG Yan, YAN Shi-ming, <i>et al.</i>	(3423)
Temporal Evolution and Source Apportionment of Black Carbon Aerosol in Ordos During Summer and Autumn 2019	KONG Xiang-chen, ZHANG Lian-xia, ZHANG Cai-yun, <i>et al.</i>	(3439)
Characteristics, Sources, and SOAP of VOCs During Winter in Jiyuan	WANG Fang, LI Li-xia, WANG Hong-guo, <i>et al.</i>	(3451)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in August in the Chang-Zhu-Tan Urban Area	LUO Da-tong, ZHANG Qing-mei, LIU Zhan, <i>et al.</i>	(3463)
Ozone Sensitivity Analysis and Control Strategy in Shijiazhuang City in July 2019	ZHU Jia-xian, WANG Xiao-qi, OU Sheng-ju, <i>et al.</i>	(3473)
Spatiotemporal Variation and Influencing Factors of AOD in the North China Plain	GUO Lin, MENG Fei, MA Ming-liang	(3483)
Aerosol Optical Characteristics with Ground-based Measurements via Sun Photometer and Its Relationship with PM Particle Concentration in Chang'an	ZHENG Yu-rong, WANG Xu-hong, CUI Si-ying, <i>et al.</i>	(3494)
Spatial-temporal Distribution and Evolution Characteristics of Air Pollution in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Long-term "Ground-Satellite" Data	WANG Yao-ting, YIN Zhen-ping, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i>	(3508)
Ten-year Trend Analysis of Eutrophication Status and the Related Causes in Lake Hongze	CHEN Tian-yu, LIU Chang-qing, SHI Xiao-li, <i>et al.</i>	(3523)
Shallow Groundwater Around Plateau Lakes: Spatiotemporal Distribution of Phosphorus and Its Driving Factors	YANG Heng, LI Gui-fang, YE Yuan-hang, <i>et al.</i>	(3532)
Characteristics and Differences of Dissolved Oxygen Stratification in Different Tributaries of Three Gorges Reservoir During Impoundment Period	Ji Dao-bin, FANG Jiao, LONG Liang-hong, <i>et al.</i>	(3543)
Dissolved Organic Matter Component and Source Characteristics of the Metropolitan Lakes and Reservoirs in a Typical Karst Region	NI Mao-fei, ZHOU Hui, MA Yong-mei, <i>et al.</i>	(3552)
Characteristics, Sources, and Risk Assessment of Perfluoroalkyl Substances in Surface Water and Sediment of Luoma Lake	HUANG Jia-hao, WU Wei, HUANG Tian-yin, <i>et al.</i>	(3562)
Vertical Distribution Characteristics and Influencing Factors of Phytoplankton Community Structure in Qiandao Lake	WANG Ji-yi, HUO Di, GUO Chao-xuan, <i>et al.</i>	(3575)
Chemical Forms and Spatial Distribution of Phosphorus in the Sediment of Sihe River	ZHANG Zi-han, ZHANG Xin-ru, JIA Chuan-xing, <i>et al.</i>	(3587)
Influence of Optimal Land Use Allocation on Phosphorus Loss in the Process of Rainfall and Runoff	ZHOU Hao, CHEN Fang-xin, LUO Yi-feng, <i>et al.</i>	(3597)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Accumulated Heavy Metals in Bioretention Systems	CHU Yang-yang, YANG Long, ZHOU Yuan, <i>et al.</i>	(3608)
Effects of Damming and Impoundment on Planktonic Microbial Community Structure and Interspecific Interaction Patterns in Different Water Depths	WANG Xun, ZHANG Jia-jia, YUAN Qiu-sheng, <i>et al.</i>	(3623)
Identification of Bacterial Flora and Metabolic Function of Sediments in Different Channels of Duliujian River Basin, Tianjin	LIU Jia-yuan, FENG Yue, YANG Xue-chun, <i>et al.</i>	(3635)
Spatiotemporal Distribution and Source Apportionment of Suspended Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Water	PENG Ke-xing, LI Rui-fei, ZHOU Yi-chen, <i>et al.</i>	(3645)
Spatial Variation and Potential Sources of Microplastics in Rivers in Tongzhou District, Beijing	MEN Cong, LI Di, ZUO Jian-e, <i>et al.</i>	(3656)
Effects of Microplastic Exposure on Crucian Growth, Liver Damage, and Gut Microbiome Composition	HU Jia-min, ZUO Jian-e, LI Jin-bo, <i>et al.</i>	(3664)
Influence of Different Types of Dewatering Agents on the Solidification Effect and Physical and Chemical Properties of Sediment	REN Jun, YIN Peng, WANG Wei-zhen, <i>et al.</i>	(3672)
Structural Characteristics of Micro-nano Particle Size Biochar and Its Adsorption Mechanism for Cd ²⁺	MA Wen-yan, PEI Peng-gang, GAO Ge, <i>et al.</i>	(3682)
Phosphorus Adsorption Characteristics of Different Biochar Types and Its Influencing Factors	LIAN Shen-hai, ZHANG Shu-nan, LIU Feng, <i>et al.</i>	(3692)
Development of Zeolite Loaded Mg-La-Fe Ternary (hydr)oxides for Treatment of Low Concentration Phosphate Wastewater	YIN Xue-jie, SONG Xiao-bao, DING Chen-man, <i>et al.</i>	(3699)
Succession and PICRUSt2-based Predicted Functional Analysis of Microbial Communities During the Sludge Bulking Occurrence and Restoration in One-stage Combined Partial Nitrification and ANAMMOX Process	LI Ya-nan, YAN Bing, ZHENG Rui, <i>et al.</i>	(3708)
Aerobic Granulation Stability and Microbial Diversity of Filamentous Bulking Sludge	GAO Chun-di, YANG Xiao-yang, OU Jia-li, <i>et al.</i>	(3718)
Dynamic Variation in Vegetation Cover and Its Influencing Factor Detection in the Yangtze River Basin from 2000 to 2020	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, GUO Zhen-dong, <i>et al.</i>	(3730)
Enrichment and Ecological Risk Assessment of Available Phosphorus in Paddy Soil of Fujian Province Over Past 40 years	CHEN Zhong-xing, QIU Long-xia, CHEN Han-yue, <i>et al.</i>	(3741)
Effects of Land Use Change on Constitution, Stability, and C, N, P Stoichiometric Characteristics of Soil Aggregates in Southwest China Karst	HE Yu, SHENG Mao-yin, WANG Ke, <i>et al.</i>	(3752)
Heavy Metal Pollution and Health Risk Assessment of Mine Soil in Yangtze River Economic Belt	ZHANG Zhe, LU Ran, WU Si-yang, <i>et al.</i>	(3763)
Pollution Characteristics and Phytotoxicity of Heavy Metals in the Soil Around Coal Gangue Accumulation Area	SHANG Yu, SANG Nan	(3773)
Evaluation of Mercury Pollution in Soil of Different Land Use Types in Coal-fired Industrial Area	LI Qiang, YAO Wan-cheng, ZHAO Long, <i>et al.</i>	(3781)
Cadmium Enrichment and Bioavailability of Quaternary Profiles in Nansha District, Guangzhou, China	WANG Fang-ting, BAO Ke, HUANG Chang-sheng, <i>et al.</i>	(3789)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Heavy Metals in Cultivated Land in Mountainous Area of Northwest Guizhou Province	XU Meng-qi, YANG Wen-tao, YANG Li-yu, <i>et al.</i>	(3799)
Effect Factors and Model Prediction of Soil Heavy Metal Bioaccessibility	ZHANG Jia-wen, TIAN Biao, LUO Jing-jing, <i>et al.</i>	(3811)
Effect of Organic Material Amendments on Soil Respiration in Tobacco Fields of Central Henan	LU Qi-fei, YE Xie-feng, HAN Jin, <i>et al.</i>	(3825)
Methane Production Potential and Methanogenic Pathways in Paddy Soils Under Different Rice-based Cropping Systems	SHEN Wan-yu, HUANG Qiong, MA Jing, <i>et al.</i>	(3835)
Characteristics and Assembly Process of Reclaimed Soil Microbial Communities in Eastern Plain Mining Areas	MA Jing, DONG Wen-xue, ZHU Yan-feng, <i>et al.</i>	(3844)
Differences in Bacterial Community Structure in Rhizosphere Soil of Three <i>Caragana</i> Species and Its Driving Factors in a Common Garden Experiment	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i>	(3854)
Comparison of Bacterial Community Structure and Functional Groups of Paddy Soil Aggregates Between Karst and Non-karst Areas	XIAO Xiao-yi, JIN Zhen-jiang, LENG Meng, <i>et al.</i>	(3865)
Contrasting Responses of the Microbial Community Structure and Functional Traits to Soil pH in Purple Soils	WANG Zhi-hui, JIANG Xian-jun	(3876)
Effects of Agricultural Organic Waste Incorporation on the Metabolic Capacity of Microbial Carbon Sources of Dissolved Organic Matter in Paddy Soil	XIAO Yi, LI Zheng, HUANG Rong, <i>et al.</i>	(3884)