

文章编号:0559-9350(2020)09-1121-10

小浪底水库下游浮游生物及细菌群落对水沙调控的响应规律

宋 劼¹, 易雨君¹, 周 扬¹, 贾文飞¹, 高艳宁¹, 李军华²

(1. 北京师范大学 水沙科学教育部重点实验室, 北京 100875;

2. 黄河水利科学研究院, 河南 郑州 450003)

摘要: 浮游动物、浮游植物和细菌群落广泛分布于河流生态系统, 发挥着初级生产者、初级消费者和分解者的重要作用, 对于环境条件的波动较为敏感。本文于2018—2019年黄河小浪底水库调水调沙前、中、后期对下游河流进行了调查采样, 得出水环境因子、浮游生物与细菌群落的定量结果, 以明确在不同调水调沙阶段下游河流水环境因子, 浮游生物和细菌群落的演变规律及相互作用。通过结构方程模型(SEM)和基于距离的冗余分析(db-RDA)、分别明确了调水调沙影响下浮游生物以及细菌群落对水环境因子的响应规律。结果表明, 调水调沙不同阶段下, 浮游植物、浮游动物和细菌对于环境因子的响应方式具有较大的差异, 溶解氧(在调水调沙前影响系数最大, 为0.86)、温度(在调水调沙期间影响系数最大, 为0.76), 以及电导率(调水调沙后影响系数最大, 为0.82)等环境因子对浮游生物的生物量影响最明显, 而溶解氧(在调水调沙前)和叶绿素a(调水调沙期间至调水调沙后)对于细菌群落的影响最大。此外, 调水调沙过程改变了浮游生物群落内部关系, 削弱了浮游动物对浮游植物的捕食, 同时也使得悬浮和沉积状态的细菌群落在样点之间的差异性增大。本研究明确了浮游生物及细菌群落在水沙调控不同阶段下对水环境因子的响应规律, 对下游河流生态修复具有一定的理论意义。

关键词: 浮游植物; 浮游动物; 细菌; 生物多样性; 调水调沙; 黄河

中图分类号: TV143

文献标识码: A

doi: 10.13243/j.cnki.slx.20200572

1 研究背景

河流作为重要的淡水资源, 在生态环境演变与人类社会发展发挥着重要作用。受气候变化和人类活动的影响, 河流的水文过程和物理化学特征发生了变化, 对河流栖息地和水生生态系统造成了影响^[1]。大坝具有发电、防洪、航运等重要作用, 可促进当地经济发展^[2-3], 因此世界大部分河流上都已修建大坝。虽然大坝的修建可促进人类社会的发展, 但同时也成为了河流系统的主要扰动之一, 对河流生态系统产生显著的影响, 可导致上下游水体污染、富营养化、河床淤积等^[4], 这一点已引起了世界范围内的广泛关注。

浮游生物, 包括浮游植物和浮游动物, 是水生食物网的重要组成部分^[5]。浮游植物是水生生态系统的主要初级生产者, 作为食物链的基础环节, 是水体可溶性有机质的主要来源, 在海洋、湖泊、河流等多种水生生态系统中均发挥着不可替代的作用。浮游动物是水生生态系统初级消费者的关键组成部分, 一方面通过摄食来影响浮游植物的物种组成和种群数量, 另一方面其种群数量的变化也会导致底栖动物、鱼类等更高营养级生物个体数量的波动^[6], 因此浮游动物通常被认为是连接初级生产者与更高营养层级的纽带, 其生长状况和种群变化在水生生态系统动力学中具有关键作用。细菌是微生物中数量最大、种类最多、且具有广泛功能多样性的类群之一, 是浮游动物的重要食物来源之一^[7], 作为生态系统中的分解者, 在河流物质循环与能量输移中起到至关重要的作用。

收稿日期: 2020-07-27; 网络首发时间: 2020-09-16

网络首发地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1882.TV.20200914.1648.001.html>

基金项目: 国家重点研发计划课题(2018YFC0407403); 国家自然科学基金优秀青年基金项目(51722901); 北京市自然科学基金项目(JQ19034)

作者简介: 宋劼(1992-), 博士生, 主要从事河流水生态效应研究。E-mail: bnu_songjie@mail.bnu.edu.cn

河流生态系统中浮游生物群落的分布易受到水体中水动力和理化条件^[8]的影响。由于不同种类浮游生物对环境因子的反应不同,且环境因子之间也存在较复杂的相互作用,因此难以明确浮游生物群落与环境之间的作用关系。已有学者针对不同水体环境因子变化如何影响浮游生物和细菌群落进行了研究。例如,光照和水体温度是导致浮游植物空间分布和物种结构改变的重要条件,营养盐(包括氮,磷和硅等)对浮游生物的生长起到直接的作用^[9]。悬浮泥沙一方面可通过影响水体透明度对浮游生物群落产生影响^[10],另一方面,泥沙颗粒本身也可对浮游生物个体产生影响^[11]。除此之外,pH值,电导率,浊度和氧化还原电位等环境因子,也可对浮游生物产生不同程度的影响^[9]。与浮游生物类似,环境因子的变化也是改变河流的微生物结构的重要条件^[12]。

黄河曾是世界上最大的河流泥沙载体^[13]。然而,在过去60年中,由于气候变化和流域内人类活动强度增大,黄河的径流量显著下降,输沙能力下降了90%以上。自1990年代以来,黄河面临持续的枯水系列,下游河道年均淤积量达2.2亿t,水沙间不平衡关系日益凸显,下游河道面临严重的淤积问题。为缓解上述问题,自2000年起,基于黄河下游河道冲淤规律,通过小浪底水库实施调水调沙^[14],塑造出利于下游河道输沙的水沙关系,从而释放水库库容降低了下游洪水风险,并使得河道淤积现象得到改善。但水沙关系的快速改变也对下游生态系统产生了较大影响,调水调沙过程在短时间增大了水量和水中含沙量,改变了下游河流水体理化性质和营养盐结构,对水生生态系统构成较大扰动,特别是浮游植物、浮游动物,以及体积更小且广泛分布的细菌群落,这些生物类群多以悬浮状态存在于水体中,种群结构复杂、数量大而个体体积小,受环境因子的变化影响,种群结构可快速发生改变,因而可作为研究河流水生态短期变化的指示性物种^[9]。本研究对调水调沙前、中、后三个时期河道水环境因子及浮游生物和细菌群落进行定量分析,分别采用结构方程模型(SEM)和基于距离的冗余分析(db-RDA),探讨调水调沙影响下黄河下游河段浮游生物及细菌群落对环境因子间的响应规律。

2 材料与方法

2.1 研究区域概况 本研究河段为黄河小浪底-利津段,地跨河南和山东两省,全长约810 km。2018年调水调沙开始于7月3日,结束于7月23日,2019年调水调沙开始于7月2日,结束于7月22日。于黄河中下游选取具有代表性的监测断面(图1),主要包括小浪底水库坝下(S1)、西霞院水库(S2)、西霞院水库坝下(S3)、宽滩区段(S4~S8)和束窄区段(S9~S10),其中,S1所受的水沙脉冲最为强烈,S2由于为反调节水库,在调水调沙期间处于排空状态,自S3起至S10,水沙脉冲导致的强烈的水体紊动沿程逐渐减弱。监测断面中除S2和S3外均与相应水文站点匹配。在2018年调水调沙前(6月21—23日)、调水调沙期(7月5—7日)和调水调沙结束后(8月5—7日),以及2019年调水调沙前(6月23—25日)、调水调沙期(7月7—9日)和调水调沙结束后(8月15—17日)分别对研究河段进行调查。

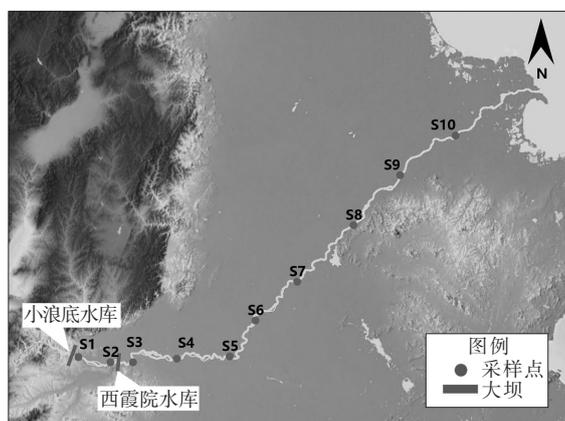


图1 黄河小浪底下游河道区位及采样断面示意图

2.2 数据 环境因子分现场测定因子与室内测定因子两部分。使用多参数水质仪(YSI-EXO)对水温(T)、溶解氧(DO)、电导率(COND)、总可溶固体(TDS)、pH、氧化还原电位(ORP)、浊度(NTU)和叶绿素 a(Chl-a)进行现场测定。同时用 500 mL 聚乙烯瓶采集水样并于 4℃ 低温保存, 回到实验室后采用分光光度法测定水样总氮(TN)、总磷(TP)和可溶性硅(Si)。

浮游动物样品采用 25# 浮游生物网对河流表层以下 10 cm 处的水体进行过滤, 过滤体积为 0.1 m³。浮游植物样品用 1 L 聚乙烯瓶收集水样后, 用 5% 甲醛溶液和鲁哥试剂固定, 回到实验室静置 48 h 后用虹吸法浓缩至 30 mL, 采用 20 mm×20 mm 计数框配合 10×20 倍显微镜进行计数及鉴定。

悬浮态细菌样品通过将水样摇匀后, 经 0.4 μm 滤膜过滤处理获取, 沉积态细菌样品通过冷冻干燥法处理获取。采用 PCR 扩增技术对细菌 16S rRNA 的 V4-V5 区进行扩增, 每个样品进行 3 次重复。使用 AxyPrep DNA 凝胶回收盒回收 PCR 产物, 并使用 QuantiFluor-ST 蓝色荧光定量系统检测, 之后构建 MiSeq 文库, 采用 Illumina MiSeq Platform 进行高通量测序。

2.3 生物多样性分析 Shannon-Wiener 多样性指数:

$$H = \sum_{i=1}^S \left(n_i / N \right) \ln \left(n_i / N \right) \quad (2)$$

式中: H 为 Shannon-Wiener 多样性指数; S 为物种数; n_i 为第 i 个物种出现的频率; N 为观察到的个体总数。

2.4 结构方程模型 使用可视化模块软件 SPSS AMOS 建立结构方程模型^[15]。基于对浮游生物群落与环境因素一般关系的研究^[9-11]构建假设模型, 对模型进行违规估计检验、拟合优劣指标检验和模型修订指标检验, 选出有显著作用的因子和路径后, 输出模型计算结果。本研究参选因子包括: 浮游植物生物量(PB)、浮游动物生物量(ZB)、水温(T)、溶解氧(DO)、浊度(NTU)、氧化还原电位(ORP)、pH、叶绿素 a(Chl-a)、流量(Flow)、泥沙浓度(Sed)、TP、TN、可溶性硅(以 SiO₂ 计)等。结构方程假设模型如图 2 所示。

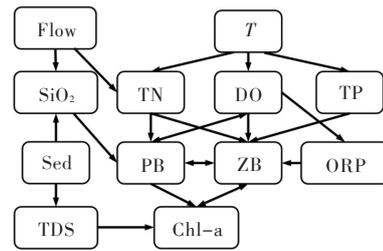


图 2 浮游生物与环境因子结构方程假设模型

2.5 基于距离的冗余分析(db-RDA) db-RDA 广泛用于分析微生物群落与环境因子间的作用关系^[16]。本研究基于 R 语言 vegan 包, 首先将 OTU 表格和环境因子表格进行均一化处理, 计算方差膨胀因子分析并删除具有共线性的环境因子后, 计算基于 Bray-Curtis 距离的距离矩阵, 创建虚拟变量矩阵, 利用 RDA 分析主坐标(物种数据)与虚拟变量(模型数据)之间的关系。

3 结果与讨论

3.1 调水调沙前后水环境因子时空特征分析 表 1 和表 2 列出了不同采样时期中黄河水体环境因子的特征值。结果表明, 相对于调水调沙前, 调水调沙开始后河流溶解氧(DO)、氧化还原电位(OTU)、浊度(NTU)等均发生了一定变化, 且调水调沙过程不同程度地增大了除电导率和氧化还原电位外大部分环境因子沿程浓度的标准差, 表明调水调沙使得环境因子发生波动, 属于较强的外界胁迫。

3.2 黄河下游河道浮游生物和细菌物种组成 共鉴定到浮游植物 6 个门类, 共计 77 个物种, 包括: 蓝藻门(Cyanophyta)、甲藻门(Pyrrophyta)、裸藻门(Euglenophyta)、硅藻门(Bacillariophyta)、隐藻门(Chrysophyta)和绿藻门(Chlorophyta)。其中, 以绿藻门的种类数最多, 有 30 种, 占总物种数的 38.46%; 其次是硅藻门 26 种, 占 33.33%; 隐藻门物种最少仅 2 种, 占 2.56%。共收集到浮游动物 3 门 10 科 28 种, 其中轮虫(Rotifera) 25 种, 占 89.29%, 桡足类(Copepoda) 2 种, 占 7.14%, 枝角类(Cladocera) 1 种, 占 3.57%。共获取到细菌 OTU 4036 个, 经物种注释划分为 45 个门、115 个纲、292 个目、480 个科、903 个属和 1778 个种。优势物种主要为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)等。

表1 调水调沙影响下不同时期下游河道水环境因子特征值

特征值时期环境因子	平均值±标准差			最小值—最大值		
	调水调沙前	调水调沙中	调水调沙后	调水调沙前	调水调沙中	调水调沙后
T/°C	27.10±1.27	27.39±2.07	29.67±2.23	25.18—30.17	24.61—33.25	26.84—34.051
DO/(mg/L)	6.77±1.84	5.83±2.37	5.92±1.78	4.73—11.73	4.11—14.81	4.08—11.32
COND/(μS/cm)	1024.86±77.54	977.26±78.41	904.05±87.83	907—1163	875.00—1103.00	734—1136
TDS/(mg/L)	637.34±46.20	605.33±41.96	526.52±53.76	547.31—695.06	531.82—654.30	416.52—629.86
pH	8.31±0.35	8.21±0.42	8.50±0.43	7.53—8.81	7.63—8.76	7.91—9.11
ORP/mV	161.94±48.50	173.34±23.87	163.49±24.26	49.4—262	120.41—219.80	118.5—214.1
NTU	378.51±416.74	1870.60±1652.57	665.12±433.10	2.24—1605	9.64—5771.20	9.18—1692.9
Chl-a/(mg/L)	3.46±1.67	7.51±10.27	5.19±2.43	0.96—7.6	3.66—49.68	2.36—11.58
TN/(mg/L)	1.30±0.18	1.20±0.34	1.22±0.44	0.864—1.514	0.00—1.51	0.003—1.476
TP/(mg/L)	0.04±0.01	0.07±0.04	0.08±0.03	0.006—0.057	0.04—0.18	0.007—0.151
Si/(mg/L)	3.77±0.27	5.17±1.39	5.73±1.18	2.64—5.76	3.18—8.34	3.42—10.63

3.3 调水调沙不同阶段浮游生物和细菌空间分布情况

3.3.1 调水调沙不同阶段浮游植物空间分布情况 调水调沙前黄河下游浮游植物平均生物量为0.66 mg/L,最低点出现在S3,最高点出现在S7,总体上S1~S4生物量较低,S5~S10生物量较高;调水调沙期平均生物量降至0.47 mg/L,较之前降低了28.79%,最低点出现在S1,最高点出现在S9;调水调沙后浮游植物平均生物量增至0.61 mg/L,最低点出现在S2,最高点出现在S8,参见图3。

调水调沙前浮游植物的Shannon-Wiener多样性指数平均值为1.63。空间上,沿程最低值出现在S4,最高值出现在S6,S5~S7段显著高于其他河段。调水调沙期浮游植物的Shannon-Wiener多样性指数平均值为1.49,空间上,沿程最低值出现在S6,最高值出现在S2。调水调沙结束后,浮游植物的Shannon-Wiener多样性指数平均值为0.75,相较于前两个时期有所降低,空间上,沿程最低值出现在S6,最高值出现在S2。

整体而言,调水调沙对于浮游植物生物量的影响范围较大,研究表明总影响长度可达540 km^[17]。调水调沙期间水体紊动加快,水环境因子发生改变,沉积物中的营养盐发生再悬浮,悬浮物中内源营养盐的释放、扩散和输移速率也得到了一定提高^[18],有利于浮游植物细胞对营养盐的吸收,最终影响浮游植物的群落结构。然而当水流达到一定流速时,水体紊动带动悬浮泥沙在水体中运动,可对浮游植物的细胞产生机械损伤,并抑制藻细胞的分裂增殖^[19]。

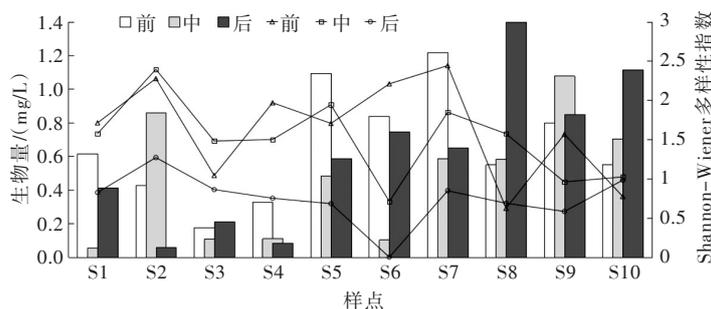


图3 调水调沙不同阶段下游河道浮游植物生物量及Shannon-Wiener生物多样性指数沿程变化趋势

基于门的浮游植物生物量组合百分比显示,调水调沙前,硅藻门生物量占较大优势,占比58.71%,其次为绿藻门,占15.16%,蓝藻门最低,仅占0.60%。调水调沙期间,绿藻门占较大优势,其平均值为57.52%,其次为硅藻门,占28.99%,隐藻门最低,占0.10%。调水调沙后,蓝藻门生物量占较大优势,占45.54%,其次为硅藻门,占22.84%,裸藻门和甲藻门物种占比较近,分别为14.82%和14.61%。黄河下游河道调水调沙前、中和后期的优势物种分别为硅藻门、绿藻门和蓝藻门,这三种藻类均为典型的属r选择的物种,该类物种的特点是生长繁殖速率快、对环境资源的变化响应迅速、但无法长期维持最大种群密度^[20]。调水调沙前黄河的浮游植物种群以硅藻门为主,调水

调沙期间原本占优势的硅藻门被绿藻门所取代，调水调沙结束后优势物种逐渐演变为蓝藻门。根据 PEG 理论模型(Plankton Ecology Group Modeling)^[21]，浮游植物群落优势物种可季节性地从硅藻门演变为绿藻门，再演变为蓝藻门，整个过程所需的时间一般在 6~9 个月，黄河下游河道浮游植物的优势种演变仅在调水调沙前后的约 60 天内便可完成，相比模型描述的过程明显加快。造成该现象的主要原因可能在于，调水调沙过程流量增大、流速加快，使得营养盐的输送速率提高，再加上水体温度随季节逐渐升高，促成了局部浮游植物物种的快速演变。

3.3.2 调水调沙不同阶段浮游动物空间分布情况 黄河下游河道浮游动物的物种丰度和生物量整体相比湖泊和水库明显偏低^[22-23]，相比同为大型河流的长江^[24]、淮河^[25]等也整体偏低，枝角类在三个采样时段均为优势物种。在调水调沙前和调水调沙后浮游动物生物量沿河流方向分布较为均匀，而调水调沙期浮游动物生物量沿河流方向快速递减并保持较低水平，其分布规律直接受调水调沙过程影响。调水调沙前平均生物量仅为 0.025 mg/L，沿程分布较均匀，而调水调沙期平均生物量增长至 0.449 mg/L，生物量空间分布总体呈现自上游向下游逐渐减小的趋势，排除 S2 点位由于水库排空造成与河道隔离，S1~S4 段减小幅度较大，达 85.97%，S5~S10 则呈波动式下降；调水调沙后河道生物量回落至 0.032 mg/L，但相较调水调沙前平均生物量仍有所上升。

调水调沙前浮游动物的 Shannon-Wiener 多样性指数平均值为 0.528，空间上，沿程最高值出现在 S7；调水调沙期间浮游动物的 Shannon-Wiener 多样性指数平均值为 0.255，最高值出现在 S6；调水调沙后浮游动物的 Shannon-Wiener 多样性指数变化范围为 0.00~0.83，平均值为 0.313，空间上，最高值出现在位于花园口附近的 S4，参见图 4。

总体而言，黄河下游浮游动物物种多样性较低，调水调沙期间浮游动物生物量明显上升而生物多样性反而下降。造成该现象的主要原因在于调水调沙期间流量增大，水库中的浮游动物大量迁移至下游河道，流动水体产生的紊动降低了浮游动物的捕食成功率，最终导致其生长繁殖受到抑制^[26]。除流速外，含沙量也是造成浮游动物生长受到制约的外部条件，调水调沙前小浪下游河道悬沙浓度平均为 6.28 kg/m³，调水调沙期间最高可达 26 kg/m³，高浓度的泥沙一方面直接对浮游动物的组织结构产生损害，另一方面会堵塞浮游动物的呼吸与滤食器官，不利于浮游动物的生存^[27]。

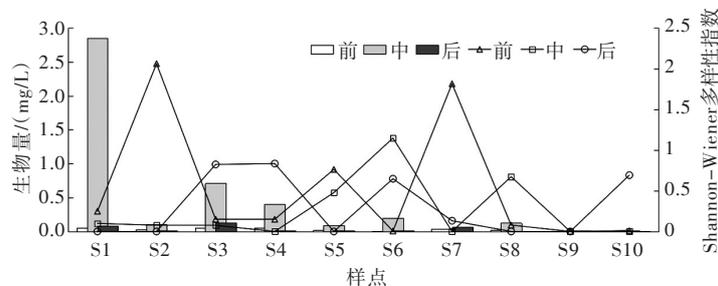


图4 调水调沙不同阶段下游河道浮游动物生物量及Shannon-Wiener生物多样性指数沿程变化趋势

浮游动物组合百分比显示，调水调沙前和调水调沙期枝角类占优势，其占比分别达 67.67% 和 91.37%；其次为轮虫纲，分别占 29.68% 和 6.99%；桡足类占比最低，分别为 2.65% 和 1.63%。调水调沙后轮虫纲占优势(62.56%)。其原因可能在于，调水调沙期间，大量枝角类物种随水流从水库进入下游河道，使得下游河道形成以枝角类占绝对优势的浮游动物类群。调水调沙结束后，水流稳定，含沙量下降，繁殖迅速的轮虫纲物种占优，浮游动物的生物量相比调水调沙前有所增长，总生物量增长幅度在 25.18% 左右。

3.3.3 调水调沙不同阶段细菌空间分布情况 水沙调控前，变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、和浮霉菌门(Planctomycetes)等为该时期细菌中的优势物种，其中占比最大的为变形菌门，在细菌群落中总体占比为 47.50%。其空间分布情况如图 5(a) 所示。

水沙调控期间，变形菌门(Proteobacteria)，放线菌门(Actinobacteria)，拟杆菌门(Bacteroidetes)，厚壁菌门(Firmicutes)，芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)为该时期细菌群落中的优势物种，其中占比

最大的为变形菌门，在细菌群落中总占比达97.88%，如图5(b)所示。

调水调沙后，变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、绿杆菌门(Chloroflexi)和黑体菌门(Planctomycetes)等成为了该时期细菌群落的优势物种。其中，变形菌门细菌群落中所占比例为47.50%，如图5(c)所示。

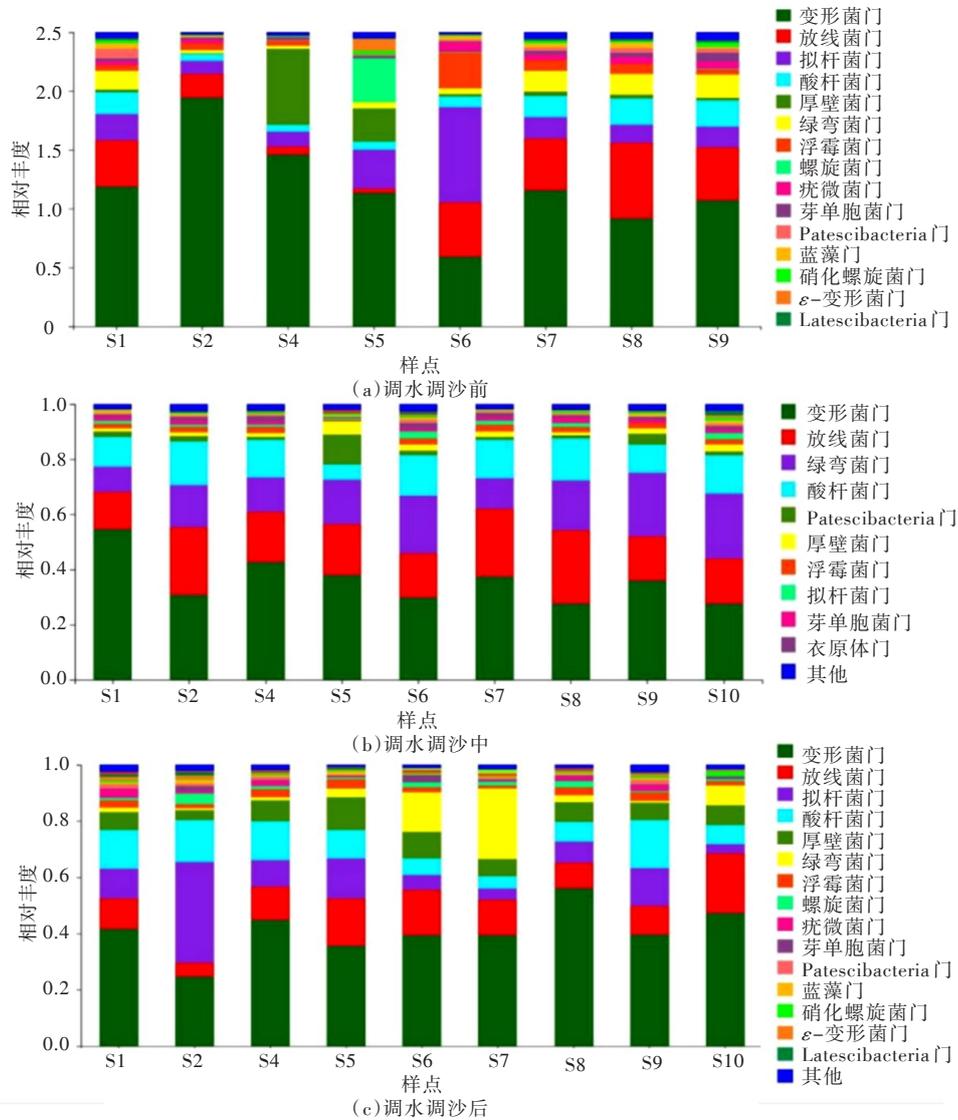


图5 调水调沙前、中、后黄河下游河流细菌群落物种组成

3.4 调水调沙影响下浮游生物对环境因子的响应关系 调水调沙前浮游生物与环境因子间的结构方程模型如图6(a)所示，DO的上升可使浮游植物的生物量明显增长，路径系数达0.86，主要原因在于水体浊度较大，平均达150.86NTU，在此条件下浮游植物光合作用受到严重干扰，此时制约浮游植物生物量的环境因子变为DO，因此其浓度的升高有利于浮游植物种群增长，pH的升高可导致浮游植物生物量下降，主要原因在于，此阶段水体pH处于7.53~8.35之间，pH的增大抑制了浮游植物的生长。营养盐方面，可溶性Si对浮游植物正向影响最大，路径系数达0.94，主要原因在于，调水调沙前硅藻门是河道优势物种，而可溶性Si是硅藻门生长的必需营养盐，故当可溶性Si浓度上升时，浮游植物生物量出现明显增长。TP对浮游植物生物量具有正向影响，而TN则具有负向影响，主要原因在于，下游河道在调水调沙前水体氮磷比在26.56~40.36之间，处于寡营养到中贫营养状态，在此状态下水体TP的浓度为浮游植物增长的制约条件^[28]，其浓度上升可促进浮游植物生长，而TN浓度的上升则进一步增大氮磷比，对浮游植物生物量的增长不利。浮游动物生物量对浮游植物生物量具有显著的负向影响，路径系数达-0.89，主要原因在于，硅藻门是该时期浮游植物优势物种，属于浮游

动物的重要食物来源之一，尽管浮游动物平均生物量仅0.02 mg/L，却依然能显著抑制了浮游植物的生长。除水环境因子的影响外，流量增大一定程度上促进浮游植物生物量的增长，而与浮游动物生物量无明显相关性。

调水调沙期间浮游生物与环境因子间的结构方程模型如图6(b)所示，Chl-a浓度对浮游植物生物量具有显著的正相关关系，路径系数为0.8，这是由于绿藻门细胞中Chl-a含量较其他门类更高，故而Chl-a与浮游植物生物量呈显著正相关关系。DO浓度抑制了浮游植物的增长，这一点与调水调沙前明显不同，在调水调沙期间，DO的上升主要是由于坝下水体发生剧烈扰动而导致，这种剧烈扰动可能直接对浮游生物的细胞结构产生损害^[26-27]，表现为DO与浮游植物生物量间出现负相关关系。营养盐方面，可溶性Si浓度对浮游植物生物量的正向作用较前一时期明显减弱，TN和TP浓度对浮游植物生物量的作用系数均发生较大变化，TN由前一阶段的负向作用变为正向作用，TP则由正向作用变为负向作用，同时路径系数由0.18增大至0.48，主要原因在于，水库调水调沙过程将水库中的沉积泥沙向下游输送，原本储存在沉积物中的TP在水流扰动下进入水体，平均TP浓度从调水调沙前的0.043 mg/L上升至0.129 mg/L，而TN浓度变化相对较小，平均氮磷比从调水调沙前的30.73下降至15.13，此时制约浮游植物生物量的营养盐要素由调水调沙前的TP转变为TN。水温上升对浮游动物生物量有显著的抑制作用，可溶性Si浓度对浮游动物生物量有显著的抑制作用，浮游动物生物量的增长仍对浮游植物种群增长有一定抑制作用，但该作用较调水调沙前明显减弱，路径系数从0.89降至0.16。主要原因在于水体紊动一方面降低了不具有运动能力和浮力调节能力藻类(如硅藻门和绿藻门物种)的沉降损失，维持了其在上层水体中的生物量和种群优势，另一方面使得浮游动物对浮游植物的捕食成功率降低^[26-28]。

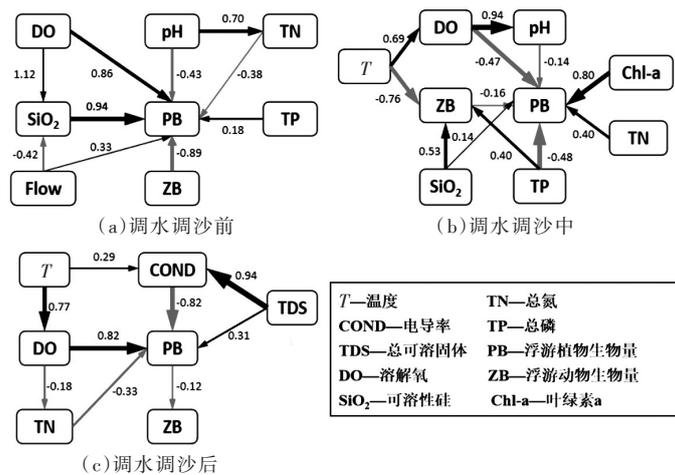


图6 调水调沙不同时期浮游生物与环境因子结构方程优化模型

调水调沙结束后，浮游生物与环境因子间的结构方程模型如图6(c)所示。在较弱的水体扰动条件下，具有伪空泡结构的蓝藻门物种得以漂浮在水体表面，遮挡其他藻类并获得更多的光照，同时分泌藻毒素抑制其他竞争藻类的生长^[29-30]，故而在调水调沙后成为优势藻类。在此阶段影响浮游植物生物量的主要环境因子为DO和COND，COND升高对浮游动物生物量有明显抑制作用，而DO浓度的上升与浮游植物生物量的关系重新回到与调水调沙前相同的正向影响。营养盐方面，仅浮游植物随着TN浓度升高而降低，浮游生物对TP和可溶性Si浓度的响应均不显著。浮游植物生物量对浮游动物生物量起到了一定的抑制作用，二者关系相较于调水调沙前和调水调沙期间变为反向作用，即由浮游动物抑制浮游植物生物量增长，转变为浮游植物抑制浮游动物生物量增长。浮游植物生物量与TP浓度变化无相关性，表明该阶段TP并非浮游植物生长的主要限制因子。浮游植物对浮游动物的生物量产生了一定抑制作用，路径系数为-0.12，二者作用关系与调水调沙前和调水调沙期间明显不同，即由浮游动物种群增长抑制浮游植物种群，转变为浮游植物种群增长抑制浮游动物种群。

3.5 调水调沙影响下细菌对环境因子的响应关系 选择各调水调沙阶段对细菌群落结构变化具有最高解释率的两个排序轴(CAP1和CAP2)分析环境因子与群落结构间的关系，结果如图7所示(图中：

CAP1代表排序轴1；CAP2代表排序轴2；括号内百分比代表解释率)。对于调水调沙前和调水调沙期间这两个阶段而言，虽存在个别离散的样点，但沉积和悬浮状态细菌群落整体分布情况均具有明显的聚集性，而调水调沙结束后，沉积和悬浮状态的细菌群落在样点间的差异性减弱。其中，TDS为调水调沙前和调水调沙结束后与细菌群落结构相关性最强的因子，而Chl-a为调水调沙期间与细菌群落结构相关性最强的因子。同时可以观察到，在水沙调控前和水沙调控结束后，相比于调水调沙前后两个阶段，调水调沙期间环境因子与细菌群落结构之间的相关性明显降低，环境因子在水沙调控期间在排序轴上的贡献率明显下降，在CAP1上仅TDS具有较高的贡献率，在CAP2上Chl-a和COND两个因子具有较高的贡献率，其他因子在排序轴上的贡献率均较弱，ORP和pH对细菌群落结构仍有一定影响，但相关性较弱。在这一阶段，两种存在状态下的细菌群落结构表现出了明显的差异性。

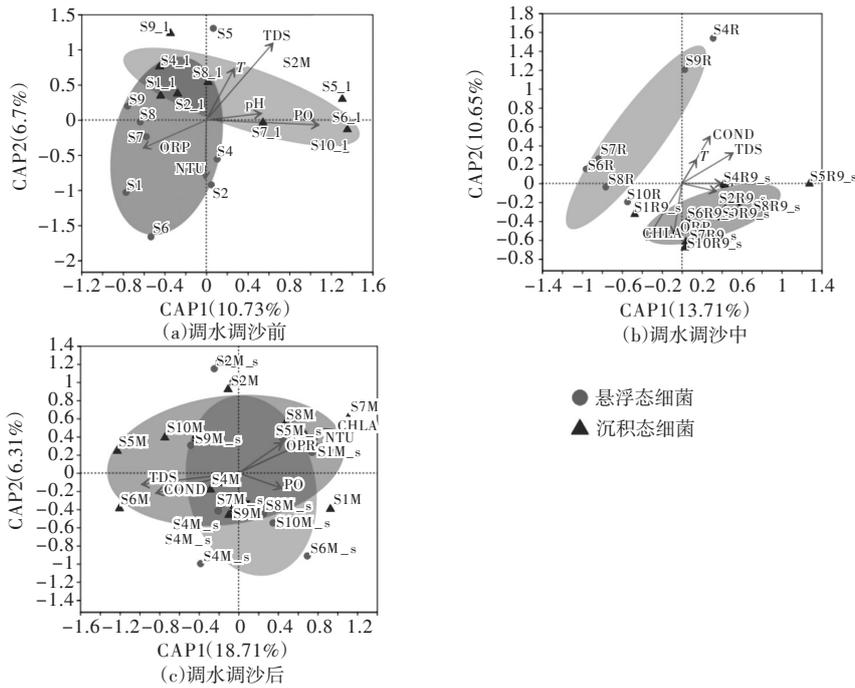


图7 调水调沙前、中、后期细菌与环境因子间的db-RDA分析结果

4 结论

浮游生物和细菌群落在河流生态系统中具有重要的作用，是水生食物网中不可或缺的组成部分。通过对调水调沙不同阶段下黄河小浪底-利津河段水环境因子、浮游生物和细菌群落进行定量分析，得出了这些生物群落在不同调水调沙阶段的沿程分布规律，并通过进行浮游生物群落与环境因子的结构方程模型预测，以及细菌群落与环境因子间db-RDA分析，明确调水调沙影响下浮游生物及细菌群落对环境因子的响应规律。得出以下主要结论：

(1)在2018—2019年的6次调查中，共采集到6门78种浮游植物物种、3门28种浮游动物物种，以及45门1778种的细菌物种。浮游生物的生物量和生物多样性总体较低，主要原因在于黄河下游水体紊动较强，泥沙含量高，致使浮游生物生境趋于单一化。调水调沙过程使得下游浮游植物的平均生物量降低，而浮游动物的生物量增高，但该过程对于浮游生物的影响均存在一定的影响范围，在影响范围外浮游生物生物量可逐渐恢复。

(2)细菌群落在调水调沙前和调水调沙结束后主要受水体中TDS、DO、COND和Chl-a的影响。相比于调水调沙前后两个阶段，调水调沙期间环境因子对于群落分布的影响较弱，仅ORP和pH两个因子对群落分布有一定影响，其他因子对群落分布的影响均较小，同时在这一阶段，沉积和悬浮状态下的细菌群落分布差异最明显。

(3)调水调沙主要通过改变水环境因子进而影响浮游生物的生存及其空间分布。在调水调沙期

间, DO、可溶性 Si、TN 和 TP 等多种水环境因子对浮游生物的影响系数均发生较大变化。调水调沙同时也改变了浮游生物的种间竞争关系, 进而间接对下游河道浮游生物的生物量产生影响。浮游动物对浮游植物的作用关系逐渐从调水调沙前的显著抑制浮游植物生物量, 变为调水调沙期间的微弱抑制浮游植物生物量, 再转变为调水调沙后的被浮游植物生物量所抑制, 表明调水调沙对河流浮游生物种间关系变化可能具有一定的影响。

参 考 文 献:

- [1] GILVEAR D J, HEAL K V, STEPHEN A . Hydrology and the ecological quality of Scottish river ecosystems[J] . Science of the Total Environment, 2002, 294(1): 131-159 .
- [2] 陈俊贤, 蒋任飞, 陈艳 . 水库梯级开发的河流生态系统健康评价研究[J] . 水利学报, 2015, 46(3): 334-340 .
- [3] 陈芳, 魏怀东, 丁峰, 等 . 石羊河流域水坝建设生态经济影响综合评价[J] . 环境科学学报, 2015, 35(6): 1930-1938 .
- [4] 侯传莹, 易雨君, 宋劼, 等 . 小浪底水库水沙调控对下游河道水质的影响[J] . 人民黄河, 2019, 41(8): 32-37 .
- [5] BERGFELD T, SCHERWASS A, ACKERMANN B, et al . Comparison of the components of the planktonic food web in three large rivers, Rhine, Moselle and Saar[J] . River Research Applications, 2010, 25(10): 1232-1250 .
- [6] 左其亭, 陈豪, 张永勇 . 淮河中上游水生生态健康影响因子及其健康评价[J] . 水利学报, 2015, 46(9): 1019-1027 .
- [7] JOENSUU L, PEKCAN HEKIM Z, HELLÉN N, et al . Turbulence disturbs vertical refuge use by *Chaoborus flavicans* larvae and increases their horizontal dispersion[J] . Freshwater Biology, 2013, 58(10), 1997-2006 .
- [8] LANCELOT C, MUYLAERT K . Trends in estuarine phytoplankton ecology[J] . Treatise on Estuarine Coastal Science, 2011, 7(2), 5-15 .
- [9] 王松波, 余俊爽, 曹艳敏, 等 . 光照和营养盐对浮游动物和浮游植物生物量及其营养联系的影响[J] . 生态环境学报, 2018, 27(6): 1122-1127 .
- [10] O'DONNELL D R , WILBURN P, SILOW E A , et al . Nitrogen and phosphorus colimitation of phytoplankton in Lake Baikal: Insights from a spatial survey and nutrient enrichment experiments[J] . Limnology & Oceanography, 2017, 62(4): 1383-1392 .
- [11] XINLU L, GENEVIEVE S, HENRIK J H, et al . The effects of suspended sediments on the swimming behavior of the calanoid copepod, *Acartia tonsa*[J] . Journal of Plankton Research, 2020(1): 1-16 .
- [12] HONG H, QIU J, LIANG Y . Environmental factors influencing the distribution of total and fecal coliform bacteria in six water storage reservoirs in the Pearl River Delta Region, China[J] . Journal of Environmental Encees, 2010 (5): 663-668 .
- [13] ZHANG J, ZHANG X, RUI L, et al . Did streamflow or suspended sediment concentration changes reduce sediment load in the middle reaches of the Yellow River[J] . Journal of Hydrology, 2017, 546: 357-369 .
- [14] 韩其为 . 小浪底水库初期运用及黄河调水调沙研究[J] . 泥沙研究, 2008(3): 1-18 .
- [15] 陶敏, 王永明, 谢碧文, 等 . 沱江浮游生物群落时空分布及相关环境因子分析[J] . 水生生物学报, 2016, 40(2): 301-312 .
- [16] 李金前, 王吉, 刘亚军, 等 . 水位高程变化对湿地土壤微生物代谢功能的影响研究——以蚌湖为例[J] . 长江流域资源与环境, 2017(5): 730-737 .
- [17] 宋劼, 易雨君, 侯传莹, 等 . 小浪底水库调水调沙对下游河道浮游生物的影响[J] . 人民黄河, 2019, 41(8): 38-43, 75 .
- [18] 王立志, 王国祥, 俞振飞, 等 . 风浪扰动引起湖泊底泥磷释放的模拟实验研究[J] . 水土保持学报, 2011(2): 121-124 .
- [19] QIANG R, WEN T J, XUE J H, et al . An experimental device for studying the effects of shear stress on cell activity of blue-green algae[J] . Journal of Medical Biomechanics, 2017, 32(3): 280-285 .
- [20] HARRIS G P, TRIMBEE A M . Phytoplankton population dynamics of a small reservoir: physical/biological coupling and the time scales of community change[J] . Journal of Plankton Research, 1986(6): 1011-1025 .

- [21] SOMMER U . Nitrate- and silicate-competition among antarctic phytoplankton [J] . Marine Biology, 1986, 91 (3): 345-351 .
- [22] WU H, CHEN J, XU J, et al . Effects of dam construction on biodiversity: A review[J] . Journal of Cleaner Production, 2019, 221(6): 480-489 .
- [23] SONG J, HOU C, LIU Q, et al . Spatial and temporal variations in the plankton community because of water and sediment regulation in the lower reaches of Yellow River[J] . Journal of Cleaner Production, 2020, 261: 120972 .
- [24] DONG R M, DONG C Z . Diversity of microbial plankton across the Three Gorges Dam of the Yangtze River, China[J] . Geoscience Frontiers, 2012(3): 115-129 .
- [25] DENG D, XU Z . The preliminary study of crustacean zooplankton of bengbu region in Huaihe River[J] . Journal of Huaihei Coal Industry Teachers College, 2006, 27(1): 40-43 .
- [26] 周健, 秦伯强 . 风浪对湖泊浮游生物影响的研究进展[J] . 水科学进展, 2018, 29(2): 293-300 .
- [27] BARTON A D . The impact of fine-scale turbulence on phytoplankton community structure[J] . Limnology Oceanography Fluids Environments, 2015, 4(1): 34-49 .
- [28] 黄伟, 朱旭宇, 曾江宁, 等 . 氮磷比对浙江近岸浮游植物群落结构影响的实验研究[J] . 海洋学报(中文版), 2012, 34(5): 128-138 .
- [29] HÜISMAN J, SHARPLES J, STROOM J M, et al . Changes in turbulent mixing shift competition for light between phytoplankton species[J] . Ecology, 2004, 85(11): 2960-2970 .
- [30] PAERL H W, HALL N S, CALANDRINO E S . Controlling harmful cyanobacterial blooms in a world experiencing anthropogenic and climatic-induced change[J] . Science of the Total Environment, 2011, 409(10): 1739-1745 .

Response of river plankton and bacterial community distribution to environmental factors under the influence of water and sediment regulation of Xiaolangdi Reservoir, Yellow River

SONG Jie¹, YI Yujun¹, ZHOU Yang¹, JIA Wenfei¹, GAO Yanning¹, LI Junhua²

(1. Key Laboratory of Water and Sand Science of Ministry of Education, Beijing Normal University, Beijing 100875, China;

2. Yellow River Institute of Hydraulic Research, Zhengzhou 450003, China)

Abstract: Zooplankton, phytoplankton, and bacteria constitute the basic ecological group of rivers, which not only plays an important role as primary producers, primary consumers and decomposers in the food chain, respectively, but also can respond quickly to the fluctuation in environmental conditions. In this research, the sampling was carried out at the pre-, inter- and post stage of the water and sediment regulation in 2018-2019, to clarify the effect of environmental factors on the distribution of plankton and bacterial communities in the downstream river. Through the quantitative monitoring of water environmental factors and plankton and bacterial communities, the variation of plankton and bacterial communities were analyzed. The structural equation model between plankton biomass and water environmental factors was established, and db-RDA analyzed the relationship between bacterial communities and environmental factors. The results showed that the process of water and sediment regulation had different impact patterns on phytoplankton, zooplankton and bacteria. Environmental factors such as dissolved oxygen(with the largest influence coefficient before water and sediment regulation, 0.86), Temperature(with the largest influence coefficient during water and sediment regulation, 0.76), and conductivity(with the largest influence coefficient after water and sediment regulation, 0.82) have the greatest impact on the biomass of plankton, while the total soluble solids, dissolved oxygen, conductivity and Chlorophyll-a has the greatest impact on the bacterial community. In the process of water and sediment regulation, the concentration of nutrients such as soluble silicate, total nitrogen and total phosphorus changes, which affects the biomass of plankton. At the same time, water and sediment regulation also weakened the predation of zooplankton on phytoplankton, which changed the relationship between plankton communities. The process of water and sediment regulation also increased the difference between the bacterial communities in the suspended and sedimentary state. This study clarified the response of plankton and bacterial communities to environmental factors at different stages of water and sediment regulation, and has certain theoretical significance for the ecological restoration of downstream rivers.

Keywords: phytoplankton; zooplankton; bacteria; biodiversity; water-sediment regulation; Yellow River

(责任编辑: 李福田)