



文章栏目：环境监测技术

DOI 10.12030/j.cjee.202203109 中图分类号 X82 文献标识码 A

庞发虎, 杜瑞卿, 孙若雅, 等. 丹江口水库水质空间异质性多指标监测综合分析技术及效果[J]. 环境工程学报, 2022, 16(8): 2783-2795.
[PANG Fahu, DU Ruiqing, SUN Ruoya, et al. Comprehensive analysis technology of multi-index monitoring on spatial heterogeneity of water quality of Danjiangkou reservoir and its effects[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2022, 16(8): 2783-2795.]

丹江口水库水质空间异质性多指标监测综合分析技术及效果

庞发虎¹, 杜瑞卿^{1,✉}, 孙若雅¹, 阴星望¹, 陈兆进², 高宛莉¹, 黄红慧¹

1. 南阳师范学院生命科学与农业工程学院, 南阳 473061; 2. 南阳师范学院水资源与环境工程学院, 南阳 473061

摘要 为深入分析丹江口水库水质时空差异性, 探索影响水质的重要因子, 提供更具综合性的水质分析方法, 基于 5 个不同观察点, 监测水质理化指标和浮游细菌(真菌)群落多样性指标, 并采用判别分析法、配对 T 检验法、直接相关和典型相关分析法进行分析。结果表明: 丹江口库区 5 个观察点的水质在 2016 年和 2017 年分别属于良好状态和优秀或良好状态, 但是判别分析法显示水质理化指标在 5 个观察点上整体存在显著差异; 浮游细菌(真菌)群落多样性指标在 5 个观察点上整体存在显著差异; 5 个观察点水质理化性质在 2 a 的 2 个时期上均无显著性差异, 即水质营养状态无显著变化, 但两者之间存在显著相关性; 对丹江口库区的水质理化指标群与浮游细菌(或真菌)群落多样性指标群按照 2 个不同时期分别进行典型相关分析, 发现水质理化指标的变化趋势与浮游细菌群落多样性指标变化趋势一致; 依据所有水质理化指标和浮游真菌(或细菌)群落多样性指标进行综合判别分析, 可对不同观察点进一步精细分类; 通过典型相关分析发现浮游真菌(或细菌)群落多样性指标可以间接指示或反映水质变化的特点; 环境因子(水质理化指标)中重要指标包括 $X_3(\text{COD})$ 、 $X_5(\text{NH}_3\text{-N})$ 、 $X_7(\text{Chl-a})$ 和 $X_8(\text{SD})$; 浮游细菌群落多样性重要指标包括 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_2(\text{OTU 数})$ 、 $Y_3(\text{Ace 指数})$ 和 $Y_4(\text{Chao1 指数})$; 浮游真菌群落多样性重要指标包括 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_2(\text{OTU 数})$ 和 $Y_3(\text{Ace 指数})$ 。本研究采用的多指标综合分析技术较单指标逐一分析更能全面客观地反映水质变化全貌, 可为完善和丰富水质环境监测数据综合分析技术手段提供一定的参考。本研究结果可为相关管理部门监测和改善南水北调中线水源区水质并制定政策提供基础数据和参考依据。

关键词 丹江口水库; 水质理化指标; 浮游微生物群落; 监测; 典型相关分析

丹江口水库为南水北调中线工程水源地, 是亚洲最大的人工湖之一, 作为南水北调中线工程核心水源区, 其水质状况直接关系到受水区居民的饮水安全^[1-5]。湖泊微生物是水生态系统的重要组成部分, 研究其群落组成和功能对于管理和维护湖泊生态环境具有深远的意义^[6]。浮游细菌和真菌是湖泊微生物的重要组成部分, 截至目前, 有关丹江口库区浮游细菌群落和浮游真菌的研究却很少^[7]。而开展丹江口水库浮游微生物的研究^[8], 对了解水质监测变化情况及分析影响因素, 改善水质状况等有重要参考价值和指导意义^[9-11], 同时微生物监测在水质监测中的必要性越来越引起人们的重视^[12]。目前, 关于水质变化、浮游微生物变化以及相互影响的分析, 一般是单一指标的逐

收稿日期: 2022-03-16; 录用日期: 2022-05-30

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(41601332); 河南省科技攻关计划项目(172102110259); 河南省南水北调中线水源区水生态安全创新型科技团队专项(17454); 大学生创新创业大赛资助项目; 南阳师范学院青年项目(2020QN042)

第一作者: 庞发虎(1975—), 男, 博士, 教授, pangfahu@163.com; ✉通信作者: 杜瑞卿(1968—), 男, 硕士, 副教授, duruiqing8@163.com

一分析, 很难获得有关反映水质总体特征的综合性结果, 而综合性分析的相关报道^[13-14]较少, 分析结果往往也不太理想, 故需要对一些综合分析方法进行改进, 或需要对多种综合分析方法进行筛选使用^[15], 以便获得更为准确的分析结果。来杭^[14]和阴星望^[16]采用冗余分析法(RDA)、去趋势对应分析法(DCA)对水质监测指标进行了综合分析, 但由于该分析信息损失太大, 解释度过低, 导致后续的相关分析结果可靠性降低。有些分析如果能建立有效的数学模型, 可以更好地解释和揭示内在的关系和规律。

本研究在已有研究基础上, 采用判别分析法、多指标同时配对 *T* 检验法、多指标同时配对相关性检验法及典型相关分析法, 对 5 个不同观察点的水质理化指标和浮游细菌(或真菌)群落多样性指标进行监测分析并对水质理化指标群与浮游微生物群落多样性指标群进行典型相关分析, 综合比较各个观察点 2 个采样时期的观测值及同一时期不同观察点的观测值, 揭示水质变化与浮游细菌(或真菌)群落多样性变化的关系, 找出影响水质变化的重要因子, 以期为相关管理部门监测和改善南水北调中线水源区水质并制定政策提供基础数据和参考依据, 也为完善和丰富水质环境监测数据综合分析技术手段提供参考。

1 实验部分

1.1 样品采集与水质理化指标的测定

根据丹江口水库的地理位置特征和人类活动影响程度, 选取属于河南省南阳市的丹江库区库心(无人干扰)、渠首(重度人为干扰, 陶岔渠首大坝取水口上游 100 m)、黑鸡嘴(中度人为干扰, 有居民点, 上游支流汇入)、宋岗(重度人为干扰, 有居民点、轮渡码头)和台子山(轻度人为干扰, 为丹江库区与汉江库区分界线)5 个位点为观察点, 于 2016 年 5 月和 2017 年 5 月分别进行了水样的采集工作。

参照文献中的方法^[17], 用柱状采水器采集表层(深度 50 cm)水样 2 L, 所有点位均取平行样 3 组。500 mL 水样用于提取细菌总 DNA, 置于预先灭菌容器中, 再存于冰盒内, 4 h 内运回实验室进行检测分析, 剩余水样用于水质指标测定。测定水样 pH、水温(*T*)、总氮(TN)、氨氮(NH₃-N)、总磷(TP)、透明度(SD)、电导率(Cond)、化学需氧量(COD)、溶解氧(DO)、高锰酸盐指数(COD_{Mn})以及叶绿素 a 含量(Chl-a)等理化指标。以 TN、TP、COD_{Mn}、Chl-a 和 SD 5 个参数计算卡尔森营养状态指数(TLI)^[18-19]。

1.2 样品总 DNA 提取及高通量的测定

取 600 mL 表层新鲜水样, 经 20 μm 筛绢预过滤至灭菌烧杯中, 以除去大型浮游植物和浮游动物。预过滤后的水样经 0.22 μm 无菌微孔滤膜过滤, 用以收集浮游菌类(细菌或真菌), 将滤膜剪碎, 置于 50 mL 无菌离心管中。按照 Omega Water DNA Kit(Omega, USA)试剂盒使用说明中的方法, 提取水体中的 DNA。使用微量紫外分光光度计(NanoDrop® ND-1000, Wilmington, DE, USA)测定提取到的真菌(或细菌)总 DNA 浓度和纯度并对样品进行高通量测定分析^[13]。

2 数据分析

2.1 判别分析法

依据 pH、COD_{Mn}、COD、TN、NH₃-N、TP、Chl-a、SD、DO 等 9 个水质理化观察指标对 5 个观察地点(库心、渠首、宋岗、台子山、黑鸡嘴)进行判别分析, 以检验各指标在 5 个观察地点上变化差异的显著性; 以得出 4 个判别函数及其每个判别函数的重要性(方差贡献率), 选择方差贡献率较大的判别函数 2 个或 3 个, 做 5 个观察点的二维或三维分类图; 以得出每个观察点样本的正确判别率。同理, 依据序列条带、OTU 数、Ace 指数、Chao1 指数、覆盖率、Shannon 指数、Simpson 指数等 7 个浮游菌类(细菌或真菌)群落多样性指标, 对 5 个观察地点进行判别分析。

2.2 多指标同时配对性综合 T 检验法和相关分析法

对每一个观察点,依据2016年5月和2017年5月2次测得的水质理化性质指标,采用“多指标同时配对性综合 T 检验”和“多指标同时配对性相关分析”方法对水质变化数据进行分析。

1) 多指标同时配对性综合 T 检验。设有2个受试对象(或观察对象) X 和 Y ,两者具有 n 个相同的观察指标。计算方法见式(1)和式(2)。

$$d_{ij} = |x_{ij} - y_{ij}| \quad (1)$$

$$d'_{ij} = x_{ij} - y_{ij} \quad (2)$$

式中: d_{ij} 为 x_{ij} 与 y_{ij} 差的绝对值; d'_{ij} 为 x_{ij} 与 y_{ij} 之差; x_{ij} 为观察对象 X 第 i 指标的第 j 个观察值; y_{ij} 为观察对象 Y 第 i 指标的第 j 个观察值; i 为指标编码, $i = 1, 2, \dots, n$; j 为重复数编码, $j = 1, 2, \dots, m$ 。

为了避免指标单位不同对计算结果产生的影响,对各指标的 d_{ij} 进行隶属度处理,处理方法见式(3),根据计算得出的 z_{ij} 进行 T 检验。

$$z_{ij} = \frac{d'_{ij}}{|d'_{ij}|} \cdot \frac{d_{ij} - \min(d_{i1}, d_{i2}, \dots, d_{im})}{\max(d_{i1}, d_{i2}, \dots, d_{im}) - \min(d_{i1}, d_{i2}, \dots, d_{im})} \quad (3)$$

式中: z_{ij} 为对 d_{ij} 处理后的隶属度; d_{ij} 为 x_{ij} 与 y_{ij} 差的绝对值; d'_{ij} 为 x_{ij} 与 y_{ij} 之差。

2) 多指标同时配对性相关分析法。设有2个受试对象(或观察对象) X 和 Y ,两者具有 n 个相同的观察指标,计算方法见式(4)~式(7),依据 $\overline{R_{x_i}}, \overline{R_{y_i}}$ 计算Pearson相关系数。

$$R_{x_{ij}} = \frac{x_{ij} - \min(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}, y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{im})}{\max(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}, y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{im}) - \min(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}, y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{im})} \quad (4)$$

$$R_{y_{ij}} = \frac{y_{ij} - \min(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}, y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{im})}{\max(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}, y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{im}) - \min(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}, y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{im})} \quad (5)$$

$$\overline{R_{x_i}} = \frac{\sum_{j=1}^m R_{x_{ij}}}{m} \quad (6)$$

$$\overline{R_{y_i}} = \frac{\sum_{j=1}^m R_{y_{ij}}}{m} \quad (7)$$

式中: x_{ij} 为观察对象 X 第 i 指标的第 j 个观察值; y_{ij} 为观察对象 Y 第 i 指标的第 j 个观察值; i 为指标编码, $i = 1, 2, \dots, n$; j 为重复数编码, $j = 1, 2, \dots, m$; $R_{x_{ij}}$ 为观察对象 X 第 i 指标的第 j 个观察值的隶属度; $R_{y_{ij}}$ 为观察对象 Y 第 i 指标的第 j 个观察值的隶属度; $\overline{R_{x_i}}$ 为观察对象 X 第 i 指标的 m 个观察值隶属度的均值, $\overline{R_{y_i}}$ 为观察对象 Y 第 i 指标的 m 个观察值隶属度的均值。

2.3 典型相关分析法

依据pH、COD_{Mn}、COD、TN、NH₃-N、TP、Chl-a、SD、DO 9个水质理化指标群和序列条带、OTU数、Ace指数、Chao1指数、覆盖率、Shannon指数、Simpson指数 7个浮游细菌(或真菌)群落多样性指标群,按照不同观察时期(2016年5月和2017年5月)分别对5个观察点(库心、渠首、宋岗、台子山、黑鸡嘴)进行典型相关分析。

典型相关分析结果:将9个水质理化指标群可转化生成7典型变量 U_1 、 U_2 、 U_3 、 U_4 、 U_5 、 U_6 、 U_7 ;将7个浮游细菌(或真菌)群落多样性指标群可转化生成7典型变量 V_1 、 V_2 、 V_3 、 V_4 、 V_5 、 V_6 、 V_7 ;得出每个典型变量的重要性程度(即方差贡献率越大越最重要);得出每个典型变量 U_i (或 V_i)与9个水质理化指标(或7个浮游细菌(或真菌)群落多样性指标)的线性函数关系;得出每个典型变量 U_i (或 V_i)与每个水质理化指标(或每个浮游菌类(细菌或真菌)群落多样性指标) X_i (或 Y_i)的典

型相关系数；得出每对典型变量 U_i 与 V_i 的典型相关系数。

2.4 计算分析工具

图表的绘制使用 EXCEL2017，数据统计分析使用 SPSS18.0，数据的计算使用 MATLAB12a。

3 结果分析与讨论

3.1 水质理化性状及浮游微生物多样性监测结果

2016年5月和2017年5月对丹江口水库5个观察点多指标监测结果见表1~表4。由表1可以看出：水温(T)5个观察点间无显著差异($P>0.05$)；pH值宋岗、黑鸡嘴与其他观察点有显著差异($P<0.05$)，其他3个观察点相互间无显著差异($P>0.05$)；溶解氧(DO)渠首与黑鸡嘴无显著差异($P>0.05$)，与其他3个观察点存在显著差异($P<0.05$)、库心与宋岗、黑鸡嘴无显著差异($P>0.05$)，宋岗与黑鸡嘴存在显著差异；透明度(SD)5个观察点相互间存在显著差异；高锰酸盐指数(COD_{Mn})除宋岗与黑鸡嘴间无显著差异($P>0.05$)外，其他观察点相互间基本存在显著差异($P<0.05$)；化学需氧量(COD)库心、台子山与其他观察点存在显著差异($P<0.05$)，其他观察点间基本无显著差异($P>0.05$)；总磷(TP)5个观察点相互间基本无显著差异($P>0.05$)；总氮(TN)、氨氮(NH_3-N)、硝氮(NO_3-N)5个观察点相互间存在显著差异($P<0.05$)；叶绿素a含量(Chl-a)渠首与黑鸡嘴、宋岗与库心无显著差异($P>0.05$)，台子山与其他4个观察点存在显著差异($P<0.05$)；TLI最大的是台子山，最小的是库心，说明库心的营养状态最好。依据TLI，库心和黑鸡嘴是贫营养，其他3个观察点为中营养。依据《地表水环境质量标准》(GB 38382-2002)，库心和黑鸡嘴水质是优

表1 2017年各观察点水质主要理化性质及其营养状态

Table 1 Main physico-chemical characteristics and trophic level index (TLI) of water samples in 2017

观察点	水温/ ℃	pH值	DO/ (mg·L ⁻¹)	SD/ m	COD _{Mn} / (mg·L ⁻¹)	COD/ (mg·L ⁻¹)	TP/ (mg·L ⁻¹)	TN/ (mg·L ⁻¹)	NH ₃ -N/ (mg·L ⁻¹)	NO ₃ -N/ (mg·L ⁻¹)	Chl-a/ (mg·m ⁻³)	TLI	营养 状态	水质
库心	16.60± 0.36a	8.47± 0.14b	8.69± 0.07ab	5.00± 0.02e	3.20± 0.10a	14.30± 0.27d	0.013± 0.006ab	0.95± 0.03c	0.03± 0.003a	0.76± 0.05c	0.50± 0.02ab	28.16	贫营养	优秀
渠首	16.87± 0.65a	8.47± 0.08b	9.77± 0.14c	3.00± 0.01b	3.77± 0.06c	11.37± 0.40ab	0.023± 0.006b	0.91± 0.01b	0.05± 0.00b	0.70± 0.02b	0.60± 0.02b	33	中营养	良好
宋岗	16.68± 0.55a	8.64± 0.09c	8.49± 0.06a	2.90± 0.01a	3.43± 0.058b	12.13± 0.60bc	0.023± 0.006b	1.01± 0.01d	0.15± 0.01d	0.51± 0.03a	0.42± 0.02a	31.97	中营养	良好
台子山	17.35± 0.40a	8.46± 0.02b	8.79± 0.17b	4.20± 0.01c	4.43± 0.06e	12.73± 0.40c	0.023± 0.006b	1.21± 0.01e	0.069± 0.01c	1.07± 0.01d	1.21± 0.14c	35.41	中营养	良好
黑鸡嘴	16.71± 0.90a	8.21± 0.04a	9.57± 0.25c	4.30± 0.01d	3.20± 0.03b	11.27± 0.42a	0.010± 0.04a	0.78± 0.03a	0.02± 0.00a	0.66± 0.02b	0.56± 0.02b	28.52	贫营养	优秀

注：数值为平均值±标准偏差，同一列含有相同小写字母表示相互间无显著差异， $P>0.05$ 。

表2 2017年各观察点浮游真菌群落多样性评估结果

Table 2 MiSeq sequencing results and planktonic fungal diversity evaluation for each sampling site in 2017

观察点	序列条带	OTU数	Shannon指数	Simpson指数	Ace指数	Chao1指数	覆盖率/%
库心	36 600±5 400a	241±40b	1.74±0.47ab	0.48±0.14b	338.34±37.60ab	301.27±15.46b	99.81±0.04a
渠首	38 948±4 613b	424±65d	2.86±0.26cd	0.15±0.04a	477.61±61.33c	467.02±61.10c	99.80±0.02a
宋岗	33 877±2 472c	286±66bc	2.35±0.43bc	0.30±0.09a	321.03±54.87ab	311.89±57.51b	99.85±0.04ab
台子山	40 245±4 624e	117±20a	1.54±0.04a	0.29±0.01a	247.24±66.04a	185.15±40.27a	99.88±0.03b
黑鸡嘴	35 713±1 675d	381±55cd	3.12±0.49d	0.15±0.07a	419.23±37.99bc	407.90±44.53c	99.83±0.03ab

注：数值为平均值±标准偏差，同一列含有相同小写字母表示相互间无显著差异， $P>0.05$ 。

表 3 2016 年各观察点水质主要理化性质及其营养状态

Table 3 Main physico-chemical characteristics and trophic level index (TLI) of water samples in 2016

观察点	pH值	COD _{Mn} / (mg·L ⁻¹)	COD/ (mg·L ⁻¹)	TN/ (mg·L ⁻¹)	NH ₃ -N/ (mg·L ⁻¹)	TP/ (mg·L ⁻¹)	Chl-a/ (mg·m ⁻³)	SD/ m	DO/ (mg·L ⁻¹)	TLI	营养 状态	水质
库心	8.50±	3.46±	11.60±	0.96±	0.07±	0.018a	2.13±	5.00±	9.17±	40.1	中营养	良好
	0.02d	0.01a	0.10a	0.01b	0.01d		0.06a	0.02e	0.06d			
渠首	8.70±	3.81±	13.97±	0.91±	0.04±	0.019a	2.42±	3.00±	7.50±	43.02	中营养	良好
	0.01e	0.01e	0.25d	0.01a	0.01bc		0.03bc	0.01b	0.03a			
宋岗	8.09±	3.74±	14.37±	0.92±	0.05±	0.019a	2.40±	2.90±	8.42±	43.29	中营养	良好
	0.01a	0.03d	0.06e	0.01ab	0.01c		0.01b	0.01a	0.02c			
台子山	8.44±	3.56±	12.33±	1.03±	0.03±	0.022a	2.53±	4.30±	9.20±	41.65	中营养	良好
	0.01c	0.01c	0.15c	0.04c	0.00a		0.04d	0.01d	0.05d			
黑鸡嘴	8.35±	3.52±	11.97±	1.46±	0.03±	0.023a	2.49±	4.20±	8.34±	42.58	中营养	良好
	0.01b	0.01b	0.15b	0.04d	0.00ab		0.03cd	0.01c	0.04b			

注：数值为平均值±标准偏差，同一列含有相同小写字母表示相互间无显著差异， $P>0.05$ 。

表 4 2016 年各观察点浮游细菌群落多样性评估结果

Table 4 MiSeq sequencing results and bacterioplankton diversity evaluation for each sampling site in 2016

观察点	序列条带	OTU数	Ace指数	Chao1指数	覆盖率/%	Shannon指数	Simpson指数
库心	30 920±5 057a	316±44a	385±48a	397±49a	99.76±0.06b	3.97±0.20a	0.034±0.011ab
渠首	29 595±6 018b	391±66b	500±80c	506±73b	99.63±0.11a	4.02±0.20a	0.032±0.007a
宋岗	28 127±7 578c	358±65ab	461±76bc	452±82ab	99.65±0.11a	3.85±0.32a	0.046±0.020b
台子山	26 754±4 555d	335±60ab	418±53ab	415±58a	99.71±0.03ab	4.00±0.20a	0.035±0.006ab
黑鸡嘴	28 264±2 401e	352±32ab	459±34bc	448±38ab	99.69±0.05ab	4.07±0.15a	0.032±0.006a

注：数值为平均值±标准偏差，同一列含有相同小写字母表示相互间无显著差异， $P>0.05$ 。

秀，其他 3 个观察点为良好。

由表 2 可以看出：序列条带从小到大依次为宋岗、黑鸡嘴、库心、渠首、台子山，5 个观察点相互间存在显著差异 ($P<0.05$)；OTU 数从小到大依次为台子山、库心、宋岗、黑鸡嘴、渠首，台子山与其他 4 个观察点存在显著差异 ($P<0.05$)，库心与宋岗之间、宋岗与黑鸡嘴之间均无显著差异 ($P>0.05$)；Shannon 指数从小到大依次为台子山、库心、宋岗、渠首、黑鸡嘴，两相邻观察点间无显著差异 ($P>0.05$)；Simpson 指数从小到大依次为依次为渠首、黑鸡嘴、台子山、宋岗、库心，除库心与其他观察点存在显著差异 ($P<0.05$) 外，其他观察点间无显著差异 ($P>0.05$)；Ace 指数从小到大依次为台子山、宋岗、库心、黑鸡嘴、渠首，两相邻观察点间无显著差异 ($P>0.05$)；Chao1 指数从小到大依次为台子山、库心、宋岗、黑鸡嘴、渠首，5 个观察点相互间均存在显著差异 ($P<0.05$)；覆盖率从小到大依次为渠首、库心、黑鸡嘴、宋岗、台子山，渠首与库心无显著差异 ($P>0.05$)，黑鸡嘴、宋岗、台子山相互间显著差异 ($P>0.05$)。

由表 1 和表 2 各指标在 5 个观察点上的差异性分析结果看出，各指标的差异显著性表现并不完全一致，出现错杂现象。使用逐一指标分析法，很难区别出 5 个观察点的总体差异性，也很难对 5 个观察点进行分类、分级评判。因此需要进一步采用其他综合性较强的分析法对多个指标同时进行分析。

由表 3 可以看出：5 个观察点的 pH 值、高锰酸盐指数 (COD_{Mn})、化学需氧量 (COD)、透明度 (SD) 相互间存在显著差异 ($P<0.05$)；总氮 (TN) 从小到大依次为渠首、宋岗、库心、黑鸡嘴、台子

山, 渠首与宋岗间、宋岗与库心间的数据无显著差异 ($P>0.05$), 其他观察点间的数据存在显著差异 ($P<0.05$); 氨氮 ($\text{NH}_3\text{-N}$) 从小到大依次为台子山、黑鸡嘴、渠首、宋岗、库心, 前4个观察点两相邻间的数据无显著差异 ($P>0.05$), 库心与其他4个观察点间的数据存在显著差异 ($P<0.05$); 总磷 (TP) 5个观察点相互间的数据无显著差异 ($P>0.05$); 叶绿素 a 含量 (Chl-a) 从小到大依次为库心、宋岗、渠首、黑鸡嘴、台子山, 除库心与其他观察点的数据存在显著差异 ($P<0.05$) 外, 其他相邻观察点间的数据无显著差异 ($P>0.05$); 溶解氧 (DO) 除库心与台子山间的数据无显著差异 ($P>0.05$) 外, 其他观察点间的数据均存在显著差异 ($P<0.05$); TLI 最大的是宋岗, 最小的是库心, 说明库心的营养状态最好。依据 TLI 值大小评价, 5个观察点的营养状态均为中营养。依据《地表水环境质量标准》(GB 38382-2002), 5个观察点水质均为良好。

由表4可以看出: 序列条带从小到大依次为台子山、宋岗、黑鸡嘴、渠首、库心, 5个观察点相互间的数据无显著差异 ($P>0.05$); OTU 数从小到大依次为库心、台子山、黑鸡嘴、宋岗、渠首, 除库心与渠首间的数据存在显著差异 ($P<0.05$) 外, 其他5个观察点相互间的数据无显著差异 ($P>0.05$); Ace 指数从小到大依次为库心、台子山、黑鸡嘴、宋岗、渠首, 两相邻观察点间的数据无显著差异 ($P>0.05$); Chao1 指数从小到大依次为库心、台子山、黑鸡嘴、宋岗、渠首, 两相邻观察点间的数据无显著差异 ($P>0.05$); 覆盖率从小到大依次为渠首、宋岗、黑鸡嘴、台子山、库心, 前3个相互间的数据无显著差异 ($P>0.05$), 后3个相互间的数据无显著差异 ($P>0.05$); Shannon 指数从小到大依次为宋岗、库心、台子山、渠首、黑鸡嘴, 5个观察点相互间的数据无显著差异 ($P>0.05$); Simpson 指数从小到大依次为依次为渠首、黑鸡嘴、库心、台子山、宋岗, 除渠首与宋岗的数据存在显著差异 ($P<0.05$) 外, 其他观察点间的数据无显著差异 ($P>0.05$)。

由表3和表4各指标在5个观察点上的差异性分析结果看出, 各指标的差异显著性表现并不完全一致, 出现错杂现象。使用逐一指标分析, 很难区别出5个观察点的总体差异性, 也很难对5个观察点进行分类、分级评判。因此, 需要进一步采用其他综合性较强的分析法对多个指标同时进行分析。

由表1和表3中5个观察点的 TLI 值可以看出, 2017年均小于2016年, 相应的水营养状态由2016年的5个中营养变为2017年的2个贫营养和3个中营养。由表1和表3中5个观察点的水质等级可以看出, 由2016年的5个良好, 变为2017年的2个优秀和3个良好。这些变化均说明水环境状态有所改善。

3.2 水质理化指标和浮游微生物群落多样性指标的判别分析

由2016年5月的5个不同观察点采样测量的水质理化指标值判别分析结果可以看出, 除 TP 均值在5个观察点间无显著差异外 ($P>0.05$), 其他各指标均值在5个观察点间均有显著差异 ($P<0.05$ 或 $P<0.01$)。

在进行指标的判别分析时将9个水质理化指标转化为4个判别函数。第1判别函数方差贡献率为82.4%, 第2判别函数方差贡献率为13.0%, 第3判别函数方差贡献率为4.5%, 第4判别函数方差贡献率为0.1%。由于第3和第4判别函数方差贡献率太小, 故舍去。依据第1判别函数和第2判别函数, 制作5个观察点的散点分类图, 主要参考第1判别函数(横坐标)值判断各观察点的差异, 结果见图1(a)。由图1(a)可以看出: 组别1(库心)与其他4个观察点的指标综合结果差别较大, 距离较远; 组别2(渠首)与组别3(宋岗)较为相近, 但边界清楚, 组别间有差异; 组别4(台子山)与组别5(黑鸡嘴)较为靠近。各组的正确判别率均为100%。

依据水质理化指标值与《地表水环境质量标准》(GB 38382-2002), 5个观察点的水质均属于良好状态, 相互间没有差异; 依据 TLI 数值大小评价, 5个观察点的水营养状态评价均为中营养, 相互间没有差异; 但是依据所有水质理化指标进行判别分类却发现5个观察点之间还是有显著差别

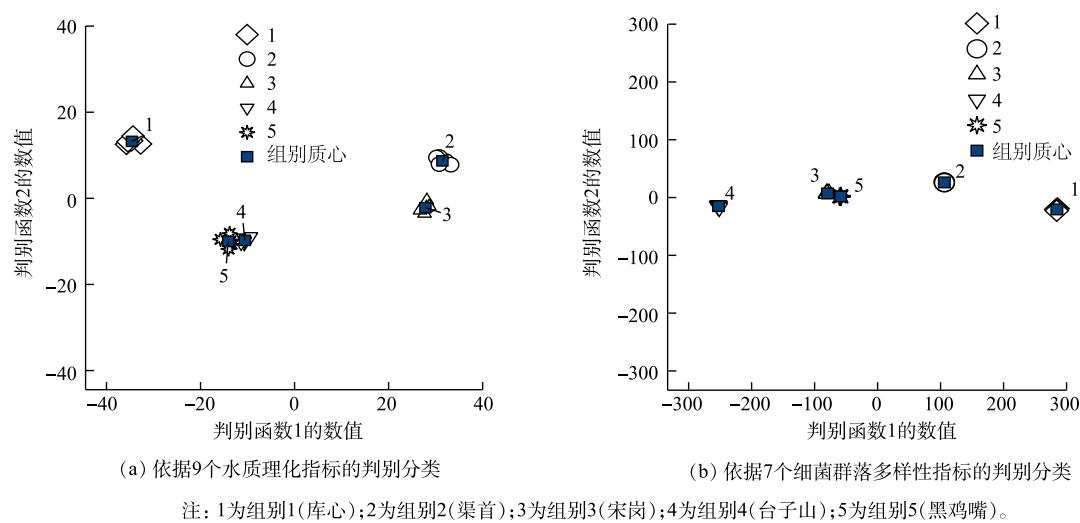


图 1 2016 年 5 个观察点判别分类

Fig. 1 Discrimination classification map of 5 observation points in 2016

的。这说明判别分析法分类结果可能进一步精细区分各观察点间的差异。

由 2016 年 5 月的 5 个不同观察点采样测量的浮游细菌群落多样性指标判别分析结果可以看出，除序列条带、Shannon 指数均值在 5 个观察点间无显著差异外 ($P>0.05$)，其他各指标均值在 5 个观察点间有显著差异 ($P<0.01$)。

各判别函数方差贡献率结果如下：第 1 判别函数方差贡献率为 99.1%，第 2 判别函数方差贡献率为 0.8%，第 3 判别函数和第 4 判别函数方差贡献率几乎为零。由于第 3 和第 4 判别函数方差贡献率太小，故舍去。依据第 1 判别函数和第 2 判别函数，制作 5 个观察点的散点分类图，主要参考第 1 判别函数(横坐标)值判断各观察点的差异，结果见图 1(b)。由图 1(b)可以看出，除组别 3(宋岗)与组别 5(黑鸡嘴)距离较近外，其他组别距离较远，但各组间边界清楚，各组的正确判别率均为 100%。这说明各观察点在 7 个细菌群落多样性指标综合表现上还是有显著差别的 ($P<0.01$)。与单指标逐一比较分析相比，多指标综合判别分析能够从总体上进一步准确区分观察点之间的差异。

由 2017 年 5 月的 5 个不同观察点采样测量的水质理化指标值判别分析结果可以看出，各指标均值在 5 个观察点间有显著差异 ($P<0.05$ 或 $P<0.01$)。第 1 判别函数方差贡献率为 74.4%，第 2 判别函数方差贡献率为 15.6%，第 3 判别函数方差贡献率为 7.3%，第 4 判别函数方差贡献率为 2.7%。由于第 3 判别函数和第 4 判别函数方差贡献率太小，故舍去。依据第 1 判别函数和第 2 判别函数，制作 5 个观察点的散点分类图，主要参考第 1 判别函数(横坐标)值判断各观察点的差异，结果见图 2(a)。由图 2(a)可以看出，组别 1(库心)与组别 2(渠首)距离较近，组别 3(宋岗)与组别 4(台子山)距离较近，组别 5(黑鸡嘴)与其他组别较远。组别 1、组别 2、组别 3、组别 4 的正确判别率为 80%，组别 5(黑鸡嘴)正确判别率为 100%。5 个观察点的水营养状态评价均为贫营养或中营养，水质状态属于优秀或良好状态，但是依据判别函数判别分类却发现 5 个观察点之间还是有显著差别的。

通常按照中国环境监测总站推荐的 5 指标综合卡尔森营养状态指数 (TLI) 来评价水营养状态，依据《地表水环境质量标准》(GB 38382-2002) 来评价水质优良等级状态，这些评价方法具有广泛性和普遍性。采用判别分析，可评价不同观察地点间或不同观察时点间，处在在同一营养状态、同一水质标准下，不同地点、不同时间水营养状态或水质状态的细微差异。对 2016 年 5 月和 2017 年 5 月的 5 个观察点的指标进行判别分析得到的结果，与阴星望^[16]的研究结果相比，判别分析更能详细、科学地反映各指标在水质监测中的重要性。

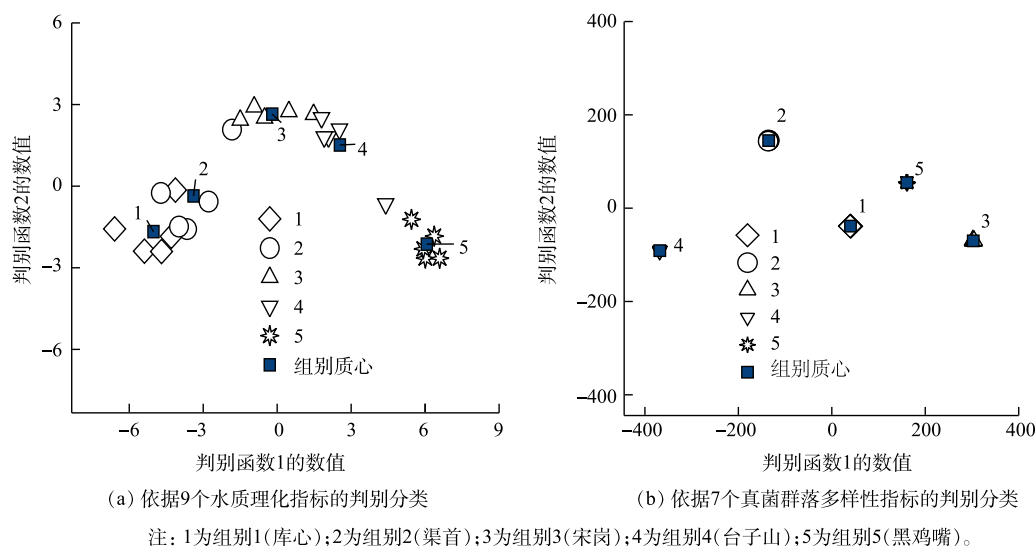


图2 2017年5个观察点判别分类

Fig. 2 Discrimination classification map of 5 observation points in 2017

由2017年5月的5个不同观察点采样测量的浮游真菌群落多样性指标值判别分析结果可以看出,各指标均值在5个观察点间有显著差异($P<0.05$ 或 $P<0.01$)。第1判别函数方差贡献率为87.4%,第2判别函数方差贡献率为12.4%,第3判别函数方差贡献率为0.2%,第4判别函数方差贡献率为0.0%。由于第3判别函数和第4判别函数方差贡献率太小,故舍去。依据第1判别函数和第2判别函数,制作5个观察点的散点分类图,主要参考第1判别函数(横坐标)值判断各观察点的差异,结果见图2(b)。由图2(b)可以看出,各组别距离较远,边界清楚,各组的正确判别率均为100%。这说明各观察点在7个真菌群落多样性指标综合表现上具有显著差异($P<0.01$)。与单指标逐一比较分析相比,多指标综合判别分析能够从总体上进一步准确区分各观察点之间的差异。

3.3 水质理化指标的多指标同时配对性 T 检验和相关性分析

为探究水质变化特点,针对每一个观察点,2016年5月和2017年5月2次测量的水质理化性质指标值,依据式(4)~式(7)对数据进行计算处理后,进行多指标同时配对性相关性分析。在表5和表6中,以地名库心1、渠首1、宋岗1、台子山1、黑鸡嘴1表示2016年5月水质理化性质,以地名库心2、渠首2、宋岗2、台子山2、黑鸡嘴2表示2017年5月水质理化性质,并将5个地名分别进行配对。配对结果、Pearson相关系数及相伴概率见表5。由表5可以看出,Pearson相关系数均为正且很大,相伴概率 P 均小于0.001,说明各理化性质指标的变化具有显著的正相关性。针对每一个观察点,依据2016年5月和2017年5月2次测量的水质理化性质指标值,依据式(1)~式(3)计算处理后,进行多指标同时配对性 T 检验,结果见表6。由表6可以看出,5个观察点在

表5 成对样本 Pearson 相关系数及相伴概率 P
Table 5 Pearson correlation coefficient and concomitant probability P of paired samples

成对样本	Pearson相关系数	相伴概率 P
库心1-库心2	0.982	0.000
渠首1-渠首2	0.958	0.000
宋岗1-宋岗2	0.980	0.000
台子山1-台子山2	0.990	0.000
黑鸡嘴1-黑鸡嘴2	0.982	0.000

表6 成对样本 T 检验结果
Table 6 T test result of paired sample

成对样本	T 值	P (双侧)
库心1-库心2	-0.072	0.945
渠首1-渠首2	0.593	0.569
宋岗1-宋岗2	1.251	0.246
台子山1-台子山2	0.191	0.854
黑鸡嘴1-黑鸡嘴2	0.977	0.357

2016 年和 2017 年的水质理化性质状态无显著性差异，即水质状态和营养状态无显著变化。

同一观察点的同一观察指标，在 2016 年和 2017 年 2 个测量时段上的数值，无论是受某种客观因素的影响，还是受随机因素的影响，一定存在变化差异。由于 9 个水质理化指标变化幅度 (或变化差异显著性) 不同，因此，从单一指标逐一分析，很难获得反映总体变化特征的综合性结果。

水质监测分析与研究的目的是要探讨水质变化趋势和规律，寻找重要的影响因子及其相互关系。因此，在对水质监测过程中，既要有静态监测与分析，也要有动态监测与分析。本研究在对水质进行分析时，虽然时间间隔短，时点数不多，但也从动态比较分析中有一些新的发现。多指标同时配对性 T 检验可以克服单指标逐一分析的一些不足，可从总体上检验出水质无显著性差异。虽然同一观察点在 2016 年和 2017 年年的 2 个测量时段上 9 个水质理化指标在总体上无显著差异，但是 9 个水质理化指标相互间是有影响的，多指标同时配对性相关性分析结果表明 9 个理化指标有显著正相关性，这说明指标相互间的影响导致总体变化趋势具有一致性。

3.4 水质理化指标群与浮游微生物群落多样性指标群间的典型相关分析

对 2016 年的 9 个水质理化指标群与 7 个浮游细菌群落多样性指标群间进行典型相关分析，共生成 U_1-V_1 、 U_2-V_2 、 U_3-V_3 、 U_4-V_4 、 U_5-V_5 、 U_6-V_6 、 U_7-V_7 7 对典型变量，典型相关系数见表 7，方差贡献率见表 8。在表 7 中， U_1 、 U_2 、 U_3 、 U_4 、 U_5 、 U_6 、 U_7 是由 9 个水质理化指标群可转化生成的 7 个典型变量， V_1 、 V_2 、 V_3 、 V_4 、 V_5 、 V_6 、 V_7 是由 7 个细菌群落多样性指标群可转化生成的 7 个典型变量。典型相关系数为每一对典型变量间的相关系数， P 是典型相关系数的相伴概率。由表 7 可以看出， U_1-V_1 、 U_2-V_2 、 U_3-V_3 3 对的典型相关系数均很大，相伴概率 $P<0.001$ ，具有显著性； U_4-V_4 、 U_5-V_5 、 U_6-V_6 、 U_7-V_7 4 对典型相关系数比较小，相伴概率 $P>0.05$ ，不具有显著性。典型变量线性函数见式 (8)~式 (13)。

表 7 2016 年的 7 对典型变量的相关系数及相伴概率
Table 7 Correlation coefficient and concomitant probability of 7 pairs of typical variables in 2016

典型变量对	典型相关系数	相伴概率 P
U_1-V_1	0.998	0.000
U_2-V_2	0.987	0.000
U_3-V_3	0.959	0.000
U_4-V_4	0.771	0.134
U_5-V_5	0.738	0.279
U_6-V_6	0.476	0.702
U_7-V_7	0.306	0.677

$$U_1 = 0.094X_1 - 0.052X_2 - 0.119X_3 + 0.071X_4 + 0.743X_5 + 0.003X_6 - 0.02X_7 + 0.323X_8 - 0.004X_9 \tag{8}$$

$$V_1 = 0.578Y_1 - 0.563Y_2 - 0.604Y_3 + 0.497Y_4 - 0.047Y_5 - 0.012Y_6 - 0.067Y_7 \tag{9}$$

$$U_2 = 0.629X_1 + 0.476X_2 - 1.170X_3 + 0.032X_4 + 0.648X_5 - 0.158X_6 + 0.120X_7 - 1.340X_8 - 0.032X_9 \tag{10}$$

$$V_2 = 0.372Y_1 + 0.763Y_2 - 1.980Y_3 + 1.864Y_4 + 0.084Y_5 + 0.124Y_6 + 0.104Y_7 \tag{11}$$

$$U_3 = -0.464X_1 - 0.008X_2 + 0.517X_3 + 0.021X_4 + 0.423X_5 + 0.166X_6 - 0.150X_7 - 0.147X_8 + 0.006X_9 \tag{12}$$

$$V_3 = 0.087Y_1 - 0.149Y_2 + 0.571Y_3 - 0.176Y_4 - 0.113Y_5 - 0.957Y_6 - 0.163Y_7 \tag{13}$$

式中： X_1 为 pH； X_2 为 COD_{Mn} ； X_3 为 COD； X_4 为 TN； X_5 为 NH_3-N ； X_6 为 TP； X_7 为 Chl-a； X_8 为 SD； X_9 为 DO； Y_1 为序列条带； Y_2 为 OTU 数； Y_3 为 Ace 指数； Y_4 为 Chao1 指数； Y_5 为覆盖率； Y_6 为 Shannon 指数； Y_7 为 Simpson 指数。式 (14)~式 (17) 中变量含义与此相同，不再叙述。

由式 (8)~式 (13) 可以看出，典型变量 U_1 中影响系数最大的是 $X_5(NH_3-N)$ ，典型变量 U_2 中影响系数最大的是 $X_3(COD)$ 、 $X_5(NH_3-N)$ 、 $X_8(SD)$ 和 $X_1(pH)$ ，典型变量 U_3 中影响系数最大的是 $X_3(COD)$ 。典型变量 V_1 中影响系数最大的是 $Y_3(Ace 指数)$ 、 $Y_1(序列条带)$ 、 $Y_2(OTU 数)$ ，典型变量 V_2 中影响系数最大的是 $Y_3(Ace 指数)$ 和 $Y_4(Chao1 指数)$ ，典型变量 V_3 中影响系数最大的是 $Y_3(Ace 指数)$ 和

Y_6 (Shannon 指数)。典型变量的方差贡献率表示该变量包含原信息量的比例, 方差贡献率越大, 该变量越重要。

由式(8)~式(13)和表8可以看出, 水质理化指标中对典型变量影响较大的是 X_1 (pH)、 X_3 (COD)、 X_5 (NH₃-N) 和 X_8 (SD); 浮游细菌群落多样性指标中对典型变量影响较大的是 Y_1 (序列条带)、 Y_2 (OTU 数)、 Y_3 (Ace 指数) 和 Y_4 (Chao1 指数)。各观察变量与典型变量间的相关系数以及典型变量对间的典型相关系数如下。

1) U_1 与 V_1 典型相关系数为 0.998; U_1 与 X_1 (pH)、 X_2 (COD_{Mn})、 X_3 (COD)、 X_4 (TN)、 X_5 (NH₃-N)、 X_6 (TP)、 X_7 (Chl-a)、 X_8 (SD)、 X_9 (DO) 典型相关系数分别为 0.235、-0.642、-0.621、-0.08、0.849、0.351、-0.741、0.715、0.440; V_1 与 Y_1 (序列条带)、 Y_2 (OTU 数)、 Y_3 (Ace 指数)、 Y_4 (Chao1 指数)、 Y_5 (覆盖率)、 Y_6 (Shannon 指数)、 Y_7 (Simpson 指数) 典型相关系数分别为 0.745、0.694、-0.770、-0.651、-0.439、-0.089、-0.014。

2) U_2 与 V_2 典型相关系数为 0.987; U_2 与 X_1 (pH)、 X_2 (COD_{Mn})、 X_3 (COD)、 X_4 (TN)、 X_5 (NH₃-N)、 X_6 (TP)、 X_7 (Chl-a)、 X_8 (SD)、 X_9 (DO) 典型相关系数分别为 0.658、0.608、0.380、-0.293、0.224、-0.318、-0.130、-0.414、-0.513; V_2 与 Y_1 (序列条带)、 Y_2 (OTU 数)、 Y_3 (Ace 指数)、 Y_4 (Chao1 指数)、 Y_5 (覆盖率)、 Y_6 (Shannon 指数)、 Y_7 (Simpson 指数) 典型相关系数分别为 0.588、0.673、0.523、0.698、0.034、0.159、-0.184。

3) U_3 与 V_3 典型相关系数为 0.959; U_3 与 X_1 (pH)、 X_2 (COD_{Mn})、 X_3 (COD)、 X_4 (TN)、 X_5 (NH₃-N)、 X_6 (TP)、 X_7 (Chl-a)、 X_8 (SD)、 X_9 (DO) 典型相关系数分别为 -0.660、0.408、0.648、-0.158、0.467、0.372、-0.177、-0.560、-0.384; V_3 与 Y_1 (序列条带)、 Y_2 (OTU 数)、 Y_3 (Ace 指数)、 Y_4 (Chao1 指数)、 Y_5 (覆盖率)、 Y_6 (Shannon 指数)、 Y_7 (Simpson 指数) 典型相关系数分别为 0.163、0.168、0.173、0.159、-0.118、-0.945、-0.136。

可以看出, 3 对典型变量间的相关系数均为正, 相伴概率 $P < 0.01$, 具有显著性。这说明 3 个问题: 1) 水质理化指标的变化趋势与浮游细菌群落多样性指标变化趋势是一致的; 2) 水质理化指标的变化趋势与浮游细菌群落多样性指标间具有互相促进的作用; 3) 用浮游细菌群落多样性指标可以间接指示或反映水质变化的情况。已有研究^[20-21]表明, 细菌在氮循环中具有重要作用, COD 和 COD_{Mn} 是评价水体有机污染物质相对含量的一项重要综合性指标, 可对水体中微生物群落组成产生重要影响。ZHANG 等^[22]研究表明池塘中浮游细菌群落组成主要受 COD 因素的影响。XIONG 等^[23]研究了青藏高原中 15 个湖泊细菌群落组成, 发现 pH 是重要的影响因素。本研究从各观察变量与典型变量间的相关系数来看, 环境因子(水质理化指标)中重要的指标包括 X_1 (pH)、 X_3 (COD)、 X_5 (NH₃-N) 和 X_8 (SD); 浮游细菌群落多样性重要的包括 Y_1 (序列条带)、 Y_2 (OTU 数)、 Y_3 (Ace 指数) 和 Y_4 (Chao1 指数) 指标。

对 2017 年的 9 个水质理化指标群与 7 个浮游真菌群落多样性指标群间进行典型相关分析, 共生成 U_1 - V_1 、 U_2 - V_2 、 U_3 - V_3 、 U_4 - V_4 、 U_5 - V_5 、 U_6 - V_6 、 U_7 - V_7 7 对典型变量, 典型相关系数及相伴概率见表 9, 方差贡献率见表 10。在表 9 中, U_1 、 U_2 、 U_3 、 U_4 、 U_5 、 U_6 、 U_7 是由 9 个水质理化指标群可转化生成的 7 个典型变量, V_1 、 V_2 、 V_3 、 V_4 、 V_5 、 V_6 、 V_7 是由 7 个真菌群落多样性指标群可转化生成的 7 个典型变量。相关系数为每一对典型变量间的典型相关系数, P 是典型相关系数的相伴概率。

表 8 2016 年的典型变量方差贡献率

Table 8 Variance contribution rate of typical variables in 2016

典型变量	方差贡献率/%	累积方差贡献率/%	典型变量	方差贡献率/%	累积方差贡献率/%
U_1	35.0	35.0	V_1	32.7	32.7
U_2	21.2	56.2	V_2	23.1	55.8
U_3	23.4	79.6	V_3	14.8	70.6
U_4	4.2	83.8	V_4	3.9	74.5
U_5	3.3	87.1	V_5	9.8	84.3
U_6	7.6	94.7	V_6	5.0	89.3
U_7	3.3	98	V_7	10.7	100

表 9 2017 年的 7 对典型变量的
相关系数及相伴概率
Table 9 Correlation coefficient and concomitant probability of
7 pairs of typical variables in 2017

典型变量对	典型相关系数	相伴概率 P
U_1-V_1	1.000	0.000
U_2-V_2	0.998	0.000
U_3-V_3	0.991	0.000
U_4-V_4	0.982	0.000
U_5-V_5	0.758	0.224
U_6-V_6	0.481	0.755
U_7-V_7	0.243	0.815

表 10 2017 年的典型变量方差贡献率
Table 10 Variance contribution rate of
typical variables in 2017

典型变量	方差 贡献率/%	累积方差 贡献率/%	典型变量	方差 贡献率/%	累积方差 贡献率/%
U_1	44.2	44.2	V_1	45.0	45.0
U_2	32.7	76.9	V_2	33.9	78.9
U_3	9.7	86.6	V_3	9.4	88.3
U_4	8.9	95.5	V_4	3.6	91.9
U_5	0.2	95.7	V_5	3.2	95.1
U_6	1.4	97.1	V_6	1.2	96.3
U_7	1.7	98.8	V_7	3.7	100

由表 9 可以看出， U_1-V_1 、 U_2-V_2 、 U_3-V_3 、 U_4-V_4 4 对的典型相关系数均很大，相伴概率 $P<0.001$ ，具有显著性； U_5-V_5 、 U_6-V_6 、 U_7-V_7 4 对典型相关系数比较小，相伴概率 $P>0.05$ ，不具有显著性。

由表 10 可以看出，主要典型变量 U_1 和 U_2 、 V_1 和 V_2 方差贡献率较大，其他典型变量的方差贡献率都很小。典型变量函数见式 (14) ~ 式 (17)。

$$U_1 = -0.019X_1 + 0.051X_2 + 0.128X_3 - 0.215X_4 - 0.523X_5 - 0.117X_6 - 0.718X_7 - 0.581X_8 - 0.104X_9 \quad (14)$$

$$V_1 = -0.497Y_1 + 0.296Y_2 + 1.018Y_3 - 0.257Y_4 - 0.031Y_5 - 0.180Y_6 + 0.234Y_7 \quad (15)$$

$$U_2 = 0.013X_1 - 0.251X_2 + 0.369X_3 + 0.323X_4 + 0.448X_5 - 0.253X_6 - 0.282X_7 + 0.304X_8 - 0.154X_9 \quad (16)$$

$$V_2 = -1.054Y_1 - 0.783Y_2 + 1.917Y_3 - 1.071Y_4 + 0.018Y_5 - 0.746Y_6 + 0.181Y_7 \quad (17)$$

由式 (14) ~ 式 (17) 可以看出，典型变量 U_1 中影响系数最大的是 $X_7(\text{Chl-a})$ 、 $X_8(\text{SD})$ 和 $X_5(\text{NH}_3\text{-N})$ ；典型变量 U_2 中影响系数最大的是 $X_5(\text{NH}_3\text{-N})$ 。典型变量 V_1 中影响系数最大的是 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_2(\text{OTU 数})$ 和 $Y_3(\text{Ace 指数})$ ；典型变量 V_2 中影响系数最大的是 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_3(\text{Ace 指数})$ 和 $Y_4(\text{Chao1 指数})$ 。各观察变量与典型变量间的相关系数以及典型变量对间的典型相关系数如下。

1) U_1 与 V_1 典型相关系数为 1.000； U_1 与 $X_1(\text{pH})$ 、 $X_2(\text{COD}_{\text{Mn}})$ 、 $X_3(\text{COD})$ 、 $X_4(\text{TN})$ 、 $X_5(\text{NH}_3\text{-N})$ 、 $X_6(\text{TP})$ 、 $X_7(\text{Chl-a})$ 、 $X_8(\text{SD})$ 、 $X_9(\text{DO})$ 典型相关系数分别为 0.019、-0.854、-0.245、-0.902、-0.167、-0.429、-0.927、-0.211、0.420； V_1 与 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_2(\text{OTU 数})$ 、 $Y_3(\text{Ace 指数})$ 、 $Y_4(\text{Chao1 指数})$ 、 $Y_5(\text{覆盖率})$ 、 $Y_6(\text{Shannon 指数})$ 、 $Y_7(\text{Simpson 指数})$ 典型相关系数分别为 -0.600、0.885、0.819、0.866、-0.122、0.733、-0.187。

2) U_2 与 V_2 典型相关系数为 0.988； U_2 与 $X_1(\text{pH})$ 、 $X_2(\text{COD}_{\text{Mn}})$ 、 $X_3(\text{COD})$ 、 $X_4(\text{TN})$ 、 $X_5(\text{NH}_3\text{-N})$ 、 $X_6(\text{TP})$ 、 $X_7(\text{Chl-a})$ 、 $X_8(\text{SD})$ 、 $X_9(\text{DO})$ 典型相关系数分别为 0.699、-0.402、0.826、0.186、0.262、-0.235、-0.324、0.418、-0.851； V_2 与 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_2(\text{OTU 数})$ 、 $Y_3(\text{Ace 指数})$ 、 $Y_4(\text{Chao1 指数})$ 、 $Y_5(\text{覆盖率})$ 、 $Y_6(\text{Shannon 指数})$ 、 $Y_7(\text{Simpson 指数})$ 典型相关系数分别为 -0.528、-0.460、-0.544、-0.491、0.445、-0.572、0.905。

可以看出，4 对典型变量间的相关系数均为正，且相伴概率 $P<0.01$ ，具有显著性。这说明 3 个问题：1) 水质理化指标值的变化趋势与浮游真菌群落多样性指标值变化趋势是一致的；2) 水质理化指标值的变化趋势与浮游真菌群落多样性指标间具有互相促进的作用；3) 用浮游真菌群落多样性指标也可以间接指示或反映水质变化的特点。WEGLEY 等^[24]和 TAYLOR 等^[25]采用高通量测序技术研究了英国沿海浮游真菌群落组成及其影响因素，发现浮游真菌群落主要受到盐浓度、氮以及温度等因素的影响。从各观察变量与典型变量间的相关系数来看，环境因子(水质理化指标)中

重要的指标包括 $X_3(\text{COD})$ 、 $X_5(\text{NH}_3\text{-N})$ 、 $X_7(\text{Chl-a})$ 和 $X_8(\text{SD})$ ，浮游真菌群落多样性重要的指标包括 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_2(\text{OTU 数})$ 和 $Y_3(\text{Ace 指数})$ 。

可以看出，水质理化性质的变化与浮游细菌(或真菌)群落多样性的变化，相互间有很大的影响。但是这种影响客观上不是单一指标与单一指标间的关系，而是水质理化指标群与浮游细菌群落多样性指标群间的关系，故需要进行指标群与群间的相关分析。2016年和2017年的典型相关分析结果既可以反映2指标群的相关性高低，也能揭示具体因子的重要性。这说明典型相关分析法在水质监测分析研究中，有重要的实际应用价值。本研究结果与阴星望^[16]RDA分析结果和DCA分析结果比较，既有相同之处也有不同之处，但由于阴星望^[16]研究结果的排序轴解释度太低导致后面的分析结果可信度极低，这进一步说明本研究结果的相对可靠性和重要性。

4 结论

1) 指标群与指标群之间的典型相关分析结果表明，水质理化指标的变化趋势与浮游细菌群落多样性指标变化趋势一致。环境因子(水质理化指标)中重要的指标包括 $X_3(\text{COD})$ 、 $X_5(\text{NH}_3\text{-N})$ 、 $X_7(\text{Chl-a})$ 和 $X_8(\text{SD})$ ；浮游细菌(或真菌)群落多样性重要的指标包括 $Y_1(\text{序列条带})$ 、 $Y_2(\text{OTU 数})$ 、 $Y_3(\text{Ace 指数})$ 和 $Y_4(\text{Chao1 指数})$ 。

2) 依据所有水质理化指标和浮游真菌(或细菌)群落多样性指标进行判别分析，具有较强的综合性；典型相关分析表明用浮游真菌(或细菌)群落多样性指标可以间接指示或反映水质变化的特点；综合分析较单一分析更全面客观地反映水质全貌，是环境监测数据分析的重要技术手段。

参考文献

- [1] 谭香, 夏小玲, 程晓莉, 等. 丹江口水库浮游植物群落时空动态及其多样性指数[J]. 环境科学, 2011, 32(10): 2875-2882.
- [2] 柏慕琛, 班璇, PANAYIOTIS D, 等. 丹江口水库蓄水后汉江中下游水文时空变化的定量评估及其生态影响[J]. 长江流域资源与环境, 2017, 26(9): 1476-1487.
- [3] 张雷, 秦延文, 郑丙辉, 等. 丹江口水库迁建区土壤重金属分布及污染评价[J]. 环境科学, 2013, 34(1): 108-115.
- [4] 张乐群, 吴敏, 万育生. 南水北调中线水源地丹江口水库水质安全保障对策研究[J]. 中国水利, 2018(1): 44-47.
- [5] 朱媛媛, 田进军, 李红亮, 等. 丹江口水库水质评价及水污染特征[J]. 农业环境科学学报, 2016, 35(1): 139-147.
- [6] BUNSE C, PINHASSI J. Marine bacterioplankton seasonal succession dynamics[J]. Trends in Microbiology, 2017, 25(6): 494-505.
- [7] BRENDAN LOGUE J, LINDSTROM E S. Biogeography of bacterioplankton in inland waters[J]. Freshwater Reviews, 2008, 1(1): 99-114.
- [8] 陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 等. 丹江口水库枯水期浮游细菌群落组成及影响因素研究[J]. 中国环境科学, 2017, 37(1): 336-344.
- [9] 易燃, 蔡德所, 张永祥, 等. 广西龙江底栖硅藻水质生物监测方法[J]. 环境工程学报, 2016, 10(6): 3345-3353.
- [10] 张怡, 刘本洪, 刘蕾, 等. 硬质河岸和水体富营养化河道的综合治理技术: 以柴桑河为例[J]. 环境工程学报, 2021, 15(12): 3875-3882.
- [11] 张海. 谷探讨生物监测技术在环境监测中的应用[J]. 环境与发展, 2020(8): 181-182.
- [12] 杨蓉, 李垒, 霍晓芹, 等. 水质标准中指示微生物的发展及现状[J]. 中国环境监测, 2020, 36(4): 1-10.
- [13] 谭炳圆. 澎溪河水质变化及水华中浮游生物演替与环境因子间关系[D]. 重庆: 西南大学, 2020.
- [14] 来杭. 钱塘江建德-盐官段浮游真核微生物动态变化及其驱动因子分析[D]. 宁波: 宁波大学, 2020.
- [15] CRAIG M. Multivariate analysis of ecological data using canoco 5[J]. Forage Science, 2015, 32(4): 289-290.
- [16] 阴星望. 丹江口水库微生物群落特征及其与水质的关系研究[D]. 南阳: 南阳师范学院, 2019.
- [17] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 4版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [18] CARLSON R E. A trophic state index for lakes[J]. Limnology Oceanogr, 1977, 22: 361-369.
- [19] 中国环境监测总站. 湖泊(水库)富营养化评价方法及分级技术规定: 总站生字[2001]09号[S]. 北京: 中国环境监测总站, 2001.
- [20] HAUKKA K, KOLMONEN E, HYDER R, et al. Effect of nutrient loading on bacterioplankton community composition in lake mesocosms[J]. Microbial Ecology, 2006, 51(2): 137-146.
- [21] GTARI M, GHODHBANE-GTARI F, NOUIQUI I, et al. Phylogenetic perspectives of nitrogen-fixing actinobacteria[J]. Archives of Microbiology, 2012, 194: 3-11.
- [22] ZHANG D, WANG X, XIONG J, et al. Bacterioplankton assemblages as biological indicators of shrimp health status[J]. Ecological Indicators,

- 2014, 38: 218-224.
- [23] XIONG J B, LIU Y Q, LIN X G, et al. Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across Tibetan Plateau[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, 14(9): 2457-2466.
- [24] WEGLEY L, EDWARDS R, RODRIGUEZ-BRITO B, et al. Metagenomic analysis of the microbial community associated with the coral *Porites astreoides*[J]. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(11): 2707-2719.
- [25] TAYLOR J D, CUNLIFFE M. Multi-year assessment of coastal planktonic fungi reveals environmental drivers of diversity and abundance[J]. *International Society for Microbial Ecology*, 2016, 10: 2118-2128.
- (责任编辑: 郑晓梅)

Comprehensive analysis technology of multi-index monitoring on spatial heterogeneity of water quality of Danjiangkou reservoir and its effects

PANG Fahu¹, DU Ruiqing^{1*}, SUN Ruoya¹, YIN Xingwang¹, CHEN Zhaojin², GAO Wanli¹, HUANG Honghui¹

1. College of Life Science and Agricultural Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China; 2. College of Water Resources and Environmental Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China

*Corresponding author, E-mail: duruiqing8@163.com

Abstract In order to deeply analyze the temporal and spatial differences of water quality of Danjiangkou reservoir, confirm the important affecting factors, and provide a more comprehensive analytical method, the physical and chemical indexes on water quality and the diversity of planktonic bacteria (fungi) community were monitored based on five different observation points, and they were analyzed by discrimination analysis, paired *T*-test, direct correlation and canonical correlation analysis method. The results showed that the water qualities of the five observation points in Danjiangkou reservoir region belonged to good and excellent or good state in 2016 and 2017, respectively, but the discriminant analysis result showed that there were significant differences in the physical and chemical indexes of water quality among five observation points; The community diversity indices of planktonic bacteria (fungi) were also significantly different. There was no significant difference on physicochemical properties of water quality between two periods of 2 a, that is, there was no significant change in nutritional status of water quality, but there was a significant correlation between them. The canonical correlation analysis on index groups between the physicochemical properties of water quality and the planktonic bacterial (or fungal) community diversity in Danjiangkou reservoir region for two consecutive years was conducted, and the results showed that the change trend of physical and chemical index of water quality was consistent with that of planktonic bacterial(fungi) community. Based on the comprehensive discriminant analysis on all physical and chemical indices and planktonic fungi (or bacteria) community diversity indices, different observation points could be further classified. Canonical correlation analysis showed that the phytoplankton fungal (or bacterial) community diversity index could indirectly indicate or reflect the change characteristics of water quality. Environmental factors (physical and chemical indicators) contained X_3 (COD), X_5 (NH₃-N), X_7 (Chl-a) and X_8 (SD), and the important indicators of planktonic bacteria(fungi) community diversity contained Y_1 (Sequence band), Y_2 (OTU number), Y_3 (ACE index) and Y_4 (Chao1 index). In this study, the multi index comprehensive analysis technology could more comprehensively and objectively reflect the overall view of water quality change than single index one by one, and provided a certain reference value for perfecting and enriching the comprehensive technical means of water quality and environmental monitoring data. The research results provided the basic data and a reference for relevant management departments to monitor and improve the water quality of water resource region in the middle route project for South-to-North water transfer, as well as to formulate policies.

Keywords Danjiangkou Reservoir; physical and chemical indexes of water quality; planktonic microbial community; monitor; canonical correlation analysis