

我国长江干流及东部湖群DOM组成及生物活性格局与驱动机制取得系列进展

📅 日期：2022年03月14日

🖨️ 打印 | A 字体大小：大 中 小

陆地生态系统每年承接、储存及输移的碳通量可达51亿吨，尽管内陆水域只覆盖了地球两极冰盖除外陆域面积的3.7%，其转移、转化的碳通量却十分巨大。溶解性有机物（DOM）主要成分为碳，是天然水体中有机质最重要的赋存形态及活跃成分，其来源组成能影响水处理工艺与流程、重金属及有毒有害物迁移、毒性及生物有效性。DOM矿化也能释放大量有机及无机营养盐，从而影响湖泊富营养化进程及生态系统健康。溪流源头等系统中DOM组成来源直接受制于森林、湿地及农业用地覆盖比例，污水管网损坏及面源输入等因素。而流域人类活动导致的非点源输入及湖泊物理水文等诸多因素如何制约湖泊DOM来源组成，尤其是其分子组成，进而影响其微生物活性的研究进展却鲜有报道。

鉴于此，受国家自然科学基金重点项目等资助，中国科学院南京地理与湖泊研究所张运林研究员团队周永强副研究员等结合第二次全国湖泊调查（丰、枯季节）数据及2018年丰、平、枯三种水文情景下调查的我国东部湖群DOM来源组成特征（图1），首次全面揭示了我国东部湖群DOM组成对湖泊物理水文等自然特征及流域人类活动强度等因素的响应机制。相关成果发表在Environmental Science & Technology上。

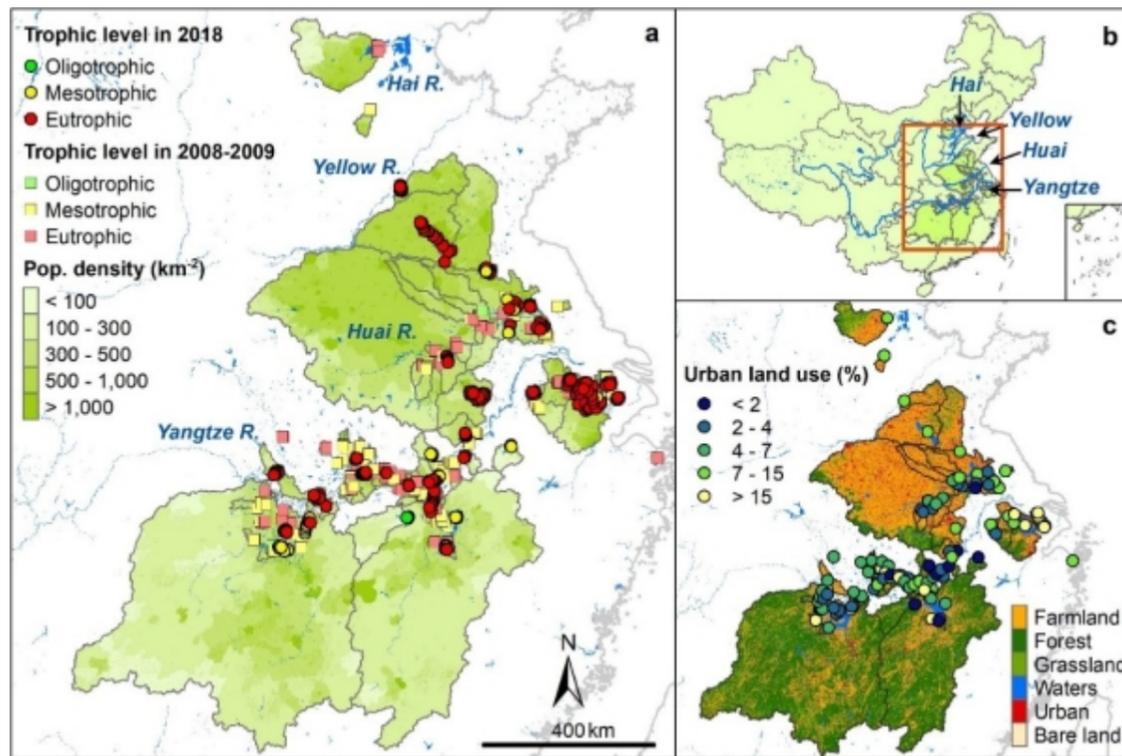


图1 调查湖泊样点位置与营养水平及对应流域人口密度、城市用地比重

研究表明，近十余年来我国东部湖群综合富营养水平TLI及叶绿素a（Chl-a）有上升趋势。TLI及Chl-a水平与流域范围内城市人口用地比重及GDP水平呈显著正相关，并直接影响湖泊溶解性有机碳（DOC）浓度及细菌丰度。由于人类生产生活废水及降水过程携带的非点源DOM输入加之藻类等水生生物降解能释放丰富的类蛋白荧光信号。类蛋白组分与类腐殖酸组分荧光信号比值（Protein : Humic）能有效表征人类活动引发的非点源DOM输入。相关分析结果表明我国东部湖群DOM中Protein : Humic与流域城市用地比重、GDP及人口密度呈显著正相关，却与对应湖泊:流域面积比值、流域总初级生产力GPP、湖泊水力滞留时间、稳定性同位素值 $\delta^{18}\text{O}-\text{H}_2\text{O}$ （亦可反映水力滞留时间）、细菌丰度等指标无显著关系（图2）。运用室内好氧生物28天培养实验，可确定此间微生物活性较强DOC比重，即BDOC，其变幅为0.1%~38%。BDOC在太湖流域内高度富营养的溇湖、阳澄湖及太湖与类蛋白组分荧光强度及Protein : Humic存在显著正相关，意味着人类活动非点源类废水排放比重越高，对应DOC的微生物活性越强。

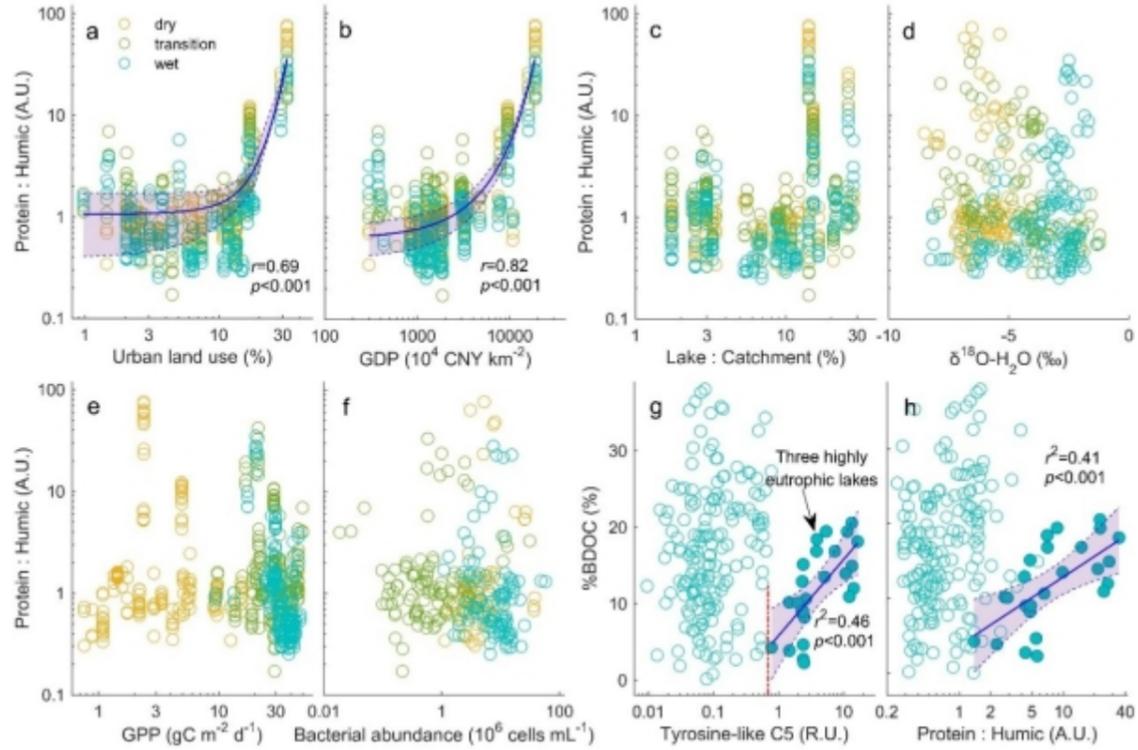


图2 Protein : Humic与流域城市用地比重、GDP、湖泊与流域面积比值、 $\delta^{18}\text{O}-\text{H}_2\text{O}$ 、总初级生产力GPP、细菌丰度之间关系；DOC的微生物活性即BDOC与类酪氨酸组分及Protein : Humic关联性

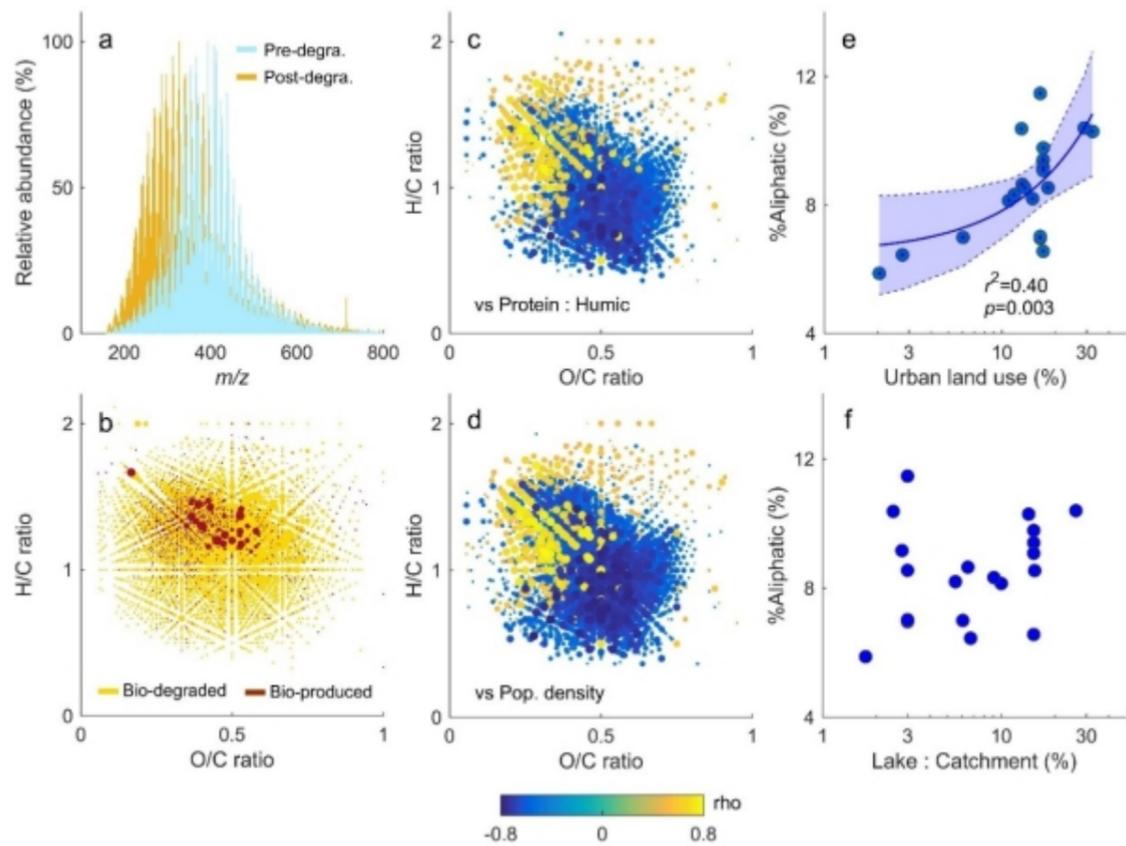
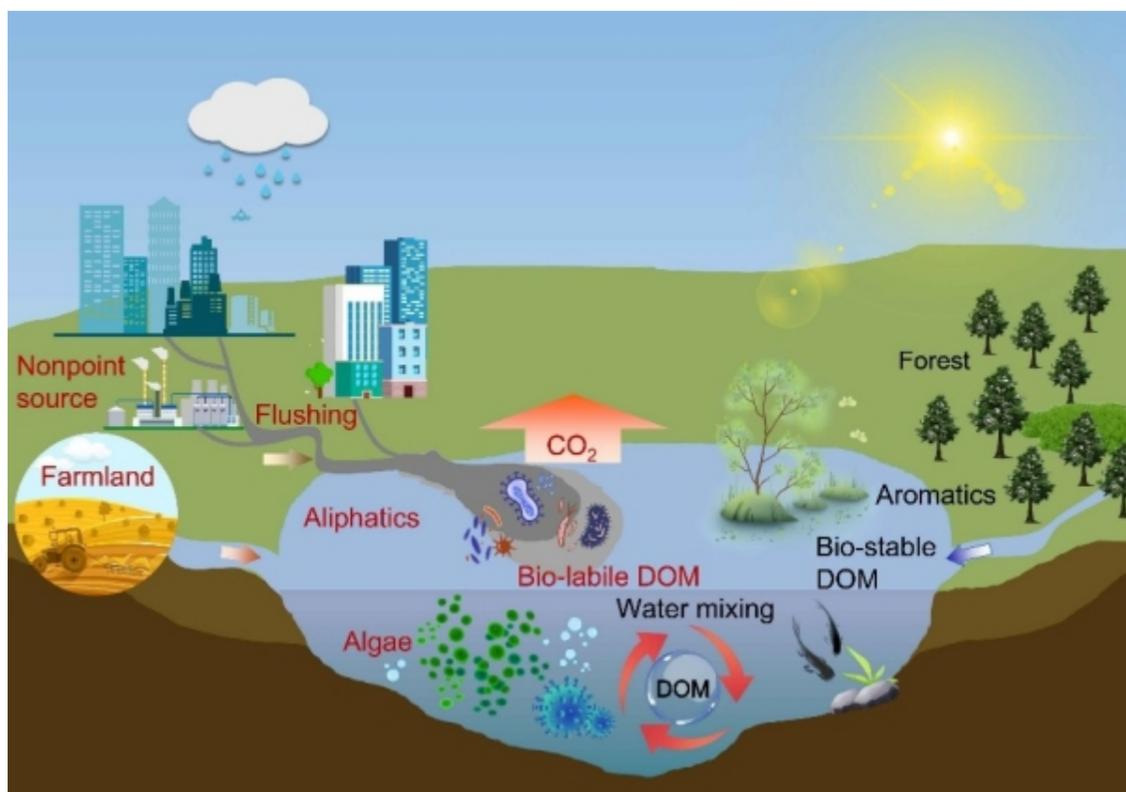


图3 傅里叶变换超高分辨率质谱FT-ICR MS揭示的富营养湖泊DOM在经历28天生物培养前后质谱图及van Krevelen揭示的降解及产生的分子组成特征；DOM分子组成与光谱Protein : Humic及流域人口密度之间Spearman秩相关系数；脂肪族类比重与城市用地占比及湖泊与流域面积比值之间关系

傅里叶变换离子回旋共振超高分辨率质谱FT-ICR MS能从分子层面揭示DOM组成特征，质核比精度可高达 10^{-6} 。28天室内生物培养实验导致质核比即分子量均值由 ~ 400 Da降至 ~ 350 Da，对应DOM中不饱和类及酚类物质相对丰度升高。通过Spearman秩相关发现，脂肪族及多肽类组分相对丰度与Protein : Humic及流域人口密度之间呈正相关，对应稠环芳烃、多酚类组分相对丰度与Protein : Humic及流域人口密度则呈负相关（图3）。



我国东部湖群跨越范围广，该区域湖泊通常是特大及大中型城市集中供水源地，我国东部地区与其他发展中国家和地区一样经历着快速的城市化过程，这意味着可预见的未来随着城镇化快速发展，更多微生物活性强的脂肪族类DOM将被排入湖泊，这也将加速该类湖群碳循环过程（图4）。

大江大河是全球陆地碳输移的大动脉。长江流域面积可达 $18 \times 10^6 \text{ km}^2$ ，长江起源于青藏高原各拉丹冬峰，向东流经6300 km并注入东海。然而在大江大河连续体层面上水文过程及人类活动强度如何影响DOM来源组成依然有待进一步探究。依托第二次青藏科考项目及国家自然科学基金重点项目等资助下，南京地理与湖泊研究所张运林研究小组周永强等人员以长江源沱沱河至入海口的样品采集结合长江下游大通站逐周野外观测结果（图5），结合长江干流国控站点2006-2018年逐周自动监测结果，揭示了长江干流DOM来源组成及微生物活性格局与驱动机制，研究成果发表在湖沼学主流刊物Limnology and Oceanography上。

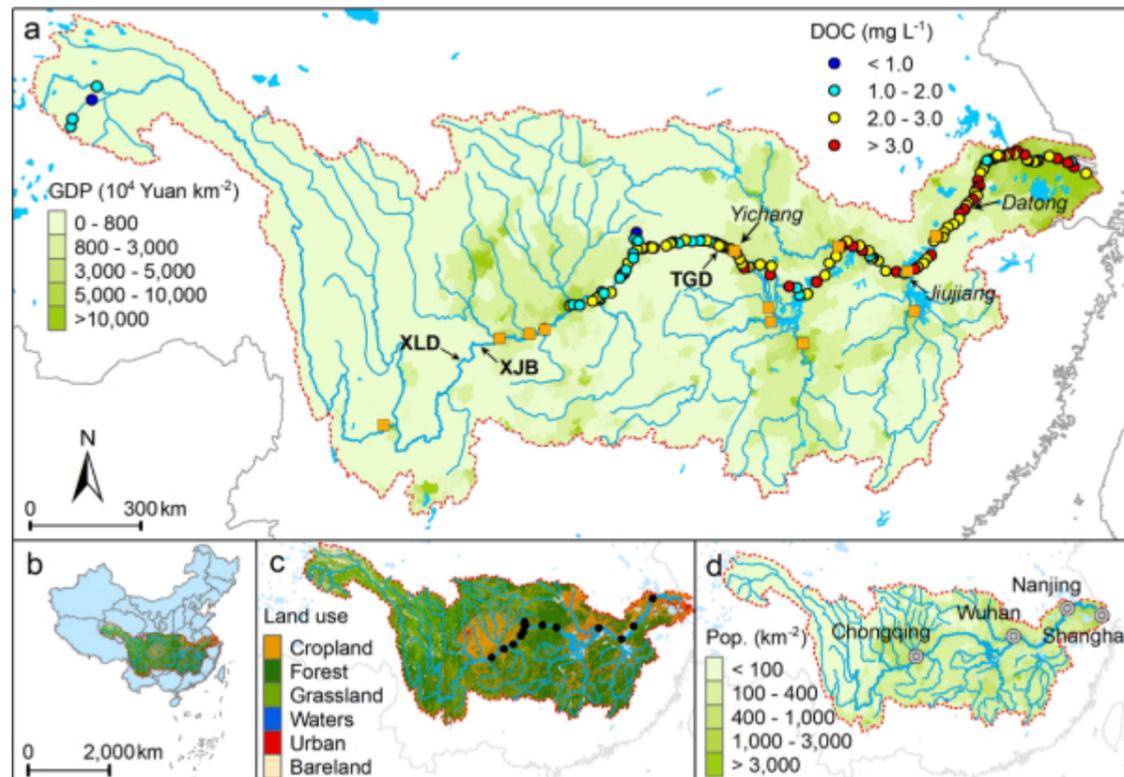


图5 长江干流野外采样点及对应溶解性有机碳DOC浓度

FT-ICR MS揭示DOM分子组成结果表明，相较于上游DOM样品而言，下游城市群附近DOM样品分子量大幅下降，对应DOM中脂肪族类及多肽类组分明显升高，相应缩合芳烃及多酚类组分相对比重下降。运用Spearman秩相关，每个样点对应光谱组成中类色氨酸、每个样点30 km缓冲区内人口密度、GDP及城市用地比重越大，DOM分子组成中脂肪族类和多肽类有机质分子式相对丰度越高，相比之下稠环芳烃相对丰度与流域内人口密度、GDP及城市用地比重呈反相关（图6）。

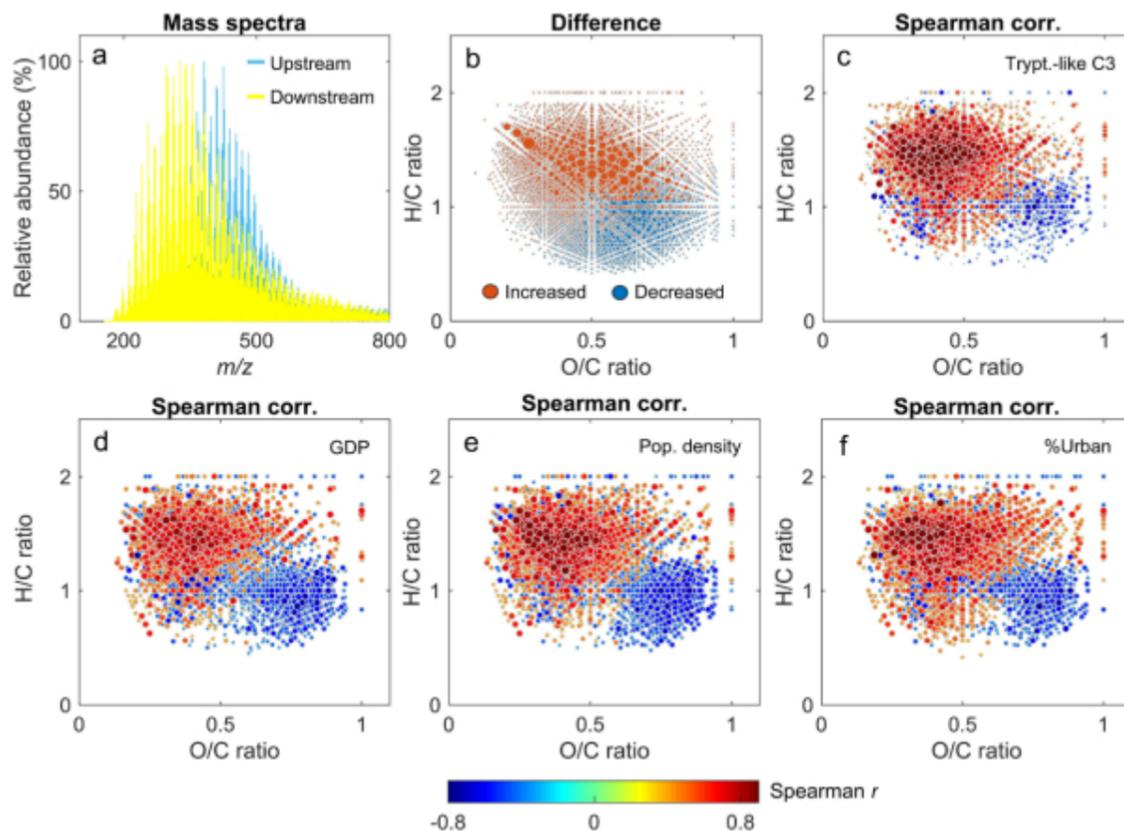


图6 FT-ICR MS揭示的长江上游与下游典型样品质谱结果，van Krevelen分子式揭示的下游相对于上游DOM分子相对丰度增高或降低结果；分子式相对丰度与GDP、人口密度及城市人口用地比例之间的Spearman相关系数

长江干流大通站逐周野外观测结果发现DOC浓度变幅为 $1.5 \sim 2.5 \text{ mg L}^{-1}$ ，DOC浓度与逐周来水量均值呈正相关，结合为期一年的野外观测由此揭示出长江干流DOC年输出通量可达 $1.5 \sim 1.8 \text{ Tg yr}^{-1}$ 。结合28天室内生物培养实验，发现DOC中有12-18%能快速被微生物降解利用。宜昌、九江及大通站逐周观测结果表明，化学耗氧量COD与各个站点对应来水量呈显著正相关，而铵态氮、溶氧DO与对应站点来水量呈显著负相关。陆源类腐殖酸组分荧光强度与长江干流大通站逐周来水量均值亦呈显著正相关（图7），这就意味着上游来水量越大，土壤淋溶有机质向下游输移的通量越大。

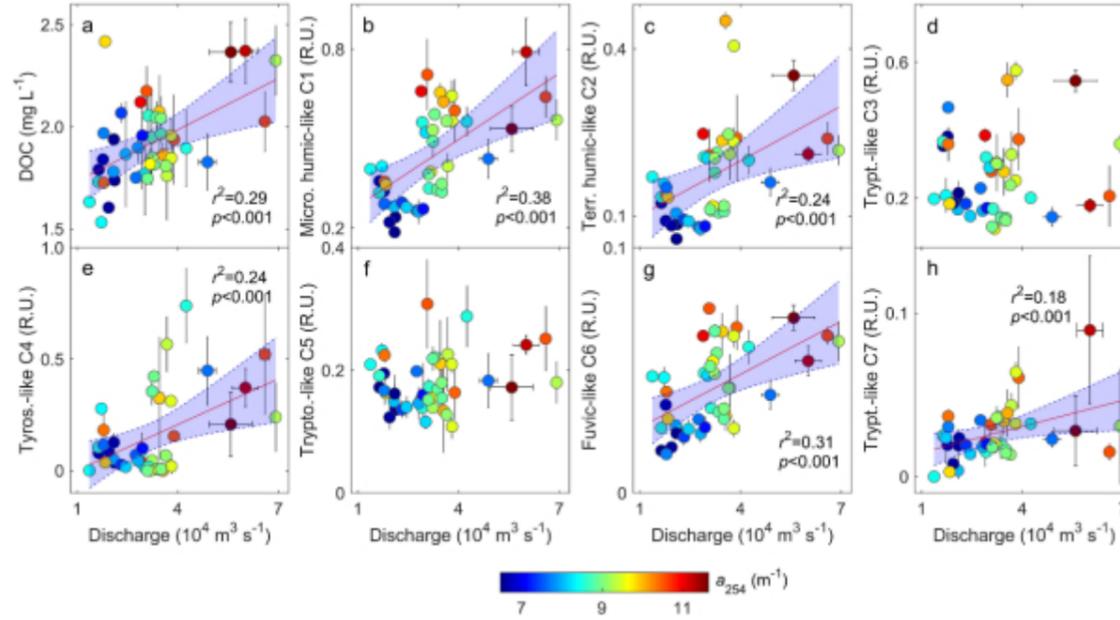


图7 长江下游大通站DOC、各类荧光组分与上游来水量关系

全文链接:

<https://doi.org/10.1021/acs.est.1c08003> (<https://doi.org/10.1021/acs.est.1c08003>)

<https://doi.org/10.1002/lno.11716> (<https://doi.org/10.1002/lno.11716>)

Copyright 2020 中国科学院南京地理与湖泊研究所
 地址: 南京市北京东路73号 邮编: 210008
 电话: 025-86882010 025-86882020 025-86882030
 传真: 025-57714759
 电子邮件: niglas@niglas.ac.cn
 (<mailto:niglas@niglas.ac.cn>)
 苏ICP备05004319号 苏公网安备32010202010378号