

不同土地利用类型下上海中小河流浮游植物群落特征与水质参数关系研究

An Investigation into the Correlation Between the Characteristics of Phytoplankton Communities and Water Quality Parameters in Small to Medium-sized Rivers in Shanghai Across Various Land Use Types

王莹*
WANG Ying*

(上海市园林科学规划研究院, 城市困难绿地生态园林国家林业和草原局重点实验室, 国家林业和草原局城市困难绿地绿化造林国家创新联盟, 上海城市困难绿地绿化工程技术研究中心, 上海 200232)

(Shanghai Academy of Landscape Architecture Science and Planning, Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Ecological Landscaping of Challenging Urban Sites, National Innovation Alliance of National Forestry and Grassland Administration on Afforestation and Landscaping of Challenging Urban Sites, Shanghai Engineering Research Center of Landscaping on Challenging Urban Sites, Shanghai, China, 200232)

文章编号: 1000-0283(2025)06-0114-08
DOI: 10.12193/j.laing.2025.06.0114.013
中图分类号: TU986
文献标志码: A
收稿日期: 2024-10-17
修回日期: 2025-01-08

摘要

以上海市中小河流为研究对象, 探讨不同土地利用类型(居住用地、农业用地、商用地、工业用地)对浮游植物群落特征及水质参数的影响。通过野外采样和实验室分析, 结合浮游植物群落结构(物种组成、多样性指数等)和水质参数(pH、电导率(Cond)、总悬浮物(TSS)、叶绿素(Chla)、总氮(TN)、总磷(TP)), 揭示了土地利用类型与浮游植物群落特征之间的关系。研究表明, 居住区域河流浮游植物群落以隐藻属(*Cryptomonas*)为主, 营养盐浓度较高, 生物量较高, 但多样性较低; 农业区域河流浮游植物群落以黄群藻属(*Synura*)为主; 工业区域及商业区域周边河流浮游植物群落以*Telcaulax*为主。河道周边土地利用类型显著影响浮游植物多样性指数($p<0.05$)、OTU的丰富度(Chao指数)($p<0.05$)。冗余分析表明, TN、TSS、pH、Chla以及Cond显著($p<0.05$)影响浮游植物群落组成。黄群藻属、斜片藻属(*Plagioselmis*)、鱼鳞藻属(*Mallomonas*)可以作为指示种做进一步的探讨。旨在为上海市中小河流的水生态修复和水质管理提供科学依据。

关键词

浮游植物群落; 土地利用类型; 水质参数; 中小河流; 冗余分析

Abstract

This study examines the small and medium-sized rivers in Shanghai to investigate the effects of various land use types, namely residential, agricultural, commercial, and industrial, on the characteristics of phytoplankton communities and water quality parameters. Through a combination of field sampling and laboratory analysis, which encompasses phytoplankton community structure (including species composition and diversity indices) as well as water quality parameters (such as pH, conductivity (Cond), total suspended solids (TSS), chlorophyll-a (Chla), total nitrogen (TN), and total phosphorus (TP)), the correlation between land use types and phytoplankton community characteristics is elucidated. The results indicate that rivers situated in residential areas are predominantly characterized by *Cryptomonas*, displaying elevated nutrient concentrations, increased biomass, yet reduced diversity. In agricultural regions, the phytoplankton community is primarily represented by *Synura*, whereas in industrial and commercial zones, *Telcaulax* emerges as the dominant species. The types of land use surrounding the rivers significantly influence the diversity indices of phytoplankton ($p<0.05$) as well as the richness of OTUs as measured by the Chao index ($p<0.05$). Redundancy Analysis (RDA) indicates that TN, TSS, pH, Chla, and Cond significantly ($p<0.05$) impact the composition of phytoplankton communities. The genera *Synura*, *Plagioselmis*, and *Mallomonas* warrant further investigation as potential indicator species. This study establishes a scientific foundation for the ecological restoration and water quality management of small to medium-sized rivers in Shanghai.

Keywords

phytoplankton community; land use type; water quality parameter; small and medium river; redundancy analysis

王莹

1985年生/女/江西抚州人/博士/工程师/
研究方向为净化与恢复生态学

*通信作者 (Author for correspondence)
E-mail: wy@shsyky.com

基金项目:

上海市绿化和市容管理局科技项目“上海公园绿地海绵城市建设成效评估与优化提升关键技术研究”(编号: G240202)

城市化进程中的土地利用变化显著影响河流生态系统, 尤其是浮游植物群落结构, 其作为初级生产者和水环境变化的敏感指示者, 对水质演变具有重要指示作用^[1-2]。上海作为高度城市化的超大城市, 其密集的中小河流网络正面临居住用地扩张、农业面源污染、工商业活动等多重压力, 导致水体富营养化及生物群落结构改变^[3-4]。然而, 目前针对不同土地利用类型(如居住、农业、商业、工业用地)对中小河流浮游植物群落特征及水质影响的系统性研究仍较缺乏, 特别是对典型优势种及其环境驱动因子的识别仍需深入探讨。已有研究表明, 土地利用方式通过改变水文过程及营养盐输入, 进而影响浮游植物群落组成和多样性^[5-6]。农业区河流通常受氮磷输入影响, 易形成特定藻类优势种^[7], 而城市居住区则可能因生活污水排放导致耐污性藻类增多^[8]。然而, 不同功能型城市区域(如商业区、工业区)对浮游植物的影响机制仍不明确, 且现有研究多关注大型水体或单一污染源, 对中小河流在不同人类活动干扰下的响应模式研究不足^[9]。上海作为典型的高密度城市, 其土地利用类型复杂多样, 为探究城市化梯度下浮游植物群落的演替规律提供了理想案例。

在研究方法学层面, 传统显微镜观察法虽具有直接可靠的优势, 但其对专业经验的依赖和耗时费力的特点限制了在大规模监测中的应用^[10]。近年来, 浮游植物检测技术取得了显著进展, 包括基于形态学的图像识别、核酸分析、免疫检测、色素标记和光学特性分析等多种方法^[11]。然而, 这些方法在实际应用中往往难以兼顾准确性和时效性, 无法满足中小河流快速监测的需求。环境DNA(eDNA)技术通过捕获环境样品中的特异性DNA片段, 结合高通量测序技术实现生物群

落的定性和定量分析, 能够准确反映生物体的空间分布和生态功能特征^[12-13]。与传统方法相比, eDNA技术在基因组水平上研究浮游植物群落具有显著优势, 包括更高的检测灵敏度和物种分辨率^[14], 特别适用于中小河流浮游植物群落的快速鉴定和定量分析。

本研究以上海市中小河流为对象, 选取居住用地(JZ)、农业用地(LY)、商用地(SY)及工业用地(GY)周边河道, 整合eDNA技术和关键水质参数(pH、电导率(Cond)、总悬浮物(TSS)、叶绿素(Chla)、总氮(TN)、总磷(TP))测定, 重点解决以下科学问题:(1)不同土地利用类型下浮游植物优势种及群落特征的差异;(2)驱动浮游植物空间分布的关键环境因子识别;(3)潜在生物指示种及其对水环境管理的意义。研究结果可为上海市中小河流的生态修复及精准治理提供科学依据, 并为类似高度城市化区域的水环境管理提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

罗店镇紧邻长江口, 其河网水系属于黄浦江感潮河网水系, 受潮汐影响显著。由于城市化程度较高, 罗店镇的河网面积率相对较低。目前, 罗店镇现状水面积约为2.64 km², 现状河网率为6.53%。根据规划, 未来河湖水面积将增至4.39 km², 规划河网率为10.9%。罗店镇位于嘉宝北片, 境内所有河道均与嘉宝北片大水体直接连通, 且未设置泵、闸等水利控制设施, 水资源调度完全依赖于嘉宝北片大水体。

本研究根据河道区域和功能的多样性, 选取罗店镇内包含农村地区、新建城区、老城区及景观水体的区域作为研究范围。研究范围北至练祁河, 东至潘泾, 南至G1501高



图1 研究区域样点分布
Fig. 1 Distribution of sample points in the study area

速公路, 西至罗店镇行政边界, 共涵盖37条整治河道水系和11片整治景观水体, 覆盖总面积达23.43 km²。

1.2 采样方法

本研究选取上海市罗店镇为研究区域, 共设置9个样点, 涉及的河道分别为罗南长浜(LNC1、LNC2)、池沟(CHI)、陶浜(TAO)、罗店市河(SH)、小练祁河(XLQ)、杜家沟(DJG)、长下沟(CXG)以及北沙带(BSD)(图1)。其中罗南长浜(LNC1、LNC2)、池沟(CHI)以及陶浜(TAO)河道周边主要为居住用地, 杜家沟(DJG)、长下沟(CXG)以及北沙带(BSD)河道周边主要为农用地, 罗店市河(SH)河道周边主要为商业用地, 小练祁河(XLQ)周边主要为工业用地。本次调查的采样时间为2021年10-11月, 每个点位, 选取河道断面的1/2、3/8、1/8处采集表层10 cm水

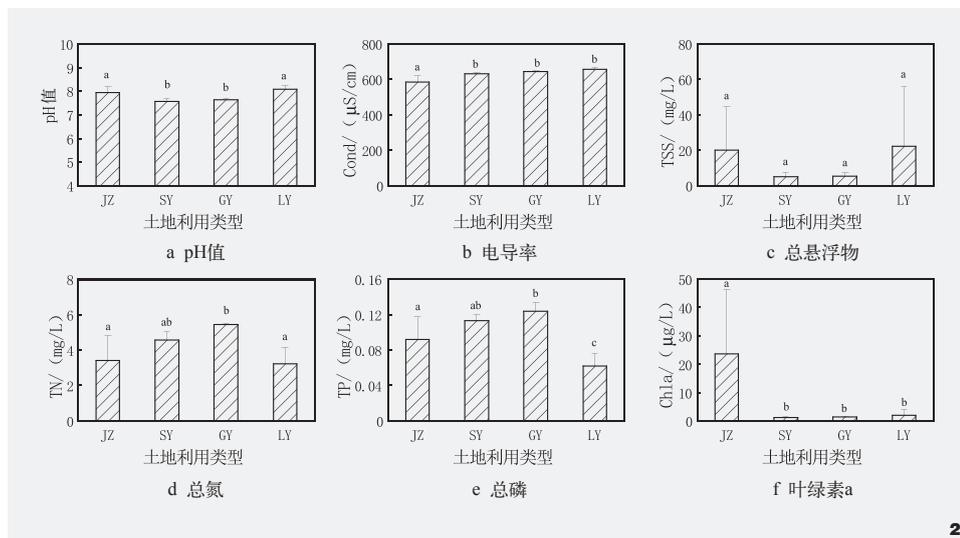


图2 4个类型片区水质现状
Fig. 2 Current water quality status in four types of areas

体一共5个样品，将水样存放于4℃冰箱中冷藏，并于一周内完成检测。

1.3 样品处理及鉴定

1.3.1 水质指标监测

Chla采用丙酮提取法，TSS采用重量法，TP采用过硫酸钾消解钼酸铵分光光度法，TN采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法，pH及Cond用多参水质分析仪（Hach，Hydrolab Surveyor 4a/hydrolab DS5，美国）现场测定。

1.3.2 浮游植物

采集500 ml水体样本，使用0.22 μm微孔滤膜过滤。滤膜采用OMEGA水样基因组提取试剂盒（D5625-01 Water DNA Kit）进行基因组DNA提取与纯化。使用引物p23SrVF（5'-GGACAGAAAGACCCTATGAA-3'）和p23SrVR（5'-TCAGCCTGTTATCCCTAGA-3'），针对水体中真核藻类的23S rRNA基因区段进行PCR扩增，并设定扩增长度为410 bp。送上海美吉生物医药科技有限公司利用Illumina公司的Miseq PE300平

台进行测序分析。

1.4 数据分析及图表绘制

物种分类单元的交叉率是目前评价环境DNA（eDNA）监测结果重复性最为常用的方法^[15]。本研究通过平行样分析eDNA监测结果的可重复性，分别从遗传多样性操作分类单元（OTU）和可注释分类单元属水平构建eDNA监测精确性评价方法，评价指标包括平行样的OTU或属交叉率，以及至少出现在两个平行中的OTU或属交叉率。平行间OTU或属的交叉情况计算见公式（1）（2）。

$$R_1 = \frac{5 \times N_{2,n}}{\sum_{n=1}^5 N_{1,n}} \quad (1)$$

$$R_2 = \frac{\sum_{n=2}^5 n \times N_{3,n}}{\sum_{n=1}^5 N_{1,n}} \quad (2)$$

式中， R_1 为5个平行OTU或属交叉率， R_2 为至少出现在两个平行中的OTU或属交叉率， $N_{1,n}$ 为平行n的OTU或属数目， $N_{2,n}$ 为共有的OTU或属数目， $N_{3,n}$ 为只在n个平行共有的OTU

或属数目。

各样点平行样本交叉率数据图的绘制采用Origin 2018。均值及标准偏差均利用Excel进行计算，数理统计利用SPSS statistics 23 Software，采用单因素方差分析方法。其他数据图利用美吉生物云平台（<https://cloud.majorbio.com>）进行绘制。

2 结果

2.1 河道水质状况

本研究对农业片区（LY：BSD、CXG、DJG）、居住区域（JZ：CHI、LNC1、LNC2、TAO）、商业区域（SY：SH）、工业区域（GY：XLQ）4个典型片区周边河道水质进行了系统调查，重点分析了pH、Cond、TSS、TN、TP、Chla等指标（图2）。结果表明，除TSS外，不同土地利用类型对周边河道水质的影响存在显著差异（ $p < 0.05$ ）。感潮河网受潮汐影响显著，4个典型片区的pH值均为弱碱性（7.4~8.4），Cond值均较高，范围为537~664 μS/cm，水体中溶解性盐类浓度较高。JZ及LY区域的TSS较高，原因可能与居住区域的土地开发以及农田水土流失有关。4个典型片区的TN及TP含量普遍处于较高水平，其中工业区域的TN及TP含量最高，达到 5.43 ± 0.05 mg/L， 0.12 ± 0.01 mg/L。但该地区Chla浓度较低，工业活动产生化学物质可能抑制了藻类生长。居住区域Chla浓度较高，表明水体富营养化程度较高。

2.2 浮游植物群落特征

2.2.1 基于eDNA监测浮游生物多样性的精确性评价

研究结果显示，5个生物平行样本中均出现的OTU交叉率达到 $42.77\% \pm 5.30\%$ ，至少在两个平行样中出现的OTU所占比例为 $83.17\% \pm 8.62\%$ （图3-a）。在属水平上，5个平

行样本的交叉率达到 $61.33\% \pm 5.23\%$ ，至少出现在两个平行样的属所占比例为 $91.41\% \pm 4.54\%$ (图3-b)。

Zhang等^[7]基于454焦磷酸测序平台的研究发现重复样本间OTU交叉率为59.8%，在目水平的交叉率可达到89.5%。Wen等^[16]基于Illumina测序平台，用16S-V4引物扩增土壤中微生物多样性，发现不同测序重复之间在OTU水平的重复率为39%。张丽娟等^[14]基于Ion-Proton测序平台，用18S-V9引物扩增湖泊真核浮游植物多样性，发现三个平行样之间在OTU水平的重复率为 $45.97\% \pm 1.67\%$ ，在属水平的交叉率可达到 $84.16\% \pm 3.76\%$ 。说明更高的物种分类单元平行样间具有交叉率更高。平行样本之间交叉的OTU覆盖了高丰度的OTU，每个平行样本特有的OTU为低丰度OTU。本研究将平行样的个数从三个增加到5个，交叉率略有下降，但单个样品特有的OTU数增加了。有研究认为这些低丰度OTU可能是实验室操作过程中引入的测序错误，如PCR扩增和测序过程中引入的低频率错误序列^[16]，但是也有研究发现这些低丰度的OTU可能是群落中的稀有物种，具有重要的生态功能^[17]。所以平行样品数量的设定应该慎重选择。平行样品间的生物多样性监测误差受多方面因素影响：(1) 采样不均匀；(2) 采样或实验室污染引入少量低丰度的序列误差等；(3) 技术误差，样品提取扩增、测序及生物信息学过程^[14-16]。近年来测序过程越来越标准化，极大地避免了技术误差带来的监测误差。在河道生态环境eDNA监测中主要需要采集平行样本，并针对样品采集及提取做好质控，来识别和降低误差，保证数据质量和评估结果的可信度。

2.2.2 Alpha多样性分析

Shannon指数是衡量物种均匀度和丰富

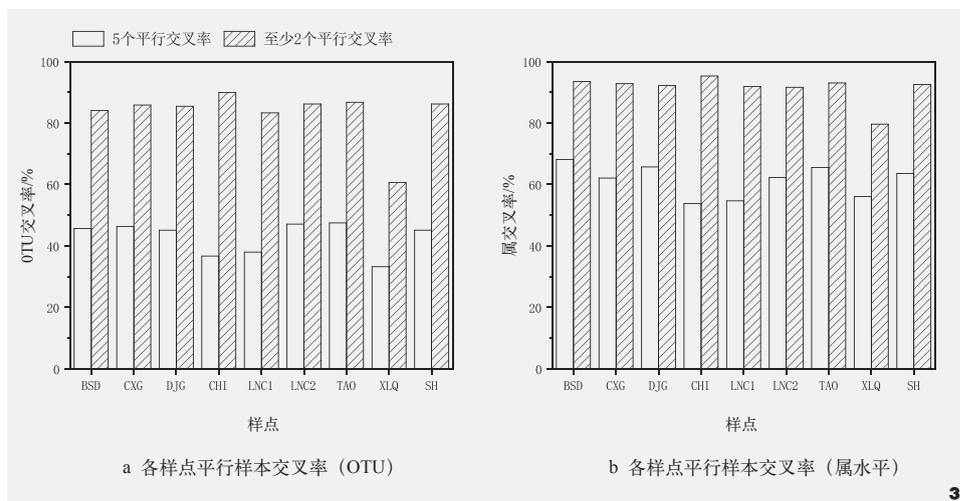


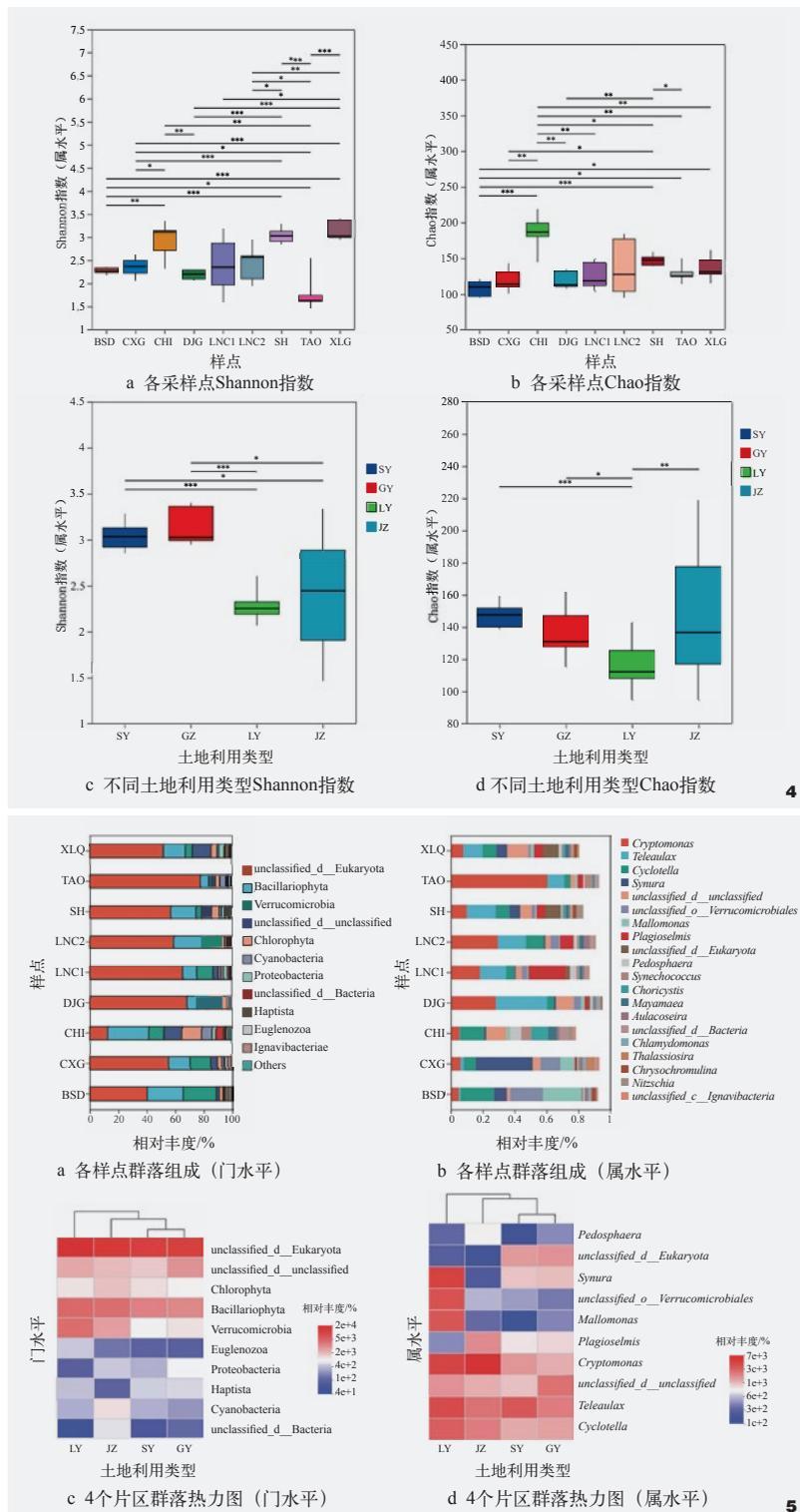
图3 各样点平行样本交叉率
Fig. 3 Overlap rates of parallel samples across sampling sites

度的综合指标。Chao指数是反映群落里物种总数的指标。通过Shannon指数组间差异分析发现，浮游植物的多样性 $LY < JZ < SY < GY$ ，差异显著，河道周边土地利用类型显著影响浮游植物多样性指数 ($p < 0.05$)。OTU的丰富度 (Chao指数) SY与GY差异不显著 ($p > 0.05$)，LY的OTU的丰富度显著低于其他区域 ($p < 0.05$) (图4)。

2.2.3 物种组成分析

由图5-a所示，门水平浮游植物的优势种为硅藻门 (Bacillariophyta)、绿藻门 (Chlorophyta)、蓝藻门 (Cyanobacteria)、裸藻门 (Euglenozoa)、金藻门 (Haptista)，其中硅藻门占比最高，相对丰度TAO最低为5.43%，CHI最高为29.0%。浮游细菌优势种为疣微菌门 (Verrucomicrobia)、变形菌门 (Proteobacteria)。将浮游植物优势种群的作为评价水质污染的指示，硅藻门和绿藻门的大量出现代表富营养水体^[18-19]。此次调查的9个样点河道经过前期的治理点源污染虽得到了较好的控制，但面源污染和内源污染尚无法杜绝。

LY区域样点 (BSD、CXG、DJG) 浮游植物群落呈现典型的富营养化特征 (图5-b)：BSD优势种为鱼鳞藻属 (*Mallomonas*，相对丰度24.21%)、小环藻属 (*Cyclotella*，相对丰度20.87%)、黄群藻属 (*Synura*，相对丰度8.27%)、隐藻属 (*Cryptomonas*，相对丰度5.03%)；其中鱼鳞藻属、小环藻属、黄群藻属均为污水污染水域的常见指示物种^[20]；其优势地位反映了农业面源污染的影响。CXG优势种组成与BSD相似，但尖尾裸藻 (*Teleaulax*，2.08%) 取代小环藻属成为第三优势种。DJG样点尖尾裸藻 (32.00%) 和隐藻属 (28.31%) 占据绝对优势，小环藻属丰度降至4.20%。JZ区域样点 (LNC、CHI、TAO)：LNC两个样点优势种组成基本相同，均以斜片藻属 (*Plagioselmis*)、隐藻属、尖尾裸藻、小环藻属为主。CHI优势种为小环藻属、索囊藻属 (*Choricystis*)、聚球藻属 (*Synechococcus*)、隐藻属。索囊藻属是为中国新纪录属，该属的寄生索囊藻是淡水海绵共生球状绿藻^[21]，聚球藻属属于蓝细菌门，它们在营养丰富、环境稳定的条件下容易大量增殖^[22]；TAO的优势种为隐藻属、尖尾裸藻、



聚球藻属、小环藻属。商业区 (SY) 与工业区 (GY) 特征: SH 的优势种为尖尾裸藻 (18.11%)、隐藻属 (10.06%)。因为水体 TN 含量较高, 优势种均为喜生有机物和氮丰富生境的裸藻和隐藻。XLQ 优势种为尖尾裸藻 (11.86%)、小环藻属 (8.68%)。由图 5-c 和图 5-d 可知不同土地利用类型的优势种差异显著。LY 区域的的优势种为黄群藻属, JZ 区域的优势种为隐藻属, SY 和 GY 区域的优势种为 Telcaulax。

2.2.4 物种差异分析

对 SY、GY、LY 和 JZ 这 4 个不同地区的样本进行优势属 (图 6-a) 和优势门 (图 6-b) 的组间差异显著性检验分析, 结果表明, 在门水平, 4 个地区浮游微生物组成有显著性差异的物种主要有: 蓝藻门、变形菌门、金藻门、裸藻门、疣微菌门、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、厚壁菌门 (Firmicutes)、Candidatus Gracilbacteria、节肢动物门 (Arthropoda)、链形植物 (Streptophyta) ($p < 0.05$); 其中 LY 区域的疣微菌门、裸藻门丰度显著高于其他区域; JZ 区域蓝藻门丰度显著高于其他区域; SY 区域金藻门、拟杆菌门、厚壁菌门丰度显著高于其他区域。GY 区域变形菌门丰度显著高于其他区域。

属水平具有显著性的差异的物种主要有: 黄群藻属、斜片藻属、鱼鳞藻属、马雅美藻属 (*Mayamaea*)、疣微菌属 (*Pedospaera*)、索囊藻属、金色藻属 (*Chrysochromulina*)、聚球藻属、菱形藻属 (*Nitzschia*)、*Poterospumella*、海链藻属 (*Thalassiosira*)。其中 LY 区域的黄群藻属、鱼鳞藻属丰度显著高于其他区域; JZ 区域斜片藻属、疣微菌属、索囊藻属、聚球藻属丰度显著高于其他区域; SY 区域金色藻属、菱形藻属、*Poterospumella* 丰度显著高于其他区域。GY 区域马雅美藻属丰度显著高于其他区域。

2.2.5 城市土地使用对浮游植物的影响

浮游藻类群落表现出按河道周边土地利用类型设置分组 (Bray-Curtis ANOSIM=0.3512, $p=0.001$) 的聚类, 且样品组间差异更加显著大于组内差异, 即按该因素分组分析具有统计学意义 (图 7-a)。PCoA 分析 (PERMANOVA, $R=0.351$, $p=0.001$) 显示 (图 7-b), LY、JZ、SY 和 GY 的细菌群落之间存在明显的分离, 说明河道周边土地利用类型对水体浮游植物群落组成有显著影响。

图4 浮游植物属水平多样性指数空间分布特征
Fig. 4 Spatial distribution characteristics of genus-level diversity indices of phytoplankton communities

图5 物种组成分析
Fig. 5 Community composition analysis

2.2.6 水质对浮游植物的影响

通过VIF方差膨胀因子分析, 筛选去除 $p > 0.05$ 或 $VIF > 10$ 的环境因子(表1)。筛选后的环境因子用于做冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)分析。

RDA分析揭示了浮游植物属水平群落组成与不同环境因子之间的相关性(图8), 拟合分析结果见表2。结果表明, TN、TSS、pH、Chla以及Cond对浮游植物群落组成具有显著影响($p < 0.05$)。其中, TSS对物种数据的影响程度最大($R^2 = 0.2971$), 其次是Cond、Chla、pH、TN。虽然pH和Cond在潮汐河网中表现出较高的解释度, 但基于管理可行性和工程可控性考虑, 选择重点分析TN、TSS和Chla的影响。TSS和TN与Chla呈显著正相关关系, 证实了悬浮物和营养盐对浮游植物生物量的促进作用。研究的4个片区TSS浓度差异不显著($p > 0.05$), 但其浓度已显著改变了水体光环境特征, 促进了具有鞭毛运动能力的隐藻属、尖尾裸藻等属的生长, 同时抑制了斜片藻属等附着型藻类的发展。TN浓度在片区间存在显著差异($p < 0.05$)。TN与隐藻属、尖尾裸藻、斜片藻属等属明显正相关, 而与鱼鳞藻属、黄群藻属、小环藻属等属明显负相关。在物种差异分析中, 黄群藻属、斜片藻属、鱼鳞藻属在各片区之间表现出显著差异, 可作为指示物种进行深入研究。

3 讨论

浮游植物对环境变化高度敏感^[23-24]并经常作为外部干扰引起的水生生态变化的重要指标^[25]。了解河流浮游植物群落结构和功能对城市化的反应对可持续管理至关重要。本研究显示, 上海中小河流浮游植物群落以硅藻门、绿藻门、蓝藻门为主。这一组成特征与长三角地区城市化河流富营养化的普遍模

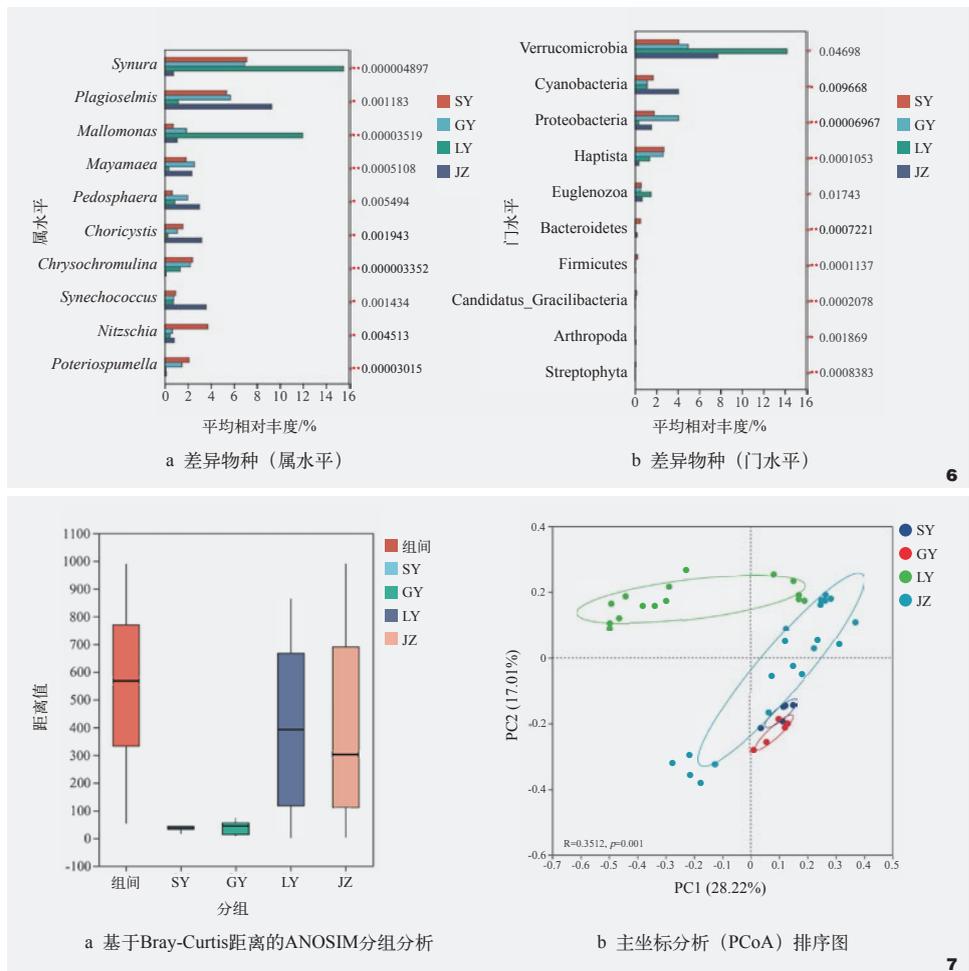


图6 4个类型片区差异物种
Fig. 6 Differential species in four types of areas

图7 浮游植物群落结构多元统计分析
Fig. 7 Multivariate statistical analysis of phytoplankton community structure

表1 环境因子的VIF值
Tab. 1 VIF values of environmental factors

	pH	电导率(Cond) Conductivity	总悬浮物(TSS) Total suspended Solids	叶绿素(Chla) Chlorophyll-a	总氮(TN) Total nitrogen	总磷(TP) Total phosphorus
VIF 值	6.90	2.39	1.17	2.86	3.09	5.74

式相符^[26-27]。这种群落结构特征可能源于城市河流普遍面临的高营养盐输入(如氮、磷)以及水文条件的人为调控(如河道硬化、闸坝控制)。然而, 与上海郊区或自然湿地保留较好的河流^[28]相比, 本研究区域中硅藻比例

显著偏高, 这可能与河道清淤工程导致的硅酸盐释放增加有关。多数蓝藻适宜在较稳定的水体中生长, 而绿藻和硅藻则更适应紊乱的水体条件^[29]。

研究结果还显示, 从LY区域到GY区域

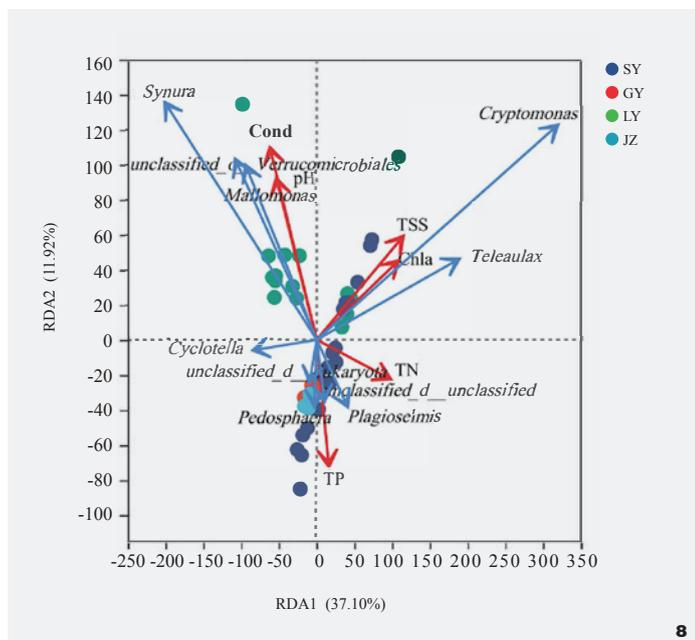


图8 环境因子关联RDA分析
Fig. 8 RDA analysis of environmental factors

表2 环境因子拟合分析结果表
Tab. 2 Envfit environmental factor analysis results

环境因子 Environmental factors	RDA1	RDA2	R ²	p
pH	-0.6094	0.7929	0.2094	0.005
Cond	-0.6004	0.7997	0.2959	0.002
TSS	0.9417	0.3365	0.2971	0.005
Chla	0.9648	0.2630	0.2470	0.003
TP	0.3373	-0.9414	0.0918	0.119
TN	0.9693	-0.2457	0.1942	0.009

浮游植物群落组成发生了重大变化，优势种从鱼鳞藻属、黄群藻属向尖尾裸藻转变。群落构成的这种变化可归因于受当地或区域土地利用影响的环境条件的变化^[30]。浮游植物通过相对丰度、多样性的变化，展现出对环境条件的适应性调节机制。深入分析表明，这一生态过程主要受到两个关键环境因子的协同影响：首先是氮负荷的梯度变化（TN浓度从3.22 mg/L递增至5.43 mg/L），其次是浊度的显著升高（TSS从4.85 mg/L上升至22.07 mg/L）。这些环境因子的改变共同重塑了水生生态系统的选择压力，进而促进了具有特定适应特征的物种的优势发展。其中，水体浊度的增加（TSS达22.07 mg/L）导致透光率显著降低^[31]，使光照条件成为浮游植物生长和光合作用的主要限制因子；与

此同时，营养盐的持续富集则深刻改变了群落的物种组成格局^[32]。这种双重环境压力的交互作用在农业区（LY）表现得尤为突出，尽管该区域营养物质浓度处于较高水平，但强烈的光限制效应使得Chla浓度始终维持在较低范围（<2 μg/L）。与Yang等^[20]的研究结论不同，本研究发现商业区（SY）和工业区（GY）的浮游生物多样性（Shannon指数）及丰富度（Chao指数）显著高于农业区（LY）。这可能源于城市化活动创造的中度干扰环境和工业区复合污染形成的生态位分化。与此形成鲜明对比的是，居住区（JZ）表现出较高的初级生产力水平，其Chla浓度维持在23.59 μg/L的较高水平，这反映了不同土地利用类型下浮游植物群落对环境胁迫的差异化响应策略。

城市化进程通过多重途径显著改变了河流生态系统的基本特征^[1,33]。一方面，陆地生态系统的自然表面被大量不透水地面所取代；另一方面，水生生态系统的栖息地物理结构和水文特性也发生了深刻改变。这些变化导致来自家庭污水、工业排放和农业活动的营养负荷和无点源污染物显著增加，从而极大地改变了水环境条件^[34-35]。在此背景下，浮游植物群落的演替规律不仅反映了环境压力的空间异质性，也为制定差异化的流域管理策略提供了科学依据。未来研究应重点关注城市化进程中浮游植物功能性状的适应性演化，以及这些变化对生态系统服务功能的长期影响。

4 结论

本研究系统揭示了不同土地利用类型下浮游植物群落的差异化特征。居住区域河流浮游植物群落以隐藻属为主，营养盐浓度较高，生物量较高，但多样性较低；农业区域河流浮游植物群落以黄群藻属为主；工业区域及商业区域周边河流浮游植物群落以Telcaulax为主。河道周边土地利用类型显著影响浮游植物多样性指数（ $p < 0.05$ ）和OTU丰富度（Chao指数）（ $p < 0.05$ ）。通过RDA发现，TN、TSS、pH、Chla以及Cond是驱动浮游植物群落结构变异的关键环境因子（ $p < 0.05$ ）。特别值得注意的是，黄群藻属、斜片藻属和鱼鳞藻属等藻类物种展现出显著的生境偏好性，可作为不同土地利用类型水体的潜在生物指示种。

在方法学层面，本研究验证了eDNA技术在浮游真核藻类监测中的可靠性。研究建议在河道生态环境eDNA监测中采用平行样品采集策略，该方法不仅能有效识别和降低技术误差，更能确保数据质量和评估结果的可信度，为中小河流浮游植物群落快速监测提供了标准化操作流程。

注：文中图表均由作者绘制。

参考文献

- [1] PAUL M J, MEYER J L. Streams in the Urban Landscape[J]. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 2001, 32: 333-365.
- [2] MARASLIOGLU F, BEKTAS S. Characterization of Spatiotemporal Variations in Mert Stream Water Quality by Phytoplankton Community and Biological Indices[J]. Ksu Tarim Ve Doga Dergisi-Ksu Journal of Agriculture and Nature, 2022, 25: 42-53.
- [3] ALLAN J D. Landscapes and Riverscapes: The Influence of Land Use on Stream Ecosystems[J]. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 2004, 35: 257-284.
- [4] FAN Y, CHEN K, DAI Z, et al. Land Use/Cover Drive Functional Patterns of Bacterial Communities in Sediments of a Subtropical River, China[J]. Science of the Total Environment, 2024, 947: 174564.
- [5] STOMP M, HUISMAN J, MITTELBAACH G G, et al. Large-Scale Biodiversity Patterns in Freshwater Phytoplankton[J]. Ecology, 2011, 92(11): 2096-2107.
- [6] WU N, SCHMALZ B, FOHRER N. Development and Testing of a Phytoplankton Index of Biotic Integrity (P-IBI) for a German Lowland River[J]. Ecological Indicators, 2012, 13(1): 158-167.
- [7] ZHANG Z, GAO J, CAI Y. The Direct and Indirect Effects of Land Use and Water Quality on Phytoplankton Communities in an Agriculture-Dominated Basin[J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2020, 192: 760.
- [8] KHAN S. Impact of Urban Pollution on Biological Parameters of River Mithi[J]. Advances in Plant Sciences, 2008, 21(2): 581-584.
- [9] PIANO E, ISAIA M, FALASCO E, et al. Local Versus Landscape Spatial Influence on Biodiversity: A Case Study Across Five European Industrialized Areas[J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2017, 189: 126.
- [10] 钱奎梅, 刘霞, 陈宇炜. 淡水浮游植物计数与定量方法[J]. 湖泊科学, 2015, 27(05): 767-775.
- [11] 于志刚, 米钱柱, 姚鹏, 等. 赤潮藻鉴定与定量检测方法进展[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2009, 39(05): 1067-1076.
- [12] FICETOLA G F, MIAUD C, POMPANON F, et al. Species Detection Using Environmental DNA From Water Samples[J]. Biology Letters, 2008, 4(4): 423-425.
- [13] HAILE J, FROESE D G, MACPHEE R D, et al. Ancient DNA Reveals Late Survival of Mammoth and Horse in Interior Alaska[J]. Proceeding of the National Academy of Sciences, 2009, 106(52): 22352-22357.
- [14] 张丽娟, 徐杉, 赵峥, 等. 环境DNA宏条形码监测湖泊真核浮游植物的精准性[J]. 环境科学, 2021, 42(2): 796-807.
- [15] ZHAN A, HE S, BROWN E A, et al. Reproducibility of Pyrosequencing Data for Biodiversity Assessment in Complex Communities[J]. Methods in Ecology and Evolution, 2014, 5(9): 881-890.
- [16] WEN C, WU L, QIN Y, et al. Evaluation of the Reproducibility of Amplicon Sequencing with Illumina Miseq Platform[J]. PLoS One, 2017, 12(4): e0176716.
- [17] JOUSSET A, BIENHOLD C, CHATZINOTAS A, et al. Where Less May be More: How the Rare Biosphere Pulls Ecosystems Strings[J]. The ISME Journal, 2017, 11(4): 853-862.
- [18] 阮仁良. 上海水环境研究[M]. 北京: 科学出版社, 2000.
- [19] 姜雪芹, 禹娜, 毛开云, 等. 冬季上海市城区河道中浮游植物群落结构及水质的生物评价[J]. 华东师范大学学报(自然科学版), 2009(02): 78-87.
- [20] YANG Y, CHEN H, ABDULLAH AL M, et al. Urbanization Reduces Resource Use Efficiency of Phytoplankton Community by Altering the Environment and Decreasing Biodiversity[J]. Journal of Environmental Sciences, 2022, 112: 140-151.
- [21] 朱欢, 宋会银, 王清华, 等. 中国球状绿藻新纪录属—索囊藻属(*Choricystis*) [J]. 海洋与湖沼, 2016, 47(06): 1116-1125.
- [22] 王彩霞, 王毅波, 刘鹏远, 等. 渤海三湾表层水域细菌群落结构多样性及其环境因子分析[J]. 微生物学通报, 2018, 45(09): 1956-1971.
- [23] CHANG C W, MIKI T, YE H, et al. Causal Networks of Phytoplankton Diversity and Biomass are Modulated by Environmental Context[J]. Nature Communications, 2022, 13(1): 1140.
- [24] ZHANG L, YANG J, ZHANG Y, et al. eDNA Biomonitoring Revealed the Ecological Effects of Water Diversion Projects Between Yangtze River and Tai Lake[J]. Water Research, 2022, 210: 117994.
- [25] ZHANG Z, LI J, LI H, et al. Environmental DNA Metabarcoding Reveals the Influence of Human Activities on Microeukaryotic Plankton Along the Chinese Coastline[J]. Water Research, 2023, 233: 119730.
- [26] 邢雅微, 卢智灵, 王婷, 等. 上海城市河网冬季浮游植物功能群群落构建机制及其驱动因素[J]. 上海海洋大学学报, 2025, 34(01): 56-68.
- [27] 胡智华, 林妙丽, 李港, 等. 城市闸控河流浮游植物群落结构特征及影响因素[J]. 环境科学学报, 2021, 41(09): 3631-3640.
- [28] 王三秀, 魏莱, 王爽, 等. 上海水源地毗邻湖库浮游植物群落结构的季节变化及其影响因子[J]. 湖泊科学, 2022, 34(04): 1127-1139.
- [29] 李飞鹏, 高雅, 张海平, 等. 流速对浮游藻类生长和种群变化影响的模拟试验[J]. 湖泊科学, 2015, 27(01): 44-49.
- [30] ISABWE A, YANG J R, WANG Y, et al. Community Assembly Processes Underlying Phytoplankton and Bacterioplankton Across a Hydrologic Change on a Human-Impacted River[J]. Science of the Total Environment, 2018, 630: 658-667.
- [31] SHI Z, XU J, HUANG X, et al. Relationship Between Nutrients and Plankton Biomass in the Turbidity Maximum Zone of the Pearl River Estuary[J]. Journal of Environmental Sciences, 2017, 57: 72-84.
- [32] ZHANG H, ZONG R, HE H, et al. Biogeographic Distribution Patterns of Algal Community in Different Urban Lakes in China: Insights into the Dynamics and Co-Existence[J]. Journal of Environmental Sciences, 2021, 100: 216-227.
- [33] GRIMM N B, FAETH S H, GOLUBIEWSKI N E, et al. Global Change and the Ecology of Cities[J]. Science, 2008, 319(5864): 756-760.
- [34] KAYE J P, GROFFMAN P M, GRIMM N B, et al. A Distinct Urban Biogeochemistry?[J]. Trends in Ecology & Evolution, 2006, 21(4): 192-199.
- [35] PENG F, GUO Y, ISABWE A, et al. Urbanization Drives Riverine Bacterial Antibiotic Resistome More Than Taxonomic Community at Watershed Scale[J]. Environment International, 2020, 137: 105524.