

文章编号: 1674-5566(2023)03-0597-12

DOI:10.12024/jsou.20220503841

## 上海临港滨海河道夏季周丛生物群落演替特征

丰美萍<sup>1,2</sup>, 邱继琛<sup>1</sup>, 宋全健<sup>1</sup>, 边文华<sup>1</sup>, 章守宇<sup>1,2</sup>, 彭丽洁<sup>1</sup>, 王 凯<sup>1</sup>

(1. 上海海洋大学 海洋生态与环境学院, 上海 201306; 2. 上海海洋大学 海洋牧场工程技术研究中心, 上海 201306)

**摘要:** 以上海市浦东临港芦潮引河支流河段为例, 选取 3 个相通的不同污染程度的位点, 采取高通量测序技术研究夏季真核周丛生物群落组成和定殖过程, 并结合环境参数分析周丛生物群落对环境因子的响应。调查共获得 36 个样品, 鉴定周丛生物 30 门 681 属。主要的门有轮虫门(Rotifera)、绿藻门(Chlorophyta)和纤毛虫门(Ciliophora), 属有五盘轮虫属(*Pentatrocha*)、旋轮虫属(*Philodina*)、钟虫属(*Vorticella*)、瘤丽星介属(*Physocypris*)等。调查期间周丛生物群落结构随定殖时间变化显著, 不同污染程度河流周丛生物群落组成呈现显著性差异且优势种变化也不同, H 点和 Y 点在后期均出现纤毛虫减少和绿藻成为优势类群的演替现象。冗余分析表明盐度对周丛生物群落影响显著。不同生物对于环境因子的响应程度不同, 五盘轮虫属、旋轮虫属和钟虫属等优势属与环境因子有着较高的相关性。该研究将为进一步了解滨海河道水体周丛生物的多样性及时空演替特征及受损水体周丛生物开展生态健康评估提供基础数据。

**关键词:** 周丛生物; 18S rDNA; 群落变化; 河流污染; 滨海河道

**中图分类号:** Q 179.1; P 735 **文献标志码:** A

周丛生物的概念最初由 SLÁDEČKOVÁ<sup>[1]</sup> 提出, 是指附着在淹没水下的各种基质上的生物类群, 包括着生藻类、原生动物及其表面胞外聚合物非生物等<sup>[2]</sup>, WETZEL<sup>[3]</sup> 对于它概念的完善极大程度上推动了其相关研究。作为水生食物网的重要组成部分, 周丛生物在水体和沉积物间能量流动和物质循环方面起到重要作用<sup>[4]</sup>, 提高了能量利用率<sup>[5]</sup>, 相关研究<sup>[6]</sup> 证明周丛藻类可能提供生态系统高达 80% 的初级生产力, 因此可作为养殖鱼虾的基础饲料生物<sup>[7]</sup>。周丛生物(膜)作为生态系统中天然的“生物滤器”和“氧化塘”, 研究证明能够去除的污染物包括氮<sup>[8]</sup>、磷<sup>[9]</sup>、有机污染物<sup>[10]</sup>、重金属<sup>[11]</sup>、纳米材料<sup>[12]</sup> 和抗生素<sup>[13]</sup> 等, 在减少非点源污染方面发挥重要作用<sup>[10]</sup>。此外, 周丛生物对于环境胁迫具有较好的应激反应<sup>[14]</sup>, 在可观察尺度上能够预测环境的剧烈变化<sup>[15]</sup>, 常被作为反应环境风险的指示生物<sup>[16]</sup>

应用于河流<sup>[17]</sup>、湖泊<sup>[18]</sup> 以及湿地<sup>[19]</sup> 的环境质量监测。传统鉴定周丛生物的方法为显微镜观察法, 随着分子生物学技术的发展, 核酸序列分析已被广泛应用于周丛生物的分类鉴定中<sup>[20]</sup>。

水环境污染是当今人类面对的最重要的生态问题之一, 其跨度广、污染源复杂、持续时间长的特点决定其很难被治理。探索生态的监测评估方法, 低成本、高生态效益的水污染治理技术, 是当前水生态环境领域的研究热点。本研究以上海市浦东临港芦潮引河支流河段为例, 选取 3 个相通的不同污染程度的位点, 采取高通量测序技术研究了夏季真核周丛生物群落组成和定殖过程, 并结合环境参数分析了周丛生物群落对环境因子的响应。本研究将为进一步了解滨海河道水体周丛生物的多样性及时空演替特征和利用周丛生物开展受损水体生态健康评估提供基础数据。

收稿日期: 2022-05-03 修回日期: 2022-07-12

基金项目: 国家自然科学基金青年基金(41806160); 上海海洋大学科技发展专项基金项目、上海海洋大学青年教师科研启动基金项目(A2-2006-21-200319)

作者简介: 丰美萍(1988—), 女, 博士, 研究方向为微型浮游生物生态学。E-mail: fmeiping@126.com

通信作者: 章守宇, E-mail: syzhang@shou.edu.cn

版权所有 ©《上海海洋大学学报》编辑部(CC BY-NC-ND 4.0)

Copyright © Editorial Office of Journal of Shanghai Ocean University (CC BY-NC-ND 4.0)

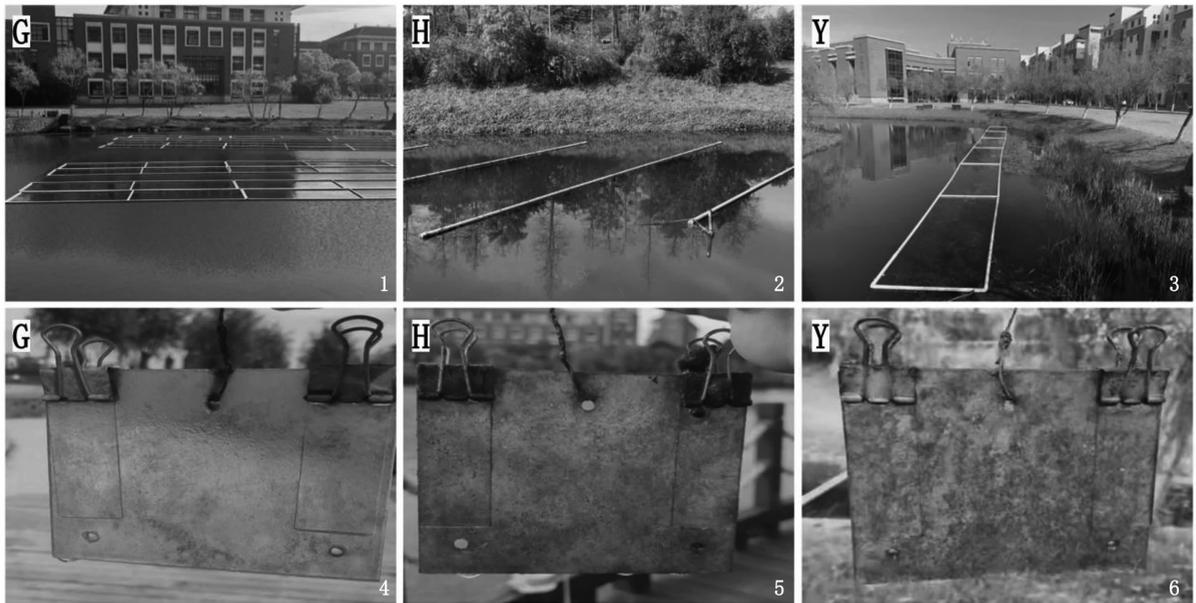
<http://www.shhydx.com>

## 1 材料与方法

### 1.1 采样方法与站位

在上海浦东临港芦潮引河选择 3 个不同污染程度的代表支流河段(G、H、Y 点),于 2021 年 6 月 26 日—2021 年 7 月 10 日进行连续挂板取样研究周丛生物时空变化。G 点周围空旷,水域附近无污染源;H 点河岸生长有大量野天胡荽(*Hydrocotyle vulgaris*),河流中生长有少量芦苇;Y 点附近存在大量野天胡荽和芦苇,以及少量睡莲,污染源为厨余垃圾管道泄漏。选择玻璃材料

(76.2 mm × 25.4 mm)作为周丛生物定殖基质(图版),玻璃挂板固定于塑料支撑板上,支撑板正中有直径 7 mm 左右孔洞,用铁丝固定在人工浮筏上。在 3 个位点将 36 个挂板置于水下 1 m 处,挂板面与水平面垂直。自第 3 天开始每天下午 15:00 ~ 16:00 在各站位取回 1 个挂板,挂板时间持续 15 d,连续采样时间为第 3 ~ 14 天,一共 12 次采样,共获得 36 个样品。带回实验室进行刮板取样,取样前对挂板上的大型生物(如螺等)进行去除处理,采集后的样品置入离心管中,于 -4 °C 进行保存。



图版 2021 年 6—7 月芦潮引河采样站点图

Plate The location of sampling sites

### 1.2 水质测定

使用水质检测仪(AZ86031,台湾衡欣科技股份有限公司)对调查地点环境因子进行现场测量,测量指标包括温度(T)、盐度(S)、酸碱度(pH)和总溶解性固体(TDS)。测量前使用软纸和蒸馏水对检测探头进行清洗擦拭,测量深度约为水下 0.5 m。待水质检测仪示数稳定后,记录数据,重复 3 次取平均值作为该点环境因子的数值。

### 1.3 基因提取和 18S rDNA 高通量测序

使用 E. Z. N. A.® Soil DNAKit (Omega Bio-tek, 美国)对 DNA 进行提取,具体操作参照说明书进行。利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的

纯度和浓度,检测合格样品进行 3 次重复 PCR 扩增,PCR 扩增采用 TRAGEN AP22102, TransStart Fastpfu DNA 聚合酶体系,混合液(20 μL)由 5 × 反应缓冲液(4 μL)、2.5 mmol/L dNTPs(2 μL)、5 μmol/L 正向引物和反向引物(0.8 μL)、快速 Pfu DNA 聚合酶(0.4 μL)、BSA(0.2 μL)、模板 DNA (10 ng)组成。使用 Illumina PE250 测序平台进行测序,测序由上海凌恩生物科技有限公司完成。测序针对 18S rDNA 的 V4 区,使用引物为 F-515(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')和 R-907(5'-CCGTCAATTTCMTTTRAGTTT-3')。

### 1.4 数据处理

Illumina PE250 测序得到的 PE reads 首先根

据 overlap 关系进行拼接,同时对序列质量进行质控和过滤,区分样品后在相似性 97% 的水平上进行 OTUs(Operational taxonomic units)分析和聚类分析。基于 OTU 结果,使用 Muthor 软件进行 Shannon 多样性指数、Chao1 丰富度指数和 Pielou 均匀度指数计算,使用 Origin 软件进行绘图展示;基于属水平 OTU,使用 R 语言 factoextra 包、ggtree 包和 vegan 包等进行主成分分析(Principal component analysis)、聚类分析(Cluster analysis)、冗余分析(Redundancy analysis)以及热图等图形绘制,以分析不同采样区域周丛生物的群落差异及其与环境因子间的关系;基于物种分类学信息,使用非参数因子克鲁斯卡尔-沃利斯和秩检验(Non-parametric factorial Kruskal-Wallis sum-rank test)寻找差异物种,使用 Lefse 软件进行分析,默认  $LDA > 2$ ,  $P < 0.05$ ,则该物种为差异物种。通

过 SPSS 软件单因素方差分析环境因子的差异性,通过皮尔森相关性分析样品间相关性,通过蒙特卡罗检验筛选显著性环境因子。数据标准化处理通过 R 语言 scale 函数进行;数据对数转化的方法为  $\lg(x + 1)$ 。

## 2 结果与分析

### 2.1 环境因子

研究地点不同,环境因子具有差异性(图 1)。不同地点间温度差异不显著( $P > 0.05$ )。不同地点的盐度、pH 和 TDS 差异显著( $P < 0.05$ )。盐度的含量大小排序为  $H > Y > G$ , pH 的大小排序为  $G > Y > H$ , TDS 含量大小的排序为  $H > Y > G$ 。无污染的 G 点盐度和 TDS 含量均较小,但是 pH 较高。

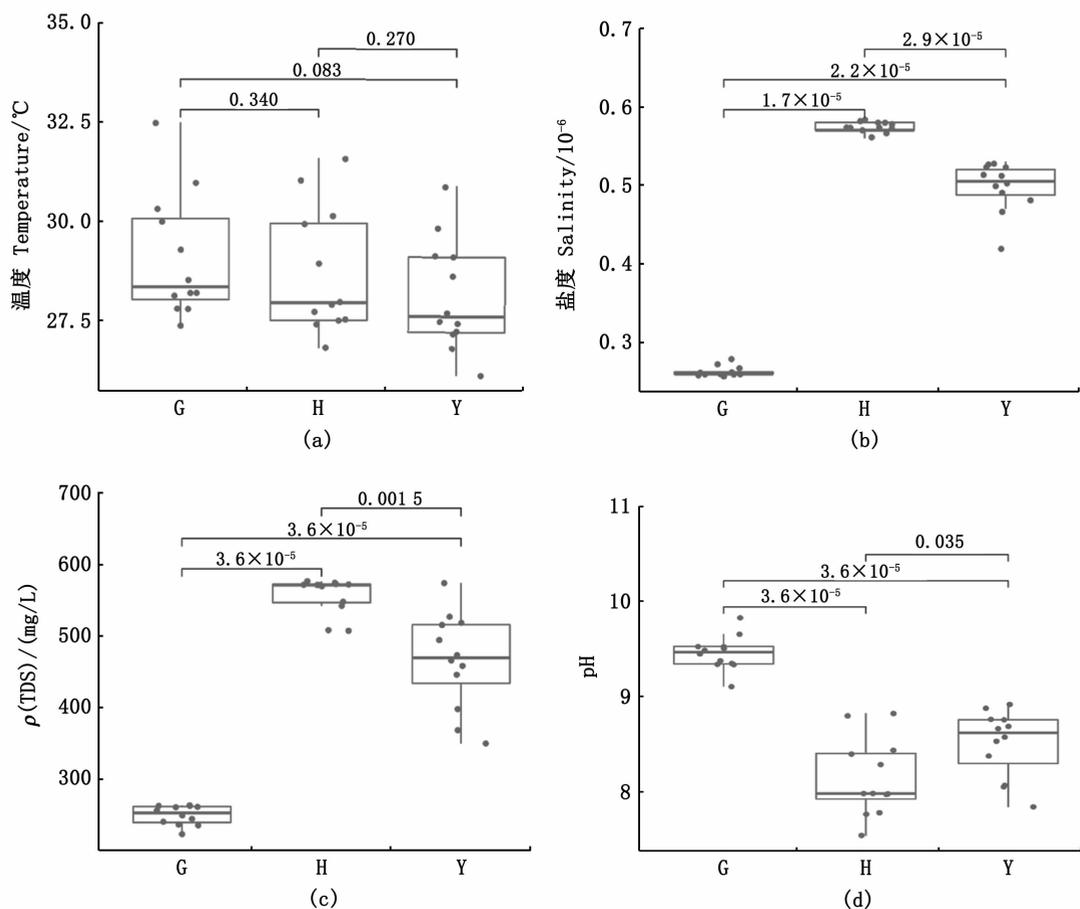


图 1 主要环境因子差异分析

Fig. 1 Difference analysis of main environmental factors

## 2.2 测序基本情况

经过质量控制和序列优化后,36个样品测序共获得高质量序列1 543 231条,序列平均长度为376 bp,OTU丰富度(OTU richness)为3 335,各采样地点OTU丰富度为 $Y > G > H$ 。稀释曲线渐近平坦,说明更多的数据量只能产生少量的物种(OTUs),见图2。

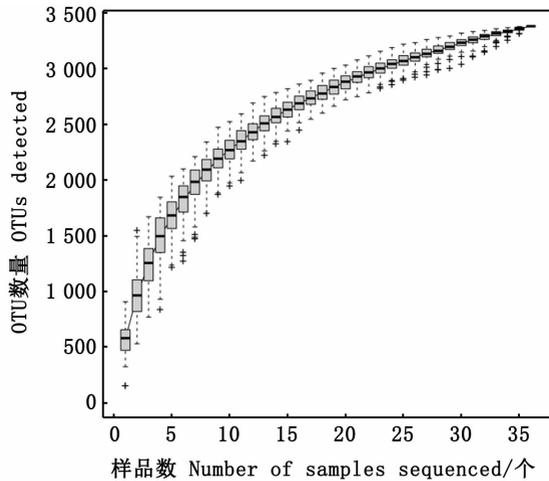


图2 各样品真核生物稀释曲线

Fig.2 Rarefactions curves of each sample

## 2.3 周丛生物种类组成

本研究样品中共鉴定生物30门681属1 002种。主要的门有轮虫门(Rotifera)、绿藻门(Chlorophyta)、纤毛虫门(Ciliophora)、节肢动物门(Arthropoda)和硅藻门(Bacillariophyta),共占据样品总OTU的73.6%。其中轮虫门占比为32.8%,是占比最高的门,其次为绿藻门和纤毛虫门,分别占比14.9%和12.9%(图3a、3b)。在属水平,主要的属有五盘轮虫属(*Pentatrocha*)、旋轮虫属(*Philodina*)、钟虫属(*Vorticella*)、瘤丽星介属(*Physocypria*)、虫黄藻(*Symbiodinium*)、胶鞘轮虫属(*Collotheca*)、链壶菌属(*Lagenidium*)和小环藻属(*Cyclotella*),共占据样品总OTU的50.6%。其中五盘轮虫属占比为12.2%,是占比最高的属,其次为旋轮虫属和钟虫属,分别占10.2%和6.9%(图3c、3d)。

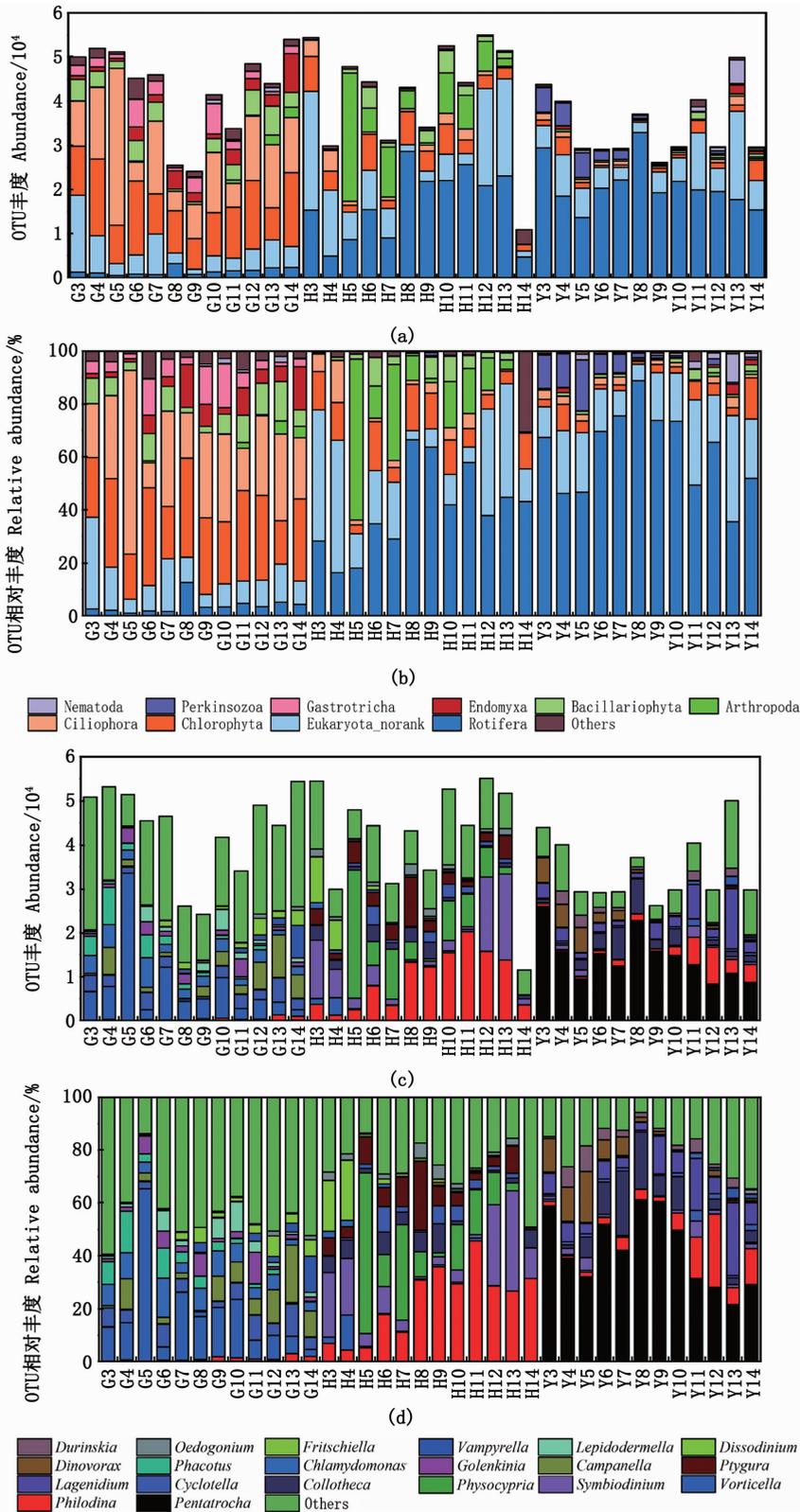
不同采样站点采集的样品中,周丛生物的群

落组成表现出显著差异。门的水平上分析,G点样品的节肢动物门生物极少,取而代之的是绿藻门和纤毛虫门生物占据较高的丰度,绿藻门生物的丰度也在此地点增加(图3a、3b);H点样品和Y点样品的轮虫较多,且H点样品节肢动物门生物最多;Y点样品帕金虫门表现出较高丰度。属的水平上分析,不同采样地点的优势属不相同,G点样品优势属为小环藻属等;Y点样品优势属为五盘轮虫属等;H点样品优势属为瘤丽星介属等。各采样点均发现特有属,如G点样品发现特有属有白锈属菌等;Y点样品发现特有属有*Calycofera*等;H点样品发现特有属有丝壶菌属等(图3c、3d)。

## 2.4 周丛生物群落的时间变化及演替

G点的OTU丰富度随定殖时间总体呈现出先下降后上升的趋势;H点在定殖14 d出现了OTU丰度骤降,可能原因是采样误差;Y点OTU丰度变化较小。部分属丰度随定殖时间变化明显,G点变化较为明显的是*Prodiscophrya*、*Vampyrella*等丰度随定殖时间丰度明显升高,而*Baldinia*等则下降;H点变化较为明显的是旋轮虫属、*Anomopus*等丰度随定殖时间丰度明显升高,而*Baldinia*等则下降;Y点变化较为明显的是*Vampyrella*、椎轮虫属等丰度随定殖时间丰度明显升高,而*Dinovorax*等则下降(图4)。通过分析不同时间采集的样品中周丛生物群落的相关性,发现采样间隔时间越长,样品间皮尔森相关系数越小,即样品间周丛生物群落相关性越低,说明周丛生物调查周期内发生了群落变化(图5)。

进一步分析主要周丛生物类群在不同采样地点的群落变化,发现G点轮虫在第8天出现了相对丰度的最大值,除节肢动物的相对丰度在采样后期稍有上升外,其余生物类群的群落变化并不明显;H点轮虫和绿藻的相对丰度在采样后期显著上升,并取代其他生物类群,此外节肢动物在采样中期处于较高相对丰度,在采样后期被轮虫和绿藻取代;Y点轮虫相对丰度在采样后期呈现出下降趋势,绿藻相对丰度逐渐增加,并出现取代纤毛虫的趋势(图6)。

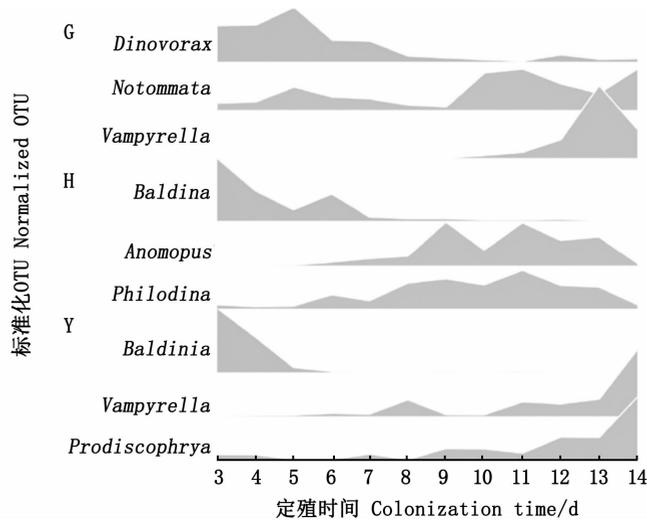


选取绝对丰度前 10 的门绘制门水平柱状图,其余部分归于 Others 进行展示;选取绝对丰度在前 20 的属绘制属水平柱状图,其余部分合并在 Others 展示。

The top 10 phyla were selected for displays, with the rest grouped under Others ; the top 20 genera were selected for displays, with the rest grouped under Others.

图 3 门水平 (a、b) 和属水平 (c、d) 周丛生物群落组成

Fig. 3 Composition of periphyton communities ( a and b: phylum level; c and d: genus level)

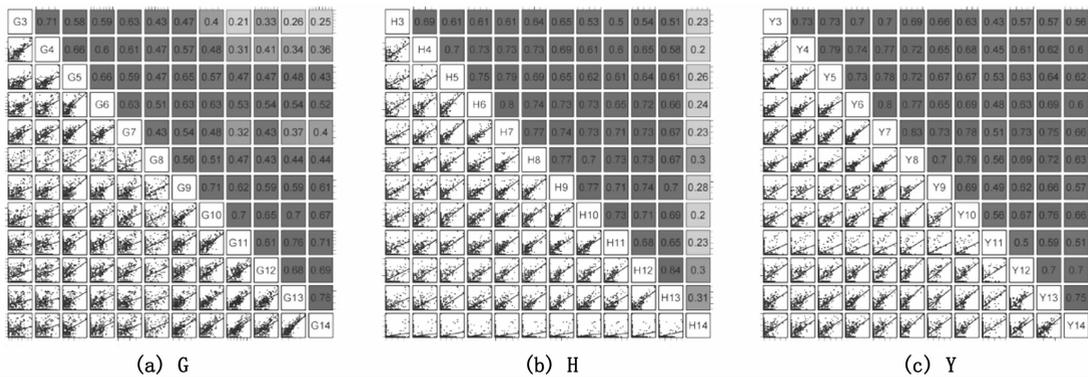


只对部分属进行绘图展示;由于不同属之间丰度差异较大,因此对其进行了标准化处理。

Only some genera were shown; OTUs are normalized due to the large variation in abundance between genera.

图4 周丛生物 OTU 丰度的时间变化(属水平)

Fig. 4 Temporal variation of OUT abundance in periphyton communities (genus level)



对 OTU 进行了对数转化。

Logarithmic transformation of OTU.

图5 G点、H点和Y点周丛生物群落的相关关系分析(属水平)

Fig. 5 Correlation analysis of periphery in different samples (genus level)

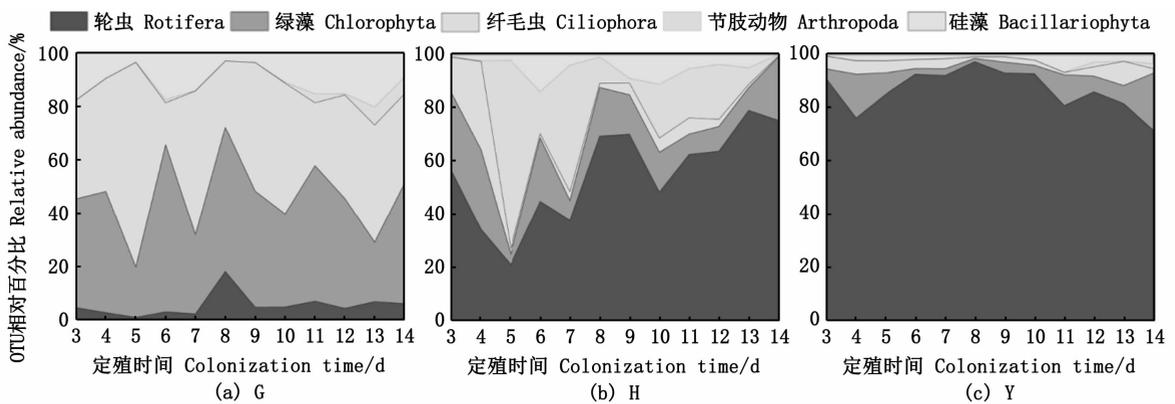


图6 主要周丛生物类群与定殖时间的关系

Fig. 6 Temporal variation of main periphyton communities

### 2.5 周丛生物群落多样性分析

生物多样性指数的差异能够反映群落结构信息。Shannon 多样性指数和 Pielou 均匀度指数的大小排序均为 G 点最高,H 点和 Y 点相差不大;Chao1 丰富度指数的大小排序为 Y > G > H。G 点群落多样性、物种丰富度以及生物分布均匀程度均较优,H 点和 Y 点的差异主要表现在 Y 点的物种丰富度高于 H 点。对生物多样性指

数随定殖时间的变化趋势进行分析,发现 G 点 Shannon 多样性指数和 Pielou 均匀度指数趋于稳定,Chao1 丰富度指数趋于上升;H 点各多样性指数变化一致,均趋于下降,第 13 ~ 14 天的下降趋势尤为显著;Y 点 Shannon 多样性指数和 Pielou 均匀度指数趋于上升,Chao1 丰富度指数第 9 ~ 14 天整体下降,但第 13 天显著升高(图 7)。

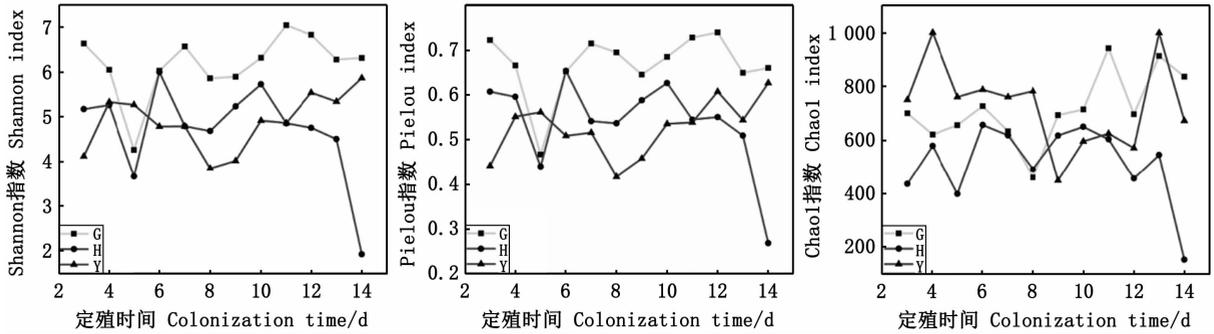


图 7 不同采样点样品周丛生物 Shannon 指数、Pielou 指数和 Chao1 指数的时间变化

Fig. 7 Temporal variation of the biobial diversity index Shannon index, Pielou index and Chao1 index of periphyton at different sampling sites

### 2.6 周丛生物群落组间差异性分析

对不同地点采集的样品进行差异性分析,H 点特有 OTU 较少,其余两点特有 OTU 较多[图 8(a)].组间相似距离明显大于组内相似距离,证明不同采样点周丛生物群落结构存在显著性差异[图 8(b)].聚类分析结果显示,周丛生物群落结构与河流的污染程度有关,最为显著的是同一河流采集的样品大部分聚在一起[图 8(c)].主成分分析(PCA)结果显示 PC1 解释了不同地点样品差异性的 48.5%,PC2 解释了 26.6%,累计解释量为 75.1%。不同地点样品中周丛生物群落沿 PC1 和 PC2 轴可见明显分区,进一步证明周丛生物群落结构随地点呈现出显著差异性(图 8d)。

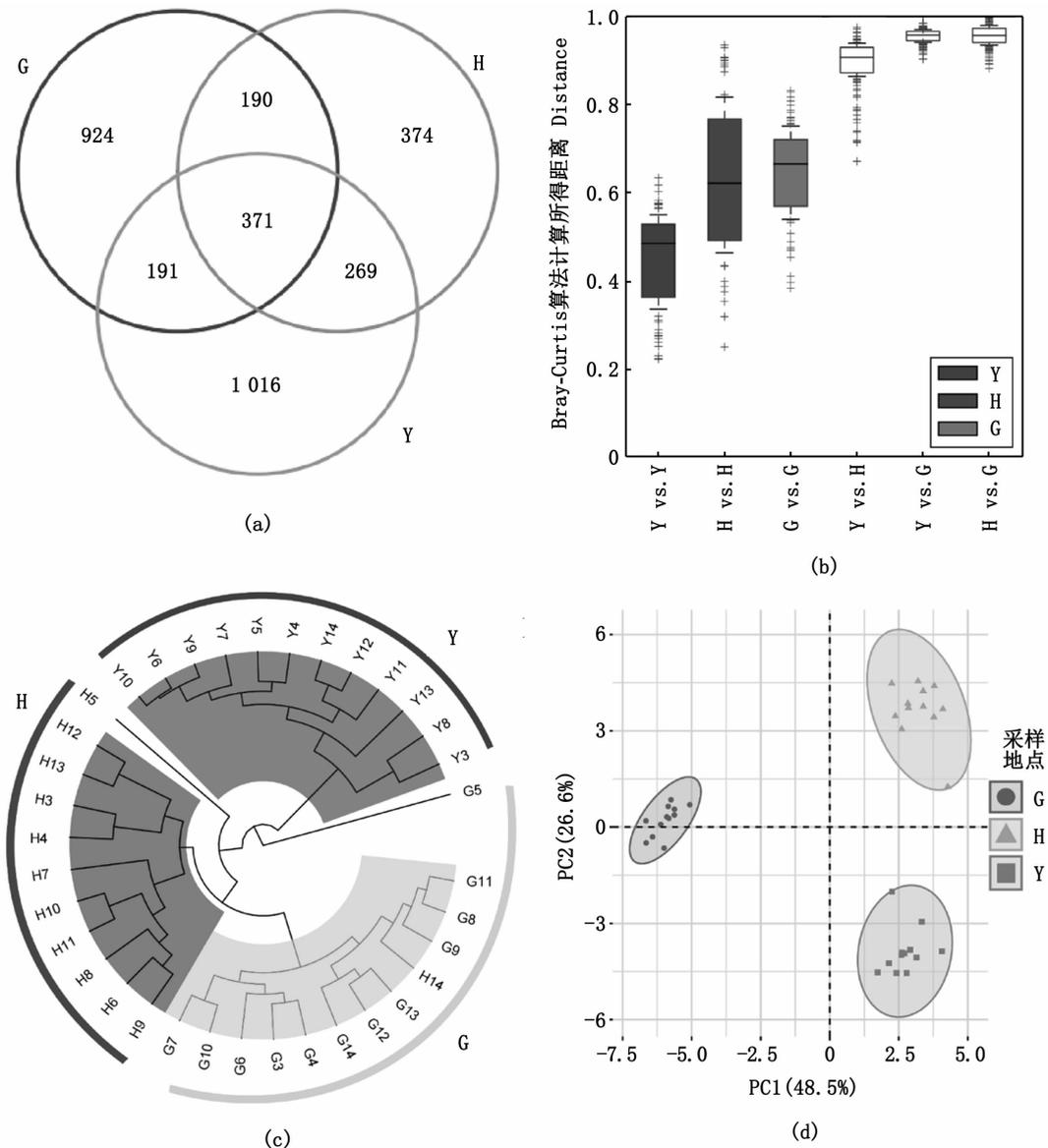
基于 Lefse 分析结果发现,引起 G 点与其他地点显著差异的属是 *Vampyrella*、*Choanocystis*、*Ochromonas* 等,引起 Y 点与其他地点显著差异的属是 *Pentatrocha*、*Lagenidium*、*Rhizidiomyces* 等,引起 H 点与其他地点显著差异的属是 *Oedogonium*、*Anomopus*、*Symbiodinium* 等。G 点样品显著性差异物种最多,Y 点比 H 点稍多(图 9)。差异较显著的生物类群可能是对 3 个地点特定环境具有

较强的选择性。

### 2.7 周丛生物群落对环境因子的响应

采用冗余分析(RDA)进一步研究周丛生物与环境因子之间的关系(图 10),结果显示采集样品中的周丛生物与 TDS、盐度、pH、温度和定殖时间均相关,其中最显著的影响因素为盐度( $P < 0.01$ )。RDA1 解释率为 67.04%,RDA2 解释率为 18.54%,累计解释率为 85.58%。五盘轮虫属、旋轮虫属和钟虫属等优势属与环境因子的对应性趋势更强。

通过属水平周丛生物群落与环境因子之间的 Pearson 相关系数分析,发现温度和定殖时间与大部分属之间的相关性不强(图 11)。小环藻属与盐度和 TDS 呈现出较为明显的负相关,而与 pH 则呈现出较为明显的正相关关系;*Fritschiella* 等与环境因子的相关性显然更高,并且与盐度和 TDS 呈现出较为明显的负相关关系,而与 pH 和温度则呈现出极明显的正相关关系。不同物种与环境因子的相关关系反映出这些物种对于水质污染的指示意义,也反映出其对典型污染物的吸收或降解的能力。



PCA 分析时,对 OTU 进行了对数转化。

Logarithmic transformation of OTU.

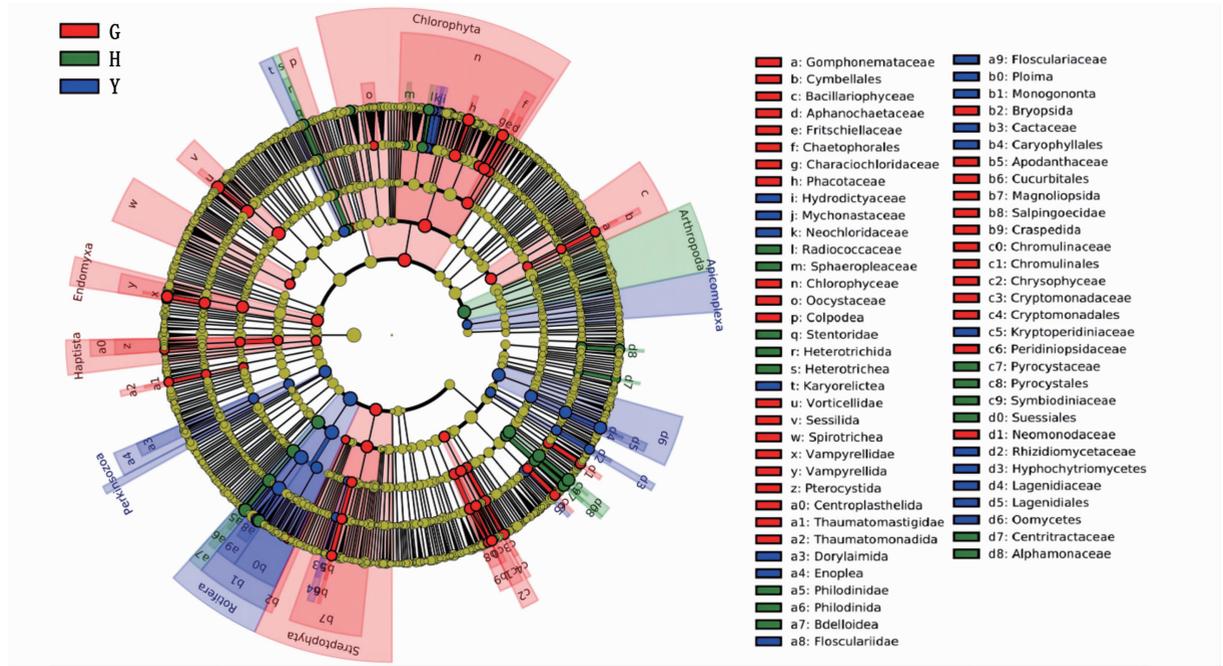
图 8 不同采样地点样品周丛生物 OTU 韦恩分析(a)、组间差异分析(b)、聚类分析(c)、PCA 分析(d)

Fig. 8 Venn analysis(a), Variance analysis(b), Cluster analysis(c), PCA analysis(d) of different sites

### 3 讨论

水环境污染是当今人类面对的最重要的生态问题之一,目前对于不同水体中周丛生物群落时间变化及其指示功能已有较多研究,生态的监测评估方法已应用于水域环境监测<sup>[21-22]</sup>。SU 等<sup>[23]</sup>研究不同富营养化程度条件下稻田水中周丛生物群落,发现群落结构时间变化明显,且部分周丛生物群落变化与水体的富营养化程度显著相关。FERRAGUT 等<sup>[24]</sup>在巴西 IAG 水库的实

验,发现富营养化状态时,附生动物和附着松散的生物更容易被牢固附着的生物所替代。本次调查地点为上海临港滨海人工河道,滨海河道环境变化多样,受沿途地貌特征、人类活动和海陆相互作用等多种因素的影响<sup>[25]</sup>,并且水体流动缓慢,更易受外源性和内源性的污染<sup>[26]</sup>。研究发现,不同周丛生物群落随定殖时间变化明显,不同污染程度河段中周丛生物的群落演替差异性显著。



红色区域、绿色区域和蓝色区域表示不同分组,树枝中红色节点表示在红色组别中起到重要作用的微生物类群,绿色节点表示在绿色组别中起到重要作用的微生物类群,蓝色节点表示在蓝色组别中起到重要作用的微生物类群,黄色节点表示在三组中均没有起到重要作用的微生物类群。

Default LDA value is greater than 2, P-value is less than 0.05, the species is a differential species; red, green and blue areas indicate different groups, red, green and yellow nodes in the tree branch indicate microbial taxa that play an important role in the red, green and yellow genera.

图9 不同采样点样品 Lefse 分析

Fig.9 Lefse analyses of samples in different sampling sites

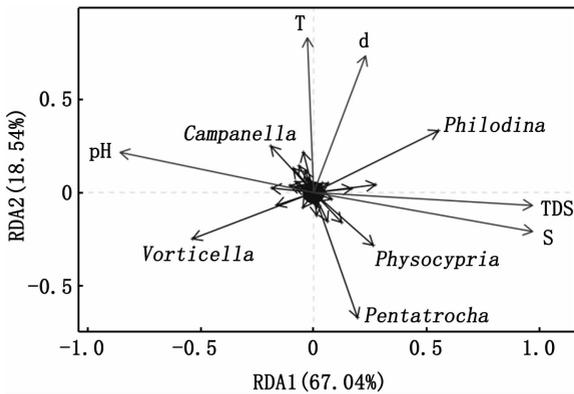
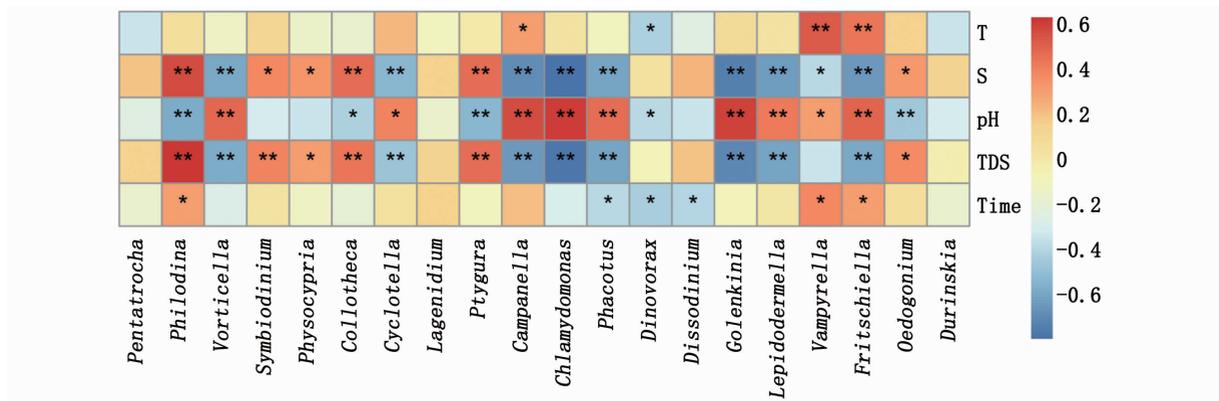


图10 周丛生物(属水平)与环境因子的 RDA 分析排序图

Fig.10 RDA ordination diagram of periphyton (genus level) and environmental factors

不同环境中的优势种与特有种反映出它们对于特定污染物的吸附降解能力,同时也反映出它们的环境指示作用。不同污染程度采样点中周丛生物群落及优势类群变化不同,H点和Y点在采样后期均出现纤毛虫减少和绿藻成为优势

类群的演替现象,且优势种对于环境因子变化响应性较好。纤毛虫在不同污染程度河段中相对丰度差异较大,对环境变化响应较好,这与以往研究结果较为一致。周丛纤毛虫丰度与 pH 呈正相关、与盐度呈负相关<sup>[27]</sup>,砂壳纤毛虫<sup>[28]</sup>、附生纤毛虫<sup>[29]</sup>同样可指示水域环境水质变化。介形虫是 H 点的代表性物种,其物种组成与环境因子密切相关<sup>[30]</sup>,可作为特定生境的指示生物,然而其对环境有限的耐受性可能限制其预测水质变化的适应范围<sup>[31]</sup>。H 点和 Y 点的轮虫丰度占绝对优势,芦潮引河滨海人工河道主要轮虫为巨大五盘轮虫 (*Pentatrocha gigantea*),最早发现于澳大利亚<sup>[32]</sup>,在东亚也多有分布<sup>[33]</sup>,其生态学意义尚不明晰。轮虫对环境变化的敏感性较高,已有部分轮虫作为耐污种用于水质监测,如裂痕龟纹轮虫、螺形龟甲轮虫和针簇多肢轮虫等<sup>[34-36]</sup>,应进一步对巨大五盘轮虫的生态学意义开展调查,并对其作为水质指示生物的可行性进行探究。



\* 代表  $P < 0.05$ , 周丛生物组成与环境因子呈显著相关性; \*\* 代表  $P < 0.01$ , 周丛生物组成与环境因子呈极显著相关性。

\* represents  $P < 0.05$ , where periphyton composition is significantly correlated with environmental factors; \*\* represents  $P < 0.01$ , where periphyton composition is highly significantly correlated with environmental factors.

图 11 周丛生物群落组成与环境因子 Pearson 相关系数热图

Fig. 11 Pearson correlation of periphyton composition and environmental factors by heatmap

然而仍需指出的是,本次调查只在上海临港芦潮引河滨海人工河道的小范围内进行,尚需更多不同河段、位点及长期调查,才能更好地进行滨海河道水体周丛生物研究,为受损水体周丛生物开展生态健康评估提供基础数据。

#### 4 结论

(1) 本研究对上海临港人工滨海河道采样,选取 3 个相通的不同污染程度的位点,采取高通量测序技术研究了夏季真核周丛生物群落组成和定殖过程,共鉴定得到周丛生物 30 门 681 属。主要的门有轮虫门、绿藻门、纤毛虫门,主要的属有五盘轮虫属、旋轮虫属、钟虫属、瘤丽星介属等。

(2) 周丛生物群落随定殖时间呈现出明显变化,且污染程度不同,群落变化及优势类群也不相同。H 点和 Y 点在后期均出现纤毛虫减少和绿藻成为优势类群的演替现象。盐度为影响周丛生物群落变化的显著性因素 ( $P < 0.01$ )。

(3) 优势属对于环境因子变化响应性较好,可考虑作为环境指示生物。本研究将为进一步了解滨海河道水体周丛生物的多样性和时空演替特征,为受损水体周丛生物开展生态健康评估提供基础数据。

#### 参考文献:

[1] SLÁDEČKOVÁ A. Limnological investigation methods for the

periphyton (“Aufwuchs”) community [J]. The Botanical Review, 1962, 28(2): 286-350.

[2] BONDAR-KUNZE E, MAIER S, SCHÖNAUER D, et al. Antagonistic and synergistic effects on a stream periphyton community under the influence of pulsed flow velocity increase and nutrient enrichment [J]. Science of the Total Environment, 2016, 573: 594-602.

[3] WETZEL R G. Primary productivity of periphyton [J]. Nature, 1963, 197(4871): 1026-1027.

[4] VADEBONCOEUR Y, STEINMAN A D. Periphyton function in lake ecosystems [J]. The Scientific World Journal, 2002, 2: 923031.

[5] WU Y H, LIU J Z, RENE E R. Periphytic biofilms: a promising nutrient utilization regulator in wetlands [J]. Bioresource Technology, 2018, 248: 44-48.

[6] HANSSON L A. Factors regulating periphytic algal biomass [J]. Limnology and Oceanography, 1992, 37(2): 322-328.

[7] VAN DAM A A, BEVERIDGE M C M, AZIM M E, et al. The potential of fish production based on periphyton [J]. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 2002, 12(1): 1-31.

[8] VYMAZAL J. The use of periphyton communities for nutrient removal from polluted streams [J]. Hydrobiologia, 1988, 166(3): 225-237.

[9] MCDOWELL R W, NOBLE A, PLETNYAKOV P, et al. Global mapping of freshwater nutrient enrichment and periphyton growth potential [J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 3568.

[10] 李俊. 周丛生物对有机染料的吸附降解特性 [D]. 长沙: 湖南农业大学, 2019.

LI J. Adsorption and degradation of organic dyes by periphyton [D]. Changsha: Hunan Agricultural University,

- 2019
- [11] HILL B H, WILLINGHAM W T, PARRISH L P, et al. Periphyton community responses to elevated metal concentrations in a Rocky Mountain stream [J]. *Hydrobiologia*, 2000, 428(1): 161-169.
- [12] 万娟娟. 农业固废培养周丛生物及其对三种纳米材料毒理响应[D]. 南昌: 华东交通大学, 2016.  
WAN J J. The response and feedback of periphyton during chronic nanotoxicity based on new cultivated technology[D]. Nanchang: East China Jiaotong University, 2016.
- [13] 谷雪维, 林漪, 卢迪, 等. 不同氮磷浓度下周丛生物对水体中磺胺和恩诺沙星的去除[J]. *应用生态学报*, 2021, 32(11): 4129-4138.  
GU X W, LIN Y, LU D, et al. Removal of sulfonamide and enrofloxacin from water by periphyton under different nitrogen and phosphorus concentrations [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, 32(11): 4129-4138.
- [14] SABATER S, GUASCH H, RICART M, et al. Monitoring the effect of chemicals on biological communities. The biofilm as an interface [J]. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 2007, 387(4): 1425-1434.
- [15] GAISER E E, TREXLER J C, RICHARDS J H, et al. Cascading ecological effects of low-level phosphorus enrichment in the Florida Everglades [J]. *Journal of Environmental Quality*, 2005, 34(2): 717-723.
- [16] 崔经国, 单保庆, 王帅. 潮白河周丛生物群落元素组成与水质变化的生态计量学关系研究[J]. *环境科学*, 2012, 33(4): 1108-1113.  
CUI J G, SHAN B Q, WANG S. Ecological stoichiometric relationships of periphyton community elemental composition and variations of water quality in the Chaobai river [J]. *Environmental Science*, 2012, 33(4): 1108-1113.
- [17] VIS C, HUDON C, CATTANEO A, et al. Periphyton as an indicator of water quality in the St Lawrence River (Québec, Canada)[J]. *Environmental Pollution*, 1998, 101(1): 13-24.
- [18] VINEBROOKE R D. Epilithic algae as indicators of biological recovery in acid-stressed lakes[D]. Toronto: University of Toronto, 1993.
- [19] GAISER E. Periphyton as an indicator of restoration in the Florida Everglades[J]. *Ecological Indicators*, 2009, 9(6): S37-S45.
- [20] NYENJE P M, FOPPEN J W, UHLENBROOK S, et al. Eutrophication and nutrient release in urban areas of sub-Saharan Africa; a review [J]. *Science of the Total Environment*, 2010, 408(3): 447-455.
- [21] 宋飞彪, 俞贞贞, 董在杰, 等. lncRNA 在水产动物中的研究进展[J]. *水产学报*, 2020, 44(8): 1371-1383.  
SONG F B, YU Z Z, DONG Z J, et al. Research progress of lncRNA in aquatic animals [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2020, 44(8): 1371-1383.
- [22] 周灵, 彭自然, 周丽丽, 等. 狐尾藻基生物炭对水中草甘膦和  $\text{Cu}^{2+}$  的吸附性能研究[J]. *上海海洋大学学报*, 2020, 29(5): 779-788.  
ZHOU L, PENG Z R, ZHOU L L, et al. Study on the adsorption properties of glyphosate and  $\text{Cu}^{2+}$  in water by biochar derived from *Myriophyllum verticillatum* [J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2020, 29(5): 779-788.
- [23] SU J, KANG D, XIANG W, et al. Periphyton biofilm development and its role in nutrient cycling in paddy microcosms[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2017, 17(3): 810-819.
- [24] FERRAGUT C, DE CAMPOS BICUDO D. Periphytic algal community adaptive strategies in N and P enriched experiments in a tropical oligotrophic reservoir [J]. *Hydrobiologia*, 2010, 646(1): 295-309.
- [25] COSTANZA R, KEMP W M, BOYNTON W R. Predictability, scale, and biodiversity in coastal and estuarine ecosystems; implications for management[J]. *Ambio*, 1993, 22(2/3): 88-96.
- [26] 范泽宇, 袁林, 周亦, 等. 基于 WQI 法的滴水湖及入湖河道水质研究[J]. *上海海洋大学学报*, 2021, 30(2): 276-283.  
FAN Z Y, YUAN L, ZHOU Y, et al. Research on the water quality of Dishui Lake and the river into the lake based on WQI method [J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2021, 30(2): 276-283.
- [27] GONG J, SONG W B, WARREN A. Periphytic ciliate colonization: annual cycle and responses to environmental conditions[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2005, 39(2): 159-170.
- [28] FENG M P, ZHANG W C, WANG W D, et al. Can tintinnids be used for discriminating water quality status in marine ecosystems? [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2015, 101(2): 549-555.
- [29] XU G J, YANG E J, JIANG Y, et al. Can pelagic ciliates indicate vertical variation in the water quality status of western Arctic pelagic ecosystems? [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2018, 133: 182-190.
- [30] STEPANOVA A, TALDENKOVA E, BAUCH H A. Recent Ostracoda from the Laptev Sea (Arctic Siberia): species assemblages and some environmental relationships [J]. *Marine Micropaleontology*, 2003, 48(1/2): 23-48.
- [31] 禹娜, 陈立侨, 赵泉鸿. 太湖介形类动物丰度与生物量[J]. *长江流域资源与环境*, 2008, 17(4): 546-550.  
YU N, CHEN L Q, ZHAO Q H. On abundance and biomass of ostracods in Tai Lake[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2008, 17(4): 546-550.
- [32] SEGERS H, SHIEL R J. Diversity of cryptic Metazoa in Australian freshwaters; a new genus and two new species of sessile rotifer (Rotifera, Monogononta, Gnesiotrocha, Flosculariidae)[J]. *Zootaxa*, 2008, 1750(1): 19-31.
- [33] SEGERS H H, MEKSUWAN P, SANOAMUANG L. New records of sessile rotifers (Phylum Rotifera: Flosculariacea,

- Collotheceae) from Southeast Asia[J]. *Belgian Journal of Zoology*, 2010, 140(2): 235-240.
- [34] 吴利, 冯伟松, 张堂林, 等. 湖北省西凉湖浮游动物群落周年动态变化及其与环境因子的关系[J]. *湖泊科学*, 2011, 23(4): 619-625.
- WU L, FENG W S, ZHANG T L, et al. The annual fluctuation of zooplankton community and its relation with environmental factors in Lake Xiliang, Hubei Province[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2011, 23(4): 619-625.
- [35] 李鹭鹭, 张洪玉, 王佳迪, 等. 车轮虫病防治药物及安全性研究进展[J]. *上海海洋大学学报*, 2014, 23(4): 546-555.
- LI S S, ZHANG H Y, WANG J D, et al. The research progress and safety of Trichodinosis prevention medicine[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2014, 23(4): 546-555.
- [36] 邵于豪, 袁林, 王琼, 等. 洋山港海域海水压载后浮游动物群落的演变[J]. *上海海洋大学学报*, 2018, 27(3): 365-371.
- SHAO Y H, YUAN L, WANG Q, et al. Zooplankton community succession in ballast water at Yangshan Port[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2018, 27(3): 365-371.

## Succession of periphyton communities in the Shanghai Lingang coastal river in summer

FENG Meiping<sup>1,2</sup>, QIU Jichen<sup>1</sup>, SONG Quanjian<sup>1</sup>, BIAN Wenhua<sup>1</sup>, ZHANG Shouyu<sup>1,2</sup>, PENG Lijie<sup>1</sup>, WANG Kai<sup>1</sup>

(1. *College of Marine Ecology and Environment, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*; 2. *Engineering Technology Research Center of Marine Ranching, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*)

**Abstract:** We investigated the temporal variations of periphyton communities at three sampling sites in coastal river with different contamination levels in the Shanghai Pudong New Area using High Throughput Sequencing (V4 region of 18S rDNA). A total of 36 samples were collected, and 30 phyla and 681 genera of periphyton were identified including *Pentatrocha*, *Philodina*, *Vorticella*, *Physocypria*, etc. The composition of periphyton communities in rivers varied significantly with different contamination levels. The community structure of the periphyton communities changed significantly during the survey period, and the community succession in the river sections with different levels of contamination showed differences. The abundance of arthropods at site H decreased rapidly after a sudden increase, while the ciliate dominance decreased dramatically and the chlorophyta became dominant at both sites H and Y during the late sampling period. RDA analysis showed that salinity significantly affected the periphyton communities. Different dominant groups responded differently to environmental changes, such as *Pentatrocha*, *Philodina* and *Vorticella*. This study will provide basic data to further understand the diversity and spatial and temporal succession of periphyton in coastal river and to conduct ecological health assessment of periphyton in damaged water bodies.

**Key words:** periphyton; 18S rDNA; community variation; river pollution; coastal river