

长江中下游地区湖泊硅藻 – 总磷转换函数^{*}

董旭辉^{1, 2}, 羊向东¹, 王 荣^{1, 2}, 潘红玺¹

(1: 中国科学院南京地理与湖泊研究所, 南京 210008)

(2: 中国科学院研究生院, 北京 100039)

摘要: 硅藻转换函数的研究为湖泊环境指标的定量重建提供了有效途径。在长江中下游 45 个湖泊水质和表层沉积硅藻调查的基础上, 利用典型对应分析方法开展了表层硅藻与营养态指标的关系研究。15 个水质指标中总磷解释了硅藻数据的最大变率, 是影响硅藻种群分布的最重要最显著的环境变量。通过对不同加权平均回归方法的比较, 选择了反向还原加权平均回归与校正方法建立了研究区硅藻 – 总磷转换函数模型。依据刀割法统计检验, 该模型提供了较低的推导误差($RMSEP_{jack} = 0.157$)。在删除异常样品后, 该硅藻 – 总磷转换函数的推导能力明显增强, 实测值与推导值的回归相关系数大大提高($R^2_{jack} = 0.82$), 推导误差($RMSEP_{jack} = 0.12$)也较原来降低了近 21%。该转换函数同世界上其它区域的硅藻 – 总磷模型相比具有更强的推导能力。长江中下游地区硅藻 – 总磷转换函数的建立, 为今后开展研究区内不同营养类型湖泊营养本底的定量重建奠定了基础, 可望为湖泊治理参考目标的制定提供有效的技术支撑。

关键词: 长江中下游湖泊; 硅藻; 总磷; 典型对应分析(CCA); 转换函数

A diatom-total phosphorus transfer function for lakes in the middle and lower reaches of Yangtze River

DONG Xuhui^{1, 2}, YANG Xiangdong¹, WANG Rong^{1, 2} & PAN Hongxi¹

(1: Nanjing Institute of Geography & Limnology, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, P. R. China)

(2: Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, P. R. China)

Abstract: Diatom-based transfer function is established to provide an effective approach for the quantitative reconstruction of lake environmental indicators. Based on the investigation of water quality and surface diatoms from 45 lakes along the middle and lower reaches of Yangtze River, the relationships between diatoms and trophic variables were revealed by Canonical Correspondence Analysis (CCA). The result shown that total phosphorus (TP) can explain the most variation of diatom data, suggesting that it is the most important and significant variable which influenced on the diatom distributions. The inverse deshrinking weighted average model (WA) was chosen to establish the diatom-TP transfer function comparing with a series of WA models. According to the jackknifing statistical test the model gave a relative lower root-mean-square of error ($RMSEP_{jack} = 0.157$). After deleted outliers, the new model improved the prediction ability greatly, with a higher coefficient of prediction ($R^2_{jack} = 0.82$) and a 21% decrease of predictive error ($RMSEP_{jack} = 0.12$). It performed much better comparing to other regional TP models. The establishment of our diatom-TP transfer functions will lay a scientific foundation for the trophic status reconstruction in typical lakes in Yangtze floodplain, which will likely to be an effective technique to set realistic targets for lake environment harnessing.

Keywords: Lakes in the middle and lower reaches of the Yangtze River region; diatom; total phosphorus (TP); Canonical Correspondence Analysis (CCA); transfer function

* 中国科学院重大知识创新工程项目(KZCX1-SW-12)和国家 973 项目(2002CB412300)共同资助。

2005-06-20 收稿; 2005-07-18 收修改稿。董旭辉,男,1978 年生,博士研究生; E-mail: xhdong@niglas.ac.cn.

长江中下游地区是世界上罕见的亚热带大型浅水湖泊群地区, 其中面积大于 1 km^2 的湖泊接近 600 个, 近 $1/5$ 的湖泊面积超过 10 km^2 , 数量上约占全国 10 km^2 以上淡水湖泊数量的 63%, 它们发挥着如供水、养殖、航运、防洪、旅游等多种功能^[1]。然而温暖湿润的气候, 丰富的降水量, 加之长期的人类干扰(如森林砍伐和湖泊围垦等), 为湖泊提供了丰富的营养物质。尤其是最近几十年来, 随着社会经济的快速发展, 许多湖泊污染日益严重, 并发生不同程度的富营养化, 水生生态系统结构也随之发生明显转变。水质恶化严重影响了湖区人民的供水安全^[2], 已经引起了环境学家和政府部门的高度重视。但是对这些大型浅水湖泊, 由于对富营养化的机理了解不够, 目前尚未缺乏有效的治理方案。

由于绝大多数湖泊的水质监测记录短(一般不超过 30 年), 根本不可能提供过去自然变化的情景^[3]。湖泊沉积物包含了丰富的生物和理化方面的信息, 可以用来重建湖泊及其流域过去变化的历史^[3,4]。最近十余年来利用湖泊古生态记录(如硅藻、摇蚊等)进行营养本底定量重建技术得到了迅速发展^[5-7], 其中硅藻被证明是用于定量研究的最佳湖泊生物指标^[5,6]。近年来基于加权平均的区域硅藻 - 营养指标(主要是总磷)的转换函数模型陆续在西北欧、阿尔卑斯地区和北美已被建立^[8-12]。但在区域层面上, 这些研究大多集中在寒带和温带地区, 亚热带和季风气候区的湖泊硅藻与总磷转换函数结果至今尚未见报道。

地处亚热带东南季风区的长江中下游地区湖泊众多, 营养梯度跨度大, 为开展区域现代硅藻与营养指标转换函数研究提供了理想的场所。目前已经收集了该区 49 个湖泊的硅藻和水质数据, 初步的分析研究表明硅藻的分布与营养水平梯度关系密切^[13]; Yang et al. 对硅藻与夏季指标的关系进行了分析^[14], 但硅藻与夏季水质的机理关系尚不清楚。对湖泊水质而言, 年均的总磷应该更具现实意义。因此, 本研究拟在前期研究基础上, 进行区域硅藻 - 总磷转换函数模型的建立, 为今后开展该区典型湖泊历史营养水平演化序列定量重建和富营养化机制研究奠定基础。

1 研究方法

1.1 数据来源

前期研究中, 49 个样点中 4 个水库样点由于其硅藻出现异常组合而被删除^[13,14]。本文选择的 45 个湖泊的主要水质指标数据参见表 1, 其中湖泊样点号按照采样点经度由东至西排列。

1.2 数据标准化

在数值分析前, 需对数据进行标准化处理。最终的硅藻 - 水质指标数据库包括硅藻共 32 属 239 种和亚种; 水化学指标包括总磷(TP)、总氮(TN)、叶绿素 a(Chlorophyll-a, 简称 Chl-a)、电导率(Conductivity)、pH 值、透明度(SD)、最大深度(Maximum Depth)、溶解氧(DO)、亚硝态氮(NO_2-N)、氨态氮(NH_4-N)、硝态氮(NO_3-N)、化学耗氧量(COD)、二氧化硅(SiO_2)、溶解无机磷(DIP)等。对硅藻数据, 选择至少在 2 个湖泊中出现且至少在一个样品中含量大于 1% 的属种, 对其含量进行平方根转换; 水化学指标除 pH 值不变外, 其余指标用对数 $\lg(x+1)$ 转换。

1.3 典型对应分析(CCA)

CCA 是基于生态学理论的一种梯度分析方法, 能将属种、样点及环境指标之间的关系反映在坐标轴上^[15]。本研究中 CCA 分析分几步进行:(1)对包括所有环境变量的数据库进行初步的 CCA 分析, 对膨胀因子(VIF)大于 20 的环境变量进行选择性删除。(2)测试各环境变量的边界效应。每次只包括一个环境变量的 CCAs 分析, 可以测试单个环境变量对硅藻的影响, 即所谓的边界效应^[16](marginal effects)。(3)进一步选择的 CCA 分析, 主要用于提取能单独解释且重要的环境变量的最小组合。(4)环境变量的独立效应分析。由于各环境指标之间存在相互作用, 若将一变量作为受限制变量而将其它变量作为共变量的 CCA 分析可以检测该环境变量是否能独立解释硅藻的显著性, 即每个环境变量的独立效应^[17](unique effects)。每个变量的重要性及显著性用 Monte-Carlo 假设检验来进行, 显著性 $p < 0.05$ 。最重要且显著的变量(即有最大的边界和独立效应)用于建立转换函数模型。最后用降维的典型对应分析(DCCA)来判识数据库是否适用于非线性或线性回归模型的建立。DCCA 分析中每次只限定一个环境变量, 根据环境变量在第一轴上的有效梯度长度, 来判识硅藻对该变量的响应模式。当梯度长度 ≥ 2.4 个标准离差单元(s. d.)时, 可以用非线性加权平均模型来建立硅藻 - 环境指标转换函数; 反之用线性模型比较适合^[18]。所有的排序分析均用

程序 CANOCO 4.5^[19]来进行.

表 1 45 个湖泊主要水质指标特征

Tab. 1 Main water quality characteristics for the 45 lakes

样号	湖泊名称	最大深度 (m)	SD (m)	pH	电导率 ($\mu\text{S}/\text{cm}^2$)	TP ($\mu\text{g}/\text{L}$)	TN ($\mu\text{g}/\text{L}$)	Chl-a ($\mu\text{g}/\text{L}$)	COD ($\mu\text{g}/\text{L}$)
1	淀山湖	2.0	0.53	8.30	502.0	168.0	2939.0	32.80	7550
2	元荡湖	1.7	0.43	8.27	496.5	150.0	2441.0	24.08	6830
3	澄 湖	2.2	0.51	8.76	548.4	292.0	2837.0	57.62	7290
4	阳澄湖	1.8	1.13	8.37	524.9	88.0	753.0	6.98	5520
5	金鸡湖	2.3	0.51	8.51	604.5	230.0	3532.0	77.02	8580
6	独墅湖	2.6	0.43	8.47	580.8	290.0	3542.0	72.05	8760
7	梅梁湖	2.6	0.51	8.62	471.8	172.0	2654.0	17.45	7990
8	太 湖	2.8	0.58	8.30	424.9	108.0	1771.0	7.89	5120
9	滆 湖	1.6	1.06	8.29	335.4	59.0	1051.0	6.27	5950
10	长荡湖	1.6	0.54	8.29	369.3	116.0	2275.0	25.77	6000
11	天目湖	11.0	1.38	8.48	178.3	73.0	885.0	11.32	3790
12	南漪湖	2.4	0.84	7.78	186.9	86.0	2339.0	9.83	5450
13	固城湖	3.0	2.75	8.93	186.4	48.0	617.0	4.29	4120
14	石臼湖	2.4	1.56	8.69	163.8	51.0	611.0	4.83	3830
15	玄武湖	1.3	0.44	8.55	270.0	189.8	2097.3	77.02	8155
16	莫愁湖	1.5	0.42	8.32	445.4	515.4	3236.4	71.78	9600
17	巢 湖	3.5	0.36	8.21	294.7	192.5	3035.0	15.67	5600
18	石塘湖	2.1	0.47	8.14	221.8	71.1	1003.0	10.40	4900
19	菜籽湖	4.7	0.65	8.16	141.9	93.5	671.1	13.81	3500
20	武昌湖	3.0	0.75	8.18	105.5	65.1	523.4	7.15	4100
21	麻塘湖	3.5	1.74	7.96	89.8	47.5	416.6	4.37	3300
22	黄 湖	3.0	0.95	8.48	193.9	49.3	736.6	2.26	3600
23	大官湖	3.0	0.81	8.38	196.9	56.3	741.4	4.05	3600
24	泊 湖	4.3	0.76	7.90	103.1	66.8	598.0	3.45	3060
25	花凉亭水库	34.0	3.72	7.90	74.2	36.0	317.4	7.52	2400
26	龙感湖	3.2	0.84	8.00	233.6	51.0	774.3	3.71	4100
27	鄱阳湖	13.0	1.53	7.67	76.9	47.0	617.0	2.65	1300
29	甘棠湖	2.7	0.36	7.93	306.5	548.9	2864.9	24.64	5600
30	八里湖	3.4	0.53	7.96	146.1	113.6	1209.6	11.66	3600
32	太白湖	2.5	0.37	7.85	222.5	125.5	1429.3	4.72	4600
35	武山湖	2.1	0.41	7.62	287.6	207.4	2358.9	35.80	8300
36	赤东湖	5.3	0.63	8.35	143.5	68.0	764.0	16.72	3700
37	策 湖	3.0	0.94	8.03	221.4	38.0	997.0	3.19	3200
38	磁 湖	3.2	0.49	8.55	404.6	141.0	1872.0	59.36	4300
39	大治湖	4.5	0.59	7.80	424.9	72.0	1705.0	7.22	2700
40	保安湖	2.6	1.54	8.10	292.9	36.0	348.0	5.58	2200
41	梁子湖	4.0	1.36	8.21	154.6	38.0	491.0	5.53	2400
42	东 湖	4.3	0.86	8.68	332.1	172.0	1865.0	48.98	5100
43	汤逊湖	2.9	0.88	7.91	176.8	43.0	1452.0	5.95	2200
44	鲁 湖	3.2	0.82	8.13	156.8	51.0	600.0	9.89	2300
45	斧头湖	2.2	0.97	8.17	147.4	35.0	532.0	4.27	2700
46	西凉子湖	2.9	1.53	8.07	213.1	30.0	439.0	2.14	1700
47	黄盖湖	5.8	0.69	8.03	97.4	50.0	1139.0	14.60	4500
48	洪 湖	2.3	1.19	8.58	277.3	62.0	1295.0	31.02	4600
49	洞庭湖	9.7	0.53	7.99	189.3	44.0	1087.0	3.90	2100

1.4 转换函数的建立

对非线性响应模式主要用加权平均回归方法(WA),首先将某属种所在湖泊的某一环境指标值进行该属种丰度值的加权,即得到该属种的环境最佳值,环境变量值的总体偏差就是属种的忍耐值;再将各个属种的最佳值作为权重对硅藻属种百分含量进行加权就得到湖泊的某一环境指标值的初始值。此外,若考虑属种的忍耐值还可得到用忍耐值降权的初始值。由于在上述计算过程中进行了两次加权,其结果导致了初始值的缩小。为得到实际的推导结果,必须对初始环境推导值进行还原,这种还原通过简单的线性回归方法来完成,通常有传统还原法和反向还原法两种途径^[20]。根据还原方式的不同和对属种忍耐值的降权与否,共有如下 WA 方法:即反向的对属种忍耐值降权或不降权的 WA 方法(即 Inverse WA 和 Inverse WA_{tol})、传统的对属种忍耐值降权或不降权的 WA 方法(即 Classical WA 和 Classical WA_{tol})。此外,目前还发展了一种改进的偏最小加权平均回归方法(WA-PLS),它是在加权平均回归的基础上,通过对残余的信息量的多次进行提取,达到提高转换函数推导能力的目的^[21]。本文将用这 5 种方法来建立转换函数。

转换函数推导能力的评估主要依据推导误差(RMSEP)、实测值与推导值的相关系数(R²)、最大偏差(Maximum bias)等统计量,前两者用来衡量模型的总体有效性。最大偏差可以用来衡量环境变量梯度上特定范围内的高估或低估的趋势^[22]。上述统计量主要通过“刀割法(jackknifing)”来计算。“刀割法”是采用重新取样的方法,用每次去一个样品的方法重新建立独立的数据库,对转换函数进行检验^[23]。这种检验方法提供了相对客观的检验结果,在硅藻定量中已被普遍接受。最终,具有最小的推导误差的模型可以作为最佳的转换函数模型。以上转换函数的建立及统计检验均在 CALIBRATE(V7.0)软件^[24]中进行。

2 结果

2.1 CCA 分析结果

限制所有 15 个环境变量的 CCA 分析表明,两主要轴(轴一和轴二)共解释了 26.3% 的硅藻数据的总特征值,其中 NO₃-N 变量膨胀因子过大(VIF > 20)予以删除。一系列的 CCAs 分析表明,TP、TN 是最重要的变量,均解释了最多的硅藻信息量(16.8%),其次重要的是 Chl-a、DIP、电导率、NO₃-N、SD 等,均解释了一定的硅藻变率。进一步选择的 CCA 分析揭示出只包括 TP、Conductivity 和 pH 值的 3 个水质化学环境指标,显著地解释了 22.6% 的硅藻数据的总特征值,与所有环境变量所解释的信息量差别不大,是最佳的最小环境变量组合。对总磷、电导率和 pH 值三个变量的 CCA 分析所得到的双轴图见图 1 所示。其中总磷、电导率指标与第一轴相关,而 pH 值指标主要与第二轴相关。而且所有属种、样点在第一轴的方向上大致按照总磷浓度的高低排列(图 1a、1b)。此外,将另两个变量作为共变量的 CCA 分析显示出这 3 个环境变量均有显著的独立效应(总磷为 9.5%, 电导率为 4.4%, pH 值为 5.2%),所有变量显著性均通过 Monte Carlo 假设检验。根据边界效应、独立效应及各指标与第一轴的关系,不难看出,总磷是最重要最显著的变量。一次只限制一个变量的 DCCA 结果测试出 TP 的梯度长度(2.6s. d.),大于单峰响应的临界值(2.4s. d.),表明硅藻的分布与 TP 的关系很强,足以利用加权平均方法进行 TP 转换函数模型的建立。

2.2 转换函数的建立

对 45 个湖泊用各种 WA 方法建模(DI-TP)的统计检验结果如表 2 所示。反向的 WA 方法提供了最小的 RMSEP_{jack} 而成为最佳建模方法。该模型推导的总磷的值与实测值在坐标轴上较好地沿着 1:1 对角线的排列(图 2a)显示了它们有较强的推导能力^[26]。然而,从其残差分布图(图 2b)中可以看出,两个湖泊样点(巢湖, 样点号 17; 甘棠湖, 样点号 29)有较高的推导残差值,被认为是异常样点。甘棠湖是小型城市湖泊,采样期间过度的城市生活污水管道的泄漏使得水体营养变化异常,使得实测的某个季节性 TP 值过高;而巢湖,采样点被选择在一个主要河流入湖口附近,沿岸水生植被发育,沉积物可能受到水流再搬运的影响,从而影响到硅藻种群的代表性。剔除掉这两个异常样点后,总磷指标的边缘效应和独立效应明显提高(分别解释了硅藻数据的方差值为 18.3% 和 11.3%)。而且梯度长度增加到 2.96s. d. ,第一轴和第二轴的比值也明显提高($\lambda_1/\lambda_2 = 0.94$),表明总磷与硅藻组合之间的关系更为密切。

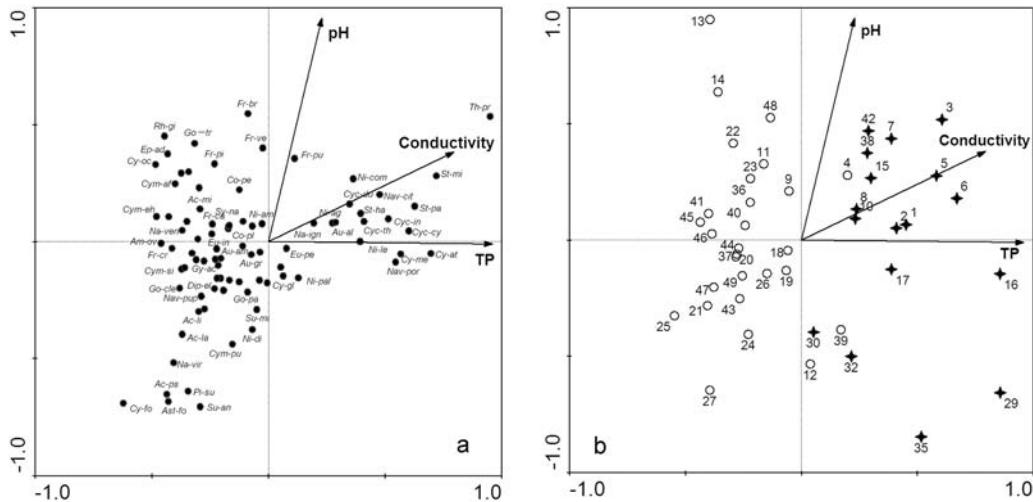


图 1 典型对应分析结果

(a:种点与环境变量双轴图 b:样点与环境变量双轴图 实心圆圈表示硅藻种点,代码见附表;

空心圆圈代表总磷浓度为小于 $100 \mu\text{g/L}$ 的样点;星形符号:总磷浓度为大于 $100 \mu\text{g/L}$ 的样点;总磷范围分类参照 OECD 标准^[25])

Fig. 1 Results of canonical correspondence analysis

(a:bi-plot for species and environment variables b:bi-plot for sites and environment variables. Filled circle stands for diatom species and its codes refers to the appendix; empty circles for sites whose $[\text{TP}] \leq 100 \mu\text{g/L}$; star symbols for sites whose $[\text{TP}] \geq 100 \mu\text{g/L}$; the $[\text{TP}]$ classification according to the OECD standard^[25])

表 2 45 个湖泊硅藻 - 总磷多种转换函数模型检验结果比较

Tab. 2 Comparison of different DI-TP models for 45 lakes

模型	$\text{RMSEP}_{\text{jack}}$	R^2_{jack}	Mean bias	Max. bias
Classical WA	0.169	0.750	0.002	0.272
Classical WA _{tol}	0.166	0.738	-0.014	0.294
Inverse WA	0.157	0.747	0.002	0.380
Inverse WA _{tol}	0.162	0.735	-0.012	0.389
WA - PLS (1)	0.158	0.747	0.001	0.380
WA-PLS (2)	0.160	0.743	0.001	0.341
WA-PLS (3)	0.199	0.668	0.021	0.306
WA-PLS (4)	0.229	0.625	0.024	0.413
WA-PLS (5)	0.248	0.601	0.026	0.490
WA-PLS (6)	0.315	0.529	0.031	0.708

异常样点删除后包括 43 个样点的转换函数模型具有更高的实测值与推导值的回归相关系数($R^2_{\text{jack}} = 0.82$)和更低的推导误差($\text{RMSEP}_{\text{jack}} = 0.12$),与包括 45 个湖泊的转换函数相比,推导误差降低了近 21%,总磷的实测值与推导值的拟合曲线也更接近于 1:1 对角线(图 2c). 总磷残差分布图中(图 2d),样点的残差值在 0 值线上下波动,但当实测对数值低于 1.65(对应实际浓度值 $44.7 \mu\text{g/L}$)或高于 2.4 时(对应实际浓度值大于 $251.2 \mu\text{g/L}$),推导值分别出现一定的高估或低估现象.

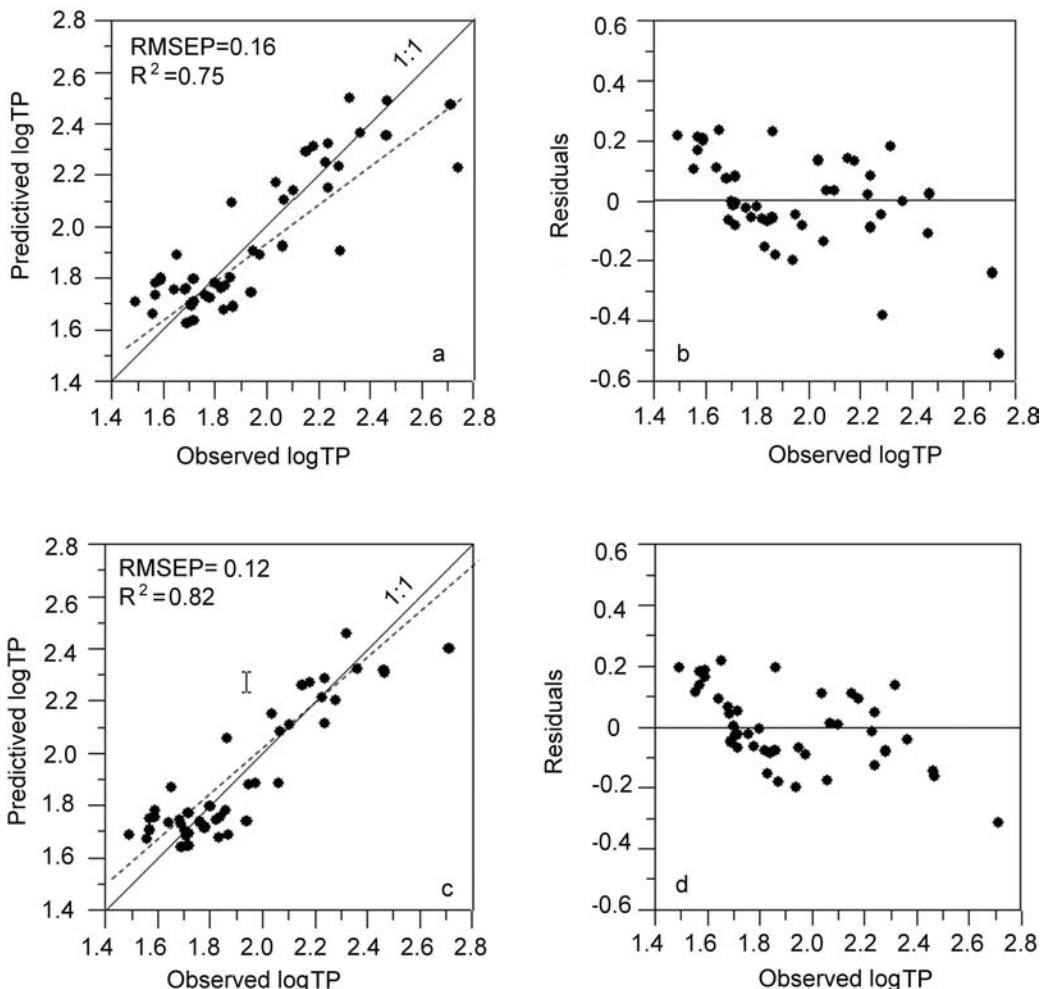


图 2 硅藻 - 总磷转换函数推导能力评估

(a,b,c,d 图分别为 45,43 个湖泊所推的转换函数检验结果;虚线为散点图拟合线)

Fig. 2 Evaluation of the prediction ability of DI-TP models

(a,b and c,d were for 45, 43 lakes respectively; dash lines stand for the regression trends)

利用 WA 方法计算的主要属种的有效出现率、属种的总磷最佳值和忍耐值参见附表。最后的转换函数公式可以表示为: $X_{\text{final}} = -1.22 + 1.64 \times X_{\text{initial}}$, 其中 X_{final} 、 X_{initial} 分别为环境变量的最终推导值及初始推导值。

本研究中 WA-PLS 模型未被选择, 是因为任何残差成分的提取均没有使得推导能力有显著的提高^[27]。

3 讨论与结论

总磷指标是解释硅藻分布最重要最显著的环境变量, 是用于建立转换函数的最佳指标。对所有环境变量的边界效应测试结果表明, 除总磷外其余的营养指标如总氮、Chl-a、NO₂-N、DIP、SD 等也都解释了相当多的硅藻组合信息(分别为 16.8%、14.2%、12.6%、10.6%、7.7%)。但独立效应的分析表明, 这些营养指标并不具有独立解释能力, 而是建立在依赖于其它的指标的基础之上^[17,28]。例如, 对总磷和总氮指标, 独立效应分析的结果表明, 总磷不依赖于总氮独立解释了硅藻的信息, 而当总磷被选择首先解释硅藻数据后, 剩

余信息却不能被总氮所解释,且总氮不能通过显著性检验($p > 0.5$),说明总氮必须依赖于总磷,或者说总氮所解释的硅藻信息属于它与总磷共同解释的信息。总磷指标的重要性还表现在该指标的第一轴与第二轴的特征值比值很高($\lambda_1/\lambda_2 = 0.94$),远高于其它环境变量配对时的比值。通常该比值越高,越有利于转换函数的建立^[29]。此外,从长江中下游湖泊富营养化发生的表征来看,湖泊富营养化的发生,在大多数情况下,是由于湖水中磷的负荷量增加的原因所致^[30,31],它直接影响着湖泊藻类生物量及初级生产力的变化。因此将总磷作为定量重建的指标具有重要的现实意义。

电导率是潜在的可进行定量重建的环境指标。从图3可以看出,电导率是第二显著重要的环境变量,解释了12.6%的硅藻方差值,亦覆盖了一定的环境梯度(变化范围在48~604 $\mu\text{s}/\text{cm}^2$ 之间),但是当对电导率与总磷进行独立效应分析时,电导率只独立解释了较低的硅藻变率(4.4%),远低于总磷指标(9.5%),说明仍有相当多的信息量属于它与总磷所共有。在CCA双轴图(图1)中可以看出,电导率指标和总磷间有很好的相关关系,位于CCA双轴图右端的属种既具有较高的总磷最佳值同时也具有较高的电导率最佳值。电导率与总磷的这种高相关性反映了湖水营养的富集总是伴随着水体离子浓度的增加,此现象在其它一些区域的硅藻-营养数据库中也被证实^[10,12,32],它反映了营养盐入湖的同时也带入了较多的其它离子物质这一客观事实。 pH 与第二轴相关,但解释的硅藻变化的方差值很低(5.0%),且没有明显的环境梯度变化,与研究区湖泊大多为弱碱性有关,因此不适合进行转换函数的建立。

所建立的硅藻-总磷转换函数有较强的推导能力。用反向还原的加权平均回归模型建立的总磷转换函数较传统还原的加权平均回归模型提供了更低的推导误差,这可能与反向回归模型通常产生较低的整体推导误差,而传统回归模型则更侧重于某个区间内推导值与观测值之间的符合程度有关^[20,21]。对比国际上其它区域总磷转换函数结果(表3),本研究的转换函数推导误差(RMSE)低、实测值与推导值的回归相关系数(R^2)较高。该模型较强的推导能力一方面得益于现代数据库中较宽的总磷梯度(范围从30~548 $\mu\text{g/L}$)。一般环境梯度越长,属种的响应模式愈接近单峰响应模式,最佳值计算愈可靠^[33]。另一方面,推导能力较强可能与本数据库中出现的较低底栖硅藻含量有关。研究表明许多底栖种对水体营养浓度并不直接响应^[34],像小型的*Fragilaria*的一些种主要受湖水透光条件的影响,受营养的影响反而较小^[9],从而增加了转换函数和重建的误差^[35]。与西北欧一些浅水湖泊不同的是,本数据库大多数中营养和中富营养浅水湖泊,面积均超过20 km^2 ,底栖属种的缺乏极有可能与大型浅水湖泊风浪作用所造成的强烈干扰有关。最后,本数据库只存在唯一的主要环境梯度(TP)也有利于转换函数推导能力的加强。CCA分析结果表明只有总磷是影响硅藻分布的重要且显著的环境指标,这不同于欧洲的许多湖泊由于酸化问题使得pH值和TP同时是主要的环境梯度^[36],而导致硅藻属种既响应于TP的变化又响应于pH值的变化,所以在计算属种的最佳值时出现一定误差使得模型推导能力下降。

表3 区域总磷转换函数检验结果比较

Tab. 3 Comparison of regional DI-TP models

研究地区	湖泊数量	总磷范围($\mu\text{g/L}$)	RMSEP _{jack}	R^2_{jack}	文献
B C Canada	37	5~28	0.21($\mu\text{g/L}$)	0.73	Hall & Smol, 1992 ^[37]
Michigan, USA	41	1~51	0.41 ln($\mu\text{g/L}$)	0.73	Fritz et al, 1993 ^[8]
N Ireland	41	25~800	0.16 lg($\mu\text{g/L}$)	0.71	Anderson et al, 1993 ^[38]
SE England	30	25~646	0.279 lg($\mu\text{g/L}$)	0.79	Bennion, 1994 ^[9]
Alps & Pre-alp	86	4~266	0.34 lg($\mu\text{g/L}$)	0.57	Wunsam & Schmidt, 1995 ^[10]
NW Europe	152	5~1190	0.21 lg($\mu\text{g/L}$)	0.91	Bennion et al, 1996 ^[39]
Alps	72	6~520	0.19 lg($\mu\text{g/L}$)	0.79	Lotter et al, 1998 ^[6]
Sweden	45	5~370	0.19 lg($\mu\text{g/L}$)	0.49	Bradshaw & Anderson, 2001 ^[11]
Finland	61	3~89	0.16 lg($\mu\text{g/L}$)	0.76	Kaappila et al, 2002 ^[40]
NE German	84	9~1680	0.43 lg($\mu\text{g/L}$)	0.86	Schönfelder et al, 2002 ^[12]
Minnesota, USA	55	7~139	0.25 lg($\mu\text{g/L}$)	0.68	Ramstack et al, 2003 ^[41]
长江中下游地区	43	30~548	0.12 lg($\mu\text{g/L}$)	0.82	本文

与大多数硅藻 - 总磷转换函数模型一样,本硅藻 - 总磷转换函数在总磷梯度的两端同样存在着低估和高估的误差(图 2b,2d). 在总磷低值端的高估,与数据库中缺乏低总磷浓度(小于 $30\mu\text{g/L}$)湖泊样点有关,贫营养类型湖泊的缺乏,相应的贫营养属种也会缺乏,自然会导致高估;在总磷高值端的低估,则与缺乏更高总磷浓度的富营养湖泊有关. 因为通常当总磷浓度超过某一阈值(如 $150 - 180\mu\text{g/L}$)时,硅藻在相当宽的一个总磷范围内保持着某些相同的富营养属种^[42],硅藻种群变化较少^[11]. 例如,本数据库中,从富营养到重富营养湖泊, *Cyclotella meneghiniana* 和 *Cyclotella atomus* 一直是组合类型中的主要种,除非有更高总磷值的湖泊出现才会演替为其它组合. 因此,推导值高估低估的现象的发生,其根本原因均是由于数据库梯度长度有限所造成的. 即当环境梯度长度过短时,属种对其的响应出现“截断效应”,致使属种的最佳值会出现低估高估现象^[20],最终导致推导值的计算误差. 本研究中的数据库中大部分湖泊均属富营养湖泊,总磷梯度虽然介于中营养 - 重富营养范围内,但贫中营养和重富营养湖泊数量仍很少. 为克服这种现象,在今后的工作中一方面要尽可能的增加 TP 梯度两端的湖泊数量,以覆盖足够长的环境梯度;另一方面,在应用转换函数定量重建时,应尽量选择推导值在有效梯度范围内的湖泊进行定量重建,对本研究而言,应该选择 $44.7 - 251.2\mu\text{g/L}$ (对应对数值为 $1.65 - 2.4 \lg\mu\text{g/L}$) 范围内的湖泊进行定量重建,重建误差会相对较小.

致谢:论文写作及修改过程中得到了中国科学院南京地理与湖泊研究所王苏民研究员及吴瑞金研究员的有益指导,特此致谢!

4 参考文献

- [1] 王苏民,窦鸿身. 中国湖泊志. 北京:科学出版社,1998,88 - 471.
- [2] 曹建廷,王苏民. 长江中下游地区湖泊资源可持续利用. 人民长江,2000,31(7):41 - 43.
- [3] Smol J P, Cumming B F. Tracking long-term changes in climate using algal indicators in lake sediments. *J Phycol*, 2000, 36: 986 - 1011.
- [4] Battarbee R W. The importance of palaeolimnology to lake restoration. *Hydrobiologia*, 1999, 395/396: 149 - 159.
- [5] Lotter A F, Birks H J B, Hofmann W et al. Modern diatom, cladocera, chironomid, and chrysophyte cyst assemblages as quantitative indicators for the reconstruction of past environmental conditions in the Alps. I. Climate. *J Paleolim*, 1997, 18: 395 - 420.
- [6] Lotter A F, Birks H J B, Hofmann W et al. Modern diatom, cladocera, chironomid, and chrysophyte cyst assemblages as quantitative indicators for the reconstruction of past environmental conditions in the Alps. II. Nutrients. *J Paleolim*, 1998, 19: 443 - 463.
- [7] Verschuren D, Laird K R, Cumming B F. Rainfall and drought in equatorial east Africa during the past 1100 years. *Nature*, 2000, 403: 410 - 414.
- [8] Fritz S C, Kingston J C & Engstrom D R. Quantitative trophic reconstruction from sedimentary diatom assemblages: a cautionary tale. *Freshwat Biol*, 1993, 30: 1 - 23.
- [9] Bennion H. A diatom-phosphorus transfer function for shallow, eutrophic ponds in southeast England. *Hydrobiologia*, 1994, 275: 391 - 410.
- [10] Wunsam S, Schmidt R. A diatom-phosphorus transfer function for alpine and pre-alpine lakes. *Mem Ist Ital Idrobiol*, 1995, 53: 85 - 99.
- [11] Bradshaw E G, Anderson N J. Validation of a diatom-phosphorus calibration set for Sweden. *Freshwat Biol*, 2001, 46: 1035 - 1048.
- [12] Schönfelder I, Gelbrecht J, Schönfelder J, et al. Relationships between littoral diatoms and their chemical environment in northeastern German lakes and rivers. *J Phycol*, 2002, 38: 66 - 82.
- [13] 董旭辉,羊向东,潘红玺. 长江中下游地区湖泊表层沉积硅藻的基本分布特征. 湖泊科学,2004,16(4): 420 - 425.
- [14] Yang X D, Dong X H, Gao G, et al. Relationships between surface sediment diatoms and summer water

- quality in shallow lakes of the middle and lower reaches of Yangtze River. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2005, **47**(2): 153 – 164.
- [15] ter Braak C J F. The analysis of vegetation-environment relationships by canonical correspondence analysis. *Vegetation*, 1987, **69**: 69 – 77.
- [16] ter Braak C J F, Verdonschot P F M. Canonical correspondence analysis and related multivariate methods in aquatic ecology. *Aquat Sci*, 1995, **57**: 255 – 289.
- [17] Borcard D, Legendre P & Drapeau P. Partialling out the spatial component of ecological variation. *Ecology* 1992, **73**: 1045 – 1055.
- [18] ter Braak C J F & Prentice I C. A theory of gradient analysis. *Advances in Ecological Research*, 1988, **18**: 271 – 317.
- [19] ter Braak C J F and Smilauer P. CANOCO reference manual and user's guide to Canoco for Windows (version 4.5). New York: Centre for Biometry Wageningen, 2002.
- [20] Birks H J B, Line J M, Juggins S, Stevenson A C, et al. Diatoms and pH reconstruction. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B*. 1990, **327**: 263 – 278.
- [21] ter Braak C J F & Juggins S. Weighted averaging partial least squares regression (WA-PLS): an improved method for reconstructing environmental variables from species assemblages. *Hydrobiologia*, 1993, **269/270**: 485 – 502.
- [22] Cameron N G, Birks H J B, Jones V J, et al. Surface-sediment and epilithic diatom pH calibration sets for remote European mountain lakes (AL:PE Project) and their comparison with the Surface Waters Acidification Programme (SWAP) calibration set. *J Paleolim*, 1999, **22**: 291 – 317.
- [23] Dixit S S, Cumming B F, Birks H J B, et al. Diatom assemblages from Adirondack lakes (New York, USA) and the development of inference models for retrospective environmental assessment. *J Paleolim*, 1993, **8**: 27 – 47.
- [24] Juggins S. CALIBRATE version 0.70 – A C⁺⁺ problem for analysing and visualizing species environment relationships and for predicting environmental values from species assemblages, user guide version 1.0. UK: Department of Geography, University of Newcastle, 1997: 23.
- [25] Organization for Economic Co-operation and Development, OECD. Eutrophication of waters: monitoring, assessment and control. OECD, Paris, 1982: 1 – 154.
- [26] Korsman T & Birks H J B. Diatom based water chemistry reconstructions from northern Sweden: a comparison of reconstruction techniques. *J Paleolim*, 1996, **15**: 65 – 77.
- [27] Birks H J B. Numerical tools in palaeolimnology – Progress, potentialities, and problems. *J Paleolim*, 1998, **20**: 307 – 332.
- [28] Liu Q H and Br kenhielm S. A statistical approach to decompose ecological variation. *Water, Air and Soil Pollution*, 1995, **3**: 1587 – 1592.
- [29] ter Braak C J F. Partial canonical correspondence analyses. In: Brock H H. ed. Classification and Related Methods of Data Analysis. Amsterdam: North-Holland, 1988: 551 – 558.
- [30] 段水旺, 章申, 陈喜保. 长江下游氮、磷含量变化及输送量的估计. *环境科学*, 2000, **21**(1): 53 – 56.
- [31] Zhou Q X, Gibson C E, Foy R H. Long-term changes of nitrogen and phosphorus loadings to a large lake in north west Ireland. *Water Research*, 2000, **34** (3): 922 ~ 926.
- [32] Siver P A. Development of paleolimnological inference models for pH, total nitrogen and specific conductivity based on planktonic diatoms. *J Paleolim*, 1999, **21**: 45 – 59.
- [33] Marina G, Potapova D, Charles F, et al. Quantifying species indicator values for trophic diatom indices: a comparison of approaches. *Hydrobiologia*, 2004, **517**: 25 – 41.
- [34] Jones V J & Juggins S. The construction of a diatom-based chlorophyll a transfer function and its application

- at three lakes on Signy Island (maritime Antarctic) subject to differing degrees of nutrient enrichment. *Freshwat Biol.*, 1995, **34**: 433–445.
- [35] Sayer C A. Problems with the application of diatom-total phosphorus transfer functions: examples from a shallow English lake. *Freshwat Biol.*, 2001, **46**: 743–757.
- [36] Enache M & Prairie Y T. WA-PLS diatom-based pH, TP and DOC inference models from 42 lakes in the Abitibi clay belt area(Quebec, Canada). *J Paleolim.*, 2002, **27**: 151–171.
- [37] Hall R & Smol J P. A weighted-averaging regression and calibration model for inferring total phosphorus concentration from diatoms in British Columbia (Canada) lakes. *Freshwat Biol.*, 1992, **27**: 417–434.
- [38] Anderson N J. Nature versus anthropogenic change in lakes: the role of the sediment record. *Trends Ecol Evo.*, 1993, **8**: 356–361.
- [39] Bennion H, Juggins S & Anderson N J. Predicting epilimnetic phosphorous concentrations using an improved diatom-based transfer function and its application to lake eutrophication management. *Environmental Science & Technology*, 1996, **30**: 2004–2007.
- [40] Kauppila T, Moisioet T, Saionen V. A diatom-based inference model for autumn epilimnetic total phosphorus concentration and its application to a presently eutrophic boreal lake. *J Paleolim.*, 2002, **27**: 261–273.
- [41] Ramstack J M, Fritz D R, Engstrom D R, et al. The application of a diatom-based transfer function to evaluate regional water-quality trends in Minnesota since 1970. *J Paleolim.*, 2003, **29**: 79–94.
- [42] Anderson N J & Odgaard B V. Recent palaeolimnology of three shallow Danish lakes. *Hydrobiologia*, 1994, **275/276**: 411–422.

附表 长江中下游地区湖泊表层沉积硅藻属种的代码、有效出现率、最高含量、对总磷的最佳值及忍耐值

Appendix: List of the common diatom taxa in surface sediment of 45 lakes with codes of species, the effective number of occurrences, maximum diatom percentages, optima and tolerance of TP

属种名称	代码	有效出现率	最高含量 (%)	总磷最佳值 ($\mu\text{g/L}$)	总磷忍耐值 ($\log\mu\text{g/L}$)
<i>Achnanthes pseudoswazii</i>	Ac-ps	1.76	1.66	72.04	0.16
<i>Achnanthes lanceolata</i>	Ac-la	3.26	4.22	51.13	0.11
<i>Achnanthes linearis</i>	Ac-li	4.15	2.01	50.20	0.12
<i>Achnanthes minutissima</i>	Ac-mi	16.08	69.27	56.51	0.15
<i>Amphora libyca</i>	Am-li	14.29	1.28	66.42	0.35
<i>Amphora ovalis</i>	Am-ov	4.30	1.10	37.36	0.13
<i>Amphora pediculus</i>	Am-pe	5.91	1.20	63.07	0.16
<i>Amphora veneta</i>	Am-ve	6.62	3.23	52.58	0.12
<i>Asterionella formosa</i>	Ast-fo	1.99	1.97	51.11	0.26
<i>Aulacoseira alpigenae</i>	Au-al	14.15	34.01	134.03	0.19
<i>Aulacoseira ambigua</i>	Au-am	12.76	23.12	58.45	0.36
<i>Aulacoseira granulata</i>	Au-gr	22.60	66.02	70.57	0.28
<i>Aulac. ital. v. tenuissima</i>	Au-it	8.19	1.96	82.78	0.27
<i>Caloneis bacillum</i>	Ca-ba	9.34	1.62	62.72	0.11
<i>Cocconeis pediculus</i>	Co-pe	3.22	2.24	60.76	0.11
<i>Cocconeis placentula</i>	Co-pl	12.53	18.20	58.67	0.20
<i>Cyclostephanos dubius</i>	Cyc-du	11.27	16.04	138.04	0.21
<i>Cyclostephanos invisitatus</i>	Cyc-in	10.84	4.97	170.77	0.28
<i>Cyclostephanos tholiformis</i>	Cyc-th	11.03	7.40	148.56	0.23
<i>Cyclotella/Cyclostephanos</i>	Cyc-ey	13.23	6.01	206.11	0.28
<i>Cyclotella fotii</i>	Cy-fo	2.00	1.66	49.27	0.02
<i>Cyclotella atomus</i>	Cy-at	10.37	27.85	254.86	0.31
<i>Cyclotella ocellata</i>	Cy-oc	1.83	3.58	40.11	0.20
<i>Cyclotella meneghiniana</i>	Cy-me	13.71	75.74	195.66	0.26
<i>Cyclotella pseudostelligera</i>	Cy-ps	17.42	19.05	57.52	0.17
<i>Cyclotella radiosa</i>	Cy-ra	8.33	5.12	60.60	0.15
<i>Cyclotella stelligera</i>	Cy-st	15.77	2.94	98.76	0.38
<i>Cyclotella glomerata</i>	Cy-gl	14.59	3.71	76.40	0.28
<i>Cymbella affinis</i>	Cym-af	9.17	8.45	52.74	0.14
<i>Cymbella pusilla</i>	Cym-pu	2.55	3.49	68.98	0.12
<i>Cymbella silesiaca</i>	Cym-si	8.83	1.81	55.44	0.12
<i>Cymbella ehrenbergii</i>	Cym-eh	1.44	4.59	26.31	0.11
<i>Cymbella microcephala</i>	Cym-mi	9.39	5.24	58.34	0.13
<i>Diploneis elleptica</i>	Dip-el	10.24	1.28	68.42	0.17
<i>Epithemia</i> sp.	Ep-sp	3.81	11.13	54.48	0.10
<i>Epithemia adnata</i>	Ep-ad	5.16	6.82	54.44	0.08
<i>Eunotia incisa</i>	Eu-in	11.87	1.28	61.52	0.21
<i>Eunotia pectinalis</i>	Eu-pe	8.33	1.26	80.00	0.34
<i>Fragilaria pulchella</i>	Fr-pu	1.85	3.18	58.78	0.12

属种名称	代码	有效出现率	最高含量 (%)	总磷最佳值 (μg/L)	总磷忍耐值 (logμg/L)
<i>Fragilaria brevistriata</i>	Fr-br	1.35	19.43	51.11	0.13
<i>Fragilaria capucina</i>	Fr-ca	9.66	2.43	72.29	0.17
<i>Fragilaria construens v. venter</i>	Fr-ve	1.99	14.36	58.63	0.32
<i>Fragilaria crotensis</i>	Fr-cr	8.56	3.11	55.07	0.14
<i>Fragilaria pinnata</i>	Fr-pi	3.21	15.54	57.25	0.20
<i>Gomphonema</i> sp.	Go-sp	12.71	2.03	57.13	0.28
<i>Gomphonema clevei</i>	Go-cle	6.09	1.18	59.65	0.15
<i>Gomphonema truncatum</i>	Go-tr	5.39	2.12	52.58	0.17
<i>Gomphonema gracile</i>	Go-gra	6.08	1.83	60.31	0.13
<i>Gomphonema parvulum</i>	Go-pa	13.66	2.78	71.85	0.26
<i>Gyrosigma acuminatum</i>	Gy-ac	16.53	9.98	58.59	0.20
<i>Melosira linata</i>	Me-li	7.40	1.66	64.30	0.25
<i>Navicula</i> sp. (small type)	Na(sm)	15.85	2.717	6.68	0.29
<i>Navicula cuspidate</i>	Na-sus	3.97	1.47	40.00	0.16
<i>Navicula ignota</i>	Na-ign	1.37	1.71	158.09	0.23
<i>Navicula viridula</i>	Na-vir	3.33	3.31	47.62	0.16
<i>Navicula veneta</i>	Na-ven	9.09	2.41	49.58	0.17
<i>Navicula cryptotenerella</i>	Na-cry	11.44	1.08	55.42	0.12
<i>Navicula clementis</i>	Na-cleco	6.16	1.28	66.90	0.32
<i>Navicula pygmaea</i>	Na-pyg	3.83	1.65	51.98	0.31
<i>Navicula porifera</i> (aff.)	Nav-por	1.92	15.78	199.80	0.24
<i>Navicula trivialis</i>	Nav-tri	7.72	4.98	68.14	0.15
<i>Navicula citrus</i>	Nav-cit	4.25	1.24	147.54	0.22
<i>Navicula cryptocephala</i>	Nav-cryt	13.71	3.33	59.81	0.19
<i>Navicula gregaria</i>	Nav-greg	8.38	3.15	64.58	0.14
<i>Navicula pupula</i>	Nav-pup	6.18	9.36	43.61	0.24
<i>Nitzschia agnita</i>	Ni-ag	11.34	4.35	128.12	0.26
<i>Nitzschia compressa</i>	Ni-com	1.57	1.90	99.06	0.13
<i>Nitzschia levidensis</i>	Ni-le	11.68	1.46	144.74	0.29
<i>Nitzschia amphibian</i>	Ni-am	8.69	3.87	70.31	0.23
<i>Nitzschia acicularis</i>	Ni-aci	3.59	1.70	227.56	0.28
<i>Nitzschia constricta</i>	Ni-con	1.72	1.71	134.12	0.45
<i>Nitzschia dissipata</i>	Ni-di	6.05	2.29	64.18	0.21
<i>Nitzschia subacicularis</i>	Ni-su	9.70	7.90	81.64	0.22
<i>Nitzschia palea</i>	Ni-pal	19.97	18.39	104.52	0.33
<i>Nitzschia perminuta</i>	Ni-per	16.11	1.34	66.01	0.28
<i>Pinnularia subrostrata</i>	Pi-su	2.90	1.51	66.37	0.22
<i>Rhopalodia gibba</i>	Rh-gi	4.93	3.97	49.47	0.07
<i>Stephanodiscus minutulus</i>	St-mi	2.80	13.30	258.05	0.27
<i>Stephanodiscus hantzschii</i>	St-ha	12.13	8.56	144.61	0.25
<i>Stephanodiscus parvus</i>	St-pa	5.58	8.38	191.56	0.23
<i>Sueirella minute</i>	Su-mi	6.26	1.81	70.50	0.26
<i>Sueirella angusta</i>	Su-an	3.33	1.66	57.29	0.20
<i>Synedra nana</i>	Sy-na	2.97	26.65	73.93	0.11
<i>Synedra ulna</i>	Sy-ul	16.12	1.51	61.69	0.20
<i>Synedra ulna</i> v. <i>acus</i>	Sy-ula	10.10	6.96	50.47	0.18
<i>Thalassiosira proschkinae</i>	Th-pr	1.10	27.46	356.70	0.06