

DOI :10.3876/j.issn.1000-1980.2012.03.006

湖泊沉积物中细菌含量影响因素分析

夏倩,刘凌,高慧琴,方泽建

(河海大学水文水资源与水利工程科学国家重点实验室,江苏南京 210098)

摘要:为探讨湖泊沉积物中的生源要素对细菌含量的影响,采用实时定量 PCR 技术检测沉积物中的细菌含量,运用统计学方法找出中值粒径、总有机碳、总氮、总磷等环境因子与细菌含量之间的相关关系,并据此对影响细菌含量的环境因子进行分析。结果表明:湖泊沉积物中细菌含量随深度的增加而减少;沉积物粒径影响营养元素的赋存从而对细菌含量产生影响;总氮、总磷、总有机碳对沉积物中细菌含量的影响与湖泊水域环境、不同季节温度有关。

关键词:湖泊沉积物;细菌含量;实时定量 PCR;影响因素

中图分类号:X172;X524 文献标志码:A 文章编号:1000-1980(2012)03-0275-06

Influencing factor analysis of bacterial content in lake sediments

XIA Qian, LIU Ling, GAO Hui-qin, FANG Ze-jian

(State Key Laboratory of Hydrology-Water Resources and Hydraulic Engineering,
Hohai University, Nanjing 210098, China)

Abstract: In order to study the influence of biogenic elements on bacterial content in lake sediments, the real-time quantitative PCR technology was employed to examine the bacterial content in the sediments at several sampling points. Statistical analysis was conducted to obtain the correlations between the bacterial content and environmental factors, including the medium diameter, total organic carbon, total nitrogen, and total phosphorus, in order to identify the environmental factors that affect the bacterial content. The results show that the bacterial content in the lake sediments decreased with the increase of the sediment depth; the grain sizes of the sediments had an effect on the occurrence of nutrient elements, and thus affected the bacterial content in the sediments; and the effects of total nitrogen, total phosphorus, and total organic carbon on the bacterial content in the sediments were correlated with the water environment of lakes and the temperature in different seasons.

Key words: lake sediments; bacterial content; real-time quantitative PCR; influencing factor

湖泊沉积物可视为巨大的微生物宝库^[1],其中各种各样的微生物积极参与碳循环、氮循环、硫循环,以及铁、锰、钙、硅等微量生源要素的循环过程,对湖泊的物质循环和能量流动起着关键作用^[2-3]。同时,微生物本身也是湖泊底栖生物的重要组成部分,其群落结构和分布特征受到湖泊中各种生源要素的制约和影响。因此,湖泊生态系统内的生源要素和微生物是相互影响、相互作用的。

众多研究表明,在外源性污染源全部切断以后,湖泊沉积物中营养盐的释放能持续发挥作用,使水体继续保持富营养化状态^[4]。而微生物的活动能使沉积物中的氮、磷等生源要素向上覆水体释放,贡献较大部分的营养物质。因此,了解沉积物中微生物和生源要素的变化,掌握沉积物中微生物信息及环境条件,可为湖泊污染修复提供基础资料,这对湖泊富营养化治理措施的制定是非常必要的。

研究表明,沉积物中仅有 0.001%~15.000% 的微生物可分离培养^[5],而自然界中多达 85%~99% 的微生物不可被培养,采用传统的培养法很难准确、全面地获得微生物群落的信息^[6-7]。常规 PCR 技术克服了传

收稿日期:2011-05-17

基金项目:国家自然科学基金(50879018);水利部公益性行业科研专项(201001030);国家重点实验室专项经费(1069-50987112)

作者简介:夏倩(1987—),女,湖南岳阳人,硕士研究生,主要从事水环境演变规律与保护研究。E-mail: xiaqian19@126.com

统培养分离法的局限性,但是仍存在不能准确定量、易污染、假阳性率高等缺点^[8]。而实时定量 PCR 技术利用荧光信号实时监测整个聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)过程,可对细菌准确定量,且具有特异性强、灵敏度高等优点。自 2000 年起,实时定量 PCR 技术广泛应用于环境领域,主要用于研究环境因子的改变对特定微生物类群数量的影响^[9],以及定量分析环境中特定微生物类群^[10-12]。本文运用实时定量 PCR 技术对湖泊沉积物中细菌含量进行定量分析,并结合理化指标分析影响细菌含量的主要环境因素。

1 试验材料与方法

1.1 研究区域概况

在江苏省里下河地区,选取大纵湖、九龙口的 3 个采样点为研究对象。

大纵湖位于兴化、盐城两县交界处,承受平旺、郭正、蜈蚣三湖来水,水生植物丰富,湖盆低平,地势由东北向西南微倾。采样点 1 位于大纵湖的湖心区,离湖岸较远,水面有藻类生长,周围水域被围网分割为一个一个水产养殖区。由于当地渔民以船为家的生活方式,导致湖泊水质受到人类活动的极大破坏。

九龙口处于射阳湖腹部,属于泻湖型沼泽湖泊,淡水水生动植物资源丰富。直到 20 世纪末,该湖泊水质优良,本底值接近自然湖泊演变水平,但近年来水质恶化严重。采样点 2 位于九龙口的南部入湖口,靠近湖岸可以明显看到水中有大量的植物残体。采样点 3 位于九龙口北部入湖口,离湖岸稍远,与主体水域有较强的水力联系。

1.2 样品采集与预处理

于 2009 年 4 月 29 日—5 月 2 日(春季)和 2009 年 11 月 11—13 日(秋季)进行野外采样。经测定,春季采样点 1 水温为 22℃,采样点 2、3 水温为 25℃,秋季 3 个采样点水温均为 9℃。现场用内径 6.2 cm、长 100 cm 的原位底泥采样器(0423sa,德国)在各个采样点采集沉积物样品。样品采集后将上覆水顶出,现场进行分层处理。0~5 cm 按 1 cm 分层,深度大于 5 cm 按 2 cm 分层。将采集到的样品立即置于 -20℃ 保存,再运回河海大学水文水资源与水利工程科学国家重点实验室,测定理化指标并进行微生物试验。

1.3 理化指标的测定

采用《土壤农业化学分析方法》^[13]提供的开氏消煮法和酸溶-钼锑抗比色法测定总氮和总磷,总有机碳用元素分析仪(EA4000,德国)测定,中值粒径用全自动激光粒度分析仪(LS13320,美国)测定。

1.4 细菌含量的测定

1.4.1 沉积物中 DNA 的提取与纯化

采用酚/氯仿有机提取法提取沉积物中的 DNA^[14]。提取的样品基因组 DNA 粗提液立即采用生工生物工程(上海)有限公司的玻璃珠 DNA 胶回收试剂盒(产品号 SK1131)纯化。

1.4.2 标准曲线的建立

a. 采用标准菌株 *N. europaea* ATCC 19718,提取 DNA 作为模板,对 16S rDNA 基因 V3 区扩增后纯化(引物对 f1055/r1392^[15],f1055:ATGGCTGTCGTCAGCT,r1392:ACGGGCGGTGTGTA)。

b. 将扩增后的 DNA 片段连接到载体上,再培养,筛选出重组质粒,割胶纯化,提取重组质粒的 DNA。

c. 测定重组质粒 DNA 在 260 nm 处的吸光度,且已知重组质粒的全序列,可计算出重组质粒的分子量,再根据分子量和阿伏伽德罗常数换算出分子的拷贝数。然后将其稀释,形成每微升 10^7 , 10^6 , 10^5 , 10^4 , 10^3 拷贝数的梯度。对已知浓度梯度的模板 DNA 进行 PCR 扩增,获得阈值循环数 C_t ,得到如图 1 所示的标准曲线。图中 m 表示每个循环的拷贝数。

PCR 扩增的合格标准为: $R^2 > 0.99$,扩增效率为 0.9~1.1。该标准曲线 $R^2 = 0.9986$,扩增效率为 1.06,均处于合格范围内,为有效的标准曲线。用已知的拷贝数(用 x 表示)和阈值循环数 C_t 拟合,可得到标准曲线方程

$$C_t = -3.177 \lg x + 36.315$$

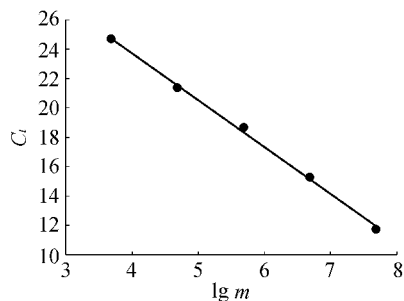


图1 荧光定量 PCR 的标准曲线

Fig. 1 Standard curve of real-time quantitative PCR

1.4.3 沉积物样品 DNA 的实时定量 PCR

将提取的样品 DNA 进行定量 PCR 扩增,其反应体系及试验反应条件如下。(a)反应体系:25 μ L 反应体系,上下游引物终质量浓度 0.6 pmol/ μ L,荧光探针 16 sTaq115 终质量浓度 0.25 pmol/ μ L(荧光探针 16 sTaq115 5' FAM-CAACGAGCGCAACCC-TAMRA3'),Taq 酶 1U,dNTP 2 μ L,10 $\times$ buffer 2.5 μ L。(b)反应条件:预变性 50 $^{\circ}$ C 3 min,95 $^{\circ}$ C 10 min,45 个循环,95 $^{\circ}$ C 30 s,50 $^{\circ}$ C 1 min,72 $^{\circ}$ C 20 s。

将实验所得阈值循环数代入标准曲线方程,计算出样品中目标 DNA 分子的起始拷贝数。根据相关文献的研究结果,目的片段的平均基因拷贝数为 3.6^[16],即每 3.6 个拷贝对应一个细胞,进而计算出单位沉积物中的细菌含量(湿重)。

2 结果分析与讨论

湖泊沉积物环境与微生物之间的关系极为密切,各种环境因子影响着微生物的生长和繁殖等生命活动,同时微生物也通过代谢等生理活动对环境产生影响。

2.1 沉积物细菌含量垂向分布特征

河湖与海洋沉积物中,深度是影响细菌数量变化的一个重要物理因子,不同深度沉积物中的含氧量、含水率、孔隙率、粒径及营养物质等均有差异,从而间接影响细菌的生长。根据试验所测春、秋季采样点 1、2、3 不同深度沉积物中的细菌含量,利用软件 Sigmaplot10.0 绘制出细菌含量的垂向分布,如图 2 所示。

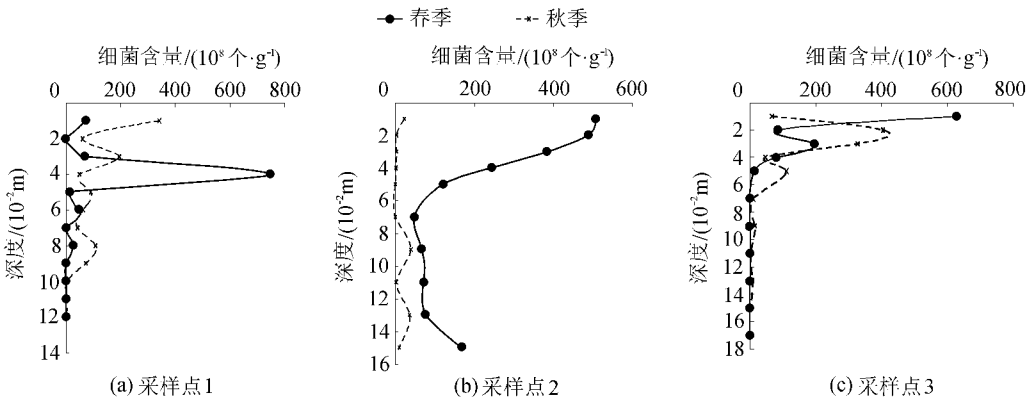


图 2 采样点沉积物细菌含量垂向分布

Fig. 2 Vertical distribution of bacterial content in sediments at three sampling points

由图 2(a)可见,采样点 1 春季沉积物细菌含量在 4 cm 处突然增大后急剧减小,秋季沉积物中 0~8 cm 内细菌含量较大,8 cm 以下稳定在较低水平。总体上,其垂向分布随深度增加而减小。

采样点 2 春季沉积物中细菌含量在 0~5 cm 随深度迅速降低,5~13 cm 沉积物中细菌含量维持稳定,秋季沉积物中细菌含量的垂向分布与春季有较大差异,细菌含量保持在较低水平,随深度变化不大。由春、秋两季对比可知,春季沉积物细菌含量高于秋季,其中存在温度的影响。春季温度(水温为 25 $^{\circ}$ C)回升,细菌活性增强,有利于细菌的大量繁殖,秋季温度(水温为 9 $^{\circ}$ C)较低,细菌的生长繁殖受到限制。

采样点 3 沉积物中表层 5 cm 细菌含量高,随深度变化较大,5 cm 以下沉积物中细菌含量远低于表层细菌含量,这与张超兰等^[17]的结论相似,即微生物数量的垂直空间分布在 0~5 cm 极显著高于其他各层。从能量的角度来看,表层沉积物中营养物质大量聚积,且与上覆水体交换作用强,为微生物提供了优越的生长条件。

总体看来,表层沉积物中细菌含量多于深层沉积物,细菌数量随着深度的增加而逐渐减少。本文所得结果与 Koizumi 等报道的细菌数量随深度变化趋势相一致^[18],即在表层沉积物中,微生物种类最多,且微生物含量随深度增加逐渐降低。

2.2 沉积物细菌含量影响因素分析

根据试验所测理化指标,应用 SPSS17.0 软件对中值粒径、总有机碳、总氮、总磷 4 个指标进行 Spearman 相关分析,得到如表 1 所示 3 个采样点的春、秋季指标相关性,进而分析这 4 个因子对沉积物中细菌含量的影响。

表1 采样点1 2 3春、秋季指标相关性

Table 1 Correlations between spring and autumn indices of three sampling points											
采样点	指标	春季					秋季				
		细菌含量	中值粒径	总有机碳	总氮	总磷	细菌含量	中值粒径	总有机碳	总氮	总磷
1	细菌含量	1.000					1.000				
	中值粒径	0.473	1.000				0.868**	1.000			
	总有机碳	0.473	0.650*	1.000			0.536	0.857**	1.000		
	总氮	0.497	0.571	0.953**	1.000		0.808**	0.921**	0.929**	1.000	
	总磷	0.509	0.692*	0.993**	0.963**	1.000	0.692**	0.842**	0.976**	0.903**	1.000
2	细菌含量	1.000					1.000				
	中值粒径	0.709*	1.000				-0.333	1.000			
	总有机碳	0.394	0.765**	1.000			0.333	0.643	1.000		
	总氮	0.479	0.801**	0.938**	1.000		-0.103	0.862**	0.905**	1.000	
	总磷	0.382	0.701**	0.889**	0.893**	1.000	-0.176	0.872**	0.833*	0.994**	1.000
3	细菌含量	1.000					1.000				
	中值粒径	0.327	1.000				0.857**	1.000			
	总有机碳	0.718*	0.627*	1.000			0.771	0.905**	1.000		
	总氮	0.682*	0.500	0.945**	1.000		0.786*	0.915**	0.833*	1.000	
	总磷	0.709*	0.545	0.973**	0.991**	1.000	0.857**	0.806**	0.857**	0.855**	1.000

注: *表示在 $p < 0.05$ 下显著相关, **表示在 $p < 0.01$ 下显著相关。

2.2.1 沉积物粒径的影响

湖泊沉积物是湖泊底质环境的主要物质基础,而沉积物粒径组成能够提供物质迁移和沉积过程的重要信息,是反映某个水域水动力状况和沉积环境变化的一个综合指标。研究表明^[19],在区域上系统地研究沉积物中值粒径的变化,可以了解沉积物的来源、运移趋势以及沉积物环境的变化,因此本文选用中值粒径来反映沉积物粒径情况。

采样点1 3秋季沉积物以及采样点2春季沉积物中,中值粒径与细菌含量、总有机碳、总氮、总磷均为极显著相关。采样点1 3春季沉积物中,中值粒径与总有机碳显著相关,但与细菌含量、总氮、总磷不存在显著相关,而采样点2秋季沉积物中中值粒径与总氮、总磷极显著相关,但与细菌含量、总有机碳相关性较差。可见,沉积物粒径可通过影响氮、磷、有机质的物理化学条件来影响微生物的生长状况。研究表明^[20-21],粒径组成直接影响有机质的传送和分布及土壤滞水能力的强弱,进而影响细菌的生长。黏粒含量多的沉积物孔隙比较小,比表面积比较大,滞水能力较强,吸附力更强,从而影响沉积物中微生物的数量及其活动。另外,沉积物中营养元素的含量随着沉积物粒度的不同而呈现有规律的变化^[22],泥沙颗粒可通过影响氮、磷等营养物质的运输、吸附、释放而间接对微生物产生影响。

2.2.2 营养源的影响

氮磷类营养盐是细菌生长的重要物质基础,其含量直接影响细菌的生长状况。沉积物中氮、磷对微生物的生长繁殖产生重要影响,而氮、磷的释放与微生物的活动也大有联系。有研究表明,细菌可影响营养物质的短暂储存和释放^[23]。

湖泊中有机质主要来源于陆源输入和水体中自养生物合成,总有机碳表示沉积物中有机质的总量,可较全面地反映湖泊受到有机物污染的程度。研究表明,总有机碳是微生物群落的最大影响因子之一^{—[24]}。

采样点3春季沉积物中,细菌含量与总有机碳、总氮、总磷的相关系数分别达到0.718、0.682、0.709,均为显著相关。从该采样点沉积物的环境来看,水生植物密布,腐殖的水生植物导致沉积物中氮、磷、有机质含量高,为沉积物中的细菌提供丰富的营养,有利于细菌的繁殖生长。但是采样点1 2春季沉积物中细菌含量与总有机碳、总氮、总磷的相关性较差,说明这2个采样点春季沉积物中细菌含量是众多因素综合作用的结果,单个因子对其影响不显著。该结果与冯峰^[25]的研究存在差异,他认为沉积物中细菌含量和有机碳总量、总氮、总磷均存在显著的相关性。

在秋季,采样点1 2 3沉积物中细菌含量与总有机碳的相关系数分别为0.536、0.333、0.771,相关程度较弱,可见秋季沉积物中细菌含量受有机质的影响较小。可能因为深秋季节温度很低,细菌活性降低,其繁殖受到很大程度的抑制,而且水生植物在夏季大量生长,秋季腐烂沉积,沉积物中有机质含量充足,导致总有机碳相对过剩,使得总有机碳变化对细菌含量的影响较小。

3 结 论

a. 在垂向分布上,随着沉积物深度的增加,细菌数量总体表现出下降的趋势。

b. 相同采样点春、秋季对比发现,沉积物中春季细菌含量总体上高于秋季,这是因为温度等多因素的影响。

c. 中值粒径对营养物质产生影响,从而间接影响湖泊沉积物中细菌含量;春季沉积物中总氮、总磷、总有机碳对细菌含量的影响受到采样点水域环境及其他环境因子的影响,秋季沉积物中有机质对细菌含量的影响不是很明显,这与秋季的温度较低有关。

d. 沉积物中微生物种类繁多复杂,不同细菌的代谢机理和分布情况不同,对营养元素的作用程度不同,受到环境因子的影响也各异。但本文仅从细菌总量的角度来分析,不足以深入地探讨具体微生物与氮、磷等物理化学指标间的关系。因此,还需要利用实时定量 PCR 技术对沉积物中某一种或几种细菌数量进行专门的研究,结合环境因子进行深入分析与探究。

参考文献:

- [1] 王育来. 辽河污染断面沉积物微生物分布特征及基因强化修复方法初探[D]. 北京: 北京师范大学, 2008.
- [2] DEMING J D, BAROSS J A. The early diagenesis of organic matter: bacterial activity[G]//EENEL M, MACKO S. Organic Chemistry. New York: Plenum Press, 1993: 119-144.
- [3] NIXDORF B, JANDER J. Bacterial activities in shallow lakes: a comparison between extremely acidic and alkaline eutrophic hard water lakes[J]. Hydrobiologia, 2003, 506-509(1-3): 697-705.
- [4] SAS H. Lake restoration by reduction of nutrient loading: expectation, experiences, extrapolations[M]. St. Augustin, Germany: Academia Verlag Richarz, 1989.
- [5] GIO VANNONI S J, BRITSCHGI T B, MOYER C L, et al. Genetic diversity in Sargasso sea bacterioplankton[J]. Nature (London), 1990, 345: 60-63.
- [6] 李怀, 关卫省, 欧阳二明, 等. DGGE 技术及其在环境微生物中的应用[J]. 环境科学与管理, 2008, 33(10): 93-99. (LI Huai, GUAN Wei-sheng, OUYANG Er-ming, et al. DGGE (denatured gradient gel electrophoresis) and its application in the research of environmental microbiology[J]. Environmental Science and Management, 2008, 33(10): 93-99. (in Chinese))
- [7] 梁英娟, 罗湘南, 付红霞. PCR-DGGE 技术在微生物生态学中的应用[J]. 生物学杂志, 2007, 24(6): 58-60. (LIANG Ying-juan, LUO Xiang-nan, FU Hong-xia. Application of PCR-DGGE in microbial ecology[J]. Journal of Biology, 2007, 24(6): 58-60. (in Chinese))
- [8] 赵大勇, 燕文明, 冯景伟. 实时荧光定量 PCR 技术对氨氧化细菌的研究[J]. 环境科学与技术, 2009, 33(12): 8-13. (ZHAO Da-yong, YAN Wen-ming, FENG Jing-wei. Real time fluorescent quantitative PCR and its application in the studies of ammonia oxidizing bacteria[J]. Environmental Science & Technology, 2009, 33(12): 8-13. (in Chinese))
- [9] OKANO Y, HRISTOVA K R, LEUTENEGGER C M, et al. Application of real-time PCR to study effects of ammonium on population size of ammonia-oxidizing bacteria in soil[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70: 1008-1016.
- [10] GODHE A, ASPLUND M E, HÄMSTRÖM K, et al. Quantification of diatom and dinoflagellate biomasses in coastal marine seawater samples by real-time PCR[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, 74: 7174-7182.
- [11] HERMANSSON A, LINDGREN P E. Quantification of ammonia-oxidizing bacteria in arable soil by real-time PCR[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67: 972-976.
- [12] SKOVHUS T L, RAMSING N B, HOLMSTRÖM C, et al. Real-time quantitative PCR for assessment abundance of *Pseudoalteromonas* species in marine samples[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70: 2373-2382.
- [13] 中国土壤学会. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [14] ZHOU J, BURNS M A, TIEDJE J M. DNA recovery from soils of diverse composition[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62(2): 316-322.
- [15] LIMPIYAKORN T, SHINOHARA Y, KURISU F. Communities of ammonia-oxidizing bacteria in activated sludge of various sewage treatment plants in Tokyo[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2005, 54: 205-217.
- [16] KLAPPENBACH J A, SAXMAN P R, COLE J R, et al. The ribosomal RNA operon copy number database[J]. Nucl Acids Res, 2001, 29: 181-184.
- [17] 张超兰, 韦必帽, 刘敏, 等. 含镉废水人工湿地处理系统中基质微生物数量和酶活性研究[J]. 水资源保护, 2010, 26(4): 57-61. (ZHANG Chao-lan, WEI Bi-mao, LIU Min, et al. Microorganism population and enzyme activity in substrate of vertical-flow

- constructed wetland treating Cd wastewater[J]. Water Resources Protection 2010 26(4):57-61.(in Chinese))
- [18] KOIZUMI Y ,KOJIMA H ,FUKUI M. Characterization of depth-related microbial community structure in lake sediment by denaturing gradient gel electrophoresis of amplified 16S rDNA and reversely transcribed 16S rRNA fragments[J]. FEMS Microbiology Ecology 2003 , 40(2):125-136.
- [19] 彭晓彤,周怀阳,叶瑛,等. 珠江口沉积物粒度特征及其对底层水动力环境的指示[J]. 沉积学报, 2004, 22(3):487-493.
(PENG Xiao-tong ZHOU Huai-yang ,YE Ying ,et al. Characteristics of sediment grain size and their implications for bottom hydrodynamic environment in the Pearl River Estuary[J]. Acta Sedimentologica Sinica 2004 22(3):487-493.(in Chinese))
- [20] FLEITUCH T ,STARZECKA A ,BEDNARZ T. Spatial trends in sediments structure ,bacteria and periphyton communities across a freshwater ecotone[J]. Hydrobiologia 2001 464 :165-174.
- [21] KANDELER E ,TSCHERKO D ,BRUCE K D ,et al. Structure and function of the soil microbial community in microhabitats of a heavy metal polluted soil[J]. Biology and Fertility of Soils 2000 32(5):390-400.
- [22] 赵一阳,喻德科. 黄海沉积物地球化学分析[J]. 海洋与湖沼, 1983, 14(5):432-445.(ZHAO Yi-yang ,YU De-ke. Geochemical analysis of the sediments of the Huang Hai Sea[J]. Oceanologia Et Limnologia Sinica ,1983, 14(5):432-445.(in Chinese))
- [23] 黎颖治,夏北成. 影响湖泊沉积物-水界面磷交换的重要环境因子分析[J]. 土壤通报, 2007, 38(1):162-166.(LI Ying-zhi ,XIA Bei-cheng. Some important exterior factors to affect phosphorus exchange across the sediment-water interface in lakes[J]. Chinese Journal of Soil Science 2007 38(1):162-166.(in Chinese))
- [24] 高慧琴,刘凌,方泽建. 夏季湖泊表层沉积物的理化性质与微生物多样性[J]. 河海大学学报:自然科学版, 2011, 39(4):361-366.(GAO Hui-qin ,LIU Ling ,FANG Ze-jian. Physicochemical properties and microbial diversity of superficial deposits of lakes in summer[J]. Journal of Hohai University :Natural Sciences 2011 39(4):361-366.(in Chinese))
- [25] 冯峰. 沉积物中碳氮磷形态含量、微生物量的垂向分布及其相关性研究[D]. 武汉:中国科学院研究生院, 2006.

《水利水电科技进展》征订启事

(邮发代号 28-244, CN32-1439/TV, ISSN1006-7647, 双月刊, A4 开本)

《水利水电科技进展》由河海大学主办,是中国科学引文数据库(CSCD)来源期刊,全国中文核心期刊,中国科技核心期刊,RCCSE 核心期刊,全国水利系统优秀期刊,华东地区优秀期刊,江苏省优秀期刊. 主要刊登水科学、水工程、水资源、水环境、水管理方面的科技论文,主要栏目有水问题论坛、研究探讨、工程技术、水管理、专题综述、国外动态等,适合水科学、水工程、水资源、水环境领域的科研、工程、管理人员以及大专院校师生阅读.

《水利水电科技进展》由邮局发行,邮发代号 28-244,2012 年每期定价 12 元,全年 6 期共计 72 元.可在全国各地邮局订阅,也可直接向编辑部订阅.

编辑部地址:南京市西康路 1 号 《水利水电科技进展》编辑部

邮政编码 210098

电话/传真 025-83786335

E-mail jz@hhu.edu.cn

http://kkb.hhu.edu.cn/web/indexjz.asp?l_id=5