

# 浮游细菌在黄海冷水团中的分布

李洪波<sup>1, 2</sup>, 肖天<sup>1,\*</sup>, 丁涛<sup>3</sup>, 吕瑞华<sup>4</sup>

(1. 中国科学院海洋研究所海洋生态与环境重点实验室, 青岛 266071; 2. 中国科学院研究生院, 北京 100039; 3. 国家海洋局海洋动力过程与卫星海洋学重点实验室, 国家海洋局第二海洋研究所, 杭州 310012; 4. 国家海洋局第一海洋研究所, 青岛 266000)

**摘要:**采用荧光显微镜直接计数和分级培养的方法对黄海冷水团水域的浮游细菌分布及其摄食压力来源进行了研究, 结果表明: 在所研究水域聚球(*Synechococcus* spp.)蓝细菌生物量的变化是 0.78~33.49 mg C/m<sup>3</sup> (平均为 6.26 mg C/m<sup>3</sup>, n=197), 最高值是最低值的 40 多倍; 异养细菌生物量的变化是 1.58~21.25 mg C/m<sup>3</sup> (平均为 5.79 mg C/m<sup>3</sup>, n=197), 最高值是最低值的 13 倍。在垂直方向上聚球蓝细菌生物量表现为中层>表层>底层, 异养细菌生物量表现为表层>中层>底层。聚球蓝细菌对浮游植物总生物量的贡献 (CB/PB) 为 2%~99% (平均为 42.5%), 而异养细菌生物量与浮游植物生物量的比值为 0.05~6.37 (平均为 0.85)。在浮游细菌的昼夜变化中, 聚球蓝细菌的最高值是最低值的 8.8 倍, 异养细菌最高值是最低值的 2.8 倍, 但二者的昼夜变化规律不明显。浮游细菌的分布与水温和盐度变化基本一致, 且浮游细菌生物量最低值出现在冷水团水域。另外在冷水团区域聚球蓝细菌的主要摄食者是小型浮游动物 (Microzooplankton, 20~200 μm), 摄食率约为 0.20~0.42/d。

**关键词:** 黄海冷水团; 聚球蓝细菌; 异养细菌; 分布; 小型浮游动物

文章编号: 1000-0933(2006)04-1012-09 中图分类号: Q173 文献标识码: A

## The distribution of bacterioplankton in the Yellow Sea Cold Water Mass (YSCWM)

LI Hong-Bo<sup>1, 2</sup>, XIAO Tian<sup>1,\*</sup>, DING Tao<sup>3</sup>, LÜ Rui-Hua<sup>4</sup> (1. Key laboratory of Marine Ecology and Environmental Science, Qingdao Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China; 2. Graduate School, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China; 3. Laboratory of Ocean Dynamic Processes and Satellite Oceanography, Second Institute of Oceanography, SOA, Hangzhou 310012, China; 4. First Institute of Oceanography, SOA, Qingdao 266061, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(4): 1012~1020.

**Abstract:** The Yellow Sea Cold Water Mass (YSCWM) is very important phenomena in the southern Yellow Sea, especially prominent in summer and autumn. It is renewal in winter every year and the boundary and temperature-salinity structure remain almost unchanged one year comparing to another. The primary characters of YSCWM are low temperature with a remarkable variation (5~12°C) and a rather constant salinity (31.5~32.5). The particular physico-chemical parameters of YSCWM represent a very attractive model system to study the impact of environmental changes on the biomass of bacterioplankton which is composed mainly of heterotrophic bacteria and two types of photosynthetic prokaryotes cyanobacteria, *Prochlorococcus* and *Synechococcus*. These prokaryotes are basic components of microbial loop, and play an important role in the marine food web.

In this paper, the author described the distribution of bacterioplankton and the preying pressure. At the same time, the author discussed the effect of Yellow Sea Cold Water Mass (YSCWM) on the distribution of bacterioplankton.

Four special surveys were carried out in Aug. 2001, and Aug., Sep., Oct. 2002 in the southern Yellow Sea, China.

**基金项目:** 国家自然科学基金资助项目(40376048); 国家重点基础研究专项经费资助项目(G19990437)

**收稿日期:** 2005-03-14; **修订日期:** 2005-05-30

**作者简介:** 李洪波, (1976~), 男, 河南人, 博士生, 主要从事海洋微生物生态学研究. E-mail: hbli@nmenc.gov.cn

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: txiao@ms.qdio.ac.cn.

**致谢:** 感谢“北斗号”渔业调查船船长及全体船员。感谢法国的 Dr. WU Long-Fei 先生对文章写作的帮助; 感谢张光涛博士对本文所作的悉心指导

**Foundation item:** The project was supported by National Natural Science Foundation of China (No. 40376048); National Key Fundamental Developing Project (No. G19990437)

**Received date:** 2005-03-14; **Accepted date:** 2005-05-30

**Biography:** LI Hong-Bo, Ph. D. candidate, mainly engaged in marine microbial ecology. E-mail: hbli@nmenc.gov.cn

Bacterioplankton abundance and biomass were quantified along the transect from Qingdao of China to Jeju island of Korea. Samples for bacterioplankton were collected from a SeaBird CTD-General Oceanic Rosette assembly with 10 l Go-Flo bottles, and preserved with buffered glutaraldehyde at a concentration of 1%. *Synechococcus* cyanobacteria abundance was determined by directly counting cell numbers using epifluorescence microscopy method; and heterotrophic bacteria after acridine orange staining. The biomass of *Synechococcus* cyanobacteria and heterotrophic bacteria were calculated with a carbon conversion factor of 294 fg/cell and 20 fg/cell, respectively. Concentrations of Chl-a were measured on a Turner fluorometer. Phytoplankton biomass was calculated by a conversion factor of 50 mg C/mg chlorophyll.

The results showed: the range of *Synechococcus* biomass was 0.78 ~ 33.49 mg C/m<sup>3</sup> (average was 6.26 mg C/m<sup>3</sup>), and heterotrophic bacteria biomass was 1.58 ~ 21.25 mg C/m<sup>3</sup> (average was 5.79 mg C/m<sup>3</sup>, n = 197). In the vertical direction, the distribution of *Synechococcus* biomass was shown as the mid-layer > surface > bottom, and heterotrophic bacteria biomass was surface > mid-layer > bottom. The contribution of *Synechococcus* to the total phytoplankton biomass (CB/PB) was from 2% to 99% (average value was 42.5%), but the ratio of heterotrophic bacteria biomass to phytoplankton biomass was from 0.05 to 6.37 (average value was 0.85). Daily variations of bacterioplankton biomass at anchor stations showed the *Synechococcus* maximal biomass was 8.8 times of the minimum value, and 2.8 times of heterotrophic bacteria. All in a word, the distribution of bacterioplankton was accorded with temperature and salinity, the minimum value of bacterioplankton biomass occurred in YSCWM waters. At same time, the microzooplankton (20 ~ 200 μm) were the grazer who prey on *Synechococcus* in this waters, and the ingesting rate was about 0.20 ~ 0.42/d.

**Key words:** Yellow Sea Cold Water Mass; distribution; bacterioplankton; microzooplankton

黄海冷水团是黄海最重要的水文现象,春夏秋季表现比较明显,每年冬季更新,年复一年,有着相近的边界位置和温盐结构。主要特征是温度低且温差大,盐差小,温度变化范围通常约为5~12℃,盐度变化范围通常约为31.5~32.5<sup>[1~3]</sup>。黄海冷水团的存在不仅对水化学要素、营养盐(硝酸盐)、叶绿素的垂直分布产生影响<sup>[4, 5]</sup>,而且对浮游动物——桡足类中华哲水蚤的度夏机制都有影响<sup>[6]</sup>。

海洋浮游细菌在海洋生态系统中分布广泛,生物量大,能量转化效率高而受到越来越多的海洋学家的重视。国际上对浮游细菌生态学的研究开展的较早也很广泛<sup>[7~10]</sup>,国内最早有宁修仁<sup>[11]</sup>研究员在1986年对长江口及其冲淡水区中的异养细菌、蓝细菌的分布特点进行了研究,刘子琳<sup>[12]</sup>也对上述地区的异养细菌丰度及生产力作了研究,最近几年来人们对渤海、黄海和东海在不同季节下浮游细菌生物量和生产力的分布特征作了描述<sup>[13~16]</sup>。但涉及海洋物理过程对浮游细菌生态分布影响的研究较少,而本文研究了黄海沿青岛至济州岛断面中浮游细菌的生态分布特点,同时探讨了黄海冷水团的存在对浮游细菌分布的影响。

## 1 材料和方法

### 1.1 调查时间和取样站位

2001年8月10~24、2002年8月15~27、9月16~20、10月21~26日乘“北斗号”考察船沿青岛至济州岛方向执行国家973项目“东、黄海生态系统动力学与生物资源可持续性利用”中的“中华哲水蚤度夏机制”专项调查。采样区域如图1所示。在黄海中部和南部,东海北部(30°~36°N, 121°~125°E)的断面1进行物理、化学和生物现场调查研究(见图1)。也是本文研究的重点断面。

2001年8月在1-7、2-3站,采集表层海水做分级培养并做连续站,每隔3h采样1次,共做24h。2002年8月在1-7、1-3站采集20 m水层的海水做分级培养试验。

温度、盐度资料由船载SBE19-CTD测得。每个站位用ROSETTE采水器分层采水,水层根据温跃层的分布确定。水层一般为表层、跃层起始层、跃层变化最大层、跃层结束层和底层。各水层收集50ml水样装于灭菌后的螺盖塑料瓶中,并用戊二醛固定(Glutaraldehyde,终浓度为1%),4°C黑暗保存至实验室分析。

### 1.2 海洋浮游细菌的计数方法及生物量换算

在实验室内参照Waterbury<sup>[17]</sup>和Hobbie<sup>[18]</sup>的方法用荧光显微镜计浮游细菌数量,然后换算成浮游细菌的

丰度——每毫升海水中聚球(*Synechococcus* spp.)蓝细菌细胞数量(cells/ml)和异养细菌的细胞数量(cells/ml)。丰度乘以浮游细菌细胞碳含量得出生物量(mg C/m<sup>3</sup>)。而浮游细菌细胞碳含量的转换因子随浮游细菌种类不同而异,在研究中聚球蓝细菌的碳转换因子用294 fg/cell<sup>[19, 20]</sup>,异养细菌的碳转换因子用20 fg/cell<sup>[21]</sup>。叶绿素a与浮游植物生物量之间的转换关系按照1单位叶绿素a等于50单位碳含量来换算将叶绿素a浓度转换为浮游植物生物量(mg C/m<sup>3</sup>)<sup>[22]</sup>。

### 1.3 聚球蓝细菌分级培养试验方法及其生长率的计算

用5L Niskin采水器分别采取表层、20 m水层的水,各装入2L的培养瓶中放回自然海水平原位培养24 h。用不过滤海水、200 μm孔径筛绢过滤海水、20 μm筛绢过滤海水和3 μm滤膜过滤海水(4个实验组)分别装入2L的培养瓶(每组3瓶,共计12瓶)。在每个培养瓶培养前和培养后分别取样、固定、保存<sup>[23]</sup>。

蓝细菌生长率的计算方法如下<sup>[24]</sup>:

$$k = \frac{\ln N_t - \ln N_0}{t}$$

式中,N<sub>0</sub>和N<sub>t</sub>分别为实验开始时和试验结束时试验瓶中蓝细菌的丰度;t为培养时间;k为蓝细菌的生长率。

## 2 结果

### 2.1 浮游细菌的大面分布

4个航次的聚球蓝细菌及异养细菌生物量在断面1中的分布显示在表1中。从表1可以得到,聚球蓝细菌生物量的变化是0.78~33.49 mg C/m<sup>3</sup>(平均为6.26 mg C/m<sup>3</sup>,n=197),最高值是最低值的40多倍;异养细菌生物量的变化是1.58~21.25 mg C/m<sup>3</sup>(平均为5.79 mg C/m<sup>3</sup>,n=197),最高值是最低值的13倍。夏季聚球蓝细菌的生物量最大值主要分布在10m以上水层,而异养细菌生物量最大值主要分布在水体10m层。而聚球蓝细菌生物量的最低值分布既有在水体底层的也有在表层的,异养细菌生物量的最小值出现在底层。

表1 聚球蓝细菌与异养细菌在4个航次中的分布状况

Table 1 The distribution of *Synechococcus* spp. (Syn) and heterotrophic bacteria (HB) in four surveys

航次 Cruises	Syn			HB			n
	最小 Min	最大 Max	平均 Average	最小 Min	最大 Max	平均 Average	
Aug. 2001	Stn.	1~7(10m)	1~1(10m)	1~7(45m)	1~7(10m)	53	55
	Abu.	6496.60	113925	24300	182218.8	1062688	
	Bio.	1.91	33.49	7.15	3.64	21.25	
Aug. 2002	Stn.	1~6(1m)	1~9(10m)		1~7(75m)	1~10(10m)	55
	Abu.	2667.78	75950	18836.45	164957.4	1055286	
	Bio.	0.78	22.33	5.54	3.3	21.11	
Sep. 2002	Stn.	1~4(60m)	1~7(1m)		1~7(75m)	1~7(10m)	35
	Abu.	2707.89	74480	19895.26	79114.58	346062.5	
	Bio.	0.80	21.90	5.85	1.58	6.92	
Oct. 2002	Stn.	1~7(75m)	1~8(1m)		1~10(76m)	1~7(20m)	54
	Abu.	3516.47	85820	22028.32	112291.7	534980.5	
	Bio.	1.03	25.23	6.48	2.25	10.70	

Stn 站位和水深 Stations and water depths; Abu 丰度 Abundance(cells/ml); Bio 生物量 Biomass(mg C/m<sup>3</sup>); n 采样数量 Number of sampling

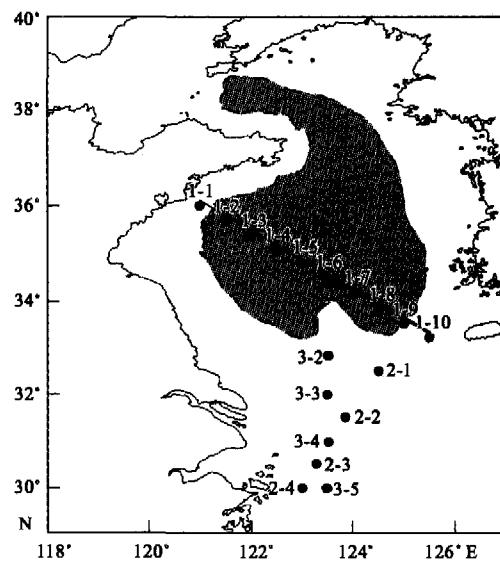


图1 采样站位,阴影代表黄海冷水团边界的大体位置<sup>[2]</sup>

Fig.1 Map of sampling stations. Shadow area represents the approximate bottom boundary of YSCWM<sup>[2]</sup>

## 2.2 浮游细菌的垂直分布

从图2可以看出,聚球蓝细菌在水体垂直分布上有以下特点:在30m以上,蓝细菌的丰度比较高,最高值高于 $60 \times 10^3$  cells/ml,30m以下丰度偏低,在4个航次中均低于 $20 \times 10^3$  cells/ml。8月份蓝细菌丰度的峰值主要出现在水体的中层(10~30m),且生物量的分布情况是中层>表层>底层;而在9、10月聚球蓝细菌生物量垂直分布情况则为表层>中层>底层(表2)。

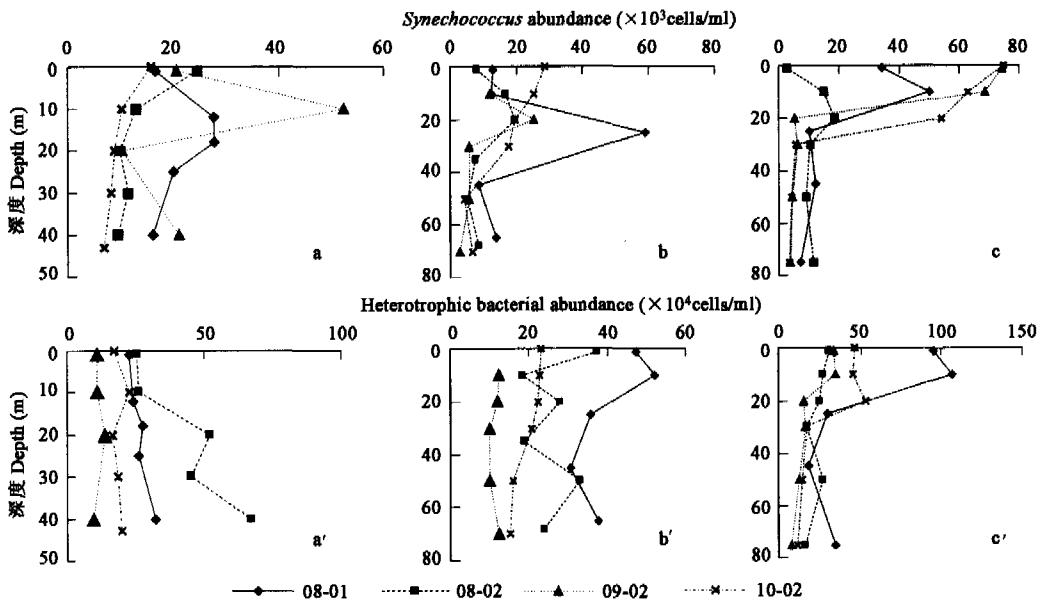


图2 聚球蓝细菌和异养细菌丰度在3个站位(1-3站,1-5站,1-7站)的垂直分布

Fig. 2 Vertical variations of *Synechococcus* and heterotrophic bacterial abundance in stations 1-3, 1-5, 1-7

a, a':1-3 站 station 1-3; b, b': 1-5 站 station 1-5; c, c': 1-7 站 station 1-7

在选择的几个站位中,异养细菌丰度在表层和底层的分布均比中层的要高(图2)。在1-3站,只有在2002年8月航次中,异养细菌在垂直方向上丰度变化比较大,且丰度最高值出现在底层( $66.83 \times 10^4$  cells/ml);在其他航次中异养细菌在垂直方向上分布比较一致。而在1-5站和1-7站,2001年8月航次中,异养细菌丰度的峰值出现在水体10m深处(分别为 $5.21 \times 10^5$  cells/ml和 $10.63 \times 10^5$  cells/ml),最小值出现在45m深处(分别为 $3.07 \times 10^5$  cells/ml和 $1.82 \times 10^5$  cells/ml)。而在其它航次中,异养细菌丰度最低值均出现在底层。而从表2中4个航次异养细菌在表层、中层(20m)、底层的生物量分布来看,异养细菌生物量最高值出现在表层,最低值出现在底层;除2001年8月航次外,异养细菌生物量在垂直方向上的分布状况是表层>中层>底层。浮游细菌的生物量在冷水团中均有最小值存在。

## 2.3 浮游细菌昼夜变化

24h连续站的观测,1-7站的聚球蓝细菌数量变化是中层>表层>底层,异养细菌数量变化是表层>中层>底层。2-3站的聚球蓝细菌数量变化是中层>表层>底层,异养细菌数量变化是中层>底层>表层。浮游细菌数量有明显的昼夜变化,但此变化规律性不明显。聚球蓝细菌数量的昼夜变化最高值是最低值的8.8倍,异养细菌最高值是最低值的2.8倍(图3)。

表2 4个航次中冷水团区域表、中、底平均温度、平均浮游细菌生物量的分布

Table 2 The variations of average temperature (°C), biomass (mg C/m³) of *Synechococcus* (Syn.) and heterotrophic bacteria (HB) in surface, middle and bottom layer in the area of Yellow Sea Cold Water Mass in four cruises

航次 Cruises	深度 Depth(m)	T	Syn.	HB
08-01	1	26.40	6.12	11.10
	20	20.21	8.76	6.08
	底 bottom	9.13	4.27	7.67
08-02	1	25.29	4.14	8.16
	20	23.36	7.14	6.85
	底 bottom	9.86	2.28	5.91
09-02	1	23.26	9.28	3.54
	20	23.08	5.51	3.24
	底 bottom	11.60	2.00	2.09
10-02	1	19.39	10.38	5.28
	20	19.57	7.12	5.52
	底 bottom	12.18	1.80	3.32

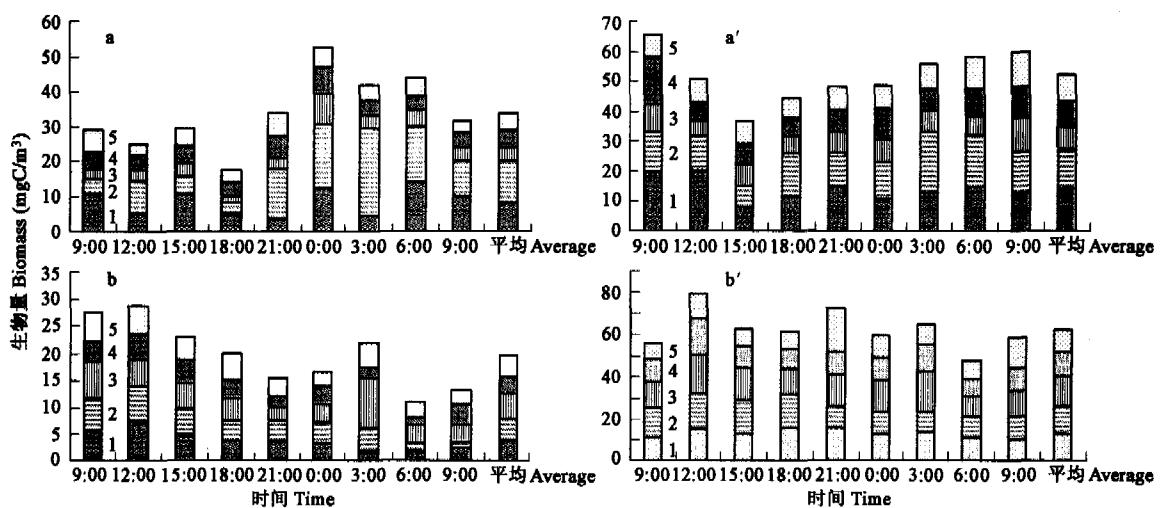
图3 黄海连续站浮游细菌生物量( $\text{mg C/m}^3$ )的昼夜变化

Fig.3 Daily variations of bacterioplankton biomass at anchor stations in the Yellow Sea (Aug. 2001)

a 1-7 站,聚球蓝细菌 Station 1-7, *Synechococcus*; a' 1-7 站,异养细菌 Station 1-7, Heterotrophic bacteria; 图例数字 1-5 表示 0、10、25、45、75m 水层 the numbers 1-5 showed 0, 10m, 25m, 45m, 75m water layers; b 2-3 站,聚球蓝细菌 Station 2~3, *Synechococcus*; b' 2-3 站,异养细菌 Station 2~3, Heterotrophic bacteria; 图例数字 1~5 表示 0、10、15、25、55m 水层 the numbers 1~5 showed 0, 10m, 15m, 25m, 55m water layers

#### 2.4 浮游细菌对浮游植物总生物量的贡献

在 2001 年 8 月断面 1 中,聚球蓝细菌生物量 (Cyanobacterium Biomass, CB) 对浮游植物总生物量 (Total Phytoplankton Biomass, PB) 的贡献 (CB/PB), 最小为 15%, 出现在 1-8 站的表层;最大值为 99%, 出现在 1-1 站的 10m;平均值为 63%。而异养细菌生物量 (Bacterial Biomass, BB) 与浮游植物总生物量的比值 (BB:PB) 中,最大值为 6.37, 出现在 1-10 站的底层;最小值为 0.20, 出现在 1-1 站的底层;平均值为 1.52。

2002 年 8 月断面 1 中,聚球蓝细菌生物量对浮游植物总生物量的贡献 (CB/PB),最大的为 83%,出现在 1-5 站的次表层 (10m);最小为 2%,出现在 1-10 站的表层;平均贡献为 28%。而异养细菌生物量与浮游植物总生物量的比值 (BB:PB) 中,最大的为 5.36,出现在 1~9 站的底层;最小为 0.053,出现在 1~2 站的表层;平均值为 0.86。

2002 年 9 月断面 1 中,聚球蓝细菌生物量对浮游植物总生物量的贡献 (CB/PB),最大的为 96%,出现在 1-6 站的 10m 处;最小的为 11%,出现在 1-7 站的 30m 处;平均为 39%。本航次中异养细菌与浮游植物生物量之比 (BB:PB) 均小于 1,其中最大值为 0.82,出现在 1-7 站的 20m 处;最小值为 0.057,出现在 1-2 站的 20m 处;平均值为 0.33。

2002 年 10 月断面 1 中,聚球蓝细菌生物量对浮游植物总生物量的贡献 (CB/PB),最大的为 99%,出现在 1~7 站的表层;最小的为 9%,出现在 1~1 站的 10m 处;平均为 40%。而异养细菌与浮游植物生物量之比 (BB:PB) 中,最大的为 3.19,出现在 1~10 站的底层;最小值为 0.12,出现在 1~1 站的 10m 处;平均值为 0.69。

4 个航次中,聚球蓝细菌对浮游植物总生物量的贡献 (CB/PB) 最大达到 99%,最小为 2%,平均值为 42.5%;而异养细菌生物量与浮游植物生物量的比值 (BB:PB),最大为 6.37,最小为 0.053,平均为 0.85。

#### 2.5 浮游细菌中的聚球蓝细菌分级培养试验

从表 3 可以知道,在这 4 次培养中,第 2 组用  $20 \mu\text{m}$  筛绢除去小型浮游动物 (microzooplankton,  $20 \sim 200 \mu\text{m}$ ) 的聚球蓝细菌生长率最高 ( $-0.024 \sim 1.681/\text{d}$ ),显示了小型浮游动物对聚球蓝细菌的捕食压力。同样在 2001 年 8 月 2-3 站表层和 2002 年 1-7 站 20m 层的分级培养中,第 3、4 组中的聚球蓝细菌生长率低于 1、2 组的生长率。另外在 2001 年 8 月 1-7 站表层和 2002 年 8 月 1-3 站 20m 层的分级培养中,第 1 组中用  $3 \mu\text{m}$  滤膜过滤培养组蓝细菌生长率最低,可能是噬菌体和小于  $3 \mu\text{m}$  的微型浮游动物的共同作用。

### 3 讨论

#### 3.1 黄海冷水团对浮游细菌分布的影响

黄海冷水团来源于冬季滞留的海水,当春季上层水增温后,于底层中央槽区被保留下;这一海区在夏秋季存在明显的温度跃层。冷水团在黄海槽中心和其西侧斜坡上分别形成两个冷中心<sup>[2]</sup>,这两个冷中心在本调查期间依然存在(图4c、5c)。

在断面1聚球蓝细菌生物量、异养细菌生物量变化与水温和盐度分布变化基本一致,且在冷水团水域(温度小于10℃)浮游细菌生物量存在最低值(图4a、b,5a,b)。夏季(8月)太阳辐射普遍,水体层化现象十分显著。15~35m形成了相对较稳定的跃层,其下界温度约为12℃,上界大致是20℃。上层水温高达26℃以上,下层水温普遍低于12℃,最低则小于8℃<sup>[5]</sup>。夏季黄海冷水团只是盘踞在黄海中部中底层的一个稳定水团,以低温为主要特征。在垂直方向上对浮游细菌分布的影响主要是其温度的作用。

结合黄海冷水团特性分析图4c-d、图5c-d,得到冷水团主要存在于1-3站与1-7站之间,底层温度在10℃以下。与不在冷水团水域内的站位如1-1站、1-9站和1-10站相比较,发现底层水温在冷水团水域内的站位平均要低3℃(冷水团水域内的站位底层温度平均为9.13℃,非冷水团水域内的站位底层温度平均为12.46℃),且聚球蓝细菌生物量也比非冷水团水域的要低20%以上,可以说明聚球蓝细菌生物量的分布与温度密切相关。而异养细菌在冷水团水域的生物量偶尔会比那些非冷水团水域的要高,这可能说明异养细菌的分布不单单与受水温影响,还受其他因素调控。Shiah<sup>[25]</sup>认为浮游细菌的分布受温度、营养盐供应(bottom-up control)、摄食压力(top-down control)3个因素的协同影响。

#### 3.2 聚球蓝细菌的分级培养结果

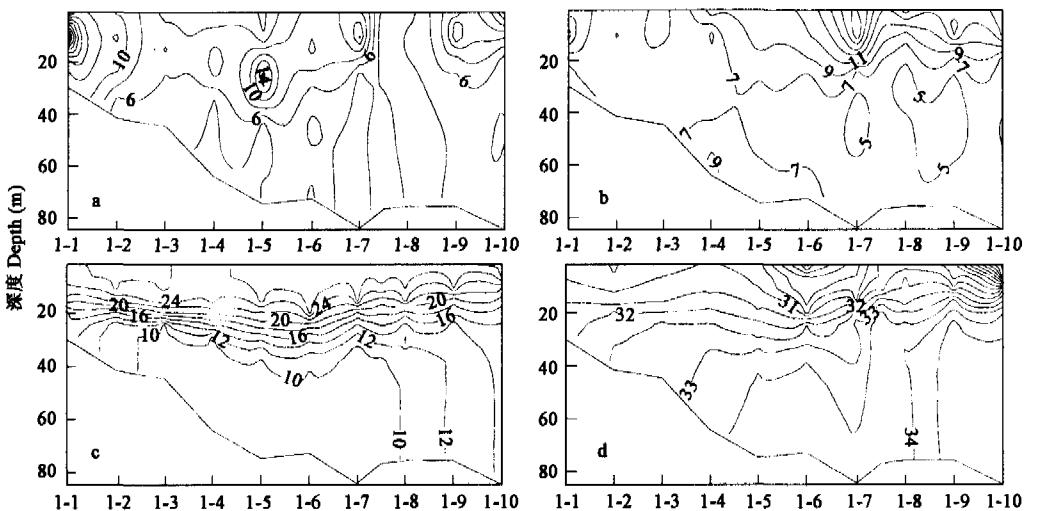


图4 2001年8月聚球蓝细菌生物量

Fig.4 Vertical variations of *Synechococcus* biomass ( $\text{mg C}/\text{m}^3$ )

(a) 异养细菌生物量 heterotrophic bacteria biomass ( $\text{mg C}/\text{m}^3$ ); (b) 水温 temperature (°C); (c) 盐度 salinity (psu) of the water; (d) 在沿断面1的垂直分布 along section 1 in the Yellow Sea (Aug. 2001)

表3 2001年和2002年8月在黄海所做的聚球蓝细菌的分级培养

Table 3 Size-classed culture of *Synechococcus* conducted in the Yellow Sea in Aug. 2001 and 2002

航次和站位 Cruises and stations	分级样品 Size-classed sample	培养前数量 Number of before culture		培养后数量 Number of after culture ( $\times 10^4 \text{ cells/ml}$ )	生长率 Growth rates ( $k:(1/\text{d})$ )
		( $\times 10^4 \text{ cells/ml}$ )	( $\times 10^4 \text{ cells/ml}$ )		
Aug.-2001 (1-7站,表层)	① < 3 μm	4.73 ± 0.50	2.10 ± 0.29	-0.812	
	② < 20 μm	5.96 ± 1.31	4.20 ± 1.50	-0.35	
	③ < 200 μm	6.54 ± 1.28	3.41 ± 0.47	-0.651	
	④ 未过滤 No-filter	6.10 ± 1.09	3.34 ± 0.64	-0.602	
Aug.-2001 (2-3站,表层)	① < 3 μm	3.59 ± 0.94	2.55 ± 0.78	-0.342	
	② < 20 μm	3.58 ± 0.96	3.96 ± 0.70	0.101	
	③ < 200 μm	7.01 ± 3.31	3.27 ± 0.71	-0.763	
	④ 未过滤 No-filter	10.17 ± 2.95	4.44 ± 1.50	-0.829	
Aug.-2002 (1-7站,20m)	① < 3 μm	2.73 ± 0.83	5.95 ± 1.10	0.779	
	② < 20 μm	2.41 ± 0.84	12.94 ± 1.50	1.681	
	③ < 200 μm	6.56 ± 0.89	11.70 ± 1.72	0.579	
	④ 未过滤 No-filter	8.68 ± 2.48	12.63 ± 1.93	0.375	
Aug.-2002 (1-3站,20m)	① < 3 μm	5.14 ± 0.63	3.97 ± 0.05	-0.257	
	② < 20 μm	9.93 ± 0.16	9.70 ± 2.10	-0.024	
	③ < 200 μm	11.96 ± 2.78	13.92 ± 3.82	-0.105	
	④ 未过滤 No-filter	15.46 ± 2.29	10.55 ± 3.25	-0.125	

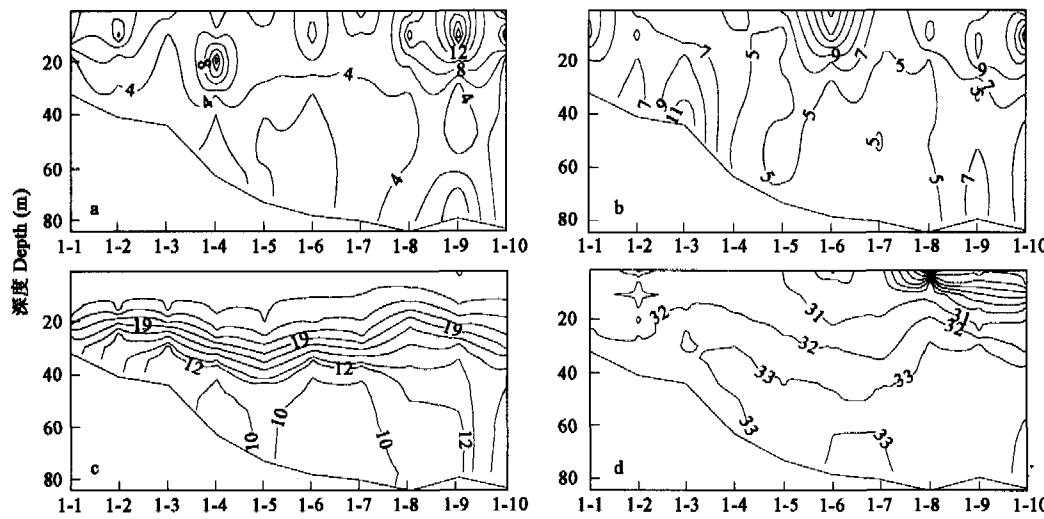


图 5 2002 年 8 月聚球蓝细菌生物量( $\text{mg C/m}^3$ ) (a)、异养细菌生物量( $\text{mg C/m}^3$ ) (b)、水温(°C) (c)、盐度(psu) (d)在断面 1 的垂直分布

Fig. 5 Vertical variations of Synechococcus biomass( $\text{mg C/m}^3$ ) (a), heterotrophic bacteria biomass( $\text{mg C/m}^3$ ) (b), temperature ( $^\circ\text{C}$ ) (c) and salinity (psu) of the water (d) in section 1 in the Yellow Sea (Aug. 2002)

在黄海冷水团区域所作的 4 次分级培养中, 在 2-3 站表层和 1-7 站 20m 层水样的培养表明聚球蓝细菌的主要摄食者是小型浮游动物(Microzooplankton,  $20 \sim 200 \mu\text{m}$ )。如果视清除微型浮游生物的  $3 \mu\text{m}$  滤膜过滤组为对照组, 那么小型浮游动物对聚球蓝细菌的捕食率为  $0.20 \sim 0.42/\text{d}$ 。这与过去在青岛汇泉湾、渤海海域进行的分级培养试验所得到的结果相同(春季和秋季小型浮游动物对聚球蓝细菌有明显的捕食压力, 特别是春季渤海中纤毛虫可能是聚球蓝细菌的主要捕食者<sup>[22]</sup>)。与 Burkhill<sup>[8]</sup>报道的印度洋西北海域, Iturrlaga<sup>[26]</sup>报道的北太平洋海域和 Landry<sup>[27]</sup>在太平洋中部赤道附近海域生态系统微食物环中蓝细菌主要被小型浮游动物捕食的结果相似。但与作者 2003 年报道的中国东海海域夏季蓝细菌主要被微型浮游动物(nanozooplankton,  $2 \sim 20 \mu\text{m}$ )所捕食<sup>[14]</sup>; Hagstrom 等<sup>[27]</sup>报道的在地中海生态系统微食物环中蓝细菌主要为微型浮游生物鞭毛虫提供营养的结果和 Azam 等<sup>[28]</sup>早期提出的微型食物环(the microbial food loop)概念中蓝细菌主要被鞭毛虫捕食的研究结论不同。但这正从另一方面给出了自然界的微型生物间的能流物流过程不是简单的环状结构而可能是网状结构, 符合最近一些科学家提出的在海洋微型生物生态系统研究中用微型生物网(the microbial food web)概念取代微型食物环(the microbial food loop)概念的想法<sup>[14, 30, 31]</sup>。

另外在 1-7 站表层和 1-3 站 20m 层第 1 组用  $3 \mu\text{m}$  滤膜过滤组培养的结果表明, 聚球蓝细菌的消亡可能主要源于噬蓝藻体和小于  $3 \mu\text{m}$  的微型浮游动物的摄食作用。但噬蓝藻体对蓝细菌的消亡由多大影响, 有待进一步研究。Proctor 和 Fuhrman<sup>[32]</sup>在许多海区发现 7% 的异养细菌和 5% 的蓝细菌细胞内寄生有成熟的噬菌体, 且细菌死亡率的 10% ~ 40% 是由噬菌体引起的<sup>[32~34]</sup>。同时也有研究认为细菌般大小的摄食者被估计可占沿岸水域总摄食的 50% 以上<sup>[35, 36]</sup>。

### 3.3 蓝细菌生物量对浮游植物总生物量的贡献

在近岸海域, 蓝细菌被认为对光合浮游植物有相当大的贡献<sup>[37]</sup>。黄海冷水团区域聚球蓝细菌生物量对浮游植物总生物量的贡献为 42.5%。与过去对中国东黄海春秋季节的研究结果: 聚球蓝细菌生物量对浮游植物总生物量的贡献在秋季, 黄海为 32.3%, 东海为 50.2%; 春季, 黄海为 42.7%, 东海为 42.1% 相一致<sup>[15]</sup>。同样 Chiang<sup>[38]</sup>在 2002 年报道认为, 在东海陆架区夏季蓝细菌对浮游植物的贡献为 44% ~ 59%, 冬季为 6% ~ 25%。而比 2003 年报道的东海聚球蓝细菌生物量在总浮游植物生物量中占的比例冬季平均为 10% (0.5% ~ 91.8%), 夏季平均为 3% (0.6% ~ 10.6%)<sup>[14]</sup>的要高。在很多研究中, 是把超微浮游植物(picophytoplankton)作为总体来研究它们对浮游植物总生物量的贡献, 并没有把蓝细菌特意分开来研究。例如 Huang<sup>[39]</sup>对台湾海峡的研究发现超微浮游生物对浮游植物生物量的贡献冬季在 17% ~ 60%, 夏季在 20% ~ 54%; Tata<sup>[40]</sup>研究认为

超微型浮游植物对浮游植物总生物量的贡献在近岸约为 50%。作为超微型浮游植物的重要组成部分,聚球蓝细菌对浮游植物的贡献在一定程度上代表着超微型浮游植物对浮游植物的贡献<sup>[15]</sup>。

Burkhill<sup>[8]</sup>研究认为  $\text{NO}_3^-$  浓度大于  $5 \mu\text{mol/L}$  的海域为富营养(eutrophic)区,  $0.5 \sim 5 \mu\text{mol/L}$  的为中营养(mesotrophic)区,而小于  $0.5 \mu\text{mol/L}$  的寡营养盐(oligotrophic)区。对冷水团水域的  $\text{NO}_3^-$  分布研究<sup>[41]</sup>在垂直方向上表现为:50m 以深为富营养区,20~50m 附近为中营养区,20m 以上为寡营养区。在本次研究中聚球蓝细菌丰度在寡营养水体中是  $0.27 \sim 5.58 \times 10^4 \text{ cells/ml}$ (平均为  $2.88 \times 10^4 \text{ cells/ml}$ ,  $n = 98$ ),在中营养水体中是  $0.56 \sim 5.89 \times 10^4 \text{ cells/ml}$ (平均为  $1.44 \times 10^4 \text{ cells/ml}$ ,  $n = 60$ ),在富营养水体中是  $0.27 \sim 3.46 \times 10^4 \text{ cells/ml}$ (平均为  $1.04 \times 10^4 \text{ cells/ml}$ ,  $n = 57$ )。同时 Burkhill<sup>[8]</sup>在印度洋的研究结果认为在贫营养海区聚球蓝细菌丰度超过  $10^5 \text{ cells/ml}$ ,比一般海区聚球蓝细菌丰度高一个数量级。聚球蓝细菌丰度在水体内的分布为贫营养水体 > 中营养水体 > 寡营养水体,与上面聚球蓝细菌在水体垂直方向上的分布状况也是一致的。

#### 4 结语

对黄海冷水团鼎盛时期的浮游细菌的生态学研究表明:(1)垂直方向上聚球蓝细菌生物量和异养细菌的表现特点不同,聚球蓝细菌生物量的分布情况是中层 > 表层 > 底层;异养细菌生物量在垂直方向上的分布状况是表层 > 中层 > 底层;(2)聚球蓝细菌对浮游植物总生物量的贡献为 2% ~ 99%(平均为 42.5%),而异养细菌生物量与浮游植物生物量的比值为 0.05 ~ 6.37(平均为 0.85);(3)浮游细菌的分布于水体温度和盐度变化有一定关系,冷水团水域内的浮游细菌生物量最低;(4)小型浮游动物对聚球蓝细菌的捕食率为 0.20 ~ 0.42/d。

#### References:

- [1] Su J L, Huang D J. On the current field associated with the Yellow Sea Cold Water Mass. *Oceanogr. Limnol. Sin.*, supplement, 1995, 26(5): 1~7.
- [2] Weng X C, Zhang Y K, Wang C M, et al. The Variational characteristic of the Huanghai Sea (Yellow Sea) Cold Water Mass. *Journal of Ocean University of Qingdao*, 1989, 19(1): 119~131.
- [3] Zhao B. The fronts of the Huanghai Sea cold water mass induced by tidal mixing. *Oceanogr. Limnol. Sin.*, 1985, 16(6): 451~459.
- [4] Diao H X, Shen Z L. The vertical distribution of the chemical factors in the Yellow Sea Cold Water. *Studia Marina Sinica*, 1985, 25: 41~51.
- [5] Zhang S W, Xia C S, Yuan Y L. The physical-ecological coupling numerical models in the Yellow Sea Cold Water. *Progress in Natural Science*, 2002, 12(3): 315~319.
- [6] Sun S, Wang R, Zhang G T, et al. A preliminary study on the over-summer strategy of *Calanus Sinicus* in the Yellow Sea. *Oceanogr. Limnol. Sin.*, Special Issue: zooplankton, 2002, 92~99.
- [7] Marchant H J, Wright A T, Wright S W. The distribution and abundance of chroococcoid cyanobacteria in the Southern Ocean. *Polar Biol.*, 1987, 1:1~9.
- [8] Burkhill P H, Leakey R J G, Owens N J P, et al. *Synechococcus* and its importance to the microbial foodweb of the northwestern Indian Ocean. *Deep-Sea Res.*, II, 1993, 40(3): 773~782.
- [9] Ducklow H W, Kirchman D L, Quinby H L, et al. Bacterioplankton carbon cycling during the spring bloom in the western North Atlantic Ocean. *Deep-Sea Res.*, II, 1993, 40: 245~263.
- [10] Kirchman D L, James H R, Barber R T. Biomass and biomass production of heterotrophic bacteria along  $140^\circ\text{W}$  in the equatorial Pacific: Effect of temperature on the microbial loop. *Deep-Sea Res.*, II, 1995, 42(2/3): 603~619.
- [11] Ning X, Vaulot D. Distribution, cell characters and environmental regulation of cyanobacterium *Synechococcus* in the Changjiang (Yangtze river) estuary and the adjacent East China Sea. *Acta Oceanologica Sinica*, 1991, 13: 552~559.
- [12] Liu Z L, Hiroshi K, Ning X, et al. Bacterioplankton production in dilution zone of the Changjiang. *Acta Oceanologica Sinica*, 2001, 23(4): 93~99.
- [13] Xiao T, Wang R. Distribution of *Synechococcus* in the Bohai Sea in Autumn and Spring. *Acta Ecologica Sinica*, 2002, 22(12): 2071~2078.
- [14] Xiao T, Yue H D, Zhang W C, et al. Distribution of *Synechococcus* and its role in the microbial food loop in the East China Sea. *Oceanogr. Limnol. Sin.*, 2003, 34(1): 33~43.
- [15] Sun S, Xiao T, Yue H D. Distribution character of *Synechococcus* spp. in the East China Sea and the Yellow Sea in autumn and spring. *Oceanogr. Limnol. Sin.*, 2003, 34(2): 161~168.
- [16] Zhao S J, Xiao T, Yue H D. The distribution of heterotrophic bacteria and some related factors in the East China and Yellow Seas during fall. *Oceanogr. Limnol. Sin.*, 2003, 34(3): 295~305.
- [17] Waterbury J B, Watson S W, Guillard R, et al. Widespread occurrence of a unicellular, marine planktonic cyanobacterium. *Nature*, 1979, 277: 293~294.
- [18] Hobbie J E, Daley R J, Jasper S. Use of nucleopore filters for counting bacteria by fluorescence microscopy. *App. Environ. Microbiol.*, 1977, 33(5):

- 1225~1228.
- [19] Cuhel R, Waterbury J B. Biochemical composition and short term nutrient incorporation patterns in unicellular marine cyanobacterium, *Synechococcus* (WH7803). *Limnol. Oceanogr.*, 1984, 29: 370~374.
- [20] Gallagar S M, Waterbury J B, Stoecker D K. Efficient grazing and utilization of the marine cyanobacterium *Synechococcus* sp. by larvae of the bivalve *Mercenaria*. *Mar. Biol.*, 1994, 119: 251~259.
- [21] Lee S, Fuhrman J A. Relationships between biovolume and biomass of naturally derived marine bacterioplankton. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1987, 53 (6): 1298~1303.
- [22] Krempin D W, Sullivan C W. The seasonal abundance, vertical distribution, and relative microbial biomass of chroococcoid cyanobacteria at a station in southern California coastal waters. *Can. J. Microbiol.*, 1981, 27: 1341~1344.
- [23] Xiao T, Zhang W C, Wang R. Elementary studies on the roles of cyanobacteria in marine microbial food pool. *Marine Sciences*, 1999, 23(5): 48~50.
- [24] Frost B W. Effect of size and concentration of food particles on the feeding behavior of the marine planktonic copepod *Calanus pacificus*. *Limnol. Oceanogr.*, 1972, 17: 805~815.
- [25] Shiah F K, Ducklow H W. Temperature regulation of heterotrophic bacterioplankton abundance, production, and specific growth rate in Chesapeake Bay. *Limnol. Oceanogr.*, 1994, 39(6): 1243~1258.
- [26] Iturriaga R, Mitchell B G. Chroococcoid cyanobacteria: a significant component in the food web dynamics of the open ocean. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 1986, 28: 271~297.
- [27] Landry M R. Microzooplankton grazing in the equatorial Pacific. *Deep Sea Res.*, II, 1995, 42(2/3): 657~671.
- [28] Hagstrom A, Azam F, Anderson A. Microbial loop in an oligrophic pelagic marine ecosystem. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 1988, 49: 171~178.
- [29] Azam F, Fenchel T, Gray J G, et al. The ecological role of water-column microbes in the sea. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 1983, 10: 257~263.
- [30] Sherr E, Sherr B. Role of microbes in pelagic food webs: a revised concept. *Limnol. Oceanogr.*, 1988, 33(5): 1225~1227.
- [31] Christaki U, Jacquet S, Dolan J R, et al. Growth and grazing on *Prochlorococcus* and *Synechococcus* by two marine ciliates. *Limnol. Oceanogr.*, 1999, 44 (1): 52~61.
- [32] Proctor L M, Fuhrman J A. Viral mortality of marine bacteria and cyanobacteria. *Nature*, 1990, 343: 60~62.
- [33] Fuhrman J A. Marine viruses and their biogeochemical and ecological effects. *Nature*, 1999, 399: 541~548.
- [34] Suttle C A, Chan A M. Dynamics and distribution of cyanophage and their effect on marine *Synechococcus* spp. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1994, 60(9): 3167~3174.
- [35] Fuhrman J A, McManus G B. Do bacteria-sized marine eukaryotes consume significant bacterial production? *Science*, 1984, 224: 1257~1260.
- [36] Wright R T, Coffin R B. Measuring microzooplankton grazing on planktonic marine bacteria by its impact on bacterial production. *Micro Ecol.*, 1984, 10: 137~149.
- [37] Jochem F. On the distribution and importance of picocyanobacteria in a boreal inshore area (Kiel Bight, Western Baltic). *J. Plankton Res.*, 1988, 10: 1022~1099.
- [38] Chiang K P, Kuo M C, Chang J, et al. Spatial and temporal variation of *Synechococcus* population in the East China Sea and its contribution to phytoplankton biomass. *Continental Shelf Research*, 2002, 22: 3~13.
- [39] Huang B Q, Hong H S, Wang H L. Size-fractioned primary productivity and the phytoplankton-bacteria relationship in the Taiwan Strait. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 1999, 183: 29~38.
- [40] Tata K, Matsumoto K, Tata M, et al. Size distribution of phytoplankton community in Hiroshima Bay. *Kagawa Daigaku Nogakuibu Gakujutsu Hokoku*, 1994, 46: 27~35.
- [41] Wang B D. Characteristics of variations and interrelations of biogenic elements in the Huanghai Sea Cold Water Mass. *Acta Oceanologica Sinica*, 2000, 22 (6): 47~54.

#### 参考文献:

- [1] 苏纪兰, 黄大吉. 黄海冷水团的环流结构. 海洋与湖沼增刊, 1995, 26(5): 1~7.
- [2] 翁学传, 张以恩, 王从敏, 等. 黄海冷水团的变化特征. 青岛海洋大学学报, 1989, 19(1): 119~131.
- [3] 赵保仁. 黄海冷水团锋面与潮混合. 海洋与湖沼, 1985, 16(6): 451~459.
- [4] 刁焕祥, 沈志良. 黄海冷水域水化学要素的垂直分布特性. 海洋科学集刊, 1985, 25: 41~51.
- [5] 张书文, 夏长水, 袁业立. 黄海冷水团水域物理-生态耦合数值模式研究. 自然科学进展, 2002, 12(3): 315~319.
- [6] 孙松, 王荣, 张光涛, 等. 黄海中华哲水蚤度夏机制初探. 海洋与湖沼, 浮游动物研究专辑, 2002, 92~99.
- [11] 宁修仁, 沃洛 D. 长江口及其毗连东海水域蓝细菌的分布和细胞特征及其环境调解. 海洋学报, 1991, 13: 552~559.
- [12] 刘子琳, 越川海, 宁修仁, 等. 长江冲淡水区细菌生产力研究. 海洋学报, 2001, 23(4): 93~99.
- [13] 肖天, 王荣. 春季与秋季渤海蓝细菌(聚球蓝细菌属)的分布特点. 生态学报, 2002, 22(12): 2071~2078.
- [14] 肖天, 岳海东, 张武昌. 东海聚球蓝细菌(*Synechococcus*)的分布特点及在微食物环中的作用. 海洋与湖沼, 2003, 34(1): 33~43.
- [15] 孙晟, 肖天, 岳海东. 秋季与春季东、黄海蓝细菌(*Synechococcus* spp.)生态分布特点. 海洋与湖沼, 2003, 34(2): 161~168.
- [16] 赵三军, 肖天, 岳海东. 秋季东、黄海异养细菌(*Heterotrophic bacteria*)的分布特点. 海洋与湖沼, 2003, 34(3): 295~305.
- [23] 肖天, 张武昌, 王荣. 海洋蓝细菌在微食物环中的作用初步研究. 海洋科学, 1999, 23(5): 48~50.
- [41] 王保栋. 黄海冷水域生源要素的变化特征及相互关系. 海洋学报, 2000, 22(6): 47~54.