

海州湾条斑紫菜养殖对浮游藻类群落结构及遗传多样性的影响

王洪斌^{1,2}, 李信书¹, 宋秀梅¹, 吴言¹, 李士虎¹, 阎斌伦²

(1. 淮海工学院 海洋学院, 江苏 连云港 222005; 2. 江苏省海洋生物技术重点实验室, 江苏连云港 222005)

摘要: 为了研究条斑紫菜(*Porphyra yezoensis*)养殖对江苏海州湾浮游藻类群落结构及遗传多样性的影响, 于江苏省海州湾条斑紫菜养殖及非养殖海区各设置 4 个采样位点, 采集表层海水, 提取海水中浮游藻类的总 DNA, PCR 扩增浮游藻类核酮糖 1, 5-二磷酸羧化/氧化酶大亚基(*rbcL*) 基因片段, 构建了养殖及非养殖海区 *rbcL* 片段质粒文库。在文库中随机选择 50 个阳性克隆并测序。经比对分析, 在条斑紫菜非养殖区发现 8 种海洋微藻, 隐鞭藻占总克隆数 22%, 海链藻和骨条藻分别占 6%和 2%; 养殖海区发现 10 种微藻, 其中异丝藻占总克隆数 22%, 优势度明显, 仅 3 种微藻为二海区共有(骨条藻、隐鞭藻及小球藻), 表明紫菜养殖及非养殖区浮游藻类群落组成差异显著。条斑紫菜非养殖区及养殖区的浮游藻类香农指数均值分别为 3.273 和 3.654, 均匀度指数均值分别为 1.090 和 1.040, 显示养殖区浮游藻类遗传多样性较丰富, 而群落的成熟度与稳定性非养殖区高。研究证实, 表层海水浮游藻类群落结构及组成是动态的, 条斑紫菜的养殖行为形成浮游藻类群落结构及遗传多样性较大差异性。

关键词: 条斑紫菜(*Porphyra yezoensis*); 浮游藻类; 核酮糖 1, 5-二磷酸羧化/氧化酶大亚基基因; 遗传多样性

中图分类号: Q178.53 文献标识码: A 文章编号: 1000-3096(2014)12-0103-07
doi: 10.11759/hyhx20130922001

在水生态系统中, 浮游藻类是海洋生态系统初级生产力代表, 也是海洋生态系统中食物链的重要环节, 其种类组成、数量变化往往也是所处环境综合作用的结果, 浮游藻类对外部环境因子的变化非常敏感^[1]。因此, 浮游藻类群落组成的改变能在一定程度上反映水环境的状况。目前, 越来越多的研究开始关注浮游藻类与环境因子之间的关系^[2]。核酮糖 1, 5-二磷酸羧化/氧化酶(RubisCO)是浮游藻类光合作用的关键酶, 具有催化 CO₂ 还原和 1, 5-二磷酸核酮糖氧化的双重功能, 广泛存在于藻类和高等植物中^[3]。RubisCO 大亚基基因(*rbcL*) 是研究物种间系统学关系比较恰当的标记基因, *rbcL* 基因没有内含子结构, 可以直接 PCR, 广泛应用于浮游藻类系统学及多样性研究^[4]。

海州湾位于江苏省北部连云港沿海, 近年来, 由于城市化进程的快速发展, 大量含有高浓度氮、磷等营养物的污染物排入沿海, 使得近海的富营养化问题十分严重, 赤潮频繁发生^[5]。以往也有不少学者, 对海州湾的理化因子与浮游植物的数量变化关系进行了研究^[6], 并发现浮游植物的数量变化与环境因素的变化密切相关。而针对条斑紫菜养殖行为导致水质条件改变, 从而引起浮游藻类群落结构及组成的变化研究未见报道。

作者分别提取了江苏海州湾条斑紫菜非养殖区及养殖区的浮游藻类总 DNA, PCR 方法扩增浮游藻类 *rbcL* 片段, 构建了条斑紫菜非养殖区及养殖区浮游藻类 *rbcL* 片段质粒文库, 根据 *rbcL* 序列分析, 研究了海州湾条斑紫菜养殖对浮游藻类遗传多样性及群落结构的研究。

1 材料与方法

1.1 实验样品来源及试剂

2012 年 12 月, 于江苏省海州湾近海条斑紫菜非养殖海区(1、3、5、7)和养殖海区(2、4、6、8)采集表层海水, 共 8 个样点(图 1)。于每个样点(距水面 0.2~0.3 m 处)取 200 mL 表层水, 分装在已灭菌的 PVC 瓶中, 所取水样置于保温箱中立刻运往实验室, 于 4℃ 黑暗保存, 且所有样品都在一周内进行分析。

PCR 引物合成、测序由上海桑尼生物科技有限公司

收稿日期: 2013-12-13; 修回日期: 2014-05-12

基金项目: 江苏省科技支撑-社会发展项目(BE20111719); 江苏高校优势学科建设工程资助项目; 国家级高等学校大学生创新创业训练计划项目(201311641002z)

作者简介: 王洪斌(1966-), 男, 江苏连云港人, 副教授, 研究方向: 环境微生物生物技术, 电话: 15951259392, E-mail: lygwhbly@126.com

公司完成; pMD18-T载体购自宝生物(大连)工程有限公司; *Escherichia coli* JF1125 由本实验室保存; 其他分子生物学试剂均为分析纯。

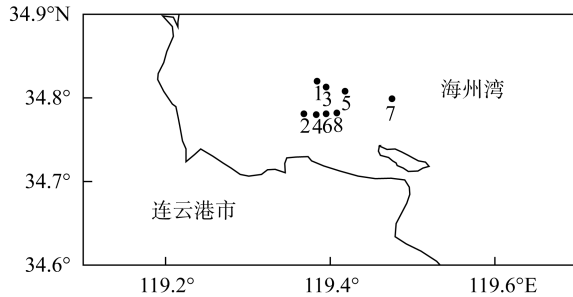


图1 采样点位置示意图
Fig.1 Map of sampling sites

1.2 海水中浮游藻类总 DNA 的提取

养殖海区(2、4、6、8)各采样点分别取水样 100 mL 混匀, 非养殖海区水样处理同养殖区。400 mL 冷藏水样 10 000 r/min、离心 10 min, 弃上清, 沉淀中加入 460 μ L 裂解缓冲液(250 mmol Tris-HCl pH 8.0, 60 mmol EDTA), 340 μ L 10% SDS, 蛋白酶 K(终质量浓度 0.2 mg/mL) 15 μ L, 37 $^{\circ}$ C 温浴 3 h, 10 000 r/min、离心 10 min, 上清转至洁净 1.5 mL 离心管, 等体积酚氯仿抽提, 12 000 r/min、离心 1 min, 上清液用 2 倍体积的异丙醇 4 $^{\circ}$ C 沉淀过夜, 12 000 r/min、离心 10 min, 弃上清, 沉淀用 50 μ L TE 缓冲液溶解, -20 $^{\circ}$ C 保存^[7]。

1.3 PCR 扩增 *rbcL* 基因及 *rbcL* 质粒文库构建

以海水浮游藻类总 DNA 为模板, PCR 法扩增获得海洋浮游藻类 *rbcL* 片段。根据 I 型 RubisCO 大亚基氨基酸保守区(KPKLGLS 和 VVGKLEG)^[8]设计 PCR 引物。引物序列分别为 5'-AA(AG)CC(TA)AA(AG)(TC)TAGG(TG)(CT)T(AT)TC-3'和 5'-CC(TC)TC(TC)A(AG)(TC)TTACC(AT)AC(GAT)AC-3'。PCR 反应体系: 模板 DNA 为 50 ng(1.5 μ L), dNTP 为 0.2 mmol, 正反向引物各为 0.2 μ mol, Taq 酶 2 unit, buffer 5 μ L, 50 μ L 反应体系^[9]。PCR 反应条件: 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min, 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 48 $^{\circ}$ C 复性 2 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 72 $^{\circ}$ C 终止延伸 10 min, 35 循环。PCR 产物割胶回收, 与 pMD18-T 载体(TaKaRa 公司)连接, 转化感受态细胞 *E. coli* JF1125, 获得 *rbcL* 片段质粒文库。随机挑选重组子, 抽提质粒, 由上海桑尼生物科技有限公司完成测序。经序列比对并用邻接法构建系统进

化树^[10]。

2 结果与分析

2.1 条斑紫菜养殖对浮游藻类群落结构的影响

PCR 产物约 300bp, 构建浮游藻类 *rbcL* 片段质粒文库(养殖区 DrbcL, 非养殖区 CrbcL)。文库中随机选择 50 个阳性克隆, 测定序列, 并用邻接法构建系统进化树(图 2, 图 3), 根据序列比对及进化树显示的遗传距离分析确定养殖及非养殖海区的浮游藻类的群落结构组成。本研究使用的 PCR 引物是 I 型 *rbcL* 基因特异的, 而甲藻 *rbcL* 基因属于 II 型^[9]。因此, 本研究使用的引物无法扩增甲藻 *rbcL* 基因。结果显示, 非养殖区发现 8 种海洋微藻, 分别为隐鞭藻(*Cryptomonas*)、异弯藻(*Heterosigma*)、塔胞藻(*Pyramimonas mantoriae chiroplast*)、全沟藻(*Teleaulax amphioxeia*)、筒柱藻(*Cylindrotheca*)、小球藻(*Chlorella*)、海链藻(*Thalassiosira*)、骨条藻(*Skeletonema*)。养殖区发现 10 种海洋微藻, 分别为异丝藻(*Heterothrix debilis*)、杜氏藻(*Dunaliella*)、隐鞭藻(*Cryptomonas*)、骨条藻(*Skeletonema*)、小球藻(*Chlorella*)、菱形藻(*Nitzschia longissima*)、喙壳藻(*Ostreobium quekettii*)、链带藻(*Desmodesmus pseudoserratus*)、小环藻(*Cyclotella*)、拟伊藻(*Ahnfeltiopsis leptophylla*)。海洋中浮游藻类种类繁多, 影响其种类及丰度的主要因素为浮游藻类自身消长的特性、水体条件及浮游动物等的捕食。浮游藻类的丰度及组成受紫菜养殖的影响, 如骨条藻在养殖区为优势种群, 但在非养殖区却变为劣势种群。养殖区和非养殖区虽然只随机抽取了 50 个序列, 但是这些序列至少覆盖了一个优势种群, 如养殖区的异丝藻及非养殖区的隐鞭藻。隐鞭藻和小球藻为两海区所共有的优势类群且覆盖克隆数比例均较高, 说明小球藻与隐鞭藻的适应性强。因紫菜养殖和非养殖区相距较近, 海水随潮汐和风浪而流动, 所以紫菜养殖和非养殖区的物化及环境生态因子既有差异也有相同之处。已有实验证实, 紫菜养殖和非养殖区因紫菜光合作用导致营养盐存在显著性差异^[11-12], 这种差异势必对浮游藻类群落结构产生影响。

2.2 条斑紫菜养殖对浮游藻类遗传多样性的影响

条斑紫菜养殖及非养殖海区浮游藻类类群覆盖克隆数见表 1。依据覆盖克隆数的百分比, 非养殖区

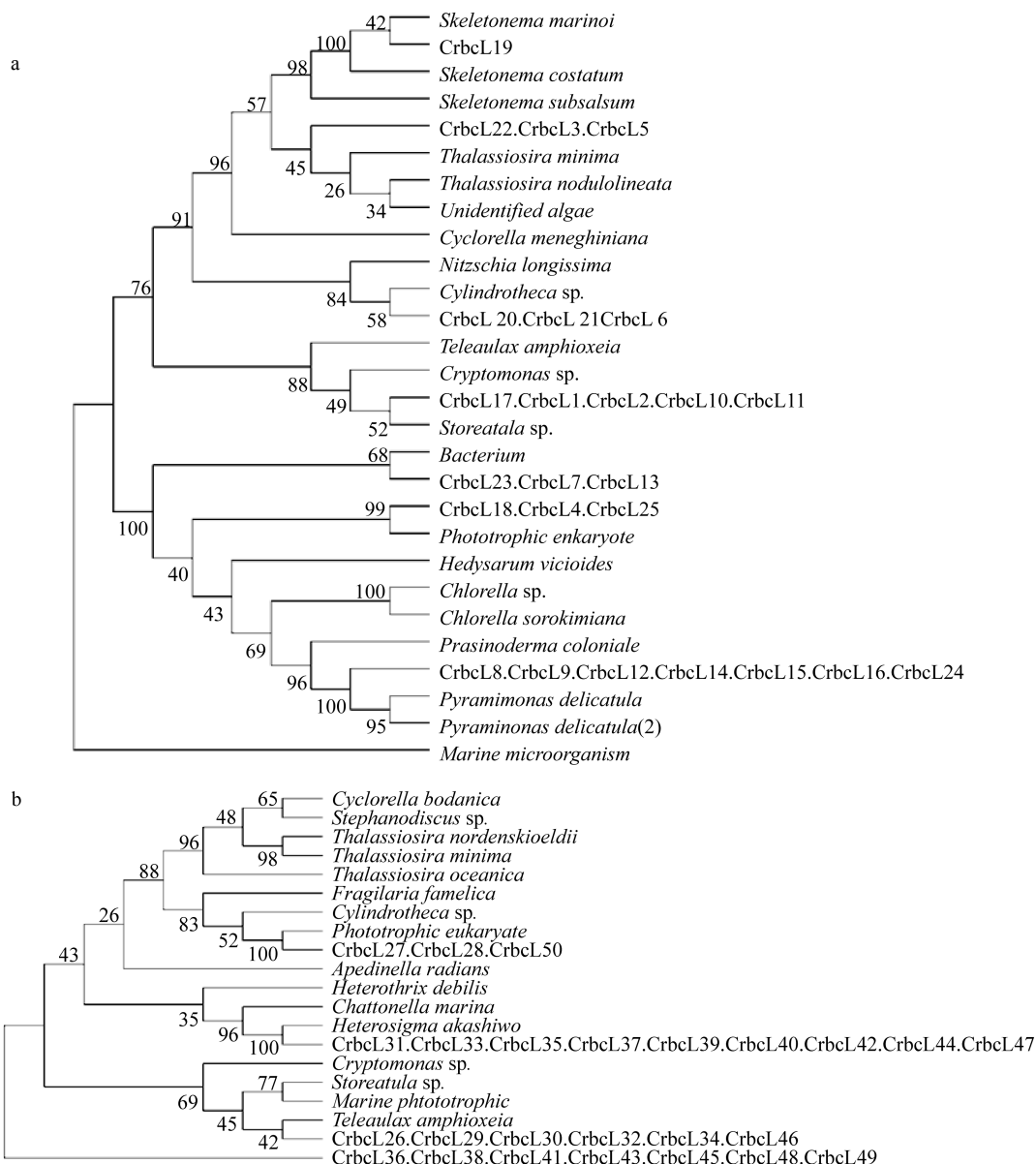


图 2 非养殖区浮游藻类进化树

Fig.2 System evolution tree of phytoplankton in natural region

a. CrbcL1-CrbcL25; b. CrbcL1-CrbcL25

8 种海洋微藻为隐鞭藻(22%)、异弯藻(18%)、塔胞藻(14%)、全沟藻(13%)、筒柱藻(12%)、小球藻(12%)、海链藻(6%)、骨条藻(2%)，见图 2。隐鞭藻、异弯藻在非养殖区所占比例较大，含量丰富；海链藻，骨条藻多占比例较小。养殖区 10 种海洋微藻为异丝藻(22%)、杜氏藻(12%)、隐鞭藻(12%)、骨条藻(12%)、小球藻(10%)、菱形藻(8%)、喙壳藻(6%)、链带藻(6%)、小环藻(6%)、拟伊藻(2%)，见图 3。异丝藻在养殖区所占比例较大，优势度明显；链带藻，菱形藻等类群占比例差不多，为 6%~12%。如果将覆盖克隆数大于 5(10%) 的类群定义为优势类型，那么非养殖

区的优势类群有隐鞭藻(22%)，异弯藻(18%)，塔胞藻(14%)全沟藻(13%)，小球藻(12%)，筒柱藻(12%)，养殖区的优势类群有异丝藻(22%)，杜氏藻(12%)，骨条藻(12%)，隐鞭藻(12%)，小球藻(10%)。优势类群的形成不仅仅决定于营养、温度等环境条件，还与物种生理特性相关，物种间竞争也会影响到优势物种的形成^[13]。15 种浮游藻类类群中只有 3 种(隐鞭藻，骨条藻及小球藻)为两海区共有，其他浮游藻类类群均为不同区域所有，证实条斑紫菜养殖区及非养殖区浮游藻类群落组成差异显著。杜氏藻、异丝藻为养殖区所特有的，异丝藻含量极高，养殖

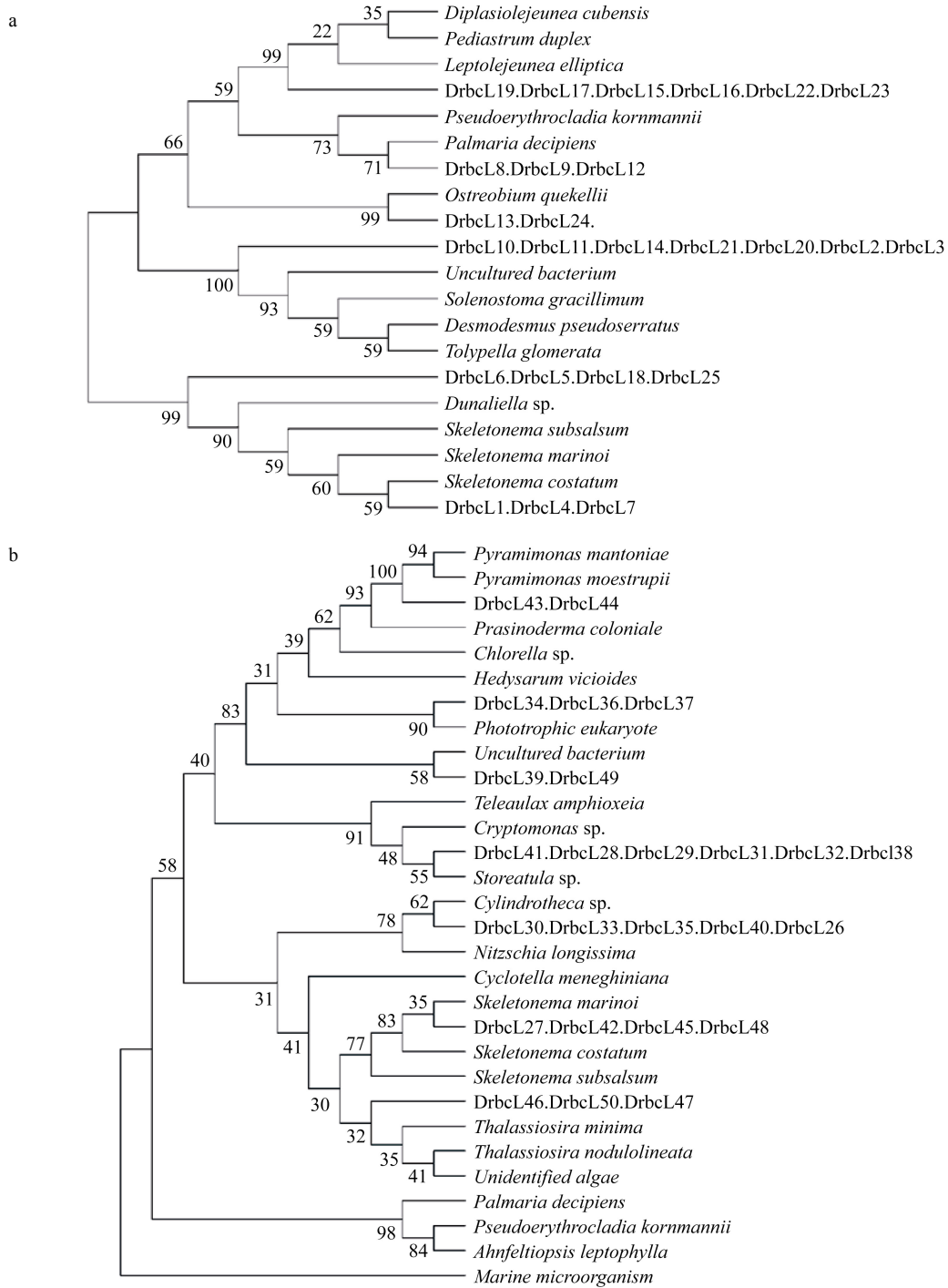


图 3 养殖区浮游藻类进化树

Fig.3 System evolution tree of phytoplankton in mariculture zone
a. DrbcL1-DrbcL25; b. DrbcL26-DrbcL50

区内的其他几类浮游藻类类群的含量接近，异弯藻、全沟藻，塔胞藻，属于非养殖区特有优势类群。两海区共有的浮游藻类类群中骨条藻的丰度差异极大，在非养殖区所占比例极小；小球藻与隐鞭藻在两个区域中的丰富度都较高，可能由于隐鞭藻和小球藻

对温度、营养条件及其他物化因子具有较强的适应能力，广泛存在于各个区域，并且形成优势类群。而非共有的 12 个浮游藻类类群对环境因子需求较高，适应力较窄，只有在特定水体条件下才能够大量繁殖，如异丝藻只在紫菜养殖区大量存在，非养殖区

表 1 海州湾养殖和非养殖海区浮游藻类分布

Tab.1 Distribution of Phytoplankton in mariculture zone and natural region in Haizhou bay

浮游藻类名称	克隆数	
	非养殖区	养殖区
筒柱藻(<i>Cylindrotheca</i>)	6	0
异弯藻(<i>Heterosigma</i>)	9	0
隐鞭藻(<i>Cryptomonas</i>)	11	6
全沟藻(<i>Teleaulax amphioxeia</i>)	7	0
海链藻(<i>Thalassiosira</i>)	3	0
骨条藻(<i>Skeletonema</i>)	1	6
小球藻(<i>Chlorella</i>)	6	5
塔胞藻(<i>Pyramimonas mantoriae chicroplast</i>)	7	0
拟伊藻(<i>Ahnfeltiopsis leptophylla</i>)	0	3
矽壳藻(<i>Ostreobium quekettii</i>)	0	3
杜氏藻(<i>Dunaliella</i>)	0	6
链带藻(<i>Desmodesmus pseudoserratus</i>)	0	3
异丝藻(<i>Heterothrix debilis</i>)	0	11
菱形藻(<i>Nitzschia longissima</i>)	0	4
小环藻(<i>Cyclotella</i>)	0	3
总克隆数	50	50

没有,表明条斑紫菜养殖区的水体环境等因素适宜此类浮游藻类生长繁殖,当生长条件适宜的时候,具有竞争优势的物种将快速繁殖,大量的利用营养物质,抑制其他藻类的生长而迅速成为优势种群。至于异丝藻与条斑紫菜养殖耦合的生态条件有待进一步研究。

2.3 条斑紫菜养殖对浮游藻类丰度的影响

物种多样性指的是群落中物种数目的多少,它是衡量群落的规模和重要性的基础,而以往研究多侧重于营养盐浓度对浮游植物的上行效应,近年来,随着研究深入,浮游植物多样性对营养盐结构变化的响应也引起了国内外学者的广泛关注^[14-15]。表 2 显示,非养殖区的香农指数小于 3 的浮游藻类类群,占了总类群的 50%,而养殖区的香农指数小于 3 的只占 1 个,占了总类群的 10%,养殖及非养殖海区的香农指数均值为 3.654/3.273,养殖区的浮游藻类香农指数普遍高于非养殖区,养殖区生物多样性丰富,与上述结论一致。其原因可能是条斑紫菜养殖行为导致本海区的物化及其他环境生态改变,特别是 N/P 的变化,营养盐结构改变会导致浮游植物群落结构发生变化,影响到海洋生态系统的多样性和稳定性^[16]。非养殖区的均匀度指数差异较大,养殖区的均匀度指数差异较小,养殖区平均均匀度为 1.040,非养殖区的平均均匀度为 1.090,养殖区的平均均匀

度指数小于非养殖区,可见非养殖区的浮游藻类的物种分布较为均匀,群落的成熟度与稳定性比养殖区高。说明不同种类浮游植物的营养盐利用方式及生长势的差异是影响其群落竞争格局的关键因素^[17],非养殖区因无条斑紫菜存在,海区物化及各种环境因子较稳定,浮游藻类群落的稳定性较高。

3 结论

作者运用 PCR 法扩增浮游藻类核酮糖 1, 5-二磷酸羧化/氧化酶大亚基(*rbcL*) 基因片段,构建了条斑紫菜养殖及非养殖海区浮游藻类的 *rbcL* 片段质粒文库。随机选择文库 50 个克隆并测序,经比对分析,条斑紫菜非养殖区发现 8 种海洋微藻,分别为隐鞭藻、异弯藻、塔胞藻、全沟藻、筒柱藻、小球藻、海链藻、骨条藻。养殖区共发现 10 种海洋微藻,分别为:异丝藻、杜氏藻、隐鞭藻、骨条藻、小球藻、菱形藻、矽壳藻、链带藻、小环藻、拟伊藻。

浮游藻类类群中只有 3 种(隐鞭藻、骨条藻及小球藻)为两个海区共有,其他浮游藻类类群均为不同海区所有,证实条斑紫菜养殖及非养殖海区浮游藻类群落组成差异显著。杜氏藻、异丝藻为养殖区所特有的,异丝藻优势极高,养殖区内的其他几类浮游藻类类群的含量接近;异弯藻、全沟藻、塔胞藻,属于非养殖区特有优势类群。

表 2 海州湾养殖和非养殖区浮游藻类多样性

Tab.2 Genetic diversity of Phytoplankton in mariculture zone and natural region in Haizhou bay

浮游藻类	香农指数(shannon)	均匀度指数(<i>J'</i>)
非养殖区		
筒柱藻(<i>Cylindrotheca</i>)	3.059	1.020
异弯藻(<i>Heterosigma</i>)	2.474	0.825
隐鞭藻(<i>Cryptomonas</i>)	2.184	0.728
全沟藻(<i>Teleaulax amphioxeia</i>)	2.836	0.945
海链藻(<i>Thalassiosira</i>)	4.059	1.353
骨条藻(<i>Skeletonema</i>)	5.644	1.881
小球藻(<i>Chlorella</i>)	3.059	1.020
塔胞藻(<i>Pyramimonas mantoriae chiroplast</i>)	2.836	0.945
平均值	3.273	1.090
养殖区		
拟伊藻(<i>Ahnfeltiopsis leptophylla</i>)	4.059	1.222
矽壳藻(<i>Ostreobium quekettii</i>)	4.059	1.222
杜氏藻(<i>Dunaliella</i>)	3.059	0.921
链带藻(<i>Desmodesmus pseudoserratus</i>)	4.059	1.222
异丝藻(<i>Heterothrix debilis</i>)	2.184	0.658
菱形藻(<i>Nitzschia longissima</i>)	3.322	1.000
小环藻(<i>Cyclotella</i>)	3.059	0.921
骨条藻(<i>Skeletonema</i>)	3.644	1.097
小球藻(<i>Chlorella</i>)	3.059	0.921
隐鞭藻(<i>Cryptomonas</i>)	4.059	1.222
平均值	3.654	1.040

实验证实, 条斑紫菜养殖海区浮游藻类遗传多样性丰富, 而群落的成熟度与稳定性以非养殖区为高。说明表层海水浮游藻类群落结构及组成是动态的, 条斑紫菜的养殖改变了浮游藻类群落结构及遗传多样性。养殖海区浮游藻类的多样性及丰富度高于非养殖海区, 而且养殖海区出现的优势藻类均为海州湾非赤潮优势藻^[18], 多样性丰富降低了单一海洋微藻因富营养化而导致的爆发性增长的可能, 减少赤潮发生的频率。浮游藻类群落结构及遗传多样性改变对于条斑紫菜养殖行为使海域生态环境的修复具有重要意义。

参考文献:

[1] Paerl H W, Dyble J, Moisaner P H, et al. Microbial indicators of aquatic ecosystem change: current applications to eutrophication studies [J]. Microbiological Ecology, 2003, 46: 233-246.
 [2] Liu Y Q, Yao T D, Zhu L P, et al. Bacterial diversity of freshwater alpine lake Puma Yumco on the Tibetan Plateau [J]. Geomicrobiology Journa, 2009, 26: 131-145.
 [3] Ellis R J. The most abundant protein in the word [J].

Trends Biochem Sci, 1979, 4(1) : 241-244.
 [4] Clegg M T. Chloroplast gene sequences and the study of plant evolution [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1993, 90(2): 363-367.
 [5] 黄伟, 朱旭宇, 曾江宁, 等. 氮磷比对浙江近岸浮游植物群落结构影响的实验研究[J]. 海洋学报, 2012, 34(5): 128-138.
 [6] 徐虹, 黄祖英, 魏爱泓. 海州湾浮游植物总量的多元分析[J].海洋环境科学, 2009(增刊), 28(1): 26-27.
 [7] Polen-fuller M. A two-hour method for extraction of DNA from seaweeds[J]. Phycological Newsletter, 1991, 23: 2.
 [8] 刘瑞玉. 胶州湾生态学和生物资源[M]. 北京: 科学出版社, 1992.
 [9] 刘永健, 杨官品, 管晓菁, 等. 胶州湾浮游植物遗传多样性及其季节变化研究[J]. 海洋学报, 2005, 27(5): 103-111.
 [10] 孙力军, 陆兆新, 别小妹, 等. 1 株抗菌植物内生菌 EJM-2 菌株的分离和鉴定[J]. 中国微生态学杂志, 2006, 18(1): 23-26.

- [11] 陈聚法, 赵俊, 过锋, 等. 条斑紫菜对胶州湾湿地浅海富营养化状况的生物修复效果[J]. 渔业科学进展, 2012, 33(1): 93-101.
- [12] 张寒野, 何培民, 陈婵飞, 等. 条斑紫菜养殖对海区中无机氮浓度影响[J]. 环境科学与技术, 2005, 28(4): 44-45.
- [13] 王悠, 俞志明, 宋秀贤, 等. 大型海藻与赤潮微藻以及赤潮微藻之间的相互作用研究[J]. 环境科学, 2006, 27(2): 274-280.
- [14] 吕颂辉, 陈翰林, 何智强. 氮磷等营养盐对尖刺拟菱形藻生长的影响[J]. 生态环境, 2006, 15(4): 697-701.
- [15] 曲克明, 陈碧鹃, 袁有宪, 等. 氮磷营养盐影响海水浮游硅藻种群组成的初步研究[J]. 应用生态学报, 2000, 11: 445-448.
- [16] Piehler M F, Twomey J G, Hall N S, et al. Impacts of inorganic nutrient enrichment on phytoplankton community structure and function in Pamlico Sound, NC, USA[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2004, 61: 197-209.
- [17] 黄伟, 朱旭宇, 曾江宁, 等. 氮磷比对浙江近岸浮游植物群落结构影响的实验研究[J]. 海洋学报, 2012, 34(5): 128-136.
- [18] 钱燕, 张鹰, 刘吉堂. 海州湾海域赤潮灾害与成因探讨[J]. 海洋湖沼通报, 2008, 3: 191-196.

Effect of *Porphyra yezoensis* farming on the structure and genetic diversity of phytoplankton community in Haizhou Bay

WANG Hong-bin^{1, 2}, LI Xin-shu¹, SONG Xiu-mei¹, WU Yan¹, LI Shi-hu¹, YAN Bin-lun²

(1. Marine College, HuaiHai Institute of Technology, Lianyungang 222005, China; 2. Jiangsu Key Laboratory of Marine Biotechnology, Lianyungang 222005, China)

Received: Dec., 13, 2013

Key words: *Porphyra yezoensis*; Phytoplankton; Ribulose 1, 5-bisphosphate carboxylase/oxidase large subunit gene; Genetic diversity

Abstract: In order to investigate the effect of *Porphyra yezoensis* farming on the structure and genetic diversity of phytoplankton community in Haizhou Bay in Jiangsu, four sampling sites were set in each *Porphyra yezoensis* breeding and non-breeding sea in Haizhou Bay in Jiangsu Province in December 2012. The surface water was collected and the total DNA of seawater was extracted. The planktonic algae ribulose 1, 5-bisphosphate carboxylase/oxidase large subunit (*rbcL*) gene was amplified using PCR, which was used to construct a plasmid library of breeding and non-breeding sea *rbcL* fragment. 50 positive clones of the library were selected randomly and sequenced. After a comparative analysis, eight species of marine microalgae were found in non-breeding areas, among which, *Cryptomonas* made up 22% of the total number of clones, *Thalassiosira* and *Skeletonema* were smaller proportion, accounting for 6% and 2%, respectively. 10 kinds of marine microalgae were found in breeding sea, among which *Heterosigma* has the obvious superiority, accounting for 22% of the total number of clones. Only three kinds of microalgae (*Skeletonema*, *Cryptomonas* and *Chlorella*) were found in both breeding areas and non-breeding areas, suggesting that phytoplankton community composition was significantly different between breeding areas and non-breeding areas. The average Shannon index of sea phytoplankton in *P. yezoensis* non-breeding and breeding areas was 3.273 and 3.654, respectively. The average evenness index was 1.090 and 1.040, respectively, suggesting breeding areas were rich in phytoplankton with genetic diversity, while the maturity and stability of the community were high in non-breeding areas. our study confirmed that the structure and composition of phytoplankton community is dynamic, and *P. yezoensis* farming changed community structure and genetic diversity of phytoplankton.

(本文编辑: 梁德海)