

黄海春季水华过程中微微型浮游生物的变化特点*

赵苑^{1,2} 赵丽² 张武昌² 刘诚刚³ 魏皓⁴ 肖天^{2①}

(1. 中国海洋大学海洋生命学院 青岛 266003; 2. 中国科学院海洋研究所 海洋生态与环境科学重点实验室 青岛 266071;
3. 国家海洋局第二海洋研究所 国家海洋局海洋生态系统与生物地球化学重点实验室 杭州 310012;
4. 天津科技大学海洋科学与工程学院 天津 300222)

摘要 于 2007 年 3—4 月在黄海中部海域采用流式细胞术研究了春季水华过程中聚球藻、微微型真核浮游生物和异养细菌的生物量变化。聚球藻和微微真核型浮游生物的生物量与叶绿素 *a* 浓度变化基本呈现相反的趋势, 在水华前期较高, 水华期迅速下降, 直至水华后期又有所升高。异养细菌在整个水华过程中变化较小, 生物量在水华期最高, 与水柱叶绿素 *a* 浓度呈极显著正相关($r=0.319$, $p<0.01$)。水华期这三类微微型浮游生物对浮游植物总碳生物量的贡献很低。纤毛虫和鞭毛虫捕食可能是导致聚球藻和微微型真核浮游生物在水华期生物量降低的主要原因。

关键词 黄海, 春季水华, 聚球藻, 微微型真核浮游生物, 异养细菌

中图分类号 Q178

黄海处于大陆架浅海区域, 具有独特的地形和水文、化学、生物特征, 是世界 64 个大海洋生态系统之一(胡好国等, 2004; Duda *et al*, 2002)。黄海冬季水层的垂直混合为真光层浮游植物群落的增长提供了丰富的营养条件, 春季气候变暖, 水温升高, 水体稳定性增大, 促使浮游植物的生物量急剧增加, 从而导致了水华的发生。

海洋微微型浮游生物(Marine picoplankton)是指细胞粒径小于 2 μm 的浮游生物, 主要包括异养细菌(Heterotrophic bacteria)、微微型真核浮游生物(Picoeukaryotes)和蓝细菌(Cyanobacteria)等类群。其中蓝细菌又可分为聚球藻(*Synechococcus*, 细胞粒径为 0.5—1.5 μm)和原绿球藻(*Prochlorococcus*, 细胞粒径为 0.4—0.8 μm) (Azam *et al*, 1977; Waterbury *et al*, 1979; Chisholm *et al*, 1988)。微微型浮游生物在海洋生态系统中分布广泛, 生物量大, 能量转化效率高, 是微生物环(Microbial loop)的重要组成部分, 在物质的生物

地球化学循环过程中起到非常重要的作用(Ducklow *et al*, 1993; 宁修仁, 1997)。黄海微微型浮游生物的主要优势类群是异养细菌、微微型真核浮游生物和聚球藻。

水华对微微型浮游生物有一定的影响(Ducklow *et al*, 1993; Lancelot *et al*, 1984; Cho *et al*, 1994; Hyun *et al*, 2003), 而黄海春季水华对微微型浮游生物的影响目前报道较少。

本文通过对 2007 年春季黄海水华的现场观测, 研究了微微型浮游生物在整个黄海水华过程中的变化, 并初步探讨了其变化的原因, 以为黄海春季水华的发生和调控研究提供科学依据。

1 材料与方 法

1.1 调查时间和采样站 位

于 2007 年 3 月 30 日—4 月 23 日搭乘“北斗号”调查船在黄海中部海域(34°—37°N, 121°—124°30' E)

* 国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目, 2011CB409804 号; 国家基金委创新研究群体科学基金项目, 41121064 号; 中国科学院创新项目, KZCX2-YW-Q07-02 号。赵苑, E-mail: yuanzhao@qdio.ac.cn

通讯作者: 肖 天, txiao@qdio.ac.cn

收稿日期: 2010-03-31, 收修改稿日期: 2012-03-28

(图 1)进行水华调查。通过参考有关浮游植物的历史调查资料、水色和水温遥感近 9 年(1998—2006)的历史资料以及 2006 年 4 月黄海陆架航次的结果, 将叶绿素 *a* 浓度 >4 mg/m³ 作为水华发生的标准。调查取样路线如图 2 所示: 首先从 A1 站开始进行 A 断面观测, 直至完成 G 断面尚未发现水华(图 2 a); 此后遥感图片显示调查区域南侧有大面积水华发生, 自 F4 站开始向南进行水华期大面观测(图 2 b), 并围绕水华范围及发生强度设置连续观测站 BM1、BM2 以及走航路线观测: A6—a→BM1—a→C4—a→D3—a→C4—b→BM1—b→A6—b→BM1—c→C4—c→ D3—b(a、b、c……表示第一次、第二次、第三次经过该站), 开展水华过程研究; 后期水华消退, 自 C5 站开始继续观测直至整个航次结束(图 2 c)。

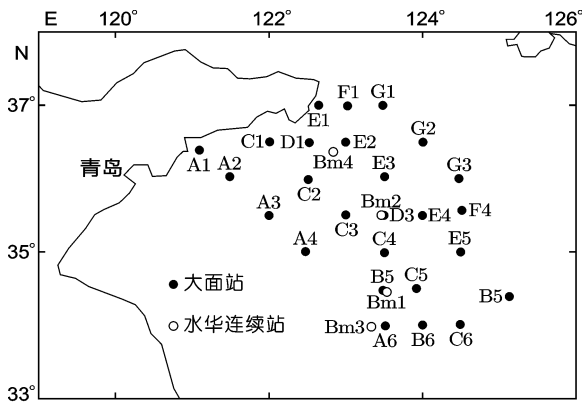


图 1 黄海春季水华航次采样站位

Fig.1 Map of the sampling stations for the Spring Bloom Cruise in the Yellow Sea

用采水器分层采集各站位水样, 对于微微型浮游生物检测, 取 4 ml 海水置于无菌 5 ml 离心管中, 立即用多聚甲醛(Paraformaldehyde, Sigma)进行固定, 终浓度为 1%, 固定后样品于液氮中冷冻, 保存于-20

°C 冰箱直至带回实验室进行检测。另外取 500 ml 水样用于叶绿素 *a* 浓度检测。温度、盐度等数据由海鸟 25CTD(SBE 25, Sea—Bird Electronics)进行检测。

1.2 微微型浮游生物计数

样品用冰水浴融化后, 使用流式细胞仪(FACSVantage SE, Becton Dickinson)进行检测分析, 激发光波长为 488 nm; 测定过程中使用 2 μm 微球(Polysciences Inc)作为标准内参; 使用 CELLQuest™(Becton Dickinson)软件记录和分析各类微微型浮游生物的丰度、散射光信号和荧光信号。

对于聚球藻和微微型真核浮游生物, 取 1 ml 样品至流式细胞仪计数 3min。聚球藻含有叶绿素 *a* (Chlorophyll *a*)和藻红蛋白(Phycocerythrin, PE), 产生的自发荧光分别由红色荧光通道(695±20) nm 和橙色荧光通道(585±21) nm 进行检测; 微微型真核浮游生物含叶绿素 *a* 而不含藻红蛋白, 在检测时可与聚球藻区分(Marie *et al*, 2000)。

异养细菌本身不含荧光色素, 在检测前需要用 SYBR Green I (Molecular Probes Inc, USA)进行染色处理: 取 50 μl 海水样品加入 250 μl TE8.0 缓冲液(Tris—EDTA, 100 mmol/L Tris—Cl, 10 mmol/L EDTA, pH = 8.0, Sigma), 然后加入 SYBR Green I 染色液(终浓度为 10⁻⁴, V/V), 于室温下避光染色 20 min。染色后样品通过流式细胞仪检测分析, SYBR Green I 产生的荧光信号由绿色荧光通道(530±15) nm 进行检测, 采用绿色荧光和侧向散射光(SSC)的双参数散点图进行鉴别(Marie *et al*, 1997)。

1.3 叶绿素 *a* 含量测定

水样叶绿素 *a* 浓度按萃取荧光法进行测定(梁玉波, 2006)。使用截留效率相当于 0.65 μm 的玻璃纤维滤膜现场过滤, 滤膜样品避光-20°C 冷冻保存, 带回实验室进行萃取和测定。

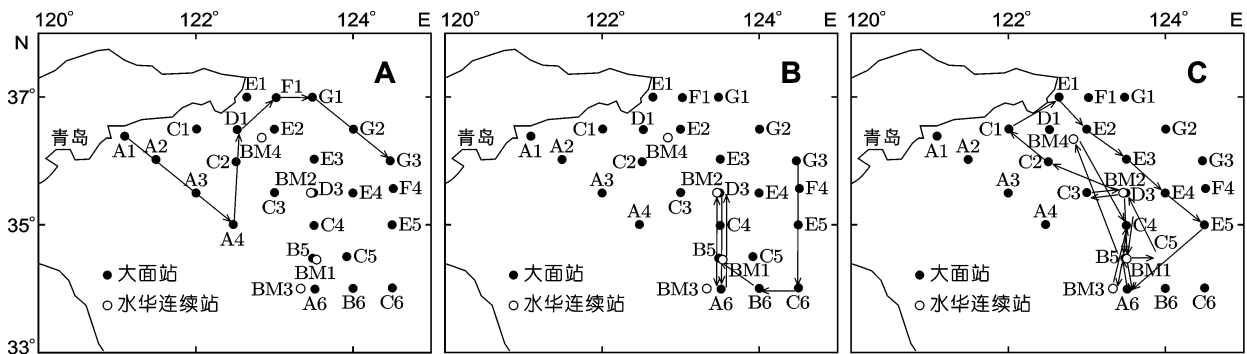


图 2 航次调查路线

Fig.2 Route of the cruise

1.4 细胞粒径转换及生物量计算

通过流式细胞仪可以获得反映细胞粒径大小的前向角散射信号(Forward scatter, FSC)。通过多次测定多种粒径规格的标准微球(0.5 μm , 1.0 μm , 2.0 μm , 3.0 μm , 6.0 μm , Polysciences)的 FSC 值, 建立了细胞粒径与 FSC 的关系: $\text{Log}(\text{细胞粒径}) = -0.39601 + 0.59682 \text{Log}(\text{FSC}) - 0.29696[\text{Log}(\text{FSC})]^2 + 0.10761[\text{Log}(\text{FSC})]^3$ 。利用此公式即可将检测获得的聚球藻和微微型真核浮游生物 FSC 值转换为细胞粒径。

聚球藻和微微型真核浮游生物的细胞体积由球形体积公式进行推算($V = 4/3 \times \pi (1/2 \times R)^3$, V 表示细胞体积, R 表示细胞粒径), 然后通过公式 $C = 0.433 \times V^{0.863}$ (C 表示细胞碳含量即碳转换系数, V 表示细胞体积)将细胞体积转化为细胞碳含量(Verity *et al*, 1992), 最后由碳转换系数乘以丰度得到聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量。对于异养细菌则直接通过碳转换系数 20 fg C/cell (Lee *et al*, 1987) 计算得到其生物量。叶绿素 a 浓度与浮游植物生物量之间的转换根据经验常数每单位的叶绿素 a 相当于 50 单位碳而得到(Krempin *et al*, 1981)。

1.5 数据统计

使用 SPSS 软件, 对聚球藻、微微型真核浮游生物和异养细菌生物量与叶绿素 a 浓度和其他水体参数进行相关性分析。

2 结果

2.1 叶绿素 a 浓度变化

在整个航次过程中, 叶绿素 a 浓度变化明显(图 3)。从 A1 站到 G3 站, 叶绿素 a 浓度普遍低于 3 mg/m^3 (除 G3 站 3 m 水层, 6.08 mg/m^3), 该阶段为水华前期; 自 F4 站叶绿素 a 浓度迅速上升至 10 mg/m^3 , 之后一直维持在较高水平(>5 mg/m^3), 特别是从 F4 站—BM1 连续站, 叶绿素 a 浓度大多在 10 mg/m^3 左右, 直至

BM2 连续站叶绿素 a 浓度开始下降到 4 mg/m^3 以下, F4 站至 BM2—9 站为水华期; 自 BM1—d 站开始, 叶绿素 a 浓度又降到 3 mg/m^3 以下(除 BM2—a 站 71 m 水层外, 3.16 mg/m^3), 基本恢复到水华前期的水平, 表明水华已经消退, 为水华后期(表 1)。

2.2 表层温度、盐度及营养盐分布

表层温度和盐度平均值在水华前期最低, 在水华中、后期略有升高。无机氮盐(DIN)和磷酸盐浓度在水华期最低, 至水华后期又略有升高, 但尚未恢复到水华前期的水平。在垂直方向上, 表层营养盐贫乏, 其高值通常位于较深水层(多为 40 m 水深以下), 底层营养盐达到最大值, 尤其是水华期这种现象更为明显, 表、底层营养盐含量相差 10 倍左右(图 3)。

2.3 微微型浮游生物分布及其对水华的响应

水华前期聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量较低, 聚球藻水柱生物量平均值为 44.20 mgC/m^2 , 微微型真核浮游生物平均为 65.73 mgC/m^2 , 二者的高值主要分布在表层和次表层; 异养细菌生物量高值主要位于次表层, 其水柱生物量平均值为 599.41 mgC/m^2 ; 接近水华发生期的 G1—G3 站, 三类微微型浮游生物的生物量明显高于其他站位, 整个水华前期 40 m 水深以下微微型浮游生物的生物量通常较小(图 4, 图 5)。自水华期开始, 聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量迅速下降, 在各个水层分布都较少, 并在整个水华期保持较低水平, 其生物量平均值分别为聚球藻 15.25 mgC/m^2 , 微微型真核浮游生物 14.07 mgC/m^2 ; 异养细菌在水华期生物量并未像聚球藻等出现明显降低, 反而略有升高(677.16 mgC/m^2), 垂直分布上, 异养细菌在个别站位的个别水层有斑块状高值出现, 如 B5 站 10 m 层、BM1-3 站 50 m 层和 BM1-b 站 50 m 层等。至水华后期聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量较水华期略有上升, 但尚未恢复至水华前的水平(聚球藻 27.10 mgC/m^2 , 微微型

表 1 叶绿素 a 、温盐和营养盐在水华前、中、后期变化特点 平均值(最小值—最大值)

Table 1 The variation of temperature, salinity, nutrient salts and chlorophyll a during pre—bloom, bloom period and post—bloom. Average (min—max)

	水华前期	水华期	水华后期
叶绿素 a (mg/m^3)	1.09 (0.09—6.08)	3.99 (0.50—41.36)	0.92 (0.21—3.16)
温度($^{\circ}\text{C}$)	8.30 (5.97—11.07)	10.22 (7.79—12.46)	10.54 (6.46—13.26)
盐度	32.24 (22.00—33.88)	33.14 (31.42—33.87)	33.15 (29.92—33.96)
DIN ($\mu\text{mol}/\text{L}$)	5.87 (1.92—11.42)	4.55 (0.22—12.28)	5.41 (0.40—13.38)
PO_4^{3-} ($\mu\text{mol}/\text{L}$)	0.38 (0.11—0.94)	0.29 (0.06—1.04)	0.30 (0.06—0.86)

注: 括号外的数据是平均值, 括号内是最大值-最小值

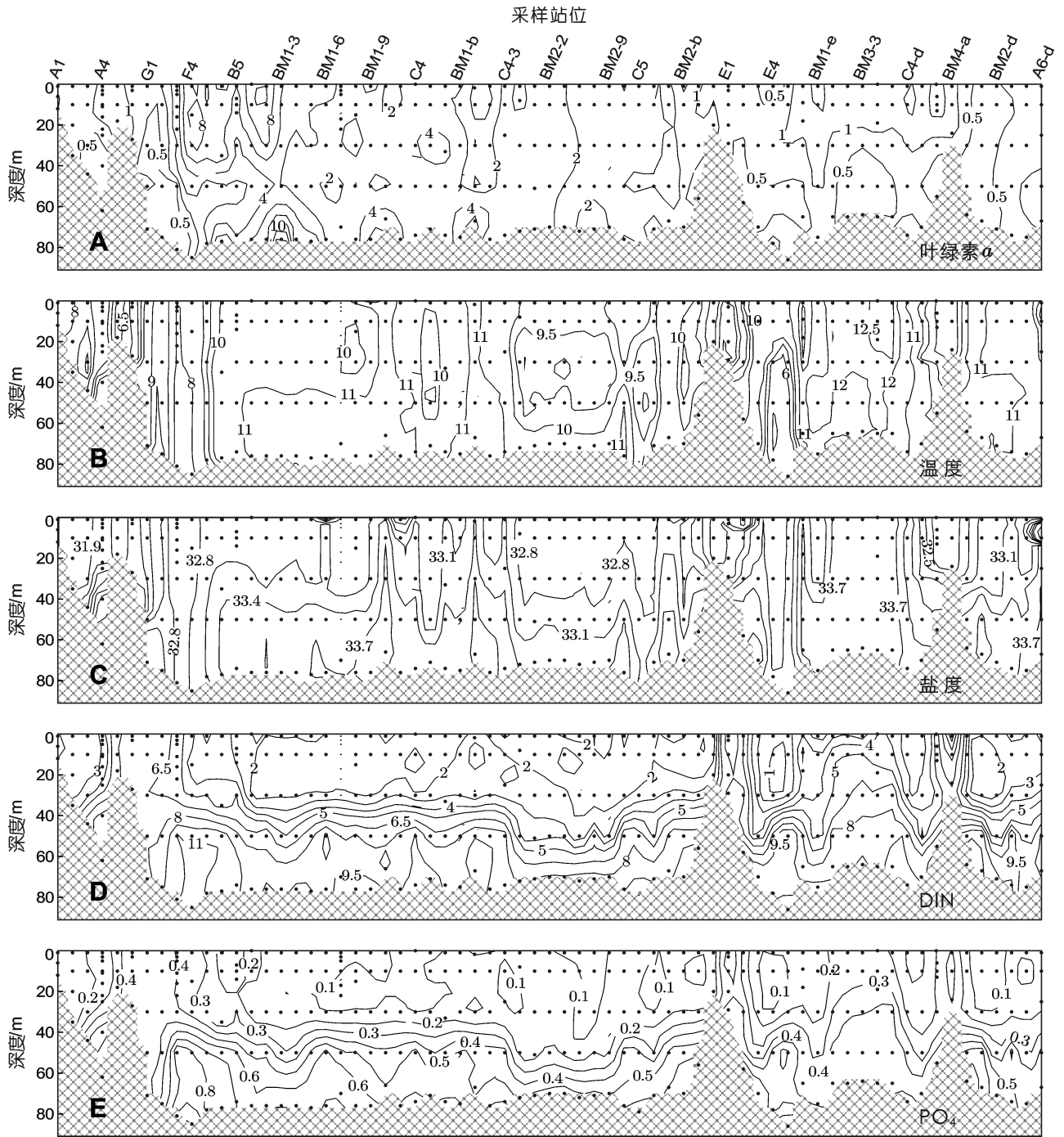


图3 叶绿素 a 含量(mg/m³)、温度(°C)、盐度、营养盐(μmol/L)垂直分布

Fig.3 The vertical distribution of chlorophyll a concentration (mg/m³), temperature(°C), salinity, and nutrients(μmol/L)

真核浮游生物 44.08 mgC/m²), 异养细菌生物量比水华期略有下降(585.96 mgC/m²), 垂直分布上三类微小型浮游生物都主要分布在表层和次表层。

微小型浮游生物水柱生物量与叶绿素 a 浓度的水柱积分对比表明, 聚球藻和微小型真核浮游生物与叶绿素 a 浓度变化基本呈现相反的趋势, 水华期聚

球藻和微小型真核浮游生物低于水华前期和后期(图 5, 表 2)。微小型真核浮游生物水柱生物量与水柱叶绿素 a 浓度呈极显著负相关($r = -0.330, p < 0.01$)。异养细菌在整个调查过程中水柱生物量变化趋势与聚球藻和微小型真核浮游生物不同, 在水华期略有升高(图 5, 表 2), 相关性分析显示异养细菌水柱生物量与

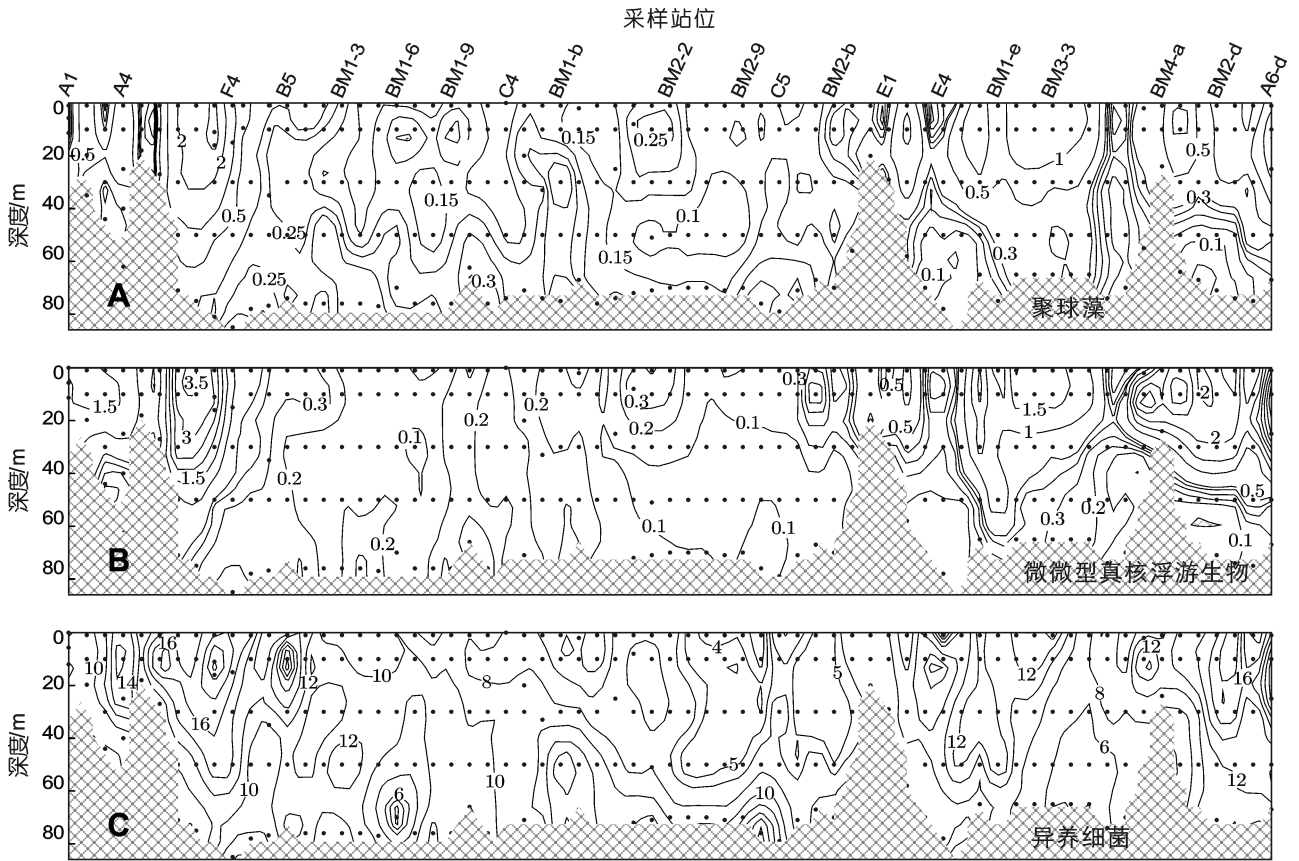


图4 微型浮游生物生物量(mgC/m³)垂直分布
 Fig.4 The vertical distribution of picoplankton biomass (mgC/m³)

水柱叶绿素 *a* 浓度呈极显著正相关($r=0.319, p<0.01$)。

2.4 微型浮游生物对浮游植物总生物量的贡献

整个航次中, 聚球藻和微型真核浮游生物水柱生物量对总浮游植物水柱生物量的贡献平均值分别为 0.998%和 1.83%, 异养细菌碳生物量相当于浮游植物总碳生物量的 18.31%。

水华期微型浮游生物对浮游植物生物量的贡献远远小于水华前期和水华后期, 分别仅为聚球藻 0.13%和微型真核浮游生物 0.12%(表 2), 水华前期聚球藻和微型真核浮游生物贡献率最高, 到水华期下降数 10 倍, 直至水华后期又有所升高; 异养细菌也是水华前期最高, 在水华期最低, 相当于浮游植物总碳生物量的 6.16%。

3 讨论

3.1 微型浮游生物对浮游植物水华的响应

在过去进行的水华过程研究中, 学者更关注的微型浮游生物是异养细菌。Ducklow 等(1993)发现在北大西洋东部海区水华过程中, 随着浮游植物的

大量增殖, 异养细菌的生物量大幅度提高, 此外, 异养细菌对浮游植物的响应存在 3—4 天的滞后期。Hyun 等(2003)在黄海中部浮游植物水华过程中发现, 水华期异养细菌生长速度明显增强, 但其生物量并没有显著增加, 主要是由于浮游植物提供的营养物质刺激细菌生长能力增强, 然而异养纤毛虫等的摄食影响使得生物量增加不显著。在本研究中, 异养细菌生物量在在水华期略有增加, 高于水华前期和后期, 相关性分析发现异养细菌水柱生物量与水柱叶绿素 *a* 浓度呈极显著正相关, 这与 Hyun 等在黄海中部发现的现象相似。

在本研究中, 水华期水体无机氮盐和磷酸盐浓度极低, 但是由于与较大的浮游植物相比, 微型浮游植物由于具有较高的表面积—体积比, 有利于营养盐的吸收, 使得它们在与大型浮游植物的营养盐竞争中处于优势地位(Morel *et al*, 1991, Chisholm, 1992), 所以营养盐缺乏可能并不是造成聚球藻和微型真核浮游生物的生物量降低的主要原因。

聚球藻和微型真核浮游生物在水华期生物量

急剧下降的现象在过去的研究也有报道(Cunliffe *et al.*, 2009, Larsen *et al.*, 2004, Šimek *et al.*, 1995)。已有研究表明, 纤毛虫和鞭毛虫摄食是控制微微型浮游生物数量的主要因素(Rassoulzadegan *et al.*, 1986, 1988; Sherr *et al.*, 1988)。黄凌风等(2003)发现初夏黄海异养鞭毛虫是异养细菌和聚球藻的主要捕食者, 黄海鞭毛虫的丰度与异养细菌和聚球藻等有密切关系。Chiang 等(2003)在东海发现春季纤毛虫和聚球藻分布有显著正相关性, 认为捕食关系使纤毛虫和聚球藻之间存在非常紧密的关联。Šimek 等(1995, 1997)发现在一个富营养水库的夏季水华中, 纤毛虫和异养鞭毛虫对微微型浮游生物有很高的清除率。本次黄海春季水华航次中张翠霞等通过中华哲水蚤添加实验也发现, 纤毛虫被中华哲水蚤摄食后水样中的聚球藻丰度有明显提高, 显示纤毛虫对聚球藻有较高的摄食压力(张翠霞等, 未发表数据)。此外在 2009 年黄海春季水华调查中, 实验表明水华站异养鞭毛虫对聚球藻的摄食压高于非水华站(黄凌风等, 未发表数据)。

以上资料表明, 水华期聚球藻和微微型真核浮游生物生物量的降低很有可能是由捕食作用造成的。

浮游病毒致死是调节微微型浮游生物生物量的另一个重要因素。与纤毛虫和鞭毛虫捕食相比, 浮游病毒导致的聚球藻和微微型真核浮游生物致死率较低(Baudoux *et al.*, 2008)。另外, 聚球藻菌株通常对病毒具有抗性(Waterbury *et al.*, 1993), 所以病毒致死可能

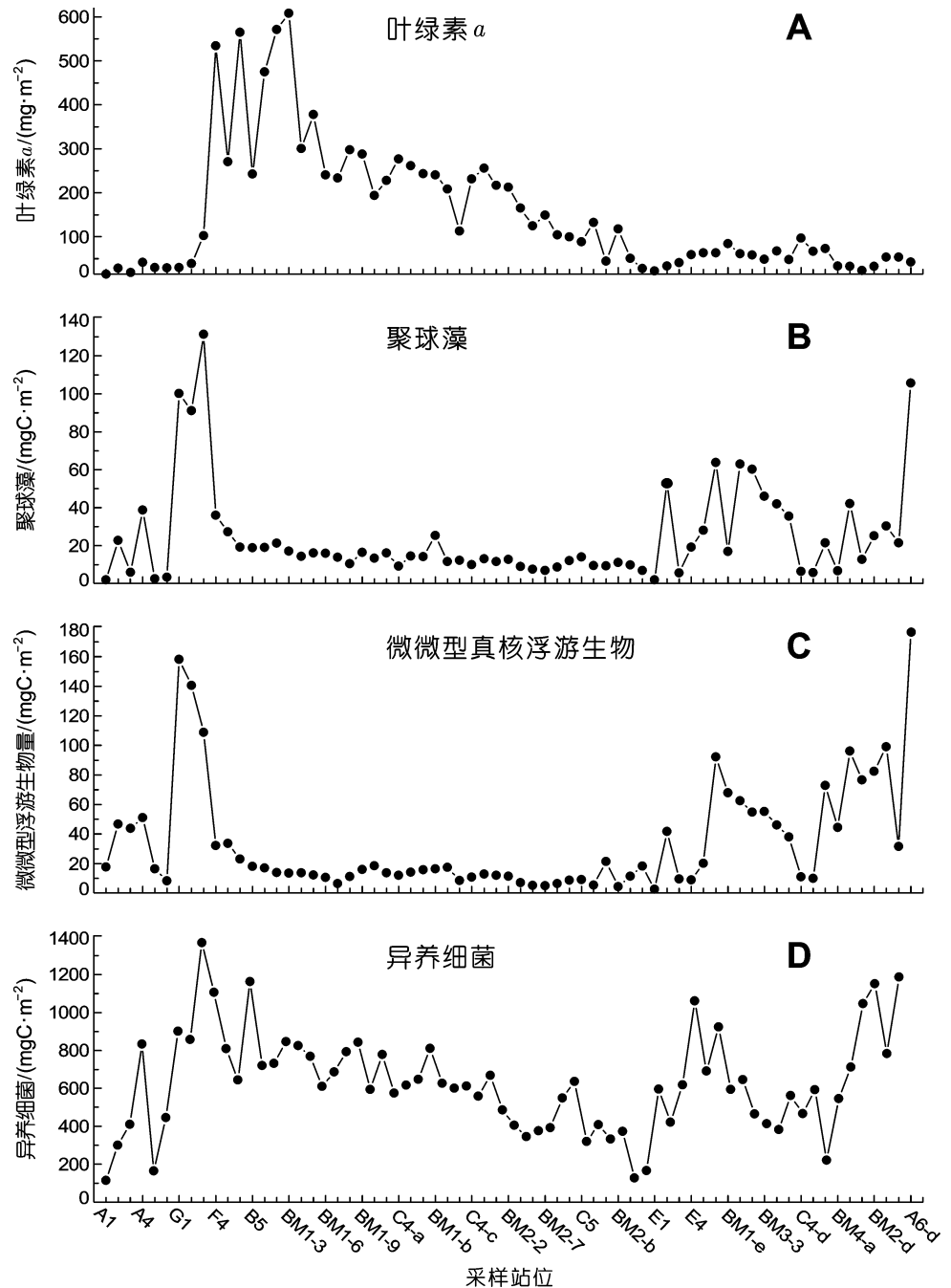


图5 黄海水华过程中叶绿素 *a* 含量 (mg/m^2)和微微型浮游生物生物量 (mgC/m^2)分布
 Fig.5 Histogram of integrated chlorophyll *a* concentration (mg/m^2) and picoplankton integrated biomass (mgC/m^2)

也并不是水华期聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量降低的主要原因。

3.2 微微型浮游生物对浮游植物总生物量的贡献

Hyun 等(2003)在黄海中部研究发现水华期异养细菌碳生物量贡献较小, 仅相当于浮游植物碳生物量的 1.12%—5.39%。在本次水华过程中, 水华期 HBIB/PhytoIB 比也相对较低, 其平均值为 6.26%, 远

表 2 水华前、中、后期微微型浮游生物水柱生物量变化及其对浮游植物总生物量的贡献

Table.2 The variation of picoplankton integrated biomass and their contributions to total phytoplankton integrated biomass during the bloom

生物量	水华前期	水华期	水华后期
SIB (mgC/m ²)	44.20 (1.73—131.29)	15.25 (6.92—35.94)	27.10 (1.72—105.54)
PIB (mgC/m ²)	65.73 (8.28—158.26)	14.07 (4.88—33.56)	44.08 (2.26—176.61)
HIB (mgC/m ²)	599.41 (115.15—1367.78)	677.16 (345.80—1167.27)	585.96 (127.74—1186.51)
SIB/ PhytoIB (%)	2.19 (0.23—7.03)	0.13 (0.06—0.25)	1.14 (0.15—5.66)
PIB/ PhytoIB (%)	4.13 (0.67—11.11)	0.12 (0.05—0.32)	2.12 (0.08—9.47)
HBIB/ PhytoIB (%)	35.42 (14.26—63.23)	6.16 (2.49—11.60)	25.04 (5.49—71.93)

SIB—聚球藻水柱生物量; PIB—微微型真核浮游生物水柱生物量; HBIB—异养细菌水柱生物量; PhytoIB—总浮游植物水柱生物量
SIB—*Synechococcus* Integrated Biomass; PIB—Picoeukaryotes Integrated Biomass; HBIB—Heterotrophic Bacteria Integrated Biomass;
PhytoIB—Total Phytoplankton Integrated Biomass

远小于水华前期(35.42%)和水华后期(25.04%), 但略高于 Hyun 等(2003)的报道。黄海微微型浮游生物年季变化中显示, 3、4月聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量显著低于其他月份, 聚球藻的贡献仅为 2.23%, 远远小于 10月(28.47%)。本次水华航次聚球藻和微微型真核浮游生物对浮游植物总生物量的贡献非常低, 分别在 0.06%—7.03%和 0.05%—11.11%之间, 水华期聚球藻的贡献率仅为 0.13%, 微微型真核浮游生物的贡献率仅为 0.12%。由于聚球藻和微微型真核浮游生物生物量在水华期有明显的降低, 同时伴随浮游植物的大量暴发, 导致其生物量贡献极低。此外 4月黄海聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量贡献本身即处于一年中的最低点, 以上两个因素共同作用导致了本次水华航次聚球藻和微微型真核浮游生物对浮游植物总生物量的贡献极低。

4 结论

通过对 2007 年黄海春季水华的调查发现, 水华过程中 3 类微微型浮游生物的生物量发生变化。聚球藻和微微型浮游生物在水华前期较高, 其生物量平均值分别为 44.20 和 65.73 mgC/m²; 水华期随着浮游植物的大量暴发, 聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量迅速下降, 且一直处于低水平, 其平均值分别为 15.25 和 14.07 mgC/m²; 直至水华后期, 聚球藻和微微型真核浮游生物的生物量又有所升高, 其平均值分别为 27.10 和 44.08 mgC/m²; 总体上来说聚球藻和微微型真核浮游生物与叶绿素 *a* 浓度分布基本呈现相反的趋势。异养细菌在整个水华过程生物量变化较小, 其生物量在水华前、中后期分别为: 599.41、677.16 及 585.96 mgC/m², 与水柱叶绿素 *a* 浓度呈极显著正相关。水华期 3 类微微型浮游生物对浮游植物总碳生物量的贡献很低。纤毛虫和鞭毛虫捕食可能是

导致聚球藻和微微型真核浮游生物在水华期生物量降低的主要原因。

致谢 本研究在采样过程中, 得到了“北斗号”全体工作人员的支持, 鞭毛虫数据由厦门大学黄凌风老师提供, 营养盐数据由中国海洋大学刘素美老师提供, 谨致谢忱。

参 考 文 献

- 宁修仁, 1997. 微生物食物环. 东海海洋, 15 (1): 66—68
 胡好国, 万振文, 袁业立, 2004. 南黄海浮游植物季节性变化的数值模拟与影响因子分析. 海洋学报, 26(6): 74—87
 梁玉波, 2006. 海洋生物生态调查技术规程. 北京: 海洋出版社, 5—8
 黄凌风, 郭 丰, 黄邦钦等, 2003. 初夏黄海中部和北部海洋鞭毛虫的分布特征及其影响因素. 海洋学报, 25(Supp.2): 82—87
 Azam F, Hodson R E, 1977. Size distribution and activity of marine microheterotrophs. Limnology and Oceanography, 22: 492—501
 Baudoux A C, Veldhuis M J W, Noordeloos A A M *et al*, 2008. Estimates of virus— vs. grazing induced mortality of picophytoplankton in the North Sea during summer. Appl Environ Microbiol, 52: 69—82
 Campbell L, Carpenter E J, Montoya J P *et al*, 2005. Picoplankton community structure within and outside a *Trichodesmium* bloom in the southwestern Pacific Ocean. Vie et Milieu, 55(3—4): 185—195
 Chiang K P, Lin C Y, Lee C H *et al*, 2003. The coupling of oligotrich populations and hydrography in the East China Sea: spatial and temporal variation. Deep Sea Research, 50: 1279—1293
 Chisholm S W, 1992. Phytoplankton size. In Falkowski P G, Woodhead A D ed. Primary production and Biogeochemical Cycles in the Sea. Plenum Press, New York: 213—237
 Chisholm S W, Olson R J, Zettler E R *et al*, 1988. A novel free—living prochlorophule abundant in the oceanic euphotic zone.

- Nature, 334: 340—343
- Cho B C, Choi J K, Chung C S *et al*, 1994. Uncoupling of bacteria and phytoplankton during a spring diatom bloom in the mouth of the Yellow Sea. *Marine Ecology Progress Series*, 115: 181—190
- Cunliffe M, Whiteley A S, Newbold L *et al*, 2009. Comparison of bacterioneuston and bacterioplankton dynamics during a phytoplankton bloom in a Fjord mesocosm. *Applied and Environmental Microbiology*, 75: 7131—7181
- Ducklow H W, Kirchman D L, Quinby H L *et al*, 1993. Stocks and dynamics of bacterioplankton carbon during the spring bloom in the eastern North Atlantic Ocean. *Deep Sea Research II*, 40: 245—263
- Duda A M, Sherman K, 2002. A new imperative for improving management of large marine ecosystems. *Ocean & Coastal Management*, 45: 797—833
- DuRand M D, Olson R J, Chisholm S W, 2001. Phytoplankton population dynamics at the Bermuda Atlantic Time—series station in the Sargasso Sea. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 48(8—9): 1983—2003
- Hyun J H, Kim K H, 2003. Bacterial abundance and production during the unique spring phytoplankton bloom in the central Yellow Sea. *Marine Ecology Progress Series*, 252: 77—88
- Krempin D W, Sullivan C W, 1981. The seasonal abundance, vertical distribution, and relative microbial biomass of chroococcoid cyanobacteria at a station in southern California coastal waters. *Can. J. Microbiol.*, 27(12): 1341—1344
- Lancelot C, Billen G, 1984. Activity of heterotrophic bacteria and its coupling to primary production during the spring phytoplankton bloom in the southern bight of the North Sea. *Limnology and Oceanography*, 29: 721—730
- Larsen A, Flaten G A F, Sandaa R A *et al*, 2004. Spring phytoplankton bloom dynamics in Norwegian coastal waters: Microbial community succession and diversity. *Limnology and Oceanography*, 49: 180—190
- Lee S, Fuhrman J A, 1987. Relationships between biovolume and biomass of naturally derived marine bacterioplankton. *Applied and Environmental Microbiology*, 53(6): 1298—1303
- Li H B, Xiao T, Ding T *et al*, 2006. Effect of the Yellow Sea Cold Water Mass (YSCWM) on distribution of bacterioplankton. *Acta Ecologica Sinica*, 26(4): 1012—1020
- Liu H B, Chang J, Tseng C M *et al*, 2007. Seasonal variability of picoplankton in the Northern South China Sea at the SEATS station. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 54(14—15): 1602—1616
- Mackey K R M, Rivlin T, Grossman A R *et al*, 2009. Picophytoplankton responses to changing nutrient and light regimes during a bloom. *Marine Biology*, 156: 1531—1546
- Marie D, Partensky F, Jacquet S *et al*, 1997. Enumeration and cell cycle analysis of natural populations of marine picoplankton by flow cytometry using the nucleic acid stain SYBR Green I. *Applied and Environmental Microbiology*, 63: 186—193
- Marie D, Partensky F, Simon N *et al*, 2000. Flow cytometry analysis of marine picoplankton. In: Diamond R A, DeMaggio S, ed. *In living colors: protocols in flow cytometry and cell sorting*. Springer—Verlag, New York, 421—454
- Morel F M M, Hudson R J M, Price N M, 1991. Limitation of productivity by trace metals in the sea. *Limnology and Oceanography*, 36: 1742—1755
- Rassoulzadegan F, Laval-Peuto M, Sheldon R W, 1988. Partitioning of the food ration of marine ciliates between pico— and nanoplankton. *Hydrobiologia*, 159: 75—88
- Rassoulzadegan F, Sheldon R W, 1986. Predator-prey interactions of nanozooplankton and bacteria in an oligotrophic marine environment. *Limnology and Oceanography*, 31: 1010—1021
- Sherr E B, Sherr B F, 1988. Role of microbes in pelagic food webs: a revised concept. *Limnology and Oceanography*, 33: 1225—1227
- Šimek K, Bobková J, Macek M *et al*, 1995. Ciliate grazing on picoplankton in a eutrophic reservoir during the summer phytoplankton maximum: a study at the species and community level. *Limnology and Oceanography*, 40: 1077—1090
- Šimek K, Hartman P, Nedoma J *et al*, 1997. Community structure, picoplankton grazing and zooplankton control of heterotrophic nanoflagellates in a eutrophic reservoir during the summer phytoplankton maximum. *Aquatic Microbial Ecology*, 12: 49—63
- Verity P G, Roberson C Y, Tronzo C R *et al*, 1992. Relationships between cell volume and the carbon and nitrogen content of marine photosynthetic nanoplankton. *Limnology and Oceanography*, 37(7): 1434—1446
- Waterbury J B, Valois F W, 1993. Resistance to co-occurring phages enables marine *Synechococcus* communities to co-exist with cyanophages abundant in seawater. *Appl Environ Microbiol*, 59: 3393—3399
- Waterbury J B, Watson S W, Guillard R R L *et al*, 1979. Widespread occurrence of a unicellular, marine planktonic cyanobacterium. *Nature*, 277: 293—294

THE VARIATION OF PICOPLANKTON DURING THE SPRING BLOOM IN THE YELLOW SEA, CHINA

ZHAO Yuan^{1,2}, ZHAO Li², ZHANG Wu-Chang², LIU Cheng-Gang³,
WEI Hao⁴, XIAO Tian²

(1. College of Marine Life Sciences, Ocean University of China, Qingdao, 266003; 2. Key Laboratory of Marine Ecology and Environmental Sciences, Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao, 266071; 3. Key Laboratory of Marine Ecosystems and Biogeochemistry, Second Institute of Oceanography, Hangzhou, 310012; 4. College of Marine Science and Engineering, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300222)

Abstract Temporal variability of *Synechococcus*, picoeukaryotes and heterotrophic bacteria biomass during the three spring blooms in 2007 were investigated in the Yellow Sea, China by flow cytometry. *Synechococcus* and picoeukaryotes biomass were highest during pre-bloom, and decreased sharply during bloom period. Heterotrophic bacteria biomass varied less severely during the cruise, with highest biomass in bloom period. *Synechococcus* and picoeukaryotes showed an opposite trend with water chl *a* variation, while heterotrophic bacteria had a positive co-relation with chl *a*. Ciliates and heterotrophic nanoflagellates grazing were the possible cause of the decrease in *Synechococcus* and picoeukaryotes biomass during spring bloom.

Key words Spring bloom, *Synechococcus*, Picoeukaryotes, Heterotrophic bacteria, Yellow Sea