

深圳湾浮游细菌生物量的时空分布及其影响因素

周凯¹, 章洁香², 张瑜斌², 卢东伟¹, 丁玉静¹, 孙省利²

1. 深圳市海洋环境与资源监测中心, 广东 深圳 518031;

2. 广东海洋大学海洋资源与环境监测中心, 广东 湛江 524088

摘要: 自 2008 年 2 月至 2008 年 11 月在深圳湾布设了 10 个站位, 对该海域进行了每季一次共 4 个航次的浮游细菌生物量调查。结果表明, 深圳湾浮游细菌生物量(C)变化范围为 $(0.82\text{—}36.42) \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$, 总均值为 $9.97 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 。深圳湾浮游细菌生物量(C)季节变化不同于其他一些海湾, 表现为春季 $(19.80 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}) >$ 冬季 $(7.00 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}) >$ 夏季 $(3.77 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}) >$ 秋季 $(3.60 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1})$ 的模式。在平面分布上, 浮游细菌生物量(C)表现为由湾内向湾外、由近岸向离岸递减的基本格局, 越靠近河口或港口, 细菌生物量越高, 离河口或港口越远, 细菌生物量越少。浮游细菌生物量(C)与磷酸盐呈极显著的正相关($p < 0.01$), 与总氮、总有机碳和化学耗氧量呈显著的正相关($p < 0.05$), 显示陆源有机物输入与浮游细菌生物量分布格局密切相关。深圳湾水体细菌数量变化范围为 $(0.41\text{—}18.2) \times 10^6 \text{ 个}\cdot\text{mL}^{-1}$, 周年平均值为 $5.21 \times 10^6 \text{ 个}\cdot\text{mL}^{-1}$, 表明深圳湾海域富营养化严重, 其富营养化程度从湾内向湾外递减。

关键词: 深圳湾; 浮游细菌; 生物量; 时空分布; 影响因素

中图分类号: P735; P717.04 文献标识码: A 文章编号: 1009-5470(2013)03-0065-07

Temporal and spatial distributions of bacterioplankton biomass and the influenced factors in Shenzhen Bay

ZHOU Kai¹, ZHANG Jie-xiang², ZHANG Yu-bin², LU Dong-wei¹, DING Yu-jing¹, SUN Xing-li²

1. Shenzhen marine environment and resources monitoring center, Shenzhen 518031, China;

2. Monitoring Center for Marine Resources and Environments, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088, China

Abstract: Spatial and temporal distributions of bacterioplankton biomass were seasonally investigated at 10 sampling stations in Shenzhen Bay in February, May, August, and November of 2008. The bacterioplankton biomass ranged from 0.82×10^{-2} to $36.42 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$, with an annual average of $9.97 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$. The bacterioplankton biomass was the greatest in spring ($19.80 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$), followed by winter ($7.00 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$), summer ($3.77 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$), and autumn ($3.60 \times 10^{-2} \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$) in turn, revealing different seasonal patterns in this bay compared with other sea areas. The bacterioplankton biomass decreased horizontally from the inner bay to the outer bay, and from landward to seaward, with a higher biomass at some stations near river mouth and harbor. The bacterioplankton biomass was significantly positively relative to $\text{PO}_4^{3-}\text{-P}$, TN, COD, and TOC in Shenzhen Bay. Input of organic matters from land influenced horizontal and temporal distributions of bacterioplankton biomass. The abundance of bacterioplankton ranged from 0.41×10^6 to $18.2 \times 10^6 \text{ ind}\cdot\text{mL}^{-1}$, with an annual average of $5.21 \times 10^6 \text{ ind}\cdot\text{mL}^{-1}$, implying serious eutrophication in this bay and revealing a decreasing pattern from the inner bay to the outer bay.

Key words: Shenzhen Bay; bacterioplankton; biomass; temporal and spatial distribution; environmental factors

收稿日期: 2012-02-22; 修订日期: 2012-06-05。卢冰、殷波编辑

基金项目: 国家海洋局海洋公益性行业科研专项资助项目(200905005-05、201105008-E)

作者简介: 周凯(1973—), 男, 湖北省武汉市人, 博士, 高级工程师, 主要从事海洋生态学研究。E-mail: kzhou@tom.com

通信作者: 张瑜斌。E-mail: zhangyb@gdou.edu.cn

近十几年来,海洋浮游细菌在海洋生态系统中的作用受到海洋科学家的重视,海洋浮游细菌生物量和生产力研究得到广泛开展^[1]。海洋浮游细菌主要包括异养细菌和超微型光合原核生物蓝细菌等,尤其是异养细菌在海洋生态系统中扮演着分解者、转化者、储存者和二次生产者等多重角色。浮游细菌同时具有固氮、脱氮、固碳、硫化物氧化等多种功能,与自然界中的碳、氮、磷等循环关系密切,在自然环境的自我净化中占重要地位。我国学者先后进行了台湾海峡、白令海、三亚湾、长江口邻近海域及柘林湾等海域浮游细菌数量、生物量的分布特征及其影响因素的研究^[2-6]。已有的研究表明,海洋浮游细菌能够响应生境的生物因子和非生物因子的变化,其分布与温度、溶解氧、颗粒物含量等密切相关^[2-6]。因此,对海洋浮游细菌尤其是异养细菌进行研究,探索其在海洋生态系统物质转化和能量流动过程中的作用机理,对于海洋资源的开发、利用和保护具有重要意义。

深圳湾是香港和深圳市之间的一个海湾,为一开口向西南的半封闭性小海湾。根据深圳市近年来的海洋环境公报,深圳湾海域水体污染状况一直没有得到有效遏制和缓解。迄今为止,已有对该海湾的浮游生物^[7]、底栖动物^[7-8]、赤潮生物^[9]、叶绿素a^[10]、重金属^[11-12]、持久性有机污染物^[13]、及海洋环境质量评价^[14]等方面的研究,但对该海湾的浮游细菌的研究尚未见报道。本文基于2008年对深圳湾海域进行的4个航次的生态和环境综合调查与监测,报道该海湾浮游细菌生物量的时空分布,讨论其与主要环境因子之间的关系,为研究深圳湾生态系统的现状及其演变趋势,以及该海湾的环境治理和生态恢复提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 调查海域状况

深圳湾位于东经22°24'18"—22°32'12",北纬113°53'06"—114°02'30",是香港新界西北部和广东省深圳市西部之间对开海域,面积约100km²,流入深圳湾的河流有深圳河、元朗河、大沙河。深圳湾是伶仃洋的一个内湾,原是深圳河谷地,海平面上升使之成为浅水海湾,现代海相层厚度不足10m。深圳湾南北两岸有1—2km宽的浅滩,中央是浅水通道,湾顶水深1—2m,至蛇口水深超过4m,主要靠潮流量维持其生态,生态环境比较脆弱。

1.2 站点布设与样品采集

该调查海域的采样位点布设如图1所示,10号站位于大沙河口,5号站靠近蛇口渔港码头,1号站靠近深圳河口和元朗河口,3、2、4、6、7、8、9号站依次远离大沙河口、深圳河口和元朗河口,向湾口延伸。

4个航次调查采样时间为2008年2月22日(冬季)、2008年5月16日(春季)、2008年8月11日(夏季)和2008年11月2日(秋季)。每次采样均于高潮前后1.5h内完成。采样时利用HQM-1型采水器采集表层(离水面0.5m)和底层(离海底0.5m)浮游细菌水样,将100mL水样装于无菌聚乙烯塑料瓶中,立即加入经0.22μm微孔滤膜过滤的无颗粒甲醛固定,使其终体积浓度为3%—5%,带回实验室分析测定。

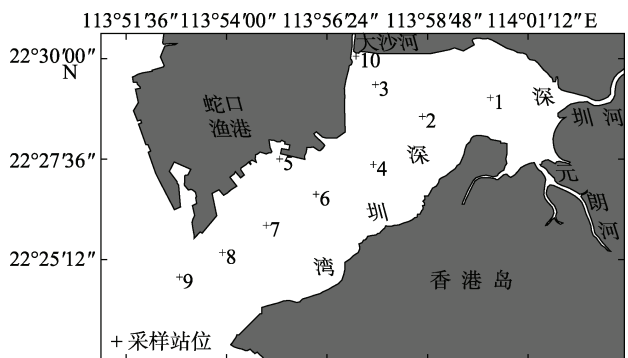


图1 深圳湾采样站位的分布

Fig. 1 Distribution of sampling stations in Shenzhen Bay

1.3 浮游细菌丰度测定与生物量计算

根据《海洋监测规范》,浮游细菌丰度采用荧光显微计数法测定^[15]。样品带回实验室,经吖啶橙染色,抽滤到孔径为0.2μm直径为25mm的荧光显微计数滤膜上(Whatman)。将抽滤后的滤膜放置于载玻片上,盖上盖玻片,用Olympus Bx51荧光显微镜观测拍照,随机拍照20个视野,每个视野不少于20个细菌个体。然后计数照片上细菌数量,依下列公式计算水样中的细菌数:

$$E = \bar{X} \frac{S_1}{S_2} \frac{1}{V}$$

式中, E 代表样品中细菌数量(个·mL⁻¹); \bar{X} 代表各计数视野细菌总数的平均值; S_1 代表滤膜面积(mm²); S_2 代表显微镜视野的面积(mm²); V 代表过滤水样的体积(mL)。

细菌生物量(C)(μg·mL⁻¹)=细菌丰度×20×10⁻⁹。20×10⁻⁹为菌体的碳含量转换因子(fg·个⁻¹)^[2]。

1.4 主要环境因子的测定

为探讨环境因子对浮游细菌生物量的影响,测定浮游细菌的同时也测定了与其相关的主要环境因子。水温用温度计、盐度采用 Orion 130A 盐度计、pH 采用 Orion 3star pH 计现场测定。其他指标的测试水样按规范采集后带回实验室,参照海洋监测规范中的测定方法^[15]进行测定。溶解氧(DO)采用碘量法,总有机碳(TOC)用非色散红外线吸收法、化学需氧量(COD_{Mn})用碱性高锰酸钾法、硝氮(NO₃⁻-N)采用铈还原比色法、亚硝氮(NO₂⁻-N)采用盐酸萘乙二胺分光光度法、氨氮(NH₄⁺-N)采用次溴酸盐氧化法、磷酸盐(PO₄³⁻-P)采用磷钼蓝分光光度法、硅酸盐(SiO₃²⁻-Si)采用硅钼黄分光光度法、叶绿素 a 采用丙酮萃取分光光度法、总氮、总磷和溶解氮、溶解磷采用过硫酸钾氧化分光光度法。

1.5 数据统计分析

浮游细菌生物量与主要环境因子的相关性采用 Pearson 相关分析,水体浮游细菌生物量季节差异性及各站表层、底层浮游细菌生物量差异性采用方差分析,统计过程使用 SPSS 13.0 统计分析软件完成。浮游细菌生物量平面分布的等值线图采用 Golden software Surfer 8.0 软件生成。

2 结果

2.1 浮游细菌丰度和生物量

调查期间浮游细菌丰度变化范围为(0.41—18.2) × 10⁶ 个·mL⁻¹,各站位浮游细菌数均值变化范围为(3.31—7.99) × 10⁶ 个·mL⁻¹,总均值为 5.21 × 10⁶ 个·mL⁻¹。生物量实测值变化范围为(0.82—36.42) × 10⁻² μg·mL⁻¹,各站位浮游细菌生物量均值变化范围为(3.12—19.16) × 10⁻² μg·mL⁻¹,总均值为 9.97 × 10⁻² μg·mL⁻¹。其中,表层水体浮游细菌生物量的总平均值为 10.70 × 10⁻² μg·mL⁻¹,底层为 9.93 × 10⁻² μg·mL⁻¹,统计分析显示表、底层没有显著差异($p>0.05$)。

2.2 浮游细菌生物量的平面分布

调查期间,冬季各站位浮游细菌生物量以 1 号站位最多,为 23.95 × 10⁻² μg·mL⁻¹,其次是 2 号站位,为 17.52 × 10⁻² μg·mL⁻¹,10、3、5、4、7、6、8 号站位浮游细菌生物量依次递减,9 号站位最少,为 4.27 × 10⁻² μg·mL⁻¹(图 2 a)。春季,5 号站位浮游细菌生物量最多,为 24.40 × 10⁻² μg·mL⁻¹,其次是 10 号站位,为 23.00 × 10⁻² μg·mL⁻¹,4、6、2、8、7、

9、1 号站位浮游细菌生物量依次递减,3 号站位最少,为 15.09 × 10⁻² μg·mL⁻¹(图 2 b)。夏季,1 号站位浮游细菌生物量最多,为 13.26 × 10⁻² μg·mL⁻¹,其次是 5 号站位,为 9.22 × 10⁻² μg·mL⁻¹,3、10、4、2、6、8、7、9 号站位浮游细菌生物量依次递减,最少的 9 号站位只有 1.83 × 10⁻² μg·mL⁻¹(图 2 c)。秋季,1 号站位浮游细菌生物量最多,为 10.40 × 10⁻² μg·mL⁻¹,其次是 10 号站位,为 8.92 × 10⁻² μg·mL⁻¹,3、6、5、2、9、4、8 号站位浮游细菌生物量依次递减,7 号站位最少,仅为 2.06 × 10⁻² μg·mL⁻¹(图 2 d)。从各站位浮游细菌平均生物量来看(图 2 e),位于深圳河口的 1 号站位浮游细菌生物量最多,为 15.98 × 10⁻² μg·mL⁻¹,其次是大沙河口的 10 号站位,为 13.64 × 10⁻² μg·mL⁻¹,靠近大沙河口的 3 号站位居第三,为 11.90 × 10⁻² μg·mL⁻¹,靠近蛇口渔港码头的 5 号站位浮游细菌生物量处于第四,站位 2、4、6、8、7 浮游细菌生物量依次递减,站位 9 最少,为 6.66 × 10⁻² μg·mL⁻¹。从图 2 可以看出,站位 2、4、5、6、7、8、9 的位置是依次离深圳河和大沙河越来越远,向海性愈强。结果表明,越靠近河口、港口细菌生物量越高,离河口、港口越远细菌生物量越少,浮游细菌生物量由湾内向湾外呈明显递减态势。

2.3 浮游细菌生物量的季节变化

在该调查海区中,1 号站位冬季浮游细菌生物量平均值最多,为 23.95 × 10⁻² μg·mL⁻¹,春、夏、秋依次递减。2、4、5、7、8 号站位在春季时浮游细菌生物量平均值最多,分别为 19.31 × 10⁻² μg·mL⁻¹、22.30 × 10⁻² μg·mL⁻¹、24.40 × 10⁻² μg·mL⁻¹、17.61 × 10⁻² μg·mL⁻¹、18.64 × 10⁻² μg·mL⁻¹,冬、夏、秋依次递减。3、6、9、10 号站春季浮游细菌生物量平均值最多,分别为 15.09 × 10⁻² μg·mL⁻¹、20.40 × 10⁻² μg·mL⁻¹、17.47 × 10⁻² μg·mL⁻¹、23.00 × 10⁻² μg·mL⁻¹,冬、秋、夏依次递减。深圳湾各季度浮游细菌生物量均值的变化范围为(1.83—24.40) × 10⁻² μg·mL⁻¹,各季节浮游细菌生物量差异性的方差分析显示,浮游细菌生物量季节变化差异显著($p<0.05$)。除了 1 号站位细菌生物量最多值出现在冬季外,其它站位的最多值均出现在春季;除了 3、6、9、10 号站位细菌生物量最少值在夏季外,其它站位的最少值均出现在秋季。总体而言,深圳湾浮游细菌生物量季节变化整体表现为春季(19.80 × 10⁻² μg·mL⁻¹) > 冬季(7.00 × 10⁻² μg·mL⁻¹) > 夏

季($3.77 \times 10^{-2} \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$) > 秋季($3.60 \times 10^{-2} \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$)的模式(图 3)。

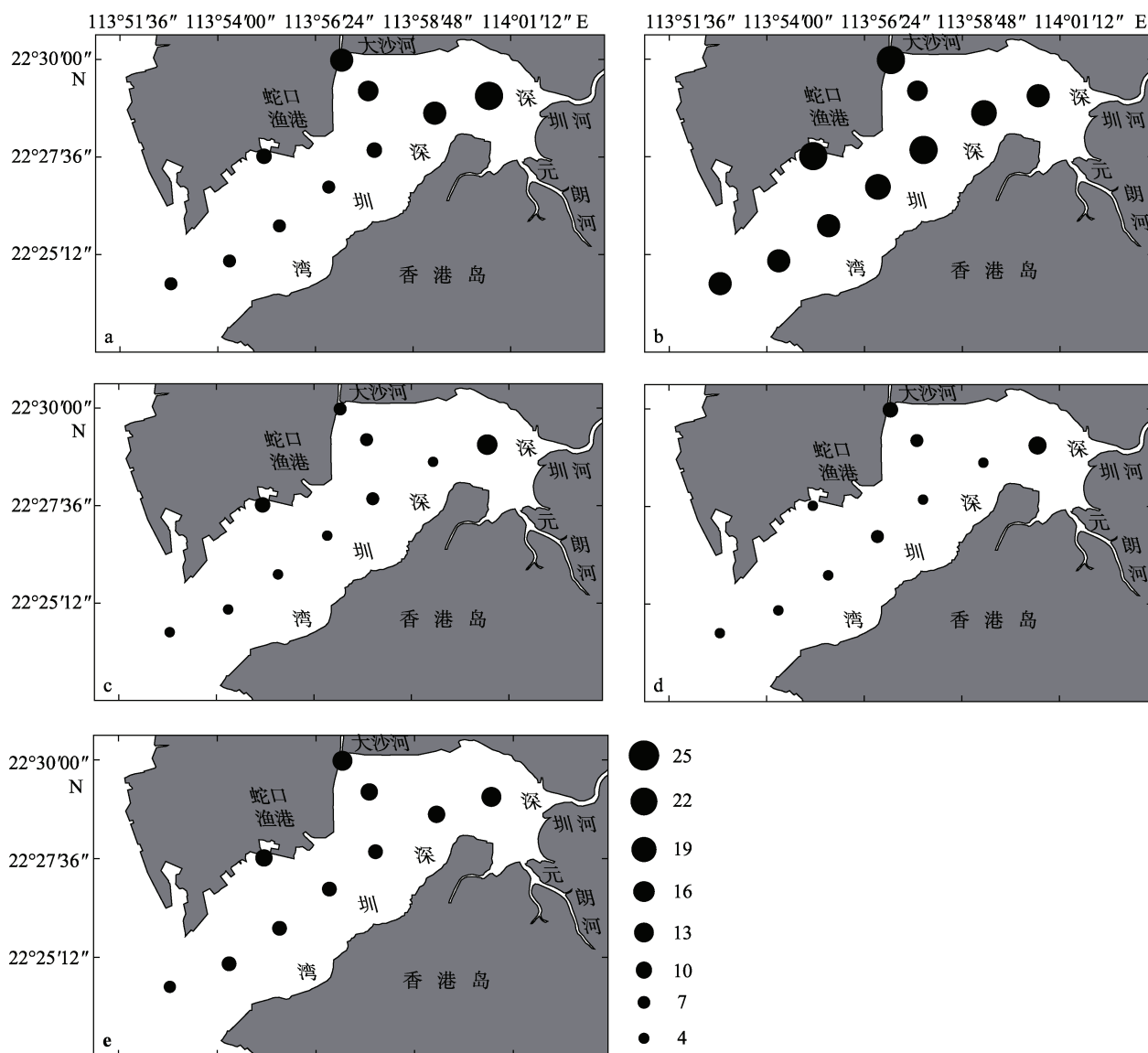


图 2 深圳湾浮游细菌生物量的平面分布/ $(\times 10^{-2} \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1})$

a. 冬季; b. 春季; c. 夏季; d. 秋季; e. 平均值

Fig. 2 Horizontal distribution of bacterioplankton biomass in Shenzhen Bay/ $(\times 10^{-2} \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1})$. a. Winter; b. Spring; c. Summer; d. Autumn; e. average

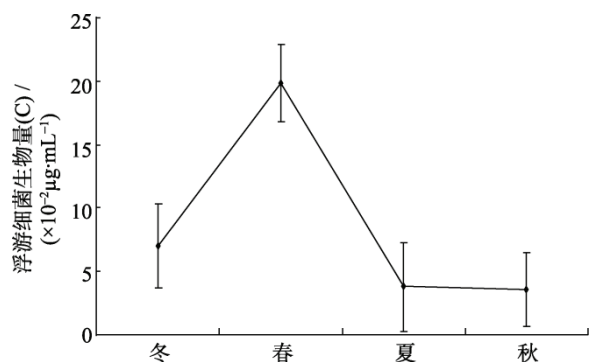


图 3 深圳湾浮游细菌生物量的季节变化

Fig. 3 Seasonal changes of bacterioplankton biomass in Shenzhen Bay

2.4 浮游细菌生物量与主要环境因子的关系

Pearson 相关分析显示(表 1), 深圳湾浮游细菌生物量与磷酸盐存在极显著的正相关关系($p < 0.01$), 与总氮、化学耗氧量和总有机碳呈现显著的正相关关系($p < 0.05$), 与其他生态因子的相关性不显著, 表明陆源输入的有机物与深圳湾浮游细菌生物量密切相关。

2.5 以浮游细菌数为指标的水体富营养化评价

水体中的浮游细菌由于个体小、新陈代谢快、生活周期短, 能对水域环境因素变化产生较快反应, 因而其种群数量变化可用于水体富营养化评价^[16],

表 1 浮游细菌生物量与主要环境因子的相关系数

Tab. 1 Correlation coefficient between bacterioplankton biomass and main environmental factors

参数	温度	pH	盐度	活性硅酸盐	磷酸盐	溶解磷	总磷	亚硝酸盐氮
细菌生物量	0.052	-0.108	0.123	0.118	0.485**	0.034	-0.055	-0.077
参数	氨氮	硝酸盐氮	溶解氮	总氮	溶解氧	COD	总有机碳	叶绿素 a
细菌生物量	0.018	0.027	0.217	0.317*	0.158	0.358*	0.332*	0.203

注: *表示相关关系显著($p<0.05$); **表示相关关系极显著($p<0.01$)

但以浮游细菌作为水体富营养化的单因子评价指标,目前学术界尚无统一标准^[16]。本文参照日本水产学会提出的标准: 水体异养细菌数量在 10^2 个·mL⁻¹ 以下为贫营养水域, 10^2 — 10^4 个·mL⁻¹ 为富营养水域, 10^3 — 10^5 个·mL⁻¹ 为过富营养水域, 异养细菌数量在 10^5 个·mL⁻¹ 以上为腐水水域^[17]。由于荧光显微镜计数法测得的细菌总数要比平板培养法测定的异养细菌数至少多两个数量级^[18], 荧光显微计数法测得深圳湾水体浮游细菌数量的变化范围为(0.41—18.2) × 10^6 个·mL⁻¹, 周年平均值为 5.21×10^6 个·mL⁻¹, 相当于平板培养法测定的异养细菌数在 10^3 — 10^5 个·mL⁻¹ 之间, 按上述标准属于过富营养水域, 表明深圳湾海域海水富营养化程度已达到相当高水平。各站位浮游细菌数均值变化范围为(3.31—7.99) × 10^6 个·mL⁻¹, 其中位于深圳河口的 1 号站为 7.99×10^6 个·mL⁻¹, 位于大沙河口的 10 号站为 6.24×10^6 个·mL⁻¹, 靠近深圳河口和元朗河口的 3 号站为 5.96×10^6 个·mL⁻¹, 位于蛇口渔港码头的 5 号站为 5.82×10^6 个·mL⁻¹, 从湾内向湾外依次延伸的 2、4、6、8、7、9 号站分别为 5.49×10^6 个·mL⁻¹、 4.55×10^6 个·mL⁻¹、 4.21×10^6 个·mL⁻¹、 3.56×10^6 个·mL⁻¹、 3.55×10^6 个·mL⁻¹、 3.31×10^6 个·mL⁻¹。按照上述评价指标, 深圳湾河口和港口站位的水体富营养化程度高, 富营养化程度湾内高于湾外, 从湾内向湾外递减。

3 讨论

海洋浮游细菌主要包括异养细菌和微型型光合原核生物蓝细菌等, 因其在微型生物食物环和食物链中的重要作用, 一直受到国内外学者的关注。郑天凌等^[2]对台湾海峡海域细菌生物量的调查显示, 其夏季浮游细菌生物量为 9.97 — $23.16 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$, 冬季为 11.40 — $25.77 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$, 冬季高于夏季, 其均值小于本文的 $9.97 \times 10^{-2} \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$ (即 $99.7 \mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$), 原因可能为台湾海峡浮游细菌受水团的影响显著, 水体中易于被细菌所直接吸收利用的有机营养物质含量低, 而且细菌胞外酶无法有效地水解大分子有机物释放

细菌生长所需的营养。周伟华等^[4]对三亚湾细菌生物量的调查结果显示, 平均细菌生物量秋季为 $(19.73 \pm 11.81) \text{mg} \cdot \text{m}^{-3}$, 冬季为 $(13.15 \pm 4.86) \text{mg} \cdot \text{m}^{-3}$, 高于本文调查结果, 缘于三亚湾港口和海湾中的船只及网箱养殖等污染源, 给浮游细菌生长提供了丰富的营养物质。Naganuma 等^[19]对濑户内海的浮游细菌的调查显示, 其数量变化范围为 $(40$ — $220) \times 10^4$ 个·dm⁻³, 均值为 90×10^4 个·dm⁻³, 低于本文调查结果。深圳大鹏湾全年细菌丰度介于 $(1.40$ — $24.43) \times 10^5$ 个·mL⁻¹ 之间, 浮游细菌丰度年平均为 6.30×10^5 个·mL⁻¹^[20], 同样低于深圳湾的细菌丰度。由此可见, 深圳湾浮游细菌数量、生物量与国内外富营养化程度较高的内海海域大致相当。

深圳湾是一个半封闭型海湾, 与外界的水体交换取决于深圳河、元朗河、大沙河和潮流的作用。靠近河口, 河流输入大量的陆源营养物质, 有利于异养浮游细菌的生长繁殖, 因此河口区浮游细菌生物量较高, 位于深圳河口的 1 号站位、位于大沙河口的 10 号站位和靠近大沙河口的 3 号站位的浮游细菌生物量多。港口码头区的人类活动同样也带来大量陆源污水, 这些含有有机物的陆源污水为异养浮游细菌生长提供了丰富的营养, 有利于浮游细菌种群数量的增长, 因此靠近蛇口渔港码头的 5 号站位浮游细菌生物量也较高。9 号站位位于深圳湾最外侧, 外来污染物相对较少且与外海的水交换相对较通畅, 陆源污染物由于海水的稀释含量降低, 因而该站位浮游细菌种群数量少、生物量最低。深圳湾浮游细菌生物量的平面分布整体表现为越靠近河口(站位 1、站位 10、站位 3)和港口码头(站位 5), 细菌生物量越高; 离河口港口越远, 细菌生物量越低。浮游细菌生物量的水平分布表现为由湾内向湾外递减态势。深圳大鹏湾浮游细菌的水平分布也呈现近岸较高、离岸逐渐降低, 自湾西部湾顶向东部湾口逐渐减少的特征^[20]。因此可以认为, 与外海的水交换能力、陆源输入等人类活动影响是造成深圳湾浮游细菌生物量水平分布的主要原因。

一些海湾如柘林湾浮游细菌数为夏秋高, 冬春低, 与温度呈显著正相关^[21]; 渤海春季浮游细菌与温度也呈显著正相关^[22], Pomeroy 和 Wiebe^[23]以及 Rivkin 等^[24]却得到相反的结论, 即温度和细菌的生长速率没有明显的相关性。Shiah 和 Ducklow^[25]在切萨皮克湾的研究发现, 除了夏季, 温度是调节该海湾浮游细菌生长的主要因素。对深圳大鹏湾的研究认为, 除了夏季外, 浮游细菌与温度呈显著正相关 ($p < 0.05$), 认为温度是浮游细菌的主要控制因子^[20]。本文研究显示, 深圳湾浮游细菌生物量季节变化, 表现为春季最高, 冬季其次, 秋季最低, 与温度并没有显著的相关性, 这说明不同海区、不同生态系统制约浮游细菌生物量的主导因子不同。本文发现深圳湾浮游细菌生物量与磷酸盐呈极显著的正相关, 与总氮、化学耗氧量和总有机碳呈显著的正相关, 而与其他生态因子的相关性不显著。磷酸盐、总氮、化学耗氧量、总有机碳的分布与浮游细菌生物量的分布大体一致, 也是由湾内向湾外递减, 溶解氧由湾内向湾外递增。磷酸盐、总氮、化学耗氧量、总有机碳多的季节、刺激异养浮游细菌好氧分解, 种群数量增加, 生物量增多, 溶解氧含量下降。深圳湾处于亚热带地区, 常年气候温和, 本文推测在其他环境因子变化不大的情况下, 营养物质在浮游细菌的生长中扮演了主导因子的角色, 以总氮、化学耗氧量和总有机碳为标志的陆源有机营养物质可能是调节水体中浮游细菌生物量增长的主要因子。河流输入、人类活动带来的污染和污水的入海提供了大量的营养物质, 刺激了异养浮游细菌种群数量的增加, 异养浮游细菌好氧分解大分子的有机物成简单的无机物, 同时释出氮、磷营养盐(细菌也会从介质中吸收无机营养盐)^[26]。氮、磷营养盐的增加又会促进浮游植物的生长繁殖, 浮游植物产生的溶解性有机碳(DOC)和颗粒有机碳(POC)又可成为浮游细菌的营养来源之一。所以, 一般情况下, 水体中总

氮、COD、TOC 高意味着有机物丰富, 细菌的数量就越多, 即细菌生物量越高^[26]。不同季节, 河流径流量不一, 陆源输入深圳湾的有机物的多少不同。即使温度、盐度和 pH 等条件很适宜细菌的生长繁殖, 但如果缺乏细菌生长所需的营养物质, 细菌还是无法大量生长繁殖以增加种群数量和生物量。因此深圳湾浮游细菌生物量春季最高, 冬季次之, 秋季最低, 可能与调查时以总氮、总有机碳和化学耗氧量为标志的营养物质的多少在 4 个季节丰歉程度有关。

海水富营养化评价有生物、理化单因子以及综合的评价方法^[16,27-29], 但目前学界尚未有一个统一的标准。国外研究结果表明, 浮游植物和浮游细菌也常用作水体富营养化研究的生物学指标^[16]。海洋浮游细菌尤其是异养细菌能对生存环境因素的变化产生较快的反应, 同时海水中细菌的数量变化是反映海水污染程度的重要指标之一。以细菌数量为指标的水体富营养化评价显示, 深圳湾的河口、港口站位的水体富营养化程度高, 富营养化程度从湾内向湾外递减, 湾内高于湾外, 表明水体的富营养化与陆源污染物质的输入密切相关。以此方法评价的结果与以营养盐(Si : N : P)^[29]和叶绿数 $a^{[10]}$ 为指标的评价结果大体一致。单因子评价方法简便, 所需要的支撑数据少, 成本低易于操作但评价结果易产生偏差; 综合的评价方法所需要的支撑数据相对较多, 成本高但评价结果较为符合实际情况^[16,27-29]。本文以浮游细菌为指标的单因子评价虽然和营养盐(Si : N : P)^[29]、叶绿数 $a^{[10]}$ 的评价结果相一致, 但由于海洋生态系统的复杂性, 以单因子为指标评价水体富营养化有时不一定能完全反映真实情况。在湛江湾的研究中就出现了以生物学指标的评价结果与理化指标评价结果相左的情形^[18], 因此, 以物理、化学和生物学指标为基础的综合评价方法更能客观、科学地反映海水富营养化程度的实际情况。

参考文献

- [1] 肖天. 海洋浮游细菌的生态学研究[J]. 地球科学进展, 2001, 16(1): 60-64.
- [2] 郑天凌, 王斐, 徐美珠, 等. 台湾海峡海域细菌产量、生物量及其在微食物环中的作用[J]. 海洋与湖沼, 2002, 33(4): 415-423.
- [3] 何剑锋, 陈波, 曾胤新, 等. 白令海夏季浮游细菌和原生动物生物量及分布特征[J]. 海洋学报, 2005, 27(4): 127-134.
- [4] 周伟华, 王汉奎, 董俊德, 等. 三亚湾秋、冬季浮游植物和细菌的生物量分布特征及其与环境因子的关系[J]. 生态学报, 2006, 26(8): 2633-2639.
- [5] 李云, 李道季. 长江口邻近海域浮游细菌分布与环境因子的关系[J]. 海洋通报, 2007, 26(6): 9-18.
- [6] 马继波, 董巧香, 黄长江. 粤东大规模海水增殖区柘林湾浮游细菌的时空分布[J]. 生态学报, 2007, 27(2): 477-485.
- [7] 吴振斌, 贺锋, 付贵萍, 等. 深圳湾浮游生物和底栖动物现状调查研究[J]. 海洋科学, 2002, 26(8): 58-64.

- [8] 厉红梅, 孟海涛. 深圳湾底栖动物群落结构时空变化环境影响因素分析[J]. 海洋环境科学, 2004, 23(1): 37-40.
- [9] 王朝晖, 齐雨藻, 尹伊伟, 等. 1998 年春深圳湾环节环沟藻赤潮及其发生原因的探讨[J]. 海洋科学, 2001, 25(5): 47-50.
- [10] 张瑜斌, 章洁香, 张才学, 等. 赤潮多发区深圳湾叶绿素 a 的时空分布及其影响因素[J]. 生态环境学报, 2009, 18(5): 1638-1643.
- [11] 刘文新, 李向东. 深圳湾水域中重金属在不同相间的分布特征[J]. 环境科学学报, 2002, 22(3): 305-309.
- [12] 左平, 汪亚平, 程琨, 等. 深圳湾海域表层和柱样沉积物中的重金属分布特征[J]. 海洋学报, 2008, 30(4): 71-79.
- [13] 丘耀文, 张干, 郭玲利, 等. 深圳湾生态系统多环芳烃(PAHs)特征及其生态危害[J]. 环境科学, 2007, 28(5): 1057-1061.
- [14] 黄奕龙, 王仰麟, 张利萍. 深圳市近岸海域水体和沉积物环境质量评价[J]. 海洋环境科学, 2006, 25(4): 28-32.
- [15] 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局. GB173778-2007 海洋监测规范[S]. 北京: 中国标准出版社, 2008: 31-32, 57-121.
- [16] PAERL H W, DYBLE J, MOISANDER P H, et al. Microbial indicators of aquatic ecosystem change: current applications to eutrophication studies[J]. FEMS Microbiol Ecol, 2003, 46: 233-246.
- [17] 日本水产学会. 水圈富营养化与水产养殖[M]. 东京: 恒星社厚生阁, 1973: 92-103.
- [18] 章洁香. 湛江湾微生物群落不同营养梯度水体中的变化[D]. 湛江: 广东海洋大学, 2011: 88-90.
- [19] NAGANUMA T, MIURA S. Abundance, production and viability of bacterioplankton in the Seto Inland Sea, Japan[J]. J Oceanogr, 1997, 53: 435-442.
- [20] 姜发军, 胡章立, 胡超群. 大鹏湾浮游细菌时空分布与环境因子的关系[J]. 热带海洋学报, 2011, 30(1): 96-100.
- [21] 林小涛, 晏荣军, 黄长江. 粤东大规模养殖区柘林湾细菌的分布与环境因素关系[J]. 海洋学报: 中文版, 2006, 28(03): 167-172.
- [22] 白洁, 李岩然, 李正炎, 等. 渤海春季浮游细菌分布与生态环境因子的关系[J]. 青岛海洋大学学报, 2003, 33(6): 841-845.
- [23] POMEROY L R, WIEBE W J. Temperature and substrates as interactive limiting factors for marine heterotrophic bacteria[J]. Aquat Microb Ecol, 2001, 23(2): 187-204.
- [24] RIVKIN R B, ANDERSON M R, LAJZEROWICZ C. Microbial Processes in cold oceans: I. Relationship between temperature and bacterial growth rate[J]. Aquat Microb Ecol, 1996, 10(3): 243-254.
- [25] SHIAH F K, DUCKLOW H W. Temperature regulation of heterotrophic bacterioplankton biomass, production and specific growth rate in the Chesapeake Bay[J]. Limnol Oceanogr, 1994, 39(6): 1243-1258.
- [26] 沈国英, 黄凌风, 郭丰, 等. 海洋生态学[M]. 3 版. 北京: 科学出版社, 2010: 149-154, 174-181.
- [27] 林荣根. 海水富营养化水平评价方法浅析[J]. 海洋环境科学, 1996, 15(2): 28-31.
- [28] 卢楚谦, 蔡伟叙, 余汉生. 伶仃洋海域潜在性富营养化评价与研究[J]. 海洋通报, 2010, 29(6): 712-716.
- [29] 张静, 张瑜斌, 周凯, 等. 深圳湾海域营养盐的时空分布及潜在性富营养化程度评价[J]. 生态环境学报, 2010, 19(2): 253-261.