



超微浮游植物在亞熱帶黑潮海域之時空分布與其族群多樣性分析

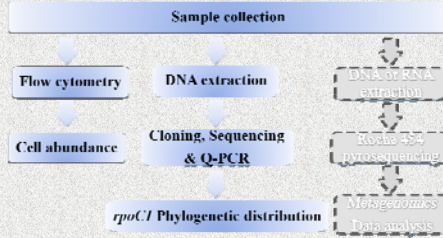
黃晉毅<sup>1</sup> 鍾至青<sup>1,2</sup>

- 1. 國立臺灣海洋大學 海洋環境化學與生態研究所
- 2. 國立臺灣海洋大學 海洋生物科技及環境生態中心

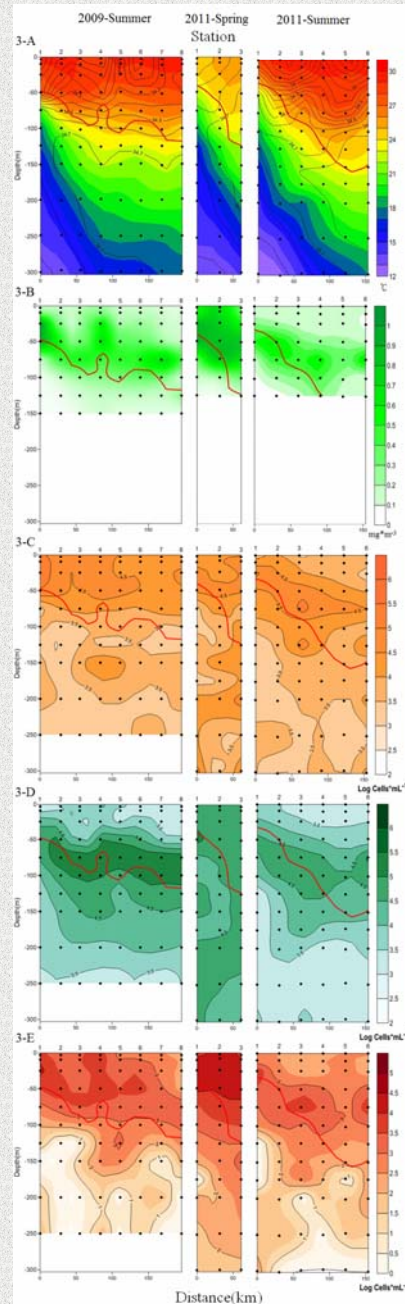
超微浮游植物(細胞直徑 $<2\mu\text{m}$ )，其群聚組成主要可略分為原核綠藻(*Prochlorococcus*)、聚球藻(*Synechococcus*)及真核超微浮游植物(eukaryotic pico-phytoplankton)，他們對於全球營養鹽海域初級生產量的貢獻程度可達20~80%之多(Rocap *et al.* 2002)，更有專家預測在全球氣候日漸暖化的趨勢下，超微浮游植物對於全球碳吸收與海洋生地化循環將扮演更為重要的角色，其數量與群聚組成不僅為海洋生地化相關研究的重要參數，更由於對環境變化的易敏感性，使得超微浮游植物的群聚消長也可做為環境變遷的指標(Morán *et al.* 2010)。黑潮為西北太平洋最重要的洋流，對於氣候、海洋生地化、以及人類漁業經濟活動等均有重要的影響，但在過去的研究中，鮮少對亞熱帶黑潮主流的浮游植物組成有完整且系統性的調查。因此，本研究使用海研二號於2009年(1671航次2009/9/21-22、夏季)以及2011年(1779航次2011/4/18-19、春季；1807b航次2011/7/26-27、夏季)(圖一)，針對臺灣東部黑潮主流海域之超微浮游植物生態首次使用流式細胞儀以及*rpoC1*(the subunit of DNA-directed RNA polymerase)基因序列進行其族群多樣性分布的調查工作比對分析(表一、圖二)。預期經由本研究的長期觀測將有助於了解全球環境變遷對於黑潮生地化循環的影響。

綜合三個航次觀測結果發現，春季時超微浮游植物最大豐度約為 $10^4$  cells  $\text{mL}^{-1}$ ，不到夏季時其生物量的1/10，但水體中總葉綠素a卻呈現較高濃度的現象，推測在春季時大型浮游植物增生而成為此水域的主要初級生產者；到了夏季，原核綠藻與聚球藻的豐度大量增加，其細胞數最大值皆在 $10^5$  cells  $\text{mL}^{-1}$ 以上，但在黑潮水平與垂直分布卻呈現明顯的差異，大致上在營養躍層以上出現較高的豐度(圖三)。此外，經由*rpoC1*序列進行多樣性比對分析，進一步指出亞熱帶黑潮表水中*Prochlorococcus*的主要品系為High-Light II品系，而*Synechococcus*的主要品系則為Clade II品系(圖四)；再利用Real-time quantitative polymerase chain reaction(Q-PCR)以*rpoC1*序列進行*Synechococcus* Clade II之定量分析並與流式細胞儀之細胞計數進行比較，發現*Synechococcus* Clade II之細胞數與總*Synechococcus*的細胞數有顯著的相關性(圖五)，另外以距離作為變因來進行分析，顯示*Synechococcus* Clade II在離岸越遠之細胞數有下降的趨勢(圖六)。

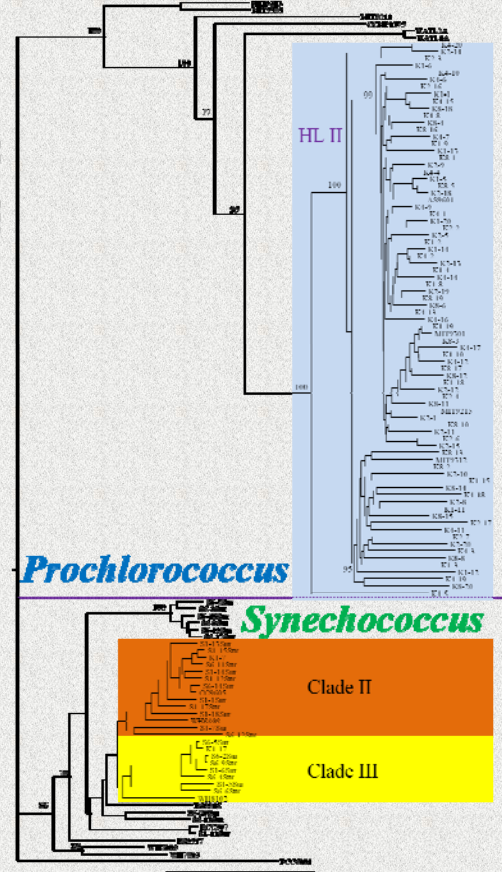
未來我們將進一步以metagenomics方式長期研究黑潮水域微生物多樣性與環境變遷的關係。



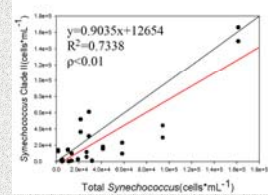
圖二、實驗流程圖



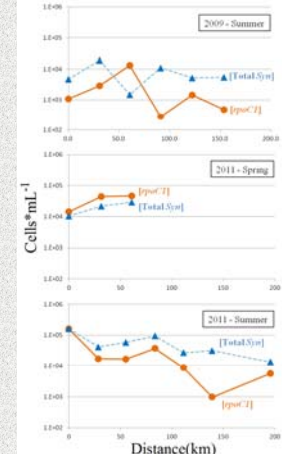
圖三、(A)各航次溫鹽圖；(B)各航次葉綠素濃度剖面圖；(C)各航次*Synechococcus* 分布剖面圖；(D)各航次*Prochlorococcus* 分布剖面圖；(E)各航次Eukaryotic pico-phytoplankton分布剖面圖；圖中，紅色線為營養躍層底層(nutricline, 水下硝酸鹽濃度高於表水硝酸鹽濃度 $1\mu\text{M}$ 的深度)(Chavez *et al.* 2011)。



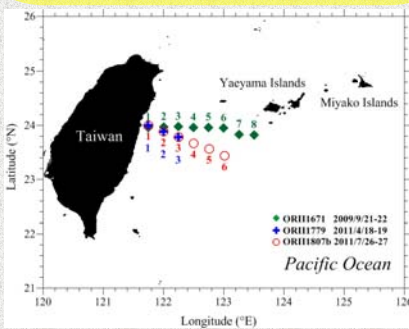
圖四、以*rpoC1*核酸序列多樣性分析臺灣東部黑潮表水之超微原核浮游植物的族群組成。此分子多樣性分支圖使用夏季1671航次與1807b航次的樣本，以Neighbor-joining方法繪製，經過bootstrap進行1000次的檢定的結果，比例尺表示10%的歧異度。



圖五、利用Q-PCR以*rpoC1*序列分析*Synechococcus* Clade II細胞數與總*Synechococcus*細胞數之關係圖。



圖六、利用Q-PCR以*rpoC1*序列分析之*Synechococcus* Clade II細胞數變化及總*Synechococcus*細胞數與距離之關係圖。



圖一、各航次測站位置圖

本研究使用之引子對序列 (Tai & Palenik, 2009)

Sequences	
<i>rpoC1</i> 多樣性分析	F: YTN AAR CCN GAR ATG GAY GG
<i>rpoC1</i> 多樣性分析	R: CYT GYT INC CYT CDA IDA TRT C
<i>rpoC1</i> -Clade II(Q-PCR)	F: CTA GGT GGC CAT CCT GCT
<i>rpoC1</i> -Clade II(Q-PCR)	R: TCG GAR TCT TCG GCG TAG ATC

表一、本研究使用之引子對序列