

## 《海洋与湖沼》2010年第5期论文导读

太平洋次表层海温异常年际变率的信号通道与 ENSO 循环

利用 SODA 海洋同化资料,分析了太平洋次表层海温异常(SOTA)年际信号变异特征与 ENSO 循环的联系。结果表明,热带太平洋的年际变率表现为以  $160^{\circ}\text{W}$  为纵轴的东西向和以  $6^{\circ}\sim 8^{\circ}\text{N}$  为横轴的南北向的跷跷板分布,南太平洋和北太平洋中高纬度海洋的 SOTA 则与热带西太平洋 SOTA 同号,但强度较弱,这些变化都与 ENSO 事件密切相关,是 ENSO 事件的两个主要模态,具 57 和 44 个月显著周期。

东海陆架表层沉积物黏土矿物组成分布特征及来源

依照 Stokes 定律,由 258 个东海陆架表层沉积物样品中提取了  $<2\ \mu\text{m}$  粒级组分,制成定向片,通过 X 射线衍射(XRD)分析以及 Biscaye(1965)方法计算了蒙皂石、伊利石、高岭石和绿泥石四种矿物的相对含量。结果显示,东海陆架表层沉积物中高岭石含量有向海减小的趋势;陆架区东北部和中南部的伊利石含量较低、蒙皂石含量较高,东南部的伊利石和蒙皂石含量分布与其相反;绿泥石在研究区东部和东北部含量较低。

冲绳海槽中部热液活动区岩芯沉积物稀土元素地球化学特征

针对冲绳海槽中部热液活动区附近的沉积物岩芯(H9),利用碱熔法和等离子体发射光谱法在微量元素具有明显热液活动记录的基础上,对其稀土元素组成进行了分析。结果表明,热液活动对该岩芯上段沉积物中稀土元素组成具有重要影响,一方面表现为热液源物质的直接输入,另一方面表现为热液颗粒物沉积过程中对海水中稀土元素的清扫。

胶州湾及青岛近海微表层与次表层中二甲基硫(DMS)与二甲巯基丙酸(DMSP)的浓度分布

利用吹扫-捕集气相色谱法研究了二甲基硫(DMS)和二甲巯基丙酸(DMSP,分为溶解态 DMSP<sub>d</sub> 和颗粒态 DMSP<sub>p</sub>) 在微表层与次表层中的浓度以及它们在微表层中的富集行为。结果表明,DMS、DMSP<sub>d</sub> 和 DMSP<sub>p</sub> 在微表层中的浓度高于次表层,DMS 及 DMSP<sub>p</sub> 浓度与叶绿素 *a* (Chl-*a*) 浓度有很好的相关性,但它们的周日变化与 Chl-*a* 并不完全同步。DMS/Chl-*a* 和 DMSP<sub>p</sub>/Chl-*a* 的比值在次表层和微表层分别为 4.35、13.47 mmol/g 和 3.99、15.88

mmol/g。

深澳湾海水养殖区水化因子的动态变化与水质评价

通过 2007 年 1~12 月连续 12 个航次对深澳湾内网箱养殖区、太平洋牡蛎养殖区以及龙须菜-太平洋牡蛎混养区域等不同养殖水体每月一次的监测结果,分析了该养殖海区  $\text{NH}_4\text{-N}$ 、 $\text{PO}_4\text{-P}$  等主要水化因子的时空分布规律,并利用营养状态质量指数对深澳湾水体进行了水质评价。结果表明,深澳湾水域  $\text{NH}_4\text{-N}$ 、 $\text{PO}_4\text{-P}$  的空间变化情况与地理位置和养殖活动有着很大的关系。营养状态质量指数分析结果显示,深澳湾养殖区各个监测站位的海水营养状态综合指数均处于 2~3 之间,属于 P 限制型中度营养。

南极低温降解菌的筛选、鉴定与低温降解适应性分析

以南极海洋细菌为研究对象,采用 2216E 和 MMC 液体培养基结合的方法,从菌种库里筛选南极低温降解菌,进行石油烃降解率测定、表型特征确定和 16S rRNA 分子鉴定,构建系统发育树,并对南极低温降解菌 NJ49 的低温降解适应性进行了初步研究。结果表明,3 株南极海洋细菌 NJ41、NJ49 和 NJ289 可以在以柴油为唯一碳源和能源的培养基中生长,被视为南极低温降解菌;16S rRNA 分子鉴定结果表明,南极低温降解菌 NJ41、NJ49 和 NJ289 分别属于 *Planococcus*、*Shewanella* 和 *Pseudoalteromonas* 属;NJ49 通过改变脂肪酸组分的膜修饰方式适应低温降解。

一种水产动物病毒现场检测免疫芯片的制备与应用

采用原子力显微镜对氨基化玻片及 6 种不同方法修饰玻片进行表面特征分析,并比较了硝酸纤维素(NC)膜、PVDF 膜以及以上不同修饰玻片对抗体的固定效率、固定效果,最终选择琼脂糖修饰玻片作为芯片载体。将纯化后的兔抗血清(捕获抗体)点样至琼脂糖修饰玻片上,制备免疫芯片。该免疫芯片与酶联免疫吸附法(ELISA)及免疫荧光法(IFAT)对同种样品的检测结果高度一致。

中国沿海几种重要织纹螺种名修订

为了解决我国沿海织纹螺种名使用混乱和部分种名无法准确鉴定等问题,作者对中国科学院海洋生物标本馆藏的标本,以及近年来在我国沿海补充采集的织纹螺标本进行了系统的整理和进一步的分类学研究。结果表明,半褶织纹螺 *Nassarius (Zeuxis) semiplicatus* (A. Adams, 1852)是 *Nassarius (Z.) sinarus* (Philippi, 1851)的同物异名,

拟半褶织纹螺 *Nassarius(Z.)semiplicatoides* Zhang et You, 2007 是秀长织纹螺 *Nassarius(Z.)foveolatus* (Dunker, 1847) 的同物异名; 而光织纹螺 *Nassarius dorsatus* (Röding, 1789) 和节织纹螺 *Nassarius hepaticus* (Pulteney) 的学名是误定, 它应是塔氏织纹螺 *Nassarius(Zeuxis) thachi* Dekker, 2004 和节织纹螺 *Nassarius (Niotha) nodiferus* (Powys, 1835)。

中国海滑蛤属 *Liocyma*(双壳纲: 帘蛤科)一新种

滑蛤属至今已发现的种都分布于北半球, 这些种类都是寒带种。新种 *Liocyma chinensis* 是一个温水种, 采自渤海莱州湾, 这是滑蛤属在亚洲大陆最南的分布界线。新种的发现, 增加了黄渤海动物区系中的冷水性因素。

近 2 Ma 来东菲律宾海地球磁场相对强度变化的沉积记录

对东菲律宾海帕里西维拉海盆西侧 F090102 孔柱样沉积物进行了系统的古地磁和岩石磁学分析。布容/松山极性转换期呈单强度降低的特征, 在极性转换期和极性漂移期, 相对强度曲线表现为显著低值。

海洋硅藻稳定同位素研究进展

硅藻稳定同位素( $\delta^{30}\text{Si}$  和  $\delta^{18}\text{O}$ ,  $\delta^{13}\text{C}$  和  $\delta^{15}\text{N}$ )测试对象分别为从海洋沉积物中提取的纯硅藻壳体的生物硅和氧及其内嵌有机质的碳和氮。联合运用各种物理分离和化学纯化技术从沉积物中提纯出硅藻是其稳定同位素古海洋学应用的前提。硅藻稳定同位素信号单一, 受后期改造作用弱, 生命效应低, 解译针对性强, 在两极和赤道少(或缺)有孔虫海区应用广泛。在此基础上, 对目前该领域中存在的问题及未来的研究方向进行了阐述。

三维正交非结构网格数值模型中物理流场的定义方法与改进

使用 Casulli 等(2000)的数值方法建立了基于正交非结构网格的 U 型渠道的三维近岸正压水动力数值模型。数值试验和结果分析说明, 使用 ELM 方法计算平流项所需的物理流场对计算结果影响明显。针对常用物理流场定义方法的不足之处, 作者在 Cassulli 方法的基础上利用对多边形切向流速分量进行平均的方法改进了物理流场定义, 抑制了小扰动。

近 30 年日本海热容海平面年际变化及其对 ENSO 的响应

使用 EOF 分析与相关分析等高级统计方法, 对近 30 年来日本海热容海平面的年际变化进行了研究。结果表明, 近 30 年全球的 ENSO 循环对日本海热容海平面异常 TSLA 有反位相的调制。

基于信息扩散原理的渤、黄海沿岸风暴潮灾害风险分析

根据所收集的渤、黄海沿岸主要海洋站 1950 年以来各年最高潮位资料(个别站位资料样本较小), 应用能优化处理小样本的基于信息扩散原理的模糊风险评估模型, 对渤、黄海沿岸各海洋站年最高潮位的多年一遇极值情况进行了超越概率计算, 其结果与《港口工程技术规范》推荐的极值 I 型(Gumbel 曲线)方法的结果吻合较好(二者之间最大相对误差 $\leq 3\%$ )。

台湾东北部黑潮在流函数空间的水文分析

利用一种流函数投影方法对台湾东北部黑潮近 20 年的历史水文数据进行了诊断分析。结果表明, 苏澳海脊北部位于冲绳海槽西南角的黑潮中层水的盐度明显高于周围海区; 而位于 1000 m 以下的冲绳海槽黑潮深层水相对于苏澳海脊以南的黑潮深层水具有高温低盐的特征, 反映了苏澳海脊对黑潮水团的阻挡作用; 位于 300 m 以浅的冲绳海槽黑潮热带水相对于苏澳海脊以南的黑潮热带水具有低温低盐的特征。

胶州湾毛颚类生态学研究

根据 2006 年 9 月~2007 年 8 月胶州湾浅水 I 型浮游生物网的调查资料, 分析了胶州湾毛颚类的种类组成、数量分布、摄食、生物量、生产力情况。结果表明, 本次调查共出现毛颚类 3 种: 强壮箭虫(*Sagitta crassa*)、拿卡箭虫(*Sagitta nageae*)和百陶箭虫(*Sagitta bedoti*)。其中强壮箭虫全年出现, 在数量上占有绝对优势。通过推算得到胶州湾毛颚类对浮游动物生物量和生产力的摄食压力在冬季达到全年最大值。由此可见, 在冬季毛颚类的摄食对浮游动物群落结构等可能会产生重要影响。

温度、pH 和氮、磷含量对铜绿微囊藻(*Microcystis aeruginosa*)生长的影响

以南太湖水华蓝藻铜绿微囊藻为材料, 研究了温度、pH 和氮、磷浓度对铜绿微囊藻生长的影响。铜绿微囊藻对温度的适应范围较广, 25~30℃为铜绿微囊藻的最适生长温度, 最适 pH 为 8.0~9.0。BG-11 培养基中添加高浓度的氮后, 铜绿微囊藻的生长被显著抑制, 但同时添加不同浓度的磷后, 显著地提高了铜绿微囊藻的生长。

鳕鱼(*Gadous macrocephalus*)皮水解蛋白亚铁修饰对大鼠营养性贫血改善的实验研究

以鳕鱼皮为原料, 采用双酶水解法制备鱼蛋白水解物再经亚铁修饰获得鱼蛋白水解物亚铁复合物(Fe-FPH), 并对 Fe-FPH 进行了抗营养性贫血的实验研究。结果表明, Fe-FPH 不仅含有较高的营养价值, 而且有显著抗营养性贫血功能, 可望成为鳕鱼加工副产物高效利用的有效途

径。

文蛤(*Meretrix meretrix*)精子的超微结构及精子入卵过程的电镜观察

利用透射电镜和扫描电镜对文蛤精子的超微结构及精子入卵过程进行了详细观察。结果显示,文蛤精子为典型的原生型,头部呈狭茧形,由顶体和细胞核组成;中段较短,由线粒体围绕中心粒复合体构成;尾部为细丝状鞭毛,外周有波浪状质膜包被。并对多种双壳贝类精子超微结构和线粒体入卵等问题进行了探讨。

乌鳢(*Channa argus*)胃蛋白酶原基因克隆及其生物信息学分析

采用 RT-PCR 和 3'RACE 技术,首次从乌鳢胃组织中克隆了一种胃蛋白酶原基因。测序结果表明,该基因开放阅读框全长 1086bp 编码 361 个氨基酸,递交 GeneBank 数据库,获得登录号为 GQ303143。采用同源建模法建立了乌鳢胃蛋白酶原的三维结构模型,预测了其活性位点及 6 个必需半胱氨酸残基的位置。

厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)足丝蛋白 mcofp3 和 mcofp6 的 cDNA 克隆及序列分析

通过设计特异性引物,采用 PCR 扩增的方法对厚壳贻贝足腺细胞 cDNA 文库进行筛选,共克隆得到 14 条厚壳贻贝 mcofp3 的 cDNA 序列和 8 条 mcofp6 的 cDNA 序列,并对其基因序列及推导的氨基酸序列进行了序列比对和变异位点初步分析。mcofp3 cDNA 序列分属于厚壳贻贝 mcofp3 家族的两个亚家族,其成熟肽序列变异相对活跃;mcofp6 cDNA 序列并无明显的亚家族划分,序列相对保守。

基于 mtDNA 16S rRNA 序列的脉红螺(*Rapana venosa*)与红螺(*R. bezoar*)的分类学研究

采用线粒体 DNA 16S rRNA 基因序列测定方法,对中国沿海 3 目 8 科的 14 种腹足类的系统演化关系进行了比较分析。结果显示,脉红螺和红螺各自均为单系群,在检测的 14 种腹足类中属于相当进化种类。分析结果从线粒体基因序列的层次支持脉红螺与红螺属于不同种类的现代分类方法。

泥鳅(*Misgurnus anguillicaudatus*)病原温和气单胞菌(*Aeromonas sobria*)分子鉴定及耐药性研究

采用常规生理生化特性测定及 16S rRNA、*gyrB* 及 *rpoD* 基因同源性检索与系统发育学分析等分子生物学方

法,对引起养殖泥鳅大量死亡的病原细菌进行了综合鉴定。结果表明,分离菌株 NQ090701 与气单胞菌属的温和气单胞菌相近,确认分离菌株为温和气单胞菌(*Aeromonas sobria*)。采用试管稀释法测定了养殖生产中常用的 10 种抗菌药物对病原温和气单胞菌的体外最小杀菌浓度。

中国对虾(*Penaeus chinensis*)自然感染与人工感染 WSSV 抗病力的比较

取 30 个通过人工授精和自然交尾建立的中国对虾家系,分别进行人工感染和自然感染实验。结果发现 23 个家系的存活率在两种感染方式实验间差异不显著,4 个杂交组合的存活率在两种感染方式实验间差异不显著,说明人工感染和自然感染实验对中国对虾抗病力的反映情况基本一致。

日本鳗鲡(*Anguilla japonica*)精养殖水体生物膜原位修复技术的研究

采用水体中设置弹性填料对比实验的方法,进行对鳗鲡精养殖水体生物膜原位修复节水增效效果、机理及应用前景的研究。结果表明,生物膜原位修复技术应用处理组的平均日换水率仅 1.2%,比对照组显著节水减排 74%。精养殖水体生物膜原位修复技术具有节水、减排与节能效果显著,投资与运行成本低,环保、安全,操作简便、易推广等优点。

四株鳖源致病性嗜水气单胞菌(*Aeromonas hydrophila*)的表型、分子鉴定及其毒力基因检测

采用生态毒理学、表观分类学及分子生物学方法,对濒死中华鳖内脏中分离获得的 4 株病原菌开展了致病性、表型分析、分子鉴定及毒力基因检测研究,结果表明 4 株病原菌均具致病性。根据 4 株实验菌的表型和分子生物学特征,判定它们均为气单胞菌属的致病性嗜水气单胞菌。

常见重金属在翅碱蓬(*Suaeda heteroptera*)根际沉积物系统季节迁移变化

应用原子吸收光谱法(AAS)和电感耦合等离子体原子发射光谱法(ICP-AES)对翅碱蓬-根际沉积物系统常见重金属(Cu、Pb、Zn 和 Cd)总量和不同化学形态含量进行了季节跟踪测定。结果表明,系统中 Cu、Zn、Pb 和 Cd 环境化学行为呈现显著季节变化。夏季和秋季,Cu、Pb 和 Cd 由根际沉积物向植物体迁移变化并不明显,而 Zn 正好相反。4 种元素在冬季均为根际沉积物向植物体内迁移。