

2020년 하계 장강 저염수가 이어도 해양과학기지 주변 해역의 식물플랑크톤 다양성 및 개체수 변화에 미치는 영향

김지훈^{**} · 최동한^{***} · 이하은^{****} · 정진용^{*****} · 정종민^{*****} · 노재훈^{*****†}

* 한국해양대학교 해양과학기술전문대학원 해양과학기술융합학과 석사과정,

** 한국해양과학기술원 해양생태연구센터 OST 협동연구생, *** 한국해양과학기술원 해양생태연구센터 책임연구원,

**** 한국해양과학기술원 해양생태연구센터 연수연구원, ***** 한국해양과학기술원 해양재난·재해연구센터 책임연구원,

***** 한국해양과학기술원 해양재난·재해연구센터 무기계약직기술원,

***** 한국해양과학기술원 해양과학기술전문대학원 해양과학기술융합학과 교수

Phytoplankton Diversity and Community Structure Driven by the Dynamics of the Changjiang Diluted Water Plume Extension around the Ieodo Ocean Research Station in the Summer of 2020

Jihoon Kim^{**} · Dong Han Choi^{***} · Ha Eun Lee^{****} · Jin-Yong Jeong^{*****} · Jongmin Jeong^{*****} · Jae Hoon Noh^{*****†}

* Master's course, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime and Ocean University, Busan, Republic of Korea

** Student in-Training, Marine Ecosystem Research Center, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Busan, Republic of Korea

*** Principal Research Scientist, Marine Ecosystem Research Center, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Busan, Republic of Korea

**** Post Master Scientist, Marine Ecosystem Research Center, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Busan, Republic of Korea

***** Principal Research Scientist, Marine Disaster Research Center, Korea Institute of Ocean Science and Technology, Busan, Republic of Korea

***** Full-time Research Specialist, Marine Disaster Research Center, Korea Institute of Ocean Science and Technology, Busan, Republic of Korea

***** Professor, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime and Ocean University, Busan, Republic of Korea

요 약 : 여름철 장강 저염수의 확장은 북부 동중국해의 환경 및 식물플랑크톤 다양성과 군집구조에 영향을 미치는 주요 요인으로 알려져 있다. 2020년 하계는 장강 저염수의 방류량이 매우 높았던 시기로 환경 특성 변화에 따라 식물플랑크톤 다양성 및 군집구조에 미치는 동력을 이해하기 위해 현장관측을 수행하였다. 2020년 8월 16일~17일 이어도호 승선조사와 2020년 8월 15일~21일 이어도 해양과학기지(IORS)에서 체류조사를 실시하였다. 조사 정점에서 CTD로 측정된 결과 조사 수역 남서쪽은 장강 저염수의 영향을 받아 염분이 낮고 엽록소 형광값이 높았으며, 대마난류의 영향을 받은 남동수역은 염분이 높고 엽록소 형광값이 낮았다. 12개 정점의 표층수 시료의 엽록소 *a* 농도는 미소형(20~3 μm) 및 소형(> 20 μm) 식물플랑크톤의 생체량이 우점함을 나타냈으며, 대마난류수의 영향을 받은 정점에서만 초미소 식물플랑크톤(< 3 μm) 생체량이 약 50%를 차지하였다. 이러한 표층수의 식물플랑크톤 크기 분포는 영양염류 공급과 관련되어 장강 저염수의 높은 질산염 공급을 받는 정점들은 소형 식물플랑크톤의 생체량 기여율이 높았다. 형태분류 결과 미소형 및 소형 식물플랑크톤은 총 45종이며, 이들 중 우점 분류군은 규조류인 *Guinardia flaccida*, *Nitzschia* spp.와 와편모조류인 *Gonyaulax monacantha*, *Noctiluca scintillans*, *Gymnodinium spirale*, *Heterocapsa* spp., *Prorocentrum micans*, *Tripes furca* 등이었다. 대마난류의 영향을 받으며 질산염 농도가 낮은 정점들은 광합성 초미소 진핵생물(PPE)의 개체수와 광합성 초미소 원핵생물(PPP)인 *Synechococcus*의 개체수가 높았다. 질산염/인산염 비는 대부분 정점에서 인산염 제한을 받고 있음을 나타냈다. 유세포 분석 결과 *Synechococcus* 개체수는 난류의 영향을 받는 빈영양 수역의 정점들에서 높은 개체수를 보였다. NGS 분석 결과 PPP 중 *Synechococcus*는 29개의 clades가 나타났고, 이 중 한 시료에서 한 번이라도 1% 이상의 우점율을 보인 clade는 11개로 나타났다. 표층수에선 clade II가 우점분류군이었으며 SCM 층에서 다양한 clades(I과 IV 등)가 차우점군들로 분포하였다. *Prochlorococcus* 속은 난류 수역에서 high light adapted 생태형이 출현하는 양상을 보였으며 북쪽 수역에선 출현하지 않았다. PPE는 총 163개의 높은 operational taxonomic units (OTUs) 다양성을 보였으며, 이 중 한 시료에서 한 번이라도 5% 이상의 우점율을 나타낸 OTU는 총 11개였다. 장강 저염수의 영향을 받는 정점의 표층수에선 *Amphidinium testudo*가 우점 분류군이었으며, SCM 층에서 녹조류가 최우점하였다. 대마난류의 영향을 받는 해역에서는 다양한 분류군의 작편모조류가 우점하였다. IORS에서의 관측 결과도 주변 정점들과 식물플랑크톤 생체량, 크기분포, 다양성에서 유사한 수준을 나타냈다. 이번 연구 결과는 장강 저염수의 영향에 따른 식물플랑크톤의 반응을 다양한 분야에서 확인할 수 있었다. 또한, IORS와 승선조사를 비교하여 IORS 관측이 장강 저염수의 식물플랑크톤 동적 역학 모니터링에 활용할 수 있음을 확인하였다. 향후 기후변화에 따라 나타날 동중국해 하계 환경 및 생태계의 변화에 대비하여 IORS의 효과적 이용 방안 수립이 필요할 것으로 판단된다.

2020년 하계 장강 저염수가 이어도 해양과학기지 주변 해역의 식물플랑크톤 다양성 및 개체수 변화에 미치는 영향

핵심용어 : 식물플랑크톤, 장강 저염수, 군집 구조, 다양성, 이어도 해양과학기지, 동중국해

Abstract : The expansion of the Changjiang Diluted Water (CDW) plume during summer is known to be a major factor influencing phytoplankton diversity, community structure, and the regional marine environment of the northern East China Sea (ECS). The discharge of the CDW plume was very high in the summer of 2020, and cruise surveys and stationary monitoring were conducted to understand the dynamics of changes in environmental characteristics and the impact on phytoplankton diversity and community structure. A cruise survey was conducted from August 16 to 17, 2020, using R/V Eardo, and a stay survey at the Ieodo Ocean Research Station (IORS) from August 15 to 21, 2020, to analyze phytoplankton diversity and community structure. The southwestern part of the survey area exhibited low salinity and high chlorophyll a fluorescence under the influence of the CDW plume, whereas the southeastern part of the survey area presented high salinity and low chlorophyll a fluorescence under the influence of the Tsushima Warm Current (TWC). The total chlorophyll a concentrations of surface water samples from 12 sampling stations indicated that nano-phytoplankton (20–3 μm) and micro-phytoplankton (> 20 μm) were the dominant groups during the survey period. Only stations strongly influenced by the TWC presented approximately 50% of the biomass contributed by pico-phytoplankton (< 3 μm). The size distribution of phytoplankton in the surface water samples is related to nutrient supplies, and areas where high nutrient (nitrate) supplies were provided by the CDW plume displayed higher biomass contribution by micro-phytoplankton groups. A total of 45 genera of nano- and micro-phytoplankton groups were classified using morphological analysis. Among them, the dominant taxa were the diatoms *Guinardia flaccida* and *Nitzschia* spp. and the dinoflagellates *Gonyaulax monacantha*, *Noctiluca scintillans*, *Gymnodinium spirale*, *Heterocapsa* spp., *Prorocentrum micans*, and *Tripos furca*. The sampling stations affected by the TWC and low in nitrate concentrations presented high concentrations of photosynthetic pico-eukaryotes (PPE) and photosynthetic pico-prokaryotes (PPP). Most sampling stations had phosphate-limited conditions. Higher *Synechococcus* concentrations were enumerated for the sampling stations influenced by low-nutrient water of the TWC using flow cytometry. The NGS analysis revealed 29 clades of *Synechococcus* among PPP, and 11 clades displayed a dominance rate of 1% or more at least once in one sample. Clade II was the dominant group in the surface water, whereas various clades (Clades I, IV, etc.) were found to be the next dominant groups in the SCM layers. The *Prochlorococcus* group, belonging to the PPP, observed in the warm water region, presented a high-light-adapted ecotype and did not appear in the northern part of the survey region. PPE analysis resulted in 163 operational taxonomic units (OTUs), indicating very high diversity. Among them, 11 major taxa showed dominant OTUs with more than 5% in at least one sample, while *Amphidinium testudo* was the dominant taxon in the surface water in the low-salinity region affected by the CDW plume, and the chlorophyta was dominant in the SCM layer. In the warm water region affected by the TWC, various groups of haptophytes were dominant. Observations from the IORS also presented similar results to the cruise survey results for biomass, size distribution, and diversity of phytoplankton. The results revealed the various dynamic responses of phytoplankton influenced by the CDW plume. By comparing the results from the IORS and research cruise studies, the study confirmed that the IORS is an important observational station to monitor the dynamic impact of the CDW plume. In future research, it is necessary to establish an effective use of IORS in preparation for changes in the ECS summer environment and ecosystem due to climate change.

Key Words : Phytoplankton, Changjiang Diluted Water plume, Community structure, Diversity, Ieodo Ocean Research Station, East China Sea

1. 서론

동중국해는 대한민국, 일본, 중국과 대만에 걸쳐있는 북서태평양에 위치한 광활한 연해이다. 대한민국과 중국 사이의 대부분 해역이 대륙붕으로 이루어져 있고(Wageman et al., 1970; Choi, 1984), 동쪽과 남쪽으로는 대륙사면이 나타나며, 오키나와 주변 해구의 깊이는 약 3,000 m에 달하는 등 지역적인 특징이 뚜렷하다(Lefevre et al., 2000). 동중국해 대륙붕으로는 대만난류가 북상하거나 중국연안수가 남하하며, 황해 중앙 수역으로 대만난류의 분지류인 황해난류가 북상하며 대륙사면을 따라 저층수가 용승하는 등 이 해역은 연중 다양한 해류와 수괴가 혼합되는 복잡한 해황(Ichikawa and Beardsley, 2002; Chang and Isobe, 2003; Isobe, 2008)으로 생태계 특성에 영향을 미친다(Lie et al., 2003).

동중국해는 일반적으로 31~34 psu의 염분 범위를 보이고

있으나, 장강 저염수의 강한 유입이 발생할 경우 26 psu 이하까지 낮아진다(Lie et al., 2003; Kim et al., 2009). 이 수괴는 동중국해에 공급되는 규산염과 질산염의 대부분을 공급하며, 인산염은 하구에서 식물플랑크톤에 의해 대부분 소모된다(Edmond et al., 1985). 장강에서 배출되는 높은 영양염 농도로 인해 장강 하구에서는 봄부터 여름까지 크기가 큰 식물플랑크톤인 규조류와 와편모조류의 생물량이 크게 증가한다(Li et al., 2007; Zhou et al., 2008). 장강의 하류에 위치한 지역의 산업화와 경작지에서의 질소원 비료 사용의 증가, 양식업 발달로 인한 사료 소비량 증가는 장강 저염수에 포함되어 있는 질소원의 지속적인 증가를 불러일으켰으며, 그 결과 동중국해 해역은 질소보다 인에 의해 식물플랑크톤의 성장이 제한을 받는 환경이 되었다(Wang, 2006; Liu et al., 2016).

장강 저염수에 의해 변화하는 식물플랑크톤 분포를 이해하기 위해 다양한 분석 방식이 사용되고 있다. 광합성 색소인 엽록소 *a* 농도 정량을 통한 크기별 생물량 측정(Zhou et al., 2012)을 비롯하여 식물플랑크톤이 분류군별로 보유하고

* First Author: jhphyto@kiost.ac.kr, 051-664-3268

† Corresponding Author: jhnoh@kiost.ac.kr, 051-664-3260

있는 광합성 보조 색소의 농도를 이용한 CHEMTAX 분석 (Kim et al., 2020; Furuya et al., 2003) 또한 식물플랑크톤 정량 분석 및 우점을 분석에 폭넓게 사용되는 분석법이다. 더불어 유세포 분석법인 flow cytometry와 이를 더 발전시켜 이미지 촬영까지 가능하게 한 FlowCAM의 개발은 군집 구조 분석을 위해 도입되고 있다(Zhao et al., 2019; Jakobsen and Carstensen, 2011). 최근에는 MODIS와 같은 인공위성을 이용하여 넓은 범위에서 크기별 식물플랑크톤 생체량 혹은 기여도 등을 분석하기도 한다(Sun et al., 2018). 식물플랑크톤 분석 기법 중 하나인 NGS 분석 방법을 통한 계통 연구는 Faria et al.(2014)에 의해 동중국해의 광합성 조미소 진핵생물(PPE) 분석이 시작된 이래 다양하게 활용되고 있으며(Wang et al., 2019), 광합성 조미소 원핵생물(PPP) 다양성 분석 역시 동중국해에서 널리 활용되고 있다(Choi and Noh, 2009; Choi et al., 2011). 다양한 분석 방식들은 복합적으로 이용되어 더 정밀하고 효과적인 생태 군집 구조와 다양성을 밝혀내고 있다(Choi, 2012; Zhao et al., 2019).

식물플랑크톤은 환경 변화에 민감하게 반응하기 때문에 장강 저염수에 의한 해양의 물리·화학적 변화는 식물플랑크톤 군집 구조와 다양성을 크게 변화시킬 것이며 더 나아가 생태계 전반에 크게 영향을 미칠 것이다. 그러므로 동중국해에서의 저염수 세력이 강한 시기에 다양한 방식에 의한 식물플랑크톤 군집 구조와 다양성 변화를 공간적으로 파악하는 것은 중요하다(Gong et al., 2006; Gomes et al., 2018; Song et al., 2017), 기존의 연구는 일회성 조사에 그치거나, 한정된 분석 기법만을 사용하여 활용 가능한 자료가 부족한 것이 현실이다. 장강 저염수가 동중국해로 세력을 확장하는 시기인 하계에 다수의 태풍이 동중국해를 통과하기 때문에 승선 조사를 실시하기 어려운 것이 자료 부족의 주요 원인 중 하나이다(Liu et al., 2020; Hu et al., 2020). 따라서 본 연구에서는 장강 저염수가 세력을 확장하는 2020년 8월 중순에 승선 조사를 실시하여 식물플랑크톤의 공간적 분포 특성을 파악하

고, 그와 같은 시기에 이어도 해양과학기지(IORS)에서 동일한 실험을 실시하여 고정점에서의 분석 결과가 지역해를 대표할 수 있는지를 확인하고자 한다. 아울러 다양한 분석 기법을 사용하여 활용 가치가 높은 자료를 생산하고자 한다.

2020년 하계는 중국 남부 지방에 60년 동안 가장 높은 강수량을 기록한 해로(Wei et al., 2020), 대량의 저염수가 동중국해로 유입되었다. 동중국해와 대한민국 남부 해역은 다른 해보다 강한 저염수에 의해 식물플랑크톤 군집 구조와 다양성이 크게 바뀔 것으로 예상된다. 본 연구는 이번 조사를 통해 매년 여름 발생하는 장강 저염수 유입에 따른 해양 환경 변동과 이에 반응하는 식물플랑크톤 분포 특성을 규명하여 환경과 식물플랑크톤의 역학 관계를 이해하고, 향후 활용될 수 있는 결과를 제시하고자 한다.

2. 재료 및 방법

2.1 조사 정점

본 조사는 장강 저염수가 동중국해를 거쳐 대한민국 제주도과 남해 방향으로 확장되던 2020년 8월 15일부터 8월 17일까지 한국해양과학기술원 해양조사선 이어도호를 이용하여 진행되었다. 조사 정점은 1, 2 그리고 3 정선의 총 12개 정점 중 일부 정점은 표준 수심에서, 나머지 정점은 표층만 조사를 수행하였다(Fig. 1). 승선 조사 시기와 비슷한 시기의 자료 비교를 위하여 2020년 8월 15일부터 8월 21일까지 IORS에서 관측을 진행하였다.

2.2 기초 환경 특성

물리 특성(수온과 염분)과 광합성 생물의 염록체에 의한 형광 방출을 조사하기 위하여 Conductivity-Temperature-Depth (CTD, SBE 911 plus, Sea-bird scientific, USA)를 수직 프로파일링하여 자료를 획득하였다. 정점별 질산염(NO₃), 인산염(PO₄)과 규산염(SiO₂)의 농도 분석을 위해 깊이별 해수를 GF/F에

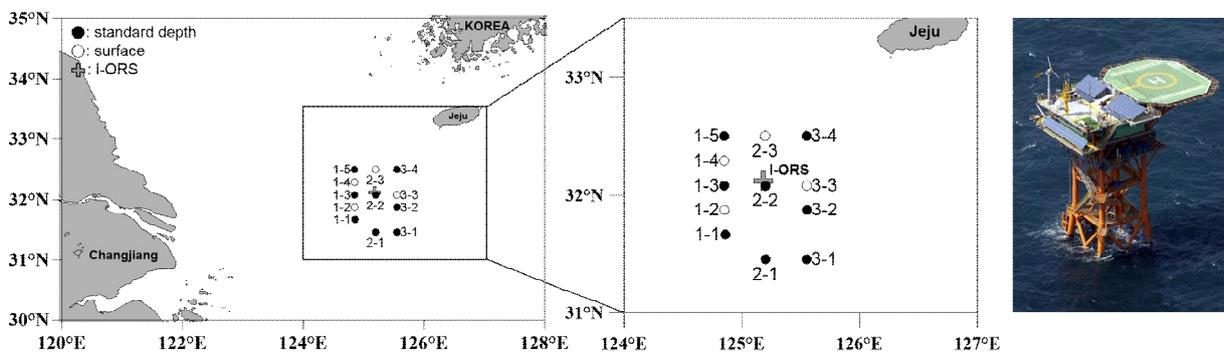


Fig. 1. A map of the study area showing the location of sampling stations (black dots) (left). Note the enlarged sampling area (center) shows three transect lines (1, 2 and 3) with IORS. An aerial view of the Ieodo Ocean Research Station (IORS) (right).

2020년 하계 장강 저염수가 이어도 해양과학기지 주변 해역의 식물플랑크톤 다양성 및 개체수 변화에 미치는 영향

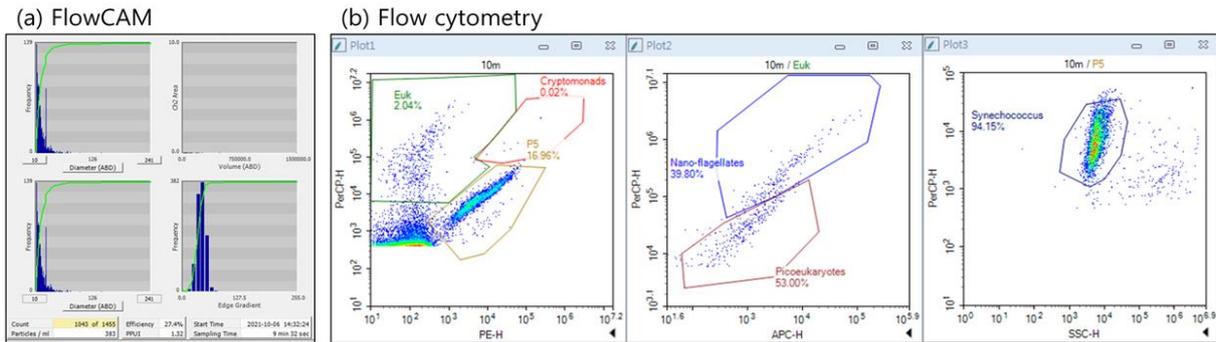


Fig. 2. (a) FlowCAM analysis using VisualSpreadsheet[®]3 and (b) Flow cytometric analysis where each group of nano and pico phytoplankton signatures are discriminated using orange and red fluorescence settings.

여과하여 15 mL conical tube에 담아 시료를 획득하였고, 냉동 보관하여 실험실까지 이동하였다. 시료는 실험실로 돌아와 영양염 자동분석기(Smartchem 200, AMS alliance, Italy)를 사용해 분석하였다.

2.3 식물플랑크톤의 크기별 엽록소 a 농도

식물플랑크톤의 엽록소 a 농도 측정을 위하여 시료 500 mL을 GF/F(지름 25 mm)에 여과하여 액화질소에 보관하였다. 표층에서는 크기별 식물플랑크톤 분획을 위해 시료를 pore size 20 μ m와 3 μ m polycarbonate (PC) 막 여과지로 선여과한 후, 500 mL을 GF/F로 여과해 액화질소에 보관하였으며, 표층 이외의 수심에서는 3 μ m PC 막 여과지로 선여과한 후, 500 mL을 GF/F로 여과해 액화질소에 보관하였다. 실험실로 돌아와 액화질소에 보관하였던 여과지를 Arar and Collins(1997)의 방법을 참조하여 95% acetone이 6 mL이 담긴 15 mL conical tube에 넣어 4°C의 암소에서 24 시간 추출하였다. 이후 polytetrafluoroethylene 필터를 이용하여 여과지와 acetone을 분리하였고 Turner 10AU fluorometer (Turner Designs, USA)를 이용해 측정하였다.

2.4 FlowCAM과 flow cytometry를 이용한 크기별 군집 구조 분석

조사 해역에 분포하는 미소형(20~3 μ m)과 소형 식물플랑크톤의(> 20 μ m) 개체수를 파악하기 위해 Bench-top FlowCAM VS-IV (Yokogawa Fluid Imaging System, Japan)를 이용하여 현장에서 100배를 분석을 실시하였고, 해수 500 mL에 Lugol 고정액 3 mL을 분주하여 고정 한 뒤 실험실에 돌아와 40배 분석을 실시하였다. 촬영된 시료는 등가 구면 지름(ESD)에 따라 200~20 μ m와 20~3 μ m로 분류하여 해수 1 mL당 식물플랑크톤 개체수를 계산하였고, 우점종을 포함한 주요 출현종의 이미지 자료는 VisualSpreadsheet[®]3 (Yokogawa Fluid Imaging System, Japan)를 이용하여 정리하였다(Fig. 2a).

조미소(< 3 μ m)와 미소형 플랑크톤 개체수 분포를 조사하기 위해 깊이별 해수 40 mL을 10% formaldehyde와 0.5% glutaraldehyde 혼합액 4 mL을 첨가한 후 냉동 보관하였다. 이후 실험실에서 40 μ m의 나일론 망으로 걸러준 시료 100 μ L를 NovoCyt Bench-top Flow Cytometer (Agilent Technologies, USA)로 측정하고, 분석에는 Marie et al.(2000)의 방법을 참조하였다(Fig. 2b).

2.5 현미경 검경을 통한 분류군별 현존량 및 종조성 변화

식물플랑크톤 분류군별 현존량 분석을 위하여 현장에서 채수한 표층 해수 500 mL에 Lugol 고정액 3 mL을 첨가하여 암소에서 보관하였다. 고정된 정량 해수 시료는 중력을 이용하여 최종 농축비가 50배가 될 때까지 농축을 실시하였다. 획득한 시료는 DIC 광학현미경(Eclipse 80i, Nikon, Japan; Axio Imager M2, Carl Zeiss, Germany)을 이용하여 정량 분석과 사진 촬영을 진행하였다. Shim(1994)과 Tomas(1997)의 도감과 AlgaeBase(<http://www.algaebase.org>), World Register of marine species(<https://www.marinespecies.org>)와 같은 웹 사이트를 참조하여 동정을 실시하였고, 현존량 분석은 농축된 시료 200 μ L를 계수관에 분주한 후 단위 해수당 현존하는 식물플랑크톤을 계수하였다.

2.6 DNA 추출 및 정제

표층 시료 300 mL을 polyestersulfone 막 여과지에 여과하여 Sodium Chloride-Tris-EDTA (STE) 완충액 1 mL을 첨가한 후 액화질소에 보관하였고, DNA 추출은 실험실에 돌아온 후 Somerville et al.(1989)의 방법을 참조해 진행하였다. 여과지에 5 mg mL⁻¹의 lysozyme을 분주하고 37°C에서 30분간 배양한 후 Sodium Dodecyl Sulfate (SDS)와 proteinase K를 첨가하여 55°C에서 2시간 동안 배양하였다. 배양이 끝난 여과지에 Phenol:chloroform:isoamyl alcohol 0.5 mL을 분주하고 혼합한 뒤 원심분리하여 상등액을 취하고, Chloroform:isoamyl alcohol

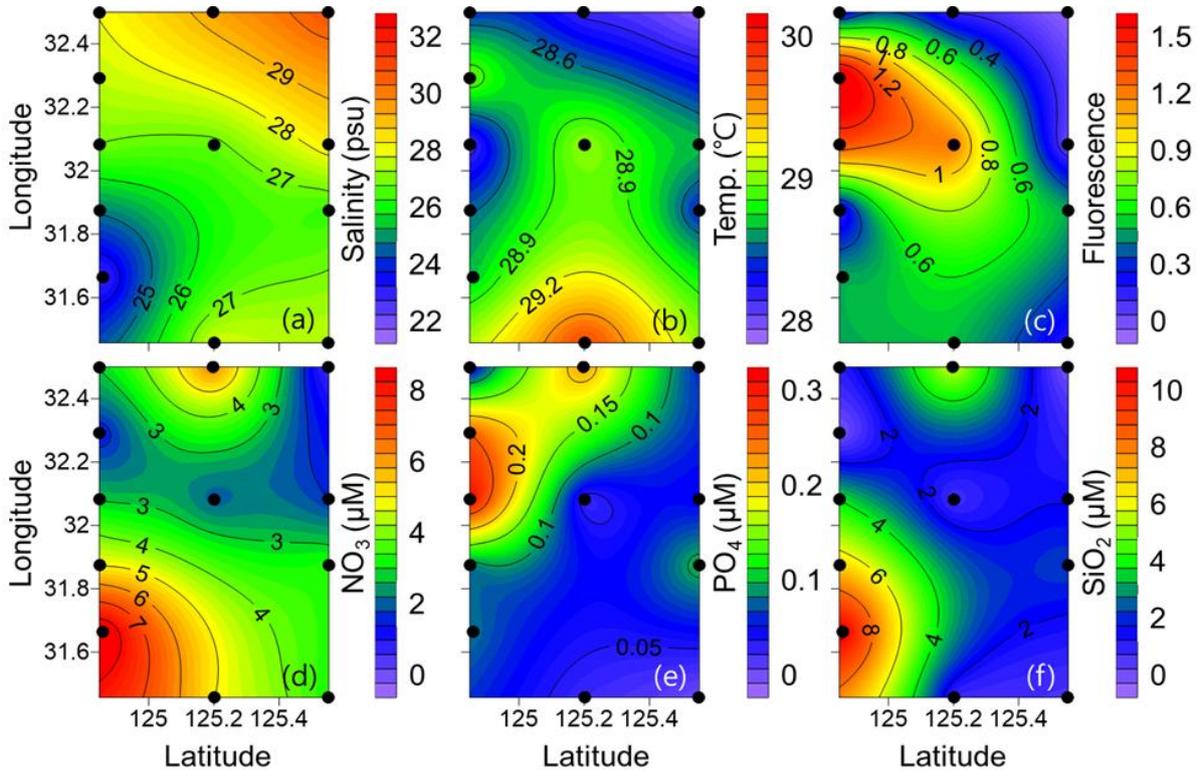


Fig. 3. Salinity, temperature, CTD-fluorescence and nutrients in the surface seawater of the study area. (a)~(c) represent physical data obtained from CTD and (d)~(f) represent nutrients conditions.

1 mL을 분주하여 같은 방법으로 섞은 뒤 원심분리하여 상등액을 획득하였다. 이때 획득한 상등액을 Spin Column에 옮겨 Isopropyl Alcohol 0.5 mL과 Sodium acetate 70 μ L를 첨가한 후, DNA를 걸러내기 위하여 원심분리를 실시하였다. 마지막으로 Washing buffer를 이용해 Spin Column에 잔존하는 불순물을 제거하고 70°C로 가열한 AE buffer를 이용하여 순수한 DNA를 정제하였다.

2.7 염기서열 분석

PPE의 plastid 16S rRNA 증폭을 위해 PLA491F (5'-GAGGAA TAAGCATCGGCTAA-3'), universal primer 907R (5'-CCGTCAT TCCTTGAGTTT-3')을 이용하였고, PPP의 16S-23S rDNA Internal Transcribed Spacer (ITS) 증폭을 위하여 ITS-F (5'-GGATCACCT CCTAACAGGGAG-3'), ITS_R (5'-GGACCTCACCCATTATCAGGG-3') 프라이머를 이용하였다(Choi et al., 2016). 증폭된 PCR 산물은 AMPure XP beads (Beckman Coulter, USA)를 이용하여 정제하였다. Miseq sequencing을 위해 indexing PCR을 통해 각 시료별로 Barcode primer를 합성하였다(<https://emea.illumina.com/>). 반응이 끝난 산물은 AMPure XP beads를 이용하여 동일하게 정제하였으며, 정제된 산물을 Nanodrop 1000 spectrophotometer (Thermo Scientific, USA)를 이용해 정량하였다. 마지막으로

모든 PCR 산물을 정량해서 ChunLab (Seoul, Korea)의 Illumina MiSeq 2 \times 300 PE platform (Illumina, USA)을 이용해 염기서열을 얻었고, 이때 얻어진 염기서열은 Choi et al.(2013)의 방법을 이용하여 분석하였다. 획득한 각 sequence의 우점도 계산의 용이성을 위해 출현한 PPE의 Operational Taxonomic Unit(OTU) 중 한 정점에서라도 출현율이 5% 이상인 OTU만 분석을 진행하였고, 출현한 PPP의 OTU 중 한 정점에서라도 출현율이 1% 이상인 OTU만 분석을 진행하였다. 본 연구에 사용된 sequence들은 SRA archive NCBI의 SRA Database에 등록하였다 (accession no. PRJNA773203 and PRJNA773188).

3. 결 과

3.1 기초 환경 특성

2020년 8월 동중국해 해역의 물리 특성 분석 결과를 Fig. 3에 나타냈다(깊이별 자료는 Appendix I에 첨부). 염분은 1-1 정점의 표층에서 최소값인 23.40 psu를 나타내 장강 저염수의 영향을 강하게 받음을 확인하였고, 3-4 정점에서 표층이 30.46 psu의 염분을 보이며 정점 간 염분의 차이가 뚜렷하게 나타났다(Fig. 3a). 표층에서의 다양한 염분 변화와 달리 저층에서는 전체 정점에서 32~33 psu의 염분 범위로 큰 변화를

2020년 하계 장강 저염수가 이어도 해양과학기지 주변 해역의 식물플랑크톤 다양성 및 개체수 변화에 미치는 영향

Table 1. Chlorophyll *a* (Chl *a*) concentrations (total and pico) at different sampling depths, and surface water size-fractionated Chl *a* contributions to total Chl *a*

	Depth /Size	Station											
		1-1	1-2	1-3	1-4	1-5	2-1	2-2	2-3	3-1	3-2	3-3	3-4
Total Chl <i>a</i> ($\mu\text{g L}^{-1}$)	0 m	1.43	2.71	8.22	2.80	0.72	0.87	1.40	0.48	0.96	1.71	0.84	0.39
	10 m	2.99	-	5.49	-	0.82	0.92	0.77	-	0.99	1.56	-	0.40
	20 m	1.16	-	0.75	-	0.64	0.63	0.88	-	0.80	0.68	-	0.87
	30 m	0.28	-	0.24	-	0.45	0.15	0.53	-	0.26	0.27	-	0.87
	40 m	-	-	0.24	-	0.42	0.13	0.07	-	0.13	0.22	-	0.58
	50 m	-	-	0.24	-	0.39	-	-	-	0.15	0.17	-	0.11
Pico Chl <i>a</i> ($\mu\text{g L}^{-1}$)	0 m	0.17	0.11	0.22	0.10	0.07	0.45	0.14	0.10	0.46	0.21	0.20	0.10
	10 m	0.27	-	0.25	-	0.29	0.52	0.37	-	0.47	0.25	-	0.15
	20 m	0.04	-	0.18	-	0.29	0.20	0.46	-	0.25	0.37	-	0.45
	30 m	0.05	-	0.04	-	0.04	0.11	0.32	-	0.08	0.05	-	0.51
	40 m	-	-	0.03	-	0.09	0.02	0.02	-	0.05	0.04	-	0.35
	50 m	-	-	0.03	-	0.15	-	-	-	0.03	0.03	-	0.05
Pico fraction (%)	0 m	12	4	3	4	10	51	10	22	48	12	24	27
	10 m	9	-	5	-	36	57	48	-	48	16	-	39
	20 m	4	-	24	-	44	31	52	-	31	55	-	52
	30 m	17	-	17	-	9	71	61	-	31	18	-	59
	40 m	-	-	14	-	22	15	34	-	34	18	-	60
	50 m	-	-	11	-	38	-	-	-	20	18	-	47
Surface size fraction (%)	>20 μm	71	60	67	76	1	11	61	50	14	69	50	46
	20~3 μm	19	36	31	21	89	38	30	28	37	19	27	27

보이지 않았다. 수온은 조사 정점을 기준으로 남쪽에서 높았고, 북쪽에서는 낮은 경향을 보였다(Fig. 3b). 2-1 정점에서 가장 높은 수온인 29.76°C가 관측되었으며, 2-2와 3-1 역시 정점이 높게 나타났다. 그 외 정점에서는 29°C를 넘지 않아 정점 2-1과 3-1 수역이 외양성 난류 수괴의 영향을 받음을 추정할 수 있었다. 형광값은 대부분 정점의 SCM 층에서 가장 높았는데, 특히 1-2와 1-3 정점의 10m에서 각각 2.36과 2.93으로 최대값을 나타냈다(Fig. 3c).

조사 해역의 화학적 특성 분석 결과 질산염은 1-1 정점의 표층에서 8.73 μM 로 가장 높았고, 염분 조사 결과와 마찬가지로 이 정점에서 장강 저염수의 영향을 가장 강하게 받는 것으로 나타났다(Fig. 3d). 인산염은 1-3과 1-4 정점에서 각각 최대값인 0.30과 0.25 μM 로 확인되었다(Fig. 3e). 규산염은 1-1 정점의 표층에서 10.35 μM 로 가장 높았고, 일부 정점(1-2, 1-3, 2-3)의 표층에서도 3.96-6.67 μM 범위의 값을 보였다(Fig. 3f). 표층의 질산염/인산염 비는 15 이하의 낮은 값을 보인 3 정점(1-3, 1-4, 3-4)을 제외하고 28~173 범위로 인산염 제한을 받고 있음을 나타냈다(Appendix I).

3.2 크기별 엽록소 *a* 농도

본 조사 해역의 식물플랑크톤 엽록소 *a* 농도와 크기에 따른 기여율은 위의 Table 1에서 확인할 수 있다. 전체 식물플랑크톤 엽록소 *a* 농도는 1-3 정점의 표층에서 8.22 $\mu\text{g L}^{-1}$ 로 최대값이었고, 10m까지 높은 농도를 보였다. 정선 1을 제외한 정선 2와 3에서는 엽록소 *a* 농도가 2.00 $\mu\text{g L}^{-1}$ 보다 낮았으며, 대마난류수의 영향을 받는 2-1과 3-1 정점은 엽록소 *a* 농도가 1.00 $\mu\text{g L}^{-1}$ 미만이었다. 초미소 식물플랑크톤 엽록소 *a* 농도는 2-1 정점의 10m에서 0.52 $\mu\text{g L}^{-1}$ 로 최대였으며, 이어 3-1 역시 10m에서 0.47 $\mu\text{g L}^{-1}$ 의 높은 값을 나타냈다. 전체 엽록소 *a* 농도가 가장 높았던 1-3 정점의 10m에서 초미소 식물플랑크톤 엽록소 *a* 농도는 0.25 $\mu\text{g L}^{-1}$ 로 2-1과 3-1 정점들에 비해 낮은 값을 보였다.

총 12개 정점에서 식물플랑크톤의 크기에 따른 엽록소 *a* 농도 기여율을 파악하였고, 대부분의 정점에서 소형 식물플랑크톤의 기여율이 높게 나타났다. 장강 저염수가 유입되는 1-1과 1-2 정점에서 소형 식물플랑크톤의 기여율은 각각 71%와 60%로 확인되었고, 대마난류수의 영향을 받는 정점

Table 2. Phytoplankton abundance (surface water samples) of size-functional groups analyzed by FlowCAM method

Station	Cell abundance (10^2 cells mL^{-1})		
	Total	200~20 μm	20~3 μm
1-1	1.36	0.45	0.91
1-3	6.36	3.96	2.40
1-4	3.43	1.22	2.21
1-5	1.25	0.35	0.90
2-1	0.87	0.24	0.63
2-2	2.98	0.35	2.63
2-3	2.15	0.23	1.93
3-1	0.11	0.05	0.07
3-2	0.76	0.17	0.59
3-3	1.33	0.29	1.05
3-4	0.58	0.17	0.41

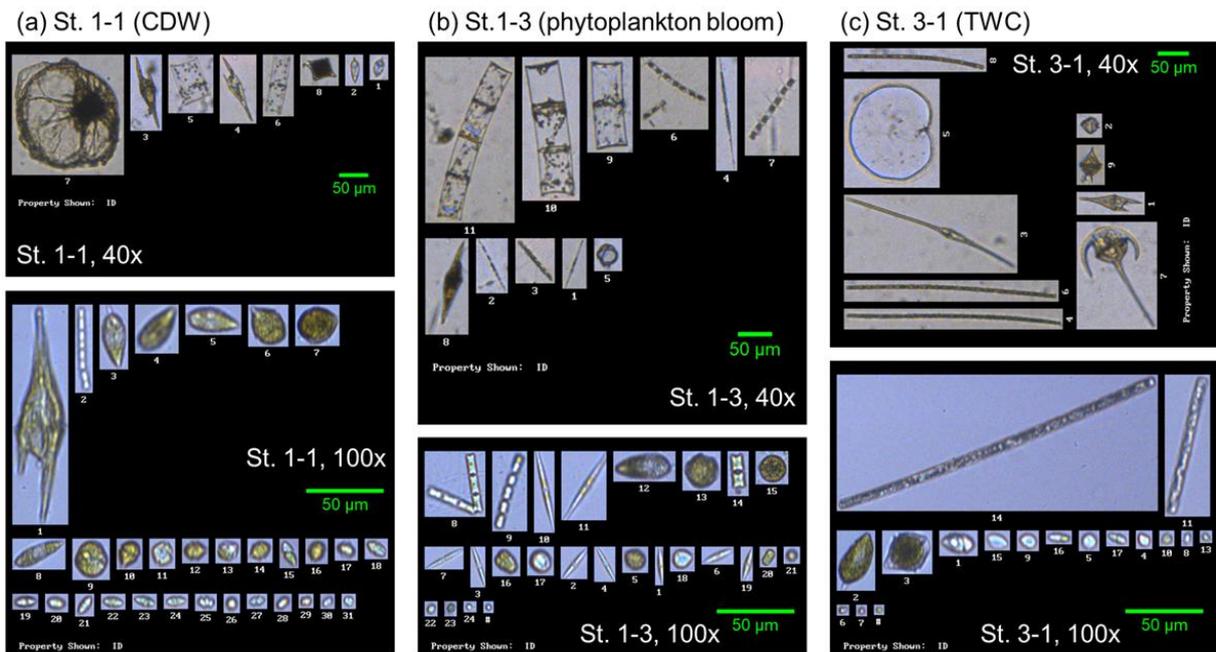


Fig. 4. Captured FlowCAM images of major dominant phytoplankton groups during the survey period in the study area. (a) Dominant phytoplankton captured at station 1-1 where Changjiang Diluted Water plume directly flows through, (b) dominant phytoplankton groups at station 1-3 where phytoplankton biomass was the highest, and (c) dominant phytoplankton groups at station 3-1 where Tsushima Warm Current (TWC) flows through. Note these images were captured using 40x and 100x magnification.

2-1과 3-1에서 초미소 식물플랑크톤의 엽록소 *a* 기여율은 50%로 증가한 것을 확인할 수 있었다.

3.3 분류군별 식물플랑크톤 개체수

FlowCAM을 이용하여 표층의 식물플랑크톤을 분석한 결과 1-3 정점의 소형 식물플랑크톤의 개체수가 3.96×10^2 cells

mL^{-1} 로 최대값이었고(Table 2), 대마난류수의 영향을 받는 3-1 정점은 0.05×10^2 cells mL^{-1} 로 최소값이었다. 획득한 이미지 자료를 위 Fig. 4에 나타내었다. 1-1 정점에서는 외편모조류인 *Noctiluca scintillans*, *Tripes furca* 및 *Prorocentrum micans* 등과 연안성 규조류인 *Guinardia flaccida*를 비롯하여 *Chaetoceros* spp.가 우점하였다. 식물플랑크톤 개체수가 최대였던 1-3 정

2020년 하계 장강 저염수가 이어도 해양과학기지 주변 해역의 식물플랑크톤 다양성 및 개체수 변화에 미치는 영향

Table 3. Abundance of major phytoplankton taxa groups analyzed by flow cytometry

Phytoplankton group	Depth (m)	Station										
		1-1	1-3	1-4	1-5	2-1	2-2	2-3	3-1	3-2	3-3	3-4
Nano flagellates (10 ³ cells mL ⁻¹)	0	2.05	6.80	3.48	1.07	3.10	1.22	0.69	2.39	0.90	0.68	0.46
	10	3.07	2.48	-	1.25	3.33	2.86	0.79	2.49	1.12	-	2.00
	20	1.40	3.92	-	2.63	1.52	9.00	0.89	1.37	1.35	-	7.33
	30	0.14	0.28	-	0.66	0.16	1.69	0.99	0.24	0.28	-	3.49
	40	-	0.24	-	0.33	0.23	0.50	-	0.10	0.26	-	1.28
	50	-	N.D.	-	-	-	-	-	0.03	0.24	-	0.15
PPE (10 ³ cells mL ⁻¹)	0	1.44	6.06	4.46	3.01	7.15	2.75	1.38	3.87	1.88	1.16	0.96
	10	0.96	2.37	-	8.13	6.32	2.77	5.03	3.96	1.47	-	2.21
	20	0.69	2.70	-	8.87	1.30	4.59	8.67	1.41	2.60	-	19.66
	30	0.31	0.71	-	1.62	0.51	9.05	12.32	1.23	0.68	-	11.73
	40	-	0.63	-	0.91	0.35	2.10	-	0.40	0.89	-	6.02
	50	-	N.D.	-	-	-	-	-	0.34	1.10	-	1.78
<i>Synechococcus</i> (10 ⁴ cells mL ⁻¹)	0	0.30	1.93	1.26	1.00	5.83	0.66	1.11	9.94	4.49	4.38	2.66
	10	2.76	2.22	-	6.89	7.17	8.27	4.62	9.83	24.49	-	6.28
	20	2.03	8.27	-	3.91	5.92	19.96	8.12	5.17	29.27	-	11.16
	30	0.47	2.04	-	1.08	1.24	5.18	11.63	3.69	1.95	-	7.54
	40	-	1.87	-	0.68	0.65	2.59	-	0.70	1.64	-	4.14
	50	-	N.D.	-	-	-	-	-	0.63	1.33	-	0.88

* N.D.: Not Detected

Table 4. Standing crops (cells L⁻¹) of major 10 phytoplankton taxa in the surface water samples from each station

Species	1-1	1-3	1-4	1-5	2-1	2-2	2-3	3-1	3-2	3-3	3-4
Diatoms											
<i>Guinardia flaccida</i>	1,750	7,000	3,500	1,750	-	2,000	1,000	250	2,250	3,500	-
<i>Nitzschia</i> spp.	1,750	3,000	1,000	500	250	750	500	-	1,750	750	500
Dinoflagellates											
<i>Gonyaulax monacantha</i>	500	2,250	500	500	250	-	250	500	-	250	250
<i>Gyrodinium spirale</i>	-	1,750	750	500	250	-	250	250	-	1,000	-
<i>Heterocapsa rotundata</i>	1,500	2,000	1,500	1,500	750	1,750	1,250	750	1,000	2,250	500
<i>Heterocapsa triquetra</i>	750	2,250	1,000	1,000	1,250	500	250	500	750	1,750	250
<i>Noctiluca scintillans</i>	250	40,250	500	250	-	250	-	-	500	250	-
<i>Prorocentrum micans</i>	3,000	3,500	1,750	250	2,250	750	1,000	750	1,000	1,000	1,250
<i>Tripos furca</i>	1,500	2,250	1,500	500	1,000	750	250	500	750	500	750
Cyanobacteria											
<i>Trichodesmium</i> spp.	-	-	-	-	-	-	-	500	-	-	-

점에서는 1-1 정점과 비슷한 종조성을 보였으며, 대마난류가 영향을 미치는 3-1 정점에서는 질소고정 PPP인 *Trichodesmium* spp.가 출현한 것을 확인할 수 있다.

Flow cytometry 분석 결과 미소형 식물플랑크톤 개체수는 1-3과 2-1 정점에서 각각 6.8×10³ cells mL⁻¹와 3.1×10³ cells

mL⁻¹로 가장 많았고(Table 3), PPE의 개체수 또한 1-3과 2-1 정점에서 각각 6.06×10³ cells mL⁻¹와 7.15×10³ cells mL⁻¹로 대마난류의 영향이 강한 정점에서 가장 높게 나타났다. *Synechococcus*는 2-2와 3-2 정점의 중층에서 각각 19.96×10⁴ cells mL⁻¹와 29.29×10⁴ cells mL⁻¹로 가장 높았고, 2-1과 3-1 정

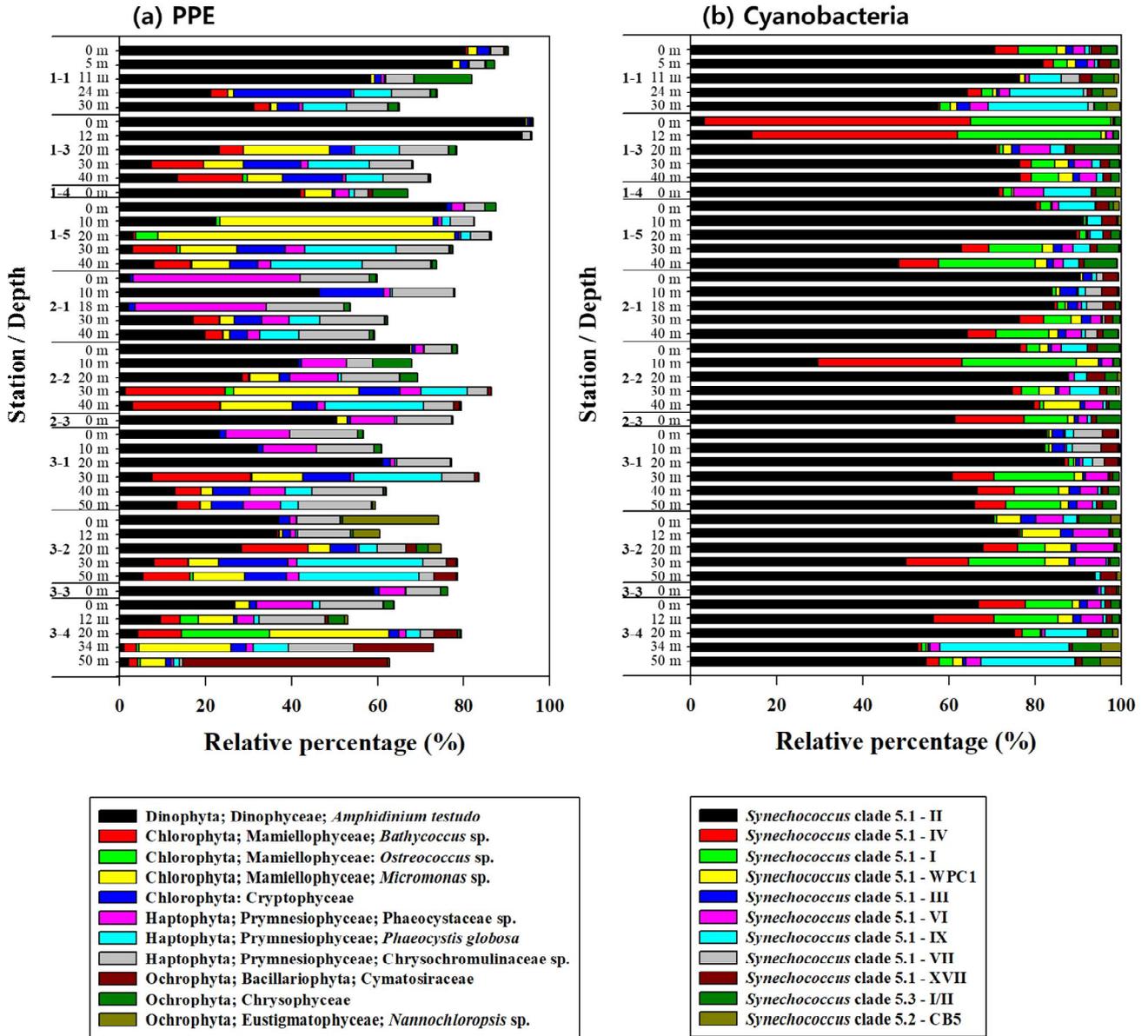


Fig. 5. Stacked bar plot showing contribution of the major pico-phytoplankton taxa using NGS in each station and different depth. (a) Relative contribution (proportion of OTU sequences) of major PPE clades (described sequences dominate at least 5% or more during the survey) and (b) PPP (described sequences dominate at least 1% or more during the survey).

점의 표층에서 각각 5.83×10^4 cells mL⁻¹과 9.94×10^4 cells mL⁻¹로 높은 개체수를 보였다.

3.4 현미경 검경을 통한 식물플랑크톤 우점 분류군별 현존량

광학 현미경을 이용하여 분석한 조사 해역 표층의 우점 식물플랑크톤 현존량을 Table 4에 나타냈다. 규조류는 9속 13종, 와편모조류는 13속 30종, 그 외에 착편모조류의 출현을 확인하였으며, 와편모조류 출현종이 가장 다양한 것으로

나타났다. 1-1 정점에서 총 30종이 출현해 다양성이 가장 높았고, 2-1과 3-1 정점에서 17종이 출현하여 다양성이 가장 낮게 나타났다. 1-3 정점에서 와편모조류인 *Noctiluca scintillans*의 개체수가 40,250 cells L⁻¹으로 확인되었다. 2-1 정점과 3-1 정점은 낮은 개체수를 보였다. 조사 해역의 주요 출현 분류군은 규조류인 *Guinardia flaccida*, *Nitzschia* spp.와 와편모조류인 *Gonyaulax monacantha*, *Gyrodinium spirale*, *Heterocapsa* spp., *Prorocentrum micans* 그리고 *Tripos furca*로 확인되었다. 3-1 정

2020년 하계 장강 저염수가 이어도 해양과학기지 주변 해역의 식물플랑크톤 다양성 및 개체수 변화에 미치는 영향

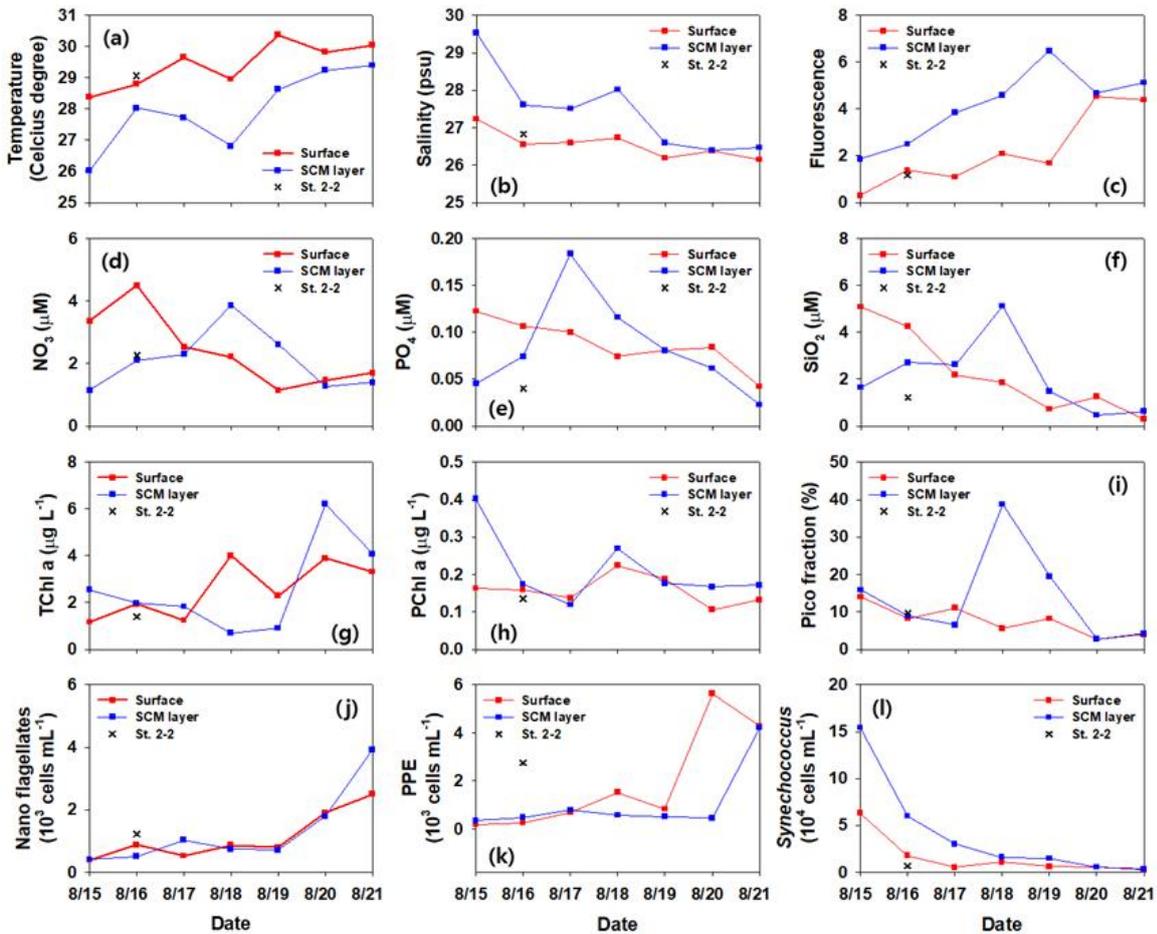


Fig. 6. Plots of CTD (temperature, salinity and fluorescence) measurements, nutrients, Chl *a* and flow cytometry data in the surface and SCM layer surveyed from IORS for seven days (2020.8.15–2020.8.17) and surface of the station 2-2. Blue lines with dots represent surface data, red lines with dots represent SCM layer and the "x" symbols represent the station 2-2. (a)–(c) CTD measurements, (d)–(f) nutrients, (g)–(i) Chl *a* concentration and (j)–(l) flow cytometry.

점에서는 질소 고정 PPP인 *Trichodesmium* spp.가 출현한 것을 확인할 수 있다.

3.5 NGS 분석을 이용한 초미소 식물플랑크톤 다양성

NGS 분석을 통해 초미소 식물플랑크톤의 다양성을 위 Fig. 5에서 확인할 수 있다(이들의 계통수는 Appendix II에 첨부). PPE는 총 163개의 OTU가 나타났고, 11개 분류군이 5% 이상 우점율을 보이는 것으로 나타났다. PPE 중 와편모조류에 속하는 *Amphidinium testudo*와 가장 가까운 분류군이 정점 1-3에서 94%의 우점율로 가장 높게 나타났으며(Fig. 5a), 착편모조류는 정점 2-1의 표층과 SCM 층에서 각각 55%와 48%로 우점하였다. 또한, 정점 3-1의 표층과 10m에서 각각 31%와 26%로 우점하였다. 대편모조류 중 *Nannochloropsis* sp.와 가까운 종은 3-2 정점의 표층에서 22%로 우점하였고, 대부분 정점의 저층에서는 녹조류인 *Bathycoccus* sp.와 *Micromonas*

sp.가 우점한 것으로 나타났다. PPP는 29개의 clades가 나타났고, 11개의 clades가 1% 이상의 우점율을 보였다. 이 중 최우점 분류군은 clade II로 확인되었다(Fig. 5b). 1-3 정점은 clades I과 IV가 각각 33%와 62%로 우점하였고, clades I과 IV는 일부 다른 정점(2-2, 2-3, 3-4)에서도 최우점 혹은 차우점하였다. 그리고 clade IX는 일부 정점(1-1, 1-4, 1-5)의 표층에서 차우점하였고, clade WPC1은 정점 3-2의 저층에서 우점율이 높게 나타났다.

3.6 IORS에서의 시계열 자료

IORs 관측과 이어도호 조사 중 시기적으로 근접한 결과를 정리하여 Fig. 6에 나타냈다. CTD를 이용해 획득한 수온, 염분과 형광값은 표층과 유사한 값을 얻었으며(Fig. 6a and Fig. 6b), 시간이 지날수록 IORS의 형광값이 증가하는 차이를 나타냈다(Fig. 6c). 하지만 질산염을 비롯한 인산염과 규산염

은 두 조사 결과에서 변화 양상에 차이가 있었다. 전체 식물플랑크톤의 엽록소 *a* 농도와 초미소 식물플랑크톤의 엽록소 *a* 농도의 변화 양상은 유사한 것으로 확인되었다. Flow cytometry를 이용한 미소형과 초미소 식물플랑크톤 분류군별 개체수는 표층에서 유사한 수준을 보였으나, PPE는 차이를 보였다.

표층에서 이어도 과학기지의 자료와 승선 조사 자료를 이용하여 이어도 해양과학기지가 조사 해역의 대표성을 지닐 수 있는지 유클리드 거리를 기반으로 하여 계층적 군집화를 수행하였다(Fig. 7). IORS 정점은 크게 1-1, 3-2, 1-5 그리고 2-2 정점과 군집을 이루는 것을 확인하였다. 대마난류의 영향을 받는 2-1과 3-1 정점 역시 한 군집으로 확인되었다.

2-2 정점과 IORS의 NGS 분석 비교 결과를 Fig. 8에서 확인할 수 있다. PPE 우점종을 비교했을 때(Fig. 5a and Fig. 8a), 정점 2-2와 IORS 모두 최우점 분류군은 와편모조류에 속하는 *Amphidinium testudo*와 가장 가까운 분류군이었으며, IORS에서는 8월 15일 약 98%의 높은 우점율을 보이다 8월 17일

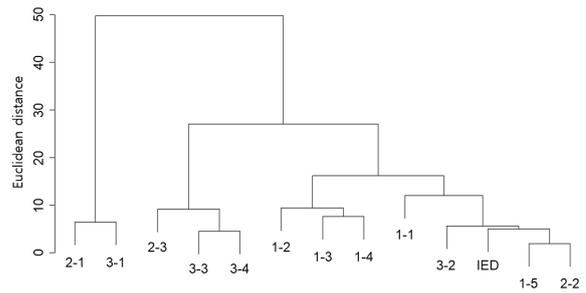


Fig. 7. Hierarchical clustering based on the Euclidean distance using data of the IORS and the cruise survey.

약 90%로 감소한 것으로 나타났다. 그 외 저층에서 녹조류인 *Micromonas* sp., 은편모조류 그리고 착편모조류인 *Phaeocystis globosa*와 가까운 분류군이 두 조사에서 동일한 분포를 보였다.

PPP는 두 조사 모두 clade II가 최우점하였다. 그러나 정점 2-2에서 약 60%로 우점하던 clades I과 IV는 IORS에서 약 34%로 우점율이 낮게 나타났다. 그리고 Clade WPC1은 두 조사의

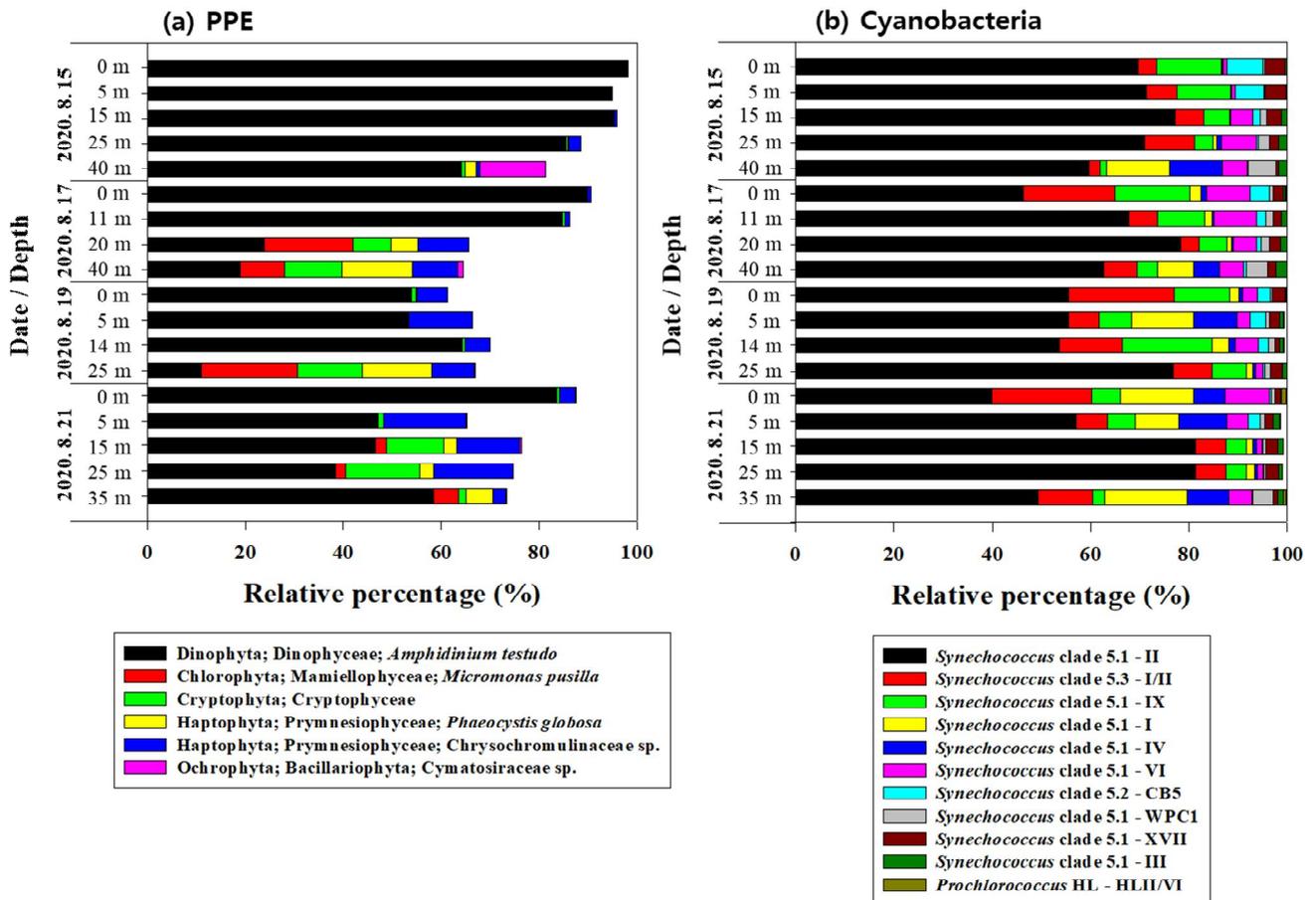


Fig. 8. Stacked bar plots by different sampling depths showing contribution of major pico-phytoplankton OTU sequences using NGS from the IORS sampling survey. (a) Relative contribution of major PPE clades (described sequences dominate at least 5% or more during the survey), and (b) PPP (described sequences dominate at least 1% or more during the survey).

저층에서 높게 나타났고, 2-2 정점에서는 *Prochlorococcus*의 출현이 1% 미만이었지만, 8월 21일 IORS 표층에서는 *Prochlorococcus* HLII/VI가 1%의 우점율로 출현하였다.

4. 토 의

4.1 장강 저염수가 소형 식물플랑크톤의 생물량에 미치는 영향

Kim et al.(2009)는 장강 저염수 유입 시 동중국해의 염분은 약 30 psu까지 감소하는 것으로 보고하였다. 본 연구에서도 조사 해역의 표층 염분은 약 30 psu였고, 조사 해역 서쪽에서 염분 25 psu 이하의 장강 저염수 수괴가 확인된 것으로 보아(Fig. 3a) 조사가 시행된 2020년 8월 16일 이전부터 동중국해는 장강 저염수의 영향을 받고 있음을 확인할 수 있었다. Yoon et al.(2005)과 Jiang et al.(2015)은 장강 저염수가 수송하는 질산염과 규산염에 의해 규조류와 와편모조류의 생물량이 증가한다고 하였으며, Chen et al.(2004)는 장강 저염수가 유입될 때 동중국해의 소형 식물플랑크톤의 기여율이 최대 81%까지 증가하는 것으로 보고하였다. 이번 연구에서 조사 해역 남서쪽에서 높은 농도의 질산염과 규산염이 유입되었고(Fig. 3d and Fig. 3f), 조사 해역 서쪽에서 높은 농도의 총 엽록소 *a*가 분포하였다. 이 때 소형 식물플랑크톤의 기여율은 40% 이상이였으며(Table 1), FlowCAM 분석과 현미경 검경 결과 우점 분류군이 규조류와 와편모조류로(Fig. 4 and Table 3) 기존 연구 결과와 일치했다. 조사 해역에 우점하던 규조류와 와편모조류 중 *Guinadia flaccida*와 *Nitzschia spp.*를 포함한 많은 종이 장강 하구나 연안에 분포하는 식물플랑크톤이었고(Qingshan et al., 2006), 장강 하구에서 떨어진 해역일수록 출현이 감소하는 것으로 알려져 있다(Yoon, 2003). 즉, 이번 조사 시기에 조사 해역에 출현이 확인된 소형 식물플랑크톤은 장강 하구에서 장강 저염수에 의해 이동해 동중국해에 유입되었으며, 동중국해 해역은 장강 저염수에 의해 식물플랑크톤 종조성과 생물량에도 영향을 받는다는 점을 시사한다.

1-3 정점에서 와편모조류인 *Noctiluca scintillans*의 개체수가 다른 정점보다 특이적으로 높게 나타났다(Table 4). 동중국해에서 출현하는 *N. scintillans*는 독립영양단계인 녹색 플랑크톤이 아닌 중속영양단계의 적색 플랑크톤이지만(Harrison et al., 2011), 특정 정점에서 높게 나타난 점과 더불어 이들의 개체수는 식물플랑크톤 군집 구조에 영향을 줄 수 있기 때문에 확인하고자 하였다. 이들의 생물량은 먹이원인 규조류의 생물량과 양의 상관성이 있으며(Padmakumar et al., 2010; Kitatsuji et al., 2019), 장강 하구의 규조류 생물량 증가는 고농도의 질산염과 규산염(Lie et al., 2003) 그리고 대만난류에 의해 용승되는 고농도의 인산염이 중요한 역할을 한다(Chen, 2008). 저

층의 인산염은 장강 저염수의 세력이 강할수록 용승되기 힘든 것으로 알려져 있지만(pei et al., 2009), 조사가 시행되기 전인 8월 10일 전후로 태풍 장미가 동중국해를 통과하였다(<https://www.weather.go.kr/w/typhoon/typ-history.do>). 이로 인해 장강 저염수의 세력이 일시적으로 약화되고, 표층과 저층의 수직 혼합이 활발해져 인산염이 용승되어 동중국해로 유입된 것으로 추정된다. 결과적으로 본 연구 조사에서 동중국해 해역에 유입되는 인산염의 주요 수송 동인은 태풍으로 판단되며, 이러한 결과는 Hung et al.(2013), Gong et al.(1996)의 연구와도 비슷한 경향을 보였다. 따라서 규조류의 생물량 증가가 *N. scintillans*의 생물량이 증가에 영향을 미칠 수 있는 것으로 사료되며, Miyaguchi et al.(2006)의 결과와 일치하였다. 하지만 *N. scintillans*의 생물량은 규조류뿐만 아니라 이들의 다른 섭식원인 분변립, 원생동물, 요각류 등에 의해서도 변동하기 때문에(Kang, 2020) 다양한 요소에 의한 영향을 확인하는 것이 필수적이다.

4.2 장강 저염수의 유입에 따른 초미소 식물플랑크톤 다양성 변화

조사 해역의 남서쪽이 총 엽록소 *a* 농도가 낮았지만, 초미소 식물플랑크톤의 엽록소 *a* 우점율과 개체수는 높게 나타났다(Table 1 and Table 3). Zhao et al.(2019)와 Kim et al.(2020)은 장강 저염수가 유입되지 않은 하계 동중국해는 대만난류에 의해 PPP인 *Synechococcus*와 *Prochlorococcus*가 우점하는 것으로 보고하였고, Lee et al.(2018)은 낮은 염분을 가진 장강 저염수에 의해 이들의 성장이 제한된다고 하였다. 본 조사에서도 남동쪽 이외 정점들은 장강 저염수 유입에 의해 PPP의 엽록소 *a* 기여율이 낮아졌다(Table 1). 하지만 PPP는 장강 저염수 유입 전까지 동중국해에서 높은 우점율을 나타내기 때문에 이들의 분류군 변화를 이해하는 것은 매우 중요하다. 아울러 이 해역에서 많은 연구가 이루어지지 않은 PPE의 다양성에 대해서도 파악하고자 하였다.

PPP 중 *Prochlorococcus*는 고수온, 빈영양 해역을 선호하는데(Johnson et al., 2006), 본 조사 해역의 높은 영양염 농도로 인하여 전체 해역에서 1% 미만의 매우 낮은 우점율을 차지하였다. *Synechococcus* 분류군 중 clade II가 대부분의 조사 해역에서 가장 높은 우점율을 보였다(Fig. 5b). 이 분류군은 주로 고수온 환경을 선호하고 빈영양 해역에서 높은 개체수를 보인다(Zwirgmaier et al., 2008; Mella-Flores et al., 2011). 장강 저염수가 새롭게 유입된 정점에서는 clade II의 우점율이 낮게 나타났고 clades I과 IV의 우점율이 높게 나타났다. Zwirgmaier et al.(2008)과 Sohm et al.(2016)은 clade I과 IV가 함께 출현하는 경향이 있다고 설명했으며, 두 분류군이 질산염과 인산염에 대해 양의 상관성을 보인다고 했다. 본 조사 역시 질산염과 인산염 농도가 높은 장강 저염수 주변 수역에서 우점

율이 높았다(Fig. 3d and Fig. 3e). 이에 따라 조사 해역 서쪽에서는 clade IX의 우점율이 5% 이상으로 확인되었다(Fig. 5b). 특히 장강 저염수의 영향을 강하게 받는 정점에서 이들의 우점율이 23%로 다른 정점에 비해 높았는데, clade IX는 Choi et al.(2011)의 연구에서 동중국해의 염분이 낮은 지역에서 출현하는 것으로 확인되었고, Ahlgren and Rocap(2012)은 연안의 용승역에서 우점도가 높아진다고 하였다. 본 연구 조사에서도 연안의 염분이 낮으며 용승역인 저층에서 높은 우점도를 보인 것으로 보아 동일한 경향을 확인하였다.

장강 저염수의 영향을 받는 정점에 분포하는 PPE 중 최우점 분류군은 와편모조류인 *Amphidinium testudo*와 가장 가까운 종이였다(Fig. 5a). 이들은 길이 20~28 μm 의 소형 플랑크톤이기 때문에(Herdman, 1924) PPE의 NGS 결과에 우점한 것은 이 종이 아닌 이와 가까운 분류군으로 여겨진다. 하지만 *A. testudo*와 가까운 sequence를 가진 이 분류군이 조사 해역에서 우점하며 염분이 낮은 동중국해의 표층과 중층에서 우점하는 것으로 보아 광염성 분류군이거나 저염분을 선호하는 분류군임을 시사한다. 조사 해역에서 최우점하였기 때문에 추가적인 연구를 통한 분석이 필수적이다. 장강 저염수가 강한 영향을 미친 정점에서는 저층에서 은편모조류와 착편모조류인 *Phaeocystis globosa*와 *Crysochromulinaceae* sp., 녹조류인 *Micromonas* sp.와 가까운 종들의 우점율이 높았고(Fig. 5a), 이들은 고영양 환경을 선호하기 때문에(Alric et al., 2020; Christaki et al., 2017) 영양염이 풍부한 저층에서 우점율이 높았던 본 조사 결과와 일치하였다. 대마난류가 영향을 미친 조사 해역 남쪽에서는 착편모조류인 *Phaeocystaceae*와 가까운 분류군의 우점율이 높게 나타났다(Fig. 5a). 이들의 상위 분류군인 *Prymnesiophyceae*는 영양염 농도가 낮은 외해역에 분포하는 것으로 보고된 과거의 연구 결과와 같았다(Not et al., 2008; Lepère et al., 2009).

4.3 다양한 분석 기법을 이용한 동중국해 식물플랑크톤 분석의 장점과 필요성

식물플랑크톤은 크기가 매우 다양하며(Finkel et al., 2010), 보유한 엽록체의 양이 상이해(Tomas, 1997) 엽록소 *a* 농도와 현존량이 다른 경향을 나타낼 수 있다. 그렇기 때문에 이들이 가진 특성을 면밀히 파악하기 위하여 다양한 분석 기법이 수행되어야 한다. FlowCAM은 소형과 미소형 식물플랑크톤을, flow cytometry는 미소형과 초미소 식물플랑크톤의 분류군별 개체수를 파악하기 위해 사용되며, 특정 분류군의 개체수를 빠르고 간편하게 측정할 수 있기 때문에 식물플랑크톤 분석에 널리 쓰인다(Phinney and Cucci, 1989; Moutier et al., 2017). 본 조사에서도 FlowCAM을 이용하여 정선 1에서 소형 식물플랑크톤의 종조성과 개체수를 파악할 수 있었고, flow cytometry를 이용하여 남동쪽 정점의 *Synechococcus*의 높

은 개체수를 통해 대마난류의 영향을 확인하였다(Table 2, Fig. 4 and Table 3). 하지만 FlowCAM과 flow cytometry는 flow cell의 폭보다 큰 식물플랑크톤의 분석은 어렵다. 이번 조사에서 1-3 정점의 *N. scintillans*의 경우 직경이 2000~200 μm 이기 때문에(Tada et al., 2000), 선여과 과정에서 대부분이 여과되어 FlowCAM 분석 결과 거의 출현하지 않았다. 광학 현미경을 이용한 분석은 관찰 가능한 식물플랑크톤의 크기에 제약이 없기 때문에 FlowCAM이 가진 단점을 보완할 수 있지만(Table 4), 크기가 작은 식물플랑크톤은 현존량이 과소평가될 수 있다. 이번 광학 현미경을 이용한 현존량 분석에 있어서도 기존 동중국해 문헌에서 언급된 현존량보다 낮게 측정되는 경향이 확인되었다(Jiang et al., 2015). 크기가 작은 식물플랑크톤에 대하여 동정 및 계수에 대한 오차가 발생하였기 때문으로 생각되며, 이는 flow cytometry나 FlowCAM을 이용하여 보완이 가능하다. 광학 현미경과 FlowCAM, flow cytometry를 이용하여 미소 이상 크기의 식물플랑크톤은 군집 구조와 다양성 분석이 가능하지만, 더 작은 초미소 식물플랑크톤의 다양성은 확인이 어렵다. 이를 극복하기 위하여 분자생물학적인 방법인 NGS를 이용하여 PPE와 PPP의 다양성을 분석함으로써 기존의 방식이 가지는 한계를 보완하였다. 결과적으로 장강 저염수의 세력이 강한 정점에서 크기에 따른 우점 분류군이 변화할 수 있다는 사실을 확인할 수 있었다. 따라서, 다양한 분석 기법은 장단점이 존재하므로 다양한 방식을 활용하여 상호보완을 통해 변수를 줄이고 이용 가치가 높은 결과를 도출하여야 한다.

4.4 IORS가 가질 수 있는 동중국해 해역 식물플랑크톤 연구의 대표성

장기 체류를 통해 외해역에서 연속적인 정보를 획득할 수 있는 IORS(Byun et al., 2021)는 하계 장강 저염수 수괴 이동의 경로이자 대마난류가 대한민국 남부를 거쳐 가는 동선이며, 북서태평양에서 발생하는 태풍의 주요 경로이다(Liu et al., 2020; Hu et al., 2020). 승선 조사를 이용한 공간 분포 조사와 더불어 IORS에서 8월 15일부터 21일까지 7일간 체류 조사를 실시하여 고정점에서의 관측이 동중국해 해역 식물플랑크톤 분석에 대한 기준이 될 수 있을지 비교해보았다. 본 연구에서는 체류 조사를 통하여 과학기지에서의 조사가 동중국해의 일반적인 식물플랑크톤 분포 특성을 대변할 수 있을 것으로 예상하였다. 수온과 염분을 비교하였을 때, 정점 2-2와 IORS의 결과는 유사했다(Fig. 6a and Fig. 6b). CTD 형광과 엽록소 *a* 농도는 본 조사 시 비슷한 값을 보였고, IORS 조사 후기에 크게 증가하였다(Fig. 6c and Fig. 6g). 영양염 분석 결과는 조사 항목 모두 차이를 보였는데, IORS 조사 후기로 갈수록 공간 분포 조사의 영양염 농도와 비슷해지는 경향을 보이는 것으로 보아 고정점으로 수송되는 영양염 농

도는 동일 일자에는 달랐으나 경향을 추적할 수 있을 것으로 판단된다. Flow cytometry 분석 결과 PPE를 제외한 분류군이 비슷한 값을 나타냈다(Fig. 6j-l). PPE는 공간 분포 조사에서 더 높은 개체수를 보였는데, 영양염 농도 변화와 마찬가지로 IORS 조사 후기에서 개체수가 증가하는 것으로 보아 경향 추적이 이용될 수 있다. NGS 분석에서 표층에서 유사한 값으로 어느 정도 경향성이 일치하였고, 세부 분류군 조성에 있어 분류군의 정확도 차이를 보였다(Fig. 8). 이는 추가적인 분석을 통해 해상력을 올려 비교와 분석이 필요할 것으로 보이며 현재는 상위 분류군에서의 경향 변화를 설명할 수 있을 것으로 보고 있다. 도출된 결과를 바탕으로 하여 군집화를 수행하였고(Fig. 7), IORS는 가장 가까운 정점 2-2 및 정선 1과 같은 군집으로 묶이는 결과로 보아 저염수가 유입되는 환경의 동중국해를 대표할 수 있는 것으로 생각된다. 대마난류의 영향을 받는 2-1와 3-1 정점은 별개의 군집화가 이루어졌기 때문에 해당 군집화 결과가 보이는 해역의 특성을 잘 나타낸 것으로 보인다.

IORs에서의 다양한 분석은 결과적으로 장강 저염수가 유입되는 동중국해 해역과 유사한 경향을 보여주었고, 단기적인 변화까지 추적할 수 있었다. 하지만 특이적으로 발생하는 *N. scintillans*의 대변성을 파악하기엔 어려움이 있었다. 공간 조사와 고정점 연속 관측을 동시에 수행할 수 있다면 이 해역의 식물플랑크톤 군집 구조와 다양성 변화를 선제적으로 분석하고 향후 변동 예측까지 분석할 수 있을 것으로 기대한다.

5. 결론

하계 동중국해 해역의 공간 분포 조사 결과, 장강 저염수의 영향을 받은 조사 해역 남서쪽은 담수 기원의 낮은 염분과 육지 기원의 높은 질산염, 규산염 그리고 인산염 농도를 나타냈다. 대마난류의 영향을 받은 조사 해역 남동쪽은 높은 염분과 낮은 질산염, 규산염 그리고 인산염 농도를 나타냈다. 해역에 영향을 미치는 두 수괴의 특성이 상이하야 분포하는 식물플랑크톤의 군집 구조와 다양성이 영향을 받았다. 장강 저염수의 영향을 받는 남서쪽 해역은 높은 농도의 영양염 유입과 장강 하구에 서식하던 소형 식물플랑크톤의 외해역 이동에 따라 총 엽록소 *a* 농도가 높았고, 소형 식물플랑크톤인 규조류와 와편모조류의 개체수가 높게 나타났다. 반면 대마난류의 영향을 받아 영양염 농도가 낮은 남동쪽에서는 총 엽록소 *a* 농도가 낮았으며, 초미소 식물플랑크톤의 기여율이 높았다. NGS 분석 결과 PPP인 *Synechococcus*는 총 29개의 clades가 나타났고, PPE는 총 163개의 OTU가 나타나 높은 다양성을 보였다. 다양한 분류군들은 선호하는 환경에 맞춰 다양성과 우점 분류군이 차이를 나타냈다. PPP에 속하는 *Synechococcus* clades 중 한 시료에서 한 번이라도

1% 이상의 우점율을 보인 clade는 11개였으며, 빈영양 환경을 선호하는 *Prochlorococcus*는 남쪽 해역에서 HL 생태형이 출현하였다. 장강 저염수의 영향을 받는 정점에서는 고수온성인 clade II가 우점 분류군이었으며 고영양 환경을 선호하는 clades I과 IV는 영양염류 농도가 높은 중층에서 우점율이 높았다. PPE는 저염 환경을 선호하는 *Amphidinium testudo*가 우점 분류군이었고, SCM 층에서 고영양 환경을 선호하는 녹조류가 최우점하였다. 대마난류의 영향을 받는 해역에서는 빈영양 해역을 선호하는 다양한 작편모조류가 우점 분류군이었다. 이어도 해양과학기지(IORS: Ieodo Ocean Research Station)의 조사는 주변 정점들과 비교하여 식물플랑크톤 군집 구조와 다양성의 유사성을 확인할 수 있었으며, 고정점에서 연속적인 7일간의 자료를 획득하였다. 연구 결과는 IORS가 동중국해의 하계 장강 저염수 확장 시기에 생태계 변화 추적에 활용될 수 있는 가능성을 확인할 수 있었다. 향후 장기적인 관점에서 IORS를 활용하여 기후변화에 따른 하계 동중국해의 환경과 생태계 변화 추적을 위한 효율적 방안 수립이 필요하다. 또한, 지속적 자료 획득을 통해 국가적 차원의 기후변화 대응 방안 수립에 기여할 수 있는 방안을 찾는 논의가 필요하다.

사 사

이 논문은 2021년 해양수산부의 재원으로 한국해양과학기술진흥원의 지원을 받아 수행된 연구임(관할해역 첨단 해양과학기지 구축 및 융합연구)

References

- [1] Ahlgren, N. A. and G. Rocap(2012), Diversity and distribution of marine *Synechococcus*: multiple gene phylogenies for consensus classification and development of qPCR assays for sensitive measurement of clades in the ocean. *Frontiers in Microbiology*, Vol. 3, No. 213.
- [2] Alric, B., C. J. Ter Braak, Y. Desvignes, H. Lebretonchel, and S. Dray(2020), Investigating microbial associations from sequencing survey data with correspondence analysis, *Molecular ecology resources*, Vol. 20, No. 2, pp. 468-480.
- [3] Arar, E. J. and G. B. Collins(1997), Method 445.0: In vitro determination of chlorophyll *a* and pheophytin *a* in marine and freshwater algae by fluorescence, *Cincinnati: United States Environmental Protection Agency, Office of Research and Development, National Exposure Research Laboratory*, pp. 1-22.
- [4] Byun, D. S., J. Y. Jeong, D. J. Kim, S. Hong, K. T. Lee, and K. Lee(2021), *Ocean and atmospheric observations at the*

- remote Ieodo Ocean Research Station in the northern East China Sea, *Frontiers in Marine Science*, Vol. 8, No. 714.
- [5] Chang, P. H. and A. Isobe(2003), A numerical study on the Changjiang diluted water in the Yellow and East China Seas, *Journal of Geophysical Research: Oceans*, Vol. 108, Article. C9.
- [6] Chen, C. T. A.(2008), Distributions of nutrients in the East China Sea and the South China Sea connection, *Journal of Oceanography*, Vol. 64 No. 5, pp. 737-751.
- [7] Chen, Y. L. L., H. Y. Chen, G. C. Gong, Y. H. Lin, S. Jan, and M. Takahashi(2004), Phytoplankton production during a summer coastal upwelling in the East China Sea, *Continental Shelf Research*, Vol. 24, No. 12, pp. 1321-1338.
- [8] Choi, B. H.(1984), A three-dimensional model of the East China Sea. In Elsevier oceanography series, Vol. 39, pp. 209-224.
- [9] Choi, D. H.(2012), Picocyanobacterial diversity and distribution during summer in the northern East China Sea, *Ocean and Polar Research*, Vol. 34, No. 1, pp. 19-28.
- [10] Choi, D. H., S. M. An, S. Chun, E. C. Yang, K. E. Selph, C. M. Lee, and J. H. Noh(2016), Dynamic changes in the composition of photosynthetic picoeukaryotes in the northwestern Pacific Ocean revealed by high-throughput tag sequencing of plastid 16S rRNA genes, *FEMS microbiology ecology*, Vol. 92, No. 2.
- [11] Choi, D. H. and J. H. Noh(2009), Phylogenetic diversity of *Synechococcus* strains isolated from the East China Sea and the East Sea, *FEMS microbiology ecology*, Vol. 69, No. 3, pp. 439-448.
- [12] Choi, D. H., J. H. Noh, M. S. Hahm, and C. M. Lee(2011), Picocyanobacterial abundances and diversity in surface water of the northwestern Pacific Ocean, *Ocean Science Journal*, Vol. 46, No. 4, pp. 265-271.
- [13] Choi, D. H., J. H. Noh, and J. Shim(2013), Seasonal changes in picocyanobacterial diversity as revealed by pyrosequencing in temperate waters of the East China Sea and the East Sea, *Aquatic Microbial Ecology*, Vol. 71, No. 1, pp. 75-90.
- [14] Christaki, U., S. Genitsaris, S. Monchy, L. L. Li, S. Rachik, E. Breton, and T. Sime-Ngando(2017), Parasitic eukaryotes in a meso-eutrophic coastal system with marked *Phaeocystis globosa* blooms, *Frontiers in Marine Science*, Vol. 4, No. 416.
- [15] Edmond, J. M., A. Spivack, B. C. Grant, H. Ming-Hui, C. Zexiam, C. Sung, and Z. Xiushan(1985), Chemical dynamics of the Changjiang estuary, *Continental Shelf Research*, Vol. 4, No. 1-2, pp. 17-36.
- [16] Faria, D. G., M. D. Lee, J. B. Lee, J. Lee, M. Chang, S. H. Youn, Y. S. Suh, and J. S. Ki(2014), Molecular diversity of phytoplankton in the East China Sea around Jeju Island (Korea), unraveled by pyrosequencing, *Journal of Oceanography*, Vol. 70, No. 1, pp. 11-23.
- [17] Finkel, Z. V., J. Beardall, K. J. Flynn, A. Quigg, T. A. V. Rees, and J. A. Raven(2010), Phytoplankton in a changing world: cell size and elemental stoichiometry, *Journal of plankton research*, Vol. 32, No. 1, pp. 119-137.
- [18] Furuya, K., M. Hayashi, Y. Yabushita, and A. Ishikawa(2003), Phytoplankton dynamics in the East China Sea in spring and summer as revealed by HPLC-derived pigment signatures, *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, Vol. 50, No. 2, pp. 367-387.
- [19] Gomes, H. D. R., Q. Xu, J. Ishizaka, E. J. Carpenter, P. L. Yager, and J. I. Goes(2018), The influence of riverine nutrients in niche partitioning of phytoplankton communities - a contrast between the Amazon River Plume and the ChangJiang (Yangtze) River diluted water of the East China Sea, *Frontiers in Marine Science*, Vol. 5, No. 343.
- [20] Gong, G. C., Y. L. L. Chen, and K. K. Liu(1996), Chemical hydrography and chlorophyll a distribution in the East China Sea in summer: implications in nutrient dynamics, *Continental Shelf Research*, Vol. 16, No. 12, pp. 1561-1590.
- [21] Gong, G. C., J. Chang, K. P. Chiang, T. M. Hsiung, C. C. Hung, S. W. Duan, and L. A. Codispoti(2006), Reduction of primary production and changing of nutrient ratio in the East China Sea: Effect of the Three Gorges Dam?, *Geophysical Research Letters*, Vol. 33, No. 7.
- [22] Harrison, P. J., K. Furuya, P. M. Glibert, J. Xu, H. B. Liu, K. Yin, J. H. W. Lee, D. M. Anderson, R. Gowen, A. R. Al-Azri, and A. Y. T. Ho(2011), Geographical distribution of red and green *Noctiluca scintillans*, *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, Vol. 29, No. 4, pp. 807-831.
- [23] Herdman, E. C.(1924), Notes on dinoflagellates and other organisms causing discolouration of the sand at Port Erin. 4. In *Trans, Liverpool Biol. Soc*, Vol. 38, pp. 75-84.
- [24] Hung, C. C., C. C. Chung, G. C. Gong, S. Jan, Y. Tsai, K. S. Chen, K. S. Chou, M. A. Lee, Y. Chang, M. H. Chen, W. R. Yang, C. J. Tseng, and G. Gawarkiewicz(2013), Nutrient supply in the southern East China Sea after typhoon Morakot. *Journal of Marine Research*, Vol. 71, No. 1-2, pp. 133-149.
- [25] Hu, Y., W. Shao, Y. Wei, and J. Zuo(2020), Analysis of typhoon-induced waves along typhoon tracks in the Western North Pacific Ocean, 1998 - 2017, *Journal of Marine Science and Engineering*, Vol. 8, No. 7, p. 521.
- [26] Ichikawa, H. and R. C. Beardsley(2002), The current system

- in the Yellow and East China Seas, *Journal of Oceanography*, Vol. 58, No. 1, pp. 77-92.
- [27] Isobe, A.(2008), Recent advances in ocean-circulation research on the Yellow Sea and East China Sea shelves, *Journal of Oceanography*, Vol. 64, No. 4, pp. 569-584.
- [28] Jakobsen, H. H. and J. Carstensen(2011), FlowCAM: sizing cells and understanding the impact of size distributions on biovolume of planktonic community structure, *Aquatic Microbial Ecology*, Vol. 65, No. 1, pp. 75-87.
- [29] Jiang, Z., J. Chen, F. Zhou, L. Shou, Q. Chen, B. Tao, Y. Xiaojun, and K. Wang(2015), Controlling factors of summer phytoplankton community in the Changjiang (Yangtze River) Estuary and adjacent East China Sea shelf, *Continental Shelf Research*, Vol. 101, pp. 71-84.
- [30] Johnson, Z. I., E. R. Zinser, A. Coe, N. P. McNulty, E. M. S. Woodward, and S. W. Chisholm(2006), Niche partitioning among *Prochlorococcus* ecotypes along ocean-scale environmental gradients, *Science*, Vol. 311, No. 5768, pp. 1737-1740.
- [31] Kang, J. H.(2020), Observation of items fed by *Noctiluca scintillans* around Dokdo in spring, *The Sea*, Vol. 25, No. 4, pp. 160-172.
- [32] Kim, H. C., H. Yamaguchi, S. Yoo, J. Zhu, K. Okamura, Y. Kiyomoto, K. Tanaka, S. Kim, and J. Ishizaka(2009), Distribution of Changjiang diluted water detected by satellite chlorophyll-*a* and its interannual variation during 1998-2007, *Journal of Oceanography*, Vol. 65, No. 1, pp. 129-135.
- [33] Kim, Y., S. H. Youn, H. J. Oh, J. J. Kang, J. H. Lee, D. Lee, K. Kim, H. K. Jang, J. Lee, and S. H. Lee(2020), Spatiotemporal Variation in Phytoplankton Community Driven by Environmental Factors in the Northern East China Sea, *Water*, Vol. 12, No. 10, p. 2695.
- [34] Kitatsuji, S., H. Yamaguchi, T. Asahi, K. Ichimi, G. Onitsuka, and K. Tada(2019), Does *Noctiluca scintillans* end the diatom bloom in coastal water?, *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, Vol. 510, pp. 10-14.
- [35] Lee, Y., E. J. Yang, S. Youn, and J. K. Choi(2018), Influence of the Changjiang diluted waters on the nanophytoplankton distribution in the northern East China Sea, *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, Vol. 98, No. 7, pp. 1535-1545.
- [36] Lefevre, F., C. Le Provost, and F. H. Lyard(2000), How can we improve a global ocean tide model at a regional scale? A test on the Yellow Sea and the East China Sea, *Journal of Geophysical Research: Oceans*, Vol. 105, No. C4, pp. 8707-8725.
- [37] Lepère, C., D. Vaillot, and D. J. Scanlan(2009), Photosynthetic picoeukaryote community structure in the South East Pacific Ocean encompassing the most oligotrophic waters on Earth, *Environmental microbiology*, Vol. 11, No. 12, pp. 3105-3117.
- [38] Li, M., K. Xu, M. Watanabe, and Z. Chen(2007), Long-term variations in dissolved silicate, nitrogen, and phosphorus flux from the Yangtze River into the East China Sea and impacts on estuarine ecosystem, *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, Vol. 71, No. 1-2, pp. 3-12.
- [39] Lie, H. J., C. H. Cho, J. H. Lee, and S. Lee(2003), Structure and eastward extension of the Changjiang River plume in the East China Sea, *Journal of Geophysical Research: Oceans*, Vol. 108, No. C3.
- [40] Liu, G., X. Li, J. Wang, Y. Kou, and X. Wang(2020), Research on the statistical characteristics of typhoon frequency, *Ocean Engineering*, Vol. 209, No. 107489.
- [41] Liu, S. M., X. H. Qi, X. Li, H. R. Ye, Y. Wu, J. L. Ren, J. Zhang, and W. Y. Xu(2016), Nutrient dynamics from the Changjiang (Yangtze River) estuary to the East China Sea, *Journal of Marine Systems*, Vol. 154, pp. 15-27.
- [42] Marie, D., N. Simon, L. Guillou, F. Partensky, and D. Vaillot (2000), Flow cytometry analysis of marine picoplankton, In *Living Color*, pp. 421-454.
- [43] Mella-Flores, D., S. Mazard, F. Humily, F. Partensky, F. Mahé, L. Bariat, C. Courties, D. Marie, J. Ras, and L. Garczarek(2011), Is the distribution of *Prochlorococcus* and *Synechococcus* ecotypes in the Mediterranean Sea affected by global warming?, *Biogeosciences*, Vol. 8, No. 9, pp. 2785-2804.
- [44] Miyaguchi, H., Fujiki, T., Kikuchi, T., Kuwahara, V. S., and Toda, T.(2006), Relationship between the bloom of *Noctiluca scintillans* and environmental factors in the coastal waters of Sagami Bay, Japan, *Journal of Plankton Research*, Vol. 28, No. 3, pp. 313-324.
- [45] Moutier, W., L. Duforêt-Gaurier, M. Thyssen, H. Loisel, X. Meriaux, L. Courcot, D. Dessailly, A. Rêve, G. Grégori, and M. Dugenne(2017), Evolution of the scattering properties of phytoplankton cells from flow cytometry measurements, *PLoS One*, Vol. 12, No. 7, p. e0181180.
- [46] Not, F., M. Latasa, R. Scharek, M. Viprey, P. Karleskind, V. Balagué, I. Ontoria-Oviedo, A. Cumino, E. Goetze, and R. Massana(2008), Protistan assemblages across the Indian Ocean, with a specific emphasis on the picoeukaryotes, *Deep Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers*, Vol. 55, No. 11, pp. 1456-1473.
- [47] Padmakumar, K. B., G. SreeRanjima, C. L. Fanimol, N. R. Menon, and V. N. Sanjeevan(2010), Preponderance of

- heterotrophic *Noctiluca scintillans* during a multi-species diatom bloom along the southwest coast of India, *International Journal of Oceans and Oceanography*, Vol. 4, No. 1, pp. 55-63.
- [48] Pei, S., Z. Shen, and E. A. Laws(2009), Nutrient dynamics in the upwelling area of Changjiang (Yangtze River) estuary, *Journal of Coastal Research*, Vol. 25, No. 3, pp. 569-580.
- [49] Phinney, D. A. and T. L. Cucci(1989), Flow cytometry and phytoplankton, *Cytometry: The Journal of the International Society for Analytical Cytology*, Vol. 10, No. 5, pp. 511-521.
- [50] Qingshan, L., S. Jun, S. Zhiliang, S. Shuqun, and W. Min (2006), Phytoplankton assemblage of Yangtze River Estuary and the adjacent East China Sea in summer, 2004, *Journal of Ocean University of China*, Vol. 5, No. 2, pp. 123-131.
- [51] Shim, J. H.(1994), Illustrated encyclopedia of fauna and flora of Korea, vol. 34 Marine phytoplankton. Ministry of Education, Korea (in Korean).
- [52] Sohm, J. A., N. A. Ahlgren, Z. J. Thomson, C. Williams, J. W. Moffett, M. A. Saito, E. A. Webb, G. and Rocop(2016), Co-occurring *Synechococcus* ecotypes occupy four major oceanic regimes defined by temperature, macronutrients and iron, *The ISME Journal*, Vol. 10, No. 2, pp. 333-345.
- [53] Somerville, C. C., I. T. Knight, W. L. Straube, and R. R. Colwell(1989), Simple, rapid method for direct isolation of nucleic acids from aquatic environments, *Applied and environmental microbiology*, Vol. 55, No. 3, pp. 548-554.
- [54] Song, S., Z. Li, C. Li, and Z. Yu(2017), The response of spring phytoplankton assemblage to diluted water and upwelling in the eutrophic Changjiang (Yangtze River) Estuary, *Acta Oceanologica Sinica*, Vol. 36, No. 12, pp. 101-110.
- [55] Sun, X., F. Shen, D. Liu, R. G. Bellerby, Y. Liu, and R. Tang(2018), In situ and satellite observations of phytoplankton size classes in the entire continental shelf sea, China, *Journal of Geophysical Research: Oceans*, Vol. 123, No. 5, pp. 3523-3544.
- [56] Tada, K., S. Pithakpol, R. Yano, and S. Montani(2000), Carbon and nitrogen content of *Noctiluca scintillans* in the Seto Inland Sea, Japan, *Journal of plankton research*, Vol. 22, No. 6, pp. 1203-1211.
- [57] Tomas, C. R.(1997), Identifying marine phytoplankton, Elsevier.
- [58] Wageman, J. M., T. W. Hilde, and K. O. Emery(1970), Structural framework of East China Sea and Yellow Sea, *AAPG Bulletin*, Vol. 54, No. 9, pp. 1611-1643.
- [59] Wang, B.(2006), Cultural eutrophication in the Changjiang (Yangtze River) plume: History and perspective, *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, Vol. 69, No. 3-4, pp. 471-477.
- [60] Wang, F., Y. Xie, W. Wu, P. Sun, L. Wang, and B. Huang(2019), Picoeukaryotic diversity and activity in the northwestern Pacific Ocean based on rDNA and rRNA high-throughput sequencing, *Frontiers in microbiology*, Vol. 9, Article 3259.
- [61] Wei, K., C. Ouyang, H. Duan, Y. Li, M. Chen, J. Ma, H. An, and S. Zhou(2020), Reflections on the catastrophic 2020 Yangtze River Basin flooding in southern China, *The Innovation*, Vol. 1, No. 2.
- [62] Yoon, Y. H.(2003), Spatial distribution of phytoplankton community and red tide of dinoflagellate, *Prorocentrum donghaiense* in the East China Sea during early summer, *Korean J Environ Biol*, Vol. 21, pp. 132-141.
- [63] Yoon, Y. H., J. S. Park, H. Y. Soh, and D. J. Hwang(2005), On the marine environment and distribution of phytoplankton community in the northern East China Sea in early summer 2004, *Journal of the Korean Society for Marine Environment & Energy*, Vol. 8, No. 2, pp. 100-110.
- [64] Zhao, Y., R. C. Yu, F. Z. Kong, C. J. Wei, Z. Liu, H. X. Geng, L. D. Zheng, Q. C. Zhang, and M. J. Zhou(2019), Distribution patterns of picosized and nanosized phytoplankton assemblages in the East China Sea and the Yellow Sea: implications on the impacts of Kuroshio intrusion, *Journal of Geophysical Research: Oceans*, Vol. 124, No. 2, pp. 1262-1276.
- [65] Zhou, M. J., Z. L. Shen, and R. C. Yu(2008), Responses of a coastal phytoplankton community to increased nutrient input from the Changjiang (Yangtze) River, *Continental Shelf Research*, Vol. 28, No. 12, pp. 1483-1489.
- [66] Zhou, W., K. Yin, A. Long, H. Huang, L. Huang, and D. Zhu (2012), Spatial-temporal variability of total and size-fractionated phytoplankton biomass in the Yangtze River Estuary and adjacent East China Sea coastal waters, China, *Aquatic Ecosystem Health & Management*, Vol. 15, No. 2, pp. 200-209.
- [67] Zwirgmaier, K., L. Jardillier, M. Ostrowski, S. Mazard, L. Garczarek, D. Vaultot, F. Not, R. Massama, O. Ulloa, and D. J. Scanlan(2008), Global phylogeography of marine *Synechococcus* and *Prochlorococcus* reveals a distinct partitioning of lineages among oceanic biomes, *Environmental microbiology*, Vol. 10, No. 1, pp. 147-161.

Received : 2021. 10. 25.

Revised : 2021. 11. 15.

Accepted : 2021. 12. 28.

부 록

Appendix I. Salinity, temperature, CTD-fluorescence and nutrients data at different depth according to the station of the survey area

CTD/Nutrients	Depth	Station											
		1-1	1-2	1-3	1-4	1-5	2-1	2-2	2-3	3-1	3-2	3-3	3-4
Salinity	0	23.40	25.09	26.99	27.63	28.04	27.77	26.83	29.28	27.60	26.49	28.32	30.46
	10	25.84	27.16	27.52	28.37	30.07	27.77	28.23	30.08	27.60	26.81	29.71	30.84
	20	30.53	31.69	31.35	31.03	30.93	30.04	30.69	30.86	27.96	31.05	30.83	31.58
	30	32.63	32.52	31.62	31.75	31.52	32.53	31.71	31.89	31.69	31.95	31.81	32.26
	50	-	-	-	-	-	32.89	32.14	32.93	32.60	32.37	32.96	33.19
CTD Temp. (°C)	0	28.74	28.58	28.23	29.00	28.51	29.76	29.07	28.26	29.06	28.46	28.73	28.04
	10	28.44	28.72	27.19	27.75	26.83	29.70	28.45	26.88	29.04	27.88	27.90	27.18
	20	24.88	21.21	20.14	23.71	23.71	25.56	24.53	23.85	28.37	23.24	24.79	20.51
	30	20.61	20.4	19.53	17.14	18.19	19.86	18.75	19.44	18.67	16.87	17.00	16.72
	50	-	-	-	-	-	20.05	15.74	14.31	19.15	15.78	14.68	14.32
Fluore.	0	0.52	0.22	1.28	1.72	0.25	0.54	1.17	0.19	0.24	0.52	0.10	0.03
	10	1.72	2.36	2.93	1.73	0.06	0.49	0.36	0.14	0.20	1.37	0.04	0.06
	20	N.D.	N.D.	N.D.	0.46	0.32	0.37	0.40	0.59	0.16	0.29	0.24	0.53
	30	N.D.	N.D.	N.D.	N.D.	0.05	N.D.	0.41	0.66	N.D.	0.07	0.29	1.50
	50	-	-	-	-	-	0.14	0.21	0.04	N.D.	N.D.	N.D.	0.02
Nutrients NO ₃ (μM)	0	8.73	4.95	2.96	1.73	3.03	5.01	2.26	6.21	3.46	3.48	2.00	0.99
	10	2.73	-	4.24	-	2.20	3.97	2.75	-	2.86	1.29	-	0.94
	20	2.34	-	4.13	-	2.71	3.97	1.75	-	3.13	1.49	-	3.05
	30	2.54	-	5.46	-	4.41	6.96	6.14	4.01	4.33	4.62	-	1.53
	50	-	-	-	-	-	6.99	4.43	-	2.08	4.28	-	2.20
Nutrients PO ₄ (μM)	0	0.09	0.09	0.30	0.25	0.05	0.04	0.04	0.22	0.02	0.11	0.06	0.07
	10	0.07	-	0.10	-	0.06	0.03	0.03	-	0.08	0.11	-	0.09
	20	0.09	-	0.11	-	0.08	0.10	0.08	-	0.15	0.11	-	0.10
	30	0.11	-	0.19	-	0.17	0.35	0.14	0.05	0.23	0.26	-	0.15
	50	-	-	-	-	-	0.34	0.21	-	0.11	0.35	-	0.03
Nutrients SiO ₂ (μM)	0	10.35	6.67	3.96	0.49	1.56	1.34	1.21	5.78	1.13	2.62	1.96	0.49
	10	2.37	-	4.62	-	1.09	0.94	2.12	-	2.55	4.13	-	1.36
	20	3.42	-	7.08	-	2.39	5.64	2.55	-	6.67	6.27	-	3.75
	30	4.25	-	7.97	-	4.23	11.92	5.74	1.13	7.95	7.35	-	5.30
	50	-	-	-	-	-	11.55	5.74	-	6.13	7.08	-	1.21
Nutrients N:P ratio	0	97	55	10	7	61	125	57	28	173	32	33	14
	10	42	-	42	-	37	132	92	-	36	12	-	10
	20	27	-	38	-	34	40	22	-	21	14	-	31
	30	23	-	29	-	26	20	44	80	19	18	-	10
	50	-	-	-	-	-	21	21	-	19	12	-	73

*N.D.: Not Detected

Appendix II. The phylogenetic trees showing the relationship among the PPE sequences. GenBank accession numbers are written the right of the clones. Each classes were defined with the black transect line (right)

