



LÕPPARUANNE

Mikroorganismide roll Eesti rannikumere ökoloogilise seisundi, aineringe tüübi ning isepuhastumisvõime määratlemisel

Leping 4-1/18/27

VI etapp

Koostajad:

Peeter Laas, Kai Künnis-Beres, Germo Väli, Inga Lips, Urmas Lips

Vastutav täitja: Dr. Peeter Laas
E-mail: peeter.laas@taltech.ee
Tel.: 56260069

Tallinna Tehnikaülikool
Loodusteaduskond
Meresüsteemide instituut
2020

Sisukord

Sisukord	2
1. Sissejuhatus	4
2. Ülevaade läbiviidud analüüsides ja kasutatud meetodikatest	6
2.1 Uuringualad, hüdrograafiliste andmete ja veeproovide kogumine	6
2.3 Keemiliste parameetrite analüüsid	6
2.4 Mikroobikoosluste analüüsid	6
2.4.1 Voolutsütomeetria	6
2.4.2 Mikroskoopia	7
2.4.3 Molekulaarsed analüüsid	7
2.5 Hüdrodünaamika mudel	7
3. Tulemused	10
3.1 Füüsikalise-keemiliste parameetrite dünaamika	10
3.2.1 Kolga laht	10
3.2.2 Paldiski laht	12
3.2.3 Tagalaht	14
3.3 Bakterplanktoni arvukuse dünaamika	16
3.3.1 Kolga laht 2018 - 2019	16
3.3.2 Paldiski laht 2018 - 2019	17
3.3.3 Tagalaht 2018 - 2019	19
3.4 Fütoplanktoni koosluste dünaamika	19
3.4.1 Kolga laht	19
3.4.1.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2018 aastal	19
3.4.1.2 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2019 aastal	19
3.4.2 Paldiski laht	21
3.4.2.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2018 aastal	21
3.4.2.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2019 aastal	22
3.4.3 Tagalaht	25
3.4.3.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2018 aastal	25
3.4.3.2 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2019 aastal	25
3.5 Mikroobikoosluste molekulaarsed analüüsid	26
3.5.1 16S rRNA geenil põhinev (bakterplanktoni) koosluste analüüs	26
3.5.2 18S rRNA geenipõhine (eukarüootse) planktoni koosseisu analüüs	30
3.6 Hoovuste režiim ja muutlikkus	33
3.6.1 Kolga laht	33
3.6.2 Paldiski laht	36
3.6.3 Tagalaht	39
4. Uurimistöö tulemusi integreeriv arutelu	43
4.1 Mikroobikooslused ja keskkonnaseisund	43
4.2 Patogeensed ja toksilised mikroobid	45
4.2.1 Potentsiaalselt ohtlike bakterplanktoni taksonite esinemine	45
4.2.2 Potentsiaalselt toksiliste fütoplanktoni liikide esinemine	46

5. Lühikokkuvõte	48
6. Kasutatud kirjandus	49
Lisad	51
1.1 Uuringualad ja veeproovide kogumine	51
1.2 Füüsikalised-keemilised lisaandmed	57
1.3 Bakterplanktoni arvukus	60

1. Sissejuhatus

Mikroorganismid omavad olulist rolli mereökosüsteemide ainerings ja toiduvõrgustikes. Fütoplankton, autotroofsed planktilised mikroorganismid, on mere peamised primaarprodutsendid ja on aluseks klassikalisele toiduahelale meres (mikrofütoplankton -> zooplankton -> kalad). Seetõttu on fütoplanktoni kooslusel oluline mõju mere toiduvõrgustiku toimimisel. Mikroorganismide hulka kuuluvad ka heterotroofsed mikroorganismid, kes lagundavad bioloogiliste protsesside käigus pidevalt vabanevat orgaanilist ainet ja taasvabastavad anorgaanilisi toitaineid (bakterid, arhed ja seened).

Orgaanilist ainet assimileeriv heterotroofne bakteriplankton on toiduks väiksematele protistidele (viburloomad), keda tarbivad suuremad protistid (ripsloomad) on saagiks zooplanktonile. Seeläbi käideldakse süsinik lahustunud orgaanilisest ainest tagasi toiduahelasse, seda protsessi kutsutakse mikroobseks lüngu (Azam *et al.*, 1983; Pomeroy *et al.*, 2007). Detriidi ja lahustunud orgaanika hulk määrab kui suur mikroobse lüngu osatähtsus energia- ja ainerings võrreldes primaarproduktiooniga, mis omakorda määrab toiduvõrgustiku efektiivsuse, ehk kui palju sellest jõuab mesozooplanktonini (Berglund *et al.*, 2007). Bakterite põhises toiduvõrgustikus zooplanktoni ja kalade sekundaarproduktioon madalam, sest toiduahel koosneb rohkematest astmetest. Rannikumere ökosüsteemid on seetõttu eriti tundlikud orgaanilise aine hulgast, mis lisandub maismaa allikatest (Degerman *et al.*, 2018).

Ökosüsteemide funktsioneerimises on väga olulised ka lämmastiku- ja väävliühendite transformatsioonid, mida viivad läbi kemoautotroofsed mikroorganismid, kes kombineerivad erinevaid elektronide doonorid ja aktseptoreid redoksreaktsioonidest energia saamiseks. Aeroobses keskkonnas on kõige tõhusam elektronide terminaalne aktseptor hapnik, anaeroobsetes tingimustes lähevad kasutusse ka lämmastiku ja väävliühendid, mille tulemusena toodetud redutseeritud ühendid (NH_3 ja H_2S) on mürgised kõrgematele organismidele. Läänemere lämmastikuringes mängivad olulist rolli N_2 fikseerivad tsüanobakterid, kes tagavad suure osa kõrgemate troofsete tasemeteni jõudvast lämmastikust (Wannicke *et al.*, 2013).

Mere mikroorganismide seas on veel oluline toitumisstrateegia vorm, mis kombineerib autotroofse ja heterotroofse metabolismi - miksotroofia (Stoecker *et al.*, 2017). Miksotroofne fütoplankton on võimeline toitainete lisandina tarbima detriiti või baktereid, ja nende osakaalu loetakse oluliseks toiduvõrgustiku funktsioneerimise indikaatoriks, sest muudab mikroobse lüngu osakaalu toiduvõrgustikus (Mitra *et al.*, 2014). Seetõttu aineringlus läbi mikroobikoosluste omab erinevaid radasid ja võimalusi, kõik need rajad on omavahel seostatud ning erinevate voogude domineerimine mõjutab lõppkokkuvõttes kogu ökosüsteemi.

EL merestrateegia raamdirektiiv (MSRD, 2008/56/EÜ) kohustab liikmesriike koostama meetmekava, mille rakendamine aitab saavutada või säilitada merealade head keskkonnaseisundit (HKS). Selle raames on kasutusele võetud indikaatoreid HKS hindamiseks, mille hulgas on hetkel mikroorganismide (eriti prokarüootide) koosluste mitmekesisus, struktuur ja funktsioneerimine väga halvasti esindatud (Caruso, 2014). See tuleneb peamiselt lünkadest taustaandmetes, sest liikmesriikide keskkonnaseireprogrammides on mikrobioloogilised analüüsid halvasti esindatud, ning teadmistes/metoodikates kuidas mikroobikoosluste alusel HKS hinnata, et vastavaid indikaatoreid kasutusele võtta.

Fütoplanktoni koosluste koosseisust oleneb primaarproduktiooni ülekandumine kõrgematele troofsetele tasemetele. EL MSRD raames on välja pakutud Läänemere fütoplanktoni koosluse koosseisu indeksi arendamine, mis põhineb taksonite osakaalul terve koosluse biomassist ja nende funktsionaalsetel omadustel, milleks on toiteväärtus, suurus, toksilisus ja troofsus (Lehtinen *et al.*, 2016). Bakteriplanktoni koosluste struktuuri ja funktsioneerimise analüüsimine võimaldab mõista lisaks looduslike protsessidele ka otsest antropogeenset mõju (Caruso *et al.*, 2016).

MSRD-le vastavalt kinnitati 2017. aastal Eesti merestrateegia meetmekava. Selle raames on välja pakutud meetmed, mis on vajalikud kehtestatud keskkonnavalaste sihtide ja HKS taseme saavutamiseks. Vastavalt Eesti merestrateegia meetmekavale on vajalik rakendada meede nr 2. „Vesiviljeluse piirkondlike kavade

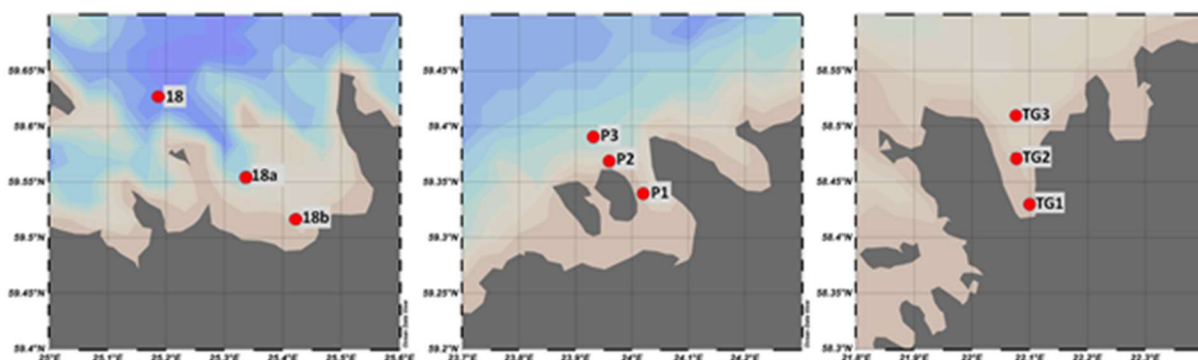
koostamine võimaliku keskkonnasurve ohjamiseks“. Eutrofeerunud Läänemere tingimustes tuleb eelistada toitainete koormuse suhtes neutraalset või siis merekeskkonnast toitaineid väljaviivat vesiviljelust. Meetme eesmärk on luua piirkondlikud vesiviljeluse kavad, mis sisaldaks vesiviljeluse liikide ja vormide piirkondlikest eripäradest lähtuvaid soovitusi ja piiranguid.

Käesoleva projekti eesmärk on teha kindlaks mere-vesiviljeluseks potentsiaalselt sobilike merealade mikroobikooslused, mikroobse aineringluse omapärad, mikroorganismide hulk ning selle piirkondlik ruumiline ja ajaline jaotus, mikroobikoosluste mitmekesisus ja funktsionaalsus (fotoautotroofid, heterotroofid, kemotroofid; aeroobid, anaeroobid). Vastavalt sellele valiti projekti uurimisobjektideks kolm kõige suurema vesiviljeluse potentsiaaliga piirkonda, neist kaks Eesti põhjarannikul – Kolga laht ja Paldiski laht, ja üks Saaremaa looderannikul – Tagalaht. Mikroobikoosluste seireks kasutati erinevaid meetodikaid: mikroskoopiat, voolutsütomeetria ja markergeenide sekveneerimist.

2. Ülevaade läbiviidud analüüsides ja kasutatud meetodikatest

2.1 Uuringualad, hüdrograafiliste andmete ja veeproovide kogumine

Sondeerimisandmete ja veeproovide kogumine viidi läbi uurimislaev Salme (TTÜ) või väiksemate alustega kolmest vesiviljeluse potentsiaaliga piirkonnast Kolga lahes, Paldiski lahes ja Tagalahes (joonis 2.1.1; lisa tabel 1.1.1). Igast lahes viidi töid läbi kolmes jaamas. Temperatuuri, soolsuse ja lahustunud hapniku vertikaalsed profiilid mõõdistati CTD-sondiga (SBE 19plus SeaCat; varustatud hapniku sensoriga). Veeproove koguti rosetiga 1,7 L Niskini pudelitesse. Osad oktoobrisse kavandatud mõõtmised lükkusid halbade ilmastikutingimuste tõttu novembri algusesse. Uurimistöö käigus viidi läbi 111 veesamba profileerimist.



Joonis 2.1.1. Uuringualad ja jaamad – Kolga laht (18b, 18, 18a), Paldiski laht (P1, P2, P3) ja Tagalaht (TG1, TG2, TG3).

2.3 Keemiliste parameetrite analüüsid

Vee keemilistest parameetritest analüüsiti kõigis kogutud proovides lahustunud toitainete – nitritite-nitraatide (NO_2+NO_3), ammoniumi (NH_4), fosfaatide (PO_4) ja silikaatide (Si) – sisaldused ning üldlämmastiku (N_{tot}) ja üldfosfori (P_{tot}) sisaldused. Proovid koguti igast proovivõtu punktist läbi kogu veesamba veepinnalt kuni põhjani vastavalt proovivõtu koha sügavusele ja vee kihistusele 5-10 m intervalliga. Analüüsid teostati Meresüsteemide instituudi (TTÜ) akrediteeritud laboris vastavalt kehtivatele rahvusvahelistele standarditele. Kokku analüüsiti 515 silikaatide, 514 ammoniumi, 511 nitritite-nitraatide, 515 üldlämmastiku, 514 fosfaatide ja 514 üldfosfori proovi. MSI mereökoloogia laboris viidi läbi ka kolorfüll *a* kontsentratsioonide määramise läbiviimine, kokku 103 proovis.

2.4 Mikroobikoosluste analüüsid

2.4.1 Voolutsütomeetria

Voolutsütomeetriline mikroorganismide kvantitatiivne ja kvalitatiivne analüüsi proovid koguti keemia proovidega samadest kohtadest ja proovivõtu sügavustelt. keemia proovidega Proovid koguti steriilsetesse 14 mL korgiga suletavatesse tuubidesse ja fikseeriti laeval/paadis vahetult peale proovide võtmist paraformaldehüüd-glutaaraldehüüdi seguga (4,5 mL proovi + 0,5 mL fiksaatorit). Fikseeritud proovid säilitati 4 °C juures. Analüüsid viidi läbi Accuri C6 (BD Biosciences) voolutsütomeetriga. Analüüsid teostati paralleelselt nii märgistamata (autofloresceeruvate organismide eristamiseks – autorooftid) kui ka eelnevalt DNA-ga seostuva florokroomiga SYBR Green I (Lonza) märgistatud (eristamaks mikroobirakke detriidi- või muudest osakestest) proovides. heterotroofsete bakterite loendus teostati 50 mikrolitrist

proovist kahes korduses (kokku 100 uL). Kahe aasta peale analüüsiti voolutsütomeetriliselt kokku 511 veeproovi (232 proovi Kolga lahest; 189 proovi Paldiski lahest; 90 proovi Tagalahest).

2.4.2 Mikroskoopia

Fütoplanktoni proovid analüüsiti vastavalt HELCOM (2017) juhendmaterjalidele ja asjakohastele rahvusvahelistele standarditele (EVS-EN 15204:2006, EVS-EN 15972:2011). Fütoplanktoni proovide analüüsimiseks kasutati invertmikroskoopi Leica DMI IL BIO ning proovid analüüsiti kasutades faaskontrastobjektiive suurendusega 20x ja 40x ning okulaaridega 10x. Biomassi määramiseks kasutati tarkvarafirma *Software Kahma Ky* loendusprogrammi AlgaPhyto. Kokku analüüsiti 36 proovi.

2.4.3 Molekulaarsed analüüsid

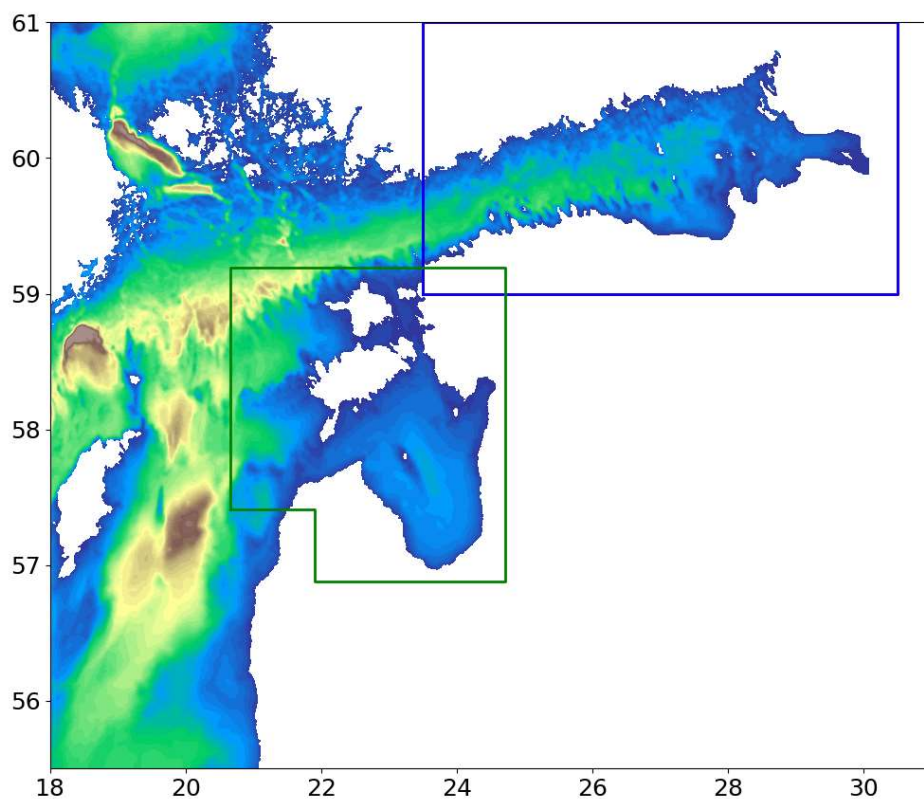
Proovid koguti steriilsetesse 1 L pudelitesse (VWR). Veeproovid filtreeriti läbi 0,2 ja 5,0 µm pooriavaga süstlafiltrite (Sartorius Minisart NML) kasutades suletud filtreerimissüsteemi. Filtrid säilitati analüüsimiseni -20 °C juures. DNA eraldamiseks kasutati CTAB meetodit (Kooistra et al., 2003). DNA eraldati mõlemal filtrilt, ehk saadi koosluse metagenoom kahes suurusfraktsioonis. Markergeeni PCR amplifikatsioon ja sekveneerimine viidi läbi mõlemale fraktsioonile eraldi. 16S rRNA geeni V3 ja V4 piirkondade amplifitseerimiseks kasutati 341F ja 805R praimereid (Herlemann *et al.*, 2011). 18S rRNA geeni piirkondade amplifitseerimiseks kasutati praimereid 574F ja 1132R (Hugerth et al., 2014). Sekveneerimisraamatukogu koostamise ja sekveneerimise viis läbi Tartu Ülikooli Genoomika instituudi tuumiklabor Illumina MiSeq järgmise põlvkonna sekvenaatoril (*Illumina MiSeq Reagent Kit v2*; lugemipikkus 2x250 bp).

Bioinformaatilisteks analüüsideks kasutati Galaxy ja QIIME2 platforme. Peale kvaliteedikontrolli ja paaris järjestuste liitmist iga proovi 5 µm ja 0,2 µm filtrite paarilt sekveneeritud geenijärjestused koondati. Kogu andmestik sisaldas lõpuks 103 16S rRNA geenipõhist koosluse analüüsi ja 18S rRNA puhul 101, sest osade proovide sekveneerimine ei õnnestunud. Osade analüüside jaoks klasderati (ing. k. *average neighbor-clustering*) geenijärjestused 97% sarnasuse alusel operatiivsetes taksonoomilisteks üksusteks (OTU) Mothur tarkvaraga (Schloss et al., 2009). Markergeeni järjestuste klassifitseerimiseks kasutati SILVA andmebaasi (versioon 132; Quast et al., 2013).

2.5 Hüdrodünaamika mudel

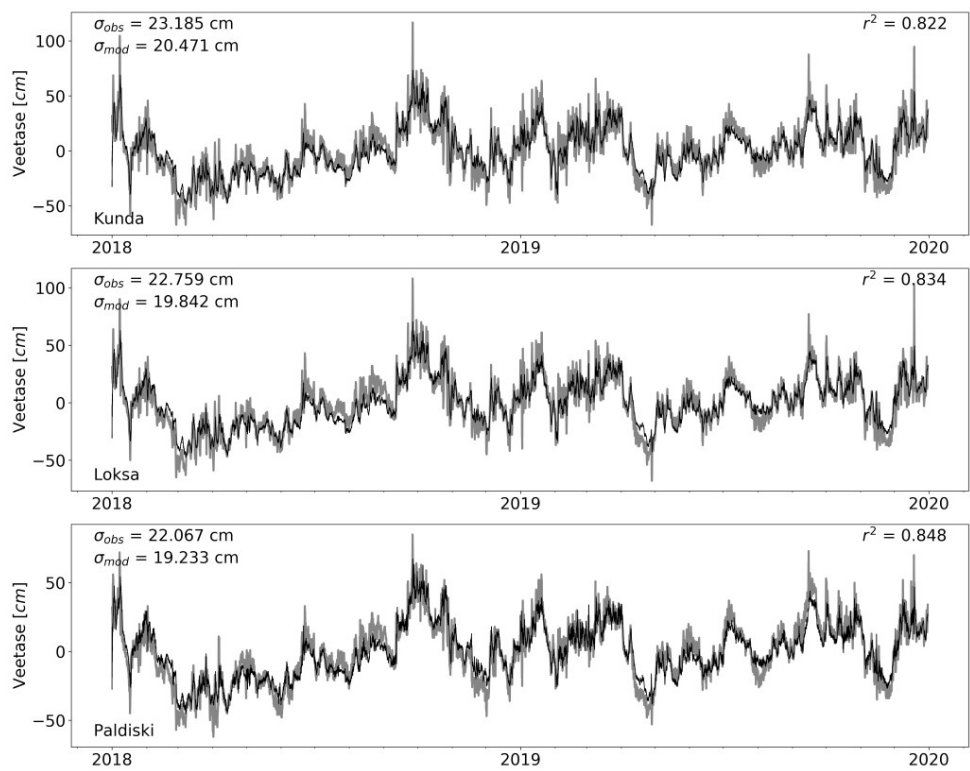
Käesolevas töös on kasutatud hoovuste režiimi modelleerimiseks lihtsustamata võrranditega hüdrodünaamika mudelit GETM (General Estuarine Transport Model, Burchard & Bolding, 2001). GETM on kolmemõõtmeline, primitiivsete (lihtsustamata) võrranditega hüdrodünaamika mudel, milles vertikaalne segunemine arvutatakse GOTM (General Ocean Turbulence Model) mudeli abil. Mudel kasutab vertikaalis topograafiat jälgivat võrku, kus vertikaalsete kihtide paksused arvutatakse sõltuvalt sügavusest ja stratifikatsioonist ning kihtide arv püsib kõigis võrgupesades ühesugune.

Mudeli kõigis konfiguratsioonides on käesolevas töös atmosfääri rajatingimustena kasutatud Riigi Ilmateenistuse operatiivmudeli HIRLAM andmeid ning seotud arvutusvõrkudega lähenemisel avatud radadel madalama lahutusega (1 meremiili horisontaalsuunas) mudeli konfiguratsiooni tulemusi terve Läänemere jaoks. Kasutatud on kahte mudeli konfiguratsiooni (joonis 2.5.1): Soome lahe mudel horisontaalse võrgusammuga 250 m perioodile 2018-2019; Tagalahe piirkonna mudel horisontaalse võrgusammuga 250 m perioodile 2016-2018;

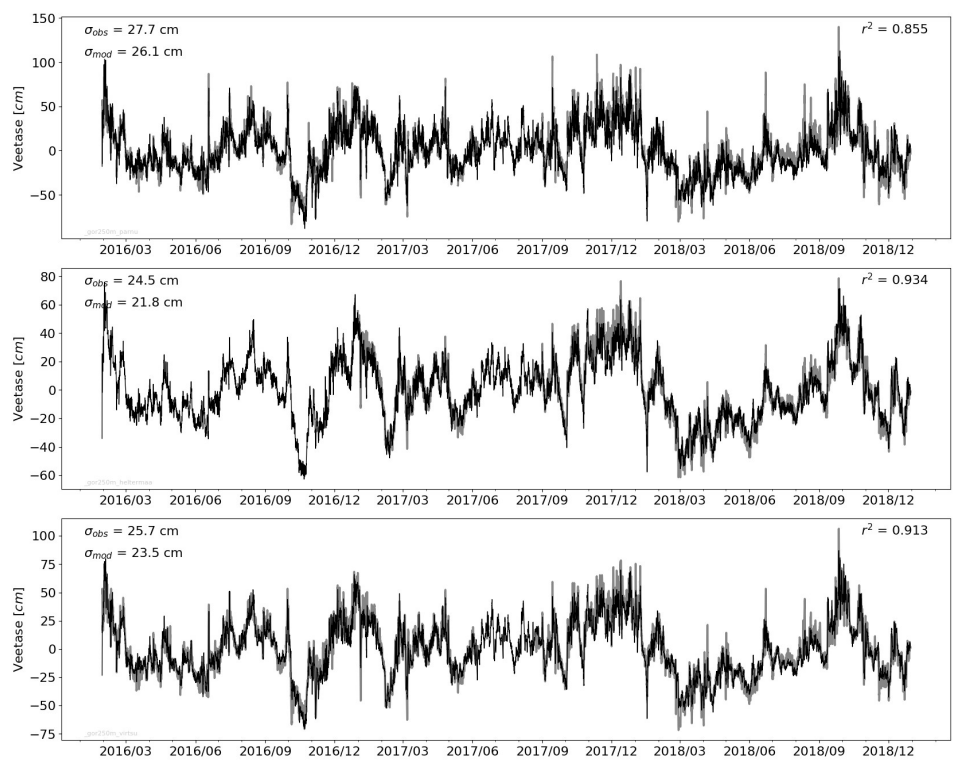


Joonis 2.5.1. Modelleerimiseks seadistatud piirkonnad Soome lahele ja Tagalahe piirkonnale.

Mudeli valideerimiseks on kasutatud veetaseme mõõtmisi 2018. ja 2019. aastast Kunda, Loksa ja Paldiski rannikujaamadest Soome lahe konfiguratsiooni ja Pärnu, Heltermaa ja Virtsu veetaseme mõõtmisi perioodi 2016-2018 jaoks Riia lahe konfiguratsiooni korral. Üldiselt kirjeldab kasutatud hüdrodünaamika mudeli seadistus veetasemeid Soome lahes hästi - determinatsioonikordaja on vähemalt 82% ($r > 0,9$) kõigis vaadeldud jaamas (joonis 2.5.2). Mõõdetud ja modelleeritud variatsioonide (standardhälve) vahe on väiksem kui 3 cm. Arvestades, et veetaseme muutlikkus (maksimaalse ja minimaalse veetaseme vahe ehk haare) kõigis jaamades on suurem kui 1 meeter, võib öelda, et kogu tsirkulatsioon vaadeldud piirkonnas on reprodutseeritud piisava täpsusega. Sarnaselt Soome lahe konfiguratsioonile, on ka Riia lahes modelleeritud veetasemed rahuldava täpsusega. Determinatsioonikordaja on alla 0,9 ainult Pärnu veetaseme jaamas ning modelleeritud ja mõõdetud veetasemete varieeruvused erinevad vähem kui 3 cm (joonis 2.5.3).



Joonis 2.5.2. Modelleeritud ja mõõdetud keskmine veetase Paldiski, Kunda ja Loksa rannikujaamas.



Joonis 2.5.3. Modelleeritud ja mõõdetud keskmine veetase Pärnu, Heltermaa ja Virtsu rannikujaamas.

3. Tulemused

3.1 Füüsikalis-keemiliste parameetrite dünaamika

3.2.1 Kolga laht

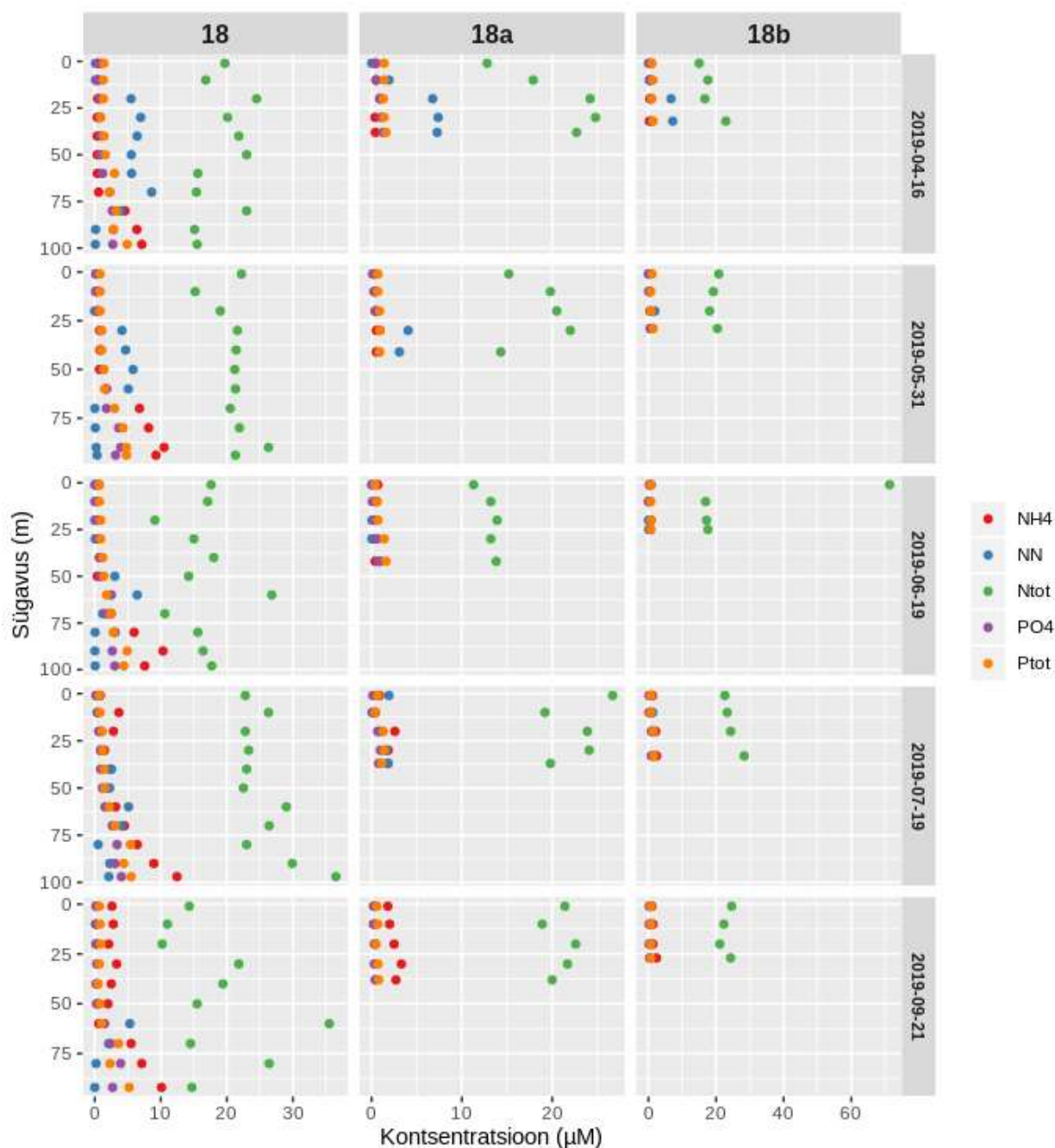
Käesoleva projekti uuringu aladest asus ainult Kolga lahes rohkem kui 50 m sügav jaam (18). Hapniku sisalduse vertikaalne jaotus jaamas 18 oli iseloomulik viimastele aastatele, kui suvel on Soome lahe sügava mereala põhjalähedases kihis hapnikuvaegus. Hapniku sisaldus hakkas jaamas 18 sügavusega langema alates 40 m sügavuselt ja hapnik praktiliselt puudus veekihis 80 m kuni põhjani. Sama seis jätkus kuni juulini, misjärel hapnikuvaegus põhjalähedases veekihis süvenes ja hapnikuta kiht ulatus põhjast juba sügavuseni 70 m, mis tähendab, et selles piirkonnas oli 30 meetrine põhjalähedane veekiht bakteritest kõrgematele elusorganismidele sisuliselt elukõlbmatu. 2018. aasta oktoobri lõpus oli hapniku sisaldus, tänu põhjalähedase soolase vee väljavoolule lahest ja selle asendumisele veidi magedama ning hapnikku sisaldava veemassiga, põhjalähedases veekihis paranenud (~2-3 mg l⁻¹). Kolga lahe siseosa jaamades, 18a ja 18b, hapnikuvaegust põhjalähedases vees uurimisperioodi vältel ei täheldatud (lisa joonised 1.2.1 ja 1.2.2).

2018. aastal oli Kolga lahe jaamades veesammas sooluse järgi kihistunud juba aprilli keskel, sealjuures permanentne halokliin on selgelt näha lahe avamere poolses sügavaimas jaamas 18. Temperatuuri järgi kihistus (sesoonne termokliin) tekkis mais ja termokliin oli tugev läbi kogu suveperioodi. Ülemise, sooja segunenud kihi paksus oli mõõtmisperioodil väga varieeruv – 2018. a juuni alguses ja juulis oli termokliin tavapärasest tunduvalt õhem. Sooluse järgi oli vertikaalne kihistus tugev kogu kevade-suve perioodi ja nõrgenes alles septembris-oktoobris – jaamas 18 Kolga lahes langes põhjalähedase kihi soolus väärtustelt 10.5 g kg⁻¹ kuni väärtuseni 8 g kg⁻¹ oktoobri lõpus.

Nitritite-nitraatide sisaldused olid 2018 aasta aprilli teiseks pooleks Kolga lahe pindmisest veekihist ammendatud, kuid väga kõrged sisaldused esinesid kõigis jaamades juba allpool 10 m (joonis 3.2.1.1) Hiljem jäi nitrakliini sügavus 30 m allapoole ning nitritite-nitraatide kõrgemad sisaldused esinesid pinnakihi jälle vegetatsiooniperioodi lõpus oktoobris. Kolga lahe sügavaimas jaamas 18 jäid sügavamates veemassides nitritite-nitraatide sisaldused alla määramispiiri allpool 80 m sügavust kuni hapnikutingimuste paranemiseni septembri lõpus. Samal ajal olid fosfaatide sisaldused põhjalähedases hapnikuvaeses veemassis kõrged. Fosfaatide sisaldused jõudsid mere pinnakihi määramispiiri lähedasele tasemele juuni alguseks ning suvisel perioodil langes ka fosfakliin kohati 30 m allapoole. Ammoniumi kontsentratsioon tõusis 18 jaamas suve lõpul. Kõige kõrgemad räni (Si) kontsentratsioonid mõõdeti 2019. aastal jaama põhjalähedases kihis (lisa joonis 1.2.3)



Joonis 3.2.1.1. Ammoniumi (NH_4), Nitritite-nitraatide (NN), fosfaatide (PO_4), üldlämmastiku (N_{tot}) ja üldfosfori (P_{tot}) vertikaalse jaotuse dünaamika Kolga lahes 2018. aastal.

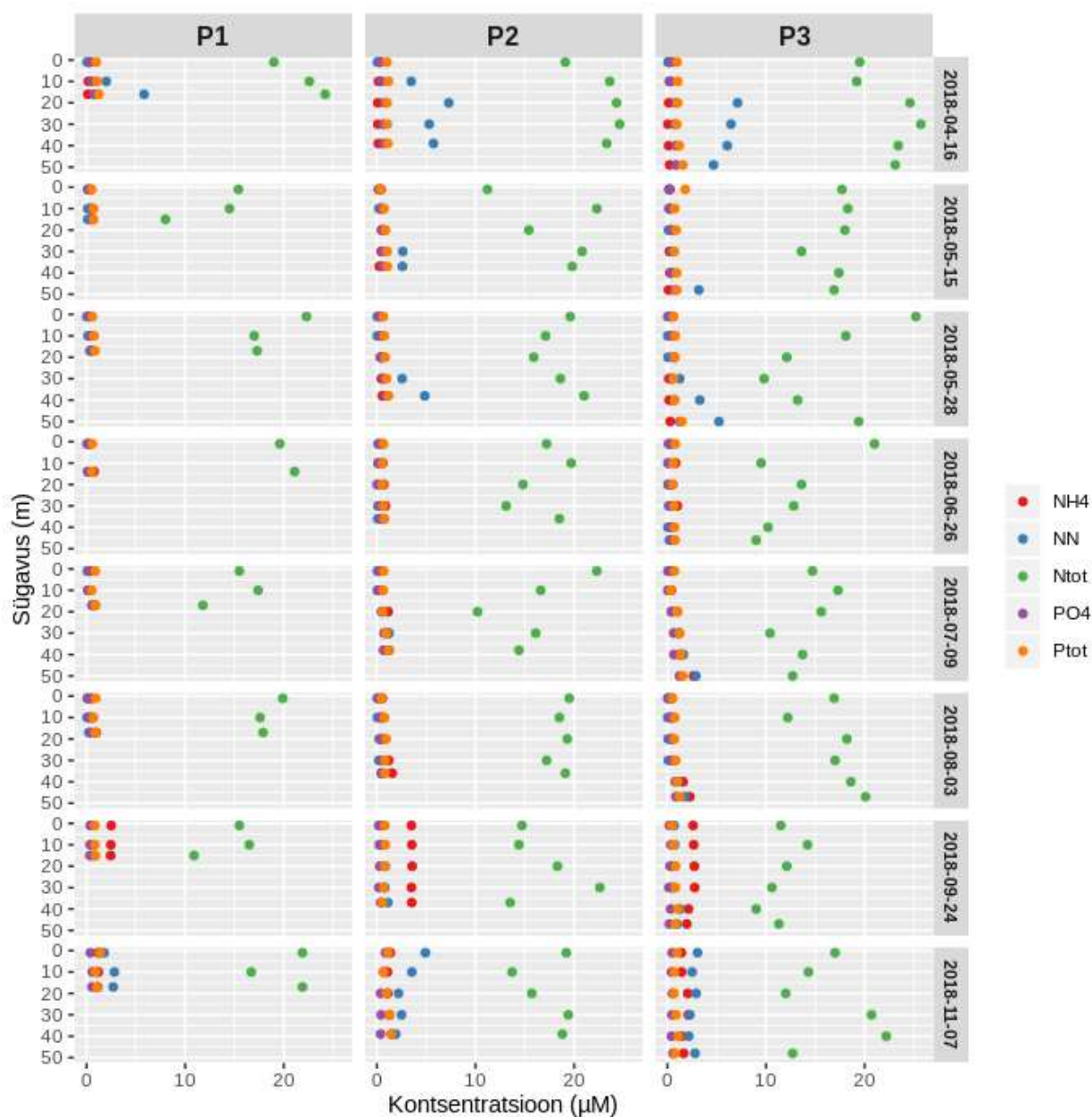


Joonis 3.2.1.2. Ammoniumi (NH_4), Nitritite-nitraatide (NN), fosfaatide (PO_4), üldlämmastiku (Ntot) ja üldfosfori (Ptot) vertikaalse jaotuse dünaamika Kolga lahes 2019. aastal.

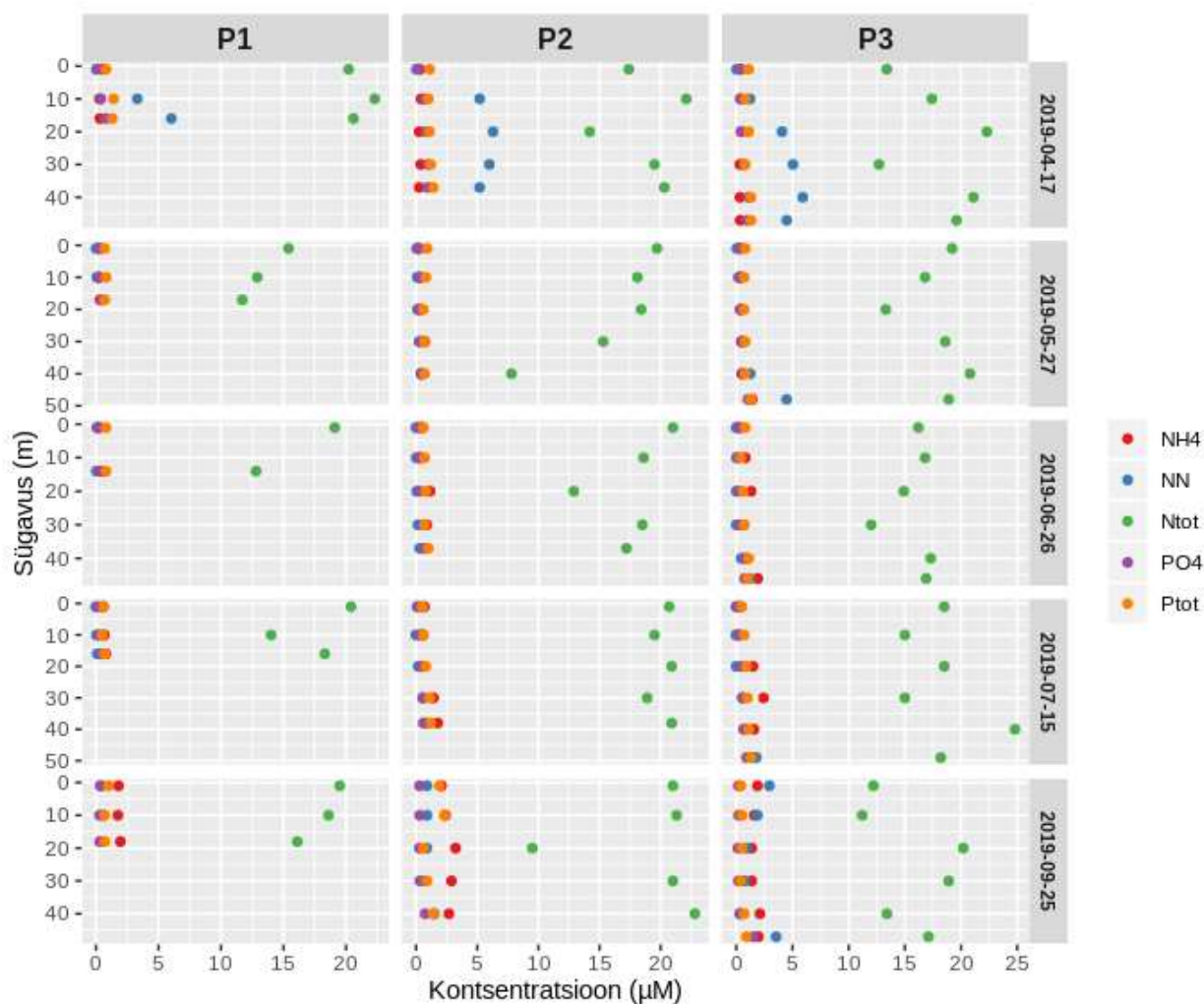
3.2.2 Paldiski laht

Soolsus varieerus sarnaselt mõlemil aastal, veidi rohkem kevadel-suvel ning sügiseti oli stabiilsete väärtustega (vahemikus $6-7 \text{ g kg}^{-1}$). Mõlemal aastal juuliks umbes 10 m sügavuse kihis. 2018 aasta septembriks olid Paldiski lahe jaamades toimunud veesamba täielik segunemine, 2019. aastal P3 jaamas veel mitte (vt lisa 1.2.1 ja 1.2.2). Paldiski lahes olid 2018. aastal nitritid-nitraadid aprilli keskpaigaks mere pinnakihi juba ammendatud ning nitratliin jäi suure osa uuringuperioidist umbes 20 m sügavusele (joonis 3.2.2.1). Erakordselt madalad nitritite-nitraatide sisaldused 2018 aasta juunis läbi kogu veesamba olid tingitud sel perioodil valitsenud meteoroloogilistest tingimustest ja daunvellingu sündmusest uuringu piirkonnas. Hapniku vähenemine toimus alates sügavuselt 30-40 m. Kuigi suvekuudel, kui pealmistes

veekihtides toimuva intensiivsema elutegevuse käigus tarbitakse rohkem hapnikku, siis mõnede proovivõttude käigus (eriti aastal 2019) täheldati veekihtides 30-40 m hapnikusisalduse tõusu. 2019. aastal esines pinnalähedases kihis veel fosfaate (joonis 3.2.2.2).



Joonis 3.2.2.1. Ammoniumi (NH_4), Nitritite-nitraatide (NN), fosfaatide (PO_4), üldlämmastiku (N_{tot}) ja üldfosfori (P_{tot}) vertikaalse jaotuse dünaamika Paldiski lahes 2018. aastal.

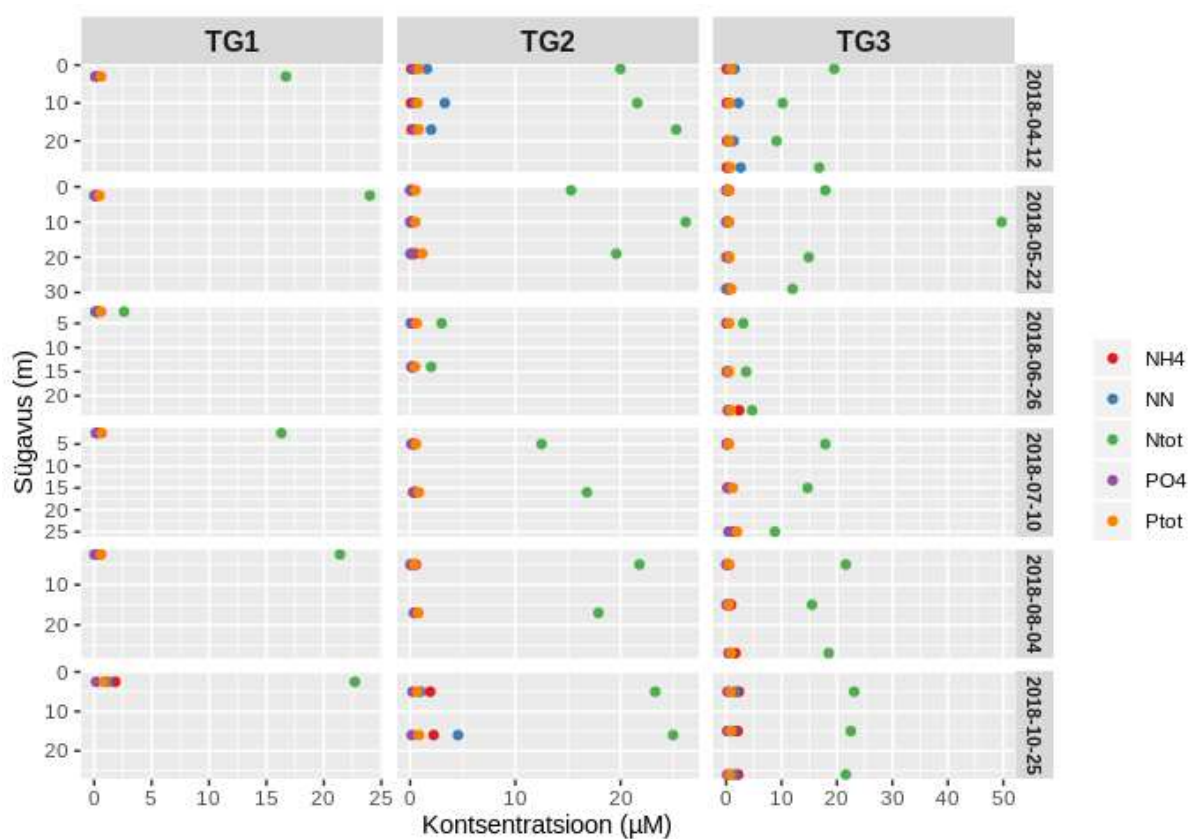


Joonis 3.2.2.2. Ammoniumi (NH₄), Nitritite-nitraatide (NN), fosfaatide (PO₄), üldlämmastiku (N_{tot}) ja üldfosfori (P_{tot}) vertikaalse jaotuse dünaamika Paldiski lahes 2019. aastal.

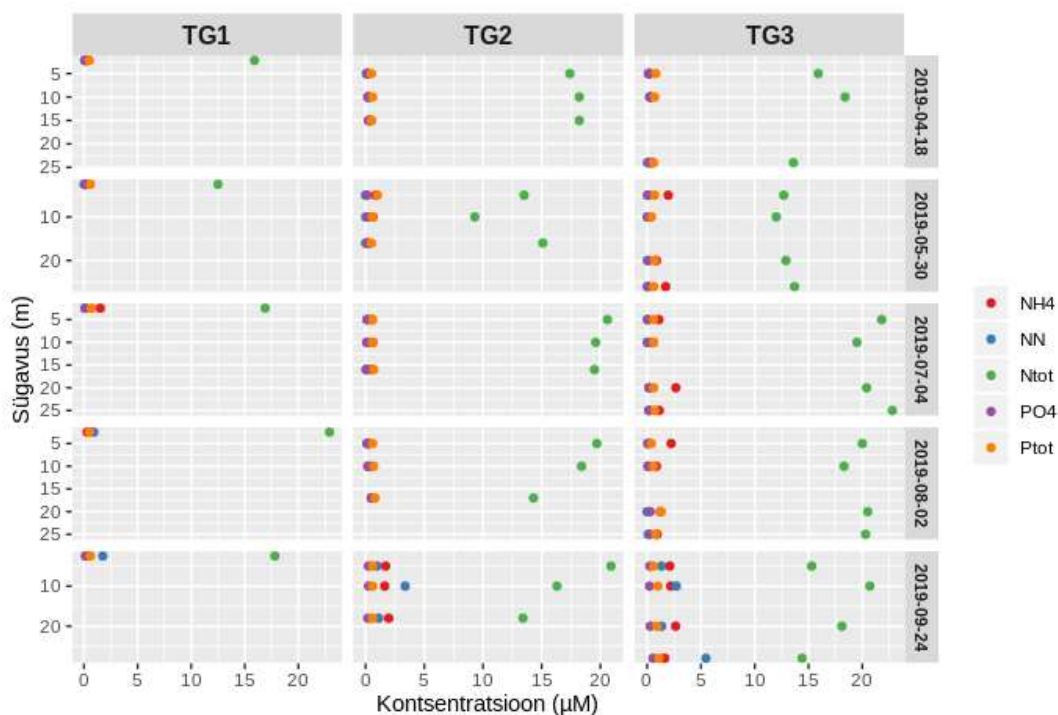
3.2.3 Tagalaht

Tagalahtes esines veesamba kihistus ainult temperatuuri järgi, kusjuures suve jooksul vaheldusid kihistunud ja vertikaalselt peaaegu segunenud tingimused (lisa joonised 1.2.1 ja 1.2.2). Võrreldes teise kahe lahega ulatuvad suvised veetemperatuurid kõrgete väärtusteni (kuni 24,1 °C), mis on orienteeruvalt 5 kraadi rohkem kui Kolga (18,3 °C) ja Paldiski lahes (19,7 °C).

Tagalahtes olid nitritite-nitraatide sisaldused pinnakihis aprilli keskpaigas veel märkimisväärselt kõrged, kuid ülejäänud uuringu perioodi iseloomustasid määramispiiri lähedased sisaldused ülemises 20 m paksuses veekihis (joonis 3.2.3.1). Kohati oli veesammas kuni põhjani läbi segunenud ning sisaldused läbi veesamba ühtlaselt madalad. Fosfaate leidis mõningal määral kogu uuringuperioodi vältel ka ülemistes veekihtides. 2019 aasta augustis esines ammoniumi TG3 jaama pinnakihis (joonis 3.2.3.2).



Joonis 3.2.3.1. Ammoniumi (NH₄), Nitritite-nitraatide (NN), fosfaatide (PO₄), üldlämmastiku (N_{tot}) ja üldfosfori (P_{tot}) vertikaalse jaotuse dünaamika Tagalahes 2018. aastal.



Joonis 3.2.3.2. Ammoniumi (NH₄), Nitritite-nitraatide (NN), fosfaatide (PO₄), üldlämmastiku (N_{tot}) ja üldfosfori (P_{tot}) vertikaalse jaotuse dünaamika Tagalahes 2019. aastal.

3.3 Bakteriplanktoni arvukuse dünaamika

Voolutsütomeetrilise loendusmeetodiga määratud heterotroofsete bakteri arvukuse ajaline ja vertikaalne jaotus kolmes uuritud piirkonnas on kokkuvõetult esitatud joonisel 3.3.1. Merevee termaalne kihistumine, millega kaasnes ka bakteriaalne kihistumine, algas kõigis uuritud lahtedes juuni lõpus, süvenes juulis ning oli kõige intensiivsem augustis. Alates oktoobrist oli mikroobide jaotus, tänu temperatuurist tingitud vee vertikaalsele segunemisele, kogu uuritud veesamba ulatuses ühtlane. Mõlemal aastal oli bakterite kontsentratsioon vees kõrgeim juulis-augustis. Sama kõrge oli bakterite arvukus ka augusti lõpus Kolga lahe siseosa (jaam 18b) termokliini peelses veekihis (17.5 milj. rakku/ml). Bakterite kõrgele arvukusele augustis aitas 2018.a kaasa nii soe suvi ning suvise fütoplanktoni lagunemistsükli algus. Mikrobioloogiliselt osutus kõige stabiilsemaks ja bakterite vaesemaks Paldiski laht. Mikrobioloogiliselt kõige ebastabiilsem on uuritud merealadest Kolga laht, kus ei toimu mikroorganismide koosluse sujuvat muutumist ranniku lähedalt avamere suunas. See viitab antud piirkonna suuremale hüdrooloogilisele muutlikkusele ja teistele võimalikele mõjudele. Bakterite arvukusest lähtudes ei tuvastatud üheski uuritud lahe põhjalähedases veekihis anaeroobsuse ilminguid, mis on vesikultuuride viljelemise alustamiseks hea näitaja, seda enam, et 2018. aasta suvi oli väga soe ning hapnikuvaeguse tekkeks soodne. Püsivad hapnikuvaeguse ilmingud esinesid üksnes Kolga lahe avaosas kõige sügavamas uuritud jaama 18 põhjalähedases veekihis, sügavamal kui 60-70 m.

Tabelis 3.3.0.1 Heterotroofsete bakterite (HB) keskmine, madalaim ja kõrgeim arvukus (miljonit rakku mL⁻¹) Kolga lahes, Paldiski lahes ja Tagalahes 2018. ja 2019. aastal (arvesse on võetud kõik aasta jooksul lahest võetud proovid).

	Kolga laht	Paldiski laht	Tagalaht
2018			
Keskmine HB arvukus	3,94	3,05	4,88
Madalaim HB arvukus	1,88 (18-70m 9.05.)	1,76 (P3-46m 26.06.)	1,36 (TG3-põhi, 12.04.)
Kõrgeim HB arvukus	15,4 (18b-10m 23.08.)	4,95 (P3-47m 24.09.)	14,1 (TG3-10m 4.08.)
2019			
Keskmine HB arvukus	3,51	3,07	3,62
Madalaim HB arvukus	1,94 (18-60m 19.06.)	1,85 (P3-30m 17.04.)	1,26 (TG3-24m 18.04.)
Kõrgeim HB arvukus	6,67 (18-1m 19.07.)	5,02 (P3-5m 25.09)	5,81 (TG1-2.5m 2.08.)

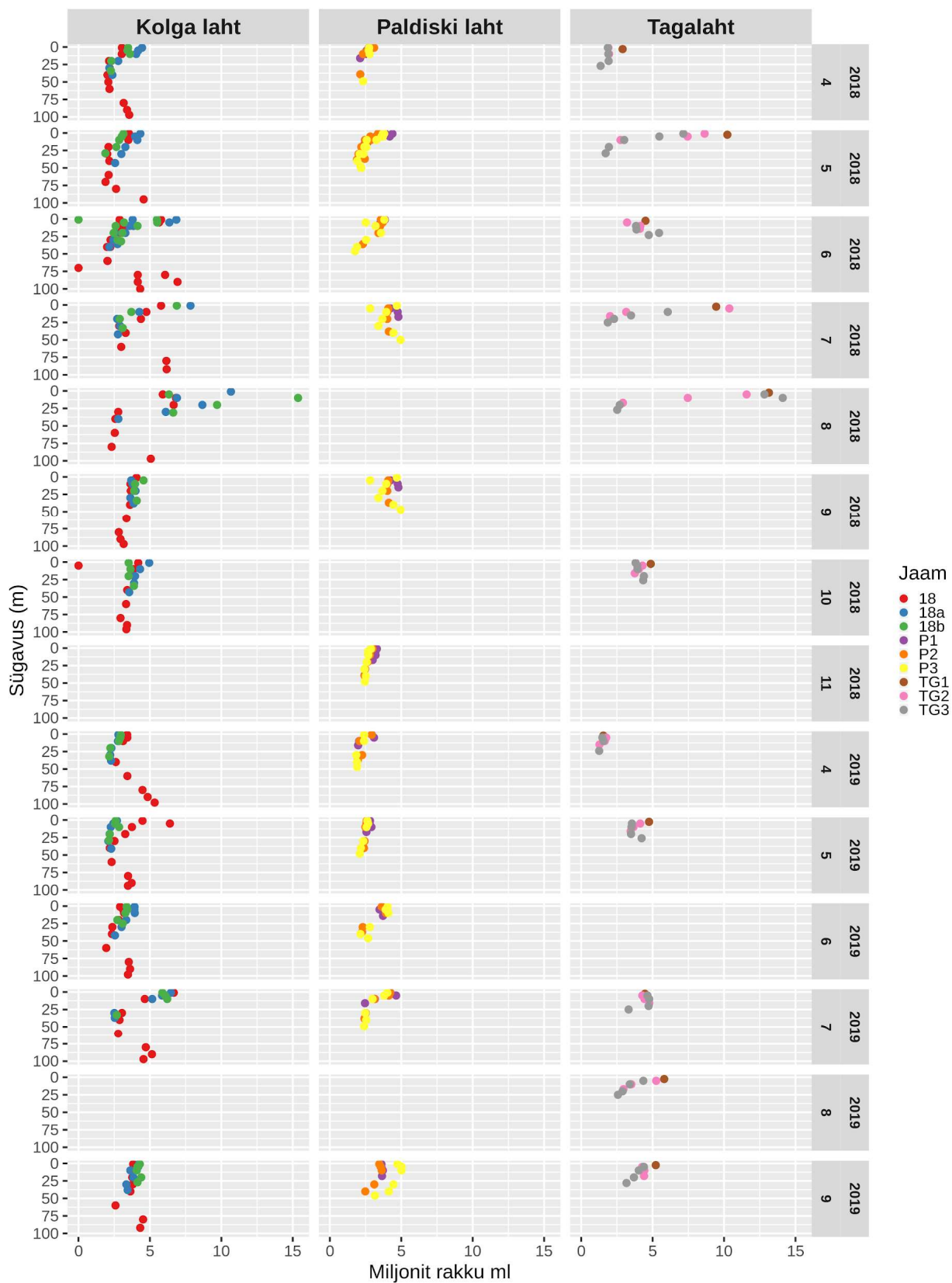
3.3.1 Kolga laht 2018 - 2019

Olemasoleva uuringumaterjali põhjal on kõige keerulisemad hüdrofüüsikalised tingimused Kolga lahes, eriti selle avaosas (jaam 18). Kolga lahe avaosa iseloomustab veesamba varajane kihistus ja põhjalähedases veekihis sageli esinev hapnikuvaegus. Hapnikupuudus põhjakihis tingib anaeroobsete bakterite arengu ning toksiliste gaaside produktsiooni. Erinevalt Paldiski ja Tagalahes ei toimu Kolga lahes mikroorganismide koosluse sujuvat muutumist rannikulähedalt avamere suunas. Siiski, olenevat proovide kogumise ajast, täheldati Kolga lahe keskosa (18a) mikroobikoosluse erinevusi siselahest (18b) ja lahe avaosast (18) kogutud veeproovidega võrreldes. Kolga lahe puhul olid bakterite arvukused kõrged juuni alguses avamere poolseima jaama 18 pinna- ja põhjakihis ($7,7 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹), juulis ja augustis lahe keskosa jaama 18a pinnakihi ($9,4 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹ ja $10,7 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹). Väga kõrge oli bakterite arvukus 2018.aastal jaama 18b 10 m sügavusel ($15,4 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹). Anaeroobsete bakterite arvukuse tõus põhjalähedases veekihis esineb 2018.a. maist kuni septembrini jaamas 18, mis kinnitas seal suveperioodil anaeroobsete keskkonnatingimuste olemasolu. Kõrged bakterite sisaldused Kolga lahe kesk- ja siseosas viitava Soome lahe eutrofeerumisele ja sellest tulenevale ebastabiilsusele hapnikusisalduse ja muude vee keemiliste parameetrite osas.

Näitena on esitatud mõlemal uuritud aastal (2018 ja 2019) Kolga lahe jaama 18 bakterite arvukused läbi veesamba (lisa tabel 1.3.1). Tabelis toodud andmed kajastavad bakterite arvukuse muutlikkust läbi erinevate aastaegade ja veesamba (1-96 m). Tabelist on ka näha, et 80 m-st sügavamal tõusis bakterite arvukus ja seda eelkõige anaeroobide ja fakultatiivsete anaeroobide arvel, mis näitab, et selles lahe osas esines 2018. aastal aprillist kuni augustini tugev ja 2019. aastal juunis-juulis nõrk hapniku defitsiit.

3.3.2 Paldiski laht 2018 - 2019

Paldiski lahe vesi on suhteliselt bakteritevaene kogu veesamba ulatuses, hapnikuvaegust põhjalähedases veekihis ei esinenud ja veesammas segunes sügisel täielikult. Erinevalt Kolga lahest, kus bakterite arvukused saavutasid maksimumi augustis, mis on Soome lahe puhul reeglipärane, olid bakterite arvukused Paldiski lahes maksimaalsed septembri lõpus ja seda kogu veesamba ulatuses. Huvitavaks nähtuseks on Paldiski lahe avaosas asuva jaama P3 bakterite suhteliselt suur arvukus 2018.a. septembris lisaks pindmisele veekihile ka 20 m sügavusel, mis üldjuhul on Soome lahes bakteritevaene veekiht. See viitab võimalikule teiste omadustega veemassi liikumisele veesamba sellesse kihti või siis laevadelt pärit reostusele.



Joonis 3.3.0.1 Voolutsütomeetrilise loendusmeetodiga määratud heterotroofsete bakteri arvukuse ajaline ja vertikaalne jaotus kolmes uuritud piirkonnas kuude kaupa (2018 - 2019).

3.3.3 Tagalaht 2018 - 2019

Tagalaht on võrreldes Paldiski ja Kolga lahega oluliselt madalam ja sellest tulenevalt ka bakteriterikkam. Näiteks ulatus bakterite arvukus Tagalahe avaosas pinnavees (jaam TG3) kuni 10 m sügavuses veekihis 2018.a. üle 15 miljoni bakteri milliliitris Tabel 3.3.0.1). Samas oli Tagalahe vesi kuni põhjani aeroobne ja toitainetevaene. Tagalahe siseosas jaamas TG1, kust võeti proove vaid 2,5 m sügavuselt, olid bakterite arvukused 2018. aastal kõrged nii mai lõpus ($11 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹) kui ka augusti alguses ($14 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹). Lahe keskel paiknevas jaamas TG2 oli bakterite arvukus kõrge pinnakihis, 1-5 m sügavusel, 2018.a. juulis ($11,8 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹). Jaamas TG3 esinesid eriti kõrged bakterite arvukused 2018.a. sügisel 5 m sügavusel - $13,9 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹ ja 10 m sügavusel - $15,7 \cdot 10^9$ rakku l⁻¹). Anaeroobsuse teket Tagalahe põhjalähedases veekihis ei täheldatud.

3.4 Fütoplanktoni koosluste dünaamika

3.4.1 Kolga laht

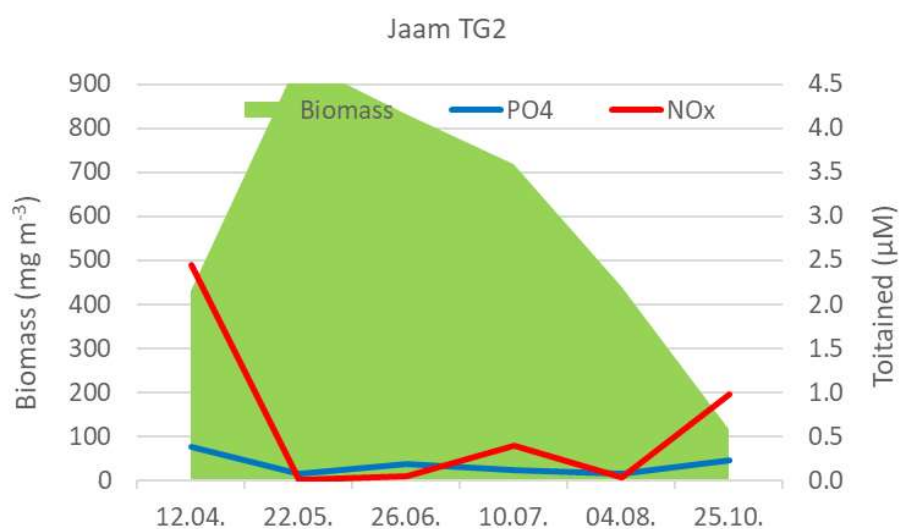
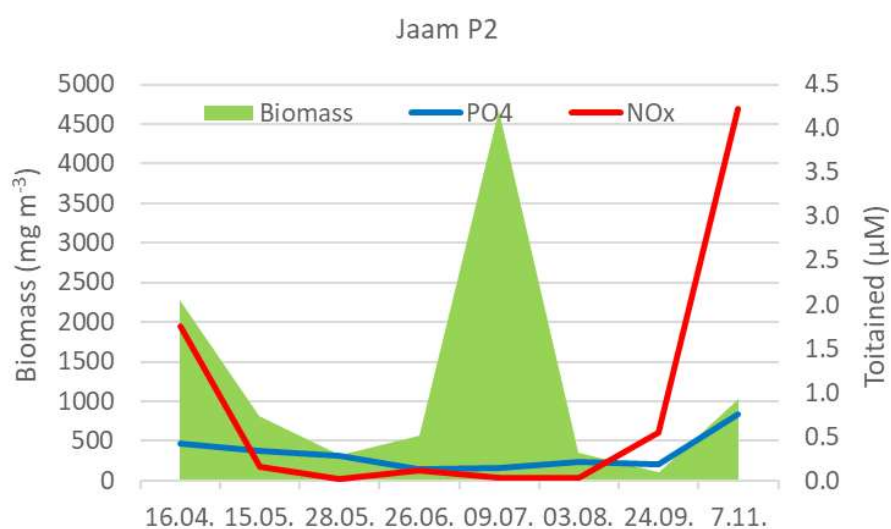
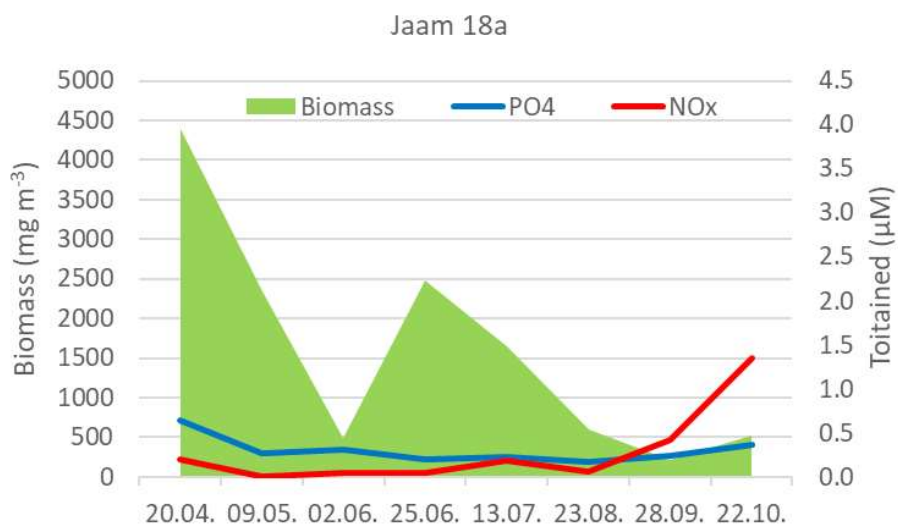
3.4.1.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2018 aastal

Kolga lahes oli aprilli proovivõtu ajal kevadõitseng täies hoos (4384 mg m⁻³; vt lisa joonis 3.4.1). Koosluses domineerisid ränivetikad, moodustades kolmveerandi kogu biomassist (joonis 3.4.2). Suurima arvukuse ja biomassiga oli väikesemõõtmeline *Thalassiosira levanderi* (vastavalt 7,9 miljonit rakku l⁻¹ ja 1825 mg m⁻³). Järgnesid *Pauliella taeniata* ja *Thalassiosira baltica*. Dinoflagellaatidest domineeris *Peridiniella catenata*. Mõõdukalt leidis ka fotosünteesilist ripslooma *Mesodinium rubrum* (300 mg m⁻³). Mai alguseks oli biomass vähenenud kaks korda ja koosluses domineerisid biomassilt dinoflagellaat *P. catenata* (1280 mg m⁻³) ja arvukuselt ränivetikas *Skeletonema marinoi* (1,7 miljonit rakku l⁻¹ ja 105 mg m⁻³). Ripslooma *M. rubrum* biomass oli enam kui kahekordistunud.

Juuni alguses oli üldbiomass langenud alla 500 mg m⁻³ ning koosluses esines võrreldaval määral ränivetikaid ja ripslooma *M. rubrum*. Juuni teises pooles registreeriti antud piirkonna suvine biomass maksimum (2500 mg m⁻³). Poole üldbiomassist andsid tsüanobakterid, peamiselt *Aphanizomenon* sp. (1010 mg m⁻³). Olulisel määral leidis ka ripslooma *M. rubrum* ja dinoflagellaati *Dinophysis acuminata* kelle omavahelist toitumisseost toetas ka neelvetikate suur arvukus (454 000 rakku l⁻¹). Juuli keskpaigaks oli fütoplanktoni üldbiomass mõnevõrra langenud (1650 mg m⁻³) ning koosluses domineerisid niitjad lämmastikku fikseerivad tsüanobakterid *Aphanizomenon* sp. Augusti lõpu suhteliselt madalast biomassist (600 mg m⁻³) moodustas kolmandiku potentsiaalselt toksiline tsüanobakter *Nodularia spumigena*. Väga arvukalt esines ka väikesemõõtmelist ränivetikat *Cyclotella choctawhatcheeana* (1,54 miljonit rakku l⁻¹). Septembri lõpus oli üldbiomass langenud väga madalale tasemele (210 mg m⁻³) ning ligi poole biomassist moodustasid niitjad tsüanobakterid. Pindmist veekihti iseloomustasid kõrged nitritite-nitraatide sisaldused. Fotosünteesilise planktoni üldbiomass jäi madalale tasemele ka oktoobris ning vähesest primaarproduktisioonist ja suurenenud veesegunemisest tingituna olid anorgaanilise lämmastiku sisaldused pindmises veekihis suhteliselt kõrged. Koosluses esines arvukalt neelvetikaid ning suurima biomassi andsid ränivetikad ja *M. rubrum* (vastavalt 295 ja 170 mg m⁻³).

3.4.1.2 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2019 aastal

Kolga lahes oli aprilli proovivõtu ajal kevadõitseng väga intensiivne (11750 mg m⁻³; joonis). Koosluses domineerisid ränivetikad, moodustades kolmveerandi kogu biomassist (joonis 3.4.2). Suurima arvukuse ja biomassiga oli väikesemõõtmeline *Skeletonema marinoi* (vastavalt 37,5 miljonit rakku l⁻¹ ja 4200 mg m⁻³). Järgnesid *Thalassiosira levanderi* (vastavalt 7,2 miljonit rakku l⁻¹ ja 1700 mg m⁻³) ja *Thalassiosira baltica* (vastavalt 173400 rakku l⁻¹ ja 2040 mg m⁻³).



Joonis 3.4.1. Fütoplanktoni üldbiomassi ja toitainete sesoonne muutlikkus pinnakihis 2018 aastal (fütoplankton 5 m; toitained 1 ja 10 m keskmise, v.a. TG2 alates juuni – 5 m) uuringupiirkondade keskmistes jaamades vastavalt 18a – Kolga laht, P2 – Paldiski laht ja TG2 – Tagalaht.

Dinoflagellaatidest domineeris *Peridiniella catenata*. Arvestataval hulgal leidis ka fotosünteetilist ripslooma *Mesodinium rubrum* (300 mg m^{-3}). Mai lõpuks oli biomass vähenenud kuus korda ja koosluses domineerisid biomassilt *M. rubrum* (525 mg m^{-3}) ja arvukuselt rohevetikas *Monoraphidium contortum* (1,15 miljonit rakku l^{-1} ja 55 mg m^{-3}). Juuni keskpaigaks oli üldbiomass langenud alla 1100 mg m^{-3} ning koosluses domineeris ripsloom *M. rubrum*. Juuli keskpaigaks oli fütoplanktoni üldbiomass mõnevõrra veel langenud (1000 mg m^{-3}) ning koosluses domineerisid niitjad lämmastikku fikseerivad tsüanobakterid *Aphanizomenon* sp (580 mg m^{-3}) ja dinoflagellaat *Dinophysis acuminata* (230 mg m^{-3}). Septembri teises pooles oli üldbiomass langenud väga madalale tasemele (190 mg m^{-3}).



Joonis 3.4.2. Erinevate rühmade sesoonne osatähtsus kogu fütoplanktoni biomassist Kolga lahe jaamas 18a, aastatel 2018 - 2019 (Kuu-Kuupäev Jaam).

3.4.2 Paldiski laht

3.4.2.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2018. aastal

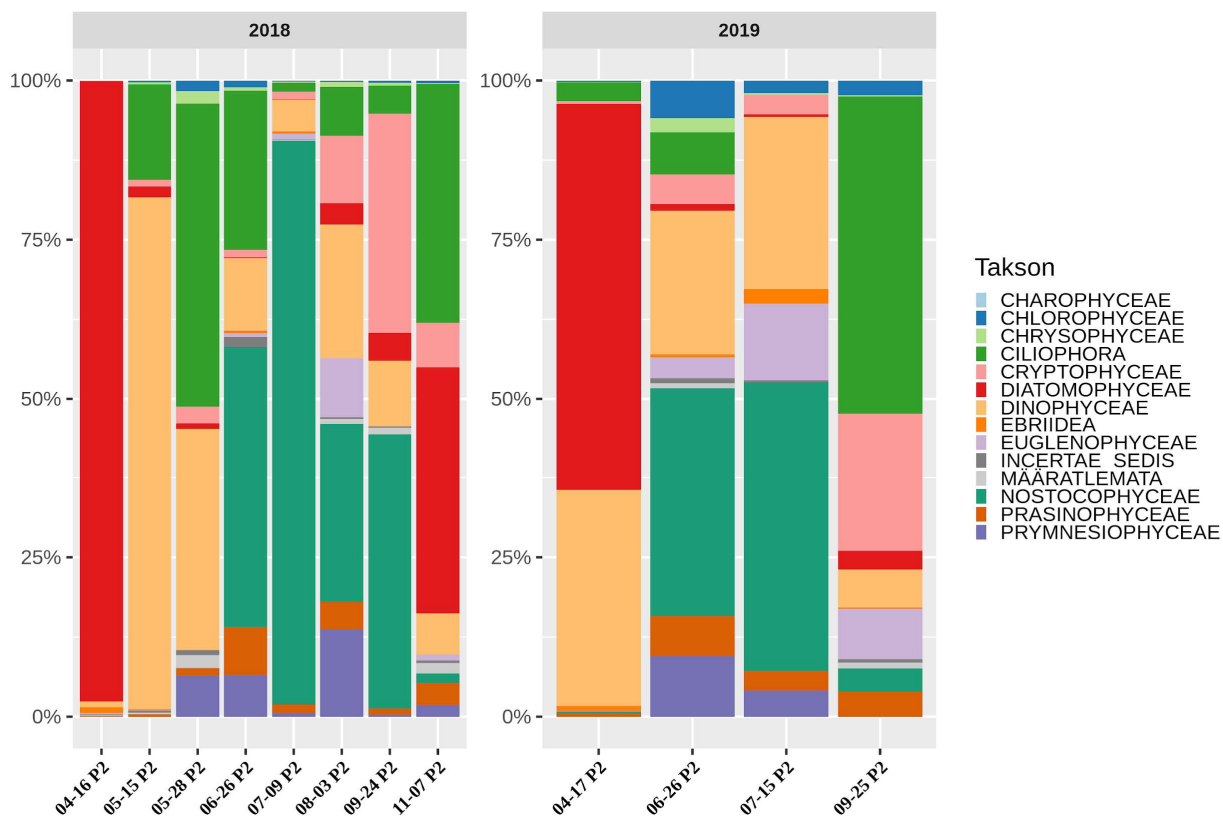
Suhteliselt kõrged anorgaanilise lämmastiku sisaldused ja mõõdukas kevadõitsengu biomass Paldiski lahe jaama P2 pindmises kihis lubavad arvata, et kevadõitseng ei olnud proovi kogumise ajaks veel oma maksimumi saavutanud (joonis 4.3.1). Koguni 98% ulatuses moodustasid fütoplanktoni biomassi erinevad ränivetikad ($6,2$ miljonit rakku l^{-1} , 2250 mg m^{-3} ; joonis 3.4.3), milledest kõige arvukam ($4,67$ miljonit rakku l^{-1}) ja suurima biomassiga (1200 mg m^{-3}) oli *T. levanderi*. Mai keskpaigaks oli üldbiomass veidi alla kolme korra langenud ning koosluses domineerisid antud perioodile iseloomulikult dinoflagellaadid *Gymnodinium* spp. ja *P. catenata*. Mõõdukalt leidis ka ripslooma *M. rubrum*. Mai lõpus oli üldbiomass langenud väga madalale tasemele (300 mg m^{-3}). Ka juuni lõpus jäi üldbiomass sesooni arvestades suhteliselt madalaks

(570 mg m⁻³). Koosluses suurenes niitjate tsüanobakterite (220 mg m⁻³), ripsloom *M. rubrum* (170 mg m⁻³) ja miksotroofsete prümnesiofüütide (444 000 rakku l⁻¹) osatähtsus.

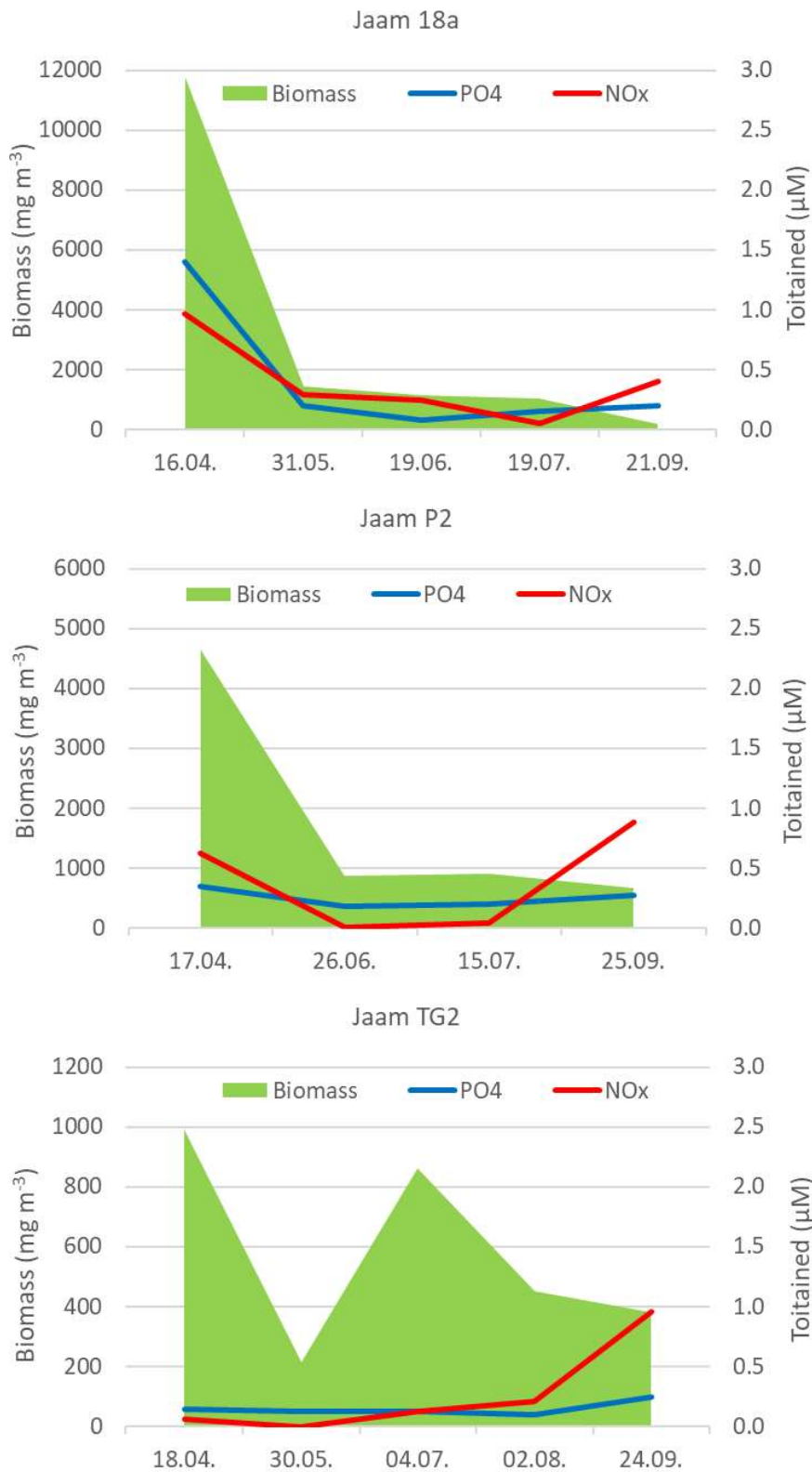
Juuli alguses esines jaama P2 pinnakihis väga tugev niitjate tsüanobakterite massvohamine – üldbiomass oli 4670 mg m⁻³, millest 3340 mg m⁻³ moodustas *Aphanizomenon* sp. Mõõdukalt esines ka potentsiaalselt toksilisi liike *Dolichospermum* spp. (190 mg m⁻³) ja *N. spumigena* (280 mg m⁻³). Dinoflagellaatidest esines suurima biomassiga miksotroofne liik *D. acuminata* (160 mg m⁻³). Väga arvukalt esinesid vees ka miksotroofsed ja potentsiaalselt toksilised prümnesiofüüdid *Chrysochromulina* spp. (591 000 rakku l⁻¹) ja prasinofüüdid *Pyramimonas* spp. (467 500 rakku l⁻¹). Augusti alguses oli biomass langenud mai lõpuga samale tasemele ning septembri lõpuks veelgi madalamale. Septembri teise poole madalat fotosünteesilist algproduktiooni ilmestavad ka suurenenud anorgaanilise lämmastiku sisaldused pinnakihis. Novembris registreeriti suhteliselt kõrge üldbiomassi väärtus (1000 mg m⁻³), mis tulenes ränivetikate suurest osatähtsusest koosluses (82%). Samas on nii kõrge biomassi väärtus kui ränivetikate domineerimine veidi kallutatud suure rakumahuga (biomassiga) liigi *Coscinodiscus granii* esinemisest. Teiseks dominandiks oli koosluses ripsloom *M. rubrum* (120 mg m⁻³).

3.4.1.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2019. aastal

Paldiski lahe kevadõitseng oli proovivõtu ajaks täies hoos (4650 mg m⁻³) ning peamise biomassi moodustasid erinevad ränivetikad (11,4 miljonit rakku l⁻¹, 3350 mg m⁻³; joonis 3.4.3), milledest kõige arvukam oli *S. marinoi* (9,8 miljonit rakku l⁻¹ ja 1000 mg m⁻³) ja suurima biomassiga *T. baltica* (1370 mg m⁻³). Juuni keskpaigas jäi üldbiomass keskmisele tasemele (860 mg m⁻³; joonis 3.4.4). Koosluses andsid suurema biomassi niitjad tsüanobakterite (270 mg m⁻³) ja erinevad dinoflagellaadid (220 mg m⁻³). Juuli keskpaigas domineerisid koosluses tsüanobakterid (360 mg m⁻³) ja dinoflagellaadid (280 mg m⁻³), mõõdukalt esines ka silmviburvetikaid *Eutreptiella* spp. (110 mg m⁻³). Septembri lõpus registreeriti üldbiomassi väärtuseks 660 mg m⁻³ ning koosluses domineerisid neelvetikad (120 mg m⁻³) ja ripsloom *M. rubrum* (360 mg m⁻³).



Joonis 3.4.3. Erinevate rühmade sesoonne osatähtsus aastal kogu fütoplanktoni biomassist Paldiski lahe jaamas P2 aastatel (2018 - 2019; x teljel: Kuu-Kuupäev).



Joonis 3.4.4 Fütoplanktoni üldbiomassi ja toitainete sesoonne muutlikkus pinnakihis 2019 aastal (fütoplankton 5 m; toitained 1 ja 10 m keskmise, v.a. TG2 – 5 m) uuringupiirkondade keskmistes jaamades vastavalt 18a – Kolga laht, P2 – Paldiski laht ja TG2 – Tagalaht.

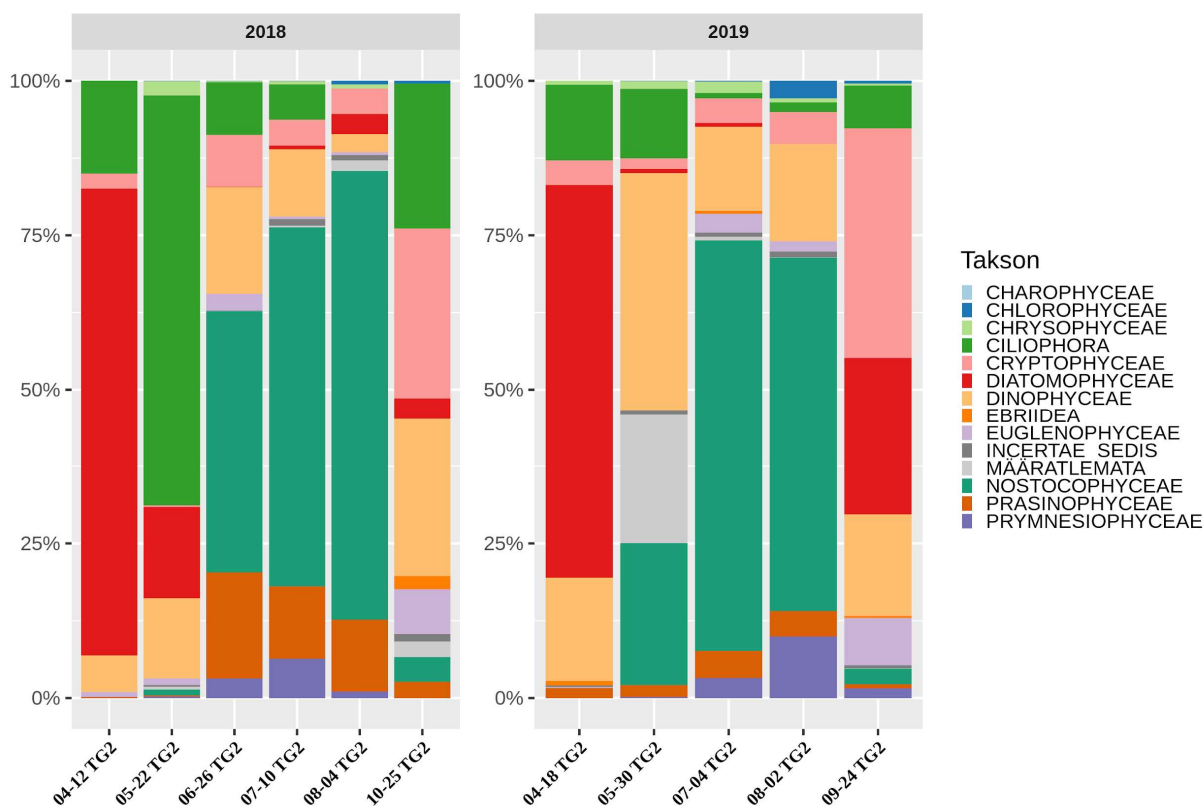
3.4.3 Tagalaht

3.4.3.1 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2018 aastal

Tagalahe fütoplanktoni biomass jäi kogu uuringu perioodil mõõdukale kuni madalale tasemele. Aprilli proovivõtu ajal ei olnud fütoplanktoni kevadõitseng veel alanud – fütoplanktoni biomass oli madalal tasemel ning pinnalähedases veekihis esines veel suures kontsentratsioonis nitriteid-nitraate (joonis 3.4.1). Suurima biomassiga domineerisid liikidest ränivetikad *T. levanderi* ja *T. baltica*, arvukaim oli ränivetikas *S. marinoi*. Suurim üldbiomass Tagalahe jaamas TG2 registreeriti mai teises pooles (960 mg m^{-3}). Koosluses domineeris fotosünteesiline ripsloom *M. rubrum*, moodustades poole kogu analüüsitud biomassist (joonis 3.4.5.). Ränivetikate suur osatähtsus on veidi näiline, sest suur biomass tulenes vähese arvukusega, kuid suure raku mahuga liigi *Cosinodiscus granii* esinemisest. Juuni lõpus oli koosluse struktuur mitmekesisem. Suurima biomassi moodustas tsüanobakter *Aphanizomenon* sp. (310 mg m^{-3}) ning märgatavalt oli tõusnud väikesemõõtmeliste auto- (neelvetikad, prasinofüüdid) ja miksotroofsete (prümnesiofüüdid) rühmade osatähtsus. Juuni tulemustega sarnane koosluse koosseis ja üldbiomass iseloomustas antud piirkonda ka juuli esimeses pooles. Augusti alguseks oli biomass kahanenud poole võrra ning koosluses domineeris potentsiaalselt toksiline tsüanobakter *Dolichospermum* sp., moodustades pea poole kogu üldbiomassist. Septembris ei õnnestunud mitmel korral proovivõtt antud piirkonnas halbade ilmastikuolude tõttu. Oktoobris oli biomass langenud väga madalale tasemele (120 mg m^{-3}), kooslus oli muutunud mitmekesisemaks ja anorgaanilise lämmastiku sisaldused iseloomustasid fütoplanktoni madalat produktsiooni.

3.4.3.2 Fütoplanktoni koosluse struktuur 2019 aastal

Tagalahe fütoplanktoni biomass jäi kogu uuringu perioodil madalale tasemele võrreldes teiste uuringu piirkondadega (joonis 3.4.4). Aprilli keskpaigas domineerisid koosluses ränivetikad *Chaetoceros* spp ($784000 \text{ rakku l}^{-1}$, 450 mg m^{-3}) ja *S. marinoi* ($860000 \text{ rakku l}^{-1}$, 115 mg m^{-3}). Mai lõpus olid koosluses ülekaalus dinoflagellaadid ning olulise panuse andsid ka tsüanobakterid ja fotosünteesiline ripsloom *M. rubrum* (joonis 3.4.5), kuid samas jäi üldbiomass väga madalale tasemele (200 mg m^{-3}). Juuli alguses andsid biomassi neljakordses kasvus olulise panuse niitjad tsüanobakteird *Aphanizomenon* spp. (370 mg m^{-3}) ja *Nodularia spumigena* (120 mg m^{-3}). Väga sarnane koosluse koosseis oli ka augusti alguses, kuid üldbiomass oli langenud kaks korda madalamale tasemele. Septembri lõpus jäi biomass väga madalaks, poole kogu registreeritud biomassist andsid üksikud ränivetika *Actinocyclus octonarius* rakud.



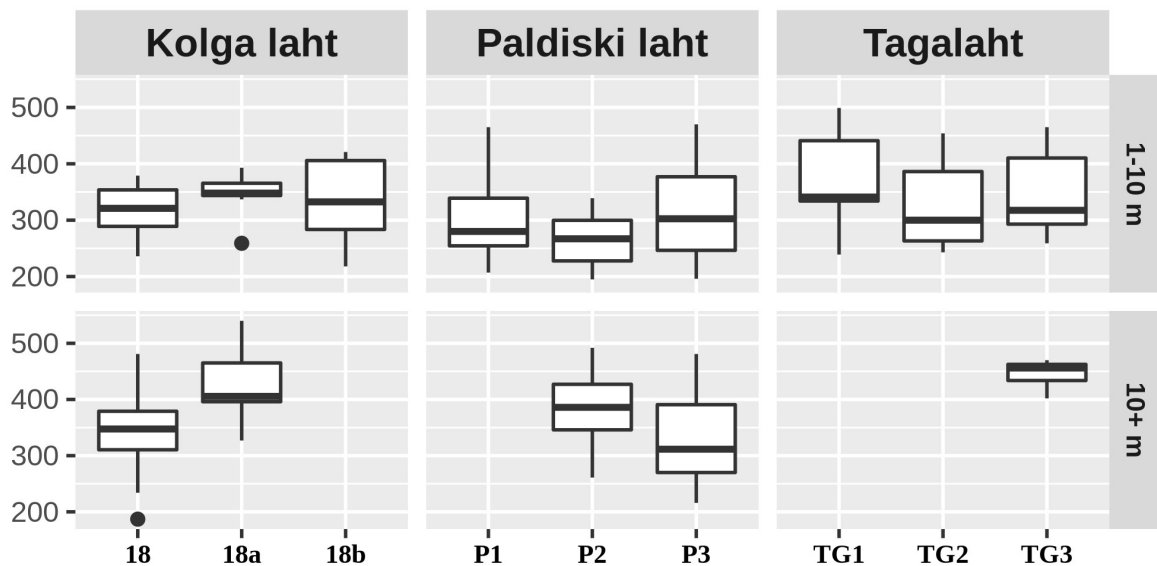
Joonis 3.4.5. Erinevate rühmade sesoonne osatähtsus kogu fütoplanktoni biomassist Tagalahe jaamas TG2 (2018 - 2019; x teljel: Kuu-Kuupäev).

3.5 Mikroobikoosluste molekulaarsed analüüsid

3.5.1 16S rRNA geenil põhinev (bakteriplanktoni) koosluste analüüs

Mikroobikoosluse geneetiliseks analüüsiks koguti proove projekti esimesel aastal (2018). Analüüsi eesmärgiks on täpsem koosluse koosseisu kindlaksmääramine kui seda on võimalik teha mikroskoopilisel meetodil. 16S rRNA geenijärjestuste puhul kaasati analüüsides 953115 järjestust 103 proovist (keskmiselt 64774 järjestust proovi kohta): Kolga lahest 379800, Paldiski lahest 310101 ja Tagalahest 263214. Neist 135462 olid unikaalsed geenijärjestuse variandid (*sequence variant*). 97% sarnasuse alusel klasterdati järjestused 3823-ks liigi tasemel OTU-ks.

Kõigi uurimisalade identifitseeriti 2215 bakteri perekonna tasemel taksonit, antud uurimistöo mahtu ja eesmäärke silmaspidades lahkame bakteriplanktoni koosseisu peamiselt sel tasemel. Selliseid perekonna tasemel taksonideid, mis moodustasid vähemalt ühes proovis vähemalt 1% koosluse koosseisust oli kokku 123 (Kolga lahes 117, Paldiski lahes 131 ja Tagalahes 86). Mitmekesisuse võrdlemiseks erinevates proovides ühtlustati kõik proovid (ing. k. *rarefy*) 2443 geenijärjestuse tasemele, mis oli väikseim sekveneerimissügavus antud proovide hulgas (joonis 3.5.1). Statistiliselt oluline mitmekesisuse erinevus esines ning Paldiski ja Tagalahe prokarüootide koosluste vahel, kus viimases (ANOVA $p < 0,05$).

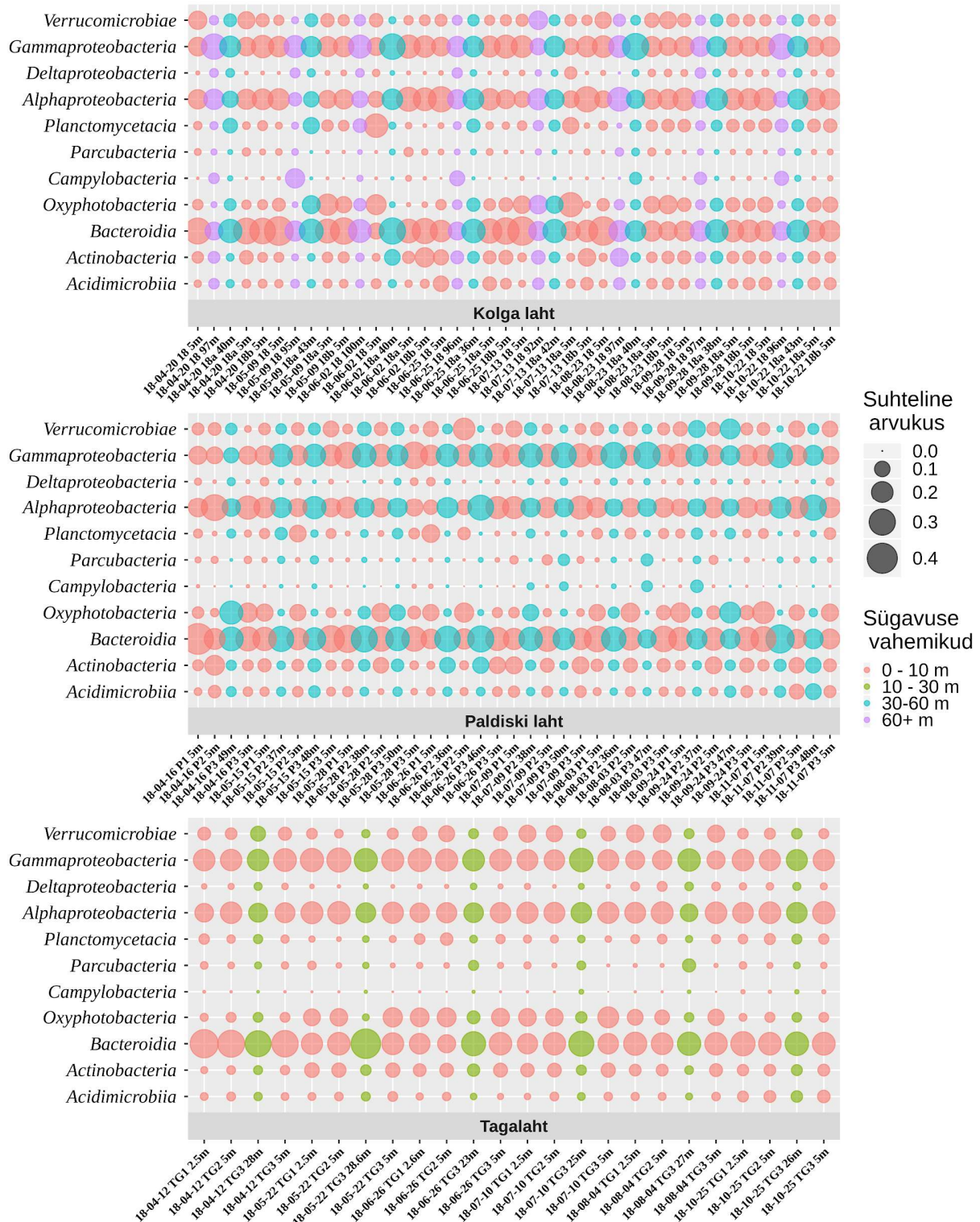


Joonis 3.5.1. Bakteriplanktoni mitmekesisuse võrdlus lahtede vahel, erinevates proovides ühtlustati kõik proovid 2443 geenijärjestuse tasemele.

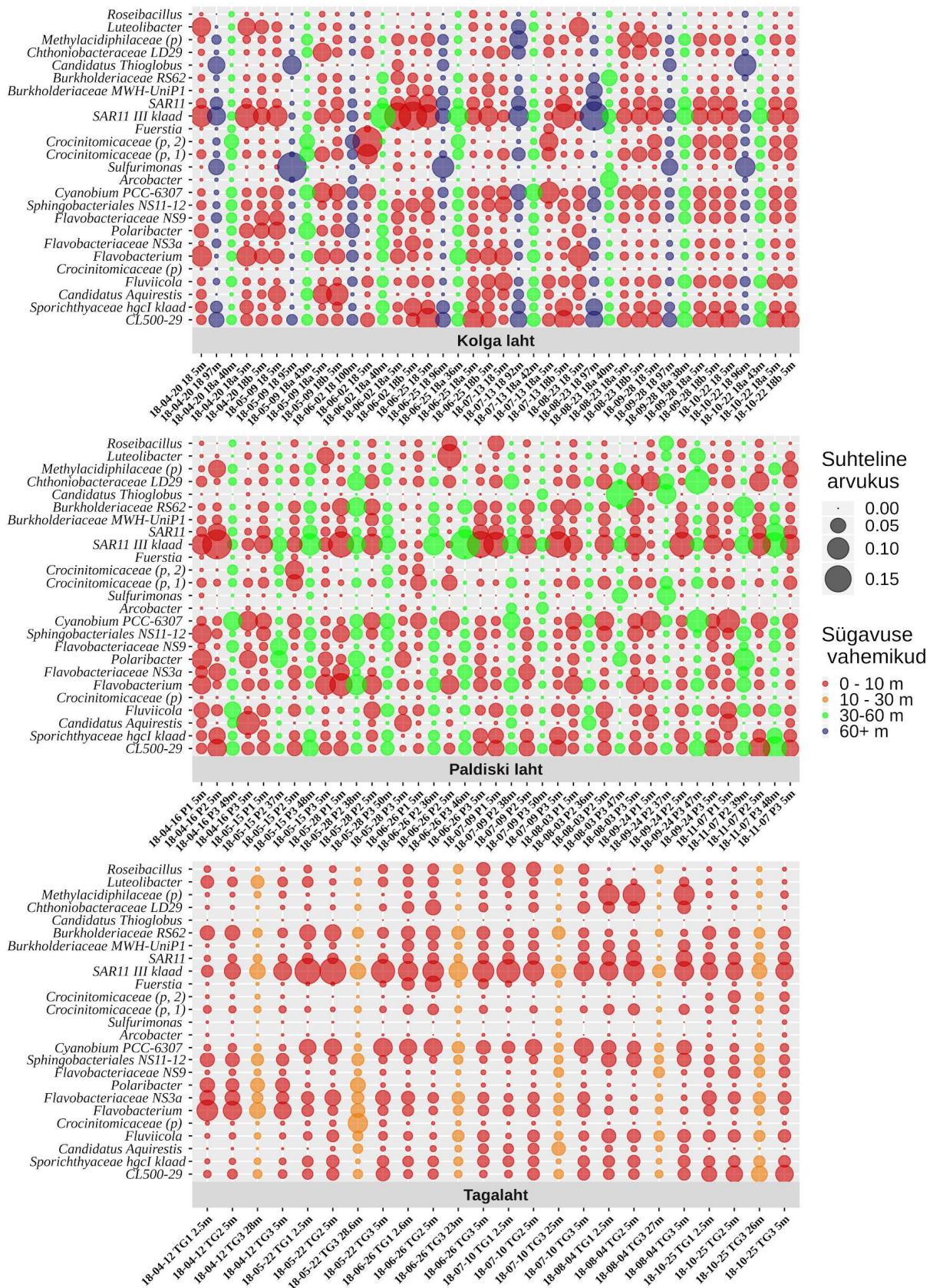
Kõige arvukamad bakteriklassid olid: *Acidimicrobiia*, *Actinobacteria*, *Bacteroidia*, *Campylobacteria*, *Oxyphotobacteria*, *Parcubacteria*, *Planctomycetacia*, *Alphaproteobacteria*, *Deltaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria* ja *Verrucomicrobiae*. *Bacteroidia*, *Alphaproteobacteria* ja *Gammaproteobacteria* klassidesse kuuluvaid baktereid esines arvukalt kõikides proovides, teiste klasside suhteline arvukused varieerusid oluliselt sesoonselt, erinevate jaamade ja sügavuste vahel (joonis 3.5.2). Klassitasemel bakteriplanktoni koosluse koosseisu poolest erines mõnevõrra Kolga laht, kus esines rohkem *Campylobacteria* ja *Planctomycetacia* takoneid (keskmiselt 1.6% ja 5.0%) kui Palski lahes (keskmiselt 0.6% ja 3.2%) ja Tagalahes (keskmiselt 1.6% ja 5.0%)

Bakteriplanktoni perekondi, mis panustasid juba üle 5% koosluse koosseisust, võib lugeda nn “tuumikliikide” hulka (joonis 3.5.3). Kõige arvukamaks heterotroofideks antud uurimistöös oli SAR11 klaadi (*Pelagibacterales*) kuuluvad bakterid (keskmiselt Kolga lahes 6,5%; Paldiski lahes 7,4%; Tagalahes 7,7%), mis on enim esinev bakterite selts ookeanis, need alfabroteobakterid moodustavad 25-50% ookeani pinnakihi elavatest rakkudest (Morris *et al.*, 2002) ja tarbivad madalmolekulaarseid ühendeid (Giovannoni, 2017).

Olulisema osa fütoplanktonist tuleneva esmase biomassist lagundamises osalevad spetsialistid, kes metaboolset võimekust (polümeeride lagundamine), näiteks *Bacteroidetes* klassi bakterid, kelle esinemine tavaliselt seotud fütoplanktoni õitsengutega. Sellest klassist olid arvukamad perekonna tasemel grupid *Candidatus Aquirestis*, *Fluviicola*, *Flavobacterium*, *Flavobacteriaceae* (NS3a, NS9), *Polaribacter* ja *Sphingobacteriales* NS11-12. *Verrucomicrobiae* on teine bakterite klass, kes on tuntud polümeeride lagundamisega ning pigem magevees esinev grupp. Nagu ka *Burkholderiaceae* ja *Sporichthyaceae* hgcI klaadi esindajad. Viimane grupp metaboliseerib lämmastikurohkeid ühendeid nagu polüamiinid ja oligonuleitiidid (Ghylin *et al.*, 2014). CL500-29 meregrupi (*Acidimicrobiia*) esindajaid leidis rohkem Kolga ja Paldiski lahes rohkem kui Tagalahes (keskmine osakaal kooslustes vastavalt 4,2%, 4,0% ja 2,7%).



Joonis 3.5.2. Arvukamate bakteriklasside suhteline arvukus bakteriplanktoni kooslus aastal 2018.



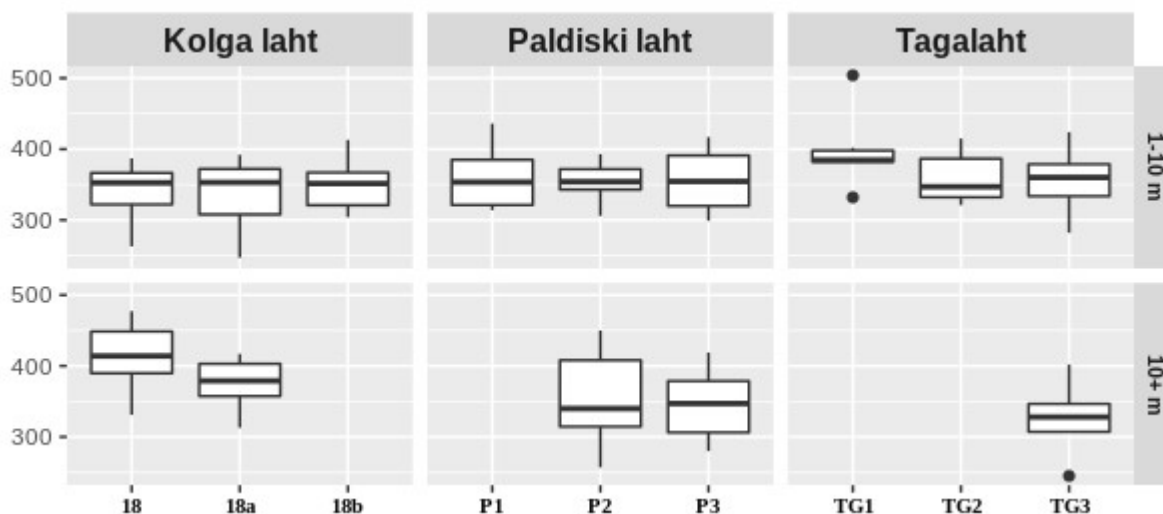
Joonis 3.5.3. Suhteliselt arvukate bakteriperekondade (vähemalt 5% vähemalt ühes proovis) suhteline arvukus kolmes uuritud lahes aastal 2018.

Kõige arvukam fotoautotroof oli *Oxyphotobacteria* klassi kuuluv üherakuline tsüanobakter, *Cyanobium* (keskmiselt Kolga lahes 3,1%, Paldiski lahes 3,8% ja Tagalahas 3,5%), kelle arvukus tõusis suvel, kuid Paldiski lahes esines arvukalt ka sügisel (joonis 3.5.3). Pikotsüanobakterid ei põhjusta õitsenguid, on pigem arvukamad toitainetevaeses keskkonnas ja on toiduks fagotroofsetele protistidele (Šimek et al., 1997).

Arcobacter ja *Sulfurimonas* (*Campylobacteria*) on denitritifitseerivad ja sulfiidi oksüdeerivad kemolitoautotroofid (He et al., 2020). *Candidatus Thioglobus* (*Gammaproteobacteria*) on samuti sulfiidi oksüdeeriv kemoautotroof, kes suudab ümberlülituda ka heterotroofsele toitumistüübile (Spietz et al., 2019). Need kemoautotroofsed taksonid esinesid peamiselt Paldiski ja Kolga lahes. Neist kõige arvukam oli *Sulfurimonas*, kes moodustas keskmiselt 1,5% Kolga lahe bakteriplanktoni koosluse koosseisust.

3.5.2 18S rRNA geenipõhine (eukarüootse) planktoni koosseisu analüüs

Molekulaarsed analüüsid eukarüootse planktoni koosseisu määramiseks viidi läbi 18S rRNA geenijärjestuste põhjal. Kokku kaasati analüüsidesse 13504319 18S rRNA järjestust 101 proovist, mis läbisid eelnevalt kvaliteedikontrolli (Kolga lahest 912058, Paldiski lahest 5187848 ja Tagalast 2799281 järjestust). Proovidest tehti kindlaks kokku 1816 liigi tasemel taksonit: 1389 Kolga lahest (40 proovis), 1283 Paldiski lahest (39 proovis) ja 1213 Tagalast (22 proovis). Liikide arv, mis moodustasid vähemalt 1% või 5% koosluse koosseisust oli vastavalt: Kolga lahes 187 ja 53, Paldiski lahes 181 ja 52; Tagalahas 159 ja 36. Mitmekesisuse võrdlemiseks erinevates proovides ühtlustati kõik proovid 67943 geenijärjestuse tasemele, mis oli väikseim sekveneerimissügavus antud proovide hulgas (joonis 3.5.3).

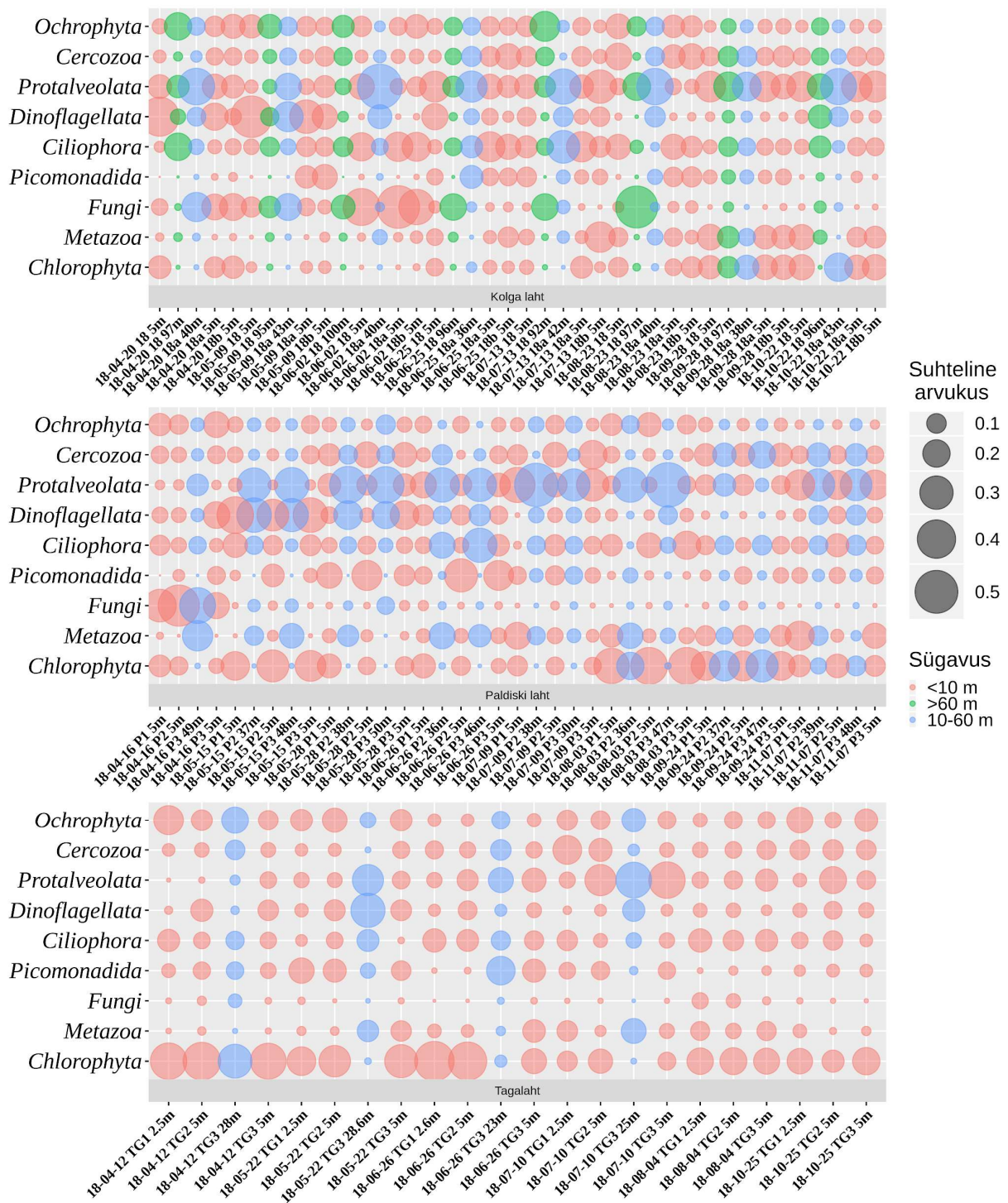


Joonis 3.5.4. Eukarüootide liigilise mitmekesisuse võrdlus lahtede vahel, ühtlustatud 67943 18S rRNA geenijärjestuse tasemele.

Üksteist hõimkonna tasemel taksonit moodustasid rohkem kui 1% andmestikust: *Protalveolata* (17.6%), *Chlorophyta* (12.2%), *Ciliophora* (10.0%), *Dinoflagellata* (9.3%), *Ochrophyta* (8.3%), *Cercozoa* (8.3%), *Metazoa* (6.7%), *Fungi* (6.0%), *Picozoa* (5.6%), *Cryptophyta* (1.6%), *Choanoflagellida* (1.1%). Arvukamate hõimkondade ajalis-ruumiline jaotus on toodud joonisel 3.5.5. Eukarüootse fütoplanktoni koosluse struktuur on detailselt käsitletud käesoleva aruande peatükis 3.4, siis on järgneval keskendutud väga väikestele fototroofsetele eukarüootidele, mis jäävad klassikalise fütoplanktoni analüüsi puhul käsitlemata (nanopikoplanktoni esindajad), ja mikro- ning mesozooplanktoni organismidele.

Väga arvukad olid andmestikus *Mamiellales* seltsi kuuluvate rohevetikate sugukondade *Mamiellaceae* ja *Bathycoccaceae* liikmeid (joonis 3.5.6; keskmiselt Kolga lahes 4,3% ja 3,2%; Paldiski lahes 8,5% ja 5,6%; Tagalahes 9,5% ja 13,3%), kuhu kuuluvad üherakulised liigid on planktiliste ripsloomade toiduobjektid. Tagalaht erines teistest uurimisaladest sellepoolest, et neid *Mamiellales* seltsi kuuluvaid rohevetikaid olid domineerivateks taksoniteks kevad-suve perioodil (joonis 3.5.6).

Kottseente klassi *Eurotiomycetes* kuuluvad *Chytridiomycetes* ja *Cryptomycotina* sugukondade esindajaid leidis eriti arvukalt Kolga lahes (keskmiselt 3,2% ja 5,9% koosluse koosseisust), mõnevõrra vähem Paldiski lahes (keskmiselt 3,8% ja 0,6%) ja kõige vähem Tagalahes (keskmiselt 1,0% ja 0,4%). Kolga ja Paldiski lahes esinesid need kottseente taksonid peamiselt kevadel ning nende rolliks võib olla kevadõitsengust lähtuva orgaanilise aine lagundamine (joonis 3.5.6).

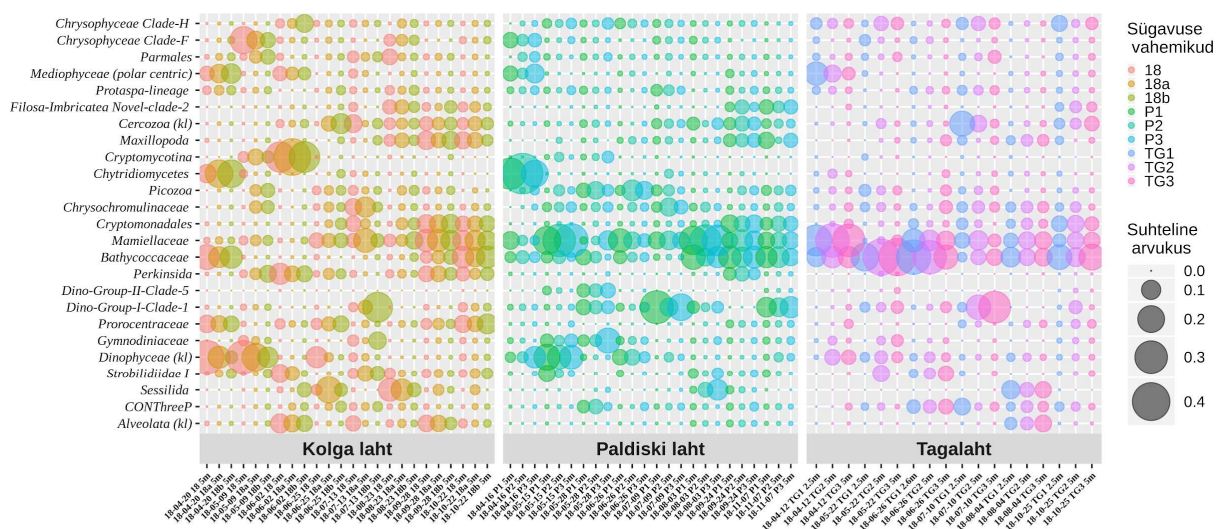


Joonis 3.5.5. Hõimkonna tasemel rühmade suhtlise arvukuse sesoonsed muutused uuritud lahtedes (rohkem kui 5% moodustanud taksonid).

Olulise grupi kolme lahe vees tuvastatud eukarüootidest moodustasid viburloomad, sh dinoflagellaadid (*Dinoflagellata*) ja ripsloomad (*Ciliata*; joonis 3.5.5). Dinoflagellaatide hulka kuuluvate *Dinophyceae* (keskmiselt Kolga lahes 6,1%, Paldiski lahes 4,3% ja Tagalahes 2,6%), *Gymnodiniaceae* (keskmiselt Kolga lahes 0,9%, Paldiski lahes 4,0% ja Tagalahes 1,7%) ja *Prorocentraceae* (keskmiselt Kolga lahes 2,6%, Paldiski lahes 0,3% ja Tagalahes 0,7%) hulka kuuluvad ka liigid, mis toodavad karpides akumulereivaid toksine (Luckas *et al.*, 2005).

Arvukamad ripsloomad 18S rRNA geenipõhises andmestikus klassifitseeriti kui *Sessilida* (keskmiselt Kolga lahes 2,0%, Paldiski lahes 0,6% ja Tagalahes 1,0%), *Strobilidiidae* (keskmiselt Kolga lahes 1,9%, Paldiski lahes 0,9% ja Tagalahes 1,1%) ja CONThreeP superklaadi (keskmiselt Kolga lahes 0,7%, Paldiski lahes 1,9% ja Tagalahes 2,4%) kuuluvateks taksoniteks (joonis 3.5.6). Ripsloomad on rannikumere toiduvõrgustiku oluliseks lülits ja indikaatoriks ökosüsteemi troofsele seisundile. Seltsi *Strobilidiidae* kuuluvate taksonite hulgas on liigid, mis Läänemere puhul on klassifitseeritud puhta keskkonna indikaatoriteks (Mironova *et al.*, 2009). Peritrihne ripsloom *Vorticella convallaria* (vesikelluke; *Sessilida*), mis esines kõikides uuritud lahtedes, võib pidada oluliseks ökosüsteemi isepuhastusvõime indikaatoriks (El-Serehy *et al.*, 2014).

Aerjalgsed (*Maxillopoda*) asuvad klassikalise toiduvõrgustiku teisel astmel (mesozooplankton) määrates ära toitainete ülalt-alla kontrolli ning ühendades sealjuures klassikalise toiduvõrgustiku mikroobse toiduahela ehk “mikroobse linguga”. Aerjalgsede arvukus tõusis kõigil uurimisaladel suve teises pooles (joonis 3.5.6). Teatud tingimustes on aerjalgsed olulised fütoplanktoni “õitsengute” kontrollijad (HELCOM, 2002).



Joonis 3.5.6. Eukarüootse planktoni sugukonna tasemel taksonite suhtlise arvukuse sesoonsed muutused pinnakihis (kuni 10 m) uuritud lahtedes (rohkem kui 5% moodustanud taksonid).

3.6 Hoovuste režiim ja muutlikkus

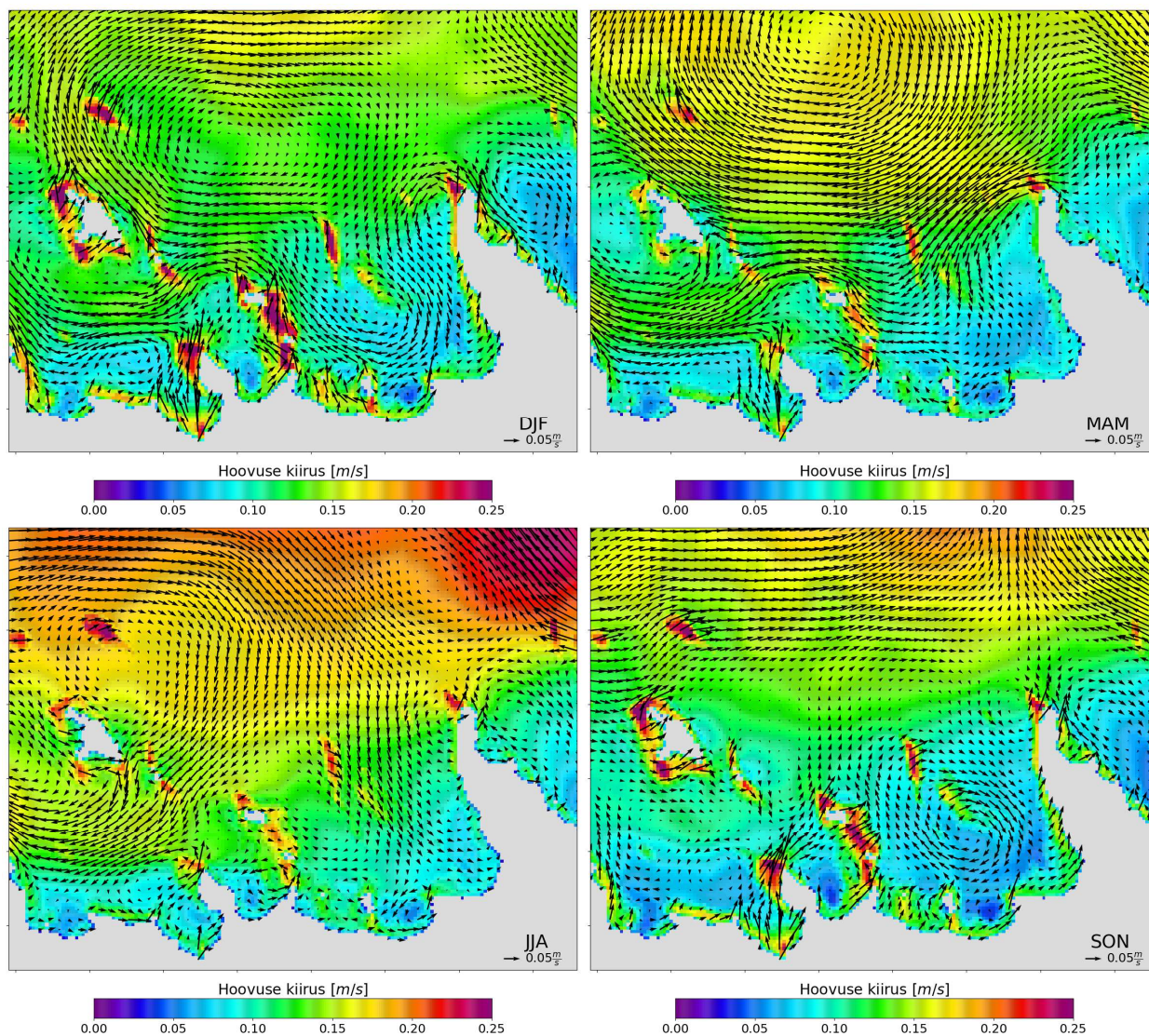
3.6.1 Kolga laht

Kolga lahe pinnakihi tsirkulatsiooni iseloomustab tugev sesoonne muutlikkus (joonis 3.6.1). Suurimad hoovuse kiirused on lahest väljas (Soome lahe avaosas piirkonna lähistel) suvisel perioodil. Kuude vahemikus juuni-august domineerib sissevool Rammu saare suunas, mis hargneb kaheks - voolamiseks Kolga lahte ning päripäeva (antitsükloonaalne) voolamiseks ümber Kelnase saare.

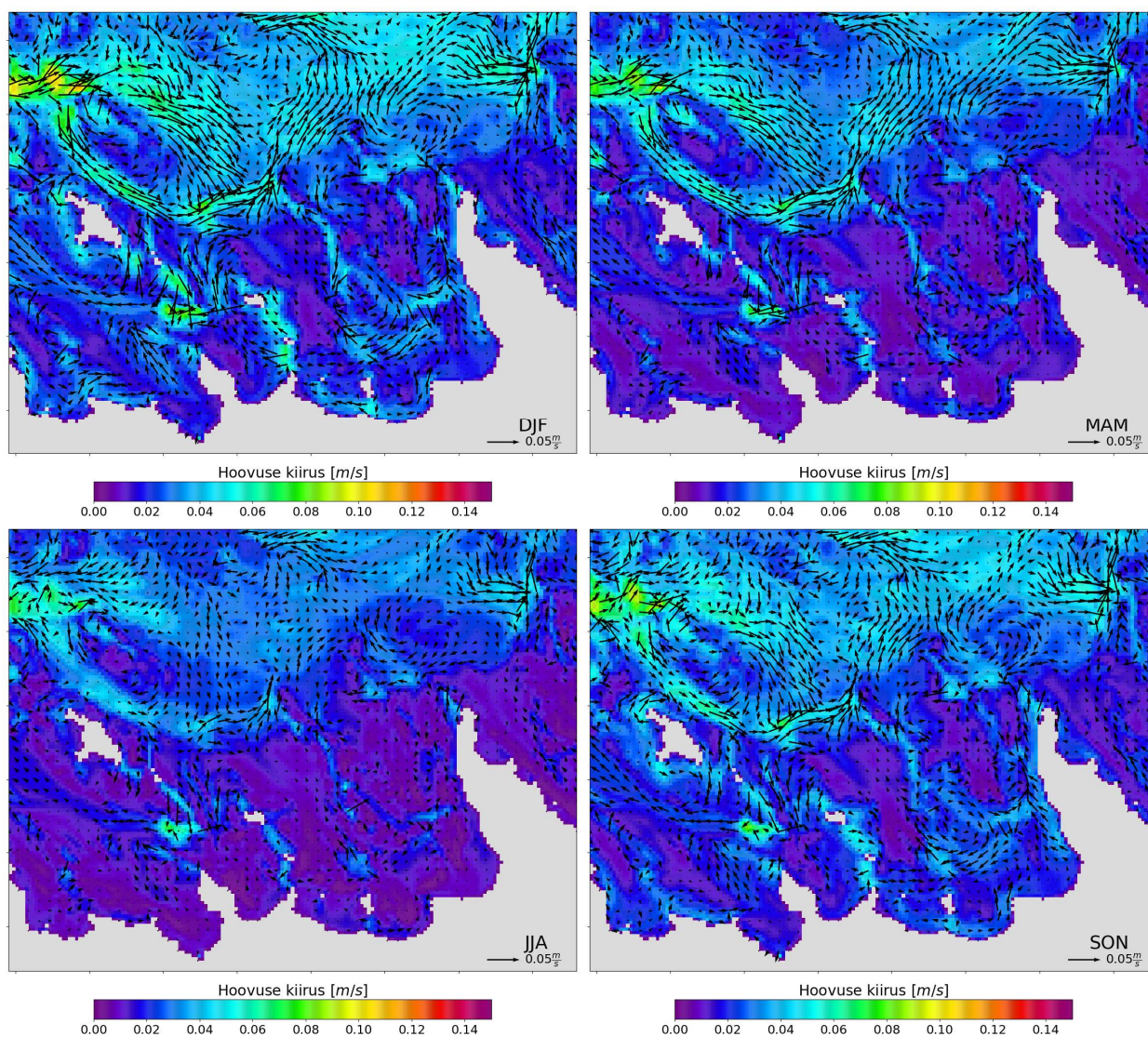
Sarnaselt pinnakihile, on põhjalähedane voolamine Kolga lahes väga muutlik kõigis vaadeldud sesoonides (joonis 3.6.2). Selget tsirkulatsiooniskeemi ei eristu isegi lahest väljaspool ning ka keskmine hoovuse kiirus põhjalähedal on märgatavalt väiksem võrreldes Paldiski lahega – suuremad keskmise hoovusekiiruse väärtused on Kolga lahest põhja pool ehk Soome lahe lõunaosas ning jäävad pigem alla 10 cm/s kõigi vaadeldud sesooni jaoks. Kolga lahes on keskmine põhjalähedane hoovuse kiirus väiksem kui 6 cm/s ning suurimad kiirused on sügis-talvisel perioodil. Keskmistatud komponentide põhjal joonistatud

tsirkulatsiooniskeemis selget voolamise režiimi ei eristu ühegi vaadeldud sesooni jaoks, mis samuti viitab suurele suuna varieerumisele põhjalähedases kihis. Erandiks on talvine-kevadne perioodi, mil Soome lahe lõunaosas, Kolga lahest talvine-kevadne perioodi, mil Soome lahe lõunaosas, Kolga lahest loodes, toimub keskmiselt idasuunaline voolamine ning mis on kooskõlas estuaarse tsirkulatsiooniga Soome lahes.

Kolga lahe päeva keskmiste hoovuse kiiruste ajaline jaotus pinna- ja põhjakihis on toodud joonisel 3.6.3. Enim esinevad kiirused valdavalt vahemikust 5-10 cm/s, kuid olulisel määral ka vahemikust kuni 5 cm/s. Nendest suurimaid kiirusi on vaid 30% vaadeldud perioodi jooksul. Põhjalähedased kiirused on valdavalt väiksemad kui 5 cm/s. Üksikutel juhtudel esineb ka kiirusi kuni 10 cm/s.

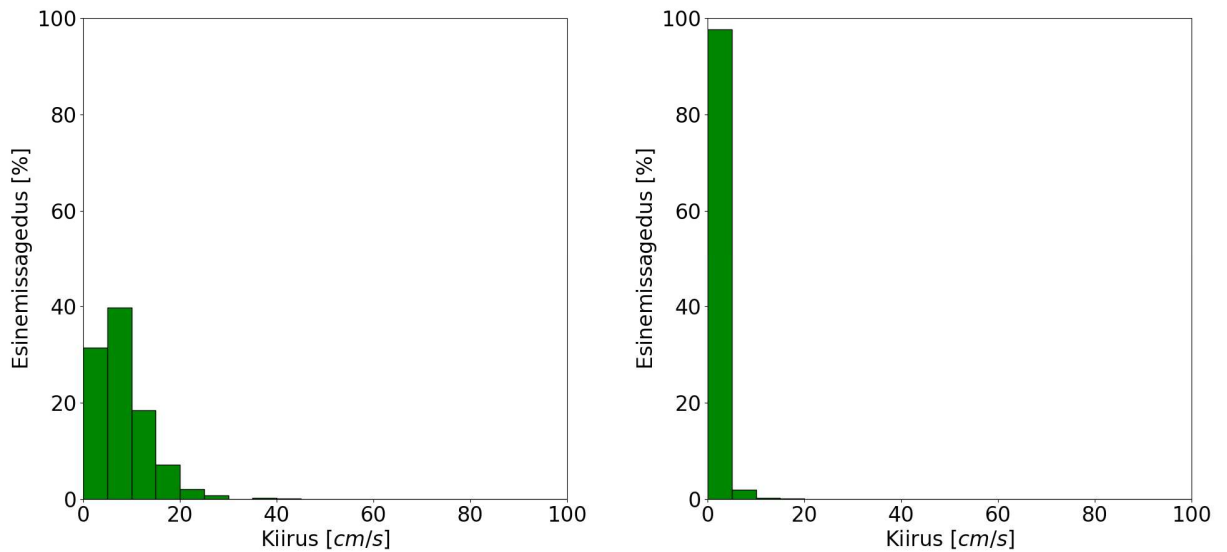


Joonis 3.6.1. Pinnakihi keskmine hoovuste režiim Kolga lahes. DJF – kuude vahemik detsember-veebruar, MAM – kuude vahemik märts-mai, JJA – kuude vahemik juuni-august ning SON – kuude vahemik september-november.



Joonis 3.6.2. Põhjakihi keskmine hoovuste režiim Kolga lahes. DJF – kuude vahemik detsember-veebruar, MAM – kuude vahemik märts-mai, JJA – kuude vahemik juuni-august ning SON – kuude vahemik september-november.

Kolga lahe päeva keskmiste hoovuse kiiruste ajaline jaotus pinna- ja põhjakihis on toodud joonisel 3.1.3. Enim esinevad kiirused valdavalt vahemikust 5-10 cm/s, kuid olulisel määral ka vahemikust kuni 5 cm/s. Nendest suurimaid kiirusi on vaid 30% vaadeldud perioodi jooksul. Põhjalähedased kiirused on valdavalt väiksemad kui 5 cm/s. Üksikutel juhtudel esineb ka kiirusi kuni 10 cm/s.



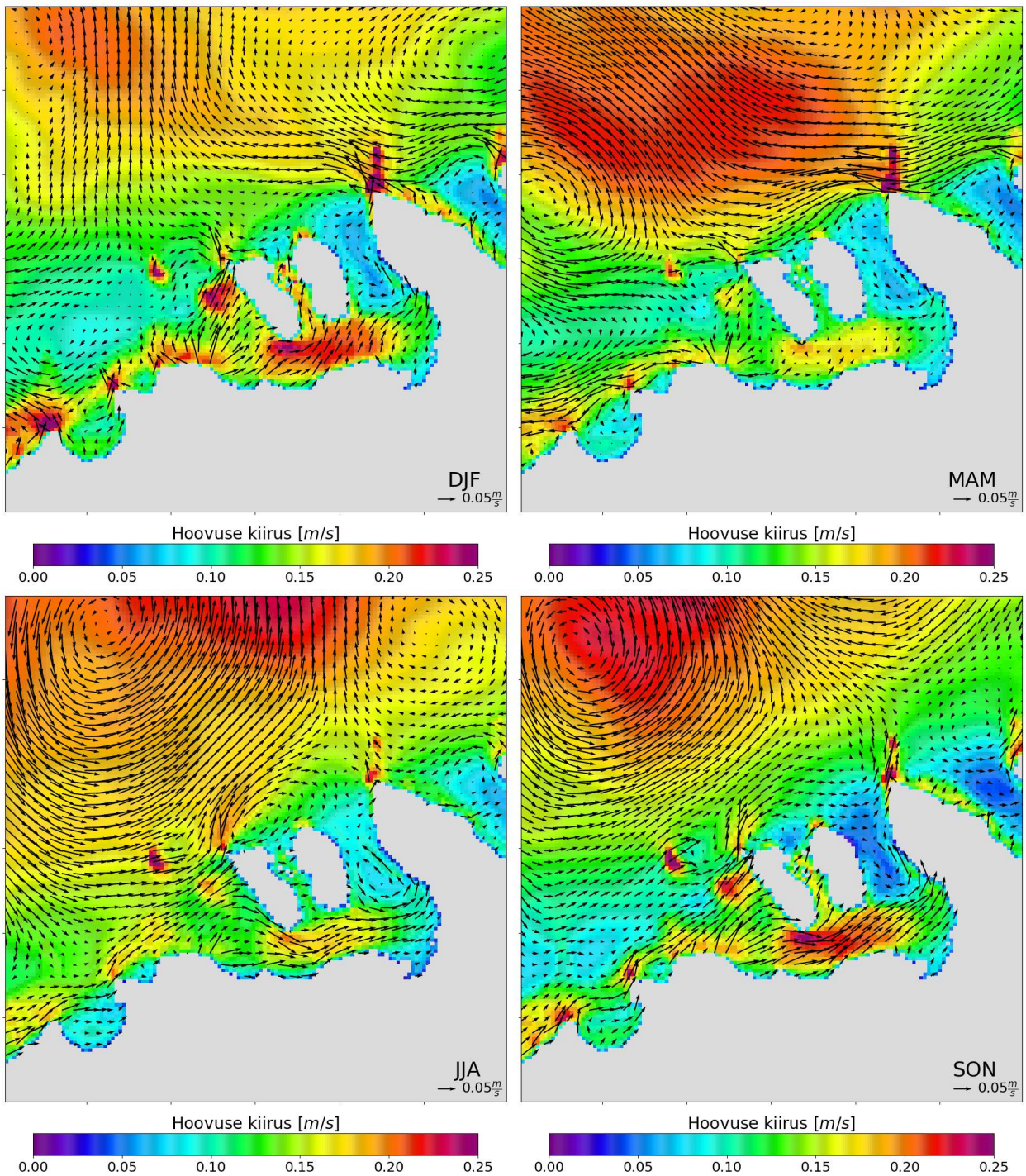
Joonis 3.6.3. Modelleeritud pinna- ja põhjakihi hoovuse kiiruste jaotus Kolga lahes mõõtmispunkti 18a asukohas perioodi 2018-2019 jooksul.

3.6.2 Paldiski laht

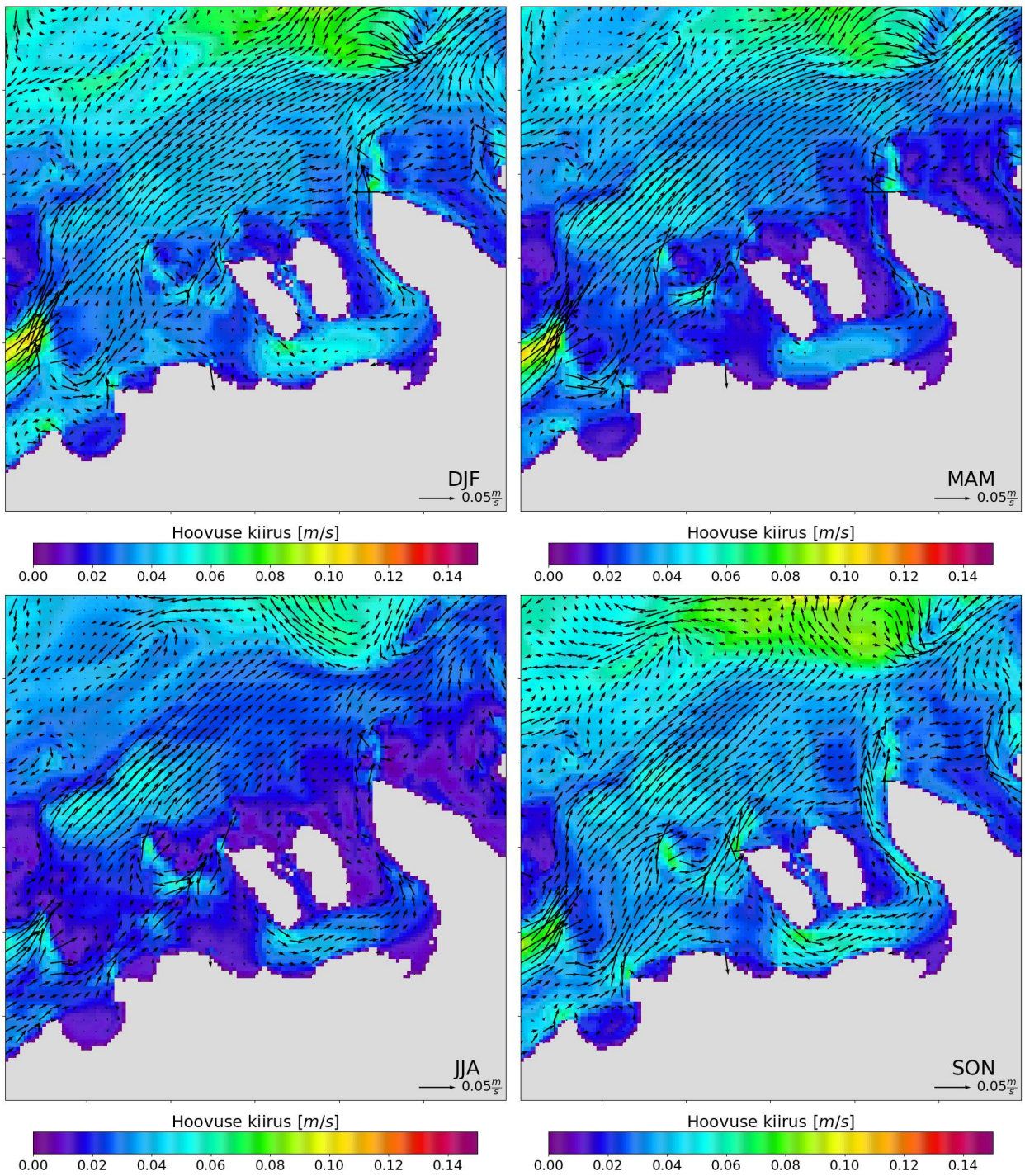
Pinnakihi hoovuste režiimi Paldiski lahes iseloomustab sesoonne varieerumine (joonis 3.6.4). Suurimad hoovuste kiirused lõunaosas on sügis-talvisel perioodil (kuude vahemik september kuni veebruar) ning väikseimad kevad-suvisel perioodil (kuude vahemik märts-august), mis viitab tuulerežiimi tugevale mõjule. Samas, lahe idapoolseimas osas – Väike-Pakri ja Paldiski poolsaare vahel – on suurimad kiirused just suvisel perioodil. Estuaarne voolamine (lahes vastupäeva) domineerib enamikes aastaaegades, erandiks on kevadine periood, mil hoovuse suund varieerub rohkem ning keskmistatud komponentide vektorid on väikesed. Sesoone muutlikkus on nähtav ka väljas pool Paldiski lahte – Soome lahe lõunaosas.

Sarnaselt pinnakihi režiimile on sesoonne muutlikkus täheldatav ka Paldiski lahe põhjalähedaste hoovuste režiimis (joonis 3.6.5). Sügis-talvist perioodi iseloomustab tugev vastupäeva voolamine piki rannikut, samas kui kevad-suvisel perioodil on selline voolamine nõrgenenud. Lahest väljas on sesoone voolamise skeem põhjalähedal ühtlasem võrreldes pinnakihi režiimiga – ainult hoovuse kiirused on suurimad just kuude vahemikus septembrist-vebruarini.

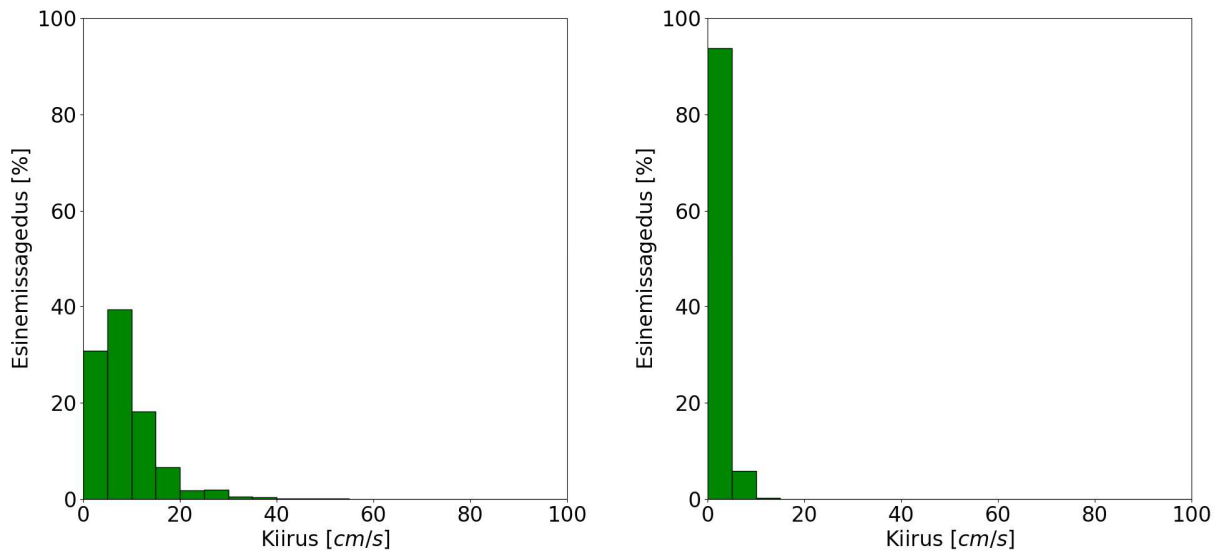
Päeva keskmiste hoovuse kiiruste jaotus pinnal on suhteliselt mittehomoogeenne – enim on küll hoovuse kiirusi 5-10 cm/s, kuid olulisel määral esineb ka kiirusi 0-5 ning 10-15 cm/s. Suuremaid kui 20 cm/s on alla 20% juhtudest. Põhjalähedased päeva keskmised kiirused on kuni 15 cm/s, kuid valdavalt jäävad kiirused alla 5 cm/s.



Joonis 3.2.4. Pinnakihi keskmine hoovuste režiim Paldiski lahes. DJF – kuude vahemik detsember-veebruar, MAM – kuude vahemik märts-mai, JJA – kuude vahemik juuni-august ning SON – kuude vahemik september-november.



Joonis 3.2.5. Põhjakihi keskmine hoovuste režiim Paldiski lahes. DJF – kuude vahemik detsember-vebruar, MAM – kuude vahemik märts-mai, JJA – kuude vahemik juuni-august ning SON – kuude vahemik september-november.



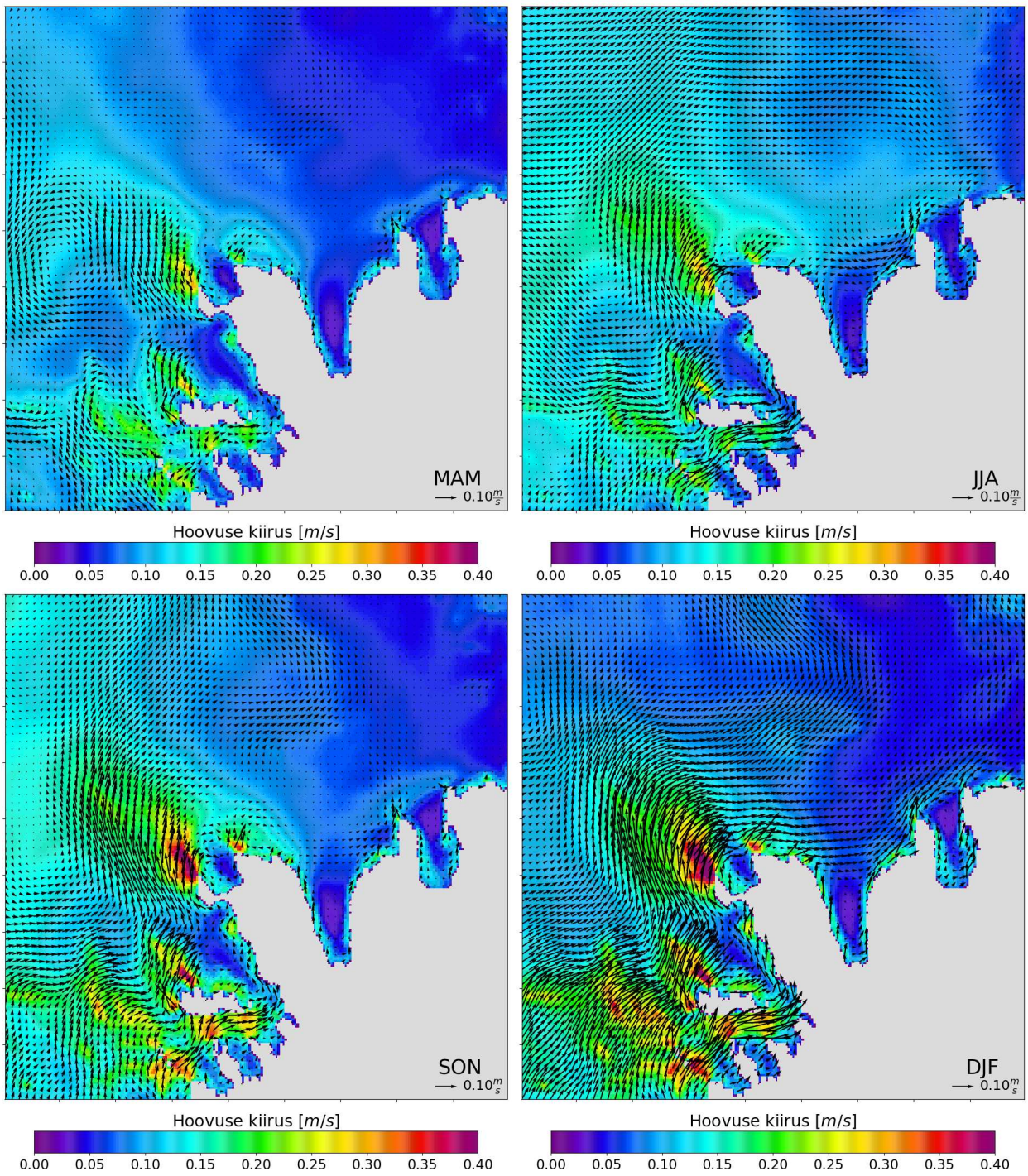
Joonis 3.6.6. Modelleeritud pinna- ja põhjakihi hoovuse kiiruste jaotus Paldiski lahes mõõtmispunkti P2 asukohas perioodi 2018-2019 jooksul.

3.6.3 Tagalaht

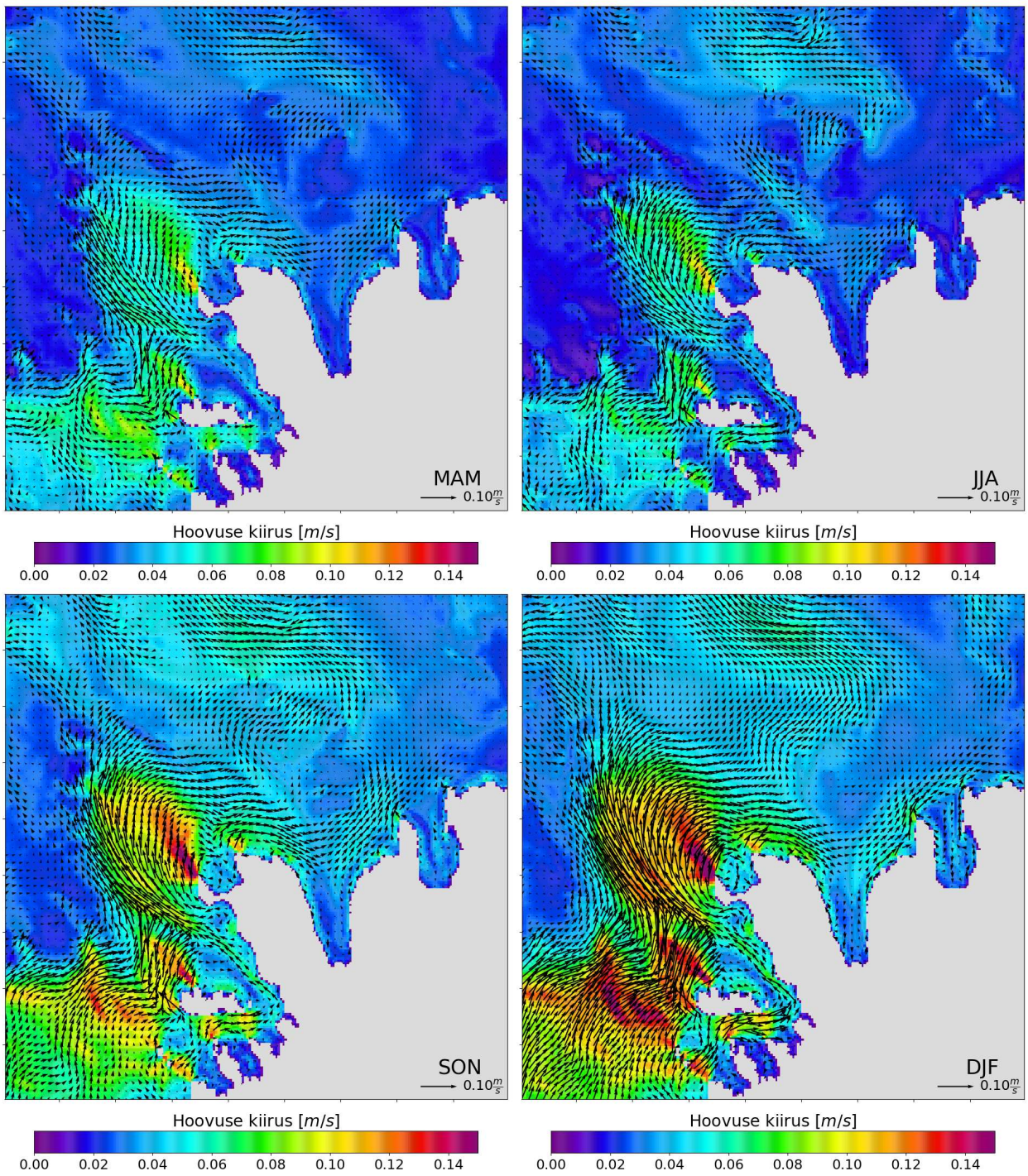
Pinnakihi keskmine hoovuse kiirus Tagalahe piirkonnas näitab selget sesoonset muutlikkust ning suurimad kiirused on suvis-sügisel perioodil kuude vahemikus juunist novembrini (joonis 3.6.7). Märkatavalt väiksemad hoovuse kiirused on kevadisel perioodil.

Tagalahe põhjakihi hoovuste režiimi sesoonne käik on mõningal määral erinev pinnakihi käigust. Suurimad kiirused piirkonnas on talvisel perioodil kuude vahemikus detsember kuni veebruar, kuid väiksemad sarnaselt pinnakihiga kevadel (joonis 3.6.8). Keskmistatud komponentide põhjal joonistatud voolamine on sarnaselt pinnakihiga suunatud kirdesse, mis on kooskõlas estuaarse voolamise režiimiga Läänemeres.

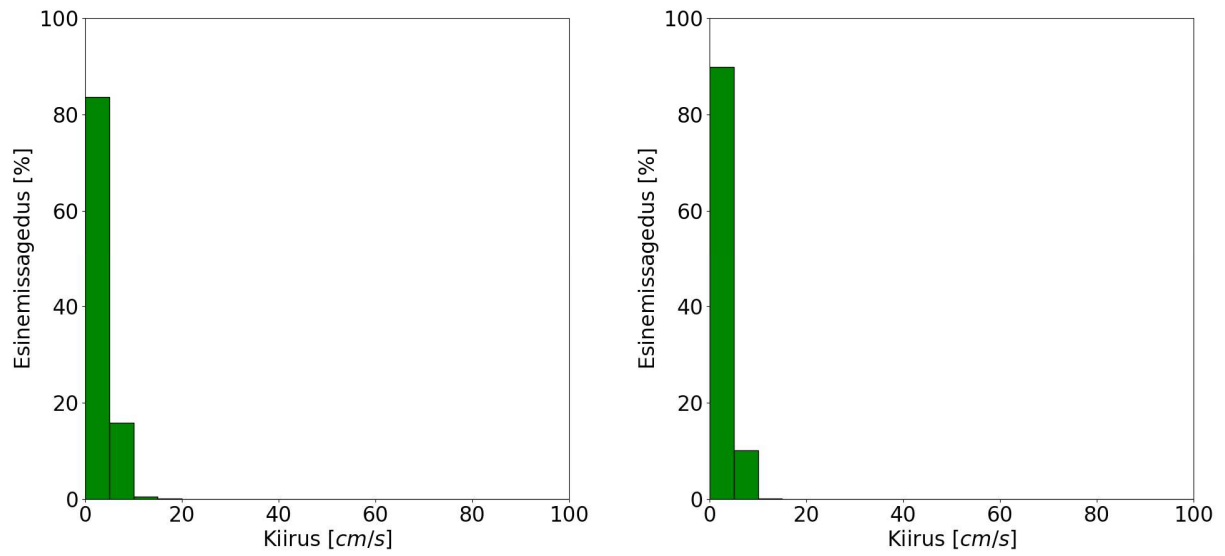
Tagalahe päeva keskmised hoovuse kiirused on valdavalt kuni 5 cm/s nii pinnal kui ka põhjas (üle 80% päevadest). Mõningatel juhtudel esineb veel kuni 10 cm/s hoovusi (kuni 18% pinnal ja 10% põhjas) ning maksimaalsed pinnal on alla 20 ja põhjas 15 cm/s.



Joonis 3.6.7. Pinnakihi keskmine hoovuste režiim Tagalahes.



Joonis 3.6.8. Põhjakihi keskmine hoovuste režiim Tagalakes.

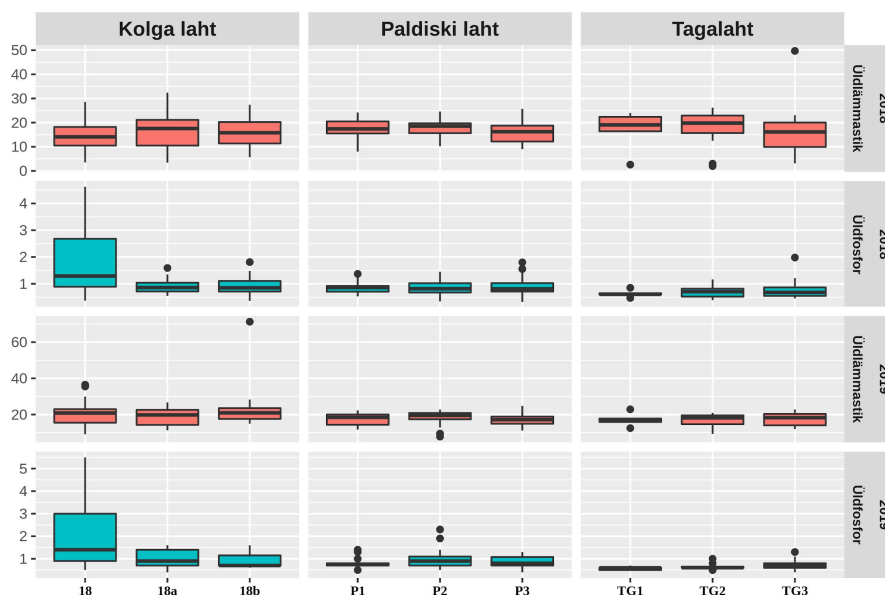


Joonis 3.6.9. Modelleeritud pinna- ja põhjakihi hoovuse kiiruste jaotus Tagalahes mõõtmispunkti TG2 asukohas perioodi 2016-2018 jooksul.

4. Uurimistöö tulemusi integreeriv arutelu

4.1 Mikroobikooslused ja keskkonnaseisund

Vees lahustunud anorgaanilised toitained määravad fotosünteetilise algproduktiooni määra. Üldfosfori ja üldlämmastiku sisalduste dünaamika iseloomustab nii elusorganismide kui surnud orgaanilise aine (detriidi) sisaldust ja jaotumist vees. Vesikultuuride viljeluse seisukohalt on olulised mõlemad: ammoniumi ja fosfaatide sisaldus kihistunud mere põhjalähedases veekihi viitab anaeroobsetele tingimustele setetes ja sette kohal olevas veekihi, $P_{\text{üld}}$ ja $N_{\text{üld}}$ sisaldus kajastab nii vee üldist toitelisust ja eutrofeerumist, kuna nende kõrgete sisaldustega veesambas kaasneb reeglina ka settiva orgaanilise materjali suurem mass. Mõõdetud $P_{\text{üld}}$ ja $N_{\text{üld}}$ kontsentratsioonide jaotuste kahe aasta vältel tõusis esile vaid Kolga lahe kõige avamerepoolsem jaam, 18, kus üldfosfori väärtused olid teiste jaamadega võrreldes statistiliselt oluliselt kõrgemad (ANOVA $p < 0.001$; joonis 4.1.1).



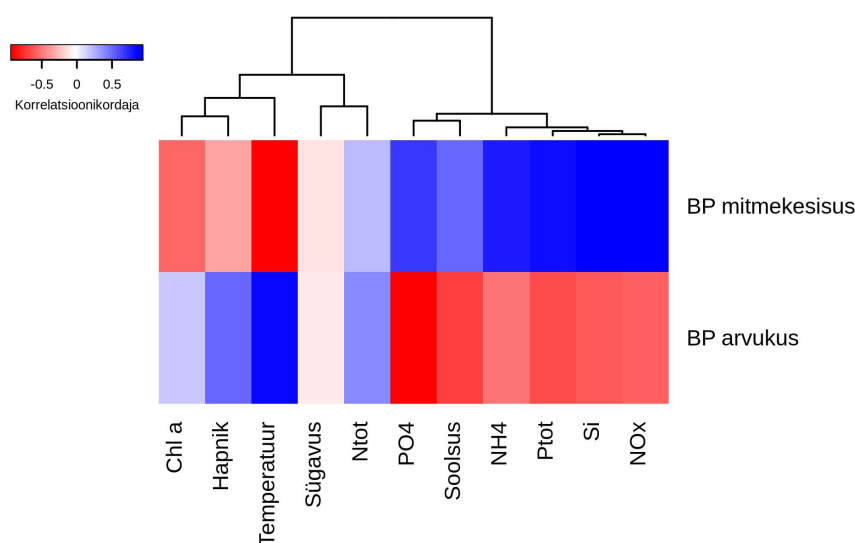
Joonis 4.1.1. Üldlämmastiku ja -fosfori kontsentratsioonide (μM) jaotused kolmes uuritud lahes aastatel 2018-2019.

Vees lahustuva hapniku vaegus on enamasti tingitud hapnikku tarivatest mikrobioloogilistest protsessidest, mille käigus lagundatakse orgaanilist ainet. Mida enam on veesambas või veekogu põhjas orgaanilist substraati/detriiti ja mida tugevam on veesamba kihistus, seda suurema tõenäosusega võib põhjalähedases vees kujuneda hapnikuvaegus. Hapniku kontsentratsiooni muutusega seostusid nii prokarüootide kui ka eukarüootide koosluste koosseisu muutused (trendivaba korrespondentsanalüüs: $p < 0,001$ ja $p < 0,005$, vastavalt). Hapniku sisalduse sesoonne dünaamika pinnakihi oli kõikides piirkondades sarnane – maksimaalsed sisaldused esinesid varakevadel, kui vesi oli veel suhteliselt külm ja toimus kevadõitseng (fütoplanktoni massvohamine) ning madalamad sisaldused suvel, kui vee temperatuur oli kõrge (hapniku küllastuse sisaldus vastavalt madal).

Hapnikuvaegus esines ainult Kolga lahe sügavamas jaamas, 18, kus hapniku sisaldus hakkas langema alates 40 m sügavuselt ja hapnik praktiliselt puudus veekihi 80 m kuni põhjani, erandiks oli 2018. aasta oktoober. Samas sulfüüdi oksüdeerivaid kemoautotroofseid bakteriplanktoni perekondi vaadeldi Kolga ja Paldiski lahtede teistes veesambast võetud proovides, mispuhul on nad keemia analüüsides sõltumatuteks indikaatoriteks redokstingimustele, mis valitsevad põhjalähedases kihis ja setetes. Nende arvukuse kasvu

veesambas saab vaadelda kui indikaatorit keskkonnaseisundi halvenemise prognoosimisel. Kemoautotroofsed bakterid erinevad oma fenotüüpi poolest heterotroofsest bakteriplanktonist piisavalt, et neid on võimalik diskrimineerida ka voolutsütomeetri ja epifluoressentsmikroskoopia abil (Möller *et al.*, 2019).

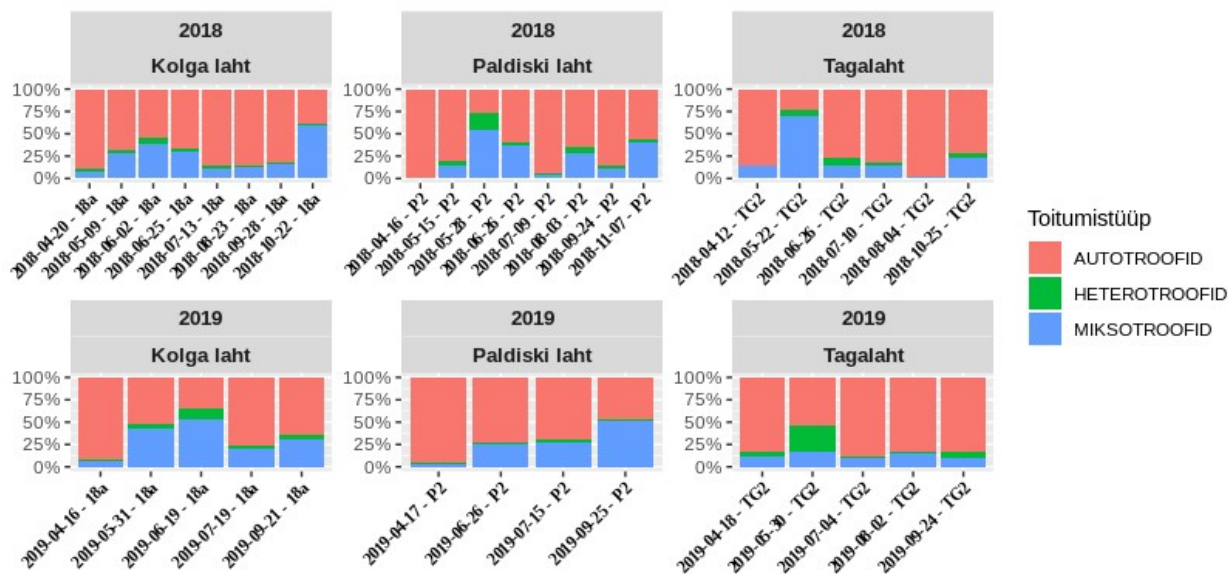
Temperatuuril on tugev mõju biokeemilistele protsessidele (s.h. respiratsioonile) ja mikroobide kasvukiirusele, mistõttu suureneb temperatuuri tõustes hapnikutarbimine ning võib tekkida põhjalähedases veekihiis hüpoksia. Sellistele protsessidele on eriti tundlikud madalad rannikualad, kus orgaanilisi aineid lisandub nii maismaa ja antropogeensetest allikatest. Temperatuuri ja bakteriplanktoni arvukuse vahel leiti tugev positiivne korrelatsioon (joonis 4.1.2). Negatiivne korrelatsioon bakteriplanktoni mitmekesisuse ja temperatuuri vahel tuleneb asjaolust, et suvel üksikud taksonid panustasid suure fraktsiooni kooslusest, peamiselt SAR11 bakterid ja üherakuline tsüanobakter *Cyanobium*.



Joonis 4.1.2. Bakteriplanktoni (BP) arvukuse ja mitmekesisuse korrelatsioonid (Pearson) taustaandmetega (ammoniumi - NH₄, nitritite-nitraatide - NO_x, fosfaatide - PO₄, üldlämmastiku - N_{tot}, üldfosfori - P_{tot}, klorofüll a - Chl a).

Mikroskoopia analüüside käigus määrati identifitseeritud nano- ja mikroplanktoni liikide toitumistüüp ning seeläbi erinevate toitumistüüpide osakaal biomassis (joonis 4.1.3). Valdavalt olid mikroobikooslused autotroofide poolt domineeritud, mispuhul toiduvõrgustik on efektiivsem, ehk suurema mesozooplanktoni sekundaarproduktiooniga (Berglund *et al.*, 2007). Mikso- ja heterotroofide osalaal suurenes kevadõitsengu lõpus koos anorgaanilise lämmastiku sisalduse langusega pinnakihiis. Kõik fütoplanktoni liigid pole herbivoorsele zooplanktonile samaväärseks toiduks: tsüanobakterid ja prümnesiofüüdid omavad madalat toiteväärtust (de Bernardi and Giussiani 1990, Sapanen *et al.* 2008); ning krüptofüüdid omavad kõrget toiteväärtust (Lehman ja Sandgren; 1985).

Niitjate tsüanobakterite biomassi osakaalud fütoplanktoni kooslusest aastatel 2018 ja 2019 olid: Kolga lahes 29.0% ja 17.1%; Paldiski lahes 25.6% ja 21.2%; Tagalahes 29.7% ja 29.9%. Prümnesiofüütide biomassi osakaalud fütoplanktoni kooslusest aastatel 2018 ja 2019 olid: Kolga lahes 1.3% ja 0.8%; Paldiski lahes 3.7% ja 3.4%; Tagalahes 1.8% ja 3.0%. Krüptofüütide biomassi osakaalud fütoplanktoni kooslusest aastatel 2018 ja 2019 olid: Kolga lahes 6.2% ja 7.2%; Paldiski lahes 7.3% ja 7.4%; Tagalahes 7.8% ja 10.4%.



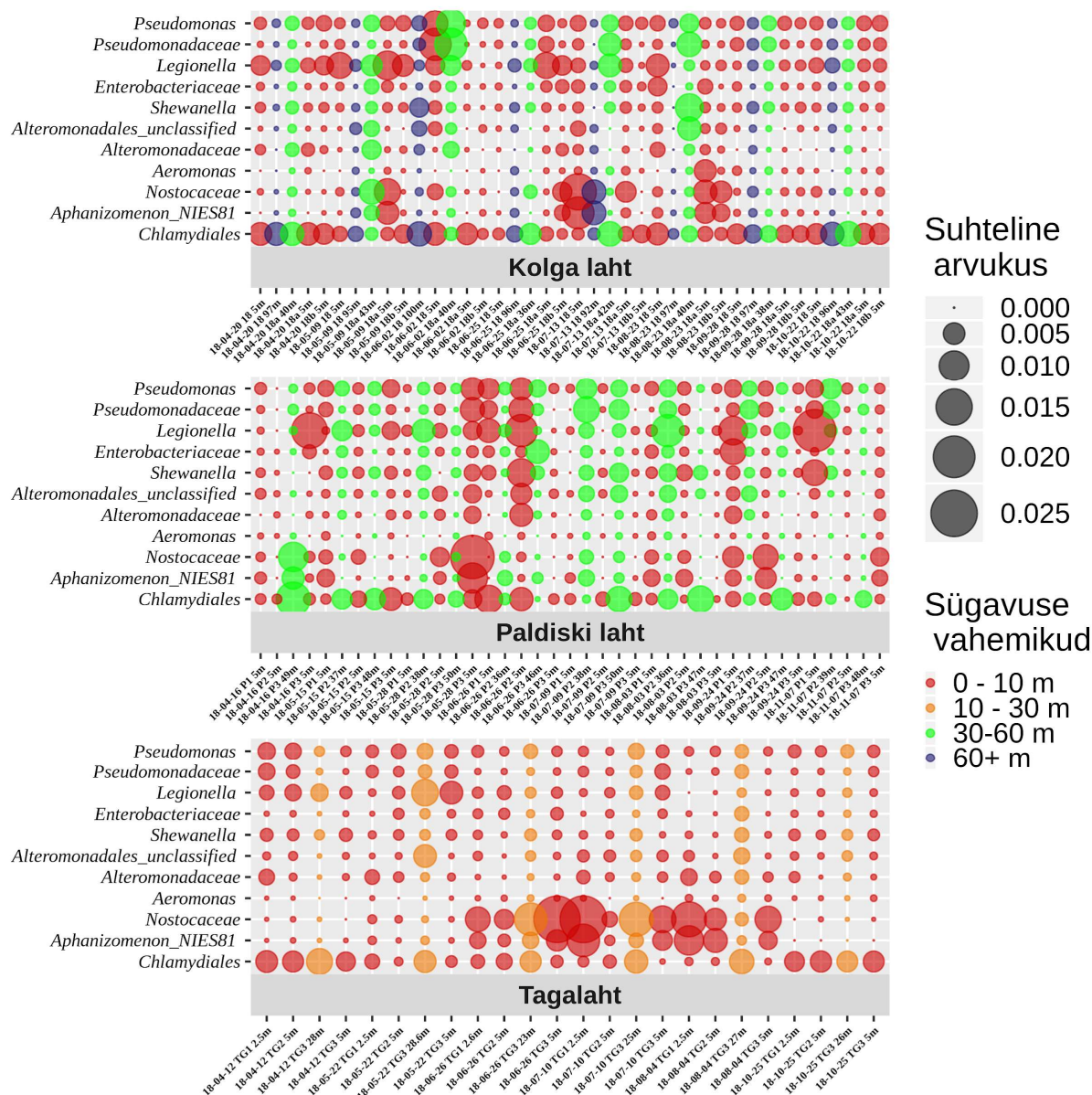
Joonis 4.1.2 Erineva toitumistüübiga mikroorganismide biomassi osakaal koosluses, mis oli võimalik mikroskoobiga identifitseerida.

4.2 Patogeensed ja toksilised mikroobid

4.2.1 Potentsiaalselt ohtlike bakteriplanktoni taksonite esinemine

Molekulaarne DNA-põhine koosluse analüüs on väga tundlik meetodika ja võimaldab kindlaks teha ka väga madala arvukusega esinevaid mikroorganisme (*rare biosphere*), mille hulka võivad kuuluda ka ohtlikud patogeenid, kuid mis inimeste ja kalade tervisele väikese arvukuse juures suure tõenäosusega ohtu ei kujuta. Seega kasutasime keskkonnamikrobioloogias kasutusel olevat empiirilist lävendit oluliste gruppide sorteerimiseks, milleks on 1% kogu koosluse koosseisust, millisel juhul loetakse neid suhteliselt arvukaks ja ökoloogiliselt oluliseks. Uuritud proovides tuvastati *Aphanizomenon* NIES-81 ja *Nostocaceae* taksonite koosseisu kuuluvad toksiine tootvad tsüanobakterid ja potentsiaalselt toksiine tootev liik *N. spumigena*, mida tuvastasime ka mikroskoopia analüüside käigus (peatükid 3.4 ja 4.2.2).

Suhteliselt arvukalt esinevate bakteriplanktoni liikide hulgas leidus ka inimestele ja/või kaladele potentsiaalselt toksilisi ja patogeenseid gruppe (joonis 4.2.1), mida kõiki ei olnud liigi tasemini võimalik määrata. Seetõttu jäi ka nende patogeensuse määr vaid oletuslikuks. Tuvastatud *Chlamydiales*, *Shewanella* ja *Legionella* taksonite hulka kuuluvad obligatoorsed inimese patogeenid. *Enterobacteriaceae*, *Pseudomonadaceae* ja *Alteromonadaceae* taksonites esineb nii fakultatiivseid kui ka obligatoorseid patogeene. Nende potentsiaalselt patogeensete gruppide ajalis-ruumilise jaotuse järgi võib järeldada, et Kolga ja Paldiski lahes on antropogeenne mõju märgatavam ning infektsioonirisk kõrgem. Lahtedes valitsevaid hoovuste režiimide andmete alusel on võimalik seda riski vähendada kalakasvatuse asukohta valides, vältida tuleks asukohti, kus domineerivad hoovused liiguvad olulistest punktireostusallikatest otse kavatuse suunas.



Joonis 4.2.1. Potentsiaalselt patogeensete või toksilisete bakterite esinemine 2018. aasta sekveneerimisandmetes.

4.2.2 Potentsiaalselt toksiliste fütoplanktoni liikide esinemine

Fütoplanktoni mikroskoopial põhinev analüüs tuvastas potentsiaalselt toksiline tsüanobakterite *Nodularia spumigena* ja *Dolichospermum* sp. esinemise Kolga lahes ja Tagalahes. Molekulaarsete analüüsides on küll võimalik palju suuremat hulka planktoni liike identifitseerida, kuid pole praegu veel võimalik kindlaks teha tähtsate gruppide arvukust ja biomassi. *N. spumigena* moodustas 2018. aasta augustikuu 18a jaamas fütoplanktoni biomassist kolmandiku. 2019 aasta suvel panustasid Tagalahe pinnakihis *Aphanizomenon* spp. ja *N. spumigena* suure fraktsiooni fütoplanktoni biomassist (66.5% jaamas TG2 04.07.2019). Tagalahes on 80% ajast hoovuste kiirused madalad ja kõige kõrgemad pinnakihi temperatuurid mõõdeti just selles uurimisas. Seetõttu võib seda ranna ökosüsteemi pidada eriti tundlikuks fosfaatide lisandumisele, mis suurendaks tsüanobakterite biomassi veelgi.

Mikroskoopia ja molekulaarsete analüüside põhjal olid potentsiaalselt toksiliste dinoflagellaatide *Dinophysis* spp. ja *Prorocentrum* spp.; ning prümnesiofüüdi *Chrysochromulina* spp. arvukused kõrgemad Kolga ja Paldiski lahes (Granéli ja Turner, 2008). *Dinophysis acuminata* oli uuritud lahtedest kõige arvukam Kolga lahe 18a jaamas ning seda taksonit esines mõlemal vaadeldud suvel (25.06.2018 ja 19.07.2019). Rohkem kui 0,8 miljonit *Chrysochromulina* spp. rakku l⁻¹ esines P2 jaama pinnakihis 2019 aasta suvel (26.06.2019 ja 15.07.2019).

5. Lühikokkuvõte

Uurimistöö käigus viidi läbi laiahaardeline Eesti rannikumere füüsikalise-keemiliste tingimuste ja mikroobikoosluste seire. Uurimisaladeks valiti kolm kõige suurema vesiviljeluse potentsiaaliga piirkonda, neist kaks Eesti põhjarannikul – Kolga laht ja Paldiski laht, ja üks Saaremaa looderannikul – Tagalaht. Igas lahes koguti proove ja sondeerimisandmeid kolmest punktist kahe aasta kevad-sügis perioodil. Mikroobikoosluste seireks kasutati erinevaid meetodikaid: mikroskoopiat, voolutsütomeetriaat ja molekulaarseid analüüse (16S ja 18S rRNA geenide ampliconide sekveneerimine).

Põhjaranniku uurimisalade mikroobikoosluste koosseisu ajalis-ruumiline dünaamika erines märgatavalt Tagalahas vaadeldust. Tagalahe fütoplanktoni biomass viimases jäi tunduvalt madalatele tasemetele mõlemal aastal ja suurema fraktsiooni panustasid niitjad tsünobakterid, kus fosfaatide allika lisandumisel võivad tekkida suurema biomassiga tsünobakterite massivohamised. Tagalahe bakterplanktoni ja fütoplanktoni koosluste suhtes oli sujuvam võrreldes põhjaranniku uurimisaladega, kus toimus rohkem sporaatilisi muutusi. Kolga lahe kõige sügavamas jaamas esines hapnikuvaegus halokliini alla jäävas veesambas, aga sulfiidi oksüdeerivaid kemoautotroofseid baktereid leidis nii Kolga kui ka Paldiski lahe kõrgematel horisontidel, mis on indikaatorid redokstingimustele setetes ja põhjalähedastes kihtides. Potentsiaalselt ohtlike (patogeenide või toksilisi) bakterplanktoni ja fütoplanktoni taksonid esines samuti rohkem põhjaranniku uurimisaladel.

Mitmete meetodite integreerimine mikroobikoosluse uurimiseks võimaldas omandada erinevaid aspekte nende funktsioneerimise kohta. Mikroskoopia analüüside käigus tehti kindlaks erinevate fütoplanktoni klasside biomassi osakaalud ja nende toitumistüübid, mis võimaldab hinnata mikroobse toiduvõrgustiku efektiivsust. Molekulaarsete analüüside käigus tehti kindlaks bakterplanktoni koosluse koosseis (sh patogeenide esinemine) ja klassifitseeriti eukarüootide taksonid, mida mikroskoobiga pole võimalik määrata. Voolutsütomeeter võimaldas määrata pikoplanktoni arvukuse ning diskrimineerida teatud olulisi funktsionaalseid gruppe (pikotsünobakterid ja kemoautotroofid).

6. Kasutatud kirjandus

- Azam, F., Fenché, T., Field, J. G., Gray, J. S., Meyer-Reil, L. A., Thingstad, F. (1983). The Ecological Role of Water-Column Microbes in the Sea. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 10: 257-263.
- Berglund, J., Müren, U., Båmstedt, U., Andersson, A. (2007). Efficiency of a phytoplankton-based and a bacterial-based food web in a pelagic marine system. *Limnology and Oceanography*, 52. doi: 10.4319/lo.2007.52.1.0121.
- de Bernardi, D., Giussani, R. (1990). Are blue-green algae a suitable food for zooplankton? An overview. *Hydrobiologia* 200–201, 29–41.
- Burchard, H., K. Bolding, GETM – a general estuarine transport model. Scientific Documentation. Technical report EUR 20253 en. In: Tech. Rep. European Commission, Ispra, Italy, 2002
- Caruso, G. (2014). Marine Strategy Framework Directive: Current Gaps in Microbiological Issues. *J Ecosys Ecograph* 4:e120.
- Degerman, R., Lefébure, R., Byström, P. *et al.* (2018). Food web interactions determine energy transfer efficiency and top consumer responses to inputs of dissolved organic carbon. *Hydrobiologia* 805: 131–146.
- El-Serehy, H. A., Bahgat, M. M., Al-Rasheid, K., Al-Misned, F., Mortuza, G., & Shafik, H. (2014). Cilioprotists as biological indicators for estimating the efficiency of using Gravel Bed Hydroponics System in domestic wastewater treatment. *Saudi journal of biological sciences*, 21(3), 250-255.
- Granéli, E., Turner, J. T. (toim.) 2008. Ecology of Harmful Algae. Ecological Studies 189. Springer –Verlag Berlin Heidelberg. 416 pp.
- Ghylin, T.W., Garcia, S.L., Moya, F., Oyserman, B.O., Schwientek, P., Forest, K.T., Mutschler, J., Dwulit-Smith, J., Chan, L.K., Martinez-Garcia, M., Szczyrba, A. (2014). Comparative single-cell genomics reveals potential ecological niches for the freshwater acI Actinobacteria lineage. *The ISME journal*, 8(12): 2503-16.
- Giovannoni, S. J. (2017). SAR11 Bacteria: The Most Abundant Plankton in the Oceans. *Annual Review of Marine Science*, 9(1): 231–255.
- He, P., Xie, L., Zhang, X., et al. (2020). Microbial Diversity and Metabolic Potential in the Stratified Sansha Yongle Blue Hole in the South China Sea. *Sci Rep.*10(1): 5949.
- HELCOM 2017 Monitoring of phytoplankton species composition, abundance and biomass. (<http://www.helcom.fi/Lists/Publications/Guidelines%20for%20monitoring%20phytoplankton%20species%20composition,%20abundance%20and%20biomass.pdf>)
- HELCOM, 2002. Fourth Periodic Assessment of the State of the Marine Environment of the Baltic sea area, 1994-1998. *Baltic sea Envir. Proc.*, 82B, 218 pp.
- Herlemann, D. P., Labrenz, M., Jürgens, K., Bertilsson, S., Wanick, J. J., Andersson, A. F. (2011). Transitions in bacterial communities along the 2000 km salinity gradient of the Baltic Sea. *The ISME Journal*, 5(10): 1571–1579.
- Hugerth, L. W., Muller, E. E., Hu, Y. O., Lebrun, L. A., Roume, H., Lundin, D., Wilmes, P., Andersson, A. F. (2014). Systematic design of 18S rRNA gene primers for determining eukaryotic diversity in microbial consortia. *PloS O*, 9(4), e95567.
- Janssen, F., Schrum, C., Backhaus, J. O. (1999). A climatological data set of temperature and salinity for the Baltic Sea and the North Sea. *Deutsche Hydrographische Zeitschrift*, 51(S9): 5–245.

- Kooistra, W. H. C. F., Stefano, M. D., Mann, D. G., Salma, N., Medlin, L. K. (2003). Phylogenetic Position of Toxarium, a Pennate-Like Lineage Within Centric Diatoms (*bacillariophyceae*). *Journal of Phycology*, 39(1): 185–197.
- Kotta, J., Simm, M., Kotta, I., Kanošina, I., Kallaste, K., Raid, T. (2004). Factors controlling long-term changes of the eutrophicated ecosystem of Pärnu Bay, Gulf of Riga. *Hydrobiologia*, 514: 259-268.
- Lehman, J. T., Sandgren, C. D. (1985). Species specific rates of growth and grazing loss among freshwater algae. *Limnol. Oceanogr.* 30, 34–46.
- Lehtinen, S., Suikkanen, S., Hällfors, H., Kauppila, P., Lehtiniemi, M., Tuimala, J., Uusitalo, L., Kuosa, H. (2016). Approach for Supporting Food Web Assessments with Multi-Decadal Phytoplankton Community Analyses—Case Baltic Sea. *Front. Mar. Sci.*, 3, 220.
- Luckas, B., Dahlmann, J., Erler, K., *et al.* (2005). Overview of key phytoplankton toxins and their recent occurrence in the North and Baltic Seas. *Environ Toxicol.*;20(1):1-17.
- Mironova, E. I., Telesh, I. V., & Skarlato, S. O. (2009). Planktonic ciliates of the Baltic Sea (a review). *Inland Water Biology*, 2(1), 13-24.
- Mitra, A., Flynn, K. J., Burkholder, J. M., Berge, T., Calbet, A., Raven, J. A., *et al.* (2014). The role of mixotrophic protists in the biological carbon pump. *Biogeosciences* 11: 995–1005.
- Morris, R. M., Rappé, M. S., Connon, S. A., Vergin, K. L., Siebold, W. A., Carlson, C. A., & Giovannoni, S. J. (2002). SAR11 clade dominates ocean surface bacterioplankton communities. *Nature*, 420 (6917): 806–810.
- Möller, L., Laas, P., Rogge, A., Goetz, F., Bahlo, R., Leipe, T., Labrenz, M., (2019). Sulfurimonas subgroup GD17 cells accumulate polyphosphate under fluctuating redox conditions in the Baltic Sea: possible implications for their ecology. *The ISME journal*, 13(2), pp.482-493.
- Pomeroy, L.R., Williams, P.J. leB., Azam, F. and J.E. Hobbie (2007). The microbial loop. *Oceanography* 20(2): 28–33.
- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J., Glöckner, F. O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research*, 41(D1): D590–D596.
- Schloss, P.D., Westcott, S.L., Ryabin, T., *et al.* (2009). Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Appl Environ Microbiol.*, 75(23): 7537-7541.
- Spietz, R.L., Lundeen, R.A., Zhao, X., Nicastro, D., Ingalls, A.E. and Morris, R.M. (2019). Heterotrophic carbon metabolism and energy acquisition in *Candidatus Thioglobus singularis* strain PS1, a member of the SUP05 clade of marine Gammaproteobacteria. *Environ Microbiol*, 21: 2391-2401.
- Sopanen, S., Koski, M., Uronen, P., Kuuppo, P., Lehtinen, S., *et al.* (2008). *Prymnesium parvum* exotoxins affect the grazing and viability of the calanoid copepod *Eurytemora affinis*. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 361, 191–202.
- Šimek, K., Hartman, P., Nedoma, J., Pernthaler, J., Springmann, D., Vrba, J. and Psenner, R. (1997). Community structure, picoplankton grazing and zooplankton control of heterotrophic nanoflagellates in a eutrophic reservoir during the summer phytoplankton maximum. *Aquat. Microb. Ecol.*, 12, 49–63.
- Wannicke, N., Korth, F., Liskow, I., Voss, M. (2013). Incorporation of diazotrophic fixed N₂ by mesozooplankton — Case studies in the southern Baltic Sea. *J. Marine Syst.* 117–118: 1–13.

Lisad

1.1 Uuringualad ja veeproovide kogumine

Lisa tabel 1.1.1. Proovivõtu ajakava ja jaamade asukohad.

Kuupäev	Platvorm	Reisi kood	Jaam	Laiuskraad	Pikkuskraad
2018-04-12	paat	2018_02	TG1	58.42871	22.09616
2018-04-12	paat	2018_02	TG2	58.46697	22.08006
2018-04-12	paat	2018_02	TG3	58.50933	22.07906
2018-04-16	Salme	2018_03	P1	59.34363	24.01965
2018-04-16	Salme	2018_03	P2	59.36779	23.97968
2018-04-16	Salme	2018_03	P3	59.38997	23.92904
2018-04-20	Salme	2018_03	18	59.62526	25.18268
2018-04-20	Salme	2018_03	18a	59.5507	25.33429
2018-04-20	Salme	2018_03	18b	59.51825	25.42168
2018-05-09	Salme	2018_04	18	59.62601	25.18301
2018-05-09	Salme	2018_04	18a	59.55064	25.33201
2018-05-09	Salme	2018_04	18b	59.51792	25.41821
2018-05-15	Salme	2018_05	P1	59.34338	24.02012
2018-05-15	Salme	2018_05	P2	59.37254	23.97297
2018-05-15	Salme	2018_05	P3	59.39241	23.92639
2018-05-22	paat	2018_07	TG1	58.42871	22.09616
2018-05-22	paat	2018_07	TG2	58.46697	22.08006
2018-05-22	paat	2018_07	TG3	58.50933	22.07906
2018-05-28	Salme	2018_08	P1	59.34438	24.02019

2018-05-28	Salme	2018_08	P2	59.37186	23.96987
2018-05-28	Salme	2018_08	P3	59.39212	23.92595
2018-06-02	Salme	2018_08	18	59.62451	25.18395
2018-06-02	Salme	2018_08	18a	59.55056	25.33475
2018-06-02	Salme	2018_08	18b	59.51734	25.4204
2018-06-25	Salme	2018_09	18	59.62492	25.18335
2018-06-25	Salme	2018_09	18a	59.54958	25.33444
2018-06-25	Salme	2018_09	18b	59.51693	25.42083
2018-06-26	Salme	2018_09	P1	59.34338	24.01989
2018-06-26	Salme	2018_09	P2	59.37165	23.97197
2018-06-26	Salme	2018_09	P3	59.39127	23.92691
2018-06-26	Salme	2018_09	TG1	58.42915	22.09638
2018-06-26	Salme	2018_09	TG2	58.46738	22.0796
2018-06-26	Salme	2018_09	TG3	58.50935	22.07766
2018-07-09	Salme	2018_10	P1	59.34501	24.01922
2018-07-09	Salme	2018_10	P2	59.37197	23.97079
2018-07-09	Salme	2018_10	P3	59.39238	23.9248
2018-07-10	Salme	2018_10	TG1	58.43011	22.09409
2018-07-10	Salme	2018_10	TG2	58.46798	22.07914
2018-07-10	Salme	2018_10	TG3	58.51005	22.07781
2018-07-13	Salme	2018_10	18	59.62635	25.18328
2018-07-13	Salme	2018_10	18a	59.55147	25.33516

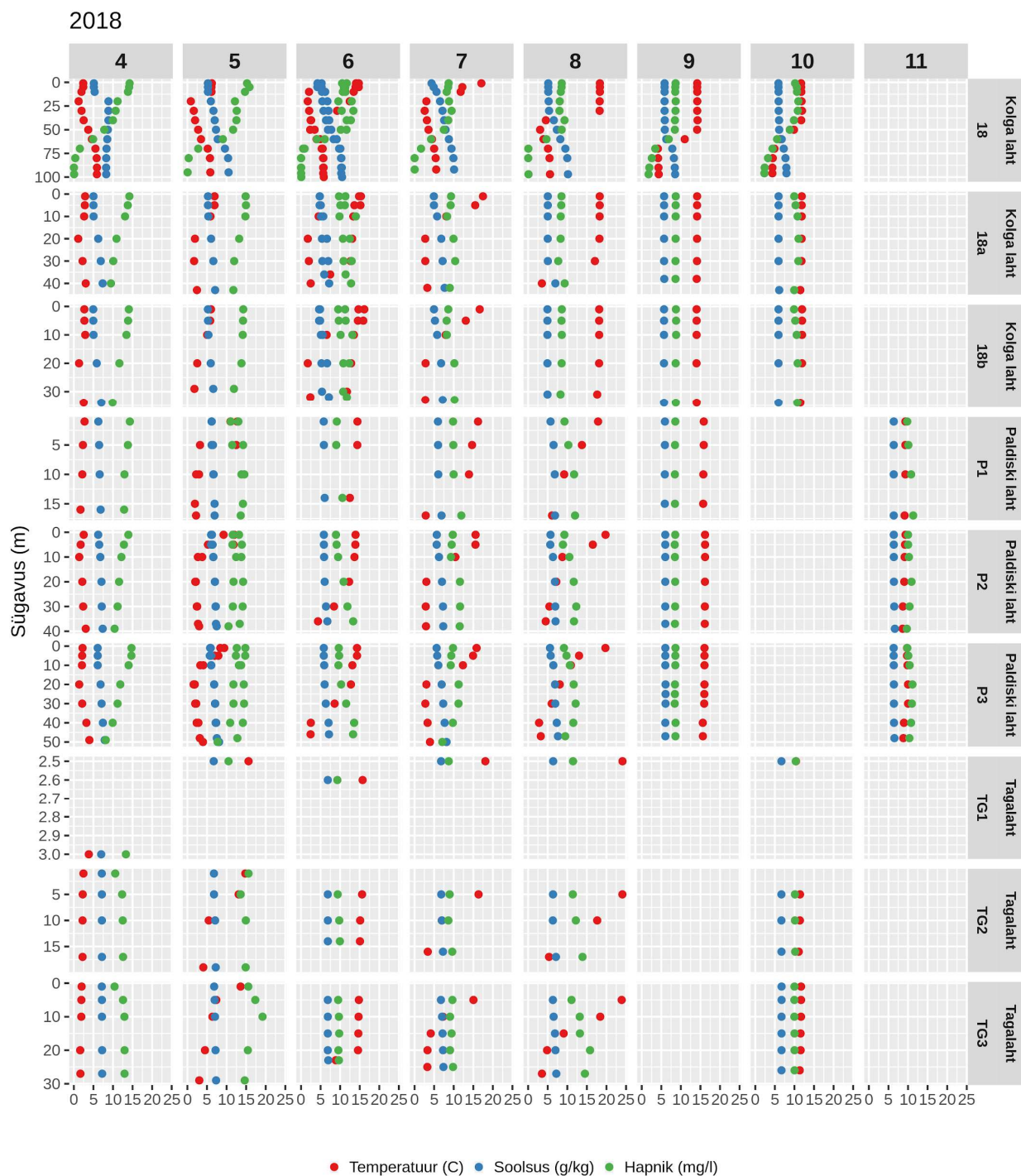
2018-07-13	Salme	2018_10	18b	59.51859	25.41983
2018-08-03	Salme	2018_11	P1	59.34108	24.02084
2018-08-03	Salme	2018_11	P2	59.36919	23.97543
2018-08-03	Salme	2018_11	P3	59.3868	23.92837
2018-08-04	Salme	2018_11	TG1	58.42992	22.09614
2018-08-04	Salme	2018_11	TG2	58.46754	22.08051
2018-08-04	Salme	2018_11	TG3	58.50836	22.07738
2018-08-23	Salme	2018_12	18	59.62464	25.18397
2018-08-23	Salme	2018_12	18a	59.54935	25.33273
2018-08-23	Salme	2018_12	18b	59.51737	25.42135
2018-09-24	Salme	2018_13	P1	59.34246	24.01835
2018-09-24	Salme	2018_13	P2	59.37192	23.97233
2018-09-24	Salme	2018_13	P3	59.39209	23.9281
2018-09-28	Salme	2018_13	18	59.62499	25.18336
2018-09-28	Salme	2018_13	18a	59.55001	25.3349
2018-09-28	Salme	2018_13	18b	59.51805	25.42183
2018-10-22	Salme	2018_14	18	59.62522	25.18159
2018-10-22	Salme	2018_14	18a	59.54988	25.33114
2018-10-22	Salme	2018_14	18b	59.51833	25.41971
2018-10-25	Salme	2018_14	TG1	58.4293	22.09455
2018-10-25	Salme	2018_14	TG2	58.46678	22.07799
2018-10-25	Salme	2018_14	TG3	58.50977	22.07858

2018-11-07	Salme	2018_15	P1	59.34371	24.02032
2018-11-07	Salme	2018_15	P2	59.37182	23.97168
2018-11-07	Salme	2018_15	P3	59.39066	23.92845
2019-04-16	Salme	2019_02	18	59.62491	25.18414
2019-04-16	Salme	2019_02	18a	59.55006	25.33521
2019-04-16	Salme	2019_02	18b	59.5171	25.42154
2019-04-17	Salme	2019_02	P1	59.34453	24.02066
2019-04-17	Salme	2019_02	P2	59.37111	23.97162
2019-04-17	Salme	2019_02	P3	59.39191	23.92539
2019-04-18	Salme	2019_02	TG1	58.43055	22.09591
2019-04-18	Salme	2019_02	TG2	58.46784	22.0802
2019-04-18	Salme	2019_02	TG3	58.51051	22.07792
2019-05-27	Salme	2019_03	P1	59.34401	24.01995
2019-05-27	Salme	2019_03	P2	59.37247	23.97239
2019-05-27	Salme	2019_03	P3	59.3922	23.92872
2019-05-30	Salme	2019_03	TG1	58.43092	22.09413
2019-05-30	Salme	2019_03	TG2	58.46699	22.07996
2019-05-30	Salme	2019_03	TG3	58.50959	22.07738
2019-05-31	Salme	2019_03	18	59.62479	25.18319
2019-05-31	Salme	2019_03	18a	59.54984	25.33327
2019-05-31	Salme	2019_03	18b	59.51706	25.4194
2019-06-19	Salme	2019_05	18	59.62482	25.18181

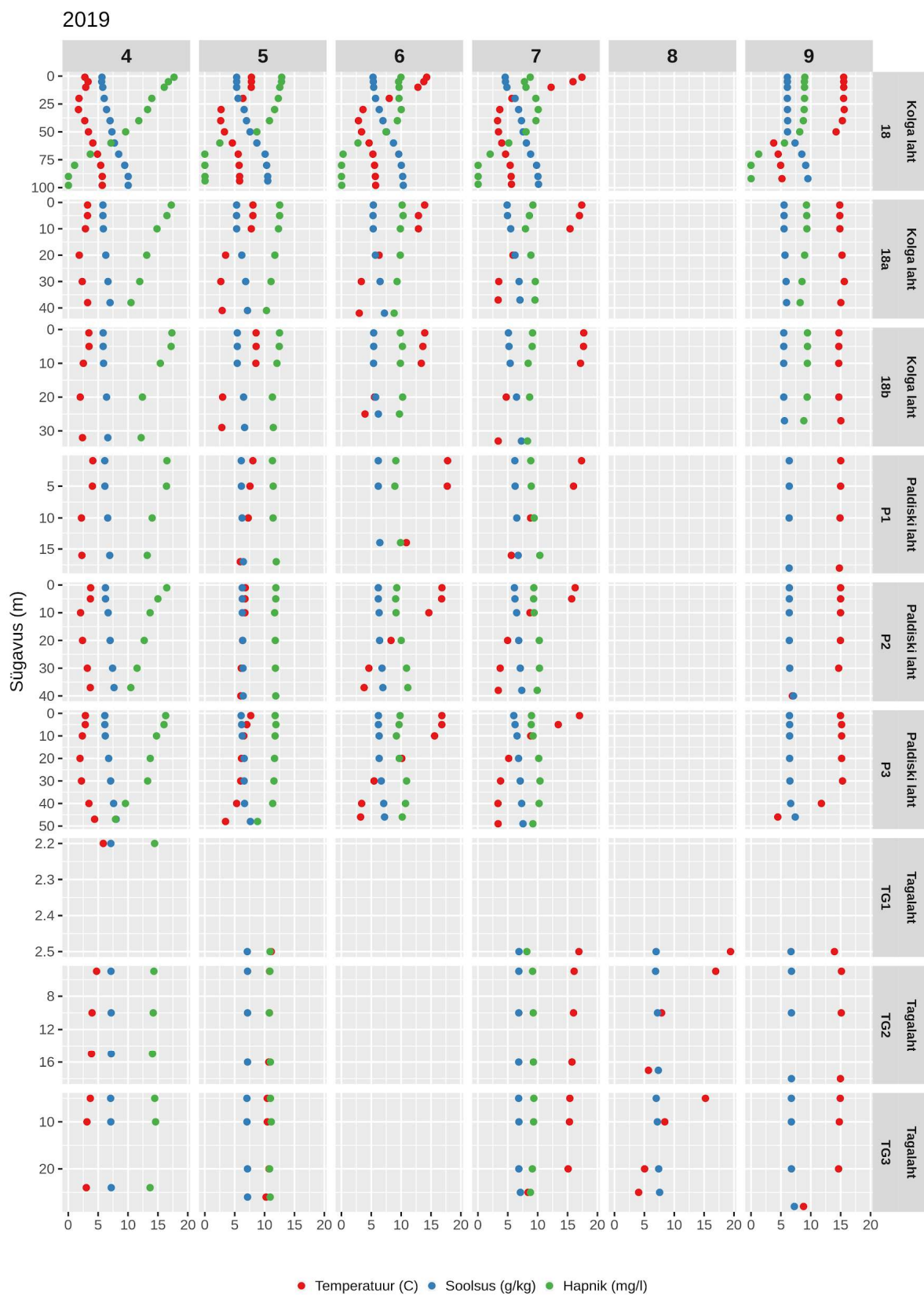
2019-06-19	Salme	2019_05	18a	59.55039	25.33121
2019-06-19	Salme	2019_05	18b	59.51632	25.41871
2019-06-26	Salme	2019_06	P1	59.34408	24.01958
2019-06-26	Salme	2019_06	P2	59.37199	23.96971
2019-06-26	Salme	2019_06	P3	59.39193	23.9308
2019-07-04	Salme	2019_07	TG1	58.43082	22.09413
2019-07-04	Salme	2019_07	TG2	58.46851	22.07978
2019-07-04	Salme	2019_07	TG3	58.50931	22.08198
2019-07-15	Salme	2019_08	P1	59.34288	24.01913
2019-07-15	Salme	2019_08	P2	59.37131	23.97097
2019-07-15	Salme	2019_08	P3	59.39165	23.92584
2019-07-19	Salme	2019_08	18	59.62437	25.18457
2019-07-19	Salme	2019_08	18a	59.54995	25.33611
2019-07-19	Salme	2019_08	18b	59.51775	25.42169
2019-08-02	paat	2019_09	TG1	58.42833	22.095
2019-08-02	paat	2019_09	TG2	58.46667	22.08
2019-08-02	paat	2019_09	TG3	58.50833	22.07833
2019-09-21	Salme	2019_11	18	59.62529	25.18397
2019-09-21	Salme	2019_11	18a	59.5493	25.33214
2019-09-21	Salme	2019_11	18b	59.51711	25.41976
2019-09-24	paat	2019_12	TG1	58.41861	22.08528
2019-09-24	paat	2019_12	TG2	58.46667	22.06889

2019-09-24	paat	2019_12	TG3	58.50139	22.06861
2019-09-25	paat	2019_13	P1	59.36667	24.0225
2019-09-25	paat	2019_13	P2	59.375	23.97583
2019-09-25	paat	2019_13	P3	59.39694	23.93333

1.2 Füüsikalis-keemilised lisaandmed



Lisa 1.2.1. Temperatuuri, soolsuse ja hapniku vertikaalse jaotuse dünaamika Kolga lahes, Paldiski lahes ja Tagalahes aastal 2018.



Lisa 1.2.2. Temperatuuri, soolsuse ja hapniku vertikaalse jaotuse dünaamika Kolga lahes, Paldiski lahes ja Tagalahes aastal 2019.



Lisa joonis 1.2.3 Räni (Si) vertikaalne jaotus kolmes uuritud lahtedes aastatel 2018 ja 2019.

1.3 Bakterplanktoni arvukus

Lisa tabel 1.3.1. Bakterplanktoni arvukuste (rakku mL⁻¹) võrdlus kuude lõikes 2018. ja 2019. aastal Kolga lahe jaamas 18 (sügavaim uuritud jaam)

	20.04. 2018	16.04. 2019	9.05. 2018	31.05. 2019	2.06. 2018	19.06. 2019	13.07. 2018	19.07. 2019	28.09. 2018	22.09. 2019
1	3,65	4,57	4,29	5,91	7,71	3,69	7,06	3,69	5,66	4,44
5	4,09	4,89	4,35	13,08	6,44	4,35	6,01	4,35	4,91	4,57
10	3,76	4,44	4,35	5,18	4,29	4,22	5,25	4,22	4,30	4,57
20	2,59		2,42	4,58	3,85	4,07	3,13	4,07	4,61	4,41
30	2,63	3,55	2,54	3,90	2,94	3,45		3,45		
40	2,52	4,02	2,51	3,66	2,54	3,95	4,60	3,95	4,67	4,48
60	3,19	5,46	2,63	3,81	2,59	2,73	4,12	2,73	4,34	4,14
80	3,90	5,89	2,27	4,41	6,64	5,47	7,58	5,47	3,76	3,07
90	3,77	6,21	2,96	4,69	7,70	4,59	7,11	4,59	3,95	5,02
96	4,04	7,70	5,08	4,19	4,81	4,81		4,81	3,85	4,74