Korean Journal of Microbiology (2015) Vol. 51, No. 3, pp. 312-317
DOI http://dx.doi.org/10.7845/kjm.2015.5040
Copyright ⓒ 2015, The Microbiological Society of Korea
pISSN 0440-2413
eISSN 2383-9902

단 보

울릉도 항구의 해양환경에 따른 해양미생물의 분포 변화

강용호* · 안민경
영남대학교 생명공학부

Phylogenetic diversity of marine bacteria dependent on the port environment around the Ulleng Island

Yongho Khang* and Minkyung Ahn
School of Biotechnology, Yeungnam University, Gyeongsan 712-749, Republic of Korea

(Received August 25, 2015; Accepted September 24, 2015)

ABSTRACT: Pyrosequencing of 16S rDNA tags was used to obtain the bacterial diversity and community structure in the uncultured seawaters as well as in the cultured seawaters, which were collected from the 7 ports (Cheonbu, Hyunpo, Taeha, Namyang, Sadong, Dodong, and Jeodong) and 1 seashore (Guam) around the Ulleng island, Korea.
Alphaproteobacteria were the most abundant group in the clean seawaters such as seawaters of Taeha and Sadong ports. *Gammaproteobacteria* proportion increased depending upon the wastewater amounts mixed with the seawaters such as seawaters of Namyang, Dodong, and Jeodong ports. The genuses of *Alteromonas* (from samples of Cheonbu, Taeha, Guam, Namyang, Sadong), *Shewanella* (from sample of Jeodong), and *Vibrio* (from samples of Hyunpo and Dodong) were dominant group in each of the cultured seawaters incubated in marine broth (Difoco). The results suggest that the incoming wastewaters to the port seawaters contribute to the dynamic change of the marine bacterial community around the Ulleng island.

Key words: bacterial community, port seawaters, pyrosequencing, Ulleng island, wastewater

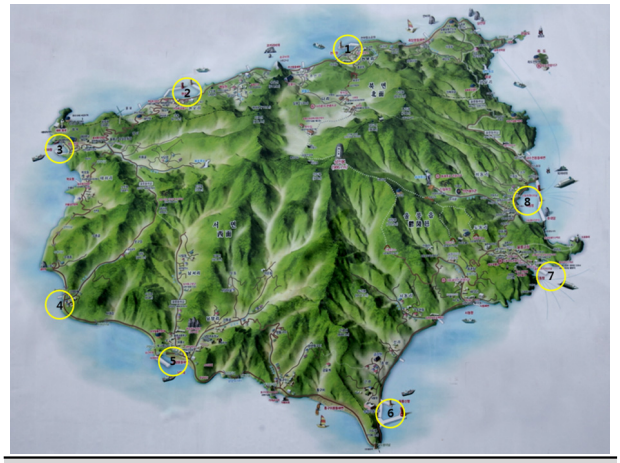
울릉도는 경상북도 포항에서 217 km 떨어져 있으며 동해의 깊은 바다 한가운데에 위치한 고립된 섬이며 자연경관이 수려하여 주요 관광지로 개발되고 있다. 울릉도에는 약 일만 명 정도의 주민들이 73 km^2 면적에서 살고 있으며, 섬 주변의 해안에는 어선들이 이용하는 지방어항(천부항, 태하항)과 국가어항(현포항, 남양항, 사동항, 저동항), 그리고 관광객들이 이용하는 페리항(도동항)이 개발되어 있다. 울릉도로 가는 교통 수단이 편리해지고 독도에 대한 국민적인 관심이 고조되면서 매년 수많은 관광객들이 울릉도를 방문하고 있다. 울릉도를 찾는 관광객 수가 증가하면 생활쓰레기나 생활하수 등으로 울릉도의 청정한 해안이 오염될 가능성이 높기 때문에 해양환경 관리를 위한 특별한 노력이 필요하다.

육지 근해의 해수 오염은 바다로 방출되는 생활하수나 산업폐수(Chandía and Salamanca, 2012; Araújo *et al*., 2014; Khang, 2014), 농축산업의 부산물로 발생하는 바이오매스(Lambert *et al*., 2009), 원유 성분인 polycyclic aromatic hydrocarbons (Montevecchi *et al*., 2012; Sinaei and Mashinchian, 2014), 플라스틱류를 포함하는 생활쓰레기(Van Cauwenberghe *et al*., 2013; Cózar *et al*., 2014), 어선들이 버린 폐그물(Arthur *et al*., 2014) 등이 원인이 되고 있다. 해수로 유입된 환경오염 물질들은 미생물에 의해서 분해되지만 청정한 바다에서 서식하는 해양미생물은 육지의 토양미생물에 비하면 오염 물질을 정화하는 능력이 크게 부족하다(Bengtsson-Palme *et al*., 2014). 항구에는 해안에 설치한 방파제 시설물로 인하여 생활하수나 하천수와 같은 환경 오염원들이 바다로 쉽게 유출되지 못하면 해수가 오염될 가능성이 더 높아진다(McQuaig *et al*., 2012; Chae *et al*., 2014; Zhang *et al*., 2014). 육지의 생활하수나 하천수가 해수로 유입되면 해수에서의 질소와 인의 농도가 증가하여 미생물의 이상 증식을 유발하는 등 해양 생태계에 나쁜 영향을 미친다(Von Glasow *et al*., 2013). 해수의 오염으로 인한

***For correspondence.** E-mail: yhkhang@ynu.ac.kr;
Tel.: +82-53-810-3051; Fax: +82-53-810-4663

해양 생태계의 변화를 모니터링하기 위해서는 갈매기의 변이나 해안에서 나타나는 분변지표 미생물의 밀도를 분석하거나(Scott *et al*., 2002; Mika *et al*., 2007), 해저에서 채취한 조개류(홍합, 굴, 고동, 대합, 조가비 등)의 소화기관에 축적된 As, Cd, Cu, Pb와 같은 중금속의 농도를 분석하거나(Guéguen *et al*., 2011; Sakellari *et al*., 2013; Suárez-Ulloa *et al*., 2013), 특정한 해역에서 해양미생물의 분포를 조사하는 방법(Edlund and Jansson, 2006; Klaus *et al*., 2007) 등이 활용되고 있다. 특히 해양미생물은 해수의 온도, 염도, 용존산소, 영양물질, 오염물질의 농도 등에 민감하기 때문에 해양미생물의 분포를 조사하면 환경변화에 따른 해양 생태계의 변화를 이해하는데 도움이 된다(Suh *et al*., 2015). 청정한 바다에서 서식하는 해양미생물은 대부분 Alphaproteobacteria, Gammaproteobacteria, Flavobacteria가 분포하고 있으며(Han *et al*., 2014; Sjöstedt *et al*., 2014), 그 외 해양환경에 따라 Actinobacteria, Betaproteobacteria, Cyanobacteria, Deltaproteobacteria, Epsilonproteobacteria 등이 낮은 분포율을 보이고 있다(Du *et al*., 2013; Jing *et al*., 2013; Marietou and Bartlett, 2014; Signori *et al*., 2014; Tseng *et al*., 2015). 울릉도는 해안 주변이 깊은 바다이어서 연안의 해수는 대부분 청정하지만, 방파제 구조물이 있는 항구 안에는 생활하수나 하천수의 유입으로 인하여 해수가 오염되고 있다. 본 연구는 울릉도에서 해수의 오염으로 인한 해양미생물의 생태계 변화를 파악하기 위하여 항구의 표층수에서 서식하는 해양미생물의 분포를 조사하였다.

울릉도의 해수시료는 여름철(2012년 7월 10일)에 해수의 오염도가 높을 곳으로 예상되는 페리항(도동항), 지방어항(천부항, 태하항), 국가어항(현포항, 남양항, 사동항, 저동항) 및 구암 방파제 해안의 표층해수를 각각 6.0 L씩 무균채수병(2 L*3, 메디랜드)에 담아서 실험실로 운반하여 냉장고(2°C)에 저장하였다(Fig. 1). 시료로 채취한 해양표층수(4 L)는 Whatman paper 여과지로 고체 불순물을 제거한 다음, Ultrafiltration membrane (Cutoff=10,000 Da, Millipore)으로 해양미생물을 여과하고, 여과지에 모인 미생물 균체를 DNA Stool Minikit (QIAamp, Qiagen)을 사용하여 염색체 DNA를 추출하였다(F1–F8). 또한 해수시료에 있는 해양미생물 중 실험실에서 배양이 가능한 균주를 파악하기 위하여 해수 100 μl를 멸균한 Marine broth (Difco) 7 ml에 접종하고 27°C에서 24시간 배양하였다. Marine broth에서 배양한 미생물들은 각각 원심분리(4,000 rpm, 30분)로 회수한 다음, 같은 방법으로 DNA Stool Minikit (QIAamp, Qiagen)을 이용하여 염색체 DNA를 추출하였다(C1–C8). 추출한 미생물의 genomic DNA는 16S rRNA 유전자 V1-V3 영역의 27F (5'-ATCGTACGACGAGTTTGA



No	Sample site	Latitude	Longitude
1	Cheonbu port (CB)	37° 32' 25.8066"	130° 52' 21.1872"
2	Hyunpo port (HP)	37° 31' 35.5764"	130° 49' 31.8606"
3	Taeha port (TH)	37° 30' 45.9498"	130° 47' 49.5852"
4	Guam seawall (GA)	37° 28' 37.1208"	130° 48' 31.917"
5	Namyang port (NY)	37° 27' 58.3734"	130° 50' 10.485"
6	Sadong port (SD)	37° 27' 38.8764"	130° 52' 37.257"
7	Dodong port (DD)	37° 28' 54.5298"	130° 54' 30.6534"
8	Jeodong port (JD)	37° 29' 37.8018"	130° 54' 37.764"

Fig. 1. Map and address of sample sites.

TCMTGGCTCAG-3')와 518R (5'-ATCGTACGACWTTAC CGCGGCTGCTGG-3') universal primers (Suh *et al*., 2015)을 사용하여 Polymerase Chain Reaction (PCR)으로 16S rRNA 유전자를 증폭한 다음 454 pyrosequencing으로 염기서열을 분석하였다(Khang, 2014). PCR 산물의 pyrosequencing과 염기서열 분석(taxonomic assignments, operational taxonomic unit, Shannon index, Simpson index)은 Macrogen(주)에서 제공하였다. 측정한 종의 수(Operational Taxonomic Unit, OTU), 다양도지수(Shannon index), 우점도지수(Simpson index)는 각 염기서열의 97% 이상의 유사성(sequence similarity)을 기반으로 조사하였다. 병원성 *Vibrio*균의 확인은 PCR Detection kit (iNtRON)로 조사하였다.

Ultramembrane filter로 여과한 해수시료(F1–F8)에서 추출한 DNA로 분석한 세균의 16S rRNA 유전자 염기서열(평균 300 bp)은 4,822±2,433 reads (95% 신뢰구간)를 얻었고, 해수를 marine broth로 배양한 시료(C1–C8)에서 추출한 DNA로 분석한 세균의 16S rRNA 유전자 염기서열(평균 380 bp)은 8,966±8,166 reads (95% 신뢰구간)를 얻었다.

울릉도는 섬 전체에 모두 7개의 항구가 개설되어 있다(Fig. 1). 각 항구의 해양 환경적인 특징들을 살펴보면, 북동쪽에 있는 천부항(CB)은 방파제 시설이 수평선을 막고 있어서 'ㄷ' 자 형의 닫힌 구조를 하고 있다. 현포항(HP)도 방파제 시설에 의

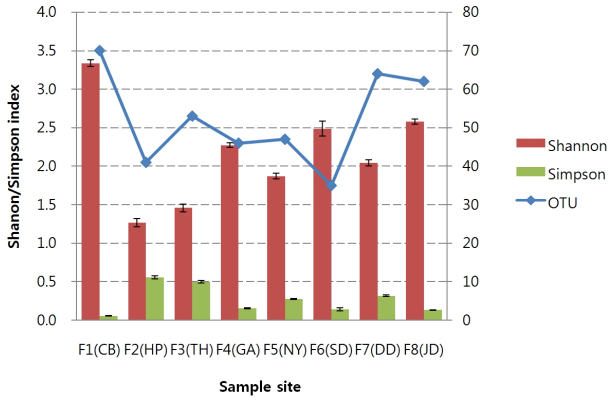


Fig. 2. Operational Taxonomic Unit (OTU) analysis of bacterial communities in surface seawaters (Error bars indicate 95% confidence levels).

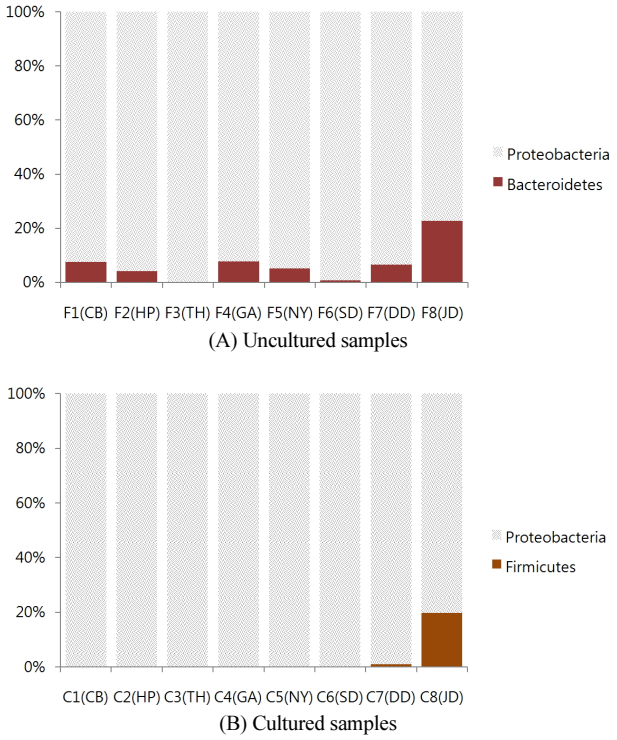


Fig. 3. Relative abundance of phylum (>1%) of total sequence tags in (A) uncultured samples and (B) cultured samples.

하여 닫힌 구조를 하고 있지만, 천부항과는 다르게 어선의 출입로가 수평선 방향으로 열려있다. 울릉도 서쪽에 있는 태하항(TH)은 'C' 자형의 열린 구조로 수평선 방향에 방파제 구조물이 아무것도 없어서 동해바다에 완전히 노출되었다. 따라서 태하항의 해수는 먼 동해바다의 해수와 같이 맑고 투명하여서 청정한 해수의 기준이 되는 음성 대조군으로 활용하였다. 구암(GA) 해변은 전방에 방파제 구조물은 있으나 항구는 아니며, 섬에서 흘러나오는 하천수가 바다의 해수와 만나는 지점이다. 남양항(NY)은 수평선 방향으로 방파제 시설이 있어서 'ㄷ' 자 형태의 닫힌 구조를 하고 있으며, 항구 주변의 해안에는 섬에서 나오는 하천수가 바다로 유입되고 있었다. 사동항(SD)은 수평선 방향에 방파제 시설이 있는 닫힌 구조이긴 하지만, 관광용 여객선 취항을 위하여 신축한 곳이어서 하천수의 유입이 없는 청결한 항구이었다. 도동항(DD)은 천연적인 지형으로 인하여 수평선 방향에는 방파제 시설이 없어서 동해바다에 노출된 항구이었다. 도동항은 관광객 수송을 위한 대형 여객선이 출입하고 있어서 항구 주변에는 숙박업소가 밀집되어 있으며, 섬에서 나오는 하천수가 항구로 유입되고 있었다. 저동항(JD)은 울릉도에서 규모가 가장 큰 어항이어서 항구내에 많은 어선들이 정박하고 있었으며, 주변 마을에서 나오는 생활하수와 하천수가 항구로 유입되고 있었는데 수평선 방향으로 방파제 시설이 있는 닫힌 구조를 하고 있어서 항구의 해수가 매우 혼탁하였다. 따라서 저동항의 해수는 생활하수로 오염된 해수의 기준이 되는 양성 대조군으로 활용하였다.

울릉도에서 해수의 오염이 발생할 가능성이 높은 7곳의 항구와 구암해변에서 채취한 해수를 조사한 결과, 해양미생물의 Operational Taxonomy Unit (OTU)이 60 이상으로 높게 나타난 곳은 천부항, 도동항, 저동항이었다(Fig. 2). 천부항, 도동항, 저동항에서는 다양도지수(Shannon index)도 2.0 이상으로 높아서 해수의 오염으로 다른 지역보다 다양한 미생물이 서식하고 있다는 것을 시사하고 있다. 현포항과 태하항의 해수에서는 다양도지수(Shannon index)는 1.5 이하로 낮고, 우점도지수(Simpson index)는 0.5 이상으로 높아서 해수가 청정해서 소수의 미생물이 우점하고 있다는 것을 시사하고 있다. 해수에서의 미생물 분포를 보면 Proteobacteria가 대부분이었으나 Bacteroidetes도 낮은 비율로 분포하고 있었다(Fig. 3). 생활하수에서는 Bacteroidetes와 Firmicutes가 많이 검출된다는 점을 고려하면(Wang *et al*., 2014), Bacteroidetes 분포 비율이 22.6%로 상당히 높게 나타난 저동항은 생활하수의 유입으로 인한 해수의 오염이 높은 수준에 속하고, 천부항(7.5%), 구암해변(7.7%), 도동항(6.5%), 현포항(4.0%)과 남양항(5.0%)은 비교적 낮은 수준이며, 태하항(0.0%)과 사동항(0.7%)은 해수의 오염이 경미한 수준임을 시사한다. Marine broth에 채취한 해수 시료를 배양하니 Bacteroidetes는 사라지고, 대신 Firmicutes가 저동항(19.6%)과 도동항(0.8%)에서 나타났다(Fig. 3).

Proteobacteria 중에서는 Alphaproteobacteria와 Gammaproteobacteria가 우점하고 있었으며, 지역에 따라서 Betaproteobacteria와 Epsilonproteobacteria가 낮은 비율로 분포하고 있었다(Fig. 4). Alphaproteobacteria는 유기물을 잘 분해할 수 없으나(Joint *et al*., 2010), Gammaproteobacteria는 세포

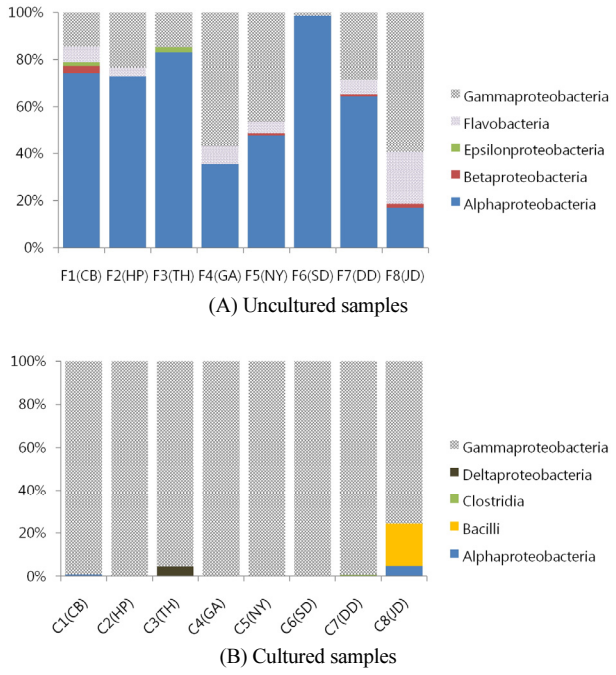


Fig. 4. Relative abundance of class (>1%) of total sequence tags in (A) uncultured samples and (B) cultured samples.

밖으로 amylases, proteases, lipases와 같은 효소를 분비하여 유기물을 잘 분해할 수 있다(Signori *et al*., 2014). 미생물의 이런 특성으로 인해서 Alphaproteobacteria는 해수가 청정한 것으로 나타난 태하항(82.0%)과 사동항(97.5%)에서 높게 나타났고, Gammaproteobacteria는 하천수나 생활하수가 해수와 합쳐지는 구암해변(56.4%), 남양항(45.7%), 도동항(28.2%), 저동항(58.3%)에서 비교적 높게 나타났다(Fig. 4). 작은 분자의 방향족 화합물을 분해할 수 있는 Betaproteobacteria (Liu and Liu, 2013)는 천부항(3.0%), 남양항(1.0%), 도동항(0.9%), 저동항(1.7%)에서 낮게 나타났다. 질산화물을 이용할 수 있는 Epsilonproteobacteria (Vetriani *et al*., 2014)는 천부항(1.6%)과 태하항(2.1%)에서 낮게 나타났다.

배양이 가능한 해양미생물의 분포를 파악하기 위하여 해수 시료를 marine broth로 배양한 결과, Alphaproteobacteria는 거의 사라지고 유기물을 이용할 능력이 있는 Gammaproteobacteria가 주로 배양되었다. 태하항에서는 *Geothermobacter* 속을 포함하는 Deltaproteobacteria (4.7%)가 검출되었고, 도동항에서는 Clostridia (0.8%), 저동항에서는 Bacilli (19.5%)가 검출되었다(Fig. 4). 배양한 시료(cultured samples)에서 나타난 Gammaproteobacteria는 천부항, 태하항, 구암해변, 남양항, 사동항에서는 *Alteromonas* 속이 우점으로 분포하고 있었으나, 저동항에서는 *Shewanella* 속이 우점으로 분포하고 있었다(Table 1). 현포항과 도동항에서는 uncultured samples에서는 *Vibrio* 균의 분포가 각각 0.04%와 0.07%에 불과하였지만

Table 1. Genus distribution (>1%) in cultured samples

Genus	C1 (CB)	C2 (HP)	C3 (TH)	C4 (GA)	C5 (NY)	C6 (SD)	C7 (DD)	C8 (JD)
Aestuariibacter						2.9%		
Algicola					26.5%			
Alteromonas	86.6%		92.7%	96.8%	63.8%	95.8%		
Bacillus								19.7%
Balneatrix					1.5%			
Enterobacter								1.0%
Geothermobacter			4.7%					
Halomonas	1.0%							
Marinobacter	5.3%							
Melitea	1.4%							
Nautella								3.1%
Nitrincola					1.1%			
Oceanobacter	1.7%							
Photobacterium							3.4%	
Pseudomonas				1.2%				1.7%
Shewanella			1.6%					70.8%
Thalassobius								1.3%
Thalassolituus					4.6%			
Vibrio		97.9%					95.5%	

(자료 미제시), cultured samples에서는 *Vibrio* 균이 95% 이상 분포하였다. Marine broth로 배양한 *Vibrio* 균의 유전자를 PCR로 분석한 결과 독소를 분비하는 병원성 *Vibrio* (*V. harveyi*, *V. alginolyticus*, *V. parahaemolyticus*, *V. anguillarum*) 세균들을 포함하고 있음이 확인되었다(자료 미제시). 이 결과는 식중독을 유발하는 *Vibrio*균의 존재 유무를 조사할 때에는 해수를 Marine broth에 배양하여 cultured bacteria의 분포를 조사하는 것이 uncultured bacteria의 분포를 조사하는 것보다 훨씬 더 효과적임을 시사한다.

본 연구의 결과를 정리하면, 울릉도 항구의 해수에 생활하수나 하천수 등의 유입량이 많을수록 uncultured samples에서는 Bacteroidetes 분포가 높아지고, cultured samples에서는 Firmicutes 분포가 높아졌다. 또한 연안의 해수가 먼 바다의 해수와 같이 청정할수록 Alphaproteobacteria 분포 비율이 높았고, 해수에 하천수나 생활하수가 많이 혼합될수록 Gammaproteobacteria 분포 비율이 증가하였다. 울릉도 항구에서 생활하수나 하천수로 인하여 미생물의 다양성이 상대적으로 높게 나타난 곳은 천부항, 도동항, 저동항이었으며, 현포항과 도동항의 해수에서는 식중독을 유발할 수 있는 *Vibrio* 균이 검출되었다. 육지 연안에 있는 해양미생물의 분포는 계절에 따라서 변할 수 있기 때문에(Suh *et al*., 2015), 울릉도 항구의 해양미생물 생태계 변화를 종합적으로 파악하기 위해서는 계절별로 해양미생물의 분포 변화를 조사하는 것이 필요하다.

적 요

울릉도에서 7곳의 항구(천부항, 현포항, 태하항, 남양항, 사동항, 도동항, 저동항)와 1곳의 해변(구암)에서 표층해수를 채취하였다. 배양하지 않은 시료(uncultured samples)와 배양한 시료(cultured samples)에서 각각 미생물의 16S rDNA를 pyrosequencing하여 해양미생물의 분포를 조사하였다. 태하항과 사동항의 해수처럼 청정한 해수에서는 Alphaproteobacteria 분포율이 높았고, 남양항, 도동항, 저동항의 해수처럼 생활하수나 하천수의 유입이 많은 곳에서는 Gammaproteobacteria 분포율이 증가하였다. Marine broth로 배양한 시료(cultured samples)에서는 *Alteromonas* (천부항, 태하항, 구암해변, 남양항, 사동항), *Shewanella* (저동항), *Vibrio* (현포항, 도동항) 속이 우점으로 분포하였다. 본 연구결과는 항구로 유입되는 하천수나 생활하수가 해양미생물의 분포에 큰 변화를 초래한다는 것을 시사한다.

감사의 말

본 연구는 국토해양부소관(경북씨그랜트사업단) 연구개발사업의 연구비지원에 의해 수행되었습니다.

References

Araújo, S., Henriques, I.S., Leandro, S.M., Alves, A., Pereira, A., and Correia, A. 2014. Gulls identified as major source of fecal pollution in coastal waters: a microbial source tracking study. *Sci. Total Environ.* **470–471**, 84–91.

Arthur, C., Sutton-Grier, A.E., Murphy, P., and Bamford, H. 2014. Out of sight but not out of mind: harmful effects of derelict traps in selected U.S. coastal waters. *Mar. Pollut. Bull.* **86**, 19–28.

Bengtsson-Palme, J., Rosenblad, M.A., Molin, M., and Blomberg, A. 2014. Metagenomics reveals that detoxification systems are underrepresented in marine bacterial communities. *BMC Genomics* **15**, 749.

Chae, J.S., Choi, M.S., Song, Y.H., Um, I.K., and Kim, J.G. 2014. Source identification of heavy metal contamination using metal association and Pb isotopes in Ulsan Bay sediments, East Sea, Korea. *Mar. Pollut. Bull.* **88**, 373–382.

Chandía, C. and Salamanca, M. 2012. Long-term monitoring of heavy metals in Chilean coastal sediments in the eastern South Pacific Ocean. *Mar. Pollut. Bull.* **64**, 2254–2260.

Cózar, A., Echevarría, F., González-Gordillo, J.I., Irigoien, X., Úbeda, B., Hernández-León, S., Palma, Á.T., Navarro, S., García-de-Lomas, J., Ruiz, A., *et al.* 2014. Plastic debris in the open ocean. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **111**, 10239–10244.

Du, J., Xiao, K., Li, L., Ding, X., Liu, H., Lu, Y., and Zhou, S. 2013. Temporal and spatial diversity of bacterial communities in coastal waters of the South china sea. *PLoS One* **8**, e66968.

Edlund, A. and Jansson, J.K. 2006. Changes in active bacterial communities before and after dredging of highly polluted Baltic Sea sediments. *Appl. Environ. Microbiol.* **72**, 6800–6807.

Guéguen, M., Amiard, J.C., Arnich, N., Badot, P.M., Claisse, D., Guérin, T., and Vernoux, J.P. 2011. Shellfish and residual chemical contaminants: hazards, monitoring, and health risk assessment along French coasts. *Rev. Environ. Contam. Toxicol.* **213**, 55–111.

Han, D., Kang, I., Ha, H.K., Kim, H.C., Kim, O.S., Lee, B.Y., Cho, J.C., Hur, H.G., and Lee, Y.K. 2014. Bacterial communities of surface mixed layer in the Pacific sector of the western Arctic Ocean during sea-ice melting. *PLoS One* **9**, e86887.

Jing, H., Xia, X., Suzuki, K., and Liu, H. 2013. Vertical profiles of bacteria in the tropical and subarctic oceans revealed by pyrosequencing. *PLoS One* **8**, e79423.

Joint, I., Mühling, M., and Querellou, J. 2010. Culturing marine bacteria - an essential prerequisite for biodiscovery. *Microb.*

Biotechnol. **3**, 564−575.

Khang, Y. 2014. Comparison of bacterial communities in beach sands along the east coast of North Gyeongsang province. *Kor. J. Microbiol.* **50**, 376−380.

Klaus, J.S., Janse, I., Heikoop, J.M., Sanford, R.A., and Fouke, B.W. 2007. Coral microbial communities, zooxanthellae and mucus along gradients of seawater depth and coastal pollution. *Environ. Microbiol.* **9**, 1291−1305.

Lambert, M.S., Ozbay, G., and Richards, G.P. 2009. Seawater and shellfish (Geukensia demissa) quality along the Western Coast of Assateague Island National Seashore, Maryland: an area impacted by feral horses and agricultural runoff. *Arch. Environ. Contam. Toxicol.* **57**, 405−415.

Liu, Z. and Liu, J. 2013. Evaluating bacterial community structures in oil collected from the sea surface and sediment in the northern Gulf of Mexico after the Deepwater Horizon oil spill. *Microbiologyopen* **2**, 492−504.

Marietou, A. and Bartlett, D.H. 2014. Effects of high hydrostatic pressure on coastal bacterial community abundance and diversity. *Appl. Environ. Microbiol.* **80**, 5992−6003.

McQuaig, S., Griffith, J., and Harwood, V.J. 2012. Association of fecal indicator bacteria with human viruses and microbial source tracking markers at coastal beaches impacted by nonpoint source pollution. *Appl. Environ. Microbiol.* **78**, 6423−6432.

Mika, K.B., Imamura, G., Chang, C., Conway, V., Fernandez, G., Griffith, J.F., Santoro, A.E., and Boehm, A.B. 2007. Frequent occurrence of the human-specific Bacteroides fecal marker at an open coast marine beach: relationship to waves, tides, and traditional indicators. *Environ. Microbiol.* **9**, 2038−2049.

Montevecchi, W., Fifield, D., Burke, C., Garthe, S., Hedd, A., Rail, J.F., and Robertson, G. 2012. Tracking long-distance migration to assess marine pollution impact. *Biol. Lett.* **8**, 218−221.

Sakellari, A., Karavoltsos, S., Theodorou, D., Dassenakis, M., and Scoullos, M. 2013. Bioaccumulation of metals (Cd, Cu, Zn) by the marine bivalves *M. galloprovincialis*, *P. radiata*, *V. verrucosa* and *C. chione* in Mediterranean coastal microenvironments: association with metal bioavailability. *Environ. Monit. Assess.* **185**, 3383−3395.

Scott, T.M., Rose, J.B., Jenkins, T.M., Farrah, S.R, and Lukasik, J. 2002. Microbial source tracking: current methodology and future directions. *Appl. Environ. Microbiol.* **68**, 5796−5803.

Signori, C.N., Thomas, F., Enrich-Prast, A., Pollery, R.C., and Sievert, S.M. 2014. Microbial diversity and community structure across environmental gradients in Bransfield Strait, Western Antarctic Peninsula. *Front. Microbiol.* **5**, 647.

Sinaei, M. and Mashinchian, A. 2014. Polycyclic aromatic hydrocarbons in the coastal sea water, the surface sediment and Mudskipper Boleophthalmus dussumieri from coastal areas of the Persian Gulf: source investigation, composition pattern and spatial distribution. *J. Environ. Health Sci. Eng.* **12**, 59.

Sjöstedt, J., Martiny, J.B., Munk, P., and Riemann, L. 2014. Abundance of broad bacterial taxa in the sargasso sea explained by environmental conditions but not water mass. *Appl. Environ. Microbiol.* **80**, 2786−2795.

Suárez-Ulloa, V., Fernández-Tajes, J., Manfrin, C., Gerdol, M., Venier, P., and Eirín-López, J.M. 2013. Bivalve omics: state of the art and potential applications for the biomonitoring of harmful marine compounds. *Mar. Drugs* **11**, 4370−4389.

Suh, S.S., Park, M., Hwang, J., Kil, E.J., Jung, S.W., Lee, S., and Lee, T.K. 2015. Seasonal dynamics of marine microbial community in the south sea of Korea. *PLoS One* **10**, e0131633.

Tseng, C.H., Chiang, P.W., Lai, H.C., Shiah, F.K., Hsu, T.C., Chen, Y.L., Wen, L.S., Tseng, C.M., Shieh, W.Y., Saeed, I., *et al*. 2015. Prokaryotic assemblages and metagenomes in pelagic zones of the South China Sea. *BMC Genomics* **16**, 219.

Van Cauwenberghe, L., Vanreusel, A., Mees, J., and Janssen, C.R. 2013. Microplastic pollution in deep-sea sediments. *Environ. Pollut.* **182**, 495−499.

Vetriani, C., Voordeckers, J.W., Crespo-Medina, M., O'Brien, C.E., Giovannelli, D., and Lutz, R.A. 2014. Deep-sea hydrothermal vent Epsilonproteobacteria encode a conserved and widespread nitrate reduction pathway (Nap). *ISME J.* **8**, 1510−1521.

Von Glasow, R., Jickells, T.D., Baklanov, A., Carmichael, G.R., Church, T.M., Gallardo, L., Hughes, C., Kanakidou, M., Liss, P.S., Mee, L., *et al*. 2013. Megacities and large urban agglomerations in the coastal zone: interactions between atmosphere, land, and marine ecosystems. *Ambio.* **42**, 13−28.

Wang, Z.H., Yang, J.Q., Zhang, D.J., Zhou, J., Zhang, C.D., Su, X.R., and Li, T.W. 2014. Composition and structure of microbial communities associated with different domestic sewage outfalls. *Genet. Mol. Res.* **13**, 7542−7552.

Zhang, Z.W., Xu, X.R., Sun, Y.X., Yu, S., Chen, Y.S., and Peng, J.X. 2014. Heavy metal and organic contaminants in mangrove ecosystems of China: a review. *Environ. Sci. Pollut. Res. Int.* **21**, 11938−11950.