

# 东海、黄海浮游病毒及异养细菌的分布研究\*

卢龙飞<sup>1</sup> 汪岷<sup>1</sup> 梁彦韬<sup>2</sup> 王芳<sup>1</sup> 杨琳<sup>1</sup>  
王健<sup>1</sup> 孙辉<sup>1</sup> 汪俭<sup>1</sup>

(1. 中国海洋大学海洋生命学院 青岛 266003; 2. 厦门大学 厦门 361005)

**提要** 采用流式细胞仪对 2009 年春季东海、黄海浮游病毒和异养细菌的丰度进行了大尺度(119.5°—129°E, 25°—39°N)研究, 并分析了浮游病毒丰度、异养细菌丰度以及其与环境因子之间的相关性。结果表明, 研究海域浮游病毒、异养细菌的丰度范围分别为  $3.38 \times 10^5$ — $2.26 \times 10^7$  个/mL(平均  $6.24 \times 10^6$  个/mL)、 $5.83 \times 10^3$ — $1.23 \times 10^6$  个/mL(平均  $1.22 \times 10^5$  个/mL)。在水平分布上, 浮游病毒与异养细菌的变化趋势基本一致, 且均在山东半岛周边养殖海域、浙江东南沿海养殖区及舟山渔场北部形成明显的高值区; 黄海浮游病毒与异养细菌的丰度平均值均高于东海。在垂直分布上, 东海浮游病毒与异养细菌丰度值随水深呈明显下降趋势, 表层丰度值与 30m 以下各层差异显著( $P < 0.05$ ); 在黄海, 二者丰度随水深降低趋势不明显。Pearson 相关性分析显示: 调查海域浮游病毒丰度与异养细菌丰度显著正相关( $r = 0.288, P < 0.01$ ), 浮游病毒丰度与温度显著负相关( $r = -0.243, P < 0.05$ ), 异养细菌丰度与盐度显著负相关( $r = -0.245, P < 0.05$ )。

**关键词** 东海; 黄海; 浮游病毒; 异养细菌; 流式细胞仪

**中图分类号** Q958.885.3

自从海洋微食物环(microbial food loop)的概念被提出(Azam *et al.*, 1983), 海洋微生物在生态系统中的作用受到越来越多的重视。作为微食物环的重要组成部分, 异养细菌和浮游病毒具有重要的生态学功能。异养细菌(Heterotrophic bacteria, HB)在海洋生态系统中分布广、丰度高, 是海洋有机物质的重要分解者, 其生存及生命活动决定着水域食物链基本环节的发展(Fuhrman, 1980; 肖天, 2001)。进行海洋浮游细菌分布规律及其影响因素的研究, 对进一步了解海洋微生物在物质和能量转化过程中的作用机理, 以及开发、利用和保护海洋资源具有极为重要的意义(白洁等, 2003)。浮游病毒(Virioplankton, V)是对水体生态系统中悬浮于水体中的各类群病毒的总称, 主要种类包括噬菌体(Contreras *et al.*, 2002)和藻类病毒(Boehme *et al.*, 1993; Augesti *et al.*, 1998)。自从 Bergh 等(1989)在海水中观测到高丰度的病毒样颗粒(Virus

like particles, VLPs)以来, 浮游病毒是迄今为止检测到的丰度最高的海洋浮游生物。目前, 普遍观察到的浮游病毒丰度范围为  $10^4$  个/mL(贫营养海域)— $10^8$  个/mL(富营养海域)(Wommack *et al.*, 2000), 平均比浮游细菌的丰度高出一个数量级。海洋浮游病毒通过裂解宿主, 将流向高营养级的有机物质转向以颗粒有机物(POM)与溶解有机物(DOM)的形式返回到最低营养级(Wommack *et al.*, 2000), 对微食物环中的 C、N 流有显著影响, 在生物地球化学循环中起重要作用。此外, 病毒还可通过动态演替和水平基因转换对海洋微生物和浮游植物的多样性和群落结构产生重要影响(Fuhrman, 1999)。

目前, 国际上普遍采用荧光染色技术(Epifluorescence Microscopy, EFM)和流式细胞仪技术(Flow Cytometry, FCM)对水体中病毒丰度进行检测。在国内, Yang 等(2002)对 1999 年东海远岸海域的病毒丰度进

\* 国家自然科学基金项目资助, 41076088 号。卢龙飞, 硕士研究生, E-mail: lulongfei567@163.com

通讯作者: 汪岷, 博士, 教授, E-mail: mingwang@ouc.edu.cn, wangmin30@hotmail.com

收稿日期: 2012-12-21, 收修改稿日期: 2013-02-23

行了探究,检测到浮游病毒的丰度范围为  $3.6 \times 10^5$ — $2.3 \times 10^6$  个/mL。Jiao 等(2005, 2006)对东海浮游病毒丰度进行了研究,并探讨了浮游病毒同环境因子间的相关性。白晓歌等(2007, 2008)利用荧光显微技术对长江口、北黄海及青岛近岸等局部海域浮游病毒的丰度进行了研究。为了探明东海、黄海浮游病毒丰度在大尺度范围以及重要养殖区的分布特点,本文通过流式细胞仪技术同时对两海域进行浮游病毒丰度的检测,比较两海区病毒丰度在水平和垂直分布上的差异,并分析病毒分布与其主要宿主之一异养细菌分布的相关性,以期丰富对东海、黄海海域微生物生态系统的了解。此外,通过浮游病毒和异养细菌丰度与温、盐等环境因子进行相关性分析,探讨养殖等环境变化对二者分布的影响,为环境监测和预警提供参考资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 水样采集及数据记录

2009年4月28日—5月21日,乘“东方红2号”在东海、黄海进行了大面站调查,共设有96个站位,如图1所示。各站使用Niskin采水器采集包括表层、10m、20m、30m、50m、底层等多层水样(具体分层由现场水文条件确定)。每层采集3份5mL平行样,加入戊二醛固定(终浓度为0.5%),液氮速冻后放入 $-80^\circ\text{C}$ 超低温冰箱保存。

经度、纬度、温度、盐度以及水深等数据由船载SBE19-CTD测得,由本课题化学组提供。

### 1.2 浮游病毒和异养细菌丰度检测

冻存水样置于 $37^\circ\text{C}$ 水浴融化。取3份平行水样,第一份经孔径为 $0.02\mu\text{m}$ 的滤膜过滤,作为空白对照;第二份经孔径为 $0.22\mu\text{m}$ 的滤膜过滤,水样滤液中仅存在浮游病毒;第三份未经过滤的天然海水,水样中存在有浮游病毒和异养细菌(Marie *et al.*, 1999)。3份水样用经 $0.02\mu\text{m}$ 的滤膜过滤的鞘液稀释后,各取0.5mL,用终浓度为 $1 \times 10^{-4}$  SYBR Gold(核酸染料,与核酸结合形成复合物,可被激发出绿色的荧光信号而被流式细胞仪所接受,从而进行分类)避光染色15min,以“LOW”速度运行1min,用Cellquest软件,获取水样的SSC-FL1散点图。

样品最佳稀释倍数和染料最佳浓度的选择参见Marie等(1999),稍作改动:异养细菌最佳稀释倍数为5倍,SYBR Gold染料终浓度为 $1 \times 10^{-4}$ ;检测浮游病毒最佳稀释倍数为50倍,SYBR Gold染料终浓度为 $0.5 \times 10^{-4}$ 。

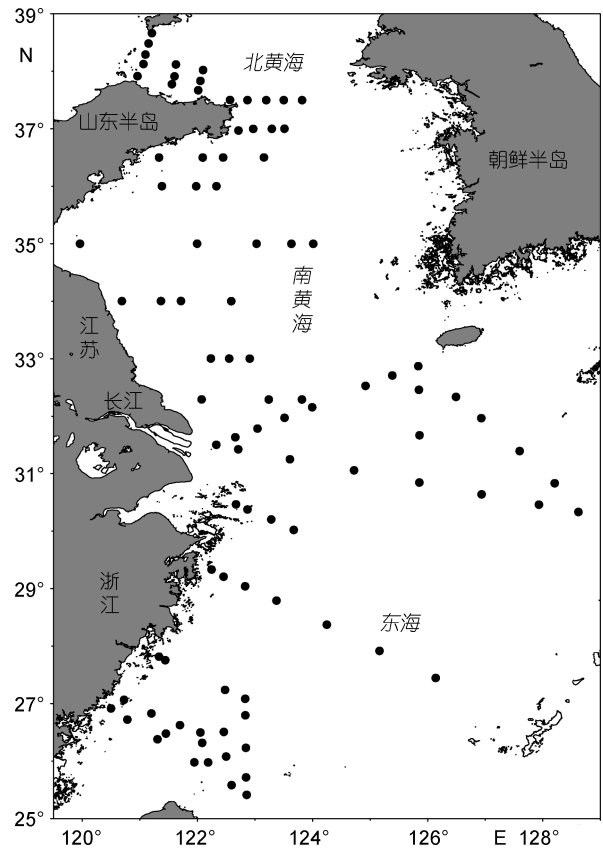


图1 东海、黄海2009年春调查站位分布

Fig.1 Sampling station in the East China Sea and Yellow Sea in the spring of 2009

### 1.3 数据处理和分析

本次试验使用Cellquest软件获取每个水样的S双参数组合图像,对流仪数据进行分析;运用SPSS软件进行了浮游病毒与异养细菌丰度之间以及与环境因子之间的相关性进行分析;分别运用Surfer8、Grapher进行浮游病毒和异养细菌丰度的水平、垂直分布作图。

## 2 结果

### 2.1 浮游病毒的分布

**2.1.1 浮游病毒丰度的水平分布** 本航次检测到的浮游病毒丰度值范围为 $3.38 \times 10^5$ — $2.26 \times 10^7$  个/mL,平均值为 $(6.24 \pm 3.59) \times 10^6$  个/mL。在表层、10m层、30m层以及底层,浮游病毒的丰度值分布范围分别为 $1.76 \times 10^6$ — $2.26 \times 10^7$  个/mL(平均值为 $7.53 \times 10^6$  个/mL)、 $3.38 \times 10^5$ — $2.03 \times 10^7$  个/mL(平均值为 $7.12 \times 10^6$  个/mL)、 $1.65 \times 10^6$ — $1.73 \times 10^7$  个/mL(平均值为 $6.53 \times 10^6$  个/mL)、 $1.93 \times 10^6$ — $6.01 \times 10^6$  个/mL(平均值为 $5.11 \times 10^6$  个/mL)(图2)。

在表层, 山东半岛周边海域、浙江东南沿海海域以及东海、黄海分界临近长江口处出现病毒丰度高值区, 病毒丰度最高值分别可达到  $2.09 \times 10^7$ 、 $2.26 \times 10^7$ 、 $1.33 \times 10^7$  个/mL。其它各层的分布趋势基本与表层一致(图 2)。

黄海浮游病毒丰度的平均值为  $(7.59 \pm 3.44) \times 10^6$  个/mL, 东海的浮游病毒丰度为  $(5.54 \pm 3.48) \times 10^6$  个/mL, 利用独立样本的均值差异性检验得出两个海域的游病毒丰度差异极显著( $P < 0.01$ )。

2.1.2 浮游病毒丰度的垂直分布 黄海浮游病毒

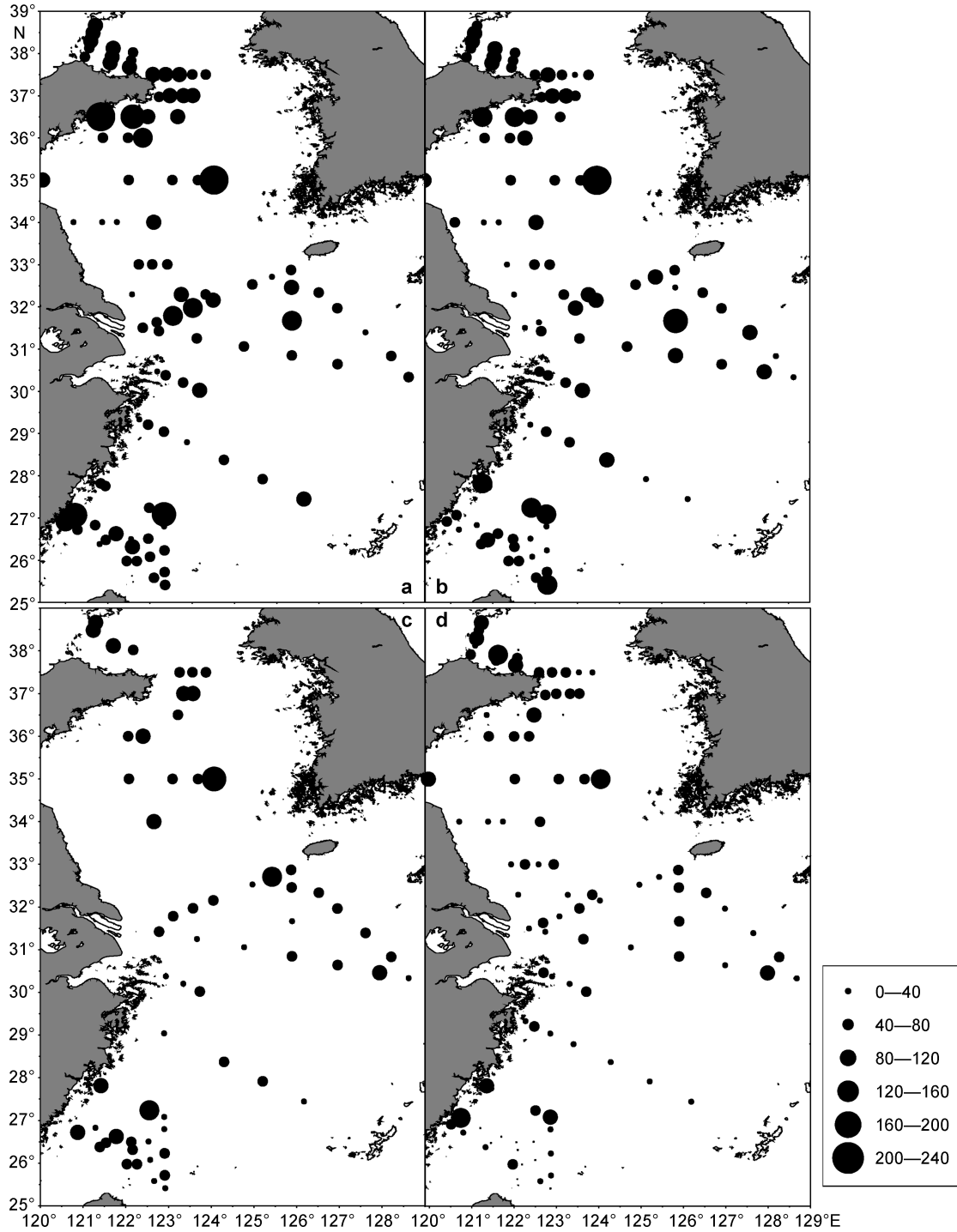


图 2 东海、黄海 2009 年春季浮游病毒丰度水平分布( $\times 10^5$  个/mL)

Fig.2 Horizontal distribution of virioplankton abundance in the Yellow Sea and East China Sea in the spring of 2009 ( $\times 10^5$ /mL)  
a. 表层; b. 10m 层; c. 30m 层; d. 底层水体

表层、10m层、20m层、30m层、底层丰度分别为： $8.41 \times 10^6$ 、 $7.81 \times 10^6$ 、 $7.35 \times 10^6$ 、 $6.61 \times 10^6$ 、 $6.91 \times 10^6$  个/mL，利用独立样本的均值差异性检验得出各层间差异不显著。在东海，浮游病毒丰度从表层、10m层、30m层、50m层、75m层逐渐降低(即  $6.57 \times 10^6 > 6.46 \times 10^6 > 5.37 \times 10^6 > 4.60 \times 10^6 > 4.04 \times 10^6$  个/mL)，表层与30m以下各层差异显著( $P < 0.05$ )，10m层与50m层、75m层差异极显著( $P < 0.01$ ) (具体见表1，图3)。

2.2 异养细菌的分布

2.2.1 异养细菌丰度的水平分布 本文检测到的异养细菌丰度值范围为  $5.83 \times 10^3$ — $1.23 \times 10^6$  个/mL，平均值为  $(1.22 \pm 1.04) \times 10^5$  个/mL。在表层，10m层、30m层、底层异养细菌的丰度值分布范围分别为  $5.83 \times 10^3$ — $1.23 \times 10^6$  个/mL(平均值为  $1.54 \times 10^5$  个/mL)、 $1.13 \times 10^4$ — $8.73 \times 10^5$  个/mL(平均值为  $1.36 \times 10^5$  个/mL)、 $2.58 \times 10^4$ — $7.14 \times 10^5$  个/mL(平均值为  $1.17 \times 10^5$  个/mL)、 $1.71 \times 10^4$ — $6.78 \times 10^5$  个/mL(平均值为  $1.05 \times 10^5$  个/mL)(图4)。

在表层，山东半岛北部海域、浙江东南沿海以及

东海、黄海分界临近长江口处出现异养细菌的丰度高值区，异养细菌丰度最高值分别为  $8.73 \times 10^5$ 、 $1.23 \times 10^6$ 、 $4.28 \times 10^5$  个/mL。其它层的分布趋势与表层基本一致。

黄海异养细菌丰度平均值为  $(1.35 \pm 0.87) \times 10^5$  个/mL，东海异养细菌丰度平均值为  $(1.15 \pm 1.11) \times 10^5$  个/mL，利用独立样本的均值差异性检验得出两个海域异养细菌丰度差异显著( $P < 0.05$ )。

2.2.2 异养细菌丰度的垂直分布 黄海异养细菌表层、10m层、20m层、30m层、底层丰度分别为  $1.46 \times 10^5$ 、 $1.46 \times 10^5$ 、 $1.37 \times 10^5$ 、 $1.16 \times 10^5$ 、 $9.48 \times 10^4$  个/mL，利用独立样本的均值差异性检验得出底层异养细菌丰度值与其它各层差异显著( $P < 0.05$ )，其它各层间差异不显著。东海异养细菌丰度从表层、10m层、30m层、50m层、75m层、100m层逐渐降低(即  $1.59 \times 10^5 > 1.24 \times 10^5 > 1.09 \times 10^5 > 7.92 \times 10^4 > 6.49 \times 10^4 > 2.88 \times 10^4$  个/mL)，其中表层丰度与30m及以下各层差异显著( $P < 0.05$ )，10m层与75m层差异显著( $P < 0.05$ )，其它各层间差异不显著(图5)。

表1 东海2009年春季浮游病毒丰度各水层间样本均数t检验  
Tab.1 The t test among different layers of the East China Sea in the spring of 2009

水层	表层	10m层	30m层	50m层	75m层
各层平均值(个/mL)	6.57E+06	6.46E+06	5.37E+06	4.60E+06	4.04E+06
表层	—				
10m层	0.856	—			
30m层	0.036*	0.055	—		
50m层	0.001**	0.001**	0.186	—	
75m层	0.000**	0.000**	0.024*	0.352	—

\*代表差异显著, \*\*代表差异极显著

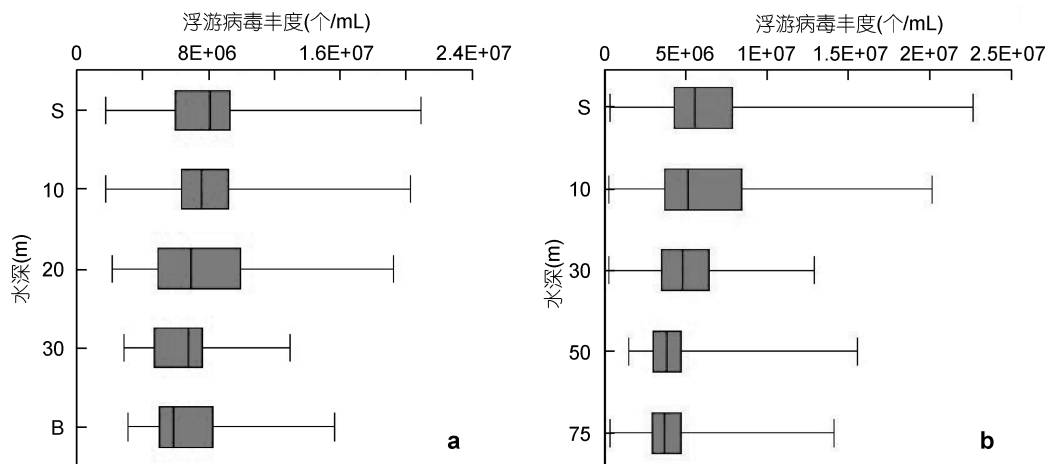


图3 东海、黄海2009年春季浮游病毒丰度垂直分布图

Fig.3 Vertical distribution of virioplankton abundance in the Yellow Sea and East China Sea in the spring of 2009  
a. 黄海; b. 东海

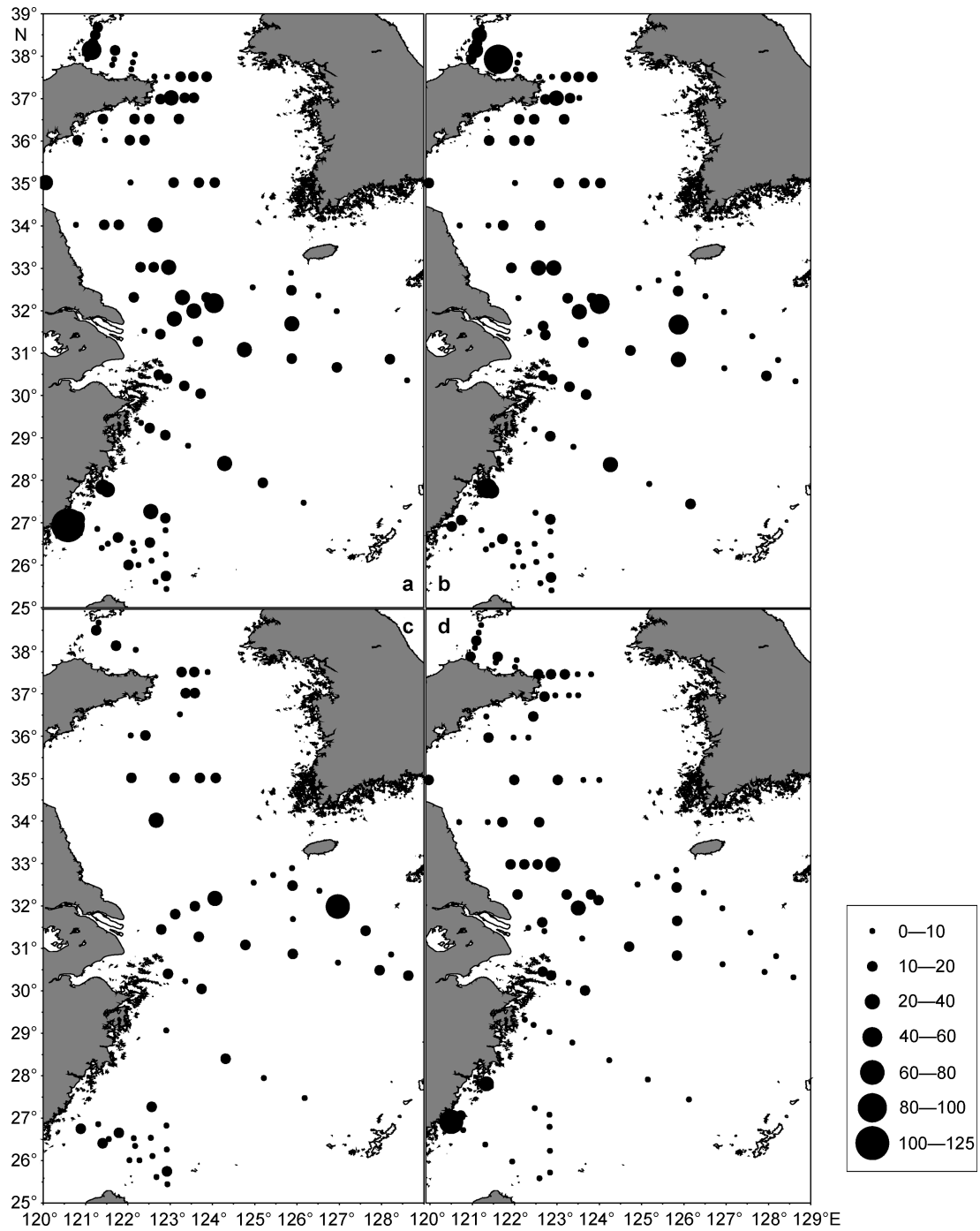


图 4 东海、黄海 2009 年春异养细菌丰度水平分布( $\times 10^4$  个/mL)

Fig.4 Horizontal distribution of heterotrophic bacteria abundance in the Yellow Sea and East China Sea in the spring of 2009 ( $\times 10^4$  cells/mL)

a. 表层; b. 10m 层; c. 30m 层; d. 底层水体

### 2.3 浮游病毒、异养细菌丰度以及环境因子之间的相关性分析

病毒丰度与细菌丰度间的比值(Virus-to-Bacterium Ratio, VBR), 常被用来分析浮游病毒与其它微小型浮游生物之间的相互关系。东海、黄海 VBR 分布范

围为 39.96—404.02, 平均值为 69.08。通过各层 VBR 的水平分布分析发现, 各层 VBR 值均在台湾北部海域(最高可到达 404.02)呈现高值区。在垂直分布上, VBR 平均值在 10m 层最高, 可达到 74.40。

利用 Pearson 相关分析的方法对浮游病毒丰度、

异养细菌丰度、VBR、温度、盐度以及水深间的相关性进行了分析, 结果表明浮游病毒丰度与异养细菌丰度显著正相关, 与 VBR 正相关(东海除外); 在调查海域总体水平上, 浮游病毒丰度与温度显著负相关, VBR 与深度正相关; 黄海异养细菌丰度与 VBR 显著负相关, 但在东海此相关性不显著(表 2)。

### 3 讨论

#### 3.1 浮游病毒、异养细菌丰度的水平分布

本文通过流式细胞技术, 检测到的黄海浮游病

毒丰度的平均值为  $(7.59 \pm 3.44) \times 10^6$  个/mL, 东海的浮游病毒丰度为  $(5.54 \pm 3.48) \times 10^6$  个/mL, 黄海异养细菌丰度平均值为  $(1.35 \pm 0.87) \times 10^5$  个/mL, 东海异养细菌丰度平均值为  $(1.15 \pm 1.11) \times 10^5$  个/mL, 黄海浮游病毒及异养细菌的丰度值均高于东海。这可能由于黄海海水的营养化程度较高(李晶等, 2009), 通常营养化程度高的水体, 异养细菌和浮游病毒粒子浓度相应增高(Jiao *et al.*, 2006; Liu *et al.*, 2006; 梁彦韬, 2008<sup>1)</sup>)。而且, 相关报道指出, VBR 值与异养细菌丰度呈现负相关时, 研究水体一般营养丰富、初级生产

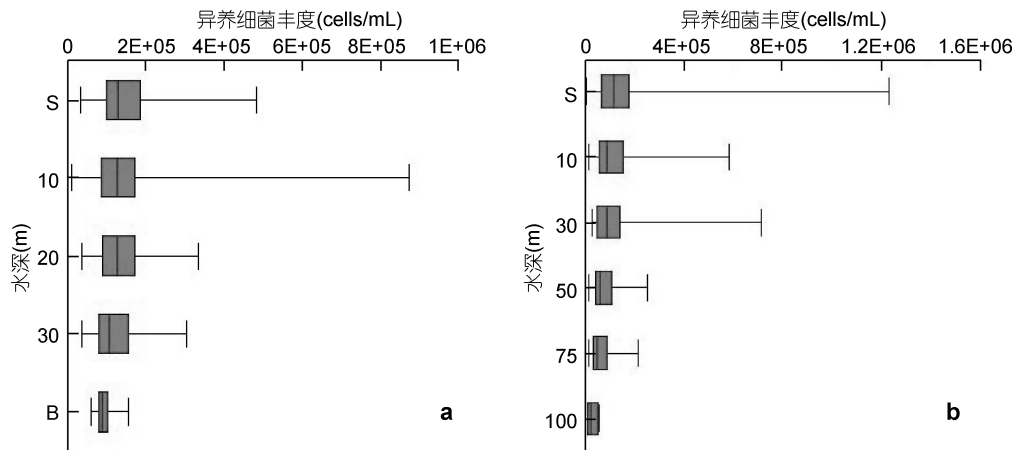


图 5 东海、黄海 2009 年春季异养细菌丰度垂直分布图

Fig.5 Vertical distribution of heterotrophic bacteria abundance in the Yellow Sea and East China Sea in the spring of 2009  
a. 黄海; b. 东海

表 2 东海、黄海 2009 年春浮游病毒丰度、异养细菌丰度、VBR 以及环境因子间的相关系数

Tab.2 Correlation coefficients between virus, heterotrophic bacteria, VBR and environmental parameters of the Yellow Sea and East China Sea in the spring of 2009

A(调差海域总体水平)	Vir	VBR	Tem	Sal	Dep
HB	0.288**	-0.239*	-0.046	-0.245*	0.266*
Vir		0.113	-0.243*	-0.008	0.176
VBR			0.187	0.181	0.318**
B(黄海)	Vir	VBR	Tem	Sal	Dep
HB	0.094	-0.639**	0.200	-0.037	0.235
Vir		0.495**	-0.137	0.448**	0.228
VBR			-0.284	0.298	0.115
C(东海)	Vir	VBR	Tem	Sal	Dep
HB	0.445**	-0.221	-0.221	-0.264	0.301*
Vir		0.102	-0.064	-0.062	0.106
VBR			0.283*	0.173	0.303*

\*  $P < 0.05$  水平的显著相关性(双尾  $t$  检验), \*\* $P < 0.01$  水平的非常显著相关性(双尾  $t$  检验)。Vir: 浮游病毒丰度; HB: 异养细菌丰度; VBR: 病毒丰度与细菌丰度间的比值; Tem: 温度; Sal: 盐度; Dep: 深度

1) 梁彦韬, 2008. 青岛近海浮游病毒、微微型浮游植物、异养细菌的丰度变化及其与环境相关性研究. 青岛: 中国海洋大学硕士学位论文, 82—85

高(Wommack *et al.*, 2000; 赵苑等, 2010)。黄海 VBR 值与异养细菌丰度非常显著负相关( $r = -0.639$ ,  $P < 0.01$ ), 但在东海海域此相关性并不显著(表 2), 这种现象也支持了黄海的营养化程度较高的结果。

在北黄海的山东半岛以北近岸海域, 异养细菌及浮游病毒同时出现高值区(图 2、图 4)。这可能由于山东半岛周围养殖区较为密集, 由于潮汐以及水流的作用, 养殖区高营养的水体向周围扩散(李晶等, 2009), 于是临近海域初级生产活跃, 异养细菌以及藻类生物量高, 浮游病毒丰度随之增高。此外, 受到渤海沿岸流的影响, 近年来渤海的莱州湾、渤海湾严重富营养化(见 2009 年中国海洋环境质量公报), 异养细菌丰度值较高(本实验室检测的渤海春季异养细菌丰度平均值在  $10^6$  数量级, 数据尚未发表), 当渤海沿岸流从渤海海峡南端流入北黄海时, 极可能携带着高营养的水体以及高丰度的异养细菌, 异养细菌的增多也随之刺激了噬菌体的增殖, 从而形成了山东半岛北部异养细菌、浮游病毒高值区。

在浙江东南沿海的增养殖区内, 多个因素导致该区域营养盐高, 从而浮游病毒丰度与异养细菌丰度均呈现高值区。第一, 与养殖区海水的富营养化有关; 第二, 浙江东南沿海临近浙闽沿岸寒流、高温高盐的黑潮水以及南海暖流的交汇区域, 寒暖流的交汇带动海水上泛, 海水混合充分, 营养盐丰富(黄荣祥, 1989); 第三, 台湾海峡有一支从西南向东北流动的上升海流, 也可为该海域带来部分海底沉积的营养盐(黄荣祥, 1989)。此外, 该区域终年水温较高, 阳光充足, 异养细菌以及浮游植物大量繁殖, 浮游病毒丰度也随之呈现较高水平。

### 3.2 浮游病毒异养细菌丰度的垂直分布

在垂直分布上, 东海的异养细菌、浮游病毒的丰度平均值均随深度的增加显著降低。但在黄海, 此趋势并不显著。这可能由于东海水深较深(平均水深 1000m), 在表层以及 10m 层, 阳光较为充足, 温度较高, 溶解氧充足, 海水混合也较强, 为异养细菌以及浮游植物的生存提供了良好的条件, 相应的病毒量也较多; 随水深的增加, 阳光变弱, 水温降低, 异养细菌和浮游植物的生存受到限制(DeLong *et al.*, 2006), 丰度也逐渐降低, 病毒数量也随之减少。而黄海水深较浅(平均水深 44m), 且春季风浪相对较大, 海水对流混合程度大, 因此异养细菌与浮游病毒的垂直分层并不明显。

### 3.3 浮游病毒、异养细菌丰度以及环境因子之间的相关性分析

从整个调查海域来看, 浮游病毒与异养细菌丰度分布的趋势是一致的, 且 Pearson 相关性分析也显示浮游病毒丰度与异养细菌丰度呈显著正相关( $P < 0.01$ ), 表明噬菌体在调查海域浮游病毒的群落结构中占有重要比例, 但并不排除某些海域噬藻体和藻类病毒可能占有优势, 如台湾北部海域。本实验室研究发现微微型藻类的丰度在台湾北部海域呈现高值区(聚球藻丰度平均值为  $1.55 \times 10^4$  个/mL, 微微型真核球藻的丰度平均值为  $9.28 \times 10^3$  个/mL, 数据尚未发表), 并且呈现高 VBR 值(最高值可达到 404.02)。Wommack 等(2000)在坦帕湾(Tampa Bay)等海洋生态系统中检测到的 VBR 值一般介于 3—20 之间, 但在发生赤潮或者富营养化的水域中, VBR 值也可呈现较高值(最高可达 72) (Maranger *et al.*, 1994; Wommack *et al.*, 2000)。赵苑等(2010)在探究胶州湾等水域的浮游病毒丰度时, 也检测到类似的高 VBR 值, 并推测其原因是藻类病毒的大量存在(Tuomi *et al.*, 1997; Liu *et al.*, 2006; 赵苑等, 2010), 因此作者认为在台湾北部海域噬藻体以及藻类病毒占有较高比例。

### 参 考 文 献

- 白 洁, 李焱然, 李正炎等, 2003. 渤海春季浮游细菌分布与生态环境因子的关系. 青岛海洋大学学报, 33(6): 841—846
- 白晓歌, 汪 岷, 马晶晶等, 2007. 冬季和春季长江口及其近海水域浮游病毒丰度的分析. 海洋与湖沼, 38(4): 367—372
- 白晓歌, 汪 岷, 梁彦韬等, 2008. 运用荧光显微技术分析北黄海夏季浮游病毒的分布. 中国海洋大学学报, 38(4): 609—613
- 李 晶, 张玉梅, 程 磊, 2009. 山东省近岸海域水质现状及变化趋势研究. 中国环境管理干部学院学报, 19(1): 67—70
- 肖 天, 2001. 海洋浮游细菌的生态学研究. 地球科学进展, 16(1): 60—64
- 赵 苑, 武洪庆, 李洪波等, 2010. 胶州湾浮游病毒的分布研究. 海洋科学, 34(7): 86—92
- 黄荣祥, 1989. 台湾海峡中、北部海域的上升流现象. 海洋湖沼通报, 1: 8—12
- Augusti S, Satta M P, Mria M P *et al.*, 1998. Dissolved esterase activity as a tracer of phytoplankton lysis: evidence of high phytoplankton lysis rates in the north-western Mediterranean. *Limnol Oceanogr*, 43(8): 1836—1849
- Azam F, Fenchel T, Field J G *et al.*, 1983. The ecological role of water column microbes in the sea. *Marine Ecology Progress Series*, 10: 257—263
- Bergh G, Børnsheim K Y, Bratbak G *et al.*, 1989. High abundance

- of viruses found in aquatic environments. *Nature*, 340: 467—468
- Boehme J, Frischer M E, Jiang S C *et al*, 1993. Viruses, bacterioplankton, and phytoplankton in the southeastern Gulf of Mexico: distribution and contribution to oceanic DNA pools. *Marine Ecology Progress Series*, 97(1): 1—10
- Contreras C N, Lucena F, Mooijman K *et al*, 2002. Occurrence and levels of indicator bacteriophages in bathing waters throughout Europe. *Water Research*, 36(20): 4963—4974
- DeLong E F, Preston C M, Mincer T *et al*, 2006. Community genomics among stratified microbial assemblages in the ocean's interior. *Science*, 311(496): 496—503
- Fuhrman J A, 1980. Bacterioplankton secondary production estimates for coastal waters of British Columbia, and California. *Applied and Environmental Microbiology*, 39(6): 1085—1095
- Fuhrman J A, 1999. Marine viruses and their biogeochemical and ecological effects. *Nature*, 399: 541—548
- Jiao N Z, Yang Y H, Hong N *et al*, 2005. Dynamics of autotrophic picoplankton and heterotrophic bacteria in the East China Sea. *Continental Shelf Research*, 25(10): 1265—1279
- Jiao N Z, Zhao Y L, Luo T W *et al*, 2006. Natural and anthropogenic forcing on the dynamics of virioplankton in the Yangtze river estuary. *Journal of the Marine Biological Association of the UK*, 86: 543—550
- Liu Y M, Yuan X P, Zhang Q Y, 2006. Spatial distribution and morphologic diversity of virioplankton in Lake Donghu, China. *Acta Oecologica*, 29(3): 328—334
- Maranger R, Bird D F, Juniper S K, 1994. Viral and bacterial dynamics in Arctic sea ice during the spring algal bloom near Resolute, Canada. *Marine Ecology Progress Series*, 111: 121—127
- Marie D, Brussaard C P D, Thyrhaug R *et al*, 1999. Enumeration of marine viruses in culture and natural samples by flow cytometry. *Applied and Environmental Microbiology*, 65: 45—52
- Tuomi P, Torsvik T, Haldal M *et al*, 1997. Bacterial population dynamics in a meromictic lake. *Applied and Environmental Microbiology*, 63: 2181—2188
- Wommack K E, Colwell R R, 2000. Virioplankton: viruses in aquatic ecosystems. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 64: 69—114
- Yang Y H, Jiao N Z, 2002. Distribution of virioplankton in the Kuroshio Current and the adjacent area in the East China Sea by flow cytometry. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 20(special issue): 26—32

## DISTRIBUTION OF VIRIOPLANKTON, HETEROTROPHIC BACTERIA IN THE YELLOW SEA AND EAST CHINA SEA

LU Long-Fei<sup>1</sup>, WANG Min<sup>1</sup>, LIANG Yan-Tao<sup>2</sup>, WANG Fang<sup>1</sup>, YANG Lin<sup>1</sup>,  
WANG Jian<sup>1</sup>, SUN Hui<sup>1</sup>, WANG Jian<sup>1</sup>

(1. College of Marine Life Science, Ocean University of China, Qingdao, 266003; 2. Xiamen University, Xiamen, 361005)

**Abstract** We collected seawater samples in May 2009 from the Yellow Sea and East China Sea (119.5°—129.0°E, 25°—39°N) to determine the abundance distribution of virioplankton and heterotrophic bacteria with flow cytometer, and studied the correlation between the abundances of virioplankton and heterotrophic bacteria and environmental factors. Results show that the abundances of virioplankton and heterotrophic bacteria ranged  $3.38 \times 10^5$ — $2.26 \times 10^7$ /mL ( $6.24 \times 10^6$ /mL on average), and  $5.83 \times 10^3$ — $1.23 \times 10^6$ /mL ( $1.22 \times 10^5$ /mL on average), respectively. The distribution pattern of virioplankton abundance was consistent with that of bacteria in horizontal direction and showed high-abundance areas around the coast of Shandong Peninsula, the southeast coastal region of Zhejiang Province, and the north region of Zhoushan Fishery. And the viral and bacterial abundances in the Yellow Sea were significantly greater than those in the East China Sea. The abundances of both virioplankton and heterotrophic bacteria decreased significantly with depth in East China Sea and that in the surface layer were significantly different from that of layers below 30m ( $P < 0.05$ ). The vertical distribution trend of abundances in the Yellow Sea was not obvious. In the investigated regions, the virioplankton abundance was significant positive correlation with heterotrophic bacteria ( $r = 0.288$ ,  $P < 0.01$ ), and negative with the temperature ( $r = -0.243$ ,  $P < 0.05$ ). The bacterial abundance showed negative correlation with the salinity ( $r = -0.245$ ,  $P < 0.05$ ).

**Key words** East China Sea; Yellow Sea; virioplankton; heterotrophic bacteria; flow cytometer