

# 海洋浮游甲壳类分子系统学研究进展

谭树华, 曹文清, 林元烧, 王桂忠, 李少菁

(厦门大学海洋学系, 亚热带海洋研究所, 福建厦门 361005)

**摘 要:** 回顾海洋浮游甲壳类系统学研究的基础上, 综述了生化水平和 DNA (mtDNA 和核 DNA) 水平的分子系统学研究现状。分子标记中 DNA 序列分析最为常用, 其次是 RFLP 和 RAPD 分析, mtDNA 主要用于分类学、群体遗传学、种间分子进化和系统发育重建研究, 而核 DNA 则应用于科以上较高阶元的系统发育和种内、近缘种间的遗传结构和遗传分化研究。最后对存在的问题和应用前景进行了展望。

**关键词:** 浮游甲壳类; 分子系统学; 进展

中图分类号: Q7; Q523; Q959.223 文献标识码: A 文章编号: 1001-6392(2003)05-0071-07

系统学是生物分类学和生物间各种关系(遗传关系、系统发育关系和地理分布关系等)的总和<sup>[1]</sup>。自 20 世纪 60 年代以来, 蛋白质和 DNA 等信息大分子已被广泛应用于生物的系统学研究, 克服了形态、染色体和其它分子标记少, 适用阶元窄, 不能量化等缺点, 极大地促进了分子系统学的发展。海洋浮游甲壳类是海洋环境中的次级生产者和食物链中的初级消费者, 是海洋生态系统动态研究的理想指标<sup>[2-4]</sup>, 数量大、种类多, 分布广, 一些种属形态标记少、近缘种和同属种同域分布普遍存在, 但遗传特征却非常不同<sup>[5, 6]</sup>, 给以形态和生理特征为主的分类鉴定和系统发育关系研究带来了困难<sup>[7, 8]</sup>, 也制约了海洋生态系统的动力学研究。20 世纪 80 年代以前, 形态特征和染色体核型分析是浮游甲壳类宏观物种分类及系统发育研究的重要手段<sup>[9]</sup>, 但仅限于染色体数目和核型分析, 均未采用适合作近缘种及种内群体进化研究的带型分析, 而核型分析不能对进化时间进行数量估算<sup>[10]</sup>。自同工酶和 DNA 分子标记应用于海洋浮游甲壳类系统学研究以来, 已成为其系统学研究的主要分子工具, 显示出较准确、可靠的优点。生态系统动力学是当前海洋学科跨学科的前沿领域, 1999 年我国启动了 973 课题“黄、东海生态系统动力学与生物资源可持续利用”, 而浮游甲壳类中关键种的变动规律和种群补充在形成生态系统结构和生源要素中起重要作用<sup>[2]</sup>, 迫切需要分子系统学理论和方法的介入, 对于这一领域的应用国内尚处于起步阶段。本文对海洋浮游甲壳类的分子系统学研究进展作了综述, 并对存在的问题和应用前景进行了展望。

## 1 浮游甲壳类生化(同工酶)水平的系统学研究

自 20 世纪 60 年代同工酶技术诞生以来, 已广泛应用于各种陆地动、植物和海洋鱼、虾、贝类等的系统学研究<sup>[11, 12]</sup>。酶作为基因表达产物, 包含了更多的遗传信息, 同时许多研究表明同工酶在浮游甲壳类中也是高度可变的<sup>[13]</sup>, 因而对形态学无法区分的一些系统关系(遗传关系、地理分布关系等)可更有效地进行定位。同工酶应用于浮游甲壳类的研究始于

收稿日期: 20020902; 收修改稿日期: 20021212

基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目(编号 G1999043708 号)资助

20 世纪 70 年代末,主要是应用于种群遗传结构与分化研究,而较少涉及系统发育研究。

Burot 等 (1979, 1981) 以同工酶对美国加州沿岸的猛水蚤属 *Tigriopus californicus* 的遗传结构和遗传分化进行了研究<sup>[14, 15]</sup>。随后, Bucklin 等 (1985) 以四个酶五个位点分析了美国西海岸夏唇角水蚤 *Labidocera aestiva* 的种群遗传分化,证明存在高的遗传变异水平和遗传分化,认为地理隔离、生活史差异和所受选择不同可能是遗传分化产生的原因<sup>[16]</sup>。而 France (1994) 则用等位酶对美国加州盆地 6 个 1 000 ~ 2 100 m 深的端足类 *Abyssorhomene* spp 种群的遗传结构进行了研究,发现 5 个浅海盆地种群间的遗传距离  $D < 0.003$ , 但浅海与深海盆地种群间的基因流很低 (迁移率  $M < 1$ ), 二者间存在较大的遗传分化<sup>[17]</sup>。Kann 等 (1996) 对缅甸湾飞马哲水蚤 *Calanus finmarchicus* 的种群结构进行了研究,以等位酶分析其遗传相似性  $I > 0.97$ , 同 mtDNA 的 16SrRNA 和 CytB 基因的 RFLP 结果基本一致<sup>[18]</sup>。

## 2 浮游甲壳类 DNA 水平的系统学研究

由于同工酶所能检测的酶种类数、位点数和谱带数均有限,因而自 20 世纪 90 年代以来,以核 DNA 和 mtDNA 为研究对象结合 PCR 技术的分子标记技术 (如 RFLP, mtDNA 和特定基因的序列分析) 已成为生物系统学研究的主要工具,同时亦被广泛应用于浮游甲壳类的系统学研究。消除了一些分类学上的争议,对许多种类的遗传状况和生物地理关系作了研究和对一些种类的系统发育关系作了验证和定位,大大加快了海洋生态系统的研究步伐。

### 2.1 线粒体 DNA 的应用

mtDNA 作为核外遗传物质,具有进化速度快、非重组变异和母系遗传等特点,已成为最广泛使用的分子系统学标记之一<sup>[19-21]</sup>。但甲壳动物 mtDNA 较难提取且产量低<sup>[22]</sup>。因此,除少部分采用 RFLP 分析外,绝大部分以 mtDNA 特定基因序列扩增产物的 RFLP 分析或测序来进行。目前,mtDNA 已广泛应用于海洋浮游甲壳类的分类学、群体遗传学和近缘种间系统发育研究。

2.1.1 分类学研究 分子分类学诞生以前,浮游甲壳类主要依靠形态观察作分类鉴定,如哲水蚤种分类以第二性征为主要特征,哲水蚤属 (*Calanus*) 以雄性第 5 胸足来鉴定<sup>[7]</sup>,幼体阶段则很难鉴定<sup>[23]</sup>。长腹水蚤属 (*Metridia*) 的形态标准是:雌性以头部形态和第 5 胸足的刚毛长度,雄性以尾肢长度和第 5 对胸足左肢的刺的多少,将其分为二个种,但存在争议<sup>[24]</sup>。Bucklin 等 (1997) 对 mtDNA 的 16SrRNA 基因测序表明:*M. lucens* 和 *M. pacifica* 的序列差异为 13%,从分子水平上支持形态分类标准,*M. leucnes* 和 *M. pacifica* 为二个种,解决了长期的争议<sup>[25]</sup>。

Bucklin 等 (1999) 以通用引物对 mtDNA 的 CO 基因扩增产物测序,对哲水蚤目三个属 (*Calanus*, *Neocalanus*, *Pseudocalanus*) 的 8 个种进行了分类鉴定和系统评价研究,得出同属种序列差异在 13% ~ 22% 之间,可确定同属种的进化关系,但不能确定属间关系。再据此序列,设计了哲水蚤种的特异寡核苷酸引物,进行多元种别性聚合酶链式反应 SS-PCR (Multiplexed species-specific polymerase chain reaction),可对 3 个哲水蚤种 (*Calanus*. spp) 进行鉴定<sup>[26]</sup>。Lindeque 等 (1999) 建立了另一种快速、低成本的鉴定 4 个哲水蚤种 (*C. finmarchicus*, *C. glacialis*, *C. helgolandicus*, *C. hyperboreus*) 的方法,据 16SrRNA 基因扩增产物序列,对产物进行 RFLP 分析,各个种都可产生唯一的限制性酶切图谱<sup>[24]</sup>。该方法可对

亲缘种、同属种进行有效鉴定，并可研究环境因素（海流、温度、营养盐等）对种类组成和种群分布、迁移等的影响。

如大量种类的 mtDNA 基因序列被测定，则可建立其基因序列库，测定未知种类的同源序列，可与已知种进行比较鉴定和进化关系研究<sup>[27]</sup>。Sundt 等 (1998) 以 16SrRNA 基因片段序列数据和以前的序列比较，鉴定了巴伦支海马歇尔哲水蚤 (*Calanus marshallae*) 的存在<sup>[23]</sup>，然而，对大量样品，该方法成本较高，不适合大范围使用。

2.1.2 群体遗传学研究 群体遗传结构及其分化是海洋浮游甲壳类研究的重要内容，也是其研究的薄弱环节。mtDNA 的 PCR-RFLP 和序列测定均可准确反映群体的遗传状况<sup>[28-33]</sup>，并对基因流模式、有效群体大小、补充机制和环境影响等作出分析<sup>[34-36]</sup>。Bucklin 等 (1994) 以 16SrRNA 基因序列数据分析 *C. P. Oceanicus* 和 *C. P. californicus* 序列差异为 0.9% ~ 1.0%，而不同地区 *C. P. californicus* 个体间则为 0.2% ~ 0.5%，提供了 *Calanus pacifica* 存在亚种分化的分子证据<sup>[37]</sup>。Wares 等 (2001) 以 COI 基因序列对等足目 *Idotea balthica* 的欧洲和北美种群进行了地理隔离和遗传变化的研究<sup>[38]</sup>。

mtDNA 的分子数据的另一个应用是调查群体遗传多样性水平，推测物种形成过程中的进化历史事件，地理隔离、遗传分化原因。Bucklin 等 (1998) 对近北极的飞马哲水蚤 (*Calanus finmarchicus*) 和小哲水蚤 (*Nannocalanus minor*) 的 16SrRNA 基因序列测定表明，*Calanus finmarchicus* 的遗传多样性低，其单倍型多样性  $h = 0.368$ ，核苷酸多样性仅为  $Pi = 0.00370$ ，二个种的有效群体和有效雌性群体都较小，并对其原因进行了推测<sup>[39]</sup>。然而，mtDNA 数据产生大量相同和单一单倍型 (Haplotype) 时，则不能提供群体遗传结构分析的有用信息，会削弱 mtDNA 分析群体遗传结构的能力。

2.1.3 系统发育和分子进化研究 mtDNA 在浮游甲壳类的系统演化研究中主要用于近缘种间或较高阶元（一般科以下）的系统发育关系研究<sup>[40-42]</sup>。16SrRNA 基因常被用来构建种间的系统发生关系。Bucklin 等 (1992) 以 mtDNA 的 16SrRNA 基因序列数据，比较三个哲水蚤种的遗传关系，聚类分析表明 *Calanus finmarchicus*, *Calanus marshallae* 相似度更高，*Calanus pacifica* 与前二者的序列一致性分别为 81% 和 86%，并推测这三个种在几百万年前即已发生分化<sup>[20]</sup>。Bucklin 等 (1995) 再以 16SrRNA 基因序列数据对 6 个哲水蚤种和三个长腹水蚤属 (*Metridia*) 进行系统发育研究，并以 NJ 聚类构建了系统发生树，以分子钟推算哲水蚤属 (*Calanus*) 在 8 000 万年前开始分化，亲缘种群间和亲缘种分别在 4 000 万年前和 2 000 万年前开始分化，推测是受更新纪晚期辐射的结果<sup>[7]</sup>。

Held 等 (2000) 以 mtDNA 的 16SrRNA 基因和核 SSU rRNA 基因分析了南极水域等足目 (Isopoda) 16 个种的系统发生和生物地理关系，对形态假设系统关系重新进行了定义和校正<sup>[43]</sup>。Hill 等 (2001) 以 mtDNA 的 COI 基因序列对 10 个哲水蚤种进行了系统树的构建，结果与 16SrRNA 基因和形态基础上的种系发生关系相吻合，但中华哲水蚤 *Calanus sinicus* 不能确定系统地位<sup>[27]</sup>。Braga 等 (1999) 以 16SrRNA 基因序列研究真刺水蚤属 (*Euchaeta*) 的进化关系，也发现部分种的进化关系难以确定<sup>[44]</sup>。因此，由于海洋浮游甲壳类种属较多，在分析的种属不够全面时，确定它们的分类地位、进化关系是比较困难的，有时需要多种分子数据的互相补充。

## 2.2 核 DNA 水平的系统学研究

核 DNA 分子标记如卫星 DNA、微卫星和单拷贝 DNA (scnDNA) 等在海洋鱼、虾、贝类

等的系统学中研究较多, 而 rDNA (核糖体 DNA) 则是浮游甲壳类较高阶元系统学研究的最主要分子标记。rDNA 存在于所有生物中, 其特点是进化过程中高度保守, 同时, 存在进化速率不同的基因, 选取不同基因序列则既可用于较高级阶元的系统树构建, 也适合于种内和近缘种间的遗传结构与分化研究。

2.2.1 系统发育研究 系统发育数据一般来自形态、化石和分子技术几个方面, 但浮游甲壳类几乎没有可资利用的化石, 形态数据极其有限<sup>[25]</sup>, rDNA 基因组中 5.8 SrRNA, 18SrRNA, 28SrRNA 基因进化很慢, 是目前目间或更高阶元系统发育研究的主要分子标记, 甚至适合于真核生物和原核生物间同源关系的比较。

Braga 等 (1999) 以 rDNA 的 28SrRNA 基因的 D9/D10 区研究了 3 个桡足类目 (Calanoida, Harpacticodia, Poecilostomatoida), 5 个总科 (Clausocalanoidea, Eucalanoidea, Centropagoidea, Megacalanoidea, Arietelloidea) 的系统发育关系, 认为 3 个目均为单系, 支持 Poecilostomatoida 为 Calanoida, Harpacticodia 的基础, 但形态分析则认为 Calanoida 为基础。作者认为 28SrRNA 基因的 D9/D10 用于该分类阶元的系统发育关系研究是合适的, 同时研究高阶元的分类单元间的发育关系时取样应具有广泛性和代表性<sup>[44]</sup>。Spears 等 (2000) 首次用 18SrRNA 基因序列数据对现存的腮足类 (Branchiopod) 的 8 个目进行了系统发育研究<sup>[45]</sup>。Jarman 等 (2000) 研究了软甲亚纲 (Eumalacostraca) 的 28SrRNA 基因的进化并以该基因建立了软甲亚纲内新的进化系统, 表明磷虾目 (Euphausiacea) 与糠虾目 (Mysida) 关系最近, 而不是通常认为的与十足目 (Decapoda) 最近, 并且糠虾目与疣背糠虾目 (Lophogastrida) 不为姊妹目, 而真虾总目 (Eucarida)、糠虾目和囊虾总目亦不为单一系分类单元<sup>[46]</sup>。

2.2.2 种群遗传结构与分化研究 rDNA 基因序列中间隔区 (ITS-1, ITS-2) 进化速度较快, 适合属内种间或种内群体间遗传结构及遗传分化的研究。Wilson 等 (1997) 以 RAPD 技术检查了端足目 *Corophtheirus salmonis* 在海洋环境中的遗传隔离情况, 表明环境选择压力的变化对该种群的遗传分化起重要的作用<sup>[47]</sup>。Shinn 等 (2000) 以 rDNA 的 18SrRNA 和 ITS1 基因对苏格兰寄生于大西洋鲑科鱼类鱼虱科的 *Lepeophtheirus salmonis* 进行了遗传分化的研究<sup>[48]</sup>。Bucklin 等 (2000) 以核 DNA 的 Pseudo-CO 基因和磷酸葡萄糖异构酶 (PGI) 基因序列和特异位点频率 (site-specific frequencies) 研究了冰岛水域 *Calanus finmarchicus* 的遗传分化, 认为这两个基因对于大范围内该种的地理隔离研究可能是一个有用的标记<sup>[49]</sup>。Rochalivares 等 (2001) 以 5.8 SrRNA 基因、ITS-1 和 ITS-2 研究了北美猛水蚤科 (Harpacticidae) 的 *Cletocamptus deitersi* 的地理种群分化, 认为至少存在 4 个种<sup>[50]</sup>。

### 3 结 语

综上所述, mtDNA 和核 DNA 作为海洋浮游甲壳类系统学研究的主要分子标记, 二者在系统发育研究上适应阶元不同而互相补充, 至今已建立了一些较成熟的方法, 一些优势种的 mtDNA 和核 DNA 特定片段序列已被测定, 极大地促进了浮游甲壳类的系统学研究, 但仅有少数基因作为研究对象。同时浮游甲壳类的分子系统学研究在国内尚属起步阶段, 与国外差距较大<sup>[51, 52]</sup>。系统学的研究范围广、阶元宽, 目前所研究的种类主要为桡足亚纲和腮足亚纲中的少数种类, 与形态分类的系统关系出现了一些不一致, 因此综合采用分子数据并与其它方法如形态标记、同工酶等数据相结合进行综合解释, 才会不失偏颇。其它甲壳动物的

化石证据也可为其系统发育提供参考。目前，浮游甲壳类系统学研究分子数据大部分来自序列测定，这是一项耗费较大的工作，但随着分子生物学的发展和新的研究手段不断产生，基因测序也将成为一项较常规的方法，这将会进一步促进浮游甲壳类系统学的研究。

#### 参考文献：

- [1] 黄原分子系统学原理、方法和应用 [M]. 北京：中国农业出版社，1998, 1-2.
- [2] 唐启升, 苏纪兰. 中国海洋生态系统动力学研究 I: 关键科学问题与研究发展战略 [M]. 北京：科学出版社，2000，98-99.
- [3] 郑重, 李少菁, 许振祖. 海洋浮游生物学 [M]. 北京：海洋出版社，1984，7-8.
- [4] Cronin M, Spearman W J, Wilmot R L. Mitochondrial DNA Variation in Chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*) and chum salmon (*O. Keta*) Detected by Restriction Enzyme Analysis of polymerase chain Reaction (PCR) products [J]. Can J Fish Aquat Sci, 1993, 50: 708-715.
- [5] Miller K J, Bradford-Grieve J M, Jillett B. Genetic relationship between winter deep-dwelling and spring surface-dwelling female *Neocalanus tonsus* in the southern ocean [J]. Marine Biology, 1999, 134:99-106.
- [6] Bucklin, A Bentley A M, Franzen S P. Distribution and relative abundance of *Pseudocalanus moltoni* and *P-newmani* (Copepod: Calanoida) on Georges Bank using molecular identification of sibling species [J]. Marine Biology, 1998, 132:197-206.
- [7] Bucklin, A Bruce B, Frost W *et al.* Molecular systematics of six *Calanus* and three *Metridia* species (Calanoida: Copepoda) [J]. Marine Biology, 1995, 1124: 655-664.
- [8] Frost B W. *Calanus Marshallae* a new species of calanoid copepod closely allied to the sibling species *C. finmarchicus* and *C. glacialis* [J]. Marine Biology, 1994, 26:77-99.
- [9] Hedgecock D, Tracey M L, Nelson K. The Biology of Crustacean [A]. Embryology, Morphology and Genetics [M]. Academic Press, New York, 1982, 2: 283-403.
- [10] Avise J C, Arnold J, Ball R M *et al.* Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between genetics and systematics [J]. Ann Rev Ecol Syst, 1987, 8:489-522.
- [11] 王中仁. 植物遗传多样性和系统学中的等位酶分析 [J]. 生物多样性, 1994, 2(1): 38-43.
- [12] Benzie J A H. Population genetic structure in penaei Prawns [J]. Aquaculture Research, 2000, 31:95-119.
- [13] Bucklin A. Genetics Tracers of zooplankton transport in coastal filaments off northern California [J]. J Geophys Res, 1989, 94: 8 277-8 288.
- [14] Burton R S, Feldman M N, Curtsinger J W. Population genetics of *Tigriopus californicus* (Copepoda: Harpacticoida) : population structure along the Central California coast [J]. Mar Ecol Prog Ser, 1979, 1:29-39.
- [15] Burton R S, Feldman M N. Population genetics of *Tigriopus californicus* (Copepoda: Harpacticoida) : Differentiation among neighbouring populations [J]. Evolution, 1981, 35: 1 192-1 205.
- [16] Bucklin A, Marcus N H. Genetic differentiation of population of the plankton copepod *Labidocera aestiva* [J]. Mar Biol, 1985, 84: 219-224.
- [17] France S C. Genetic population structure and gene flow among deep-sea amphipods *Abyssorhynchus* spp, from six California Continental Borderland basins [J]. Marine Biology, 1994, 118: 67-77.
- [18] Kann L M, Wishner K. Genetic population of the copepod *Calanus finmarchicus* in the Gulf of Maine: allozyme and amplified mitochondrial DNA Variation [J]. Marine Biology, 1996, 125: 65-75.
- [19] Bucklin A, Guarnierii, Gillicuddy M *et al.* Spring evolution of *Pseudocalanus* spp. Abundance on Georges Bank based on molecular discrimination of *P. moltoni* and *P. newmani* [J]. Deep-Sea Res Part -Top. Stud Oceanogr, 2000, 48: 589-608.
- [20] Bucklin A, Frost. B W, Thomas T D. DNA sequence variation of the mitochondrial 16SrRNA in *Calanus* (Copepoda, Calanoida) intraspecific and interspecific patterns Molecular [J]. Marine Biology and Biotechnology, 1992, 1(6):397-407.
- [21] Birky C W, Fuerst P, Maruyama T. Organelle gene diversity under migration mutation and drift: equilibrium expectations approach to equilibrium effects of heteroplasmic cells and comparison to nuclear genes [J]. Genetics, 1989, 121: 613-627.

- [22] Oven J R. Mitochondrial DNA and marine stock assessment: A Review [ J ] . Aust J. Mar Freshwater Res, 1990, 41: 835-853.
- [23] Sundt R C, Melle W. Atlantic observation of *Calanus marshallae* (Copepod:Calanoida) [ J ] . Marine Ecology Progress Series, 1998, 166:207-210.
- [24] Lindeque P K, Harris R P, Jones M B *et al.* Simple molecular method to distinguish the identity of *Calanus* species ( Copepoda:Calanoida) at any development stage [ J ] . Marine Biology, 1999,133:91-96.
- [25] Bucklin A, Smolenack S B, Benley A M *et al.* Wiebe Gene flow patterns of the euphausiid (*Meganyctiphanes norvegica*) in the NW Atlantic based on mtDNA sequences for cytochrome b and cytochrome oxidase I [ J ] . Journal of plankton Research, 1997, 19(11):1 793-1 781.
- [26] Bucklin A, Guarnieri M, Hill R S *et al.* Taxonomic and systematic assessment of planktonic copepods using mitochondrial CO sequence variation and competitive species-specific PCR [ J ] . Hydrobiologia , 1999, 401:239-254.
- [27] Hill R S, Allen L D, Bucklin A. Multiplexed species-specific PCR protocol to discriminate four N. Atlantic *Calanus* species, with an mtCO gene tree for ten *Calanus* species [ J ] . Marine Biology, 2001, 139(27): 279-287.
- [28] Zane L, Ostellari L, Maccatrozzo L *et al.* Molecular evidences for genetic subdivision of Antarctic Krill (*Euphausia Superba* Dana) populations [ J ] . Proc R Soc Lond (SerB), 1998,1413: 2 387-2 393.
- [29] Schizas, Stree N V, Coull G T *et al.* Molecular population structure of the Marine benthic copepod *Microarthridion littorale* along the southeastern and Gulf of the USA [ J ] . Marine Biology, 1999, 135(3):399-405.
- [30] Bucklin A, Kocher T D. Source regions for recruitment of calanus finmarchicus to Georges Bank:Evidence from molecular Population genetic analysis of mtDNA [ J ] . Deep-Sea Research Part Topical Studies in Oceanography, 1996, 43: 7-8.
- [31] Lee G E. Global phylogeography of a cryptic copepod species complex and reproductive isolation between genetically proximate population[J]. Evolution, 2000, 54(6):2 014-2 027.
- [32] Edman S. Phylogeography of the intertidal copepod *Tigriopops californinus* reveals substantially reduced population differentiation at Northern latitudes[J]. Molecular Ecology, 2001,10:1 743-1 750.
- [33] Street G T, Lotufo G R, Montagna P A *et al.* Reduced genetics diversity in a meiobenthic copepod exposed to a xenobiotic [ J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 1998, 222: 93-111.
- [34] Hanner R, Fugate M. Branchiopod phylogenetic reconstruction from 12S rDNA sequence data[J]. Journal of Crustacean Biology, 1997, 17(1) : 174-183.
- [35] Bucklin A, Karrtvedt S, Guarnieri M *et al.* Population genetics of drifting (*Calanus* spp) and resident (*Acartia clausi*) plankton in Norwegian fjords[J]. Journal of plankton Research, 2000, 22:7 137-1251.
- [36] Schizas, Chandler N V, Coull G T *et al.* Differential survival of three mitochondrial lineages of a marine benthic copepod exposed to a pesticide mixture[J]. Environ Sci.Technol, 2001, 35(3): 535-538.
- [37] Bucklin A, Lajeunesse T C. Molecular Genetics variation of *Calanus pacificus* (Copepod:Calanoida): Preliminary evaluation of genetics structure and subspecific differentiation based on mtDNA sequence California cooperative[R]. Oceanic Fisheries Investigation Reports, 1994, 35: 45-51.
- [38] Wares J P. Intraspecific variation and geographic isolation in *Idotea balthica* (Isopoda : Valvifera)[J]. J. Crustac. Biol, 2001, 21(4):1 007-1 013.
- [39] Bucklin A, Wiebe P H. Low mitochondrial diversity and small effective population sizes of the copepods *Calanus finmarchicus* and *Nannocalanus minor*: possible impact of climatic variation during the recent glaciation[J]. Journal of Heredity, 1998, 89(5): 383-392.
- [40] Zane L, Ostellari L, Maccatrozzo L *et al.* Genetic differentiation a pelagic crustacean *Meganyctiphanes norvegica*: Euphausiacea) from the North East Atlantic and the Mediterranean Sea[J]. Marine Biology, 2000, 36:191-199.
- [41] Palaumbi S R. Microspatial Genetic structure in marine taxa with high disperse; ability [ A ] . In: Ferraris J D palanmbi S R, eds. Molecular Zoology[M]. Advances strategies and protocols Wiley-liss. New York. 1996,101-118.
- [42] Goswami U, Goswami S C. Karyology of the Genus *Labidocera* Lubbock from the laccdive sea (lokshsdeep)[J]. Indian Journal of Marine Science1, 1979, 8:259-261.
- [43] Held C. Phylogeny and biogeography of serolid isopods (Crustacea, Isopoda, Serolidae) and the use of ribosomal expansion

- segments in molecular systematics[J]. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 2000, 15(2) : 165-178.
- [44] Braga E, Zardoya R, Meyer A *et al*. Mitochondrial and nuclear rRNA based copepod phylogeny with emphasis on the Euchaetidae (Calanodia)[J]. *Marine Biology*, 1999, 133:79-90.
- [45] Spears T, Abele L G, Branchiopod monophyly and interordinal phylogeny inferred from 18S ribosomal DNA[J]. *J. Crustac. Biol.*, 2000, 20(1):1-24.
- [46] Jarman S N, Nicol S, Elliott NG *et al*. 28S rDNA evolution in the Eumalacostraca and the phylogenetic position of Krill [ J ]. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 2000, 17(1):26-36.
- [47] Wilson A B, Boates J S, Snyder M. Genetic isolation of populations of the gammaridean amphipod, *Corophium volutator*, in the Bay of Fundy, Canada[J]. *Mol. Ecol.*, 1997, 6(10): 917-923.
- [48] Shinn A P, Banks B A, Tange N *et al*. Utility of 18S rDNA and ITS sequences as population markers for *Lepeophtheirus salmonis* (Copepoda: Caligidae) parasitising Atlantic salmon (*Salmo salar*) in Scotland[J]. *Contributions to Zoology*, 2000, 69 (1-2): 89-98.
- [49] Bucklin A, Asthorsson O S, Gislason A *et al*. Population genetic variation of *Calanus finmarchicus* in Icelandic waters: preliminary evidence of genetic differences between Atlantic and Arctic populations[J]. *ICES . J. Mar. Sci.*, 2000, 57 (6): 1 592-1 604.
- [50] Rocha-Olivares, Fleegeer A, Froltz J W. Decoupling of molecular and morphological evolution in deep lineages of a meiobenthic harpacticoid copepod[J]. *Mol. Biol. Evol.*, 2001, 18(6): 1 088-1 102.
- [51] 王桂忠, 李少菁. 厦门港真刺唇角水蚤不同季节种群的同工酶分析. *海洋与湖沼* 1992, 23(6) : 657-662.
- [52] 谭树华, 林元烧, 曹文清等. 黄东海中华哲水蚤种群一查的初步研究 : 等位酶分析. *厦门大学学报 (自然科学版)*, 2003, 42(1) : 87-91.

作者简介：谭树华(1972—)，男，在读博士研究生。研究方向为海洋浮游动物生理生态及甲壳动物遗传育种，已发表论文 6 篇。

## Advances in the Molecular Systematics Studies of Marine Planktonic Crustaceans

TAN Shuhua, CAO Wenqing, WANG Guizhong, LI Shaojing

(Dept. of Ocean & Inst. of Sub Ocean., Xiamen Univ., Xiamen 361005, Fujian, China)

**Abstract** : Molecular systematics of marine planktonic crustaceans started in 1970s , and isozyme was the major method before the 1990s, its contents including genetic structure and genetic differentiation. Since the early 1990s, molecular markers (RAPD, RFLP especially DNA sequences) based on DNA and mtDNA have been widely used to study four parts of the systematics (classification, population genetics, phylogenetic reconstruction and molecular evolution) of marine planktonic crustaceans. The present situation and application prospect for the study of the systematics of marine planktonic crustaceans are also presented.

**Key words** : Planktonic crustaceans; molecular systematics; advances