View metadata, citation and similar papers at core.ac.uk
brought to you by CORE
provided by Xiamen University Institutional Repository

学校编码：10384　　分类号_____密级_____
学号：200427024　　UDC _____

厦门大学

硕士　学位论文

中国东南沿海两种常见纺锤水蚤的分子系统学研究

Molecular Phylogeny of Two *Acartia* Species in China Southeast Coastal Seas

刘　迟　迟

指导教师姓名：　林元烧　教授
专　业　名　称：　海洋生物学
论文提交日期：　2007　年　9　月
论文答辩日期：　2007　年　9　月
学位授予日期：　2007　年　　月

答辩委员会主席：李少菁　教授
评阅人：唐森铭　研究员
：高亚辉　教授

2007 年 9 月

厦门大学博硕士论文摘要库

中国东南沿海两种常见纺锤水蚤的分子系统学研究
刘迟迟
指导教师：林元烧　教授
厦门大学

厦门大学学位论文原创性声明

兹呈交的学位论文，是本人在导师指导下独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考的其他个人或集体的研究成果，均在文中以明确方式标明。本人依法享有和承担由此论文产生的权利和责任。

声明人（签名）：

年　　月　　日

厦门大学博硕士论文摘要库

厦门大学学位论文著作权使用声明

本人完全了解厦门大学有关保留、使用学位论文的规定。厦门大学有权保留并向国家主管部门或其指定机构送交论文的纸质版和电子版，有权将学位论文用于非赢利目的的少量复制并允许论文进入学校图书馆被查阅，有权将学位论文的内容编入有关数据库进行检索，有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

本学位论文属于

1.保密（　），在　　年解密后适用本授权书。

2.不保密（　　）

（请在以上相应括号内打“√”）

作者签名：　　日期：　　年　　月　　日

导师签名：　　日期：　　年　　月　　日

厦门大学博硕士论文摘要库

目　录

第一章 前言……1
第一节 遗传标记技术的发展及其在桡足类研究中的应用……1
第二节 DNA 分子遗传标记在桡足类研究中的应用……4
第三节 线粒体DNA 作为桡足类遗传标记的优势……8
第三节 纺锤水蚤的研究历史和本研究的意义……9

第二章 材料与方法……11
第一节 材料来源……11
第二节 方法……12
第三节 主要仪器……17
第四节 数据处理……18

第三章 厦门港两种纺锤水蚤及其过渡型的分类地位……20
第一节 结果……20
第二节 讨论……27

第四章 福建沿海太平洋纺锤水蚤遗传多样性研究……31
第一节 结果……31
第二节 讨论……35

第五章 纺锤水蚤属的系统发生……43
第一节 福建沿海太平洋纺锤水蚤的新定义……43
第二节 纺锤水蚤属的系统发生……51

参考文献……56

附录一……62

厦门大学博硕士论文摘要库

CONTENTS

Chapter 1 Introduction ····1

Section 1 Development of genetic marker and the application of it in copepod research ····1

Section 2 Application of DNA molecular genetic marker in copepod research ····4

Section 3 Advantages of mitochondria DNA as the genetic marker of copepod ····8

Section 4 Study history of *Acartia* and the present research significance ····9

Chapter 2 Material and methods ····11

Section 1 Materials ····11

Section 2 Methods ····12

Section 3 Major instruments ····17

Section 4 Data processing ····18

Chapter 3 taxonomic status of two kinds of *Acartia* and their intermediate forms in Xiamen waters ····20

Section 1 Results ····20

Section 2 Discussion ····27

Chapter 4 Genetic diversity of Acartia in Fujian coastal waters ····31

Section 1 Results ····31

Section 2 Discussion ····35

Chapter 5 Phylogenesis of *Acartia* ····43

Section 1 Redefinition of *Acartia pacifica* in Fujian coastal waters ····43

厦门大学博硕士论文摘要库

Section 2 Phylogenesis of *Acartia* ·····51

References ·····56

Appendix 1 ·····62

厦门大学博硕士论文摘要库

摘　要

刺尾纺锤水蚤(*Acartia spinicauda* Giesbrecht 1889)和太平洋纺锤水蚤（*A.pacifica* Steuer 1915）是我国近岸、河口区的重要浮游桡足类之一，常成为海区的优势种。这两种纺锤水蚤的亲缘关系，过渡类型，系统分类地位，各地理种群的遗传差异与分化等等生物学和生态学问题依然迷惑不解。本文根据纺锤水蚤线粒体DNA COI基因片段和16S rRNA基因片段序列信息，分析了纺锤水蚤的遗传多样性，遗传结构和特点，基因流模式；探讨了两种纺锤水蚤及其过渡类型的分类地位，不同地理种群之间遗传差异以及在不同环境条件下种群分化的遗传学证据，探讨其生存策略等有关生态适应和生态进化的问题，为纺锤水蚤的种群补充、种群动力学研究以及地理分化提供科学依据。主要结果如下：

1、采用苯酚—氯仿法提取基因组DNA，以相应引物经PCR扩增得到厦门港刺尾纺锤水蚤(*A.spinicauda*)和太平洋纺锤水蚤（*A.pacifica*）线粒体DNA细胞色素氧化酶I亚基基因（mtCOI）片段，经过连接、转化、扩大培养最后测序得到658bp的有效片段。共获得15个mtCOI序列（刺尾纺锤水蚤7个个体，太平洋纺锤水蚤8个个体），其中四条序列已上传至国际基因库（Genbank，检索号：DQ665251、DQ665252、DQ665253、DQ665254）。共获得30个16S rRNA序列（刺尾纺锤水蚤17个个体，太平洋纺锤水蚤13个个体）。

2、厦门港刺尾纺锤水蚤(*A.spinicauda*)和太平洋纺锤水蚤（*A.pacifica*）的mtCOI序列(658bp)平均差异为19.13％，16S rRNA序列(209bp)平均差异为24.95％。达到了种间的水平，明确了这两种纺锤水蚤的亲缘关系。这两种纺锤水蚤在自然海区中有两种常见的过渡类型，本文利用mtCOI序列，确定了这两种过渡类型的分类地位，并对传统的形态学分类方法提出了改进。

3、九龙江口和闽江口的太平洋纺锤水蚤的mtCOI基因片段（273bp）的平均差异为1.28％，16S rRNA基因片段（214bp）的平均差异1.80％。基于mtCOI序列计算其基因流值为：Fst = 0.1306；Nm = 1.66。属于高基因流的种群。但是结合纺锤水蚤具有休眠卵的生物学特性和福建沿岸流的季节性，推测九龙江口和闽江口两海区的种群已有分化的趋势。

厦门大学博硕士论文摘要库

4、珠江口外海与台湾海峡南部的太平洋纺锤水蚤16S rRNA平均遗传距离为0.7%，卡方检验没有显著差异（P=0.2173）；它们与福建沿海太平洋纺锤水蚤的16S rRNA遗传距离达到31.6%(P=0.0277)，大于太平洋纺锤水蚤与刺尾纺锤水蚤这两个种类之间的遗传距离（24.95%）。根据珠江口-台湾海峡南部种群和福建沿海种群的基因流模式Fst = 0.9462，Nm = 0.01，提出珠江口-台湾海峡南部的太平洋纺锤水蚤与福建沿海的太平洋纺锤水蚤是生殖上完全隔离的两个地理种群，珠江口-台湾海峡南部种群很可能是纺锤水蚤属中的另外一个物种。

5、形态学、线粒体16S rRNA序列和初步的生态学等方面的证据清楚地表明：福建沿岸低盐水中的太平洋纺锤水蚤与日本Ariake湾发现的新种*A. ohtsukai*是一个种，并不是真正的*A. pacifica*。分布在中国南海北部高盐水中的太平洋纺锤水蚤才是真正的*A. pacifica*。

6、结合GenBank 数据库中纺锤水蚤属其它种类的mtCOI和16S rRNA同源序列，通过生物信息学方法对其进行序列分析和核酸变异比较，探讨了这些种类的系统发生与演化关系。

关键词：中国东南沿海；太平洋纺锤水蚤；刺尾纺锤水蚤；mtCOI；mt16S rRNA；种群遗传学；系统发生

厦门大学博硕士论文摘要库

ABSTRACT

Acartia spinicauda Giesbrecht 1889 and *Acartia pacifica* Steuer 1915 are the highly-abundant, widely-distributed, and characteristically estuarine holoplanktonic calanoid copepod in China sea, they had described from several estuaries. We have little knowledge on the significant problems as follow as the evolution relationship of these two *Acartia* species, taxonomic status of their intermediate forms, population geodiversity and differentiation. For this study, the molecular population genetic diversity of *A. spinicauda* and *A. pacifica* was described based on DNA sequence variation for mtCOI gene and mt16S rRNA gene. Based on the analysis and calculation of the mtCOI and mt16S rRNA sequences, we want to know the genetic diversity, population genetic structure, gene flow among Fujian coastal seas. The brief results are as follows

1. 7 female individuals of *A.spinicauda* and 8 *A.pacifica* female individuals' mtCOI gene fragment sequences were obtained. The length of the sequence is 658 bp. We submited 4 sequences to the Genbank (assessing number: DQ665251, DQ665252, DQ6652513, DQ665251). We also obtained 30 mt16S rRNA sequences of these two *Acartia* species (17 individuals of *A.spinicauda*, 13 individuals of *A.pacifica*).
2. The average genetic distance of *A. spinicauda* and *A. pacifica* based on the mtCOI (658bp) and mt16S rRNA (209bp) is 19.13% and 24.95%, respectively. It would be concluded that they are different species for a certainty. We also found two kinds of intermediate forms between these two species, and define their taxonomic status. As the result, we brought forward a new morphological taxonomic method to distinguish the two *Acartia* species and their intermediate forms.
3. We obtained the mtCOI and mt16S rRNA gene fragment sequences of *A.*

厦门大学博硕士论文摘要库

pacifica from Jiulong jiang estuary and Min jiang estuary, The average genetic distance is 1.28% and 1.80%, respectively. The value of *Fst*, 0.1306, was measured, and the value of *Nm*, 1.66, was estimated based on the value of *Fst*. The results revealed that *A. pacifica* from Fujian coastal waters was a population with high gene flow. There was still no population differentiation found in Fujian coastal waters by using Chi-square test and PM (permutation) test with P value > 0.05 (no signicant).

4. DNA sequences of mtCOI genes differed between individuals of *A. pacifica* from south Taiwan strait and *A. pacifica* from Fujian coastal waters and supported their designation as distinct species: 31.6% for mtCOI. The gene flow pattern between them also shows highly isolation: *Fst* = 0.9462; *Nm* = 0.01.
5. The evidence of mtCOI and mt16S rRNA sequences, morphological characteristics and ecology bring us a clearly conclusion: *A. pacifica* which is distributed in low salinity Fujian coastal waters is the same species to a new *Acartia* species which was reported from the Ariake Bay, Japan. The real *A. pacifica* of China sea is distributed in the high salinity waters of the south China sea.
6. In order to further examine the pattern of evolution and phylogeny within *Acartia*, consensus mtCOI and mt16S rRNA sequences of *Acartia* spp. were used to reconstruct phylogenetic tree.

Key word: China southeast coastal seas; *Acartia spinicauda*; *Acartia pacifica*; mtCOI; mt16S rRNA; Population Genetics; phylogeny

厦门大学博硕士论文摘要库

第一章 前言

浮游桡足类是海洋中最占优势的浮游动物，种类多，数量大，是海洋生态系统中重要的次级生产者，在生物生产过程中占据重要地位和起着重要作用。在能流与物流过程中，上行影响着渔业产量和渔业结构，下行则调控浮游植物的产量和初级生产力。在某些海域，浮游桡足类特征种、关键种往往数量大，其数量变动对浮游生物群落结构、能流途径和通量等有着举足轻重的影响。研究它们的种群动力学是了解海域资源变动规律、生态系统中生物过程及其“上行—下行”调控机理等的基础研究。由于桡足类体型较小,研究其生物多样性和直接观察其迁移过程及分布变得非常艰难,通过现有的调查只对其15%的分布进行了估计[1]。随着分子生物学的发展和新的研究手段的不断产生,人们开始运用可遗传的性状来研究物种的遗传多样性,产生了多种的遗传标记技术。将遗传分析与生态学、进化学和海洋学的研究相结合,能够改进对种群动力学参数、分布与基因流的评估技术,并较为准确地测定种群大小和繁殖率的变化以及生物多样性。其中分子遗传标记技术的快速发展为海洋桡足类的分类学、群体遗传学、系统发育和分子进化等研究提供了良好工具。

第一节 遗传标记技术的发展及其在桡足类研究中的应用

20世纪50-80年代,桡足类群体结构主要通过不同群体的个体形态特征分析,种群年龄结构以及生命周期表构建，以此分析群体结构及种群发生、补充及世代更替情况。桡足类群体结构研究已在一些专著或评述中得以阐述。毋庸置疑，自然海区中桡足类群体结构研究为种群遗传学和分子生态学的发展和深层研究奠定了基础。在遗传研究过程中,人们一直致力于寻找一些可靠的遗传标记来提高研究效率。遗传标记的种类和数量随着遗传学的发展而不断增加,经历了一个从简单到复杂、从宏观到微观、从表型到本质的发展过程。随着生物学技术的不断发展,遗传标记也在不断发展,经历了形态学、细胞学、生物化学及DNA分子标记

[1] Humes A G. How many copepods ? [J] . Hydrobiologia , 1994 , 292－293 (1) : 127.（原文未见，参阅刘光兴，2007）

厦门大学博硕士论文摘要库

等几个主要发展阶段。

1.1 形态学标记

十九世纪60年代，孟德尔对相对性状遗传规律的研究，构成了最早的遗传标记—形态学标记，奠定了近代遗传学的基础。形态学标记是与目标性状紧密连锁，表型上可识别的等位基因突变体。但是形态学标记数量少，不能随机代表生物体遗传组成，也无法确定哪种或哪些性状更为重要、更符合研究目的。每种形态标记变异小，通常只有两种变异类型。虽然观测方便易行，但是生物表型是遗传因素与环境因素相互作用的综合结果，并不能完全或真实地反映遗传变异，得到的结果往往不够完善。

1.2 细胞学标记

生物学研究进入细胞学水平后，染色体组型分析成为研究遗传多样性的重要工具。这种方法通过比较细胞分裂时期染色体的形态参数，如相对长度、着丝点指数、臂比等将每条染色体按各自特征进行区分，得到一定的染色体组型。不同生物染色体组型不同，但某些种类的核型或染色体大小并未表现出明显差别。因此，要利用差异染色，借助特殊处理，使染色体显示特定带纹，以进行更细致的染色体带型分析。根据带型和常规组型分析的指标识别染色体的异同，揭示染色体多态性。染色体多态性对于生物遗传多样性的认识非常重要，但对染色体数目相等、形态相似的物种、类群或同一群体不同个体来说，单纯用染色体多态性来进行遗传学研究是不够的。1980年以来，国外学者便开展了对桡足类染色体的研究，不仅对桡足类染色体数目进行了研究，而且从遗传学的角度解决了许多形态分类及生态方面的难题。如Lazzaretto（1985）曾经对Kerguelen海区猛水蚤目虎斑猛水蚤(*Tigriopus*) 的2个地理种群进行了染色体分析，其染色数目和组型均不相同，因此被认为是2个不同的种。我国在桡足类染色体研究方面起步较晚，从1994 年才开始出现关于桡足类染色体研究的报道。曹文清等（1994）对刺尾纺锤水蚤(*Acartia spinicauda*)、太平洋纺锤水蚤(*Acartia pacifica*)、火腿许水蚤(*Schmackeria poplesia*)染色体数目和形态作了初步分析，发现刺尾纺锤水蚤和太平洋纺锤水蚤的二倍染色体数目均为2n=20，且均为中部和亚中部着丝点染色体，并初步认为二者应属于同一种的不同种群。林元烧等（2000）对厦门港

厦门大学博硕士论文摘要库

中华哲水蚤(*Calanus sinicus*)中期染色体形态作了分析研究，并对其不同世代和不同地理种群的染色体进行了比较，发现染色体数目频率分布并没有统计学上的差异。毛连菊等（2002）对挪威小毛猛水蚤(*Microsetella norvegica*)和硬鳞暴猛水蚤(*Clytemnestra scutellate*)染色体的数目和组型进行了初步观察和分析。

1.3 生物化学标记

二十世纪60年代中期，同工酶电泳技术问世，并在随后的20多年时间内成为研究群体遗传变异和群体间遗传分化、系统发育的主要手段。同工酶电泳是比较不同物种间基因表达产物异同的一种重要技术，其共显性标记可以揭示基因序列和功能差异。同工酶标记已经被广泛应用于建立遗传图谱、种群分析、资源评价等的研究中。但同工酶分析仍存在其内在的局限性：同工酶是基因表达产物而不是基因本身，因此在翻译后可能会被修饰，且其活性受环境及发生状态的影响；只能分析编码可溶性酶的基因和检测可导致产物分子静电荷改变的氨基酸组成性变异。将同工酶技术应用于桡足类的研究始于二十世纪70年代末,许多研究表明，同工酶在海洋桡足类中也是高度可变的（Sevigny,1989; Bucklin,1989; Bucklin,1991)，因而可藉以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)进行更有效的定位。Burton（1979；1981）对美国加州沿岸的加利福尼亚虎斑猛水蚤(*Tigriopus californicus*)的系列研究与Battaglia（1978)，Bisol（1976）对猛水蚤属的研究结果都显示了环境变化与种群遗传差异有密切的联系。Bucklin *et al.*（1985）以4种酶5个位点分析了美国西海岸夏眠唇角水蚤(*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。Kann *et al.*（1996）对缅因湾飞马哲水蚤(*Calanus finmarchicus*)的种群结构进行了研究，以等位酶分析其遗传相似性,结果同线粒体DNA(mtDNA)的16S rRNA和CytB基因的RFLP结果基本一致。我国对海洋桡足类同工酶研究较国外起步晚。王桂忠等（1992）通过对不同季节的真刺唇角水蚤种群进行了同工酶分析,以探明这些季节个体产生变异的生化基础。曹文清等（2002）对中华哲水蚤不同地理种群苹果酸脱氢酶进行了分析,发现台湾海峡与黄海东南部地理种群的一些同工酶位点存在明显差异,这些基因型的差异可能是其对所处的不同生态环境产生适应能力

厦门大学博硕士论文摘要库

所引起的。谭树华等（2003；2004）通过对黄、东海的中华哲水蚤与精致真刺水蚤几种同工酶多态性位点进行分析,研究了其种群分化。

1.4 DNA 分子水平标记

随着分子生物学和分子克隆技术的发展,分析遗传物质DNA在不同生物个体的差异来鉴别生物的新技术被提出与应用。遗传标记概念的发展建立在核酸分子水平上存在具有相对差异的等位基因的基础上。他们广泛存在于高等生物DNA编码区及非编码区,因此被称为DNA分子标记。与前3种标记(形态、细胞、生化标记)不同,DNA分子标记是DNA水平上遗传变异的直接反应。近10年来,DNA分子标记的研究和应用飞速发展,一系列DNA分子标记系统相继形成。与其他3种遗传标记相比,DNA分子标记具有下列优越性：直接以DNA形式表现,不受发育时期、季节、环境限制；数量多,遍及整个基因组；多态性高,自然界存在许多等位变异；样品需求量少；很多分子标记表现为共显性，能鉴别出纯合基因型和杂合基因型，能提供完整的遗传信息。DNA分子标记技术目前已出现了几十种，新的分子标记还会不断涌现，常用的分子标记方法包括：限制性片段长度多态性(Restriction Fragment Length Polymorphism，简称RFLP)，随机扩增多态性(Random Amplified Polymorphic DNA,简称RAPD)，扩增片段长度多态性(Amplified Fragment Length Polymorphism,简称AFLP)，简单重复序列(Simple Sequence Repeats，简称SSR)，简单序列重复区间扩增多态性(Inter-Simple Sequence Repeats，简称ISSR)，单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphism，简称SNP)等。

第二节 DNA 分子遗传标记在桡足类研究中的应用

2.1 分类学研究

桡足类是浮游动物的重要组成部分，不但种类多、数量大，并且分布广，遍及世界各大海洋。为了研究桡足类的种类组成、数量变动以及时空分布，首先必须正确鉴定种类，从而获得准确可靠的资料。分子分类学诞生以前，桡足类几乎完全依靠外部形态特征、并参考其地理分布和季节分布等生态特征作为分类的依据。然而海洋桡足类一些种属形态标记少、近缘种和同属种同域分布普遍存在，

厦门大学博硕士论文摘要库

但遗传特征却非常不同，这给以形态和生理特征为主的分类鉴定研究带来了较大困难。并且，浮游动物群落中，繁殖盛期桡足类幼体占组成的绝对优势，但是由于其形态难以鉴定，也对种类鉴定造成很大困难。分子分类学从遗传物质DNA水平上进行研究，为桡足类的种类鉴定提供了有效的研究方法。例如，长期以来，长腹水蚤属(*Metridia*)以形态标准分为2个种，如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来区分,但存在争议。Bucklin等（1995）对其线粒体DNA(mtDNA)的16S rRNA基因测序表明：*Metridia lucens*和*Metridia pacifica*的序列差异为13%,达到种间差异的水平,从分子水平上支持形态分类标准，将*M. lucens*和*M. pacifica*定为两个种，解决了长期的争议。Bucklin等（1999）以通用引物对线粒体DNA的细胞色素氧化酶I亚基(mtCOI)基因扩增产物测序，对哲水蚤目3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,进行多元种类特异性聚合酶链式反应(SS-PCR，Multiplexed species-specific polymerase chain reaction)，可对3种哲水蚤进行快速鉴定。之后又利用mtCOI基因片段序列对哲水蚤10个属34个种进行了序列分析，结果发现种内差异(1%～4%)明显小于种间差异(9%～25%)（Bucklin,2003）。Lindeque等(1999)建立了另一种快速、低成本的鉴定4种哲水蚤(*C. finmarchicus*，*C. glacialis*，*C. helgolandicus*，*C. hyperboreus*)的方法，据16S rRNA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。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。在大量种类的mtDNA基因序列被测定和建立其基因序列库的基础上，可进行种类鉴定和进化关系研究。如Sundt等(1998)以16S rRNA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。

2.2 遗传多样性与群体遗传学研究

分子遗传标记在揭示物种的遗传多样性方面发挥着重大的作用,如果没有这类标记技术,就无法很好地在分子水平上研究遗传多样性问题。mtDNA的分子数据能够通过调查桡足类的群体遗传多样性水平,进而推测物种形成过程中的进化历

厦门大学博硕士论文摘要库

史、地理隔离、遗传分化的原因。分子遗传标记技术在国内已经成功运用于多种生物群体遗传多样性研究（汪永庆等，2002；张全启等，2004；朱新平等，2005；杜合军等，2006),在桡足类遗传多样性研究方面主要集中在国外。Bucklin等（1998）对近北极的飞马哲水蚤(*C. finmarchicus*)和小哲水蚤(*Nannocalanus minor*)的16S rRNA基因序列测定表明，*C. finmarchicus*的遗传多样性较低,其单倍型多样性h值为0.368,核苷酸多样性指数Pi仅为0.0037，2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。然而，mtDNA数据产生大量相同和单一单倍型时,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。海洋桡足类群体遗传结构及其分化是一项重要内容,也是目前较薄弱的环节。mtDNA的分子标记和序列测定均可准确反映群体的遗传状况,并对基因流模式、有效群体大小、补充机制和环境影响等做出分析。Bucklin等（1994）以mtDNA 16S rRNA基因序列数据分析2个地理种群(*Calanus pacificus oceanicus* 和*Calanus pacificus 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%，从而提供了*C. pacificus*存在亚种分化的分子证据。Caudill等（2004）分析了西北太平洋沿岸4个河口的汤氏纺锤水蚤(*Acartia tonsa*)mtDNA 16S rRNA基因片段序列，发现该4个地理种群具有明显的遗传差异和地理隔离,并推测这种现象是由于历史上的气候变化和河口与沿岸环境变异引起的。Harrison等（2004）通过对加利福尼亚虎斑猛水蚤(*T.californicus*)2个分支种群的mtDNA细胞色素氧化酶I亚基的11个微卫星位点进行分析，发现二者遗传距离达到18%。另外，核DNA中的rDNA基因序列间隔区(ITS21，ITS22)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。Rocha-Olivares等（2001）以5.8S rRNA基因、ITS21和ITS22研究了猛水蚤(*Cletocamptus deitersi*)的地理种群分化,认为至少存在4个种。Bucklin等（2000）利用核DNA的Pseudo-COI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)分析研究了冰岛水域飞马哲水蚤(*C.finmarchicus*)的遗传分化,认为这2个基因对于该种的地理隔离研究是有用的标记。

厦门大学博硕士论文摘要库

Degree papers are in the “Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database”. Full texts are available in the following ways:
1. If your library is a CALIS member libraries, please log on http://etd.calis.edu.cn/ and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to etd@xmu.edu.cn for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库