

# *Phaeocystis globosa* 与 *Phaeocystis antarctica* 叶绿体 *psbA* 基因的比较

杨泽民<sup>1</sup>, 章群<sup>1</sup>, 谢数涛<sup>1</sup>, 韩博平<sup>1</sup>, 吕颂辉<sup>1</sup>, Hodgkiss<sup>2</sup>

(1. 暨南大学水生生物研究所, 广东广州 510632; 2. 香港大学生物多样性系, 香港 999077)

**摘要** 测定了 2 株球形棕囊藻 *Phaeocystis globosa* P1、P2 的 *psbA* 基因序列, 发现得到的 2 个序列完全相同。以 P2 序列对比分析了 *P. globosa* 和 *P. antarctica* 的 *psbA* 基因在 DNA 序列、氨基酸序列和 RNA 二级结构上的差异性, 发现 2 种棕囊藻 *psbA* 基因 DNA 序列和氨基酸序列非常保守, 无插入/缺失, 其核苷酸和氨基酸变异率分别为 1.88% 和 1.13%。与核基因核苷酸的碱基替换不同, *psbA* 基因核苷酸的碱基替换主要发生在密码子的第 1 位上, 且不引起氨基酸的变化, 引起氨基酸变化的碱基替换都发生在密码子的第 2 位和第 3 位上。在 RNA 二级结构上两序列的 1~4 茎环结构完全相同, 表现出明显的棕囊藻属的特异性, 其它结构区域差异较大, 种间差异表现明显。由于 *psbA* 基因 DNA 序列和氨基酸序列非常保守, 可能不适宜棕囊藻属的系统发育分析。但其 RNA 二级结构可能对于棕囊藻的分子分类有一定的参考价值。

**关键词** : *Phaeocystis globosa* ; *P. antarctica* ; *psbA* DNA 序列 ; 氨基酸序列 ; RNA 二级结构

中图分类号 : Q943 文献标识码 : A 文章编号 : 1000-3096(2005)01-0024-05

棕囊藻 (*Phaeocystis*) 隶属定鞭金藻纲 (Prymnesiophyte 或 Haptophytes), 能爆发性增殖形成赤潮, 对海洋水产业、海洋生态环境和自然景观造成严重的破坏。1997 年 10 月至 1998 年 2 月中国东南沿海首次爆发大规模棕囊藻赤潮; 1999 年 7 月在饶平、南澳等海域再次爆发棕囊藻赤潮<sup>[1-4]</sup>。近年来棕囊藻爆发赤潮的频率有加快的趋势, 仅在 2003 年的 8 月、12 月就相继在饶平和珠海发生 2 次赤潮, 给我国沿海养殖业造成严重的危害。

棕囊藻由于具有复杂的异型生活史, 且形体微小、地理差异显著, 缺少可靠而有效的鉴别特征, 种类鉴定困难。目前, 把棕囊藻分为 6 类: *Phaeocystis pouchetii*、*P. globosa*、*P. antarctica*、*P. cordata*、*P. scrobiculata*、*P. jahnii*<sup>[5]</sup>, 并且新的命名还在不断出现。由于棕囊藻分类的混乱, 严重影响了信息和情报交流, 给赤潮的预测和相关研究带来了困难。

分子生物学技术的发展, 使 DNA 分子成为区分不同物种类群的有效手段。目前应用棕囊藻分子分类的 DNA 序列有 ITS、18S rRNA、28S rRNA、5.8S rRNA、

*rbcl*、*psbB* 等, 但都不是很理想。目前, 对 *psbA* 基因的研究较少, Hwan 等<sup>[6]</sup>曾在 *psbA* 基因的系统发育研究中对 *P. antarctica* 有过研究, 但有关 *P. globosa psbA* 基因的研究还未见报道, 国内对 *psbA* 基因的研究也主要在高等生物上<sup>[7-9]</sup>。*psbA* 基因是编码 ps II 光反应中心 D1 (32ku) 蛋白的基因, D1 蛋白是质体醌结合蛋白, 能作为 ps II 第 2 个稳定的电子受体参与光诱导的电子传递。

作者报道了 2 株 *P. globosa* P1、P2 的 *psbA* 基因序列, 并将其与 *P. antarctica* 的 *psbA* 基因序列进行了比较, 以期能够为棕囊藻的分子分类研究提供一定的理论依据。

收稿日期: 2004-03-18; 修回日期: 2004-07-10

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (40106014) 和广东省自然科学基金资助项目 (000760)

作者简介: 杨泽民 (1979-), 男, 湖南祁阳人, 硕士, 现从事分子生态学研究, E-mail: yzm3102001@163.net; 章群, 通讯作者, E-mail: tqzhang@jnu.edu.cn

# 1 材料与方法

## 1.1 藻种来源

2 株球形棕囊藻 P1、P2 藻种由香港大学生物多样性系藻种室提供, 采自香港将军澳水域的不同点。

## 1.2 DNA 的提取

取少量藻液加入 300  $\mu$ L CTAB 和 1% 的蛋白酶 K, 40~50 $^{\circ}$ C 水浴 3 h, 加入等体积的氯仿与异戊醇 (24:1) 抽提 2 次, 在上清液中加入 5  $\mu$ L 的玻璃粉, 静置 15~30 min, 加 3 倍体积的 Ultra-Sep<sup>TM</sup> Binding Buffer (Ultra-Sep Gel Extraction Kit-Omega), 摇均放置 15~30 min, 10 000 r/min 离心 3 min 沉淀 DNA, 沉淀用 DNA Wash Buffer (Ultra-Sep Gel Extraction Kit-Omega) 500  $\mu$ L 冲洗 2 次, 室温晾干, 加 40  $\mu$ L 1 $\times$ AE 溶解 1 h 以上, 离心去沉淀, DNA -20 $^{\circ}$ C 保存, 备用。

## 1.3 *psbA* 基因的扩增

PCR 扩增的引物为 *psbA1*: 5' - cacttcaactgagaaca-gactatatacgtgttg - 3'; *psbA843*: 5' - cgaccttgaagaatcaacacagactggtg - 3'。PCR 反应在 UNO II Biometra (Biometra 德国) 仪上进行, 20  $\mu$ L 反应体积中含 10 $\times$  Ex Taq Buffer (Takara) 2.0  $\mu$ L, dNTP (Takara) 1.5  $\mu$ L, 引物为 0.8  $\mu$ mol/L, DMSO 1.5  $\mu$ L, Ex Taq polymerase (Takara) 0.4U, 1  $\mu$ L 模板 DNA, 其余用灭菌水补足。反应条件为: 95 $^{\circ}$ C 变性 4 min, 然后 95 $^{\circ}$ C 30 s, 58 $^{\circ}$ C 45 s, 72 $^{\circ}$ C 1 min 29 个循环, 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。PCR 扩增产物用 1% 的琼脂糖凝胶电泳, EB 染色, 在 2F-90 型暗箱式紫外透射仪下检测。

## 1.4 序列测定

以 PCR 产物直接测序, 序列测序引物为 *psbA1* 和 *psbA843*。序列测定在上海博亚公司 PE ABI PRISM 377 DNA 自动测序仪上进行。

## 1.5 数据分析

用 Clustal X 软件对 DNA 序列进行排列, 将获得的序列用 DNASTAR 软件包处理。

# 2 结果与讨论

## 2.1 *psbA* 基因比较

### 2.1.1 DNA 序列比较

本实验测得 2 株球形棕囊藻 P1、P2 的 *psbA* 基因序列, 由于用的是 PCR 产物直接测序的方法, 得到的 2 个序列长度有所差异, 但从获得的序列来看, 2 个序列完全相同, 无任何碱基替换, 其中 P1 序列 702 bp, P2 序列 796 bp, 这说明同为香港海域不同地理环境中分离出的 2 株球形棕囊藻 P1、P2 的 *psbA* 基因序列非常保守, 由此, 作者主要以 P2 的序列进行分析。

将 P2 的序列输入 GenBank 中, BLAST 检索后, 获得源性最高的 *P. antarctica psbA* 基因序列 (AY119756), 把它们的序列用 Clustal X 软件比对后得到 796 bp 的有效可比序列, 其结果如图 1。由图可知, 2 种棕囊藻 *psbA* 基因序列间无插入/缺失; P2 与 *P. antarctica* 的序列差异不明显, 其核苷酸差异数为 14, 核苷酸差异率为 1.88%, 其中 8 个位点为转换 (C-T 转换 5 个, A-G 转换 3 个), 6 个位点为颠换 (A-T 颠换 4 个, G-T 颠换 1 个, A-C 颠换 1 个)。

```

P2      AATGTTCCCTACTCTACTTACAGCTATTTTCAGTTTATATTATGCTTTTATCGCTGCACC
P. antarctica
AATGTTCCCTACTCTACTTACAGCTATTTTCAGTTTALATTATGCTTTTATCGCTGCACC
*****

P2      TCCAGTAGATATCGATGGTATCCGTGAGCCAGTTGCTGGTCTCTACTTTACGGAAACAA
P. antarctica
TCCAGTAGATATCGATGGTATCCGTGAGCCAGTTGCTGGTCTCTACTTTACGGAAACAA
*****

P2      CATCATCTCTGGTG CAGTAGTACCAAGCTCTAACGCTATCGGTGTTCACTTCTACCCAAT
P. antarctica
CATCATCTCTGGTG CAGTAGTACCAAGCTCTAACGCTATCGGTGTTCACTTCTACCCAAT
*****

P2      TTGGGAAGCTGCTTCAATCGATGAGTGTATACAACGGTGGTCTTACCAACTAGTTGG
P. antarctica
TTGGGAAGCTGCTTCAATCGACGAATGTTATACAACGGTGGTCTTACCAACTAGTTGT
*****

P2      ACACCCTTCTTCAT TGGTGTATGTGCTTACATCGGTCGTGAGTGGAACCTTCTTACCG
P. antarctica
AT TCCACTTCTTCAT TGGTGTATGTGCTTACATCGGTCGTGAGTGGAACCTTCTTACCG
*****

P2      TC TAGGTATGCGTCCATGGATCTGTGTTGCTTCTCAGCTCCAGTAGCTGCTGCAGCTGC
P. antarctica
TC TAGGTATGCGTCCATGGATCTGTGTTGCTTCTCAGCTCCAGTAGCTGCAGCTGC
*****

P2      AG TATTCAT CATCTACCCAATCGGTCAAGGTTTCATTCTCTGATGGTATGCCTTAGGTAT
P. antarctica
AG TATTCGTAATCTACCCAATCGGTCAAGGTTTCATTCTCTGATGGTATGCCTTAGGTAT
*****
    
```

```

P2      CTCTGGTACTTTCAACTTCATGCTTGTATTCCAAGCTGAGCACAACATCCTAATGCACCC
P. antarctica CTCTGGTACTTTCAACTTCATGCTTGTATTCCAAGCTGAGCACAACATCCTAATGCACCC
*****
P2      ATTCCACATGCTAGGTGTTGCTGGTGTATTGGTGGTTCATTATTTCTGCTATGCACGG
P. antarctica ATTCCACATGCTAGGTGTTGCTGGTGTATTGGTGGTTCATTATTTCTGCTATGCACGG
*****
P2      TTCATTAGTAACTTCATCTCTAATCCGTGAGACTACAGAGAACGAGTCAGCTAACTACGG
P. antarctica TTCATTAGTAACTTCATCTCTAATCCGTGAGACTACAGAGAACGAATCAGCTAACTACGG
*****
P2      TTACAAGTTCGGTCAAGAAGAAGAGACTTACAACATCGTTGCAGCTCACGGTTACTTTGG
P. antarctica TTACAAGTTCGGTCAAGAAGAAGAGACTTACAACATCGTTGCAGCTCACGGTTACTTTGG
*****
P2      TCGTCTAATCTTCCAATACGCTTCATTCACAACCTCTCGTGCACTTACCTTCTTCTAGG
P. antarctica TCGTCTAATCTTCCAATATGCTTCATTCACAACCTCTCGTGCACTTACCTTCTTCTAGG
*****
P2      TGCATGGCCAGTAGTTGGTATCTGGTTCACAGCTATGGGTGTTGCTACTATGGCATTCAA
P. antarctica TGCATGGCCAGTAGTTGGTATTTGGTTCACAGCTATGGGTGTTGCTACTATGGCATTCAA
*****
P2      CCTAAACGGTTTCAA
P. antarctica CCTAAACGGTTTCAA
*****
    
```

图 1 P2 与 *P. antarctica* *psbA* 基因序列对比

Fig. 1 *psbA* gene sequences alignment of P2 and *P. antarctica*

“\*”表示两序列碱基相同,空格表示有差异

“\*” indicate nucleotide identity and spaces indicate difference

应用 DNAsar 软件包,分别统计两序列的碱基,结果显示,P2的碱基含量为:A(180) 22.6%、C(192) 24.2%、G(162) 20.4%、T(261) 32.8%,A+T含量为55.4%,C+G含量为44.6%;*P. antarctica*的碱基含量为:A(180) 22.6%、C(190) 23.9%、G(160) 20.1%、T(265) 33.3%,A+T含量为55.9%,C+G含量为44.1%。从2株棕囊藻的碱基含量可知,其A的含量相同都为(180) 22.6%,并且两者A+T含量与C+G含量差异不大,但A、T含量都明显高于G、C含量,有大量实验证明线粒体中基因碱基A、T含量高于G、C

含量<sup>[10-11]</sup>,本实验显示叶绿体中*psbA*基因的碱基含量也具有类似的特点,是否非核基因组DNA都具有这样的特性还需进一步的研究证明。

### 2.1.2 氨基酸序列比较

通过 DNAsar 的开放阅读框(ORF)分析,发现所测序列只有一个ORF,从序列位点2起始密码子ATG开始,选用标准密码子表将两者*psbA*基因DNA序列翻译为氨基酸序列,并将其用Clustal X比对,其结果见图2。

```

P2      MFP TLLT AIS VYII AFIA A P V D I D G I R E P V A G S L L Y G N N I S G A V V P S S N A I G V H F Y P I
P. antarctica MFP TLLT AIS VYII AFIA A P V D I D G I R E P V A G S L L Y G N N H S G A V V P S S N A I G V H F Y P I
*****
P2      W E A A S I D E W L Y N G G P Y Q L V G H H F F I G V C A Y I G R E W E L S Y R L G M R P W I C V A F S A P V A A A A A
P. antarctica W E A A S I D E W L Y N G G P Y Q L V V F H F F I G V C A Y I G R E W E L S Y R L G M R P W I C V A F S A P V A A A A A
*****
P2      V F I I P I G Q G S F S D G M P L G I S G T F N F M L V F Q A E H N I L M H P F H M L G V A G V F G G S L F S A M H G
P. antarctica V F V I P I G Q G S F S D G M P L G I S G T F N F M L V F Q A E H N I L M H P F H M L G V A G V F G G S L F S A M H G
* : *****
P2      S L V T S S L I R E T T E N E S A N Y G Y K F G Q E E E T Y N I V A A H G Y F G R L F Q Y A S F N N S R A L H F F L G
P. antarctica S L V T S S L I R E T T E N E S A N Y G Y K F G Q E E E T Y N I V A A H G Y F G R L F Q Y A S F N N S R A L H F F L G
*****
P2      A W P V V G I W F T A M G V A T M A F N L N G F
P. antarctica A W P V V G I W F T A M G V A T M A F N L N G F
*****
    
```

图 2 P2 与 *P. antarctica* *psbA* 基因扩增片段编码的肽链氨基酸序列对比

Fig. 2 Alignment of amino acid sequence coded by the amplified *psbA* gene fragment of P2 and *P. antarctica*

“\*”表示两序列氨基酸相同;“.”表示有差异;“:”表示有较大差异

“\*” indicate amino acid identity, “.” indicate difference and “:” indicate bigger difference

从肽链氨基酸序列比对结果可以看出, P2 与 *P. antarctica* (AAM62064) 的 265 个氨基酸序列中只有 3 个发生了变化, 其氨基酸变异率为 1.13%, 在 14 个碱基替换中, 有 9 个碱基替换发生在密码子的第 1 位上, 且其编码氨基酸大部分为非极性氨基酸, 但这些氨基酸并没有因密码子的改变而改变, 这与蟹 COI 基因序列替换位点发生在密码子第 3 位上的报道不同, 在引起两者氨基酸改变的 3 个氨基酸序列位点中, 其碱基替换主要发生在密码子的第 2 位和第 3 位上, 其中氨基酸序列位点 80 是密码子第 3 位上的 G 替换成了 T, 导致其氨基酸也由 G 变成了 V, 位点 81 是密码子的第 2 位 (C - T) 与第 3 位 (A - T) 碱基共同改变引起的, 而位点 124 的碱基替换发生在密码子的第 2 位上 (A - G), 而且位点 80 (G - V) 和位点 81 (H - F) 都是极性氨基酸和非极性氨基酸之间的转换, 其变异较大, 很可能对 P2 与 *P. antarctica* D1 蛋白结构有较大

的影响, 而位点 124 (I - V) 是非极性氨基酸之间的变化, 它们的不同可能对 D1 蛋白的结构差异影响相对较少。

由以上分析可以看出, D1 蛋白的氨基酸序列比 DNA 序列更加保守, 这也进一步证明了功能基因序列保守性在其进化上的重要性, 同时, 也可以看出, 棕囊藻 *psbA* 基因因其 DNA 序列和氨基酸序列非常保守, 不太适用于种间及种内的系统发育分析, 难以将 *P. globosa*, *P. antarctica* 等很好地区分开来, Hwan 等<sup>[6]</sup>对 *P. antarctica* 序列的测定也只是用于属上水平的系统发育分析。

### 2.2 棕囊藻 *psbA* 基因 RNA 二级结构的分析

应用 DNASTar 软件包, 将获得的基因序列折叠成 RNA 二级结构, 发现 2 株球形棕囊藻 P1、P2 的 RNA 二级结构也完全相同, P2 和 *P. antarctica* 的结构如图 3。

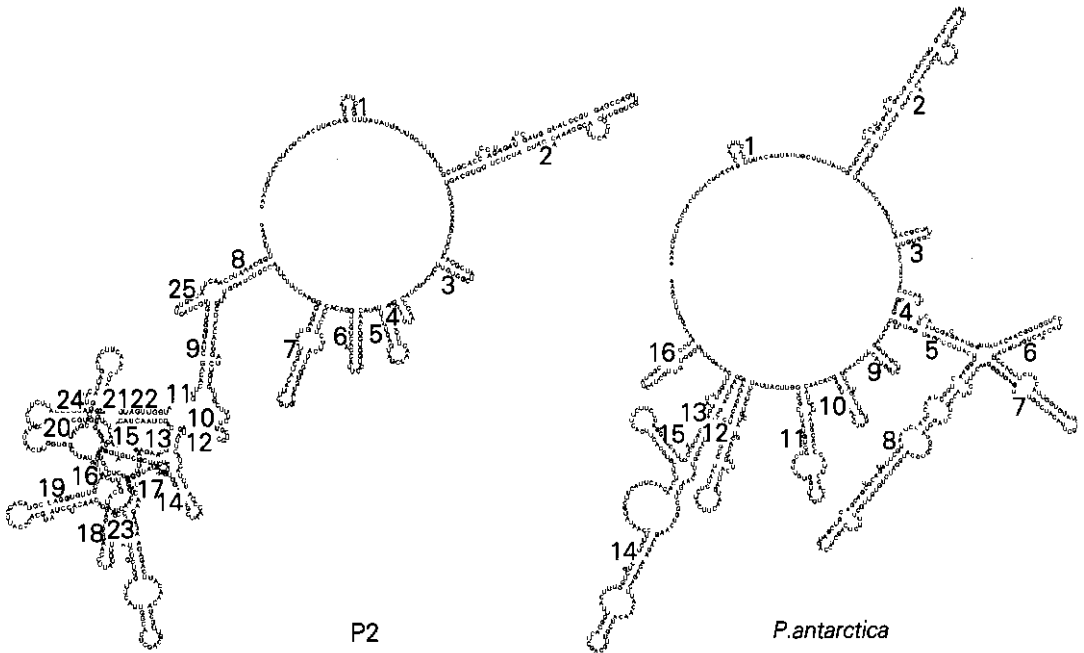


图 3 P2 和 *P. antarctica psbA* 基因 RNA 二级结构

Fig.3 The RNA secondary structure of P2 and *P. antarctica psbA* gene

由图 3 可知, P2 (*P. globosa*) 与 *P. antarctica* 的 1~4 茎环结构完全相同。从 GenBank 中选取了与棕囊藻亲源关系最近且同源性仅次于 *P. antarctica* 的同属定鞭金藻纲的等鞭金藻属的 *Emiliania huxleyi* 和 *Isochrysis* sp. SAG 927-2 进行 RNA 二级结构的分析,

发现它们的 1~4 茎环结构也完全相同, 与棕囊藻的结构也非常类似, 惟一不同的是他们在 2 茎环结构和 3 茎环结构之间靠近 2 处多了一个茎环。结果表明, 1~4 茎环结构可能是棕囊藻属 RNA 二级结构中固有的结构, 具有属的特异性, 与亲源关系最近的等鞭金

藻属也表现出一定的差异。因此, 1~4 茎环结构可能可作为棕囊藻属分子鉴定的探针设计区域, 在分子分类中也有较好的参考价值。

从 5 茎环结构区开始, 两者出现了明显的差异, 这也显示了不同种、不同地理环境下的棕囊藻, 其 RNA 二级结构也表现出明显的差异性, 这与王见杨<sup>[13]</sup>、Irina<sup>[14]</sup>等报道的其他生物具有类似的结果。*P. antarctica* 的 5 茎环结构开始变得复杂, 由一个茎环折叠成了 4 个, 而 P2 则较简单; 但是 P2 从 9 茎环结构开始变得复杂, 由一个茎环分支成一个复杂的茎环网 (10-24 茎环结构) 而 *P. antarctica* 则分支成 4 个独立的茎环结构环。棕囊藻 *psbA* 基因在 DNA 序列和氨基酸序列上的保守性, 在 RNA 二级结构上也表现明显, 差异性也有很好的反映, 因此, RNA 二级结构在棕囊藻的分子分类上, 具有一定的参考意义。

相对于 DNA 序列和氨基酸序列, RNA 二级结构含有更多的生物结构信息, 并且与蛋白基因的表达有着密切的联系, 柳维波<sup>[15]</sup>等对比分析了 7 种不同抗冷性植物 GPAT 酶基因序列的 mRNA 二级结构, 发现对蛋白质分子空间构象有重要影响的脯氨酸密码子在这些对应的 mRNA 二级结构中具有特殊的分布规律。Billoud 等<sup>[16]</sup>和 Ouvrard 等<sup>[17]</sup>结合传统分类学与分子系统学的研究分别以“molecular morphometrics”和“morphomolecular”的术语提出了分子形态的概念。他们利用结构生物学的研究成果, 将核酸和蛋白质分子高级结构中的某些信息作为“形态”信息来看待, 并且利用传统分类中的方法来进行分析研究<sup>[18]</sup>。作者对 *psbA* 基因的 RNA 二级结构进行了分析, 利用 Billoud 和 Ouvrard 的分子形态理论为棕囊藻的分子分类提供了相关的“形态”信息。

参考文献:

- [1] 王朝晖, 吕颂辉, 陈菊芳, 等. 广东沿海几种赤潮生物的分类研究[J]. 武汉植物学研究, 1998, 16(4): 310-314.
- [2] 何家苑, 施之新, 张银华, 等. 一种棕囊藻赤潮的形态特征与毒株分析[J]. 海洋与湖沼, 1999, 30(2): 172-179.
- [3] 陈菊芳, 徐宁, 吕颂辉, 等. 中国赤潮新记录种——球形棕囊藻 (*Phaeocystis globosa*) [J]. 暨南大学学报, 1999, 20(3): 124-126.
- [4] 黄长江, 董巧香, 郑磊. 1997 年底中国东南沿海大规模赤潮原因生物的形态分类与生态学特征 [J]. 海洋与湖沼, 1999, 30(6): 581-590.
- [5] 陈丽芬, 章群, 许忠能, 等. 棕囊藻属的分类现状 [J]. 生态科学, 2003, 22(1): 93-94.
- [6] Hwan S Y, Jeremiah D H, Debashish B. A single origin of the peridinin- and fucoxanthin-containing plastids in dinoflagellates through tertiary endosymbiosis[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2002, 99(18): 11 724-11 729.
- [7] 俞新大, 于玲, 岳强, 等. 小麦叶绿体 *psbA* 基因的克隆及表达[J]. 南开大学学报, 1995, 28(3): 110-112.
- [8] 吴乃虎, 方晓华, 施晓梅, 等. 高粱叶绿体 *psbA* 基因的结构特征及其 5' - 非编码区的调控效应 [J]. 中国科学 (C 辑), 1999, 29(4): 397-406.
- [9] 岳强. 小麦叶绿体 DNA 的提取与 *psbA* 基因的扩增 [J]. 韶关大学学报, 1994, 15(2): 92-95.
- [10] 孔晓瑜, 喻子牛, 刘亚军, 等. 中华绒螯蟹与日本绒螯蟹线粒体 COI 基因片段的序列比较研究 [J]. 青岛海洋大学学报, 2001, 31(6): 861-866.
- [11] Howland D E, Hewitt G M. Phylogeny of the mitochondrial cytochrome oxidase I sequence data [J]. *Insect Mol Biol*, 1995, 41: 749-759.
- [12] Spicer G S. Phylogenetic utility of the mitochondrial cytochrome oxidase gene: molecular evolution of the *Drosophila buzzatii* species complex [J]. *J Mol Evol*, 1995, 41(6): 749-59.
- [13] 王见杨, 黄可威, 陆长德. 家蚕微粒子病原体 (*Nosema bombycis*) 小亚基核糖体 RNA 全基因的克隆及其二级结构的构建 [J]. 昆虫学报, 2002, 45(3): 290-295.
- [14] Irina A M, Vladimir V A, Kirill A M. The unusually long small subunit ribosomal RNA gene found in amitochondriate amoeboid flagellate *Pelomyxa palustris*: its rRNA predicted secondary structure and phylogenetic implication [J]. *Gene*, 2001, 272: 131-139.
- [15] 柳维波, 曹槐, 刘世熙, 等. 7 种不同抗冷性植物甘油-3-磷酸转酰酶 mRNA 二级结构研究 [J]. 云南植物研究, 2002, 24(4): 463-470.
- [16] Billoud B, Guerrucci M A, Masselot M, et al. Cirripede phylogeny using a novel approach: molecular morphometrics [J]. *Mol Biol Evol*, 2000, 17: 1 435-1 445.
- [17] Ouvrard D, Campbell B C, Bourgoin T, et al. 18S rDNA secondary structure and phylogenetic position of Peloridae (Insecta, Hemiptera) [J]. *Mol Phyl Evol*, 2000, 16: 403-417.
- [18] 谢强, 卜文俊. RNA 二级结构在动物分子系统学研究中的应用 [J]. 动物分类学报, 2003, 28(4): 557-562.

(下转第 80 页)

## Comparative study of chloroplast *psbA* gene between *Phaeocystis globosa* and *P. antarctica*

YANG Ze - min<sup>1</sup>, ZHANG Qun<sup>1</sup>, XIE Shu - tao<sup>1</sup>, HAN Bo - ping<sup>1</sup>, Lü Song - hui<sup>1</sup>, Hodgkiss<sup>2</sup>

(1. Institute of Hydrobiology, Jinan University, Guangzhou 510632, China; 2. Department of Biology Diversity, Hongkong University, Hongkong)

**Received:** Mar., 18, 2004

**Key words:** *Phaeocystis globosa*; *P. antarctica*; *psbA* DNA sequence; amino acid sequence; secondary structure of RNA

**Abstract :** In this paper, the *psbA* gene sequences of P1 and P2 in *Phaeocystis globosa* were determined. Their DNA sequences are identical. The *psbA* gene sequences of *p. globosa* P2 and *P. antarctica* were compared in DNA sequence, amino acid sequence and RNA secondary structure. The results show that the *psbA* gene in DNA sequence and amino acid sequence is conservative. No insertion/deletion was found. The corresponding nucleotide dissimilarity of the two sequences is only 1.88%, and the amino acid is 1.13%. The substitution of base occurs mainly in the first base of codon and these amino acids encoded by these codons are not change. These base substitutions resulting in amino acids changing occur in the second and third base of codon. In RNA secondary structure, the 1~4 structures of stem and hairpin loop are in identity and generically conservative. Other stems or hairpin loops are obviously different, showing interspecific differences. In overall, since the DNA sequence and amino acid sequence of *psbA* gene are extremely conservative, the *psbA* gene may not be adaptable to phylogenetic analysis of *Phaeocystis*. But the RNA secondary structure may benefit the study on taxonomy of *Phaeocystis*.

(本文编辑 张培新)