

海洋生物 基因组学概论

Introduction to Marine Genomics

石 琼 孙 颖◎主 编
游欣欣 白 洁◎副主编



中山大学出版社
SUN YAT-SEN UNIVERSITY PRESS

海洋生物 基因组学概论

Introduction to Marine Genomics

石 琼 孙 颖◎主 编

游欣欣 白 洁◎副主编

编 委：（排名不分先后）

陈洁明	刘珊珊	杨成业	彭 超
汪金兔	卞 超	张新辉	邱 樱
高 鹏	陆 君	黄 玉	金 桃
刘 欢	李文浩	穆 茜	阮志强
范明君	徐军民	于 辉	吴海辉
潘 莹	黄萌理	王 吉	黄小芳



中山大学出版社
SUN YAT-SEN UNIVERSITY PRESS

• 广州 •

版权所有 翻印必究

图书在版编目 (CIP) 数据

海洋生物基因组学概论/石琼, 孙颖主编; 游欣欣, 白洁副主编. — 广州: 中山大学出版社, 2015. 8

ISBN 978 - 7 - 306 - 05357 - 2

I. ①海… II. ①石… ②孙… ③游… ④白… III. ①海洋生物—基因组—研究 IV. ①Q178.53

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2015) 第 161960 号

原书名: Introduction to Marine Genomics

原作者: 杰·马·莱柏 凯瑟琳·博延 弗德雷克·维亚德

出版人: 徐

策划编辑: 李 文

责任编辑: 李 文

封面设计: 曾 斌

责任校对: 江克清

责任技编: 何雅涛

出版发行: 中山大学出版社

电 话: 编辑部 020 - 84111996, 84113349, 84111997, 84110779

发行部 020 - 84111998, 84111981, 84111160

地 址: 广州市新港西路 135 号

邮 编: 510275 传真: 020 - 84036565

网 址: <http://www.zsup.com.cn> E-mail: zdcbs@mail.sysu.edu.cn

印 刷 者: 虎彩印艺股份有限公司

规 格: 787mm × 960mm 1/16 26.5 印张 723 千字

版次印次: 2015 年 8 月第 1 版 2015 年 8 月第 1 次印刷

定 价: 70.00 元

如发现本书因印装质量影响阅读, 请与出版社发行部联系调换

中文译序

本书是 2010 年 Springer 出版社出版的 *Introduction to Marine Genomics* 一书的中文译本，宗旨是推动我国海洋生物学研究的快速发展，希冀我国科学家能在基因组学背后的大科学、大数据和大产业上占领制高点，在国际上拥有海洋科技和海洋经济的领先地位与话语权。

自从 2011 年 5 月海洋平台成立以来，我们在华大基因这个国际领先的平台上与国内外同行们开展了广泛的科技合作。由我们主持、深圳野生动物保护中心和厦门大学等共同参与的弹涂鱼基因组文章已在 *Nature Communications* 上发表 (2014, 5: 5594)；我们参与海洋三所和浙江大学牵头的大黄鱼基因组工作，文章已在 *PLOS Genetics* 上发表 (2015, 11 (4): e1005118)；参与国家基因库牵头的企鵝基因组，文章在 *Gigascience* 上发表 (2014, 3: 27)。我们与中科院昆明动物所合作主持的金线鲃基因组、参与广东海洋大学主持的马氏珠母贝基因组、参与武汉大学主持的黄鳝基因组等研究论文皆已投稿，与中科院南海海洋研究所合作的海马基因组、与水科院珠江所等合作的金龙鱼基因组、与中山大学合作的石斑鱼基因组等研究项目论文，预期在 2015 年投稿；我们还积极参与华中农业大学牵头的武昌鱼基因组、与水科院淡水中心合作主持的刀鱼基因组、与大连海洋大学和上海海洋大学等联合开展的中华绒螯蟹基因组等工作。

我们也与解放军防化研究院合作开展南海芋螺的全基因组、转录组与蛋白质组研究，与华侨大学联合开展海蚯蚓类海洋生物的基因组与转录组研究，与深圳大学生科院联合实施硒蛋白、抗菌肽和吸附重金属细菌等研究，并且牵头实施国际合作的“千种鱼类转录



组计划”。我们还主持启动国际水生哺乳动物基因组计划，由海洋三所和汕头大学等联合牵头的中华白海豚基因组和由南京师范大学主持的江豚基因组等项目就是该计划的开路先锋。

海洋平台只是我国众多开展海洋生物基因组学研究单位中的一个小小单元。我们希望与同行们协同推进海洋生物科技的同时，也能大力发展海洋产业的研发。2012年，我们成立了深圳华大水产科技有限公司，致力于高端水产的育种与养殖示范。2014年后陆续在江苏镇江、广东广州、河南长垣、湖北恩施、广西北海、贵州兴义、海南海口、广东电白等地布局和建设基地。

本书的出版得到深圳市海洋生物基因组学重点实验室（主任石琼）、深圳国家基因库（执行主任张勇）、深圳华大基因学院（院长杨焕明院士）和广东省海洋经济动物分子育种重点实验室（主任石琼）的经费资助。初稿已在深圳华大基因学院和中国科学院华大教育中心试用，得到同行们的热情鼓励。深圳华大基因研究院海洋平台、深圳国家基因库海洋分库、深圳华大水产科技有限公司和深圳华大基因科技服务有限公司的不少同事们参与了本书的翻译和校对，在此一并致以诚挚的谢意。还要特别感谢中山大学出版社李文主任和 Springer 北京办事处陈青经理，感谢他们的努力协调和细致审校。本书的出版还得到中山大学林浩然院士、大连海洋大学副校长宋林生教授、华大基因董事长汪建和深圳华大基因研究院院长王俊等领导的关怀与支持，在此一并致以诚挚的谢意。

期盼本书能发展成为高校的教材，为我国的海洋生物学教育奉献绵薄之力。

由于译者的水平有限，仓促之中存在诸多错漏之外，还请大家批评指正。

深圳华大基因研究院海洋平台负责人
深圳华大水产科技有限公司科技副总

石琼



前言

基因组学 (genomics) 可定义为研究基因组 (genome) 结构、功能与多样性的科学, 而基因组则是某一特定生物包含的所有遗传信息的总称。基因组学方法与传统生物学方法的主要差别在于研究的规模, 因为基因组学的目标在于广泛分析大量的基因, 甚至可能涉及组成基因组的全套基因, 而不再局限于一个或少量基因。因此, 很难定义传统生物学方法终止和基因组学方法起始的界限, 甚至可能暗示这两种方法之间不存在本质的差别。这是一种极端的看法, 然而从本书阐明的例子来看, 对适用于基因集分析的高通量研究方法的发展诉求, 极大地促进技术进步, 也导致探索生物学新方法的开发。

基因组学是一门新学科, 起始于最初尝试通过测定基因组 DNA 序列或大量的 cDNA 序列来获得单个物种的大规模测序数据。早期的测序过程花费昂贵, 因此研究者主要将精力集中在包括大肠杆菌 (*Escherichia coli*)、酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*)、线虫 (*Caenorhabditis elegans*)、果蝇 (*Drosophila melanogaster*) 和拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*) 等在内的模式生物上。这些生物大量序列数据的获得促进了其他基因组学研究工具的发展, 譬如微阵列系统就可用来分析基因的表达和序列标识的突变体等。

这些早期基因组研究的模式生物并不代表海洋生物, 因此对海洋生物的生物学、生态学和演化历史等的研究远远落后于基因组学方法在几种陆地模式生物中的应用程度。近些年来这种状况有所改观, 主要基于 DNA 测序费用的大幅下降以及对大数据分析能力的提高。测序花费的下降不仅使得基因组学方法应用于更多更广的生物种类, 而且也开启了包括应用创新性测序方法的宏基因组学和宏转



录组学在内的诸多全新的基因组学研究领域。海洋生物学一直处在这些新应用领域的前沿。

基因组学研究方法正广泛应用于解决海洋生物学的众多难题,诸如通过探索海洋生物众多的系统发育多样性来研究发育过程的进化,探讨在全球的地球化学循环中发挥重要作用的海洋生态系统,研发新的生物大分子以及理解重要海洋生态系统之间的生态关联作用。这些领域在探索全球气候变化时发挥越来越重要的作用。

本书的目标是概述基因组学方法应用于海洋生物学研究领域中应用的最新进展。每章包含一个特定领域,对该领域做一个介绍,而且对基因组学方法如何适应该领域研究的特殊需求进行详细说明。最后一章探讨基因组学技术在实际应用中的问题,重点探讨生物信息学方面面临的挑战。本书多个章所涉及的研究领域还将在“海洋生物基因组学进展”系列丛书(the Advances in Marine Genomics book series)中开展进一步的探讨。

第1章探讨基因组学技术如何应用于探索和检测海洋环境中的生物多样性。考虑到全球气候加速变化,全球气温变暖越来越影响诸多重要的海洋生态系统,本章将重点讨论海洋中生物多样性是如何构成生态系统,以及这些不同等级层次的生态系统之间相互影响的重要性。在研究生物多样性时,基因组学方法将从分类层次、基因水平和功能水平三个层面来描述。

第2章探讨快速发展的宏基因组(或称环境测序),其序列分析方法应用于几个或多个物种构成的群落而非单个孤立的个体。宏基因组学将作为一门新学科来描述,重点提及在海洋生态系统中的重要作用。本章重点阐明宏基因组学方法的创新特性,特别是能对生态系统提供全球视野,并可提供描述不能在实验室中培养的生物方法。对近来研发的宏转录组学和宏蛋白质组学等方法也展开了讨论。本章给新近进入这个领域的研究人员提供了一些有用的建议。

第3章讨论基因组学方法在群体水平上研究海洋生物的最新应用。从DNA和RNA水平来探讨,前者可阐述诸如生物多样性的测度、物种疆界的勘察和物种漂移的评估等问题,后者可提供信息以说明通过基因表达的选择过程或调控来适应特殊的栖息地。一个物



种对环境干扰的适应能力信息将对预测气候变化或其他人为因素的效应至关重要。本章先对可用于在 DNA 和 RNA 水平上进行分析的可行性方法做一综述,接着讨论这些工具对研究问题的相对优点,最后通过一些例子来说明基因组学方法如何用来解答海洋环境中群体结构和动态变化与生态系统等问题。

接下来的两章将集中探讨基因组学对多细胞生物研究的影响。第4章讲述基因组学方法已用于促进对多细胞生物系统发生的理解。早期对多细胞生物进化历史的推演,只是基于形态学与发育特征,但是由于曾经复杂的世系出现形态简化,以及用于计算和评估这种特征的方法存在内在难度等原因,因此,推演很容易出现错误。随着基于基因的系统进化分析方法的引入,这个研究领域发生了翻天覆地的变革,从而形成了所谓的动物系统发育的“新视野”,但多细胞生物的诸多关系方面还是未知或相互矛盾的。现在不少科学家正在应用基于更全面的基因组规模的大数据系统基因组学方法,来阐述这些科学问题。本章描述基因组信息是如何用于系统基因组学研究,并举了一些由这些方法产生重要进展的例子(譬如近来对脊索动物进化关系的重新评估)。

第5章重点探讨动物世系的复杂演变。对模式生物和更多物种(包括诸多海洋生物)开展广泛的工作,为研究多细胞生物的物种进化(尤其是潜在的分子遗传进程)提供了更完整的视野。这些研究对后代比祖先复杂的假设提出挑战,也表明简单化确实存在于几个动物世系中。通过解析不同进化阶段的分子进程,为几个进化过渡问题(例如多细胞性过渡或胚层起源)提供重要线索。

第6章集中探索基因组学方法在海洋藻类研究中的应用。藻类是一个变化多样的分类类群的总称,不过它们都有一个共同的特点,就是能够进行光合作用。这些生物在地球化学循环中发挥重要作用,而且是新的生物大分子和生物过程的丰富来源。本章对基因组测序和宏基因组学分析在加快近来海洋藻类生物学研究中的重要贡献也有所讨论,还特别强调近来从数种主要藻类类群中研发模式生物的重要性。

水产养殖是全球快速扩张的领域,但有关的基因组学资源开发



程度还比较滞后。第7章讨论基因组学方法在鱼类和贝类研究中的应用,同时探讨产生的数据如何应用于阐述生殖、生长和营养、产品质量与安全以及病菌等问题。本章还对种群多样性的评估和基因组学数据在选择程序中的应用进行探讨,也讨论了基因组学方法在研究和监测自然界中鱼类和贝类种群变化、阐明在生态系统的相互关系等领域中的应用。

随后的第8章探讨海洋生物工程领域的快速发展。本章强调就系统发育多样性而言在大海中可以发现的众多生物,而且探讨全基因组测序和大规模宏基因组项目正在如何快速拓展这个地球上可用于海洋生物工程研发的遗传资源。同其他的领域一样,海洋生物工程也没有发展到与陆地生物相应的研究高度,这可能是由于海洋环境难以接近的缘故。基因组学方法的出现正在改变这种状况,我们可以预期在不久的将来将出现令人振奋的进展。本章对可获得的基因组学资源进行描述,而且对众多海洋生物(包含病毒、古菌、细菌、藻类、真菌和海洋动物)来源的生物工程产品和工艺展开举例说明。

正如前面提及,本书的最后一章(第9章)专注于海洋生物基因组学的一些实际应用方面。本章涉及目前DNA测序所用的不同方法,并就数据管理问题展开讨论。近十多年来,随着新测序技术产生海量数据的极速攀升,人们对数据管理问题的关注程度越来越高。本章探讨基因组学数据的生物信息处理,涉及EST聚类、基因组组装、基因预测、基因功能分配和全基因组学注释。同时,也概述了转录组数据分析,特别是基于微阵列杂交技术的数据分析。

贡献者 (Contributors)

共55位。名录及联系信息请参阅英文原著第xi-xiv页,此处省略。



目 录

前言	1
第 1 章 基因组学在发现与检测海洋生物多样性中的应用	1
1.1 全球视野下的海洋生物多样性与基因组学	1
1.1.1 海洋生物多样性: 结构与功能成分	1
1.1.2 海洋生物多样性的本质	6
1.1.3 实践和理论的进步	7
1.2 海洋生物多样性的分子生物学鉴定	8
1.2.1 对微生物群落多样性和功能的分析	10
1.2.2 介于微生物和后生动物之间的生物: 真核原生生物	12
1.2.3 小型底栖动物群落的多样性和生态分析	14
1.2.4 DNA 条形码和渔业	15
1.2.5 海洋系统中的幼虫	17
1.3 海洋生物多样性和生态系统功能	20
1.3.1 新环境中的微生物	20
1.3.2 生态系统进程中微生物之间的关系	21
1.3.3 环境变化与微生物多样性	21
1.4 结束语	23
参考文献	24
第 2 章 宏基因组分析	36
2.1 前言	36
2.2 宏基因组学的历史和应用	37
2.3 宏基因组分析的技术挑战	39
2.3.1 宏基因组研究策略	39
2.3.2 富集策略	41
2.3.3 基因组 DNA 的分离纯化	43
2.3.4 基因组 DNA 的扩增	44



2.3.5 宏基因组文库的构建和分析	47
2.3.6 不依赖文库的宏基因组分析	52
2.4 生物信息学在宏基因组分析时面临的挑战	53
2.4.1 数据组装与合并	54
2.4.2 基因预测	56
2.4.3 功能注释	56
2.4.4 基于网络的注释流程	57
2.4.5 注释系统的本地安装	57
2.4.6 高多样性环境的浅度测序和短读长技术	59
2.4.7 比较宏基因组学结果展示	59
2.5 展望	61
参考文献	63
第3章 种群结构和环境适应性研究中的基因组学技术及其研究进展	77
3.1 技术	78
3.1.1 DNA 和 RNA 研究: EST 文库	79
3.1.2 DNA 研究: 微卫星	80
3.1.3 DNA 研究: 单核苷酸多态性 (SNP)	81
3.1.4 DNA 研究: 扩增片段长度多态性 (AFLP)	82
3.1.5 DNA 研究: 高通量测序	84
3.1.6 DNA 和 RNA 研究: 目标基因分析	85
3.1.7 DNA 研究: 条形码技术	85
3.1.8 RNA 研究: 微阵列或基因芯片	86
3.1.9 RNA 研究: Q-PCR	86
3.2 种群基因组学	87
3.2.1 分析: 选择、局限性和注意事项	88
3.3 种群基因组学在海洋环境中的实际应用	93
3.3.1 海洋中的扩散: 从幼体发育到本地适应和物种形成的过程	93
3.3.2 海洋生物入侵: 用基因组学方法研究入侵物种	96
3.3.3 揭示水产养殖种群中杂种优势的遗传基础	96
3.3.4 基因多样性和种群适应性	98
3.4 表达研究和环境基因组学	99
3.4.1 栖息地范围的定义: 生物地理学	99



3.4.2 基因芯片：识别与适应性有关的生化通路	101
3.4.3 基因组的可塑性与季节波动	102
3.4.4 对极端环境的适应	102
3.5 总结和展望	107
参考文献	108
第4章 动物系统发育：基因组有很多话要说	127
4.1 引言	127
4.2 动物系统发育的起源	129
4.2.1 以前的策略是基于体腔进化的假设	129
4.2.2 通过分支系统分析法筛选更多的特征	130
4.2.3 小核糖体 RNA 基因和动物系统发生的新观点	133
4.2.4 新观点的局限性	134
4.3 系统基因组学的优缺点	135
4.4 系统基因组学解析动物亲缘关系	137
4.4.1 真体腔动物分类的争议和分类取样的重要性	137
4.4.2 系统基因组学是否可以解释动物亲缘关系	139
4.5 后生动物亲缘关系的系统基因组框架图	140
4.5.1 挑战根深蒂固的分类：后口动物	141
4.5.2 毛颚动物门归入两侧对称动物进化树	141
4.5.3 阿克尔扁形虫是最原始的两侧对称动物吗？	143
4.5.4 更深入的原口动物亲缘关系研究	144
4.6 总结：动物系统发育的前景	145
参考文献	146
第5章 后生动物的复杂性	153
5.1 复杂性的途径	153
5.2 领鞭毛虫类：后生动物的多细胞进化	155
5.3 海绵动物的进化：体轴、细胞类型和皮层	160
5.4 丝盘虫：生而简单还是高度简化	162
5.5 刺胞动物：身体简单，基因复杂	164
5.5.1 海葵基因组	165
5.5.2 刺胞动物 BMP 模式和两侧对称的背—腹轴的进化	165
5.5.3 刺胞动物 Hox 基因和前后轴的演化	166
5.5.4 刺胞类与两侧对称动物体轴的同源性比较	167



5.5.5 刺胞类中胚层的演化	169
5.5.6 刺胞动物“神秘的”复杂性	170
5.6 蜕皮动物: 现有系统之外的动物	170
5.7 冠轮动物: 引出新观点的进化分支	172
5.8 海兔: 从神经回路到神经转录组学	172
5.9 沙蚕: 祖先细胞的复杂性和基因组特征	173
5.10 可变剪接: 调节基因组复杂性的基本层面	175
5.11 海胆: 后口动物基部意想不到的功能类群	175
5.12 文昌鱼和脊索动物原型	176
5.13 海鞘: 发育过程中的改变和不变	177
5.14 展望	178
参考文献	180
第6章 海洋藻类基因组	192
6.1 什么是藻类?	192
6.2 为什么说藻类是有趣的?	193
6.3 内共生学说和藻类的起源	193
6.4 藻类和海洋生态系统	196
6.4.1 地球演化中浮游生物的多样性	196
6.4.2 藻类: 浮游植物中的重要成分	200
6.4.3 基于高通量测序技术对浮游生态系统的探索	201
6.4.4 浮游生态系统的多样性和动态性	202
6.4.5 基于生物个体途径探索浮游藻类生物学	203
6.4.6 巨藻基因组	210
6.5 展望	214
参考文献	215
第7章 基因组学技术在水产养殖与渔业上的应用	227
7.1 前言	227
7.2 基因组学技术和资源	228
7.2.1 遗传连锁图谱	229
7.2.2 辐射性杂交 (RH) 作图	232
7.2.3 基于 BAC 的物理图谱	232
7.2.4 高质量基因组图谱	233
7.2.5 功能基因组学技术	234



7.3 基因组学技术在水产生物育种和繁殖研究中的应用	236
7.4 基因组学技术在水产生物生长和营养研究中的应用	239
7.4.1 前言	239
7.4.2 与肌肉生长相关的骨骼肌转录变化	239
7.4.3 外界因素影响下的骨骼肌转录组变化	240
7.4.4 基因组学技术在肝功能研究中的应用	241
7.4.5 结论与展望	243
7.5 基因组学技术在海产品质量和安全研究中的应用	244
7.5.1 影响海产品质量的各种因素	244
7.5.2 基于基因组学和蛋白质组学方法评价鱼类肉质	245
7.5.3 其他质量性状	248
7.5.4 海产品安全	249
7.5.5 海产品的品种认定和溯源	250
7.6 基因组学技术在宿主—病原体相互作用研究中的应用	251
7.6.1 鱼类的宿主—病原体相互作用	251
7.6.2 宿主免疫反应的转录组特征	252
7.6.3 遗传连锁图、RH 作图和物理图谱如何阐明鱼—病原体的 相互作用	254
7.6.4 贝类宿主—寄生虫的相互作用	254
参考文献	260
第8章 海洋生物技术	294
8.1 海洋生物技术概览	294
8.2 基因组学如何影响海洋生物技术	295
8.3 通过微生物群落宏基因组、单个物种的全基因组及数据挖掘来 扩充基因资源	296
8.3.1 全基因组	297
8.3.2 宏基因组不断增长的贡献	299
8.4 海洋生物技术在发现天然产物、新药物和白色生物技术中 的应用	305
8.4.1 病毒	306
8.4.2 古细菌和细菌	307
8.4.3 藻类	307
8.4.4 藻类用于生产生物柴油	308



8.4.5 藻类用于生产酒精	309
8.4.6 藻类用于生产氢气	309
8.4.7 藻类用于生物质发酵	309
8.4.8 海洋基因组和藻类燃料	310
8.4.9 藻类细胞工厂	311
8.4.10 海洋真菌	312
8.4.11 后生动物	312
8.4.12 结论	312
参考文献	313
第9章 实践指南:基因组学技术及其在海洋生物学方面的应用	322
9.1 序列数据产生	322
9.1.1 经典基因组测序技术	323
9.1.2 第二代测序技术	325
9.1.3 其他新的高级 DNA 测序方法	328
9.1.4 结论	329
9.2 生物信息学应用数据管理	329
9.2.1 数据建模和存储	329
9.2.2 数据访问	330
9.2.3 常用的文件格式	331
9.3 DNA 序列分析	333
9.3.1 EST 分析	333
9.3.2 基因预测	337
9.3.3 基因组注释及其他	343
9.3.4 比较基因组学和功能分类	349
9.3.5 主要公共序列数据库和其他资源	353
9.4 基于高通量技术的转录组分析	363
9.4.1 微阵列技术的基本原理	366
9.4.2 基因表达分析	368
9.4.3 数据共享和公共数据资源库	374
9.4.4 基因表达分析章节的总结	375
参考文献	376
词汇表	389



第1章 基因组学在发现与检测海洋生物多样性中的应用

摘要：海洋生物多样性包含遗传、物种、生态系统和功能多样性，不同层面的相互作用最终决定了海洋生物的分布与丰度、进化潜力和恢复能力。环境和生态系统被破坏的程度日益加剧，因此，调查和监测生物多样性结构与功能组成的变化变得越来越迫切。传统的海洋生态与保护研究主要集中在物种和群落层面，如今的研究方向已转变为上述生物多样性各层面之间的关系，尤其是在生态系统中的重要作用，如对全球养分循环和气候的影响。这里我们强调基因组学和遗传规律在阐明生物多样性的不同生物学水平（从基因水平到细胞水平，再到群体水平和生态系统水平的过程）相互作用的重要性。基因组方法在检测未知种类（如 DNA 条形码），遗传（如 454 测序）和功能（如基因表达、代谢水平分析）多样性研究等方面极其有效，当然，也可用于新物种和代谢通路鉴定。

1.1 全球视野下的海洋生物多样性与基因组学

1.1.1 海洋生物多样性：结构与功能成分

海洋生物多样性存在以下几个不争的事实：海洋拥有非常丰富的生物多样性；海洋生物遭受的威胁日益严重；生物多样性在生态系统功能中极其重要。

(1) 海洋中生物多样性是非常丰富的。海洋占据地球约 70% 的表面，为 28 个门的动物提供了各种各样的栖息环境，其中 13 个门的动物是海洋领域特有的，而 11 个门的陆生动物中只有 1 个门是特有的 (Angel 1992)。海洋物种多样性高，与之相应的是这些生物以各自不同的方式生活在差异巨大的环境中，从浮游到潜游，或忍受空气暴露栖居在潮间带，甚至可以在超过 3500 米深的深海热液口附近生存。而且，生命起源于海洋，因此海洋生物类群的出



现远远早于陆地相似生物（时间差异可达 27 亿年）。几乎所有现存门类在海洋中都有代表物种，这与只有将近一半现存门类具有陆地代表生物形成鲜明的对比（Ray 1991）。此外，随着先进分类方法的出现（Savolainen et al. 2005），以及新技术使人类可以探索海洋中更多的处女地，越来越多的海洋新物种被发现（例如 Santelli et al. 2008）。其中有用显微镜才能观察到的动植物或微生物（Venter et al. 2004, Gomez et al. 2007），也有人们更熟悉的大型生物，诸如鱼、甲壳动物、珊瑚和软体动物等（Bouchet 2005）。例如，曾经以为海生苔藓虫 *Celleporella hyalina* 在全球只有一个种，而 DNA 条形码和交配实验证明地理隔离形成了超过 20 个分布在不同深海水域的遗传世系，但彼此之间存在着生殖隔离（Gomez et al. 2007；见图 1.1）。而且，如此形态类似的世系却存在生殖隔离，其形成过程到现在依然是未知的。这种隐藏的多样性最近被澳大利亚外海的新发现所证实，科学家们在水下山脉和塔斯马尼亚峡谷发现了包括鱼、古生珊瑚、软体动物、甲壳动物和海绵等在内的 270 个新种（<http://www.csiro.au/science/SeamountBiodiversity.html>）。这种现象也在一些生物地理区域之间（如路西塔尼亚和寒温带之间）的海洋过渡区域得到证实（Maggs et al. 2008）。除了一种世界性分布的硅藻以外，其他目前鉴定为同一种的硅藻实际上也是由多个种组成（Medlin 2007）。

(2) 虽然现存生物的多样性水平很高，但是海洋系统遭受来自环境改变和人类活动造成的威胁日益严重，污染、过度开发、富营养化、物种入侵和气候变化导致物种分布和丰度的变化（Worm et al. 2006），还会导致局部性物种灭绝。为了更好的应对这样的状况，我们不仅需要了解变化产生的机制和影响，更要创造有利的环境来促进物种丰度的恢复，减少环境干扰的影响（Palumbi et al. 2008a）。

(3) 海洋生物多样性支撑着生态系统功能的范围和力度。海洋生物群在全球营养循环和气候调控等方面发挥着重要作用，给人类提供了大量的资源，自然环境的生命过程和各种产物服务于全球生态系统，包括碳蓄积、大气层的气体调节、废物处理、食物供应和原材料。事实上，海洋藻类贡献了全球将近 40% 的光能合成产物。据估计，全球远洋生态系统每年提供的经济价值超过 8.4 万亿美元，近海生态系统的这一数值则超过了 12.6 万亿美元（Costanza et al. 1997）。深海领域在全球的生态与生物地球化学循环过程中发挥重要的调控作用。保护海洋生物多样性是保证世界海洋可持续性发展的前提。