

基于 rpoC1 基因的微囊藻属分子系统学研究

章群, 李名立, 刘海林, 雷腊梅, 韩博平

暨南大学水生生物研究所, 广东 广州 510632

摘要: 测定了广东省 9 个水库 4 株铜绿微囊藻 *Microcystis aeruginosa*、5 株水华微囊藻 *M. flos-aquae* 和 4 株未定种微囊藻 rpoC1 基因部分序列, 结合 GenBank 下载的日本 5 个水体 11 株铜绿微囊藻、5 株绿色微囊藻 *M. viridis* 和 5 株惠氏微囊藻 *M. wessenbergii* 同源序列, 进行序列分析。结果显示, 34 株微囊藻存在 21 种基因型, 序列相似性达 97.6%~100%。在邻接树上不同形态种和不同地理来源的藻株混杂在一起, 没有形成明显的谱系结构和地理结构: 同一形态种藻株可能具有不同的基因型, 而相同基因型的藻株可能是不同的形态种; 从同一水体中分离的微囊藻具有不同的形态种和不同的基因型, 而不同水体分离的微囊藻有时又具有相同基因型, 表明 rpoC1 基因序列无法区分形态种和地理株, 支持 Kondo 和 Otsuka 提出的暂将铜绿微囊藻、水华微囊藻、惠氏微囊藻和绿色微囊藻等归为铜绿微囊藻复合种的分类处理。

关键词: 微囊藻; 系统发育; rpoC1 基因

中图分类号: X17

文献标识码: A

文章编号: 1674-5906 (2009) 06-2039-05

微囊藻 *Microcystis* Kütz 隶属蓝藻门 Cyanophyta 蓝藻纲 Cyanophyceae 色球藻目 Chroococcales 微囊藻科 Microcystaceae^[1], 是一类全球广泛分布, 在富营养化水体中极易形成水华的有害蓝藻。一些种类微囊藻产生微囊藻毒素 (Microcystin), 可以使野生动物、家禽、家畜等中毒甚至死亡, 引发人类的肝损伤及肝癌, 对生态系统和人类健康造成巨大危害^[2]。随着世界范围内水体富营养化的加剧, 微囊藻已成为全球水环境研究的焦点问题之一。人们对微囊藻水华发生的机制、微囊藻毒素组成及检测手段等进行了大量的研究^[3], 但微囊藻的分类却一直有争议。目前微囊藻属的分类主要是以群体形状、细胞大小及排列方式、胶鞘离群体细胞边缘的距离等形态特征为分类依据^[1,4], 但微囊藻的形态特征往往具有高度的多变性, 相同的微囊藻室内培养后可能会出现与野外群体不一样的表型, 而不同种类微囊藻有时又表现出相同的表型或出现过渡类型^[5]; 且微囊藻的分类还可能与研究者的个人经验以及外界环境条件相关, 例如 Komarek 将日本水体的微囊藻分为铜绿微囊藻 *M. aeruginosa*、水华微囊藻 *M. flos-aquae*、惠氏微囊藻 *M. wessenbergii*、鱼害微囊藻 *M. ichthyoblabe*、挪氏微囊藻 *M. novacekii* 和绿色微囊藻 *M. viridis* 等 6 个形态种^[4], 但 Watanabe 却无法将水华微囊藻与鱼害微囊藻分开, 并且将水华微囊藻作为鱼害微囊藻的一种变异类型^[6]; 虞功亮等将滇池微囊藻分为 10 个形态种^[7]。由于微囊藻形态分类的混乱, 人们开始寻求其它方法探究微囊藻的分类。

Fahrenkrug 等测定了 4 种微囊藻 DNA 碱基组

成, 发现它们 G+C 含量几乎相同, 可以认为没有差别^[8]。Kato 等用等位酶分析微囊藻种间和种内遗传关系, 认为绿色微囊藻和惠氏微囊藻等位酶类型单一, 而铜绿微囊藻的等位酶具有 S 型和 L 型的差异^[9]。Kruger 等发现微囊藻脂肪酸组成上的差异与现有形态种分类无直接关系^[10]。此外, 16-23S rDNA、rDNA ITS 区、cpcBA-IGS^[11-14]等基因也被用于分析微囊藻种内或种间关系, 但是都没能为微囊藻属的分类提供确切的依据。Kondo 等和 Otsuka 等通过 DNA-DNA 杂交、测定 G+C 含量等细菌学分类方法研究微囊藻属的分类, 认为铜绿微囊藻、惠氏微囊藻、绿色微囊藻、挪氏微囊藻和鱼害微囊藻应该被合并为铜绿微囊藻复合种, 水华微囊藻和假丝微囊藻是铜绿微囊藻复合种的形态变异; 现行的蓝藻分类体系过于依赖植物学分类方法, 应采用细菌学分类方法加以辅助^[15-16]。

rpoC1 基因编码蓝藻 RNA 聚合酶 γ 亚基, 全长 1 880 bp, 在基因组中以单拷贝形式存在, 常用于研究蓝藻的系统进化^[17]。Palenik 等发现在进行物种鉴定时, rpoC1 基因较常用于细菌鉴定的 16S rDNA 更为有效^[18]。本研究测定了广东省 9 个水库的铜绿微囊藻、水华微囊藻、惠氏微囊藻、绿色微囊藻和未定种微囊藻共 13 个藻株的 rpoC1 基因部分序列, 并比较分析了 GenBank 中下载的日本 5 个水体 3 种微囊藻的同源序列, 为微囊藻属的分类提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究中实验藻种由暨南大学水生生物研究

基金项目: 国家自然科学基金项目(40106014); 广东省自然科学基金项目(000760); 广东省水利厅蓝藻治理重大项目(GDWR0604)

作者简介: 章群 (1968 年生), 男, 副研究员, 博士, 研究方向为分子生态学。E-mail: tqzhang@jnu.edu.cn

收稿日期: 2009-10-12

中心水库学科组提供, 其余序列由 GenBank 下载。
藻株形态种名及序列来源见表 1。

1.2 DNA 提取、PCR 扩增及序列测定

单细胞藻株经培养后离心, 沉淀用 400 μ L

表 1 本研究中微囊藻 *rpoC1* 基因序列来源

Table 1 The origin of *rpoC1* gene sequence among *Microcystis* strains in this study

形态种	藻株名	地理来源	序列来源	形态种	藻株名	地理来源	序列来源
<i>M.aer</i>	TX009	汤溪水库	本实验室	<i>M.aer</i>	MMY404	Lake Mikata	AB333825
<i>M.aer</i>	TX010	汤溪水库	本实验室	<i>M.aer</i>	MMY408	Lake Mikata	AB333826
<i>M.aer</i>	HD002	鹤地水库	本实验室	<i>M.aer</i>	MMY409	Lake Mikata	AB333827
<i>M.aer</i>	ShT008	沙田水库	本实验室	<i>M.aer</i>	MMY416	Lake Mikata	AB333828
<i>M.flos</i>	TX016	汤溪水库	本实验室	<i>M.aer</i>	NIES1105	Lake Barato	AB333821
<i>M.flos</i>	HD001	鹤地水库	本实验室	<i>M.aer</i>	NIES298	Lake Kasumigaura	AB333819
<i>M.flos</i>	ShZh024	深圳水库	本实验室	<i>M.aer</i>	NIES1070	Pokusuke Pond	AB333820
<i>M.flos</i>	GZh027	高州水库	本实验室	<i>M.wes</i>	TAC521	Lake Suwa	AB333838
<i>M.flos</i>	FLX028	飞来峡水库	本实验室	<i>M.wes</i>	NIES112	Lake Suwa	AB333834
<i>M.sp.</i>	QYSh022	契爷石水库	本实验室	<i>M.wes</i>	NIES1062	Lake Suwa	AB333837
<i>M.sp.</i>	SCG004	华南植物园	本实验室	<i>M.wes</i>	NIES 604	Lake Kasumigaura	AB333835
<i>M.sp.</i>	DJS013	大镜山水库	本实验室	<i>M.wes</i>	NIES1055	Lake Kasumigaura	AB333836
<i>M.sp.</i>	TX005	汤溪水库	本实验室	<i>M.vir</i>	NIES1058	Lake Kasumigaura	AB333831
<i>M.aer</i>	NIES101	Lake Suwa	AB333818	<i>M.vir</i>	NIES102	Lake Kasumigaura	AB333829
<i>M.aer</i>	LMM95082	Lake Mikata	AB333822	<i>M.vir</i>	NIES103	Lake Kasumigaura	AB333830
<i>M.aer</i>	MMY62	Lake Mikata	AB333823	<i>M.vir</i>	TAC78	Lake Mkata	AB333833
<i>M.aer</i>	MMY402	Lake Mikata	AB333824	<i>M.vir</i>	NIES1091	Lake Barato	AB333832

M.aer 表示铜绿微囊藻 *Microcystis aeruginosa*; *M.flos* 表示水华微囊藻 *Microcystis flos-aquae*; *M.wes* 表示惠氏微囊藻 *Microcystis wesenbergii*; *M.vir* 表示绿色微囊藻 *Microcystis viridis*; *M.sp.* 表示未确定形态种的微囊藻。从 GenBank 下载序列是由 Yoshida 提交的^[19]

4 \times CTAB 和 3 μ L 20 mg/mL 蛋白酶 K 37 $^{\circ}$ C 裂解过夜, 用等体积的氯仿: 异戊醇重复抽提 2 次后, 再用 Ultra-seq Gel Extraction Kit Omega3 试剂盒提取总 DNA。PCR 引物为 *rpoC1*F: 5'-CGATGAGGCCG TAGCGGGTTACTG, *rpoC1*R: 5'-CTCTTTCGCTA-CAATCAGCCA。PCR 反应液体积 20 μ L: 10 \times PCR buffer 2 μ L, 2 mmol/L dNTP 1.5 μ L, 上下游引物各 0.4 mol/L, DMSO 1.5 μ L, Taq polymerase 0.4 U, 模板 DNA 1 μ L, 用灭菌双蒸水补足至 20 μ L。反应条件: 95 $^{\circ}$ C 4 min、95 $^{\circ}$ C 30 s、50 $^{\circ}$ C 45 s、72 $^{\circ}$ C 1 min、72 $^{\circ}$ C 10 min、30 个循环, 4 $^{\circ}$ C 保存。经 $w=1\%$ 琼脂糖凝胶电泳检测合格的 PCR 产物送博亚生物工程公司纯化后测序。

1.3 数据处理

序列经 clustal 1.83 比对后, 以集胞藻属 *Synechocystis* PCC6803 (GenBank 序列号 BA000022.2) 为外类群, 在 Mega4.0 程序中用 p-distance 模型计算遗传距离, 用 kimura-2-parameter 模型构建邻接树 (Neighbour-Joining, NJ) 树, 以 1 000 次自举分析 (bootstrap) 检测各分支的置信度。

2 结果

本研究分析了 14 个水体的铜绿微囊藻、水华微囊藻、惠氏微囊藻、绿色微囊藻和未定种微囊藻, 发现 34 株微囊藻中共有 21 种基因型, 序列相似性为 97.6%~100%。基于 *rpoC1* 基因序列的邻接树如图 1 所示, 不同形态种藻株在系统树中没有明显的

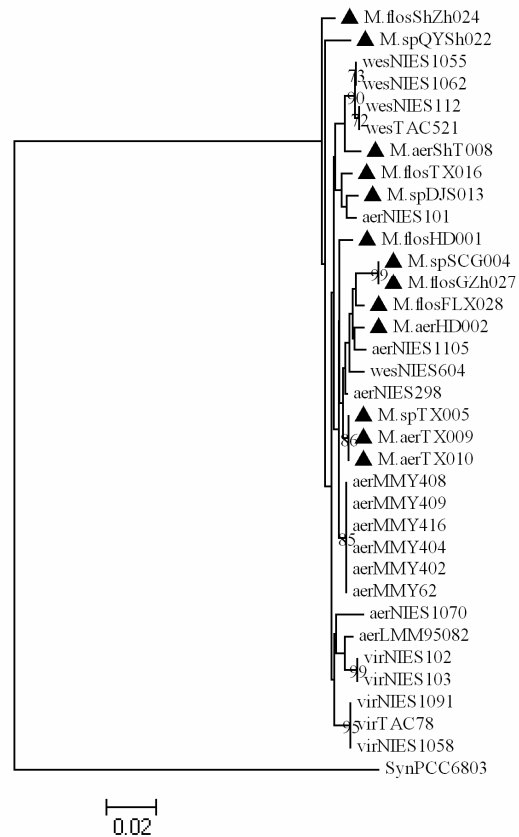


图 1 基于 *rpoC1* 基因部分序列的微囊藻 NJ 树

Fig. 1 NJ tree of partial *rpoC1* gene sequence among *Microcystis* strains

NJ 树分析采用 Kimura-2-parameter 模型, 自举检测 1 000 次, \blacktriangle 表示广东省水库微囊藻序列, 其余序列为 GenBank 下载序列。

谱系结果，不同地理来源藻株也没有形成明显的地理结构。

序列分析表明，同一水体的同种微囊藻可能具有不同的基因型。汤溪水库的铜绿微囊藻 TX009 和 TX010 为同种基因型；Mikata 湖的铜绿微囊藻 MMY402、MMY404、MMY408、MMY409、MMY62 和 MMY416 为同种基因型，但同一水体的铜绿微囊藻 LMM95082 为不同的基因型；Suwa 湖的惠氏微囊藻 NIES112 和 TAC521 为同种基因型，但惠氏微囊藻 NIES1062 是不同的基因型；Kasumigaura 湖的绿色微囊藻 NIES102 和 NIES103 共享同种基因型，而绿色微囊藻 NIES1058 属不同的基因型。

不同水体的同种微囊藻可能具有相同的基因型。Suwa 湖的 NIES1062 和 Kasumigaura 湖的 NIES1055 都是惠氏微囊藻，来自不同水体，却属于同种基因型；绿色微囊藻 NIES1058、TAC78 和 NIES1091 来自不同的水体，但共享同种基因型。而其他不同地理来源的铜绿微囊藻（HD002、ShT008、NIES101、NIES1105、NIES298、NIES1070）、水华微囊藻（TX016、HD001、ShZh024、FLX028）各自为不同的基因型。

具有相同基因型的微囊藻则可能出现不同表型。未定种微囊藻 TX005 与汤溪水库铜绿微囊藻 TX009、TX010 序列相似性为 100%；未定种微囊藻 SCG004 与水华微囊藻 GZh027 序列相似性为 100%；但未定种微囊藻的形态与共享同种基因型的其他藻株具有较为明显的形态差异。

3 讨论

Otsuka 等认为微囊藻 16-23S 转录间隔区 DNA 序列可以将微囊藻分为有毒型、无毒型和既包含无毒种类又包含有毒种类的混合型等 3 种类型，但每种类型都包括了 2 个以上的形态种^[20]。Kondo 等用部分 16S rDNA 序列对日本铜绿微囊藻、鱼害微囊藻、挪氏微囊藻、绿色微囊藻和惠氏微囊藻进行分析，认为可以依据 Ribotype 将日本微囊藻划分成 6 个类群，但每个类群仍包括 2 种或 2 种以上的形态种^[21]。Yoshida 运用 *rpoC1* 基因、rDNA ITS 区序列和形态特征相结合的多相法（Polyphasic Approach）研究日本微囊藻，认为存在一种既包括不同形态种，又包括不同基因型的复合群体^[19]。

铜绿微囊藻通常被认为是微囊藻属中遗传多样性较高的类群。Kato 等人比较了 3 种微囊藻 28 个藻株的 IDH、6PGD、PGI 和 PGM 等位酶差异，认为绿色微囊藻和惠氏微囊藻等位酶通常表现为稳定的类型，且同一类型的藻株在形态上无明显差异；但铜绿微囊藻的等位酶具有 S 型和 L 型，且同种类型具有不同的表型^[9]。随机扩增 DNA 多态性

（RAPD）和 PC-IGS、ITS1 rDNA 序列分析等研究都表明铜绿微囊藻的遗传变异较其他类群高^[13,22]。在本研究中，15 株铜绿微囊藻具有 9 种基因型，来源于同一水体的铜绿微囊藻有的具有相同基因型，有的具有不同基因型，同样表明铜绿微囊藻的遗传变异较大，与前人的结论一致。

形态学分类通常难以区分水华微囊藻与鱼害微囊藻^[6]，等位酶研究认为水华微囊藻、鱼害微囊藻、挪氏微囊藻和铜绿微囊藻可能属于同一类群^[9]。在本研究中，水华微囊藻 GZh027 与未定种微囊藻 SCG004 共享同种基因型，但 SCG004 与其他水华微囊藻形态差异较大，其余 4 株水华微囊藻又各为独立基因型，表明水华微囊藻可能与铜绿微囊藻一样，基因型和表型都具有高度变异。

基于细菌分类学方法的微囊藻分类研究认为铜绿微囊藻、水华微囊藻等 6 个微囊藻形态种应该被归为一个复合种，即铜绿微囊藻复合种（*M.aeruginosa* complex）；在种内水平上，存在着铜绿微囊藻型、水华微囊藻型、绿色微囊藻型等不同的基因型^[15-16]。Yoshida 等的研究还认为存在着一个基因型和表型都高度变异的铜绿微囊藻复合群（*M.aeruginosa* complex group）^[19]。在本研究中，34 株微囊藻 *rpoC1* 基因序列具有高度相似性，在系统树中并没有被分成不同的群组，同种微囊藻可能具有不同的基因型，在系统树中离散分布；具有同种基因型的微囊藻却可能有不同的表型，表明本研究暂支持 Kondo 和 Otsuka 等将铜绿微囊藻、水华微囊藻、惠氏微囊藻和绿色微囊藻归为铜绿微囊藻复合种的分类处理。

Wu 等分析了中国部分地区微囊藻 *cpcBA-IGS* 基因序列，认为中国华南、华中、华北地区的微囊藻存在地理分化^[23]，但 Janse 等比较了欧洲和摩洛哥的微囊藻，却认为不存在地理分布上的差异^[13]。在本研究中，同一水体分离的同种微囊藻没有聚在一起，不同水体分离的同种微囊藻也没有聚成明显的分支，广东省水库微囊藻和日本微囊藻也没有被区分开，表明微囊藻是否存在地理分化，需要进一步验证。

4 结论

微囊藻水华对水域生态环境和人类健康具有巨大危害，及时准确的鉴定水华微囊藻原因种是开展微囊藻毒素污染的预警、实时监测和防控的基础，因而微囊藻基础分类研究十分必要。由于本文所分析的微囊藻属藻株和地理种群有限，且已有研究表明微囊藻属的形态变化较大而遗传变异较小，因而要解决微囊藻的分类问题，需要采用更为有效方法，例如包含形态测量、化学定性和基于大量看

家基因的读码框序列的多位点序列分型技术(Multilocus Sequence Typing, MLST)等,研究更多大样本的形态种和地理种群。

参考文献:

- [1] 胡鸿钧, 魏心印. 中国淡水藻类-系统、分类及生态[M]. 北京: 科学出版社, 2006: 62-68.
HU Hongjun, WEI Xinyin. The Freshwater Algae of China-Systematic, Taxonomy and Ecology [M]. Beijing: Science Press, 2006: 62-68.
- [2] 李效宇, 宋立荣, 刘永定. 微囊藻毒素的产生、检测和毒理学研究[J]. 水生生物学报, 1999, 23(5): 517-523.
LI Xiaoyu, SONG Lirong, LIU Yongding. The production, detection and toxicology of microcystins [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 1999, 23(5): 517-523.
- [3] WALLACE B B, HAMILTON D P. Simulation of water-bloom formation in the cyanobacterium *Microcystis aeruginosa*[J]. Journal of Plankton Research, 2000, 22(6): 1127-1138.
- [4] KOMAREK J. A review of water-bloom forming *Microcystis* species with regard to populations from Japan[J]. Algological Studies (Archiv für Hydrobiologie-Supplement), 1991, 64: 115-127.
- [5] OTSUKA S. Morphological variability of colonies of *Microcystis* morphospecies in culture [J]. The Journal of General and Applied Microbiology, 2000, 46: 39-50.
- [6] WATANABE M. Isolation, cultivation, and classification of bloom-forming *Microcystis* in Japan[M]. Florida: CRC press, 1996: 13-34.
- [7] 虞功亮, 宋立荣, 李仁辉. 中国淡水微囊藻属常见种类的分类学讨论—以滇池为例[J]. 植物分类学报, 2007, 45(5): 727-741.
YU Gongliang, SONG Lirong, LI Renhui. Taxonomic notes on water bloom forming *Microcystis* species (Cyanophyta) from China—An example from samples of Dianchi Lake[J]. Acta Phytotaxonomica Sinica, 2007, 45(5): 727-741.
- [8] FAHRENKRUG M, BETT M B, Parker D L. Notes: Base composition of DNA from selected strains of the Cyanobacterial genus *Microcystis*[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1992, 42(1): 182-184.
- [9] KATO T, WATANABE M F, WATANABE M. Allozyme divergence in *Microcystis* (Cyanophyceae) and its taxonomic inference[J]. Algological Studies(Archiv für Hydrobiologie-Supplement), 1991, 64:129-140.
- [10] KRÜGER G H J, HELENE D W, KOCK J L F, et al. Fatty acid composition as a taxonomic characteristic for *Microcystis* and other coccoid cyanobacteria (blue-green alga) isolates[J]. Hydrobiologia, 1995, 308(2): 145-151.
- [11] TILLET D, PARKER D L, NEILAN B A. Detection of toxigenicity by a probe for the microcystin synthetase A gene (*mcyA*) of the cyanobacterial genus *Microcystis*, comparison of toxicities with 16S rRNA and phycocyanin operon (phycocyanin intergenic spacer) phylogenies[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67(6): 2810-2818.
- [12] JANSE I, KARDINAAL W E A, MEIMA M, et al. Toxic and nontoxic *Microcystis* colonies in natural populations can be differentiated on the basis of rRNA gene internal transcribed spacer diversity[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70(7): 3979-3987.
- [13] HAANDE S, BALLOT A, ROHRLACK T, et al. Diversity of *Microcystis aeruginosa* isolates (Chroococcales, Cyanobacteria) from East-African water bodies[J]. Archives of Microbiology, 2007, 188(1): 15-25.
- [14] BITTENCOURT-OLIVEIRA M D, Oliveira M C, Bolch J S. Genetic variability of Brazilian strains of the *Microcystis aeruginosa* complex (Cyanobacteria/ Cyanophyceae) using the phycocyanin intergenic spacer and flanking regions (*cpcBA*) [J]. Journal of Phycology, 2001, 37(5): 810-818.
- [15] KONDO R, YOSHIDA T, YUKI Y, et al. DNA-DNA reassociation among a bloom-forming cyanobacterial genus *Microcystis*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2000, 50:767-770.
- [16] OTSUKA S, SUDA S, SHIBATA S, et al. A proposal for the unification of five species of the cyanobacterial genus *Microcystis* Kützing ex Lemmermann 1907 under the Rules of the Bacteriological Code[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2001, 51: 873-879.
- [17] SAMIGULLIN T K, MATIN W F, TROITSKY A V, et al. Molecular data from the chloroplast *rpoCl* gene suggest deep and distinct dichotomy of contemporary spermatophytes into two monophyla: Gymnosperms (including Gnetales) and angiosperms[J]. Journal of Molecular Evolution, 1999, 49(3): 310-315.
- [18] PALENIK B. Cyanobacterial community structure as seen from RNA polymerase gene sequence analysis[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1994, 60(9): 3212-9.
- [19] YOSHIDA M, YOSHIDA T, SATOMI Y, et al. Intra-specific phenotypic and genotypic variation in toxic cyanobacterial *Microcystis* strains[J]. Journal of Applied Microbiology, 2008, 105: 407-415.
- [20] OTSUKA S, SUDA S, Li R H, et al. Phylogenetic relationships between toxic and non-toxic strains of the genus *Microcystis* based on 16S to 23S internal transcribed spacer sequence[J]. Fems Microbiology Letters, 1999, 172(1): 15-21.
- [21] KONDO R, KAGIYA G, HIROISHI S, et al. Genetic typing of a bloom-forming cyanobacterial genus *Microcystis* in Japan using 16S rRNA gene sequence analysis[J]. Plankton Biology and Ecology, 2000, 47(1): 1-6.
- [22] WU Zhongxin. Genetic Diversity: Geographical Distribution and Toxin Profiles of *Microcystis* Strains(Cyanobacteria)in China[J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2007, 49(3): 262-269.
- [23] NISHIHARA H, MIWA H, WATANABE M, et al. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) analyses for discriminating genotypes of *Microcystis* cyanobacteria[J]. Bioscience Biotechnology and Biochemistry, 1997, 61(7): 1067-1072.

Phylogenetic relationships of *Microcystis* based on rpoC1 gene sequences in China

ZHANG Qun, Li Mingli, LIU Hailin, LEI Lamei, HAN Boping

Institute of Hydrobiology, Jinan University, Guangzhou510632, China

Abstract: Partial rpoC1 gene sequences of 4 strains of *Microcystis aeruginosa*, 5 strains of *M.flos-aquae* and 4 strains of *M.sp.* collected from 9 reservoirs in Guangdong province, China were determined and subjected to phylogenetic analysis by a combination of homologous GenBank sequences of 11 strains of *M.aeruginosa*, 5 strains of *M.viridis* and 5 strains of *M.wesenbergii* in 5 Japanese water bodies. In total, 21 genotype were found and the sequence similarities ranged from 97.6% to 100% in 34 *Microcystis* strains. The strains of different ‘morphospecies’ and geographic origins were intertwined together in the derived neighbor-joining tree, indicating no obvious lineages or geographic clusters. The same ‘morphospecies’ included different genotypes, and the same genotype exhibited different phenotypes. The strains isolated from the same water body had various genotypes or phenotypes, and strains from different water body shared the same genotype or genotype. These results demonstrated that different ‘morphospecies’ and geographic strains couldn’t be differentiated by partial rpoC1 gene sequences, temporally support Kondo and Otsuka’s proposal to treat *M.aeruginosa*, *M.flos-aquae*, *M.wesenbergii* and *M.viridis icrocystis* as *M.aeruginose* complex.

Key words: *Microcystis*; phylogeny; rpoC1 gene