

斑纹薄鳅(*Leptobotia zebra*)应该为斑纹沙鳅(*Sinibotia zebra*)

唐琼英, 俞丹, 刘焕章*

(中国科学院水生生物研究所, 湖北 武汉 430072)

摘要: 斑纹薄鳅(*Leptobotia zebra*)最初是由 Wu (1939) 描述的一个新种, 当时定名为斑纹沙鳅(*Botia zebra*), 后来 Chen (1980) 根据眼下刺不分叉将其改归为薄鳅属的物种。本研究通过对线粒体 DNA 细胞色素 *b* 基因序列的测定和分析, 发现斑纹薄鳅和薄鳅属(除斑纹薄鳅)物种间的平均遗传距离为 0.177, 和中华沙鳅属物种美丽沙鳅(*Sinibotia pulcher*)的平均遗传距离仅为 0.057。系统发育分析发现斑纹薄鳅并未和薄鳅属的物种聚在一起, 而是和中华沙鳅属物种美丽沙鳅聚在一起形成姐妹群。进一步对斑纹薄鳅进行形态学特征检视, 发现该物种具有颊部裸露无鳞、颈部具一对纽扣突起等中华沙鳅属鱼类的特征, 但又具有眼下刺简单不分叉的薄鳅属鱼类的特征。结合分子数据分析的结果, 将斑纹薄鳅订正为中华沙鳅属的物种, 其命名为斑纹沙鳅(*Sinibotia zebra*)。另外, 对沙鳅科鱼类的划分标准及形态特征的演化也进行了讨论。

关键词: 沙鳅科; 薄鳅属; 斑纹薄鳅; 细胞色素 *b* 基因; 特征演化

中图分类号: Q959.483; Q349 **文献标识码:** A **文章编号:** 0254-5953-(2008)01-0001-09

Leptobotia zebra Should Be Revised as *Sinibotia zebra* (Cypriniformes: Botiidae)

TANG Qiong-ying, YU Dan, LIU Huan-zhang*

(Institute of Hydrobiology, the Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China)

Abstract: *Botia zebra* was first described by Wu (1939) but changed to *Leptobotia zebra* by Chen (1980) based on the presence of the simple suborbital spine. In the present study, sequences of mtDNA cytochrome *b* gene were analyzed to investigate the systematic position of this species. The molecular data showed that the average genetic distance between samples of *Leptobotia zebra* and other *Leptobotia* species was 0.177, while only 0.057 between *Leptobotia zebra* and *Sinibotia pulcher*. Molecular phylogenetic analyses indicated that samples of *Leptobotia zebra* did not cluster with *Leptobotia* species, they grouped with *Sinibotia pulcher* forming a sister-group. Further morphological observations were performed on the holotype of *Leptobotia zebra* and other specimens including formalin-fixed museum specimens and newly collected alcohol-fixed ones. This species was found to bear similar diagnostic characteristics with *Sinibotia*, such as no scales on the cheek, a pair of button-like papillae on the chin region, and the diagnostic characteristics of *Leptobotia* as well, such as a simple suborbital spine. Based on both molecular and morphological data, this paper proposes that *Leptobotia zebra* is a species of the genus *Sinibotia*, and its valid name should be *Sinibotia zebra*. Morphological character evolution of genera in the family Botiidae was also discussed.

Key words: Botiidae; *Leptobotia*; *Leptobotia zebra*; Cytochrome *b* gene; Character evolution

长期以来, 鳅科(Cobitidae)被认为包括条鳅亚科(Nemacheilidae)、沙鳅亚科(Botiinae)和花鳅亚科(Cobitinae) (Wu et al, 1981; Cheng & Zheng, 1987; Zhu, 1995)。Tang et al (2006)对鳅超科(Cobitoidea)鱼类线粒体 DNA (mtDNA) 细胞色素 *b* (Cyt *b*) 基因和控制区序列的联合分析结果表明, 鳅科鱼类

的 3 个亚科不构成一个单系群, 其中条鳅亚科与花鳅亚科构成姐妹群, 然后再与平鳍鳅科鱼类形成一个单系群, 而沙鳅亚科则处于更基部的位。因此, 支持将鳅科鱼类的 3 个亚科提升到科的水平。这些观点和 Nalbant (2002)及 Kottelat (2004)基于形态学特征分析的结果是一致的。这样, 原来的鳅科鱼类

收稿日期: 2007-11-06; 接受日期: 2007-12-04

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (40432002; 30700072; 30170137)

*通讯作者 (Corresponding author), Tel: 027-68780776, E-mail: hzliu@ihb.ac.cn

现在被划分为条鳅科(Nemacheilidae)、沙鳅科(Botiidae)和花鳅科(Cobitidae)三个科。

沙鳅科为一群美丽的中小型淡水底栖鱼类, 以前的学者根据颊部鳞片的有无和眼下刺是否分叉将该类群分为薄鳅属(*Leptobotia*)、副沙鳅属(*Parabotia*)和沙鳅属(*Botia*), 其中沙鳅属包括中华沙鳅亚属(*Sinibotia*)、膜鳃沙鳅亚属(*Hymenophysa*)和沙鳅亚属(*Botia*) (Chen, 1980; Cheng & Zheng, 1987; Fang, 1936; Hora, 1922; Nalbant, 1963; Zhu, 1995)。Tang et al (2005)研究了沙鳅科鱼类的 Cyt *b* 基因, 发现沙鳅科鱼类为一单系群, 其包含的 3 个属薄鳅属、副沙鳅属和沙鳅属也分别构成单系, 沙鳅属位于基部位置, 薄鳅属和副沙鳅属构成姐妹群, 处于更进化的位置。近年来, 随着沙鳅科鱼类新种、新属的不断建立, 形态以及分子系统发育的研究开展, 新的研究结果将原沙鳅属的亚属提升到属的水平, 沙鳅科被划分为薄鳅亚科(*Leptobotinae*)和沙鳅亚科(*Botiinae*)两个亚科 (Slechtova et al, 2006)。其中, 薄鳅亚科包括薄鳅属和副沙鳅属 2 个属, 沙鳅亚科包括 5 个属: 沙鳅属、中华沙鳅属(*Sinibotia*)、*Yasuhikotakia* 属、*Chromobotia* 属和 *Syncrossus* 属。*Chromobotia* 为单型属, 只包括分布于东南亚的皇冠沙鳅(*C. macracanthus*)一个物种。中国包括了沙鳅科 7 个属中的 6 个属(Kottelat, 2004; Zhu, 1995), 这为我们研究该类群的系统学问题提供了良好的材料。

薄鳅属中的斑纹薄鳅(*Leptobotia zebra*), 是由伍献文(Wu, 1939)根据采自广西阳朔的一尾标本描述的一个新种, 尽管当时他发现该标本的眼下刺简单不分叉, 但还是根据颊部裸露无鳞、颊部具一对纽状突起等特征将其归为沙鳅属的物种, 定名为斑纹沙鳅(*Botia zebra*)。但 Chen (1980)认为该物种的颊部具鳞, 并根据眼下刺不分叉这一特征将其改归为薄鳅属的物种, 改名为斑纹薄鳅。此后, 该观点被广泛采用 (Cheng & Zheng, 1987; Kottelat, 2004; Zheng, 1989; Zhu, 1995)。最近作者在整理一批采自广西的鳅类标本时发现, 根据眼下刺不分叉这一特征鉴定为斑纹薄鳅的物种, 分子系统发育分析的结果却表明它们与中华沙鳅属的物种具有较近的亲缘关系, 和薄鳅属的物种关系较远。因此, 很有必要重新讨论该物种的分类位置。本文将分子与形态学数据结合, 讨论斑纹薄鳅的系统地位, 同时对沙鳅科鱼类各个属的划分标准及形态特征的

演化进行讨论。

1 材料与方法

1.1 研究材料

分子系统发育研究共选择了 37 个物种的 58 个个体, 其中包括采自广西不同地区的 5 尾待研究的斑纹薄鳅, 同时选择了沙鳅科 7 个属的 35 个物种共 52 个个体进行比较, 并以胭脂鱼科(Catostomidae)的胭脂鱼(*Myxocyprinus asiaticus*)作为外类群, 进行线粒体 DNA (mtDNA) 细胞色素 *b* (Cyt *b*) 基因的序列测定和分析[部分物种的序列引自 Tang et al (2005, 2006), 部分物种的序列从 GenBank 下载], 对斑纹薄鳅的分子系统发育位置进行研究。同时, 对斑纹薄鳅的模式标本、馆藏福尔马林标本及新采标本进行形态学特征分析, 颊部鳞片的有无在解剖镜下观察, 其他特征肉眼观察。分子实验所用标本均用 95% 的酒精固定, 保存于中国科学院水生生物研究所淡水鱼类博物馆。标本名称及其他详细信息见表 1。

1.2 基因组 DNA 的提取、PCR 扩增及测序

基因组 DNA 的提取采用标准的蛋白酶 K 消化、酚-氯仿抽提法。基因序列片段通过 PCR 扩增所得。扩增所用引物为 L14724 和 H15915 (Xiao et al, 2001)。PCR 反应的总体积为 60 μ L, 用大约 50 ng 的基因组 DNA 作为模板, 反应体系包括: 10 \times Buffer 6 μ L, dNTPs 0.75 μ L (10 mmol/L), 引物各 3 μ L (10 μ mol/L), *Taq* DNA 聚合酶 1.5U, 加灭菌双蒸水至 60 μ L。PCR 反应条件为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 然后循环包括: 94 $^{\circ}$ C 变性 45 s, 52—58 $^{\circ}$ C 退火 45 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 共 35 个循环; 最后在 72 $^{\circ}$ C 延伸 8 min。将获得的 PCR 产物送基因公司进行纯化回收, 采用扩增所用的引物对回收产物进行测序。序列递交 GenBank, 获得的序列号见表 1。

1.3 数据处理及分析

DNA 序列的排列使用 Clustal X 软件 (Thompson et al, 1997), 并在 SEAVIEW 程序 (Galtier et al, 1996) 中对序列进行手工调整。应用 Mega4 软件 (Tamura et al, 2007) 进行数据分析: 采用 Kimura 双参数模型计算遗传距离; 序列中各碱基的组成及变异情况用 Statistic 命令进行统计分析。序列的替代饱和性分析采用 DAMBE 软件 (Xia & Xie, 2001), 对转换 (transitions, TS)、颠换 (transversions, TV) 的绝对数目和遗传距离进行作

表 1 研究中所用标本及来源
Tab. 1 Specimens and their localities in the present study

属名 Genus	种名及单倍型 Species and haplotypes	采集地 Locality	所属水系 Drainage	标本号或序列号 Specimen Nos. or Accession Nos.	
薄鳅属 <i>Leptobotia</i>	张氏薄鳅 1 <i>L. tchangi</i> 1	江西上饶 Shangrao, Jiangxi	长江水系 Yangtze River	0000024/AY625719 ^b	
	张氏薄鳅 2 <i>L. tchangi</i> 2	江西上饶 Shangrao, Jiangxi	长江水系 Yangtze River	0000025/AY625720 ^b	
	张氏薄鳅 3 <i>L. tchangi</i> 3	江西上饶 Shangrao, Jiangxi	长江水系 Yangtze River	0000026/AY625721 ^b	
	天台扁尾薄鳅 1 <i>L. tientainensis</i> 1	江西婺源 Wuyuan, Jiangxi	长江水系 Yangtze River	0000027/AY625725 ^b	
	天台扁尾薄鳅 2 <i>L. tientainensis</i> 2	广西阳朔 Yangshuo, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0000028/AY625724 ^b	
	天台扁尾薄鳅 3 <i>L. tientainensis</i> 3	广西阳朔 Yangshuo, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0706057/EU282336	
	薄鳅 1 <i>L. pellegrini</i> 1	福建福安 Fu'an, Fujian	闽江水系 Minjiang River	0000029/AY625723 ^b	
	薄鳅 2 <i>L. pellegrini</i> 2	福建武夷山 Wuyishan, Fujian	闽江水系 Minjiang River	0301046/DQ105204 ^b	
	红唇薄鳅 1 <i>L. rubrilabris</i> 1	四川彭县 Pengxian, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0000021/AY625716 ^b	
	红唇薄鳅 2 <i>L. rubrilabris</i> 2	四川合江 Hejiang, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0000022/AY625717 ^b	
	长薄鳅 1 <i>L. elongata</i> 1	四川泸州 Luzhou, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0000023/AY625714 ^b	
	长薄鳅 2 <i>L. elongata</i> 2	四川泸州 Luzhou, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0000019/AY625715 ^b	
	汉水扁尾薄鳅 <i>L. hansuiensis</i>	湖南桃源 Taoyuan, Hu'nan	沅江水系 Yuanjiang River	0307110/DQ105205 ^b	
	紫薄鳅 <i>L. taeniops</i>	四川彭县 Pengxian, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0000020/AY625718 ^b	
	斑纹薄鳅 1 <i>L. zebra</i> 1	广西修仁 Xiuren, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0301037/DQ105206 ^b	
	斑纹薄鳅 2 <i>L. zebra</i> 2	广西永福 Yongfu, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0301038/DQ105207 ^b	
	斑纹薄鳅 3 <i>L. zebra</i> 3	广西龙胜 Longsheng, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0706058/EU282335	
	斑纹薄鳅 4 <i>L. zebra</i> 4	广西柳州 Liuzhou, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0706059/EU282334	
	斑纹薄鳅 5 <i>L. zebra</i> 5	广西龙胜 Longsheng, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0706068/EU282333	
	副沙鳅属 <i>Parabotia</i>	花斑副沙鳅 1 <i>P. fasciata</i> 1	广西南宁 Nanning, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0000032/AY625709 ^b
		花斑副沙鳅 2 <i>P. fasciata</i> 2	湖北武汉 Wuhan, Hubei	长江水系 Yangtze River	0000038/AY625710 ^b
		花斑副沙鳅 3 <i>P. fasciata</i> 3	广西柳州 Guangxi, Liuzhou	珠江水系 Pearl River	0706060/EU282337
		武昌副沙鳅 <i>P. banarescui</i>	湖南辰溪 Chenxi, Hu'nan	沅江水系 Yuanjiang River	0000037/AY625711 ^b
		漓江副沙鳅 <i>P. lijiangensis</i>	湖南辰溪 Chenxi, Hu'nan	沅江水系 Yuanjiang River	0000036/AY625713 ^b
		江西副沙鳅 <i>P. kiangsiensis</i>	湖南桃源 Taoyuan, Hu'nan	沅江水系 Yuanjiang River	0307108/AY625712 ^b

(续下表)

(接上表)

属名 Genus	种名及单倍型 Species and haplotypes	采集地 Locality	所属水系 Drainage	标本号或序列号 Specimen Nos. or Accession Nos.
中华沙鳅属 <i>Sinibotia</i>	中华沙鳅 1 <i>S. superciliaris</i> 1	四川彭县 Pengxian, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0000030/AY625704 ^b
	中华沙鳅 2 <i>S. superciliaris</i> 2	四川泸州 Luzhou, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0000031/AY625702 ^b
	中华沙鳅 3 <i>S. superciliaris</i> 3	四川南充 Nanchong, Sichuan	长江水系 Yangtze River	0307109/AY625703 ^b
	壮体沙鳅 1 <i>S. robusta</i> 1	广西南宁 Nanning, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0000033/AY625707 ^b
	壮体沙鳅 2 <i>S. robusta</i> 2	广西柳州 Liuzhou, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0307114/AY625708 ^b
	壮体沙鳅 3 <i>S. robusta</i> 3	广西昭平 Zhaoping, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0301041/DQ105208 ^b
	美丽沙鳅 1 <i>S. pulchra</i> 1	广西柳州 Liuzhou, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0301007/AY625705 ^b
	美丽沙鳅 2 <i>S. pulchra</i> 2	广西柳州 Liuzhou, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0301008/AY625706 ^b
	美丽沙鳅 3 <i>S. pulchra</i> 3	广西柳州 Liuzhou, Guangxi	珠江水系 Pearl River	0706061/EU282332
<i>Yasuhikotakia</i>	黑线沙鳅 1 <i>Y. nigrolineata</i> 1	云南勐仑 Menglun, Yunnan	澜沧江水系 Lancangjiang River	0301045/DQ105209 ^b
	黑线沙鳅 2 <i>Y. nigrolineata</i> 2			/AY887845*
	小沙鳅 <i>Y. sidthimunki</i>			/AY887842*
	穆尔沙鳅 <i>Y. morleti</i>			/AY887835*
	东方沙鳅 <i>Y. eos</i>			/AY887829*
	橙鳍沙鳅 <i>Y. modesta</i>			/AY887830*
	尾斑沙鳅 <i>Y. caudipunctata</i>			/AY887837*
	黄鳍沙鳅 <i>Y. lecontei</i>			/AY887839*
<i>Chromobotia</i>	皇冠沙鳅 <i>C. macracanthus</i> 1	武汉花鸟市场 Market in Wuhan		0301043/EU282330
	皇冠沙鳅 <i>C. macracanthus</i> 2	武汉花鸟市场 Market in Wuhan		0301044/EU282331
<i>Syncrossus</i>	斑鳍沙鳅 <i>S. beauforti</i>			/AY887817*
	缅甸沙鳅 <i>S. berdmorei</i>			/AY887823*
	李氏沙鳅 <i>S. reversa</i>			/AY887809*
	横带沙鳅 <i>S. hymenophys</i>			/AY887811*
	<i>S. aff. berdmorei</i>			/AY887812*
	<i>S. helodes</i>			/AY887819*
沙鳅属 <i>Botia</i>	伊洛瓦底沙鳅 <i>B. histrionica</i>			/AY887795*
	条纹沙鳅 <i>B. striata</i>			/AY887784*
	巴基斯坦沙鳅 <i>B. lohachata</i>			/AY887793*
	达林沙鳅 <i>B. dario</i>			/AY887799*
	突吻沙鳅 <i>B. rostrata</i>			/AY887788*
	<i>B. kubotai</i>			/AY887797*
	<i>B. almorhae</i>			/AY887790*
胭脂鱼属 <i>Myxocyprinus</i>	胭脂鱼 <i>M. asiaticus</i>			/AF036176*

* 表示从 GenBank 下载的序列, ^b 表示引自 Tang et al (2005, 2006) 的序列, 其余为新测序列。* Denotes a sequence downloaded from GenBank, ^b indicates a sequence cited from Tang et al (2005, 2006), others sequences are newly sequenced in this paper.

图分析。分子系统树的构建采用贝叶斯法 (Bayesian inferences, BI), 运用 MrBayes3.0b 软件 (Huelsenbeck & Ronquist, 2001), 以后验概率 (posterior probability) 来表示各分支的可信性。贝叶斯法中碱基替代模型的选择采用软件 Modeltest 3.06 (Posada & Crandall, 1998) 的似然法比检验 (likelihood ratio tests, LRTs) 来选择。

2 结果与分析

2.1 Cyt b 基因序列的变异

所有序列经比对分析后, 选择线粒体 Cyt b 基因的 1099bp 片段用于本研究。该片段 A、T、G、C 的平均含量分别为 28.9%、28.3%、14.3%、28.5%。A+T 的含量(57.2%)明显高于 C+G 的含量(42.8%), 这与其他鱼类线粒体基因 A、T 含量高, G、C 含量低的特点相似, 同时表现出强烈的低 G 碱基含量的碱基组成偏向性, 尤其在第三位点, G 的含量仅为 3.2%。这些结果都与以前的研究结果较为一致 (Tang et al, 2003, 2005; Zhu et al, 2006)。所有序列转换颠换比 (Ts/Tv) 的平均值为 2.62。在 1099 个位点中, 有 485 个变异位点, 其中简约信息位点为 413 个。序列替代的饱和性分析表明转换和颠换均未达饱和, 因此具有系统发育意义 (图未列出)。

基于 Kimura 双参数模型计算的序列两两间的变异情况表明, 斑纹薄鳅不同个体间的遗传变异范围为 0.003—0.018, 其他同一物种不同个体间的遗传

变异范围为 0.002—0.030, 沙鳅科同属内不同物种间的遗传变异情况为: 中华沙鳅属内的为 0.10—0.124, *Sycrossus* 属内的为 0.055—0.125, *Yasuhikotakia* 属内的为 0.104—0.164, 沙鳅属内的为 0.052—0.187, 薄鳅属 (除斑纹薄鳅) 内的为 0.055—0.102, 副沙鳅属内的为 0.081—0.106 (表未列出)。各类群间序列的变异情况为: 斑纹薄鳅和薄鳅属 (除斑纹薄鳅) 物种间的平均遗传距离为 0.177, 和中华沙鳅属物种间的平均遗传距离 0.099, 沙鳅科其他各属物种间的遗传变异范围为 0.106—0.193 (见表 2); 斑纹薄鳅与中华沙鳅属物种美丽沙鳅 *Sinibotia pulcher* 具有较近的亲缘关系, 二者间的平均遗传距离仅为 0.057。

2.2 分子系统发育分析

最适替代模型分析的结果表明, 最适合本数据组的替代模型为 GTR+I+G, 故在采用贝叶斯法 (BI) 构建系统发育树时替代模型参数的设置分别为 $nst=6$, $rates=invgamma$ 。

贝叶斯法构建的分子系统发育树如图 1。图 1 显示, 采自广西不同地区的 5 尾斑纹薄鳅聚在一起, 形成一个单系分支, 得到较强的支持 (支持率为 100%)。但是, 斑纹薄鳅并未和薄鳅属的物种聚在一起, 而是和中华沙鳅属的物种美丽沙鳅聚在一起, 形成姐妹群, 具有较近的亲缘关系, 且获得较高的支持率 (为 100%)。如果暂不考虑斑纹薄鳅, 以胭脂鱼作为外类群, 沙鳅科鱼类明显聚为两大分

表 2 基于 Kimura 双参数模型的沙鳅科鱼类各类群间的遗传距离
Tab. 2 The Kimura 2-parameter distance between the groups of the botiids

	沙鳅属 <i>Botia</i>	<i>Chromobotia</i>	<i>Yasuhikotakia</i> II	<i>Syncrossus</i>	中华沙鳅属 <i>Sinibotia</i>	斑纹薄鳅 <i>Leptobotia zebra</i>	<i>Yasuhikotakia</i> I	薄鳅属* <i>Leptobotia</i> *	副沙鳅属 <i>Parabotia</i>	胭脂鱼 <i>Myxocyprinus asiaticus</i>
沙鳅属 <i>Botia</i>										
<i>Chromobotia</i>	0.172									
<i>Yasuhikotakia</i> II	0.180	0.154								
<i>Syncrossus</i>	0.177	0.164	0.137							
中华沙鳅属 <i>Sinibotia</i>	0.175	0.165	0.145	0.129						
斑纹薄鳅 <i>Leptobotia zebra</i>	0.179	0.171	0.143	0.136	0.099					
<i>Yasuhikotakia</i> I	0.175	0.150	0.154	0.138	0.132	0.134				
薄鳅属* <i>Leptobotia</i> *	0.189	0.167	0.179	0.166	0.167	0.177	0.181			
副沙鳅属 <i>Parabotia</i>	0.193	0.181	0.180	0.168	0.164	0.173	0.182	0.106		
胭脂鱼 <i>Myxocyprinus asiaticus</i>	0.235	0.208	0.230	0.218	0.218	0.227	0.227	0.209	0.210	

*表示除斑纹薄鳅后的薄鳅属物种。

* Denotes the *Leptobotia* species except for *Leptobotia zebra*.

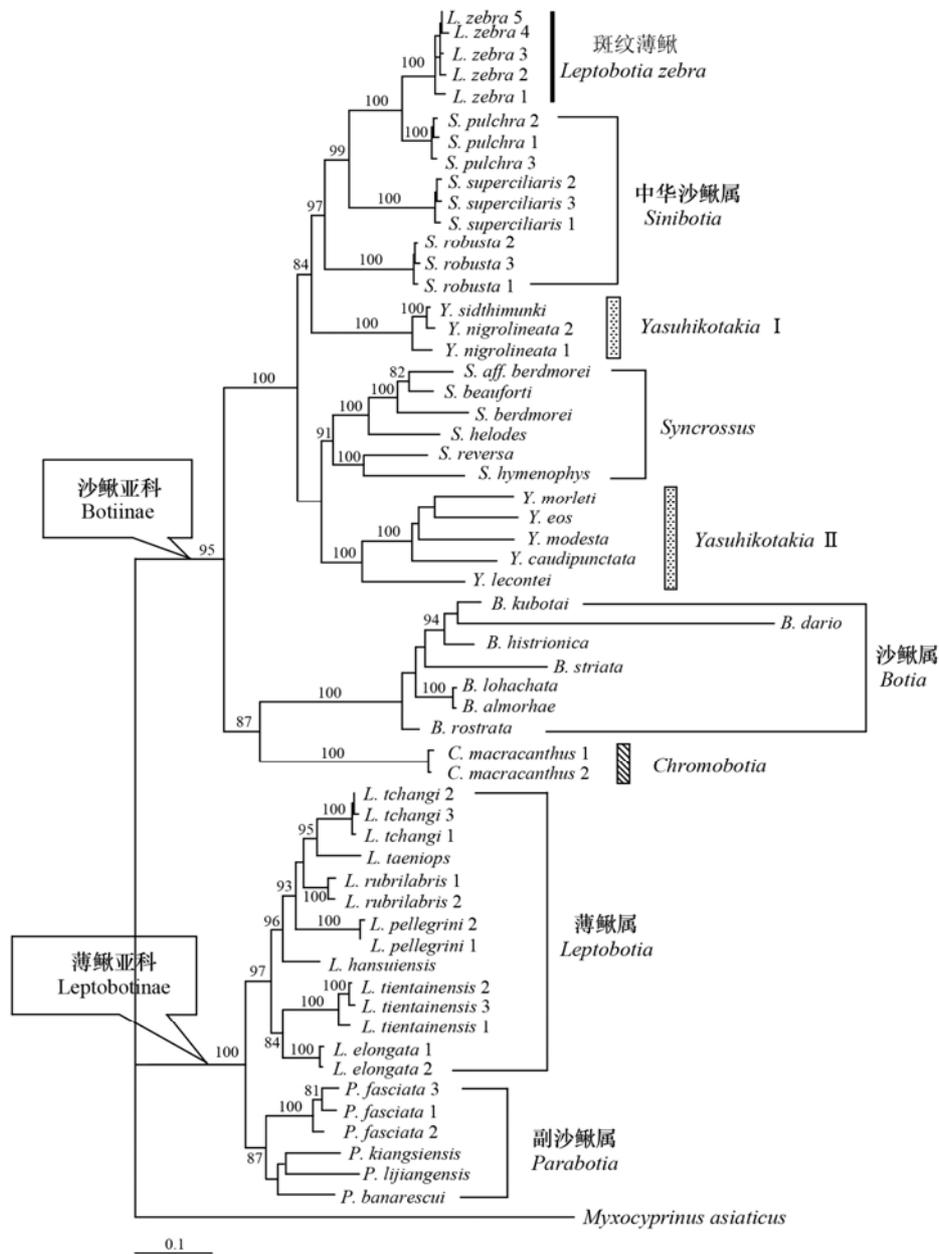


图 1 基于 Cyt *b* 基因序列构建的沙鳅科鱼类的贝叶斯树。节点处的数值表示后验概率 (未显示 80 以下的值)
Fig. 1 Bayesian tree of the family Botiidae based on the cytochrome *b* gene sequences. Values on the nodes present the posterior probabilities (Values lower than 80 are not shown)

支, 构成两个单系群, 对应于沙鳅亚科和薄鳅亚科, 支持率分别为 95% 和 100%。沙鳅亚科包括 5 个属, 除 *Yasuhikotakia* 属包含两个分支成为并系外, 其他 4 个属分别形成单系群。沙鳅属和 *Chromobotia* 属聚在一起形成姐妹群, 它们再和沙鳅亚科的其他 3 个属聚在一起, 形成姐妹群关系。薄鳅亚科中, 薄鳅属和副沙鳅属分别形成单系群, 支持率分别为 97% 和 87%。

2.3 形态学特征分析

我们检视了保存于中国科学院水生生物研究所淡水鱼类博物馆的斑纹薄鳅的模式标本、馆藏标本及新采的标本。根据原始描述及现有标本的观察结果, 将该物种的主要外部形态特征描述如下。

体长而侧扁; 吻稍尖, 其长短于眼后头长; 鼻孔位于吻端与眼后缘距离的中点; 眼小, 侧上位, 稍靠前; 眼间距小, 眼间隔稍凸出; 眼下刺不分叉,

其末端伸达眼后缘; 口下位, 唇厚, 其上有皱褶, 上下唇在口角处相连; 颏下具一对纽状突起; 须短小, 三对, 其中两对吻须, 聚生于吻端, 一对口角须, 稍长于眼径; 体被细鳞, 颊部裸露无鳞; 侧线完全, 延伸至尾柄中部。

各鳍短小。背鳍外缘平截, 起点更接近尾鳍基部而远离吻端; 腹鳍起点与背鳍起点相对或位于背鳍第一根分支鳍条下方, 末端不达肛门; 胸鳍短小, 伸达胸鳍腋部至腹鳍腋部距离的 1/3 处; 尾鳍深分叉, 上下叶等长。

酒精固定的标本体背部棕黑色, 腹部灰白色。体侧具不规则的分支或不分支的棕黑色垂直条纹, 在侧线下方不明显; 头两侧各具一条自鳃孔上角通过眼上缘至吻端的棕黄色亮条纹, 背鳍前方的背中线具一条棕黄色亮条纹或不规则的棕黄色亮斑 (但到头部也会连续成亮条纹), 亮条纹一直向前延伸至头背部正中的两鼻孔之间。背鳍起点前有一个马蹄形棕黄色斑纹。背鳍和臀鳍基部具一棕黑色带纹, 鳍间具一条黑色条纹, 尾鳍具 2—3 条不规则的斜形黑色条纹。

根据历史记载及目前采样情况统计, 该物种主要分布于广西的漓江水系、融江水系及柳江水系。

3 讨论

3.1 斑纹薄鳅的系统位置

从目前统计的各类群间 mtDNA *cyt b* 基因序列的变异情况来看, 斑纹薄鳅不同个体间的遗传变异范围为 0.003—0.018。沙鳅科不同物种间的遗传变异范围为 0.052—0.193。斑纹薄鳅与薄鳅属物种间的平均遗传距离为 0.177, 而沙鳅科鱼类不同属物种间的遗传变异范围为 0.106—0.193, 这说明斑纹薄鳅与薄鳅属物种间的变异已达到了属间的变异水平。同时, 斑纹薄鳅与中华沙鳅属物种美丽沙鳅的平均遗传距离仅为 0.057, 相当于沙鳅科鱼类同属内不同物种间的变异水平 (0.052—0.187)。因此, 斑纹薄鳅与薄鳅属物种关系较远, 和中华沙鳅属物种关系较近。

基于贝叶斯法构建的分子系统发育树表明, 斑纹薄鳅和中华沙鳅属物种美丽沙鳅聚在一起形成姐妹群, 这暗示斑纹薄鳅和美丽沙鳅、中华沙鳅及壮体沙鳅一样, 都隶属于中华沙鳅属。如果将斑纹薄鳅归为中华沙鳅属, 则薄鳅属和中华沙鳅属分别聚为单系。这样, 沙鳅科的 7 个属中, 除 *Yasuhiko-*

takia 属聚成两个分支形成并系外, 其他 6 个属分别聚为单系群。薄鳅属和副沙鳅属聚在一起, 构成薄鳅亚科, 其他 5 个属聚在一起构成沙鳅亚科。该结果与之前沙鳅鱼类基于 *Cyt b* 基因和 12S rRNA 基因的研究结果较为一致 (Slechtova et al, 2006)。

因此, 从序列变异情况和系统发育关系分析来看, 斑纹薄鳅应该是属于中华沙鳅属的物种。

伍献文 (Wu, 1939) 最初描述该物种时, 发现该物种眼下刺不分叉, 颊部裸露无鳞。按照前人的分类观点, 颊部裸露应为沙鳅属物种的共同特征, 而眼下刺不分叉则是薄鳅属物种的特征, 但他最后仍将该物种定为斑纹沙鳅 (*Botia zebra*)。后来的研究者发现该物种的颊部有鳞, 但不明显, 所以将其改归为薄鳅属的物种, 定名为斑纹薄鳅 (*Leptobotia zebra*) (Chen, 1980; Zheng, 1989)。但是, 目前的研究结果表明, 斑纹薄鳅和中华沙鳅属的物种聚在一起, 具有较近的亲缘关系。重新检视模式标本、馆藏标本及新采标本后发现该物种的颊部裸露无鳞, 颊部具一对纽状突起, 符合中华沙鳅属鱼类的分类特征, 但是该物种同时又具有眼下刺简单不分叉的薄鳅属物种的特征。

综合形态学和分子数据分析的结果, 斑纹薄鳅 (*Leptobotia zebra*) 应从以前的沙鳅科薄鳅亚科薄鳅属订正为沙鳅科沙鳅亚科中华沙鳅属, 其学名为斑纹沙鳅 (*Sinibotia zebra*)。

3.2 沙鳅科鱼类属的特征及演化

传统观点认为, 沙鳅鱼类由沙鳅属、副沙鳅属和薄鳅属 3 个属组成, 其中沙鳅属包括了 3 个亚属。近年来由于新种的不断建立, 尤其是沙鳅属鱼类, 由以前的 26 个种 (Chen, 1980) 增加到现在的 33 个种 (Fishbase 2007 年 8 月统计)。为了体现该类群物种丰富的多样性, 原沙鳅属鱼类被划分为 5 个属 (Kottelat, 2004; Nalbant, 2002)。因此, 沙鳅科鱼类由以前的 3 个属增加到现在的 7 个属。以本研究所得的沙鳅科鱼类分子系统发育关系为基础, 结合沙鳅科各属的形态特征, 可以对沙鳅科各属鱼类形态特征的演化进行讨论。

胭脂鱼在系统发育位置上被认为是比鳅类更为原始的一个类群 (Wu et al, 1981)。以胭脂鱼的特征作为原始类型来进行沙鳅科鱼类的特征分析, 接近胭脂鱼的特征为祖征, 偏离的派生特征为离征。目前的分子系统树显示: 沙鳅科包括沙鳅亚科和薄鳅亚科两大类群, 具有较大的遗传差异。形态学特

征分析发现, 胭脂鱼的颊部裸露, 故沙鳅亚科各属鱼类的颊部裸露, 应为祖征, 薄鳅亚科各属鱼类颊部具鳞, 应为离征。

口唇结构是一个较为稳定的特征, 可以很好地运用于属间及亚科级间的系统发育关系分析 (Nalbant, 1963)。胭脂鱼的口唇结构较为复杂, 唇厚, 具吻褶, 无须。沙鳅亚科鱼类中, 口唇结构较为复杂, 唇厚, 具皱褶, 颞部具一对纽状突起或一对颞须, 与胭脂鱼类类似, 应为祖征; 在薄鳅亚科中, 除个别种外, 口唇结构都较为简单, 唇薄, 皱褶不明显, 颞部不具突起或颞须, 因此应为离征。薄鳅属个别种 (红唇薄鳅和黄线薄鳅) 还存有纽状突起, 可能是未退化完全的表现。

眼下刺是由侧筛骨的外侧突特化而成的, 存在于沙鳅科和花鳅科鱼类, 是鳅类中一个较为稳定的分类特征。由于外类群胭脂鱼不具眼下刺, 所以眼下刺是鳅类的离征。但是条鳅科与平鳍鳅科鱼类不具眼下刺, 沙鳅科和花鳅科并不构成姐妹群 (Slechtova et al, 2007; Tang et al, 2006), 眼下刺的存在不是沙鳅科和花鳅科的共同离征。眼下刺的演化在鳅类中出现了反复(reverse)。花鳅科中眼下刺存在时均具有分叉。在沙鳅科中存在分叉和不分叉两种特征状态。如果以花鳅科作外类群, 则沙鳅科

中眼下刺分叉为祖征, 不分叉为离征。薄鳅属的眼下刺简单不分叉, 其他 6 个属除斑纹沙鳅外, 眼下刺均分叉。因此, 眼下刺的分叉与不分叉在沙鳅科中也出现了非同源的演化。

胭脂鱼颅顶具一长而明显的凶门, 因此, 薄鳅属和中华沙鳅属颅顶不具凶门为一离征, 但是本研究系统发育分析显示薄鳅属和中华沙鳅属不是姐妹群, 所以不具凶门这一特征是分别演化的。沙鳅科其他 5 个属颅顶具凶门为祖征。

沙鳅科鱼类中, *Sycrossus* 属、*Yasuhikotakia* 属、*Chromobotia* 属及副沙鳅属等都有特殊的稳定的体色模式。推测这些体色模式可能是各属鱼类为了适应所处的生活环境而产生的自在离征。

由以上的特征演化分析可以发现, 沙鳅亚科较薄鳅亚科的鱼类显示了更多的类似于胭脂鱼的特征, 因此在系统发育位置上, 沙鳅亚科的鱼类应排在薄鳅亚科鱼类之前。同时, 沙鳅科有许多特征的演化是非同源的, 如眼下刺的分叉和不分叉、凶门的有无等, 反映了沙鳅科特征演化的多样性和复杂性。本研究中的斑纹沙鳅, 具有中华沙鳅属的多数鉴别特征, 如颊部裸露、颞部具一对纽状突起、颅顶无凶门等, 但是以眼下刺简单不分叉这一特征区别于同属的其他物种。

沙鳅科各属鱼类形态特征的检索表

- 1a. 颊部裸露; 口唇结构复杂, 具颞叶或颞须, 大部分种类唇厚, 具皱褶; 除个别种 (斑纹沙鳅) 外, 眼下刺均分叉 (沙鳅亚科)2
- 1b. 颊部具鳞片; 口唇结构简单, 大部分种类无颞叶, 唇薄, 皱褶不明显; 眼下刺分叉或不分叉 (薄鳅亚科)6
- 2a. 颞下具一对纽状突起.....3
- 2b. 颞下的纽状突起特化成颞须.....5
- 3a. 大部分种类颅顶无凶门.....中华沙鳅属 *Sinibotia*
- 3b. 颅顶具凶门.....4
- 4a. 眼下刺直, 几乎不弯曲; 整个生活史中体侧都具有规则而狭窄的横斑纹, 有些种类体侧具较多的纵列黑斑点.....*Sycrossus*
- 4b. 眼下刺较弯曲; 成体大多数种类体灰色, 无横斑纹, 尾柄末端具一明显的大黑斑块, 少数种类沿体侧或背部具黑色纵纹, 幼体体侧具明显的横斑纹.....*Yasuhikotakia*
- 5a. 前室鳃完全为骨质包被, 后室鳃大或退化; 颅顶凶门小.....沙鳅属 *Boita*
- 5b. 前室鳃部分为骨质包被, 后室鳃大, 颅顶凶门大, 椭圆形; 体具三条宽大的黑色横斑纹横跨体背部即两侧, 其中一条跨过眼睛, 生活时体基色为橙红色.....*Chromobotia*
- 6a. 眼下刺分叉; 颅顶具凶门; 尾鳍基中央具一黑斑 (小副沙鳅为一垂直条纹).....副沙鳅属 *Parabotia*
- 6b. 眼下刺简单不分叉; 颅顶无凶门; 尾鳍基中央无一黑斑.....薄鳅属 *Leptobotia*

致谢: 曾燊博士、廖彩萍博士、郭宪光博士及杨雷博士在野外样本采集中给予了大力的支持, 使

本研究得以顺利进行, 在此谨致衷心的感谢。

参考文献:

- Chen JX. 1980. A Study on the Classification of the botoid fishes of China [J]. *Zool Res*, **1**(1): 3-25. [陈景星. 1980. 中国沙鳅亚科鱼类系统分类的研究. *动物学研究*, **1**(1):3-25.]
- Cheng QT, Zheng BS. 1987. Systematic Synopsis of Chinese Fishes, Vol. 1[M]. Beijing: Science Press. [成庆泰, 郑葆珊. 1987. 中国鱼类系统检索. 北京: 科学出版社.]
- Fang PW. 1936. Study on the botoid fishes of China [J]. *Sinensia*, **7**: 1-48.
- Galtier N, Gouy M, Gautier C. 1996. SEAVIEW and PHYLO-WIN: two graphic tools for sequence alignment and molecular phylogeny [J]. *Comput Appl Biosci*, **12**: 543-548.
- Hora SL. 1922. Notes on fishes in the Indian Museum: IV, On fishes belonging to the genus *Botia* (Cobitidae) [J]. *Records of the Indian Museum*, **24** (3): 313-321.
- Huelsenbeck JP, Ronquist F. 2001. MrBayes: Bayesian inference of phylogeny [J]. *Bioinformatics*, **17**: 754-755.
- Kottelat M. 2004. *Botia kubotai*, a new species of loach (Teleostei: Cobitidae) from the Ataran River basin (Myanmar), with comments on botine nomenclature and diagnosis of a new genus [J]. *Zootaxa*, **401**: 1-18.
- Nalbant T. 1963. A study of the genera of Botiinae and Cobitinae (Pisces, Ostariophysi, Cobitidae) [J]. *Travaux Du Muséum D'histoire Naturelle "Grigore Antipa"*, **4**: 343-375.
- Nalbant T. 2002. Sixty million years of evolution. Part one: family Botiidae (Pisces: Ostariophysi: Cobitidae) [J]. *Travaux Du Muséum D'histoire Naturelle "Grigore Antipa"*, **44**: 343-379.
- Posada D, Crandall KA. 1998. Model test: Testing the model of DNA substitution [J]. *Bioinformatics*, **14**: 817-818.
- Slechtova V, Bohlen J, Freyhof J, Rab P. 2006. Molecular phylogeny of the Southeast Asian freshwater fish family Botiidae (Teleostei: Cobitoidea) and the origin of polyploidy in their evolution [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **39**(2): 529-541.
- Slechtova V, Bohlen J, Tan HH. 2007. Families of Cobitoidea (Teleostei; Cypriniformes) as revealed from nuclear genetic data and the position of the mysterious genera *Barbucca*, *Psilorhynchus*, *Serpenticobitis* and *Vaillantella* [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **44**: 1358-1365.
- Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. *Molecular Biology and Evolution*, **24**: 1596-1599.
- Tang QY, Liu HZ, Mayden RL, Xiong BX. 2006. Comparison of evolution rates in the mitochondrial DNA cytochrome b gene and Control region and their implications for the phylogeny of the Cobitoidea [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **39**: 347-57.
- Tang QY, Xiong BX, Yang XP, Liu HZ. 2005. Phylogeny of the East Asian botiine loaches (Cypriniformes, Cobitidae) inferred from mitochondrial cytochrome b gene sequences [J]. *Hydrobiologia*, **544**: 249-258.
- Tang QY, Yang XP, Liu H. 2003. Biological process of *Spinibarbus caldwelli* revealed by sequence variation of mitochondrial cytochrome b gene [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, **27**(4): 352-356. [唐琼英, 杨秀平, 刘焕章. 2003. 刺鲃基于线粒体细胞色素 b 基因的生物地理学过程. *水生生物学报*, **27**(4): 352-355.]
- Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F. 1997. The Clustal X windows interface: Flexible strategies for multiple sequences alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Res*, **25**(4): 4876-4882.
- Wu HW. 1939. On the fishes of Li-Kiang [J]. *Sinensia*, **10**(1-6): 92-142.
- Wu XW, Chen YY, Chen XL, Chen JX. 1981. A taxonomical system and phylogenetic relationship of the families of the suborder Cyprinoidei (Pisces) [J]. *Sci Sin*, **24**: 563-572. [伍献文, 陈宜瑜, 陈湘霖, 陈景星. 1981. 鲤亚目鱼类分科的系统 and 科间系统发育的相互关系. *中国科学*, **24**: 563-572.]
- Xia X, Xie Z. 2001. DAMBE: Data analysis in molecular biology and evolution [J]. *Journal of Heredity*, **92**: 371-373.
- Xiao W, Zhang Y, Liu H. 2001. Molecular systematics of Xenocyprinae (Teleostei: Cyprinidae): Taxonomy, biogeography, and coevolution of a special group restricted in east Asia [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **18**: 163-173.
- Zheng CY. 1989. Fishes of the Zhujiang River [M]. Beijing: Science Press. [郑慈英. 1989. 珠江鱼类志. 北京: 科学出版社.]
- Zhu SQ. 1995. Synopsis of Freshwater Fishes of China [M]. Nanjing: Jiangsu Science and Technology Publishing House. [朱松泉. 1995. 中国淡水鱼类检索. 南京: 江苏科技出版社.]
- Zhu YR, Liu HZ. 2006. Genetic diversity and biogeographical process of *Acheilognathus macropterus* revealed by sequence variations of mitochondrial cytochrome b gene [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, **30**(2): 134-140. [朱玉蓉, 刘焕章. 2006. 大鳍鱮基于细胞色素 b 基因序列的遗传变异及生物地理过程. *水生生物学报*, **30**(2): 134-140.]