

## 基于多变量形态度量学和线粒体 Cyt *b* 序列的鲈属鱼类分类探讨

海 萨<sup>1,2</sup>, 李家乐<sup>1,\*</sup>, 冯建彬<sup>1</sup>, 木拉提<sup>3</sup>

(1. 上海水产大学 生命学院, 上海 200090; 2. 新疆水产科学研究所, 乌鲁木齐 830000;

3. 新疆伊犁州水利局特克斯河管理处, 伊犁 835000)

**摘要:** 鲈属鱼类的分类在学术界尚存在很多争议。本文通过鲈属鱼类 32 个多变量形态学参数和 1134 bp 的线粒体 DNA 细胞色素 *b* 序列的比较, 对鲈属鱼类分类问题做了探讨。结果显示河鲈和伊犁鲈之间的形态距离为 0.15, 黄金鲈和伊犁鲈为 0.14, 河鲈和黄金鲈为 0.09, 在形态上黄金鲈和河鲈较接近, 而伊犁鲈与前两者差异明显; 主成分 2 (16.09%) 对主成分 1 (21.71%) 作图结果显示黄金鲈和河鲈有重叠区, 而伊犁鲈与其它二种鲈有较大差距; 细胞色素 *b* 同源序列差异百分比为河鲈与伊犁鲈 13.08%、黄金鲈与伊犁鲈 10.68%、黄金鲈与河鲈 11.47%, 鲈属鱼类间的碱基差异属于种间的遗传差异。MP、NJ 和 ML 三种系统发育树在河鲈、黄金鲈和伊犁鲈三个种或亚种之间的拓扑结构一致, 显示黄金鲈与伊犁鲈的演化关系较河鲈为近。根据 20 个样本的细胞色素 *b* 基因序列的遗传差异和系统发育树以及地理分布上的繁殖隔离, 我们进一步认定黄金鲈和河鲈是不同的种, 鲈属鱼类包括伊犁鲈、河鲈和黄金鲈三个种。

**关键词:** 鲈属; 形态; 系统发育; 细胞色素 *b*

中图分类号: Q959.483; Q349 文献标识码: A 文章编号: 0254-5853 (2008) 02-0113-08

## Systematics of *Perca* Species Based on Multivariate Morphometrics and Mitochondrial Cytochrome *b* Gene Variation Analysis

HAI Sa<sup>1,2</sup>, LI Jia-le<sup>1,\*</sup>, FENG Jian-bin<sup>1</sup>, MU La-ti<sup>3</sup>

(1. College of Aqua-life Science and Technology of Shanghai Fisheries University, Shanghai 200090; 2. Xinjiang Fisheries Research Institute,

Urumuqi 830000; 3. Teks Rivers Administration Office of Ili Irrigation Works Bureau, Ili 835000)

**Abstract:** This paper investigated the classification of the genus *Perca* based on the 32 multivariate morphometrics and the 1134bp sequences of mitochondrial cytochrome *b* (Cyt *b*) gene. The result of multivariate morphometric analyses showed that the distance between *P. fluviatilis* and *P. schrenki*, between *P. schrenki* and *P. flavescens*, between *P. fluviatilis* and *P. flavescens* was 0.15, 0.14, 0.09, respectively. *Perca fluviatilis* and *P. flavescens* were much more similar in morphology, and there was a remarkable difference between *P. schrenki* and the two other species. In the scatter-plot figure based on principal components 1 to 2, there was an overlapping section between *P. fluviatilis* and *P. flavescens*, but there was no overlapping section between *P. schrenki* and the two others. In the analysis of mitochondrial cytochrome *b* gene, the percentage nucleotide sequence divergence between *P. fluviatilis* and *P. schrenki*, between *P. schrenki* and *P. flavescens*, between *P. fluviatilis* and *P. flavescens* was 13.08%, 10.68%, 11.47% respectively. The sequence divergences among the three *Perca* species were within interspecific divergence. Molecular phylogenetic trees were constructed based on the sequences of 20 samples with maximum parsimony (MP), neighbor-joining (NJ) and Maximum likelihood methods. The topological structures of the three trees were consistent, and they all showed that the relationship between the *P. schrenki* and *P. flavescens* was much closer than that between *P. fluviatilis* and *P. flavescens*. From the genetic divergence of the Cyt *b* gene and the isolation in geographic distribution, we further concluded that *P. fluviatilis* and *P. flavescens* were different species. The genus *Perca* therefore, includes three species, *P. fluviatilis*, *P. schrenki* and *P. flavescens*.

收稿日期: 2007-11-08; 接受日期: 2008-01-08

基金项目: 上海市重点学科建设项目(Y1101); 上海高校水产养殖学 E-研究院建设项目 (03E009); 上海市科委基础重大项目 (编号 06DJ14003)

\* 通讯作者(Corresponding author), E-mail: jlli@shfu.edu.cn

第一作者简介: 海萨 (1972-), 男, 新疆福海县人, 高级工程师, 主要从事渔业资源与鱼类养殖研究。E-mail:hbhajan@126.com

**Key words:** *Perca*; Morphology; Phylogeny; Mitochondrial cytochrome *b* gene

鲈属 (*Perca*) 鱼类属硬骨鱼纲 (Osteichthyes)、鲈形目 (Perciformes)、鲈亚目 (Percoidei)、鲈科 (Percidae), 目前仅有河鲈 (*P. fluviatilis*)、伊犁鲈 (*P. schrenki* Kessler) 和黄金鲈 (*P. flavescens*) 三种。其中, 河鲈分布在全欧洲以及里海、咸海、黑海、西伯利亚东部科离马河流域以西的整个北冰洋水系(Никольский, 1954; Ren et al, 2002), 在我国仅分布于额尔齐斯河及乌伦古湖流域(Ren et al, 2002; Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences et al, 1979)。伊犁鲈分布在伊犁河-巴尔喀什湖以及额敏河-阿拉胡水系(Митрофанов, 1989; Ren et al, 1998), 在我国的伊犁河及额敏河均有分布(Ren et al, 1998)。黄金鲈主要分布于北美洲东部的拉布拉多到佐治亚州及密西西比河东部的海域(Nelson, 1984; Collette et al, 1977)。

鲈属鱼类中, 伊犁鲈与其他二种鲈的形态特征差异明显, 而河鲈和黄金鲈虽然地理分布绝对隔离, 但两者形态特征和生物学特性极其相似。不同学者对河鲈和黄金鲈的分类地位提出了不同的观点, 最初 Никольский(1954)以及 Световидов et al(1963)认为黄金鲈是河鲈分布在北美洲的亚种, 后来 Collette et al(1977)基于河鲈和黄金鲈鳍基骨位置的差异认为黄金鲈和河鲈是独立的物种, Nelson(1984)和 Митрофанов(1989)也认为河鲈、黄金鲈及伊犁鲈是不同的物种。

细胞色素*b* (*cyt b*) 基因片段具有进化速度适宜以及典型的母系遗传等特点, 可用于种群间、种间、属间甚至科间的系统发育等研究(Xiao et al, 2000)。与其它许多脊椎动物一样, 细胞色素*b*基因也是鱼类分子系统学研究中应用较多的分子标记, 已被广泛用于分子系统发育、种群遗传和物种分化研究等方面(Xiao et al, 2000)。本文基于可量性状、框架参数和细胞色素*b*标记为基础, 对鲈属鱼类的分类问题进一步进行探讨, 为鲈属鱼类的分类及这些物种的种质资源保护和利用提供基础资料。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

河鲈于 2007 年 4 月采自新疆额尔齐斯河流域 185 团河段, 伊犁鲈于 2007 年 5 月采自新疆伊犁河支流霍尔果斯河流域的 63 团水库, 黄金鲈由上海

爱格斯生态科技有限公司提供, 来自于美国。河鲈和伊犁鲈形态数据测量样本数各为 35 尾, 黄金鲈为 33 尾。

### 1.2 方法

参照 Li et al(1998) 对尼罗罗非鱼框架坐标点的选择, 建立鲈属鱼类的框架坐标点, 并对 103 尾鱼的 26 个框架数据及全长、体长、体高、头长、吻长、眼间距、眼径、尾柄长和尾柄高等可量性状进行测量。可量性状数据测量准确度为 0.5mm, 框架数据的测量准确度达到 0.1mm。框架数据的测量位点见图 1。

总DNA提取参照Liang et al(1994)的方法从鳍条中提取, 正反向引物序列分别为L14724 5'-GACTTGAAAAACCACCGTTG-3' 和 H15915 5'-CTCCGATCTCCGATTACAAGAC-3'(Okazaki, 1999)。50μL反应体系包括 5.0μL的 10×缓冲液, 4.0μL MgCl<sub>2</sub>(25mmol/L), 4.0μL dNTP, 各 1.0μL的正反向引物, 50—100ng模板DNA, 2U Taq酶, 灭菌 ddH<sub>2</sub>O 补齐。反应程序: 预变性 94℃ 4min; 35 个循环, 每个循环包括变性 94℃ 45s, 退火 54℃ 45s, 延伸 72℃ 1min; 延伸 72℃ 10min, 保温 4.0℃。将PCR产物送往上海Sangon公司, 纯化后直接进行双向测序。测序仪器为ABI 3730, 测序试剂为Big Dye terminator v 3.1。

### 1.3 数据分析

1.3.1 形态数据分析 24 个框架数据和 8 个可量性状数据输入到 Excel2003 中, 并所有数据除以全长进行校准。校准数据利用 STATISTICA6.0 软件(Hong et al, 2002)进行聚类分析和主成分分析。

1.3.2 细胞色素*b*数据分析 利用Bioedit软件对序列进行排序并辅以手工校正, 核苷酸的组成和可变位点等遗传变异分析采用MEGA Version3.1软件(Kumar et al, 2004)。使用PAUP 4.0b10软件(Swofford, 2002)运用g1 statistic和PTP test方法对整理后的序列进行评估。外群为伏鲈属(*Ammocrypta*)的 *A. beani*、*A. bifascia*、*A. vivax*和*A. clara* (GenBank 登录号分别为: AF386535、AF18394、AF183944和AF183941)。

系统发育分析使用PAUP 4.0b10中的最大简约法(Maximum parsimony, MP)、邻接法(Neighbor-joining, NJ)、最大似然法(Maximum likelihood,

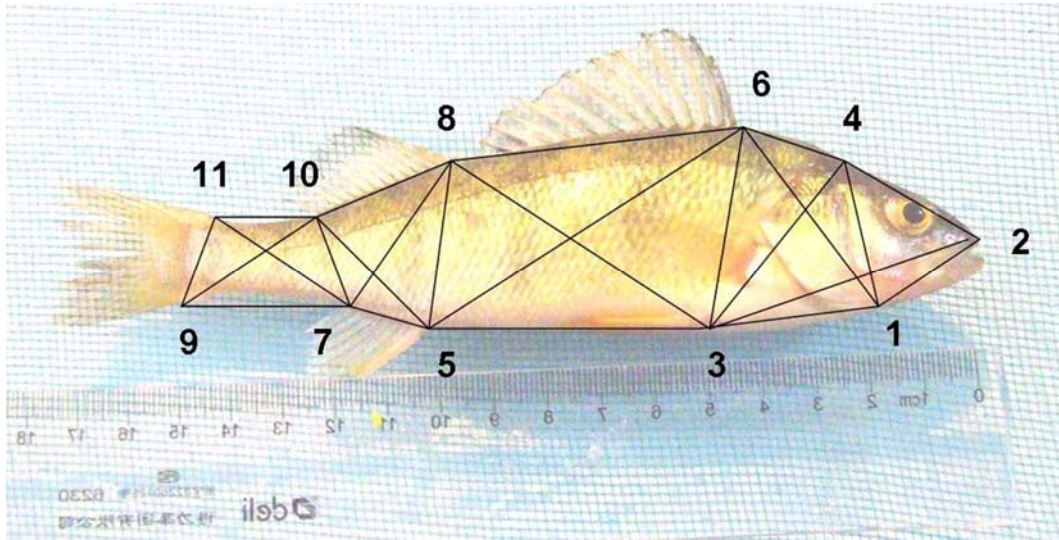


图 1 鲈属鱼类框架测量图

Fig. 1 Drawing for measuring truss network of *Perca*

1. 下颌骨最后端 (Posterior end of maxilla); 2. 吻前端 (Tip of snout); 3. 腹鳍起点 (Original of pelvic fin); 4. 额部有鳞部最前端 (First scale on skull); 5. 臀鳍起点 (Origin of anal fin); 6. 第一背鳍起点 (Origin of dorsal fin); 7. 臀鳍末端 (End of anal base); 8. 第二背鳍起点 (Orgina of 2<sup>nd</sup> dorsal fin); 9. 尾鳍腹部末端 (Ventral origin of caudal fin); 10. 第二背鳍末端 (End of 2<sup>nd</sup> dorsal base); 11. 尾鳍背部起点 (Dorsal origin of caudal fin)。

ML)。其中MP法分析使用启发式搜寻 (hsearch), 参数设置为nreps=1000、addseq=random, 构树方法为树二等分再连接选项 (tree-bisection-reconnection, TBR)。系统发育树描述中的步长 (Tree length, TL)、一致性指数 (Consistency index, CI)、保留指数 (Retention index, RI)等由PAUP提供的报告。系统树的可靠性由1000次bootstrap来检验。NJ法使用HKY85遗传距离, 系统树的可靠性由1000次bootstrap来检验。ML法使用1个最大简约树为启动树进行启发式搜寻, 最大简约启动树的评分结果是 $-\ln L=4610.65569$ , 碱基频率分别是A=0.24071、C=0.29704、G=0.15807、T=0.30417, Ti/tv的经验比率=3.643385, kappa=6.803035, Shape=0.274126, 系统树的可靠性由100次bootstrap来检验。

## 2 结果

### 2.1 形态数据分析

基于3种鲈属鱼类的可量性状和框架参数的聚类分析结果显示河鲈和伊犁鲈之间的形态距离为0.15, 黄金鲈和伊犁鲈为0.14, 河鲈和黄金鲈为0.09, 在形态上黄金鲈和河鲈较接近, 而伊犁鲈与前两者差异明显, 如图2所示。

河鲈、黄金鲈和伊犁鲈三者之间总变异方差的贡献率分别为: 主成分1为21.71%, 主成分2为

16.09%, 主成分3为9.70%, 主成分2对主成分1作图结果见图3, 从图中可以看出黄金鲈和河鲈有重叠区, 而伊犁鲈与前两种鲈鱼有较大差距。

### 2.2 细胞色素 *b* 分析

2.2.1 序列变异 经比对获得鲈属鱼类3个种或亚种的20个个体1134 bp长的细胞色素 *b* 序列 (GenBank 登录号 EU348833-EU348852), 其中保守位点906个, 变异位点228个, 简约信息位点203个, 单个变异位点25个。T、C、A、G含量分别为30.7%、29.2%、24.4%、15.7%, 其中A+T含量(55.1%)高于C+G含量(44.9%)。组成三联体密码子的变异较大(见图4), 第一位点四个碱基间的变化不大, 第二位点T碱基的频率高达41.0%, 第三位点C碱基的频率为37.6%而G碱基的频率只有6.2%。序列中的转换明显比颠换多, 转换与颠换之

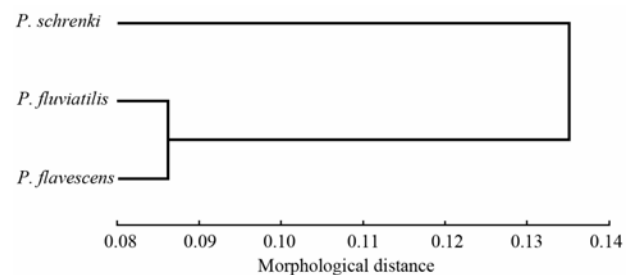


图 2 鲈属鱼类形态聚类分析图

Fig. 2 Clustering dendrogram of *Perca*

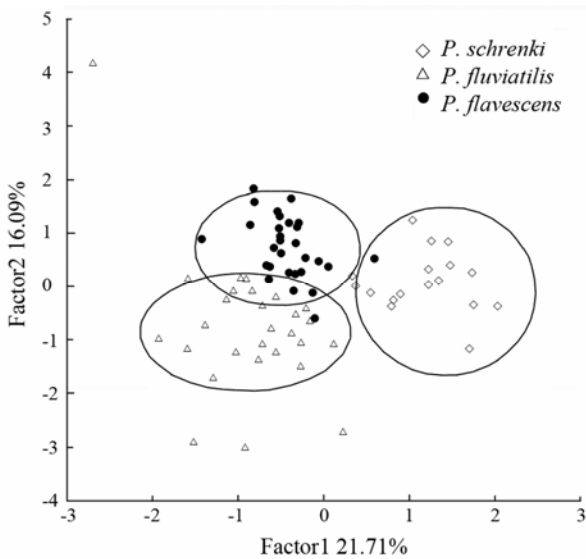


图 3 鲈属鱼类形态主成分分布图

Fig. 3 Map of principal component analysis of *Perca*

比值为 3.90(Kimura 双因子参数模型), 所有碱基的平均转换/颠换比  $>2$ , 表明这些序列碱基替代还没有达到饱和点, 适合进行系统发育分析 (Chen et al, 2006; Maddison et al, 1984)。这些模式与其他鲈总科鱼类的相似(Kinziger, 2001; Zhuang et al, 2006)。黄金鲈与河鲈之间的同源序列碱基差异百分比平均为 11.47%, 黄金鲈和伊犁鲈的为 10.68, 河鲈与伊犁鲈为 13.08。种或亚种内个体间的碱基百分比河鲈平均为 0.77%、伊犁鲈 1.33%, 黄金鲈 1.07%。 $g1$  值一般为随机抽取 10000 棵树进行运算后的值, 当  $g1 < 0$  时序列有意义, 而 PTP 检验结果  $P \leq 0.05$  时序列组可以进行分子系统发生分析。鲈属鱼类 *cyt b* 序列  $g1 = -0.574$ ,  $P = 0.01$ , 说明分析序列组有意义, 可以进行分子系统发生分析。

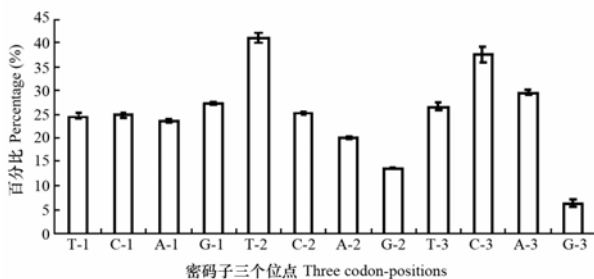


图 4 密码子三个位点的碱基组成频率

Fig. 4 Base frequencies at the three codon-positions

## 2.2 系统树的构建

应用 MP、NJ 和 ML 构建鲈属鱼类的分子系统发育树, MP 树和 NJ 树个分支上的可靠性用 1000

次 bootstrap 来检验, ML 树是用 100 次 bootstrap 来检验。MP 树树长 647、一致性指数 (Consistency index, CI)=0.7218, 保留指数 (Retention index, RI) = 0.8952。

构建的 MP、NJ 和 ML 三个树分别在河鲈、黄金鲈和伊犁鲈之间的拓扑结构一致, 在种或亚种内个体间的拓扑结构有差异, 显示黄金鲈与伊犁鲈的遗传关系较河鲈为近 (见图 5, 6, 7)。

## 3 讨论

鱼类的生物学特征特别是形态学特征, 是鱼类分类学研究传统而又重要的方法。Световидов(1963)等研究认为黄金鲈和河鲈是北美和亚欧大陆分布的同一个种, 西伯利亚东部科离马河流域分布的河鲈形态特征介于欧洲分布的河鲈和北美分布的黄金鲈之间, 并把科离马河流域的河鲈命名为 *Perca fluviatilis intermedius*, 欧洲亚种 (河鲈) 命名为 *P. fluviatilis fluviatilis*, 北美亚种 (黄金鲈) *P. fluviatilis flavescens*。从鲈属鱼类各鳍鳍式、侧线鳞数等可数性状比较来看, 伊犁鲈与其他两种鲈鱼有着明显的差异, 而河鲈这些可数性状的变化范围包含了黄金鲈可数性状的变化范围(Thorpe, 1977; Митрофанов, 1989; Ren et al, 1998; Ren et al, 2002)。而从性腺发育、性成熟年龄、怀卵量、卵的特征和孵化特性、幼体发育、食性及栖息环境等生物学和生态学特性来比较黄金鲈和河鲈极其相似(Thorpe, 1977; Митрофанов, 1989; Ren et al, 2002), 没有生物学特征证明黄金鲈和河鲈是两个独立的物种(Thorpe, 1977)。本研究基于可量性状和框架参数的聚类 and 主成分分析研究, 发现同属的伊犁鲈与其他两种鲈鱼的相距较远, 但黄金鲈和河鲈的形态上较为相近, 因此从形态学上难以确定黄金鲈和河鲈的分类地位。而 Collette et al (1977)认为 *P. flavescens* 的第一背鳍前基骨延伸至第一和第三髓棘之间, 而 *P. fluviatilis* 则延伸至第一髓棘的前部, *P. flavescens* 的支撑第一背鳍骨的鳍条延伸至第二至第三髓棘之间, *P. fluviatilis* 则延伸与第一和第二髓棘之间, 通过透射显影同样发现, 这种关系在 120 尾 *P. fluviatilis* 和 65 条 *P. flavescens* 均保持不变, 梅花鲈的前背鳍骨也位于第一髓棘前部, 这表明 *P. flavescens* 背鳍的相对位置是改种分化的条件, 因此 *P. flavescens* 确实是一个种。Marsden et al(1995) 采用同工酶法分析了黄金鲈和河鲈的分类地位, 也认

表 1 鲈属鱼类 Cyt *b* 基因部分序列的碱基差异百分比 (下三角) 和转换/颠换 (上三角) 和 Percentage divergence (below diagonal) and number of transitions/transversions (above diagonal) for partial cytochrome *b* sequences in *Perca*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1		4/2	0/3	4/7	1/5	2/3	2/7	4/3	11/4/22	104/20	111/22	104/21	105/23	105/19	119/23	121/27	122/27	120/23	119/24	121/25
2	0.53		4/3	3/7	5/5	6/1	4/7	8/3	11/6/24	106/20	113/24	106/23	107/23	107/21	119/25	121/27	122/27	124/25	121/26	125/27
3	0.26	0.62		5/6	1/2	2/2	3/6	4/2	11/4/21	104/21	117/23	104/22	105/24	104/22	119/24	121/28	122/28	119/24	119/25	121/26
4	0.97	0.88	0.97		6/8	7/6	5/4	9/8	11/7/25	107/21	113/23	106/22	108/22	106/24	120/28	123/30	123/30	124/26	122/29	126/30
5	0.53	0.88	0.26	1.32		1/4	4/8	3/4	11/2/21	104/23	110/25	104/24	105/26	104/24	119/26	121/28	120/28	118/26	119/27	121/28
6	0.44	0.62	0.35	1.15	0.44		4/6	4/4	11/2/23	106/19	113/23	106/22	107/22	106/22	121/26	123/28	120/28	121/26	119/27	123/28
7	0.79	0.97	0.79	0.79	1.06	0.88		7/8	11/5/25	102/21	109/23	102/22	103/20	102/22	120/28	122/30	123/30	120/26	120/29	122/30
8	0.62	0.97	0.53	1.50	0.62	0.71	1.32		11/2/23	104/23	111/25	104/24	105/26	105/22	123/24	125/28	124/28	124/24	123/25	125/26
9	11.99	12.35	11.90	12.52	11.73	11.90	12.35	11.90		16/8	16/8	16/9	11/11	16/9	97/23	100/25	103/23	103/23	100/24	104/23
10	10.93	11.11	11.02	11.29	11.20	11.02	10.85	11.20	2.12		11/6	0/3	5/5	0/3	89/23	92/25	99/25	94/23	94/24	96/25
11	11.73	12.08	11.82	11.99	11.90	11.99	11.94	11.99	2.12	1.50		11/5	6/5	11/7	95/25	95/29	102/29	98/23	100/26	102/27
12	11.02	11.38	11.11	11.29	11.29	11.29	10.93	11.29	2.20	0.26	1.41		5/6	0/4	89/24	92/28	99/28	94/22	94/25	96/26
13	11.29	11.46	11.38	11.46	11.55	11.38	10.85	11.55	1.94	0.88	0.97	0.97		5/8	89/26	92/28	99/28	94/24	94/27	96/28
14	10.93	11.29	11.11	11.46	11.29	11.29	10.93	11.20	2.20	0.26	1.59	0.35	1.15		90/22	93/26	100/26	94/22	95/23	97/24
15	12.52	12.70	12.61	13.05	12.79	12.96	13.05	12.96	10.58	9.88	10.58	9.96	10.14	9.88		3/4	10/4	10/2	7/1	11/2
16	13.05	13.05	13.14	13.49	13.14	13.32	13.40	13.49	11.02	10.32	10.93	10.58	10.58	10.49	0.62		9/4	12/6	10/5	10/6
17	13.14	13.14	13.23	13.49	13.05	13.05	13.49	13.40	11.11	10.93	11.55	11.20	11.20	11.11	1.23	1.15		9/6	5/5	9/4
18	12.61	13.14	12.61	13.23	12.70	12.96	12.87	13.05	11.11	10.32	10.67	10.23	10.41	10.23	1.06	1.59	1.32		5/3	7/4
19	12.61	12.96	12.70	13.32	12.87	12.87	13.14	13.05	10.93	10.41	11.11	10.49	10.67	10.41	0.71	1.32	0.88	0.71		6/3
20	12.87	13.40	12.96	13.76	13.14	13.32	13.40	13.32	11.20	10.67	11.38	10.76	10.93	10.67	1.15	1.41	1.15	0.97	0.79	

1至20分别为(*Perca fluviatilis*4, *P. fluviatilis*7, *P. fluviatilis*8, *P. fluviatilis*33, *P. fluviatilis*9, *P. fluviatilis*10, *P. fluviatilis*35, *P. fluviatilis*11, *P. fluviatilis*1, *P. fluviatilis*20, *P. fluviatilis*8, *P. fluviatilis*9, *P. fluviatilis*11, *P. fluviatilis*13, *P. schrenkii*9, *P. schrenkii*11, *P. schrenkii*12, *P. schrenkii*23, *P. schrenkii*6, *P. schrenkii*15, 种后的数值表示标本号 (The numbers behind the species denote the sample number).

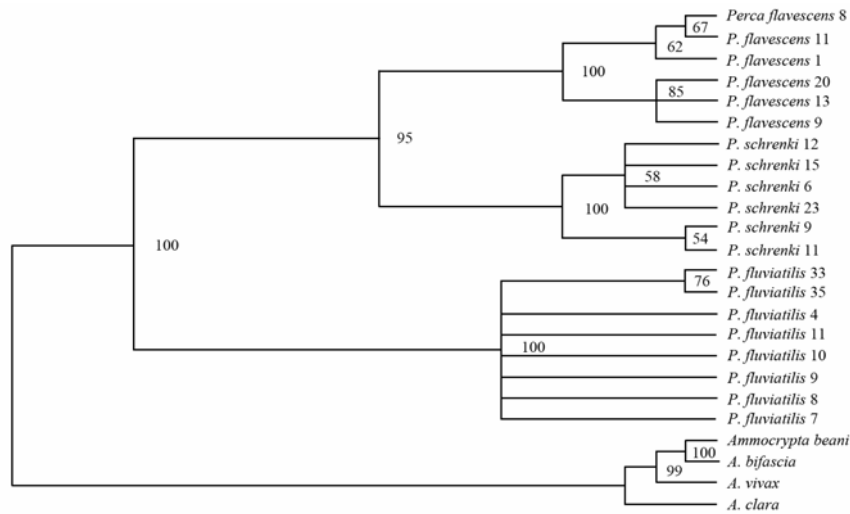


图 5 基于鲈属鱼类 *Cyt b* 基因序列通过最大简约法构建的分子系统树

Fig. 5 Molecular phylogenetic tree based on the partial *Cyt b* sequences of *Perca* species constructed by Maximum Parsimony method

枝上数字为自举置信水平 (BCL) 值; 种名后的数值表示标本号。

The values of bootstrap confidence level (BCL) of nodes are indicated above the branch; the numbers behind the species denote the sample number.

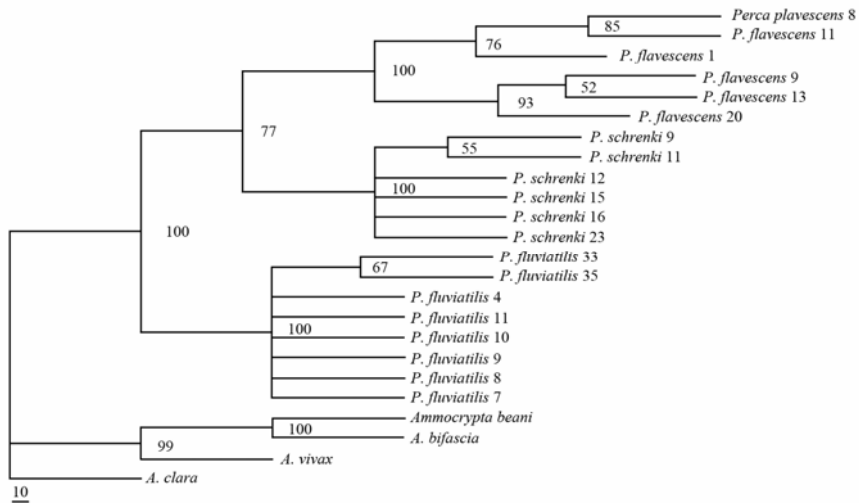


图 6 基于鲈属鱼类 *Cyt b* 基因序列通过邻接法构建的分子系统树

Fig. 6 Molecular phylogenetic tree based on the partial *Cyt b* sequences of *Perca* species constructed by Neighbor-joining method

枝上数字为自举置信水平 (BCL) 值; 种名后的数值表示标本号。

The values of bootstrap confidence level (BCL) of nodes are indicated above the branch; the numbers behind the species denote the sample number.

为黄金鲈和河鲈是独立的两个种。

一般认为, 在脊椎动物中, 种内或亚种间的细胞色素**b**碱基差异不会大于2%(Xiang 2000; Cronin, 1991)。Zhuang et al (2006)认为点带石斑鱼与斜带石斑鱼的细胞色素**b**序列差异度为5.6%, 这两种石斑鱼的分化已达到种间水平, 应属不同种的石斑鱼。

Zhu et al (2006)认为青石斑鱼和六带石斑鱼细胞色素**b**序列的碱基差异达到12.69%, 应属于两个种。本文通过分析鲈属鱼类细胞色素**b**序列差异显示, 三个鲈属鱼类间的碱基差异百分比 (10.68%—13.08%) 大于种内个体间的碱基差异百分比 (0.77%—1.33%), 根据以上鲈总科鱼类细胞色素**b**序列碱

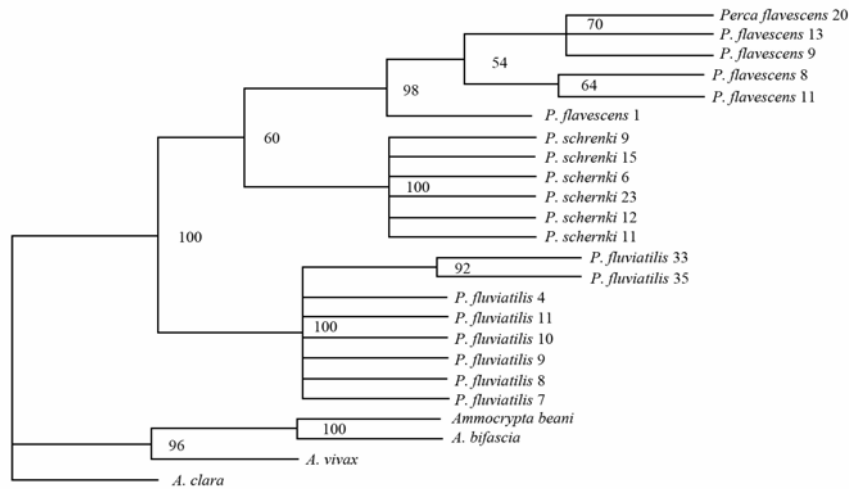


图 7 基于鲈属鱼类 Cyt b 基因序列通过最大似然法构建的分子系统树

Fig. 7 Molecular phylogenetic tree based on the partial Cyt b sequences of *Perca* species constructed by Maximum likelihood of PAUP Version 4.0 b10 with Bootstrap Test (100 replications)

枝上数字为自举置信水平(BCL)值,分析基于 HKY85 模型,ML 参数由对最大简约树的估计得来:Ti/tv 经验比率=3.643385; kappa=6.803035, gamma 分布的 shape=0.274126; 种名后的数值表示标本号。

The values of bootstrap confidence level (BCL) of nodes are indicated above the branch. -lnL=4610.65569; Ti/tv:exp. ratio=3.643385, kappa=6.803035, Shape=0.274126; the numbers behind the species denote the sample number.

基差异的研究结果,伊犁鲈、黄金鲈和河鲈间的碱基差异 (10.68%—13.08%) 已达到种间遗传分化。构建的MP、NJ和ML三个树分别在河鲈、黄金鲈和伊犁鲈之间的拓扑结构一致,显示黄金鲈与伊犁鲈的遗传距离较近,而河鲈与前两者的遗传距离较远,这与黄金鲈和河鲈形态上的相似性相反。这种形态上及其相似,但基因序列差异较大,或形态上完全不同但基因序列及其相似的情况在其他不同动物间也有发生,如Freeman et al (2001)发现鲸类和蹄类的生活方式和形态构造完全不同,鲸类的DNA序列实际上接近河马,这就把它们放在有蹄类的分类群之内。Zhu et al (2006)认为青石斑鱼和六

带石斑鱼在形态上及其相似,很难区分,但细胞色素b序列差异率为12.69%应该是两种鱼。Cox et al (2007)认为有些信息在分类学上毫无价值的,比如那些年龄和食物供应相应变化的和不在遗传控制之下的大小和形状的度量。有时两个生物可以表现相似的表征,但是彼此无关。

根据 20 样本的细胞色素 b 基因序列的遗传差异和系统发育树以及地理分布上的绝对隔离,结合 Collette (1977)与 Marsden (1995)的观点,我们进一步认定黄金鲈和河鲈是不同的种,鲈属鱼类包括伊犁鲈、河鲈和黄金鲈三个种。

## 参考文献:

- Световидов АН и Дорофеева ЕА. 1963. Систематические отношения „происхождение и история расселения вроейско-Азиатских и Североамериканских Окуней и Судаков (роды *PERCA*, *LUCIOPERCA* и *STIZOSTEDION*)[J]. *Вопросы Ихтиологии*, **29**(4): 626-651.
- Chen YY, Zhang Q, Ren G, Qian KC, Chen D, Xu ZN. 2006. Molecular phylogeny of 10 species of groupers (Serranidae: Epinephelinae) based on mitochondrial cytochrome b gene sequences [J]. *Marine Sciences*, **30**(6):12-15. [陈艺燕, 章群, 任岗, 钱开诚, 陈迪, 许忠能. 2006. 10 种石斑鱼系统发育的线粒体细胞色素 b 基因序列分析. *海洋科学*, **30**(6): 12-15.]
- Collette BB, BĂNĂRESCU P. 1977. Systematics and zoogeography of the family Percidae [J]. *Fish Res Board CAN*, **34**: 1450-1463.
- Cox CB, Moore PB. 2005. Biogeography: An ecological and evolutionary approach(seventh edition) [M]. Blackwell Publishing Ltd.
- Cronin MA. 1991. Mitochondrial-DNA Phylogeny of Deer (Cervidae) [J]. *Journal of Mammalogy*, **72**(3): 553-566.
- Freeman S, Herron JC. 2001. Evolutionary analysis(2nd ed)[M]. Englewood Cliffs.
- Никольский ГВ. 1954. Частная Ихтиология [M]. Москва, 318-319.
- Hong N, Hou J, Li ZH. 2002. Statistica for Winndows analysis guide of statistics and charts[M]. Beijing: Tsinghua university Press. [洪楠, 侯军, 李志辉. 2002. Statistica for Winndows 统计与图表分析教程. 北京: 清华大学出版社.]
- Institute of Zoology of the Chinese Academy of Sciences, Xinjiang Institute of the Biological Soil Desert of the Chinese Academy of Sciences, Xinjiang Bureau of Aquatic Product. 1979. Xinjiang Ichthy Fauna [M]. Xinjiang People's Press, 53-55. [中国科学院动物研究所, 中国科学院新疆生物土壤研究所, 新疆水产局. 1979. 新疆鱼类志. 新疆人民出版社, 53-55.]

- 院新疆生物土壤沙漠研究所, 新疆维吾尔自治区水产局. 1979. 新疆鱼类志. 新疆人民出版社, 53-55.]
- Kinziger AP, Wood RM and Welsh SA. 2001. Systematics of *Etheoma tippecanoe* and *Etheostoma denoncourti* (Perciformes: Percidae)[J]. *Copeia*, **1**: 235-239.
- Kumar S, Tamura K, Nei M. 2004. MEGA3 : Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment [J]. *Briefings in Bioinformatics*, **5** : 150-163.
- Li SF, Li CH, Li JL. 1998. Analysis of morphological variations among strains of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)[J]. *Acta Zoologica Sinica*, **44** (4) : 450-457.[李思发, 李晨虹, 李家乐. 1998. 尼罗罗非鱼品系间形态差异分析. 动物学报, **44**(4): 450-457.]
- Liang LQ, Sun XW, Wang P, Yan XQ, Shen JB. 1994. Isolation of genomic DNA from Fish fin[J]. *Biotechnology*, **4**(1): 45-46. [梁利群, 孙效文, 王 鹏, 闫学青, 沈俊宝. 1994. 利用鳍条提取样品总 DNA 初探. 生物技术, **4**(1): 45-46.]
- Maddison WP, Donoghue MJ, Maddison DR. 1984. Outgroup analysis and parsimony[J]. *Systematic Zoology*, **33**: 83-103.
- Marsden E, Kassler T, Philipp D. 1995. Allozyme confirmation that North American Yellow Perch (*P. flavescens*) and Eurasian Yellow Perch(*P. fluviatilis*) are separate species [J]. *Copeia*, **4**: 977-981.
- Митрофанов ВП. 1989. Рыбный Казакстана[J]. *Алма-АтаТом*, **4**: 124-190.
- Nelson. JS. 1984. Fishes of the World[M]. New York, 287.
- Okazaki T. 1999. Genetic relationships of Japanese and Korean bagrid catfishes inferred from mitochondrial DNA analysis [J]. *Zool Sci*, **16**: 363-379.
- Ren ML, Guo Y, Zhang RM, Cai LG. 2002. Fisheries resources and fishery of the Ertixhe river in China[M]. Xinjiang Tehnology and Health Press, 183-188. [任穆连, 郭炎, 张人铭, 蔡林刚. 2002. 中国额尔齐斯河鱼类资源及渔业. 新疆科技卫生出版社, 183-188.]
- Ren ML, Guo Y, Zhang QL, Zhang RM. 1998. Fisheries resources and fishery of river Yili [M]. Heilongjiang Science Press, 284-296. [任穆连, 郭 炎, 张清礼, 张人铭. 1998. 伊犁河鱼类资源及渔业. 黑龙江科学出版社, 284-296.]
- Swofford D L. 2002. PAUP\*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony ( \* and other methods) , Version 4.0b10. Sunderland ,MA:Sinauer Associates.
- Thorpe JE. 1977. Morphology, Physiology, Behavior and Ecology of *Perca fluviatilis* L. and *P. flavescens* Mitchill[J]. *Fish Res Board CAN*, **34**: 1504-1514.
- Xiang YJG, Yang L, Zhang YP. 2000. The genetic differentiation of *Chrysolophus amherstiae* and *Chrysolophus pictus* [J]. *Hereditas*, **22** (4): 225-228. [向余劲攻, 杨 岚, 张亚平. 2000. 白腹锦鸡和红腹锦鸡的遗传分化. 遗传, **22** (4): 225-228.]
- Xiao WH, Zhang YP. 2000. Genetics and evolution of mitochondrial DNA in fish[J]. *Acta Hydrobiological Sinica*, **24**(4): 384 -391. [肖武汉, 张亚平. 2000. 鱼类线粒体 DNA 的遗传与进化. 水生生物学报, **24**(4): 384-391.]
- Zhuang X, Ding SX, Guo F, Wang J, Su YQ, Zhang QY, Li QF. 2006. Molecular phylogenetic relationships of grouper species in China seas based on Cytochrome *b* gene fragment sequence[J]. *Science in China(Ser. C)*, **36**(1): 27-34. [庄 轩, 丁少雄, 郭 丰, 王 军, 苏永全, 张其永, 李祺福. 2006. 基于细胞色素 *b* 基因片段序列研究中国近海石斑鱼类系统进化关系. 中国科学 C 辑 生命科学, **36** (1): 27-34.]
- Zhu SH, Yang YC, Zheng WJ, Shen XQ and Zou JX. 2006. Molecular phylogenetic relationship of *Epinephelus* based on sequences of mtDNA *cyt b* [J]. *Acta Hydrobiological Sinica* , **30** (4): 432-438. [朱世华, 杨迎春, 郑文娟, 沈锡权, 邹记兴. 2006. 从细胞色素 *b* 部分序列探讨石斑鱼属的分子系统发育关系. 水生生物学报, **30**(4): 432-438.]