



中国大陆沿海裸胸鳔属鱼类新记录种——鞍头裸胸鳔的形态与分子系统学

何浩斌¹, 杨杰奎¹, 杨森¹, 梁冠宇¹, 李江涛^{1,2,3},
李清清^{1,2,3}, 林鑫^{1,2,3*}, 梁日深^{1,2,3*}

(1. 仲恺农业工程学院动物科技学院, 广东广州 510225;
2. 广东省水环境与水产品安全工程技术研究中心, 广东广州 510225;
3. 广州市水产病害与水禽养殖重点实验室, 广东广州 510225)

摘要: 为完善中国裸胸鳔属鱼类物种信息, 实验报道了采集于中国大陆沿海水域(福建省厦门市和广东省汕头市)的新记录种——鞍头裸胸鳔, 目前该物种世界上仅日本及中国台湾东部有分布记录。通过对采集样品进行详细的形态学特征分析, 综合利用 DNA 条形码 *CO I* 及 16S rRNA 基因进行分子鉴定及系统分类研究。结果显示, 鞍头裸胸鳔主要鉴别特征为: 体色浅褐色, 眼后头顶有一个暗色马鞍状斑纹, 背鳍起点前有一黑色三角形大斑块, 腹部有黑色条纹从鳃孔下方延伸至肛门, 背鳍、臀鳍边缘均为白色; 体修长, 全长为体高的 19.06~19.60 倍; 上下颌齿均单行, 上颌齿每侧 8 个, 下颌齿 12~14 个, 总脊椎数为 162~168。基于 *CO I* 及 16S rRNA 基因分析, 鞍头裸胸鳔与其他裸胸鳔遗传距离分别为 *CO I* (0.120~0.255), 16S rRNA (0.059~0.132), 其中 *CO I* 遗传距离已远大于 Herbert 设定的 2% 最小物种鉴定遗传距离, 揭示鞍头裸胸鳔为独立物种。进化树上, 鞍头裸胸鳔与白缘裸胸鳔聚为一支, 二者亲缘关系较为紧密。研究表明, 鞍头裸胸鳔在中国大陆沿海也有分布, 为有效新记录种。本研究为中国裸胸鳔属鱼类的系统分类及物种名录修订提供相关分类基础。

关键词: 鞍头裸胸鳔; 新记录种; 形态特征; *CO I* 基因; 16S rRNA 基因

中图分类号: Q 959.46⁺9; S 917.4

文献标志码: A

裸胸鳔属 (*Gymnothorax*) 隶属于硬骨鱼纲 (Actinopterygii) 鳃鲹总目 (Scorpaeniformes) 鳃鲹目 (Scorpaenoidei) 海鲷科 (Scorpaenidae) 海鲷亚科 (Muraeninae), 广泛分布于热带、亚热带及温带海区。世界上裸胸鳔属记录有 100 多种^[1-3], 中国有 20~30 种^[4-15], 最多收录有 37 种^[11, 14], 主要分布于东海、南海及台湾海峡。

目前, 国内有关裸胸鳔属鱼类研究报道极少, 中国知网上搜索相关学术文章不超过 20 篇, 研究主要涉及裸胸鳔分子系统发育^[16-17]、消化道结构^[18]及遗传多样性^[19]等。国外研究相对较多, 主要集中于裸胸鳔物种基础生物学及种质资源等^[20-23], 尤其在裸胸鳔物种分析方面, 近年来有不少新种发现的报导, 自 2017 年以来已有 5 种裸胸鳔新种

收稿日期: 2022-01-14 修回日期: 2022-03-30

资助项目: 国家自然科学基金 (31802300); 广东省自然科学基金 (2018A0303130104); 仲恺农业工程学院研究生科技创新项目 (KJCX2021019); 广东省教育厅特色创新类项目 (2019KTSCX061)

第一作者: 何浩斌 (照片), 从事水产动物分子系统分类研究, E-mail: 2750124331@qq.com

通信作者: 林鑫, 从事水产动物健康养殖研究, E-mail: linli@zhku.edu.cn;

梁日深, 从事水产动物种质资源及系统分类研究, E-mail: cheetahliang@126.com



被发现的记录^[24-27], 揭示了裸胸鳝资源还存在巨大的研究空间, 物种分类信息有待进一步更新与完善。

鞍头裸胸鳝 (*G. sagmacephalus*) 为裸胸鳝属中体型较小, 身体细长的种类, 由 Böhlke^[28] 于 1997 年首次在日本发现, 其主要特征为: 体型修长, 体色单一, 浅褐色, 身体无复杂斑纹, 仅在眼后头前有一暗色鞍斑, 头部后面背鳍起点有一三角形黑色斑纹, 背鳍、臀鳍边缘白色。目前该物种在中国现有的分类资料中均无记录^[4-15]。Böhlke^[28] 最先发现的鞍头裸胸鳝新种模式标本采自日本东京湾, 认为该物种仅分布于日本。2015—2016 年马来西亚学者 Loh^[29-30] 在中国台湾省东部太平洋外海也采集到数尾鞍头裸胸鳝的样品, 揭示鞍头裸胸鳝除日本之外, 台湾附近海域也有分布。但国内大陆分类资料至今均无该物种记录信息, 世界其他地区也无相关发现。本研究在福建厦门及广东汕头采集了 2 尾鞍头裸胸鳝的样品, 为中国大陆裸胸鳝属新记录种。针对其形态特征进行详细分析, 同时利用 DNA 条形码标记 *CO I* 及 16S rRNA 基因开展分子鉴定, 验证物种的有效性, 为中国裸胸鳝属鱼类系统分类及物种名录修订提供研究信息。

1 材料与方法

1.1 实验材料

鞍头裸胸鳝样品标本于 2021 年 5 月 18 日及 9 月 21 日分别采自福建省厦门市和广东省汕头市近海水产市场, 共 2 尾。采集样品鲜活状态下进

行高清图片拍摄, 标本于仲恺农业工程学院动物科技学院水产养殖系实验室保存 (编号: ZKGS-FJXM-01 及 ZKGS-GDST-01)。

1.2 实验方法

形态学研究 参考相关文献^[10, 28], 对采集的鞍头裸胸鳝样品的形态特征进行描述。利用直尺及游标卡尺准确测量样品全长、体长、体高、肛前体长、肛后体长、头长、头高、吻长、上颌长、下颌长、眼径、眼间距、眼后头长、背鳍前距、臀鳍前距、背鳍基长、臀鳍基长等可量性状, 精确到 1 mm; 采用直接计数方式统计前颌齿、上颌齿、下颌齿、犁骨齿、前颌骨中央齿的数目, 脊椎骨数、背鳍鳍条数、臀鳍鳍条数等主要可数性状 (图 1)。本实验中, 操作人员严格按照动物实验伦理规范进行操作。

DNA 提取 取约 20 mg 样品肌肉组织, 利用海洋动物组织基因组 DNA 提取试剂盒 (天根生化科技有限公司), 按照说明书步骤进行 DNA 提取。提取的 DNA 用 80 μ L 灭菌水溶解, 采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量, 于 -20 $^{\circ}$ C 冰箱保存备用。

PCR 扩增与测序 参考相关文献, 设计用于扩增样品 *CO I* 及 16S rRNA 基因引物序列, 其中 *CO I*-F1: 5'-TCA ACY AAT CAY AAA GAT ATY GGC AC-3', *CO I*-R1: 5'-ACT TCY GGG TGR CCR AAR AAT CA-3'^[31]。16S rRNA-F1: 5'-CGC CTG TTT ATC AAA AAC AT-3', 16S rRNA-R1: 5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG-3'^[32]。PCR 反应体系为 25 μ L, 包括 PCR Mastermix

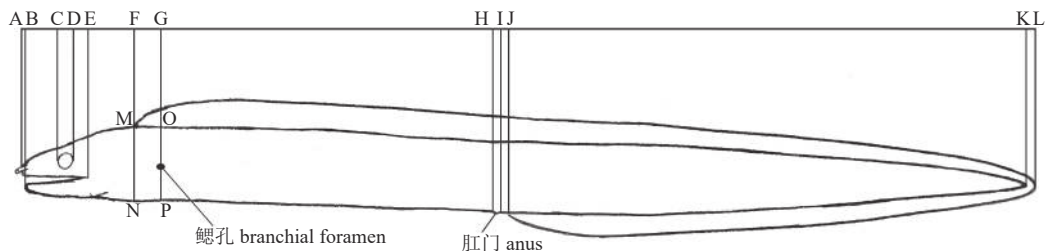


图 1 鞍头裸胸鳝外部可量性状测定模式图

AL. 全长, AK. 体长, OP. 体高, AG. 头长, MN. 头高, AC. 吻长, AE. 上颌长, BE. 下颌长, CD. 眼径, DG. 眼后头长, AF. 背鳍前距, AJ. 臀鳍前距, FK. 背鳍基长, JK. 臀鳍基长, AH. 肛前体长, IK. 肛后体长; 眼间距以实际测量数据为准, 未在图中标注。

Fig. 1 Schematic diagram of morphologic measurements of *G. sagmacephalus*

AL. total length, AK. standard length, OP. body depth, AG. head length, MN. head depth, AC. snout length, AE. upper jaw length, BE. lower jaw length, CD. eye diameter, DG. postorbital length, AF. distance from snout to dorsal fin, AJ. distance from snout to anal fin, FK. base of the dorsal fin, JK. base of the anal fin, AH. distance from anus to snout, IK. distance from anus to caudal tip; the actual measurement data of interorbital width shall prevail, not marked in the figure.

(TaKaRa) 12.5 μL , 灭菌水 10.5 μL , 上、下游引物各 0.5 μL , DNA 模板 1 μL 。扩增程序为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min, 随后进入循环: 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min, 设置 35 个循环, 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 再延伸 7 min。PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 选取扩增成功的样品用 PCR 产物纯化试剂盒纯化回收后, 送至天一辉远生物技术有限公司进行测序。

分子系统进化分析 将测得的 *CO I* 以及 16S rRNA 基因片段于 NCBI 进行相似性检索, 验证序列的正确性。从 GenBank 下载拉丁学名为 *G. sagmacephalus* 及其他目前国内有记录的裸胸鳝 *CO I* 与 16S rRNA 基因序列 (表 1) 比较分析。利用 Clustal W^[33] 软件对序列进行排列比对, MEGA 7.0^[34] 软件分析序列差异及遗传距离信息。以裸海鳝属斑马裸海鳝 (*G. zebra*) 为外类群, 应用最大似然法构建分子系统进化树, 进化树各分支节点的置信度采用重复抽样分析 (Bootstrap analysis) 方法, 重复抽样次数 1 000 次。

2 结果

2.1 鞍头胸鳝的形态特征

新种记录 2 尾鞍头裸胸鳝标本样品 ZKGS-FJXM-01 及 ZKGS-GDST-01 分别采集于福建省厦门市及广东省汕头市近海水产市场 (图 2)。二者全长分别为 686 及 684 mm, 全长为体高的 1.01 倍, 为体高的 19.06、19.60 倍, 为背鳍前距的 11.79、13.45 倍, 为臀鳍前距的 1.95、1.98 倍, 为头长的 9.66、10.21 倍。头长为头高的 2.22、2.39 倍, 为吻长的 5.58、7.10 倍, 为上颌长的 2.31、2.58 倍, 为下颌长的 1.91、2.22 倍, 为眼径的 7.89、9.57 倍, 为眼间距的 7.10、7.44 倍。

鉴别特征 鞍头裸胸鳝体形小且狭长, 全长为体高的 19.06 倍。体色单一, 浅褐色, 眼后头顶有一暗色马鞍状斑块, 背鳍起始点前有一三角形黑色大斑块, 位于腹部的黑色条纹从鳃孔下方延伸到肛门。背鳍与臀鳍边缘均为白色, 肛门位于身体中部。牙齿均单行 (图 2)。

性状描述 2 尾鞍头裸胸鳝样品及前人研究采集鉴定的标本形态测量数据见表 2。本研究 2 尾鞍头裸胸鳝背鳍鳍条数 (福建厦门样品、广东汕头样品) 分别为 417 和 413, 臀鳍鳍条数为 246 和 237, 均无硬棘。椎体呈双凹形, 椎骨较小,

排列紧凑; 总脊椎骨数为 168 和 162, 背脊椎骨数为 7 和 6, 肛门前脊椎骨数为 77 和 74。牙齿均单列, 锥状, 细长且锋利。前颌齿每侧有 8 个和 7 个, 前面的牙齿稍微较短; 上颌齿每侧均为 8 个, 较大, 到后面略有变小, 内侧无额外的小牙。中央齿同样为 1 行, 共 3 个; 犁骨齿较小, 三角形, 7 个和 5 个。采自福建厦门的样品下颌齿左侧 12 个, 右侧 13 个, 广东汕头的样品下颌齿两侧均为 14 个, 前面 4~5 个较大, 后面牙齿较小且向后倾斜。

体狭长, 无鳞, 身体前中部呈圆筒状, 至尾部逐渐变细, 头后部稍微隆起。全身为浅褐色, 从吻端到眼睛后端及下颌前端为棕色, 部分下颌及鳃部区域颜色浅淡。除头部外, 体表无其他复杂斑纹, 头部在眼后头顶有一暗色马鞍状斑块, 背鳍起始点前有一三角形黑色大斑块。腹部中间有黑色条纹始于鳃孔下方并延续至肛门。眼大, 眼径略小于眼间距。鼻孔管鲜黄色, 前鼻孔管长于后鼻孔管。鳃孔较小, 无黑斑。肛门位于身体中部。背鳍、臀鳍均具白色边缘, 背鳍远端呈现相对较深的颜色。

2.2 鞍头裸胸鳝与近缘裸胸鳝种类形态差异比较

目前国内记录的裸胸鳝属有效种最多有 37 种^[11, 14], 根据相关分类研究资料^[1-4, 11], 基于这 37 个有效种中, 排除体色鲜艳, 身体密布复杂斑点、条纹或条带, 与鞍头裸胸鳝形态差异较大的种类, 汇总出与鞍头裸胸鳝形态接近, 体色单一, 无复杂斑纹的种类部分形态性状比较分析 (表 3)。同时, 根据分类检索资料, 整理国内裸胸鳝属的分类检索表。检索表根据裸胸鳝体色是否单一, 体表有无复杂斑纹特征将 37 种裸胸鳝分为 2 大类, 这里主要列出体色单一, 体表无复杂斑纹的裸胸鳝类型 (表 4)。

2.3 鞍头裸胸鳝 DNA 条形码分析及系统进化关系

测序获得 2 尾鞍头裸胸鳝 *CO I* 基因为 644 bp, 16S rRNA 基因为 586 bp, 序列均已提交 GenBank, 登录号如表 1 所示。于 GenBank 下载中国有分布记录的裸胸鳝的 *CO I* 及 16S rRNA 序列, 一起用 Clustal W 对比分析 (目前 GenBank 上无鞍头裸胸鳝 *CO I* 基因, 仅有 16S rRNA 基因序列),

表 1 本研究分析所用 CO I 和 16S rRNA 序列信息

Tab. 1 Information of the CO I and 16S rRNA sequences cited in this study

物种(学名) species (Latin name)	样品来源 sample source	GenBank 登录号	GenBank accession number
		COI	16S rRNA
鞍头裸胸鳝 <i>G. sagmacephalus</i>	福建厦门	ON076869	ON076873
	广东汕头	ON076870	ON076874
	GenBank	—	AB808682~AB808685
白缘裸胸鳝 <i>G. albimarginatus</i>	GenBank	HQ122455	AB808692
班氏裸胸鳝 <i>G. berndti</i>	GenBank	KU942765	—
伯恩斯裸胸鳝 <i>G. buroensis</i>	GenBank	MN243525	AB695728
云纹裸胸鳝 <i>G. chilospilus</i>	GenBank	MK658499	AB695696
微身裸胸鳝 <i>G. eurostus</i>	GenBank	MK658693	AB695722
豆点裸胸鳝 <i>G. favagineus</i>	GenBank	JF493577	MW133236
细斑裸胸鳝 <i>G. fimbriatus</i>	GenBank	MK658634	AB695684
黄边裸胸鳝 <i>G. flavimarginatus</i>	GenBank	MK658227	DQ645719
美丽裸胸鳝 <i>G. formosus</i>	GenBank	KU942738	—
紫裸胸鳝 <i>G. hepaticus</i>	GenBank	MN243507	—
爪哇裸胸鳝 <i>G. javanicus</i>	GenBank	MK658297	MW145336
蠕纹裸胸鳝 <i>G. kidako</i>	GenBank	MH400959	MW151696
斑颈裸胸鳝 <i>G. margaritophorus</i>	GenBank	MK658518	AB695703
黑点裸胸鳝 <i>G. melanospilus</i>	GenBank	GU673711	JX914618
黄身裸胸鳝 <i>G. melatremus</i>	GenBank	—	JX242973
斑点裸胸鳝 <i>G. meleagris</i>	GenBank	KU942737	—
细花斑裸胸鳝 <i>G. neglectus</i>	GenBank	MF774819	—
雪花裸胸鳝 <i>G. niphostigmus</i>	GenBank	MF774816	MW548266
星斑裸胸鳝 <i>G. nudivomer</i>	GenBank	MF123915	JX242975
花斑裸胸鳝 <i>G. pictus</i>	GenBank	KP193971	AB695650
平达裸胸鳝 <i>G. pindae</i>	GenBank	MN243511	—
长身裸胸鳝 <i>G. prolatus</i>	GenBank	MT318342	—
淡网裸胸鳝 <i>G. pseudothyrsoides</i>	GenBank	GU673285	AB695727
匀斑裸胸鳝 <i>G. reevesii</i>	GenBank	JQ431819	MW539055
网纹裸胸鳝 <i>G. reticularis</i>	GenBank	MN243508	KX426291
异纹裸胸鳝 <i>G. richardsonii</i>	GenBank	JQ431821	AB695712
宽带裸胸鳝 <i>G. rueppelliae</i>	GenBank	MK566943	AB695698
邵氏裸胸鳝 <i>G. shaoi</i>	GenBank	KU942766	—
台湾裸胸鳝 <i>G. taiwanensis</i>	GenBank	KU893015	—
密花裸胸鳝 <i>G. thyrsoides</i>	GenBank	MK657992	AB695653
波纹裸胸鳝 <i>G. undulatus</i>	GenBank	MK658486	AB695707
带尾裸胸鳝 <i>G. zonipectis</i>	GenBank	JQ431836	JX242980
外类群 outgroup			
斑马裸海鳝 <i>G. zebra</i>	GenBank	HQ561478	JX242966

注: “—”表示无数据, 下同。

Notes: “—” means no data, the same below.

去掉两端冗余, 分别获得同源序列 633 bp (CO I) 及 540 bp (16S rRNA)。利用 MEGA 7.0 软件, 基

于 Kimura-2-parameter 模型计算各裸胸鳝的 CO I 及 16S rRNA 基因遗传距离 (种类较多, 表格过大,



图 2 鞍头裸胸鳝外部形态特征图

(a) 鞍头裸胸鳝, 采自福建厦门; (b) 鞍头裸胸鳝, 采自广东汕头; (c) 头部斑纹特征, 眼后头顶有一暗色马鞍状斑纹, 背鳍起始点前有明显的黑色大三角形斑块; (d) 上颌牙齿特征, 牙齿单列; (e) 下颌牙齿特征, 牙齿单列; (f) 背鳍特征, 具白色边缘; (g) 臀鳍特征, 具白色边缘, 腹部斑纹, 具黑色条纹。

Fig. 2 External morphological characters of *G. sagmacephalus*

(a) *G. sagmacephalus*, collected from Xiamen City, Fujian Province; (b) *G. sagmacephalus*, collected from Shantou City, Guangdong Province; (c) head markings, a dusky saddle on top of head behind eyes, a large prominent dark triangle before the dorsal-fin origin; (d) maxillary teeth, uniserial; (e) dentary teeth, uniserial; (f) dorsal fin, with white margin; (g) anal fin, with white margin, belly marking, with dark stripe.

故本文不列出)。在 *CO I* 基因中, 32 种裸胸鳝种间遗传距离为 0.007~0.283, 鞍头裸胸鳝与其他裸胸鳝的遗传距离为 0.120~0.255, 其中与白缘裸胸鳝的遗传距离最小 (0.120), 其次是网纹裸胸鳝 (0.163), 与班第氏裸胸鳝的遗传距离最大 (0.255) (图 3)。而在 16S rRNA 基因中, 23 种裸胸鳝种间遗传距离为 0.004~0.146, 鞍头裸胸鳝与其他裸胸鳝的遗传距离为 0.059~0.132, 其中, 与网纹裸胸鳝遗传距离最小 (0.059), 其次是白缘裸胸鳝 (0.069), 与异纹裸胸鳝的遗传距离最大 (0.132) (图 4)。以斑马裸海鳝为外群, 采用最大似然法构建分子系统进化树, 在 *CO I* 基因中, 鞍头裸胸鳝与白缘裸胸鳝以较高支持率 (94%) 聚为姐妹分支, 而在 16S rRNA 中, 白缘裸胸鳝先与网纹裸胸鳝聚为一支, 随后鞍头裸胸鳝再与其相聚, 但支持率

相对较低。按 *CO I* 基因的结果, 分子水平上, 鞍头裸胸鳝与白缘裸胸鳝有着较近的亲缘关系。

3 讨论

裸胸鳝属鱼类在中国约记录 20~30 种^[4-15], 其中《中国海洋鱼类》^[11]与《中国海洋生物名录》^[14]收录的裸胸鳝属物种数量最多, 为 37 种。但查阅当前国内形态分类资料, 均无鞍头裸胸鳝的物种信息, 甚至不曾出现过这一学名^[4-15]。目前该物种仅在日本及中国台湾省东部太平洋外海有采集记录, 世界其他地区暂无发现。本研究鞍头裸胸鳝样品分别采集于福建厦门及广东汕头附近海域, 形态特征分析与 Böhlke^[28]、Loh 等^[29-30]关于鞍头裸胸鳝的物种特征描述及图片信息基本一致, 鉴定为鞍头裸胸鳝。

表 2 鞍头裸胸鳝性状测量数据

Tab. 2 Morphometric measurement information of *G. sagmacephalus*

测量性状 measuring traits	ZKGS- FJXM-01	ZKGS- GDST-01	模式标本 ^[24] holotype specimen	参考标本 ^[25] reference specimen
全长/mm total length	686	684	534	375~512
占全长的比例/% proportion of total length				
体长 body length	99.13	99.42	—	—
体高 body depth	5.25	5.10	3.56	2.9~3.8
头长 head length	10.35	9.80	10.00	9.7~11.5
背鳍前距 distance from snout to dorsal fin	7.43	8.48	—	6.4~10.0
臀鳍前距 distance from snout to anal fin	51.31	50.58	—	50.4~52.8
背鳍基长 base of the dorsal fin	91.69	90.79	—	—
臀鳍基长 base of the anal fin	47.38	48.83	—	—
肛前体长 distance from anus to snout	50.00	48.39	50.00	—
肛后体长 distance from anus to caudal tip	48.25	51.02	—	—
占头长的比例/% proportion of head length				
头高 head depth	45.07	41.79	—	—
吻长 snout length	14.08	17.92	—	15.5~19.7
上颌长 upper jaw length	36.62	43.28	34.46	34.0~45.3
下颌长 lower jaw length	45.07	52.24	—	32.2~44.9
眼径 eye diameter	12.68	10.45	8.24	9.2~11.8
眼间距 interorbital width	14.08	13.43	6.67	12.2~16.7
背鳍鳍条数/条 number of dorsal fin bars	417	413	—	—
臀鳍鳍条数/条 number of anal fin bars	246	237	—	—
背脊前椎骨数/根 predorsal vertebrae	7	6	7	6~7
肛门前椎骨数/根 preanal vertebrae	77	74	77	74~78
总脊椎骨数/根 total vertebrae	168	162	172	170~176
前颌齿/条 premaxillary teeth	8~8	7~7	6	5~7
中央齿/颗 median premaxillary teeth	3	3	3	0~3
犁骨齿/颗 vomerine teeth	7	5	5	3~8
上颌齿外侧/颗 maxillary-outer teeth	8-8	8-8	8	6~10
上颌齿内侧/颗 maxillary-inner teeth	—	—	—	—
下颌齿/颗 dentary teeth	12~13	14~14	13~18	9~18

表 3 鞍头裸胸鳝与近缘裸胸鳝形态特征比较

Tab. 3 Comparion analysis of morphological characteristics among *G. sagmacephalus* and related species

区分特征 distinguishing characteristic	鞍头裸胸鳝 <i>G. sagmacephalus</i>	白缘裸胸鳝 <i>G. albimarginatus</i>	海氏裸胸鳝 <i>G. herrei</i>	黄身裸胸鳝 <i>G. melatremus</i>	眼斑裸胸鳝 <i>G. monostigmus</i>	平达裸胸鳝 <i>G. pindae</i>	长身裸胸鳝 <i>G. prolatus</i>
体表颜色 external coloration	浅褐色	浅褐色	深褐色	黄色	棕色	褐色	灰褐色
背鳍是否有白边 white margin in dorsal fin	是	是	否	否	否	否	否
体表斑纹 external pattern	眼后头顶有一暗色马鞍状斑纹; 背鳍起点前有黑色三角形斑块	上、下颌孔有白斑	无	鳃孔边缘为黑色	眼后有一正方形黑斑	无	无
体型 body type	修长	粗大	常规	常规	常规	常规	修长
肛门位置 anal position	身体中部	身体中部之后	身体中部之后	身体中部之前	身体中部之后	身体中部之前	身体中部

表 4 裸胸鳉属物种分类检索表

Tab. 4 Taxonomic key to the *Gymnothorax* species

序号 number	形态特征 morphological characteristics	物种 species
1 (14)	体色单一, 无复杂点、斑或带	
2 (3)	体单纯黄色; 鳃孔周围黑色, 眼虹彩有一与口垂直的黑色痕	黄身裸胸鳉 <i>G. melatremus</i>
3 (2)	体单纯褐色或红褐色	
4 (7)	体细长	
5 (6)	体灰褐色, 鳍边缘黑褐色; 头部无暗斑	长身裸胸鳉 <i>G. prolatus</i>
6 (5)	体浅褐色, 鳍边缘白色; 眼后头顶有暗色马鞍状斑纹	鞍头裸胸鳉 <i>G. sagmacephalus</i>
7 (4)	体较粗壮	
8 (9)	眼后有一黑斑, 斜向后方延伸至口角	眼斑裸胸鳉 <i>G. monostigmus</i>
9 (8)	眼后无黑斑	
10 (11)	上颌齿2行; 头下缘、尾部及鳍缘颜色较浅	海氏裸胸鳉 <i>G. herrei</i>
11 (10)	上颌齿1行, 或前部2行而后部1行	
12 (13)	鳍缘深黑褐色	平达裸胸鳉 <i>G. pindae</i>
13 (12)	鳍缘具白边; 上、下颌孔有白斑, 尾部细而延长	白缘裸胸鳉 <i>G. albimarginatus</i>
14 (1)	体色不单一, 杂有浅色或深色斑点、环带或条纹	其他裸胸鳉

注: 编号为双歧括号检索表中括号外的数字顺序。

Notes: Order is represented by the number outside the parentheses in the dichotomous key.

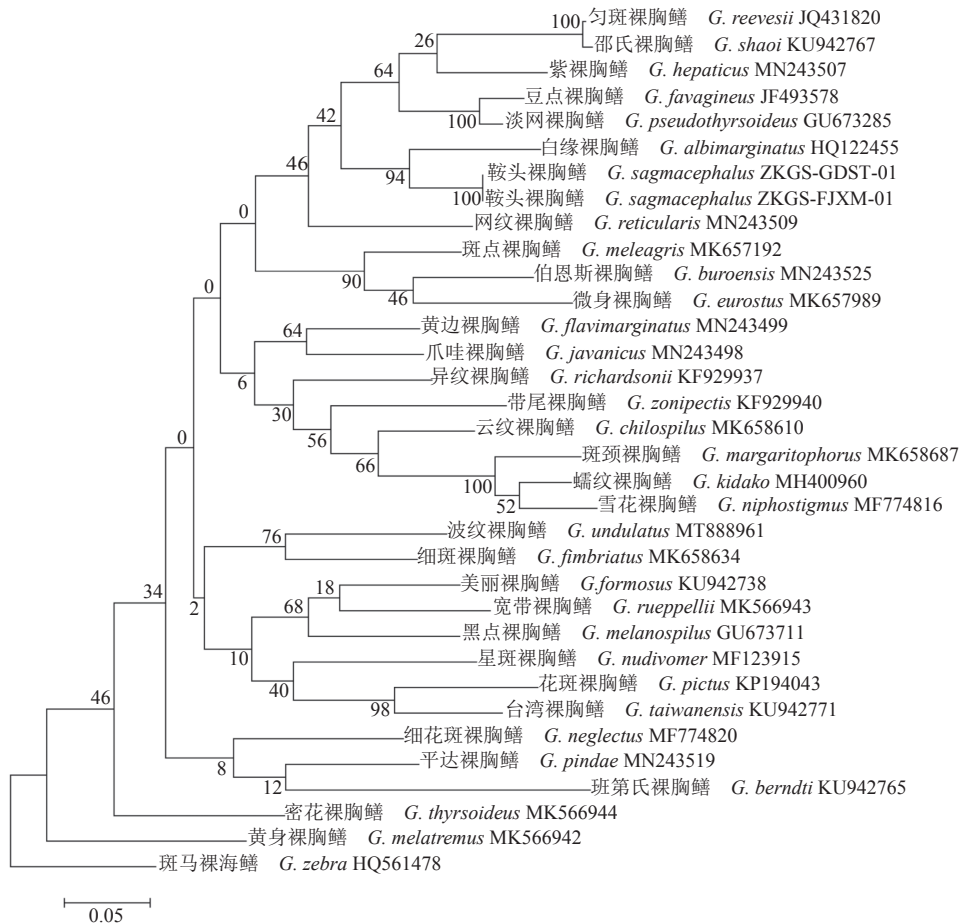


图 3 基于 CO I 基因序列利用最大似然法构建裸胸鳉属鱼类分子系统进化树

Fig. 3 Molecular phylogenetic tree of *Gymnothorax* species based on CO I gene sequences using maximum likelihood method

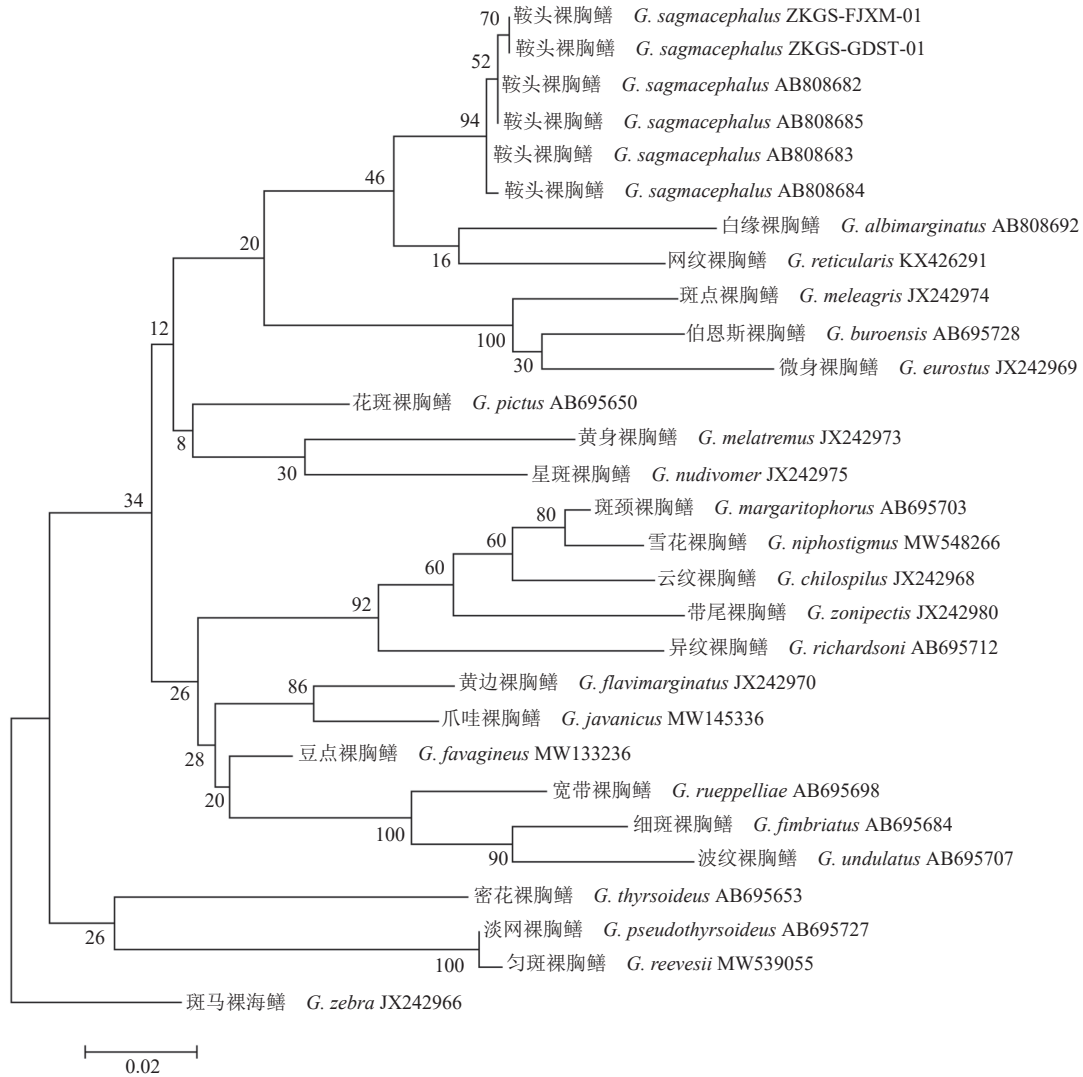


图 4 基于 16S rRNA 基因序列利用最大似然法构建裸胸鲷属鱼类分子系统进化树

Fig. 4 Molecular phylogenetic tree of *Gymnothorax* species based on 16S rRNA gene sequences using maximum likelihood method

鞍头裸胸鲷体色单一，除头部外，身体无其他斑纹。目前国内记录的裸胸鲷体表无复杂斑纹的种类有白缘裸胸鲷、海氏裸胸鲷、眼斑裸胸鲷、平达裸胸鲷、长身裸胸鲷与黄身裸胸鲷等^[4, 10-11, 14]。鞍头裸胸鲷形态上与上述裸胸鲷的典型区分特征为：眼后头前有一暗色鞍斑，在头部后方背鳍起点有一个大三角暗色斑纹，该特征仅在鞍头裸胸鲷中具有^[28-30]。形态上，鞍头裸胸鲷与白缘裸胸鲷特征最为接近，二者体色浅褐色，腹部白色，背鳍、臀鳍均具明显白色边缘。二者在前期研究也存在误鉴，Masuda 等^[35]编著的《日本产鱼类大图鉴》中有鞍头裸胸鲷样品图片，但将其鉴定为白缘裸胸鲷。Hatooka^[36]曾认为鞍头裸胸鲷只是白缘裸胸鲷的幼鱼形态，二者为同一种。但

Böhlke^[28]分析指出鞍头裸胸鲷头部所具有的暗色鞍斑特征十分显著，可明显与白缘裸胸鲷区分，二者为独立物种。Tawa 等^[37]通过比较鞍头裸胸鲷与白缘裸胸鲷柳叶鳗幼体发育特征，发现鞍头裸胸鲷在咽喉到胆囊体壁及背侧中线部分没有载黑色素细胞，而在白缘裸胸鲷该区域有分布；同时，二者的总肌层(172~175 与 186~191)、肛门前肌层(109~113 与 127~134)、最后一条纵向血管肌层(100~104 与 118~119)、背鳍起点至肛门之间的肌层(64~68 与 86)数目均有所不同，因此也认为二者明显有差别。另外，二者体型及肛门位置也存在差异，鞍头裸胸鲷体型较为小、细长，肛门位于身体中部；白缘裸胸鲷体型较粗壮，含肉量多，肛门位于身体中部之后，可将二者区分。

在分子水平研究中, 目前 NCBI 上仅有鞍头裸胸鳝 16S rRNA 基因信息, 无 DNA 条形码 *CO I* 基因信息。本研究样品 16S rRNA 序列经 NCBI 在线搜索, 得到同源性最高的为鞍头裸胸鳝, 相似率达 99% 以上, 进一步验证, 本研究样品为该物种。通过与其他裸胸鳝 *CO I* 与 16S rRNA 序列比较分析可知, 鞍头裸胸鳝与其他裸胸鳝的遗传距离: *CO I* 基因 (0.120~0.255), 16S rRNA 基因 (0.059~0.132), 两基因遗传距离均相对较大, 其中 *CO I* 遗传距离大于 Herbert 等设定的 2% (0.020) 作为区分不同物种最小遗传距离^[38], 同时大于目前有关裸胸鳝属鱼类 *CO I* 基因种内遗传距离变异范围 (最小 0.000, 最大 0.037, 大部分 0.020 以内)^[39-40], 揭示鞍头裸胸鳝是区别于与其他裸胸鳝的独立物种。基于 *CO I* 与 16S rRNA 基因构建的系统进化树, 鞍头裸胸鳝均与白缘裸胸鳝聚为同一分支, 显示分子水平上, 鞍头裸胸鳝与白缘裸胸鳝亲缘关系较为接近。

(作者声明本文无实际或潜在的利益冲突)

参考文献 (References):

- [1] Randall J E, Golani D. Review of the moray eels (Anguilliformes: Muraenidae) of the Red Sea[J]. Bulletin of Marine Science, 1995, 56(3): 849-880.
- [2] Froese R, Pauly D. FishBase[M/OL]. World Wide Web Electronic Publication, 2021 [2022-06-01]. <http://www.fishbase.org>.
- [3] Smith D G, Bogorodsky S V, Mal A O, *et al.* Review of the moray eels (Anguilliformes: Muraenidae) of the Red Sea, with description of a new species[J]. Zootaxa, 2019, 4704(1): 1-87.
- [4] 成庆泰, 郑葆珊. 中国鱼类系统检索 [M]. 北京: 科学出版社, 1987: 104-108.
Cheng Q T, Zheng B S. Systematic synopsis of Chinese fishes[M]. Beijing: Science Press, 1987: 104-108 (in Chinese).
- [5] 孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖. 鱼类分类学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 139-141.
Meng Q W, Su J X, Miao X Z. Systematics of fishes[M]. Beijing: Chinese Agricultural Press, 1996: 139-141 (in Chinese).
- [6] 国家水产总局南海水产研究所. 南海诸岛海域鱼类志 [M]. 北京: 科学出版社, 1979: 43-55.
South China Sea Fisheries Research Institute. The fishes of the islands in the South China Sea[M]. Beijing: Science Press, 1979: 43-55 (in Chinese).
- [7] 朱元鼎, 张春霖, 成庆泰. 南海鱼类志 [M]. 北京: 科学出版社, 1962: 184-194.
Zhu Y D, Zhang C L, Cheng Q T. Fishes of the South China Sea[M]. Beijing: Science Press, 1962: 184-194 (in Chinese).
- [8] 朱元鼎, 伍汉霖, 金鑫渡. 福建鱼类志 [M]. 福州: 福建科学技术出版社, 1984: 220-225.
Zhu Y D. The fishes of Fujian Province[M]. Fuzhou: Fujian Science and Technology Press, 1984: 220-225 (in Chinese).
- [9] 朱元鼎. 东海鱼类志 [M]. 北京: 科学出版社, 1963: 160-162.
Zhu Y D. The fishes of the East China Sea[M]. Beijing: Science Press, 1963: 160-162 (in Chinese).
- [10] 张春光. 中国动物志-硬骨鱼纲, 鳗鲡目背棘鱼目 [M]. 北京: 科学出版社, 2010: 224-288.
Zhang C G. Fauna Sinica, Ostichthyes, Anguilliformes and Notacanthiforme[M]. Beijing: Science Press, 2010: 224-288 (in Chinese).
- [11] 陈大刚, 张美昭. 中国海洋鱼类 (上)[M]. 青岛: 中国海洋大学出版社, 2016: 235-266.
Chen D G, Zhang M Z. Marine fishes of China (Volume 1)[M]. Qingdao: China Ocean University Press, 2016: 235-266 (in Chinese).
- [12] 黄宗国. 中国海洋生物种类与分布 [M]. 北京: 海洋出版社, 2008: 751-752.
Huang Z G. Marine species and their distribution in China[M]. Beijing: China Ocean Press, 2008: 751-752 (in Chinese).
- [13] 李明德. 鱼类分类学 [M]. 2 版. 北京: 海洋出版社, 2011: 77-78.
Li M D. Fish taxonomy[M]. 2nd ed. Beijing: Ocean Press, 2011: 77-78 (in Chinese).
- [14] 刘瑞玉. 中国海洋生物名录 [M]. 北京: 科学出版社, 2008: 906-909.
Liu R Y. Checklist of marine biota of China Seas[M]. Beijing: Science Press, 2008: 906-909 (in Chinese).
- [15] 祝茜. 中国海海洋鱼类种类名录 [M]. 北京: 学苑出版社, 1998: 48-51.
Zhu Q. A list of marine fish species in Chinese Sea[M]. Beijing: The Academic Press, 1998: 48-51 (in Chinese).
- [16] 陈铭, 范蔓桦, 谢瑞琳, 等. 基于 16S rRNA 序列探讨我

- 国海鳝科鱼类分子系统进化关系[J]. 水产学报, 2022, 46(2): 183-195.
- Chen M, Fan M H, Xie R L, *et al.* Molecular phylogenetic relationship of Muraenidae species in China Sea based on 16S rRNA gene sequences[J]. Journal of Fisheries of China, 2022, 46(2): 183-195 (in Chinese).
- [17] 杜民, 尹绍武, 刘艳红, 等. 中国裸胸鳝属10种鱼类分子系统发育关系的16S rDNA分析[J]. 海洋科学, 2013, 37(6): 16-23.
- Du M, Yin S W, Liu Y H, *et al.* Analysis of the molecular phylogenetic relationships of 10 *Gymnothorax* species from China Seas based on 16S rDNA fragment sequences[J]. Marine Sciences, 2013, 37(6): 16-23 (in Chinese).
- [18] 黄飞, 王吉, 骆剑, 等. 匀斑裸胸鳝消化道的显微与超微结构分析[J]. 中国水产科学, 2014, 21(6): 1109-1115.
- Huang F, Wang J, Luo J, *et al.* Microstructure and ultrastructure of the digestive tract of *Gymnothorax reevesii*[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2014, 21(6): 1109-1115 (in Chinese).
- [19] 杜民, 尹绍武, 刘艳红, 等. 4种裸胸鳝的分子遗传多样性和亲缘关系的RAPD分析[J]. 海洋通报, 2013, 32(3): 321-327.
- Du M, Yin S W, Liu Y H, *et al.* RAPD analysis of molecular genetic diversity and genetic relationship of four *Gymnothorax* species[J]. Marine Science Bulletin, 2013, 32(3): 321-327 (in Chinese).
- [20] Kendall M S, Sicheloff L, Ruffo A, *et al.* Green morays (*Gymnothorax funebris*) have sedentary ways in mangrove bays, but also ontogenetic forays to reef enclaves[J]. *Environmental Biology of Fishes*, 2021, 104(8): 1-15.
- [21] Huang W C, Chen H M, Liao T Y. Revalidation of a moray eel, *Gymnothorax mucifer* Snyder, 1904 (Teleostei: Anguilliformes: Muraenidae), with a revised distribution[J]. *Zootaxa*, 2019, 4559(1): 151-165.
- [22] Kannan K, Kannapiran E, Prabhu N M. New geographical record of the moray eel *Gymnothorax reticularis*, Bloch, 1795 (Anguilliformes: Muraenidae) with taxonomic status and distribution from southwest coast of India[J]. *Thalassas: An International Journal of Marine Sciences*, 2019, 35(2): 567-571.
- [23] Chakraborty P, Saren S C, Sengupta A, *et al.* Notes on the record of *Gymnothorax pseudotile* Mohapatra *et al.*, 2017 (Muraenidae: Muraeninae) from the Sundarbans, West Bengal, India[J]. Records of the Zoological Survey of India, 2018, 118(3): 318-321.
- [24] Huang W C, Thu P T, Liao T Y. A new record of the long moray, *Gymnothorax longinquus* (Actinopterygii: Anguilliformes: Muraenidae), from southern Vietnam, supporting the uncertain record in the Gulf of Thailand[J]. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 2020, 50(2): 201-207.
- [25] Nashad M, Mohapatra A, Varghese S P, *et al.* A new white-spotted moray eel, *Gymnothorax aurocephalus* sp. nov. (Muraenidae: Muraeninae) from Andaman Sea, India[J]. *Zootaxa*, 2020, 4877(2): 361-372.
- [26] Sumod K S, Mohapatra A, Sanjeevan V N, *et al.* A new species of white-spotted moray eel, *Gymnothorax smithi* (Muraenidae: Muraeninae) from deep waters of Arabian Sea, India[J]. *Zootaxa*, 2019, 4652(2): 359-366.
- [27] Mohapatra A, Smith D G, Ray D, *et al.* *Gymnothorax pseudotile* sp. nov. (Muraenidae: Muraeninae) from Bay of Bengal India[J]. *Zootaxa*, 2017, 4286(4): 586-592.
- [28] Böhlke E B. Notes on the identity of elongate unpatterned Indo-Pacific morays, with description of a new species (Muraenidae, Subfamily Muraeninae)[J]. Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia, 1997, 147: 89-109.
- [29] Loh K H, Shao K T, Ho H C, *et al.* A new species of moray eel (Anguilliformes: Muraenidae) from Taiwan, with comments on related elongate unpatterned species[J]. *Zootaxa*, 2015, 4060(1): 30-40.
- [30] Loh K H, Shao K T, Chong V C, *et al.* Additions to the Taiwan eel fauna with five newly recorded species of moray eels (Anguilliformes: Muraenidae), and redescription of a rare species *Gymnothorax sagmacephalus*[J]. Journal of Marine Science and Technology, 2016, 24(2): 250-257.
- [31] Ward R D, Zemlak T S, Innes B H, *et al.* DNA barcoding Australia's fish species[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences*, 2005, 360(1462): 1847-1857.
- [32] Palumbi S R. Nucleic acids II: the polymerase chain reaction[M]//Hillis D M, Moritz C, Mable B K. Molecular systematics. 2nd ed. Sunderland, MA: Sinauer Associates, 1996: 205-247.
- [33] Thompson J D, Higgins D G, Gibson T J. CLUSTAL W: 中国水产学会主办 sponsored by China Society of Fisheries

- improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice[J]. *Nucleic Acids Research*, 1994, 22(22): 4673-4680.
- [34] Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2016, 33(7): 1870-1874.
- [35] Masuda H K, Amaoka C, Araga T, *et al.* The fishes of the Japanese Archipelago[M]. Tokai University Press, 1987: 1-437.
- [36] Hatooka K. Family muraenidae[M]//Nakabo T. Fishes of Japan with pictorial keys to the species, English edition. Tokyo: Tokai University Press, 2002: 1-1749.
- [37] Tawa A, Aoyama J, Yoshimura T, *et al.* Leptocephalus larvae of two moray eels (Anguilliformes; Muraenidae), *Gymnothorax sagmacephalus* and *Gymnothorax albimarginatus*, identified from morphometric and genetic evidence[J]. *Ichthyological Research*, 2014, 61(1): 32-41.
- [38] Hebert P D N, Cywinska A, Ball S L, *et al.* Biological identifications through DNA barcodes[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2003, 270(1512): 313-321.
- [39] Huang W C, Nguyen V Q, Liao T Y. First record of the snowflake-patched moray *Gymnothorax niphostigmus* Chen, Shao, & Chen, 1996 (Anguilliformes; Muraenidae) in Vietnam and its validity confirmed by DNA barcoding[J]. *Journal of Applied Ichthyology*, 2018, 34(3): 687-690.
- [40] 范蔓桦, 杨杰鑫, 谢瑞琳, 等. 我国沿海裸胸鲈属鱼类 DNA条形码及分子系统进化研究[J]. 仲恺农业工程学院学报, 2020, 33(2): 59-65.
- Fan M H, Yang J L, Xie R L, *et al.* DNA barcoding and molecular phylogenetic relationship of *Gymnothorax* species from China Sea[J]. *Journal of Zhongkai University of Agriculture and Engineering*, 2020, 33(2): 59-65 (in Chinese).

Morphological and molecular phylogenetic studies of a newly-recorded *Gymnothorax* species in China Sea——*G. sagmacephalus*

HE Haobin¹, YANG Jieluan¹, YANG Sen¹, LIANG Guanyu¹, LI Jiangtao^{1,2,3},
LI Qingqing^{1,2,3}, LIN Li^{1,2,3*}, LIANG Rishen^{1,2,3*}

(1. College of Animal Science and Technology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China;

2. Guangdong Provincial Water Environment and Aquatic Products Security Engineering
Technology Research Center, Guangzhou 510225, China;

3. Guangzhou Key Laboratory of Aquatic Animal Diseases and Waterfowl Breeding, Guangzhou 510225, China)

Abstract: Genus *Gymnothorax* is one of the most diverse, abundant and widely distributed genera of moray eels in the family Muraenidae; there were more than 100 valid species of *Gymnothorax* all over the world and approximately 20-30 species recorded in China. It was a poorly known group in China, with very few studies focusing on it. To improve the species list information of the *Gymnothorax* resource, this study reported a newly-recorded species, *G. sagmacephalus* Böhlke, 1997, which was previously only recorded in Japan and eastern Taiwan, China. Two individuals of the species were collected from the coastal area of Xiamen City, Fujian Province and Shantou City, Guangdong Province. The detailed morphological characteristics of the new species were described, and the molecular identification as well as phylogenetic construction were performed based on DNA barcoding *CO I* gene and 16S rRNA gene. The result showed that, the diagnostic characters of *G. sagmacephalus* were: body coloration light brown, a dusky saddle-like marking on the top of head just behind eyes, and a large prominent dark triangle marking just before the dorsal-fin origin; black stripes on the abdomen extending from the gill opening to the anus; dorsal and anal fins with a white margin; body was elongate, total lengths were 19.06-19.60 times of body height; teeth were uniserial, and maxillary teeth with 8 on each side without additional inner row teeth; number of dentary teeth were 12-14; total vertebrae were 162-168. Based on the analysis of *CO I* and 16S rRNA gene, the genetic distance between *G. sagmacephalus* and related *Gymnothorax* species with pure body color were: *CO I* (0.120-0.255); 16S rRNA(0.059-0.132). The genetic value of *CO I* were greater than the 2% minimum diagnostic threshold suggested by Herbert, indicating that *G. sagmacephalus* was an independent species. The molecular phylogenetic tree showed that *G. sagmacephalus* and *G. albimarginatus* were tightly clustered as one group, indicating their close relationship. The results clarified that *G. sagmacephalus* was a newly recorded species and could be found in the coastal water of mainland China, which also provides a taxonomic basis for the systematic classification and the species list revision of the *Gymnothorax* fish in China.

Key words: *Gymnothorax sagmacephalus*; newly recorded species; morphological characteristics; *CO I* gene; 16S rRNA gene

Corresponding authors: LIN Li. E-mail: linli@zhku.edu.cn;

LI ANG Rishen. E-mail: cheetahliang@126.com

Funding projects: National Natural Science Foundation of China(31802300); Natural Science Foundation of Guangdong Province (2018A0303130104); Graduate Science and Technology Innovation Project of Zhongkai University of Agricultural Engineering (KJCX2021019) ; Characteristic and Innovative Projects of Guangdong Provincial Department of Education (2019KTSCX061)