



· 综述 ·

## 中国鲇形目鱼类核型研究进展

朱传坤\*, 潘正军

(淮阴师范学院生命科学学院, 江苏省特色水产繁育工程实验室,  
江苏省区域现代农业与环境保护协同创新中心, 江苏 淮安 223300)

**摘要:** 开展鱼类核型分析对鱼类的遗传、变异、分类、系统演化、性别决定、杂交育种以及环境污染监测等研究具有重要意义。鲇形目鱼类在我国水产养殖中占有重要地位, 同时也是研究鱼类染色体进化与性染色体分化的良好材料。本文综述了我国 35 种鲇形目鱼类及其杂交子一代和多倍体的核型研究进展, 分析了不同类群中的核型特征, 并对部分类群的染色体进化关系进行了探讨, 最后展望了鲇形目鱼类核型研究的发展趋势。本文将为我国鲇形目鱼类的染色体与基因组进化等研究提供参考。

**关键词:** 鲇形目; 核型; 染色体; 中国

**中图分类号:** S 917.4

**文献标志码:** A

鱼类是脊椎动物中分布最广、种类最多的类群, 其种类占已知脊椎动物总数的一半以上。同时, 作为脊椎动物的原始类群, 在动物系统进化过程中处于承前启后的地位, 其染色体形态、结构和数目的变化也更为复杂。对鱼类染色体数目、形态、长度、着丝点位置以及分带等进行考察的过程称为核型分析, 也称为染色体组型分析<sup>[1]</sup>。鱼类的核型分析对鱼类的遗传、变异、分类、系统演化、性别决定、杂交育种以及环境污染监测等研究具有重要意义<sup>[2-3]</sup>。

鱼类核型分析始于 1966 年, 而我国直到 1975 年才有鱼类核型研究报道<sup>[1]</sup>。目前, 我国鱼类有 4 000 余种, 其中淡水鱼类 1 000 余种<sup>[4]</sup>, 海水鱼类 3 000 余种<sup>[5]</sup>。在这些鱼类中, 已开展核型研究的只有 10% 左右, 其中大部分为淡水鱼类<sup>[3]</sup>。在已开展核型研究的淡水鱼类中, 鲤形目(Cypriniformes)所占比例最高, 达到 71.8%, 其次为鲇

形目(Siluriformes)的 12.5%<sup>[3]</sup>。我国淡水鱼类染色体数最少的为黄鳝(*Monopterus albus*)和白缘鲶(*Liobagrus marginatus*), 均为  $2n=24$ ; 最多的为双须重唇鱼(*Diptychus dipogon*), 其  $2n=446\pm$ <sup>[3]</sup>。然而, 淡水鱼类染色体数主要为 40~60, 其中染色体数为 48 和 50 的鱼类最多<sup>[3]</sup>。

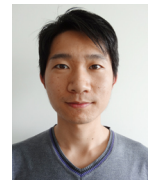
### 1 鲇形目鱼类核型研究概况

鲇形目共有鱼类 2 000 余种, 隶属于 31 科, 在全球均有分布, 尤其以亚洲和南美洲种类最多<sup>[6]</sup>。我国原产鲇形目鱼类共 11 科、28 属、111 种<sup>[6]</sup>。之后相继从美国引入了鲶科(Ictaluridae)的斑点叉尾鲶(*Ictalurus punctatus*)、云斑鲶(*I. nebulosus*)和长鳍叉尾鲶(*I. furcatus*); 从德国引进了鲶科(Siluridae)的欧洲六须鲶(*Silurus glanis*); 从埃及和泰国引入了胡子鲶科(Clariidae)的革胡子鲶(*Clarias leather*)、斑点胡子鲶(*C. macrocephalus*)

收稿日期: 2020-06-12 修回日期: 2020-10-06

资助项目: 国家自然科学基金(31602146); 江苏省区域现代农业与环境保护协同创新中心项目(HSXT307); 淮阴师范学院博士科研启动项目(31ZCK00); 江苏高校品牌专业建设工程资助(TAPP)

通信作者: 朱传坤(照片), 从事鱼类遗传与基因组学研究, E-mail: zhuchuan@hytc.edu.cn



和蟾胡子鲇 (*C. batrachus*); 从泰国引入了鲢科 (Pangasiidae) 的苏氏鲢 (*Pangasius sutchi*) 和巨无齿鲢 (*Pangasianodon gigas*); 从南美洲引入甲鲇科 (Loricariidae) 的下口鲇 (*Hypostomus plecostomus*) 等, 使我国现有鲇形目鱼类达到了 13 科 32 属共 132 种<sup>[7]</sup>。

据统计, 我国目前已有 35 种鲇形目鱼类的染色体组型报道, 分属于鲇科、鲶科、胡子鲇科、鲿科 (Bagridae)、钝头鲿科 (Amblycipitidae) 和鮡科 (Sisoridae) 共 6 科。染色体数在不同科间存在较大差异, 其中最少的为钝头鲿科的白缘鲿 ( $2n=24$ ), 最多的为胡子鲇科的蟾胡子鲇 ( $2n=100$ )。此外, 在胡子鲇科和钝头鲿科的 7 种鱼类中发现了明显的性染色体。

## 2 鲇科核型研究进展

鲇科在我国鲇形目鱼类中分布最广, 共有已知种类 12 种, 隶属于 3 属, 其中鲇属 (*Silurus*) 有 9 种、缺鳍鲇属 (*Kryptopterus*) 2 种、叉尾鲇属 (*Wallago*) 1 种<sup>[6,8]</sup>。目前已开展核型研究的鲇科鱼类有鲇 (*S. asotus*)、南方大口鲇 (*S. meridionalis*)、兰州鲇 (*S. lanzhouensis*) 和怀头鲇 (*S. soldatovi*)。

洪云汉等<sup>[9]</sup>对采自湖北武汉集贸市场的鲇培养肾细胞进行了最早的核型分析, 结果显示, 鲇染色体总数为  $2n=58$ , 染色体臂数为 102, 核型公式为  $2n=20m+24sm+10st+4t$ 。尹洪滨等<sup>[10]</sup>对黑龙江肇东渔场的鲇进行了前肾组织核型分析, 发现其染色体数  $2n=58$ , 染色体臂数为 102, 核型公式为  $2n=20m+24sm+10st+4t$  (图 1)。温海深等<sup>[11]</sup>利用肾细胞培养法分析了内蒙古西辽河流域鲇的染色体组型, 发现其染色体数  $2n=58$ , 共含有 102 条染色体臂, 核型公式为  $2n=24m+20sm+10st+4t$ 。韩庆等<sup>[12]</sup>利用肾脏组织对湖南常德洞庭湖鲇进行的核型分析显示, 染色体数  $2n=58$ , 包含 98 条染色体臂, 核型公式为  $2n=24m+16sm+14st+4t$ 。上述研究中, 鲇染色体数目均为  $2n=58$ , 除洞庭湖外的其他 3 个群体中鲇的中部和亚中部 ( $m+sm=44$ ) 及近端部和端部 ( $st+t=14$ ) 着丝粒染色体数目均相等, 而洞庭湖鲇的近端部和端部 ( $st+t=18$ ) 染色体数目相对较多, 相应的染色体臂数也比其他 3 个群体少 (表 1)。

在南方大口鲇中, 洪云汉等<sup>[9]</sup>分析了湖北武汉集贸市场的南方大口鲇培养肾细胞的染色体组型, 发现其染色体总数为  $2n=58$ , 核型公式为  $2n=$

$20m+20sm+14st+4t$ , 包含 98 条染色体臂。而邹桂伟等<sup>[13]</sup>对长江品系来源的南方大口鲇肾组织进行核型分析后, 得到的核型公式则与先前的研究有较大差异, 核型公式为  $2n=28m+20sm+6st+4t$ , 染色体臂数为 106, 染色体总数仍为  $2n=58$ 。在此之后尚未见关于南方大口鲇染色体组型的相关报道, 但可以确定其染色体数为 58 条。

在鲇科其他鱼类中, 兰州鲇和怀头鲇的核型分析各有一篇研究报告。其中兰州鲇为 1977 年才确定为新种的鲇科鱼类, 主要分布于黄河中上游, 此前认为同鲇是一个物种<sup>[8]</sup>, 样本取自黄河陕西洽川段, 通过肾细胞培养后, 发现其  $2n=58$ , 包含 96 条染色体臂, 核型公式为  $2n=20m+18sm+16st+4t$ <sup>[14]</sup>。怀头鲇也称东北大口鲇, 主要分布于我国东北地区的黑龙江、松花江、嫩江和乌苏里江等水域<sup>[49]</sup>。胡国宏等<sup>[15]</sup>对采自吉林省一繁育基地的怀头鲇肾脏组织进行了核型分析, 结果显示其染色体数  $2n=58$ , 染色体臂数为 98, 核型公式为  $2n=24m+16sm+14st+4t$ 。

通过对上述研究结果的分析可见, 我国鲇科鱼类染色体数均为  $2n=58$ 。根据鱼类染色体组型演化理论, 在染色体总数相同的情况下, 端着丝粒染色体越多的类群在进化地位上越原始, 而中部或亚中部着丝粒染色体越多的类群越特化, 因此, 这主要体现为染色体臂数与进化地位的关系, 即染色体臂数越少越原始, 越多则越进化<sup>[2]</sup>。按照此理论对这 4 种鲇科鱼类核型比较后发现, 兰州鲇为较原始的类群, 而鲇为较进化的类群, 南方大口鲇和怀头鲇的进化程度类似 (表 1)。

## 3 鲶科核型研究进展

鲶科鱼类主要分布于北美地区, 在我国无自然分布。由于水产养殖发展的需要, 我国于 1984 年从美国引进了斑点叉尾鲶进行养殖, 并成功繁殖出苗种, 目前我国已有较大的养殖规模, 成为重要的出口创汇水产品。早期核型研究均为美国研究者针对美国本土斑点叉尾鲶的研究, 染色体数目在不同研究者的报道中有所差异, 有的报道是  $2n=56$ <sup>[50]</sup>, 也有研究认为其染色体数  $2n=58$ <sup>[51]</sup>。

我国研究者也开展了斑点叉尾鲶染色体组型研究, 张芹等<sup>[16]</sup>对河南省一养殖基地的 20 尾样本的肾脏组织进行了染色体标本制备及分析, 分析结果显示, 其染色体数  $2n=58$ , 染色体臂数为 74 条, 核型公式为  $2n=6m+10sm+22st+20t$  (图 1)<sup>[16]</sup>。

表 1 我国已报道鲇形目鱼类的核型

Tab. 1 Information of reported karyotypes of Siluriformes fishes in China

种类 species	染色体数/条 no. of chromosomes	核型公式 formula karyotype	m+sm	st+t	染色体臂数/条 no. of chromosome arms	样本来源 sample source	文献来源 reference
<b>鲇科 Siluridae</b>							
鲇 <i>Silurus asotus</i>	58	20m+24sm+10st+4t	44	14	102	武汉市场	[9]
	58	20m+24sm+10st+4t	44	14	102	肇东市渔场	[10]
	58	24m+20sm+10st+4t	44	14	102	西辽河	[11]
	58	24m+16sm+14st+4t	40	18	98	洞庭湖	[12]
南方大口鲇 <i>Silurus meridionalis</i>	58	20m+20sm+14st+4t	40	18	98	武汉市场	[9]
	58	28m+20sm+6st+4t	48	10	106	长江水产研究所试验场	[13]
兰州鲇 <i>Silurus lanzhouensis</i>	58	20m+18sm+16st+4t	38	20	96	黄河陕西洽川段	[14]
怀头鲇 <i>Silurus soldatovi</i>	58	24m+16sm+14st+4t	40	18	98	吉林省水产科学研究院	[15]
<b>鲶科 Ictaluridae</b>							
斑点叉尾鲶 <i>Ictalurus punctatus</i>	58	6m+10sm+22st+20t	16	42	74	河南省水产科学研究院	[16]
	58	8m+10sm+26st+14t	18	40	76	沅水五强溪水库	[17]
<b>胡子鲇科 Clariidae</b>							
胡子鲇* <i>Clarias fuscus</i>	56						[2]
	56	18m+24sm+14st/t (♀) (21号)	42	14	98	珠江水产研究所	[18]
	56	19m+23sm+14st/t (♂) (21号)	42	14	98	珠江水产研究所	[18]
	56	18m+24sm+14st/t (♀, ♂) (21号)	42	14	98	广州市场	[19]
	56	18m+24sm+14st/t (♀) (21号)	42	14	98	广州市场	[20]
	56	19m+23sm+14st/t (♂) (21号)	42	14	98	广州市场	[20]
	56	18m+14sm+14st+10t	32	24	88	广州市场	[21]
	56	18m+14sm+14st+10t	32	24	88		[1]
	56	24m+6sm+8st+18t	30	26	86	韶关渔场	[22]
蟾胡子鲇* <i>Clarias batrachus</i>	100	4m+6sm+78st/t +12d (♀) (44号)	10	90	110	珠江水产研究所	[18]
	100	4m+7sm+77st/t +12d (♂) (44号)	11	89	111	珠江水产研究所	[18]
革胡子鲇* <i>Clarias leather</i>	56	22m+18sm+16st/t (♀) (20号)	40	16	96	珠江水产研究所	[18]
	56	23m+17sm+16st/t (♂) (20号)	40	16	96	珠江水产研究所	[18]
	56	22m+18sm+16st/t (♀, ♂) (20号)	40	16	96	珠江水产研究所	[23]
	58	32m+12sm+10st+4t	44	14	102	呼和浩特市场	[24]
斑点胡子鲇* <i>Clarias macrocephalus</i>	54	24m+20sm+10st/t (♀, ♂) (22号)	44	10	98	珠江水产研究所	[18]
	54	24m+20sm+10st/t (♀, ♂) (22号)	44	10	98	广州市场	[20]
<b>鲢科 Bagridae</b>							
黄颡鱼 <i>Pelteobagrus fulvidraco</i>	52	22m+24sm/st+6t			98	湖北	[25]
	52	28m+12sm+12st	40	12	92	黑龙江流域	[26]
	52	24m+14sm+10st+4t	38	14	90	武汉市场	[27]
	52	22m+12sm+14st+4t	34	18	86	鄱阳湖	[28]

· 续表 1 ·

种类 species	染色体数/条 no. of chromosomes	核型公式 formula karyotype	m+sm	st+t	染色体臂数/条 no. of chromosome arms	样本来源 sample source	文献来源 reference
	52	28m+10sm+8st+6t	38	14	90	肇东市渔场	[29]
	52	20m+12sm+10st+10t	32	20	84	沅水、澧水	[30]
	52	20m+14sm+14st+4t	34	18	86	鄱阳湖	[31]
	52	24m+20sm+4st+4t	44	8	100	南京市水产科学研究所	[32]
瓦氏黄颡鱼 <i>Pelteobagrus vachelli</i>	52	22m+16sm+14st	38	14	90	武汉市场	[27]
	52	18m+10sm+12st+12t	28	24	80	沅水、澧水	[33]
	52	24m+16sm+12st	40	12	104	南京市水产科学研究所	[32]
长须黄颡鱼 <i>Pelteobagrus eupogon</i>	50	20m+14sm+16st	34	16	84	武汉市场	[27]
	50	18m+16sm+14st+2t	34	16	84	沅水、澧水	[34]
光泽黄颡鱼 <i>Pelteobagrus nitidus</i>	52	20m+16sm+16st	36	16	88	武汉市场	[27]
	52	24m+14sm+14st	38	14	90	沅水、澧水	[34]
长吻鲢 <i>Leiocassis longirostris</i>	52	20m+16sm+16st	36	16	88	武汉市场	[27]
	50	20m+12sm+18t	32	18	82	长江南京江段	[35]
粗唇鲢 <i>Leiocassis crassilabris</i>	52	24m+14sm+14st	38	14	90	武汉市场	[27]
钝吻鲢 <i>Leiocassis crassirostris</i>	52	24m+16sm+12st	40	12	92		[1]
圆尾拟鲢 <i>Pseudobagrus tenuis</i>	52	22m+16sm+14st	38	14	90	武汉市场	[27]
		24m+16sm+12st	40	12	92	沅水、澧水	[33]
乌苏里拟鲢 <i>Pseudobagrus ussuriensis</i>	52	24m+18sm+10st	42	10	94	武汉市场	[27]
	52	24m+18sm+10st	42	10	94	肇东市渔场	[36]
凹尾拟鲢 <i>Pseudobagrus emarginatus</i>	52	24m+10sm+18st	34	18	86		[1]
切尾拟鲢 <i>Pseudobagrus truncatus</i>	52	26m+14sm+12st	40	12	92		[1]
	52	18m+14sm+20st	32	20	84	岷江宜宾江段	[37]
细体拟鲢 <i>Pseudobagrus pratti</i>	52	20m+14sm+8st+10t	34	18	86		[1]
长脂拟鲢 <i>Pseudobagrus adiposalis</i>	50						[2]
	52	20m+14sm+14st+2t	34	16	84	武汉市场	[27]
大鳍鲢 <i>Mystus macropterus</i>	60	20m+12sm+16st+12t	32	28	92	武汉市场	[27]
	56	16m+14sm+12st+14t	30	26	86	铜仁市锦江河	[38]
	56	20m+16sm+10st+10t	36	20	92	嘉陵江	[39]
	60	20m+12sm+16st+12t	32	28	92	沅水、澧水	[33]
斑鲢 <i>Mystus guttatus</i>	60						[2]
	60	20m+12sm+16st+12t	32	28	92		[1]
长鲢 <i>Mystus elongatus</i>	60	20m+12sm+16st+12t	32	28	92		[1]
丝尾鲢 <i>Mystus nemurus</i>	52	22m+6sm+24t	28	24	80	辽宁省淡水水产科学研究院	[40]

· 续表 1 ·

种类 species	染色体数/条 no. of chromosomes	核型公式 formula karyotype	m+sm	st+t	染色体臂数/条 no. of chromosome arms	样本来源 sample source	文献来源 reference
<b>钝头鲇科 Amblycipitidae</b>							
白缘鲇* <i>Liobagrus marginatus</i>	24	20m+4sm	24	0	48	四川岷江	[41]
	24	20m+2sm+2st (♀)(12号)	22	2	46	四川东山港	[42]
	24	19m+2sm+2st+1t (♂) (12号)	21	3	45	四川东山港	[42]
	24	20m+2sm+2st	22	2	46	岷江、青衣江、大渡河	[43]
	24	20m+2sm+2st (♀) (12号)	22	2	46	长江上游水系	[44]
	24	19m+2sm+2st+1t (♂) (12号)	21	3	45	长江上游水系	[44]
拟缘鲇* <i>Liobagrus marginatoides</i>	30	16m+6sm+6st+2t (♀) (15号)	22	8	52		[1]
	30	16m+5sm+7st+2t (♂) (15号)	21	9	51		[1]
	30	16m+6sm+6st+2t (♀) (15号)	22	8	52	长江上游水系	[44]
	30	16m+5sm+7st+2t (♂) (15号)	21	9	51	长江上游水系	[44]
黑尾鲇* <i>Liobagrus nigricauda</i>	30	16m+6sm+6st+2t (♀) (15号)	22	8	52		[1]
	30	16m+5sm+7st+2t (♂) (15号)	21	9	51		[2]
	30	16m+6sm+6st+2t (♀) (15号)	22	8	52	长江上游水系	[44]
	30	16m+5sm+7st+2t (♂) (15号)	21	9	51	长江上游水系	[44]
鳃尾鲇 <i>Liobagrus anguillicauda</i>	34	20m+12sm+2st	32	2	66	浙江奉化溪口	[45]
<b>鲃科 Sisoridae</b>							
黄石爬鲃 <i>Euchiloglanis kishinouyei</i>	50	14m+6sm+30st/t	20	30	70		[46]
青石爬鲃 <i>Euchiloglanis davidi</i>	36	8m+6sm+22st/t	14	22	50		[46]
	36					四川省	[47]
中华纹胸鲃 <i>Glyptothorax sinensis</i>	52					四川省	[47]
福建纹胸鲃 <i>Glyptothorax fukiensis</i>	52						[2]
	52	20m+18sm+14st	38	14	90		[1]
黑斑原鲃 <i>Glyptosternum maculatum</i>	48	28m+12sm+8st	40	8	88	拉萨河曲水段	[48]

注: 已发现明显性染色体的鱼类用“\*”标注, 其性染色体序号在核型公式后的括号中标出

Notes: fish species with obvious sex chromosomes were marked with “\*”, and the serial numbers of their sex chromosomes were shown in parentheses after karyotypes

刘哲同等<sup>[17]</sup>分析了湖南沅水五强溪水库 6 尾斑点叉尾鲷肾脏组织的染色体组型, 结果表明, 其核型公式为  $2n=8m+10sm+26st+14t$ , 共包含 58 条染色体和 76 条染色体臂。通过上述研究可见, 国内斑点叉尾鲷染色体数均为 58 条, 而且中部和亚中部 (m+sm) 着丝粒染色体数目要明显少于近端部和端部 (st+t) (表 1), 这与美国本土斑点叉尾鲷中  $m+sm>st+t$  的现象<sup>[50,52]</sup>有明显不同。虽然不同研究者在研究过程中所用制片方法和操作技术不同, 可能会导致这种差异, 但笔者认为国内斑点叉尾鲷

来源群体与先前报道核型的美国本土斑点叉尾鲷间的群体差异<sup>[53]</sup>可能是造成这种差异的主要原因。这种差异也反映出该物种的染色体组型在不同群体间可能存在较大变异频率。

#### 4 胡子鲇科核型研究进展

胡子鲇科鱼类在热带和亚热带地区分布广泛, 在我国自然分布的只有胡子鲇 (*C. fuscus*) 一种, 分布于长江中下游和长江以南各省区水域<sup>[7]</sup>。后来, 于 1978—1982 年先后从泰国和埃及引进了蟾



图 1 部分鲇形目鱼类染色体核型

(a) 鲇的染色体核型<sup>[10]</sup>; (b) 斑点叉尾鲷的染色体核型<sup>[16]</sup>; (c) 胡子鲇的染色体核型<sup>[22]</sup>; (d) 黄颡鱼的染色体核型<sup>[32]</sup>; (e) 白缘鲶(♀)的染色体核型<sup>[44]</sup>; (f) 白缘鲶(♂)的染色体核型<sup>[44]</sup>; (g) 黑斑原鲶的染色体核型<sup>[48]</sup>; (h) 黄颡鱼(♀)×瓦氏黄颡鱼(♂)杂交子代的染色体核型<sup>[32]</sup>; (i) 三倍体鲇的染色体核型<sup>[10]</sup>。横线标注的为性染色体

Fig. 1 Previously reported karyotypes of some Siluriformes species

(a) the karyotype of *S. asotus* <sup>[10]</sup>; (b) the karyotype of *L. punctatus* <sup>[16]</sup>; (c) the karyotype of *C. fuscus* <sup>[14]</sup>; (d) the karyotype of *P. fulvidraco* <sup>[32]</sup>; (e) the karyotype of female *L. marginatus* <sup>[44]</sup>; (f) the karyotype of male *L. marginatus* <sup>[44]</sup>; (g) the karyotype of *G. maculatum* <sup>[48]</sup>; (h) the karyotype of hybrid F<sub>1</sub> of *P. fulvidraco* (♀)×*P. vachelli* (♂) <sup>[15]</sup>; (i) the karyotype of triploid *S. asotus* <sup>[10]</sup>. The short bars marked sex chromosomes

胡子鲇、革胡子鲇和斑点胡子鲇用于水产养殖<sup>[18]</sup>。目前这 4 种胡子鲇科鱼类均有核型分析的研究报道。

胡子鲇作为我国唯一原产的胡子鲇科鱼类<sup>[7]</sup>, 其核型研究开展最早, 相关报道也最为丰富。其核型研究始于 1984 年, 首次确定其染色体数  $2n=56$ , 但并未分析其核型公式<sup>[1]</sup>。邬国民等<sup>[18]</sup>分析了 8 尾取自珠江水产研究所的胡子鲇肾脏的染色体组型, 发现其染色体数为  $2n=56$ , 同时还发现了较明显的性染色体, 因此, 雌雄性的核型公式有所差异, 其中雌性的为  $2n=18m+24sm+14st/t$ , 而雄性的为  $2n=19m+23sm+14st/t$ , 染色体臂数均为 98<sup>[18]</sup>。同年, 罗俊烈等<sup>[19]</sup>对采自广州市场的胡

子鲇进行了核型分析, 发现其核型为  $2n=56=18m+24sm+14st/t$ , 含染色体臂 98 条, 同时也发现了性染色体, 并对雄性的核型进行了确认和分析, 结果表明, 雄性核型为  $2n=19m+23sm+14st/t$ <sup>[20]</sup>。此后, 叶桂瑶<sup>[21]</sup>对胡子鲇的核型进行了进一步分析, 得到的核型公式为  $2n=18m+14sm+14st+10t$ , 染色体臂数为 88, 与之前的报道相比, 近端部和端部着丝粒类型染色体数明显增多。余先觉等<sup>[1]</sup>分析所得核型公式与叶桂瑶<sup>[21]</sup>得到的相同, 支持了后者的分析结果。李均祥等<sup>[22]</sup>分析了 6 尾胡子鲇肾脏组织的核型, 结果显示其染色体数为 56, 染色体臂数为 86, 核型公式为  $2n=24m+6sm+8st+18t$

(图 1)。上述研究结果得到的胡子鲇染色体数均为 56, 然而, 染色体臂数存在较大差异, 主要为 98 和 86/88 两种类型, 鉴于每种类型的染色体臂数均在 3 个以上研究中得到, 分析造成这种差异的主要原因应该是胡子鲇群体遗传背景的差异。

革胡子鲇为我国于 1981 年从埃及引进的水产养殖鱼类, 该鱼生长快、体型大、食性杂、抗逆性强、养殖容易, 在南方地区广泛养殖<sup>[23]</sup>。邬国民等<sup>[18]</sup>首次分析了革胡子鲇的核型, 发现其染色体数为  $2n=56$ , 共包含 96 条染色体臂, 并且也发现了性染色体, 核型公式为  $2n=22m+18sm+16st/t$  (♀) 和  $2n=23m+17sm+16st/t$  (♂)。罗俊烈等<sup>[23]</sup>也分析了革胡子鲇的染色体组型, 分析结果与邬国民等<sup>[19]</sup>所得雌性核型结果完全相同, 同时也发现了性染色体的存在。此外, 余凤玲<sup>[24]</sup>也对革胡子鲇的核型进行了分析, 然而该研究所得染色体数为  $2n=58$ , 核型公式为  $2n=32m+12sm+10st+4t$ , 有 102 条染色体臂, 与上述邬国民等<sup>[18]</sup>和罗俊烈等<sup>[23]</sup>所报道核型相比, 该研究所得染色体数多 2 条, 染色体臂数多 6 条 (表 1), 通过进一步分析, 发现余凤玲<sup>[24]</sup>可能混淆了革胡子鲇与鲇 2 个物种, 因为虽然前言中介绍的是革胡子鲇, 但是实验材料中用的是鲇的种名 *Silurus asotus*, 而且得到的染色体数与染色体臂数均与鲇相同, 所以认为该研究的对象应该是鲇, 而非革胡子鲇。综上, 革胡子鲇的染色体数为 56, 染色体臂数为 96。

胡子鲇科的另外 2 个物种斑点胡子鲇和蟾胡子鲇的染色体数与上述 2 种鱼类有所不同 (表 1)。斑点胡子鲇染色体数  $2n=54$ , 共有染色体臂 98 条, 核型公式为  $2n=24m+20sm+10st/t$ <sup>[18,20]</sup>。蟾胡子鲇染色数较多,  $2n=100$ , 雌、雄核型稍有差异 (表 1), 染色体臂数分别为 110 和 111<sup>[18]</sup>。此外, 在这两种胡子鲇中也发现了性染色体<sup>[18]</sup>。

在胡子鲇科 4 种鱼类中, 蟾胡子鲇端部和近端着丝粒染色体的比例最高, 因此在进化地位上最原始<sup>[18]</sup>, 而另外 3 个物种根据端部和近端着丝粒染色体比例高低, 认为革胡子鲇是比较原始的种类, 其次是胡子鲇, 而斑点胡子鲇是较进化类型<sup>[23]</sup>。然而, 由于罗伯逊易位和染色体融合现象在本科鱼类中非常普遍<sup>[18,23]</sup>, 同种鱼类的不同群体可能得到的核型有较大差异, 如胡子鲇 (表 1)。因此, 单纯依据核型分析系统演化关系可能存在较大误差, 而更精确的分析则需借助分子生物学手段开展。

## 5 鲮科核型研究进展

鲮科鱼类种类繁多, 物种分类也存在较多分歧, 被认为是鲈形目中除油鲮科 (*Pimelodidae*) 外最复杂的科。我国共有鲮科鱼类 4 属 32 种, 其中拟鲮属 (*Pseudobagrus*) 种类最多, 有 17 种; 其次为鲮属 (*Leiocassis*), 有 6 种; 黄颡鱼属 (*Pelteobagrus*) 5 种; 鲮属 (*Mystus*) 4 种<sup>[7]</sup>。

### 5.1 拟鲮属

拟鲮属鱼类中, 圆尾拟鲮 (*P. tenuis*)、乌苏里拟鲮 (*P. ussuriensis*)、切尾拟鲮 (*P. truncatus*)、长脂拟鲮 (*P. adiposalis*)、凹尾拟鲮 (*P. emarginatus*) 和细体拟鲮 (*P. pratti*) 这 6 种鱼类已有核型研究报道, 并且这些鱼类的染色体数均为  $2n=52$ 。在圆尾拟鲮中, 洪云汉等<sup>[27]</sup>采用肾细胞培养法对采自武汉市场的 1 尾雌性和 2 尾雄性个体进行核型分析后, 发现其  $2n=22m+16sm+14st$ , 包含 90 条染色体臂<sup>[27]</sup>; 文永彬等<sup>[33]</sup>采用活体肾细胞直接制片法分析了洞庭湖水系中沅水和澧水的雌、雄各 5 尾个体的核型, 核型公式与洪云汉等<sup>[27]</sup>所得类似, 为  $2n=24m+16sm+12st$ , 染色体臂数为 92。乌苏里拟鲮的核型研究也仅有 2 篇报道, 虽然样本分别取自湖北和黑龙江, 但 2 篇报道所得核型完全相同, 均为  $2n=24m+18sm+10st$ , 染色体臂数为 94<sup>[27,36]</sup>。在切尾拟鲮中, 余先觉等<sup>[1]</sup>所得核型为  $2n=26m+14sm+12st$ , 含染色体臂 92 条; 而邹远超等<sup>[37]</sup>所得核型为  $2n=18m+14sm+20st$ , 染色体臂数为 84, 明显少于前者 (表 1)。长脂拟鲮的核型也有 2 篇报道, 但所报道的染色体数不同, 周瞰<sup>[2]</sup>公布的染色体数为 50, 而洪云汉等<sup>[27]</sup>的结果则显示其  $2n=52$ , 核型公式为  $2n=20m+14sm+14st+2t$ , 包含 84 条染色体臂<sup>[27]</sup>, 而关于这种染色体数目差异是由群体差异还是实验方法所致, 则需进一步研究。凹尾拟鲮和细体拟鲮均仅有 1 篇研究报道, 核型分别为  $2n=24m+10sm+18st$  和  $2n=20m+14sm+8st+10t$ <sup>[1]</sup>。

### 5.2 鲮属

本属鱼类中, 仅有长吻鲮 (*L. longirostris*)、粗唇鲮 (*L. crassilabris*) 和钝吻鲮 (*L. crassirostris*) 3 种鱼类核型研究报道。长吻鲮的核型目前有 2 篇研究报道, 洪云汉等<sup>[27]</sup>对武汉市场的 3 尾雌鱼和 2 尾雄鱼进行了最早的核型报道, 染色体数为 52, 核型为  $2n=20m+16sm+16st$ , 包含 88 条染色体臂;

而万全等<sup>[35]</sup>对长江南京段5尾个体分析后,认为其染色体数为50,核型为 $2n=20m+12sm+18t$ ,染色体臂数为82,并认为与前者核型不同的原因可能是人为误差或染色体多态性。粗唇鲃和钝吻鲃的核型均仅有1篇研究报道,其中粗唇鲃的核型为 $2n=52=24m+14sm+14st$ ,染色体臂数为90<sup>[27]</sup>;钝吻鲃的核型为 $2n=52=24m+16sm+12st$ ,包含92条染色体臂<sup>[2]</sup>。

### 5.3 黄颡鱼属

黄颡鱼属5种鱼类中,已有4种鱼类有染色体组型研究报道。其中黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvirdraco*)的核型研究最多,研究结果均显示黄颡鱼染色体数 $2n=52$ <sup>[25,27,29,31]</sup>,染色体臂数为84~100(表1)。凌均秀<sup>[25]</sup>最早对采自湖北的黄颡鱼样本开展了核型研究,发现其染色体数为52条,包含98条染色体臂,核型公式为 $2n=22m+24sm/st+6t$ <sup>[25]</sup>。洪云汉等<sup>[27]</sup>利用肾细胞培养法对采自湖北武汉市场的1尾雌性和3尾雄性黄颡鱼进行了空气干燥制片分析,得出其核型公式为 $2n=24m+14sm+10st+4t$ ,染色体臂数为90,并且发现在最小的m染色体长臂末端具有随体。沈俊宝等<sup>[26]</sup>通过白血球培养法对黑龙江兴凯湖3尾雌性和2尾雄性黄颡鱼进行了核型分析,结果表明其染色体数为52,染色体臂数为92,核型公式为 $2n=28m+12sm+12st$ ,未发现异型性染色体和随体。薛淑群等<sup>[29]</sup>对黑龙江水系黄颡鱼前肾和中肾组织的核型分析显示,其核型公式为 $2n=28m+10sm+8st+6t$ ,染色体臂数为90。肖秀兰等<sup>[28]</sup>对鄱阳湖水系黄颡鱼核型分析结果显示,其核型为 $2n=22m+12sm+14st+4t$ ,染色体臂数为86。毛慧玲等<sup>[31]</sup>也开展了鄱阳湖水系的黄颡鱼核型研究,通过对雌、雄各3尾个体头肾组织的分析,发现其核型为 $2n=20m+14sm+14st+4t$ ,包含86条染色体臂。刘良国等<sup>[30]</sup>对洞庭湖水系沅水和澧水黄颡鱼进行了形态和核型的比较分析,发现二者在形态上有显著差异,但核型完全一致,均为 $2n=20m+12sm+10st+10t$ ,含84条染色体臂。张佳佳等<sup>[32]</sup>对长江水系南京段黄颡鱼进行的核型分析结果显示,其染色体数与先前的报道一致,但染色体臂数为100条,多于先前的所有报道,核型公式为 $2n=24m+20sm+4st+4t$ (图1)。通过上述研究的比较,可见不同研究中黄颡鱼的染色体数均为52,但染色体臂数和核型组成却存在较大差异,表现为长江水系南京段的染色体臂

数最多,其次为长江水系武汉段和黑龙江流域,这些地区黄颡鱼染色体臂数均多于90,而鄱阳湖水系和洞庭湖水系黄颡鱼的染色体臂数均少于90(表1)。这种地理差异可能是由于长期地理隔离导致了各地黄颡鱼染色体多态性<sup>[31]</sup>,可为追溯黄颡鱼的起源和染色体进化提供线索。

黄颡鱼属中,瓦氏黄颡鱼(*P. vachelli*)、长须黄颡鱼(*P. eupogon*)和光泽黄颡鱼(*P. nitidus*)的核型均于1984年首次报道<sup>[27]</sup>。在瓦氏黄颡鱼中,研究人员对洞庭湖水系<sup>[33]</sup>、长江水系武汉段<sup>[27]</sup>和长江水系南京段<sup>[32]</sup>群体的核型分别进行了研究,结果均显示其染色体数为52,而染色体臂数差异较大,表现为洞庭湖水系群体染色体臂数最少,其次为长江水系武汉段群体,而长江水系南京段群体的染色体臂数最多(表1),这种染色体臂数变化趋势与黄颡鱼中的趋势极其类似。在光泽黄颡鱼中,现有核型研究报道均显示其染色体数为52,染色体臂数为88或90<sup>[27,34]</sup>,与黄颡鱼和瓦氏黄颡鱼的研究报道相比并无太大差异。与其他3种黄颡鱼属鱼类不同,长须黄颡鱼的染色体数为 $2n=50$ ,现有研究均显示其染色体臂数为84<sup>[34]</sup>(表1),说明长须黄颡鱼与其他3种黄颡鱼属鱼类在遗传结构上可能存在较大差异。

### 5.4 鳢属

鳢属的4个物种,即大鳍鳢(*M. macropterus*)、斑鳢(*M. guttatus*)、长鳢(*M. elongatus*)和丝尾鳢(*M. nemurus*),目前均有核型研究报道。其中大鳍鳢的核型报道最多,洪云汉等<sup>[27]</sup>最早研究了采自武汉市场样本的染色体组型,发现其染色体数为60,核型为 $2n=20m+12sm+16st+12t$ ,含92条染色体臂;文永彬等<sup>[33]</sup>对沅水和澧水的样本分析后,得到与之类似的结果,核型公式为 $2n=60=20m+12sm+16st+12t$ ,染色体臂数也为92。然而,李川等<sup>[38]</sup>对贵州锦江河50尾样本分析后,发现其染色体数为56,核型为 $2n=16m+14sm+12st+14t$ ,染色体臂数为86<sup>[41]</sup>;马跃岗等<sup>[39]</sup>对重庆嘉陵江30尾个体的分型结果也显示染色体数为56,核型为 $2n=20m+16sm+10st+10t$ ,染色体臂数为92。根据上述结果,本研究认为,我国大鳍鳢可能存在 $2n=56$ 和 $2n=60$ 两种核型类群,这种核型差异可能由长期地理隔离所致。斑鳢的核型有2篇报道,均显示其染色体数为60,核型公式为 $2n=20m+12sm+16st+12t$ ,染色体臂数为92<sup>[1-2]</sup>。长鳢和丝尾



鳢的核型各有 1 篇报道, 其中前者核型为  $2n=60=20m+12sm+16st+12t$  [2], 后者  $2n=52=22m+6sm+24t$  [40]。

通过对鲇科 4 个属的核型研究结果比较分析, 发现拟鲇属鱼类染色体数目最稳定, 均为 52 条。在黄颡鱼属中, 除长须黄颡鱼染色体数不同外, 其他所有报道均为 52 条。鮠属鱼类中, 长吻鮠在不同研究中却得到不同的染色体数。鳊属鱼类中, 不仅存在物种间染色体数目不同的现象, 而且在大鳍鳊中可能还存在群体差异现象。中部与亚中部着丝粒染色体比例在拟鲇属 (0.726)、黄颡鱼属 (0.702) 和鮠属 (0.708) 中并无太大差异, 而在鳊属 (0.550) 中则明显低于前 3 个属 (表 1), 因此, 鳊属在鲇科中属于较原始类群, 这也与通过分子手段分析所得到的进化关系一致 [54]。

## 6 钝头鮠科核型研究进展

我国钝头鮠科鱼类仅有鳊属 (*Liobagrus*) 1 属, 共 10 种, 分布于长江水系、珠江水系及台湾溪流中。目前已报道了 4 种钝头鮠科鱼类的核型, 分别为白缘鳊 (*L. marginatus*)、拟缘鳊 (*L. marginatoides*)、黑尾鳊 (*L. nigricauda*) 和鳊尾鳊 (*L. anguillicauda*)。

白缘鳊为分布于长江上游的小型经济鱼类, 目前关于其核型的研究均显示其染色体数  $2n=24$ , 为已报道鲇形目鱼类中染色体数最少的物种。李树深等 [41] 于 1981 年对四川岷江的雌、雄各 2 尾白缘鳊的肾脏组织进行了核型分析, 并首次报道了其核型为  $2n=20m+4sm$ , 染色体臂数为 48, 在该研究中并未观察到性染色体。而李康等 [42] 利用相同组织和制片方法对四川东山港 3 尾雄性和 1 尾雌性的核型分析时, 发现雄性个体中有 1 条特有的端部着丝粒染色体, 因此, 雌性和雄性的染色体组型也有所不同, 分别为  $2n=20m+2sm+2st$  (♀) 和  $2n=19m+2sm+2st+1t$  (♂)。龙华等 [43] 于 2004 年对采自岷江、青衣江、大渡河水系的 5 尾个体进行核型分析后并未发现明显的性染色体, 核型公式为  $2n=20m+2sm+2st$ 。本研究认为由于实验个体过小无法鉴定性别, 可能所分析的 5 尾个体均为雌性。随后, 龙华等 [44] 对长江上游水系更多白缘鳊个体进行了核型分析, 并发现了明显的性染色体, 雌、雄性的核型均与李康等 [42] 所得核型一致 (图 1)。鉴于白缘鳊染色体数少且性染色体明显的特点, 研究者一致认为该物种可作为研究染色体畸变、

水污染监测、异型性染色体分化机制及鱼类细胞遗传学研究的模型。

在另外 3 种鳊属鱼类中, 拟缘鳊和黑尾鳊的染色体数均为  $2n=30$ , 二者均具有异型性染色体, 并且核型公式均为  $2n=16m+6sm+6st+2t$  (♀) 和  $2n=16m+5sm+7st+2t$  (♂), 说明这两种鱼类具有很近的亲缘关系 [1,44]。鳊尾鳊与上述 3 种鳊属鱼类相比, 其染色体数最多, 为  $2n=34$ , 核型分析结果中未发现明显的性染色体, 核型公式为  $2n=20m+12sm+2st$  [45]。由于鳊属鱼类染色体数在鲇形目中最少, 并且核型中绝大多数为双臂染色体 (图 1), 因此, 该属鱼类的核型较为特化, 有学者进一步通过白缘鳊端粒的荧光原位杂交结果, 推测造成鳊属鱼类染色体数较少的原因可能是罗伯逊易位导致的染色体融合 [55]。此外, 研究者发现, 鳊属鱼类染色体数似乎随着分布区自东向西的变化, 呈现出由多变少的趋势, 因此, 认为该属鱼类可作为研究核型演化的良好材料。

## 7 鲃科核型研究进展

鲃科鱼类主要分布于青藏高原和东喜马拉雅山周边水系中, 目前我国鲃科鱼类共记录有 8 属 52 种 [56]。然而, 鲃科鱼类中开展核型研究的种类较少, 仅见于石爬鲃属 (*Euchiloglanis*) 的黄石爬鲃 (*E. kishinouyei*) 和青石爬鲃 (*E. davidi*), 纹胸鲃属 (*Glyptothorax*) 的中华纹胸鲃 (*G. sinensis*) 和福建纹胸鲃 (*G. fukiensis*), 原鲃属 (*Glyptosternum*) 的黑斑原鲃 (*G. maculatum*) 5 个物种 (表 1)。由于鲃科鱼类的分化与青藏高原的隆起具有密不可分的关系 [57], 因此, 鲃科鱼类也成为研究地理阻隔与物种进化关系的重要对象 [56], 而通过不同物种间的核型差异分析也不失为一种有效途径。

李树深等 [46] 分析了黄石爬鲃和青石爬鲃的核型后, 发现二者染色体数存在很大差异, 前者染色体数为 50 条, 而后者仅为 36 条, 核型公式分别为  $2n=14m+6sm+30st/t$  和  $2n=8m+6sm+22st/t$ , 染色体臂数分别为 70 和 50; 武汉大学生物系细胞遗传学实验室 1985 年对青石爬鲃的核型分析所得染色体数也为 36 条 [47]。然而, 由于黄石爬鲃和青石爬鲃分类特征极其类似, 不同学者对它们是 2 个物种还是同种异名存在争议。郭宪光等 [58] 利用形态特征主成分分析和线粒体 16S rRNA 基因序列相结合的方法对这两个物种进行了系统分析, 发现二者间不仅形态差异较小, 地理分布重叠,

而且遗传距离也仅限于种内水平,因此,认为二者是同物异名。对于李树深等<sup>[46]</sup>报道的二者不同核型,郭宪光等<sup>[58]</sup>认为他们将鲢属的某种鱼类误判为青石爬鲢,从而得到了不同的核型。武汉大学生物系细胞遗传学实验室分析得到了中华纹胸鲢的染色体数为 $2n=52$ ,但并未对核型公式进行分析<sup>[47]</sup>。福建纹胸鲢的现有2篇报道中均显示其染色体数为 $2n=52$ <sup>[1-2]</sup>,核型公式仅报道了1个,即 $2n=20m+18sm+14st$ ,染色体臂数为90<sup>[2]</sup>。此外,黑斑原鲢的染色体数与上述鱼类均不同,其 $2n=48=28m+12sm+8st$ ,染色体臂数为88(图1)<sup>[48]</sup>。

通过上述研究结果可见,鲢科鱼类染色体数目变化较大,不同属间染色体数目不同,甚至同属的不同种间也存在较大的染色体数目差异。中部与亚中部着丝粒染色体比例在石爬鲢属(0.394)中显著低于纹胸鲢属(0.731)和原鲢属(0.833),据此推测,石爬鲢属应为3个属中更原始的类群。然而,分子钟进化分析结果显示石爬鲢属的起源时间晚于上述2个属,而原鲢属是3个属中最早起源的类群<sup>[56,59]</sup>。可见,鲢科鱼类的起源与进化关系较复杂,除核型分析结果外,还需结合其他分析手段进行综合分析。

## 8 杂交子一代核型研究进展

由于通过杂交可产生杂交优势,能快速育成养殖新品种,因此,国内外学者对鱼种间杂交进行大量研究报道,鲇形目鱼类的近缘物种间杂交试验也有报道,有学者也对鲇形目鱼类杂交后代的核型进行了分析。在鲇科鱼类中,贺刚等<sup>[60]</sup>于2011年对大口鲇(♀)×怀头鲇(♂)杂交子一代开展了核型分析,结果显示,其核型为 $2n=58=24m+16sm+14st+4t$ ,染色体臂数为98,均与双亲的染色体数和染色体臂数一致。鲶科鱼类杂交后代的核型研究在国内尚无报道,LeGrande等<sup>[51]</sup>于1984年报道了斑点叉尾鲶( $2n=58$ )、蓝叉尾鲶(*I. furcatus*)( $2n=58$ )和白叉尾鲶(*I. catus*)( $2n=48$ )间4种杂交组合的染色体组型,其中斑点叉尾鲶和蓝叉尾鲶正反交子一代的染色体数均为58,与双亲染色体数相同,染色体臂数也相同;斑点叉尾鲶和白叉尾鲶正反交子一代及白叉尾鲶和蓝叉尾鲶正反交子一代染色体数均为53,刚好为双亲染色体组的染色体数目之和,染色体臂数也等于双亲染色体组中染色体臂数之和。

在胡子鲇科鱼类中,郇国民等<sup>[61]</sup>于1990年

报道了胡子鲇和革胡子鲇正反交子一代的核型,子代染色体数 $2n=56$ ,与双亲染色体数相同,并且杂交子一代染色体可明显分为2组,分别对应母本和父本的染色体组,但与父母本的染色体组并不完全相同。马进等<sup>[62]</sup>研究了斑点胡子鲇( $2n=54$ )和革胡子鲇( $2n=56$ )杂交子一代的核型,通过对300个细胞染色组型分析后,得到杂交子代染色体数为55,杂交子代染色体分为M组和L组,分别对应母本与父本染色体组。在鳢科鱼类中,张佳佳等<sup>[32]</sup>分析了黄颡鱼(♀)×瓦氏黄颡鱼(♂)杂交子代的核型,发现其染色体数 $2n=52$ ,核型公式为 $2n=24m+20sm+6st+2t$ ,含102条染色体臂(图1),染色体数与双亲一致,但核型与双亲有差异,与母本黄颡鱼的核型差异较小,而与父本瓦氏黄颡鱼的核型差异较大,并推测杂交子一代与母本的遗传特性更相近。

上述研究表明,当染色体数相同的2种鱼杂交时,杂交子代的染色体数也与双亲染色体数相同;而当双亲染色体数不同时,杂交子代的染色体数为双亲染色体组中染色体数目之和。杂交子一代染色体均可明显分为2组,分别对应母本和父本的染色体组,但各组染色体与父母本染色体组间存在不同程度的变异。

## 9 多倍体核型研究进展

为提高鱼类生长速率或通过产生三倍体来控制鱼类过度繁殖,人工多倍体已在多种鱼类中报道<sup>[63]</sup>。在鲇形目鱼类中,黄颡鱼<sup>[64]</sup>、蟾胡子鲇<sup>[65]</sup>、鲇<sup>[10]</sup>等鱼类三倍体均已成功诱导。尹洪滨等<sup>[10]</sup>利用静水压法诱导出了三倍体鲇,并对其进行了一系列研究,其中核型研究的结果显示三倍体鲇染色体数为 $3n=87=30m+36sm+15st+6t$ ,染色体臂数为153(图1),认为三倍体鲇与二倍体鲇核型基本一致,只是每组染色体增加一套染色体组。

尽管目前国内关于鲇形目多倍体核型的研究较少,但由于一般均采用抑制第一或第二极体释放的方法生产三倍体,因此,相对于二倍体核型,三倍体核型实际上是在此基础上增加了一个雌性染色体组。

## 10 总结与展望

目前报道的35种鲇形目鱼类核型中,染色体数有24、30、34、36、48、50、52、54、56、

58、60 和 100 共 12 种类型, 有 30 种鱼类染色体数位于 48~60 区间内, 并且在此区间内, 染色体数呈连续变化。在这 35 种鲇形目鱼类中,  $2n=52$  的鱼类最多, 有 15 种, 占比达 42.9%, 主要为鲮科鱼类 (13 种), 其次为  $2n=58$  的类群 5 种 (鲇科和鲃科), 占比 14.3%。在我国已研究核型的鱼类中,  $2n=48$  或 50 的鱼类最多<sup>[3]</sup>, 基因组学研究推测, 硬骨鱼类的染色体基数可能为 24 或 25, 经过一次染色体全基因组加倍后, 形成  $2n=48$  或  $2n=50$  的染色体数, 在进化过程中, 通过染色体断裂、融合、易位等染色体重排过程, 形成不同的染色体数<sup>[66]</sup>; 在另外一些鱼类中, 如鲤 (*Cyprinus carpio*)、裂腹鱼类等, 其染色体数均大于 72 条<sup>[3]</sup>, 认为其经历了一次额外的全基因组加倍后再通过染色体重排, 形成了四倍化的染色体组型<sup>[67]</sup>, 然而, 最新的比较基因组研究表明, 鲤可能是由于种间杂交形成的异源四倍体<sup>[68]</sup>。在已报道核型的鲇形目鱼类中, 多数鱼类的染色体数大于 50, LeGrande<sup>[52]</sup> 曾根据对北美鲇形目鱼类核型研究结果, 推测鲇形目祖先类群的染色体数可能为  $2n=58$ , 在鲇形目染色体进化过程中, 罗伯逊易位在染色体数目变化中起重要作用<sup>[27,52]</sup>。在少数种类中, 比如蟾胡子鲇, 也可能像鲤等鱼类一样经历了基因组四倍化过程。此外, 在钝头鲃科及部分鲃科鱼类中, 染色体数目则显著减少, 可能预示着在这些类群中染色体融合的发生频率较高, 这需要今后依据基因组学研究的进一步分析。

在核型研究中, 不同研究对同一鱼类核型的报道有差异的现象较为普遍, 有时甚至染色体数目在不同报道中也会存在不同。在鲇形目鱼类中, 斑点叉尾鲃染色体数有  $2n=56$  和  $2n=58$  两种类型, 黄颡鱼、长吻鲃和长脂拟鲃中均存在  $2n=50$  和  $2n=52$  两种类型, 大鳍鲃中则有  $2n=56$  和  $2n=60$  两种类型。正常情况下, 染色体数目缺失的个体难以存活<sup>[27]</sup>, 因此, 这种染色体数目差异显然不是由于染色体的成对缺失所致, 而更可能是不同地理群体间由于染色体重排导致的染色体多态现象<sup>[35]</sup>, 如日本 2 个地理种群的桔色拟鲃 (*P. aurantiacus*) 的染色体数甚至相差 8 条 ( $2n=48=20m+12sm+16st/t$ ,  $NF=80$ ;  $2n=56=24m+12sm+20st/t$ ,  $NF=92$ )<sup>[69]</sup>。这种群体间染色体多态性可能是由于不同群体为适应各自的生存环境所形成<sup>[70]</sup>, 由于上述物种中染色体数目较少的核型中中部和亚中部着丝粒染色体比例相对较高, 因此, 很可能是

通过罗伯逊易位形成了不同的染色体数目类型<sup>[25,52]</sup>, 这在鲃形目 (*Acipenseriformes*)、鲤形目 (*Cypriniformes*) 和鲈形目 (*Perciformes*) 等中均有报道<sup>[71-72]</sup>。

此外, 鲇形目鱼类中普遍存在雌雄生长差异, 因此, 单性育种是鲇形目鱼类快速育种的一种有效方法, 如在黄颡鱼中, 全雄品种已成功应用于养殖生产, 可比养殖普通黄颡鱼增产约 35%<sup>[73]</sup>。然而, 在目前已有核型研究的鲇形目鱼类中, 大多数种类中未发现性染色体, 仅在胡子鲃科和钝头鲃科的 7 种鱼类中发现了明显的性染色体, 并且这些物种均为雄性异配的 XX/XY 性别决定类型。这说明鲇形目中绝大多数鱼类还未进化到具有性染色体机制的程度, 它们的性染色体仍处于进化的初级阶段<sup>[3]</sup>。不过结合分子生物学和基因组学分析技术, 这些没有明显性染色体鱼类的潜在性染色体也可成功鉴定<sup>[74-75]</sup>, 这为性染色体研究提供了有效途径。如在黄颡鱼中, 通过筛选雄性特异性标记获得了雄性特异序列, 并推测了其 XX/XY 性别决定类型<sup>[76]</sup>; 与之类似, 在乌苏里拟鲃中, 也鉴定出了雄性特异性标记和特异序列, 其性别决定类型也为 XX/XY 型<sup>[77]</sup>。在斑点叉尾鲃中, 通过 XX 和 YY 个体的基因组和转录组比较分析, 筛选出了其性别决定候选基因 *BCAR1*<sup>[74]</sup>。

相对于我国现有的 132 种鲇形目鱼类而言, 已开展核型研究的种类仅占较小比例, 因此在今后的研究中, 需要更多种类的核型报道, 才能对鲇形目鱼类的染色体组成有更加全面的认识。鲇形目鱼类染色体数目变化范围广, 是研究染色体重排及全染色体基因组加倍的良好材料。目前基因组学研究已在南方大口鲃<sup>[78]</sup>、斑点叉尾鲃<sup>[79]</sup>、黄颡鱼<sup>[80]</sup>、乌苏里拟鲃<sup>[81]</sup> 等多种鲇形目鱼类中展开, 结合这些基因组数据, 鲇形目的染色体进化将得到更加深入的分析 and 更加清晰的认识。随着研究的深入, 将有更多鲇形目鱼类的核型被报道, 而结合基因组学数据联合分析将成为染色体进化和性染色体研究的重要方法。

(作者声明本文无实际或潜在的利益冲突)

## 参考文献 (References):

- [1] 余先觉, 周瞰, 李渝成, 等. 中国淡水鱼类染色体 [M]. 北京: 科学出版社, 1989.  
Yu X J, Zhou T, Li Y C, et al. Chinese freshwater fish chromosomes[M]. Beijing: Science Press, 1989 (in Chinese).

- [2] 周墩. 鱼类染色体研究[J]. 动物学研究, 1984, 5(S1): 38-51.  
Zhou T. Chromosome studies in Chinese fresh-water fishes[J]. Zoological Research, 1984, 5(S1): 38-51 (in Chinese).
- [3] 楼允东. 中国鱼类染色体组型研究的进展[J]. 水产学报, 1997, 21(S1): 82-91.  
Lou Y D. Progress of fish karyotype studies in China[J]. Journal of Fisheries of China, 1997, 21(S1): 82-91 (in Chinese).
- [4] 朱松泉. 中国淡水鱼类检索 [M]. 南京: 江苏科学技术出版社, 1995.  
Zhu S Q. The synopsis of freshwater fishes of China[M]. Nanjing: Jiangsu Science and Technology Publishing House, 1995 (in Chinese).
- [5] 牛文涛, 蔡泽平. 中国海水鱼类核型研究概述[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2006, 45(S2): 125-131.  
Niu W T, Cai Z P. Review on karyotype study of marine fishes in China[J]. Journal of Xiamen University (Natural Science Edition), 2006, 45(S2): 125-131 (in Chinese).
- [6] 褚新洛. 我国鲂形目鱼类的地理分布[J]. 动物学研究, 1989, 10(3): 251-261.  
Chu X L. Geographical distribution of Siluriform fishes in China[J]. Zoological Research, 1989, 10(3): 251-261 (in Chinese).
- [7] 李明德. 中国鱼类名录V·脂鲤目、鲶形目、狗鱼目、胡瓜鱼目、鲑形目、巨口鱼目[J]. 天津水产, 2003(1): 18-25.  
Li M D. A catalogue of Chinese fishes V: Characiformes, Siluriformes, Esociformes, Salmoniformes and Stomiformes[J]. Tianjin Fisheries, 2003(1): 18-25 (in Chinese).
- [8] 陈湘舜. 我国鲶科鱼类的总述[J]. 水生生物学集刊, 1977, 6(2): 197-218.  
Chen X L. A review of the Chinese Siluridae[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 1977, 6(2): 197-218 (in Chinese).
- [9] 洪云汉, 周墩. 两种鲶鱼的染色体组型研究[J]. 武汉大学学报(自然科学版), 1983(3): 106-108, 128.  
Hong Y H, Zhou T. Karyotypic study of two species of Chinese catfishes (Siluridae)[J]. Journal of Wuhan University (Natural Science Edition), 1983(3): 106-108, 128 (in Chinese).
- [10] 尹洪滨, 孙中武, 潘伟志. 三倍体鲶鱼的核型研究[J]. 水产学报, 1996, 20(2): 178-182.  
Yin H B, Sun Z W, Pan W Z. The karyotype study on triploid catfish (*Silurus asotus*)[J]. Journal of Fisheries of China, 1996, 20(2): 178-182 (in Chinese).
- [11] 温海深, 张永春, 王亮, 等. 西辽河鲌鱼染色体组型研究[J]. 哲里木畜牧学院学报, 1999, 9(2): 11-14.  
Wen H S, Zhang Y C, Wang L, et al. Study on karyotype of catfish in Xiliao River[J]. Journal of Zhelimu Animal Husbandry College, 1999, 9(2): 11-14 (in Chinese).
- [12] 韩庆, 秦杰, 席在星. 洞庭湖土鲶染色体核型分析[J]. 水产科学, 2009, 28(8): 462-464.  
Han Q, Qin J, Xi Z X. Analysis of the chromosome karyotype of catfish (*Silurus asotus*) in Dongting lake[J]. Fisheries Science, 2009, 28(8): 462-464 (in Chinese).
- [13] 邹桂伟, 潘光碧, 梁拥军, 等. 大口鲶染色体组型和DNA含量的研究[J]. 中国水产科学, 1997, 4(5): 96-99.  
Zou G W, Pan G B, Liang Y J, et al. Studies on karyotype and cellular DNA content of *Silurus meridionalis*[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 1997, 4(5): 96-99 (in Chinese).
- [14] 王绿洲, 李蕾, 李涛, 等. 兰州鲶染色体组型[J]. 动物学杂志, 2015, 50(2): 272-276.  
Wang L Z, Li L, Li T, et al. Study on karyotype of *Silurus lanzhouensis*[J]. Chinese Journal of Zoology, 2015, 50(2): 272-276 (in Chinese).
- [15] 胡国宏, 孙广华, 张雅斌, 等. 怀头鲶的核型分析[J]. 大连水产学院学报, 2005, 20(4): 318-321.  
Hu G H, Sun G H, Zhang Y B, et al. Karyotype analyses of northern sheatfish (*Silurus soldatovi*)[J]. Journal of Dalian Fisheries University, 2005, 20(4): 318-321 (in Chinese).
- [16] 张芹, 宋威, 惠筠, 等. 斑点叉尾鲷染色体组型的研究[J]. 河南水产, 2009(1): 35-36.  
Zhang Q, Song W, Hui Y, et al. Research on karyotype of channel catfish[J]. Henan Fisheries, 2009(1): 35-36 (in Chinese).
- [17] 刘哲同, 刘良国. 沅水五强溪水库斑点叉尾鲷的染色体组型分析[J]. 安徽农业科学, 2007, 45(6): 99-100, 132.  
Liu Z T, Liu L G. Karyotype analysis of *Ictalurus punctatus* in Wuqiangxi reservoir of Yuanshui river[J]. Journal of Anhui Agricultural Science, 2007, 45(6): 99-100, 132 (in Chinese).

- [18] 郭国民, 洗焱彬, 陈永乐, 等. 四种胡子鲌核型的比较研究[J]. 遗传学报, 1986, 13(3): 213-220.  
Wu G M, Xian C B, Chen Y L, *et al.* A comparative study on the karyotypes of four species of catfish[J]. *Acta Genetica Sinica*, 1986, 13(3): 213-220 (in Chinese).
- [19] 罗俊烈, 王正询, 林兆平, 等. 胡子鲌染色体组型的研究[J]. 水产学报, 1986, 10(4): 441-446.  
Luo J L, Wang Z X, Lin Z P, *et al.* Studies on the karyotype of *Claris fuscus*[J]. *Journal of Fisheries of China*, 1986, 10(4): 441-446 (in Chinese).
- [20] 罗俊烈, 王正询, 林兆平. 斑点胡子鲌和胡子鲌染色体组型的研究[J]. 动物学杂志, 1987, 22(1): 10-13.  
Luo J L, Wang Z X, Lin Z P. Studies on the karyotypes of *Clarias macrocephalus* and *C. fuscus*[J]. *Chinese Journal of Zoology*, 1987, 22(1): 10-13 (in Chinese).
- [21] 叶桂瑶. 胡子鲌的染色体组型研究[J]. 暨南理医学报, 1988(1): 132-135.  
Ye G Y. Studies on the karyotypes of the *Claris fuscus* of Chinese[J]. *Journal of Science and Medicine of Jinan University*, 1988(1): 132-135 (in Chinese).
- [22] 李均祥, 陈瑞娇, 刘军. 胡子鲌染色体核型的初步研究[J]. 水利渔业, 2007, 27(3): 17-18.  
Li J X, Chen R J, Liu J. Preliminary studies on the karyotype of the catfish *Clarias fuscus*[J]. *Reservoir Fisheries*, 2007, 27(3): 17-18 (in Chinese).
- [23] 罗俊烈, 王正询, 林兆平. 革胡子鲌染色体组型的研究[J]. 动物学杂志, 1987, 22(4): 12-15.  
Luo J L, Wang Z X, Lin Z P. Study on the karyotypes of *Clarias leather*[J]. *Chinese Journal of Zoology*, 1987, 22(4): 12-15 (in Chinese).
- [24] 余凤玲. 革胡子鲌染色体标本制备及核型分析[J]. 内蒙古科技与经济, 2005(6): 99-100.  
Yu F L. Chromosome samples preparation and karyotype analysis of *Clarias leather*[J]. *Inner Mongolia Science Technology & Economy*, 2005(6): 99-100 (in Chinese).
- [25] 凌均秀. 八种鱼的染色体组型的研究[J]. 武汉大学学报(自然科学版), 1982(2): 109-112, 121-122.  
Lin J X. Studies on the karyotypes of eight species of fish[J]. *Journal of Wuhan University (Natural Science Edition)*, 1982(2): 109-112, 121-122 (in Chinese).
- [26] 沈俊宝, 范兆廷, 王国瑞. 黄颡鱼的核型研究[J]. 遗传, 1983, 5(2): 23-24.  
Shen J B, Fan Z T, Wang G R. Study on karyotype of *Pelteobagrus fulvidraco*[J]. *Hereditas (Beijing)*, 1983, 5(2): 23-24 (in Chinese).
- [27] 洪云汉, 周曦. 鲌科九种鱼的核型研究[J]. 动物学研究, 1984, 5(S3): 21-28.  
Hong Y H, Zhou T. Karyotypes of nine species of Chinese catfishes (Baridae)[J]. *Zoological Research*, 1984, 5(S3): 21-28 (in Chinese).
- [28] 肖秀兰, 欧阳敏, 张明, 等. 鄱阳湖水系黄颡鱼若干生物学特性的研究[J]. 江西农业学报, 2002, 14(4): 18-22.  
Xiao X L, Ouyang M, Zhang M, *et al.* Study on some biological characters of *Pelteobagrus fulvidraco* in Poyang Lake[J]. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2002, 14(4): 18-22 (in Chinese).
- [29] 薛淑群, 尹洪滨. 黄颡染色体组型的初步分析[J]. 水产学杂志, 2006, 19(1): 11-13.  
Xue S Q, Yin H B. Karyotype analyses of *Pseudobagrus fulvidraco*[J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2006, 19(1): 11-13 (in Chinese).
- [30] 刘良国, 邹万生, 杨春英, 等. 洞庭湖水系黄颡鱼的形态差异及染色体组型[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(29): 17939-17941.  
Liu L G, Zou W S, Yang C Y, *et al.* Morphological differences and karyotype of *Pelteobagrus fulvidraco* in Dongting Lake water systems[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2011, 39(29): 17939-17941 (in Chinese).
- [31] 毛慧玲, 葛欣琦, 刘佳丽, 等. 鄱阳湖黄颡鱼染色体核型分析及进化地位探讨[J]. 江西农业大学学报, 2012, 34(6): 1222-1225.  
Mao H L, Ge X Q, Liu J L, *et al.* Karyotype analysis of *Pelteobagrus fulvidraco* in Poyang Lake and discussion of its evolutionary position[J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2012, 34(6): 1222-1225 (in Chinese).
- [32] 张佳佳, 张国松, 张宏叶, 等. 黄颡鱼(♀)×瓦氏黄颡鱼(♂)双亲及其杂交子代核型和营养成分分析[J]. 海洋渔业, 2017, 39(2): 149-161.  
Zhang J J, Zhang G S, Zhang H Y, *et al.* Comparative analysis of the karyotype and nutritional ingredient for the hybrids of *Pelteobagrus fulvidraco* (♀) × *P. vachelli* (♂) and their parental fish[J]. *Marine Fisheries*, 2017, 39(2): 149-161 (in Chinese).
- [33] 文永彬, 史怡雪, 刘良国, 等. 洞庭湖水系3种鲿科鱼的染色体核型分析[J]. 江苏农业科学, 2013, 41(12): 235-

238.  
Wen Y B, Shi Y X, Liu L G, *et al.* Karyotypes analysis of three kinds of Bagrid fishes in Dongting Lake water system[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2013, 41(12): 235-238 (in Chinese).
- [34] 杨春英, 贺一原, 郭沐林, 等. 洞庭湖水系沅水和澧水2种黄颡鱼的形态及染色体组型[J]. 湖南文理学院学报(自然科学版), 2011, 23(4): 57-61.  
Yang C Y, He Y Y, Guo M L, *et al.* Studies on morphological and chromosome karyotype of 2 *Pelteobagrus* species in the Yuanshui and Lishui rivers of Dongting lake water systems in Hunan province[J]. *Journal of Hunan University of Arts and Science (Natural Science Edition)*, 2011, 23(4): 57-61 (in Chinese).
- [35] 万全, 刘恩生, 申德林, 等. 长吻鮠染色体组型分析[J]. *安徽农业大学学报*, 2002, 29(2): 182-184.  
Wan Q, Liu E S, Shen D L, *et al.* Analysis on karyotype of *Leiocassis longirostris* Günther[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2002, 29(2): 182-184 (in Chinese).
- [36] 薛淑群, 尹洪滨. 乌苏里拟鲿的染色体组型研究[J]. *水产学杂志*, 2008, 21(2): 75-78.  
Xue S Q, Yin H B. Karyotype analyses of *Pseudobagrus ussuriensis*[J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2008, 21(2): 75-78 (in Chinese).
- [37] 邹远超, 林溪, 岳兴建, 等. 切尾拟鲿染色体核型分析[J]. *安徽农业科学*, 2003, 41(8): 3400-3402.  
Zou Y C, Lin X, Yue X J, *et al.* Chromosome karyotype analysis of *Pseudobagrus truncates*[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2003, 41(8): 3400-3402 (in Chinese).
- [38] 李川, 杨明境, 姚俊杰, 等. 大鳍鱮染色体核型的研究[J]. *贵州农业科学*, 2009, 37(10): 139-141.  
Li C, Yang M J, Yao J J, *et al.* The study on karyotypes of *Mystus macropterus*[J]. *Guizhou Agricultural Sciences*, 2009, 37(10): 139-141 (in Chinese).
- [39] 马跃岗, 张峰, 牟平, 等. 嘉临江大鳍鱮染色体组型分析[J]. *现代农业科技*, 2013(2): 260-261.  
Ma Y G, Zhang F, Mu P, *et al.* Analysis the karyotype of *Mystus macropterus* Bleeker in the Jialin River[J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, 2013(2): 260-261 (in Chinese).
- [40] 于伟君, 骆小年, 王丹, 等. 白须公鱼染色体核型初步研究[J]. *水利渔业*, 2006, 26(5): 24-25.  
Yu W J, Luo X N, Wang D, *et al.* Karyotype analysis of *Mystus nemurus*[J]. *Reservoir Fisheries*, 2006, 26(5): 24-25 (in Chinese).
- [41] 李树深, 王蕊芳, 刘光佐, 等. 一种小型鲇鱼类——白缘鲶的染色体核型研究[J]. *遗传*, 1981, 3(1): 23-24.  
Li S S, Wang R F, Liu G Z, *et al.* Investigation on karyotype in *Uobagrus marginatus*[J]. *Hereditas (Beijing)*, 1981, 3(1): 23-24 (in Chinese).
- [42] 李康, 李渝成, 周敏. 白缘鲶性别决定的细胞学证据[J]. *遗传*, 1985, 7(3): 23-24.  
Li K, Li Y C, Zhou T. Cytological evidence for sex determination in *Leiobagrus marginatus*[J]. *Hereditas (Beijing)*, 1985, 7(3): 23-24 (in Chinese).
- [43] 龙华, 汪登强. 白缘鲶染色体核型分析[J]. *淡水渔业*, 2004, 34(2): 9-10.  
Long H, Wang D Q. Analysis on karyotype of *Leiobagrus marginatus* (Günther)[J]. *Freshwater Fisheries*, 2004, 34(2): 9-10 (in Chinese).
- [44] 龙华, 陈建武, 刘薇, 等. 3种鲶属鱼X/Y异型性染色体的比较分析[J]. *长江大学学报(自然科学版)*, 2006, 3(4): 174-178.  
Long H, Chen J W, Liu W, *et al.* Comparison and analysis of sex chromosomes with X/Y heterotypes of three fishes of *Liobagrus hilgendorf*[J]. *Journal of Yangtze University (Natural Science Edition)*, 2006, 3(4): 174-178 (in Chinese).
- [45] 李树深, 王蕊芳, 刘光佐, 等. 八种淡水真骨鱼类的核型研究[J]. *遗传*, 1983, 5(4): 25-28.  
Li S S, Wang R F, Liu G Z, *et al.* A karyotypic study of eight species of teleostie fish[J]. *Hereditas (Beijing)*, 1983, 5(4): 25-28 (in Chinese).
- [46] 李树深, 王蕊芳, 刘光佐, 等. 石爬鮠和青鮠细胞核型的研究[M]//鱼类学论文集(第二辑). 北京: 科学出版社, 1981: 153-155.  
Li S S, Wang R F, Liu G Z, *et al.* Study on karyotypes of *Euchiloglanis kishinouyei* and *Euchiloglanis davidi*[M]//Transactions of the Chinese ichthyological society (No. 2). Beijing: Science Press, 1981: 153-155 (in Chinese).
- [47] 武汉大学生物系细胞遗传学实验室. 四川广西两省59种鱼的染色体研究初报[J]. *武汉大学学报(自然科学版)*, 1985(1): 124-126.  
Cytogenetics laboratory, Biology Department, Wuhan University. A preliminary report on the chromosome

- numbers of 59 species of fishes in Sichuan province and Guangxin province[J]. *Journal of Wuhan University (Natural Science Edition)*, 1985(1): 124-126 (in Chinese).
- [48] 任修海, 崔建勋, 余其兴. 黑斑原鲃的染色体组型及 NOR 单倍性[J]. *遗传*, 1992, 14(6): 10-11.  
Ren X H, Cui J X, Yu Q X. The karyotyping and haploidy NOR of *Glyptosternum maculatum*[J]. *Hereditas (Beijing)*, 1992, 14(6): 10-11 (in Chinese).
- [49] 张立民, 陈军, 赵春刚, 等. 怀头鲃池塘规模化养殖技术初步研究[J]. *黑龙江水产*, 2006(5): 1-2, 16.  
Zhang L M, Chen J, Zhao C G, et al. Study on pond culture technology of *Silurus soldatovi*[J]. *Heilongjiang Fisheries*, 2006(5): 1-2, 16 (in Chinese).
- [50] Muramoto J I, Ohno S, Atkin N B. On the diploid state of the fish order *Ostariophysi*[J]. *Chromosoma*, 1968, 24(1): 59-66.
- [51] LeGrande W H, Dunham R A, Smitherman R O. Karyology of three species of catfishes (Ictaluridae: *Ictalurus*) and four hybrid combinations[J]. *Copeia*, 1984(4): 873-878.
- [52] LeGrande W H. Chromosomal evolution in North American catfishes (Siluriformes: Ictaluridae) with particular emphasis on the Madtoms, *Noturus*[J]. *Copeia*, 1981, 1981(1): 33-52.
- [53] 崔蕾, 谢从新, 李艳和, 等. 斑点叉尾鲃 4 个群体遗传多样性的微卫星分析[J]. *华中农业大学学报*, 2012, 31(6): 744-751.  
Cui L, Xie C X, Li Y H, et al. Analysis of genetic diversity among four different channel catfish populations by using microsatellite markers[J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2012, 31(6): 744-751 (in Chinese).
- [54] 曾庆. 鲇形目鲢科鱼类系统发育关系研究及其分化时间估算[D]. 重庆: 西南大学, 2013.  
Zeng Q. Molecular phylogeny and divergence time estimation of the Bagrid catfishes (Actinopterygii: Siluriformes)[D]. Chongqing: Southwest University, 2013 (in Chinese).
- [55] Chen J, Fu Y, Xiang D, et al. XX/XY heteromorphic sex chromosome systems in two bullhead catfish species, *Liobagrus marginatus* and *L. styani* (Amblycipitidae, Siluriformes)[J]. *Cytogenetic and Genome Research*, 2008, 122(2): 169-174.
- [56] 周伟, 李旭, 杨颖. 中国鲃科鳊鲃群系统发育与地理分布格局研究进展[J]. *动物学研究*, 2005, 26(6): 673-679.  
Zhou W, Li X, Yang Y. Progress of studies on the phylogeny and geographic distribution pattern of catfish glyptosternoid (Sisoridae) in China[J]. *Zoological Research*, 2005, 26(6): 673-679 (in Chinese).
- [57] 何舜平, 曹文宣, 陈宜瑜. 青藏高原的隆升与鳊鲃鱼类(鲇形目: 鲃科)的隔离分化[J]. *中国科学 (C 辑)*, 2001, 44(6): 644-651.  
He S P, Cao W X, Chen Y Y. The uplift of Qinghai-Xizang (Tibet) Plateau and the vicariance speciation of glyptosternoid fishes (Siluriformes: Sisoridae)[J]. *Science in China Series C: Life Sciences*, 2001, 44(6): 644-651 (in Chinese).
- [58] 郭宪光, 张耀光, 何舜平. 中国石爬鲃属鱼类的形态变异及物种有效性研究[J]. *水生生物学报*, 2004, 28(3): 260-268.  
Guo X G, Zhang Y G, He S P. Morphological variations and species validity of genus *Euchiloglanis* (Siluriformes: Sisoridae) in China[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2004, 28(3): 260-268 (in Chinese).
- [59] 于美玲, 何舜平. 鲃科鱼类系统发育关系分析及其分歧时间估算[J]. *中国科学: 生命科学*, 2012, 55(4): 312-320.  
Yu M L, He S P. Phylogenetic relationships and estimation of divergence times among Sisoridae catfishes[J]. *Science China Life Sciences*, 2012, 55(4): 312-320 (in Chinese).
- [60] 贺刚, 方春林, 王伟萍, 等. 大口鲃(♀)×怀头鲃(♂)杂种 F<sub>1</sub> 的形态学及遗传学研究[J]. *湖北农业科学*, 2011, 50(23): 4916-4919.  
He G, Fang C L, Wang W P, et al. Study on the morphology and genetics of F<sub>1</sub> hybrids of *Silurus meridionalis* and *Silurus soldatovi*[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2011, 50(23): 4916-4919 (in Chinese).
- [61] 邬国民, 罗建仁, 陈焜慈, 等. 胡子鲃×革胡子鲃 F<sub>1</sub> 与其亲本的形态学和细胞学分析比较[J]. *水生生物学报*, 1990, 14(4): 328-336.  
Wu G M, Luo J R, Chen K C, et al. Analysis and comparison of morphology and cytology between the F<sub>1</sub> hybrid catfish (*Clarias fuscus* × *C. leather*) and its parents[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 1990, 14(4): 328-336 (in Chinese).
- [62] 马进, 邬国民, 胡红, 等. 斑点胡子鲃和革胡子鲃杂交

- 子一代的染色体组型[J]. 淡水渔业, 1996, 26(6): 17-18.
- Ma J, Wu G M, Hu H, *et al.* The karyotype of the F<sub>1</sub> hybrid of *Clarias macrocephalus* × *C. leather*[J]. Freshwater Fisheries, 1996, 26(6): 17-18 (in Chinese).
- [63] Zhou L, Gui J F. Natural and artificial polyploids in aquaculture[J]. *Aquaculture and Fisheries*, 2017, 2(3): 103-111.
- [64] 宋立民, 王卫民, 周小云, 等. 冷、热休克法诱导黄颡鱼三倍体的比较研究[J]. 水产学报, 2010, 34(5): 768-776.
- Song L M, Wang W M, Zhou X Y, *et al.* Comparative studies in the induction of triploidy for *Pelteobagrus fulvidraco* by cold and heat shocks[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2010, 34(5): 768-776 (in Chinese).
- [65] Manickam P. Triploidy induced by cold shock in the Asian catfish, *Clarias batrachus* (L. ) [J]. *Aquaculture*, 1991, 94(4): 377-379.
- [66] Kasahara M, Naruse K, Sasaki S, *et al.* The medaka draft genome and insights into vertebrate genome evolution[J]. *Nature*, 2007, 447(7145): 714-719.
- [67] David L, Blum S, Feldman M W, *et al.* Recent duplication of the common carp (*Cyprinus carpio* L. ) genome as revealed by analyses of microsatellite loci[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2003, 20(9): 1425-1434.
- [68] Xu P, Xu J, Liu G J, *et al.* The allotetraploid origin and asymmetrical genome evolution of the common carp *Cyprinus carpio*[J]. *Nature Communication*, 2019, 10(1): 4625.
- [69] Ueno K. Chromosomal polymorphism and variant of isozymes in geographical populations of *Pseudobagrus aurantiacus*, Bagridae[J]. *Japanese Journal of Ichthyology*, 1974, 21(3): 158-164.
- [70] Iliadou K, Rackham B D. The chromosomes of a catfish *Parasilurus aristotelis* from Greece[J]. *Ichthyological Research*, 1990, 37(2): 144-148.
- [71] 曾庆凯, 杜合军, 杨菁. 鲟形目鱼类染色体研究现状及进展[J]. 水产科学, 2019, 38(5): 734-740.
- Zeng Q K, Du H J, Yang J. Review on chromosome research in Acipenseriformes[J]. *Fisheries Science*, 2019, 38(5): 734-740 (in Chinese).
- [72] 马纲. 中国淡水鱼类染色体形态及数目变异的研究进展[J]. 甘肃科学学报, 1996, 8(3): 77-80.
- Ma G. The research progress in chromosome pattern and numerical variation of fresh water fish in China[J]. *Journal of Gansu Sciences*, 1996, 8(3): 77-80 (in Chinese).
- [73] 田华, 陈延奎, 陈丽慧, 等. 黄颡鱼“全雄1号”鱼苗池塘培育技术研究[J]. 科学养鱼, 2013(3): 10-12,28.
- Tian H, Chen Y K, Chen L H, *et al.* Study on pond cultivation technology of *Pelteobagrus fulvidraco* “All-male No. 1” fry[J]. *Scientific Fish Farming*, 2013(3): 10-12,28 (in Chinese).
- [74] Bao L S, Tian C X, Liu S K, *et al.* The Y chromosome sequence of the channel catfish suggests novel sex determination mechanisms in teleost fish[J]. *BMC Biology*, 2019, 17(1): 6.
- [75] Liu H Y, Pang M X, Yu X M, *et al.* Sex-specific markers developed by next-generation sequencing confirmed an XX/XY sex determination system in bighead carp (*Hypophthalmichthys nobilis*) and silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*)[J]. *DNA Research*, 2018, 25(3): 257-264.
- [76] Dan C, Mei J, Wang D, *et al.* Genetic differentiation and efficient sex-specific marker development of a pair of Y- and X-linked markers in yellow catfish[J]. *International Journal of Biological Sciences*, 2013, 9(10): 1043-1049.
- [77] Pan Z J, Li X Y, Zhou F J, *et al.* Identification of sex-specific markers reveals male heterogametic sex determination in *Pseudobagrus ussuriensis*[J]. *Marine Biotechnology*, 2015, 17(4): 441-451.
- [78] Xie M M, Ming Y, Shao F, *et al.* Restriction site-associated DNA sequencing for SNP discovery and high-density genetic map construction in southern catfish (*Silurus meridionalis*)[J]. *Royal Society Open Science*, 2018, 5(5): 172054.
- [79] Liu Z J, Liu S K, Yao J, *et al.* The channel catfish genome sequence provides insights into the evolution of scale formation in teleosts[J]. *Nature Communications*, 2016, 7(1): 11757.
- [80] Gong G R, Dan C, Xiao S J, *et al.* Chromosomal-level assembly of yellow catfish genome using third-generation DNA sequencing and Hi-C analysis[J]. *Gigascience*, 2018, 7(11): giy120.
- [81] Zhu C K, Liu H Y, Pan Z J, *et al.* Construction of a high-density genetic linkage map and QTL mapping for growth traits in *Pseudobagrus ussuriensis*[J]. *Aquaculture*, 2019, 511: 734213.



## Progress of karyotype studies on Siluriformes in China

ZHU Chuankun \*, PAN Zhengjun

*(Jiangsu Engineering Laboratory for Breeding of Special Aquatic Organisms,  
Jiangsu Collaborative Innovation Center of Regional Modern Agriculture & Environmental Protection,  
School of Life Science, Huaiyin Normal University, Huai'an 223300, China)*

**Abstract:** As the carrier and transmitter of genetic information, the chromosome is the most important component in eukaryotic cells. Karyotype analysis is an intuitive way to understand characters of chromosomes in eukaryote. Understanding karyotypes of fish is of great significance for studies on genetics, variation, classification, systematic evolution, sex determination, cross breeding and environmental pollution monitoring. As an important aquaculture fish family in China, Siluriformes are the good models to study evolution of fish chromosomes and differentiation of sex chromosomes. In the present study, progresses of karyotype studies on 35 catfishes in China, including their hybrids and polyploids, were reviewed when characteristics of the karyotypes and evolutionary relationships of chromosomes among different taxa were analyzed. Finally, development trends of catfish karyotype studies were forecasted. The number of chromosomes in Siluriformes varied from 24 to 100, with 30 of the 35 catfishes owning chromosome numbers in the range of 48~60, and chromosome polymorphisms were reported in five fishes. Moreover, visible sex chromosomes were detected in seven of the 35 fishes. This study will provide useful references for future chromosomal and genomic studies on Siluriformes, and will also be helpful for evolutionary studies of teleost.

**Key words:** Siluriformes; karyotype; chromosome; China

**Corresponding author:** ZHU Chuankun. E-mail: zhuchuankun@hytc.edu.cn

**Funding projects:** National Natural Science Foundation of China (31602146); Jiangsu Collaborative Innovation Center of Regional Modern Agriculture & Environmental Protection (HSXT307); Start-up Funds of Scientific Research of Huaiyin Normal University (31ZCK00); Top-notch Academic Programs Project of Jiangsu Higher Education Institutions (TAPP)