

文章编号: 1674-5566(2023)03-0544-09

DOI:10.12024/jsou.20220703918

中国南部鳊属鱼类一新种(鲤形目,鲤科)

张 琰^{1,2}, 周佳俊^{3,4}, 杨金权^{1,2}

(1. 上海海洋大学 海洋动物系统分类与进化上海高校重点实验室, 上海 201306; 2. 上海海洋大学 环境 DNA 技术与水生生态健康评估工程中心, 上海 201306; 3. 浙江省森林资源监测中心, 浙江 杭州 310020; 4. 浙江省林业勘测规划设计有限公司, 浙江 杭州 310020)

摘要: 描述采自浙江省苕溪水系鳊属(*Zacco*)鱼类一新种——苕溪鳊(*Zacco tiaoxiensis* sp. nov.)。经形态比较,该新种与广泛分布于浙江各水系的棘颊鳊(*Z. acanthogenys*)形态较相似,但与之有着较明显的形态差异:侧线鳞 41~44(vs. 44~47),侧线上鳞 8(vs. 8~10),侧线下鳞 3~4(vs. 4~5),围尾柄鳞 12~15(vs. 14~17),性成熟的雄性个体腹鳍到达(vs. 超过)肛门。新种与异域分布的中华鳊(*Z. sinensis*)和宽鳍鳊(*Z. platypus*)的形态区别主要在侧线下鳞数目、头长与体长的比例等可比性状以及眼睛上缘颜色等。基于线粒体细胞色素 *b* 基因的遗传分析也支持苕溪鳊为一独立物种。

关键词: 鳊属; 苕溪鳊; 新种; 细胞色素 *b*; 遗传距离; 系统发育

中图分类号: Q 959.468 **文献标志码:** A

马口鱼类(Opsariichthine)是鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)中独特而复杂的一个类群,过去被归于鲃亚科(Danioninae)^[1],最新的《世界鱼类》已将其独立为马口鱼亚科(Opsariichthyinae)^[2]。该类群分布于东亚至越南,为主要栖息于山涧溪流环境中的小型鱼类,在繁殖季节,雄性个体一般体色鲜艳,头部珠星发达、臀鳍条极为延长。其中的马口鱼属(*Opsariichthys*)和鳊属(*Zacco*)最为常见,过去对这两个属的形态分类一般基于上下颌侧缘是否平直作为主要依据,马口鱼属口裂侧缘凹凸镶嵌,鳊属为平直。基于传统的形态分类,这两个属曾有多数属和数十种的物种描述,陈宜瑜^[3]对马口鱼类的分类进行了重新整理,认为在东亚大陆分布的马口鱼属仅有马口鱼(*O. bidens*, GÜNTHER, 1873)1个种,鳊属仅有宽鳍鳊(*Z. platypus*, TEMMINCK & SCHLEGEL, 1846)和成都鳊(*Z. chengtui*, KIMURA, 1934)2个种,陈宜瑜^[1]也沿用了该观点。近年来众多的分子系统学的研究结果显示,基于传统形态分类方法鉴定

的宽鳍鳊和马口鱼均存在着显著的遗传分化和多个单系群,可能对应着多个不同的物种^[4-8],而且这两个物种遗传谱系间为并系关系^[9]。鉴于马口鱼和宽鳍鳊的并系关系,CHEN等^[10]结合形态和分子系统学的研究结果重新定义了鳊属鱼类,认为鳊属模式种宽鳍鳊仅分布于日本本岛,而东亚大陆的宽鳍鳊应为不同的物种,中国水系中应有2~3个宽鳍鳊的近缘种。HUANG等^[11]提出马口鱼属和鳊属的分类应依据身体的横条纹特征,马口鱼属为独立而清晰的横条纹,鳊属的横条纹为小横条纹融合而成的较宽不规则斑块,该结论近年来逐渐得到接受,因此,成都鳊已被归入马口鱼属。

BOULENGER^[12]曾根据采自浙江宁波的标本描述了马口鱼属一新种,命名为棘颊马口鱼(*O. acanthogenys*),陈宜瑜^[3]将其视为宽鳍鳊的同物异名。殷维^[13]基于线粒体和核基因的系统发育分析,并重新核对BOULENGER^[12]对棘颊马口鱼的原始形态描述,恢复棘颊马口鱼为有效种,并修订为棘颊鳊(*Z. acanthogenys*,

收稿日期: 2022-07-05 修回日期: 2022-09-22

基金项目: 国家自然科学基金(31872207)

作者简介: 张 琰(1997—),女,硕士研究生,研究方向为鱼类分类及分子进化。E-mail:zy13598210308@163.com

通信作者: 杨金权, E-mail:jqyang@shou.edu.cn

版权所有 ©《上海海洋大学学报》编辑部(CC BY-NC-ND 4.0)

Copyright © Editorial Office of Journal of Shanghai Ocean University (CC BY-NC-ND 4.0)

<http://www.shhydx.com>

BOULENGER, 1901)。WANG 等^[14]基于线粒体细胞色素 *b* 基因 (*Cytb*) 对马口鱼类进行了深入的系统发育研究, 认同 CHEN 等^[10]关于鳊属的宽鳍鳊仅分布于日本, 东亚大陆的宽鳍鳊应为不同的物种的观点, 并识别出了中国除棘颊鳊外的 3 个遗传谱系, 并指出其对应着 3 个独立物种。朱兰等^[15]进一步根据形态和分子证据, 将采自辽宁大凌河、黄河水系的样本, 即 WANG 等^[14]研究结果中的谱系 C 描述为中华鳊 (*Z. sinensis*)。因此, 根据新的分类系统, 鳊属目前仅有宽鳍鳊 (*Z. platypus*)、棘颊鳊 (*Z. acanthogenys*) 和中华鳊 (*Z. sinensis*) 等 3 个定名物种。

在检视 2021 年 6—9 月采自浙江苕溪水系的鳊属标本时, 发现该水系的大部分样本与同一水系及浙江其他水系广泛分布的棘颊鳊外形相似, 但又存在着形态差异, 同时与鳊属其他已知物种和谱系的线粒体 *Cytb* 基因存在显著的遗传差异。因此, 将其描述为鳊属鱼类一新种。

1 材料与方法

1.1 标本采集与处理

共采集到浙江苕溪水系鳊属新种标本 17 尾, 其中 10 尾性成熟个体编号后取右侧部分鳃留作组织样本和 7 尾幼鱼标本用 95% 乙醇固定。取过组织样本后的标本使用中性甲醛固定液 (10%) 固定 1 周, 后转入 70% 乙醇溶液长期保存。另外, 还采集了浙江、安徽、河南和辽宁的鳊属物种标本 33 尾于 95% 乙醇固定, 与苕溪水系的酒精固定标本和组织样本一起用于分子生物学实验分析 (表 1)。所有标本皆来自抄网和钓具捕获并保存于上海海洋大学鱼类标本馆 (SHOU)。

1.2 形态学分析

形态测量工作由同一人从鱼体的左侧进行, 工具为数显游标卡尺, 数据精确到 0.1 mm, 使用 SPSS 25.0 处理数据和计算平均值。形态计数和测量标准参考陈宜瑜^[1]、朱兰等^[15]、陈义雄等^[16]。侧线上鳞的计数从背鳍起点前的侧面第 1 个鳞片开始, 侧线下鳞为至腹鳍起点前的行数。对新种形态最为相似的棘颊鳊 15 尾甲醛固定标本进行了检视: SHOU2021060267、SHOU2021060268、SHOU2022010001 ~ SHOU2022010003, 5 尾, 体长 72.67 ~ 95.28 mm, 地模标本, 浙江宁

波甬江; SHOU2021011007, SHOU2021011008, 2 尾, 体长 125.69 ~ 126.04 mm, 浙江杭州苕溪; SHOU2021060094 ~ SHOU2021060096、SHOU2021060154 ~ SHOU2021060156, 6 尾, 体长 88.70 ~ 106.23 mm, 浙江丽水闽江; SHOU2021060008、SHOU2021060009, 2 尾, 体长 78.11 ~ 79.61 mm, 安徽黄山新安江 (钱塘江)。

1.3 分子系统发育分析

1.3.1 DNA 提取和 PCR 扩增、测序

采用上海生工生物工程股份有限公司的动物基因组 DNA 提取试剂盒提取基因组 DNA, 详细步骤参考说明书。*Cytb* 基因的扩增及测序引物为正向引物 L₁₄₇₂₄ (5'-GACTTGAAAAACCA CCG TTG-3') 和反向引物 H₁₅₉₁₅ (5'-CTCCGATCTCCGG ATTACAAGAC-3')^[17]。PCR 反应条件: 95 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 30 s; 54 °C 退火 45 s; 72 °C 延伸 60 s; 35 个循环; 72 °C 延伸 5 min; 4 °C 保温。PCR 产物用 1% 琼脂糖电泳检测样品扩增情况, 送至上海生工生物工程股份有限公司完成双向测序。

1.3.2 数据分析

经双向测序后, 将得到的正反向两段序列使用 DNASTAR 的 SeqMan^[18] 软件进行拼接, 并根据序列原始峰图进行手工校正。总共获得 *Cytb* 基因全序列 44 条, 使用 Clustal X^[19] 软件对拼接好的序列进行比对。

为了解新种在马口鱼类群中的系统发育位置, 首先从 GenBank 下载 21 条序列, 包括鳊属全部已知谱系和马口鱼类群的代表种类, 以及新测序列共 65 条进行系统发育分析, 样本和下载序列信息见表 1。使用 MEGA 11.0^[20] 计算序列变异位点数, 分析序列的碱基组成, 使用 Kimura 双参数模型^[21] 计算转换颠换比和遗传距离。采用邻接法 (Neighbor-joining, NJ)、贝叶斯法 (Bayesian inferences, BI) 和最大似然法 (Maximum likelihood, ML) 构建马口鱼类系统发育树。以 MEGA 11.0 软件并基于 K2P 模型构建邻接树 (NJ), 系统树分支置信度采用自引导法 (Bootstrap analysis), 进行 1 000 次重复抽样检测。在 jModeltest 2^[22] 中基于 AIC 值选择最适碱基替代模型, 用于最大似然法 (ML) 和贝叶斯法 (BI) 构建系统发育树, 最适替代模型为 GTR + I + G。ML 树使用 RaxML8.0^[23] 软件, 设置 1 000 次

自举检验来计算各分支的置信度。BI 树的构建使用 MrBayes 3.2.2^[24], 起始树设置为随机树, 马尔科夫链的蒙特卡洛方法 (Markov chain Monte Carlo process, MCMC) 设置为 3 条热链和 1 条冷

链同时运行 6×10^6 代, 每 1 000 代对系统树进行抽样, 最终得到 6 001 棵系统发育树, 初始的 2 000 棵视为老化样本舍弃, 剩余的样本构建一致树并计算后验概率。

表 1 遗传分析所用样本及来源

Tab. 1 Samples and sources for genetic analysis

属名 Genus	物种名 Species	地点 Location	水系(代码) River (Code)	样本量 Sample size	来源 Source
鳊属 <i>Zacco</i>	茗溪鳊 <i>Z. tiaoxiensis</i> sp. nov.	浙江德清	茗溪 (TX)	5	本研究
		浙江余杭	茗溪 (TX)	6	本研究
		浙江丽水	瓯江 (OJ)	2	本研究
	棘颊鳊 <i>Z. acanthogenys</i>	浙江丽水	闽江 (MJ)	6	本研究
		安徽黄山	新安江/钱塘江 (QT)	8	本研究
		安徽黄山	新安江/钱塘江 (QT)	2	MH350784&MH350785
		浙江临安	茗溪 (TX)	2	本研究
		浙江宁波	甬江 (YJ)	2	本研究
		浙江宁波	甬江 (YJ)	2	NC_028546&KT290890
		辽宁凤城	爱河/鸭绿江 (YL)	3	本研究
	中华鳊 <i>Z. sinensis</i>	辽宁庄河	庄河 (ZH)	1	本研究
		河南洛阳	洛河/黄河 (HH)	1	本研究
		河南洛阳	伊洛河/黄河 (HH)	2	MH350807&MH350806
		浙江台州	椒江 (JJ)	5	本研究
		<i>Zacco</i> sp. A	安徽黄山	新安江/钱塘江 (QT)	1
安徽黄山			青衣江/长江 (CJ)	2	MH350790&MH350791
安徽黄山			秋浦河/长江 (CJ)	2	KF683339&KM491718
<i>Zacco</i> sp. B		河南三门峡	洛河/黄河 (HH)	2	本研究
		河南洛阳	伊洛河/黄河 (HH)	1	MH350796
宽鳍鳊 <i>Z. platypus</i>		日本	未知 (JP)	1	AF309085
	中国台湾省	未知 (TW)	1	FJ694975	
马口鱼属 <i>Opsariichthys</i>	日本马口鱼 <i>O. uncirostris</i>	日本	未知	1	AF308437
	长鳍马口鱼 <i>O. evolans</i>	浙江衢州	钱塘江	1	MH350437
	马口鱼 <i>O. bidens</i>	广西	柳河/珠江	1	KR698720
	大鳞马口鱼 <i>O. macrolepis</i>	四川宜宾	长江	1	MH350683
东瀛鲤属 <i>Nipponocypris</i>	特氏东瀛鲤 <i>N. temminckii</i>	未知	未知	1	AF309084
异鳊属 <i>Parazacco</i>	异鳊 <i>P. spilurus</i>	未知	未知	1	NC023784
细鲫属 <i>Aphyocypris</i>	中华细鲫 <i>A. chinensis</i>	日本	未知	2	NC008650&AF307452

2 结果

茗溪, 新种 *Zacco tiaoxiensis* sp. nov. (图版 I), 正模标本 SHOU2021011012 雄, 体长 96.9 mm; 2021 年 11 月采自浙江省杭州市余杭区留下街道小和山 (茗溪水系, 120°00'31"E, 30°12'46"N)。

副模标本 9 尾: SHOU2021060252、SHOU2021060253、SHOU2021011001 ~ SHOU2021011006、SHOU2021011011, 体长 72.51 ~ 110.53

mm; 2021 年 6 月采自浙江省杭州市余杭区径山镇 (茗溪水系, 119°48'52"E, 30°25'33"N), 2021 年 8 月采自浙江省杭州市余杭区留下街道小和山 (茗溪水系, 120°0'31"E, 30°12'46"N)。

形态描述: 测量标本 10 尾, 相关可量、可数和可比性状见表 2。背鳍 iii-7 ~ 8, 臀鳍 iii-9, 胸鳍 i-13 ~ 14, 腹鳍 i-7 ~ 8。侧线鳞 8/41 ~ 44/3 ~ 4; 背鳍前鳞 16 ~ 18; 围尾柄鳞 12 ~ 15。下咽齿 3 行, 2.3.5/5.3.2。

表 2 茗溪鳊的可数性状和测量比例性状
 Tab. 2 Morphometric measurements of *Zacco tiaoxiensis* sp. nov.

性状 Character	正模(雄) Holotype	副模 Paratypes (n=9)					
		雄 Male (n=6)			雌 Female (n=3)		
		最小值 min	最大值 max	平均值 mean	最小值 min	最大值 max	平均值 mean
背鳍条 Dorsal-fin rays	iii,7	iii,7	iii,8	iii,7.7	iii,7	iii,8	iii,7.3
胸鳍条 Pectoral-fin rays	i,14	i,13	i,14	i,13.5	i,13	i,14	i,13.7
腹鳍条 Pelvic-fin rays	i,8	i,7	i,8	i,7.8	i,7	i,8	i,7.7
臀鳍条 Anal-fin rays	iii,9	iii,9	iii,9	iii,9	iii,9	iii,9	iii,9
侧线鳞 Lateral line scales	43	41	43	42.3	42	44	42.7
侧线上鳞 Scale rows above lateral line	8	8	8	8	8	8	8
侧线下鳞 Scale rows below lateral line	3	3	4	3.3	3	4	3.3
背鳍前鳞 Predorsal scales	18	16	18	16.8	16	18	17.3
围尾柄鳞 Circumpeduncular scale rows	13	13	15	13.7	12	13	12.3
体长 Standard length/mm	96.9	87.7	110.5	97.1	72.5	84.2	78.3
头长 Head length/mm	26.7	22.3	28.2	25.0	19.3	22.9	20.7
占体长比 In percent of standard length/%							
体高 Body depth	25.5	24.2	27.6	25.4	23.7	29.0	26.4
头长 Head length	27.6	24.4	28.2	25.9	25.2	27.2	26.3
头高 Head height	20.8	18.8	22.1	20.3	20.0	22.0	20.8
尾柄长 Caudal-peduncle length	19.8	16.5	20.3	18.0	17.0	18.1	17.4
尾柄高 Caudal-peduncle depth	8.9	6.9	10.1	8.8	7.6	8.9	8.4
背鳍前长 Predorsal length	48.7	47.2	51.7	49.6	49.2	51.9	50.5
胸鳍前长 Prepectoral length	24.8	24.3	26.5	25.2	24.1	27.6	25.6
腹鳍前长 Prepelvic length	50.3	49.3	52.4	50.8	47.9	54.0	50.8
臀鳍前长 Preanal length	67.6	64.4	71.6	68.8	67.8	72.2	69.5
占头长比 In percent of head length/%							
吻长 Snout length	28.9	22.4	31.2	25.9	22.4	29.2	26.1
眼径 Eye diameter	23.0	18.1	25.7	22.5	23.1	26.2	25.1
眼间距 Interorbital distance	35.0	44.4	50.8	47.7	41.9	49.3	46.5

体延长而侧扁,腹部圆,头长略大于体高。吻端稍钝圆。唇薄而光滑,无须。口端位,口裂接近眼中线下方,边缘较平直,向下倾斜。眼较大,位于头侧中上方,眼径与吻长近似相等,小于眼间距。背鳍无硬棘,位于体中部,外缘近平直。胸鳍末端尖,伸展不达腹鳍基部。腹鳍小,外缘呈弧形,成熟雄鱼可到达但不超过肛门,其起点与背鳍起点相对。臀鳍条前4根分枝鳍条延长,第2根最长,可超过尾柄末端。肛门紧靠臀鳍起点。侧线完全,在胸鳍上方向下弯曲,然后沿体侧下部逐渐向上延伸到尾柄中部末端。体侧鳞片中等大小,胸部与腹部鳞片细小,埋于皮下,不甚明显。

在繁殖季节,雄性在头部以及臀鳍会发育出发达的角质突起(追星),尤其在吻端至眼前下方及颊部追星最发达,会融合成条状。吻端至眼前7~8个大追星形成的融合条通常断裂成两段,颊部3~5颗大追星也会融合成一条。这2个追星条的顶端由各追星形成的棘突呈强锯齿状。下

颌追星不发达,呈小颗粒状,每侧数颗排成1~2行。繁殖季节过后,追星脱落,留下圆形疤痕,一段时间后会完全消失。

体色:成鱼生活时体色鲜艳,眼上缘黑色,头背部和下颌黑灰色。体背部灰黑色带橘黄色,腹部银白色。体侧具有由橙色条纹隔开的不规则蓝绿色横条纹4~8条。背鳍分枝鳍条分为三部分:基部鳍条和鳍间膜均黑色;中部鳍条透明,鳍间膜黑色;外缘鳍条黑色,鳍间膜透明。雄鱼偶鳍通常橘黄色,雌鱼偶鳍灰白色,鳍间膜夹杂许多细小黑斑点。臀鳍灰白色。尾鳍分叉,上下叶几乎等长,灰白色或浅黄色(图版-3,4)。

甲醛固定的样本头、背部灰黑色,腹部灰白色,背鳍黑色,尾鳍灰黑色(图版-1,2)。

地理分布:目前仅知分布于茗溪水系。

生境:生活于茗溪水系水流较平缓、底质为小型卵石或砾石的清澈浅水溪流中。

词源:新种种名“*tiaoxiensis*”为拉丁化的“茗溪的”意思,指该种的模式产地。

鉴别特征:新种与同一水系也有分布的棘颊鱮形态上最为接近,但是二者在侧线鳞、侧线上鳞、侧线下鳞以及围尾柄鳞数目上都存在着较为明显的差异,如表3所示:前者侧线上鳞为8行、侧线下鳞3~4行,平均为3.4行,以3行居多、侧线鳞为41~44枚,平均42.5枚、围尾柄鳞12~15枚,平均13.2枚;而棘颊鱮侧线上鳞为8~10行,平均8.8行,以9行居多、侧线下鳞4~5行,平均为4.1行,以4行居多、侧线鳞为44~47枚,平均45.3枚,以45枚以上居多、围尾柄鳞14~17枚,平均15.2枚。另外在成熟雄鱼腹鳍的长度上也有差异,新种的腹鳍达到但不超过肛门,而棘颊鱮的腹鳍超过肛门达到了臀鳍起点。如表4(中华鱮的数据引自朱兰等^[15],宽鳍鱮的数据引自HEE等^[25])所示,新种与中华鱮的形态区别主要为侧线下鳞数目3~4(vs. 2~3)、眼间距与头长的比例35.0%~50.8%(vs. 32.0%~35.8%)以及成熟雄鱼的腹鳍到达肛门(vs. 未到达)。新种与宽鳍鱮的形态区别主要在可比性状方面:头长与体长之比24.4%~28.2%(vs. 22.7%~24.8%)、背鳍前长与体长之比47.2%~51.9%(vs. 42.0%~47.6%)、尾柄长与体长之比16.5%~20.3%(vs. 20.6%~23.7%)、眼间距与头长之比35.0%~50.8%(vs. 28.3%~36.7%)。

3 系统发育分析

全长1 140 bp的 *Cytb* 基因序列中无碱基的插入或缺失,其A、T、G、C的碱基含量平均值(不含外群)分别为26.7%、30.2%、16.0%、27.1%。A+T含量(56.9%)高于G+C含量(43.1%),与鱼类线粒体基因A、T含量高,G、C含量低的特点一致。序列保守位点754个,占总位

点数的66.1%;变异位点386个,占33.9%;单突变位点95个,占8.3%;简约信息位点291个,占25.5%。序列的转换颠换比为6.15。



1. 正模标本, SHOU2021011012, 雄性, 体长96.9 mm; 2. 副模标本, SHOU2021011011, 雌性, 体长72.5 mm; 3. 生活时雄性; 4. 生活时雌性。

1. Holotype, preserved male specimen, SHOU2021011012, 96.9 mm standard length; 2. Paratype, preserved female specimen, SHOU2021011011, 72.5 mm standard length; 3. Alive male; 4. Alive female.

图版 新种茗溪鱮

Plate *Zacco tiaoxiensis* sp. nov., new species

表3 茗溪鱮与棘颊鱮主要鉴别特征

Tab.3 Principal diagnostic characters of *Zacco tiaoxiensis* sp. nov. and *Zacco acanthogenys*

性状 Character	茗溪鱮 <i>Z. tiaoxiensis</i> sp. nov.					棘颊鱮 <i>Z. acanthogenys</i>				
	鳞片数(尾数) Scales (Individuals)				平均 Mean	鳞片数(尾数) Scales (Individuals)				平均 Mean
侧线鳞 Lateral line scales	41(1)	42(4)	43(4)	44(1)	42.5	44(3)	45(7)	46(3)	47(2)	45.3
侧线上鳞 Scale rows above lateral line	8(10)	9(0)	10(0)		8.0	8(5)	9(8)	10(2)		8.8
侧线下鳞 Scale rows below lateral line	3(6)	4(4)			3.4	4(14)	5(1)			4.1
背鳍前鳞 Predorsal scales	16(4)	17(2)	18(4)	19(0)	17.0	16(2)	17(5)	18(5)	19(3)	17.6
围尾柄鳞 Circum-peduncular scale rows	12(2)	13(5)	14(2)	15(1)	13.2	14(5)	15(4)	16(4)	17(2)	15.2

以鲴亚科的中华细鲫(*Aphyocypris chinensis*)作为外类群构建的 *Cytb* 基因 NJ、ML 和 BI 系统发育树具有相同的拓扑结构(图 1)。结果显示以条纹特征分类的鱯属和马口鱼属各自构成单系群并为姐妹群关系。在鱯属鱼类中,除椒江群体外,苕溪水系的临安、新安江大部分样本和浙江其余水系样本与宁波的棘颊鱯构成单系群,表明该群为棘颊鱯无误,其与新种苕溪鱯的单系群聚为支系 I,支持率为 100/100/1 (NJ/ML/BI)。椒江群体与黄山部分样本属于已发表的 *Zacco*

sp. A,黄河水系部分样本为 *Zacco* sp. B,黄河水系部分样本与辽宁的样本为中华鱯,与日本的宽鳍鱯聚为支系 II,支持率为 100/96/0.94 (NJ/ML/BI)。

基于双参数模型计算了鱯属各物种之间的遗传距离。新种与同属支系 I 的棘颊鱯平均遗传距离为 3.9%,与支系 II 内各物种间的平均遗传距离为 8.1%~8.8%。支系 II 的 4 个物种间的平均遗传距离为 3.7%~5.0%。各物种种内群体间遗传距离为 0.4%~1.2%。

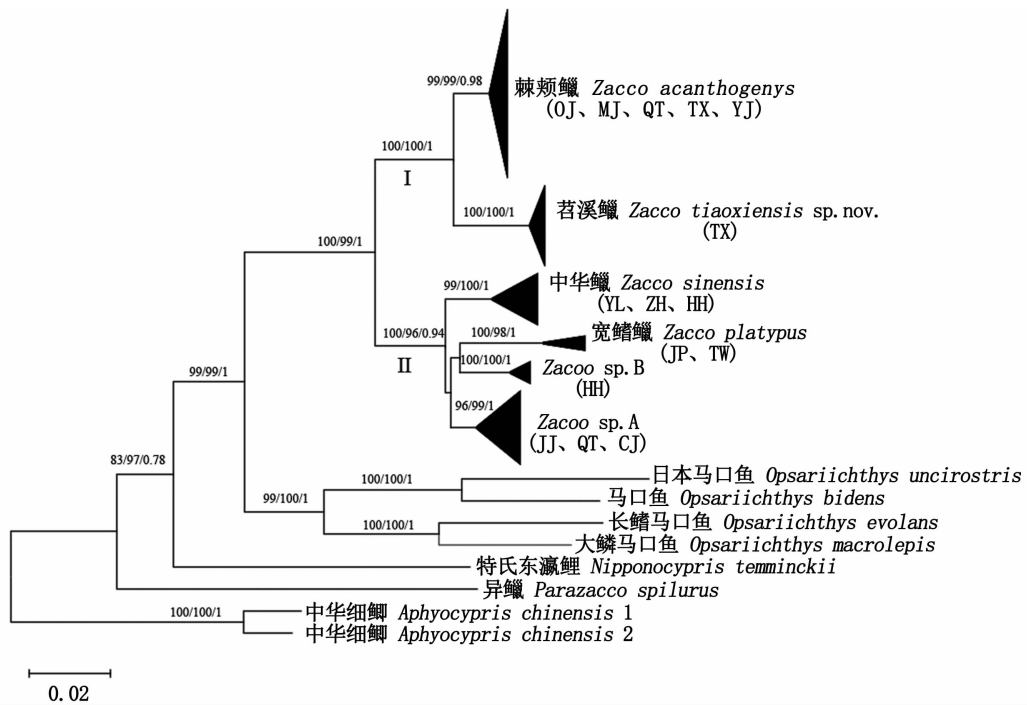


图 1 基于 *Cytb* 基因序列构建的马口鱼类邻接树,节点上的数值对应 NJ/ML/BI 分析结果的支持率
 Fig. 1 Phylogenetic relationships of Opsariichthine derived from NJ tree based on *Cytb* gene sequences, values at the nodes correspond to the support values for NJ/ML/BI methods

4 讨论

鱯属目前仅有 3 个已定名的有效种,即宽鳍鱯、棘颊鱯和中华鱯。其中,模式种宽鳍鱯分布于日本本岛,棘颊鱯分布于长江中下游和浙江各水系,中华鱯分布于黄河和大凌河水系^[15]。新种苕溪鱯与同一水系及浙江其他水系广泛分布的棘颊鱯形态上最为相似,但是二者在侧线鳞、侧线上鳞、侧线下鳞以及围尾柄鳞数目等这些可数性状上存在着较为稳定的差异,如表 3 所示。在棘颊鱯的原始描述^[12]中,记载其侧线上鳞为 9~

10 行、侧线下鳞为 5~6 行、侧线鳞为 49~51 枚,本研究观察的侧线鳞和侧线下鳞数目没有达到原始描述的上限,可能与检视标本数量有关。此外,在成熟雄鱼腹鳍的长度上也有差异,新种的腹鳍达到但不超过肛门,而棘颊鱯的腹鳍超过肛门且达到臀鳍起点。新种与中华鱯和宽鳍鱯除了地理分布上的不同外,它们的形态区别主要在可比性状方面。如表 4 (中华鱯数据来自朱兰等^[15],宽鳍鱯数据来自 HEE 等^[25]) 所示,新种与中华鱯的形态区别主要为侧线下鳞数目 3~4 (vs. 2~3)、眼间距与头长的比例 35.0%~

50.8% (vs. 32.0% ~ 35.8%) 以及成熟雄鱼的腹鳍到达肛门 (vs. 未到达)。新种与宽鳍鱮的形态区别主要在可比性状方面: 头长与体长之比 24.4% ~ 28.2% (vs. 22.7% ~ 24.8%)、背鳍前长与体长之比 47.2% ~ 51.9% (vs. 42.0% ~ 47.6%)、尾柄长与体长之比 16.5% ~ 20.3% (vs. 20.6% ~ 23.7%)、眼间距与头长之比 35.0% ~ 50.8% (vs. 28.3% ~ 36.7%)。最后, 生活时眼睛上缘的颜色被认为是鱮属鱼类的一个稳定性状^[25], 眼睛上缘红色 (vs. 黑色) 在生活时可以容易地将新种与这 2 者鉴别出来。

基于 *Cytb* 基因全序列的系统发育关系分析进一步证实了以条纹特征分类的鱮属鱼类的单系性。同时也支持苕溪水系存在着棘颊鱮和苕

溪鱮 2 个物种, 这 2 个物种间亲缘关系也最近, 二者组成的支系与中华鱮及宽鳍鱮等组成的支系为姐妹群关系。WANG 等^[14] 以通用的 3% 线粒体 *Cytb* 基因遗传距离识别了中国鱮属的棘颊鱮和 3 个遗传谱系, 并认为这 3 个遗传谱系对应着 3 个独立的物种。本研究基于 *Cytb* 基因的序列变异显示, 新种苕溪鱮与同属的各物种遗传距离均超过了 3%, 达到了物种分化水平, 支持它们为不同的物种。

综上所述, 基于形态和遗传分析皆表明苕溪鱮应为独立物种。在地理分布上, 新种苕溪鱮目前仅知分布在苕溪水系, 在相邻水系尚未发现其分布。

表 4 苕溪鱮与 3 个同属物种的主要鉴别特征

Tab. 4 Principal diagnostic characters for *Zacco tiaoxiensis* sp. nov. and its 3 related congeners

性状 Characters	苕溪鱮 <i>Z. tiaoxiensis</i>	棘颊鱮 <i>Z. acanthogenys</i>	中华鱮 <i>Z. sinensis</i>	宽鳍鱮 <i>Z. platypus</i>
臀鳍条 Anal-fin rays	iii, 9	iii, 9	iii, 8 ~ 9	iii, 9 ~ 10
腹鳍条 Pelvic-fin rays	i, 7 ~ 8	i, 7 ~ 8	i, 7 ~ 8	i, 8
侧线鳞 Lateral line scales	41 ~ 44	44 ~ 47	41 ~ 45	43 ~ 44
侧线上鳞 Scale rows above lateral line	8	8 ~ 10	8	7.5 ~ 8.5
侧线下鳞 Scale rows below lateral line	3 ~ 4	4 ~ 5	2 ~ 3	3
头长/体长 Head length/Standard length/%	24.4 ~ 28.2	23.5 ~ 29.3	24.4 ~ 27.1	22.7 ~ 24.8
背鳍前长/体长 Predorsal length/Standard length/%	47.2 ~ 51.9	44.5 ~ 51.0	48.3 ~ 52.2	42.0 ~ 47.6
腹鳍前长/体长 Prepelvic length/Standard length/%	47.9 ~ 54.0	45.2 ~ 52.5	49.1 ~ 53.6	46.1 ~ 49.7
尾柄长/体长 Caudal-peduncle length/Standard length/%	16.5 ~ 20.3	16.3 ~ 23.7	16.8 ~ 19.2	20.6 ~ 23.7
尾柄高/体长 Caudal-peduncle depth/Standard length/%	6.9 ~ 10.1	7.9 ~ 11.7	9.3 ~ 10.4	8.6 ~ 9.9
眼间距/头长 Interorbital distance/Head length/%	35.0 ~ 50.8	40.7 ~ 51.4	32.0 ~ 35.8	28.3 ~ 36.7
眼睛上边缘颜色 Color of upper eye	黑	黑	红	红
成熟雄性腹鳍到达肛门与否 Whether the ventral fin reaching the anus	到达	超过	未到达	到达

参考文献:

- [1] 陈宜瑜. 中国动物志, 硬骨鱼纲, 鲤形目(中)[M]. 北京: 科学出版社, 1998.
CHEN Y Y. Fauna Sinica, Osteichthyes, Cypriniforms (II) [M]. Beijing: Science Press, 1998.
- [2] NELSON J S, GRANDE T C, WILSON M. Fishes of the world, 5th Edition[M]. Hoboken, New Jersey: John Wiley & Sons, 2016.
- [3] 陈宜瑜. 马口鱼类分类的重新整理[J]. 海洋与湖沼, 1982(3): 293-299.
CHEN Y Y. A revision of opsariichthine Cyprinid fishes[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 1982(3): 293-299.
- [4] 杨慧兰, 王银肖, 谭慧敏, 等. 白洋淀流域宽鳍鱮遗传多样性及种群历史动态[J]. 上海海洋大学学报, 2021, 30(5): 837-846.
- [5] YANG H L, WANG Y X, TAN H M, et al. Genetic diversity and population historical dynamics of *Zacco platypus* in Baiyangdian Basin [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2021, 30(5): 837-846.
- [6] BERREBI P, RETIF X, FANG F, et al. Population structure and systematics of *Opsariichthys bidens* (Osteichthyes: Cyprinidae) in south-east China using a new nuclear marker: the introns (EPIC-PCR) [J]. Biological Journal of the Linnean Society, 2005, 87(1): 155-166.
- [7] PERDICES A, CUNHA C, COELHO M M. Phylogenetic structure of *Zacco platypus* (Teleostei, Cyprinidae) populations on the upper and middle Chang Jiang (= Yangtze) drainage inferred from cytochrome b sequences [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2004, 31(1): 192-203.

- [7] PERDICES A, SAYANDA D, COELHO M M. Mitochondrial diversity of *Opsariichthys bidens* (Teleostei, Cyprinidae) in three Chinese drainages [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2005, 37(3): 920-927.
- [8] LI G Y, WANG X Z, ZHAO Y H, et al. Speciation and phylogeography of *Opsariichthys bidens* (Pisces: Cypriniformes: Cyprinidae) in China: analysis of the cytochrome b gene of mtDNA from diverse populations [J]. *Zoological Studies*, 2009, 48(4): 569-583.
- [9] PERDICES A, COELHO M M. Comparative phylogeography of *Zacco platypus* and *Opsariichthys bidens* (Teleostei, Cyprinidae) in China based on cytochrome b sequences [J]. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 2006, 44: 330-338.
- [10] CHEN I S, WU J H, HUANG S P. The taxonomy and phylogeny of the cyprinid genus *Opsariichthys* Bleeker (Teleostei: Cyprinidae) from Taiwan, with description of a new species [J]. *Environmental Biology of Fishes*, 2009, 86(1): 165-183.
- [11] HUANG S P, WANG F Y, WANG T Y. Molecular phylogeny of the *Opsariichthys* group (Teleostei: Cypriniformes) based on complete mitochondrial genomes [J]. *Zoological Studies*, 2017, 56(40): 1-13.
- [12] BOULENGER G A. Descriptions of new freshwater fishes discovered by Mr. F. W. Stynn at Ningpo, China [J]. *Proceedings of the Zoological Society of London*, 1901, 70(2): 268-271.
- [13] 殷维. 马口鱼类的系统发育关系与生物地理研究 [D]. 上海: 复旦大学, 2015.
- YIN W. Studies on phylogeny and biogeography of the opsariichthine fishes [D]. Shanghai: Fudan University, 2015.
- [14] WANG X, LIU F, YU D, et al. Mitochondrial divergence suggests unexpected high species diversity in the opsariichthine fishes (Teleostei: Cyprinidae) and the revalidation of *Opsariichthys macrolepis* [J]. *Ecology and Evolution*, 2019, 9(5): 2664-2677.
- [15] 朱兰, 俞丹, 刘焕章. 中国北方鱯属鱼类一新种: 中华鱯 (鲤形目: 鲤科) [J]. *四川动物*, 2020, 39(2): 168-176.
- ZHU L, YU D, LIU H Z. *Zacco sinensis* sp. nov. (Cypriniformes: Cyprinidae), a new fish species from northern China [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2020, 39(2): 168-176.
- [16] 陈义雄, 张咏青. 台湾淡水鱼类原色图鉴第一卷鲤形目 [M]. 基隆: 水产出版社, 2005.
- CHEN Y X, ZHANG Y Q. A photographic guide to the Inland-water fishes of Taiwan Vol. 1 Cypriniformes [M]. Keelung: The Sueichan Press, 2005.
- [17] XIAO W H, ZHANG Y P, LIU H Z. Molecular systematics of Xenocyprinae (Teleostei: Cyprinidae): taxonomy, biogeography and coevolution of a special group restricted in East Asia [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2001, 18(2): 163-173.
- [18] SWINDELL S R, PLASTERER T N, SEQMAN. Contig assembly [J]. *Methods in Molecular Biology*, 1997, 70(70): 75.
- [19] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAC F, et al. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25(25): 4876-4882.
- [20] TAMURA K, STECHER G, KUMAR S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2021, 38(7): 7.
- [21] KIMURA M. A simple method for estimation evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences [J]. *Journal of Molecular Evolution*, 1980, 16(2): 111-120.
- [22] DARRIBA D, TABOADA G L, DOALLO R, et al. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing [J]. *Nature Methods*, 2012, 9(8): 772.
- [23] STAMATAKIS A. RAxML Version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies [J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(9): 1312-1313.
- [24] HUELSENBECK J P, RONQUIST F. MrBayes: Bayesian inference of phylogenetic trees [J]. *Bioinformatics*, 2001, 17(8): 754-755.
- [25] HEE N Y, BYUNG S C, YANG S B. Geographic variation of body color and morphological characteristics of pale chub, *Zacco platypus* (Cyprinidae, Pisces) [J]. *Korean Journal of Ichthyology*, 2012, 24(3): 167-176.

A new species of genus *Zacco* from Southern China (Cypriniformes: Cyprinidae)

ZHANG Yan^{1,2}, ZHOU Jiajun^{3,4}, YANG Jinqun^{1,2}

(1. Shanghai Universities Key Laboratory of Marine Animal Taxonomy and Evolution, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. Engineering Research Center of Environmental DNA and Ecological Water Health Assessment, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 3. Zhejiang Forest Resource Monitoring Center, Hangzhou 310020, Zhejiang, China; 4. Zhejiang Forestry Survey Planning and Design Company Limited, Hangzhou 310020, Zhejiang, China)

Abstract: *Zacco tiaoxiensis*, a new species of cyprinid fish from Tiaoxi river system in Zhejiang Province, southern China, is described. With morphological comparison, the new species is similar to *Z. acanthogenys*, which is widely distributed in Zhejiang Province. However, the new species could be distinguished from *Z. acanthogenys* by the following combination of characters: lateral-line scales comprising 41 – 44 (vs. 44 – 47), scales above lateral-line 8 (vs. 8 – 10), scales below lateral-line 3 – 4 (vs. 4 – 5), scales surrounding caudal peduncle 12 – 15 (vs. 14 – 17), for mature male individuals, the ventral fin reaching (vs. exceeding) the anus, etc. The morphological differences among the new species and the allopatric congener species of *Z. sinensis* and *Z. platypus* are mainly in the number of scales under the lateral line, comparable characters such as the ratio of head length to body length, and the color of the upper edge of the eyes when living. Moreover, the genetic analysis based on mitochondrial cytochrome *b* gene also supports that *Zacco tiaoxiensis* sp. nov. is a valid species.

Key words: *Zacco*; Tiaoxi river; new species; *Cytb*; genetic distance; phylogeny