

中国大陆裸胸鳝属鱼类新记录种——杂色裸胸鳝形态与线粒体基因组分析

程 静¹, 李庚锋², 莫德鑫², 胡凯红², 郜梓涵², 李 丰¹, 梁日深²

1. 上海农林职业技术学院, 上海 201600

2. 仲恺农业工程学院 动物科技学院, 广东 广州 510225

摘要: 目前全球裸胸鳝属 (*Gymnothorax*) 鱼类的种质资源研究仍存在较大空白, 其物种分类与资源信息亟待修订与更新。通过形态学与分子生物学方法, 对广东省湛江海域采集的裸胸鳝属鱼类样本进行鉴定, 以期为该属种质资源分析与物种名录更新提供科学依据。以采集的 1 尾裸胸鳝属鱼类样本为研究对象, 结合外部形态特征分析和线粒体全基因组测序技术进行物种鉴定。形态学数据显示, 该样本体色呈单一褐色, 无斑纹或斑点, 背鳍较高, 起源于鳃孔之前, 各鳍边缘呈淡灰色, 下颌微弓, 嘴巴不能完全闭合, 齿单列, 椎骨式为 5-58-140, 与文献记载的新种杂色裸胸鳝 (*G. poikilospilus* sp. nov.) 形态数据基本吻合。线粒体基因组全长 16 572 bp, 包含 22 个 tRNA、2 个 rRNA、13 个蛋白编码基因及 1 个非编码区, 基因数量与排列特征与其他鱼类相似。系统发育分析表明, 杂色裸胸鳝与奥迪萨裸胸鳝 (*G. odishi*)、匀斑裸胸鳝 (*G. reevesii*) 及淡网纹裸胸鳝 (*G. pseudothyrsoides*) 亲缘关系较近, 且基于 COI 基因的进化树中, 该样本与杂色裸胸鳝聚为一支。遗传距离分析显示, 两者遗传距离仅为 0.004, 显著低于物种鉴定阈值 (0.020), 进一步支持其分类地位。综合形态学与分子生物学证据, 首次确认该杂色裸胸鳝为中国大陆裸胸鳝属新记录种, 可为完善该属种质资源数据库及后续分类研究提供重要参考。

关键词: 杂色裸胸鳝; 新记录种; 形态特征; 线粒体基因组

中图分类号: Q 959.46; Q 953

文献标志码: A

开放科学 (资源服务) 标识码 (OSID):



Morphological characteristics and mitochondrial genome of *Gymnothorax poikilospilus*, a new recorded *Gymnothorax* species from mainland China

CHENG Jing¹, LI Gengfeng², MO Dexin², HU Kaihong², GAO Zihan², LI Feng¹, LIANG Rishen²

1. Shanghai Vocational College of Agriculture and Forestry, Shanghai 201600, China

2. College of Animal Science and Technology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China

Abstract: At present, there is still a lack of research on the germplasm resources of the moray eel genus *Gymnothorax* in the world, and its taxonomic classification and resource documentation require urgent revision and updating. In this study, we collected and identified a *Gymnothorax* specimen from Zhanjiang, Guangdong Province through morphological and molecular biological methods, so as to provide a scientific basis for the germplasm resource analysis and species catalog updating of this genus. The specimen was analyzed for external morphological characteristics and its complete mitochondrial genome was sequenced. The morphological results show that the specimen exhibited a uniform brown body coloration without patterns or spots, a high dorsal fin originating anterior to the gill opening, light grayish edges on all fins, a slightly arched lower jaw preven-

收稿日期: 2025-01-06; 修回日期: 2025-04-09

基金项目: 清远市科技计划项目 (2022KJH064, 2023KJJ005); 广东省农村科技特派员驻镇帮扶项目 (KTP20210367)

作者简介: 程 静 (1985—), 男, 讲师, 硕士, 研究方向为水产动物健康养殖。E-mail: 280138798@qq.com

通信作者: 梁日深 (1984—), 男, 副教授, 博士, 研究方向为水产动物种质与健康养殖。E-mail: liangrishen01@163.com

ting complete mouth closure, uniserial teeth, and a vertebral formula of 5-58-140. These characteristics aligned closely with the newly described species *G. poikilospilus* sp. nov. The complete mitogenome was 16,572 bp in length, comprising 22 tRNA genes, 2 rRNA genes, 13 protein-coding genes, and 1 non-coding control region, with gene order and content conserved among teleosts. Phylogenetic analysis based on 12 protein-coding genes reveals that *G. poikilospilus* clustered closely with *G. odishi*, *G. reevesii* and *G. pseudothyroideus*. In the COI-based phylogeny, the studied specimen formed a monophyletic clade with *G. poikilospilus*. Genetic distance between the two species was only 0.004, far below the species delimitation threshold of 0.020, further confirming their conspecificity. This study represents the first record of *G. poikilospilus* in mainland China, integrating morphological and molecular evidence to expand the germplasm resource database and facilitate future taxonomic research on *Gymnothorax*.

Keywords: *Gymnothorax poikilospilus*; New recorded species; Morphological characteristics; Mitogenome

裸胸鳐属 (*Gymnothorax*) 隶属于鳗鲡目、海鳐科、海鳐亚科, 全球已记录 120 余种^[1-3], 中国分布 30 余种^[4-8], 主要见于东海、南海与台湾海峡。目前, 国内有关裸胸鳐鱼类的研究报道相对较少, 尤其是种质资源分析、物种记录方面的研究更为欠缺^[9-11]。近年来, 国外学者陆续在全球不同海域发现裸胸鳐新种或新记录种, 如长体裸胸鳐 (*G. longinquus*)^[12]、*G. aurocephalus*^[13]、*G. smithi*^[14]、*G. pseudotile*^[15] 等, 表明全球裸胸鳐属鱼类的种质资源仍存在较大空白, 其分类系统与资源信息亟待更新与修订。国内近 2 年也报道了奥迪萨裸胸鳐 (*G. odishi*)^[16]、黏裸胸鳐 (*G. mucifer*)^[17] 等新记录种, 进一步证实中国海域仍存在大量未被发现的裸胸鳐物种, 其种质资源潜力有待深入挖掘。

杂色裸胸鳐 (*G. poikilospilus*), 英文名 Variegated moray eel, 系 Huang 等^[18] 于 2022 年在台湾澎湖列岛首次报道的新种。其主要形态特征为: 体型修长, 体色单一褐色, 无其他明显斑纹; 各鳍的边缘颜色较浅呈淡灰色; 下颌略微呈弓形, 嘴巴不能完全闭合。目前该物种在中国大陆现有的分类资料中没有记录^[4-8]。笔者团队于 2023 年 6 月在广东省湛江市徐闻县海安镇附近海域采集到 1 尾裸胸鳐样品, 经形态分类鉴定, 其特征与 Huang 等^[18] 描述的新种杂色裸胸鳐 (*G. poikilospilus* sp. nov.) 较为一致, 初步鉴定为杂色裸胸鳐 *G. poikilospilus*, 为中国大陆海域的新记录种。

目前, 物种鉴定的基本方法仍以形态特征分析为主, 主要包括外部形态特征描述、可数可量性状测定以及内部结构解剖分析 (如牙齿、骨骼、内脏特殊结构分析等)^[19-20]。随着分子生物学技术的发展, 物种鉴定已逐渐进入分子水平, 通过特定分子标记基因的序列差异分析, 可实现物种的分子水平

鉴定。线粒体基因组作为核外可遗传物质, 具有母系遗传、结构简单、进化速度快等特点, 已广泛应用于生物类群系统演化与分子鉴定分析^[21]。鱼类线粒体 DNA 通常为 15~20 kb 的双链环状结构, 排列紧密, 与高等动物相似, 包含 37 个基因: 13 个蛋白质编码基因 (PCGs)、2 个核糖体 RNA (rRNA) 基因和 22 个转运 RNA (tRNA) 基因, 以及 1 个长的非编码区 (D-loop)^[22]。其中, 细胞色素氧化酶辅酶 I (COI)^[23]、12S rRNA^[24] 等基因可作为区分不同物种的 DNA 条形码基因。相较于单个分子标记基因, 线粒体全基因组能提供更丰富的遗传位点信息, 有效避免单个基因进化速率差异导致的系统进化树置信度不足的问题。随着高通量测序技术的发展, 鱼类线粒体基因组测序已成为物种鉴定的重要技术手段。本研究针对杂色裸胸鳐进行具体的形态学分析, 并与 Huang 等^[18] 描述的标准种特征进行比对; 同时对其线粒体基因组测序, 分析其与其他海鳐物种的基因水平差异, 确定其分类地位。研究结果验证了杂色裸胸鳐的物种有效性及其系统分类关系, 为我国裸胸鳐属鱼类的系统分类研究和物种名录更新提供了重要依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究于 2023 年 6 月在广东省湛江市徐闻县海安镇附近海域采集到 1 尾裸胸鳐标本 (编号 ZKAT-GP20230608, 全长 692 mm, 图 1), 保存于仲恺农业工程学院动物科技学院实验室。

1.2 实验方法

1.2.1 形态学测量

参考张春光^[7] 和 Huang 等^[18] 对鳗鲡目鱼类形态特征的描述, 对裸胸鳐开展系统的形态学测量与



图1 杂色裸胸鳝外部形态特征

Fig. 1 External morphological characteristics of *G. poikilospilus*

记录。具体包括: 体长、头长、躯干长等常规可量性状(精确到 1 mm); 采用直接计数法统计前颌齿、上颌齿、下颌齿、脊椎骨数等可数性状。

1.2.2 基因组 DNA 提取与线粒体全长测序

取约 20 mg 经 95% (φ) 乙醇固定的鳃丝组织, 参考试剂盒操作说明书提取总基因组 DNA, 100 μ L 无菌水溶解。利用 1% (w) 琼脂糖凝胶电泳及 NanoDrop 2000 分光光度计检测 DNA 质量与浓度, 选取质量符合要求的 DNA 样品, 送至天一辉远生物公司(广州)进行高通量测序。

1.2.3 序列组装与注释

测序获得的有效数据使用 SPAdes 3.11.0 软件^[25]进行基因组组装, 并辅以人工分析调整, 最终拼接成完整全长序列。利用 MITOs^[26]平台对组装序列进行基因注释, 并采用 CGView^[27]工具绘制线粒体基因组环状圈图。通过 tRNAScan-SESearch-Server^[28]在线服务器预测 tRNA 的二级结构, 同时运用 MEGA X 软件^[29]分析线粒体基因组碱基组成、蛋白编码基因密码子使用情况、氨基酸组成以及遗传距离等参数。

1.2.4 分子系统进化分析

从 GenBank 下载目前已公布的 46 种海鳝科鱼类线粒体基因组序列, 与杂色裸胸鳝一起共同分析, 选取其中 12 个蛋白编码基因 (ND6 基因除外) 构建海鳝科系统进化树。此外, 为从分子水平验证杂色裸胸鳝与海鳝科其他物种之间是否达到种级水平差异, 排除隐存种可能, 从美国国家生物技术信息中心 (NCBI) 下载 103 种目前公布的海鳝科鱼类 COI 基因序列, 进行遗传距离与系统进化分析。所得序列利用 MAFFT v.7.407 软件^[30]进行多重比对, 然后利用 Gblocks v.0.91b^[31]识别并剔除匹

配率不高的冗余序列, 保留同源序列。利用 MEGA X 软件^[29]计算序列位点变异及种间遗传距离, 使用 PartitionFinder version 2.1.1 (Australian National University, Canberra, ACT, Australia)^[32]确定最佳序列演化模型, 基于 RAxML 8.0 软件^[33]利用最大似然法构建分子系统进化树。

2 结果

2.1 杂色裸胸鳝形态学特征分析

2.1.1 鉴别特征

杂色裸胸鳝体色为单一褐色, 无其他斑纹或斑点, 各鳍的边缘颜色偏浅呈淡灰色。下颌微弓偏勾状, 嘴巴不能完全闭合, 尾部较躯干部纤细。各齿单列, 牙齿细长而尖, 锥状, 平均椎骨式 5-58-140。

2.1.2 性状描述

杂色裸胸鳝形态测量数据见表 1。该裸胸鳝全长为 692 mm, 身体各部分与全长之间的比例为: 体长 (682 mm) 为 98.5%, 体高 (56 mm) 为 8.1%, 头长 (94 mm) 为 13.5%, 躯干长 (238 mm) 为 34.3%, 尾长 (361 mm) 为 52.1%。头部各部分区域与头长之间比例为: 吻长 (16 mm) 为 17%, 上颌长 (42 mm) 为 44.6%, 下颌长 (42 mm) 为 44.6%, 眼间距 (10.5 mm) 为 15.2%, 眼径 (6 mm) 为 6.4%。

总脊椎数为 140, 其中背脊椎数为 5, 肛门前脊椎数为 58, 平均椎骨式为 5-58-140。牙齿细长而尖, 锥状, 各齿为单列, 前颌齿每侧 5 颗; 上颌齿每侧 18 颗; 中央齿 3 颗; 犁骨齿 4 颗; 下颌齿左侧 28 颗, 右侧 29 颗。

身体几乎均匀呈褐色, 头部与躯干部腹侧区域颜色较浅, 身体无其他斑纹或斑点。背鳍较高, 起源于鳃孔之前, 臀鳍起源紧接肛门后方, 鳍的边缘颜色偏浅呈淡灰色。吻长较长, 上、下颌等长, 下颌微弓, 嘴巴不能完全闭合。口腔颜色与头部相似, 鳃开口稍低于体侧中线, 肛门位于身体中间, 尾部相对纤细。

2.2 杂色裸胸鳝线粒体基因组特征

2.2.1 线粒体基因组基本结构

杂色裸胸鳝线粒体基因组长度为 16 572 bp (GenBank 登录号: PQ580705), 基因组由 37 个基因组成, 包括 22 个 tRNA 基因、2 个 rRNA 基因、13 个蛋白编码基因和 1 个 D-Loop 非编码控制区。其中 26 个基因位于重链, 9 个基因位于轻链

表1 杂色裸胸鳝形态性状测量数据
Table 1 Morphometric measurement data of *G. poikilospilus*

测量性状 Measured trait	编号 No. ZKAT- GP20230608	模式标本 ^[11] Holotype specimen
全长 Total length/mm	692	768
占全长比例 Proportions in percent of total length/%		
体长 Body length	98.5	—
体高 Body depth	8.1	8.3
头长 Head length	13.5	14.5
躯干长 Trunk length	35.8	34.8
尾长 Tail length	50.6	50.3
背鳍前距 Distance from snout to dorsal fin	9.1	—
臀鳍前距 Distance from snout to anal fin	49.4	—
背鳍基长 Base of the dorsal fin	90.9	—
臀鳍基长 Base of the anal fin	49.3	—
肛前距 Preanal length	49.4	49.7
占头长比例 Proportions in percent of head length/%		
吻长 Snout length	17.0	17.9
上颌长 Upper jaw length	44.6	46.3
下颌长 Lower jaw length	44.4	46.8
眼径 Eye diameter	6.4	8.7
眼间距 Interorbital width	10.5	11.1
椎骨 Vertebrae/个		
背脊椎骨数 Predorsal vertebrae	4	4
肛前椎骨数 Preanal vertebrae	58	57
总脊椎骨数 Total vertebrae	140	141
牙齿 Teeth/个		
前颌齿数 Premaxillary teeth	5	6
上颌齿数 Maxillary teeth	18	18~19
下颌齿数 Dentary teeth	28~29	27
中央齿数 Median premaxillary teeth	3	3
犁骨齿数 Vomerine teeth	4	5

注：“—”表示无数据。

Note: “—” represents no data.

(图 2、表 2)。基因组总碱基组成分别为：A (30.2%)、T (26.8%)、C (26.2%)、G (16.8%)，A+T (57.0%) 大于 G+C (43.0%)，存在一定的反 G 偏倚。

杂色裸胸鳝线粒体基因组存在一定的间隔与重

叠(表 2)。其中间隔区出现 11 次，间隔长度为 1~22 bp，总长度为 55 bp，最大间隔区在 *tRNA—Asn* 和 *tRNA—Cys* 之间。重叠区出现 7 次，重叠长度为 1~10 bp，总长度 29 bp，最大重叠区在 *AT-Pase8* 与 *ATPase6* 之间。其他基因之间未出现间隔与重叠情况。

2.2.2 蛋白质编码基因分析

杂色裸胸鳝线粒体基因组 13 个蛋白编码基因总长度为 11 475 bp，各基因长度在 168 bp (*AT-Pase8*) 至 1 842 bp (*ND5*) 之间。所有的蛋白编码基因起始密码子均为 ATG，除了 *COI* 基因为 GTG；终止密码子在不同基因中存在一定差异，其中 *ND1*、*ATPase8*、*ATPase6*、*ND4L*、*ND5*、*ND6* 和 *Cytb* 基因终止密码子为 TAA，*COI* 基因终止密码子为 AGA，余下其他基因终止密码子为不完全密码子，如 *COIII* 基因终止密码子为 TA，*ND2*、*COII*、*ND3* 和 *ND4* 基因终止密码子均为 T。

杂色裸胸鳝线粒体中 13 个蛋白编码基因中，30 个密码子存在偏好性，其相对密码子使用频率(RSCU)均大于 1(图 3)。其中精氨酸密码子 CGA (2.72) 使用频率最高，丙氨酸 GCG (0.20) 使用频率最低。在密码子第三位中，碱基 A 的使用频率最高 (1 360 个)，G 最低 (381 个)。

在氨基酸组成方面，除去终止密码子，13 个蛋白编码基因共编码氨基酸 3 815 个，其中亮氨酸(Leu)含量最高 (602 个)，占氨基酸总数 11.95%，其次是丙氨酸(Ala，326 个)与苏氨酸(Thr，322 个)，占比分别为 8.55% 与 8.44%，而半胱氨酸(Cys)含量最低 (32 个)，仅为 0.84% (图 4)。

2.2.3 tRNA 与 rRNA 基因

杂色裸胸鳝 rRNA 基因由 12S rRNA 和 16S rRNA 基因组成。12S rRNA 基因长度为 949 bp，16S rRNA 基因为 1 659 bp。22 个 tRNA 基因总长度为 1 552 bp，*tRNA—Leu* 长度最大 (76 bp)，*tRNA—Cys* 长度最小 (67 bp)，其中 14 个 tRNA 位于重链，8 个位于轻链。在 tRNA 二级结构预测上，除 *tRNA—Ser* (AGY) 外，剩下 21 个 tRNA 基因均能折叠成三叶草二级结构(图 5)。

2.3 海鳝科分子系统进化分析

2.3.1 海鳝科蛋白编码基因序列分子系统进化关系

结合 GenBank 中下载的 46 种海鳝科线粒体基因组信息，选取 12 个蛋白编码基因，利用最大似

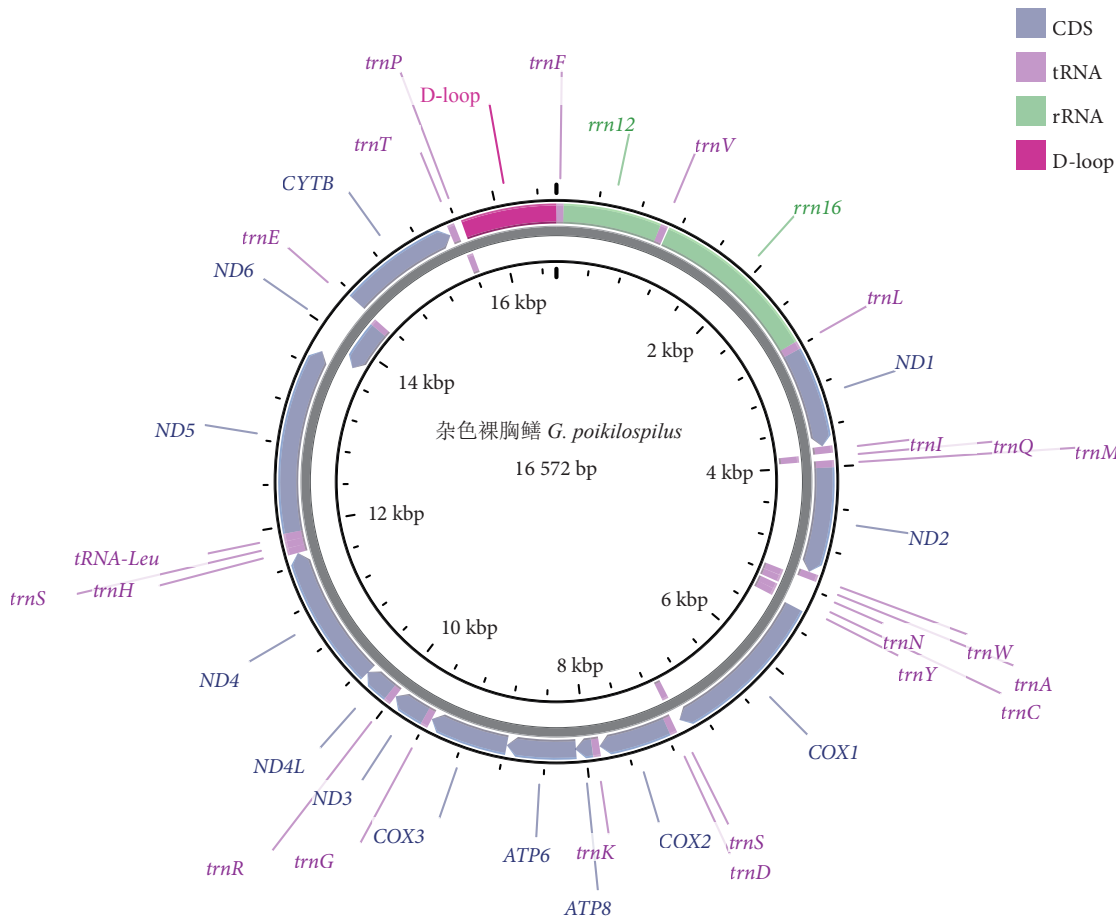


图2 杂色裸胸鳝线粒体基因组结构图
Fig. 2 Mitogenome map of *G. poikilospilus*

表2 杂色裸胸鳝线粒体基因组结构组成
Table 2 Main structures of mitogenome in *G. poikilospilus*

基因 Gene	编码链 Coding strand	位置 Location	长度 Size/bp	间隔碱基 Intergenic nucleotide	起始密码子 Start codon	终止密码子 Stop codon
<i>tRNA^{Phe}</i>	H	1—69	69	0		
<i>12S rRNA</i>	H	70—1018	949	0		
<i>tRNA^{Val}</i>	H	1019—1089	71	13		
<i>16S rRNA</i>	H	1103—2748	1646	0		
<i>tRNA^{Leu(1)}</i>	H	2749—2824	76	0		
<i>ND1</i>	H	2825—3796	972	1	ATG	TAA
<i>tRNA^{Ile}</i>	H	3798—3868	71	−1		
<i>tRNA^{Gln}</i>	H	3868—3938	71	−1		
<i>tRNA^{Met}</i>	H	3938—4006	69	0		
<i>ND2</i>	H	4007—5048	1042	0	ATG	T--
<i>tRNA^{Trp}</i>	L	5049—5117	69	1		
<i>tRNA^{Ala}</i>	L	5119—5187	69	1		
<i>tRNA^{Asn}</i>	H	5189—5261	73	22		
<i>tRNA^{Cys}</i>	H	5284—5350	67	0		
<i>tRNA^{Tyr}</i>	L	5351—5421	71	1		
<i>COI</i>	H	5423—7030	1608	−5	GTG	AGA

续表 2

to be continued

基因 Gene	编码链 Coding strand	位置 Location	长度 Size/bp	间隔碱基 Intergenic nucleotide	起始密码子 Start codon	终止密码子 Stop codon
<i>tRNA^{Ser(1)}</i>	H	7026—7096	71	5		
<i>tRNA^{Asp}</i>	H	7102—7171	70	0		
<i>COII</i>	H	7172—7862	691	0	ATG	T--
<i>tRNA^{Lys}</i>	H	7863—7935	73	1		
<i>ATPase8</i>	H	7937—8104	168	-10	ATG	TAA
<i>ATPase6</i>	H	8095—8778	684	-1	ATG	TAA
<i>COIII</i>	L	8778—9562	785	0	ATG	TA--
<i>tRNA^{Gly}</i>	H	9563—9633	71	0		
<i>ND3</i>	H	9634—9982	349	0	ATG	T--
<i>tRNA^{Arg}</i>	H	9983—10052	70	0		
<i>ND4L</i>	L	10053—10349	297	-7	ATG	TAA
<i>ND4</i>	L	10343—11720	1378	0	ATG	T--
<i>tRNA^{His}</i>	L	11721—11789	69	0		
<i>tRNA^{Ser(2)}</i>	L	11790—11857	68	0		
<i>tRNA^{Leu(2)}</i>	H	11858—11930	73	0		
<i>ND5</i>	L	11931—13772	1842	-4	ATG	TAA
<i>ND6</i>	H	13769—14287	519	0	ATG	TAA
<i>tRNA^{Glu}</i>	H	14288—14356	69	6		
<i>Cytb</i>	H	14363—15502	1140	3	ATG	TAA
<i>tRNA^{Thr}</i>	H	15506—15577	72	1		
<i>tRNA^{Pro}</i>	H	15579—15648	70	0		
D-loop	H	15649—16572	924	0		

注：H. 重链；L. 轻链。
Note: H. Heavy strand; L. Light strand.

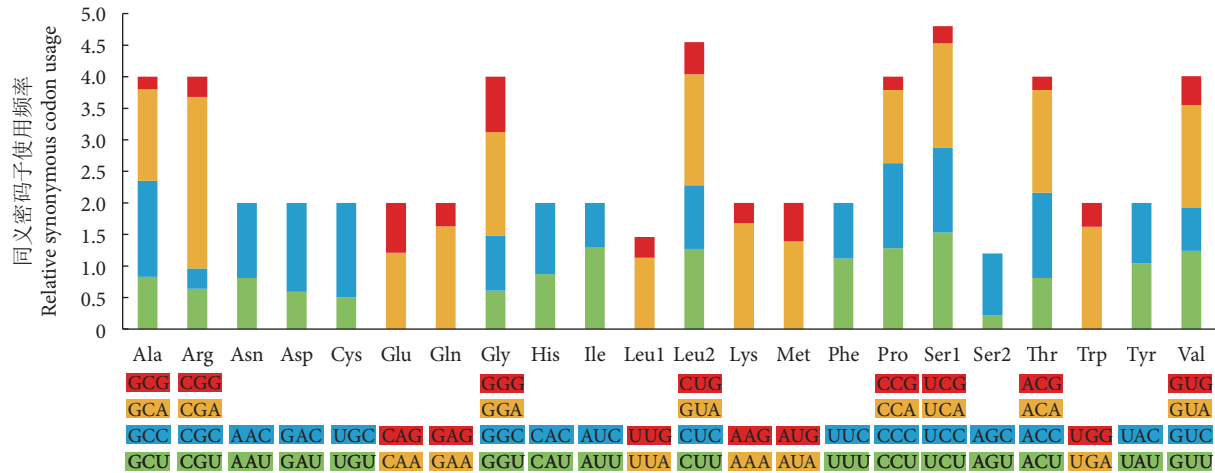


图3 杂色裸胸鳉蛋白编码基因组的同义密码子使用情况

Fig. 3 Relative synonymous codon usage (RSCU) of mitogenome in *G. poikilospilus*

然法构建了包含 47 种海鳢科鱼类分子系统进化树 (图 6)。进化树显示, 47 种海鳢科鱼类形成海鳢亚科与鳢尾鳢亚科 2 个平行分支, 这与形态学分类一致。海鳢亚科包含裸胸鳢属、裸海鳢属 (*Gymno-*
muraena)、管鼻鳢属 (*Rhinomuraena*)、锐齿鳢属 (*Enchelynassa*) 和弯牙海鳢属 (*Strophidon*) 等 5 个属, 其中物种数量最多的裸胸鳢属却并未形成单系。除裸海鳢属外, 其他属的种类均聚在裸胸鳢属

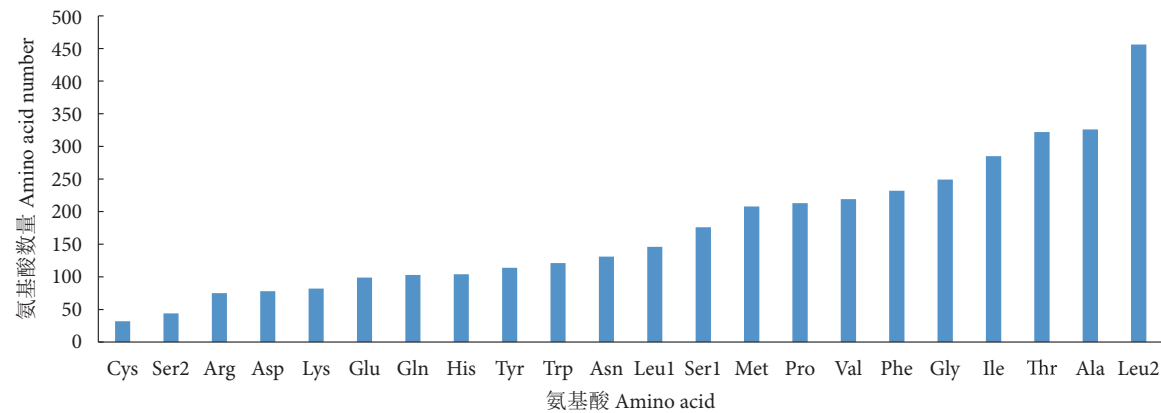


图4 杂色裸胸鳝蛋白编码基因氨基酸数

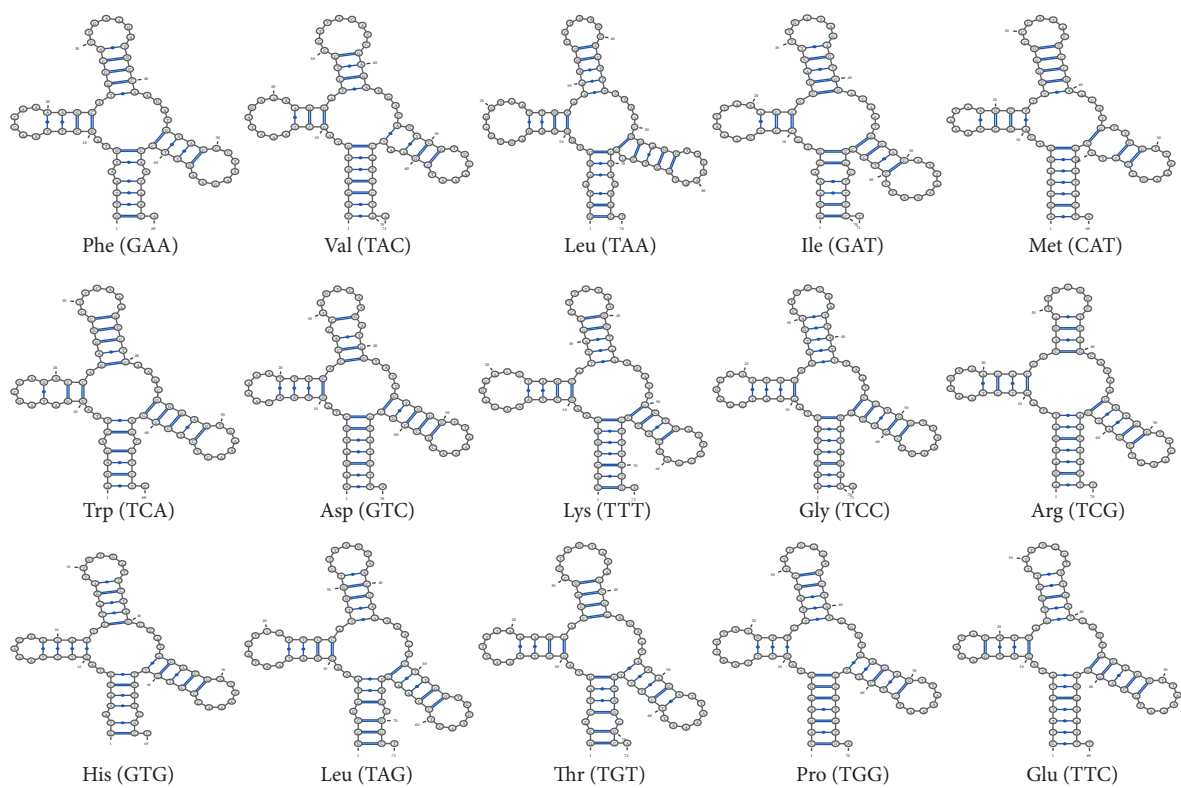
Fig. 4 Amino acid number of protein-coding genes in *G. poikilospilus*

内部。本研究发现，杂色裸胸鳝主要位于淡网纹裸胸鳝 (*G. pseudothyroideus*)、奥迪萨裸胸鳝、小裸胸鳝 (*G. minor*)、黑体鼻管海鳝 (*R. quaesita*) 等 7 种海鳝聚成的类群中，并与匀斑裸胸鳝 (*G. reevesii*)、淡网纹裸胸鳝和奥迪萨裸胸鳝关系最为接近。

2.3.2 裸胸鳝属 DNA 条形码 COI 基因序列分子系统进化关系

从 GenBank 中下载 103 种海鳝科鱼类 DNA 条形码 COI 基因序列，与杂色裸胸鳝 COI 基因序列 (从线粒体全序列中截取) 共同比对，利用 MEGA X 进行种间遗传距离分析，结果如表 3 所示 (因物

种数量过多，表格仅展示与杂色裸胸鳝遗传距离最大与最小值各前 20 位物种)。基于 COI 基因序列的分析显示，本研究的杂色裸胸鳝与其他海鳝科物种的遗传距离范围为 0.004~0.280，其中与 Huang 等^[18]上传的杂色裸胸鳝 COI 基因序列 (GenBank 登录号: ON351489) 遗传距离最小，仅为 0.004，远小于物种鉴定最小遗传距离值 0.020，表明两者在分子水平上属于同一物种。此外，杂色裸胸鳝与其他海鳝物种遗传距离最小值为 0.112 (邵氏裸胸鳝)，远大于 0.020 的遗传距离临界值，揭示杂色裸胸鳝是区分于其他海鳝的独立物种。选择与杂色裸胸



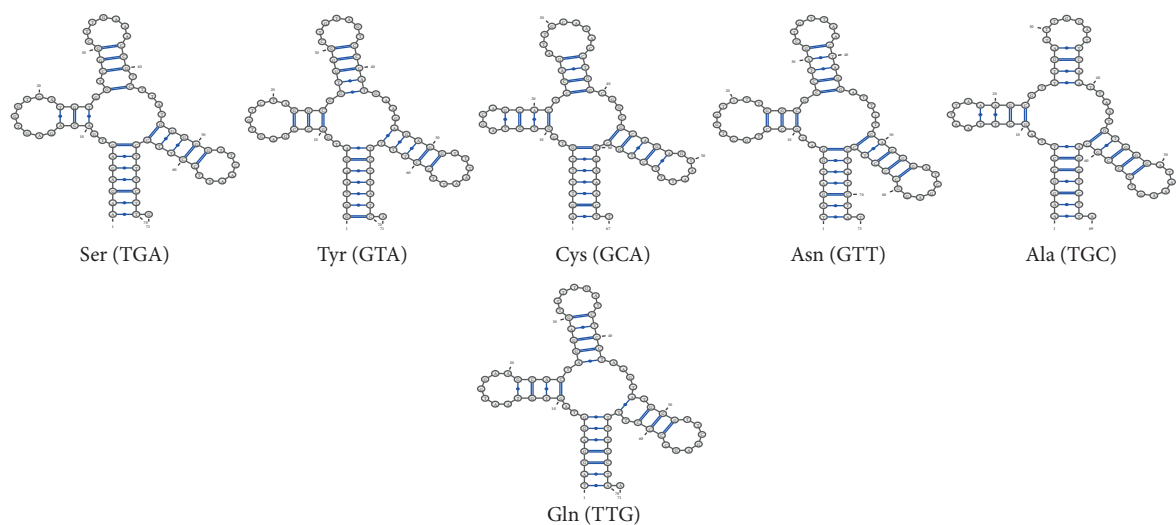


图5 杂色裸胸鳐 tRNA 二级结构

Fig. 5 Secondary structure of tRNA in *G. poikilospilus*

表3 杂色裸胸鳐与其他裸胸鳐的种间遗传距离

Table 3 Inter-specific genetic distance of *COI* sequences between *G. poikilospilus* and other Muraenidae species

物种 Species	距离 Distance	物种 Species	距离 Distance
杂色裸胸鳐 <i>Gymnothorax poikilospilus</i> (ON351489)	0.004	单色蛇鳐 <i>Echidna unicolor</i>	0.240
邵氏裸胸鳐 <i>G. shaoi</i>	0.112	细点裸胸鳐 <i>G. pictus</i>	0.241
淡网纹裸胸鳐 <i>G. pseudothyrsoides</i>	0.123	澳洲裸胸鳐 <i>G. australicola</i>	0.242
匀斑裸胸鳐 <i>G. reevesii</i>	0.123	棕斑尾鯙 <i>Uropterygius fuscoguttatus</i>	0.242
裂吻勾吻鳐 <i>Enchelycore schismatorhynchus</i>	0.128	白点裸胸鳐 <i>G. johnsoni</i>	0.243
奥迪萨裸胸鳐 <i>G. odishi</i>	0.135	黄鳍尾鳐 <i>Uropterygius xanthopterus</i>	0.245
黄纹裸胸鳐 <i>G. monochrous</i>	0.141	白斑尾鳐 <i>U. alboguttatus</i>	0.247
蒂尔裸胸鳐 <i>G. tile</i>	0.158	法老裸胸鳐 <i>G. pharaonis</i>	0.248
窄尾裸胸鳐 <i>G. angusticauda</i>	0.159	单色尾鳐 <i>U. concolor</i>	0.248
长身裸胸鳐 <i>G. prolatus</i>	0.177	褐斑裸胸鳐 <i>G. fuscomaculatus</i>	0.249
鞍头裸胸鳐 <i>G. sagmacephalus</i>	0.181	网纹海鳐 <i>Muraena retifera</i>	0.250
肝色裸胸鳐 <i>G. hepaticus</i>	0.183	斑尾鳐 <i>U. macularius</i>	0.252
爪哇裸胸鳐 <i>G. javanicus</i>	0.184	细尾裸胸鳐 <i>G. gracilicauda</i>	0.252
异纹裸胸鳐 <i>G. richardsonii</i>	0.184	多腺裸胸鳐 <i>G. polygonius</i>	0.255
白缘裸胸鳐 <i>G. albimarginatus</i>	0.185	蠕纹裸胸鳐 <i>G. kidako</i>	0.256
兰氏裸胸鳐 <i>G. randalli</i>	0.185	棕斑蛇鳐 <i>Echidna delicatula</i>	0.263
长体裸胸鳐 <i>G. longinquus</i>	0.189	虎斑鞭尾鳐 <i>Scuticaria tigrina</i>	0.263
淡点裸胸鳐 <i>G. phalarus</i>	0.189	布氏拟蛇鳐 <i>Pseudechidna brummeri</i>	0.275
四孔弯牙海鳐 <i>Strophidon tetraporus</i>	0.189	小鳍尾鳐 <i>U. micropterus</i>	0.280
波纹裸胸鳐 <i>G. undulatus</i>	0.190	斑唇尾鳐 <i>U. kamar</i>	0.280

鳐 *COI* 基因遗传距离最小的 20 种海鳐科鱼类，利用最大似然法进行系统进化树构建。结果显示，本研究的杂色裸胸鳐与 Huang 等^[18] 记录的杂色裸胸鳐紧密聚为一支，亲缘关系最近，该分支再跟邵氏裸胸鳐与裂吻勾吻鳐形成的分支相聚。淡网纹裸胸鳐、匀斑裸胸鳐、奥迪萨裸胸鳐与黄纹裸胸鳐形成

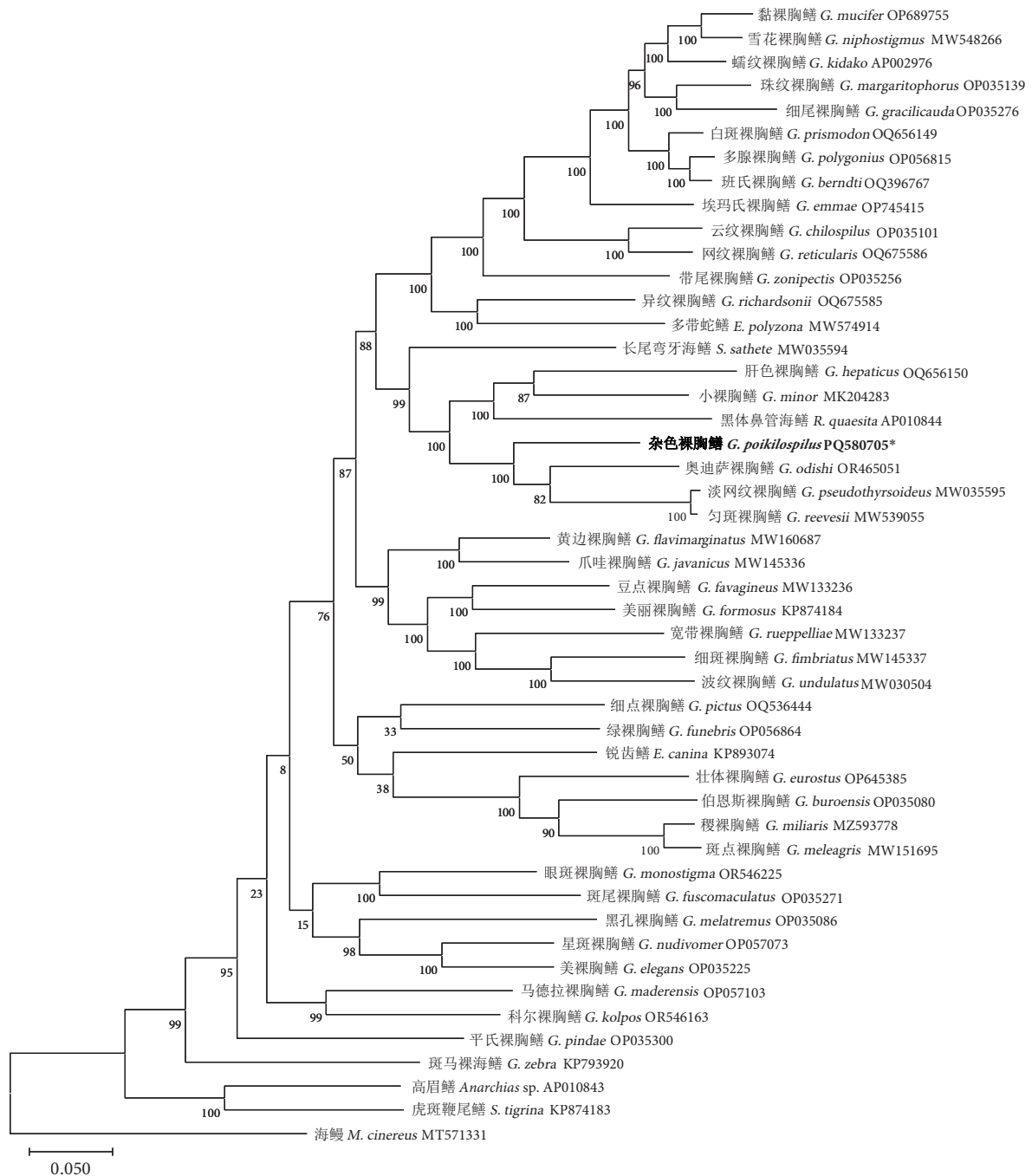


图6 基于 12 个蛋白编码基因序列利用最大似然法构建的 47 种海鳝科鱼类分子系统进化树

注：“*”表示本研究的杂色裸胸鳝。

Fig. 6 Molecular phylogenetic tree of 47 Muraenidae species constructed using maximum likelihood method basing on 12 protein-coding genes

Note: "*" represents *G. poikilospilus* used in this study.

的分支紧跟其后(图 7)。

3 讨论

3.1 杂色裸胸鳝的形态学分类信息

杂色裸胸鳝是 Huang 等^[18]于 2022 年首次在台湾澎湖列岛采集并确定为新发现的物种,目前世界其他地区暂无记录。我国形态学分类书籍与文献

中,同样无杂色裸胸鳝的物种记录信息。本团队在广东省湛江市徐闻县海安镇附近水域采集裸胸鳝样品 1 尾,形态学分析结果与 Huang 等^[18]报道记录的杂色裸胸鳝信息基本相符,COI 基因鉴定也揭示两者序列信息基本一致,遗传距离仅为 0.004,形态与分子水平确定该裸胸鳝为杂色裸胸鳝,是中国大陆裸胸鳝属新记录种,也是继 Huang 等^[18]之后

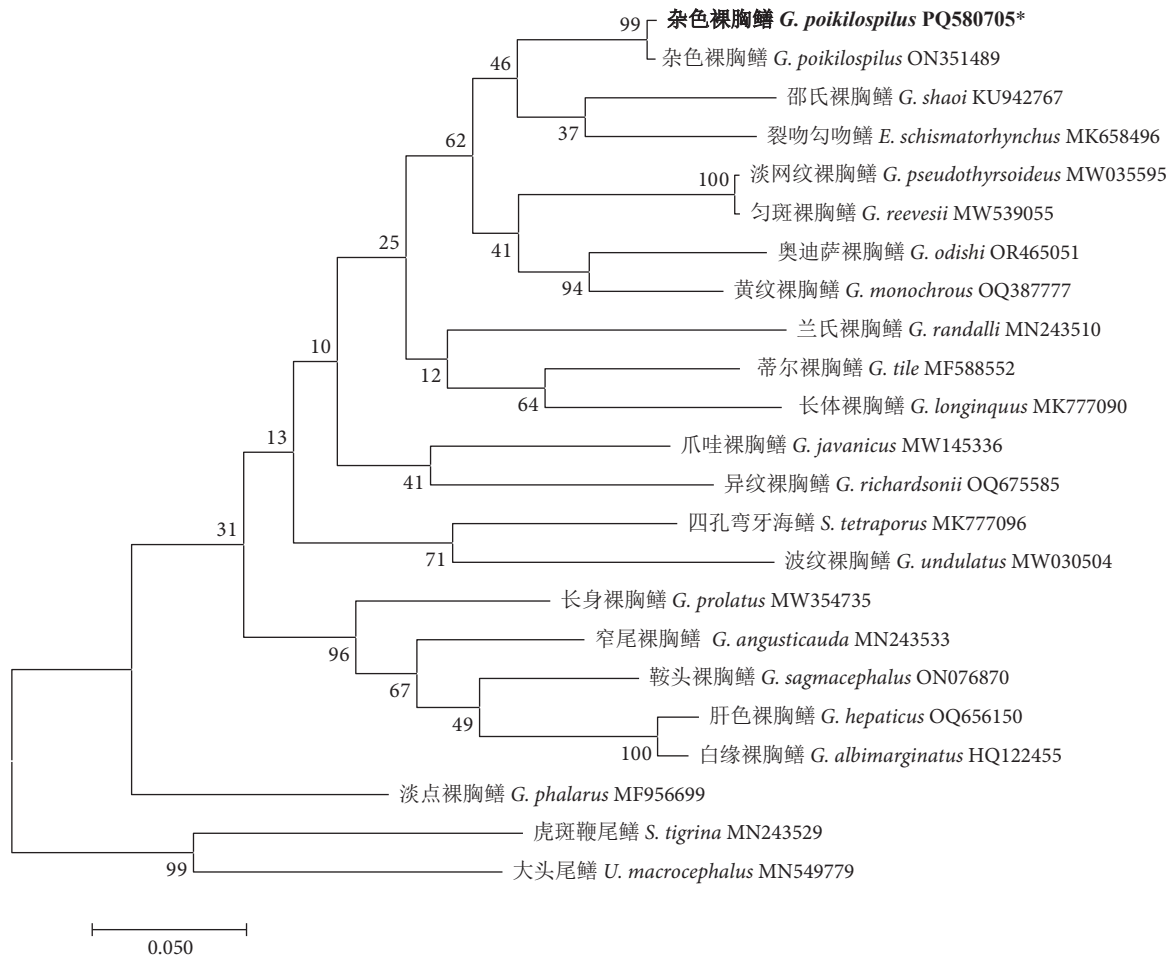


图7 基于 *COI* 基因序列利用最大似然法构建的海鳝科鱼类分子系统进化树

注：“*”表示本研究的杂色裸胸鳝。

Fig. 7 Molecular phylogenetic tree of Muraenidae species constructed using maximum likelihood basing on *COI* genes

Note: “*” represents *G. poikilospilus* used in this study.

第二次记录该物种信息。Huang 等^[18]记录的杂色裸胸鳝采集于台湾澎湖列岛，本研究杂色裸胸鳝采集于广东湛江，这表明中国东南海、南海海域均有杂色裸胸鳝的群体分布。

形态上，Huang 等^[18]认为杂色裸胸鳝与裂吻勾吻鳝 (*Enchelycore schismatorhynchus*)、黄纹裸胸鳝 (*G. monochrous*) 和淡网纹裸胸鳝较为相似，这 3 种鱼类均具有与杂色裸胸鳝相近的灰褐色体色和偏白鳍边缘特征。但它与裂吻勾吻鳝的不同之处是具有更宽的眼间距，更少的背前脊椎骨数和前椎骨数，前鼻孔顶端颜色也有差异。与黄纹裸胸鳝和淡网纹裸胸鳝相比，杂色裸胸鳝下颌齿与总椎骨数目更多。此外，杂色裸胸鳝还具有与其他裸胸鳝不同的特殊特征，就是其下颌骨呈弓形，嘴巴不能完全闭合，与勾吻鳝属的特征相似，形态上也与勾吻鳝属中的裂吻勾吻鳝最接近，但裂吻勾吻鳝可以通过上述性状与杂色裸胸鳝区分。

3.2 杂色裸胸鳝的线粒体基因组结构分析

杂色裸胸鳝线粒体基因组由常规的 37 个基因 (蛋白编码基因、rRNA、tRNA) 和 1 个非编码控制区 (D-loop) 组成，与大部分鱼类线粒体基因组结构一致^[34-37]。基因组中不存在基因重排现象，与其他海鳝科鱼类相似，但与鳗鲡目其他科 (如蛇鳗科、海鳗科、康吉鳗科) 存在基因重排结构不同^[38-41]，揭示鳗鲡目线粒体基因组中较普遍存在的基因重排现象并不包括海鳝科。在 13 个蛋白编码基因中，大部分基因终止密码子为 TAA，而 *ND2*、*COII*、*ND3*、*COIII*、*ND4* 等基因以不完全终止密码子 TA 或 T 作为终止密码子。这种不完全终止密码子可在多聚腺苷酸化和多核转录切割作用下形成完整的功能性终止密码子^[42-43]，这在脊椎动物线粒体基因组中普遍存在^[44]。在碱基组成方面，杂色裸胸鳝线粒体基因组 AT 含量高于 CG 含量，并存在一定的反 G 偏倚，这种碱基分布不平衡，AT 偏

好的现象与大多数硬骨鱼类碱基组成相似^[40,45-46], 各基因碱基含量差异可能由种群演化过程中的自然突变和选择压力等因素造成^[47]。

3.3 杂色裸胸鳝分子系统分类地位

基于线粒体基因组 12 个蛋白编码基因构建的系统进化树中, 47 种海鳝聚为海鳝亚科与鳍尾鳝亚科 2 个平行分支, 其中海鳝亚科包含裸胸鳝属、裸海鳝属、管鼻鳝属、锐齿鳝属和弯牙海鳝属等 5 个属, 但各属均未能形成属间单系, 特别是物种数量最多的裸胸鳝属, 进化树上形成多个分散分支, 这与人利用单个分子标记分析海鳝科鱼类分子系统分类的研究结果相同^[48-49]。Reece 等^[49]曾提出将其他属的种类归为裸胸鳝属, 才能体现裸胸鳝属的单系性。本研究的杂色裸胸鳝主要与匀斑裸胸鳝、淡网纹裸胸鳝、奥迪萨裸胸鳝聚为一支, 亲缘关系较为密切。基于 COI 基因序列构建进化树上, 杂色裸胸鳝也位于包含上述几种裸胸鳝所在的分支中, 但与邵氏裸胸鳝的亲缘关系最近, 其次是裂吻勾吻鳝, 与 Huang 等^[18]研究结果一致。在 COI 基因遗传距离方面, 杂色裸胸鳝与其他 103 种海鳝鱼类遗传距离在 0.112~0.280 之间, 均大于 0.020 的最小物种鉴定遗传距离^[50], 揭示分子水平上, 杂色裸胸鳝是区别于目前其他海鳝鱼类的独立物种。

参考文献:

- [1] SMITH D G. A checklist of the moray eels of the world (Teleostei: Anguilliformes: Muraenidae)[J]. Zootaxa, 2012, 3474(1): 1-64.
- [2] 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.
- [3] FROESER, PAULY D. FishBase[EB/OL]. [2025-01-04]. <http://www.fishbase.org>.
- [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.
- [5] 陈大刚, 张美昭. 中国海洋鱼类[M]. 青岛: 中国海洋大学出版社, 2016: 235-266.
- [6] 刘瑞玉. 中国海洋生物名录[M]. 北京: 科学出版社, 2008: 906-909.
- [7] 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.
- [8] 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.
- [9] BÖHLKE E B, RANDALL J E. A review of the moray eels (Anguilliformes: Muraenidae) of the Hawaiian Islands, with descriptions of two new species[J]. Proc Acad Nat Sci Philadelphia, 2000, 150: 203-278.
- [10] 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.
- [11] TANG K L, FIELITZ C. Phylogeny of moray eels (Anguilliformes: Muraenidae), with a revised classification of true eels (Teleostei: Elopomorpha: Anguilliformes)[J]. Mitochondrial DNA, 2013, 24(1): 55-66.
- [12] 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 Ichthyol Piscat, 2020, 50(2): 201-207.
- [13] 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.
- [14] 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.
- [15] 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]. Rec Zool Surv India, 2018, 118(3): 318-321.
- [16] 梁日深, 何浩斌, 郜梓涵, 等. 我国裸胸鳝属鱼类新记录种: 奥迪萨裸胸鳝 (*Gymnothorax odishi*) 形态与线粒体基因组分析[J]. 海洋与湖沼, 2024, 55(1): 279-291.
- [17] 张国庆, 杨杰奎, 李培源, 等. 我国近海裸胸鳝属鱼类新记录种: 黏裸胸鳝 (*Gymnothorax mucifer*) 形态与分子系统学研究[J]. 海洋学报, 2022, 44(7): 112-121.
- [18] HUANG W C, LOH K H, CHEN H M. *Gymnothorax poikilopilus*, a new moray eel (Teleostei: Anguilliformes: Muraenidae) from Penghu Islands, western Taiwan[J]. Zootaxa, 2022, 5189(1): 87-102.
- [19] MUKHIM D K B, SARMA K, CHOUDHURY H, et al. *Schistura sonarengaensis*, a new species of cave-dwelling loach (Teleostei: Nemacheilidae) from Meghalaya, northeast India[J]. J Fish Biol, 2024, 105(4): 1240-1255.
- [20] 李佳佳, 陈敬琛, 唐文乔. 八角鱼科—中国新记录种: 日本隆背八角鱼 *Percis japonica* 记述[J]. 动物学杂志, 2024, 59(5): 789-95.
- [21] MOORE W S. Inferring phylogenies from mtDNA variation: mitochondrial-gene trees versus nuclear-gene trees[J]. Evolution, 1995, 49(4): 718-726.
- [22] BOORE J L. Animal mitochondrial genomes[J]. Nucleic Acids Res, 1999, 27(8): 1767-1780.
- [23] 王乙婷, 朱文斌, 张亚洲, 等. 浙江沿岸日本鳗幼鱼渔业兼捕鱼类的 DNA 条形码鉴定[J]. 水产学报, 2024, 48(10): 96-108.

- [24] 王晓谕, 彭祖焜, 朱久阳, 等. 线粒体 12S rRNA 在南极鱼亚目物种鉴定中的应用 [J/OL]. 海洋渔业, 1-20 [2025-03-06]. <https://doi.org/10.13233/j.cnki.mar.fish.20240828.001>.
- [25] BANKEVICH A, NURK S, ANTIPOV D, et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing[J]. *J Comput Biol*, 2012, 19(5): 455-477.
- [26] BERNT M, DONATH A, JÜHLING F, et al. MITOS: improved de novo metazoan mitochondrial genome annotation[J]. *Mol Phylogenet Evol*, 2013, 69(2): 313-319.
- [27] STOTHARD P, GRANT J R, DOMSELAAR G V. Visualizing and comparing circular genomes using the CGView family of tools[J]. *Brief Bioinform*, 2019, 20(4): 1576-1582.
- [28] LOWE T M, EDDY S R. tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence[J]. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25(5): 955-964.
- [29] KUMAR S, STECHER G, LI M, et al. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms[J]. *Mol Biol Evol*, 2018, 35(6): 1547-1549.
- [30] NAKAMURA T, YAMADA K D, TOMII K, et al. Parallelization of MAFFT for large-scale multiple sequence alignments[J]. *Bioinformatics*, 2018, 34(14): 2490-2492.
- [31] CASTRESANA J. Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis[J]. *Mol Biol Evol*, 2000, 17(4): 540-552.
- [32] LANFEAR R, FRANDSEN P B, WRIGHT A M, et al. Partitionfinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses[J]. *Mol Biol Evol*, 2017, 34(3): 772-773.
- [33] STAMATAKIS A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies[J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(9): 1312-1313.
- [34] TENG H Y, LIN Y S, TZENG C S. A new *Anguilla* species and a reanalysis of the phylogeny of freshwater eels[J]. *Zool Stud*, 2009, 48(6): 808-822.
- [35] ZHONG L Q, WANG M H, LI D M, et al. Complete mitochondrial genome of freshwater goby *Rhinogobius cliffordpopei* (Perciformes, Gobiidae): genome characterization and phylogenetic analysis[J]. *Genes Genom*, 2018, 40(11): 1137-1148.
- [36] YANG M, YANG Z M, LIU C Y, et al. Characterization of the complete mitochondrial genome of the spotted catfish *Arius maculatus* (Thunberg, 1792) and its phylogenetic implications[J]. *Genes (Basel)*, 2022, 13(11): 2128.
- [37] 王开杰, 姜燕, 徐永江, 等. 黄带拟鲮线粒体基因组测序及鲮科鱼类系统发育分析[J]. 水产学报, 2022, 46(11): 2017-2027.
- [38] LYU Z M, ZHU K H, JIANG H, et al. Complete mitochondrial genome of *Ophichthus brevicaudatus* reveals novel gene order and phylogenetic relationships of Anguilliformes[J]. *Int J Biol Macromol*, 2019, 135: 609-618.
- [39] ZHANG K, ZHU K H, LIU Y F, et al. Novel gene rearrangement in the mitochondrial genome of *Muraenesox cinereus* and the phylogenetic relationship of Anguilliformes[J]. *Sci Rep*, 2021, 11(1): 2411.
- [40] 申欣, 田美, 孟学平, 等. 鳗鲡目鱼类线粒体蛋白质编码基因易位及系统演化关系分析[J]. 海洋学报 (中文版), 2014, 36(4): 73-81.
- [41] 宁子君, 刘玉萍, 张书飞, 等. 艾氏蛇鳗线粒体基因组全序列结构分析和系统发育关系探讨[J]. 中国水产科学, 2022, 29(9): 1264-1276.
- [42] OJALA D, MONTOYA J, ATTARDI G. tRNA punctuation model of RNA processing in human mitochondria[J]. *Nature*, 1981, 290(5806): 470-474.
- [43] DU C, HE S, SONG X, et al. The complete mitochondrial genome of *Epicauta chinensis* (Coleoptera: Meloidae) and phylogenetic analysis among coleopteran insects[J]. *Gene*, 2016, 578(2): 274-280.
- [44] PENG Z, WANG J, HE S. The complete mitochondrial genome of the helmet catfish *Cranoglanis boudierius* (Siluriformes: Cranoglanididae) and the phylogeny of otophysan fishes[J]. *Gene*, 2006, 376(2): 290-297.
- [45] 毛明光, 顾杰, 刘瑞婷, 等. 太平洋鲑线粒体全基因组测序及结构特征分析[J]. 水生生物学报, 2019, 43(1): 17-26.
- [46] 刘凯, 冯晓宇, 马恒甲, 等. 钱塘江三角鲂线粒体基因组测序及其结构特征分析[J]. 浙江农业学报, 2020, 32(9): 1591-1608.
- [47] 钟东, 赵贵军, 张振书, 等. 基因组内碱基分布整体均衡与局部不均衡的研究进展[J]. 遗传, 2002(3): 351-355.
- [48] 陈铭, 范蔓桦, 谢瑞琳, 等. 基于 16S rRNA 序列探讨我国海鲢科鱼类分子系统进化关系[J]. 水产学报, 2022, 46(2): 183-195.
- [49] REECE J S, BOWEN B W, SMITH D G, et al. Molecular phylogenetics of moray eels (Muraenidae) demonstrates multiple origins of a shell-crushing jaw (*Gymnomuraena*, *Echidna*) and multiple colonizations of the Atlantic Ocean[J]. *Mol Biol Evol*, 2010, 27(2): 829-835.
- [50] HEBERT P D N, CYWINSKA A, BALL S L, et al. Biological identifications through DNA barcodes[J]. *Proc R Soc B*, 2003, 270(1512): 313-321.