

DOI: 10.12264/JFSC2021-0094

## 基于 COI 基因探讨塔里木河流域裂腹鱼属鱼类的亲缘关系

海萨·艾也力汗, 张人铭, 牛建功, 胡江伟, 刘鸿, 张钰, 吐尔逊·提立瓦尔地, 封永辉

新疆维吾尔自治区水产科学研究所, 新疆 乌鲁木齐 830000

**摘要:** 裂腹鱼属(*Schizothorax*)是塔里木河流域分布的裂腹鱼亚科(*Schizothoracids*)鱼类中数量和种类最多的鱼类, 具有重要的生态学研究价值。本研究对采自塔里木河和伊犁河流域的 6 种裂腹鱼属鱼类的 COI 基因序列进行了分析。结果显示, 在 419 尾个体中共发现 25 个单倍型; 塔里木裂腹鱼(*Schizothorax biddulphi*)塔里木河主要支流群体、宽口裂腹鱼(*S. eurystomus*)、重唇裂腹鱼(*S. barbatus*)和厚唇裂腹鱼(*S. irregularis*)之间的遗传距离小于 0.005, 未形成明显的“条形码间隙”。而塔里木裂腹鱼车尔臣河群体与其他物种间的遗传距离符合 2% 阈值或 10 倍原则; ABGD 和 TaxonDNA 分析结果相同, 把新疆裂腹鱼属鱼类划分为 4 个组别, 塔里木裂腹鱼塔里木河主要支流群体、宽口裂腹鱼、重唇裂腹鱼和厚唇裂腹鱼分为一组, 伊犁裂腹鱼(*S. pseudakssaiensis*)、银色裂腹鱼(*S. argentatus*)、塔里木裂腹鱼车尔臣河群体分别划分为另外 3 个组别中; 贝叶斯法(BI)系统发育树中塔里木裂腹鱼车尔臣河群体形成了独立的分支, 节点支持率为 100%, 而塔里木裂腹鱼塔里木河主要支流群体、宽口裂腹鱼、重唇裂腹鱼和厚唇裂腹鱼未能形成独立的分支。BI 树拓扑结构与 ABGD 和 TaxonDNA 分组结果一致。塔里木裂腹鱼塔里木河主要支流群体、宽口裂腹鱼、重唇裂腹鱼和厚唇裂腹鱼可能存在种间杂交或尚未达到物种分化程度, 而塔里木裂腹鱼车尔臣河群体可能已分化成独立的物种。

**关键词:** 塔里木河; 裂腹鱼属; DNA 条形码; 遗传距离

**中图分类号:** S931      **文献标志码:** A

**文章编号:** 1005-8737-(2021)11-1417-09

塔里木河是中国最长的内陆河流, 位于塔里木盆地北缘, 由天山发源的迪那河、渭干河、库车河、阿克苏河, 昆仑山发源的喀什噶尔河、叶尔羌河及和田河等河流汇聚而成。车尔臣河发源于东昆仑高原和阿尔金山, 位于塔里木盆地东南缘。最初塔里木河下游与孔雀河合流从北面流入罗布泊<sup>[1-2]</sup>, 车尔臣河流入塔里木盆地后经台特玛湖及喀拉库顺从南面流入罗布泊<sup>[2]</sup>。由于人类活动的影响, 历史上塔里木河下游发生多次改道, 最终台特玛湖变成塔里木河与车尔臣河的尾闾湖<sup>[3-5]</sup>。罗布泊是塔里木盆地诸多河流的汇水中心, 对于车尔臣河和塔里木河分布的淡水鱼类而言, 罗布泊的咸化和干涸是形成地理隔离的主要原

因。根据地质和古气候研究结果, 由于青藏高原的隆起和全球气候变化, 罗布泊湖面的收缩和扩张交替出现。约 5 Ma 前的上中新世罗布泊开始出现<sup>[5]</sup>, 在上新世咸化加剧甚至消失<sup>[6]</sup>, 由于气候湿润, 1.5 Ma 前罗布泊扩大到  $2 \times 10^4 \text{ km}^2$  以上<sup>[4]</sup>, 由于 0.9 Ma 发生的“中更新世气候转型期”, 湖泊水体由微咸水环境向咸水发展<sup>[6]</sup>, 0.25~0.15 Ma 时段是罗布泊盐湖演化过程中持续时间较长的湿润期<sup>[6]</sup>。

塔里木河流域分布的土著鱼类仅为裂腹鱼亚科(*Schizothoracids*)和鳅科(*Cobitidae*)鱼类<sup>[7]</sup>。在裂腹鱼亚科鱼类中裂腹鱼属(*Schizothorax*)鱼类的分布最广, 种类最多。根据 1979 年出版的新疆鱼类志记载, 塔里木河流域分布的裂腹鱼属鱼类有塔

收稿日期: 2021-04-02; 修订日期: 2021-04-19.

基金项目: 农业农村部“西北地区重点水域渔业资源与环境调查”专项.

作者简介: 海萨·艾也力汗, 高级工程师, 从事水产动物种质资源保护与选育工作. E-mail: hbahjan@126.com

里木裂腹鱼(*Schizothorax biddulphi*)、重唇裂腹鱼(*S. barbatus*)、宽口裂腹鱼(*S. eurystomus*)、扁嘴裂腹鱼(*S. esocinus*)和厚唇裂腹鱼(*S. irregularis*)<sup>[8]</sup>。Dimmick 等<sup>[9]</sup>、He 等<sup>[10]</sup>和 Yang 等<sup>[11]</sup>的研究结果表明裂腹鱼属鱼类的系统发育与水系间的地理联系相关,且同域分布的裂腹鱼属种间存在共享单倍型的情况。海萨等<sup>[12]</sup>利用线粒体 COI、ND4 和 16S rRNA 基因联合数据探讨新疆裂腹鱼亚科鱼类的系统发育关系时,由于样品数量少,未能详细地探讨塔里木河流域分布的裂腹鱼属鱼类的亲缘关系。海萨等<sup>[13]</sup>利用线粒体控制区基因分析塔里木裂腹鱼的遗传多样性和种群分化的研究中发现分布于车尔臣河和塔里木河主要支流的群体间发生了明显的遗传分化。

DNA 条形码(DNA barcoding)是一种快速、准确的物种鉴定方法。基于线粒体细胞色素 c 氧化酶亚基 I (mitochondrial cytochrome c oxidase I, COI)基因 5'端的一段长约 652 bp 的基因片段的 DNA 条形码在鱼类物种鉴定上有较高的可靠性,在同种异名、异种同名和发现隐存种等方面有着突出的优势<sup>[14]</sup>。本研究采用 COI 基因片段序列分析方法,以塔里木河流域裂腹鱼属鱼类为研究对象,结合新疆伊犁河流域两种裂腹鱼属鱼类 COI 基因序列,探讨塔里木河流域裂腹鱼属鱼类 DNA 条形码和系统发育关系,为塔里木河流域裂腹鱼属鱼类的亲缘关系研究提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

2015—2020 年,从库车河、渭干河、阿克苏河、克孜勒苏河(喀什噶尔河主要支流)、叶尔羌河、和田河、车尔臣河及伊犁河流域采集塔里木裂腹鱼、重唇裂腹鱼、宽口裂腹鱼、厚唇裂腹鱼、伊犁裂腹鱼(*S. pseudaksaiensis*)和银色裂腹鱼(*S. argentatus*)样本共 419 尾,经形态学鉴定后,剪取尾鳍末端组织浸泡于无水乙醇中。本次未采集到扁嘴裂腹鱼,车尔臣河也未采集到宽口裂腹鱼、厚唇裂腹鱼和重唇裂腹鱼。

### 1.2 DNA 提取及基因片段测序

采用标准酚-氯仿法提取 DNA, 本研究相关

引物来自 Ward 等<sup>[15]</sup>报道的通用引物(FishF1: 5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3'; FishR1: 5'-TAGACTTCTGGGTGGCAAAGAATCA-3')。PCR 反应体系为 50 μL, 包括 10×Buffer 5 μL, dNTP (2.25 mmol/L) 4 μL, 上下游引物(10 mmol/L)各 1 μL, 基因组 DNA (20 ng/μL) 1 μL, *Taq* DNA 聚合酶(2.5 U/μL) 0.5 μL, 灭菌 ddH<sub>2</sub>O 补齐。PCR 扩增程序: 94 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 30 s, 56 °C 复性 40 s, 72 °C 延伸 45 s, 35 个循环; 72 °C 延伸 10 min, 4 °C 保温。扩增反应在 Bio-rad CFX96 PCR 仪上完成。PCR 产物取 5 μL 经琼脂糖凝胶电泳检测后送公司进行测序。

### 1.3 数据分析

塔里木裂腹鱼分布于车尔臣河的群体与其他群体间已发生了明显遗传分化<sup>[13]</sup>。本研究把塔里木裂腹鱼分为车尔臣河群体和塔里木河主要支流群体来分析。利用 Contining Express 软件拼接序列、进行人工校对。利用 BioEdit v7.0.9 软件对所有序列进行比对。利用 DnaSP6.12.03 软件分析序列的变异位点和简约性信息位点,确定单倍型数量。通过 MegaX 软件基于 Kimuar 双参数(K2P)模型计算种间和种内的遗传距离。选择阈值区间为 0.001~0.1, 步长值为 10, 探测 gap 宽度为 1.0, 遗传距离设置为 Kimura (K80)TS/TV=2.0, 通过 ABGD (automatic barcode gap discovery) 系统寻找 DNA 条形码“间隙”。使用 TaxonDNA 软件包中的 Species Identifier1.8 软件, 距离计算模式选择 Kimura 2-parameter corrected distances, 阈值设置为 0.5, 分别以 Best Match/Best Close Match 和 All Species Barcodes 方法分析 COI 基因, 以 Cluster 聚类方法对序列进行分组。通过 Arlequin3.5.2.2 软件统计群体间的遗传分化系数 (*F*-statistics, *F<sub>ST</sub>*) 及其检验显著性(重复次数 1000)。用公式  $N_m = [(1/F_{ST}) - 1]/2$  计算近代基因流。通过 MrBayes v3.2 软件采用贝叶斯法(Bayesian inference, BI)构建单倍型序列间的 BI 树。构建系统发育树之前, 用 jModelTest2.1.3 对数据进行模型筛选。根据分析结果, 设置代替模型为 1 (nst=1), 位点间变异模型为 gamma (rates=gamma), 进行 1000000 代蒙特卡罗模拟(Markov chain Monte Carlo; MCMC), 4 条

链同时运行 3 条热链 1 条冷链(ngen=4), 节点的可信性以后验概率(posterior probability, PP)来表示。

系统发育分析中的外群 *Luciobarbus sclateri* (GenBank: KJ553770)、*Luciobarbus guiraonis* (GenBank: KJ553985)、*Luciobarbus callensis* (GenBank: KJ553998)、*Gymnocypris przewalskii* (GenBank: KT833113)、*Gymnocypris eckloni* (GenBank: KM879223) 等序列来自 GenBank。

## 2 结果与分析

对 6 种新疆分布的裂腹鱼属鱼类的 419 尾个体的 COI 基因进行双向测序, 获得一致序列长度为 641 bp, 变异位点 64 个, 占总碱基数的 9.98%, 简约信息位点为 61 个, 占总碱基数的 9.52%, 单

核苷酸变异位点 3 个, 占总碱基数的 0.47%。发现单倍型 25 个, 其中 Hap\_1(156 次) 为最优势单倍型, 其次为 Hap\_3 (119 次), 第三为 Hap\_7 (49 次)。393 尾塔里木河主要支流分布的 4 种裂腹鱼属鱼类样品中的 324 尾个体属于这 3 个单倍型, 并共享这 3 个单倍型。Hap\_4 为塔里木裂腹鱼车尔臣河群体和塔里木河主要支流群体共享单倍型。Hap\_5 (40 次) 为塔里木裂腹鱼(TLM)、厚唇裂腹鱼和宽口裂腹鱼共享单倍型(表 1)。

新疆分布 6 种裂腹鱼属鱼类的遗传距离在 0.0014~0.0584 之间(表 2)。塔里木河主要支流分布的 4 种裂腹鱼之间的遗传距离(0.0014~0.0052)明显低于它们和伊犁河流域分布的 2 种裂腹鱼 (0.0110~0.0459) 及车尔臣河分布塔里木裂腹鱼群

表 1 研究所用样品信息和单倍型信息  
Tab. 1 Samples and haplotypes information

代号 code	物种 species	采样点 locality	采样数 sample size	纬度 latitude	经度 longitude	单倍型组成 haplotype composition	单倍型数 number of haplotypes, <i>N<sub>Hap</sub></i>
TLM	<i>Schizothorax biddulphi</i>	库车河 Kuche River	21	43°48'N	87°42'E	2(Hap_1; Hap_3)	9
		渭干河 Weigan River	27	41°63'N	81°57'E	4(Hap_1; Hap_2; Hap_3; Hap_4)	
		阿克苏河 Akesu River	31	41°63'N	81°57'E	3(Hap_1; Hap_4; Hap_5)	
		克孜勒苏河 Kezilesu River	24	39°48'N	74°26'E	4(Hap_1; Hap_3; Hap_6; Hap_7)	
		叶尔羌河 Yeerqiang River	54	37°43'N	75°17'E	6(Hap_1; Hap_3; Hap_4; Hap_6; Hap_7; Hap_8)	
		和田河 Hetian River	24	36°55'N	79°53'E	5(Hap_1; Hap_3; Hap_4; Hap_5; Hap_9)	
CEC	<i>S. biddulphi</i>	车尔臣河 Cherechen River	16	38°21'N	85°21'E	5(Hap_4; Hap_9; Hap_23; Hap_24; Hap_25)	5
KK		库车河 Kuche River	17	43°48'N	87°42'E	2(Hap_1; Hap_12; )	7
KK	<i>S. euryystomus</i>	阿克苏河 Akesu River	23	41°12'N	79°05'E	4(Hap_1; Hap_5; Hap_10; Hap_11)	7
		克孜勒苏河 Kezilesu River	16	39°48'N	74°26'E	1(Hap_3)	
		叶尔羌河 Yeerqiang River	30	37°43'N	75°17'E	3(Hap_1; Hap_3; Hap_7)	
		阿克苏河 Akesu River	2	41°12'N	79°05'E	1(Hap_1; )	
CC	<i>S. barbatus</i>	克孜勒苏河 Kezilesu River	34	39°48'N	74°26'E	1(Hap_3)	3
		叶尔羌河 Yeerqiang River	5	37°43'N	75°17'E	2(Hap_1; Hap_7)	

(待续 to be continued)

(续表 1 Tab. 1 continued)

代号 code	物种 species	采样点 locality	采样数 sample size	纬度 latitude	经度 longitude	单倍型组成 haplotype composition	单倍型数 number of haplotypes, $N_{\text{Hap}}$
HC	<i>S. irregularis</i>	库车河 Kuche River	6	43°48'N	87°42'E	3(Hap_1; Hap_14; Hap_16)	11
		阿克苏河 Akesu River	25	41°12'N	79°05'E	6(Hap_1; Hap_5; Hap_14; Hap_15; Hap_17; Hap_19)	
		克孜勒苏河 Kezilesu River	29	39°48'N	74°26'E	5(Hap_1; Hap_3; Hap_5; Hap_7; Hap_18)	
		叶尔羌河 Yerqiang River	25	37°43'N	75°17'E	6(Hap_1; Hap_3; Hap_5; Hap_7; Hap_13; Hap_14)	
YL	伊利裂腹鱼 <i>S. pseudaksaiensis</i>	伊犁河 Yili River	6	43°48'N	87°34'E	2(Hap_20; Hap_21)	2
YS	银色裂腹鱼 <i>S. argentatus</i>	伊犁河 Yili River	4	43°48'N	87°34'E	1(Hap_22)	1
总体	all sample		419				25

表 2 新疆裂腹鱼属鱼类种间(对角线下)和种内(对角线, 粗体)遗传距离

Tab. 2 Xinjiang *Schizothorax* Heckel genetic distance among (below diagonal) and within (diagonal, bold) species

	TLM	KK	CC	HC	YL	YS	CEC
TLM	<b>0.0078</b>						
KK	0.0048	<b>0.0015</b>					
CC	0.0048	0.0014	<b>0.0005</b>				
HC	0.0052	0.0019	0.0018	<b>0.0025</b>			
YL	0.0136	0.0110	0.0115	0.0114	<b>0.0026</b>		
YS	0.0443	0.0440	0.0432	0.0447	0.0459	<b>0.0000</b>	
CEC	0.0553	0.0582	0.0575	0.0584	0.0565	0.0427	<b>0.0009</b>

体(0.0427~0.0584)的遗传距离。5 种裂腹鱼属鱼类种内的遗传距离和塔里木裂腹鱼 2 个地理群体内的遗传距离均小于 0.0078, 塔里木裂腹鱼车尔臣河群体与塔里木河主要支流群体间的遗传距离(0.0553)比塔里木河主要支流分布的 4 种裂腹鱼属鱼类的遗传距离大(表 2)。

基于 K80 模型, ABGD 系统将 6 个裂腹鱼属鱼类划分为 4 个组别, 其中第 1 组由宽口裂腹鱼、

厚唇裂腹鱼、重唇裂腹鱼和塔里木裂腹鱼塔里木河主要支流群体组成, 第 2 组是塔里木裂腹鱼车尔臣河群体, 第 3 组伊犁裂腹鱼, 第 4 组是银色裂腹鱼。塔里木河主要支流分布的宽口裂腹鱼、厚唇裂腹鱼、重唇裂腹鱼和塔里木裂腹鱼未能形成足以区分不同种的条形码间隙。而在塔里木裂腹鱼的塔里木河主要支流群体和车尔臣河群体之间形成了条形码间隙(表 3)。

表 3 ABGD 和 TaxonDNA 分子种划分结果

Tab. 3 Species division results of ABGD and TaxonDNA

分组 group	形态学鉴定结果 ABGD	Cluster	形态学鉴定结果 Cluster
Group[1]	<i>Schizothorax biddulphi</i> (TLM) <i>Schizothorax barbatus</i> ; <i>Schizothorax euryystomus</i> ; <i>Schizothorax irregularis</i>	Cluster 1	<i>Schizothorax argentatus</i>
Group[2]	<i>Schizothorax biddulphi</i> (CEC)	Cluster 2	<i>Schizothorax biddulphi</i> (CEC)
Group[3]	<i>Schizothorax pseudaksaiensis</i>	Cluster 3	<i>Schizothorax biddulphi</i> (TLM) <i>Schizothorax barbatus</i> ; <i>Schizothorax euryystomus</i> ; <i>Schizothorax irregularis</i>
Group[4]	<i>Schizothorax argentatus</i>	Cluster 4	<i>Schizothorax pseudaksaiensis</i>

塔里木河主要支流分布的 4 种裂腹鱼属鱼类的遗传分化指数(0.0152~0.2419)小于 0.25, 伊犁河流域的 2 种裂腹鱼(0.9607)大于 0.5, 塔里木裂腹鱼车尔臣河群体和塔里木河主要支流群体的分

化指数达到了 0.8712。塔里木河流域 4 种裂腹鱼类之间的基因流(1.5673~32.3323)大于 1, 而与塔里木裂腹鱼车尔臣河群体之间的基因流小于 0.1(表 4)。

表 4 新疆 6 种裂腹鱼属鱼类的遗传分化系数  $F_{ST}$ (对角线下)和基因流  $N_m$ (对角线上)

Tab. 4 Genetic divergence  $F_{ST}$  (below diagonal) and gene values  $N_m$  (above diagonal) among 6 species of Xinjiang Schizothorax

	TLM	KK	CC	HC	YL	YS	CEC
TLM		20.8490	5.0054	20.8090	0.4798	0.0983	0.0739
KK	0.0234*		1.5673	32.3323	0.1051	0.0205	0.0170
CC	0.0908*	0.2419*		1.9929	0.0421	0.0065	0.0100
HC	0.0235*	0.0152*	0.2006*		0.1511	0.0303	0.0237
YL	0.5103*	0.8263*	0.9224*	0.7679*		0.0204	0.0236
YS	0.8357*	0.9607*	0.9871*	0.9429*	0.9607*		0.0256
CEC	0.8712*	0.9672*	0.9805*	0.9548*	0.9559*	0.9512*	

注: \*表示差异显著( $P<0.05$ )。

Note: \* means significant differences ( $P<0.05$ ).

塔里木裂腹鱼车尔臣河群体的 5 个单倍型聚为独立的分支, 处于系统发育树基部, 节点支持率为 100%; 银色裂腹鱼(Hap\_23)形成独立的一个分支, 节点支持率达 99.89%; 伊犁裂腹鱼 2 个单倍型聚为一个分支, 节点支持率为 100%。而塔里木河主要支流分布的塔里木裂腹鱼、宽口裂腹鱼、重唇裂腹鱼和厚唇裂腹鱼未能形成独立分支(图 1)。贝叶斯系统发育分析得到的系统发育树的拓扑结构与 ABGD 和 TaxonDNA 分析结果一致。

### 3 讨论

本研究中塔里木裂腹鱼塔里木河主要支流群体、宽口裂腹鱼、重唇裂腹鱼及厚唇裂腹鱼种间共享 3 个单倍型; 遗传距离小于 0.005, 远小于 Hebert 等<sup>[16]</sup>推荐区分物种最小遗传距离 0.02; 种间的遗传距离小于种内遗传距离的 10 倍, 不符合 DNA 条形码鉴定中普遍认为的种间与种内遗传距离的“10×”法则<sup>[15]</sup>; ABGD 系统分析中划分在同一个组别中, 在 ABGD 分析中被划分为一个组别的样品可以看作是一个物种<sup>[17]</sup>; 在 TaxonDNA 分析和系统发育分析中也得到相应的验证。与此相比, 伊犁河流域分布的 2 种裂腹鱼间的遗传距离为 0.0459, 种间遗传距离大于种内遗传距离的 17 倍, 并在 ABGD 和 TaxonDNA 分析中划分为 2 个

组别。本研究中, 基于 DNA 条形码技术未能成功地区分塔里木河主要支流分布的塔里木裂腹鱼、宽口裂腹鱼、重唇裂腹鱼和厚唇裂腹鱼。Dimmick 等<sup>[9]</sup>也发现线粒体序列不能将 Karnali 河中的具有显著形态差异的 *S. richardsonii* 和 *S. progastus* 区分开来。Wang 等<sup>[18]</sup>基于 COI 和 Cyt b 基因也未能把齐口裂腹鱼(*Schizothorax davidi*)和长丝裂腹鱼(*Schizothorax dolichonema*)区分开来。岳兴建等<sup>[19]</sup>和 Chen 等<sup>[20]</sup>分别在大山河和怒江裂腹鱼属鱼类存在种间共享单倍型现象。此外, 遗传分化系数分析结果显示塔里木河主要支流分布的 4 种裂腹鱼属鱼类间遗传分化小于 0.25, 种间存在基因流( $N_m>1$ ), 尤其是塔里木裂腹鱼与厚唇裂腹鱼、宽口裂腹鱼和重唇裂腹鱼, 重唇裂腹鱼与宽口裂腹鱼之间存在丰富的基因交流( $N_m>4$ )。推测这可能有两种解释: (1)同属鱼类生殖隔离不完全, 这在鱼类中普遍存在<sup>[21-23]</sup>, 加之分布水域和繁殖季节有重叠<sup>[7]</sup>, 种间可能存在自然杂交现象。(2)一般认为生殖隔离是物种界定的主要标准。塔里木河主要支流分布的裂腹鱼属 4 个种 82% 的个体属于共享的 3 个单倍型, 种间存在基因交流。塔里木河流域分布的裂腹鱼属鱼类物种鉴别的主要形态特征为下颌有无角质边缘及下唇褶是否连续等, 这些分类性状常常与鱼类的营养水平有关<sup>[24]</sup>。根据

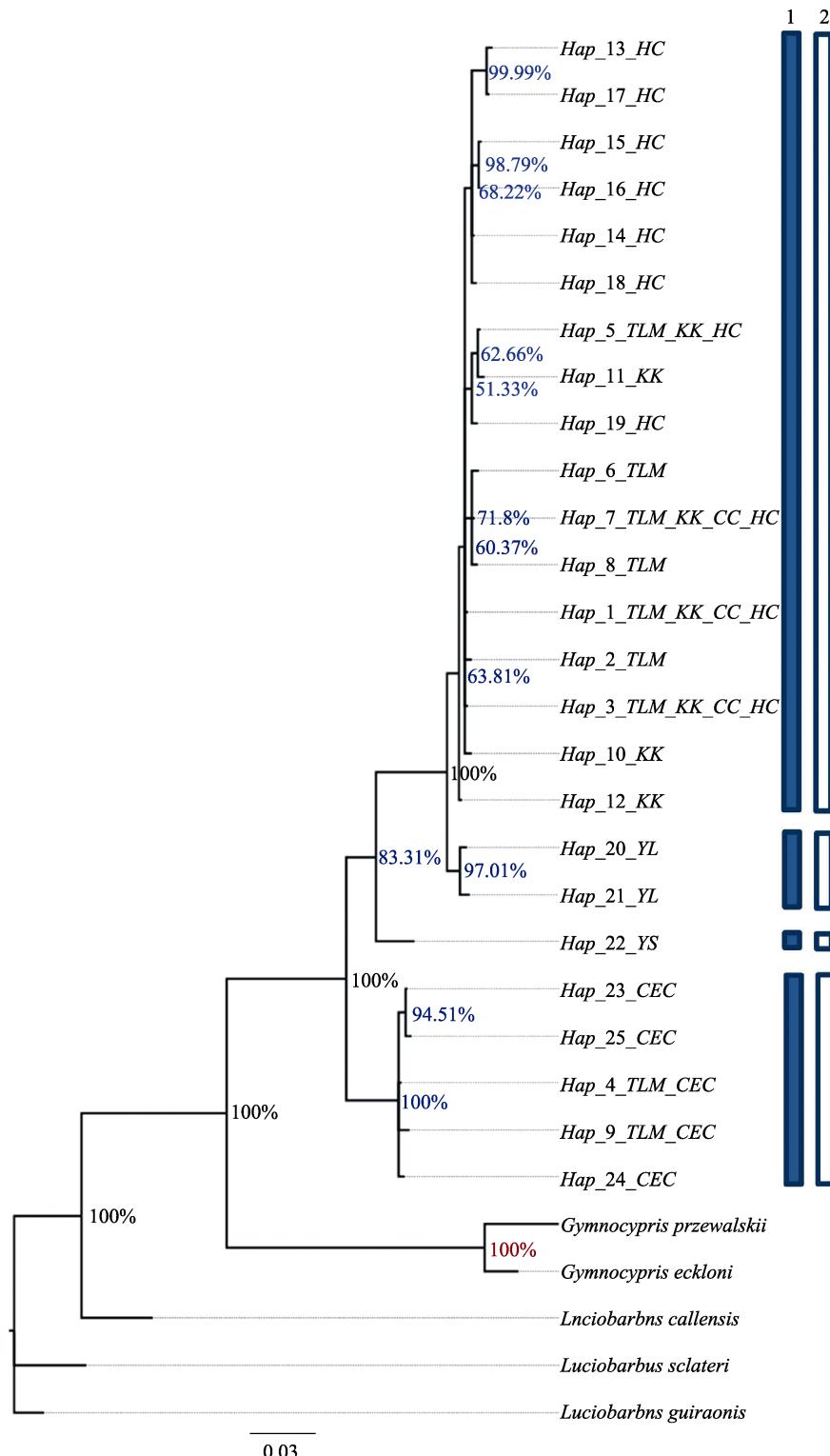


图 1 新疆 6 种裂腹鱼属鱼类的 BI 系统发育树

节点处数字为节点支持率; 大写字母为单倍型在不同物种或群体中的分布结果;  
数字 1 对应的实心柱状图为 ABGD 分组结果; 数字 2 对应的空心柱状图为 TaxonDNA 分组结果。

Fig. 1 BI phylogenetic trees of 6 species of Xinjiang *Schizothorax*

The number at the node is the support rate of the node; the capital letters are distribution results of haplotypes in different species or populations. Solid bar chart corresponding to number 1 shows ABGD grouping results.

The hollow histogram corresponding to number 2 shows TaxonDNA grouping results.

新疆鱼类志的描述, 塔里木河主要支流 4 种裂腹鱼属鱼类均属杂食性鱼类, 但各自有食物偏好性, 塔里木裂腹鱼以水生昆虫和浮游动物为主, 厚唇裂腹鱼以底栖无脊椎动物为主, 宽口裂腹鱼以硅藻为主, 厚唇裂腹鱼和重唇裂腹鱼以底栖动物为主。在物种进化的漫长历史过程中, 种内群体间出现朝不同方向发展的中间型, 一个或几个形态特征出现差异, 这种形态差异达到 90% 时, 物种便分化成不同的亚种<sup>[25-26]</sup>, 种内亚种之间一般不表现出明显的生殖隔离<sup>[27]</sup>。青藏高原的裂腹鱼类仍处于物种分化阶段<sup>[28]</sup>, 塔里木河主要支流分布的 4 种裂腹鱼可能尚未达到物种分化程度, 仍属同一物种的不同亚种。

塔里木裂腹鱼车尔臣河群体与塔里木河主要支流群体、宽口裂腹鱼、厚唇裂腹鱼、重唇裂腹鱼之间的遗传距离已达到种间的遗传分化程度; 系统发育树中形成了独立的进化支, 节点支持率为 100%, 并处于系统发育树的基部; ABGD 和 TaxonDNA 分析支持独立物种; 分化显著( $F_{ST} > 0.87$ ), 基因流低( $N_m < 0.07$ )。因此, 塔里木裂腹鱼车尔臣河群体可能已分化成独立物种。地理隔离是物种形成的主要因素之一, 罗布泊咸化或干涸事件形成的地理隔离可能引起了塔里木河和车尔臣河分布的塔里木裂腹鱼群体之间的遗传分化。这 2 个群体间存在共享单倍型, 可能是随着罗布泊湖水面积的恢复, 群体间的地理隔离消失, 群体间相互扩散的结果。而这 2 个群体的形态相似性可能是形态趋同进化的结果, 这种物种间的形态趋同进化现象在南门峡河流花斑裸鲤(*Gymnocypris ecklonii*)和黄河裸裂尻鱼间(*Schizopygopsis pylzovi*)也存在<sup>[29]</sup>。

## 参考文献:

- [1] Fan Z L, Alishir K, Xu H L, et al. Changes of Tarim river and evolution of Lop Nur[J]. Quaternary Sciences, 2009, 29(2): 232-240. [樊自立, 艾里西尔·库尔班, 徐海量, 等. 塔里木河的变迁与罗布泊的演化[J]. 第四纪研究, 2009, 29(2): 232-240.]
- [2] Fan Z L, Xu H L, Zhang P, et al. The Qarqan river in Xinjiang and its water resources utilization[J]. Arid Zone Research, 2014, 31(1): 20-26. [樊自立, 徐海量, 张鹏, 等. 新疆车尔臣河及其水资源利用研究[J]. 干旱区研究, 2014, 31(1): 20-26.]
- [3] Xi G J. Investigation about the changes of the lower course of Tarim river during the past 200 years[J]. Arid Land Geography, 1985, 8(1): 57-68. [奚国金. 近二百年来塔里木河下游水系变迁的探讨[J]. 干旱区地理, 1985, 8(1): 57-68.]
- [4] Yuan G Y, Yuan L. An approach to the environmental changes in Lop Nur history[J]. Acta Geographica Sinica, 1998, 53(S1): 83-89. [袁国映, 袁磊. 罗布泊历史环境变化探讨[J]. 地理学报, 1998, 53(S1): 83-89.]
- [5] Luo C, Peng Z C, Yang D, et al. Research on the environmental evolution of Lop Nur in Xinjiang, China[J]. Chinese Journal of Nature, 2006, 28(1): 37-41. [罗超, 彭子成, 杨东, 等. 新疆罗布泊地区的环境演化[J]. 自然杂志, 2006, 28(1): 37-41.]
- [6] Lyu F L. Late Cenozoic evolution of sedimentary environments of Lop Nor and salt resources effects[D]. Beijing: China University of Geosciences, 2018: 137-140. [吕凤琳. 罗布泊地区晚新生代以来沉积环境演化及盐类资源效应[D]. 北京: 中国地质大学, 2018: 137-140.]
- [7] Guo Y, Zhang R M, Cai L G. Fishes of Xinjiang[M]. Urumqi: Xinjiang Science and Technology Publishing House, 2012: 106-119. [郭焱, 张人铭, 蔡林钢. 新疆鱼类志[M]. 乌鲁木齐: 新疆科学技术出版社, 2012: 106-119.]
- [8] Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Xinjiang Institute of Biology Pedology and Desert Research, Chinese Academy of Sciences, Xinjiang Uygur Autonomous Region Bureau of Fisheries. Xinjiang Ichthyography[D]. Urumqi: Xinjiang People Press, 1979. [中国科学院动物研究所, 中国科学院新疆生物土壤沙漠研究所, 新疆维吾尔自治区水产局. 新疆鱼类志[M]. 乌鲁木齐: 新疆人民出版社, 1979.]
- [9] Dimmick W W, Edds D R. Evolutionary genetics of the endemic Schizorathicine (Cypriniformes: Cyprinidae) fishes of Lake Rara, Nepal[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2002, 30(10): 919-929.
- [10] He D K, Chen Y F. Biogeography and molecular phylogeny of the genus *Schizothorax* (Teleostei: Cyprinidae) in China inferred from cytochrome b sequences[J]. Journal of Biogeography, 2006, 33(8): 1448-1460.
- [11] Yang J, Yang J X, Chen X Y. A re-examination of the molecular phylogeny and biogeography of the genus *Schizothorax* (Teleostei: Cyprinidae) through enhanced sampling, with emphasis on the species in the Yunnan-Guizhou Plateau, China[J]. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research, 2012, 50(3): 184-191.
- [12] Haysa A, Guo Y, Meng W, et al. Phylogeny and divergence

- time estimation of Schizothoracinae fishes in Xinjiang[J]. *Hereditas*, 2014, 36(10): 1013-1020. [海萨·艾也力汗, 郭焱, 孟玮, 等. 新疆裂腹鱼类的系统发生关系及物种分化时间[J]. 遗传, 2014, 36(10): 1013-1020.]
- [13] Haysa A, Guo Y, Meng W, et al. Genetic diversity and population differentiation of *Schizothorax biddulphi* based on mtDNA control region sequences[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2016, 23(4): 944-954. [海萨·艾也力汗, 郭焱, 孟玮, 等. 基于线粒体控制区序列的塔里木裂腹鱼遗传多样性及种群分化分析[J]. 中国水产科学, 2016, 23(4): 944-954.]
- [14] Wang Y L, Zhang Q, Deng C X, et al. DNA barcoding of Polynemidae based on mitochondrial COI gene[J]. *Marine Fisheries*, 2020, 42(1): 1-9. [王业磷, 章群, 邓春兴, 等. 基于线粒体COI基因的马鲅科鱼类DNA条形码研究[J]. 海洋渔业, 2020, 42(1): 1-9.]
- [15] Ward R D, Zemlak T S, Innes B H, et al. DNA barcoding Australia's fish species[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2005, 360(1462): 1847-1857.
- [16] 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.
- [17] Puillandre N, Lambert A, Brouillet S, et al. ABGD, automatic barcode gap discovery for primary species delimitation[J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21(8): 1864-1877.
- [18] Wang T, Qi D S, Sun S H, et al. DNA barcodes and their characteristic diagnostic sites analysis of Schizothoracinae fishes in Qinghai Province[J]. *Mitochondrial DNA Part A*, 2019, 30(4): 592-601.
- [19] Yue X J, Wang D Q, Liu S P, et al. Population genetic structure of three schizothoracins from Nujiang River in Southwestern China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(23): 6418-6429. [岳兴建, 汪登强, 刘绍平, 等. 怒江三种裂腹鱼属鱼类种群遗传结构[J]. 生态学报, 2010, 30(23): 6418-6429.]
- [20] Chen W T, Yue X J, He S P. Genetic differentiation of the *Schizothorax* species complex (Cyprinidae) in the Nujiang River (upper Salween)[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7: 5944.
- [21] Campton D E, Utter F M. Natural hybridization between steelhead trout (*Salmo gairdneri*) and coastal cutthroat trout (*Salmo clarki clarki*) in two Puget Sound streams[J]. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1985, 42(1): 110-119.
- [22] Müller T, Taller J, Kolics B, et al. First record of natural hybridization between pikeperch *Sander lucioperca* and Volga pikeperch *S. volgensis*[J]. *Journal of Applied Ichthyology*, 2010, 26(3): 481-484.
- [23] Ma B, Li L, Wang J L, et al. Morphological and COI gene barcode analyses of *Schizothorax waltoni*, *S. o'connori* and their natural hybrids in the Yarlung Zangbo River[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2018, 25(4): 753-761. [马波, 李雷, 王继隆, 等. 雅鲁藏布江拉萨裂腹鱼、异齿裂腹鱼及其自然杂交种的形态与COI基因条形码分析[J]. 中国水产科学, 2018, 25(4): 753-761.]
- [24] He D K. Molecular phylogeny and biogeography of *Schizothorax*[D]. Wuhan: Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, 2007: 109-110. [何德奎. 裂腹鱼类的分子系统发育与生物地理学[D]. 武汉: 中国科学院水生生物研究所, 2007: 109-110.]
- [25] Avise J C, Martin Ball R. Principles of genealogical concordance in species concepts and biological taxonomy[J]. *Oxford Surveys in Evolutionary Biology*, 1990, 7: 45-67.
- [26] O'Brien S J, Mayr E. Bureaucratic mischief: Recognizing endangered species and subspecies[J]. *Science*, 1991, 251(4998): 1187-1188.
- [27] Frankham R, Ballou J D, Briscoe D A. Introduction to Conservation Genetics[M]. Beijing: Science Press, 2005. [R. 法兰克汉, J.D.巴卢, D.A.布里斯科. 保育遗传学导论[M]. 黄宏文, 康明, 译. 北京: 科学出版社, 2005.]
- [28] Zhao Y H, Zhang J, Zhang C G. The diversity of fish species living in Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Bulletin of Biology*, 2008, 43(7): 8-10. [赵亚辉, 张洁, 张春光. 青藏高原鱼类的多样性[J]. 生物学通报, 2008, 43(7): 8-10.]
- [29] Qi D L, Guo S C, Tang W J, et al. Molecular systematics of morphologically similar fishes in the Schizothoracinae in Nanmenxia River, with implication for morphological convergent evolution[J]. *Acta Zoologica Sinica*, 2006, 52(5): 862-870. [祁得林, 郭松长, 唐文家, 等. 南门峡裂腹鱼亚科鱼类形态相似种的分类学地位—形态趋同进化实例[J]. 动物学报, 2006, 52(5): 862-870.]

## Relationship of *Schizothorax* Heckel in Tarim River basin based on COI gene

HAYSA Ayelhan, ZHANG Renming, NIU Jiangong, HU Jiangwei, LIU Hong, ZHANG Yu, TURSUN Tiliwaerdi, FENG Yonghui

Xinjiang Fishery Research Institute, Urumqi 830000, China

**Abstract:** Tarim River is the largest one of the inland rivers in China. The genus *Schizothorax* Heckel has the most abundant and diverse fish in the subfamily of Schizothoracinae distributed in the Tarim River Basin and has a great ecological value of researches. In this study, the phylogenetic relationships of 6 species of fish in genus *Schizothorax* Heckel collected from Tarim River basin and Yili River basin were analyzed using the mitochondrial COI gene sequences. A total of 25 haplotypes were detected from 419 individuals of samples. The genetic distances among Gunther population of *S. bicolorlulphi* collected from the Tarim River main tributary, *S. eurystomus* (Kessler), *S. barbatus* McClelland, and *S. irregularis* Day were all less than 0.005, and no significant “barcode gap” was formed. However, the genetic distances between the Qarqan River population of *S. bicolorlulphi* Gunther and other species were accorded with the 2% threshold or the principle of ten times. Both of the ABGD and Taxon DNA analysis identically showed that the Xinjiang *Schizothorax* Heckel were divided into four groups. Gunther population of *S. bicolorlulphi* from Tarim River main tributary, *S. eurystomus*, *S. barbatus* and *S. irregularis* were formed one group. *S. pseudaktsiensis*, *S. argentatus*, and *S. bicolorlulphi* population from Qarqan River were formed the other three groups, respectively. In the BI phylogenetic tree, the *S. bicolorlulphi* Qarqan River population formed an independent branch with a node support rate with 100%. However, *S. bicolorlulphi* population from Tarim River main tributary, *S. eurystomus*, *S. barbatus*, and *S. irregularis* failed to form independent branches. The topology of BI tree is consistent with the grouping results of ABGD and Taxon DNA. Interspecific hybridization may be exists among *S. bicolorlulphi* population from Tarim River main tributary, *S. eurystomus*, *S. barbatus*, and *S. irregularis*, or these species has not yet reach the interspecific differentiation degree. *S. bicolorlulphi* population from Tarim River may have diverged into separate species. These results will provide a reference for analyze the genetic relationship of fish in genus *Schizothorax* Heckel from Tarim River Basin.

**Key words:** Tarim River; *Schizothorax*; DNA barcode; genetic distance

**Corresponding author:** HAYSA Ayelhan. E-mail: hbahjan@126.com