

DOI: 10.12264/JFSC2021-0182

黄海沙带鱼的 DNA 条形码鉴定及其分布

李昂^{1,2}, 李明晖^{1,2}, 王焕^{1,2}, 柳淑芳^{1,2}, 庄志猛¹

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 农业农村部海洋渔业可持续发展重点实验室, 山东 青岛 266071;
2. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室, 海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室, 山东 青岛 266071;

摘要: 为了对沙带鱼(*Lepturacanthus savala*)进行有效的分类鉴定, 明确目前黄海海域是否存在沙带鱼的自然分布, 本研究在形态学描述与测量的基础上, 利用 DNA 条形码技术对沙带鱼及其近缘种进行了分析。共采集了来自黄海、东海(台湾海峡)及南海(北部湾)的疑似沙带鱼样品 16 尾及其近缘种样品 1 尾, 测定并获取 DNA 条形码序列 17 条。结合已报道的带鱼科 8 种鱼类的 18 条 DNA 条形码序列对全部样品进行了物种鉴定, 运用 Kimura 2-parameter (K2P)模型构建了其系统进化关系。研究结果显示: 全部疑似沙带鱼样品的 DNA 条形码序列均与 GenBank 中沙带鱼(*L. savala*)的对应序列具有最高的相似性; 沙带鱼的种内遗传距离远小于其与同属罗氏沙带鱼(*Lepturacanthus roelandti*)的种间遗传距离; 在系统发育树中, 全部的疑似沙带鱼均与已发表的沙带鱼 DNA 条形码序列聚为一支。研究表明, DNA 条形码技术可弥补形态学方法在沙带鱼及其近缘种鉴定中的不足, 实现沙带鱼的有效鉴定; 与此同时, 本研究进一步证实了沙带鱼在黄海的存在, 结果可为黄海沙带鱼资源的保护和可持续利用提供科学依据。

关键词: 黄海; 沙带鱼; DNA 条形码; 物种鉴定; 地理分布

中图分类号: S931

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2022)05-0696-08

带鱼通常指带鱼科(Trichiuridae)鱼类, 主要分布于西北太平洋、印度洋和大西洋, 在世界范围内具有极其重要的渔业地位, 也是我国沿海渔业传统的捕捞对象^[1]。带鱼科(Trichiuridae)原属鲈形目(Perciformes), 根据 Nelson 鱼类分类系统, 2016 年其被归入鲭形目(Scombriformes), 包含了 10 属 44 种^[2]。由于种类较多、分布范围较广、形态学特征较为复杂, 带鱼科鱼类在近缘种间的鉴定上一直存在较大困难, 部分种类的分类、命名及地理分布的认知更是长期存在争议^[3]。以往有关带鱼科的研究多集中于带鱼属(*Trichiurus*)的种类, 而对其他属关注较少。沙带鱼(*Lepturacanthus savala*)是带鱼科沙带鱼属(*Lepturacanthus*)在我国海域分布的唯一物种^[4], 然而国内对其相关的研

究报道很少, 这可能因其在外部形态上与更常见的日本带鱼(*Trichiurus japonicus*)较为相似, 在一般的调查中常被默认为日本带鱼。

目前有关沙带鱼(*L. savala*)的鉴定、命名、特征及在我国沿海的分布等问题尚缺乏统一的认识^[3-6](表 1)。《南海鱼类志》^[5]中描述沙带鱼(*Trichiurus savala*)“全体银白色, 背鳍与胸鳍密布黑色细小点”, 仅提及在中国有分布, 并未描述具体分布海域。李春生^[6]认为中国的沙带鱼与印度原产的 *L. savala* 在形态上明显不同, 此种一般个体具有“背鳍、胸鳍呈浅黄色”的形态特征, 分布向北可达黄海, 并将其定义为一新种, 命名为金鳍刺带鱼(*Lepturacanthus auropinnatus* Li, n.sp.), 然而上述观点并未得到广泛认同。陈大刚等^[4]在《中国

收稿日期: 2021-05-26; 修订日期: 2021-08-19.

基金项目: 中国水产科学研究院基本科研业务费项目(2021JC01); 中国水产科学研究院黄海水产研究所基本科研业务费项目(20603022020005).

作者简介: 李昂(1985-), 男, 博士, 研究方向: 渔业资源分子生态学. E-mail: liang@ysfri.ac.cn

通信作者: 柳淑芳, 研究员, 研究方向: 渔业资源分子生态学. E-mail: liusf@ysfri.ac.cn

海洋鱼类》中并未提及沙带鱼(*L. savala*)背鳍和胸鳍的颜色,但描述该种“背鳍、胸鳍密布黑色细点”,记录其在国内的分布为东海及南海。何雄波等^[3]对中国近海带鱼科常见种空间分布的研究显示,沙带鱼(*L. savala*)向北可分布至南黄海的连云港海域,同时描述了沙带鱼(*L. savala*)具有“背鳍灰白色,具黑色斑点;胸鳍黄色,新鲜个体尤为明显;眼中大,虹彩白色”等形态特征。Cai 等^[7]对沙带鱼(*L. savala*)线粒体基因组全序列研究中记录了标本的采集地点位于黄海海域,将该物种的分布记录北延至青岛近海(120°46.064', 36°22.452'),但仅记录了单一个体。

本研究开展的前期市场调查发现,近年来青岛水产市场上常见一种背鳍和胸鳍呈浅黄色的带鱼种类,当地渔民称其“黄金刀鱼”,价格较日本带鱼(*T. japonicus*)昂贵,疑似为本地近海捕捞,但实际产地并不明确。后经海上调查采样确认,黄海海域确实存在此种带鱼的自然分布。通过形态学观察与测量,发现它与沙带鱼(*L. savala*)较为相似。然而,因该种具有的一些外部形态特征在多个带鱼科种类共同存在,仅依靠形态学特征难以实现种类鉴定。如:背鳍呈浅黄色的特征在沙带鱼(*L. savala*)和珠带鱼(*Trichiurus margarites*)上均有出现^[4,8-11] [注:本文中所提及的“珠带鱼(*Trichiurus margarites*)”为“南海带鱼(*Trichiurus nanhaiensis*)”的同种异名^[3,12-14]]。日本学者 Yamada 等^[9]曾观察到采自琉球群岛和九州岛西岸(东海)的黄色背鳍带鱼, Nakabo^[10]将日本黄色背鳍带鱼暂定为带鱼未定种(*Trichiurus* sp. 2),后经郭刘军等^[11]根据分子生物学数据并结合形态学研究将其确定为珠带鱼(*Trichiurus margarites*)。另外,沙带鱼与其他带鱼科种类之间的一些可量、可数性状也存在重合^[3]。鉴于上述原因,加之沙带鱼与其近缘种的比较形态学研究资料较少,给该黄海沙带鱼未定种鉴定带来了困难。

随着分子生物学和生物信息学的发展与应用, DNA 条形码技术克服了传统分类的诸多局限,为物种鉴定提供了可信息化的分类标准和有效的分类学手段^[15]。目前, DNA 条形码技术已在鱼类物种鉴定和系统分类学上得到了广泛的应用^[16-18],

带鱼科种类的 DNA 条形码数据也获得了较为充分的积累。在此基础上,本研究获取了采集自中国近海多个海域及市场购买的疑似沙带鱼及其近缘种的 DNA 条形码序列,并结合已报道的几种带鱼科种类(包括沙带鱼)的同源序列着重对黄海疑似沙带鱼进行了有效鉴定,分析了其形态特征,并进一步探讨了沙带鱼在黄海海域的地理分布。目前由于对沙带鱼分类学和分布认知的普遍缺乏,有关黄海沙带鱼资源现状的研究尚属空白,本研究的结果将有助于丰富其地理分布的认知,为沙带鱼资源的保护和可持续利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

通过海上调查获取 14 尾疑似沙带鱼样品(表 1),分别采自山东青岛近海(6 尾)、江苏近海(2 尾)、福建东山岛近海(4 尾)、广西涠洲岛近海(2 尾);在山东青岛小港码头购得疑似沙带鱼 2 尾,当地俗称“黄金刀鱼”,捕捞位置不详。上述样品均具有背鳍、胸鳍呈淡黄色的形态特征;除广西涠洲岛样品虹膜外边缘呈浅黄色外,其余样品的虹膜均呈白色。从青岛超市购得带鱼未定种 1 尾,虹膜呈黄色,商品标签为进口带鱼。上述带鱼样品在形态学上较为相似,难以通过形态特征进行准确定种,需结合 DNA 条形码技术进行准确分类鉴定。

从中国渔业生物 DNA 条形码信息平台(<http://www.fishery-barcode.cn>)和 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)下载沙带鱼(*L. savala*)、罗氏沙带鱼(*Lepturacanthus roelandti*)、日本带鱼(*Trichiurus japonicus*)、南海带鱼(*Trichiurus nanhaiensis*)、短带鱼(*Trichiurus brevis*)及高鳍带鱼(*Trichiurus lepturus*)DNA 条形码序列共 16 条,用于同源序列比较分析及系统发育关系构建(表 1)。为有效重建近缘属间的系统关系,选取与上述种类同亚科但系统关系相对较远的窄颅带鱼(*Tentoriceps cristatus*)和不同亚科的黑等鳍叉尾带鱼(*Aphanopus carbo*)作为外群,其序列信息来自 GenBank(表 1)。

表 1 本研究所用带鱼科鱼类样品及序列信息
Tab. 1 Samples and sequences information used in this study

种类 species	采样地点 sampling site	样品数量 number of samples	样品编号/序列登录号 specimen no./GenBank access. no.	参考文献 reference
疑似沙带鱼 suspected <i>Lepturacanthus savala</i>	山东青岛近海 Qingdao, Shandong (120°20'E, 35°45'N)	6	QD1~QD6	本研究 this study
	山东青岛小港码头(捕捞位置不详) Fishing port in Qingdao, Shangdong	2	QDM1~QDM2	本研究 this study
	江苏近海 Jiangshu (122°E, 33°N)	2	JS1~JS2	本研究 this study
	福建东山岛近海 Dongshan Island, Fujian (117°46'E, 23°34'N)	4	DS1~DS4	本研究 this study
	广西涠洲岛近海 Weizhou Island, Guangxi (109°E, 21°N)	2	WZD1~WZD2	本研究 this study
进口带鱼未定种 <i>Trichiuridae</i> sp.	山东青岛超市 Supermarket in Qingdao, Shangdong	1	QDM3	本研究 this study
日本带鱼 <i>Trichiurus japonicus</i>	福建东山岛近海 Dongshan Island, Fujian (117°30', 32°30')	4	Ysfri-F3000-COI~ Ysfri-F3003-COI	中国渔业生物 DNA 条形码 信息平台(课题组前期工 作) Chinese Fishery DNA Barcoding System (www. fishery-barcode.cn)
	黄海海域 Yellow Sea (123°12'E, 37°43'N)	1	Ysfri-F3004-COI	
沙带鱼 <i>Lepturacanthus savala</i>	中国东南海域 Southeast China	2	JN990858, JN990859	[19]
	山东青岛近海 Qingdao, Shandong (120°46.064'E, 36°22.452'N)	1	MT269921	[7]
罗氏沙带鱼 <i>Lepturacanthus roelandti</i>	马来西亚 Malaysia	2	JN990847, JN990848	[19]
南海带鱼 <i>Trichiurus nanhaiensis</i>	中国东南海域 Southeast China	2	JN990862, JN990863	[19]
短带鱼 <i>Trichiurus brevis</i>	中国东南海域 Southeast China	3	JN990852, JN990855, JN990856	[19]
高鳍带鱼 <i>Trichiurus lepturus</i>	西南印度洋 Southwest Indian Ocean	1	MK333401	[20]
窄颌带鱼 <i>Tentoriceps cristatus</i>	台湾近海 Taiwan	1	JN990844	[19]
黑等鳍叉尾带鱼 <i>Aphanopus carbo</i>	西北大西洋 Northwest Atlantic Ocean	1	KC015198	[21]

1.2 实验方法

1.2.1 形态学测定 采用传统形态学方法对采自山东青岛近海(6 尾)和福建东山岛近海(4 尾)的疑似沙带鱼样品进行分析, 包括对样品 9 个可数性状(全长、肛长、头长、眼径、眼间距、眼前头长、眼后头长、体高、头高)的直接计数和 5 个可量性状(背鳍鳍条数、臀鳍鳍棘数、胸鳍鳍条数、上颌犬牙数、下颌犬牙数)的测量, 长度参数精确到 1 mm。

1.2.2 DNA 提取与序列扩增 取肌肉组织约 100 mg, 采用标准的酚-氯仿抽提法提取基因组 DNA。使

用鱼类 DNA 条形码通用引物扩增线粒体 DNA COI 基因片段^[22], 上下游引物序列分别为 Fish-F: TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC, Fish-R: TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA。25 μL PCR 反应体系: *Taq* 酶 0.25 μL, DNA 模板 1 μL, 上下游引物(5 μmol/L)各 1 μL, dNTP2 μL, 10×PCR buffer 2.5 μL, 去离子水 17.25 μL。PCR 反应条件: 94 ℃预变性 5 min, 94 ℃变性 45 s, 52 ℃退火 45 s, 72 ℃延伸 45 s, 循环 35 次, 然后 72 ℃延伸 10 min。将扩增产物送往北京六合华大基因公司进行正反链测序。

1.2.3 序列分析 使用 DNASTAR 软件包(DNASTAR Inc., Madison, USA)对测得序列进行编辑和人工校正; 用 BLAST 在 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>)中进行序列相似性比对分析, 并下载数据库中相似性最高的同源序列片段进行比对分析, 构建系统进化关系, 实现 DNA 条形码物种鉴定。通过 MEGA6.0 软件计算基于 Kimura 2-parameter(K2P)模型的遗传距离并构建邻接(Neighbor-Joining)关系树。

2 结果与分析

2.1 形态特征分析

本研究对采自中国近海的共 10 尾形态完整的疑似沙带鱼样品进行了形态学测量, 设置并计算了 10 组可量性状比值, 并直接利用可数性状对疑似沙带鱼的形态学特征进行分析。与何雄波等^[3]对 4 种带鱼(包括沙带鱼)的形态学研究结果进行比较可知(表 2): 虽然疑似沙带鱼样品在全长/肛长、头长/眼径、头长/眼间距、头长/眼前头长、头高/眼间距、眼后头长/眼前头长 6 个可量性状特征上与沙带鱼(*L. savala*)最为接近, 但其它可量性状特征并未集中与任何一种带鱼相似, 且疑似

沙带鱼的全部可数性状与带鱼科多个种类之间广泛存在交集, 故仅凭形态学特征确实难以对其种类进行有效鉴定。

2.2 DNA 条形码分析与物种鉴定

2.2.1 BLAST 相似性比对与序列分析 本研究获得了疑似沙带鱼和进口带鱼未定种 DNA 条形码序列共 17 条, 每条长度 645 bp。BLAST 相似性比对分析结果显示: 16 个疑似沙带鱼样品均与 GenBank 中沙带鱼(*L. savala*)的序列相似性最高, 相似度都超过了 99%; 进口带鱼未定种与高鳍带鱼(*T. lepturus*)的相似性最高, 相似度达到了 99.22%。上述结果将本研究所有疑似沙带鱼定种为沙带鱼(*L. savala*); 将进口带鱼未定种定种为高鳍带鱼(*T. lepturus*)。

对本研究中沙带鱼全部 19 条 DNA 条形码序列进行分析可知, 共有变异位点(variable site, V)13 个, 占片段长度的 2.02%, 其中包括 5 个简约信息位点(parsimoniously informative, P_i), 占片段长度的 0.78%, 全部为同义突变(Synonymous substitution)。在黄海分布的沙带鱼 DNA 条形码序列(9 条)中, 共发现 10 个变异位点, 3 个简约信息位点, 分别仅占片段长度的 1.56%和 0.47%。黄

表 2 4 种带鱼的形态特征
Tab. 2 Morphological characteristics of four hairtail fishes

形态特征 morphological characteristics	疑似沙带鱼 suspected <i>Lepturacanthus savala</i>	沙带鱼 ^[3] <i>L. savala</i>	日本带鱼 ^[3] <i>Trichiurus japonicus</i>	南海带鱼 ^[3] <i>T. nanhaiensis</i>	短带鱼 ^[3] <i>T. brevis</i>
全长/肛长 total length/snout-vent length	3.2	3.1	3.1	2.7	2.9
肛长/头长 snout-vent length/head length	2.7	2.6	2.8	2.6	2.7
头长/眼径 head length/eye diameter	9.2	9.6	6.9	6.8	6.4
头长/眼间距 head length/interorbital space	6.4	6.5	6.8	7.4	6.9
头长/眼前头长 head length/head length before the eye	2.5	2.7	2.9	3.0	3.0
头长/眼后头长 head length/postorbital length of head	2.0	1.9	2.0	1.9	2.0
体高/头高 body depth/head depth	1.2	1.1	1.1	1.1	1.1
头高/眼径 head depth/eye diameter	3.7	4.2	3.2	3.6	3.3
头高/眼间距 head depth/interorbital space	2.6	2.8	3.2	3.9	3.6
眼后头长/眼前头长 postorbital length of head/head length before the eye	1.3	1.4	1.5	1.6	1.5
背鳍鳍条数 dorsal fin ray number	100–115	91–134	123–172	129–143	106–140
臀鳍鳍棘数 anal fin spine	70–77	64–97	73–142	83–110	60–110
胸鳍鳍条数 pectoral fin ray	11	10–11	10–12	11	10–13
上颌犬牙数 canine teeth number in upper jaw	1–3	0–6	2–6	3–6	0–6
下颌犬牙数 canine teeth number in lower jaw	0–3	0–3	0–6	1–2	0–3

海沙带鱼 DNA 条形码序列各碱基平均含量分别为: A 24.7%、T 28.6%、C 28.6%、G18.2%, 这与我国近海带鱼科的整体情况(A 24.9%、T 28.6%、C 28.3%、G18.3%)极为接近^[3], 且呈现出显著的反 G 偏倚。

2.2.2 种内与种间遗传距离 基于 Kimura 2-parameter(K2P)模型计算的 6 种带鱼科种类的遗传距离显示(表 3): 沙带鱼的种内遗传距离为 0.6%, 远小于沙带鱼与同属的罗氏沙带鱼种间的遗传距离 13.9%, 处于种内分化水平。6 种带鱼的种间遗传距离范围是 13.9%~18.6%。沙带鱼属内 2 个物种之间的遗传距离小于沙带鱼与带鱼属 4 个物种之间的遗传距离。上述分析进一步表明, 本研究采集的所有

疑似沙带鱼样品及在山东青岛小港码头购得的“黄金刀鱼”均为沙带鱼(*L. savala*); 在山东青岛超市购得的进口带鱼未定种为高鳍带鱼(*T. lepturus*)。

2.2.3 单倍型分析与系统关系构建 本研究 19 尾沙带鱼 DNA 条形码序列共定义了 11 个单倍型, 其中黄海分布的沙带鱼定义了 6 个单倍型。黄海沙带鱼与福建东山岛近海、广西涠洲岛近海及中国东南海域沙带鱼之间均有共享单倍型。山东青岛小港码头购得的 2 尾“黄金刀鱼”分别于与采自山东青岛近海及福建东山岛近海的沙带鱼存在共享单倍型。利用单倍型序列以邻接法构建的系统进化关系显示(图 1): 全部的 16 尾疑似沙带鱼均与已发表的沙带鱼 DNA 条形码序列聚为一支;

表 3 6 种带鱼科种类 DNA 条形码序列的种间遗传距离(Kimura 双参数模型)
Tab. 3 Pairwise genetic distance with the Kimura-2 parameter model among 6 species of Trichiuridae based on DNA barcoding sequences

	沙带鱼 <i>L. savala</i>	罗氏沙带鱼 <i>L. roelandti</i>	日本带鱼 <i>T. japonicus</i>	南海带鱼 <i>T. nanhaiensis</i>	短带鱼 <i>T. brevis</i>
罗氏沙带鱼 <i>Lepturacanthus roelandti</i>	0.139				
日本带鱼 <i>Trichiurus japonicus</i>	0.147	0.170			
南海带鱼 <i>Trichiurus nanhaiensis</i>	0.148	0.179	0.123		
短带鱼 <i>Trichiurus brevis</i>	0.165	0.186	0.160	0.123	
高鳍带鱼 <i>Trichiurus lepturus</i>	0.154	0.161	0.127	0.063	0.136

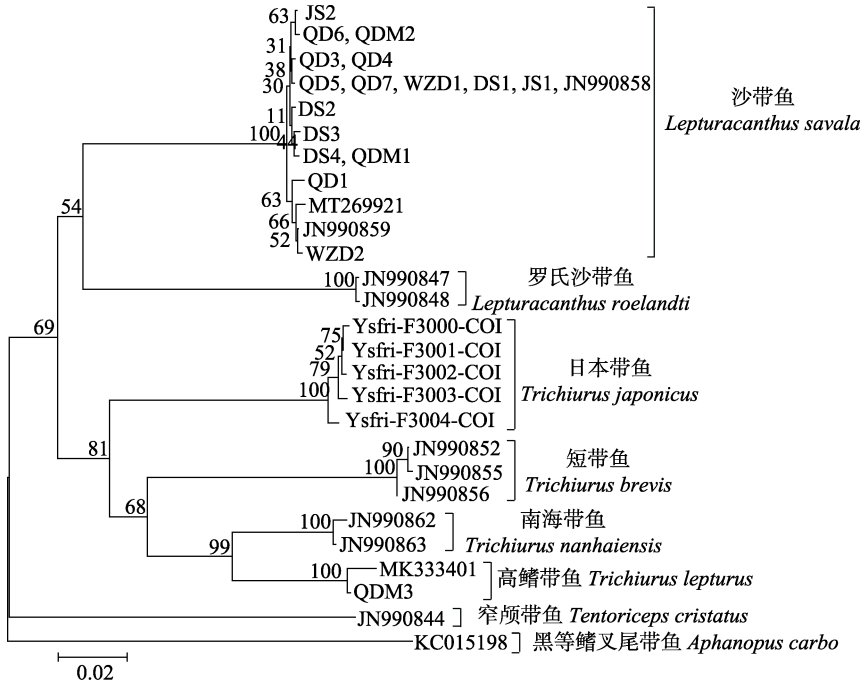


图 1 基于 DNA 条形码单倍型序列构建的带鱼科 8 种鱼类的 NJ 系统树
各分支上数字为 1000 次重抽样分析得到的支持率。

Fig. 1 NJ phylogenetic trees of 8 species of Trichiuridae based on the haplotypes of DNA barcoding sequences
Bootstrap supports from 1000 replicates are shown.

而在山东青岛超市购得的 1 尾进口带鱼未定种与高鳍带鱼聚为一支。在系统进化树中, 沙带鱼属的 2 个种和带鱼属的 4 个种分别聚类, 被分至不同分支, 与传统分类观点一致。上述结果支持将本研究采集的所有疑似沙带鱼样品及在山东青岛小港码头购得的“黄金刀鱼”样品鉴定为沙带鱼(*L. savala*), 同时支持将山东青岛超市购得的进口带鱼未定种鉴定为高鳍带鱼(*T. lepturus*)。

3 讨论

3.1 黄海沙带鱼的种类鉴定

有关沙带鱼的命名、形态特征及分布等问题, 在不同文献中一直存在争议, 其中有关外部特征的不同描述主要集中在背鳍、胸鳍及虹膜的颜色上(表 4)^[3-6]。本研究在调查采样过程中发现, 不同保存状态及来自不同地点的沙带鱼样品有时会在上述特征上存在细微差异, 包括: 一些个体的胸鳍、背鳍所呈现出的黄色极浅, 且颜色会随样品新鲜程度的降低而逐渐褪去; 广西涠洲岛疑似沙带鱼样品的白色虹膜外边缘呈现出一圈浅黄色, 而此特征在其它采集地点的样品中并未发现。本研究还采集到一尾虹膜完全呈黄色的进口带鱼, 其种类难以通过形态学进行鉴定。在对沙带鱼样

本的多个形态学参数进行分析时发现, 沙带鱼与带鱼科多个种类之间在可量、可数性状上广泛存在交集。为解决带鱼科种类形态学特征在种内和种间的复杂变化给样品定种带来的困难, 本研究采用了 DNA 条形码技术并成功地对不同样品进行了种类鉴定。实验结果证实了不同海域沙带鱼新鲜个体的胸鳍、背鳍均呈现出淡黄色, 而并非只是胸鳍。胸鳍、背鳍颜色会逐渐消失, 故依靠此特征进行种类鉴别时应注意样品的新鲜程度, 尽量选取新鲜个体进行鉴定。广西涠洲岛样品被鉴定为沙带鱼这一结果表明, 白色虹膜外边缘呈现浅黄色可能是沙带鱼的地方性特征, 提示沙带鱼种内不同地理群体间有存在明显形态学差异的可能, 应在沙带鱼鉴定中加以分辨。实验结果显示, 本研究在山东青岛超市购得的虹膜完全呈黄色的进口带鱼为高鳍带鱼, 而所有沙带鱼样品的虹膜主体颜色均为白色, 两者形态特征的差异是否可作为沙带鱼和高鳍带鱼的区分标准之一尚需补充更多样品加以证明。本研究通过同源序列比对、遗传距离分析及系统发育关系的构建证实了 DNA 条形码可将不同带鱼种类进行有效区分, 克服了传统形态学方法在沙带鱼鉴定中的局限, 可实现沙带鱼的高效鉴定。

表 4 关于沙带鱼形态特征的几种不同描述
Tab. 4 Morphological descriptions of *Lepturacanthus savala* from different papers

序号 No.	形态特征描述 morphological description	参考文献 reference
1	背鳍与胸鳍密布黑色细点 dorsal and pectoral fin is full of small black spots.	[5]
2	背鳍、胸鳍呈浅黄色 dorsal and pectoral fin is light yellow.	[6]
3	背鳍、胸鳍密布黑色细点 dorsal and pectoral fin is full of small black spots.	[4]
4	背鳍灰白色, 具黑色斑点, 胸鳍黄色, 新鲜个体尤为明显; 眼中大, 虹彩白色 dorsal fin is grey with black spots. Pectoral fin is yellow, especially in the fresh individuals. Middle size eye, iris is white.	[3]

3.2 黄海沙带鱼的分布

通过对疑似沙带鱼样品的 DNA 条形码种类鉴定, 本研究进一步证实了黄海海域确实存在沙带鱼的分布, 且最北至少可达山东青岛近海。黄海北部至渤海海域是否也分布有沙带鱼还需更为全面系统地采样调查加以证明。关于沙带鱼在黄海的分布早期历史文献并未见记录报道, 李春生^[6]在对金鳍刺带鱼(无效种, 应即为沙带鱼)的分布

进行描述时, 提及该种“近来亦分布于黄海”, 提示沙带鱼在黄海的分布可能是近数十年来种群变动北移的结果。本研究得出的黄海沙带鱼与福建东山岛近海、广西涠洲岛近海及中国东南海域沙带鱼之间均有共享单倍型这一结论亦说明黄海沙带鱼与我国其它海域的沙带鱼可能不存在明显的遗传分化, 具有存在广泛基因交流的可能性。上述推论的证实尚需在进一步的研究中获得更为丰

富的沙带鱼种群遗传学数据。本研究通过 DNA 条形码分析,丰富了黄海沙带鱼的地理分布和遗传多样性认知,有利于黄海沙带鱼资源的保护和可持续利用。

参考文献:

- [1] Deng J Y, Zhao C Y. Marine fisheries biology[M]. Beijing: Agricultural Press, 1991: 111-163. [邓景耀, 赵传纲, 等. 海洋渔业生物学[M]. 北京: 农业出版社, 1991: 111-163.]
- [2] Nelson J S, Grande T C, Wilson M V H. Fishes of the World, Fifth Edition[M]. Hoboken John Wiley & Sons, Inc., 2016: 414-416.
- [3] He X B. Spatial distribution, Population structure and Trophic ecology of common Trichiuridae species in the coastal waters of China[D]. Xiamen: Jimei University, 2019: 1-6, 13-31. [何雄波. 中国近海带鱼科(Trichiuridae)常见种空间分布、种群结构与营养生态研究[D]. 厦门: 集美大学, 2019: 1-6, 13-31.]
- [4] Chen D G, Zhang M Z. Marine Fishes of China[M]. Qingdao: China Ocean University Press, 2016: 1906. [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: 1906.]
- [5] Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences. Fishes of the South China Sea[M]. Beijing: Science Press, 1962: 749-750. [中国科学院动物研究所. 南海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社, 1962: 749-750.]
- [6] Li C S. Studies on Chinese spiny hairtail fishes of the genus *Lepturacanthus*[C]. Proceedings of the Symposium on the Ichthyology Branch of China Marine Limnology Society and the Ichthyology Branch of Chinese Zoological Society, Urumqi, 2010: 192-194. [李春生. 中国刺带鱼属鱼类的分类研究[C]. 中国海洋湖沼学会/中国动物学会鱼类学分会 2010 年学术研讨会, 乌鲁木齐, 2010: 192-194.]
- [7] Cai C G, Song N, Zhao L L, et al. The complete mitogenome of the *Lepturacanthus savala* (Perciformes: Trichiuridae) from the Yellow Sea[J]. Mitochondrial DNA Part B, 2020, 5(3): 2815-2816.
- [8] Li C S. Hairtail fishes from Chinese coastal waters (Trichiuridae) [J]. Marine Sciences, 1992, 4(3): 212-219.
- [9] Tokimura M, Yamada U, Trie T. Comments on taxonomy and distributions of the species of *Trichiurus* in the East China and Yellow Seas and adjacent waters[J]. Seikaiku Suisan Kenkyusho News, 1995, 80: 12-14.
- [10] Nakabo T. Fishes of Japan with pictorial keys to the species[M]. Tokyo: Tokai University Press, 2002: 1345.
- [11] Guo L J, Wu R X, Liu J. Molecular phylogenetic relationship between *Trichiurus margarites* Li, 1992 and *Trichiurus* sp. 2(Sensu Nakabo, 2002)(Perciformes: Trichiuridae) based on mitochondrial 16S rRNA sequence analysis[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2012, 19(3): 373-380. [郭刘军, 吴仁协, 刘静. 珠带鱼和带鱼未定种 *Trichiurus* sp. 2 的分子系统进化关系[J]. 中国水产科学, 2012, 19(3): 373-380.]
- [12] Wang K L, Zhang P J, Liu L Y, et al. Studies on species identification of hairtail fishes in coastal waters of China[J]. Acta Oceanologica Sinica, 1993, 15(2): 77-83. [王可玲, 张培军, 刘兰英, 等. 中国近海带鱼分种的研究[J]. 海洋学报, 1993, 15(2): 77-83.]
- [13] Wang K L, You F, Xu C, et al. Comment on “hairtail fishes from the Chinese coastal waters (Trichiuridae)”[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 1995, 26(2): 215-221. [王可玲, 尤锋, 徐成, 等. “评 hairtail fishes from the Chinese coastal waters (Trichiuridae)”一文[J]. 海洋与湖沼, 1995, 26(2): 215-221.]
- [14] Zhang Q Y, Hong W S, Chen S X. Stock changes and resource protection of the large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) and ribbon fish (*Trichiurus japonicus*) in coastal waters of China[J]. Journal of Applied Oceanography, 2017, 36(3): 438-445. [张其永, 洪万树, 陈仕玺. 中国近海大黄鱼和日本带鱼群体数量变动及其资源保护措施探讨[J]. 应用海洋学学报, 2017, 36(3): 438-445.]
- [15] Lin S J, Wang L, Zheng L M, et al. Current status and future prospect of DNA barcoding in marine biology[J]. Acta Oceanologica Sinica, 2014, 36(12): 1-17. [林森杰, 王路, 郑连明, 等. 海洋生物 DNA 条形码研究现状与展望[J]. 海洋学报, 2014, 36(12): 1-17.]
- [16] Li X R, Liu S F, Li D, et al. Species identification and phylogenetic relationships in order Clupeiformes based on DNA barcoding[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2015, 22(6): 1133-1141. [李献儒, 柳淑芳, 李达, 等. DNA 条形码在鲱形目鱼类物种鉴定和系统进化分析中的应用[J]. 中国水产科学, 2015, 22(6): 1133-1141.]
- [17] Liu S F, Li X R, Du T F, et al. DNA barcoding and electronic microarray for common fish species in Shandong coastal waters[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2016, 23(4): 777-790. [柳淑芳, 李献儒, 杜腾飞, 等. 山东近海习见鱼类 DNA 条形码及其电子芯片分析[J]. 中国水产科学, 2016, 23(4): 777-790.]
- [18] Liu S F, Li X R, Yang Y, et al. A DNA barcode for the Scorpaeniformes and construction of a DNA microarray for Scorpaenidae fish[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2016, 23(5): 1006-1022. [柳淑芳, 李献儒, 杨钰, 等. 鲈形目鱼类 DNA 条形码分析及鲈科 DNA 条形码电子芯片建立[J]. 中国水产科学, 2016, 23(5): 1006-1022.]
- [19] Tzeng C H, Chiu T S. DNA barcode-based identification of commercially caught cutlassfishes (Family: Trichiuridae) with a phylogenetic assessment[J]. Fisheries Research, 2012, 127-128: 176-181.
- [20] Mukundan L P, Sukumaran S, Sebastian W, et al. Charac-

- terization of the whole mitogenome of largehead hairtail *Trichiurus lepturus* (Trichiuridae): Insights into special characteristics[J]. *Biochemical Genetics*, 2020, 58(3): 430-451.
- [21] McCusker M R, Denti D, van Guelpen L, et al. Barcoding Atlantic Canada's commonly encountered marine fishes [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2013, 13(2): 177-188.
- [22] Ward R D, Zemlak T S, Innes B H, et al. DNA barcoding Australia, s fish species[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*, 2005, 360(1462): 1847-1857.

DNA barcoding for identification of *Lepturacanthus savala* (Scombriformes, Trichiuridae) in the Yellow Sea and the geographical distribution of the species

LI Ang^{1,2}, LI Minghui^{1,2}, WANG Huan^{1,2}, LIU Shufang^{1,2}, ZHUANG Zhimeng¹

1. Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture; Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China;
2. Function Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266071, China

Abstract: *Lepturacanthus savala* (Cuvier, 1829), commonly called spiny hairtail, is an economically important species in the family Trichiuridae, with a wide distribution in the Indian-Western Pacific coastal waters. Overfishing and changes in the ecological environment of fisheries have created a severe impact on the natural resources of *L. savala* at present. However, the species identification and taxonomic classification of *L. savala* are controversial because of its variable morphology and high levels of similarity between related species. The geographical distribution of *L. savala* has also not been systematically researched, and whether the species exists in the Yellow Sea was unknown. In recent years, DNA barcoding has been proposed as a useful molecular technique to complement traditional taxonomic expertise, and it has provided an important tool for species identification and biodiversity inventories. In this study, we used DNA barcoding to effectively identify *L. savala* and clarify the existence of the species in Yellow Sea. We examined a DNA barcode fragment of 645 base pairs of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene from 16 suspected *L. savala* individuals collected from the Yellow Sea, East China Sea (Taiwan Strait) and South China Sea (Beibu Gulf). Homologous sequences from closely-related species were also included in the comparative analysis and species identification. Phylogenetic relationships among eight species of the family Trichiuridae were reconstructed using neighbor joining (NJ) based on Kimura-2 parameter (K2P) net genetic distance. Sequence analysis showed that the genetic distance between suspected *L. savala* and actual *L. savala* was 0.6%, significantly lower than the interspecific genetic distance of 13.9% between *L. savala* and its only congeneric species, *L. roelandti*. Phylogenetic analysis showed that all DNA barcoding sequences of suspected *L. savala* clustered in the same group with *L. savala*, and also had a close genetic relationship with *L. roelandti*. These results indicated that all the suspected *L. savala* individuals could be identified as *L. savala* in this study, and we conclude that the DNA barcoding can be used to identify species in the family Trichiuridae. Our results also provide strong evidence for the existence of *L. savala* in the coastal waters of the Yellow Sea and enriched our knowledge of geographical distribution and genetic diversity of the species.

Key words: Yellow Sea; *Lepturacanthus savala*; DNA barcoding; species identification; geographical distribution

Corresponding author: LIU Shufang. E-mail: liusf@ysfri.ac.cn