

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2016.16082

中国近海棱梭拉丁名的更正

刘璐¹, 高天翔², 韩志强², 李纯厚³, 孙典荣³, 宋娜¹

1. 中国海洋大学 水产学院, 山东 青岛 266003;
2. 浙江海洋大学 水产学院, 浙江 舟山 316022;
3. 中国水产科学研究院 南海水产研究所, 广东 广州 510300

摘要: 为解决我国棱梭(原定名为 *Liza carinata*)命名的问题, 本研究采集了中国近海 7 个地理群体的棱梭样品, 并进行形态特征分析和 DNA 条形码研究。形态学研究结果显示, 中国近海棱梭样品的胸鳍长度/体长、头长/体长的比值分别为 15.0%~18.3%、22.5%~25.1%, 与前人记录的 *Liza affinis* 的胸鳍长度/体长(14.5%~18.4%)、头长/体长比值(22.1%~26.9%)相吻合, 而与 *Liza carinata* 胸鳍长度/体长(19.8%~23.9%)、头长/体长比值(27.0%~31.3%)范围不相符。DNA 条形码分析结果表明, GenBank 中 *Liza carinata* 和 *Liza affinis* 的 COI 基因同源序列遗传距离为 13.11%, 而本研究所采集样品种内差异为 0.08%。NJ 邻接关系树显示, 本研究所使用样品与 *Liza affinis* 聚为一支, 遗传距离为 0.08%, 而与 *Liza carinata* 的遗传距离为 13.06%, 已达到种以上水平。综上, 本研究认为中国近海棱梭的拉丁名应为 *Liza affinis*, 我国近海是否存在真正的 *Liza carinata* 尚需进一步研究。

关键词: 棱梭; 形态学; 遗传学; 拉丁名

中图分类号: S931 文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2016)05-1108-09

棱梭隶属于鲻形目(Mugiliformes)、鲻科(Mugilidae)、梭属(*Liza*), 英文名为 eastern keeled back mullet, 主要分布在中国近海的黄海南部至南海北部、日本近海。自 20 世纪 50 年代起, 国内学者已开展棱梭的形态分类学^[1]、渔业资源调查与评估^[2]、生长发育和繁殖^[3~6]、遗传多样性^[7~8]等研究。近年来, 棱梭因其较高的渔业价值而越来越受到关注, 成为水产养殖业的重要养殖对象^[6]。但由于梭属鱼类乃至整个鲻科鱼类的外部形态都极为相似, 加上种类繁多并且鉴别特征的特异性不够显著, 导致分类上存在很多分歧、错误和大量的同种异名现象。棱梭作为梭属鱼类的一个重要鱼种, 因其背部在第一背鳍之前有一条正中纵走棱脊而明显区别于其他梭属鱼类, 它的拉丁名

使用也存在混用和错用的问题^[1,7~22]。1919 年 Oshima^[9]把中日近海一种背部带有棱脊的鲻科鱼类命名为 *Mugil carinata*, 自此, 中日学者大多使用此拉丁名来命名和描述棱梭^[10~13]。1963 年, 《东海鱼类志》^[14]将棱梭的拉丁名更名为 *Liza carinata*。随后, 1985 年《福建鱼类志》^[15]以及 1987 年《中国鱼类系统检索》^[16]均沿用此拉丁名至今。Tomson^[17]在 1964 年至 1984 年的鲻科鱼类系统分类的资料中开始使用 *Liza affinis* 描述西北太平洋沿岸的棱梭。1987 年日本学者 Senou 等^[18]将背部有棱脊的鲻科鱼类分为 3 种, 指出中日近海分布的背部带有棱脊的鲻科鱼类应为 *Liza affinis*。1993 年沈世杰^[19]的《台湾鱼类志》中使用了 *Liza affinis* 命名前鳞鲹(棱梭)。2002 年韩国学者^[20]中也开

收稿日期: 2016-03-14; 修订日期: 2016-05-09.

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201303048); 国家自然科学基金项目(41506158); 国家科技基础条件平台-水产种质资源平台项目.

作者简介: 刘璐(1988-), 女, 博士研究生, 主要从事渔业生态学研究. E-mail: liulouc@163.com

通信作者: 宋娜, 女, 副教授, 从事分子系统地理学研究. E-mail: songna624@163.com

始使用 *Liza affinis* 命名棱梭。

鉴于以上问题的出现,为了准确鉴定中国近海分布的棱梭,本研究采集了中国福建的宁德、厦门、晋江、金门,广东的虎门、湛江和广西的北海7个地理群体的棱梭样品,采用形态学和遗传学手段对其进行分析,并同印度、土耳其等背部带有棱脊的梭鱼进行比较,给出中国近海棱梭正确的分类地位,为棱梭乃至梭属鱼类的深入研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究自2013年10月至2014年12月采集了福建的宁德、厦门、晋江和金门,广东的虎门和湛江,以及广西北海共7个地点的棱梭样品(图1和图2),并参照Senou等^[18]的分类检索方法进行形态学测量和相关数值——胸鳍长/体长,头长/体长比值的计算,对其进行形态学角度的种类鉴定。取棱梭背部肌肉保存于酒精中,以备棱梭DNA基因组的提取。所有棱梭样品保存于中国海洋大学渔业生态学实验室。

1.2 实验方法

1.2.1 形态学研究 使用采自7个地点的35尾棱梭进行形态学分析研究,包括可数性状和可量性状。可数性状包括:背鳍(dorsal fin)、臀鳍(anal fin)、胸鳍(pectoral fin)、腹鳍(pelvic fin)、纵列鳞(longitudinal scales)、横列鳞(rows of scales)、尾鳍(caudal fin)、鳃耙(gill rakers)等;并对每条鱼的背部中央隆脊的情况有无进行描述。使用游标卡尺对体长(body length)、体高(body height)、胸鳍长(pectoral fin length)、头长(head length)、吻长(snout length)、眼径(eye diameter)等进行测量,并进行胸鳍长/体长,头长/体长的比值计算所得实验数据与检索表中两种鱼的比值范围对比,精确到0.01 mm。

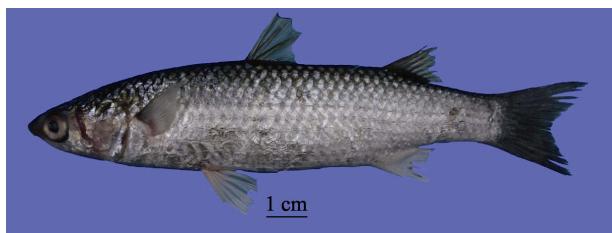


图1 棱梭
Fig. 1 *Liza affinis* Günther, 1861

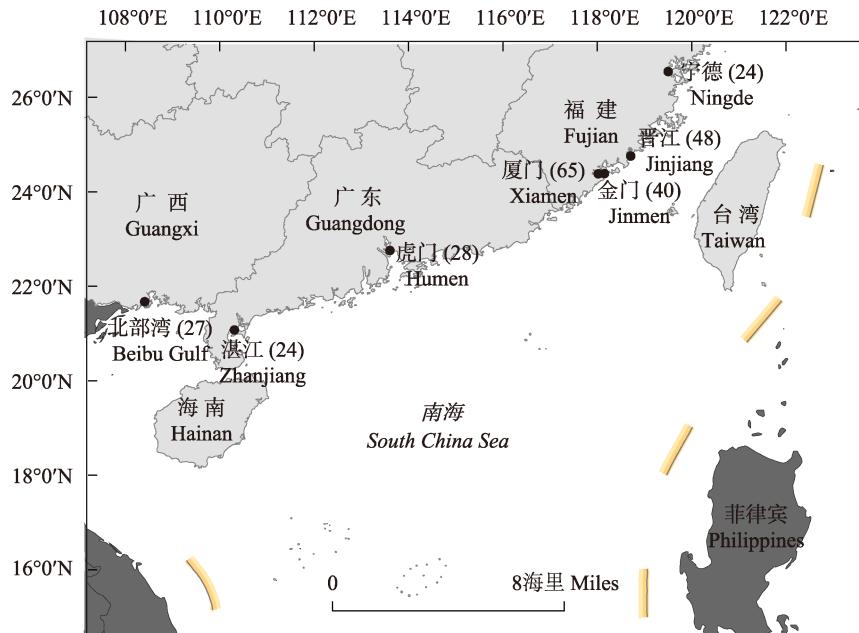


图2 本研究样品采集地点
括号内数字代表样品数量.

Fig. 2 Sampling sites in the present study
Figures in brackets denote the number of samples.

1987 年 Senou 等^[18]对“*Liza carinata*”的分类检索表如下:

1 背部中线有隆脊

1 Dorsal midline keeled

2(3) 胸鳍长度为体长的 14.5%~18.4%, 头长是体长的 22.1%~26.9%.....*Liza affinis*
2(3) Pectoral fin length 14.5%~18.4% of body length; head length 22.1%~26.9% of body length.....*Liza affinis*

3(2) 胸鳍长度为体长的 19.8%~23.9%, 头长是体长的 27.0%~31.3%

3(2) Pectoral fin length 19.8%~23.9% of body length; head length 27.0%~31.3% of body length

4(5) 总鳃耙数 79~96(体长为 66.3~91.0 mm), 94~109(体长 110.1~138.6 mm).....*Liza klunzingeri*

4(5) Total gill rakers 79~96 (66.3~91.0 mm body length), 94~109(110.1~138.6 mm body length).....*Liza klunzingeri*

5(4) 总鳃耙数 69~82(体长为 66.9~95.5 mm), 83~93(体长为 106.0~124.1 mm).....*Liza carinata*

5(4) Total gill rakers 69~82(66.3~91.0 mm body length), 83~93(106.0~124.1 mm body length).....*Liza carinata*

1.2.2 遗传学方法 用于形态学研究的棱梭, 取适量肌肉组织, 采用酚-氯仿方法提取基因组 DNA, 将乙醇沉淀后的基因组 DNA 用 50 μL 超纯水溶解, 储存在 4℃ 冰箱中备用。用于扩增棱梭线粒体 DNA COI 片段的引物为 F1: 5'-TCAAC-CAACCACAAAGACATTGGCAC-3'; R1: 5'-TAGCTTCTGGGTGGCAAAGAATCA-3'^[23]。总体积 25 μL, 包括 10 mmol/L Tris, pH 8.3, 50 mmol/L KCl, 1.5 mmol/L MgCl₂, dNTP 200 μmol/L, 上、下游引物各 200 nmol/L, *Taq* DNA 聚合酶 1.25 U, DNA 模版 1 μL, 最后加灭菌蒸馏水至 25 μL。PCR 反应条件如下: 94℃ 预变性 5 min, 然后进行 40 个循环, 每个循环包括 95℃ 变性 60 s, 50℃ 退火 45 s, 72℃ 延伸 60 s, 最后 72℃ 延伸 10 min。为了避免 DNA 的污染, 以上反应均设阴性对照组。将 2 μL PCR 反应产物取出, 使用 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳检测(U=5 V/cm), 用试剂盒对目的片段进行回收纯化, 送北京英潍捷基生物公司进行双向测序。

1.3 数据处理

通过 DNASTAR 软件对测得的 COI 基因序列进行比对, 并通过人工校正, 从 GenBank 数据库中下载的拉丁名分别为 *Liza carinata*、*Liza affinis* 和 *Liza klunzingeri* 的 COI 同源序列进行比对分析, 同时以同属梭鱼(*Liza haematocheilus*)为外群(表 1), 基于 K2P 距离运用 MEGA4.0 构建 NJ 系统树, 节点支持率采用 1000 次 Bootstrap 检验, 并计算其种群间和种群内的遗传距离^[24]。

2 结果与分析

2.1 形态学特征比较

测量标本 35 尾, 体长范围为 11.64~15.10 mm。体长为体高的 4.1~5.0 倍, 头长为吻长的 4.6~5.0 倍, 为眼径 3.6~4.2 倍。吻短而钝。背鳍为 IV, I~8, 臀鳍为 III, 9, 胸鳍为 15~17, 腹鳍为 I~5, 纵列鳞为 35~41, 横列鳞为 11~13, 尾鳍为 14, 鳃耙数为 25~28+46~49。

体细长, 身体前端近似圆柱形, 向尾端逐渐变扁。第一背鳍前方正中有隆起的脊, 形成了尖锐的边缘。在第一背鳍和第二背鳍间, 有微弱的隆起。头小, 眼间隔较狭窄, 稍隆起, 脂眼睑较厚。眼眶骨在口角处向下弯曲, 下缘及后端具锯齿。鼻孔 2 个, 位于眼的前上方, 前鼻孔圆形, 后鼻孔裂缝状。口较小, 亚腹位。上颌长于下颌, 上颌中央有一缺刻, 下颌边缘锐利, 中央有一突起。上颌骨在口角处突然向下弯曲, 后端外露。牙细小, 呈现绒毛状。上颌有单行牙, 下颌, 犁骨及颤骨均无牙。舌小, 位于口腔后部, 前端圆形, 不游离, 舌上无牙。鳃孔大, 鳃盖膜不与峡部相连。前鳃盖骨及鳃盖骨薄, 无棘或者锯齿。鳃耙短而细密。

鳞大, 体被栉鳞, 栒齿细弱, 头部除鼻孔前方无鳞外, 其余均备圆鳞。无侧线, 体侧鳞片中央有一不开孔的纵行小管。背鳍两个; 第一背鳍起点于胸鳍鳍端后上方, 距吻端较距离尾鳍基底近, 前 3 鳍棘约等长, 基部相互靠近, 第四鳍棘较短而细且远隔。第二背鳍位于臀鳍上方, 起点距第一背鳍较距尾鳍基底近。臀鳍起点约与第二背鳍

表 1 本研究所用样品和序列信息
Tab. 1 Information of *Liza affinis* samples and sequences in this study

种名 species	地点 sampling site	采样时间 sampling time	编号 number	样本数 sample number	引用序列号 GenBank access no.
本研究 this study	中国 金门 Jinmen China	2013年10月 October, 2013		5	KU884213-KU884238
	中国 宁德 Ningde China	2014年10月 October, 2014		5	
	中国 晋江 Jinjiang China	2013年11月 November, 2013	1-35	5	
	中国 厦门 Xiamen China	2014年2月 February 2014		5	
	中国 虎门 Humen China	2014年5月 May, 2015		5	
	中国 湛江 Zhanjiang China	2014年11月 November, 2014		5	
	中国 北部湾 Beibu Gulf China	2014年12月 December, 2014		5	
<i>Liza affinis</i>	越南 Vietnam				KR261942
	中国 舟山 Zhoushan China		4		KP199955
	中国 台湾 Taiwan China				KP199989
<i>Liza carinata</i>	土耳其 Turkey		4		JQ060448
					KC500836
					FN600159
					JQ623947
					KC500838
<i>Liza klunzingeri</i>	印度 India		3		JX983357
					JX983356
					JX983355
梭鱼	中国 舟山 Zhoushan China		2		KP200001
<i>Liza haematocheilus</i>					JQ060478

起点相对。胸鳍短于吻后头长, 末端不伸达第一背鳍起点垂直线。

胸鳍长度/体长, 头长/体长的比值如表2中所示, 结果表明本研究所采集的棱梭其胸鳍长/体长和头长/体长的比值范围与 *Liza affinis* 的比值范围一致, 与 *Liza carinata* 有明显差异。

2.2 COI 序列分析

本研究通过 PCR 扩增和测序, 共得到 35 条 COI 基因片段序列, 另有 GenBank 数据库中 COI 基因序列共计 47 条, 以上序列全部应用于系统发育分析, 得到 4 种鱼类的遗传距离如表 3 所示。所得到的 NJ 系统树共分为 4 支: 本研究所得到的

35 条 COI 基因片段序列与下载自 GenBank 数据库中的 3 条 *Liza affinis* COI 基因片段序列聚为一支; 3 条 *Liza klunzingeri* 序列、4 条 *Liza carinata* 序列以及 2 条梭鱼外群序列分别单独聚为一支。本研究个体间的 Kimura 双参数(K2P)遗传距离平均值为 0.04%, *Liza affinis* 个体间的 K2P 遗传距离平均值为 0.08%, *Liza carinata* 个体间 K2P 距离平均值为 0.18%, *Liza klunzingeri* 个体间 K2P 距离平均值为 0.01%。本研究样品与 GenBank 中 *Liza affinis* 的 K2P 距离为 0.08%。3 种间的 K2P 距离依次为 11.86%~14.54%。本研究样品、*Liza affinis*、*Liza carinata* 以及 *Liza klunzingeri* 与外群之间的 K2P

表 2 本研究实测数据与检索表数据对比
Tab. 2 Comparison between the search table data and the data in the laboratory

种名 species	胸鳍长/体长 pectoral fin length/body length	头长/体长 head length/body length
<i>Liza carinata</i> *	19.8%-23.9%	27.0%-31.3%
<i>Liza affinis</i> *	14.5%-18.4%	22.1%-26.9%
本研究 this study	15.0%-18.3%	22.5%-25.1%

注: *样品来源为表 1。

Note: *Samples are derived from Tab. 1.

表 3 4 种鱼类基于 COI 基因序列的组内(对角线)和组间(下三角)的遗传距离
Tab. 3 Genetic distances of COI within (on the diagonal) and among (below the diagonal) four species

种名 species	本研究 this study	<i>Liza carinata</i>	<i>Liza klunzingeri</i>	<i>Liza affinis</i>	梭鱼 <i>Liza haematocheilus</i>
本研究 this study	0.0004				
<i>Liza carinata</i>	0.1306	0.0018			
<i>Liza klunzingeri</i>	0.145	0.1186	0.0001		
<i>Liza affinis</i>	0.0008	0.1311	0.1454	0.0008	
梭鱼 <i>Liza haematocheilus</i>	0.0825	0.1583	0.1286	0.0822	0.003

距离为 8.22%~15.83%，种间的遗传距离显著大于种内遗传距离。由系统树(图 3)可见，本实验室样品与 *Liza affinis* 聚为一支，与 *Liza carinata* 分为 2 支，且遗传距离达到种上水平，且节点的支持率为 100%。

3 讨论

物种鉴定是开展渔业生物多样性和渔业资源管理的基础和根本前提。由于鱼类的形态特征的变化贯穿于整个鱼类的生长和发育阶段，并且随着生长环境的差异而改变，因此想要通过形态特征鉴定物种或者进行传统的分类工作显得尤为困难。Tautz 等^[25]在 2002 年首次提出了 DNA 分类学(DNA taxonomy)这一概念。Hebert 等^[26]通过使用 11 个属 13320 种动物实验验证了利用线粒体细胞色素 C 氧化酶 I 亚基(COI)这一特定基因片段来作为 DNA 条形编码的有效性，并且确定其在动物鉴定中的作用，同时提出所有生物物种都应具有自己的 DNA 条形码。在生物多样性研究的发展过程中，DNA 条形码将起到至关重要的作用。2003 年 Hebert 等^[27]通过研究 DNA 条形码确定了基于 COI 进行物种鉴定的遗传距离临界值，同时验证了 DNA 条形码在生物物种分类中的作用^[28]；Puckridge 等^[29]2013 年通过基于 COI 的系统发育树揭示了隐蔽种的存在；Guo 等^[24]2010 年证明了通过 DNA 条形码发现了近缘关系种的存在。张辉等^[30]通过 DNA 条形码证明了木叶鲽属存在新纪录种；Gao 等^[31]通过对鱠属鱼类的条形码研究证实了新种的存在；此外，DNA 条形码还可以用于研究物种的起源和进化关系，重新划定物种的分类标准及分类地位^[32~34]。DNA 条形码的出现作为物种鉴定的一种有效的分子手段，使鉴定结果的可信

度大大增加。由于鲻科鱼类在生长期的不同阶段其形态特征差异较大，其生长环境包括淡水水域、河口咸淡水交界处乃至海洋等，所以不能单纯依靠形态学特征作为鲻科鱼的分类标准，因此本研究采用形态学和 DNA 条形码技术相结合的方法进行了鲻科鱼类中有代表性的鱼类——棱梭的分类研究。

1987 年 Senou 等^[18]在对“三种背部有棱脊的鲻科鱼类”的研究文章中提到，中国和日本的分类学家，一直沿用 *Mugil carinata* 或者 *Liza carinata* 来描述一种常见于日本和中国近海的背部有棱脊的鲻科鱼类。原因是在 1919 年^[9]和 1922 年^[35] Oshima 将 *Liza affinis* 误认为 *Mugil lcarinata*(*Liza carinata*)。Günther^[36]在 1861 年描述 *Liza affinis* 时，选用的标本源自中国厦门，虽然他的描述十分详尽，但是他没有提到这种鱼背部有棱脊。这也就解释了很多学者将 *Liza affinis* 误认为 *Mugil carinata* (*Liza carinata*)(表 4)的原因。Senou 等^[18]广泛采集了世界各地背部带有棱脊的鲻科鱼类的样品，进行了近百种形态学指标的测量，最终得出了胸鳍长度/体长，头长/体长的比值作为分类特征可以将 *Liza affinis* 和 *Liza carinata* 区分开来的结论。形态学测量结果显示：本研究样品胸鳍长度/体长，头长/体长的比值范围符合 *Liza affinis* 的胸鳍长度/体长，头长/体长的比值范围，验证了 Senou 等^[18] 基于形态学对 *Liza affinis* 的分类鉴定。同时本研究结合两种鱼 DNA 条形码——线粒体 COI 基因片段序列构建 NJ 邻接关系树，检测到二者的种间平均遗传距离要明显大于其平均遗传距离，该结果同样支持本研究基于形态学对 *Liza affinis* 的种类鉴定。两种结果同时显示本研究所采集的样品应为 *Liza affinis* 的结论真实可信。

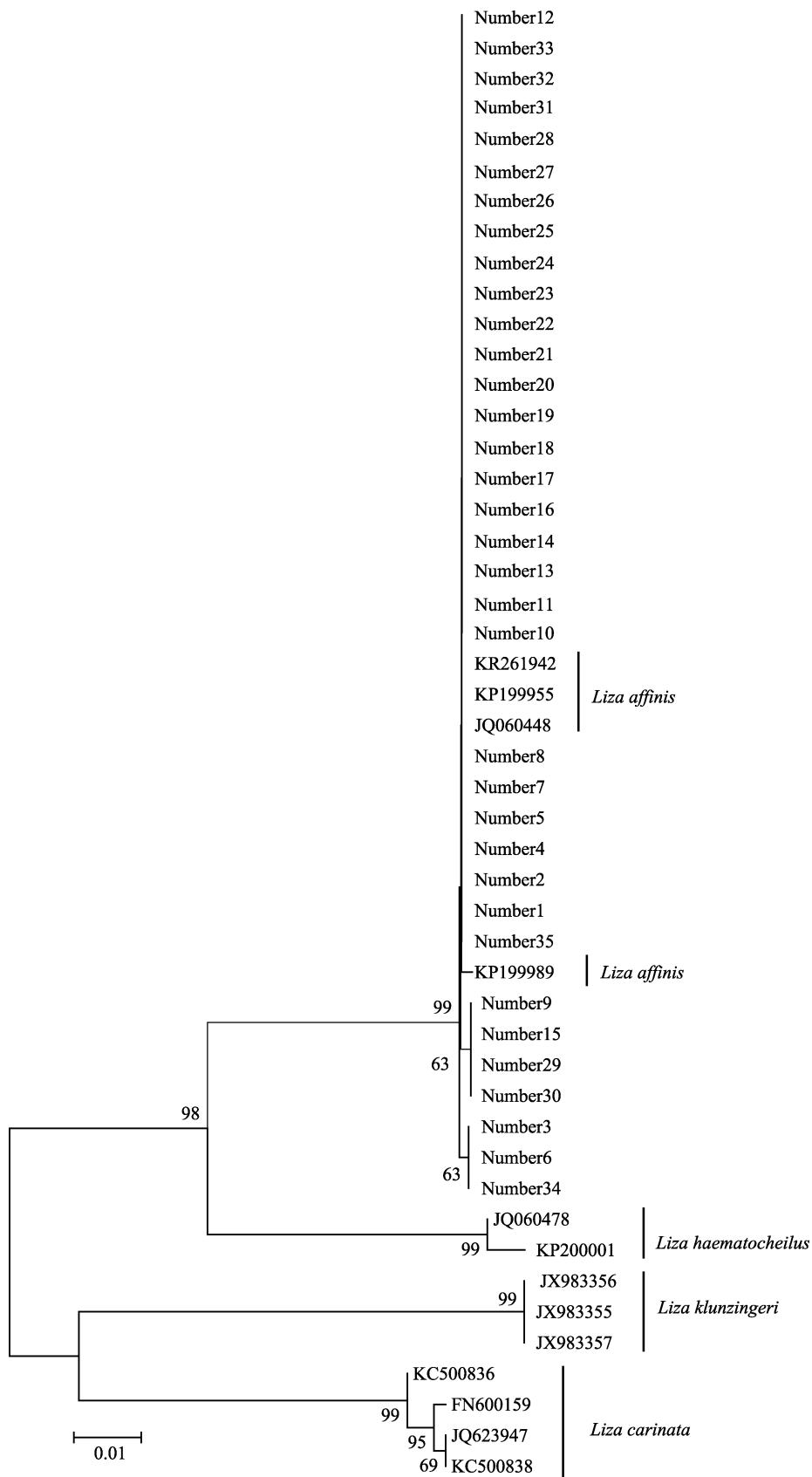


图 3 基于 COI 序列构建的 NJ 系统树
Fig. 3 The neighbor joining tree based on COI sequences

表4 国内研究中对棱梭的描述
Tab. 4 Description of *Liza affinis* in the internal researches in China

参考文献 reference	拉丁名 Latin name	背鳍 dorsal fin	臀鳍 anal fin	胸鳍 pectoral fin	腹鳍 pelvic fin	纵列鳞 longitudinal scales	横列鳞 row of scales	尾鳍 caudal fin	鳃耙 gill raker	背部隆起 described keel
[14]	<i>Liza carinata</i>	IV, I-8-9	III, 9	16	I-5	36-38				有 yes
[15]	<i>Liza carinata</i>	IV, I-8-9	III, 9	16	I-5	37-40	13	14	26-27+47-49	有 yes
[10]	<i>Mugil carinata</i>	IV, -8	III, 9	16-17	I-5	37-41		14		有 yes
[16]	<i>Liza carinata</i>									有 yes
本研究 this study		IV, -8	III, 9	15-17	I-5	35-41	11-13	14	25-28+46-49	有 yes

通过以上基于形态学和 DNA 条形码的研究可以得出结论, 本研究所采集的棱梭的拉丁名应当为 *Liza affinis* 而不是 *Liza carinata*, 但中国近海是否存在真正的 *Liza carinata* 尚存疑问。

参考文献:

- [1] Song J K. A revision of three names in Chinese mugilid fishes[J]. Chinese Journal of Zoology, 1982(2): 7-13.[宋佳坤. 我国三种常见鲻类鱼的名称订正[J]. 动物学杂志, 1982(2): 7-13.]
- [2] Jia X H, Zhang H, Jiang K Y. Seasonal changes of fish species composition and diversity in mudflat wetlands of Hangzhou Bay[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2010, 21(12): 3248-3254.[贾兴焕, 张衡, 蒋科毅, 等. 杭州湾滩涂湿地鱼类种类组成和多样性季节变化[J]. 应用生态学报, 2010, 21(12): 3248-3254.]
- [3] Li J J, Yang T B, Liu J F, et al. Population ecology of *Ligophorus hamulosus* on *Liza carinata*[J]. Marine Environmental Science, 2009, 28(2): 131-134.[李建军, 杨廷宝, 刘继芳, 等. 棱梭寄生小钩鲻鱼虫的种群生态学[J]. 海洋环境科学, 2009, 28(2): 131-134.]
- [4] Peng W F, Wang Y H, Yu S Z, et al. Two new record Trematodes of *Liza carinata* from Taiwan Strait (Bivesiculidae, Hemiuridae)[J]. Journal of Xiamen University: Natural Science, 2004, 43 (5): 729-739.[彭文峰, 王彦海, 于水舟, 等. 台湾海峡棱梭两种吸虫新纪录(二囊科, 半尾科)[J]. 厦门大学学报: 自然科学版, 2004, 43(5): 729-739.]
- [5] Huang L M, Zhang Y Z, Pan J J, et al. Food web of fish in Xiamen eastern waters[J]. Journal of Oceanography in Taiwan Strait, 2008, 27(1): 64-72.[黄良敏, 张雅芝, 潘佳佳, 等. 厦门东海域鱼类食物网研究[J]. 台湾海峡, 2008, 27(1): 64-72.]
- [6] Li W Q, Zheng W Y, Cai A G, et al. The study on the diet ingestion, absorption and utilization of *Liza carinatus*[J]. Marine Science, 1993(2): 43-47.[李文权, 郑微云, 蔡阿根, 等. 棱梭对饵料摄食与吸收利用研究[J]. 海洋科学, 1993(2): 43-47.]
- [7] Yang T Y, Gao T X, Meng W, et al. Sequence analysis of COI gene fragment of three Mugilidae species[J]. Periodical of Ocean University of China, 2007, 37(Suppl II): 61-66.[杨天燕, 高天翔, 孟玮, 等. 3 种鲻科鱼类线粒体 COI 基因片段序列的比较分析[J]. 中国海洋大学学报, 2007, 37(Suppl II): 61-66.]
- [8] Meng W, Gao T X, Song L, et al. Isozyme analysis and identification of three Mugilidae species[J]. Periodical of Ocean University of China, 2007, 37(Suppl): 181-184.[孟玮, 高天翔, 宋林, 等. 三种鲻科鱼的同工酶分析及鉴别研究[J]. 中国海洋大学学报, 2007, 37 (增刊): 181-184.]
- [9] Oshima M. Contributions to the of the fresh water fishes of the Island of Formosa[J]. Ann Carnegie Mus, 1919, 12: 169-328.
- [10] Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences; Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences; Shanghai Ocean University. Fishes of the South China Sea[M]. Beijing: Science Press, 1962: 759-766.[中国科学院动物研究所, 中国科学院海洋研究所, 上海水产学院. 南海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社, 1962: 759-766.]
- [11] Harda I. Freshwater fishes of Hainan Island[D]. Tokyo: Political Affairs Bureau, Special Service Agency, the Imperial Navy of Japan, 1943: 114.
- [12] Mori T. Check list of the fishes of Korea[J]. Memoirs of the Hyogo University of Agriculture, 1952, 1(3): 228.
- [13] Kamohara T. A List of Fishes from Amami-Oshima and Adjacent Regions, Kagoshima Prefecture, Japan[M]. Japan: Biological Laboratory, Liberal Arts Faculty, Kochi University, 1957.
- [14] Zhu Y D, Zhang C L, Cheng Q T. Fishes of East China Sea[M]. Beijing: Science Press, 1963: 195-199.[朱元鼎, 张春霖, 成庆泰. 东海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社, 1963: 195-199.]
- [15] Wu H L. Fishes of Fujian[M]. Fujian: Fujian Science and Technology Publishing House, 1985: 482-495.[伍汉霖. 福

- 建鱼类志[M]. 福建: 福建科学技术出版社, 1985: 482–495.]
- [16] Yang W H, Cheng Q T. Chinese Fish System Retrieval[M]. Beijing: Science Press, 1987: 375–379.[杨文华, 成庆泰. 中国鱼类系统检索[M]. 北京: 科学出版社, 1987: 375–379.]
- [17] Thomson J M. A biobligraphy of systematic references to the flathead mullets (Mugilidae)[J]. Technol Paper Division Fish Oceanogr, 1964, 16: 1–127.
- [18] Senou H, Yoshino T, Okiyama M. A Review of the mullets with a keel on the back, *Liza carinata* complex (Pisces: Mugilidae)[J]. Publications of the Seto Marine Biological Laboratory, 1987, 32(4–6): 303–321.
- [19] Shen S J. Fishes of Taiwan[M]. Taiwan: Department of Zoology, Taiwan University, 1993: 437–443.[沈世杰. 台湾鱼类志[M]. 台湾: 台湾大学动物学系, 1993: 437–443.]
- [20] An Y R, Huh S H. Species composition and seasonal variation of fish assemblage in the coastal water off Gadeok-do[J]. Korea J Korean Fish Soc, 2002, 35(6): 715–722.
- [21] Harrison I J, Senou H. Order Mugiliformes. Mugilidae. Mullets[M]//Carpenter K E, Niem V H. FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes. The Living Marine Resources of The Western Central Pacific. Volume 4. Bony Fishes part 2 (Mugilidae to Carangidae). Rome: FAO, 1997.
- [22] Endo M, Iwatsuki Y. Anomalies of wild fishes in the waters of Miyazaki, southern Japan[J]. Bull Faculty Agric, 1998, 45(1–2): 27–35.
- [23] Ward R D, Zemlak T S, Innes B H, et al. DNA barcoding Australia's fish species[J]. Philos Trans R Soc Lond B: Biol Sci, 2005, 360(1462): 1847–1857.
- [24] Guo E M, Liu Y, Liu J, et al. DNA barcoding discriminates *Pampus minor* (Liu et al. 1998) from *Pampus* species[J]. Chin J Oceanol Limno, 2010, 28(6): 1266–1274.
- [25] Tautz D, Arctander P, Minelli A, et al. DNA points the way ahead in taxonomy[J]. Nature, 2002, 41: 479.
- [26] Hebert P D N, Stoeckle M Y, Zemlak T S, et al. Identification of birds through DNA barcodes[J]. Plos Biology, 2004, 2: 1657–1663
- [27] Hebert P D N, Ratnasingham S, Deward J R. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit I divergences among closely related species[J]. Philos Trans R Soc Lond B: Biol Sci, 2003, 320(Suppl): S96–S99.
- [28] Herbert P D N, Cywinski A, Ball S L, et al. Biological identifications through DNA barcodes[J]. Proc Royal Soc B, 2003, 320(1512): 313–321.
- [29] Puckridge M, Andreakis N, Appleyard S A, et al. Cryptic diversity in flathead fishes (Scorpaeniformes: Platycephalidae) across the Indo-west Pacific uncovered by DNA barcoding[J]. Mol Ecol Resour, 2013, 13(1): 32–42.
- [30] Zhang H, Gao T X, Xu H X, et al. A new record of *Pleuronichthys* in China: *Pleuronichthys japonicus*[J]. Periodical of Ocean University of China, 2011, 4(1–2): 51–54.[张辉, 高天翔, 徐汉祥, 等. 中国木叶鲽属鱼类—新纪录种[J]. 中国海洋大学学报, 2011, 4(1–2): 51–54.]
- [31] Gao T X, Ji D P, Xiao Y S, et al. Description and DNA barcoding of a new *Sillago* species, *Sillago sinica* (Perciformes: Sillaginidae), from coastal waters of China[J]. Zool Stud, 2001, 50(2): 254–263.
- [32] Haijibabaei M, Singer G A C, Herbert P D N, et al. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and populations genetics[J]. Trends Genet, 2007, 23(4): 167–172.
- [33] Zemlak T S, Ward R D, Connell A D, et al. DNA barcoding reveals overlooked marine fishes[J]. Mol Ecol Resour, 2009, 9(Suppl): 237–242.
- [34] Fu J. Phylogenetic analysis and dietary evolution of some species of Cocconellidae (Coleoptera: Polyphaga: Cucujoidea) based on partial sequence of mitochondrial COI gene[D]. Shaanxi Normal University, 2007.[付景.瓢虫科部分种类基于线粒体 COI 基因的系统发育与食性演化研究[D]. 西安: 陕西师范大学, 2007.]
- [35] Oshima, M. A review of the fishes of the family Mugilidae found in the waters of Formosa[J]. Ann Carnegie Mus, 1922, 13: 240–259.
- [36] Günther A. Catalogue of the Fishes in the British Museum[M]. London British Museum, 1866, 3: 586.

Latin name correction of *Liza affinis* from China

LIU Lu¹, GAO Tianxiang², HAN Zhiqiang², LI Chunhou³, SUN Dianrong³, SONG Na¹

1. Fisheries College, Ocean University of China, Qingdao 266003, China;

2. Fishery College, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China;

3. South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300, China

Abstract: The eastern keeled mullet (*Liza affinis*), which belongs to the *Liza* genus (Mugilidae, Mugiliformes), is an economically important coastal fish in China. For a long time in China, the eastern keeled mullet was considered to be *Liza carinata*, but many lines of research suggested that this was incorrect. To address this problem, we analyzed *L. affinis* based on morphological characters and DNA barcoding, and compared it with other fishes in the *Liza* genus. During October 2013 to December 2014, we collected samples from Chinese coastal waters, including Ningde, Jinjiang, Xiamen, Jinmen, Humen, Zhanjiang, and the Beibu Gulf. The specimens included in this study had the following morphological characteristics: pectoral fin length/body length ratio of 15.0%–18.3% and head length/body length ratio of 22.5%–25.1%, consistent with data reported by Senou (1987) for *L. affinis* (14.5%–18.4% and 22.1%–26.9%, respectively), and different from those obtained for *L. carinata* (19.8%–23.9% and 27.0%–31.3%, respectively). A partial sequence of the mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (COI) gene was used in a phylogenetic analysis. The net genetic distance between *L. affinis* and *L. carinata* recorded at GenBank is 13.11%. A neighbor-joining tree showed that our samples clustered with *L. affinis* from GenBank with a genetic distance of 0.08%. However, the genetic distance between our samples and *L. carinata* was 13.06%, greater than the threshold for species delimitation. The phylogenetic analysis strongly supported the validity of *L. affinis* in China at the genetic level. As a result, we propose that the eastern keeled mullet is *L. affinis* and we question whether *L. carinata* really exists in Chinese coastal waters. Although the task of identifying and describing new species is ultimately achieved through comprehensive taxonomic work, DNA barcodes can significantly facilitate this process. The conventional taxonomic workflow, which usually requires the collection of morphological and ecological data, can vary for different taxonomic assemblages (i.e., taxonomic identification of birds and fish require different methods and skills), whereas analysis can be applied in a more or less standardized way across large domains (i.e., all animal taxa). As a result, the identification and description of fish species should combine conventional taxonomic methods such as morphological analysis with molecular identification techniques such as DNA barcoding. Japanese and Chinese ichthyologists have traditionally used the name *Mugil carinatus* or *L. carinata* for a mugilid fish with a keel on its back that is commonly found in these regions, ever since Oshima erroneously identified *L. affinis* (*Mugil affinis* Günther, 1861) as *M. carinatus*. *M. affinis* was described by Günther (1861) on the basis of a specimen from Amoy, China. Although his description is detailed, he did not describe a keel on its back. Recently, Song reviewed the Chinese mugilids and used the name *affinis* for *Osteomugil ophuyseni* (Bleeker, 1859) (*Mugil cunnesius* Valenciennes, 1836). We think this may explain why *L. affinis* was mistakenly called *L. carinata* for so long. The origin, evolution, patterns of speciation, and unique features of genome divergence among the lineages of this species are topics for further research.

Key words: *Liza affinis*; morphology; genetics; Latin name

Corresponding author: SONG Na. E-mail: songna624@163.com