

黄颡鱼属两种鱼类的线粒体 ND4 基因序列变异性分析

言伟^{1,2} 彭作刚¹ 张训蒲² 何舜平¹

(1. 中国科学院水生生物研究所, 武汉 430072; 2. 华中农业大学水产学院, 武汉 430070)

摘要 以东亚特有种光泽黄颡鱼(*Pelteobagrus nitidus*)和长须黄颡鱼(*Pelteobagrus eupogon*)为研究对象, 采用 PCR 技术获得了这两种鱼类的部分线粒体 DNA ND4 基因及其 3' 端的 tRNA 基因碱基共约 772 个, 用 MEGA2.1 软件分析了此片段序列, 采用 Kimura 双参数模型计算遗传距离, 以鲿科属的大鳍鲿(*Hemibagrus macropterus*)为外类群, 用邻接法构建不同水系的光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼的分子系统树。不同水系的光泽黄颡鱼的遗传距离在 0.000—0.012 之间, 长须黄颡鱼的遗传距离在 0.000—0.003 之间, 光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼种间的遗传距离在 0.099—0.108 之间, 从分子水平上证实了光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼为两个有效物种。不同水系的光泽黄颡鱼遗传变异很小, 除黑龙江种群外, 其他水系的光泽黄颡鱼在分子系统树没有能够按水系区分开来, 可能的原因有: (1) 不同水系的光泽黄颡鱼之间存在频繁的基因交流; (2) 东亚鲿科鱼类的线粒体 DNA 的进化速率可能较小; (3) 人类经济活动可能已影响到光泽黄颡鱼的种群遗传结构。

关键词: 鲿科; 黄颡鱼属; 线粒体 DNA ND4 基因; 遗传分化

中图分类号: Q959.4 文献标识码: A 文章编号: 1000-3207(2006)04-0413-07

黄颡鱼属(*Pelteobagrus*)隶属于鲿形目(Siluriformes)鲿科(Bagridae), 是东亚特有鲿科鱼类, 主要栖息于江河、湖泊的中下层, 白天极少活动, 夜晚外出觅食, 以水生昆虫、小鱼和小虾为食。目前黄颡鱼属在中国有五种分布, 分别是黄颡鱼(*P. fuhidrao*)、中间黄颡鱼(*P. intermedius*)、长须黄颡鱼(*P. eupogon*)、瓦氏黄颡鱼(*P. vachelli*)和光泽黄颡鱼(*P. nitidus*)^[1]。Boulenger^[2]于 1892 年首次描述了来自上海的鲿科鱼类(*Pseudobagrus eupogon*), 后来 Jayaram^[3]根据尾鳍的形状等特征将其归入黄颡鱼属(*Pelteobagrus*), 长须黄颡鱼是中国的特有种; Sauvage 和 Dabry de Thiersant^[4]于 1874 年共同描述了一种鲿科鱼类(*Pseudobagrus nitidus*), 而 Jayaram^[3]于 1968 年同样根据尾鳍的形状将其归入黄颡鱼属(*Pelteobagrus*), 光泽黄颡鱼主要分布于中国, 在朝鲜半岛也有分布。在中国, 长须黄颡鱼主要分布在长江水系, 而光泽黄颡鱼在黑龙江、长江、珠江、闽江等水系均有分布。长期以来, 光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼的分类特征一直没有一个统一的标准, Jayaramy^[3]根据前颌

骨齿带的长是否大于宽的四倍作为光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼的主要分类特征, 中国动物志^[1]主要根据胸鳍硬刺前缘是否光滑把光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼分为两个种。国内 Zhang^[5]等曾就骨骼特征对嘉陵江的长须黄颡鱼和光泽黄颡鱼的分类进行了一些探讨, 认为脊柱及附肢骨、头骨等骨骼特征可以作为这两种鱼的分类依据。戴凤田^[6]从同工酶和骨骼特征方面对长须黄颡鱼和光泽黄颡鱼的系统演化进行了研究, 得出长须黄颡鱼比光泽黄颡鱼更为特化的结论。此外, 彭作刚等^[7]曾用线粒体 DNA(mtDNA)细胞色素 *b* 基因探讨过光泽黄颡鱼在东亚鲿科鱼类系统发育关系中的位置; 张燕等^[8]利用线粒体 DNA 控制区探讨过鲿科鱼类的系统发育。

系统发育地理学(Phylogeography)是研究物种及物种内不同种群形成现有分布格局的历史原因和演化过程的一门学科。分子系统地理学(Molecular phylogeography)主要采用分子生物学技术, 在分子水平上探讨种内的系统地理格局(Phylogeographic pattern)的形成机制。分子系统地理学研究的核心是遗

收稿日期: 2005-08-06; 修订日期: 2006-01-20

基金项目: 中国科学院创新方向性项目(编号: KSCX 2-SW-101B); 国家重点基础研究计划项目资助(编号: G2000046804)

作者简介: 丁言伟(1978—), 女, 山东日照人; 硕士研究生, 从事鱼类分子系统生物地理学方面的研究。刘焕章老师提供部分标本, 唐琼英博士在论文写作过程中给予指导和帮助, 谨致谢意

通讯作者: 何舜平, E-mail: clad@ihb.ac.cn

传谱系空间分布的历史特征^[9],通过种群遗传结构的分析来探讨种内系统地理格局的形成机制、系统发育关系以及现有分布特征,并结合物种的地理分布状况来验证或推断与其相关的地质事件,追溯和揭示种群的进化历程^[10,11]。

在脊椎动物中,mtDNA ND4 基因(脱氢酶第四亚基)是编码蛋白基因^[12]。研究表明,ND4 基因具有相对较快的进化速率,比较适合系统发育关系的重建^[13-15]。本研究拟通过对 mtDNA ND4 基因的分析为长须黄颡鱼和光泽黄颡鱼的分类寻求分子生物学依据,进而探讨这两种鱼的物种有效性;并对不同水系的光泽黄颡鱼的种群遗传结构进行分析,从而为研究黄颡鱼属鱼类的系统发育关系和光泽黄颡鱼的种群遗传提供一定的参考。

1 材料与方法

1.1 材料 本实验选用黄颡鱼属(*Hemibagrus*)的大鳍黄颡鱼(*H. macropterus*)作外类群。采用的样品均为 95% 的酒精固定,鱼类标本均保存于中国科学院水生生物研究所淡水鱼类博物馆。具体的种类及采集地见表 1。

表 1 研究中所用标本及采集地

Tab. 1 Specimens and their localities in the present study

样品编号 Catalog No.	简称 Abbreviation	物种名 Species	采集地 Location	所属水系 Drainage
1	JY	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	四川简阳	沱江
2	YY1	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	湖南岳阳	洞庭湖
3	YY2	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	湖南岳阳	洞庭湖
4	YY3	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	湖南岳阳	洞庭湖
5	YY4	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	湖南岳阳	洞庭湖
6	TY1	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	湖南桃源	沅江
7	TY2	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	湖南桃源	沅江
8	TY3	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	湖南桃源	沅江
9	HEB1	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	哈尔滨	黑龙江
10	HEB2	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	哈尔滨	黑龙江
11	HEB3	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	哈尔滨	黑龙江
12	HEB4	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	哈尔滨	黑龙江
13	HEB5	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	哈尔滨	黑龙江
14	HEB6	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	哈尔滨	黑龙江
15	FY1	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	浙江富阳	富春江
16	FY2	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	浙江富阳	富春江
17	FY3	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	浙江富阳	富春江
18	FY4	光泽黄颡鱼 <i>P. nitidus</i>	浙江富阳	富春江
19	YY5	长须黄颡鱼 <i>P. eupogon</i>	湖南岳阳	洞庭湖
20	YY6	长须黄颡鱼 <i>P. eupogon</i>	湖南岳阳	洞庭湖
21	YY7	长须黄颡鱼 <i>P. eupogon</i>	湖南岳阳	洞庭湖
22	YY8	长须黄颡鱼 <i>P. eupogon</i>	湖南岳阳	洞庭湖
23	YY9	长须黄颡鱼 <i>P. eupogon</i>	湖南岳阳	洞庭湖
24	YY10	长须黄颡鱼 <i>P. eupogon</i>	湖南岳阳	洞庭湖
25	JX	大鳍 <i>H. macropterus</i>	广西金秀	珠江

1.2 基因组 DNA 的提取 取鱼背部肌肉适量于 2.0mL 的 Eppendorf 管中。加 500UL HOM buffer (80mmol/L EDTA, 100mmol/L Tris, 0.5% SDS) 和 10UL 蛋白酶 K (0.15mg/mL), 56℃ 消化 3h 以上直至透明。加入 500UL 的氯化钠和 300UL 的三氯甲烷, 抽提得上清液。异丙醇 (0.7 倍于上清液) 沉淀, 0.5mL 70% 的酒精洗涤, 干燥后加适量 TE 缓冲液溶解, 存于 -20℃ 备用。

1.3 PCR 扩增及测序 PCR 扩增和测序引物均为: L11958 ND4: 5'-GGAGGCTACGGCATAATACGAA-3' H12780 Leu: 5'-GGTTCCTAAGACCAACGGATG-3'

PCR 反应的总体积为 60UL, 用大约 50ng 的基因组 DNA 作为模板, 反应体系还包括: 10× buffer 6UL, dNTPs 1UL (10mmol/L), 引物各 3UL (10μmol/L), Taq 酶 3U。PCR 反应条件为: 94℃ 预变性 3min, 然后循环包括: 94℃ 变性 30s, 50℃ 退火 30s, 72℃ 延伸 1min, 共 35 个循环, 最后在 72℃ 延伸 5min。扩增产物送上海基康生物公司纯化测序。

1.4 数据分析 DNA 序列的排序 (Alignment) 使用 Clustal X^[16] 软件, 并辅以手工调整。参照 GenBank 中部分鲇形目鱼类的 ND4 基因序列, 选取保守部分 (AAAGAC) 为序列的起始。分支系统树的构建使用 MEGA2.1^[17] 软件中的邻接法 (NJ), 其分枝的置信度采用重复抽样分析 (Bootstrap analysis) 方法, 抽样次数为 1000 次。序列中各碱基的含量及变异情况用 MEGA2.1 进行分析。

2 结果

2.1 ND4 基因和 tRNA 基因序列

所获得的基因片段序列长为 772bp (碱基 1-617 为 ND4 的 3' 端; 618-686 为 tRNA-His; 687-753 为 tRNA-Ser; 754-772 为 tRNA-Leu 的 5' 端)。序列中共有 108 个变异位点, 81 个信息位点。由 MEGA2.1 中的 Statistic 命令统计可得序列中碱基的组成情况 (表 2)。不同水系的光泽黄颡鱼 A、T、G 和 C 的含量分别为 32.0%、27.3%、14.2% 和 26.5%, 长须黄颡鱼分别为 31.5%、26.6%、14.5% 和 27.4%, 在碱基组成上两者之间差异不大。由表 2 可知, 所有样品的 A、T、G 和 C 的平均含量为 31.8%、27.1%、14.3% 和 26.6%, A+T 的含量是 58.9%, G+C 的含量是 40.9%, A+T 的含量明显高于 G+C 的含量。同时还可以得出, 这部分基因表现出很强的碱基组成偏向性, 即在 A、T、G、C 四种碱基中, G 的含量明显低于其他三种碱基的含量, 这些都与脊椎动物线粒体

DNA 的特点是一致的^[12]。

表 2 不同水系的光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼的碱基组成及密码子不同位点碱基含量

Tab. 2 Base composition for the ND4 gene and the adjacent tRNAs sequences of *P. nitidus* samples from different drainages and *P. eupogon* samples. Avg. indicates the average quantities of nucleotide

	T	C	A	G	T-1	G-1	A-1	G-1	T-2	G-2	A-2	G-2	T-3	G-3	A-3	G-3
YY2	27.2	26.7	31.9	14.2	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	20.3	28.9	44.1	6.6
TY2	27.2	26.6	31.9	14.3	26.1	24.1	30.7	19.1	35.3	26.7	20.9	17.1	20.3	28.9	44.1	6.6
FY2	27.3	26.7	31.7	14.2	25.6	24.4	31.0	19.0	35.7	26.7	20.5	17.1	20.7	28.9	43.8	6.6
YY4	27.3	26.6	32.0	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	20.7	28.5	44.5	6.3
FY4	27.3	26.6	32.0	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	20.7	28.5	44.5	6.3
TY3	27.2	26.6	32.2	14.0	25.7	24.5	30.7	19.1	35.3	26.7	20.9	17.1	20.7	28.5	44.9	5.9
HEB5	27.5	26.3	32.1	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	21.1	27.7	44.9	6.3
HEB6	27.5	26.3	32.1	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	21.1	27.7	44.9	6.3
HEB4	27.5	26.3	32.1	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	21.1	27.7	44.9	6.3
HEB3	27.5	26.3	32.1	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	21.1	27.7	44.9	6.3
HEB1	27.6	26.2	32.2	14.0	26.1	24.1	30.7	19.1	35.3	26.7	20.9	17.1	21.5	27.7	44.9	6.3
HEB2	27.6	26.3	31.9	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	21.6	27.8	44.3	6.3
YY1	27.3	26.6	32.0	14.1	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	20.7	28.5	44.5	6.3
FY1	27.0	26.5	32.2	14.2	25.6	24.8	30.6	19.0	35.3	26.4	21.3	17.1	20.2	28.4	44.7	6.6
YY3	27.4	26.3	32.0	14.3	26.1	24.1	30.7	19.1	35.3	26.7	20.9	17.1	20.7	28.1	44.5	6.6
FY3	27.2	26.6	31.9	14.4	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	20.3	28.5	44.1	7.0
JY	27.3	26.6	31.7	14.4	26.0	24.4	30.6	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	20.7	28.5	43.8	7.0
TY1	27.2	26.6	31.9	14.4	26.0	24.4	30.2	19.4	35.3	26.7	20.9	17.1	20.3	28.5	44.5	6.6
YY5	26.5	27.5	31.5	14.5	24.0	26.0	30.6	19.4	34.9	27.1	20.9	17.1	20.4	29.4	43.1	7.1
YY8	26.6	27.4	31.5	14.5	24.0	26.0	30.6	19.4	35.3	26.7	20.9	17.1	20.4	29.4	43.1	7.1
YY6	26.6	27.4	31.5	14.5	24.0	26.0	30.6	19.4	35.3	26.7	20.9	17.1	20.4	29.4	43.1	7.1
YY9	26.6	27.4	31.5	14.5	24.0	26.0	30.6	19.4	35.3	26.7	20.9	17.1	20.4	29.4	43.1	7.1
YY7	26.6	27.4	31.5	14.5	24.0	26.0	30.6	19.4	35.3	26.7	20.9	17.1	20.4	29.4	43.1	7.1
YY10	26.6	27.4	31.6	14.4	24.0	26.0	30.6	19.4	35.3	26.7	20.9	17.1	20.4	29.4	43.5	6.7
JX	25.8	28.7	30.6	14.9	24.0	26.0	31.0	19.0	35.3	26.7	20.9	17.1	18.0	33.3	40.0	8.6
Avg.	27.1	26.8	31.8	14.3	25.4	24.8	30.7	19.1	35.3	26.7	20.9	17.1	20.6	28.8	44.0	6.6

2.2 光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼的 ND4 基因和 tRNA 基因的变异情况

运用 MEGA2.1 软件中的 Statistic 命令分析得到碱基的替换情况(表 3)。由表 3 可知,不同水系的光泽黄颡鱼的 ND4 基因和 tRNA 基因中,发生转换的位点数为 0—7;而发生颠换的位点数为 0—3,转换数明显大于颠换数(有少数例外)。长须黄颡鱼的 ND4 基因和 tRNA 基因中,发生转换的位点数是 1—2,发生颠换的位点数是 0。而在光泽黄颡鱼

和长须黄颡鱼两种间,发生转换的位点数是 58—62;发生颠换的位点数是 11—14,转换数明显大于颠换数。由此可见,光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼种间的转换数和颠换数明显大于不同地理种群的光泽黄颡鱼的转换数和颠换数。同时还可得出:序列的变异主要发生在密码子的第三位碱基上,少数发生在第二位,这与蛋白质编码基因密码子第三位点进化最快,第二位点较保守的一般规律是一致的^[18]。

表3 不同水系的光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼ND4基因序列和tRNA基因序列转换数(下三角)和颠换数(上三角)

Tab. 3 Numbers of transitions (lower triangle) and transversions (upper triangle) for the ND4 gene and the adjacent tRNA gene sequences for *P. nitidus* samples from different areas and *P. eupogon* samples

	YY2	TY2	FY2	YY4	FY4	TY3	HEB5	HEB6	HEB4	HEB3	HEB1	HEB2	YY1	FY1	YY3	FY3	JY	TY1	YY5	YY8	YY6	YY9	YY7	YY10	JX	
YY2	0	3	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
TY2	1	3	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
YY4	4	5	4		0	0	1	1	1	1	0	0	0	2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
FY4	2	3	2	2		0	1	1	1	1	0	0	0	2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
TY3	3	4	3	3	3		1	1	1	1	0	0	0	2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
HEB5	3	4	3	5	3	2		0	0	0	1	1	1	3	2	2	1	2	13	13	13	13	13	13	13	13
HEB6	3	4	3	5	3	2	0		0	0	1	1	1	3	2	2	1	2	13	13	13	13	13	13	13	13
HEB4	3	4	3	5	3	2	0	0		0	1	1	1	3	2	2	1	2	13	13	13	13	13	13	13	13
HEB3	3	4	3	5	3	2	0	0	0		1	1	1	3	2	2	1	2	13	13	13	13	13	13	13	13
HEB1	5	6	5	7	5	4	2	2	2	2		0	0	2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
HEB2	4	5	4	6	4	3	1	1	1	1	1		0	2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
YY1	2	3	2	4	2	1	1	1	1	1	3	2		2	1	1	0	1	12	12	12	12	12	12	12	12
FY1	3	4	2	5	3	2	2	2	2	2	4	3	1		3	3	2	3	14	14	14	14	14	14	14	14
YY3	3	4	3	5	3	2	2	2	2	2	4	3	1	2		0	1	2	11	11	11	11	11	11	11	13
FY3	5	6	5	7	5	4	4	4	4	4	6	5	3	4	2		1	2	11	11	11	11	11	11	11	13
JY	4	5	4	6	4	3	3	3	3	3	5	4	2	3	1	3		1	12	12	12	12	12	12	12	12
TY1	5	6	5	7	5	4	4	4	4	4	6	5	3	4	4	6	5		13	13	13	13	13	13	13	13
YY5	62	63	63	62	62	59	61	61	61	61	63	62	60	61	61	63	62	60		0	0	0	0	0	0	4
YY8	61	62	62	61	61	58	60	60	60	60	62	61	59	60	60	62	61	59	1		0	0	0	0	0	4
YY6	61	62	62	61	61	58	60	60	60	60	62	61	59	60	60	62	61	59	1	0		0	0	0	0	4
YY9	61	62	62	61	61	58	60	60	60	60	62	61	59	60	60	62	61	59	1	0	0		0	0	0	4
YY7	61	62	62	61	61	58	60	60	60	60	62	61	59	60	60	62	61	59	1	0	0	0		0	0	4
YY10	60	61	61	60	60	57	59	59	59	59	61	60	58	59	59	61	60	58	2	1	1	1	1		0	4
JX	62	63	63	62	62	61	61	61	61	61	61	62	62	63	63	65	62	60	43	42	42	42	42	42	41	

2.3 碱基转换/颠换值和遗传距离分析

采用 Kimura 双参数模型统计得出光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼的ND4基因和tRNA基因序列转换/颠换值和遗传距离(表4)。由表4可知,不同水系光泽黄颡鱼的遗传距离为0.000—0.012,长须黄颡鱼的遗传距离为0.000—0.003,不同水系的光泽黄颡鱼与长须黄颡鱼种间的遗传距离为0.097—0.108,种间的遗传距离明显大于种内的遗传距离。转换/颠换值的变化范围为0.333—6.15,其中有几个转换/颠换比小于1,有一部分转换/颠换没有意义。

2.4 分子系统树

采用 Kimura 双参数模型构建的NJ分子系统树见图1,枝长表示分歧度,枝上的数值为1000次重复抽样检验得到的大于80%的支持率。从分子系统树可以看出,在有外类群的情况下,光泽黄颡鱼聚在一起,形成一个单系群,支持率是100%;长须黄颡鱼聚在一起,形成一个单系群,支持率也为100%。黑龙江水系的光泽黄颡鱼单独聚在一起形成一个单系群;长江上游、长江中游、富春江水系的光泽黄颡鱼在分子系统树上没有能够按水系区分开来。

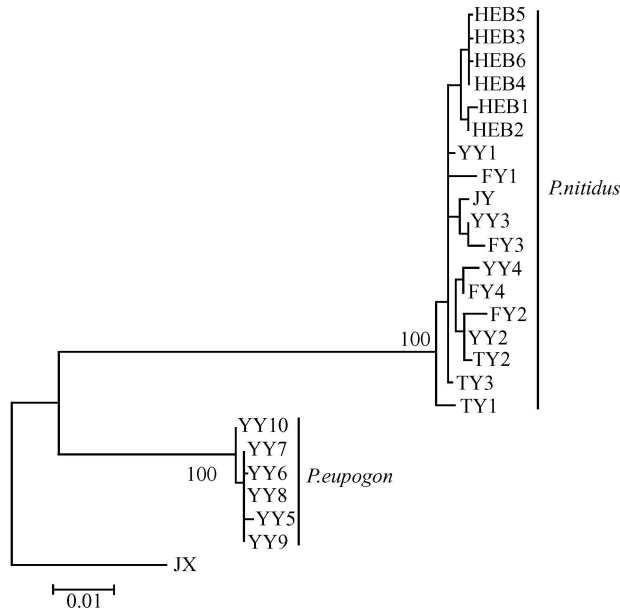


图1 不同水系的光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼的NJ分子系统树(数值表示1000次重复抽样检验得到的大于90%的支持率)

Fig. 1 The neighbor-joining (NJ) tree of *P. nitidus* samples in different drainages and *P. eupogon* samples.

Numbers at the nodes indicate bootstrap values beyond 90 percent of 1000 replicates for NJ tree

3 讨论

科鱼类的分类一直很混乱,黄颡鱼属鱼类亦如此,一些物种的有效性还值得探讨。因此,作者选取了两个相对近缘物种来进行物种有效性的研究。光泽黄颡鱼与长须黄颡鱼在分子系统树上完全分开为两个独立分支,它们之间的遗传距离在0.097—0.108之间,光泽黄颡鱼种内的遗传距离仅为0.000—0.012,即使物种的分类地位不能仅仅通过遗传距离来推断,但是光泽黄颡鱼和长须黄颡鱼之间如此大的遗传距离足以证明这是两个截然不同的物种,这从分子水平上证实了两者的物种有效性,与形态上的分类是一致的^[1,3]。Sanja等在研究*Ophi-thrix*属的棘皮类(*Echinodermata*)和蛇尾类(*Ophi-uroidea*)物种有效性时,亦根据它们之间的遗传距离(0.09—0.12)确定两者为有效种。

本研究发现不同水系的光泽黄颡鱼遗传变异很小(0.000—0.012),这可能是因为:(1)不同水系的光泽黄颡鱼基因交流频繁。不同水系光泽黄颡鱼的分化时间可能较晚,而且在第四纪数次冰川期可能进行过广泛的基因交流。Rocha-Olivares等在对*Sebastomus*亚属的14个种进行遗传变异分析时发现,这些种之间的遗传距离很小,表明这些种有最近共同祖先,并且在过去的几百万年扩散很快。中国的一些主要河流,如黄河、长江和珠江等水系,在过去的2000多年里,一直通过各种各样的人工运河联

系,从而可能造成不同水系的光泽黄颡鱼存在频繁的基因交流。(2)跟线粒体DNA的进化速率有关。光泽黄颡鱼的线粒体DNA的进化速率可能较小,Peng^[7]通过细胞色素*b*基因推算东亚科鱼类线粒体DNA的进化速率约为每百万年0.18%—0.30%。Watanabe采用线粒体DNA控制区研究中国普通黄颡鱼的种群遗传结构,发现不同水系(从珠江到黑龙江)普通黄颡鱼的遗传变异小于0.6%,推断这与东亚科鱼类的进化速率较小的原因有关。除黑龙江种群外,其他水系的光泽黄颡鱼没有按水系单独聚在一起,光泽黄颡鱼的谱系和采集地点之间没有存在明显的关系,黑龙江种群种内遗传距离总体上小于黑龙江种群与南方种群之间的遗传距离。近几十年来,因为餐饮业和人工引种的需要,黄颡鱼被从一个水系引种到另一个水系,在光泽黄颡鱼的几个南方种群之间可能存在着人工引种,而空间距离相隔很远的黑龙江种群与几个南方种群之间可能不存在人工引种。高志千等作过中华绒螯蟹的辽河、瓯江和长江种群的RAPD分析,辽河种群和瓯江种群间遗传距离($D=0.023$)小于它们与长江种群的遗传距离(D 值分别是0.028和0.032),提示人类经济活动可能已使辽河种群和瓯江种群发生了基因交流。

参考文献:

- [1] Chu X L, Zheng B S, Dai D Y. Fauna Sinica, Osteichthyes, Siluriformes [M]. Beijing: Science Press, 1999[褚新洛,郑葆珊,戴定

- 远. 中国动物志. 硬骨鱼纲. 鲈形目. 北京: 科学出版社, 1999]
- [2] Boulenger G A. Description of a new siluroid fish from China [J]. *Ann Mag Nat Hist*, 1892, **9**(6): 247
- [3] Jayaram K C. Contribution on the study of bagrid fishes (Siluridae: bagridae). 3. A systematic account of the Japanese, Chinese, Malayan, And Indonesian genera [J]. *Traibia*, 1968, **27**(2—3): 287—386
- [4] Sauvage H E, P Daby de Thiersant. Notes sur les poissons des eaux douces de China [J]. *Ann Sci Nat Paris Zool*, 1874, (5—6): 1—18
- [5] Zhang Y, Wang D. Studies on the osteology of the bagrid catfishes from Jialing River (⑤): an approach to the phylogenetic relationship [J]. *J Southwest China Normal Univ*, 1995, **20**(4): 432—439
- [6] Dai F T, Su J X. Studies on isozymes, skeleton, charact of eight bagrid catfish and comments on phylogenetic relations (Siluriformes: Bagridae) [J]. *Acta Zootaxonomic Sinica*, 1998, **23**(4): 432—439 [戴凤田, 苏锦祥. 科八种鱼类同工酶和骨骼特征分析及系统演化的探讨 (鲈形目: 科). 动物分类学报, 1998, **23**(4): 432—439]
- [7] Peng Z, He S, Zhang Y. Mitochondrial cytochrome *b* sequence variation and phylogeny of the East Asian catfishes [J]. *Progress in Nature Science*, 2002, **12**(6): 421—425
- [8] Zhang Y, Zhang E, He S P. Studies on the structure of the control region of the Bagridae in China and its phylogenetic significance [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2003, **27**(5): 463—467 [张燕, 张鹤, 何舜平. 中国 科鱼类线粒体 DNA 控制区结构及其系统发育分析. 水生生物学报, 2003, **27**(5): 463—467]
- [9] Avise J C, Hamrick J L. Conservation Genetics: Case Histories from Nature [M]. New York: Chapman & Hall, 1996, 431—470
- [10] Avise J C. The history and preview of phylogeography: a personal reflection [J]. *Molecular Ecology*, 1998, **7**: 371—379
- [11] Bematchez L, Wilson C C. Comparative phylogeography of Nearctic and Palearctic fishes [J]. *Molecular Ecology*, 1998, **7**: 431—452
- [12] Meyer A. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. In: Hochachaska, Mommsen. Eds. *Biochemistry and molecular biology of fishes* [M]. London: Elsevier Science Publishers, 1993, **2**: 1—38
- [13] Arvalo E, Davis S K, Sites J W Jr. Mitochondrial DNA sequence divergence and phylogenetic relationships among eight chromosome races of the *Sceloporus grammias* complex (Phrynosomatidae) in central Mexico [J]. *Systematic Biology*, 1994, **43**: 387—418
- [14] Russo C A M, Takezaki N, Nei M. Efficiencies of different tree building methods in recovering a known vertebrate phylogeny [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1996, **13**: 525—536
- [15] Bouin M S, Yowell C A, Courtney C H, et al. Substitution bias, rapid saturation, and the use of mtDNA for nematode systematic [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1998, **15**: 1719—1727
- [16] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequences alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Res*, 1997, **25**(4): 4876—4882
- [17] Kumar S, Tamura K, Jakobsen B I, et al. MEGA: molecular evolutionary genetics analysis. ver. 2. 0 [J]. *Bioinformatics*, 2001, **17**: 1244—1245
- [18] Irwin D M, Kocher T D, Wilson A C. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals [J]. *J Mol Evol*, 1991, **32**: 128—144

MITOCHONDRIAL DNA ND4 GENE SEQUENCES VARIATION OF TWO *PELTEOBAGRUS* SPECIES

DING Yan-Wei^{1,2}, PENG Zu-Gang¹, ZHANG Xu-Pu² and HE Shun-Ping¹

(1. Institute of Hydrobiology, the Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072; 2. College of Fishery, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

Abstract: Species of *Pelteobagrus nitidus* and *Pelteobagrus eupogon* are endemic to East Asia, which are the specimens in the present study. MitDNA ND4 (plus three 3' flanking tRNAs: histidine tRNA, serine tRNA and partial leucine tRNA) gene sequence variations of these two species from different drainages were studied in the present study. About 772 base pair sequences were obtained through PCR amplification. Sequence analysis was conducted using MEGA2. 1 software. *Hemibagrus macropterus* was selected as out-group. The Kimura's 2-parameter distances were calculated. The genetic distances among *P. nitidus* were from 0.000 to 0.012, and the genetic distances among *P. eupogon* were from 0.000 to 0.003. The genetic distances between *P. nitidus* from different drainages and *P. eupogon* were from 0.099 to 0.108, which suggest that *P. nitidus* and *P. eupogon* are two valid species. The genetic distances among *P. nitidus* from different drainages were small, the same as *P. nitidus* in the same drainages. The possible reasons are the following: (i) there are frequent gene flow among *P. nitidus* samples from different drainages; (ii) the evolution rate of the East Asian bagrid mitochondrial DNA is relatively slow; (iii) the human economic activities have probably caused change of genetic population structure of *P. nitidus*.

Key words: Bagridae; *Pelteobagrus*; Mitochondrial DNA ND4 gene; Genetic divergence