

文章编号:1000-2367(2020)06-0112-09

DOI:10.16366/j.cnki.1000-2367.2020.06.016

河南省新纪录种——粗壮高原鳅

周传江¹,刘如垚¹,胡博¹,汤永涛¹,马文文¹,杨长幸¹,赵文武²,李斌顺³,孟晓林¹,聂国兴¹

(1.河南师范大学 水产学院,河南 新乡 453007;2.安阳市水产技术推广服务中心,
河南 安阳 455000;3.林州市水产站,河南 林州 456550)

摘要:2015 年 10 月,河南省鱼类资源调查队于安阳林州市采集到高原鳅属鱼类 11 尾.运用形态学及分子系统学相结合的方法进行分析后,确定该高原鳅属鱼类为河南省鱼类新纪录种——粗壮高原鳅.标本保存于河南师范大学水产学院鱼类标本室.对于该鱼的主要形态特征、分布范围、生境情况、资源现状等进行了分析,提出了相应的资源保护建议.

关键词:高原鳅属;新纪录种;粗壮高原鳅;河南省

中图分类号:Q959

文献标志码:A

粗壮高原鳅(*Triplophysa robusta*)隶属于鲤形目(Cypriniformes),条鳅科(Nemacheilinae),高原鳅属(*Triplophysa*),是一种能适应高原低氧和寒冷环境的中小型鱼类.喜栖息在水质清澈,水流缓慢,具砾石底质的山涧溪流中,以藻类、水生无脊椎动物和有机碎屑为食.它们广泛分布在我国青藏高原及其毗邻区域,也有部分种类分布在华北地区^[1-2].受诸多因素的制约和影响,高原鳅属鱼类分类研究存在一些混乱,进而影响其区系及分布等方面的研究^[3].

2015 年 10 月,河南省鱼类资源调查队于林州市石板岩村露水河用地笼捕获 11 尾高原鳅属鱼类,后经形态鉴定和分子系统学分析确定为粗壮高原鳅,本种系河南省新纪录种,标本保存于河南师范大学水产学院鱼类标本室.本文结合采集标本情况和样点生境,初步分析了该鱼的主要鉴别特征、分布区域、生存环境、资源现状等,提出了对粗壮高原鳅加强保护的建議^[4].

1 材料与方 法

1.1 材 料

在河南省林州市石板岩村露水河用地笼诱捕获得 11 尾实验鱼,对其进行形态数据测量后,将其中 6 尾全鱼及 5 尾鱼的右侧胸鳍条采用体积分数 100%乙醇固定,用做 DNA 的提取.取过组织的 5 尾鱼采用体积分数 10%甲醛溶液固定,进行形态特征的描述和后续实验.

1.2 形态测量

用数显游标卡尺(精度为 0.01 mm)对 6 尾经体积分数 10%甲醛溶液固定的样本进行测量,测量全长(TL)、体长(BL)、体高(BD)、体宽(BW)、头长(HL)、吻长(SNL)、眼径(OD)、眼间距(IW)、尾柄长(CPL)、尾柄高(CPD)、背鳍长(DL)、胸鳍长(PFL)、腹鳍长(PVL)、臀鳍长(AL)、腹鳍基末端至臀鳍起点的距离(PV)、

收稿日期:2020-08-31;修回日期:2020-09-30.

基金项目:国家自然科学基金(31872199);河南省科技攻关重点项目(182102110007;182102110046;182102110237;172102310751);河南省创新型科技团队支持计划(CXTD2016043);2019 年度河南省高等学校青年骨干教师培养计划(2019GGJS063);河南省水产学重点学科支持.

作者简介:周传江(1980-),男,河南南阳人,河南师范大学副教授,博士,主要从事鱼类资源保护研究,E-mail:chuan-jiang88@163.com.

通信作者:聂国兴(1971-),男,河南长垣人,教授,博士,主要研究领域是水产动物营养与饲料学、渔业资源评估与利用,E-mail:nicgx@htu.cn.

腹鳍基起点至肛门的距离(PA)16项形态学指标,并用电子天平称量其体质量(BH)、体视镜(OPTEC)对样品背鳍、胸鳍、腹鳍、臀鳍进行计数^[4].

1.3 分子生物学方法

1.3.1 基因组 DNA 提取

DNA 提取采用酚-氯仿抽提法,其操作如下:消化、抽提、沉淀、漂洗、干燥等.所需试剂:DNA 提取液;蛋白酶 K;饱和酚;氯仿-异戊醇(体积分数 24:1);浓度为 3 mol/L 的醋酸钠;−20 °C 无水乙醇;体积分数 70% 冷乙醇;双蒸水.

1.3.2 PCR 扩增目的基因

用于 PCR 扩增线粒体 Cyt *b* 基因的引物对序列是:GluF_cytb:AACCACCGTTGTATTCAACTA-CAA,ThrR_cytb:ACCTCCGATCTTCGGATTACAAGACCG.PCR 反应体系为 30 μL:Mix 酶 15 μL,正反引物各 1.5 μL,基因组模板 1 μL,灭菌双蒸水 11 μL.PCR 反应条件为 94 °C 变性 5 min;94 °C 变性 30 s,55 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 90 s,共循环 30 次;72 °C 延伸 10 min,4 °C 保存.用于 PCR 扩增线粒体 COI 基因的引物对序列是:L-Tri-f:CATCCTACCTGTGGCAATCAC,L-Tri-r:TGGGCTCAGACAATAAATCCT.PCR 反应体系为 30 μL:Mix 酶 15 μL,正反引物各 1.5 μL,基因组模板 1 μL,灭菌双蒸水 11 μL.PCR 反应条件为 94 °C 变性 5 min;94 °C 变性 30 s,54 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 1 min,共循环 30 次;72 °C 延伸 10 min,4 °C 保存.对 PCR 产物进行检测,检测合格后送至武汉天一辉远生物科技公司进行双向测序.

1.4 数据分析

用 Lasergene 软件包中 Seqman^[5] 软件对测序结果中的峰图文件进行组装,组装完成后的序列通过 NCBI(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)网站进行 BLAST 分析,确认扩增片段是否为目的基因,并分别下载了高原鳅属的 Cyt *b* 序列(表 1)和 COI 序列(表 2),利用 Bioedit^[6] 软件对实验所获得的 Cyt *b* 和 COI 序列与数据库中下载得到的序列分别进行比对分析,在 MEGA7.0^[7] 软件中进行分子系统发育树的构建,模型采用 Kimura 双参(K2P),1 000 次重复抽样,其他参数为默认设置.将系统发育树中聚为一支的序列初分为一组,分别计算组内和组间遗传距离用于评价序列与物种之间的关系.

表 1 本研究中涉及的 Cyt *b* 基因的样品信息

Tab.1 Information of specimen based on Cyt *b* gene in this study

物种名称	组别	NCBI 登录号或样品编号	数据来源
粗壮高原鳅 <i>Triplophysa robusta</i>	C1	B10143,B10144,B10145,B10146,B10147,B10148, B10149,B10150,B10151,B10152,B10153	河南林州石板岩村露水河
粗壮高原鳅 <i>Triplophysa robusta</i>	C2	KX373850	Unpublished
细尾高原鳅 <i>Triplophysa stenura</i>	C3	KJ650349,KJ650347	Unpublished
斯氏高原鳅 <i>Triplophysa stoliczkae</i>	C4	DQ105249	文献[8]
湘西盲高原鳅 <i>Triplophysa xiangxiensis</i>	C5	JN696407	Unpublished
贝氏高原鳅 <i>Triplophysa bleekeri</i>	C6	FJ406591,FJ406587	Unpublished
拟鲶高原鳅 <i>Triplophysa siluroides</i>	C7	EF212443,KX373842	Unpublished
梭形高原鳅 <i>Triplophysa leptosoma</i>	C8	KX213653,KX373839	Unpublished
黑斑高原鳅 <i>Triplophysa strauchii</i>	C9	KX373853,KX373854	Unpublished
酒泉高原鳅 <i>Triplophysa hsutschouensis</i>	C10	KX373852	Unpublished
多斑高原鳅 <i>Triplophysa polyfasciata</i>	C11	KX373848	Unpublished
东方高原鳅 <i>Triplophysa orientalis</i>	C12	KX373846 DQ105251	Unpublished 文献[8]
拟硬刺高原鳅 <i>Triplophysa pseudostenura</i>	C13	KX373844	Unpublished
黄河高原鳅 <i>Triplophysa pappenheimi</i>	C14	KX373843	Unpublished
长身高原鳅 <i>Triplophysa tenuis</i>	C15	KX373841	Unpublished
硬刺高原鳅 <i>Triplophysa scleroptera</i>	C16	KX373840,KX289612	Unpublished
武威高原鳅 <i>Triplophysa wuweiensis</i>	C17	KX373838	Unpublished
叶尔羌高原鳅 <i>Triplophysa yarkandensis</i>	C18	KX373836	Unpublished
刺突高原鳅 <i>Triplophysa stewarti</i>	C19	DQ105248	文献[8]

续 表

物种名称	组别	NCBI 登录号或样品编号	数据来源
未命名种 <i>T.sp.GT2016</i>	C20	KX289613, KX289613	Unpublished
贞丰高原鳅 <i>Triplophysa zhenfengensis</i>	C21	MK610360, MK610359	Unpublished
鼻须高原鳅 <i>Triplophysa nasobarbatula</i>	C22	MK610357	Unpublished
保田高原鳅 <i>Triplophysa baotianensis</i>	C23	MK610353	Unpublished
佳荣盲高原鳅 <i>Triplophysa jiarongensis</i>	C24	KU987437	Unpublished
达里湖高原鳅 <i>Triplophysa dalaica</i>	C25	KT213590	文献[9]
中华沙鳅 <i>Botia udomritthiruji</i>	C26	NC_031601	Unpublished

表 2 本研究中涉及 COI 基因样品信息

Tab.2 Information of specimen based on COI gene in this study

物种名称	组别	NCBI 登录号或样品编号	数据来源
粗壮高原鳅 <i>Triplophysa robusta</i>	T1	C10143, C10144, C10145, C10146, C10147, C10148, C10149, C10150, C10151, C10152, C10153	河南林州石板岩村露水河
粗壮高原鳅 <i>Triplophysa robusta</i>	T2	MK250411, MK250406	Unpublished
拟鲶高原鳅 <i>Triplophysa siluroides</i>	T3	MK250391 KU558066	Unpublished, 文献[10]
西昌高原鳅 <i>Triplophysa xichangensis</i>	T4	MF123392, MF123393	Unpublished
硬刺高原鳅 <i>Triplophysa scleroptera</i>	T5	KU558069, KU558068	文献[10]
斯氏高原鳅 <i>Triplophysa stoliczkai</i>	T6	MF123388, MF123376	Unpublished
短须高原鳅 <i>Triplophysa brevicauda</i>	T7	MF123338 KU557958	Unpublished 文献[10]
细尾高原鳅 <i>Triplophysa stenura</i>	T8	KM611463 KU558097	文献[11] 文献[10]
怒江高原鳅 <i>Triplophysa nujiangensis</i>	T9	KM611449 KU558013	文献[11] 文献[10]
姚氏高原鳅 <i>Triplophysa yaopeizhii</i>	T10	KU558127, KU558126	文献[10]
武威高原鳅 <i>Triplophysa wuweiensis</i>	T11	KU558125	文献[10]
西藏高原鳅 <i>Triplophysa tibetana</i>	T12	KU558124	文献[10]
黑斑高原鳅 <i>Triplophysa strauchii</i>	T13	KU558123, KU558122	文献[10]
刺突高原鳅 <i>Triplophysa stewarti</i>	T14	KU558108	文献[10]
拟硬刺高原鳅 <i>Triplophysa pseudostenura</i>	T15	KU558047, KU558045	文献[10]
多斑高原鳅 <i>Triplophysa polyfasciata</i>	T16	KU558040, KU558038	文献[10]
东方高原鳅 <i>Triplophysa orientalis</i>	T17	KU558023, KU558019	文献[10]
墨曲高原鳅 <i>Triplophysa moquensis</i>	T18	KU558005, KU558004	文献[10]
小眼高原鳅 <i>Triplophysa microps</i>	T19	KU557986	文献[10]
麻尔科高原鳅 <i>Triplophysa markehenensis</i>	T20	KU557985, KU557983	文献[10]
理县高原鳅 <i>Triplophysa lixianensis</i>	T21	KU557981, KU557979	文献[10]
酒泉高原鳅 <i>Triplophysa hsutschouensis</i>	T22	KU557975, KU557965	文献[10]
黑背高原鳅 <i>Triplophysa dorsalis</i>	T23	KU557973, KU557972	文献[10]
大桥高原鳅 <i>Triplophysa daqiaoensis</i>	T24	KU557971, KU557970	文献[10]
达里湖高原鳅 <i>Triplophysa dalaica</i>	T25	MK250395, MK250408, MK250412 KU557967	Unpublished 文献[10]
软口高原鳅 <i>Triplophysa chondrostoma</i>	T26	KU557963, KU557964	文献[10]
贝氏高原鳅 <i>Triplophysa bleekeri</i>	T27	KU557921, KU557911	文献[10]
前鳍高原鳅 <i>Triplophysa anterodorsalis</i>	T28	KU557897, KU557896	文献[10]
阿里高原鳅 <i>Triplophysa aliensis</i>	T29	KU557895, KU557894	文献[10]
赛丽高原鳅 <i>Triplophysa sellaefer</i>	T30	MK250413, MK250390	Unpublished
中华沙鳅 <i>Botia udomritthiruji</i>	T31	NC_031601	Unpublished

2 结 果

2.1 形态学结果

11 尾鱼的形态特征与《中国条鳅志》^[1]中描述大致相同,体长为体高的 6.2~8.4 倍,为头长的 4.2~5.0 倍,为尾柄长的 4.4~6.3 倍;头长为吻长的 1.9~2.4 倍,为眼径的 6.3~8.3 倍;眼间距为眼径的 1.6~2.7 倍;尾柄长为尾柄高的 2.0~2.6 倍.具体描述见表 3.

表 3 粗壮高原鳅形态学数据

Tab.3 Morphological measurement data of *Triplophysa robusta*

mm														
编号	TL	BL	BD/BL	BW/BL	HL/BL	DL	PFL	PVL	AL	PV	PA	SNL/HL	OD/HL	IW/HL
10143	100.03	82.22	0.13	0.11	0.23	7.36	16.48	13.10	6.39	17.43	14.14	0.47	0.15	0.30
10144	88.93	74.82	0.13	0.12	0.22	8.91	13.29	11.80	5.97	13.56	11.64	0.47	0.13	0.33
10145	86.34	70.05	0.13	0.10	0.24	8.30	14.28	11.30	5.49	11.90	12.77	0.44	0.15	0.29
10146	80.86	67.76	0.12	0.10	0.23	8.08	12.59	11.51	4.52	14.67	14.45	0.45	0.13	0.30
10147	109.96	96.68	0.16	0.14	0.20	11.48	14.39	12.90	7.46	20.05	20.79	0.52	0.12	0.32
10148	92.70	79.93	0.15	0.14	0.21	9.46	12.41	10.97	7.05	17.76	15.64	0.47	0.12	0.28
10149	94.47	79.75	0.16	0.11	0.22	11.96	12.86	11.32	5.21	17.62	13.75	0.44	0.15	0.24
10150	79.25	66.70	0.16	0.11	0.21	8.51	10.74	8.96	3.75	16.96	11.22	0.47	0.16	0.26
10151	95.46	80.98	0.15	0.09	0.20	12.32	14.04	12.66	7.10	17.66	15.78	0.45	0.15	0.25
10152	93.23	78.51	0.16	0.11	0.23	11.62	12.84	11.53	4.98	17.32	11.96	0.42	0.14	0.26
10153	101.86	81.52	0.16	0.11	0.21	12.01	13.46	11.96	4.86	17.56	11.88	0.43	0.14	0.27
平均值	93.01	78.08	0.15	0.11	0.22	10.00	13.40	11.64	5.71	16.59	14.00	0.46	0.14	0.28
范围	79.25~	66.7~	0.12~	0.09~	0.2~	7.36~	10.74~	8.96~	3.75~	11.9~	11.22~	0.42~	0.12~	0.24~
	109.96	96.68	0.16	0.14	0.24	12.32	16.48	13.1	7.46	20.05	20.79	0.52	0.15	0.33
标准差	8.64	7.98	0.01	0.02	0.01	1.79	1.38	1.08	1.13	2.19	2.62	0.03	0.01	0.03

身体延长,粗壮,前躯宽,略呈圆筒形,后躯向尾鳍方向渐侧扁,尾柄起点处的宽小于尾柄高.头部稍扁平,头宽大于头高.吻长等于或稍长于眼后头长.口下位,唇狭,唇面光滑或有浅皱褶.下颌匙状,边缘露出.须较短,外吻须伸达鼻孔之下,颌须伸达眼中心和眼后缘之间的下方.鳞片退化,只在侧线附近和尾柄处能见到数量很少的残留鳞,个别个体则无鳞.侧线完全.

腹鳍基部起点相对于背鳍基部起点稍前,少数则与之相对,末端不伸达肛门(其间距约相等于 1.5~2 个眼径).尾鳍后缘深凹入,两叶等长.其形态特征见图 1.



(a) 口唇结构; (b) 侧视图.

2.2 分子生物学及分子系统学结果

本实验通过 PCR 扩增共获得粗壮高原鳅 Cyt *b* 序列 11 条.通过与 NCBI 数据库中的近缘种 Cyt *b* 基因序列比对后获得 1 112 bp 的一致序列,其中包含保守位点 514 个,简约信息位点 370 个,T,C,A,G 碱基比例分别为 24.9%,16.5%,31.2%,27.3%,从碱基组成上来看,A+T(56.1%)的比例高于 C+G(43.8%)的比例.通过与近缘种构建的 NJ 系统发育树可以看出,本实验所得的序列与数据库中的粗壮高原鳅单独聚为一支(图 2).通过系统发育结果对序列进行分组,计算同种鱼组内及组间遗传距离发现,本实验所获得的序列与数据库中的粗壮高原鳅种间遗传距离小于 0.02,其余各组之间遗传距离详见表 4.

本实验通过 PCR 扩增共获得粗壮高原鳅 COI 序列 11 条.通过与 NCBI 数据库中的近缘种 COI 基因序列比对后获得 624 bp 的一致序列,其中包含保守位点 458 个,简约信息位点 190 个,T,C,A,G 碱基比例分别为 30.1%,27.0%,24.4%,18.5%,从碱基组成上来看,A+T(54.5%)的比例高于 C+G(45.5%)的比例.通过与近缘种构建的 NJ 系统发育树可以看出,本实验所得的序列与数据库中的粗壮高原鳅单独聚为一支(图 3).通过系统发育结果对序列进行分组,计算同种鱼组内及组间遗传距离发现,本实验所获得的序列与数据库中的粗壮高原鳅种间遗传距离小于 0.02,其余各组之间遗传距离详见表 5.

图 1 粗壮高原鳅的主要形态鉴别特征

Fig.1 The main diagnostic morphological characteristics of *Triplophysa robusta*

表 4 不同种之间 Cyt b 基因遗传距离计算结果

Tab.4 The genetic distance between different species based on the Cyt b gene

物种	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15	C16	C17	C18	C19	C20	C21	C22	C23	C24	C25	
组内遗传距离																										
C1	0.001																									
C2	n/c	0.012																								
C3	0.007	0.214	0.216																							
C4	n/c	0.214	0.22	0.152																						
C5	n/c	0.220	0.213	0.216	0.241																					
C6	0.001	0.247	0.251	0.198	0.169	0.248																				
C7	0.002	0.118	0.120	0.205	0.210	0.226	0.224																			
C8	0.007	0.216	0.221	0.173	0.063	0.261	0.179	0.211																		
C9	0.092	0.196	0.195	0.167	0.182	0.221	0.206	0.178	0.192																	
C10	n/c	0.066	0.064	0.209	0.247	0.237	0.251	0.131	0.228	0.204																
C11	n/c	0.229	0.226	0.178	0.159	0.248	0.155	0.217	0.174	0.195	0.238															
C12	0.094	0.201	0.203	0.155	0.169	0.220	0.197	0.19	0.191	0.118	0.219	0.184														
C13	n/c	0.189	0.190	0.149	0.170	0.219	0.201	0.170	0.172	0.099	0.204	0.188	0.097													
C14	n/c	0.117	0.118	0.206	0.205	0.228	0.223	0.003	0.207	0.178	0.130	0.219	0.190	0.172												
C15	n/c	0.198	0.198	0.171	0.181	0.225	0.210	0.194	0.182	0.111	0.217	0.207	0.118	0.106	0.193											
C16	0	0.192	0.193	0.146	0.164	0.219	0.198	0.176	0.169	0.099	0.204	0.191	0.097	0.004	0.178	0.100										
C17	n/c	0.221	0.229	0.158	0.165	0.229	0.195	0.219	0.164	0.132	0.238	0.182	0.125	0.132	0.216	0.144	0.129									
C18	n/c	0.291	0.295	0.259	0.298	0.303	0.278	0.280	0.301	0.265	0.285	0.282	0.273	0.268	0.280	0.279	0.264	0.259								
C19	n/c	0.220	0.215	0.102	0.161	0.215	0.205	0.205	0.173	0.186	0.234	0.195	0.166	0.162	0.209	0.167	0.162	0.182	0.276							
C20	0.003	0.199	0.198	0.176	0.175	0.211	0.198	0.178	0.193	0.145	0.222	0.178	0.137	0.129	0.179	0.150	0.130	0.154	0.258	0.173						
C21	0.001	0.239	0.235	0.245	0.251	0.170	0.268	0.253	0.273	0.248	0.243	0.255	0.259	0.253	0.252	0.261	0.257	0.254	0.318	0.229	0.229					
C22	n/c	0.239	0.231	0.237	0.256	0.086	0.270	0.222	0.277	0.234	0.257	0.259	0.219	0.225	0.223	0.258	0.231	0.230	0.323	0.237	0.228	0.170				
C23	n/c	0.246	0.249	0.258	0.273	0.174	0.260	0.240	0.280	0.254	0.244	0.287	0.272	0.272	0.239	0.262	0.275	0.253	0.322	0.244	0.242	0.070	0.169			
C24	n/c	0.259	0.260	0.266	0.277	0.221	0.286	0.286	0.287	0.242	0.289	0.274	0.229	0.246	0.289	0.251	0.246	0.231	0.273	0.260	0.224	0.245	0.237	0.252		
C25	n/c	0.190	0.193	0.168	0.166	0.227	0.207	0.191	0.176	0.137	0.208	0.218	0.120	0.120	0.187	0.147	0.118	0.130	0.274	0.174	0.140	0.252	0.242	0.256	0.236	
C26	n/c	0.270	0.271	0.272	0.289	0.263	0.292	0.275	0.301	0.275	0.285	0.293	0.274	0.273	0.277	0.284	0.269	0.267	0.281	0.275	0.278	0.292	0.296	0.278	0.254	0.275

表 5 不同种之间 COI 基因遗传距离计算结果
Tab.5 The genetic distance between different species based on the COI gene

组内遗 物种 遗传距离	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	T10	T11	T12	T13	T14	T15	T16	T17	T18	T19	T20	T21	T22	T23	T24	T25	T26	T27	T28	T29	T30		
T1	0																															
T2	0	0																														
T3	0.01	0.06	0.06																													
T4	0	0.13	0.13	0.14																												
T5	0	0.13	0.13	0.12	0.06																											
T6	0	0.13	0.13	0.13	0.09	0.09																										
T7	0	0.14	0.14	0.13	0.10	0.09	0.10																									
T8	0	0.13	0.13	0.12	0.09	0.09	0.05	0.05																								
T9	0	0.13	0.13	0.12	0.10	0.09	0.11	0.02	0.06																							
T10	0	0.13	0.13	0.13	0.01	0.05	0.09	0.10	0.09	0.10																						
T11	n/c	0.12	0.12	0.12	0.08	0.08	0.08	0.10	0.08	0.10	0.08																					
T12	n/c	0.14	0.14	0.12	0.08	0.08	0.10	0.06	0.05	0.07	0.08	0.09																				
T13	0	0.14	0.14	0.16	0.07	0.06	0.10	0.12	0.09	0.11	0.06	0.09	0.10																			
T14	n/c	0.14	0.14	0.13	0.09	0.09	0.11	0.07	0.06	0.07	0.09	0.10	0.07	0.11																		
T15	0	0.06	0.06	0.00	0.14	0.12	0.13	0.12	0.13	0.13	0.13	0.12	0.16	0.13																		
T16	0	0.14	0.14	0.15	0.11	0.12	0.13	0.13	0.11	0.12	0.11	0.12	0.12	0.13	0.15																	
T17	0	0.13	0.13	0.13	0.05	0.07	0.09	0.11	0.09	0.10	0.05	0.08	0.10	0.08	0.09	0.13	0.11															
T18	0	0.12	0.12	0.14	0.06	0.07	0.09	0.11	0.10	0.11	0.06	0.07	0.09	0.07	0.11	0.14	0.12	0.06														
T19	n/c	0.14	0.14	0.14	0.08	0.07	0.10	0.09	0.08	0.10	0.08	0.10	0.08	0.10	0.09	0.14	0.11	0.08	0.08													
T20	0	0.13	0.13	0.12	0.06	0.00	0.09	0.09	0.09	0.05	0.08	0.08	0.06	0.10	0.13	0.12	0.07	0.06	0.08													
T21	0	0.13	0.13	0.13	0.09	0.08	0.09	0.06	0.02	0.06	0.08	0.08	0.05	0.09	0.06	0.13	0.12	0.08	0.09	0.08	0.08											
T22	0	0.13	0.13	0.14	0.11	0.11	0.10	0.12	0.10	0.11	0.11	0.10	0.11	0.11	0.15	0.09	0.12	0.11	0.10	0.11	0.11											
T23	0	0.15	0.15	0.17	0.09	0.08	0.11	0.12	0.12	0.13	0.08	0.10	0.12	0.06	0.10	0.17	0.12	0.09	0.08	0.10	0.07	0.11	0.12									
T24	0	0.13	0.13	0.13	0.00	0.06	0.09	0.10	0.09	0.10	0.01	0.08	0.09	0.07	0.09	0.14	0.11	0.05	0.06	0.08	0.06	0.09	0.11	0.09								
T25	0	0.14	0.14	0.13	0.08	0.09	0.09	0.10	0.1	0.11	0.08	0.08	0.11	0.10	0.11	0.13	0.11	0.08	0.09	0.09	0.08	0.10	0.11	0.10	0.08							
T26	0.01	0.15	0.15	0.17	0.09	0.08	0.11	0.12	0.12	0.13	0.08	0.10	0.12	0.06	0.11	0.17	0.13	0.09	0.09	0.10	0.07	0.11	0.12	0	0.09	0.10						
T27	0	0.13	0.13	0.15	0.12	0.12	0.13	0.11	0.11	0.11	0.12	0.12	0.11	0.13	0.13	0.15	0.04	0.11	0.12	0.11	0.12	0.08	0.13	0.12	0.13	0.13						
T28	0.01	0.14	0.14	0.15	0.11	0.11	0.12	0.14	0.12	0.13	0.11	0.09	0.12	0.11	0.12	0.16	0.15	0.11	0.10	0.12	0.11	0.10	0.13	0.11	0.12	0.14	0.15					
T29	0	0.12	0.12	0.11	0.08	0.09	0.09	0.06	0.03	0.06	0.08	0.08	0.06	0.09	0.05	0.11	0.13	0.08	0.10	0.08	0.09	0.03	0.10	0.11	0.08	0.09	0.12	0.11	0.12			
T30	0	0.14	0.14	0.13	0.06	0.07	0.09	0.10	0.09	0.10	0.06	0.09	0.08	0.09	0.14	0.12	0.07	0.07	0.09	0.07	0.08	0.11	0.08	0.06	0.08	0.08	0.13	0.11	0.09			
T31	n/c	0.20	0.20	0.23	0.21	0.21	0.22	0.22	0.20	0.21	0.20	0.22	0.23	0.21	0.23	0.20	0.20	0.21	0.22	0.21	0.22	0.21	0.22	0.23	0.21	0.22	0.23	0.20	0.21	0.21	0.09	

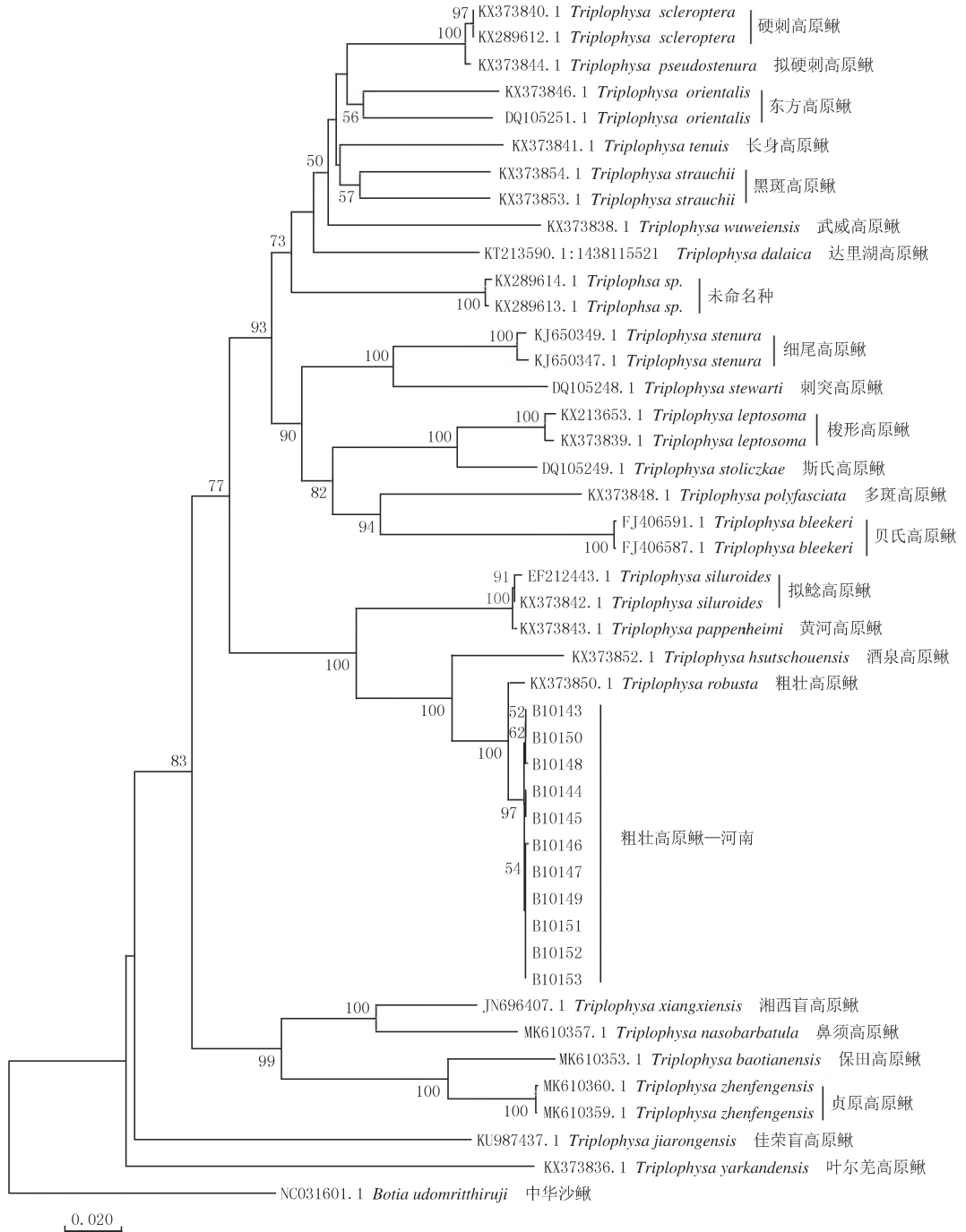


图2 基于线粒体Cyt *b*基因高原鳅属鱼类邻接法(neighbor-joining method, NJ)系统发育关系

Fig.2 *Triplophysa* phylogenetic relationship based on mitochondrial Cyt *b* gene by neighbor-joining method

3 讨论

3.1 粗壮高原鳅物种的确定

据《中国内陆鱼类物种与分布》^[12]记载,我国共有高原鳅属鱼类 100 多种.据《中国条鳅志》记载,粗壮高原鳅主要分布在我国黄河上游及其支流-洮河、湟水、大通河等,嘉陵江上游.此次河南省鱼类资源调查队在林州市石板岩村露水河发现粗壮高原鳅,与《中国条鳅志》中所描述的在形态方面相似,但体长与体高、头长、尾柄长等比例特征存在一定的差异,例如《中国条鳅志》中记录,眼间距为眼径的 1.3~1.8 倍,本实验中的测

量结果范围在 1.6~2.7 之间,推测可能是由于测量过程中存在一些误差和不同地理种群之间形态差异造成的。结合系统发育结果,该研究种 *Cyt b* 与 *COI* 数据均与数据库中的粗壮高原鳅聚为一支,且在与高原鳅属所有种进行比对时,与粗壮高原鳅的种间遗传距离均小于 0.02。因此,结合形态特征我们将河南省发现的高原鳅种确定为粗壮高原鳅。

3.2 粗壮高原鳅的分布范围及生境情况

除《中国条鳅志》所记载粗壮高原鳅主要分布范围外,河南省鱼类资源调查队在河南省境内南太行山脉和秦岭山脉周边的山溪中发现多种高原鳅,通过分子数据发现其中可能存在粗壮高原鳅^[13]。本文对河南安阳林州发现的粗壮高原鳅进行了形态及分子的鉴定,确定了河南省内粗壮高原鳅的存在,从而进一步扩大了粗壮高原鳅的分布范围。据采样过程中的观察,该鱼多栖息在海拔较高、水温较低水体中。

3.3 粗壮高原鳅的资源现状及保护

在对河南省鱼类资源调查中,在海河和黄河不同支流的多个采样点发现了粗壮高原鳅,且形成了一定的种群。在查阅地方县志及询问过程中,均未发现此

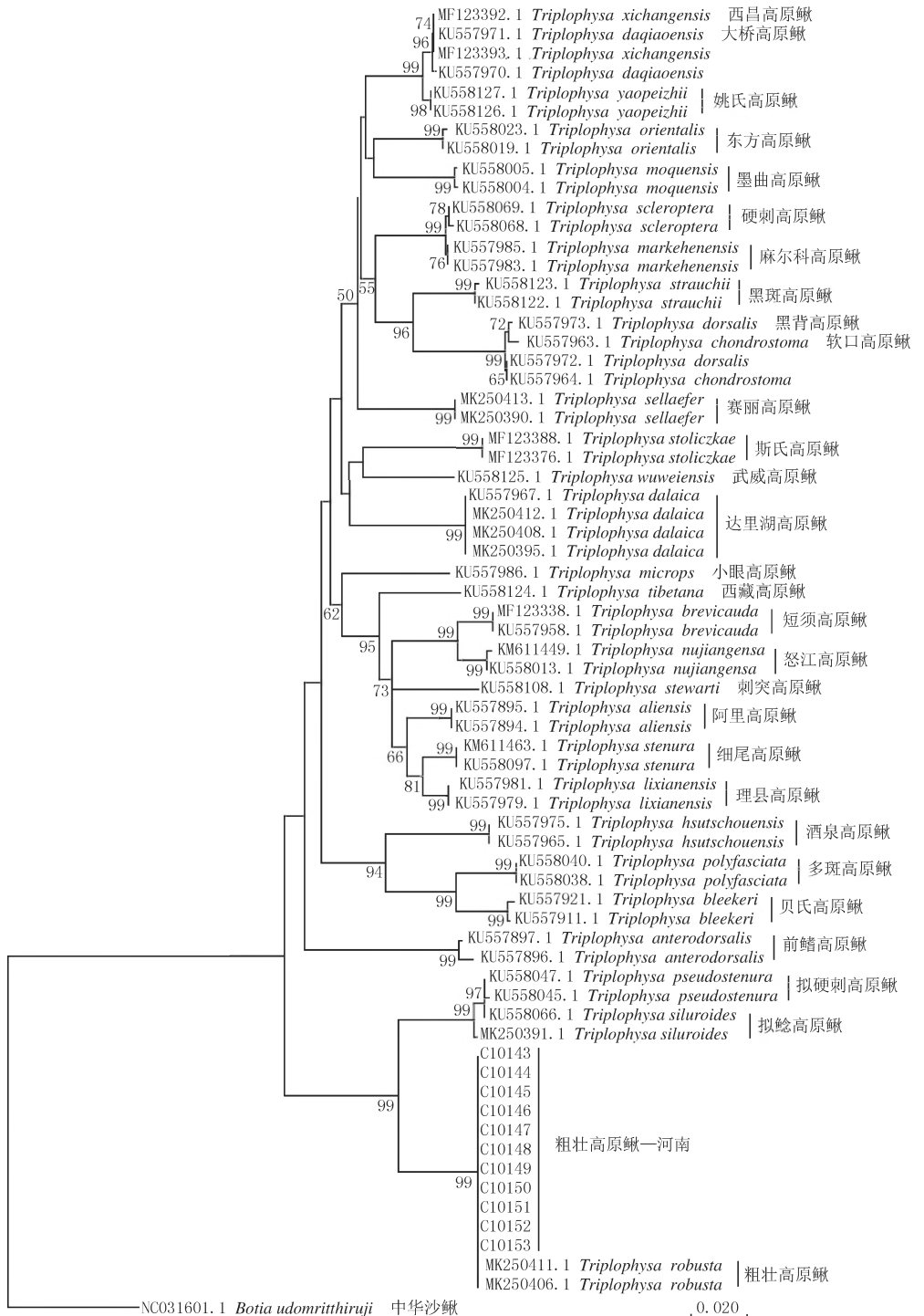


图3 基于线粒体*COI*基因高原鳅属鱼类邻接法(neighbor-joining method, NJ)系统发育关系
Fig.3 *Triplophysa* phylogenetic relationship based on mitochondrial *COI* gene by neighbor-joining method

鱼的存在,且在1984年版的《河南鱼类志》^[14]中也无此鱼的记载,但在调查过程中采集到多尾样品,说明粗壮高原鳅在采集样点的生境中能够正常生长繁殖.该鱼多生长于海拔较高、水温较低的生境中,远离人群,生活环境较为隐蔽,多为急流环境,有砾石.因此对于该鱼的种质资源保护应从其基础生物学研究,遗传多样性评价等方面开展.

参 考 文 献

- [1] 朱松泉.中国条鳅志[M].南京:江苏科学技术出版社,1989:68-133.
ZHU S Q.The loaches of the subfamily Nemacheilinae in China(Cypriniformes:Cobitidae)[M].Nanjing:Jiangsu Science and Technology Press,1989:68-133.
- [2] 何春林,宋昭彬,张鸷.中国高原鳅属鱼类及其分类研究现状[J].四川动物,2011,30(1):150-155.
HE C L,SONG Z B,ZHANG E. *Triplophysa* fishes in China and the status of its taxonomic studies[J].Sichuan Journal of Zoology, 2011,30(1):150-155.
- [3] CHEN X,YANG J. *Triplophysa rosa* sp.nov,a new blindloach from China[J].Journal of Fish Biology,2005,66(11):599-608.
- [4] 聂国兴,汪曦,周传江,等.基于形态学和分子系统学数据分析河南省鱼类新纪录种—北鳅[J].河南师范大学学报(自然科学版),2019, 47(5):1-6.
NIE G X,WANG X,ZHOU C J,et al.Analysis of new fish record of *Lefua costata* in Henan province based on morphological and molecular systematic data[J].Journal of Henan Normal University(Natural Science Edition),2019,47(5):1-6.
- [5] SWINDELL S R,PLASTERER T N.Seqman:contig assembly[J].Methods in Molecular Biology,1997,70(6):75-89.
- [6] TIPPMANN H F.Analysis for free:Comparing programs for sequence analysis[J].Briefings in Bioinformatics,2004,5(1):82-87.
- [7] SUDHIR KGS,KOICHIRO T.MEGA7:Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for bigger datasets[J].Molecular Biology and Evolution,2016,33(7):1870-1874.
- [8] TANG Q,LIU H,MAYDEN R,et al.Comparison of evolutionary rates in the mitochondrial DNA cytochrome b gene and control region and their implications for phylogeny of the Cobitoidea(Teleostei:Cypriniformes)[J].Molecular Phylogenetics and Evolution,2006,39(2):347-357.
- [9] WANG Y,SHEN Y,FENG C,et al.Mitogenomic perspectives on the origin of Tibetan loaches and their adaptation to high altitude[J].Scientific reports,2016,6(1):1-10.
- [10] LI J,WANG Y,JIN H,et al.Identification of *Triplophysa* species from the Qinghai-Tibetan Plateau(QTP) and its adjacent regions through DNA barcodes[J].Gene,2017,605:12-19.
- [11] CHEN W,MA X,SHEN Y,et al.The fish diversity in the upper reaches of the Salween River,Nujiang River,revealed by DNA barcoding [J].Scientific Reports,2015,5(1):1-12.
- [12] 张春光.中国内陆鱼类物种与分布[M].北京:科学出版社,2016.
ZHANG C G.Species diversity and distribution of inland fish in China[M].Beijing:Science Press,2016.
- [13] WU H H,GU Q H,ZHOU C J,et al.Molecular phylogeny and biogeography of *Triplophysa* stone loaches in the Central Chinese Mountains[J].Biological Journal of the Linnean Society,2020,130(3):563-577.
- [14] 新乡师范学院生物系.河南鱼类志[M].郑州:河南科技出版社,1984.
Department of biology,Xinxiang normal university.The fishes of Henan[M].Zhengzhou:Henan Science and Technology Press,1984.

A new record species of fish in Henan Province——*Triplophysa robusta*

Zhou Chuanjiang¹, Liu Ruyao¹, Hu Bo¹, Tang Yongtao¹, Ma Wenwen¹, Yang Changxing¹,
Zhao Wenwu², Li Binshun³, Meng Xiaolin¹, Nie Guoxing¹

(1.College of Fisheries, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China; 2.Aquatic Technology Extension Service Center of Anyang city, Anyang 455000, China; 3.Linzhou City Aquatic Station, Linzhou 456550, China)

Abstract: In October 2015, the Henan Fish Resources Investigation Team collected 11 fish of the genus *Triplophysa* in Linzhou County, Anyang City. The combination of morphological analysis and molecular systematics was used to determine that the genus *Triplophysa* was a new record species in Henan Province—*Triplophysa robusta*. Specimens were kept in the fish specimen room of the fisheries college of Henan Normal University. In this paper, the main morphological characteristics, distribution range, habitat situation and resource status of the fish were preliminarily analyzed, and Suggestions for resource protection were put forward.

Keywords: *Triplophysa*; new record species; *Triplophysa robusta*; Henan Province

[责任编辑 王凤产 杨浦]