

DOI: 10.3724/SP.J.1035.2011.00449

基于四个线粒体基因片段的银鱼科鱼类系统发育

郭立¹ 李隽¹ 王忠锁² 傅萃长¹

(1. 复旦大学生物多样性科学研究所, 生物多样性与生态工程教育部重点实验室, 上海 200433;

2. 首都师范大学生命科学学院, 北京 100037)

摘要: 银鱼科鱼类是我国重要的经济鱼类, 但其属间系统发育关系与属、种的界定尚存争议。研究使用线粒体 12S/16S 核糖体 RNA、细胞色素 *c* 氧化酶亚基 (*CO*) 基因部分序列以及 NADH 脱氢酶亚基 1 全长序列重建银鱼科属间的系统发育。结果显示银鱼科鱼类是单系群, 白肌银鱼属在银鱼系统发育的基部, “大银鱼属+新银鱼属”、“间银鱼属+银鱼属”形成两个单系亚群, 但日本银鱼属的位置没有很好解决。基于 *COI* 基因序列计算的“短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群”种间遗传距离为 0—0.19%、“乔氏-寡齿新银鱼复合群”种间遗传距离为 0%。整合研究结果与前人形态、分子证据, 详细地讨论了银鱼的属、种分类。

关键词: 银鱼; 银鱼科; 大银鱼; 新银鱼; 系统发育

中图分类号: Q349⁺.1 文献标识码: A 文章编号: 1000-3207(2011)03-0449-11

银鱼是银鱼科鱼类的简称, 分布于从库页岛、海参崴直到越南北部的江、湖、河口与近海水体中^[1,2], 我国是银鱼多样性最为丰富的国家^[2,3]。McDowall^[4]和 Nelson^[5]将银鱼科(Salangidae)放在胡瓜鱼亚目(Osmeroidei)中, 完成了北半球类群胡瓜鱼超科(Osmeroidea)和南半球类群南乳鱼超科(Galaxioidea)的划分。现行国际上较为通用的 Johnson & Patterson^[6]低等真骨鱼类(Euteleostei)分类系统把银鱼放在胡瓜鱼亚目、胡瓜鱼科(Osmeridae)、胡瓜鱼亚科(Osmerinae)、银鱼族(Salangini), 该族中除了银鱼各属外还包括毛鳞鱼属(*Mallotus*)。Nelson^[7]采纳了 Johnson & Patterson^[6]的系统, 但把胡瓜鱼亚目提升为胡瓜鱼目(Osmeriformes)。同时, Nelson^[7]也接受 Ishiguro, *et al.*^[8]分子系统发育的研究结果, 即把银鱼族姊妹群其他银鱼属(*Sundasalanx*)放在鲱形目(Clupeiformes)鲱科(Clupeidae)中。Fu, *et al.*^[9]基于线粒体细胞色素 *b* 和 16S 核糖体 RNA 基因部分序列重建的银鱼科属间系统发育揭示银鱼族是单系群, 应提升为银鱼亚科(Salanginae)。Ilves & Taylor^[10]同意

Fu, *et al.*^[9]的研究结果, 并建议恢复使用银鱼科。因此, 银鱼的分类地位应为胡瓜鱼目银鱼科^[11]。

依 Zhang & Qiao^[2], 银鱼科鱼类含 6 属 17 种, 包括大银鱼属(*Protosalangx*)1 种、间银鱼属(*Hemisalanx*)2 种、银鱼属(*Salangx*)2 种、新银鱼属(*Neosalangx*)9 种、白肌银鱼属(*Leucosoma*)1 种和日本银鱼属(*Salangichthys*)2 种。然而, 实际物种没有这么多, 本文讨论部分将详细叙述。银鱼科各属之间的系统发育关系, 已有四种形态假说和 2 种分子假说(图 1)。Regan^[12]把银鱼列为银鱼亚科, 并基于前颌骨形状把银鱼划分为两个类群, 大银鱼属、间银鱼属和日本银鱼属组成一个类群; 银鱼属、副银鱼属(*Parasalanx*)和白肌银鱼属组成另一个类群(图 1a)。Fang^[13]报道副银鱼属是银鱼属的同物异名。Wakiya & Takahasi^[14]把银鱼亚科提升为银鱼科, 包括 3 亚科 6 属(含 1 新属, 即新银鱼属), 大银鱼亚科(*Protosalanginae*)包括大银鱼属、日本银鱼属和新银鱼属; 间银鱼亚科(*Hemisalanginae*)只包括间银鱼属; 银鱼亚科包括银鱼属和白肌银鱼属(图 1b)。Roberts^[1]

收稿日期: 2010-04-30; 修订日期: 2010-12-25

基金项目: 国家重点基础研究发展计划项目(2009CB421103); 国家自然科学基金(30970338); 上海市教育委员会科研创新项目(09ZZ02)资助

作者简介: 郭立(1985—), 男, 四川成都人; 硕士研究生; 主要从事鱼类生态与进化研究。E-mail: guolistory@gmail.com

通讯作者: 傅萃长, 副教授, 博士生导师; E-mail: czfu@fudan.edu.cn

使用骨骼的特征将银鱼科划分为 3 亚科 4 属(图 1c)。他提出日本银鱼亚科(*Salangichthysinae*)包括日本银鱼属和新银鱼属,大银鱼亚科只包括大银鱼属和银鱼亚科只包括银鱼属下设 3 个亚属,即银鱼亚属、间银鱼亚属与白肌银鱼亚属。Zhang & Qiao^[2]使用骨骼、卵膜丝等特征将银鱼科划分为 2 亚科 6 属(图 1d)。他们提出一个新亚科称为新银鱼亚科(*Neosalanginae*),包括大银鱼属、日本银鱼属和新银鱼属,另一个亚科银鱼亚科包括银鱼属、间银鱼属和白肌银鱼属。目前国内学者大多使用 Zhang & Qiao^[2]的分类系统。Fu, *et al.*^[9]基于 16S 核糖体 RNA、细胞色素 *b* 基因部分序列的银鱼科属间分子系统发育关系分析支持大银鱼属和新银鱼属是姊妹群关系,银鱼属和间银鱼属是姊妹群关系,而白肌银鱼属、日本银鱼属的位置没有解决(图 1e)。Zhang, *et al.*^[11]基于细胞色素 *b* 基因全长序列重建的银鱼科属间系统发育建立 1 新属,即小银鱼属(*Microsalanx*)。他们的研究揭示大银鱼属、新银鱼属和小银鱼属是姊妹群关系具有高的统计支持率,但是其他各属间的相互关系仅

仅具有低的统计支持率(图 1f)。因此,银鱼科鱼类属间系统发育关系有待进一步研究。

本研究使用线粒体 12S/16S 核糖体 RNA、细胞色素 *c* 氧化酶亚基 (*CO*) 基因部分序列以及 NADH 脱氢酶亚基 1 基因的全长序列重建银鱼科属间的系统发育。主要目的包括: (1)验证已存在的银鱼科属间系统发育假说; (2)检查间银鱼属的有效性; (3)*CO* 基因能否用于银鱼物种的分子鉴定; (4)整合本研究结果与前人形态、分子研究结果,详细地探讨了银鱼属、种分类问题。

1 材料与方法

1.1 物种选择和分子标记

本研究取银鱼科 6 属 14 种鱼类的 44 尾个体(表 1)。López, *et al.*^[15]基于线粒体与核基因重建的低等真骨鱼类上水平系统发育揭示青瓜鱼科(*Retropinnidae*)和北半球胡瓜鱼类是姊妹群。因此,本研究选择香鱼科、胡瓜鱼科和青瓜鱼科的 6 种鱼类作为外类群(表 1)。新银鱼属鱼类的鉴定依据张玉玲^[16],其他银

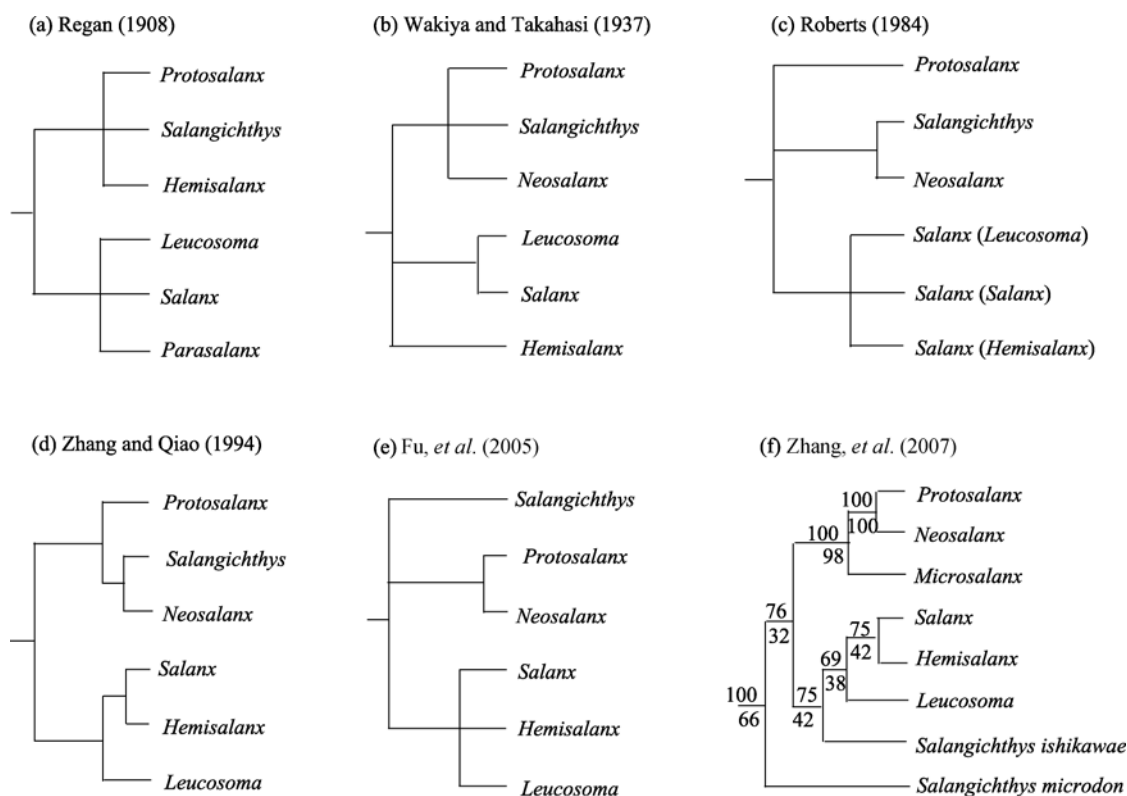


图 1 基于形态数据(a-d)和分子数据(e-f)提出的六种银鱼属间系统发育关系假说

Fig. 1 Six alternative hypotheses on the genus-level phylogenetic relationships of noodle-fishes (Salangidae) based on morphology (a-d) and molecules (e-f)

图 f 中, 节点上方是贝叶斯后验概率、下方标注是自展支持度

For sub-figure f, above the branches are Bayesian posterior probabilities and below the branches are bootstrap confidence

表 1 本研究所用物种、采样地点、编号及 Genbank 登录号
Tab. 1 List of species, sampling location, code and Genbank accession number in this study

	中文名 Species	采集地点 Sampling location	编号 Code	Genbank 登录号 (Genbank accession No.)			
				12S	16S	ND1	CO
银鱼科 Salangidae							
大银鱼 <i>Protosalanx chinensis</i> (Basilewsky, 1955)		湖北天鹅洲	Pc1	HM151454	HM151504	HM151404	HM151554
		江苏高邮湖	Pc2	HM151455	HM151505	HM151405	HM151555
		江苏射阳河口	Pc3	HM151456	HM151506	HM151406	HM151556
安氏新银鱼 <i>Neosalanx anderssoni</i> (Rendahl, 1923)		长江口	Na1	HM151457	HM151507	HM151407	HM151557
		长江口	Na2	HM151458	HM151508	HM151408	HM151558
		长江口	Na3	HM151459	HM151509	HM151409	HM151559
		山东套儿河口	Na4	HM151460	HM151510	HM151410	
		山东套儿河口	Na5	HM151461	HM151511	HM151411	HM151560
短吻新银鱼 <i>Neosalanx brevirostris</i> (Pellegrin, 1923)		广西党江口	Nb1	HM151462	HM151512	HM151412	HM151561
		广西党江口	Nb2	HM151463	HM151513	HM151413	HM151562
近太湖新银鱼 <i>Neosalanx pseudotaihuensis</i> Zhang, 1987		湖北徐家河水库	Np1	HM151464	HM151514	HM151414	HM151563
		湖北徐家河水库	Np2	HM151465	HM151515	HM151415	HM151564
		安徽泊湖	Np3	HM151466	HM151516	HM151416	HM151565
太湖新银鱼 <i>Neosalanx taihuensis</i> Chen, 1956		安徽泊湖	Nt1	HM151467	HM151517	HM151417	HM151566
		江苏太湖	Nt2	HM151468	HM151518	HM151418	HM151567
		江苏太湖	Nt3	HM151469	HM151519	HM151419	HM151568
		黄河口	Nt4	HM151470	HM151520	HM151420	HM151569
陈氏新银鱼 <i>Neosalanx tangkahkeii</i> (Wu, 1931)		广东韩江口	Ntk1	HM151471	HM151521	HM151421	HM151570
		广东韩江口	Ntk2	HM151472	HM151522	HM151422	HM151571
乔氏新银鱼 <i>Neosalanx jordani</i> Wakiya et Takahasi, 1937		安徽泊湖	Nj1	HM151473	HM151523	HM151423	HM151572
		安徽泊湖	Nj2	HM151474	HM151524	HM151424	HM151573
		黄河口	Nj3	HM151475	HM151525	HM151425	HM151574
		黄河口	Nj4	HM151476	HM151526	HM151426	
寡齿新银鱼 <i>Neosalanx oligodontis</i> Chen, 1956		江苏骆马湖	No1	HM151477	HM151527	HM151427	HM151575
		江苏骆马湖	No2	HM151478	HM151528	HM151428	HM151576
石川日本银鱼 <i>Salangichthys ishikawae</i> Wakiya et Takahashi, 1913		日本千叶	Sci1	HM151479	HM151529	HM151429	HM151577
		日本千叶	Sci2	HM151480	HM151530	HM151430	HM151578
		日本千叶	Sci3	HM151481	HM151531	HM151431	HM151579
小齿日本银鱼 <i>Salangichthys microdon</i> (Bleeker, 1860)		日本霞浦湖	Scm1	HM151482	HM151532	HM151432	HM151580
		日本霞浦湖	Scm2	HM151483	HM151533	HM151433	HM151581
		日本霞浦湖	Scm3	HM151484	HM151534	HM151434	HM151582
有明银鱼 <i>Salanx ariakensis</i> Kishinouye, 1902		鸭绿江口	Sa1	HM151485	HM151535	HM151435	HM151583
		鸭绿江口	Sa2	HM151486	HM151536	HM151436	HM151584
		长江口	Sa3	HM151487	HM151537	HM151437	HM151585
		长江口	Sa4	HM151488	HM151538	HM151438	HM151586
居氏银鱼 <i>Salanx cuvieri</i> Valenciennes, 1850		广西党江口	Sc1	HM151489	HM151539	HM151439	HM151587
		广西党江口	Sc2	HM151490	HM151540	HM151440	HM151588
		珠江口	Sc3	HM151491	HM151541	HM151441	HM151589
短吻间银鱼 <i>Hemisanlanx brachyrostralis</i> (Fang, 1934)		安徽泊湖	Hb1	HM151492	HM151542	HM151442	HM151590
		湖南洞庭湖	Hb2	HM151493	HM151543	HM151443	HM151591
		湖南洞庭湖	Hb3	HM151494	HM151544	HM151444	HM151592
白肌银鱼 <i>Leucosoma chinensis</i> (Osbeck, 1765)		广西党江口	Lc1	HM151495	HM151545	HM151445	HM151593

续表

中文名 Species	采集地点 Sampling location	编号 Code	Genbank 登录号 (Genbank accession No.)			
			12S	16S	ND1	CO
	广西党江口	Lc2	HM151496	HM151546	HM151446	HM151594
	广东韩江口	Lc3	HM151497	HM151547	HM151447	HM151595
香鱼科 Plecoglossidae						
香鱼 <i>Plecoglossus altivelis</i> (Temminck et Schlegel, 1846)	鸭绿江口	Pa1	HM151498	HM151548	HM151448	HM151596
	水产市场	Pa2			HM151449	HM151597
胡瓜鱼科 Osmeridae						
西太公鱼 <i>Hypomesus nipponensis</i> McAllister, 1963	黑龙江镜泊湖	Hn	HM151499	HM151549	HM151450	HM151598
毛鳞鱼 <i>Mallotus villosus</i> (Müller, 1776)	Canada	Mv	HM151500	HM151550	HM151451	HM151599
胡瓜鱼 <i>Osmerus mordax</i> (Mitchill, 1814)	Canada	Om	HM151501	HM151551	HM151452	HM151600
青瓜鱼科 Retropinnidae						
南茴鱼 <i>Prototroctes maraena</i> Günther, 1864	Australia	Pm	HM151502	HM151552		HM151601
新岛青瓜鱼 <i>Stokellia anisodon</i> (Stokell, 1941)	New Zealand	Sta	HM151503	HM151553	HM151453	HM151602

鱼属的鉴定依据 Roberts^[1]。采集的标本用 95%的乙醇固定保存。选择四个线粒体基因的部分或全部序列作为分子标记,包括 12S 核糖体 RNA 基因(12S rDNA)、16S 核糖体 RNA 基因(16S rDNA)、细胞色素 c 氧化酶亚基 I(COI)基因和 NADH 脱氢酶亚基 1(ND1)基因。

1.2 DNA 提取、PCR 扩增和测序

使用高盐法从 95%乙醇保存的肌肉样本中抽提全基因组 DNA。12S、16S rRNA 的扩增使用 Palumbi, et al.^[17]设计的引物。扩增 12S rRNA 的 12SAL、12SB 引物序列分别为 5'-AAACTGGGATTAGATACCC CACTAT-3'、5'-GAGGGTGACGGGCGGTGTGT-3'; 扩增 16S rRNA 的 16SARL、16SBRH 引物序列分别为 5'-CGCCTGTTTAACAAAAACAT-3'、5'-CCGGT CTGAACTCAGATCACGT-3'。PCR 反应条件为: 94℃预变性 5min; 94℃变性 30s, 60℃退火 35s, 72℃延伸 35s; 循环 35 次; 72℃终延伸 8min。ND1 基因使用自行设计的正向引物 ND1F2(5'-GCAATCCA GGTCA GTTTC-3')和反向引物 ND1R2(5'-GGGAGC ACCAGGAGTTTT-3')扩增约 1400 bp 的片段, 反应条件为: 94℃预变性 5min; 94℃变性 35s, 60℃退火 35s, 72℃延伸 40s; 循环 35 次; 72℃终延伸 8min。CO 基因使用正向引物 Fish-F2(5'-TCGACTAATCA TAAAGATATCGGCAC-3')和反向引物 Fish-R1(5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3')^[18]扩增约 700 bp 的片段, 反应条件为: 94℃预变性 5min; 94℃变性 30s, 50℃退火 35s, 72℃延伸 45s; 循环 35

次; 72℃终延伸 8min。扩增产物经 1.5%—2.0%的 Sea plaque 琼脂糖(FMC)凝胶电泳纯化后, 在 ABI 3730 DNA 测序仪(Applied Biosystems)中使用扩增引物进行测序。

1.3 系统发育分析

使用 Muscle v3.6 软件^[19]对 12S、16S rRNA 进行对位, 使用 Clustal X 软件^[20]对 ND1、COI 基因序列进行对位, 并进行手工校正。使用 MEGA 4 软件^[21]将 ND1、CO 基因的核苷酸序列翻译为氨基酸序列进行进一步检查。使用 PAUP* v4.0b10 软件^[22]对碱基组成的同质性进行卡方检验(Chi-square test, χ^2)。四个线粒体基因序列拼接构成长度为 2464 bp 的联合数据, 按照不同基因和密码子位点将联合数据划分为 8 个分区(Partition)进行贝叶斯(Bayesian)和最大似然法(Maximum likelihood)分析。使用 MrBayes v3.1.2 软件^[23]进行贝叶斯联合模型分析。首先基于赤池信息量准则(AIC)使用 MrModeltest v2.2 软件^[24]选择每个分区的最适碱基替代模型。然后, 基于马可夫蒙特卡罗(MCMC)进行 1.2×10^7 代运算, 每 1000 代对系统树进行一次抽样。运算完毕后, 抛弃前 4000 棵抽样树, 使用剩下的抽样树构建 50%的多数原则一致树和节点后验概率值。重复运行两次以检验结果的一致性。使用 RAxML v7.0.4 软件^[25]进行最大似然法分析。首先基于 GTRMIX 模型进行最大似然分析, 在 100 次重复中选择似然值最高的系统发育树。然后基于 GTRCAT 模型进行 1000 次非参数自展分析计算每个节点的自展支持度(Bootstrap support, BS)。

1.4 遗传距离计算

使用 MEGA 4 软件计算银鱼科鱼类种内或种间 CO 基因序列成对 Kimura 双参数平均遗传距离 (K2P)。

2 结果

2.1 序列特征

12S rRNA 部分序列长度为 327 bp, 可变位点 69 个、简约信息位点 61 个; 16S rRNA 部分序列长度为 535 bp, 可变位点 100 个、简约信息位点 78 个; ND1 基因全长序列长度为 975 bp, 可变位点 396 个、

简约信息位点 373 个; CO 基因部分序列长度为 627 bp, 可变位点 223 个、简约信息位点 211 个。卡方检验结果表明四个线粒体基因碱基组成是同质的($P > 0.11$)。四个基因结合总共 2464 bp 用于重建系统发育。基因序列均投递到 Genbank, 登录号为 HM151404-HM151602(表 1)。

2.2 系统发育关系

贝叶斯和最大似然法分析得到了一致的拓扑结构, 图 2 给出了贝叶斯分析得到的 50%多数原则一致树和后验概率(BPP), 以及最大似然分析得到的自展支持度(BS)。贝叶斯和最大似然法分析强烈支

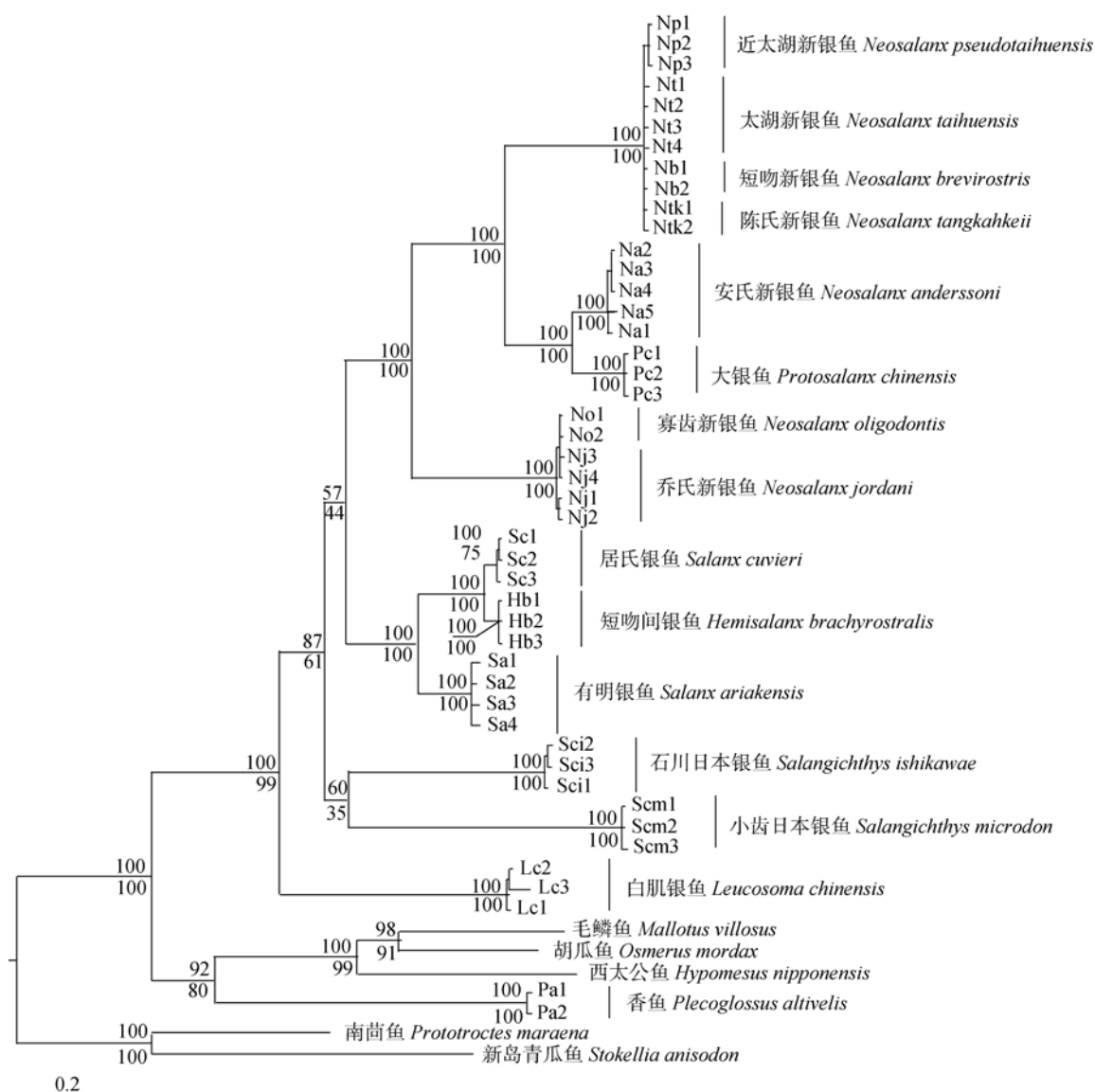


图 2 基于四个线粒体基因(12S、16S、ND1、CO)结合数据构建的贝叶斯 50%多数原则一致树

Fig. 2 The Bayesian 50% major rule consensus tree based on combined data of four mitochondrial genes (12S, 16S, ND1, CO)

节点上方显示贝叶斯后验概率, 下方显示自展支持度

Above nodes are Bayesian posterior probabilities and below nodes are bootstrap confidence

持银鱼科鱼类是单系群(BPP = 100%; BS = 99%)。白肌银鱼属居于银鱼科鱼类基部具有强的支持(BPP = 100%; BS = 99%)。大银鱼属+新银鱼属、间银鱼属+银鱼属形成两单系亚群并具有强的统计支持(BPP = 100%; BS = 100%)(图 2)。但这两个单系群与日本银鱼属的相互系统关系没有很好的解决,仅具有较低的统计支持(BPP < 90%; BS < 65%)。

大银鱼属+新银鱼属内部,乔氏-寡齿新银鱼复合群居于该单系亚群基部。大银鱼[*Protosalanx chinensis* (Basilewsky)]与安氏新银鱼[*Neosalanx anderssoni* (Rendahl)]是姊妹群,他们一起与短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群形成姊妹群关系并具有强的统计支持(图 2; BPP = 100%; BS = 100%)。间银鱼属+

银鱼属单系内部,居氏银鱼(*Salanx cuvieri* Valenciennes)与短吻间银鱼[*Hemisanx brachyrostralis* (Fang)]是姊妹群,他们一起与有明银鱼(*Salanx ariakensis* Kishinouye)形成姊妹群关系并具有强的统计支持(图 2; BPP = 100%; BS = 100%)。

2.3 种间和种内遗传距离

表 2 给出了基于 CO 基因序列计算的银鱼科鱼类种内与种间的平均 Kimura 双参数遗传距离(以下称为 K2P 距离)。种内的 K2P 距离为 0—1.39%。短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群种间 K2P 距离为 0—0.19%。乔氏-寡齿新银鱼复合群种间 K2P 距离为 0%。与其他银鱼物种之间的 K2P 距离为 1.82%—21.19%。

表 2 银鱼种内和种间的 Kimura 双参数平均遗传距离
Tab. 2 Intra-specific and inter-specific Kimura 2-parameter average genetic distance (%) of salangid fishes

	Pc	Na	Nb	Np	Nt	Ntk	Nj	No	Sci	Scm	Sa	Sc	Hb	Lc
大银鱼 Pc	0.00													
安氏新银鱼 Na	7.55	0.09												
短吻新银鱼 Nb	14.34	14.44	0.00											
近太湖新银鱼 Np	14.58	14.69	0.19	0.00										
太湖新银鱼 Nt	14.34	14.44	0.00	0.19	0.00									
陈氏新银鱼 Ntk	14.34	14.44	0.00	0.19	0.00	0.00								
乔氏新银鱼 Nj	13.11	12.25	14.34	14.10	14.34	14.34	0.00							
寡齿新银鱼 No	13.11	12.25	14.34	14.10	14.34	14.34	0.00	0.00						
石川日本银鱼 Sci	18.78	17.08	19.56	19.30	19.56	19.56	15.54	15.54	0.37					
小齿日本银鱼 Scm	20.86	19.27	19.45	19.20	19.45	19.45	19.62	19.62	15.71	0.50				
有明银鱼 Sa	18.03	17.07	18.05	17.80	18.05	18.05	15.88	15.88	12.65	18.38	0.94			
居氏银鱼 Sc	19.47	20.10	21.06	20.80	21.06	21.06	16.91	16.91	15.50	17.34	8.80	0.12		
短吻间银鱼 Hb	20.53	21.19	20.82	20.56	20.82	20.82	16.60	16.60	14.71	17.56	9.26	1.82	0.00	
白肌银鱼 Lc	19.86	20.42	18.27	18.01	18.27	18.27	17.11	17.11	16.87	17.35	16.18	15.31	15.25	1.39

3 讨论

3.1 系统发育关系

本研究分子系统发育分析揭示银鱼科鱼类是单系,同意先前 Fu, et al.^[9]和 Zhang, et al.^[11]的结论。然而,本研究揭示白肌银鱼属在银鱼科鱼类系统发育的基部,与先前的六种假说均不一致(图 1)。Zhang, et al.^[11]首先揭示大银鱼与安氏新银鱼是姊妹群,本研究进一步验证并支持他们的结果。本研究与 Zhang, et al.^[11]关于大银鱼属+新银鱼属单系亚群物种间的系统发育关系结论一致。本研究首次发现居氏银鱼与短吻间银鱼是姊妹群,它们一起与有明银鱼形成姊妹群关系,并具有强的统计支持。因此,进

一步支持 Robert^[1]把间银鱼属鱼类放在银鱼属中,但不支持他的间银鱼亚属的设置。本研究、Fu, et al.^[9]与 Zhang, et al.^[11]三个分子系统发育研究均不能很好地解决日本银鱼属的系统发育位置。

3.2 关于种、属分类阶元的考虑

在物种水平上,短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群、乔氏-寡齿-雷氏新银鱼复合群与前颌-短吻间银鱼复合群是银鱼科物种界定有争议的三个类群。

关于短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群,Roberts^[1]依据骨骼特征认为陈氏新银鱼[*Neosalanx tangkahkeii* (Wu)]、太湖新银鱼(*Neosalanx taihuensis* Chen)是短吻新银鱼[*Neosalanx brevirostris* (Pellegrin)]的同物异名。Zhang, et al.^[11]发现基于细胞色素

b 基因序列陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群种间遗传距离仅为 0.4%—0.6%。结合形态特征与地理分布, 他们认为太湖新银鱼与近太湖新银鱼(*Neosalanx pseudotaihuensis* Zhang)是陈氏新银鱼的同物异名。基于 *CO* 基因序列, 本研究显示短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群种间 K2P 遗传距离为 0—0.19%, 远远小于 Ward^[26]基于 *CO* 基因相似片段序列统计得出 206 个属内种间 K2P 遗传距离 8.39%。因此, 结合 Roberts^[1]与 Zhang, et al.^[11]的结果, 基于命名优先原则可推断短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群中陈氏新银鱼、太湖新银鱼、近太湖新银鱼是短吻新银鱼的同物异名。

关于乔氏-寡齿-雷氏新银鱼复合群, 本研究依据 *CO* 基因序列显示乔氏新银鱼(*Neosalanx jordani* Wakiya et Takahasi)与寡齿新银鱼(*Neosalanx oligodontis* Chen)间 K2P 距离为 0%, 表明两者为同种, 但没有取样雷氏新银鱼(*Neosalanx reganius* Wakiya et Takahashi)。从 GenBank 下载 Zhang, et al.^[11] 乔氏-寡齿-雷氏新银鱼复合群 9 尾鱼的细胞色素 *b* 基因序列得到 7 个单倍型, 这些单倍型相互间 K2P 距离为 0.09%—2.15%、平均为 1.12%。从 GenBank 下载 Kim, et al.^[27] 和 Hua, et al.^[28]具有相似地理分布的有明银鱼四个种群 106 尾鱼的细胞色素 *b* 基因序列得到 67 个单倍型, 这些单倍型相互间 K2P 距离为 0.13%—2.34%、平均为 1.03%。有明银鱼单倍型间最大遗传距离大于‘乔氏-寡齿-雷氏新银鱼复合群’单倍型间最大遗传距离, 暗示这个复合群是同一个种。另外, 雷氏新银鱼只分布在日本有明湾(Ariake Bay), 而有明湾平均海拔大于-70 m^[29]。距今 20000 年左右的第四纪最后一次冰期最大化时海平面降到-120 m 左右, 有明湾将完全暴露成为陆地。因此, 不可能在这么短时间内分化出雷氏新银鱼。基于命名优先原则, 可推断乔氏-寡齿-雷氏新银鱼复合群中寡齿新银鱼、雷氏新银鱼为乔氏新银鱼的同物异名。

关于前颌-短吻间银鱼复合群, Fang^[30]描述新种 *Salanx brachyrostralis* Fang, 接着 Fang^[13]建立雷氏银鱼属(*Reganisanx*)包括新种 *Reganisanx normani* Fang, 并把 *Salanx brachyrostralis* 校订为 *Reganisanx brachyrostralis*, 称为雷氏银鱼^[31]。Wakiya & Takahasi^[14]订证雷氏银鱼属为间银鱼属同物异名, 并认为 *Reganisanx normani* 与雷氏银鱼可能是前颌间银鱼(*Hemisanx prognathus* Regan)的同

物异名。Roberts^[1]基本同意 Wakiya & Takahasi^[14]关于属、种的校订, 但检查 *Reganisanx normani* 副模后校订为有明银鱼。《长江鱼类》^[32]把雷氏银鱼改名为长江银鱼, 张玉玲^[33]把长江银鱼改称为短吻间银鱼。当前, 我国学者一般认为短吻间银鱼生活在长江、淮河流域的淡水中^[2,32,34], 而前颌间银鱼生活在瓯江口以北的河口或近海中, 并洄游到淡水中生活^[2,35]。基于表 3 列出的前人关于前颌-短吻间银鱼复合群与居氏银鱼的主要可量与可数性状很难区分三个物种。同时, 本研究发现居氏银鱼与短吻间银鱼是姊妹群, 两者 *CO* 基因序列 K2P 平均遗传距离为 1.82%。因此, 形态与分子数据均暗示居氏银鱼与短吻间银鱼的物种分化时间相对较年轻, 也就能回答前人常把前颌-短吻间银鱼复合群误认为居氏银鱼的原因^[33]。事实上, Roberts^[1]及解玉浩和解涵^[36]的检索表区分间银鱼属与银鱼属鱼类的形态性状主要依靠缝前体, 前者缝前体肉质、不发达、无齿, 后者缝前体骨质、发达、具齿, 而该性状不能区分短吻间银鱼与前颌间银鱼。参考前人形态描述(表 3), 短吻间银鱼与前颌间银鱼主要区别仅仅在椎骨数目上, 前者为 74—79、后者为 68—73。然而, 银鱼科鱼类种内不同生态型种群能表现出椎骨数目的区别。例如, 孙幅英^[37]比较太湖与长江口大银鱼种群的可数性状时也发现太湖淡水定居种群椎骨数为 66—69、平均为 67.5, 而长江口洄游种群椎骨数为 64—67、平均为 65.6。因此, 本研究支持 Wakiya & Takahasi^[14]与 Roberts^[1]推断短吻间银鱼是前颌间银鱼的同物异名。

在属的水平上, 本研究的分子证据不支持间银鱼属的有效性, 支持 Roberts^[1]把间银鱼属鱼类放在银鱼属中, 但不同意 Roberts^[1]把白肌银鱼属降为银鱼属白肌银鱼亚属。Zhang, et al.^[11]基于大银鱼与安氏新银鱼是姊妹群, 把安氏新银鱼恢复为安氏大银鱼(*Protosalanx andersoni* Rendahl), 同时新建小银鱼属, 包括乔氏-寡齿-雷氏新银鱼复合群和 1 待定种, 保留的新银鱼属鱼类仅包括短吻-陈氏-太湖-近太湖新银鱼复合群与银色新银鱼。本研究发现依据 Zhang, et al.^[11]对大银鱼属、新银鱼属、小银鱼属划分时, 这三个属 *CO* 基因序列成对 K2P 距离为 12.25%—14.69%, 而 *CO* 基因序列大银鱼与安氏新银鱼间 K2P 距离为 7.55%。参考 Ward^[26]统计得出 110 个科内属间 *CO* 基因序列 K2P 遗传距离平均为

表 3 居氏银鱼、短吻间银鱼和前颌间银鱼的形态性状
Tab. 3 Morphological characters of *Salanx cuvieri*, *Hemisalanx brachyrostralis* and *H. prognathus*

	居氏银鱼 <i>S. cuvieri</i>	短吻间银鱼 <i>H. brachyrostralis</i>	前颌间银鱼 <i>H. prognathus</i>
椎骨 Total vertebras	74—79	73—79	68—73
背鳍 Dorsal rays	12—14	12—14	12—15
臀鳍 Anal rays	27—30	26—30	23—31
胸鳍 Pectoral rays	8—10	8—9	7—10
腹鳍 Pelvic rays	7	7	7
臀鳞 Anal scales	24	18—28	15—25
鳃耙 Gill rakers	8—11	5—12	9—13
体长/体高 BL/BD	11.0—15.9	10.1—16.0	10.5—21.2
体长/头长 BL/HL	4.7—5.8	4.3—6.4	5.5—7.0
头长/头宽 HL/HW	3.3—3.4	2.9—3.2	2.3—3.1
头长/吻长 HL/SL	2.2—2.9	2.2—2.9	2.4—4.0
头长/眼径 HL/ED	8.2—12.0	6.3—10.7	5.9—8.7
头长/眼间距 HL/IS	3.3—5.0	3.0—5.9	2.8—9.4
头长/尾柄高 HL/CD	5.7—8.2	5.8—6.4	5.3—8.1
头长/尾柄长 HL/CL	1.1—1.8	1.1—2.0	1.1—1.3

注：居氏银鱼形态数据引自[1, 30, 38]；短吻间银鱼形态数据引自[30—32, 34, 39—41]；前颌间银鱼形态数据引自[1, 14, 30, 32, 34, 35, 37, 40, 42—45]；BL, 体长；BD, 体高；HL, 头长；HW, 头宽；SL, 吻长；ED, 眼径；IS, 眼间距；CD, 尾柄高；CL, 尾柄长

Note: Morphological data of *S. cuvieri* were cited from [1, 30, 38], *H. brachyrostralis* from [30—32, 34, 39—41], and *H. prognathus* from [1, 14, 30, 32, 34, 35, 37, 40, 42—45]. BL, body length; BD, body depth; HL, head length; HW, head width; SL, snout length; ED, eye diameter; IS, interorbital space; CD, caudal peduncle depth; CL, caudal peduncle length

15.91%，而 206 个属内种间 CO 基因序列 K2P 遗传距离平均为 8.39%。本研究支持 Zhang, *et al.*^[11] 将大银鱼和安氏新银鱼划归为大银鱼属，将陈氏新银鱼、太湖新银鱼、近太湖新银鱼和银色新银鱼 [*Neosalanx argentea* Lin] 划归为新银鱼属，将寡齿新银鱼、乔氏新银鱼和雷氏新银鱼组成小银鱼属。本研究与 Zhang *et al.*^[11] 的分子系统发育分析都不能澄清日本银鱼属的石川日本银鱼(*Salangichthys ishikawae* Wakiya *et* Takahashi)和小齿日本银鱼[*Salangichthys microdon* (Bleeker)]是否属于同一个属。同时，本研究亦发现基于 CO 基因序列石川日本银鱼和小齿日本银鱼间 K2P 距离为 15.71%，因此推断这两个物种很可能属于不同的属。

综上所述，仅仅使用一个或几个线粒体基因不能彻底解决银鱼科鱼类的系统发育，进一步使用多个单拷贝核基因或线粒体全基因组可能是解决银鱼科鱼类系统发育的途径。造成银鱼科三个复合群的分类问题主要是这些复合群均具有洄游(在河口或近海育肥，洄游至淡水产卵)与陆封(在淡水中完成生活史)两种生态型，两种生态型间形态的分化导致不同作者把一个物种分为两个甚至多个物种。实际

上，短吻间银鱼是前颌间银鱼的陆封型，而寡齿新银鱼为乔氏新银鱼的陆封型，太湖新银鱼、近太湖新银鱼为短吻新银鱼的陆封型。进一步结合形态证据与多位点核基因开展银鱼科鱼类分类校订与系统发育研究是十分必要的，这将拓展并验证本研究的发现与分类的考虑。

参考文献:

[1] Roberts T R. Skeletal anatomy and classification of the neotenic Asian Salmoniform superfamily Salangoidea (icefishes or noodlefishes) [J]. *Proceedings of the California Academy of Sciences*, 1984, **43**: 179—220

[2] Zhang Y L, Qiao X G. Study on phylogeny and zoogeography of fishes of the family Salangidae [J]. *Acta Zoologica Taiwanica*, 1994, **5**: 95—113 [张玉玲, 乔晓改. 银鱼科鱼类系统动物地理学研究摘要. 动物学刊, 1994, **5**: 95—113]

[3] Wang Z S, Fu C Z, Lei G C. Biodiversity of Chinese icefishes (Salangidae) and their conserving strategies [J]. *Biodiversity Science*, 2002, **10**: 416—424 [王忠锁, 傅萃长, 雷光春. 中国银鱼的多样性及其保护对策. 生物多样性, 2002, **10**: 416—424]

[4] McDowall R M. Relationships of galaxioid fishes with a further discussion of salmoniform classification [J]. *Copeia*,

- 1969, (4): 796—824
- [5] Nelson G J. Cephalic sensory canals, pitlines, and the classification of esocoid fishes, with notes on galaxiids and other teleosts [J]. *American Museum Novitates*, 1972, **2492**: 1—49
- [6] Johnson G D, Patterson C. Relationships of lower Euteleostean fishes [A]. In: Stiassny M L J, Parenti L R, Johnson G D (Eds.), *Interrelationships of Fishes* [C]. San Diego: Academic Press. 1996, 251—332
- [7] Nelson J S. *Fishes of the World* (4th edition) [M]. Hoboken: John Wiley and Sons. 2006
- [8] Ishiguro N B, Miya M, Inoue J G, *et al.* *Sundasalanx* (Sundasalangidae) is a progenetic clupeiform, not a closely-related group of salangids (Osmeriformes): mitogenomic evidence [J]. *Journal of Fish Biology*, 2005, **67**: 561—569
- [9] Fu C, Luo J, Wu J, *et al.* Phylogenetic relationships of salangid fishes (Osmeridae, Salanginae) with comments on phylogenetic placement of the salangids based on mitochondrial DNA sequences [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2005, **35**: 76—84
- [10] Ilves K L, Taylor E B. Molecular resolution of the systematic of a problematic group of fishes (Teleostei: Osmeridae) and evidence for morphological homoplasy [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2009, **50**: 163—178
- [11] Zhang J, Li M, Xu M, *et al.* Molecular phylogeny of icefish Salangidae based on complete mtDNA cytochrome *b* sequences, with comments on estuarine fish evolution [J]. *Biological Journal of the Linnean Society*, 2007, **91**: 325—340
- [12] Regan C T. A synopsis of the fishes of the subfamily Salanginae [J]. *Annual Magazine of Natural History*, 1908, (Series 8) **2**: 444—446
- [13] Fang P W. Supplementary notes on the fishes referring to Salangidae of China [J]. *Sinensia*, 1934, **5**: 505—511
- [14] Wakiya Y, Takahasi N. Study on fishes of the family Salangidae [J]. *Journal of College of Agriculture*, 1937, **14**: 265—303
- [15] López J A, Chen W J, Ortí G. Esociform phylogeny [J]. *Copeia*, 2004, (3): 449—464
- [16] Zhang Y L. A taxonomic study on the Chinese icefishes of the genus *Neosalanx* (Pisces: Salangidae), with description of a new species from the Lake Taihu [J]. *Zoological Research*, 1987, **8**: 277—286 [张玉玲. 中国新银鱼属 *Neosalanx* 的初步整理及其一新种. 动物学研究, 1987, **8**: 277—286]
- [17] Palmi S R, Martin A P, Romano S, *et al.* The Simple Fools Guide to PCR, Version 2.0 [M]. Honolulu: published and distributed by the authors. 1991
- [18] 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**: 1847—1857
- [19] Edgar R C. Muscle: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput [J]. *Nucleic Acids Research*, 2004, **32**: 1792—1797
- [20] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, *et al.* The Clustal X Windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 1997, **25**: 4876—4882
- [21] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment [J]. *Bioinformatics*, 2004, **5**: 150—163
- [22] Swofford D L. PAUP* phylogenetic analysis using parsimony (* and other methods). Version 4 [CP]. Sunderland: Sinauer Associates. 2002
- [23] Huelsenbeck J P, Ronquist F. MrBayes: Bayesian inference of phylogenetic trees [J]. *Bioinformatics*, 2001, **17**: 754—755
- [24] Nylander J A A. MrModeltest v2 [CP]. Uppsala: program distributed by the author, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University. 2004
- [25] Stamatakis A. RAxML-VI-HPC: maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models [J]. *Bioinformatics*, 2006, **22**: 2688—2690
- [26] Ward R D. DNA barcode divergence among species and genera of birds and fishes and fishes [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2009, **9**: 1077—1085
- [27] Kim J K, Doiuchi R, Nakabo T. Molecular and morphological differences between two geographic populations of *Salanx ariakensis* (Salangidae) from Korea and Japan [J]. *Ichthyological Research*, 2006, **53**: 52—62
- [28] Hua X, Wang W, Yin W, *et al.* Phylogeographical analysis of an estuarine fish, *Salanx ariakensis* (Osmeridae: Salanginae) in the north-western Pacific [J]. *Journal of Fish Biology*, 2009, **75**: 354—367
- [29] Gan T Y, Kalinga O A, Ohgushi K, *et al.* Retrieving seawater turbidity from Landsat TM data by regressions and an artificial neural network [J]. *International Journal of Remote Sensing*, 2004, **25**: 4593—4615
- [30] Fang P W. Study on the fishes referring to Salangidae of China [J]. *Sinensia*, 1934, **4**: 737—748
- [31] Chen N S. On the Salangid fishes of Lake Taihu [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 1956, **2**: 324—335 [陈宁生. 太湖所产银鱼的初步研究. 水生生物学集刊, 1956, **2**: 324—335]
- [32] Hubei Hydrobiologica Institute. Salangidae [A]. In: Hubei Hydrobiologica Institute, *Fishes of Chang-Jiang (Yangtze River)* [C]. Beijing: Science Press. 1976, 30—32 [湖北省水生生物研究所鱼类研究室. 银鱼科. 见: 湖北省水生生物研究所鱼类研究室, 长江鱼类. 北京: 科学出版社. 1976,

- 30—32]
- [33] Zhang Y L. On the homonyms, synonyms and distribution of the type species of *Salanx* [J]. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 1985, **10**: 111—112 [张玉玲. 银鱼属 *Salanx* 模式种的同名、异名和分布. 动物分类学报, 1985, **10**: 111—112]
- [34] Ni Y, Zhu C D. Salangidae [A]. In: Ni Y, Wu H L (Eds.), *Fishes of Jiangsu Province* [C]. Beijing: Agriculture Press of China. 2006, 210—226 [倪勇, 朱成德. 银鱼科. 见: 倪勇和伍汉霖 (主编), 江苏鱼类志. 北京: 中国农业出版社. 2006, 212—224]
- [35] Dou S Z, Chen D G. Taxonomy, biology and abundance of icefishes, or noodlefishes (Salangidae), in the Yellow River estuary of Bohai Sea, China [J]. *Journal of Fish Biology*, 1994, **45**: 737—748
- [36] Xie Y H, Xie H. Classification, distribution, and population ecology of Salangidae fishes [J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 1997, **10**: 11—19 [解玉浩, 解涵. 银鱼科鱼类的分类分步和种群生态. 水产学杂志, 1997, **10**: 11—19]
- [37] Sun G Y. On species of Salangidae in the estuary of Yangtze River and nearby marine waters [J]. *Journal of East China Normal University* (Natural Science Edition), 1982, **1**: 111—119 [孙帼英. 长江口及其邻近海域的银鱼. 华东师范大学学报 (自然科学版), 1982, **1**: 111—119]
- [38] Liang H S. Salangidae [A]. In: Pan J H (Eds.), *The freshwater fishes of Guangdong Province* [C]. Guangzhou: Guangdong Science and Technology Press. 1991, 47—52 [梁森汉. 银鱼科. 见: 潘炯华 (主编), 广东淡水鱼类志. 广州: 广东科技出版社. 1991, 47—52]
- [39] Yang G R. Salangidae [A]. In: Yang G R (Eds.), *Fishes of Hubei Province* [C]. Wuhan: Hubei Science and Technology Press. 1987, 34—37 [杨干荣. 银鱼科. 见: 杨干荣, 湖北鱼类志. 武汉: 湖北科学技术出版社. 1987, 34—37]
- [40] Zhang G X, Ni Y. Salangidae [A]. In: Ni Y (Eds.), *The Fishes of Shanghai Area* [C]. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers. 1990, 116—126 [张国祥, 倪勇. 银鱼科. 见: 倪勇, 上海鱼类志. 上海: 上海科学技术出版社. 1990, 116—126]
- [41] Zhu C D, Ni Y. Salangidae [A]. In: Ni Y, Zhu C D (Eds.), *Fishes of the Taihu Lake* [C]. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers. 2005, 210—223 [朱成德, 倪勇. 银鱼科. 见: 倪勇和朱成德 (主编), 太湖鱼类志. 上海: 上海科学技术出版社. 2005, 210—223]
- [42] Ding G W. Salangidae [A]. In: Liu C X, Qin K J (Eds.), *Fauna Liaoningica Pisces* [C]. Shenyang: Liaoning Science and Technology Press. 1987, 88—95 [丁耕芜. 银鱼科. 见: 刘蝉馨, 秦克静 (主编), 辽宁动物志. 鱼类. 沈阳: 辽宁科学技术出版社. 1987, 88—95]
- [43] Li W M, Chen G H, Zhang B. The Morphological notes of the Salangid fishes from Poyang Lake [J]. *Bulletin of Jiangxi Academy of Sciences*, 1984, **2**: 47—49 [李伟明, 陈国华, 张本. 鄱阳湖产银鱼的形态学资料. 江西省科学院院刊, 1984, **2**: 47—49]
- [44] Shan G S. Salangidae [A]. In: Mao J R (Eds.), *Fauna of Zhejiang. Freshwater fishes* [C]. Hangzhou: Zhejiang Science and Technology Publishing House. 1991, 32—38 [陕国生. 银鱼科. 见: 毛节荣 (主编), 浙江动物志淡水鱼类分册. 杭州: 浙江科学技术出版社. 1991, 32—38]
- [45] Zhou C W. Salangidae [A]. In: Cheng Q T, Zhou C W (Eds.), *Fishes of Shandong Province* [C]. Jinan: Shandong Science and Technology Press. 1997, 87—94 [周才武. 银鱼科. 见: 成庆泰和周才武 (主编), 山东鱼类志. 济南: 山东科学技术出版社. 1997, 87—94]

PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS OF NOODLE-FISHES (OSMERIFORMES: SALANGIDAE) BASED ON FOUR MITOCHONDRIAL GENES

GUO Li¹, LI Jun¹, WANG Zhong-Suo² and FU Cui-Zhang¹

(1. Ministry of Education Key Laboratory for Biodiversity Science and Ecological Engineering, Institute of Biodiversity Science, Fudan University, Shanghai 200433, China; 2. College of Life Sciences, Capital Normal University, Beijing 100037, China)

Abstract: Noodle-fishes (Osmeriformes: Salangidae) are important commercial fishery species in China and other Asian countries. Although these species are common in fresh water, estuarine and coastal habitats in East Asia, the phylogenetic relationships of noodle-fishes are still unresolved and the taxonomy at the genus or species level has been disputed. To elucidate the genus-level phylogenetic relationships of salangid fishes, partial sequences of mitochondrial 12S/16S ribosome RNA and cytochrome *c* oxidase subunit (*CO*) genes and complete sequences of NADH dehydrogenase subunit 1 gene were used in this present study. Phylogenetic relationships were constructed based on the combined data set of these 4 genes with 2464 bp after alignment, among which 788 sites were variable, and 723 sites were informative. Maximum Likelihood and Bayesian methods were employed for phylogenetics analysis. Maximum Likelihood and Bayesian analyses yielded same topology of trees. Results showed that the salangids was a monophyletic group. The genus *Leucosoma* occupied a basal position of the reconstructed Salangidae phylogeny. Two monophyletic subgroups, ‘*Protosalanx* + *Neosalanx*’ and ‘*Hemisanx* + *Salanx*’ were also revealed. Within ‘*Protosalanx* + *Neosalanx*’ subgroup, three primitive lineage were found: (1) *Protosalanx chinensis* and *Neosalanx anderssoni*; (2) ‘*N. brevirostris-tangkahkeii-taihuensis-pseudotaihuensis* complex’; (3) ‘*N. jordani-oligodontis* complex’. The inter-specific phylogenetic relationships within ‘*N. brevirostris-tangkahkeii-taihuensis-pseudotaihuensis* complex’ and ‘*N. jordani-oligodontis* complex’ couldn’t be clarified on the phylogeny tree. Moreover, inter-specific genetic distances were 0—0.19% for ‘*N. brevirostris-tangkahkeii-taihuensis-pseudotaihuensis* complex’ and 0% for ‘*N. jordani-oligodontis* complex’ based on partial sequences of mitochondrial *CO* gene. Within ‘*Hemisanx* + *Salanx*’ subgroup, *Hemisanx brachyrostralis* and *Salanx cuvieri* were sister groups, and these two species together formed the sister group of *S. ariakensis*. However, the systematic position of *Salangichthys* was still unresolved. Integrating findings in this study with morphological and molecular evidences from previously published studies, taxonomic status of noodle-fishes at the genus and species level were discussed detailedly. We concluded that *Neosalanx anderssoni* should be reclassified as *Protosalanx anderssoni*, belonging to the genus *Protosalanx*; *Neosalanx tangkahkeii*, *N. taihuensis* and *N. pseudotaihuensis* might be the synonyms of *N. brevirostris*; *Neosalanx oligodontis* and *N. reganius* are probably the synonyms of *N. jordani*; *Hemisanx prognathus* would be the synonyms of *H. brachyrostralis*; *Hemisanx* is invalid, so *Hemisanx brachyrostralis* should be put in the genus *Salanx*; *Leucosoma* is a valid genus located at the basal position of Salangidae. Further researches on the phylogenetic position of *Salangichthys* are still needed.

Key words: Noodle-fishes; Salangidae; *Protosalanx*; *Neosalanx*; Phylogeny