

中国石爬 属鱼类的形态变异及物种有效性研究

郭宪光^{1,2} 张耀光² 何舜平¹

(1. 中国科学院水生生物研究所, 武汉 430072; 2. 西南师范大学生命科学学院, 重庆 400715)

摘要: 石爬 属鱼类的青石爬 和黄石爬 的物种界限一直不清楚。采用形态判别和线粒体 16S rRNA 基因序列分析相结合的方法, 分别研究分析了青石爬 和黄石爬 的物种划分、地理分化及遗传多态性。结果表明: (1) 区别青石爬 和黄石爬 的重要特征腹鳍起点至臀鳍起点的距离是否大于至鳃孔下角的距离, 腹鳍相对位置, 头部相对大小与上颌须的须状延长部分等相互之间有一定的相关性, 但是在研究的样本中没有截然的界限, 而是有较大的重叠, 难以区分; (2) 从地理分布看, 金沙江不同支流的样本在上述特征上有一定的区别, 但是没有发现青衣江的样本与其他支流的样本有截然的界限和明显的地理变化规律; (3) 548 bp 序列中, 检测出 2 个多态位点, 多态位点的比例为 0.365%; (4) 青石爬 和黄石爬 间的遗传差异极小, 平均遗传距离仅为 0.075%; (5) 石爬 属鱼类个体间也无明显差异, 遗传距离为 0—0.381%, 平均为 0.069%。因此石爬 属鱼类划分为一个种更为客观, 黄石爬 为青石爬 的同物异名。

关键词: 石爬 属鱼类; 形态变异; 主成分分析; 物种有效性; 线粒体 16S rRNA; 遗传距离

中图分类号: Q959.4 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2004)03-0260-09

石爬 属 *Euchiloglanis* Regan 隶属于鲇形目 Siluriformes 科 Sisoridae, 是在高山峡谷, 陡坡急流, 枯洪流量悬殊的环境中底栖生活的小型淡水鱼类, 是鱼类中除原 外最原始的种类, 局限分布在金沙江水系。在尼泊尔也有报道^[1], 但未检视标本证实属同种。

石爬 属由 Sauvage^[2] 1874 年根据 *Chimarichthys davidi* Sauvage 为模式种而建立, Regan^[3] 1907 年首先建议改用 *Euchiloglanis* 其分类曾经相当混乱, 引起较大争议, 长期为鱼类分类学者所关注^[3-7]。褚新洛^[8] 1981 年订正了 属和石爬 属, 并将石爬 属划分为二种: 青石爬 *Euchiloglanis davidi* 和黄石爬 *Euchiloglanis kishinouyei*, 且认为前者仅分布在青衣江。笔者在整理石爬 标本时发现, 采自岷江、大渡河、雅砻江的某些个体, 具有青石爬 的特征, 这表明青石爬 不仅仅分布在青衣江。进一步详细地比较发现, 青石爬 和黄石爬 之间的形态差异模糊, 难以进行区分。

目前对石爬 属鱼类的物种有效性仍存疑问,

难以定论, 给分类鉴定带来诸多困惑。究其原因, 为传统研究方法的不全面性和研究标本的不足; 由此看来, 该属鱼类的形态差异、物种有效性仍值得进一步地探讨。

青石爬 与黄石爬 的差异仅存于可量性状, 作者将传统形态度量学方法^[9]和框架结构形态度量学方法^[10]结合起来, 对石爬 属鱼类进行测量后作主成分分析, 以此探讨石爬 属鱼类的形态变异、物种划分。框架结构形态度量学方法在国内外已成功地用于确立物种的有效性, 并且在鱼类物种分类中得到成功的应用^[11-14], 它能够分辨出那些采用传统的形态度量学方法难以辨别的物种^[15, 16]。为避免形态分类中趋同进化的干扰, 选择线粒体 16S rRNA 基因, 首次对石爬 属鱼类进行 16S rRNA 基因测序, 分析其多样性。综合形态数据和分子数据的分析结果, 为石爬 属鱼类系统分类奠定基础。

1 材料和方法

1.1 材料 所检视的石爬 属鱼类, 主要来自于

收稿日期: 2003-03-20; 修订日期: 2003-04-08

基金项目: 由中国科学院创新方向性项目(KSC2-SW-101B); 国家自然科学基金重点基金(39830050)资助。

作者简介: 郭宪光(1973—), 男, 四川岳池人; 硕士; 从事鱼类分子进化研究; 四川省马边彝族自治县水利局皱盛洪先生和四川省雅安市水利局叶贞权先生协助采样, 蔡鸣俊老师对形态度量框架结构图热心覆墨, 谨此致谢。

通讯作者: 何舜平, E-mail: clad@inb.ac.cn

中国科学院水生生物研究所淡水鱼类标本馆收藏的福尔马林浸泡标本, 此外还采集了一些地模标本, 共测量了 80 尾。标本的初步划分依据褚新洛^[13] 原始描述, 青石爬 与黄石爬 的重要区别之一在于: 前者腹鳍位置较前, 腹鳍起点至臀鳍起点的距离总是大于至鳃孔下角的距离。由于这一特征与其他二个鉴定特征(青石爬 上颌须的须状延长部分较短, 仅及鳃孔而不是超过鳃孔; 胸鳍较长, 达到或接近腹鳍起点而不是显著不及腹鳍起点) 有时兼容, 有时并不兼容; 因此在实际测量标本时, 分成二种情况处理, (1) 腹鳍起点至臀鳍起点的距离大于至鳃孔下角的距离; (2) 腹鳍起点至臀鳍起点的距离小于或等于至鳃孔下角的距离, 将标本拟划分为二类, 分别标记为组 I 和组 II。研究中所检视各采集地的标本数目见表 1。16S rRNA 基因序列测定采用的样品为 95% 的酒精固定标本。青石爬 7 尾, 黄石爬 3 尾, 其采集地见表 2。

表 1 研究标本的分布情况

Tab 1 The distribution of specimens examined in the present study			
采集地 Locality	组 I Group I		组 II Group II
	尾数 Number	尾数 Number	合计 Total
岷 江	灌县	9	4
	汶川	2	3
	茂县	3	7
	黑水	2	2
	理县	4	1
大渡河	马尔康	3	2
	泸定	2	2
	壤塘	2	11
	雅安	2	2
青衣江	天全	12	1
	宝兴	1	1
雅砻江	雅江	2	5
总计		44	36
			80

表 2 测序标本及采集地

Tab 2 Sequenced specimens and their localities			
样品代码 Code	物种 Species		采集地 Localities
Ed lx	青石爬	<i>E. Davidi</i>	四川宝兴
Ed gx	青石爬	<i>E. Davidi</i>	四川灌县
Ed yj	青石爬	<i>E. Davidi</i>	四川雅江
Ed ya	青石爬	<i>E. Davidi</i>	四川雅安
Ed mx	青石爬	<i>E. Davidi</i>	四川茂县
Ed ld	青石爬	<i>E. Davidi</i>	四川泸定
Ed wc	青石爬	<i>E. Davidi</i>	四川汶川
Ek mx	黄石爬	<i>E. kishinouyei</i>	四川茂县
Ek tq	黄石爬	<i>E. kishinouyei</i>	四川天全
Ek yj	黄石爬	<i>E. kishinouyei</i>	四川雅江

1. 2 形态度量 所有标本均采用电子数显卡尺 (Electronic digital caliper) 和解剖镜配合测量, 精确到 0. 1mm。选用 10 个解剖学坐标点构建框架结构 (Anatomical landmarks) (图 1): 它们之间的距离用 A-B、A-C、A-E、B-C、...、F-J 表示, 共测量了 21 个可量性状, 此外还测量了包括体长的另外 14 个可量性状 (表 3)。测量的距离为点与点之间的距离, 用框架结构度量鱼体外部形态, 包括纵向、横向、斜向的测量距离, 基本覆盖了整个鱼体表面, 可以较好地反映鱼体的形态变化。体长常规统计见表 4。

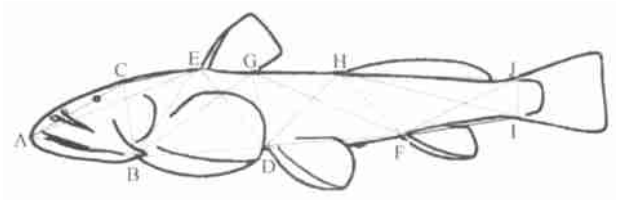


图 1 石爬 属鱼类的形态度量框架结构

Fig. 1 The truss network for morphometrics of *Eudiloglanis* species
解剖学同源坐标点 (Anatomical landmarks): A. 吻端 Tip of Snout; B. 胸鳍起点 Origin of pectoral fin; C. 头背部末端 Terminus of head back; D. 腹鳍起点 Origin of pelvic fin; E. 背鳍起点 Origin of dorsal fin; F. 臀鳍起点 Origin of anal fin; G. 背鳍基部末端 Terminal of dorsal fin base; H. 脂 鳍 起 点 Origin of adipose fin; I. 尾鳍腹部起点 Ventral origin of caudal fin; J. 尾鳍背部起点 Dorsal origin of caudal fin

1. 3 基因组 DNA 提取、PCR 扩增和测序 基因组 DNA 提取用 Auseul^[17] 的方法。PCR 扩增和测序引物均为 L2510 和 H3080, 其序列分别为: L2510: 5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3'; H3080: 5'-CCG-GTCTGAACCTCAGATCACGT-3'^[18]。PCR 反应总体积为 60μL, 其中含 100ng 总 genomic DNA, 10 × 缓冲液 6μL, dNTP0. 75 μL, 引物 (10pmol/μL) 各 3μL, Taq 聚合酶 2. 0U。最后补足灭菌双蒸水至终体积, 加入 2 滴灭菌石蜡油。PCR 反应条件为: 94℃预变性 3min, 然后 40 个循环 (包括 94℃变性 45s, 51—53℃退火 45s, 72℃延伸 1min), 最后在 72℃延伸 8min。每次反应设立不含 DNA 模板的空白对照组。扩增产物经 0. 8% 的琼脂糖凝胶电泳后回收进行 DNA 测序。

1. 4 数据处理与分析 由于所检视的石爬 属标本大小差异较明显, 为了更好地描述鱼类的形态和辨认其形态差异, 将表 3 所示体长以外的 34 个测量距离的对数值作为形态度量学分析的性状。全部形态学数据用 Microsoft Excel 进行统计分析。使用 STATISTICA5. 0 软件进行主成分分析 (PCA: principal

表 3 石爬 属鱼类形态度量性状
Tab. 3 Morphometric measurements of the studied specimens

距离 Distance	度量性状 Character	距离 Distance	度量性状 Character
C1	体长 SL	C19	胸鳍起点至腹鳍起点的距离 (B D)
C2	体高 BD	C20	胸鳍起点至背鳍起点的距离 (B E)
C3	头长 HL	C21	胸鳍起点至背鳍后基的距离 (B G)
C4	头宽 HW	C22	头背部末端至背鳍起点的距离 (G E)
C5	鳃孔宽 GW	C23	腹鳍起点至背鳍起点的距离 (D E)
C6	口宽 MW	C24	腹鳍起点至臀鳍起点的距离 (D F)
C7	尾柄长 CL	C25	腹鳍起点至背鳍后基的距离 (D G)
C8	尾柄高 CH	C26	腹鳍起点至脂鳍起点的距离 (D H)
C9	吻端至上颌须末端的距离	C27	背鳍起点至背鳍后基的距离 (E G)
C10	吻端至腹鳍起点的距离 (A D)	C28	臀鳍起点至背鳍后基的距离 (F G)
C11	吻端至臀鳍起点的距离 (A F)	C29	臀鳍起点至尾鳍腹起点的距离 (F I)
C12	胸鳍基长	C30	臀鳍起点至脂鳍起点的距离 (F H)
C13	鳃孔下角至腹鳍起点的距离	C31	臀鳍起点至尾鳍背部起点的距离 (F J)
C14	臀鳍起点至尾鳍基的距离	C32	背鳍后基至脂鳍起点的距离 (G H)
C15	吻端至胸鳍起点的距离 (A B)	C33	尾鳍腹部起点至脂鳍起点的距离 (H I)
C16	吻端至头背部末端的距离(A C)	C34	尾鳍腹部起点至尾鳍背部起点(F J)
C17	吻端至背鳍起点的距离 (A E)	C35	脂鳍起点至尾鳍背部起点的距离 (H J)
C18	胸鳍起点至头背部末端的距离 (B C)		

注: 体长 standard length, SL; 体高 body depth, BD; 头长 head length, HL; 头宽 head width, HW; 鳃孔宽 gill opening width, GW; 口宽 mouth width, MW; 尾柄长 caudal length, CL; 尾柄高 caudal depth, CD.

表 4 石爬 属鱼类的体长统计(mm)
Tab. 4 Statistics for the standard length in the genus *Euchiloglanis*

组别 Group	标本尾数 Numbers of specimens	体长 Standard Length			
		最大值 Max.	最小值 Min.	平均值 Mean	标准方差 S. D.
I	44	159.22	58.20	107.47	26.83
II	36	175.87	60.79	122.56	26.53

component analysis)。为了消除数据量纲的影响, 先进行标准化变换, 生成相关矩阵, 然后再求得因子载荷和因子得分, 并将所得数据转换成图。

利用 Clustal X 1.8 软件^[19] 和 SEAVIEW^[20] 程序对基因序列进行比对 (Alignment)。应用 MEGA2.1^[21] 中 p-distance 模型计算遗传距离。

2 结果

2.1 形态测量距离统计(表 5)

2.2 与主成分相关的特征

表 6 显示: 前 4 个主成分的贡献率分别为 88.87%、2.64%、2.02%、1.50%。主成分 1(PC1) 和

主成分 2 (PC2)、主成分 3(PC3) 的累积贡献率达 93.53%, 即共解释了总变异的 93.53%, 对 PC1、PC2 和 PC3 进行主成分分析已经能够反映综合指标所隐含的信息。PC1 负荷值全为正, 近乎相等, 这表明 PC1 可以解释为总大小轴, 主要描述鱼的大小。PC2 中起关键作用的是: C4、C6、C9、C12、C24、C26、C32 等, 这表明 PC2 可以解释为主要描述鱼的头部形状, 上颌须的延长部分, 胸鳍和腹鳍位置等性状特征, 而这些正是在石爬 属鱼类分类中主要涉及的特征。PC3 中起关键作用的是: C32、C33、C35, 这表明 PC3 轴可以解释为主要描述鱼的脂鳍位置。主成分分析的结果显示, 它们确实在个体之间的区别

上起重要作用。

表 5 34 个形态测量距离的平均值和标准差、最小值和最大值 (mm)
Tab. 5 Means and standard deviation and range of 34 morphometrics measurement

距离 Distance	组 I Group I			组 II Group II		
	M ±SD	Min.	Max.	M ±SD	Min.	Max.
C2	16.89±5.41	7.60	30.23	19.53±4.45	8.27	31.25
C3	28.81±7.02	16.82	45.33	34.42±7.84	16.86	52.37
C4	24.18±6.35	12.96	40.07	28.70±6.62	14.70	44.62
C5	11.27±2.91	5.88	18.51	13.82±3.27	6.98	22.14
C6	11.83±3.77	5.54	21.99	14.48±4.11	6.85	26.31
C7	23.62±5.83	11.68	35.86	26.64±5.40	13.57	37.15
C8	8.67±2.11	4.74	13.54	9.85±2.25	4.49	14.39
C9	28.47±7.07	15.32	46.33	34.87±8.28	16.76	56.31
C10	49.35±12.08	27.67	76.63	58.91±12.75	29.27	85.58
C11	76.74±18.79	41.25	113.21	86.32±21.74	16.37	127.15
C12	13.89±3.24	7.57	21.08	16.40±3.80	7.51	24.00
C13	26.23±6.39	13.98	37.43	32.73±7.48	15.75	46.85
C14	30.94±7.94	16.31	47.61	35.14±7.26	17.56	49.37
C15	23.42±5.79	13.06	34.81	27.76±6.00	14.69	42.90
C16	26.48±5.91	15.13	38.82	30.64±6.30	15.73	45.86
C17	39.72±9.30	22.68	59.92	46.11±9.68	24.28	68.56
C18	18.78±4.62	10.89	29.89	22.47±5.26	11.30	37.18
C19	29.67±7.35	16.91	45.35	36.52±8.62	17.32	54.50
C20	27.21±6.64	15.24	41.14	31.66±7.45	14.26	46.68
C21	35.43±8.66	19.55	53.84	41.44±8.93	21.14	60.77
C22	13.64±3.65	7.54	21.88	16.03±3.79	8.29	25.98
C23	21.57±6.33	10.52	36.18	25.79±5.69	11.38	36.55
C24	29.93±7.85	15.34	47.11	31.29±7.10	13.82	45.24
C25	17.17±5.71	7.45	32.54	20.49±5.77	8.14	41.41
C26	26.25±8.20	11.96	47.25	27.96±6.22	9.94	39.24
C27	11.53±3.13	6.15	17.94	13.57±3.45	6.08	21.95
C28	33.15±9.49	16.79	53.64	36.46±7.94	16.48	53.47
C29	25.61±6.55	15.33	40.90	28.91±6.32	14.61	42.37
C30	18.14±4.70	11.01	29.72	21.63±4.72	9.33	31.85
C31	27.92±6.64	15.43	40.63	31.71±6.72	16.48	44.21
C32	21.04±7.97	8.12	40.94	21.38±6.34	6.98	36.45
C33	36.86±8.88	23.25	57.39	43.13±9.45	23.51	61.70
C34	9.33±2.35	4.80	14.61	10.70±2.38	4.92	15.08
C35	34.67±8.41	21.82	55.91	40.92±9.16	23.00	60.43

表 6 石爬属鱼类 34 个指标的前 4 个主成分的因子负荷
Tab. 6 The first four principal components loading for 34 morphometric variables in *Euchiloglanis*

距离 Distance	主成分 1 PC1	主成分 2 PC2	主成分 3 PC3	主成分 4 PC4
C2	0.9243	- 0.0924	0.0289	- 0.2664
C3	0.9698	0.1450	- 0.0186	0.0248
C4	0.9511	0.2262	- 0.1042	0.0633
C5	0.9212	0.2097	- 0.1478	0.0215
C6	0.9206	0.2647	- 0.1657	0.0354
C7	0.9688	- 0.1440	0.0352	0.0666
C8	0.9456	- 0.1512	0.1113	- 0.1276
C9	0.9493	0.2306	- 0.0607	- 0.0116
C10	0.9826	0.1320	- 0.0340	0.0706
C11	0.8273	- 0.0259	0.1247	0.3800
C12	0.9055	0.2241	- 0.2083	0.0316
C13	0.9711	0.0078	0.0384	0.0138
C14	0.9708	- 0.1127	0.0286	0.0255
C15	0.9511	0.1991	- 0.0662	0.0364
C16	0.9732	0.1266	0.0016	0.0526
C17	0.9830	0.1139	- 0.0027	0.0395
C18	0.9788	0.1124	- 0.0175	- 0.0070
C19	0.9759	0.0627	0.0434	0.0070
C20	0.9815	0.0419	- 0.0191	- 0.0455
C21	0.9882	0.0403	- 0.0337	- 0.0212
C22	0.9428	0.0046	0.0174	- 0.0178
C23	0.9666	- 0.0452	- 0.0036	- 0.1824
C24	0.9454	- 0.2025	- 0.0143	- 0.1224
C25	0.9001	- 0.0432	- 0.1171	- 0.3175
C26	0.9021	- 0.3028	- 0.2440	- 0.0173
C27	0.9540	- 0.1001	0.0040	- 0.0235
C28	0.9595	- 0.2062	- 0.0420	- 0.0238
C29	0.9492	- 0.1421	0.1299	0.1330
C30	0.9333	0.0747	0.2006	- 0.2104
C31	0.9333	- 0.1916	0.1809	0.1199
C32	0.7798	- 0.4060	- 0.4188	0.1214
C33	0.9363	- 0.0133	0.2970	0.0203
C34	0.9517	- 0.1423	0.0827	- 0.1017
C35	0.9254	0.0160	0.3186	0.0353
贡献率	88.87%	2.64%	2.02%	1.50%

2.3 形态特征的变异

综合图2、3、4的结果可以看到: 所测二类样本在PC1上差别最大, 也就是大小差别最大; PC2上差别较小, PC3上差别更小; 样本之间是连续的, 出现很大的重叠, 无论从PC1轴, 还是PC2轴, 还是PC3轴上都无法将它们截然分开, 表现出与PC1、PC2、PC3反映的性状在石爬 二类样本间没有明显差异, 也就是说腹鳍起点至臀鳍起点的距离是否大于至鳃孔下角的距离这一性状同PC1、PC2、PC3的特征之间没有明显的相关性。从图4可以看出, 在

PC2上, 腹鳍起点至臀鳍起点的距离大于至鳃孔下角的距离的样本(组I)多集中在中部偏左, 而组II多集中在中部偏右, 有一定的相关性。从前面的结果知道, 对PC2起关键作用的是头部相对大小、吻端至上颌须末端的距离、腹鳍起点至臀鳍起点的距离(反映腹鳍位置), 这正是黄石爬 和青石爬 的重要区别特征。但是, 这些样本之间是连续的, 不能截然分开。

2.4 种群的地理变化

对于所研究的样本, 如果以不同的采集地点做类别, 则可以得到如图5—7所示的主成分分析结果的散点图。综合图5—7的结果可以看到: 在PC1和PC3上, 不同地理种群的样本分散分布, 难以区别。而不同地理种群的样本在PC2上, 有一定的差异比如, 青衣江的样本PC2轴上因子得分普遍较低; 在图5中, 多分布在下部; 在图7中, 多分布在左侧。但是这种差异没有明显的地理变化规律表现出来, 各支流的样本出现连续和较大的重叠, 没有截然的

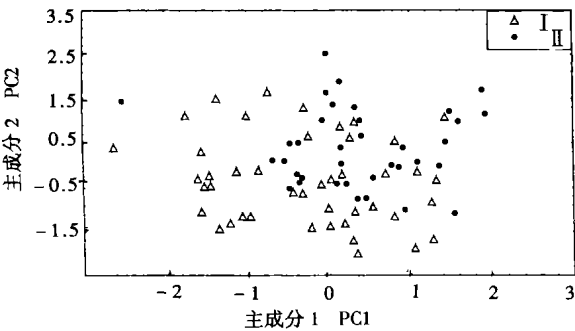


图2 石爬 属鱼类第一、二主成分散点图
Fig.2 Scatterplot of scores on PC1 and PC2 for *Euchiloglanis*

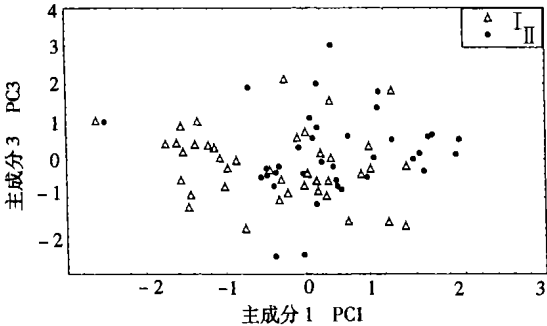


图3 石爬 属鱼类第一、三主成分散点图
Fig.3 Scatterplot of scores on PC1 and PC3 for *Euchiloglanis*

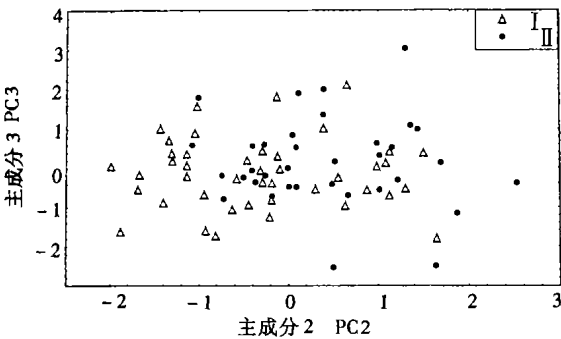


图4 石爬 属鱼类第二、三主成分散点图
Fig.4 Scatterplot of scores on PC2 and PC3 for *Euchiloglanis*

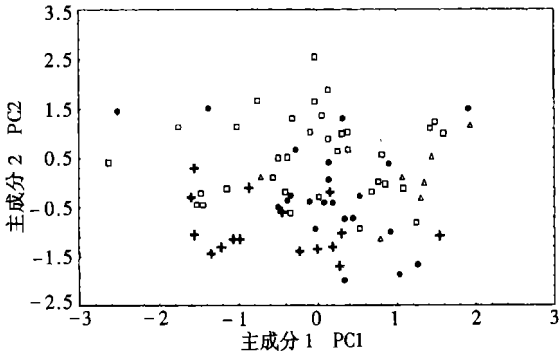


图5 不同地理种群的石爬 属鱼类第一、二主成分散点图
Fig.5 Scatterplot of scores on PC1 and PC2 for *Euchiloglanis* species to different distribution groups
注: ●大渡河 □岷江 +青衣江 △雅砻江

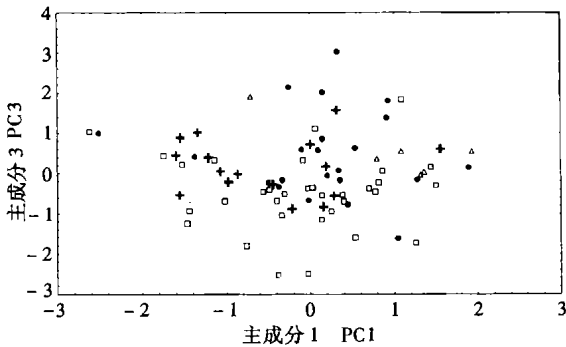


图6 不同地理种群的石爬 属鱼类第一、三主成分散点图
Fig.6 Scatterplot of scores on PC1 and PC3 for *Euchiloglanis* species to different distribution groups
注: ●大渡河 □岷江 +青衣江 △雅砻江

界限,无论从 PC1 轴、PC2 轴,还是 PC3 轴,都无法将它们分成独立的种群。

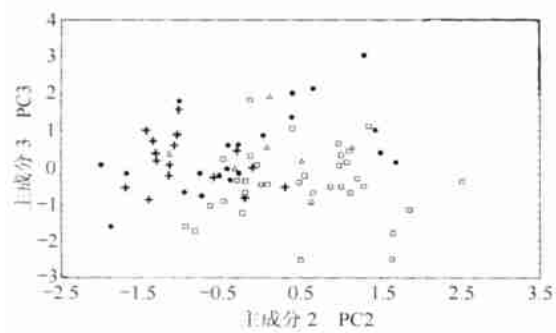


图7 不同地理种群的石爬 属鱼类第二、三主成分散点图

Fig. 7 Scatterplot of scores on PC2 and PC3 for *Euchiloglanis* species to different distribution groups
注:●大渡河 □岷江 +青衣江 △雅砻江

2.5 种间及个体间的遗传多态性

比对排序共获得 548bp 同源序列, A、T、G、C 碱基平均含量分别为 31.4%、22.8%、21.7%、24.1%。其中多态位点 2 个, 占总序列的 0.365%。在 2 个多态性核苷酸位点中, 均为转换(A 和G 之间、C 和T

之间各 1 次)。

种间的遗传差异很小, 平均差异百分率仅为 0.075%。10 个样品中共有 3 种单倍型, 有 8 尾(Et ld, Et mx, Et gx, Et wc, Ek tq, Ek mx, Et ya, Et bx) 具有相同的单倍型(Haplotype)。

同种个体之间的遗传差异亦很小, 548bp 16S rRNA 基因同源序列中青石爬 和黄石爬 种内多态位点均只有 1 个, 平均差异百分率分别为 0.054% 和 0.095%。石爬 属鱼类个体间 16S rRNA 序列差异极小(表 7), 遗传差异从 0—0.381%, 平均差异百分率为 0.069%。

3 讨论

3.1 “青 ”是青石爬 ？

褚新洛对 属和石爬 属订正之前, 长期认为 *E. davidi* 的上颌齿带是不向两侧后方延伸的, 引起对 *Euchiloglanis* 属鉴定的混乱。褚新洛^[8] 的订正表明: *E. davidi* 的模式标本的上颌齿带为原 型, 这个性状应该是 *Euchiloglanis* 的属性。

表 7 石爬 属鱼类个体间 16S rRNA 基因片段差异的百分值(%)

Tab. 7 Average genetic distances of *Euchiloglanis* by 16S rRNA gene fragments analysis

	Et ya	Ek mx	Et bx	Et yj	Ek tq	Et gx	Et mx	Et lc	Et wc	Ek yj
Et ya										
Ek mx	0.000									
Et bx	0.000	0.000								
Et yj	0.190	0.190	0.190							
Ek tq	0.000	0.000	0.000	0.190						
Et gx	0.000	0.000	0.000	0.190	0.000					
Et mx	0.000	0.000	0.000	0.190	0.000	0.000				
Et ld	0.000	0.000	0.000	0.190	0.000	0.000	0.000			
Et wc	0.000	0.000	0.000	0.190	0.000	0.000	0.000	0.000		
Ek yj	0.190	0.190	0.190	0.381	0.190	0.190	0.190	0.190	0.190	

从李树深等^[22] 核型分类研究的结果来看, 似乎论证了黄石爬 和青石爬 是两个独立的物种。其实, 这是由于李树深等研究材料的鉴定依据不同导致的错误推论, 给人们形成误导。李树深等研究中依据褚新洛^[7] 的检索表鉴定的黄石爬 *Coraglanis kishinouyei* (Kimura) 与褚新洛^[8] 订正后的 *Euchiloglanis kishinouyei* Kimura 一致, 而鉴定的青 *Euchiloglanis davidi* (Sauvage) 将“上颌齿带为 型, 不向两侧后方延伸鉴定为 *Euchiloglanis*, 当时称 属) 与褚新洛^[8] 订正后的青石爬 根本不是同种个体。所以,

李树深等研究中的青 不是青石爬 , 却为订正后的 属中的个体, 其研究结论只论证了黄石爬 和 属中的某种鱼的核型差异。

3.2 青石爬 与黄石爬 的物种有效性

主成分分析能够找出多变量之间的结构关系, 在分类学上是标本之间的结构关系, 它简化数据, 澄清多项性状间的关系, 把全部性状的总方差分成数目有限的不相关的新变量, 即主成分^[23]。本文主成分分析的结果表明, 作为区别青石爬 和黄石爬 的重要特征: 头部相对大小、上颌须的须状延长部分

相对长短, 腹鳍相对位置等相互之间有一定的相关性, 但是没有截然的界限, 而是有较大的重叠, 难以区分。从地理分布看, 青衣江的样本在上述特征上有较大的相关性, 但和大渡河、岷江、青衣江、雅砻江的样本之间, 没有截然的界限分开。对于石爬 鱼类目前的分类而言, 如果分为二个种, 则这二个种同域分布。但是从特征的区别看, 虽然一些特征在区分个体上有一定的倾向, 但重叠较大, 难以截然分开, 因此, 作为一个种处理更为客观。

线粒体 16S rRNA 基因片段表明, 石爬 属鱼类个体间 16S rRNA 基因片段差异极小, 遗传距离从 0—0.381%, 平均为 0.069%, 表明不同个体间无明显差异; 种间的遗传差异很小, 平均差异百分率仅为 0.075%, 不支持青石爬 和黄石爬 是 2 个物种。同时, 也可能表明了 mtDNA 16S rRNA 序列的变异性不太适合于该属鱼类的多样性研究, 进一步选择更为分化的遗传标记进行测序, 分析多样性, 结果将更为可信。

综合形态数据和分子数据的分析结果, 石爬 属鱼类应该只划分为一个种。在时间上, 模式种青石爬 *E. davidi* (Sauvage) 比曾经一度移放 *Coraglanis* 属的黄石爬 *kishinouyei* 早, 故黄石爬 是青石爬 的同物异名。

参考文献:

[1] Datta A K. Zoological results of the Indian Chr Oyu expedition [J]. *Re. Indian Mus*, 1962, **41**(4): 437—450

[2] Sauvage H E. Notices ichthyologiques. I. Sur deux siluroïdes de genres nouveaux provenant du Tibet oriental [M]. *Rev. Mag. Zool.*, 1974, **2**: 332—340

[3] Regan C T. A synopsis of the species of the siluroïd genera *Pareosotoma*, *chimaridiths* and *Exostoma* [J]. *Ann. Mag. Nat. His.*, 1905, **7**(15): 182—183

[4] Hora S L. Notes on the fishes in the Indian Museum, 5. On the composite genus *Glyptosternum* McClelland [J]. *Re. Indian Mus*, 1923, **25**: 1—44

[5] Steinitz H. Notes on some glyptostemoid fishes (Sisoridae) [J]. *Mitt. ham. zool. Mus. Inst.*, 1961, **59**: 105—115

[6] Hora S L. Evolution and distribution of glyptostemoid fishes of the family Sisoridae (Order: Siluriformes) [J]. *Proc. Nat. Inst. Sci. Indian.*, 1952, **18**: 309—322

[7] Menon A G K., Sen T K. Extension of the geographical range of *Eurichilognis halgarti* (Hora) with certain observation of the zoogeography and evolution of glyptostemoid fishes of the family Sisoridae [J]. *Sci. Cult.*, 1966, **32**(4): 211—212

[8] Chu X L. Systematics and evolutionary pedigree of the glyptostemoid fishes [J]. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 1979, **4**(1): 72—82. [褚新

洛. 鱼类的系统发育及演化谱系, 包括一新属和一新亚种的描述. *动物分类学报*, 1979, **4**(1): 72—82]

- [9] Chu X L. Taxonomic revision of the genera *Paraichilognis* and *Eurichilognis* [J]. *Zoological Research*, 1981, **2**(1): 25—31. [褚新洛. 属和石爬 属的订正, 包括一新种的描述. *动物学研究*, 1981, **2**(1): 25—31]
- [10] Hubbs C L., Lagler K F. Fish of the great lake region [M]. Arbor: Univ. of Michigan Press, 1964
- [11] Bookstein F L., Chernoff B., Elder R., Humpries, J., Smith G., & Strauss, R. Morphometrics in Evolutionary Biology [M]. Special publication 15. Philadelphia: The Academy of Natural Science of Philadelphia, 1985
- [12] Cai M J., Zhang M Y., Zeng, Q L et al. A study on morphometrics of the genus *Megalobrama* [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2001, **25**(6): 631—635. [蔡鸣俊, 张敏莹, 曾青兰, 等. 鲴属鱼类形态度量学研究 [J]. *水生生物学报*, 2001, **25**(6): 631—635]
- [13] Xie Z G., Zhang E., He S P. Study on species validation for *Glyptothorax sinense* (Regan) and *G. fukiensis* (Rendahl) with the method of morphometrics [J]. *Journal of Huangzhong Agricultural University*, 2001, **20**(2): 169—172. [谢仲桂, 张鹞, 何舜平. 应用形态度量学方法对中华纹胸 和福建纹胸 物种有效性的研究 [J]. *华中农业大学学报*, 2001, **20**(2): 169—172]
- [14] Yang X P., Zhang M Y., Liu H Z. Morphological variations and geographical differential of the genus *Pseudogobio* (Teleostei: Cyprinidae) in China [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2002, **26**(3): 281—285. [杨秀平, 张敏莹, 刘焕章. 中国似 属鱼类的形态变异及地理分化研究 [J]. *水生生物学报*, 2002, **26**(3): 281—285]
- [15] Yang X P., Zhang M Y., Liu H Z. Studies on morphometrics of the genus *Saurogobio* [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2003, **27**(2): 164—169. [杨秀平, 张敏莹, 刘焕章. 蛇 属鱼类的形态度量学研究 [J]. *水生生物学报*, 2003, **27**(2): 164—169]
- [16] Schaefer S A. Morphometric investigations in Cyprinid biology. In I J Winfield and J S Nelson (eds.) London: Chapman and Hall, 1991, 55—82
- [17] Brone C R., Fleischer G W., Maistrenko S G., et al. Stock structure of Lake Baikal omul as determined by whole body morphology [J]. *J of Fish Biology*, 1999, **54**: 787—798
- [18] Ausubel F M. Short protocols in Molecular Biology [M]. 2nd ed. New York: John Wiley & Sons, 1992
- [19] Thompson J D., Gibson T J., Plewniak F., et al. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequences alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Res.* 1997, **25**(24): 4876—4882
- [20] Palumbi S R., Martin A P., Romano S., et al. The Simple Fool's Guide to PCR, Version 2.0 [M]. Published and distributed by the authors, Honolulu, HI., 1991
- [21] Galtier N., I Seaview and phylorwin: two graphic tools for sequence alignment and molecular phylogeny [J]. *Comput. Appl. Biosci.*, 1996, **12**: 543—548
- [22] Kimura S., Tamura K., Jakobsen I. B., et al. MEGA: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Software, Version 2.1 [M]. Arizona: Arizona State University. 2001

[23] Li, S. S. and Wang, R. F., *et al.* A karyotype study of *Coreglanis kishinouyei* and *Euchiloglanis davidi* [J]. Transactions of the Chinese Ichthyological Society. Beijing: Science Press, 1981, (2): 153—155
[李树深, 王蕊芳, 刘光佐, 等. 石爬 和青 细胞核型的研究. 鱼类学论文集, 北京: 科学出版社, 1981, (2): 153—155]

[24] Zhao, T. Q. The concept and method of systematic biology [M]. Beijing: Science Press, 1992, 223—226[赵铁桥, 系统生物学的概念和方法. 北京: 科学出版社, 1992, 223—226]

MORPHOLOGICAL VARIATIONS AND SPECIES VALIDITY OF
GENUS *EUCHILOGLANIS* (SILURIFORMES: SISORIDAE) IN CHINA

GUO Xian-Guang^{1, 2}, ZHANG Yao-Guang² and HE Shun-Ping¹

(1. Institute of Hydrobiology, The Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072;

2. School of Life science, Southwest China Normal University, Chongqing 400715)

Abstract:The delimitation between *Euchiloglanis davidi* and *Euchiloglanis kishinouyei* has not been clear all the time. In the present paper, we studied inter-specific and intra-specific variations of *E. davidi* and *E. kishinouyei* by principal component analysis and 548bp mtDNA 16S rRNA sequences analysis. 35 characters were measured and 34 among them were analyzed using multivariate morphometrics for 80 specimens of the genus *Euchiloglanis*. We amplified and sequenced the mtDNA 16S rRNA gene fragments in 10 individuals of *Euchiloglanis*. Sequences were read from one strand (L strand) and aligned using Clusta1X 1.8 program and SEAVIEW program. Pairwise sequence comparisons to determine the amount of variation were performed using MEGA 2.1. According to the results of principal component analysis and p-distance, the species validities were evaluated. The results showed that: (1) the diagnostic characters between *E. davidi* and *E. kishinouyei*, such as anterior position of ventral fins, its origin being always nearer or not to lower angle of gill opening than to anal fin, maxillary barbells extending beyond or not to gill opening, were correlated. However, specimens could not be distinguished definitely according to these differences because of the overlap in characters; (2) there were differences among populations from different localities, but no definite correlation to the tributary of Jinshajiang River could be found; (3) the genetic distance was very small between *E. davidi* and *E. kishinouyei*, and it was only 0.075% on average; (4) Only 2 variation loci were detected and the mutation rate was 0.365%; (5) the genetic distance was also small among the genus *Euchiloglanis*, ranging from 0—0.381% and 0.069% on average. Based on these results, *Euchiloglanis* species in China is suggested as only one species, and *E. kishinouyei* is argued as a synonym of *E. davidi*.

Key words: *Euchiloglanis*; Morphological variations; Principal component analysis; Species validity; Mitochondrial 16S rRNA; Genetic distance