

# 从细胞色素 *b* 基因序列探讨笛鲷属的分子系统发生关系\*

朱世华 杨迎春 沈锡权 邹记兴\*\* 郑文娟 余红卫 黄 勃

宁波大学生命科学与生物工程学院生物系, 浙江 宁波 315211

**摘 要** 测定了 9 种中国南海的笛鲷属鱼类的细胞色素 *b* 基因的部分序列, 结合来自 GenBank 中 1 种分布于菲律宾和 9 种分布于美国大西洋的笛鲷属鱼类的相应同源序列, 用邻接法和最大简约法构建分子系统树。结果显示: 红鳍笛鲷 (*Lutjanus erythropterus*) 与红笛鲷 (*L. sanguineus*) 之间的同源序列碱基差异百分率只有 0.32%, 支持二者是同种异名的观点; 中国南海的笛鲷属鱼类间的平均碱基差异要高于美国大西洋笛鲷属鱼类。在 MP 和 NJ 树中, 美国大西洋笛鲷表现为亲缘关系较近, 来源于中国南海的笛鲷属鱼类相对集中在树的基部, 分歧较大。这与所研究的笛鲷地理分布和地理隔离基本相一致, 同时也说明中国南海笛鲷分化较早并且分歧较大 [动物学报 52 (3): 514–521, 2006]。

**关键词** 笛鲷属 线粒体 DNA 细胞色素 *b* 基因 分子系统发生

## Phylogenetic relationships of *Lutjanus* inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequences\*

ZHU Shi-Hua, YANG Ying-Chun, SHEN Xi-Quan, ZOU Ji-Xing\*\*, ZHENG Wen-Juan, YU Hong-Wei, HUANG Bo

Department of Biology, Faculty of Life Science and Biotechnology, Ningbo University, Ningbo 315211, Zhejiang, China

**Abstract** 402 bp length fragments of mitochondrial cytochrome *b* gene from 9 species of genus *Lutjanidae* in South China Sea were cloned and sequenced. The resulting data were combined with homologous sequences of 9 species in western Atlantic in America and 1 species in Philippines of *Lutjanidae* downloaded from GenBank to form the analysis matrix. Molecular phylogenetic trees were constructed by neighbor-joining (NJ) and maximum parsimony (MP) methods based on 316 bp Cyt *b* gene sequences, with *Cyprinus carpio* as the designated outgroup. The results show that nucleotide sequence divergence is only 0.32% between *Lutjanus erythropterus* and *L. sanguineus*, supporting that *L. erythropterus* and *L. sanguineus* may be synonyms. The nucleotide sequence divergence among the South China Sea *Lutjanidae* is higher than that among the western Atlantic *Lutjanidae*. Both NJ and MP trees indicated a closer relationship in the western Atlantic *Lutjanidae* than in the South China Sea *Lutjanidae*. South China Sea *Lutjanidae* is basal in the NJ and MP tree and diverged before western Atlantic *Lutjanidae* [Acta Zoologica Sinica 52 (3): 514–521, 2006].

**Key words** *Lutjanus*, Mitochondrial DNA, Cytochrome *b* gene, Molecular phylogeny

线粒体 DNA (Mitochondrial DNA, mtDNA) 能很好地反映动物进化和系统发生的历程及种间的亲缘关系, 能成功解决形态差异很小的物种间的系统发生关系 (Harrison, 1989; Browers et al., 1994; Zardoya and Meyer, 1996)。mt DNA 中的

细胞色素 *b* (Cytochrome *b*, Cyt *b*) 基因进化速度适中, 是研究动物种内和近缘种间的系统发育、起源进化的良好分子标记之一, 广泛应用于鱼类的系统发育、进化和分类的研究中 (Irwin et al., 1991; Meyer, 1993; 高天翔等, 2003; 项方等,

2005-10-31 收稿, 2006-04-03 接受

\* 宁波市自然 (博士) 科学基金 (No.2005A610027) 和宁波大学人才基金资助项目 [This research was funded by the grants from the Natural (Doctoral) Science Foundation of Ningbo (No.2005A610027) and Intelligence Foundation of Ningbo University]

\*\* 通讯作者 (Corresponding author). E-mail: zoujixing@nbu.edu.cn

© 2006 动物学报 Acta Zoologica Sinica

2004；何舜平等，2004）。

笛鲷属（*Lutjanus*）隶属鲈形目（Perciformes）、鲈亚目（Percoidei）、鲈总科（Percoidea）、笛鲷科（Lutjanidae），其中有些是较为名贵的海洋经济鱼类。我国有笛鲷属种类约 20 种，主要分布在南海（成庆泰、郑葆珊，1984；黄宗国，1994），对笛鲷属的分子系统发生目前只进行了初步的研究。Sarver et al.（1996）基于线粒体 Cyt *b* 和 12S 部分序列对 10 种太平洋笛鲷进行了系统发生关系的研究，周发林等（2004）对 6 种笛鲷属鱼类 Cyt *b* 基因片段序列进行了比较，王中锋等（2005）对 5 种笛鲷 mtDNA 及 Cyt *b* 基因片段进行了 RFLP 比较，初步探讨了中国笛鲷属的系统发生关系。中国南海笛鲷与大西洋笛鲷的系统关系未见报道。本文通过对笛鲷属 19 种鱼类 Cyt *b* 基因序列的比较分析，探讨了中国笛鲷、中国笛鲷与大西洋笛鲷属种间的分子系统发生关系。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料来源

2005 年 4 月–9 月分别在广东和浙江沿海采集了分布于我国的笛鲷属 9 种鱼类：蓝点笛鲷 *Lutjanus rivulatus*（Cuvier，1828）、红鳍笛鲷 *L. erythropterus*（Bloch，1790）、勒氏笛鲷 *L. russelli*（Bleeker，1849）、紫红笛鲷 *L. argentimaculatus*（Forskall，1775）、金焰笛鲷 *L. fulviflamma*（Forskall，1775）、千年笛鲷 *L. sebae*（Cuvier，1828）、焦黄笛鲷 *L. fulvus*（Bloch et Schneider）、约氏笛鲷 *L. johni*（Bloch）、红笛鲷 *L. sanguineus*（Cuvier et Valenciene）（表 1），整条样品保存于 95% 的酒精中。

### 1.2 方法

**1.2.1 基因组 DNA 提取和 PCR 扩增** 取 0.1 g 酒精保存样品的背部肌肉，依次用蒸馏水、STE（0.1 mol/L NaCl、1 mmol/L EDTA，10 mmol/L Tris-Cl，pH 8.0）缓冲液浸泡洗涤直至将肌肉组织中的酒精去除。加入 900  $\mu$ l STE，180  $\mu$ l 10% SDS，20  $\mu$ l 20 mg/ml 蛋白酶 K，55℃ 至消化完全；用苯酚：氯仿：异戊醇（25：24：1）抽提，2 倍体积无水乙醇沉淀、30  $\mu$ l TE 溶解，电泳检测，–20℃ 保存备用。

用于 PCR 扩增的引物为脊椎动物的 Cyt *b* 部分序列的通用引物：28-For 5′-CGAACGTTGATATG AAAAACCATCGTTG-3′ 和 34-Rev 5′-A-

AACTGCAGCCCCCTCAGAATGATATTTGTCCTC-A-3′）（Cantatore et al.，1994）。PCR 反应的模板 DNA 约为 100 ng，反应体系总体积为 50  $\mu$ l，其中 10× 缓冲液 5  $\mu$ l，dNTPs 2  $\mu$ l（各 2.5 mmol/L），引物各 1  $\mu$ l（20  $\mu$ mol/L），*Taq* 酶 2 U。PCR 反应条件为 94℃ 预变性 4 min，然后 94℃ 变性 45 s，54℃ 退火 45 s，72℃ 延伸 1 min，35 个循环，最后 72℃ 延伸 10 min。

表 1 研究材料的种类及其来源

Table 1 Species and sources of materials

种类 Species	来源 Sources	GenBank 登录号 GenBank accession
笛鲷属 <i>Lutjanus</i>		
紫红笛鲷 <i>L. argentimaculatus</i>	广东 Guangdong	DQ484043
红鳍笛鲷 <i>L. erythropterus</i>	广东 Guangdong	DQ484046
金焰笛鲷 <i>L. fulviflamma</i>	广东 Guangdong	DQ484044
焦黄笛鲷 <i>L. fulvus</i>	广东 Guangdong	DQ484048
约氏笛鲷 <i>L. johni</i>	广东 Guangdong	DQ484047
千年笛鲷 <i>L. sebae</i>	浙江 Zhejiang	DQ484041
蓝点笛鲷 <i>L. rivulatus</i>	广东 Guangdong	DQ484045
勒氏笛鲷 <i>L. russelli</i>	广东 Guangdong	DQ484042
红笛鲷 <i>L. sanguineus</i>	广东 Guangdong	DQ484049
交叉笛鲷 <i>L. decussatus</i>	菲律宾 Philippines	AF2407501
双色笛鲷 <i>L. analis</i>	大西洋 western Atlantic	LAU26950
八带笛鲷 <i>L. apodus</i>	大西洋 western Atlantic	LAU26957
西大西洋笛鲷 <i>L. campechanus</i>	美国 USA	AY374294
巴西笛鲷 <i>L. cyanopterus</i>	大西洋 western Atlantic	LCU26955
灰笛鲷 <i>L. griseus</i>	大西洋 western Atlantic	LGU26958
白纹笛鲷 <i>L. jocu</i>	大西洋 western Atlantic	1JU26949
马氏笛鲷 <i>L. mahogoni</i>	大西洋 western Atlantic	LMU26952
巴哈马笛鲷 <i>L. synagris</i>	大西洋 western Atlantic	LSU26951
红边笛鲷 <i>L. vivanus</i>	大西洋 western Atlantic	LVU26954

PCR 产物电泳割胶回收，用凝胶纯化试剂盒（上海申能）纯化，与 pUCm-T 载体（上海生工）连接，转化感受态细胞 DH5 $\alpha$ ，筛选阳性克隆子，提取克隆质粒，用 M13 引物在自动测序仪（Applied Biosystems 3730，上海英俊）正反双向测序，以保证所测序列的准确性。

**1.2.2 序列分析** 测得的序列，去除两端引物序列，并删除 5′ 端起始密码子（ATG）前的碱基，与从 GenBank 下载的 10 种笛鲷属鱼类和作为外群的鲤鱼（*Cyprinus carpio*）的 Cyt *b* 基因部分序列

(X61010)一起用 MEGA version 3.0 软件中的 Clustal W 排序,生成供系统发育分析的矩阵,用 MEGA version 3.0 软件分析序列的碱基组成和差异百分比、变异位点、简约信息位点数、转换/颠换值(Kumar et al., 2004)。系统分析用最大简约法(MP)和邻接法(NJ),系统分析与分子进化分析使用软件包 PAUP Version 4.0b10(Swofford, 2003)。最大简约法分析使用启发式搜寻,参数设置为:1 000 random stepwise addition sequence replicates,构树方法采用 tree-bisection-reconnection (TBR),所有数据未加权。邻接法分析使用 Kimura' Two-parameter。系统树分支的置信度采用重复抽样分析(Bootstrap analysis)的方法,重复抽样的次数为1 000次。大于 40%的 bootstrap 标注在图上。

## 2 结 果

### 2.1 Cyt b 基因片段序列特征

表 2 笛鲷属部分鱼类的 Cyt b 基因部分序列的碱基差异百分比(下三角)和转换/颠换(上三角)

Table 2 Percentage divergence (below diagonal) and number of transitions/transversions (above diagonal) for partial cytochrome b sequences in *Lutjanus*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1		17/5	23/7	18/3	18/9	23/10	18/11	16/7	22/6	20/4	19/5	22/8	12/2	24/6	22/13	17/11	25/10	20/4	17/2
2	7.01		25/8	25/4	29/10	23/9	24/10	18/4	23/3	12/2	4/0	24/7	26/5	25/3	22/10	23/10	25/13	23/7	22/3
3	9.55	10.51		29/10	30/14	25/11	25/18	27/8	29/9	32/10	23/8	25/15	28/9	29/9	30/12	24/18	25/13	28/7	27/9
4	6.69	9.24	12.42		26/8	24/11	20/10	23/6	24/5	29/6	25/4	25/7	22/3	26/5	29/12	19/10	31/11	24/5	7/1
5	8.60	12.42	14.01	10.83		30/15	20/14	17/12	31/11	27/12	27/10	31/11	22/9	31/11	25/18	19/14	28/15	31/9	25/7
6	10.51	10.19	11.47	11.15	14.33		20/15	20/9	27/10	30/11	24/9	28/14	21/10	27/10	25/13	19/15	20/18	26/12	23/10
7	9.24	10.83	13.69	9.55	10.83	11.15		15/12	25/13	28/12	23/10	25/9	26/11	25/13	27/14	1/0	23/11	29/13	21/9
8	7.33	7.01	11.15	9.24	9.24	9.24	8.60		28/5	22/6	18/4	24/11	23/7	28/5	16/10	14/12	27/11	29/9	22/5
9	8.92	8.28	12.10	9.24	13.38	11.78	12.10	10.51		27/5	23/3	27/10	27/6	2/0	30/11	24/13	24/14	25/8	27/4
10	8.60	4.46	13.38	11.15	12.42	13.06	12.74	8.92	10.19		14/2	28/9	24/7	29/5	29/12	27/12	26/15	25/9	24/5
11	7.64	1.27	9.87	9.24	11.78	10.51	10.51	7.01	8.28	5.10		27/7	26/5	23/3	25/10	22/10	24/13	23/7	24/3
12	9.55	9.87	12.74	10.19	13.38	13.38	10.83	11.15	11.78	11.78	10.83		31/8	29/10	27/15	24/9	28/14	29/10	23/6
13	4.46	9.87	11.78	7.96	9.87	9.87	11.78	9.55	10.51	9.87	9.87	12.42		27/6	25/13	25/11	24/12	19/4	19/2
14	9.55	8.92	12.10	9.87	13.38	11.78	12.10	10.51	0.64	10.83	8.28	12.42	10.51		31/11	24/13	24/14	27/8	29/4
15	11.15	10.19	13.38	13.06	13.69	12.10	13.06	8.28	13.06	13.06	11.15	13.38	12.10	13.38		26/14	28/15	25/15	28/11
16	8.92	10.51	13.38	9.24	10.51	10.83	0.32	8.28	11.78	12.42	10.19	10.51	11.47	11.78	12.74		22/11	28/13	20/9
17	11.15	12.10	12.10	13.38	13.69	12.10	10.83	12.10	12.10	13.06	11.78	13.38	11.47	12.10	13.69	10.51		27/12	28/10
18	7.64	9.55	11.15	9.24	12.74	12.10	13.38	12.10	10.51	10.83	9.55	12.42	7.33	11.15	12.74	13.06	12.42		21/4
19	6.05	7.96	11.47	2.55	10.19	10.51	9.55	8.60	9.87	9.24	8.60	9.24	6.69	10.51	12.42	9.24	12.10	7.96	

Codes 1 - 19 denote: *L. analis*, *L. apodus*, *L. argentimaculatus*, *L. campechanus*, *L. cyanopterus*, *L. decussates*, *L. erythropterus*, *L. fulviflamma*, *L. fulvus*, *L. griseus*, *L. jocu*, *L. johni*, *L. mahogoni*, *L. rivulatus*, *L. russelli*, *L. sanguineus*, *L. sebae*, *L. synagris*, *L. vivanus*.

经 PCR 扩增、回收、克隆、测序等步骤得到 Cyt b 基因部分序列,切除两端引物和 5'端 ATG 前面的序列,进行比对排序。在本研究中的 9 种笛鲷属鱼类中均得到 402 bp 的 Cyt b 基因部分序列,没有发现碱基的插入和缺失。从 GenBank 中得到分布于大西洋(美国)、菲律宾等 10 种笛鲷属鱼类和作为外群的鲤鱼 Cyt b 基因部分序列经比对后(图 1),在同源的 316 bp 的 DNA 序列中,有 118 个碱基存在变异,约占 37.41%,其中 74 bp 具有简约性信息位点,198 个位点是保守的。在 20 种(包括外类群)同源的 316 bp Cyt b 基因部分序列中没有发现碱基的插入和缺失。

所得到的笛鲷属鱼类 Cyt b 基因部分片段序列中 T, C, A 和 G 碱基平均含量分别为 29%, 31.6%, 23.3%和 16.1%,显示 G 碱基相对缺乏。其中 A + T 的含量为 52.3% 高于 G + C 含量(47.7%)。在三联体密码子中的碱基组成有很大的变化(图2),在密码子的第一位中四种碱基频率



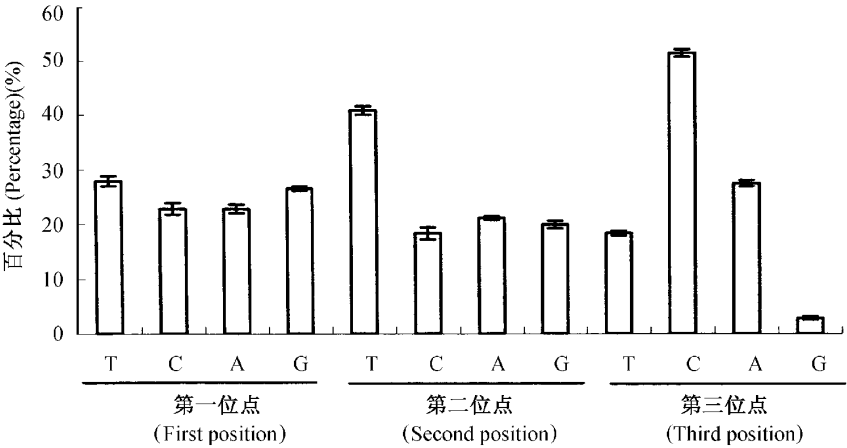


图 2 密码子三个位点的碱基组成频率  
Fig.2 Base frequencies at the three codon-positions

相近，但在第二位中 T 碱基的频率高达 41%，在第三位中，C-3 的频率达到 52.2%，但 G-3 只有 2.8%，这一模式与其它动物相似（Hassanin et al., 1998）。序列中的转换明显比颠换多，转换与颠换之比值为 3.54（Kimura 双因子参数模型），显示这些位点没有突变饱和。

除去外群，碱基平均差异为 10.16%，其中红鳍笛鲷与红笛鲷之间同源序列碱基差异百分率只有 0.32%，蓝点笛鲷与焦黄笛鲷碱基差异百分率为 0.64%、八带笛鲷与白纹笛鲷之间碱基差异百分率分别为 1.27%。巴西笛鲷与紫红笛鲷碱基差异百分率最高为 14.01%。属于南海的中国 9 种笛鲷和菲律宾的交叉笛鲷平均碱基差异为 10.84%，高于来自美国的大西洋的 9 种笛鲷鱼类的平均碱基差异（8.28%）（表 2）。

2.2 分子系统树的构建

应用邻接法（NJ）和简约法（MP）构建了笛鲷属部分物种的分子系统发育关系树（图 3 和图 4），树上各分支上的数字用 1 000 次 Bootstrap 表示统计分析后对该支的支持百分比（Felsenstein, 1985）。

所构建的 NJ 和 MP 树的拓朴结构较为相似，但约氏笛鲷与交叉笛鲷在两个树中相聚位置不同（图 3 和图 4）。除了巴西笛鲷外的其它 8 种美国大西洋笛鲷相聚在树的上部（图 3、4：I），中国笛鲷的聚类比较分散（图 3、4：II）。

3 讨 论

Sarver et al.（1996）基于 Cyt b 和 12S 部分 DNA 序列对 10 种美国太平洋笛鲷进行了系统发生

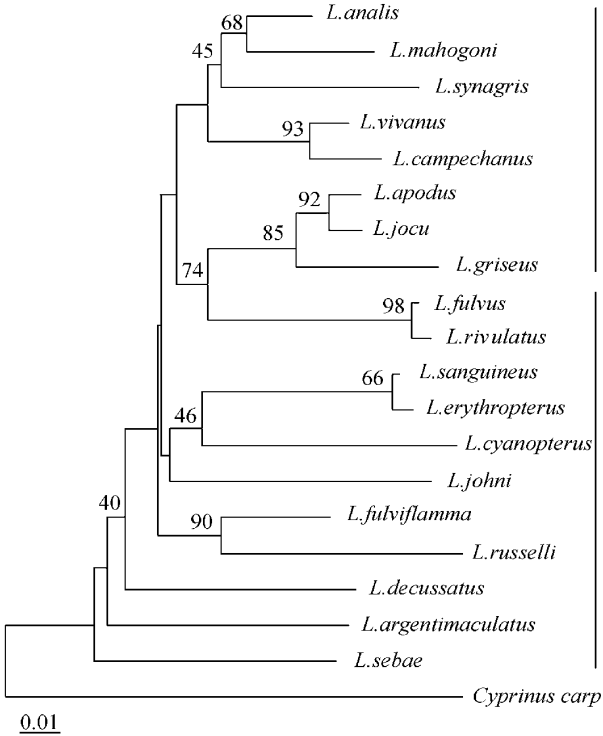


图 3 基于笛鲷属鱼类 Cyt b 基因部分序列通过邻接法构建的分子系统树  
枝上数字为自举置信水平（BCL）值。

Fig.3 Molecular phylogenetic tree based on the partial Cyt b sequences of *Lutjanus* fishes constructed by Neighbor-Joining method of PAUP Version 4.0b10 with Bootstrap Test (1 000 replications)  
The values of bootstrap confidence level (BCL) of nodes are indicated above the branch.

的研究，认为八带笛鲷、白纹笛鲷和灰笛鲷属于姐妹群，双色笛鲷、马氏笛鲷相聚，这 5 种大西洋笛

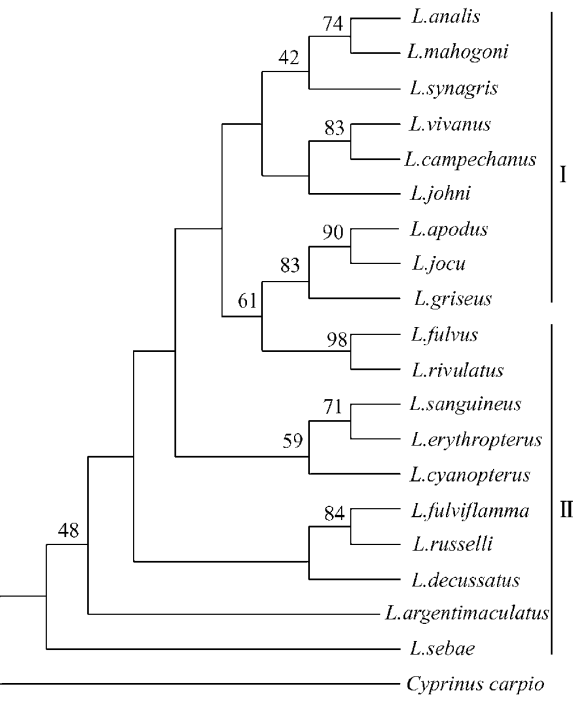


图 4 基于笛鲷属鱼类 *Cyt b* 基因部分序列通过最大简约构建的分子系统树  
枝上数字为自举置信水平 (BCL) 值, 步长 = 373, 一致性指数 = 0.4397, 保留指数 = 0.3192。

Fig.4 Molecular phylogenetic tree based on the partial *Cyt b* sequences of *Lutjanus* fishes constructed by Maximum Parsimony of PAUP Version 4.0b10 with Bootstrap Test (1 000 replications)

The values of bootstrap confidence level (BCL) of nodes are indicated above the branch. Tree length = 373; consistency index (CI) = 0.4397; retention index (RI) = 0.3192.

鲷与巴哈马笛鲷相聚成一簇, 亲缘关系相近。另外西大西洋笛鲷和红边笛鲷属于姐妹群。但巴西笛鲷与笛鲷属其它鱼类分歧很大, 而与红钻鱼属 *Etelis*、紫鱼属 *Pristipomoides* 更为接近。

这些大西洋笛鲷与中国笛鲷一起基于 *Cyt b* 部分序列进行聚类分析后, 亲缘关系有所变化。从 NJ 和 MP 树 (图 3 和图 4) 来看, 美国大西洋的笛鲷相位于树的上部, 总体上表现出大西洋笛鲷之间具有较近的亲缘关系。但双色笛鲷、马氏笛鲷和巴哈马笛鲷相聚成一簇, 西大西洋笛鲷和红边笛鲷相聚, 这两小簇再相聚成一簇, 显示这 5 种大西洋笛鲷鱼类亲缘关系相近。八带笛鲷、白纹笛鲷和灰笛鲷相聚成一簇, 但与中国笛鲷的蓝点笛鲷和焦黄笛鲷相聚, 有更近的亲缘关系。本研究发现巴西笛鲷与中国笛鲷的红鳍笛鲷与红笛鲷亲缘关系相近,

相聚成一簇。

蓝点笛鲷 (台湾称海鸡母笛鲷) 和焦黄笛鲷之间成体形态相似, 只是蓝点笛鲷幼鱼期背鳍鳍条下方具一淡蓝色圆斑 (或黑色缘白斑), 随生长渐变模糊至成体消失 (成庆泰、郑葆珊, 1987; 沈世杰, 1984b), 而焦黄笛鲷没有这一变化过程的报道, 二者之间碱基差异百分率为 0.66%, 且与大西洋笛鲷的八带笛鲷、白纹笛鲷和灰笛鲷亲缘关系较近, 聚成一簇。金焰笛鲷和勒氏笛鲷的亲缘关系相近聚在一起, 二者为姊妹种。比较 NJ 和 MP 树, 不同的是约氏笛鲷和交叉笛鲷所聚的位置, 并且没有得到高的 bootstrap 的支持, 因此关系比较难确定。

本研究材料大致可以分为两大地理类群, 一个是主要来源于美国的大西洋 (图 3 和 4: I), 另一个主要来源于中国南海 (图 3 和 4: II)。在 NJ 和 MP 树中, 美国大西洋来源的笛鲷属鱼类除巴西笛鲷外, 亲缘关系较近。来源于中国南海的笛鲷属鱼类相对集中在树的基部, 分歧较大。这结果与所研究的笛鲷的地理分布和隔离基本相一致, 也与中国南海笛鲷之间遗传多样性 (平均碱基差异 = 10.84%) 高于美国大西洋笛鲷 (平均碱基差异 = 8.28%) 相吻合, 同时也说明中国笛鲷的遗传多样性程度较高。

在中国笛鲷属鱼类中, 红鳍笛鲷 (台湾称为赤鳍笛鲷) (沈世杰, 1984a, 1984b, 1993) 与红笛鲷 (朱树屏, 1964) 的检索系统较为混乱: 有的学者认为红鳍笛鲷和红笛鲷是两个种, 分别给出了检索特征 (刘明玉等, 2000); 但更多的是只提其中一种, 例如: 我国早期的检索文献给出了红鳍笛鲷的检索特征 (中国科学院动物研究所等, 1962; 福建鱼类志编写组, 1985; 国家水产总局南海水产研究所等, 1979), 除南海鱼类志 (中国科学院动物研究所等, 1962) 在介绍红鳍笛鲷的检索特征后, 提供了红笛鲷的文献出处 (Weber and Beaufort, 1936, Fish of Indo-Australian Archipelago, vol. 7, p. 265) 外, 其它的早期文献没有对红鳍笛鲷的任何描述; 而我国近期的检索文献大多只提红笛鲷的检索特征 (成庆泰、郑葆珊, 1987; 孟庆闻等, 1995), 未提红鳍笛鲷。而我国较为详尽的鱼类名录 (朱树屏, 1964; 黄宗国, 1994; 伍汉霖等, 1999) 都记载有红鳍笛鲷与红笛鲷的分布, 而且分布区相似 (黄宗国, 1994), 但两者间的分类关系没有明确的描述。有学者认为红笛鲷 (*Lutjanus*

*sanguineus*) 是鉴定错误, 属于无效学名, 有效的学名为 *Lutjanus malabaricus* (<http://fishdb.sinica.edu.tw/2001new/main1.asp>), 但我国大陆学者编著的鱼类系统检索中没有 *Lutjanus malabaricus* (成庆泰、郑葆珊, 1987; 国家水产总局南海水产研究所等, 1979), 而相关名录却有 *Lutjanus malabaricus* 的记载 (黄宗国, 1994; 伍汉霖等, 1999), 称之为马拉巴笛鲷或摩拉吧笛鲷 (黄宗国, 1994; 伍汉霖等, 1999; 沈世杰, 1984b, 1993), 分布于台湾 (黄宗国, 1994)。台湾学者沈世杰 (1984b) 图绘了红笛鲷 (*L. sanguineus*) 与马拉巴笛鲷 (*L. malabaricus*) 头部凹凸和鳞列走向的细微差别, 但如此差别是否形成两个种没有报道, 而且检索资料有马拉巴笛鲷而没有红笛鲷的检索特征 (沈世杰, 1984b, 1993)。至于台湾的马拉巴笛鲷是否就是大陆沿海的红笛鲷, 没有明确的说法。沈世杰 (1993) 认为摩拉巴笛鲷与红鳍笛鲷 (*L. erythropterus*) 极为相似, 提供了两者的检索特征 (沈世杰, 1984b)。综合上述资料, 由于红鳍笛鲷体色多变 (沈世杰, 1984a), 形态鉴定十分困难, *L. sanguineus*、*L. malabaricus*、*L. erythropterus* 有可能没有分化到种间的水平, 而是一个种。本研究样品的鉴定依据为红笛鲷 *L. sanguineus* (Cuvier et Valenciennes) (成庆泰、郑葆珊, 1987)、红鳍笛鲷 *L. erythropterus* (Bloch, 1790) (中国科学院动物研究所等, 1962; 沈世杰, 1984a, 1984b, 1993), 从检索文献中可以看出两者的外形检索特征相似和可数性状重叠, 结合本研究中红鳍笛鲷与红笛鲷在 Cyt *b* 基因的同源序列碱基差异百分率只有 0.32% 的结果, 支持红笛鲷与红鳍笛鲷应属于同种异名 (synonyms)。笛鲷属是 Bloch 在 1790 年首先建立, 根据国际物种命名委员会的“优先原则” (Law of Priority), 学名应为: 红鳍笛鲷 *Lutjanus erythropterus* Bloch, 1790。至于马拉巴笛鲷 *L. malabaricus* (摩拉巴笛鲷) 是否就是红鳍笛鲷的同种异名还有待分类学家从形态、发育和分子水平做进一步的鉴定。

致谢 感谢中国水产科学研究院南海水产研究所陈铮先生对本文所采集的种类进行分类鉴定。

## 参考文献 (References)

- Browers N, Stauffer JR, Kocher TD, 1994. Intra-and inter-specific mitochondrial DNA sequence variation within two species of rock-dwelling cichlids (Teleostei: Cichlidae) from Lake Malawi, Africa. *Mol. Phylogen. Evol.* 3: 75–82.
- Cantatore P, Roberti M, Pesole G, Ludovico A, Milella F, Gadaleta MN, Saccone C, 1994. Evolutionary analysis of cytochrome *b* sequences in some Perciformes evidence for a slower rate of evolution than in mammals. *J. Mol. Evol.* 39: 589–597.
- Cheng QT, Zheng BS, 1987. *Systematic Synopsis of Chinese Fishes*. Beijing: Science Press, 329–331 (In Chinese).
- Felsenstein J, 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783–791.
- Fishes of Fujian Province Editorial Subcommittee, 1985. *Fishes of Fujian Province (Part II)*. Fujian: Fujian Science and Technology Press, 160–161 (In Chinese).
- Gao TX, Zhang XM, Zhu J, Liu GD, Zhang YP, 2003. Sequences of mitochondrial cytochrome *b* gene of reared *Paralichthys olivaceus*. *Journal of Fishery Sciences of China* 10 (2): 93–96 (In Chinese).
- Harrison RG, 1989. Animal mitochondrial DNA as genetic marker in population and evolutionary biology. *Trend Ecol. Evol.* 4: 6–11.
- Hassanin A, Lecointer G, Tillier S, 1998. The “Evolutionary Signal” of homoplasy in protein coding gene sequences and its consequences for a priori weighting in phylogeny. *Comptes Rendus de l’Académie des Sciences* 321: 611–620.
- He SP, Liu HZ, Chen YY, Masayuki Kuwahara, Tsuneo Nakajima, Zhong Y, 2004. Molecular phylogenetic relationships of Eastern Asian Cyprinidae (Pisces: Cypriniformes) inferred from cytochrome *b* sequences. *Science in China (Series C-Life Sciences)* 34 (1): 96–104 (In Chinese).
- Huang ZG, 1994. *Maring Species and Their Distributions in China’s seas*. Beijing: Maring Press, 705–706 (In Chinese).
- Institute of Zoology, Chinese Academy of Science, Institute of Oceanology, Chinese Academy of Science, Shanghai Fisheries University, 1962. *Fish Fauna of the South China Sea*. Beijing: Science Press, 482–483 (In Chinese).
- Irwin DM, Kocher TD, Wilson AC, 1991. Evolution of cytochrome *b* gene of mammals. *J. Mol. Evol.* 32: 128–144.
- Kumar S, Tamura K, Nei M, 2004. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics* 5: 150–163.
- Liu MY, Xie YH, Ji DM, 2000. *China Vertebrate Encyclopaedia*. Shenyang: Liaoning University Press, 282–283 (In Chinese).
- Meng QW, Su JX, Miao XZ, 1985. *Fish Taxonomy*. Beijing: China Agriculture Press, 686 (In Chinese).
- Meyer A, 1993. Evolution of mitochondria DNA in fishes. *Biochem. Mol. Bio. Fishes* 2: 1–38.
- Salver SK, Freshwater DW, Walsh PJ, 1996. Phylogenetic relationships of western Atlantic snappers (Family Lutjanidae) based on mitochondrial DNA sequences. *Copeia* 5: 715–721.
- Shen SJ, 1984a. *Costal Fishes of Taiwan*. Published by Shih-chieh Shen, Department of Zoology National Taiwan University, Taipei, Taiwan, Republic of China, 59–60 (In Chinese).
- Shen SJ, 1984b. *Synopsis of Fishes of Taiwan*. Taipei: SMC Publishing Inc., 262–269 (In Chinese).
- Shen SJ, 1993. *Fishes of Taiwan*. Taipei: Department of Zoology National Taiwan University, 351–355 (In Chinese).
- South China Sea Fisheries Institute, 1979. *China National Bureau of Aquatic Products*. Beijing: Science Press, 175–176 (In Chinese).
- Swofford D, 2003. PAUP\*. *Phylogenetic analysis using parsimony (\* and other methods)*. Version 10. Sinauer, Sunderland, MA.
- Wang ZD, Liu CW, Guo YS, 2005. Comparison on RFLP of mitochondrial DNA and Cyt *b* gene segment for 5 species in *Lutjanus*. *Journal of Fisheries of China* 29 (3): 327–332 (In Chinese).
- Wu HL, Shao GZ, Lai CF, 1999. *Latin-Chinese Dictionary of Fish Names*. Taipei: The Shuichan Press, 527–529 (In Chinese).
- Xiang F, Zou JX, Deng FJ, Liu SY, Sui Y, 2004. The Molecular taxonomy and phylogeny of zebrafish *Danio rerio* based on the Cyt *b* partial sequences. *Chinese Journal of Zoology* 39 (5): 13–18 (In Chinese).

Browers N, Stauffer JR, Kocher TD, 1994. Intra-and inter-specific mitochondrial DNA sequence variation within two species of rock-dwelling cichlids (Teleostei: Cichlidae) from Lake Malawi,

Zardoya R, Meyer A, 1996. Phylogenetic performance mitochondrial protein-coding genes in resolving relationship among vertebrates. *Mol. Biol. Evol.* 13: 933–942.

Zhou FL, Jiang SG, Su TF, La JL, 2004. Comparison of mitochondrial cytochrome *b* gene fragments among six species of *Lutjanu*. *Journal of Tropical Oceanography* 23 (4): 87–92 (In Chinese).

Zhu SP, 1964. Contrast Book of Economical Fish Names in Western Pacific. Beijing: Standing Secretary Office of Research Committee of Western Pacific Fish, 140 (In Chinese).

成庆泰, 郑葆珊, 1987. 中国鱼类系统检索. 北京: 科学出版社, 329–331.

福建鱼类志编写组编著, 1985. 福建鱼类志. 福州: 福建科学出版社, 160–161.

高天翔, 张秀梅, 朱 杰, 柳广东, 张亚平, 2003. 养殖褐牙鲷 Cyt *b* 基因序列的初步研究. *中国水产科学* 10 (2): 93–96.

何舜平, 刘焕章, 陈宜瑜, Masayuki Kuwahara, Tsuneo Nakajima, 钟 扬, 2004. 基于细胞色素 *b* 基因序列的鲤科鱼类系统发育研究 (鱼纲: 鲤形目). *中国科学 (C 辑, 生命科学)* 34 (1): 96–104.

黄宗国, 1994. 中国海洋生物种类与分布. 北京: 海洋出版社, 705–706.

中国科学院动物研究所, 中国科学院海洋研究所, 上海水产学院主编, 1962. 南海鱼类志. 北京: 科学出版社, 482–483.

刘明玉, 解玉浩, 季达明, 2000. 中国脊椎动物大全. 沈阳: 辽宁大学出版社, 282–283.

孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖, 1985. 鱼类分类学. 北京: 中国农业出版社, 686.

沈世杰, 1984a. 台湾近海鱼类图鉴. 台北: 国立台湾大学动物学系沈世杰出版, 59–60.

沈世杰, 1984b. 台湾鱼类检索. 台北: 南天书局有限公司, 262–269.

沈世杰, 1993. 台湾鱼类志. 台北: 国立台湾大学动物学系出版, 351–355.

国家水产总局南海水产研究所, 1979. 南海诸岛海域鱼类志. 北京: 科学出版社, 175–176.

王中铎, 刘楚吾, 郭昱嵩, 2005. 5 种笛鲷 mtDNA 及 Cyt *b* 基因片段的 RFLP 比较. *水产学报* 29 (3): 327–332.

伍汉霖, 邵广昭, 赖春福, 1999. 拉汉世界鱼类名典. 台北: 水产出版社, 527–529.

项 方, 邹记兴, 邓凤姣, 刘思阳, 隋 阳, 2004. 用细胞色素 *b* 部分序列研究斑马鱼的分子分类与系统发育. *动物学杂志* 39 (5): 13–18.

周发林, 江世贵, 苏天凤, 吕俊霖, 2004. 6 种笛鲷属鱼类 Cyt *b* 基因片段序列的比较. *热带海洋学报* 23 (4): 87–92.

朱树屏, 1964. 太平洋西部经济鱼类名称对照手册. 北京: 太平洋西部渔业研究委员会常设秘书处出版, 140.