

doi: 10.3969/j.issn.2095-0780.2012.06.001

二长棘犁齿鲷线粒体 DNA 控制区结构和进化

苏天凤, 江世贵, 马之明, 李 夏

(中国水产科学研究院南海水产研究所, 农业部南海渔业资源开发利用重点实验室, 广东 广州 510300)

摘要: 测定了二长棘犁齿鲷(*Evynnis cardinalis*)线粒体控制区全序列, 并结合从 GenBank 中下载的9种鲷科鱼类的相应序列, 采用 Clustal X 对控制区结构进行了分析, 识别了相应的保守序列, 包括终止相关序列 ETAS、中央保守区的 CSB-F、CSB-E、CSB-D、CSB-C、CSB-B 和 CSB-A 序列, 以及保守序列区的 CSB1、CSB2 和 CSB3 序列。以副鲈(*Paralabrax clathratus*)和条斑星鲷(*Verasper moseri*)为外群, 用最大简约法(MP)和邻接法(NJ)构建了系统发育树。结果显示鲷科鱼类构成一个单系类群, 二长棘犁齿鲷应该归入赤鲷属, 建议有必要对犁齿鲷属和赤鲷属的分类地位重新评估。

关键词: 二长棘犁齿鲷; 控制区; 结构; 系统关系

中图分类号: Q 951; S 917.4

文献标志码: A

文章编号: 2095-0780-(2012)06-0001-08

Structure and evolution of mitochondrial control regions in *Evynnis cardinalis*

SU Tianfeng, JIANG Shigui, MA Zhiming, LI Xia

(Key Lab. of South China Sea Fisheries Resources Exploitation & Utilization, Ministry of Agriculture; South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300, China)

Abstract: We determined the complete sequences of the mitochondrial DNA control regions in *Evynnis cardinalis* using long polymerase chain reaction (PCR), and aligned them by Clustal X with 9 related Sparidae sequences in GenBank. Several conserved sequence blocks were identified in the mitochondrial DNA control regions, including extended terminal associated sequences (ETAS), blocks of central domain (CSB-F, CSB-E, CSB-D, CSB-C, CSB-B, CSB-A) and conserved sequence blocks (CSB1, CSB2, CSB3). Taking *Paralabrax clathratus* and *Verasper moseri* as outgroups, the molecular phylogenetic trees of Sparidae were constructed based on neighbour-joining and maximum-parsimony methods, which reveal that Sparidae is a monophyletic group, and *E. cardinalis* should be grouped with *Pagrus*. Therefore, it is necessary to reevaluate the taxonomic status of *Evynnis* and *Pagrus*.

Key words: *Evynnis cardinalis*; control region; structure; phylogeny

控制区(control region)又称D环(displacement loop region, D-loop), 是脊椎动物线粒体DNA(mitochondrial DNA, mtDNA)中碱基替换和长度变异最长的非编码区域^[1]。控制区结构较为复杂, 通常可分为3个区域, 中间的保守区和左右侧翼区^[2]。左侧翼区域即5'端, 又称为高变区I(hy-

pervariable region I, HV I), 为终止序列区(termination associated sequence, TAS), 包含延伸终止相关序列(extended terminal associated sequences, ETAS), 其与子代H链复制终止有关^[2]。中间的中央保守区(central conserved domain, CD)在进化上高度保守。右侧翼区域即3'端又称为高变区II

收稿日期: 2012-04-28; 修回日期: 2012-06-11

资助项目: 广东省科技计划项目(2010B060200022)

作者简介: 苏天凤(1969-), 女, 研究员, 从事渔业生物多样性保护与种质资源保存研究。E-mail: lu5555@sohu.com

(hypervariable region II, HV II), 为保守序列区 (conserved sequence block, CSB), 包含了 mtDNA 的主要调控元件, 其与 mtDNA 复制起始和转录有关^[3]。控制区高变区 I 和高变区 II 进化速度较快, 而中央保守区进化慢。

二长棘犁齿鲷 (*Eyvinnis cardinalis*) 属硬骨鱼纲, 鲈形目, 鲷科。鲷科鱼类地理分布广泛, 热带及温带的沿海均有分布, 产量大, 产期长, 且多数品种肉质鲜美, 外形美观, 是优质经济鱼类, 具有重要的经济价值。根据伍汉霖等^[4]编著的《拉汉世界鱼类类名典》, 鲷科鱼类在全世界共有 34 属 130 余种, 分布于中国的鲷科鱼类有棘鲷属 (*Acanthopagrus*)、四长棘鲷属 (*Argyrops*)、牙鲷属 (*Dentex*)、犁齿鲷属 (*Eyvinnis*)、赤鲷属 (*Pagrus*) 和平鲷属 (*Rhabdosargus*) 6 个属。二长棘犁齿鲷的属阶元分类一直存有争议。在伍汉霖等之前, 成泰庆和郑葆珊^[5]认为二长棘犁齿鲷是一个独立的二长棘鲷属, 并命名为二长棘鲷 (*Parargyrops edita*)。在伍汉霖等将二长棘鲷并入犁齿鲷属之后, 杨慧荣和江世贵^[6]、张殿昌等^[7]分别利用 RAPD 技术和序列分析认为二长棘犁齿鲷与赤鲷属的真赤鲷 (*P. major*) 间具有较近的亲缘关系, 均提出了将二长棘犁齿鲷并入赤鲷属的假说。

目前, mtDNA 控制区结构在很多鱼类^[8-17]中都有研究。鲷科鱼类中真赤鲷、三长棘赤鲷 (*P. auriga*) 和黄鳍棘鲷 (*A. latus*) 等 mtDNA 全序列已有报道, 但是关于鲷科鱼类线粒体控制区结构的

研究和分析尚未见报道。笔者利用前期研究中获得的二长棘犁齿鲷全序列, 具体分析了其控制区序列, 识别了控制区 3 个区域, 同时基于线粒体控制区序列构建了鲷科鱼类的系统发育关系, 着重探讨了二长棘犁齿鲷的属阶元分类, 为二长棘犁齿鲷的分类提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

二长棘犁齿鲷样品采自南海, 现场鉴定后即取其背部肌肉保存于 95% 酒精溶液中, 带回实验室后提取基因组 DNA。其他 9 种鲷科鱼类及 2 个外群序列来自 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), 序列号见表 1。

1.2 DNA 的提取、PCR 扩增反应及测序

使用 V-gene 动物组织基因组 DNA 小量制备试剂盒 (杭州维特洁生化技术有限公司出品), 参照其指南提取肌肉总基因组 DNA。根据已报道的真赤鲷 (NCBI 登录号 AP002949) 和三长棘赤鲷 (NCBI 登录号 AB124801) 线粒体全基因组序列的保守区, 通过 Clustal X1.83^[18] 软件对比分析后, 利用引物分析软件 Oligo 6 设计 3 对引物进行长 PCR 扩增二长棘犁齿鲷线粒体, 引物的序列、扩增及测序详见文献^[19]。

1.3 数据分析

采用软件 Clustal X1.83^[18] 对测定所有序列进行多重序列比对, 综合哺乳类^[2,20] 及鱼类^[8-12,21-24]

表 1 数据来源

Tab. 1 Source of DNA data

科 family	属 genera	种类 species	NCBI 登录号 NCBI accession No.
鲷科 Sparidae	棘鲷属 (<i>Acanthopagrus</i>)	灰鳍棘鲷 1 (<i>A. berda</i> 1)	AM992212
		灰鳍棘鲷 2 (<i>A. berda</i> 2)	AM992246
		黄鳍棘鲷 (<i>A. latus</i>)	EF506764
		黑棘鲷 (<i>A. schlegelii</i>)	AF381106
		澳洲棘鲷 (<i>A. australis</i>)	AF381061
	赤鲷属 (<i>Pagrus</i>)	赤鲷 (<i>P. pagrus</i>)	AY439117
		真赤鲷 (<i>P. major</i>)	AP002949
		三长棘赤鲷 (<i>P. auriga</i>)	AB124801
	小鲷属 (<i>Pagellus</i>)	黑斑小鲷 (<i>P. bogaraveo</i>)	AB305023
鲈科 Serranidae	副鲈属 (<i>Paralabrax</i>)	副鲈 (<i>P. clathratus</i>)	DQ192395
鲷科 Pleuronectidae	星鲷属 (<i>Verasper</i>)	条斑星鲷 (<i>V. moseri</i>)	NC-008461

控制区的分区结果, 找到二长棘犁齿鲷的 CSB-F 和 CSB-1, 并以 CSB-F 和 CSB-1 的起点分别作为终止序列区、中央区和保守序列区的分界线, 完整地识别了二长棘犁齿鲷及相关鱼类控制区的 3 个区域。利用 MEGA V4.0^[25] 软件序列特征, 以副鲈 (*P. Clathratus*) 和条斑星鲷 (*V. moseri*) 为外群, 使用邻接法 (neighbor-joining, NJ)、最大简约法 (maximum parsimony method, MP) 构建系统树, 系统树各分支的置信度由 Bootstrap 1 000 循环检验。

2 结果与分析

2.1 mtDNA 控制区结构特征

二长棘犁齿鲷 mtDNA 基因组序列全长 11 961 bp (NCBI 登录号 EF107158), 其中控制区序列全长 964 bp。将二长棘犁齿鲷与已知的 9 种鲷科鱼类、2 种哺乳类及 9 种鱼类的控制区相比较, 识别了整个控制区的结构, 二长棘犁齿鲷控制区包含终止序列区 (TAS)、中央保守区 (CSB-F、CSB-E、CSB-E、CSB-C、CSB-B 和 CSB-A)、保守序列区 (CSB-1、CSB-2 和 CSB-3) 以及 polyT 序列 (图 1)。

2.1.1 终止序列区 二长棘犁齿鲷的终止序列区 (TAS) 长度为 338 bp (图 1), 包含与 DNA 复制终止相关的 1 个 ETAS 和 2 个重复的核心 TGTA 及其 3 个反向互补序列 ACAT。二长棘犁齿鲷的

ETAS 只有 1 个, 为 ACATATATGTAATATCATCAT-TAAAATATATACACCAA, 其他相关鲷科鱼类的 ETAS 为 1 到 2 个, 一般长度为 44 bp, 其序列通式为 ACAT-T-TGTA-T----CACCAT--ATATA-TAA----- (“-”表示发生变异的碱基, 即转换、颠换或缺失。下划线部分是识别的关键序列。后同)。

2.1.2 中央保守区 二长棘犁齿鲷中央保守区序列长 358 bp (图 1)。目前报道有关鱼类控制区序列大多数只识别了中央保守区 CSB-F、CSB-E 和 CSB-E 3 个保守序列。根据圆斑星鲷及相关种类线粒体 DNA 控制区结构^[12] 笔者识别了二长棘犁齿鲷 CSB-C、CSB-B 和 CSB-A 3 个保守序列。CSB-F 是划分终止序列区和中央保守区的标志, 二长棘犁齿鲷 CSB-F 序列为 AGTAAGAACCGACCAACC。相关鲷科鱼类的 CSB-F 通式为 CA-TAAGAACCGAC-CAAC-。紧接其后的是 CSB-E, 序列为 AGGGGCAAAAATCCTGGGGG, 识别的标志是关键序列“AGGG----GTGGGG”框的存在, 相关鲷科鱼类的一般形式为 AGGG-CAA-----G-TGGGGG。在 CSB-E 之后是 CSB-E, 二长棘犁齿鲷的序列为 TATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTTCAGGGC, 相关鲷科鱼类的通式为 T-TT-CTGGCA-CTGGTTC-CTATTTTCAGGGC。二长棘犁齿鲷的 CSB-C 序列为 CTTGCCATAAGTTAATGCTGT, 在相关鲷科鱼类中非

```

5'-CAAACCCAGCTAATCAATAAAGTACAATTCGACTTCCCCCTACGGTTCGAATTGACTTAAATA
TGTCATAATTGCGTTTTTAATGTTTAAATATAGCACAAATGTGTTTCACAAACACCTATGCATATTTATG
CATGCCTCCTAAGACATATATGTAATATCATCATAAAAATATATACACCAATCAGGAGATCATGAAAAAT
(ETAS)
GCAAACTTTCATCCCATGAAGTTACTAAAAACCCAAGTGAATCTTTGAGGACGGGACATCTAGG
ACCTAGAAACAAGTGCTTTGCCAAATATATACCAAGTACTAGCATCCTATTCAATTAACATAAACTGC
AGTAAGAACCGACCAACCTGTGATTTCTTAATGCATATTTCCCTTGAAGGTCAAGGGCAAAAATCGT
(CSB-F) (CSB-E)
GGGGTAGTACAACCTGAACCTATTCCTGGCATCTGGTTCCTATTTTCAGGGCCATAAACACCACAACCC
(CSB-D)
CCAACACTCACACTATCCTTGCATAAGTTAATGGTGTAAAGCGGATGGCGAGATAATCCACCATGCC
(CSB-C) (CSB-B) (CSB-A)
GGGCGTTCTTTCTAGAGGGTATGGGGTCTTTTTTTTTTCTTTTCTTTTCAGTTGACATTCACAGGG
polyT
CCCCTGAAGTTAATCTTTAAGGGGGTATTAATATCCCGCACCCCGACAATCGTTTGATTATTGTA
AGACTTGATTATTAGAATTGCATAATTGAGTTCAAGAGCATAAATATGCTATTTTTTCCCTAAAATCTC
CSB-1
ATTATTACCCCTCTTTGAGTTTACTCGTTAAACCCCCCACCCTAAACTCCTGAGATCCTTAATA
CSB-2
CTTCTTGTAAACCCCTCAAAAACAGAAAAGTCTCAAGTAGCGAAAAACAGCACCCAAAATGCATCT
CSB-3
TTTTTACTATTAATAAATGATCATTTCTCAAACCTAAATTTTTACTCCCCCTCAAGATACTGTTTACAA
CACGCATATTTATCGTAT-3'

```

图 1 二长棘犁齿鲷线粒体 DNA 控制区序列结构

阴影表示保守序列及 polyT 序列, 方框表示核心序列和反向互补序列, 后同

Fig. 1 Structure of mitochondrial control regions in *E. cardinalis*

The shadowed sequences are conserved region and polyT region, and the boxed ones are core sequence of ETAS and reverse complementary sequences. The same case in the following table.

常保守,其通式为 C-TGCATAAGTTAATGG-G-; CSB-B 序列为 GATGGCGAGAT,其通式为 GA-GCCGAGAT,CSB-B 序列在相关鲷科鱼类中变异不大。二长棘犁齿鲷的 CSB-A 序列为 CCATGC-CGGCCGTTTC,相关鲷科鱼类的通式为 CCATGCCG-GC-TC。

2.1.3 保守序列区 保守序列区包含有重链的复制起点(OH)、重链和轻链的启动子(HSP和LSP)以及3个保守区CSB1、CSB2和CSB3。CSB1与线粒体DNA的复制起始相关,因而保守序列区被认为是整个控制区最关键的部分。二长棘犁齿鲷的保守序列区长为268 bp,同样包括CSB-1、CSB-2和CSB-3,CSB-1变异较大,CSB-2在相关鲷科鱼类中非常保守,CSB-3也较为保守。二长棘犁齿鲷的CSB-1序列为 CATAATTGAGTTCAAGAGCA-TAA,相关鲷科鱼类CSB-1的通式为 CA-A--T-A--TCA-GAGCATAA。二长棘犁齿鲷的CSB-2序列是 TCGTTAAACCCCCCACCCTAA,在鱼类则较为保守,容易识别,但在个别鱼类中有一定变异,相关鲷科鱼类CSB-2的通式为 TCGT----CCCCCC-CCCCCTAA。二长棘犁齿鲷CSB-3为 AAACCCCT-CAAAAACAGAAA,相关鲷科鱼类CSB-3的通式为 A-ACCC--AAACAGAAA。

2.2 系统发育分析

以副鲈和条斑星鲷为外群对鲷科鱼类进行系统发育分析,枝长表示分歧度,枝上的数值是1000

次重复抽样检验的置信度值。基于线粒体控制区序列的NJ树和MP树在拓扑结构上完全一致(图2和图3)。鲷科鱼类构成一个单系类群,分子系统树从上到下依次分为3支,第一支包括棘鲷属的4种鱼类,分别是灰鳍棘鲷、黑棘鲷、澳洲棘鲷和黄鳍棘鲷,与传统分类一致;第二支为小鲷属的黑斑小鲷;第三支包括犁齿鲷属的二长棘犁齿鲷和赤鲷属的真赤鲷、三长棘赤鲷赤鲷。在第三支中令人困惑的是二长棘犁齿鲷并没有自成一支,而是以100%的支持率与真赤鲷先聚在一起后,再以99%的支持率与其他2种赤鲷属鱼类相聚。

3 讨论

3.1 mtDNA 控制区结构

mtDNA控制区3个区域中,终止序列区也即高变I区变异最大,它包含与DNA复制终止相关序列TAS或扩展的ETAS在许多鱼类中大致相同。二长棘犁齿鲷在终止序列区中识别了一个终止相关序列ETAS。一般ETAS的拷贝数在1~8个之间。大部分的鱼类只存在1个,但大部分鲷科鱼类控制区有2个终止相关序列,而康似鲈(*S. commersonianus*)更是存在7个ETAS^[11]。中华鲟(*Acipenser sinensis*)曾被报道mtDNA控制区存在数目不等的串联重复序列^[21],实际上就是ETAS,只是当时未被识别。小黄鱼(*Larimichthys polyactis*)识别了2个ETAS核心序列,长度分别为53 bp和30 bp^[13]。

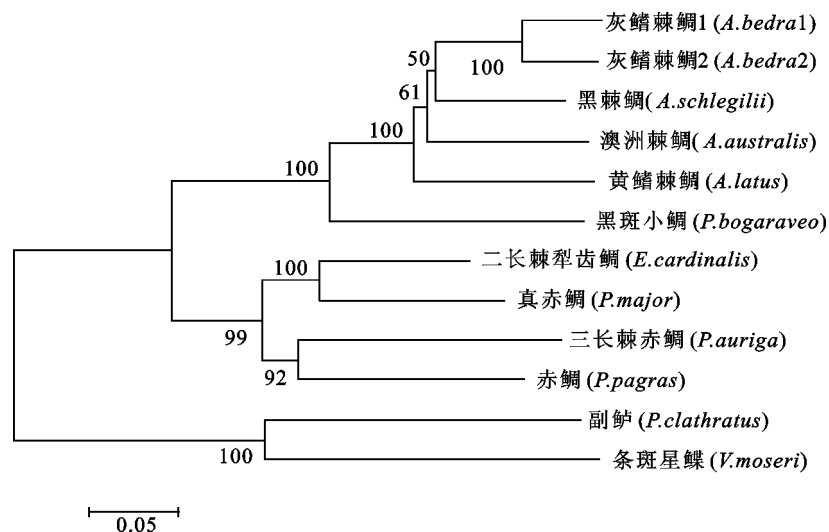


图2 基于 Kimura's-Parameter 模型构建的 NJ 树
数字表示 Bootstrap 1 000 个循环的置信度, 下图同此

Fig. 2 NJ tree based on Kimura's-Parameter model

The numbers indicate the confident values of Bootstrap 1 000. The same case in the following figure.

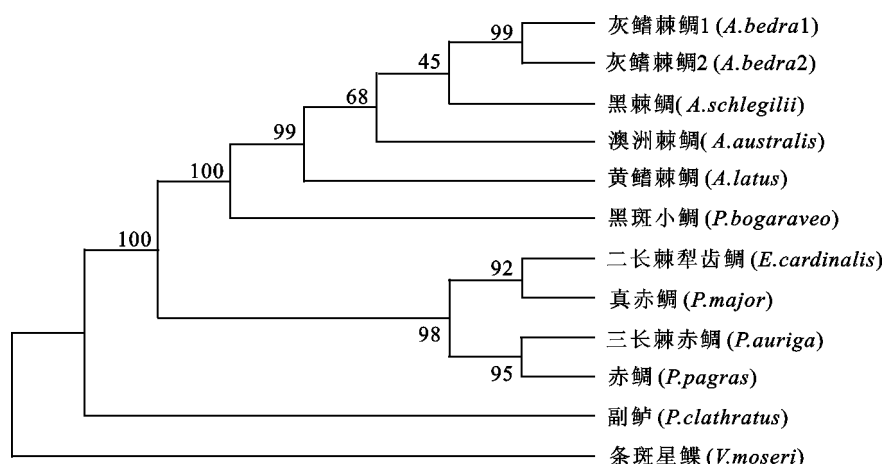


图 3 MP 树

Fig. 3 Maximum-parsimony tree

表 2 11 种鱼类的 ETAS 序列

Tab. 2 ETAS sequence of 11 fishes

种类 species	ETAS 序列 ETAS sequence	来源 source
二长棘犁齿鲷 (<i>E. cardinalis</i>)	ACATATATGTAATATCATCATTTAAAATATATACACCAA	此文
暗纹东方鲀 (<i>T. fasciatus</i>)	TACATATATGTATTATCCCCATTCATATATATTTAAACA	文献[8]
康氏似鲈 (<i>S. commersonianus</i>)	TACATATATGTACTATCACCATTACCTTATATTAACCA	文献[11]
马舌鲈 (<i>R. hippoglossoides</i>)	TACATGTATGTATTAACACCATATATTTATAGAACC	文献[12]
鳊 (<i>S. chuatsi</i>)	TGCATATATGTACTTACACCATAAAAC TATATTAACCA	文献[21]
中华乌塘鳢 (<i>B. sinensis</i>)	TACATATATGTACTTACACCATATATTTATGTAAAC	文献[22]
带纹条鲷 (<i>P. olivaceus</i>)	TACATATATGTAATTACACCATATATTTTATAGTAAACA	文献[23]
松江鲈鱼 (<i>T. fasciatus</i>)	TACATGTATGTATTATCACCATAATTTATATTAACCA	文献[24]
鲟 (<i>Acipenser sturio</i>)	ACATATAAGACATGCTATGTTAATCCCCATTAATTTCTAGCCACCAT	文献[25]
鱼类通式 common sequences in fish	TACATAT-----ATGTATTATCACC AT--ATATTATATTAACCA	文献[26]
鲤科鱼类 Cyprinids	TACATAT-----ATGTATTATCACC AT-----TATATTAACCA	文献[27]
紫红笛鲷 (<i>L. argentimaculatus</i>)	ACATATATGTATTTACACCATACATTTATATCAAACA	文献[28]

对存在多个重复相似 ETAS 序列，SBISA 等^[2]认为前者是识别终止信号的终止子，后者可能是辅助识别终止信号的因子。刘焕章^[26]认为一般情况下只有一个行使功能，其他的是复制的结果，不行使功能。表 2 列出了 11 种鱼类的 ETAS 序列。

由于 ETAS 在鱼类中的普遍性，有学者试图找出它们的共同规律。如刘焕章^[26]对比多种鱼类的序列后确定鱼类的 ETAS 序列为 TACATAT-----ATGTATTATCACC AT--ATATTATATTAACCA。GUO 等^[27]识别了不同倍性鲤科鱼类中的 ETAS 为

TACATAT-----ATGTATTATCACC CCA，但都没能对 ETAS 的一般规则进行表述。通过上述 ETAS 的比较，笔者认为 ETAS 大致都以 TACAT(或 ACAT)开始，接下来是 2~8 个变异较大的碱基，后接 TACAT(或 ACAT)的反向互补序列 ATGTA(或 TGTA)，接下来又是一段数目不等变异较大的序列，其共同特点是 G 碱基的反偏好，下接一段 TA 含量丰富的碱基后以碱基 A 或 C 结尾。目前已报道的研究中只有小黄鱼例外，小黄鱼 ETAS 重复单元中 ATGTA 先出现，而 TACAT 作为

反向互补序列位于其后^[13]。

整个控制区序列中中央保守区被认为是最为保守的区域, 含有 CSB-F、CSB-E、CSB-E、CSB-C、CSB-B 和 CSB-A 6 段保守序列。绝大多数鱼类在中央保守区中仅识别了 CSB-F、CSB-E 和 CSB-E 3 段保守序列, 齐口裂腹鱼 (*Schizothorax prenanti*) 识别了 CSB-F、CSB-E、CSB-E 和 CSB-B 4 段保守序列^[1]。赫崇波等^[12]在鲮形目鱼类中首次识别了中央保守区的 CSB-C、CSB-B 和 CSB-A 3 段保守序列, 并认为在鲮形目鱼类中识别的 CSB-C、CSB-B 和 CSB-A 的序列为鲮形目鱼类所特有。通过借鉴和比较, 笔者在二长棘犁齿鲷相同位置识别出 CSB-C 序列为 CTTGCATAAGTTAATGGTGT, 发现 CSB-C 序列不仅在鲷科鱼类中相当保守, 在已报道的许多鱼类中也相当保守, 且并不为鲮形目鱼类所特有, 在很多鱼类中只是没有被识别出来。如鳊类 CTGGCATAAGTTAATGGTGG^[21], 康氏似鲮 CAAGCGCATAAGTTAATGTTG^[11], 大口鲮 CTTACATAAGTTGATAATAC^[9], 中华乌塘鳢 CTGGCATAAGTTGTGTTG^[22] 和暗纹东方鲀 CTGACATAAGTTGTTGTTG^[8] 等, 带阴影字符的序列均相当保守, 笔者认为可以据此来识别鱼类的 CSB-C 序列。笔者识别的 CSB-B 序列与鲮形目鱼类以及齐口裂腹鱼都不相同, 应该是相关鲷科鱼类所特有。值得注意的是, 笔者识别的 CSB-A 序列与鲮形目鱼类也不同, 但与 NCBI 上条斑星鲮 (*Verasper moseri*) (序列号 NC-00846)^[29] 识别的一致 (AAGCCGGCGTT)。实际上在鲮形目鱼类的控制区序列中也找到相同的一段序列 GCCGGCGTTC, 却被识别为 CSB-B 序列的一部分。

保守序列区的 3 个保守序列 CSB1、CSB2 和 CSB3 在哺乳动物中以 CSB1 最为保守, 几乎所有脊椎动物都含有 CSB1, 并可通过保守序列 GACATA 进行识别, 但是在鱼类中却并不容易识别。通过比较笔者发现, 该研究识别的 CSB1 序列虽然不含有与哺乳动物完全相同的 CSB-1 序列 GACATA, 但与 CSB1 特征基本序列类似, 为 GAGCATA, 与鲮科鱼类一致^[12]。CSB2 和 CSB3 在一些哺乳动物的线粒体控制区中不易识别, 但是在大多数鱼类中却极易识别。CSB-2 特征是含有以 1~3 个核苷酸间隔的 2 段串联的 C, 该研究识别的 CSB2 关键序列为 AAACCCCCACCCCCCTAA, 识别 CSB3 的关

键是该序列富含 A 和 C。

3.2 系统进化关系

二长棘犁齿鲷的属阶元分类一直存有争议。根据成庆泰和郑葆珊^[5]编著的《中国鱼类系统检索》, 中国鲷科鱼类有 7 属, 二长棘犁齿鲷自成一个独立的二长棘鲷属, 并命名为二长棘鲷。随后伍汉霖等^[4]将二长棘鲷属并入犁齿鲷属, 将中国分布的鲷科鱼类并为 6 属, 并将二长棘鲷更名为二长棘犁齿鲷, 这也是中国现在采用的名称。后来学者的陆续研究对犁齿鲷属阶元的认定提出了新的观点。如江世贵等^[30]利用细胞色素 *b* 基因序列构建了几种鲷科鱼类的分子系统树, 发现分别归属于犁齿鲷属的犁齿鲷和归属于赤鲷属的真赤鲷首先聚成一支, 而且真赤鲷和犁齿鲷的序列差异仅为 6.4%, 处于种的分化水平; 2 种鱼类在幼鱼期形态极为相似, 很难将它们区分开^[30], 据此他们提出了将犁齿鲷属和赤鲷属并为一个属的观点。同样张殿昌等^[7]利用细胞色素 *b* 基因序列构建的鲷科鱼类分子系统树中二长棘犁齿鲷与犁齿鲷先聚为一支后再与赤鲷属的真赤鲷聚, 因此也提出了把犁齿鲷属与赤鲷属合并为一个属的思考。杨慧荣和江世贵^[6]利用 RAPD 技术探讨了 5 种鲷科鱼类间的亲缘关系, 同样发现犁齿鲷属的二长棘犁齿鲷与赤鲷属的真赤鲷有较近的亲缘关系。JUNHONG 等^[31]利用线粒体 DNA 13 个蛋白质编码基因的氨基酸序列构建了 5 种鲷科鱼类的分子系统树, 也惊奇地发现同为赤鲷属的真赤鲷与三长棘赤鲷并未首先聚为一支, 而是先与二长棘赤鲷聚为一支后再与三长棘赤鲷相聚, 这与笔者的研究利用线粒体非编码区序列构建的分子发育系统完全一致。因此, 上述研究不仅支持将二长棘鲷属并入犁齿鲷属的观点, 而且认为非常有必要对犁齿鲷属和赤鲷属的分类地位进行重新评估。

参考文献:

- [1] 谢佳燕. 齐口裂腹鱼线粒体 DNA 控制区结构分析[J]. 动物学杂志, 2011, 46(2): 97-101.
XIE Jiayan. Structure analysis of mtDNA control region in *Schizothorax prenanti*[J]. J Zool, 2011, 46(2): 97-101. (in Chinese)
- [2] SBISA E, TANZARIELLO F, REYES F, et al. Mammalian mitochondrial D-loop region structural analysis: identification of new conserved sequences and the functional and evolutionary implications [J]. Gene, 1997, 205(1/2): 125-140.
- [3] WALBERG M W, CLAYTON D A. Sequence and properties of the human KB cell and mouse L cell D-loop regions of mitochondrial

- DNA[J]. *Nucleic Acids Res*, 1981, 9(20): 5411-5421.
- [4] 伍汉霖, 邵广昭, 赖春福. 拉汉世界鱼类名典[M]. 基隆: 台湾水产出版社, 1999: 7-977.
WU Hanlin, SHAO Guangzhao, LAI Chunfu. Latin-Chinese dictionary of fishes names[M]. Keelung: The Sueichan Press, 1999: 7-977. (in Chinese)
- [5] 成泰庆, 郑葆珊. 中国鱼类系统检索[M]. 北京: 科学出版社, 1987: 334-336.
CHENG Taiqing, ZHENG Baoshan. Systematic synopsis of Chinese fishes[M]. Beijing: Science Press, 1987: 334-336. (in Chinese)
- [6] 杨慧荣, 江世贵. 用 RAPD 技术探讨 5 种鲷科鱼类的亲缘关系[J]. 水产学报, 2006, 30(4): 469-474.
YANG Huirong, JIANG Shigui. Study on genetic relationships of Sparidae by RAPD[J]. *J Fish China*, 2006, 30(4): 469-474. (in Chinese)
- [7] 张殿昌, 邵燕卿, 苏天凤, 等. 二长棘犁齿鲷线粒体细胞色素 *b* 基因序列和分子系统发育分析[J]. 南方水产, 2007, 3(2): 1-7.
ZHANG Dianchang, SHAO Yanqin, SU Tianfeng, et al. The sequence analysis of mitochondrial cytochrome *b* gene and molecular phylogeny of *Parargyrops edita*[J]. *South China Fish Sci*, 2007, 3(2): 1-7. (in Chinese)
- [8] 邵爱华, 朱江, 史全良, 等. 暗纹东方鲀线粒体 DNA 控制区结构和系统发育分析[J]. 中国水产科学, 2007, 14(3): 352-360.
SHAO Aihua, ZHU Jiang, SHI Quanliang, et al. Characterization and phylogenetic analysis of control region of mitochondrial genome from *Takifugu fasciatus* [J]. *J Fish Sci China*, 2007, 14(3): 352-360. (in Chinese)
- [9] 张艳春, 孔晓瑜, 王忠明. 大口鲮线粒体 DNA 控制区结构和鲾形目鱼类的系统进化初步研究[J]. 热带海洋学报, 2010, 29(6): 71-78.
ZHANG Yanchun, KONG Xiaoyu, WANG Zhongming. Characterization of mitochondrial control region sequence of *Psettoodes erumei* and phylogenetic analysis of Pleuronectiformes[J]. *J Trop Oceanogr*, 2010, 29(6): 71-78. (in Chinese)
- [10] 张燕, 张鸷, 何舜平. 中国鲾科鱼类线粒体 DNA 控制区结构及其系统发育分析[J]. 水生生物学报, 2003, 27(5): 463-467.
ZHANG Yan, ZHANG E, HE Shunping. Studies on the structure of the control region of the Bagridae in China and its phylogenetic significance[J]. *Acta Hydrobiological Sinica*, 2003, 27(5): 463-467. (in Chinese)
- [11] 朱世华, 郑文娟, 邹记兴, 等. 鲷科鱼类线粒体 DNA 控制区结构及系统发育关系[J]. 动物学研究, 2007, 28(6): 606-614.
ZHU Shihua, ZHENG Wenjuan, ZHOU Jixing, et al. Mitochondrial DNA control region structure and molecular phylogenetic relationship of Carangidae [J]. *Zool Res*, 2007, 28(6): 606-614. (in Chinese)
- [12] 赫崇波, 曹杰, 刘卫东, 等. 圆斑星鲷线粒体基因组全序列结构及其进化[J]. 遗传, 2007, 29(7): 829-836.
HE Chongbo, CAO Jie, LIU Weidong, et al. Structure analysis of mtDNA control region of spotted halibut (*Verasper variegatus*) and its related species [J]. *Hereditas*, 2007, 29(7): 829-836. (in Chinese)
- [13] 柳淑芳, 吴仁协, 朱玲, 等. 小黄鱼 (*Larimichthys polyactis*) 线粒体基因组结构与特征[J]. 海洋与湖沼, 2010, 41(6): 885-894.
LIU Shufang, WU Renxie, ZHU Ling, et al. Complete sequence and gene organization of mitochondrial DNA of the small yellow croaker *Larimichthys polyactis* [J]. *Oceanologica et Limnologia Sinica*, 2010, 41(6): 885-894. (in Chinese)
- [14] 秦钦, 许志强, 边文冀, 等. 斑点叉尾鲷线粒体 DNA 控制区结构和群体遗传多样性分析[J]. 淡水渔业, 2011, 41(4): 50-54.
QIN Qin, XU Zhiqiang, BIAN Wenji, et al. Structure of mitochondrial DNA control region and population genetic diversity analysis of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) [J]. *Freshw Fish*, 2011, 41(4): 50-54. (in Chinese)
- [15] 荣朝振, 祖国掌, 胡建华, 等. 泥鳅线粒体 DNA 控制区结构分析及遗传多样性研究[J]. 南方水产科学, 2011, 7(5): 55-62.
RONG Chaozhen, ZU Guozhang, HU Jianhua, et al. Structure of mitochondrial DNA control region and genetic diversity of *Misgurnus anguillicaudatus* [J]. *South China Fish Sci*, 2011, 7(5): 55-62. (in Chinese)
- [16] 陆星, 梁日深, 陈竹, 等. 斜带髯鲷线粒体 DNA 控制区序列的结构分析[J]. 水生态学杂志, 2011, 32(6): 78-83.
LU Xing, LIANG Rishen, CHEN Zhu, et al. Structure of mitochondrial control region sequence of *Hapalogenys nitens* [J]. *J Hydroecol*, 2011, 32(6): 78-83. (in Chinese)
- [17] 苏天凤, 江世贵. 竹筴鱼属鱼类线粒体 DNA 控制区结构及其系统发育分析[J]. 南方水产科学, 2011, 7(1): 18-25.
SU Tianfeng, JIANG Shigui. Structure and phylogenetic analysis of mitochondrial DNA control region of genus *Trachurus* [J]. *South China Fish Sci*, 2011, 7(1): 18-25. (in Chinese)
- [18] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAC F, et al. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25(24): 4876-4882.
- [19] XIA Junhong, XIA Kuaifei, GONG Jinbo, et al. Complete mitochondrial DNA sequence, gene organization and genetic variation of control regions in *Parargyrops edita* [J]. *Fish Sci*, 2007, 73(5): 1042-1049.
- [20] SOUTHERN S O, SOUTHERN P J, DIZON A E. Molecular characterization of a cloned dolphin mitochondrial genome [J]. *J Mol Evol*, 1988, 28(1/2): 32-40.
- [21] ZHAO Jinliang, WANG Weiwei, LI Sifa, et al. Structure of the mitochondrial DNA control region of the Siniperceine fishes and their phylogenetic relationship [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33

- (9): 793 - 799.
- [22] 王登玉. 中华乌塘鳢线粒体 DNA 控制区结构分析与群体遗传学研究[D]. 厦门: 厦门大学, 2008: 27 - 43.
WANG Dengyu. Length and sequence variation in mitochondrial DNA control region and genetic structure of *Bostrichthy sinensis*[D]. Xiamen: Xiamen University, 2008: 27 - 43. (in Chinese)
- [23] 周立石. 鲷亚目鱼类系统学关系及带纹条鲷线粒体 DNA 控制区结构的初步研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2005: 50 - 59.
ZHOU Lishi. Pilot study for phylogenetic analysis of Soleoidei fishes and structure of *Zebrias zebra* mtDNA control region[D]. Qingdao: Ocean University of China, 2005: 50 - 59. (in Chinese)
- [24] 刘海林, 章群, 唐优良, 等. 黄渤海松江鲈鱼线粒体控制区结构与序列多态性分析[J]. 海洋通报, 2010, 29(3): 283 - 289.
LIU Hailin, ZHANG Qun, TANG Youliang, et al. Structure and genetic diversity of mtDNA D-Loop sequences among *Trachidermus fasciatus* stocks in Yellow Sea and Bohai Sea of China[J]. Mar Sci Bull, 2010, 29(3): 283 - 289. (in Chinese)
- [25] 张四明, 吴清江, 张亚平. 中华鲟(*Acipenser sinensis*)及相关种类的 mtDNA 控制区串联重复序列及其进化意义[J]. 中国生物化学与分子生物学, 2000, 16(4): 458 - 461.
ZHANG Siming, WU Qingjiang, ZHANG Yaping. Tandem repeats of Chinese sturgeon (*Acipenser sinensis*) and related species and its significance in evolution[J]. Chin J Biochem Mol Biol, 2000, 16(4): 458 - 461. (in Chinese)
- [26] 刘焕章. 鱼类线粒体 DNA 控制区的结构与进化: 以鳊鲂鱼类为例[J]. 自然科学进展, 2002, 12(3): 266 - 270.
LIU Huanzhang. The structure and evolution of mitochondrial DNA control region of fish: a case study to bitterlings[J]. Prog Nat Sci, 2002, 12(3): 266 - 270. (in Chinese)
- [27] GUO Xinhong, LIU Shaojun, LIU Yun. Comparative analysis of the mitochondrial DNA control region in cyprinids with different ploidy level[J]. Aquaculture, 2003, 224(1/2/3/4): 25 - 38.
- [28] 谭围, 郭昱嵩, 王中铎. 笛鲷鱼类的线粒体 DNA 控制区结构及其系统发育分析[J]. 海洋学报, 2010, 32(1): 139 - 145.
TAN Wei, GUO Yusong, WANG Zhongduo. Structure of the mitochondrial DNA control region of snapper species and their phylogenetic relationship[J]. Acta Oceanologica Sinica, 2010, 32(1): 139 - 145. (in Chinese)
- [29] HE Chongbo, HAN Jiabo, GE Longli, et al. Sequence and organization of the complete mitochondrial genomes of spotted halibut (*Verasper variegatus*) and barfin flounder (*Verasper moseri*)[J]. DNA Seq, 2008, 19(3): 246 - 55.
- [30] 江世贵, 刘红艳, 苏天凤, 等. 4 种鲷科鱼类的线粒体细胞色素 *b* 基因序列及分子系统学分析[J]. 中国水产科学, 2003, 10(3): 184 - 188.
JIANG Shigui, LIU Hongyan, SU Tianfeng, et al. Molecular phylogeny of mitochondrial cytochrome *b* gene sequences from four Sparidae fishes[J]. J Fish Sci China, 2003, 10(3): 184 - 188. (in Chinese)
- [31] XIA Junhong, XIA Kuaifei, JIANG Shigui. Complete mitochondrial DNA sequence of the yellowfin seabream *Acanthopagrus latus* and a genomic comparison among closely related sparid species[J]. Mitochondrial DNA, 2008, 19(4): 385 - 393.