

8 种石首鱼类线粒体基因组特征及分子系统进化分析

孙利元¹, 杨天燕³, 孟 玮⁴, 杨宝清¹, 张 涛²

(1. 山东省水生生物资源养护管理中心, 山东 烟台 264003; 2. 中国科学院 海洋研究所, 山东 青岛 266007; 3. 中国海洋大学 水产学院, 山东 青岛 266003; 4. 新疆大学 生命科学与技术学院, 新疆 乌鲁木齐 830046)

摘要: 为探讨石首鱼科(Sciaenidae)鱼类分子系统进化关系, 采用生物信息学方法分析了黑鳃梅童鱼(*Collichthys niveatus*)、棘头梅童鱼(*C. lucidus*)、大黄鱼(*Larimichthys crocea*)、小黄鱼(*L. polyactis*)、鲈鱼(*Miichthys miiuy*)、白姑鱼(*Pennahia argentata*)、黄姑鱼(*Nibea albiflora*)和皮氏叫姑鱼(*Johnius belangerii*)共 8 种石首鱼类线粒体基因组全序列的基本特征。结果显示, 除皮氏叫姑鱼外, 其余 7 种石首鱼类编码的 37 个基因排列顺序与脊椎动物线粒体基因组相同。基因组碱基分布存在不均衡现象, A+T 含量高于 G+C 含量。线粒体基因组的基因变异位点分析结果表明, ND4 和 ND5 基因可作为 *COI* 基因的辅助分子标记, 应用于石首鱼类群体遗传学的研究中。黄鱼亚科 5 种鱼类 13 个蛋白质编码基因的 *Ka/Ks* 比值远低于 1, 显示出较强的纯化选择。皮氏叫姑鱼与其他石首鱼间的遗传距离均较大且亲缘关系较远, 暗示叫姑鱼属或为石首鱼类中较为原始的类群。基于线粒体基因组全序列构建 NJ 系统树支持黄鱼亚科和白姑鱼亚科亲缘关系较近的形态学结论。而基于去除控制区后序列和 13 个蛋白质编码基因序列构建的系统树则表明两亚科鱼类间的差别在非编码区更为明显。

关键词: 石首鱼类; 线粒体基因组序列; 系统进化

中图分类号: S917.4 文献标识码: A

文章编号: 1000-3096(2017)03-0048-07

DOI: 10.11759/hyxx20160422005

石首鱼类隶属鲈形目(Perciformes)、鲈亚目(Percoidei)、石首鱼科(Sciaenidae), 是中国海洋经济鱼类中产量最大的群类。中国沿海是石首鱼类的重要分布区之一, 有 17 属 30 种^[1], 其中山东近海有 6 属 8 种^[2]。20 世纪 60~90 年代, 老一辈鱼类学家在对石首鱼类外部形态特征研究的基础上, 结合鳃和耳石的形态和式型的比较分析, 初步弄清了石首鱼类的亲缘隶属关系, 也为中国鱼类分类研究开辟了一条新途径^[3-5]。近年来, 随着分子生物学理论和 PCR 技术的发展, 采用 DNA 分析的方法已逐渐成为研究和解决鱼类系统发育问题的主要手段。如蒙子宁等^[6]、张永等^[7]和陈泉梅^[8]基于线粒体 16S rRNA 序列分析了中国近海部分石首鱼类分子系统进化关系; 田兰香等^[9]通过比较长度为 381 bp 的 *Cyt b* 基因序列, 探讨了 7 种石首鱼类的系统发育情况; 柳淑芳等^[10]系统分析了 19 属 30 种石首鱼科鱼类线粒体 *COI* 基因, 剖析了该基因在石首鱼科鱼类系统进化研究中的应用潜力; 马春艳等^[11]测定了核内重组激活 RAG-1 基因序列, 并分析了中国沿海 9 属 13 个种的石首鱼间的差异。迄今尚未见运用线粒体基因组全序列对山东近海石首鱼类系统发育关系进行分析研究。本研

究选取山东近海分布的 8 种石首鱼科鱼类, 分析其线粒体基因组基本特征、蛋白质编码基因及系统发育关系等, 以期对山东近海石首鱼类分子系统发育及种质资源的研究提供遗传信息, 同时也为寻找该类群合适的分子标记提供参考资料。

1 材料和方法

1.1 数据获取

从 Genbank 数据库查询并下载了《山东鱼类志》^[2]所记载的 8 种石首鱼类线粒体 DNA 全序列, 这 8 种鱼分别为梅童鱼属(*Collichthys*)的黑鳃梅童鱼(*C. niveatus*)和棘头梅童鱼(*C. lucidus*); 黄鱼属(*Larimichthys*)的大黄鱼(*L. crocea*)和小黄鱼(*L. polyactis*); 鲈鱼属(*Miichthys*)的鲈鱼(*M. miiuy*); 白姑鱼属(*Pennahia*)的白姑鱼(*P. argentata*); 黄姑鱼属(*Nibea*)的黄姑鱼(*N. albiflora*);

收稿日期: 2016-04-22; 修回日期: 2016-08-03

基金项目: 山东省海洋与渔业厅资助项目(No. 270006-FZLX-2015-00-1)

[Foundation: Department of Ocean and Fisheries of Shandong Province Program, No. 270006-FZLX-2015-00-1]

作者简介: 孙利元(1980-), 男, 山东招远人, 工程师, 主要从事海洋渔业资源学研究, E-mail: heroland80@163.com

叫姑鱼属(*Johnius*)的皮氏叫姑鱼(*J.belangerii*)。

1.2 数据处理

采用 DNASTAR 7.10 和 muscle3.8.31 软件对全部序列进行多重比对编辑;通过 DNASP 5.10.1 软件^[12]计算序列碱基组成和变异位点;PAMLX 1.3.1 软件^[13]计算 13 个蛋白编码基因的同义替换率(synonymous substitution rate, K_s)和非同义替换率(non-synonymous substitution rate, K_a);Mega 6.0 软件^[14]基于蛋白质编码基因串联后序列计算不同种间遗传距离;PAUP 4.0 软件^[15]基于 Kimura 双因子参数模型,分别对线粒体基因组全序列、去除控制区后的序列和 13 种蛋白质编码基因构建邻接系统进化树,1 000 次重抽样检验系统树中节点的自引导值。

2 结果

2.1 线粒体基因组序列特征及差异位点分析

8 种石首鱼类线粒体 DNA 全序列长度在 16 442 bp~

19 154 bp, 其中棘头梅童鱼线粒体基因组长度最短,皮氏叫姑鱼最长。除皮氏叫姑鱼外,其余 7 种石首鱼类线粒体基因组均包括了 13 个蛋白质编码基因、22 个转运 RNA 基因和两个核糖体 RNA 基因,其排列顺序与脊椎动物线粒体基因组相同。分别计算 8 种石首鱼类线粒体全基因组 A、T、G、C 碱基含量如表 1 所示,除皮氏叫姑鱼 C 碱基含量最低、T 碱基含量最高以外,其余 7 种鱼类均表现为 G 碱基含量最低、C 碱基含量最高。所有序列 A+T 含量均略高于 G+C 含量,这与脊椎动物偏好 A、T 碱基相一致。

分析比较了 5 种黄鱼亚科(Lamichthyinae)鱼类线粒体基因组 13 个蛋白质编码基因和 2 个核糖体 RNA 基因位点变异情况(表 2),可以看出 15 个基因变异程度在 10.25%~30.12%。从基因的保守程度来看,排在前 3 位的是 12S rRNA、16S rRNA 和 COIII 基因,其变异位点比例分别为 10.25%、11.46%和 17.71%。从变异位点数来看,ND5 的变异位点数最多,为 427 个,COI 次之,为 399 个。

表 1 8 种石首鱼类线粒体基因组序列特征

Tab. 1 Characteristics of mitochondrial genome sequences in eight sciaenid fishes

石首鱼类	分类地位	Genbank 登录号	mtDNA 全长(bp)	碱基组成(%)				
				A	G	T	C	A+T
黑鳃梅童鱼	梅童鱼属	HM219223.1	16 469	27.59	16.16	24.96	31.30	52.55
棘头梅童鱼		NC_014350.1	16 442	27.95	15.73	25.63	30.69	53.58
大黄鱼	黄鱼属	NC_011710	16 466	27.55	16.30	25.46	30.69	53.01
小黄鱼		NC_013754	16 470	27.55	16.18	25.00	31.27	52.55
鲷鱼	鲷鱼属	NC_014351	16 493	27.49	15.89	24.43	32.19	51.92
白姑鱼	白姑鱼属	NC_015202	16 485	27.46	16.04	26.33	30.18	53.78
黄姑鱼	黄姑鱼属	NC_015205	16 499	26.40	16.91	25.88	30.81	52.28
皮氏叫姑鱼	叫姑鱼属	NC_022464	19 154	24.96	20.67	36.79	17.59	61.74

表 2 5 种黄鱼亚科鱼类线粒体基因组 13 个蛋白质编码基因和 2 个核糖体 RNA 基因的差异位点分析

Tab. 2 Analysis of different loci of 13 protein-coding genes and 2 ribosomal RNA genes in the mitochondrial genomes of five Pseudosciaeninae fishes

基因	总位点数	不变位点数	差异位点数	简约位点数	单突变数	差异位点比例(%)
ND1	975	760	215	145	70	22.05
ND2	1046	795	251	178	73	24.00
ND3	349	253	96	59	37	27.51
ND4L	297	231	66	36	30	22.22
ND4	1381	1067	314	201	113	22.74
ND5	1839	1412	427	275	152	23.22
ND6	518	373	145	102	43	27.99
COI	1557	1158	399	236	163	25.63
COII	691	551	140	85	55	20.26
COIII	785	646	139	83	56	17.71

续表

基因	总位点数	不变位点数	差异位点数	简约位点数	单突变数	差异位点比例(%)
<i>ATP6</i>	684	478	206	133	73	30.12
<i>ATP8</i>	168	127	41	27	14	24.40
<i>Cyt b</i>	1137	870	267	164	103	23.48
12S rRNA	946	849	97	76	21	10.25
16S rRNA	1684	1491	193	144	49	11.46

2.2 蛋白质编码基因特征分析

8 种石首鱼类的 13 个蛋白质编码基因中, 除 ND6 由轻链编码, 其余均由重链编码。采用 Mega 软件分析其密码子组成情况(表 3), 除 *ND1*、*ND5*、*ND6*、*COI* 和 *Cyt b* 基因编码氨基酸的数量在不同石首鱼类中存在差异以外, 其余 8 个蛋白质编码基因所编码氨基酸的数目完全相同, 分别为 ND2(348)、

ND3(116)、ND4L(99)、ND4(460)、COII(230)、COIII(261)、ATP6(228)、ATP8(56)。8 种石首鱼类的 13 个蛋白编码基因中, 除黄姑鱼 ND4 基因和白姑鱼 ND5 基因以 GTG 为起始密码子, 其余均以 ATG 作为起始密码子。*ND2*、*ND3*、*ND4*、*COII*、*COIII* 和 *Cyt b* 基因出现了不完全终止密码子, 其中 ND2 基因除黄姑鱼和皮氏叫姑鱼以 T 碱基结束, 其他均为 TA 结束。

表 3 蛋白质编码基因的氨基酸数量和起始、终止密码子

Tab. 3 Amino acid number and initiation and termination codons in the protein-coding genes in mitochondrial genomes

石首鱼类	基因	基因												
		<i>ND1</i>	<i>ND2</i>	<i>ND3</i>	<i>ND4L</i>	<i>ND4</i>	<i>ND5</i>	<i>ND6</i>	<i>COI</i>	<i>COII</i>	<i>COIII</i>	<i>ATP6</i>	<i>ATP8</i>	<i>Cyt b</i>
黑鳃梅童鱼	氨基酸数量	325	348	116	99	460	613	173	519	230	261	228	56	380
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAG	TA-	T--	TAA	T--	TAA	TAA	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	T--
棘头梅童鱼	氨基酸数量	325	348	116	99	460	613	173	519	230	261	228	56	380
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAG	TA-	T--	TAA	T--	TAA	TAA	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	T--
大黄鱼	氨基酸数量	325	348	116	99	460	613	174	519	230	261	228	56	379
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAG	TA-	T--	TAA	T--	TAA	TAA	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	TAA
小黄鱼	氨基酸数量	325	348	116	99	460	613	173	519	230	261	228	56	380
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAG	TA-	T--	TAA	T--	TAA	TAA	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	T--
鲷鱼	氨基酸数量	325	348	116	99	460	613	174	519	230	261	228	56	380
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAG	TA-	T--	TAA	T--	TAA	TAG	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	T--
白姑鱼	氨基酸数量	324	348	116	99	460	614	174	519	230	261	228	56	380
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	GTG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAA	TA-	T--	TAA	T--	TAA	TAA	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	T--
黄姑鱼	氨基酸数量	325	348	116	99	460	608	174	519	230	261	228	56	380
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	GTG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAG	T--	T--	TAA	T--	TAA	TAA	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	T--
皮氏叫姑鱼	氨基酸数量	324	348	116	99	460	613	174	520	230	261	228	56	380
	起始密码子	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG
	终止密码子	TAG	T--	T--	TAA	T--	TAG	TAA	AGA	T--	TA-	TAA	TAA	T--

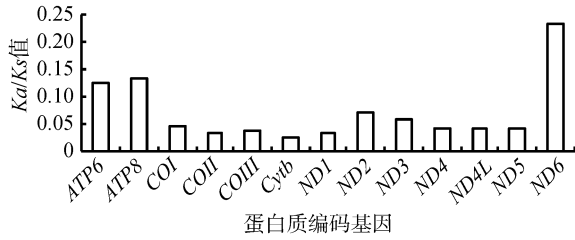


图 1 5 种石首鱼类蛋白质编码基因 Ka/Ks 值的比较

Fig. 1 Comparison of Ka/Ks ratios in the mitochondrial protein genes of five sciaenid fishes

2.3 选择压力分析

进化速率通常受到稳定性选择、突变和定向选择控制。一般而言，同义突变不受自然选择作用，而非同义突变则相反。为了检验石首鱼类线粒体基因组选择压力，选取了黄鱼亚科的黑鳃梅童鱼、棘头梅童鱼、大黄鱼、小黄鱼和鳊鱼为代表，估算了线粒体基因组中 13 个蛋白质编码基因的非同义替换率和同义替换率，并构建二者比值的柱状图如图 1 所示。13 种蛋白编码基因的 Ka/Ks 值在 0.0234~0.2338 之间且均小于 1，显示出较强的负(纯化)选择。

2.4 遗传距离及系统发育关系分析

将 13 个蛋白编码基因序列首尾串联后，利用 Mega 软件计算 Kimura 2-Parameter 遗传距离，从表 4 可以看出，8 种石首鱼类两两间平均遗传距离为 0.239，其中皮氏叫姑鱼和白姑鱼遗传距离最大，为 0.409，小黄鱼和黑鳃梅童鱼遗传距离最小，为 0.006。计算 3 个亚科间的遗传距离显示，黄鱼亚科和白姑鱼亚科遗传距离较小，为 0.230；叫姑鱼亚科和白姑鱼亚科、黄鱼亚科遗传距离分别为 0.399 和 0.402。

表 4 基于线粒体基因组 13 个蛋白质编码基因的石首鱼类遗传距离

Tab. 4 Genetic distances based on 13 protein-coding genes

石首鱼类	皮氏叫姑鱼	白姑鱼	黄姑鱼	鳊鱼	棘头梅童鱼	大黄鱼	黑鳃梅童鱼	小黄鱼
皮氏叫姑鱼								
白姑鱼	0.409							
黄姑鱼	0.390	0.243						
鳊鱼	0.407	0.213	0.207					
棘头梅童鱼	0.399	0.237	0.226	0.167				
大黄鱼	0.396	0.250	0.238	0.177	0.141			
黑鳃梅童鱼	0.403	0.236	0.227	0.171	0.124	0.124		
小黄鱼	0.403	0.239	0.230	0.174	0.126	0.126	0.006	

基因的非同义替换率与同义替换率的比较是分子进化研究的重要内容^[18]。根据中性进化理论^[19-20]，

黄鱼亚科鱼类平均遗传距离为 0.130(0.006~0.177); 白姑鱼亚科为 0.243。

选取鲈形目、攀鲈科(Anabantidae)的攀鲈(*Anabas testudineus*)为外群，分别基于整个线粒体基因组全序列、去除控制区后的序列和 13 种蛋白质编码基因构建 NJ 系统发育树如图 2 所示。前两种聚类树中，黄鱼亚科的 5 种鱼类均以相同的顺序层层聚到一起，且皮氏叫姑鱼和外群聚类并出现在聚类树的根部，但基于整个线粒体基因组序列构建的系统树中白姑鱼亚科的白姑鱼和黄姑鱼聚为一支后，再与黄鱼亚科鱼类聚类；而基于去除控制区后的序列构建的系统树中白姑鱼和黄姑鱼分别与黄鱼亚科鱼类聚类。去除控制区后的序列和 13 种蛋白质编码基因构建的系统树几乎完全一致，仅部分节点的支持率存在差别。

3 讨论

由于 DNA 双链之间存在选择压力及自然突变的差异，基因组上碱基的分布往往存在着不均衡的现象^[16]。本研究中 8 种石首鱼类线粒体基因组 A+T 含量均略高于 G+C 含量，呈现出明显的碱基偏好性。Brown 等^[17]通过研究发现，线粒体 DNA 2/3 复制周期时间内都在 H-链上，形成没有保护的单链状态，更加容易产生氧化和水解。H 链和 L 链的突变压力不同直接影响了碱基组成的不对称。此外，皮氏叫姑鱼基因组序列较其他 7 种鱼类长 2 655 bp~2 712 bp 不等，通过同源序列的比对发现，其线粒体基因组全序列包含 5 个非编码区，且 tRNA^{Val}、12S rRNA、16S rRNA 和 tRNA^{Phe} 这 4 个基因的排列顺序与其他石首鱼类有变化^[16]。

由于同义替换并不影响编码氨基酸的变化，考察非同义替换率与同义替换率的比率，可用来判断是否

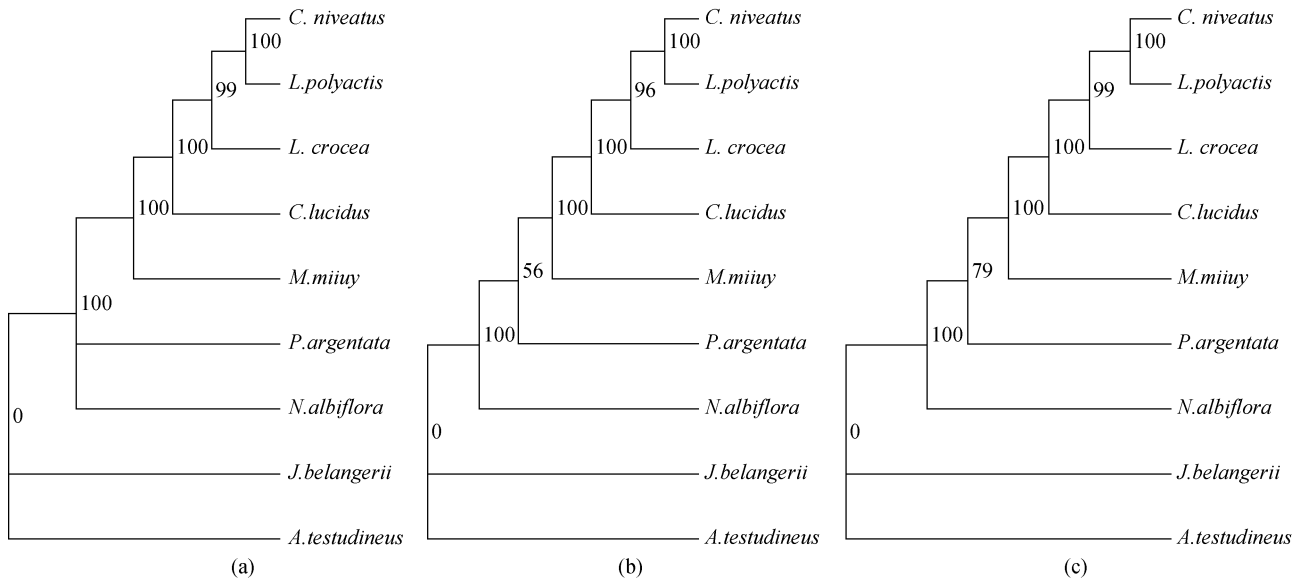


图 2 基于 3 种不同序列构建的 NJ 系统发育树

Fig. 2 Neighbor-joining phylogenetic tree based on three different sequences

a. 基于线粒体基因组全序列; b. 基于去除控制区后序列; c. 基于线粒体基因组 13 个蛋白质编码基因序列

a. Based on the complete mitochondrial genome; b. Based on the sequences with the control region deleted; c. Based on 13 protein-coding genes

有选择压力作用于这个蛋白质编码基因。当 Ka/Ks 比值大于 1 时, 认为有正选择效应; 当该值等于 1 时, 认为存在中性选择; 当该值小于 1 时, 认为有净化选择^[21]。本研究中 5 种黄鱼亚科鱼类的 13 个蛋白质编码基因, Ka/Ks 比值均远小于 1, 表明这些基因受到净化选择压力, 其非同义替换速率比同义替换速率低很多。Cyt *b* 基因的 Ka/Ks 均值最低, 仅为 0.0234, 说明其承受的选择压力和功能束缚最为强烈。ND6、ATP8 和 ATP6 3 个基因的均值最高, 分别为 0.2338、0.1328 和 0.125, 其承受的选择压力较弱。

线粒体 COI 基因序列通常作为 DNA 条形码, 广泛应用于物种分类和鉴定^[22-25]。从本研究结果看出在 15 个基因中, COI 基因变异位点数为 399 个, 仅次于 ND5(427)、略高于 ND4(314)。选择合适的分子标记对于种群遗传的研究至关重要, 综合上述研究结果, 推测 ND4 和 ND5 基因或可作为 COI 基因的辅助备选分子标记, 应用于石首鱼类群体遗传学的研究中。

通过对遗传距离统计发现, 皮氏叫姑鱼与其他石首鱼间的遗传距离均较大, 表明叫姑鱼亚科与其他石首鱼类的亲缘关系较远。蒙子宁等^[6]和田兰香等^[9]分别采用 16SrRNA 和 Cyt *b* 基因对石首鱼类系统发育的研究中也得出了类似结论。从系统发育关系来看, 3 种 NJ 树都显示皮氏叫姑鱼单独聚类于系统树的基部, 该结果暗示叫姑鱼属或为石首鱼类中较为

原始的类群, 与朱元鼎等^[3]将叫姑鱼亚科作为石首鱼类中最先分化的一支的分类相一致。

朱元鼎等^[3]和成庆泰等^[4]将黄鱼属、梅童鱼属、鮟鱼属归属于黄鱼亚科, 认为其耳石形态与白姑鱼亚科相近, 似与白姑鱼属的关系更为密切。本研究基于线粒体基因组全序列构建系统树中, 黄鱼亚科的 5 种鱼类聚到一起后又与白姑鱼亚科的 2 种鱼类相聚, 该结果支持这两个亚科亲缘关系较近的形态学结论。而基于去除控制区后序列和 13 个蛋白质编码基因序列构建的系统树也得到了类似的结果, 两个亚科的 7 种鱼类聚成了一支, 略有不同的是两亚科间的支持率不高, 表明两亚科鱼类间的差别在非编码区更为明显。

参考文献:

- [1] 刘效舜. 黄渤海区渔业资源调查与区划[M]. 北京: 海洋出版社, 1990: 191-200.
Liu Xiaoshun. Fishery resources investigation and regionalization of Bohai and Yellow Sea[M]. Beijing: Ocean Press, 1990: 191-200.
- [2] 成庆泰, 周才武. 山东鱼类志[M]. 济南: 山东科学技术出版社, 1997: 282-293.
Cheng Qingtai, Zhou Caiwu. Fish fauna of Shandong[M]. Jinan: Shandong Science and Technology Press, 1997: 282-293.
- [3] 朱元鼎, 罗云林, 伍汉霖. 中国石首鱼类分类系统的研究和新属新种的叙述[M]. 上海: 上海科学技术出

- 版社, 1963.
Zhu Yuanding, Luo Yunlin, Wu Hanlin. Sciaenid fishes classification system research and new species description in China[M]. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 1963.
- [4] 成庆泰, 郑葆珊. 中国鱼类系统检索(上册)[M]. 北京: 科学出版社, 1987: 317-324.
Cheng Qingtai, Zheng Baoshan. Chinese fish retrieval system (Vol.1.) [M]. Beijing: Science Press, 1987: 317-324.
- [5] 孟庆闻, 陈立行. 鱼类分类学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1995: 713-728.
Meng Qingwen, Chen Lixing. Fish Taxonomy[M]. Beijing: China Agriculture Press, 1995: 713-728.
- [6] 蒙子宁, 庄志猛, 丁少雄, 等. 中国近海 8 种石首鱼类的线粒体 16S rRNA 基因序列变异及其分子系统进化[J]. 自然科学进展, 2004, 14(5): 514-521.
Meng Zining, Zhuang Zhimeng, Ding Shaoxiong, et al. The analysis of mitochondrial 16S rRNA gene sequence variation and molecular system evolution of eight sciaenid fishes in Chinese offshore[J]. Progress in Natural Science, 2004, 14(5): 514-521.
- [7] 张永, 马春艳, 马凌波, 等. 基于 16S rRNA 部分序列探讨中国近海十三种石首鱼类的分子系统进化关系[J]. 海洋渔业, 2010, 32(3): 276-282.
Zhang Yong, Ma Chunyan, Ma Lingbo, et al. Molecular phylogenetic relationships of 13 Sciaenidae species in China Sea areas based on 16SrRNA fragment sequences[J]. Marine Fisheries, 2010, 32(3): 276-282.
- [8] 陈泉梅. 中国石首鱼科鱼类分子系统学研究[D]. 广州: 暨南大学, 2007.
Chen Quanmei. Molecular phylogeny of the Sciaenidae in China[D]. Guangzhou: Jinan University, 2007.
- [9] 田兰香, 梁冰, 张树义, 等. 细胞色素 b 基因序列与 7 种石首鱼类的系统进化[J]. 台湾海峡, 2004, 23(4): 436-443.
Tian Lanxiang, Liang Bing, Zhang Shuyi, et al. Phylogenetic relationships of 7 Sciaenidae species based on cytochrome b gene sequences[J]. Journal of Oceanography in Taiwan Strait, 2004, 23(4): 436-443.
- [10] 柳淑芳, 陈亮亮, 戴芳群, 等. 基于线粒体 *COI* 基因的 DNA 条形码在石首鱼科(Sciaenidae)鱼类系统分类中的应用[J]. 海洋与湖沼, 2010, 41(2): 223-232.
Liu Shufang, Chen Liangliang, Dai Fangqun, et al. Application of DNA barcoding gene *COI* for classifying family Sciaenidae[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2010, 41(2): 223-232.
- [11] 马春艳, 马凌波, 倪勇, 等. 基于 RAG1 基因的中国近海 13 种石首鱼科鱼类系统进化关系[J]. 水产学报, 2012, 36(1): 9-16.
Ma Chunyan, Ma Lingbo, Ni Yong, et al. Molecular phylogenetic relationships of 13 Sciaenidae species in the China Sea based on RAG1 gene sequences[J]. Journal of Fisheries of China, 2012, 36(1): 9-16.
- [12] Rozas J. DNA sequence polymorphism analysis using DnaSP. bioinformatics for DNA sequence analysis, methods in molecular biology[M]. New Jersey: Humana Press, 2009: 337-350.
- [13] Xu B, Yang Z. PAMLX: a graphical user interface for PAML[J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(12): 2723-2724.
- [14] Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0[J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(12): 2725-2729.
- [15] Swofford D L. Paup 4.0 for Unix/Vms: phylogenetic analysis using parsimony[M]. Sunderland: Sinauer Associates Inc, 1999.
- [16] 钟东, 赵贵军, 张振书, 等. 基因组内碱基分布整体均衡与局部不均衡的研究进展[J]. 遗传, 2002, 24(3): 351-355.
Zhong Dong, Zhao Guijun, Zhang Zhenshu, et al. Advance in the entire balance and local unbalance of base distribution in genome[J]. Hereditas, 2002, 24(3): 351-355.
- [17] Brown W M, Prager E M, Wang A, et al. Mitochondrial DNA sequences of primates: tempo and mode of evolution[J]. Journal of Molecular Evolution, 1982, 18: 225-239.
- [18] Xu T J, Tang D, Jin X X. A surprising arrangement pattern and phylogenetic consideration: the complete mitochondrial genome of Belanger's croaker *Johnius belangerii* (Percoidei: Sciaenidae)[J]. Mitochondrial DNA, 2015, 26(4): 655-657.
- [19] Nei M, Kumar S. Molecular evolution and phylogenetics[M]. New York: Oxford University Press, 2000: 252-265.
- [20] Kimura M. The neutral theory of molecular evolution[M]. Cambridge: Cambridge University Press, 1983.
- [21] Ohta T. The nearly neutral theory of molecular evolution[J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 1992, 23: 263-286.
- [22] Yang Z, Bielawski J P. Statistical methods for detecting molecular adaptation[J]. Trends in Ecology and Evolution, 2000, 15(12): 496-503.
- [23] 裴男才, 陈步峰. 生物 DNA 条形码: 十年发展历程、研究尺度和功能[J]. 生物多样性, 2013, 21(5): 616-627.
Pei Nancai, Chen Bufeng. DNA barcoding of life: a classification of uses according to function and scale after ten years of development[J]. Biodiversity Science, 2013, 21(5): 616-627.
- [24] 莫帮辉, 屈莉, 韩松, 等. DNA 条形码识别 I. DNA 条

- 形码研究进展及应用前景[J]. 四川动物, 2008, 27(2): 303-306.
- Mo Banghui, Qu Li, Han Song, et al. DNA barcoding identification I. research progress and applied perspective of DNA barcoding[J]. Sichuan Journal of Zoology, 2008, 27(2): 303-306.
- [25] 丁兰平, 马元元, 黄冰心. DNA 条形码技术在大型海藻学研究中的应用及前景[J]. 海洋科学, 2012, 36(11): 103-110.
- Ding Lanping, Ma Yuanyuan, Huang Bingxin. The application and perspective of DNA barcoding technology on the macroalgae[J]. Marine Sciences, 2012, 36 (11): 103-110.
- [26] 张辉, 线薇薇. DNA 条形码在长江口鱼类浮游生物生态学研究中的意义[J]. 海洋科学, 2015, 39(4): 135-137.
- Zhang Hui, Xian Weiwei. The importance of DNA barcoding on the ichthyoplankton ecological study in the Yangtze estuary[J]. Marine Sciences, 2015, 39(4): 135-137.

Analysis of the mitochondrial genome characteristics and phylogenetic relationships of eight sciaenid fishes

SUN Li-yuan¹, YANG Tian-yan³, MENG Wei⁴, YANG Bao-qing¹, ZHANG Tao²

(1. Shandong Hydrobios Resources Conservation and Management Center, Yantai 264003, China; 2. Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266007, China; 3. Fisheries College, Ocean University of China, Qingdao 266003, China; 4. College of Life Science and Technology, Xinjiang University, Urumqi 830046, China)

Received: Apr. 22, 2016

Key words: Sciaenid fishes; mitochondrial genome sequence; phylogenetic

Abstract: To explore the phylogenetic relationships of sciaenid fishes, the basic characteristics of mitochondrial genomes in eight sciaenid fishes (*Collichthys niveatus*, *C. lucidus*, *Larimichthys crocea*, *L. polyactis*, *Miichthys miiuy*, *Pennahia argentata*, *Nibea albiflora*, and *Johnius belangerii*) were revealed by comprehensive bioinformatic analysis. The results showed that mitochondrial genomes contained 37 standard vertebrate genes, and the order was identical except for in *J. belangerii*. The base distribution was not balanced, and the content of A+T was higher than that of G+C. Genetic variation analysis of 13 protein-coding genes and 2 ribosomal RNA genes among sciaenid fishes showed that the ND4 and ND5 genes could be used as supplementary molecular markers to the COI gene and applied to research on population genetic diversity. The *Ka/Ks* ratios of 13 mitochondrial protein-coding genes in five Pseudosciaeninae fishes were much lower than 1, indicating strong purifying selection. The genetic distances between *J. belangerii* and other sciaenid fishes were high, and relationships were distant, which suggested that *Johnius* fishes might be the relatively primitive group. A neighbor-joining phylogenetic tree based on the complete mitochondrial genome supported the morphological conclusion that fishes of Pseudosciaeninae and Argyrosominae were closely related. Furthermore, phylogenetic trees based on sequences deleting the control region and 13 protein-coding genes showed that the differences between these two subfamilies were much more evident.

(本文编辑: 谭雪静)