

# 我国裸胸鳝属鱼类新记录种——奥迪萨裸胸鳝 (*Gymnothorax odishi*)形态与线粒体基因组分析\*

梁日深<sup>1, 2, 3</sup> 何浩斌<sup>1, 2, 3</sup> 郜梓涵<sup>2</sup> 张景琪<sup>2</sup> 朱梓锋<sup>2</sup>  
陈厚桦<sup>5</sup> 周萌<sup>1, 2, 3</sup> 黄燕华<sup>1, 2, 3</sup> 张凯<sup>4</sup>

(1. 仲恺农业工程学院健康养殖创新研究院 广东广州 510225; 2. 仲恺农业工程学院动物科技学院 广东广州 510225;  
3. 广东省水环境与水产品安全工程技术研究中心 广东广州 510225; 4. 深圳大学生命与海洋科学学院 广东深圳 518060;  
5. 华南农业大学海洋学院 广东广州 510642)

**摘要** 为完善我国裸胸鳝属鱼类物种信息, 研究报道了采集于海南省陵水县裸胸鳝属鱼类新记录种——奥迪萨裸胸鳝(*Gymnothorax odishi*)。该物种仅于 2018 年在东印度孟加拉湾首次发现, 目前世界其他海域均无记录。针对采集的奥迪萨裸胸鳝进行详细的外部形态特征分析, 并从分子水平对该裸胸鳝进行线粒体全基因组测序。结果显示, 奥迪萨裸胸鳝主要特征为体型粗壮, 体棕褐色, 吻端至鳃孔区域分布橘黄色斑点, 眼睛后缘存在黑色斑块, 鳃孔边缘黑色, 身体无其他条带或斑纹; 上颌齿、中央齿均单行, 下颌齿两行, 椎骨式为 4-52-135。线粒体基因组方面, 奥迪萨裸胸鳝线粒体全长为 16 580 bp, 由 13 个蛋白编码基因、22 个 tRNA 基因、2 个 rRNA 基因和 1 个非编码控制区组成, 基因组结构特征与其他脊椎动物相似。基于 12 个蛋白编码基因构建的海鳝科鱼类分子系统进化树上, 奥迪萨裸胸鳝与匀斑裸胸鳝(*Gymnothorax reevesii*)、淡网纹裸胸鳝(*Gymnothorax pseudothyrsoides*)、疏条纹裸胸鳝(*Gymnothorax reticularis*)及小裸胸鳝(*Gymnothorax minor*)聚在一起; 基于 *COI* 基因构建的裸胸鳝属鱼类分子系统进化树, 奥迪萨裸胸鳝与匀斑裸胸鳝、淡网纹裸胸鳝、肝色裸胸鳝(*Gymnothorax hepaticus*)及黄纹裸胸鳝(*Gymnothorax monochrous*)等聚为一支。遗传距离方面, 奥迪萨裸胸鳝与目前世界上其他裸胸鳝的遗传距离范围为 0.082~0.263, 均大于最小物种鉴定遗传距离 0.020, 揭示奥迪萨裸胸鳝在形态与分子水平均为区别于其他裸胸鳝的独立物种。研究结果表明我国海域也有奥迪萨裸胸鳝分布, 为新记录种, 为我国裸胸鳝属鱼类的系统分类及物种名录更新提供分类基础。

**关键词** 奥迪萨裸胸鳝; 新记录种; 形态特征; 线粒体基因组; 系统进化

**中图分类号** Q953; Q959.4 doi: 10.11693/hyhz20230900181

裸胸鳝鱼类隶属于鳗鲡目(Anguilliformes), 海鳝科(Muraenidae), 海鳝亚科(Muraeninae), 裸胸鳝属(*Gymnothorax*) (成庆泰等, 1987), 广泛分布于全球热带、亚热带及温带海区, 主要栖息于珊瑚礁及岩礁区域, 部分物种生活在近海沙泥底质海域, 为凶猛肉食性鱼类(申屠垠等, 2009)。裸胸鳝在体表颜色和斑纹

上呈现出明显的多样化, 从体表纯色无斑纹到各种鲜艳颜色与独特的斑纹、条带、网纹及其他不规则斑纹图案。目前全球裸胸鳝属记录约 120 多种(Smith, 2012; Smith *et al*, 2019; Froese *et al*, 2023), 是海鳝科中物种数量最多的一个属。我国分布有 30 余种(朱元鼎等, 1962, 1963; 成庆泰等, 1987; 黄宗国, 2008; 刘瑞玉, 2008;

\* 清远市科技计划项目, 2022KJJH064 号; 广东省农村科技特派员驻镇帮扶项目, KTP20210367 号。梁日深, 副教授, E-mail: cheetahliang@126.com

通信作者: 张凯, 博士, E-mail: zhangkai@zhku.edu.cn

收稿日期: 2023-09-02, 收修改稿日期: 2023-11-02

张春光, 2010; 陈大刚等, 2016)。其中《中国海洋鱼类》(陈大刚等, 2016)与《中国海洋生物名录》(刘瑞玉, 2008)记录的裸胸鲂属种类最多, 均为 37 种。

由于裸胸鲂栖息环境较为隐秘, 并具凶猛攻击性, 故目前有关裸胸鲂鱼类的基础研究较少(Reece *et al.*, 2010)。部分裸胸鲂的物种有效性、信息名录与种质资源分布还存空白, 有待进一步更新与完善(Böhlke *et al.*, 2000; Smith, 2012; Tang *et al.*, 2013; Huang *et al.*, 2019)。近年来, 在印度-西太平洋部分国家和地区的海域陆续发现一些裸胸鲂的新种或新记录种, 如中国台湾澎湖列岛 *Gymnothorax poikilospilus* (Huang *et al.*, 2022)、越南坚江省 *Gymnothorax longinquus* (Huang *et al.*, 2020)、印度安达曼群岛 *Gymnothorax aurocephalus* (Nashad *et al.*, 2020)、印度喀拉拉邦 *Gymnothorax smithi* (Sumod *et al.*, 2019)、印度西孟加拉邦 *Gymnothorax pseudotile* (Chakraborty *et al.*, 2018)等。自 2018 年以来, 全球共有 10 个裸胸鲂新种或新记录种被发现, 揭示目前裸胸鲂属鱼类还存在许多未被开发的种质资源, 物种分类信息与地理分布数据有待进一步的更新和确认。国内近两年也有鞍头裸胸鲂(*Gymnothorax sagmacephalus*) (何浩斌等, 2022)、黏裸胸鲂(*Gymnothorax mucifer*) (张国庆等, 2022)等裸胸鲂新记录种鉴定的报道, 表明国内裸胸鲂种质资源研究同样不足, 存在较大的可挖掘潜力。

本研究于 2021 年 11 月在海南省陵水黎族自治县水产码头采集裸胸鲂样品一尾, 其主要特征为: 体型较短, 粗大, 体棕褐色, 眼睛后缘及鳃孔处有一明显黑斑, 鳃部至吻端区域分布橘黄色斑点, 头部之后整个躯干单一褐色, 无其他斑纹、条带。该物种在我国分类资料均无记载。形态特征与 Mohapatra 等 2018 年采集于东印度奥迪萨邦海岸的裸胸鲂新种——奥迪萨裸胸鲂 *Gymnothorax odishi* sp. nov. 特征描述较为一致, 初步鉴定为奥迪萨裸胸鲂 *G. odishi*, 为我国裸胸鲂新记录种。研究针对奥迪萨裸胸鲂进行详细的形态特征测量, 并与 Mohapatra 采集的模式种进行比较。同时, 分子水平测定奥迪萨裸胸鲂线粒体全基因组, 针对奥迪萨裸胸鲂的分子分类地位深入探讨, 明确其在裸胸鲂属的分类地位, 验证其物种有效性, 为我国裸胸鲂属鱼类的系统分类以及物种名录修订提供分类基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

奥迪萨裸胸鲂样品标本于 2021 年 11 月在海南省

陵水黎族自治县水产码头采集, 共 1 尾, 全长 864 mm。样品鲜活状态进行高清拍摄, 并取少量鳃丝样品于 95% 乙醇中保存, 用于基因组 DNA 提取。鱼体标本浸泡于福尔马林溶液, 保存于仲恺农业工程学院动物科技学院水产养殖系实验室, 编号为 ZKAT-GO20211101。

### 1.2 实验方法

**1.2.1 形态学特征研究分析** 采用传统形态学测量方法, 参考张春光(2010)、Mohapatra 等(2018)测量方式, 对采集的奥迪萨裸胸鲂样品的形态特征进行描述。可量性状利用直尺及游标卡尺进行准确测量, 分度值精确到 1 mm; 测量要素包括全长、体长、体高、肛前体长、肛后体长、头长、头高、吻长等; 可数性状采用直接计数法进行统计, 包括前颌齿、上颌齿、下颌齿、犁骨齿、前颌骨、中央齿及脊椎骨数等。

**1.2.2 DNA 提取与线粒体基因组测序** 取约 20 mg 鳃丝组织样品, 利用海洋动物组织基因组 DNA 提取试剂盒(天根生化), 按照说明书步骤提取样品 DNA。提取的 DNA 用 80  $\mu$ L 灭菌水溶解, 采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测、NanoDrop 2000 分光光度计分析, 筛选出质量、浓度优良的 DNA 样品, 于  $-20^{\circ}\text{C}$  冰箱保存备用。选取的样品送往广州天一辉远生物科技有限公司, 基于 Illumina NovaSeq 6000 测序平台, 运用第二代测序技术(Next generation Sequencing, NGS)对样品线粒体基因组进行高通量测序。

**1.2.3 序列拼接组装与注释分析** 测序所得有效数据利用 SPAdes 3.11.0 (Bankevich *et al.*, 2012)软件进行组装。组装完成的线粒体基因组于在线注释工具 MITOs (Bernt *et al.*, 2013)网站(<http://mitos.bioinf.unileipzig.de/>)进行识别与注释, 利用 CGView (Stothard *et al.*, 2019) (<https://cgview.ca/>)工具绘制线粒体基因组图谱。利用 tRNAScan-SESearchServer (Lowe *et al.*, 1997)软件对 tRNA 二级结构进行预测, 利用 MEGA X (Kumar *et al.*, 2018)软件分析裸胸鲂线粒体基因组碱基组成、遗传距离、基因的密码子偏好性等信息。

**1.2.4 分子系统进化分析** 基于奥迪萨裸胸鲂线粒体基因组中 12 个蛋白编码基因序列(*ND6* 除外), 结合 GenBank 上公布的 24 种海鲂科鱼类以及作为外类群的海鳗科(Muraenesocidae)海鳗(*Muraenesox cinereus*)线粒体基因组 12 个蛋白编码基因共同分析。此外, 为了验证奥迪萨裸胸鲂物种有效性及其在裸胸鲂属中的分类地位, 从 GenBank 下载全球分布的 71 种裸胸鲂属鱼类 DNA 条形码 *COI* 基因序列, 利用 Clustal W (Thompson *et al.*, 1994)软件进行序列比对,

生成统一的数据矩阵。利用 MEGA X (Kumar *et al.*, 2018)软件计算各物种遗传距离, 基于 RAxML 8.0 软件 (Stamatakis, 2014) 利用最大似然法 (Maximum likelihood method) 和邻接法 (Neighbor-joining method) 构建分子系统进化树, 利用 jModelTest 2.1.5 (Posada, 2008) 进行进化树最佳模型预测, 进化树各分支节点的置信度采用 1 000 次 Bootstrap 自举法验证。

## 2 实验结果

### 2.1 奥迪萨裸胸鳔形态特征

**2.1.1 新种记录** 奥迪萨裸胸鳔标本样品 ZKAT-GO20211101 于 2021 年 11 月 1 日采集于海南省陵水黎族自治县水产码头, 全长 864 mm。



图 1 奥迪萨裸胸鳔外部形态特征图

Fig.1 External morphological characteristics of *G. odishi*

**2.1.2 鉴别特征** 体棕褐色, 体型较粗大, 吻端至鳃孔部分布有橘黄色小斑点, 眼睛后缘存在比眼睛大的黑色斑块, 鳃孔边缘黑色, 背鳍始于鳃孔之前, 身体无其他明显斑纹或条带, 体纯色, 前颌齿、上颌齿、中央齿单行, 下颌齿两行, 椎骨式为 4-52-135。

**2.1.3 性状描述** 奥迪萨裸胸鳔形态测量数据见表 1。该裸胸鳔全长为 864 mm, 全长为体高(99 mm)的 8.73 倍, 为背鳍前距(81.5 mm)的 10.60 倍, 为臀鳍前距(378.8 mm)的 1.82 倍, 为头长(121.4 mm)的 7.12 倍。头长是上颌长(59 mm)的 2.06 倍, 下颌长(68 mm)的 1.79 倍, 眼径(9.1 mm)的 13.34 倍, 眼间距(18.3 mm)的 6.63 倍。

背鳍鳍条数为 317, 臀鳍鳍条数为 198。椎体呈双凹型, 总脊椎数为 135, 背前脊椎数为 4, 肛门前脊椎数为 52, 椎骨式 4-52-135。牙齿呈锥状, 前颌齿一行, 每侧具 6~7 颗较大犬齿; 上颌齿一行, 牙齿较前颌齿稍小, 每侧 13 颗; 中央齿尖长弯曲, 单行, 3 颗; 无犁骨齿; 下颌齿两行, 外侧每侧牙齿 25 颗, 内侧每侧 2 颗, 靠近吻端。

体棕褐色, 体型粗壮, 吻长较短, 前鼻孔呈长细管

状, 位于上颌前端, 后鼻孔圆形, 位于眼前缘上方。吻端至鳃孔区域分布有零散橘黄色斑点, 眼睛后缘存在比眼睛大的明显黑斑, 鳃孔边缘也为黑色。背鳍始于鳃孔之前, 体色单一, 无其他斑纹或条带。背鳍、臀鳍均与尾鳍相连, 无胸鳍, 肛门位于体中央之后。

表 1 奥迪萨裸胸鳔性状测量数据  
Tab. 1 Morphometric measurement data of *G. odishi*

测量性状	ZKAT-GO20211101	模式标本 (Mohapatra <i>et al.</i> , 2018)
全长/mm	864	420~700
全长占其他测量性状的倍数		
体长	1.01	—
体高	8.73	11.5~18.4
头长	7.12	6.7~7.6
背鳍前距	10.60	8.4~10.8
臀鳍前距	1.82	—
背鳍基长	1.20	—
臀鳍基长	2.28	—
肛前体长	1.99	1.9~2.1
肛后体长	2.20	—
头长占其他测量性状的倍数		
头高	1.41	—
吻长	4.88	4.3~5.4
上颌长	2.06	—
下颌长	1.79	2.2~2.8
眼径	13.34	8.6~10.8
眼间距	6.63	6.0~7.9
背鳍鳍条数/ 条	317	—
臀鳍鳍条数/ 条	198	—
背前脊椎骨数 /个	4	4
肛门前脊椎骨 数/个	52	55~58
总脊椎骨数/ 个	135	133~138
前颌齿/颗 <sup>1</sup>	6	4~8
中央齿/颗	3	3
犁骨齿/颗	—	5~6
上颌齿外侧/ 颗 <sup>1</sup>	13	12~14
上颌齿内侧/ 颗 <sup>1</sup>	0	0
下颌齿外侧/ 颗 <sup>1</sup>	25	20~24
下颌齿内侧/ 颗 <sup>1</sup>	2	1

注: 测量性状中上标“<sup>1</sup>”表示牙齿单侧的数据, “—”表示无数据

### 2.2 奥迪萨裸胸鳝与近缘裸胸鳝种类形态差异比较

根据目前国内分类资料所收录的裸胸鳝属鱼类物种信息(成庆泰等, 1987; 张春光, 2010; 陈大刚等, 2016; Froese *et al*, 2023), 排除体色鲜艳, 身体具复杂斑点、条纹或条带的种类, 保留与奥迪萨裸胸鳝形态接近、体色偏纯色, 无复杂斑纹的种类比较分析, 结果如表 2 所示。奥迪萨裸胸鳝可根据体型短粗、眼后存在黑斑、鳃孔黑色、头部分布橘黄色斑点等典型特征, 与其他裸胸鳝区分开来。

### 2.3 奥迪萨裸胸鳝线粒体全长结构特征

#### 2.3.1 线粒体全长基本结构 测序获得奥迪萨裸

胸鳝线粒体基因组全长为 16 580 bp (Genbank 登录号: OR465051), 闭合双链(重链和轻链)环状结构。整个基因组由 37 个基因组成, 13 个蛋白编码基因、22 个 tRNA 基因、2 个 rRNA 基因和 1 个 D-Loop 非编码控制区序列(见图 2, 表 3)。9 个基因 [*tRNA-Gln*、*tRNA-Ala*、*tRNA-Asn*、*tRNA-Cys*、*tRNA-Tyr*、*tRNA-Ser* (UCN)、*tRNA-Glu*、*tRNA-Pro* 和 *ND6*]位于轻链上, 其余基因均位于重链。基因排列顺序与大多数鱼类相似, 无重排现象。基因组 4 种碱基 A、T、C、G 含量分别为: 30.05%、26.86%、25.94%、17.15%, A+T (56.91%) 大于 G+C (43.09%), 表现为 A+T 偏好性和反 G 偏倚。

表 2 奥迪萨裸胸鳝与相关近缘裸胸鳝形态特征比较

Tab.2 Comparison analysis of morphological characteristics among *G. odishi* and related *Gymnothorax* species

区分特征	体型	体表颜色	眼后有无黑斑	鳃孔是否黑色	头部有无橙色斑点	总椎骨数
奥迪萨裸胸鳝 <i>G. odishi</i>	短体	棕褐色	有	是	有	133~138
鞍头裸胸鳝 <i>G. sagmacephalus</i>	修长	浅褐色	有	无	无	170~176
海氏裸胸鳝 <i>G. herrei</i>	短体	红褐色	无	无	无	114~116
白缘裸胸鳝 <i>G. albimarginatus</i>	修长	紫褐色	无	无	无	171~181
长身裸胸鳝 <i>G. prolatus</i>	修长	灰褐色	无	无	无	182~187
平达裸胸鳝 <i>G. pindae</i>	短体	褐色	无	无	无	110~124

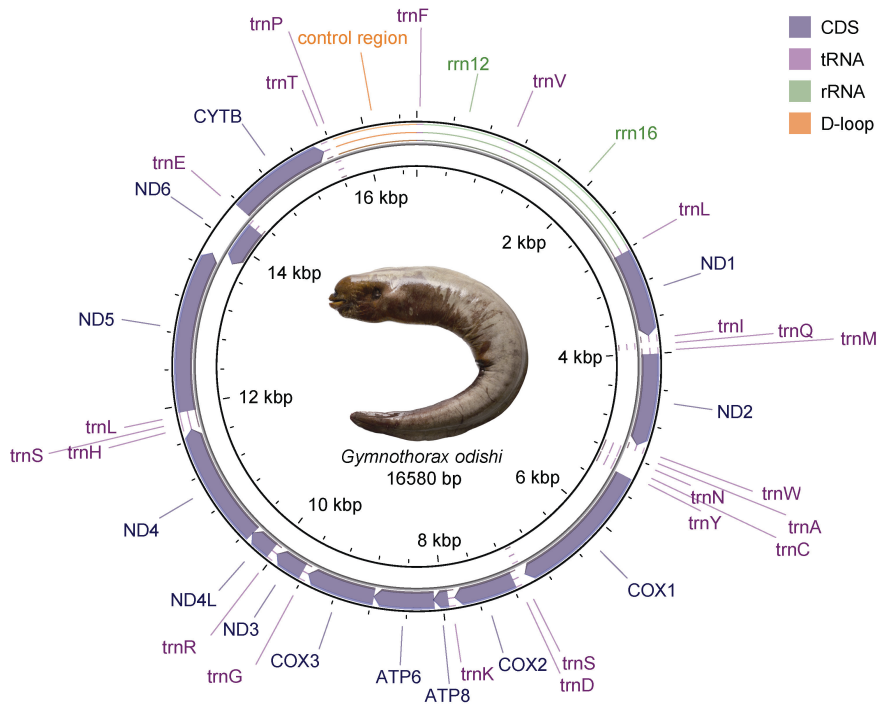


图 2 奥迪萨裸胸鳝线粒体基因组结构图

Fig.2 Mitogenome map of *G. odishi*

奥迪萨裸胸鳝线粒体基因组存在一定的间隔与重叠(表 3)。其中间隔区出现 11 次, 间隔长度为 1~22 bp, 总长度为 45 bp, 最大间隔区在 *tRNA-Asn* 和

*tRNA-Cys* 之间。重叠区出现 6 次, 重叠长度为 1~10 bp, 总长度 24 bp, 最大重叠区在 *ATPase8* 与 *ATPase6* 之间。其他基因排列紧密, 无间隔与重叠情况。

表 3 奥迪萨裸胸鳔线粒体基因组结构组成  
Tab.3 Main structures of complete mitogenome in *G. odishi*

基因	编码链	位置	长度/bp	间隔碱基	起始密码子	终止密码子
<i>tRNAPhe</i>	H	1~69	69	0		
<i>12S rRNA</i>	H	70~1 018	949	0		
<i>tRNAVal</i>	H	1 019~1 089	71	0		
<i>16S rRNA</i>	H	1 090~2 748	1 659	0		
<i>tRNALeu(UUR)</i>	H	2 749~2 824	76	0		
<i>ND1</i>	H	2 825~3 796	972	1	ATG	TAA
<i>tRNAIle</i>	H	3 798~3 868	71	-1		
<i>tRNAGln</i>	L	3 868~3 938	71	-1		
<i>tRNAMet</i>	H	3 938~4 006	69	0		
<i>ND2</i>	H	4 007~5 048	1 042	0	ATG	T--
<i>tRNATrp</i>	H	5 049~5 117	69	1		
<i>tRNAAla</i>	L	5 119~5 187	69	1		
<i>tRNAAsn</i>	L	5 189~5 261	73	22		
<i>tRNACys</i>	L	5 284~5 350	67	0		
<i>tRNATyr</i>	L	5 351~5 421	71	1		
<i>COI</i>	H	5 423~7 025	1 603	1	GTG	T--
<i>tNASer(UCN)</i>	L	7 027~7 097	71	5		
<i>tRNAAsp</i>	H	7 103~7 172	70	0		
<i>COII</i>	H	7 173~7 863	691	0	ATG	T--
<i>tNALys</i>	H	7 864~7 936	73	1		
<i>ATPase8</i>	H	7 938~8 105	168	-10	ATG	TAA
<i>ATPase6</i>	H	8 096~8 779	684	-1	ATG	TAA
<i>COIII</i>	H	8 779~9 563	785	0	ATG	TA-
<i>tRNAGly</i>	H	9 564~9 634	71	0		
<i>ND3</i>	H	9 635~9 983	349	0	ATG	T--
<i>tRNAArg</i>	H	9 984~10 053	70	0		
<i>ND4L</i>	H	10 054~10 350	297	-7	ATG	TAA
<i>ND4</i>	H	10 344~11 721	1 378	0	ATG	T--
<i>tRNAHis</i>	H	11 722~11 790	69	0		
<i>tNASer(AGY)</i>	H	11 791~11 858	68	0		
<i>tRNALeu(CUN)</i>	H	11 859~11 931	73	0		
<i>ND5</i>	H	11 932~13 773	1 842	-4	ATG	TAA
<i>ND6</i>	L	13 770~14 288	519	0	ATG	TAA
<i>tRNAGlu</i>	L	14 289~14 357	69	6		
<i>Cytb</i>	H	14 364~15 503	1 140	5	ATG	TAA
<i>tRNAThr</i>	H	15 509~15 580	72	1		
<i>tRNAPro</i>	L	15 582~15 651	70	0		
<i>D-loop</i>	H	15 652~16 580	929	0		

2.3.2 蛋白编码基因分析 奥迪萨裸胸鳔线粒体基因组 13 个蛋白编码基因总长度为 11 470 bp, 占线粒体全长的 69.18%。除 *COI* 基因利用 GTG 作为起始密码子, 其他蛋白编码基因起始密码子均为 ATG; 终止密码子类型在不同基因中存在多样化, 除了 *ATPase8*、

*ATPase6*、*ND1*、*ND4L*、*ND5*、*ND6* 和 *Cyt b* 基因使用 TAA 外, 其他基因均为不完全终止密码子, 如 *COIII* 基因使用 TA, *ND2*、*COI*、*COII*、*ND3* 和 *ND4* 基因使用 T 作为终止密码子。终止密码子的缺失一般认为是由多聚腺苷酸化引起。而利用 TA 或 T 这两种

不完全终止密码子, 在其他鱼类线粒体基因组也是常见的现象。

计算奥迪萨裸胸鳍蛋白编码基因相对密码子使用频率(relative synonymous codon usage, RSCU)如图3所示。结果表明, 奥迪萨裸胸鳍 13 个蛋白编码基因

中存在 31 个偏好密码子(RSCU>1)。其中, 使用频率最高的密码子是 CGA (RSCU=2.40), 最低为 GCG (RSCU=0.19)。各密码子的 RSCU 值相差较大, 表明密码子使用频率具有一定的偏向性。在密码子第三位中, A 的使用频率最高(1 356 个), AT 使用频率均高于 GC。

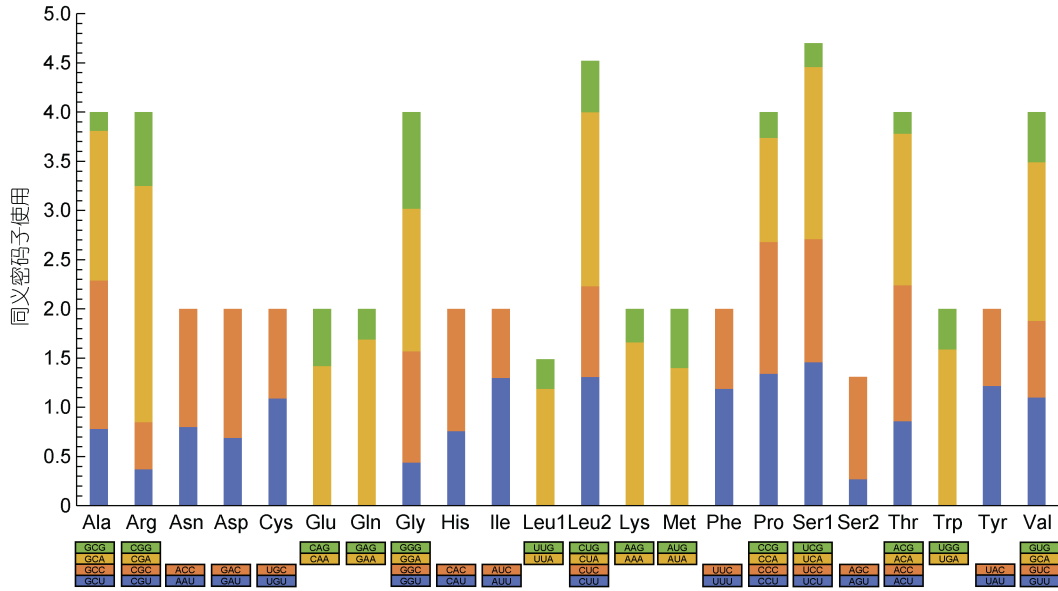


图3 奥迪萨裸胸鳍蛋白编码基因同义密码子使用情况  
Fig.3 Relative synonymous codon usage (RSCU) of the mitogenome of *G. odishi*

在氨基酸组成方面, 总长度为 11 470 bp 的蛋白编码序列中, 除去终止密码子, 共编码氨基酸 3 814 个, 其中亮氨酸(Leu)含量最高, 为 15.86%, 其次是丙氨酸(Ala), 含量为 8.76%, 而半胱氨酸(Cys)含量最小, 仅为 0.87% (图 4)。

### 2.3.3 tRNA 与 rRNA 基因分析 奥迪萨裸胸鳍

rRNA 基因由 12S rRNA 和 16S rRNA 组成。12S rRNA 基因长度为 949 bp, 16S rRNA 为 1 646 bp, 两者位于 tRNA-Phe 和 tRNA-Leu (UUR)之间, 中间由 tRNA-Val 基因隔开。22 个 tRNA 基因长度在 67 bp (tRNA-Cys) 至 76 bp (tRNA-Leu)之间, 总长度为 1 552 bp。其中 8 个 tRNA 基因位于轻链, 14 个位于重链。利用

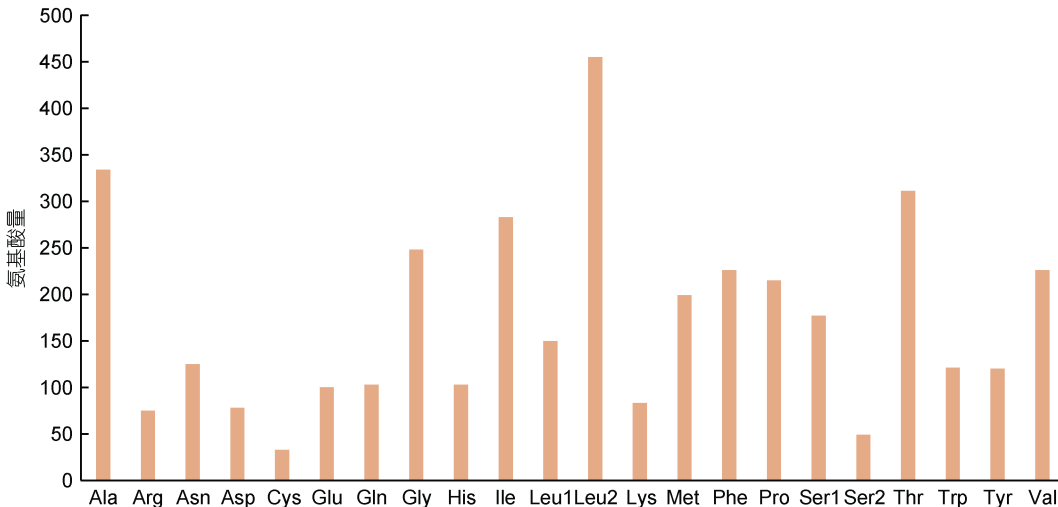


图4 奥迪萨裸胸鳍蛋白编码基因氨基酸数  
Fig.4 Number of amino acids in protein-coding genes of *G. odishi*

tRNAscan-SE 软件进行 tRNA 二级结构进行预测, 除 *tRNA-Ser* (AGY) 缺少一个 DHU 臂, 其余 21 个 tRNA 基因均能形成典型的三叶草形结构。

## 2.4 海鳔科分子系统进化分析

### 2.4.1 海鳔科蛋白编码基因序列分子系统进化关系

基于线粒体基因组 12 个蛋白编码基因序列(*ND6* 基因除外), 以海鳔科海鳔作为外类群, 利用最大似然法 (ML) 及邻接法 (NJ) 将奥迪萨裸胸鳔与 Genbank 下载的 24 种海鳔科鱼类序列一起构建分子系统进化树。构建 ML 树之前, 使用 Modeltest 软件预测最佳核苷酸替代模型为 GTR+G+I。两种方法构建的进化树拓扑结构基本一致, 将两种进化树合并, 树上节点分别为 ML 法与 NJ 法的 bootstrap 支持率(图 5)。进化树上, 25 种海鳔科鱼类主要形成海鳔亚科与鳔尾鳔亚科

两个独立分支, 海鳔亚科包括裸胸鳔属(*Gymnothorax*)、蛇鳔属(*Echidna*)、勾吻鳔属(*Enchelycore*)、裸海鳔属(*Gymnomuraena*)、管鼻海鳔属(*Rhinomuraena*)和弯牙海鳔属(*Strophidon*), 鳔尾鳔亚科(Uropterygiinae)包含鞭尾鳔属(*Scuticaria*)和高眉鳔属(*Anarchias*), 与形态学划分一致。在海鳔亚科分支中, 物种数量最多的裸胸鳔属并未形成单系, 除了裸海鳔属单独一支位于海鳔亚科分支基部, 蛇鳔属、勾吻鳔属、管鼻鳔属与弯牙海鳔属的种类均分散分布于裸胸鳔属内部。奥迪萨裸胸鳔进化地位主要位于小裸胸鳔、网纹裸胸鳔等 6 种海鳔鱼类组成的分支中, 并以 100% 的支持率与匀斑裸胸鳔和淡网纹裸胸鳔形成的分支聚在一起, 揭示其与匀斑裸胸鳔/淡网纹裸胸鳔的关系最近。

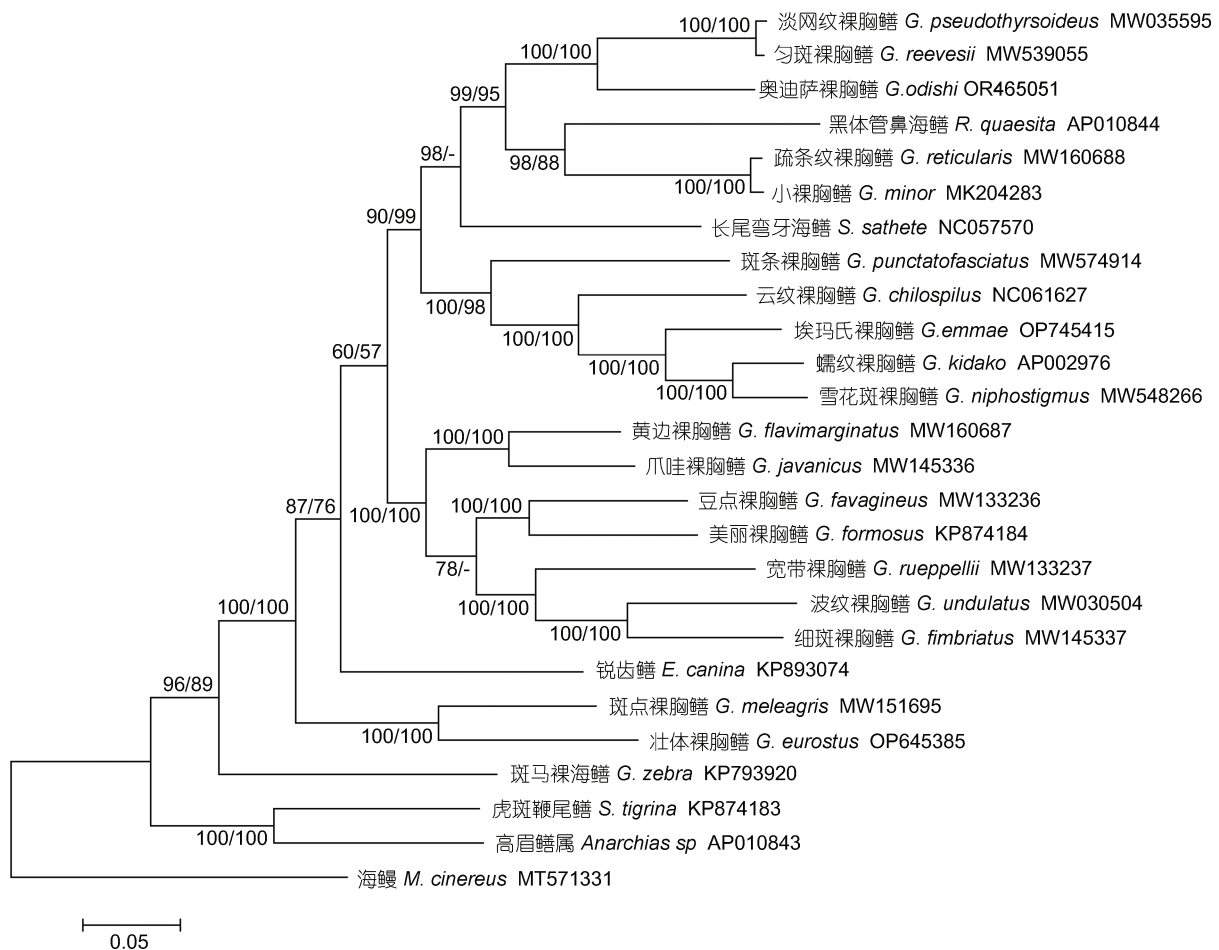


图 5 基于 12 个蛋白编码基因序列利用最大似然法和邻接法构建的 25 种海鳔科的分子系统进化树

Fig. 5 Molecular phylogenetic trees of 26 Muraenidae species constructed using the maximum likelihood and neighbor-joining methods based on 12 protein-coding genes

### 2.4.2 裸胸鳔属 DNA 条形码 *COI* 基因序列分子系统进化关系

为了从分子水平分析奥迪萨裸胸鳔物

种有效性及其在裸胸鳔属鱼类的分类地位, 选择鱼类 DNA 条形码 *COI* 基因进行分析。从奥迪萨裸胸鳔

线粒体基因组中获取 *COI* 基因序列, 结合 GenBank 下载的 71 种裸胸鳝属鱼类 *COI* 基因序列共同比对分析。利用 MEGA X 软件, 基于 Kimura-2-parameter 模型计算奥迪萨裸胸鳝与其他裸胸鳝的种间遗传距离如表 4 所示。奥迪萨裸胸鳝与其他裸胸鳝的 *COI* 遗传距离范围为 0.082~0.263, 其中与肝色裸胸鳝的遗传距离最小(0.082); 与细尾裸胸鳝遗传距离最大(0.263)。所有遗传距离数值均远大于 2% (0.020) 的最小物种区分遗传距离, 揭示奥迪萨裸胸鳝是区别于其他裸胸鳝的独立物种。为进一步分析奥迪萨裸胸鳝在裸胸鳝属的分类地位, 根据遗传距离数据, 从中选择与奥迪萨裸胸鳝亲缘关系最近的 20 种裸胸鳝(根据 *COI* 遗传距离从小到大的顺序), 以大头尾鳝和虎斑鞭尾鳝为外群, 采用最大似然法(ML)和邻接法(NJ)法进行分子系统进化树构建(图 6)。结果显示, 两裸进化树上, 奥迪萨裸胸鳝与 9 种裸胸鳝(肝色裸胸鳝、黄纹裸胸鳝、匀斑裸胸鳝、异纹裸胸鳝、爪哇裸胸鳝等)紧密聚为一支。在该分支中, 奥迪萨裸胸鳝先以高支持率与肝色裸胸鳝紧密聚成姐妹分支, 亲缘关系最近; 该分支再与黄纹裸胸鳝聚在一起, 最后再与淡网纹裸胸鳝、匀斑裸胸鳝形成的分支相聚。

### 3 讨论

#### 3.1 奥迪萨裸胸鳝的形态学分类信息

奥迪萨裸胸鳝最早于 2018 年 Mohapatra 等(2018)在东印度孟加拉湾作为新种发现, 至今世界其他地区均无记录。目前, 有关奥迪萨裸胸鳝的研究资料, 除了 Mohapatra 等(2018)的新种记录文章之外, 暂无其他数据信息, 世界鱼类数据库 fishbase (Froese *et al.*, 2023)也未有该裸胸鳝收录的资料。我国形态学分类书籍与文献中, 同样无奥迪萨裸胸鳝的物种记录信息。本研究在中国海南省陵水黎族自治县水产码头采集奥迪萨裸胸鳝的样品一尾, 形态学分析结果与 Mohapatra 等(2018)鉴定的奥迪萨裸胸鳝的特征及图片信息基本吻合, 初步鉴定为奥迪萨裸胸鳝, 为中国裸胸鳝属新记录种, 也是继 Mohapatra 之后第二次记录该裸胸鳝的信息。研究结果将奥迪萨裸胸鳝的分布范围从孟加拉湾扩展到中国南海, 为我国裸胸鳝属鱼类物种名录更新与完善提供依据, 充实我国裸胸鳝鱼类物种数据信息。

形态上, 裸胸鳝鱼类体色斑纹存在明显的物种差异多样化, 从体色单一无斑纹到多种复杂体色与

表 4 奥迪萨裸胸鳝与其他裸胸鳝的种间遗传距离  
Tab.4 Inter-specific genetic distance of *COI* sequences between *G. odishi* and other *Gymnothorax* species

物种	距离	物种	距离	物种	距离	物种	距离
<i>G. hepaticus</i>	0.082	<i>G. javanicus</i>	0.190	<i>G. neglectus</i>	0.207	<i>G. margaritophorus</i>	0.226
<i>G. monochrous</i>	0.103	<i>G. kolpos</i>	0.191	<i>G. maderensis</i>	0.207	<i>G. emmae</i>	0.226
<i>G. shaoi</i>	0.133	<i>G. enigmaticus</i>	0.192	<i>G. nubilus</i>	0.207	<i>G. griseus</i>	0.229
<i>G. pseudothyrsoides</i>	0.142	<i>G. miliaris</i>	0.193	<i>G. zonipectis</i>	0.207	<i>G. thyrsoides</i>	0.230
<i>G. reevesii</i>	0.142	<i>G. reticularis</i>	0.193	<i>G. elegans</i>	0.207	<i>G. moringa</i>	0.231
<i>G. flavimarginatus</i>	0.166	<i>G. rueppelliae</i>	0.195	<i>G. porphyreus</i>	0.209	<i>G. robinsi</i>	0.231
<i>G. phalarus</i>	0.166	<i>G. longinquus</i>	0.195	<i>G. mucifer</i>	0.210	<i>G. nudivomer</i>	0.234
<i>G. tile</i>	0.167	<i>G. meleagris</i>	0.196	<i>G. obesus</i>	0.212	<i>G. pseudoherrei</i>	0.236
<i>G. albimarginatus</i>	0.175	<i>G. chilospilus</i>	0.199	<i>G. prasinus</i>	0.212	<i>G. niphostigmus</i>	0.236
<i>G. angusticauda</i>	0.178	<i>G. minor</i>	0.199	<i>G. buroensis</i>	0.214	<i>G. polygonius</i>	0.237
<i>G. equatorialis</i>	0.178	<i>G. nigromarginatus</i>	0.200	<i>G. fimbriatus</i>	0.219	<i>G. johnsoni</i>	0.239
<i>G. richardsonii</i>	0.180	<i>G. mordax</i>	0.200	<i>G. australicola</i>	0.221	<i>G. kidako</i>	0.240
<i>G. saxicola</i>	0.184	<i>G. breedeni</i>	0.201	<i>G. pictus</i>	0.221	<i>G. undulatus</i>	0.243
<i>G. ocellatus</i>	0.185	<i>G. vicinus</i>	0.203	<i>G. melatremus</i>	0.221	<i>G. taiwanensia</i>	0.248
<i>G. pindae</i>	0.187	<i>G. isingteena</i>	0.204	<i>G. pharaonis</i>	0.223	<i>G. fuscomaculatus</i>	0.253
<i>G. prolatus</i>	0.187	<i>G. favagineus</i>	0.204	<i>G. castlei</i>	0.223	<i>G. punctatus</i>	0.256
<i>G. randalli</i>	0.188	<i>G. formosus</i>	0.206	<i>G. eurostus</i>	0.224	<i>G. gracilicauda</i>	0.263
<i>G. sagmacephalus</i>	0.189	<i>G. funebris</i>	0.206	<i>G. polyuranodon</i>	0.225		



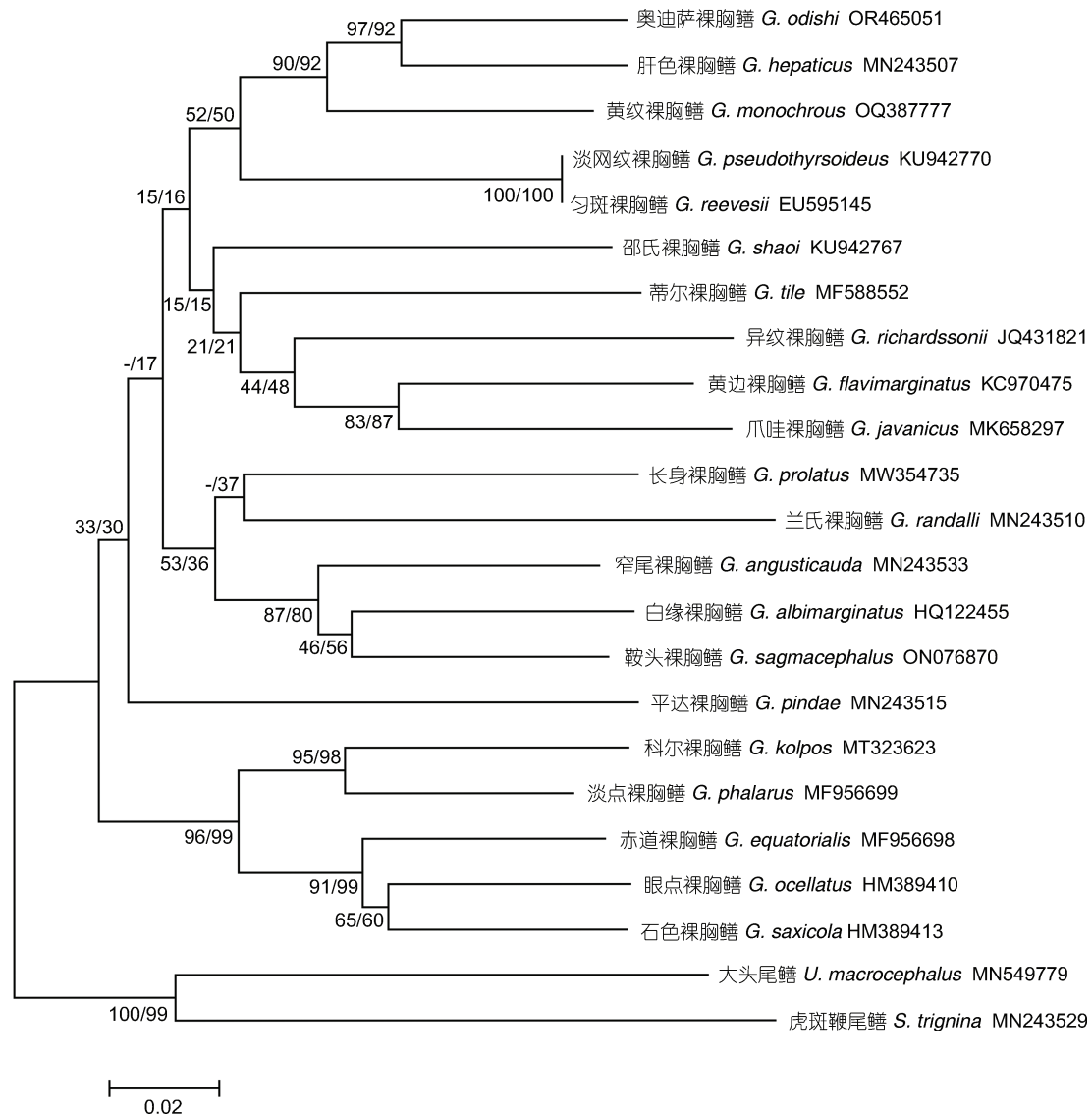


图 6 基于 *COI* 基因序列利用最大似然法和邻接法构建的裸胸鳔属鱼类分子系统进化树

Fig.6 Molecular phylogenetic trees of *Gymnothorax* species constructed using the maximum likelihood and neighbor-joining method based on *COI* genes

斑纹特征。在体色单一纯色的裸胸鳔种类中, Böhlke (2000)曾根据脊椎骨数的多少将其划分为短体型及长体型两大类型,短体型裸胸鳔脊柱骨数少于 150,而长体型类群脊椎骨数大于 150。Mohapatra 等(2018)根据奥迪萨裸胸鳔脊椎骨数为 133–138,将其归为短体型类型。学者 Böhlke 曾将全球裸胸鳔进行形态学归类,汇总出属于短体型裸胸鳔的有 8 种(Böhlke, 1997; Böhlke et al, 2000),分别为 *Gymnothorax herrei*、*Gymnothorax kontodontos*、*Gymnothorax panamensi*、*Gymnothorax atollu*、*Gymnothorax australicola*、*Gymnothorax microstictus*、*Gymnothorax pinda* 以及 *Gymnothorax pseudoherrei*。近两年有学者

在印度孟加拉湾另外发现了包括奥迪萨裸胸鳔在内的短体型裸胸鳔新种 3 个 *Gymnothorax mishrai* sp. nov (Ray et al, 2015)、*Gymnothorax odishi* sp. nov (Mohapatra et al, 2018)以及 *Gymnothorax andamanensis* sp. nov (Mohapatra et al, 2019)。而我国有记录的短体型裸胸鳔仅有 *G. herrei* 以及 *G. pindae* 两种。奥迪萨裸胸鳔与上述其他短体型裸胸鳔相比,除了 *G. panamensis* 之外,其他裸胸鳔均不具有眼睛后缘存在大黑斑,吻端至鳃孔部分布有橘黄色小斑点的特征。*G. panamensis* 眼后虽具明显黑斑,但它的背鳍起点开始于鳃孔之后,而奥迪萨裸胸鳔背鳍起点始于鳃孔之前,可有效区分开来。

### 3.2 奥迪萨裸胸鲢的线粒体基因组结构分析

奥迪萨裸胸鲢线粒体基因组全序列, 全长为 16 580 bp, 符合目前研究表明鳗鲡目鱼类线粒体基因组大小为 15~22 kb 的长度范围(15~22 kb) (申欣等, 2014)。基因组结构由 13 个蛋白编码基因、2 个 rRNA 基因、22 个 tRNA 基因和 1 个非编码控制区(D-loop 区)组成, 与其他鳗鲡目鱼类以及大部分硬骨鱼类结构一致(Teng *et al.*, 2009; Zhong *et al.*, 2018; 王开杰等, 2022), 在 13 个蛋白编码基因中, 除了 *ATPase8*、*ATPase6*、*ND1*、*ND4L*、*ND5*、*ND6* 和 *Cyt b* 基因利用 TAA 外, 其他基因均以 TA 或 T 作为不完全终止密码子, 这种不完全终止密码子在其他动物线粒体基因组中也普遍存在(Peng *et al.*, 2006)。有研究表明, 不完全终止密码子可在多聚腺苷酸化和多核转录切割作用形成完整的功能性终止密码子(Ojala *et al.*, 1981; Du *et al.*, 2016)。奥迪萨裸胸鲢线粒体基因组 A+T 含量(56.91%), C+G 含量(43.09%), 核苷酸组成具有明显的 AT 偏向性, 与其他鳗鲡目及大多数硬骨鱼类碱基组成相似(申欣等, 2014; 毛明光等, 2019; 刘凯等, 2020), 这种碱基分布的不平衡性主要是在种群演化过程中出现了自然突变以及选择压力而导致的结果(钟东等, 2002)。值得注意的是, 本研究的奥迪萨裸胸鲢线粒体基因组未发现基因结构的重排, 这与部分前期研究鳗鲡目中蛇鳗科 Ophichthyidae、海鳗科 Muraenesocidae、康吉鳗科 Congridae 等多个科鱼类线粒体基因组存在的各种基因重排现象不同(申欣等, 2014; Lü *et al.*, 2019; Zhang *et al.*, 2021; 宁子君等, 2022)。将奥迪萨裸胸鲢线粒体基因组与 GenBank 中已公布的海鲢科线粒体基因组结构分析发现, 所有海鲢科鱼类线粒体基因组均无基因重排现象, 揭示鳗鲡目 mtDNA 中普遍的基因重排现象并不包括海鲢科鱼类。

### 3.3 奥迪萨裸胸鲢分子系统分类地位

基于线粒体基因组 12 个蛋白编码基因与 *COI* 基因构建的分子系统进化树中, 奥迪萨裸胸鲢与匀斑裸胸鲢、淡网纹裸胸鲢、肝色裸胸鲢、黄纹裸胸鲢等裸胸鲢种类的亲缘关系最为密切。在 12 个蛋白编码基因构建的海鲢科鱼类进化树上, 奥迪萨裸胸鲢以 100% 的支持率与匀斑裸胸鲢和淡网纹裸胸鲢形成的分支聚在一起。而基于 *COI* 基因构建的裸胸鲢属进化树上, 奥迪萨裸胸鲢先以高支持率与肝色裸胸鲢聚为一支, 该分支再与黄纹裸胸鲢、匀斑裸胸鲢和淡网纹裸胸鲢形成的分支聚在一起。在 *COI* 遗传距离

上, 奥迪萨裸胸鲢与其他 71 种裸胸鲢属鱼类遗传距离在 0.082~0.263 之间, 均大于 Hebert 等(2003)提出的最小物种鉴定遗传距离 0.020 (2%), 从而在分子水平上揭示奥迪萨裸胸鲢是区别于目前其他裸胸鲢鱼类的独立物种。

### 3.4 海鲢科鱼类分子系统进化关系

在构建的海鲢科鱼类分子进化树中, 进化树将 25 种海鲢划分为海鲢亚科 Muraeninae (裸胸鲢属+蛇鲢属+勾吻鲢属+裸海鲢属+管鼻鲢属+弯牙海鲢属)与鳍尾鲢亚科 Uropterygiinae (鞭尾鲢属+高眉鲢属)两个分支, 与形态学划分结果一致。在海鲢亚科分支中, 我们发现物种数量最多的裸胸鲢属鱼类未能形成单系。除了裸海鲢属单独形成一支, 独立于裸胸鲢属类群之外, 蛇鲢属、勾吻鲢属、管鼻鲢属与弯牙海鲢属等其他属的种类均位于裸胸鲢属内部, 并将裸胸鲢属分割成多个分支。对于裸胸鲢属的非单系性, 前期研究也有报道, Reece 等(2010)、Tang 等(2013)、陈铭等(2022)利用不同的分子标记构建海鲢科分类关系, 结果显示, 除了裸海鲢属, 海鲢亚科其他属的种类均聚在裸胸鲢属内部, 揭示裸胸鲢属可能为多系起源。Reece 等(2010)曾提出, 要体现裸胸鲢属的单系性, 需要将其他属的种类归为裸胸鲢属。本研究基于 12 个蛋白编码基因序列得出的分类结果, 进一步验证裸胸鲢属的非单系性。而对于不同属的种类在裸胸鲢属中具体的位置, 需要后续更多的海鲢科线粒体全基因组全面综合分析才能最终体现。

## 4 结论

本研究采集分析了我国裸胸鲢属鱼类新记录种——奥迪萨裸胸鲢, 此前该物种仅在东印度孟加拉湾有记录, 其主要特征为: 体型粗壮, 体棕褐色, 吻端至鳃孔区域分布橘黄色斑点, 眼睛后缘存在黑色斑块, 鳃孔边缘黑色, 身体无其他条带或斑纹。在线粒体基因组方面, 奥迪萨裸胸鲢线粒体全长为 16 580 bp, 由 38 个基因组成, 基因组结构特征与其他海鲢科鱼类相似。分子系统进化关系表明, 奥迪萨裸胸鲢与匀斑裸胸鲢、淡网纹裸胸鲢、肝色裸胸鲢与黄纹裸胸鲢的关系较为密切。*COI* 遗传距离揭示奥迪萨裸胸鲢在分子水平上也是区别于世界上其他裸胸鲢的独立物种。研究结果为我国裸胸鲢属鱼类的系统分类及物种名录更新提供了有效的形态与分子水平分类依据。

## 参 考 文 献

- 王开杰, 姜燕, 徐永江, 等, 2022. 黄带拟鲈线粒体基因组测序及鲈科鱼类系统发育分析[J]. 水产学报, 46(11): 2017-2027.
- 毛明光, 顾杰, 刘瑞婷, 等, 2019. 太平洋鳢线粒体全基因组测序及结构特征分析[J]. 水生生物学报, 43(1): 17-26.
- 申欣, 田美, 孟学平, 等, 2014. 鳗鲡目鱼类线粒体蛋白质编码基因易位及系统演化关系分析[J]. 海洋学报, 36(4): 73-81.
- 申屠垠, 黄海, 尹绍武, 等, 2009. 裸胸鳝属鱼类的研究现状与开发利用[J]. 现代渔业信息, 24(7): 18-21.
- 宁子君, 刘玉萍, 张书飞, 等, 2022. 艾氏蛇鳢线粒体基因组全序列结构分析和系统发育关系探讨[J]. 中国水产科学, 29(9): 1264-1276.
- 成庆泰, 郑葆珊, 1987. 中国鱼类系统检索[M]. 北京: 科学出版社.
- 朱元鼎, 张春霖, 成庆泰, 1962. 南海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社.
- 朱元鼎, 张春霖, 成庆泰, 1963. 东海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社.
- 刘凯, 冯晓宇, 马恒甲, 等, 2020. 钱塘江三角鲂线粒体基因组测序及其结构特征分析[J]. 浙江农业学报, 32(9): 1591-1608.
- 刘瑞玉, 2008. 中国海洋生物名录[M]. 北京: 科学出版社.
- 何浩斌, 杨杰奎, 杨森, 等, 2022. 我国大陆裸胸鳝属鱼类新记录种——鞍头裸胸鳝的形态与分子系统学[J]. 水产学报: 1-11. [2022-08-09]. [https://kns.cnki.net/kcms2/article/abstract?v=rNedIcCUbLBHw6itYc12oIYsd5660-MXATinHYH\\_4sdltdT5bpXdYu73pAyRMnt86PN5m6RIz2fYLLkZw0atOtaOvr5V5H\\_FHgVwDfrizYV9iOltjkIIUw==&uniplatf orm=NZKPT&language=gb](https://kns.cnki.net/kcms2/article/abstract?v=rNedIcCUbLBHw6itYc12oIYsd5660-MXATinHYH_4sdltdT5bpXdYu73pAyRMnt86PN5m6RIz2fYLLkZw0atOtaOvr5V5H_FHgVwDfrizYV9iOltjkIIUw==&uniplatf orm=NZKPT&language=gb).
- 张国庆, 杨杰奎, 李培源, 等, 2022. 我国近海裸胸鳝属鱼类新记录种——黏裸胸鳝(*Gymnothorax mucifer*)形态与分子系统学研究[J]. 海洋学报, 44(7): 112-121.
- 张春光, 2010. 中国动物志-硬骨鱼纲, 鳗鲡目 背棘鱼目[M]. 北京: 科学出版社.
- 陈大刚, 张美昭, 2016. 中国海洋鱼类[M]. 青岛: 中国海洋大学出版社.
- 陈铭, 范蔓桦, 谢瑞琳, 等, 2022. 基于 16S rRNA 序列探讨我国海鳢科鱼类分子系统进化关系[J]. 水产学报, 46(2): 183-195.
- 钟东, 赵贵军, 张振书, 等, 2002. 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, 24(3): 351-355.
- 黄宗国, 2008. 中国海洋生物种类与分布[M]. 北京: 海洋出版社.
- BANKEVICH A, NURK S, ANTIPOV D, et al, 2012. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing [J]. Journal of Computational Biology, 19(5): 455-477.
- BERNT M, DONATH A, JÜHLING F, et al, 2013. MITOS: improved *de novo* metazoan mitochondrial genome annotation [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 69(2): 313-319.
- BÖHLKE E B, 1997. Notes on the identity of elongate unpatterned indo-pacific morays, with description of a new species (muraenidae, subfamily muraeninae) [J]. Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia, 147: 89-109.
- BÖHLKE E B, 2000. Notes on the identity of small, brown, unpatterned indo-pacific moray eels, with descriptions of three new species (anguilliformes: muraenidae) [J]. Pacific Sciences, 54(4): 395-416.
- BÖHLKE E B, RANDALL J E, 2000. A review of the moray eels (Anguilliformes: Muraenidae) of the Hawaiian Islands, with descriptions of two new species [J]. Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia, 150: 203-278.
- CHAKRABORTY P, SAREN S C, SENGUPTA A, et al, 2018. Notes on the Record of *Gymnothorax pseudotile* Mohapatra et al., 2018 (Muraenidae: Muraeninae) from the Sundarbans, West Bengal, India [J]. Records of the Zoological Survey of India, 118(3): 318-321.
- DU C, HE S L, SONG X H, et al, 2016. The complete mitochondrial genome of *Epicauta chinensis* (Coleoptera: Meloidae) and phylogenetic analysis among coleopteran insects [J]. Gene, 578(2): 274-280.
- FROESE R, PAULY D, 2023. FishBase. World Wide Web Electronic Publication [M/OL]. 2023-06. [www.fishbase.org](http://www.fishbase.org).
- HEBERT P D N, CYWINSKA A, BALL S L, et al, 2003. Biological identifications through DNA barcodes [J]. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 270(1512): 313-321.
- HUANG W C, CHEN H M, LIAO T Y, 2019. Revalidation of a moray eel, *Gymnothorax mucifer* Snyder, 1904 (Teleostei: Anguilliformes: Muraenidae), with a revised distribution [J]. Zootaxa, 4559(1): 151-165.
- HUANG W C, LOH K H, CHEN H M, 2022. *Gymnothorax poikilospilus*, a new moray eel (Teleostei: Anguilliformes: Muraenidae) from Penghu Islands, western Taiwan [J]. Zootaxa, 5189(1): 87-102.
- HUANG W C, THU P T, LIAO T Y, 2020. A new record of the long moray, *Gymnothorax longinquus* (Actinopterygii: Anguilliformes: Muraenidae), from southern Vietnam, supporting the uncertain record in the Gulf of Thailand [J]. Acta Ichthyologica et Piscatoria, 50(2): 201-207.
- KUMAR S, STECHER G, LI M, et al, 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms [J]. Molecular Biology and Evolution, 35(6): 1547-1549.
- LOWE T M, EDDY S R, 1997. tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence [J]. Nucleic Acids Research, 25(5): 955-964.
- LÜ Z M, ZHU K H, JIANG H, et al, 2019. Complete mitochondrial genome of *Ophichthus brevicaudatus* reveals novel gene order and phylogenetic relationships of Anguilliformes [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 135: 609-618.
- MOHAPATRA A, KIRUBA-SANKAR R, PRAVEENRAJ J, et al, 2019. A new short brown unpatterned moray eel *Gymnothorax andamanensis* (Muraenidae: Muraeninae) from Andaman waters, India [J]. Zootaxa, 4661(1): 189-196.
- MOHAPATRA A, MOHANTY S R, et al, 2018. *Gymnothorax odishi* sp. nov. (Muraenidae: Muraeninae), a short brown unpatterned moray eel from Bay of Bengal, India [J]. Zootaxa, 4420(1): 123-130.
- NASHAD M, MOHAPATRA A, VARGHESE S P, et al, 2020. A new white-spotted moray eel, *Gymnothorax aurocephalus* sp. nov. (Muraenidae: Muraeninae) from Andaman Sea, India

- [J]. *Zootaxa*, 4877(2): 361-372.
- OJALA D, MONTOYA J, ATTARDI G, 1981. tRNA punctuation model of RNA processing in human mitochondria [J]. *Nature*, 290(5806): 470-474.
- PENG Z G, WANG J, HE S P, 2006. The complete mitochondrial genome of the helmet catfish *Cranoglanis boudierius* (Siluriformes: Cranoglanididae) and the phylogeny of otophysan fishes [J]. *Gene*, 376(2): 290-297.
- POSADA D, 2008. jModelTest: phylogenetic model averaging [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7): 1253-1256.
- RAY D, MOHAPATRA A, SMITH D G, 2015. A new species of short brown unpatterned moray eel of the genus *Gymnothorax* (Anguilliformes: Muraenidae) from the Bay of Bengal [J]. *Zootaxa*, 4027(1): 140-144.
- REECE J S, BOWEN B W, SMITH D G, *et al*, 2010. Molecular phylogenetics of moray eels (Muraenidae) demonstrates multiple origins of a shell-crushing jaw (*Gymnomuraena*, *Echidna*) and multiple colonizations of the Atlantic Ocean [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 57(2): 829-835.
- SMITH D G, 2012. A checklist of the moray eels of the world (Teleostei: Anguilliformes: Muraenidae) [J]. *Zootaxa*, 3474(1): 1-64.
- SMITH D G, BOGORODSKY S V, MAL A O, *et al*, 2019. Review of the moray eels (Anguilliformes: Muraenidae) of the Red Sea, with description of a new species [J]. *Zootaxa*, 4704(1): 1-87.
- STAMATAKIS A, 2014. RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies [J]. *Bioinformatics*, 30(9): 1312-1313.
- STOTHARD P, GRANT J R, VAN DOMSELAAR G, 2019. Visualizing and comparing circular genomes using the CGView family of tools [J]. *Briefings in Bioinformatics*, 20(4): 1576-1582.
- SUMOD K S, MOHAPATRA A, SANJEEVAN V N, *et al*, 2019. A new species of white-spotted moray eel, *Gymnothorax smithi* (Muraenidae: Muraeninae) from deep waters of Arabian Sea, India [J]. *Zootaxa*, 4652(2): 359-366.
- TANG K L, FIELITZ C, 2013. Phylogeny of moray eels (Anguilliformes: Muraenidae), with a revised classification of true eels (Teleostei: Elopomorpha: Anguilliformes) [J]. *Mitochondrial DNA*, 24(1): 55-66.
- TENG H Y, LIN Y S, TZENG C S, 2009. A new *Anguilla* species and a reanalysis of the phylogeny of freshwater eels [J]. *Zoological Studies*, 48(6): 808-822.
- THOMPSON J D, HIGGINS D G, GIBSON T J, 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice [J]. *Nucleic Acids Research*, 22(22): 4673-4680.
- ZHANG K, ZHU K H, LIU Y F, *et al*, 2021. Novel gene rearrangement in the mitochondrial genome of *Muraenesox cinereus* and the phylogenetic relationship of Anguilliformes [J]. *Scientific Reports*, 11(1): 2411.
- ZHONG L Q, WANG M H, LI D M, *et al*, 2018. Complete mitochondrial genome of freshwater goby *Rhinogobius cliffordpopei* (Perciformes, Gobiidae): genome characterization and phylogenetic analysis [J]. *Genes & Genomics*, 40(11): 1137-1148.

## MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS AND MITOCHONDRIAL GENOME OF *GYMNOTHORAX ODISHI*, A NEW-RECORD *GYMNOTHORAX* SPECIES OF CHINA

LIANG Ri-Shen<sup>1,2,3</sup>, HE Hao-Bin<sup>1,2,3</sup>, GAO Zi-Han<sup>2</sup>, ZHANG Jing-Qi<sup>2</sup>, ZHU Zi-Feng<sup>2</sup>,  
CHEN Hou-Hua<sup>5</sup>, ZHOU Meng<sup>1,2,3</sup>, HUANG Yan-Hua<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Kai<sup>4</sup>

(1. Innovative Institute of Animal Healthy Breeding, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China; 2. College of Animal Science and Technology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China; 3. Guangdong Provincial Water Environment and Aquatic Products Security Engineering Technology Research Center, Guangzhou 510225, China; 4. The College of Life Sciences and Oceanography, Shenzhen University, Shenzhen 518060, China; 5. College of Marine Sciences, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

**Abstract** To enrich the species information of genus *Gymnothorax*, we reported a new-record species of the genus *Gymnothorax*—*Gymnothorax odishi* that was collected from Lingshui County, Hainan Province, South China. This species was first discovered along the east coast of India, Bay of Bengal in 2018 and had no record in other area worldwide. Detail morphological characterizations of the new-record species are described here, and the complete mitochondrial genome were determined for molecular identification and phylogenetic construction. The distinguishable characteristics of *G. odishi* are: body stout, uniform brown, with small black patches behind eyes, dark rim at gill opening, and numerous small orange spots distributed from snout to the gill opening. Maxillary teeth and median intermaxillary teeth are uniserial, dentary teeth biserial, and the mean vertebral formula is 4-52-135. The complete mitogenome sequence of *G. odishi* was determined to be 16 580 bp in length, typically consisting 13 protein coding genes, 22 tRNAs, 2 ribosomal RNA genes, and 1 non-coding region. Genome organization and arrangement are identical to those of other vertebrates. The phylogenetic relationship of the Muraenidae species based on 12 protein-coding genes and *Gymnothorax* species based on *COI* genes were constructed to recover the phylogenetic status of *G. odishi*. In the molecular phylogenetic trees of Muraenidae species constructed from 12 protein-coding genes, *G. odishi* is tightly clustered with *Gymnothorax reevesii* and *Gymnothorax pseudothyrsoides*. In the phylogenetic tree of *Gymnothorax* species constructed from *COI* gene, *G. odishi* is closely related to *G. pseudothyrsoides*, *G. reevesii*, *Gymnothorax hepaticus*, and *Gymnothorax monochrous*. By the *COI* genetic distance analysis, the distance values between *G. odishi* and other *Gymnothorax* species range from 0.082 to 0.263, which are greater than the minimum species identification value of 0.020, revealing that *G. odishi* is a distinct species at both morphological and molecular level. In addition, this *G. odishi* is distributed in the coastal area of China and has been recognized as a new recorded species, which provided the taxonomic basis for systematic classification and species list updating of *Gymnothorax* species of China.

**Key words** *Gymnothorax odishi*; new-record species; morphological characteristics; mitochondrial genome; phylogenetic evolution