

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.20240019

山西省中部地区入侵种绿太阳鱼的形态学及 DNA 分子鉴定

郝玲, 金珂, 杨慧轩, 邢晓娜, 刘少贞, 王宪宗, 刘青, 宋晶*
山西农业大学动物科学学院, 山西 晋中 030600

摘要:【目的】对入侵山西省中部水域的太阳鱼进行物种鉴定。【方法】对采集到的太阳鱼进行形态学初步鉴定,并在2个位点处随机各抽取5尾太阳鱼进行基因组DNA提取、PCR扩增CO I基因和Cytb基因并测序。根据Kimura 2-parameter model双参数模型计算样品序列遗传距离,将所得序列使用邻接法、最大似然法和贝叶斯法构建系统发育树,进行聚类分析。【结果】该鱼形态与绿太阳鱼一致。CO I基因序列平均长度为642 bp, A+T平均含量(51.37%)略高于G+C平均含量(48.61%); Cytb基因序列平均长度为819 bp, A+T平均含量(52.54%)高于G+C平均含量(47.46%)。比较太阳鱼属2种基因序列,发现CO I基因的种间平均遗传距离是种内平均遗传距离的11.58倍, Cytb基因的种间平均遗传距离是种内平均遗传距离的9.94倍,且测得的基因序列与绿太阳鱼基因相似度最高,遗传距离最近。系统进化分析显示,2个基因均能对12种太阳鱼属鱼类进行鉴别,每种太阳鱼均能形成独立分支,样本基因序列均与绿太阳鱼聚在了一起,并与其他近缘物种显著分开。【结论】入侵山西省中部水域的为绿太阳鱼。利用CO I及Cytb基因可有效鉴定形态近似的入侵物种,该结果为山西中部地区水域物种多样性保护提出预警,也为入侵鱼类的防控提供科学依据。



开放科学标识码
(OSID 码)

关键词: 太阳鱼属; 形态学; CO I; Cytb; 物种鉴定

Morphological and DNA molecular identification of the invasive species green sunfish (*Lepomis cyanellus* Rafinesque) in central Shanxi Province, China

HAO Ling, JIN Ke, YANG Huixuan, XING Xiaona, LIU Shaozhen,
WANG Xianzong, LIU Qing, SONG Jing*

College of Animal Science, Shanxi Agricultural University, Jinzhong, Shanxi 030600, China

Abstract: 【Aim】 The aim of this study was to identify the species of sunfish that invaded the waters of central Shanxi Province. 【Method】 The captured sunfish were identified morphologically on a preliminary basis, and six of them were selected randomly for DNA extraction, amplification of mitochondrial cytochrome C oxidase I (CO I) and cytochrome b (Cytb) genes by polymerase chain reaction and sequencing. The genetic distance of the sample sequences was calculated according to the Kimura 2-parameter model, and the resulting sequences were used to construct a phylogenetic tree using the neighbor-joining (NJ), maximum likelihood (ML), and Bayesian inference (BI) methods for clustering analysis. 【Result】 The results showed that the fish were morphologically consistent with the green sunfish (*Lepomis cyanellus*). The average length of the CO I gene sequences was 642 bp, and the average content of A+T (51.37%) was slightly greater than that of G+C (48.61%). The average length of the Cytb gene sequences was 819 bp, and the average content of A+T (52.54%) was greater than that of G+C (47.46%). The differences between the average inter- and intra-specific genetic distances of Cytb and CO I gene were 11.58 and 9.94, respectively. The measured gene sequences had the most closely related genetic similarities and distances to known green sunfish genes. Phylogenetic analysis showed that the 12 sunfish formed an independent clade based on CO I and Cytb gene sequences. The sample gene sequences clustered with green sunfish and were significantly different from those of the other closely related species. 【Conclusion】 The fish that invaded the waters of central

收稿日期(Received): 2024-02-04 接受日期(Accepted): 2024-04-30

基金项目: 山西省水产研究所-山西农业大学横向项目(2020HX39)

作者简介: 郝玲, 女, 硕士研究生。研究方向: 鱼类生态学。E-mail: haoling_0226@163.com

* 通信作者(Author for correspondence), 宋晶, E-mail: songjingok@163.com

Shanxi Province were green sunfish. The use of CO I and *Cytb* genes could effectively identify morphologically similar invasive species. The results provide an early warning for aquatic biodiversity protection in Central Shanxi and a scientific basis for the prevention and control of invasive fish.

Key words: *Lepomis*; morphology; cytochrome C oxidase I; cytochrome b; species identification

鱼类入侵现象随着全球经济一体化的进程日益严重(酃珊等, 2016), 影响着世界各地大多数的水域生态系统, 不仅对当地生态系统和土著鱼类有较大的危害性, 还对经济造成不小的影响, 导致当地物种多样性下降和灭绝、土著鱼类的生存环境质量恶化、土著鱼类遗传多样性丧失、生态系统多样性降低等(Gherardi, 2007; Poulin *et al.*, 2011)。2022年6月, 本课题组在山西省部分水域发现了一种原产于美洲辐鳍鱼纲 Actinopterygii 太阳鱼属 *Lepomis* 的入侵鱼类, 该鱼扩散趋势显著, 潜在风险较高, 经形态学分析初步验证其为同一种。太阳鱼属隶属鲈形目 Perciformes 太阳鱼科 Centrarchidae, 其下共有 13 种太阳鱼(Edw, 1869)。该属头小背高, 背部拱圆, 腹部平直; 鳃盖骨边缘突出, 有一蓝黑色形似耳状的软膜, 种间可自然杂交(Flamio *et al.*, 2022)。

对物种进行准确鉴定是开展生态学研究、生物多样性调查和种质资源保护的基础(李琪等, 2021; Elyasigorji *et al.*, 2023)。自 1990 年美国启动基因组计划以来, 物种鉴定方法发生了从形态学、解剖学、生化水平到分子水平的演变。鱼类鉴定技术发展至今已有多重方法, 特别是基于遗传学、交互式计算机软件、图像识别、耳石形态学、水声学 and 形态测量学的技术(康志鹏等, 2023; Abdullah *et al.*, 2020; Afzal *et al.*, 2019; Shafait *et al.*, 2016)。这些方法虽然可以较准确地鉴定鱼类, 但有一定的局限性, 包括操作程序复杂、识别时间漫长或设备昂贵、具有密切遗传关系的相似物种难以区分等。而分

子生物学因其程序简单、成本低和重现性好等优点而广泛用于物种鉴定(Teletchea, 2009)。但数据库中的基因序列并不能涵盖所有物种。

线粒体 DNA 是进行物种鉴定及系统发育分析的重要分子标记, 具有快速、准确、专属性强等优点(Elyasigorji *et al.*, 2023)。其中 CO I、*Cytb* 基因是系统进化分析常用的标记基因。CO I 是 mtDNA 编码的最大亚基, 且分子结构简单, 具有物种特异性, 又相对的比较保守, 难以发生重组, 一般作为 DNA 条形码用于鉴定物种(Bucklin *et al.*, 2021; Herczeg *et al.*, 2023)。*Cytb* 在 mtDNA 中进化速率适中, 适合探讨近缘种间和种内遗传分化程度(辛翠娜等, 2009; Elyasigorji *et al.* 2023)。因此, 本研究基于形态测量学、线粒体 CO I 和 *Cytb* 基因, 对山西入侵中部水域的太阳鱼进行物种鉴定, 并通过构建系统发育树, 探索太阳鱼属的系统发育关系, 为支持该太阳鱼的形态学物种鉴定结果, 以及深入研究该太阳鱼入侵山西水域的危害提供科学依据, 对精准防治该太阳鱼具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2023 年于山西介休汾河国家湿地公园和小靳水库采集该太阳鱼共 33 尾, 拍照记录后活体运输至实验室于缸中暂养。随机各抽取 5 尾, 共 10 尾, 取尾鳍用于分子鉴定。从美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)下载 12 种太阳鱼属鱼类的 CO I 基因序列 103 条(表 1)和 *Cytb* 基因序列 102 条(表 2)。

表 1 太阳鱼属所用 CO I 基因登录号
Table 1 CO I gene accession numbers of *Lepomis*

物种 Species	登录号 Accession number	数量/尾 Number
绿太阳鱼 <i>L. cyanellus</i>	NC_020359.1、KC427094.1、OK623677.1、JN026980.1 ~ JN026983.1、JN026985.1 ~ JN026987.1	10
密西西比太阳鱼 <i>L. gulosus</i>	KX145068.1、KX145195.1、OL471029.1、JN026994.1 ~ JN027000.1	10
橙点太阳鱼 <i>L. humilis</i>	NC_084074.1、OR552036.1、KX145251.1、JN027001.1 ~ JN027007.1	10
蓝鳃太阳鱼 <i>L. macrochirus</i>	NC_015984.2、MF621712.1 ~ MF621714.1、OR552035.1、KP013118.1、AP005993.1、OL339399.1、MK840862.1、OM736810.1	10
小冠太阳鱼 <i>L. microlophus</i>	NC_066920.1、OM736890.1、JN027043.1、JN027046.1、KU707828.1 ~ KU707829.1、MT455951.1、MT455854.1、MT455462.1、MT455922.1	10

续表 1

物种 Species	登录号 Accession number	数量/尾 Number
红点太阳鱼 <i>L. miniatus</i>	JN027048.1、JN027049.1、JN027052.1、JN027053.1、HQ557405.1、HQ557406.1	6
点太阳鱼 <i>L. punctatus</i>	NC_036388.1、MH301069.1、JN027054.1、JN027055.1	4
匀太阳鱼 <i>L. symmetricus</i>	NC_042249.1、JN027056.1、JN027057.1、OR552037.1	4
红胸太阳鱼 <i>L. auritus</i>	MH301065.1、MH301066.1、NC_036385.1、JN026967.1~JN026973.1	10
缘边太阳鱼 <i>L. marginatus</i>	JN027017.1~JN027026.1	10
长耳太阳鱼 <i>L. megalotis</i>	EU751845.1、JN027031.1、MK037225.1、EU751849.1、JN027036.1~JN027041.1	10
驼背太阳鱼 <i>L. gibbosus</i>	NC_028284.1、MF621724.1~MF621726.1、MT667250.1、OL457411.1、OM736843.1、OL435155.1、MT483612.1	9

表 2 太阳鱼属所用 *Cytb* 基因登录号
Table 2 *Cytb* gene accession numbers of *Lepomis*

物种 Species	登录号 Accession number	数量/尾 Number
绿太阳鱼 <i>L. cyanellus</i>	OP426296.1~OP426299.1、AY828958.1、AY828959.1、AY115973.1、AY115974.1、JF742828.1、OL457399.1、OK623677.1	11
密西西比太阳鱼 <i>L. gulosus</i>	OL471028.1、OL471029.1、MH301067.1、MH301068.1、AY828963.1、JF742830.1、AY115971.1、AY115972.1、NC_042249.1	8
橙点太阳鱼 <i>L. humilis</i>	AY828964.1、AY828965.1、AY374293.1、JF742831.1、OR552036.1、NC_084074.1	6
蓝鳃太阳鱼 <i>L. macrochirus</i>	AY828966.1~AY828968.1、AY225667.1、AY115976.1、NC_015984.2、MK840862.1、OL339399.1、OR552035.1、OM736810.1	10
小冠太阳鱼 <i>L. microlophus</i>	AY828978.1~AY828982.1、OL471030.1、OL471030.1、NC_066920.1	8
红点太阳鱼 <i>L. miniatus</i>	AY828983.1~AY828990.1、AY225668.1、JF742835.1	10
点太阳鱼 <i>L. punctatus</i>	AY828991.1~AY828994.1、JF742836.1、NC_036388.1、MH301069.1、MF621732.1	8
匀太阳鱼 <i>L. symmetricus</i>	JF742837.1、OR552037.1、NC_084075.1	3
红胸太阳鱼 <i>L. auritus</i>	AY828950.1~AY828956.1、JF742827.1、AY115970.1、NC_036385.1、MH301065.1、MH301066.1、MF621723.1	12
缘边太阳鱼 <i>L. marginatus</i>	AY828969.1~AY828972.1、JF742832.1	5
长耳太阳鱼 <i>L. megalotis</i>	OR552032.1、NC_084073.1、AY828973.1~AY828977.1、OR552034.1、JF742833.1、KF571582.1	10
驼背太阳鱼 <i>L. gibbosus</i>	KJ513207.1、AY828960.1~AY828962.1、NC_028284.1、OM736843.1、OL457411.1、OL435155.1、MF621724.1~MF621726.1	11

1.2 样品处理与鉴定

1.2.1 形态学数据收集 收集太阳鱼样本的外部形态特征、可数性状,使用 ImageJ 测量 24 条太阳鱼的 14 个传统形态学数据(体长、体高、头长、头高、吻长、眼径、尾柄长、尾柄高、背鳍长、胸鳍长、腹鳍长、臀鳍基长、臀鳍长、全长),精确到 0.01 cm。根据世界鱼库 Fishbase (<https://fishbase.se/search.php>)、中文鱼类数据库 cnfishbase (<https://cnfishbase.cn/>)进行初步形态鉴定。

1.2.2 DNA 提取与引物设计 用动物基因组 DNA 快速抽提试剂盒(生工 B5518221-0100)进行提取,得到的 DNA 用 TE Buffer 溶解,通过 NanoDrop One 微量分光光度计测定各样本的浓度和纯度,将合格的 DNA 放于 -20 °C 储存备用。

PCR 扩增引物采用鱼类 CO I 序列通用引物(Ward *et al.*, 2005)和 *Cytb* 序列通用引物(Xiao *et al.*, 2001),由生工生物工程(上海)股份有限公司合成(表 3)。

表 3 引物信息
Table 3 Primer information

基因 Genes	引物名称 Name of primers	引物序列 Sequence of primers(5'-3')	参考文献 References
CO I	Fish CO I F1	TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC	Ward <i>et al.</i> , 2005
	Fish CO I R1	TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA	
<i>Cytb</i>	Fish <i>Cytb</i> L14724	GACTTGAAAAACCACCGTTG	Xiao <i>et al.</i> , 2001
	Fish <i>Cytb</i> H15560	GCCTAGGCAATAGGAAGTATC	

1.2.3 PCR 扩增与序列测定 PCR 反应总体积为 50 μL , 其中基因组 DNA 模板 5.0 μL , $2\times$ SanTaq PCR Mix 预混液 25.0 μL , 上、下游引物各 2.0 μL (浓度为 100 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$), 双蒸水 (ddH₂O) 16.0 μL 。COI 基因 PCR 扩增条件为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预热 5 min; 35 个热循环: 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 1 min, 72 $^{\circ}\text{C}$ 扩增 1 min; 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。Cytb 基因 PCR 扩增条件为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预热 4 min; 30 个热循环: 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 1 min, 72 $^{\circ}\text{C}$ 扩增 1 min; 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。反应在 FastAmp-T96 PCR 基因扩增仪 (BIO-DL) 上进行。PCR 扩增产物用 1% 琼脂糖电泳进行检测, 判定 PCR 产物为目的条带后, 送至生物工程 (上海) 股份有限公司进行双向测序。

1.3 数据处理

使用 DNASTAR Lasergene 17.1.1 软件中的 SeqMan 将双向测得的序列拼成一条完整的序列, 通过测序波峰图校正可疑位点并统计碱基组成情况。使用 MEGA 11.0.13 软件 (Tamura *et al.*, 2021) 对序列同源比对, 进行序列的编辑和剪切, 采取默认参数设置, 基于 Kimura 2-parameter model 双参数模型计算种内、种间遗传距离。通过 Model Finder (Minh *et al.*, 2020) 进行最优模型选择 (HKY+F+G4 模型), 利用 MEGA 11.0.13、IQtree 2 (Minh *et al.*, 2020) 和 MrBayes 3.2 (Ronquist *et al.*, 2012) 以刺盖太阳鱼属 *Pomoxis* 的白刺盖太阳鱼 (*P. annularis*, NC_066918.1) 和黑刺盖太阳鱼 (*P. nigromaculatus*, NC_028298.1) 为外群分别基于邻接 (neighbor-joining, NJ) 法、最大似然 (maximum likelihood, ML) 法和贝叶斯 (Bayes, BI) 法构建系统进化树。构建 NJ 树时采用 Kimura 2-parameter 模型, 重复取样次数为 1000; ML 树标准自展值设置为 1000 代; BI 树设置 4 条马尔科夫链独立运行 2000000 代, 每隔 1000 代进行一次取样, 前 25% 舍弃。

2 结果与分析

2.1 形态学特征

该鱼整体呈蓝绿色, 头部有蓝绿色条纹, 鳃盖边缘处有黑色耳盖, 耳盖边缘呈黄色, 腹部有黑色、白色和黄色的散点, 头背部至尾柄有明显黑色横纹。侧线鳞 46~47, 9 个背鳍硬棘, 11~12 个背鳍软鳍条, 3 个臀鳍硬棘, 9~10 个臀鳍软鳍条, 11~13 个胸鳍鳍条, 1 个腹鳍硬棘, 9~10 个腹鳍软鳍条, 17~19 个尾鳍鳍条。体长 (8.07 \pm 2.14) cm, 体高 (2.87 \pm

0.84) cm, 头长 (2.56 \pm 0.69) cm, 头高 (2.44 \pm 0.66) cm, 吻长 (0.55 \pm 0.14) cm, 眼径 (0.7 \pm 0.2) cm, 尾柄长 (1.73 \pm 0.48) cm, 尾柄高 (1.07 \pm 0.30) cm, 背鳍长 (1.12 \pm 0.34) cm, 胸鳍长 (1.56 \pm 0.49) cm, 腹鳍长 (1.11 \pm 0.35) cm, 臀鳍基长 (1.46 \pm 0.38) cm, 臀鳍长 (1.12 \pm 0.39) cm, 全长 (9.95 \pm 2.69) cm。



图1 山西省介休汾河国家湿地公园的太阳鱼
Fig.1 *Lepomis* from Fenhe National Wetland Park, Jiexiu, Shanxi Province

2.2 基因序列特征

经过拼接、校正、去掉两端冗余得到该太阳鱼 COI 基因和 Cytb 基因序列各 10 条。COI 序列长度为 633~648 bp (平均 642 bp), 序列的平均碱基组成为 C (29.95%)、T (27.87%)、A (23.51%)、G (18.66%), 其中 A+T 的平均含量 (51.37%) 高于 G+C (48.61%); Cytb 序列为 819 bp, 其中 G、A、T、C 的平均含量分别为 14.53%、24.25%、28.30%、32.92%, A+T 的平均含量 (52.54%) 高于 G+C (47.46%)。

2.3 太阳鱼属鱼类种内种间遗传距离及相关性

基于 Kimura 2-parameter model 双参数模型计算太阳鱼属各物种 COI、Cytb 基因种内种间遗传距离及相关性分析见图 2、3, 其遗传距离越小, 两物种的相关性越大。在 COI 基因中, 12 种太阳鱼属鱼类种内遗传距离为 0.001~0.059 (平均 0.012)。缘边太阳鱼 *L. marginatus* (0.059) 和长耳太阳鱼 *L. megalotis* (0.022) 种内遗传距离大于 0.02 的标准, 匀太阳鱼 *L. symmetricus* 种内遗传距离等于 0.02, 其余 9 种太阳鱼的种内遗传距离显著小于 0.02。种间遗传距离为 0.017~0.194 (平均 0.139), 种间平均遗传距离是种内遗传距离的 11.58 倍。其中遗传距离最大的是缘边太阳鱼和密西西比太阳鱼 *L. gulosus* (0.194), 其相关性最低, 种间关系最远。遗传距离最小的是绿太阳鱼 *L. cyanellus* 与匀太阳鱼 (0.017), 两种之间相关性最高, 种间关系最近。试

验所得 10 条 CO I 基因序列之间遗传距离为 0.000, 与绿太阳鱼之间的遗传距离为 0.000~0.005 (平均 0.001), 相关性最高。

在 *Cytb* 基因中, 12 种太阳鱼属鱼类种内遗传距离为 0.001~0.052 (平均 0.017), 密西西比太阳鱼(0.037)、缘边太阳鱼(0.050)和长耳太阳鱼(0.052)种内遗传距离大于 0.02 的标准, 其余 9 种太阳鱼的种内遗传距离显著小于 0.02。种间遗传距离为 0.042~0.222 (平均 0.169), 种间平均遗传

距离是种内遗传距离的 9.94 倍。其中遗传距离最大的是绿太阳鱼与红点太阳鱼 *L. miniatus* (0.222), 其相关性最低, 种间关系最远。遗传距离最小的是绿太阳鱼与匀太阳鱼(0.042), 其相关性最高, 种间关系最近。试验所得 10 条 *Cytb* 基因序列之间遗传距离为 0.00~0.006 (平均 0.000), 与绿太阳鱼之间的遗传距离为 0.000~0.008 (平均 0.002), 相关性最高。



图 2 太阳鱼属鱼类 CO I 基因平均种内种间遗传距离及相关性分析

Fig.2 Mean intraspecific and interspecific genetic distances and correlation analysis of CO I gene in *Lepomis*

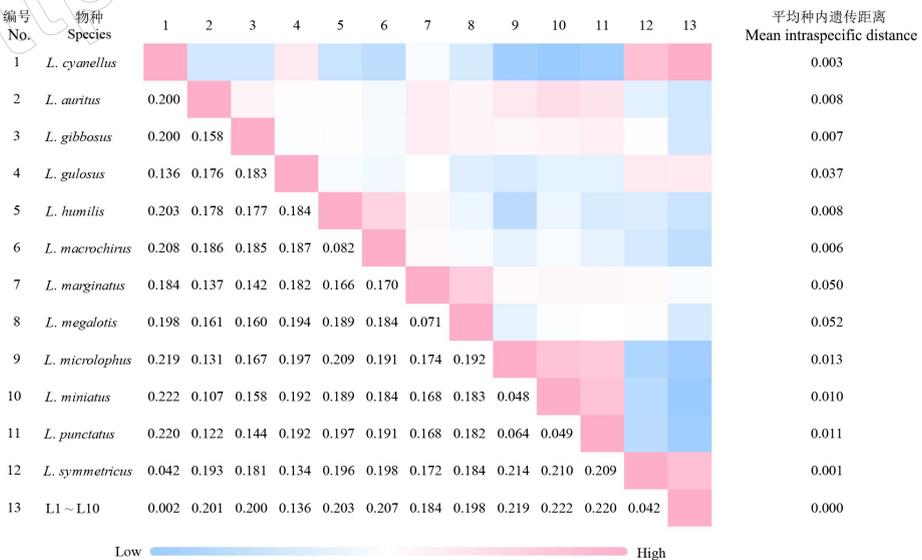


图 3 太阳鱼属鱼类 *Cytb* 基因平均种内种间遗传距离及相关性分析

Fig.3 Mean intraspecific and interspecific genetic distances and correlation analysis of *Cytb* gene in *Lepomis*

2.4 太阳鱼属鱼类分子系统进化树构建

由图 4、5 可知, 基于 CO I 和 *Cytb* 基因序列构建的 NJ、ML 和 BI 进化树自测序列结果基本一致。

L1~L10 样本序列均与绿太阳鱼序列聚为一支, 且具有较高的支持率与其他近缘物种显著区分。

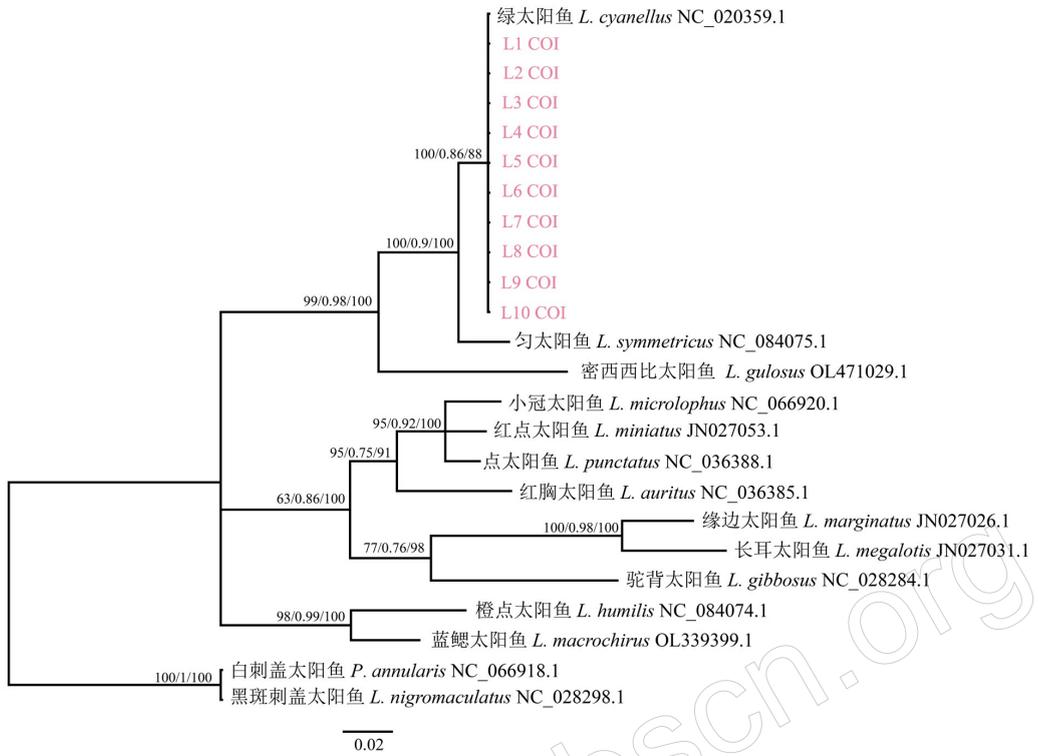


图 4 基于 CO I 序列构建的分子系统进化树

Fig.4 Molecular phylogenetic trees based on CO I sequences constructed

节点旁左侧数字代表 NJ 支持率; 右侧数字代表贝叶斯后验概率。

Numbers on nodes refer to NJ support values (left); Bayesian posterior probabilities (right).

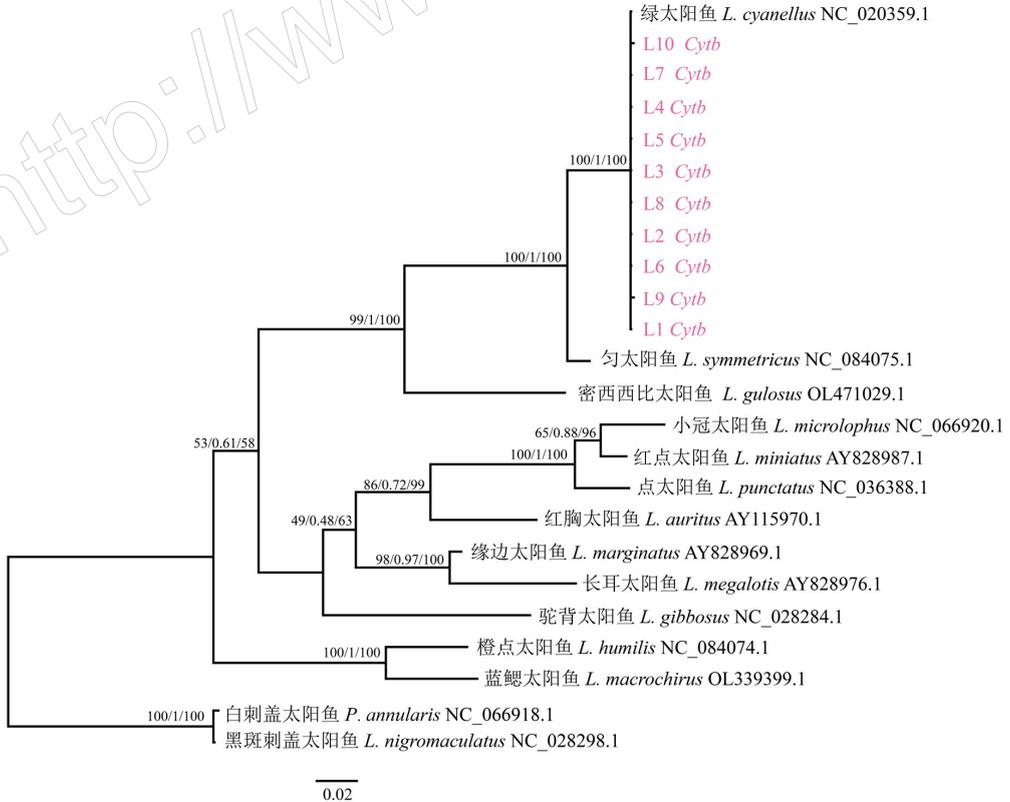


图 5 基于 Cytb 序列构建的分子系统进化树

Fig.5 Molecular phylogenetic trees based on Cytb sequences constructed

节点旁左侧数字代表 NJ 支持率; 中间数字代表 Bootstrap 支持率; 右侧数字代表贝叶斯后验概率。

Numbers on nodes refer to NJ support values (left); Bootstrap support values (middle); Bayesian posterior probabilities (right).

3 讨论

传统的形态学鉴别技术对鉴定人员的技术要求高,尤其对于隐蔽性强、生活习性难以掌握和形态变化大的物种,鉴定难度较大(王海贞和刘昕,2023)。随着分子生物学的发展,多方法相结合鉴定逐渐取代了形态学观察的物种鉴定。本研究发现的太阳鱼与大别山(万安等,2017)和贵州地区(夏奉梅等,2022)的绿太阳鱼形态基本一致。采用线粒体 CO I 和 *Cytb* 基因对太阳鱼样品进行辅助鉴定,结果显示,样品鱼 2 种基因碱基 A+T 含量较高,呈明显的反 G 偏倚。

大多数太阳鱼属鱼类的最小种间遗传距离大于最大种内遗传距离,可以通过 CO I、*Cytb* 基因进行有效鉴别。本研究中,太阳鱼属鱼类 CO I 基因种间平均遗传距离是种内遗传距离的 11.58 倍,*Cytb* 基因种间平均遗传距离是种内遗传距离的 9.94 倍。CO I 基因、*Cytb* 基测得的序列遗传距离与绿太阳鱼的遗传距离均最小(分别为 0.001、0.002),该鱼与绿太阳鱼相关性最大,进一步说明了入侵山西省中部水域的太阳鱼为绿太阳鱼。

基于 CO I 基因构成的系统发育树显示,12 种太阳鱼主要形成 3 个分支,其中绿太阳鱼、匀太阳鱼和密西西比太阳鱼聚为一支;缘边太阳鱼、点太阳鱼、红点太阳鱼、红胸太阳鱼、驼背太阳鱼、小冠太阳鱼和长耳太阳鱼 7 种聚为一支;橙点太阳鱼和蓝鳃太阳鱼聚为一支,最先分离出来,位于整个太阳鱼属类群基部。基于 *Cytb* 基因构成的系统发育树显示,12 种太阳鱼主要形成 2 个分支,橙点太阳鱼和蓝鳃太阳鱼聚为一支,位于整个太阳鱼属类群基部;其余 10 种太阳鱼聚为另一支,其中,绿太阳鱼、匀太阳鱼和密西西比太阳鱼 3 种,缘边太阳鱼、点太阳鱼、红点太阳鱼、红胸太阳鱼、驼背太阳鱼、小冠太阳鱼和长耳太阳鱼 7 种分别形成一个支。本研究发现的太阳鱼基于 CO I、*Cytb* 基因所测得的基因序列均与绿太阳鱼聚在一起,且与其他近缘物种显著区分。

据统计,共有 439 种淡水鱼类从其他国家引入中国(Xiong *et al.*, 2015)。很多研究者将目光聚焦在鱼类增殖养殖产业的发展上,往往忽视了其逃逸造成的生态风险(Luo *et al.*, 2019)。太阳鱼属鱼类是最著名和最广泛的入侵性淡水鱼类之一,如,欧洲、北非、中美洲和南美洲的 30 多个国家均有的驼背

太阳鱼(Yavno *et al.*, 2020);占据了日本(Yokogawa *et al.*, 2018)和韩国(Choi & Kim, 2020)大部分淡水生态系统的蓝鳃太阳鱼。中国引入的太阳鱼包括蓝鳃太阳鱼、绿太阳鱼和驼背太阳鱼(张瑞瑜等, 2003)。本试验鉴定出的绿太阳鱼原产于美洲,是一种全球分布的入侵物种,特别适应城市溪流条件,1999 年作为观赏和游钓用鱼引入我国。2015 年,首次在大别山黑沟发现绿太阳鱼入侵(万安等, 2015);之后于 2017 年在贵州(夏奉梅等, 2022)、2019 年在四川(赵仲孟等, 2020)发现该鱼。调查发现,主要于山西中部的汾河水系发现的绿太阳鱼,目前还未扩散到临近的海河水系上游。忻州地区是目前国内发现绿太阳鱼的最高纬度区域,但绿太阳鱼具较强的生存和繁殖能力,有入侵周围水系的可能。因此,对绿太阳鱼是否会进一步扩大在山西的入侵范围以及是否会对当地物种多样性和生态系统功能造成影响等还需进一步研究。

参考文献

- 康志鹏,李纯厚,李纯然,王腾,赵金发,石娟,刘永, 2023. 西沙群岛鹦嘴鱼科耳石形态学物种鉴定的可行性研究. *水生生物学报*, 48(3): 469-478.
- 李琪,冉轲,孔令锋, 2021. DNA 条形码技术及其在海洋贝类种质资源保护中的应用. *中国海洋大学学报(自然科学版)*, 51(5): 18-23.
- 邴珊,陈家宽,王小明, 2016. 淡水鱼类入侵种的分布、入侵途径、机制与后果. *生物多样性*, 24(6): 672-685.
- 万安,张晓可,方云祥,钟明,李宁,安树青, 2015. 警惕外来种绿太阳鱼在大别山区的扩散与繁殖. *水生生物学报*, 39(4): 685.
- 万安,张晓可,刘志刚,王慧丽,陈敏敏,周双,于道平, 2017. 大别山区黑沟绿太阳鱼种群的形态特征研究. *水生生物学报*, 41(1): 194-200.
- 王海贞,刘昕, 2023. 基于线粒体 CO I 基因的三江源草原毛虫金小蜂分子鉴定与系统发育分析. *生物安全学报*, 32(4): 393-398.
- 夏奉梅,陈会明,罗永强,蒋玄空,代亮亮,袁果,张海波,吕敬才, 2022. 绿太阳鱼 *Lepomis cyanellus* Rafinesque, 1819 入侵贵州的风险. *贵州科学*, 40(3): 33-36.
- 辛翠娜,彭建军,王莹,王利利, 2009. *Cytb* 分子标记技术在物种鉴定中的应用. *野生动物*, 30(4): 217-221.
- 张瑞瑜,梁仁杰,张邦杰, 2003. 太阳鱼在美国及引进我国后的繁殖养殖综述. *水产养殖*, 24(4): 43-46.
- 赵仲孟,周剑,李强,张露,柯红雨,苏旭涛,肖宇,龙治

- 海, 2020. 四川嘉陵江乌木滩水库发现外来物种蓝太阳鱼. *水生生物学报*, 44(1): 103.
- ABDULLAH A, NURILMALA M, MUTTAQIN E, YULIANTO I, 2020. DNA-based analysis of shark products sold on the Indonesian market towards seafood labelling accuracy program. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 21(4): 1385–1390.
- AFZAL K M, KHAN S, MIYAN K, 2019. Stock identification of the *Channa striata* inhabiting the Gangetic River System using truss morphometry. *Russian Journal of Ecology*, 50(4): 391–396.
- BUCKLIN A, PEIJNENBURG K T C A, KOSOBOKOVA K N, O'BRIEN T D, BLANCO-BERCIAL L, CORNILS A, FALKENHAUG T, HOPCROFT R R, HOSIA A, LAAKMANN S, LI C L, MARTELL L, QUESTEL J M, WALL-PALMER D, WANG M X, WIEBE P H, WEYDMANN-ZWOLICKA A, 2021. Toward a global reference database of COI barcodes for marine zooplankton. *Marine Biology*, 168(6): 78.
- CHOI J Y, KIM S K, 2020. Effects of aquatic macrophytes on spatial distribution and feeding habits of exotic fish species *Lepomis macrochirus* and *Micropterus salmoides* in shallow reservoirs in South Korea. *Sustainability*, 12(4): 1447.
- EDW D C, 1869. A partial synopsis of the fishes of the fresh waters of North Carolina. *Proceedings of the American Philosophical Society*, 11: 448–495.
- ELYASIGORJI Z, IZADPANAH M, HADI F, ZARE M, 2023. Mitochondrial genes as strong molecular markers for species identification. *The Nucleus*, 66(1): 81–93.
- FLAMIO JR R, LEVANO S R, KASHIWAGI T, MAKKAY A M, HEKKALA E R, 2022. Integrating ecological and molecular data to investigate species maintenance and interspecific hybridization between the redbreast sunfish (*Lepomis auritus*) and the pumpkinseed sunfish (*Lepomis gibbosus*). *Canadian Journal of Zoology*, 100(6): 345–354.
- GBERARDI F, 2007. Biological invasions in inland waters: an overview. *Biological Invaders in Inland Waters: Profiles, Distribution, and Threats*, 2: 3–25.
- HERCZEG D, PALOMAR G, ZIELIŃSKI P, RIEMSDIJK I VAN, BABIK W, DANKOVICS R, HALPERN B, CVIJANOVIĆ M, VÖRÖS J, 2023. Genomic analysis reveals complex population structure within the smooth newt, *Lissotriton vulgaris*, in Central Europe. *Ecology and Evolution*, 13(9): 1–12.
- MINH B Q, SCHMIDT H A, CHERNOMOR O, SCHREMPF D, WOODHAMS M D, HAESSELER A VON, LANFEAR R, 2020. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, 37(5): 1530–1534.
- POULIN R, PATERSON R A, TOWNSEND C R, TOMPKINS D M, KELLY D W, 2011. Biological invasions and the dynamics of endemic diseases in freshwater ecosystems. *Freshwater Biology*, 56(4): 676–688.
- RONQUIST F, TESLENKO M, VAN DER MARK P, AYRES D L, DARLING A, HÖHNA S, LARGET B, LIU L, SUCHARD M A, HUELSENBECK J P, 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- SHAFAIT F, MIAN A, SHORTIS M, GHANEM B, CULVERHOUSE P F, EDGINGTON D, CLINE D, RAVANBAKHS M, SEAGER J, HARVEY E S, 2016. Fish identification from videos captured in uncontrolled underwater environments. *ICES Journal of Marine Science*, 73(10): 2737–2746.
- TAMURA K, STECHER G, KUMAR S, 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7): 3022–3027.
- TELETCHER F, 2009. Molecular identification methods of fish species: reassessment and possible applications. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 19(3): 265–293.
- WARD R D, ZEMLAK T S, INNES B H, LAST P R, HERBERT P D N, 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360: 1847–1857.
- XIAO W, ZHANG Y, LIU H, 2001. Molecular systematics of Xenocyprinae (Teleostei: Cyprinidae): taxonomy, biogeography, and coevolution of a special group restricted in East Asia. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 18(2): 163–173.
- XIONG W, SUI X, LIANG S H, CHEN Y F, 2015. Non-native freshwater fish species in China. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 25(4): 651–687.
- YAVNO S, GOBIN J, WILSON C C, VILA-GISPERS A, COPP G H, FOX M G, 2020. New and Old World phylogeography of pumpkinseed *Lepomis gibbosus* (Linnaeus, 1758): the North American origin of introduced populations in Europe. *Hydrobiologia*, 847(S2): 345–364.
- YOKOGAWA K, 2018. Food habits of bluegill *Lepomis macrochirus* populations in reservoirs in Kagawa, Japan. *Zoology and Ecology*, 28(3): 185–204.