

基于 16 s rRNA 基因片段的长臂虾科系统发育初步研究

甘志彬^{1,2}, 李新正¹

(1. 中国科学院 海洋研究所, 山东 青岛 266071; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 长臂虾科(Caridea: Palaemonidae)是真虾类中最大的科级单元之一, 为了探索长臂虾科内部的系统演化关系, 作者采用从 Genbank 中下载的长臂虾科两亚科(Palaemoninae, Pontoniinae)14 属 30 种长臂虾的线粒体 16s rRNA 基因序列片段, 以鼓虾科(Alpheidae)细足鼓虾(*Alpheus gracilipes*)为外群分析长臂虾亚科和隐虾亚科之间的系统发育关系。在获得的 466 个序列位点中, 变异位点 263 个, 简约信息位点 213 个。DNA 序列分析显示, 隐虾亚科的德曼隐虾属(*Manipontonia*)与长臂虾亚科的遗传距离(0.211)要小于其与所在亚科的遗传距离(0.245); 此属在基于贝叶斯法(BI)和邻接法(NJ)构建的系统发育树中也与长臂虾亚科的种属聚合为一支, 然后与隐虾亚科种属聚合的一支成为姊妹群。结合此属与长臂虾亚科尾瘦虾属(*Urocaridella*)形态相似的特征, 建议对德曼隐虾属在长臂虾科中的分类地位进行重新评估。除隐虾亚科德曼隐虾属聚合到长臂虾亚科聚类簇外, 两亚科所属的其他种属各自聚合为一支, 在系统树中互为姊妹群, 支持将长臂虾分为两亚科的分类系统。

关键词: 长臂虾科(Palaemonidae); 分子系统发育; 16s rRNA 基因

中图分类号: Q346 文献标识码: A 文章编号: 1000-3096(2014)07-0007-07

doi: 10.11759/hyqx20131019001

长臂虾科(Palaemonidae)属于十足目(Decapoda)真虾下目(Caridea)长臂虾总科(Palaemonoidea), 是真虾下目当中最大的科级分类单元之一。根据 Chace 等^[1-2] 和 Holthuis^[3]对真虾下目的分类系统, 长臂虾科包含长臂虾亚科(Palaemoninae)和隐虾亚科(Pontoniinae)两个亚科。De 等^[4]记述了长臂虾科现存种 1000 余种, 其生境包括河流、湖泊等淡水水系, 泄湖、河口等半咸水环境, 近海、大洋等海洋生境; 部分种属甚至可分布到地下水系^[2,5]。长臂虾亚科多数生活在淡水或近岸咸水环境, 部分种属是水产资源上很重要的经济种^[6]; 而隐虾亚科则全部生活在海洋环境, 此亚科的种属繁多, 形态各异, 生活方式多样, 在热带或亚热带珊瑚礁水域具有重要的生态学意义^[7-9]。本文中长臂虾科两亚科内的种属分类安排参照 De 等^[4]的真虾类种属名录分类系统。

长臂虾科两亚科在形态上的主要鉴别特征为: 长臂虾亚科在第三颚足具有侧鳃, 而隐虾亚科无此结构; 长臂虾亚科在尾节末端具有 2 对刺及 1 或多对刚毛, 而隐虾亚科则具有 3 对刺。然而, 这两个亚科之间存在一些过渡种属, 其既具有长臂虾亚科的特征, 同时也具有隐虾亚科的特征。例如, 隐虾亚科的德曼隐虾属(*Manipontonia*)与长臂虾亚科尾瘦虾属

(*Urocaridella*)在额角、头胸甲等结构形态非常相似, 而与其所在亚科的其他种属存在明显不同^[10]。属于长臂虾亚科的短腕虾属(*Brachycarpus*)和尾瘦虾属第三颚足不具有侧鳃, 体型也与隐虾亚科的种属相似^[11]; 属于隐虾亚科的近岩虾属(*Periclimenella*)和外岩虾属(*Exoclimenella*)两属在第三颚足具有 1 或者两个关节鳃, 这一形态特征与长臂虾亚科的种属十分接近^[12]。根据已有文献描述及相关作者的论述, 在形态特征比较上, 短腕虾属和尾瘦虾属是否属于长臂虾亚科, 而近岩虾属、外岩虾属和德曼隐虾属是否属于隐虾亚科并不十分确定^[11-14]。例如, Borradaile^[15]和 Kemp^[16]认为尾瘦虾属应该放在隐虾亚科中, 而 Holthuis^[17]则认为应该把这一属放在长臂虾亚科内。此外, Mitsuhashi 等^[14]查阅综述了大量长臂虾科第一蚤状幼体形态学的文献资料, 认为除长臂虾亚科瘦虾属(*Leander*)和拟瘦虾属(*Leandrites*), 隐虾亚科钩岩虾属(*Harpilius*)、凯氏岩虾属(*Cuapetes*)和近钩岩

收稿日期: 2013-10-19; 修回日期: 2013-12-09

基金项目: 国家自然科学基金面上资助项目(41376163)

作者简介: 甘志彬(1986-), 男, 河北邯郸人, 博士研究生, 主要从事海洋无脊椎生物分类与系统演化、大型底栖生物生态学研究, E-mail: ganzhibin2005@163.com; 李新正, 通信作者, 博士生导师, 电话: 0532-82898771, E-mail: lixzh@qdio.ac.cn

虾属(*Philarius*)难于区分外,其他两亚科的大部分属都可以根据第二小颚内肢的刚毛数量和着生位置区分,即长臂虾亚科在内肢基部具有刚毛或多刚毛的叶状体,而隐虾亚科则只在内肢末端具有刚毛。近年来,对长臂虾科两亚科间的系统发育研究很少,多数的系统发育研究分别集中在两个亚科内部的研究。例如李新正等^[18]利用支序分类学的方法对隐虾亚科的研究, Kou 等^[19]对岩虾属及其邻近属的分子系统学研究;长臂虾亚科内的系统发育研究也多数集中在经济价值较高的沼虾属(*Macrobrachium*)、白虾属(*Exopalaemon*)等少数种类^[20, 21]。作者首次利用线粒体 16 s rRNA 基因片段分析长臂虾科两亚科间的系统发育关系,着重分析上文提到的、在形态上同时具有两亚科特征、处于两亚科间过渡的种属。利用分子生物学的方法分析它们在长臂虾科中的系统地位,以期为它们在长臂虾科中的归属问题提供分子方面的证据。

1 材料与方法

1.1 16s rRNA 基因片段序列收集

以日本沼虾(*Macrobrachium nipponense*)和细指岩虾(*Periclimenes digitalis*)等长臂虾的 16s rRNA 序列为检索序列,在 GenBank 中检索长臂虾亚科和隐虾亚科中长臂虾的 16s rRNA 序列。以鼓虾科(Alpheidae)细足鼓虾(*Alpheus gracilipes*)为外群,选取长臂虾亚科 7 属 15 种,隐虾亚科 7 属 15 种分析两亚科间的系统发育关系。序列所属的科、亚科、属以及 GenBank 登录号等信息见表 1。

1.2 DNA 序列分析及系统发育分析

使用 Clustal X2^[22]软件对 16s rRNA 序列进行多序列比对。使用 MEGA 5.05^[23]软件对对比整齐的序列数据进行碱基组成分析,简约信息位点分析,序列遗传距离分析。使用 Modeltest 3.7^[24]筛选符合 16s rRNA 数据集的最优碱基替代模型。分子系统发育分析采用邻接法(Neighbor Joining, NJ)和贝叶斯法(Bayesian Inference, BI)。邻接法分析使用软件 MEGA5.05 计算基于 Kumara 2-parameter 模型的系统发育树,自展检验方法(Bootstrap)采用重复抽样 1000 次获得自展值(Bootstrap 值)。BI 分析使用 Beast 1.6.1 软件^[25],根据 Modeltest 3.7 选取最优碱基替代模型 GTR+I+G,采用马尔可夫链蒙特卡算法,运行 1000 万代,每 1000 代选取 1 棵树;最终得到 10000 棵树,舍弃前 2500 (25%)个老化样本,从剩余的系统

树中总结合意树(50% majority-rule consensus tree)。

2 结果

2.1 序列组成与遗传距离分析

将本研究中所分析的 30 条长臂虾科以及外群细足鼓虾的 16s rRNA 序列片段读入到 Clustal X2 中,进行多序列比对;去除比对序列中部分插入缺失位点以及高变异区,获得供系统发育分析的序列矩阵。在最终获得的长度为 466bp 的序列矩阵中,变异位点 263 个,占 56.4%,简约信息位点 213 个,占 45.7%,转化颠换比值(Transition/Transversion)为 2.74。A、T、C、G 碱基平均含量为 31.7%、34.6%、11.8%、21.9% 其中 A+T 的含量(66.3%)远高于 C+G 的含量(33.7%),表现出明显的 A、T 碱基偏倚。与马朋等^[21]研究的脊尾白虾(*Exopalaemon carinicauda*)群体、程起群等^[26]研究的 3 种沼虾属物种的碱基组成相似。

基于碱基替换+颠换率的长臂虾科 P-遗传距离分析结果见表 2。长臂虾亚科内的平均遗传距离为 0.172,排除细额德曼隐虾和外岩虾属物种 *Exoclimenella maldivensis* 在外的隐虾亚科内的平均遗传距离为 0.165;隐虾亚科与长臂虾亚科的平均遗传距离为 0.247。细额德曼隐虾与长臂虾亚科间的平均遗传距离为 0.211,与隐虾亚科的平均遗传距离为 0.245。*E. maldivensis* 与长臂虾亚科的平均遗传距离为 0.295;与隐虾亚科的平均遗传距离为 0.249。长臂虾亚科、隐虾亚科以及细额德曼隐虾和外岩虾属物种 *E. maldivensis* 与外群细足鼓虾的平均遗传距离分别为 0.266、0.283、0.288、0.329。

2.2 系统发育分析

利用所获得的 30 种长臂虾类 16s rRNA 基因片段序列,以鼓虾科细足鼓虾为外群构建的贝叶斯树(BI 树)见图 1(图 1 中同时标识了邻接树的自展值)。两种方法所构建系统树的拓扑结构基本一致,长臂虾科两亚科的种属聚合为一支,与外群分开。除本属于隐虾亚科的物种细额德曼隐虾聚合到长臂虾亚科分支内外,隐虾亚科与长臂虾亚科的其他种属各自聚合为一支,且具有很高的后验概率(PP=1.0, 0.99)和自展值(BP=96, 67)。按现有分类系统^[1-4],本属于隐虾亚科的物种细额德曼隐虾与长臂虾亚科的种属聚合为一支,并且具有较高的后验概率(PP=0.99)和自展值(BP=67)。根据系统树的拓扑结构,推断长臂虾科为单系发生,但其目前所属的两个亚科均不被

表 1 长臂虾科 14 属 30 种以及鼓虾科 1 属 1 种虾类线粒体 16s rRNA 基因片段序列信息

Tab.1 Details of specimens and GenBank accession numbers used in this study

科	亚科	属	种	登录号	
长臂虾科 (Palaemonidae)	长臂虾亚科 (Palaemoninae)	短腕虾属(<i>Brachycarpus</i>)	双爪短腕虾(<i>Brachycarpus biunguiculatus</i>)	KC515034	
			<i>B. crosnieri</i>	GZ166696	
		瘦虾属(<i>Leander</i>)	<i>Leander</i> sp.	KC515038	
			细角瘦虾(<i>L. tenuicornis</i>)	GQ227821	
		拟瘦虾属(<i>Leandrites</i>)	宽额拟瘦虾(<i>Leandrites deschampsi</i>)	KC515039	
			<i>Leptopalaemon</i>	<i>Leptopalaemon glabra</i>	EF588318
		沼虾属(<i>Macrobrachium</i>)	<i>L. gagadju</i>	EF588304	
			日本沼虾(<i>Macrobrachium nipponense</i>)	KC515040	
		长臂虾属(<i>Palaemon</i>)	细螯沼虾(<i>M. superbum</i>)	KC515041	
			罗氏沼虾(<i>M. rosenbergii</i>)	GQ131903	
		隐虾亚科 (Pontoniinae)	尾瘦虾属(<i>Urocaridella</i>)	锯齿长臂虾(<i>Palaemon serrifer</i>)	KC515048
				洁白长臂虾(<i>P. concinnus</i>)	KC515043
			凯氏岩虾(<i>Cuapetes</i>)	太平长臂虾(<i>P. pacificus</i>)	KC515046
				美丽尾瘦虾(<i>Urocaridella antonbruunii</i>)	JN674359
	外岩虾属(<i>Exoclimenella</i>)		<i>U. pulchella</i>	KC515050	
			无暇凯氏岩虾(<i>Cuapetes amymone</i>)	JX025216	
			<i>C. anacanthus</i>	JX025215	
			安达曼凯氏岩虾(<i>C. andamanensis</i>)	JX025214	
			秀丽凯氏岩虾(<i>C. elegans</i>)	JX025213	
			刀额凯氏岩虾(<i>C. ensifrons</i>)	JX025212	
			大凯氏岩虾(<i>C. grandis</i>)	JX025211	
			细足凯氏岩虾(<i>C. tenuipes</i>)	JX025209	
		土黄钩岩虾(<i>Harpilius lutescens</i>)	JX025205		
		德曼隐虾属(<i>Manipontonia</i>)	<i>Exoclimenella maldivensis</i>	JX025208	
	近岩虾属(<i>Periclimenella</i>)	刺近岩虾(<i>Periclimenella spinifera</i>)	JX025194		
	岩虾属(<i>Periclimenes</i>)	细额德曼隐虾(<i>Manipontonia psamathe</i>)	JX025199		
	近钩岩虾属(<i>Philarius</i>)	细指岩虾(<i>Periclimenes digitalis</i>)	JX025188		
		葛莱克近钩岩虾(<i>Philarius gerlachei</i>)	JX025177		
		帝近钩岩虾(<i>P. imperialis</i>)	JX025176		
	鼓虾科 (Alpheidae)	钩虾属(<i>Alpheus</i>)	<i>P. miwor</i>	JX025175	
细足鼓虾(<i>Alpheus gracilipes</i>)			DQ642885		

表 2 基于线粒体 16s rRNA 基因序列片段的长臂虾科的 P-遗传距离矩阵

Tab.2 The P-distance matrix indicated by the mitochondrial 16 s rRNA sequence from Palaemonidae

分类群	1	2	3	4	5
1	0.172				
2	0.211	-			
3	0.295	0.272	-		
4	0.247	0.245	0.249	0.165	
5	0.266	0.288	0.329	0.283	-

注: 1. 长臂虾亚科; 2. 德曼隐虾属; 3. 外岩虾属; 4. 隐虾亚科; 5. 鼓虾科

支持为单系发生。系统发育树表明, 隐虾亚科中近钩岩虾属为单系发生, 而凯氏岩虾属则为多系发生; 在长臂虾亚科中, *Leptopalaemon* 属、短腕虾属、瘦虾属和尾瘦虾属 4 个属为单系发生, 而沼虾属和长臂虾属(*Palaemon*)为多系发生。

3 讨论

长臂虾科两亚科中的种属一般可以通过形态特征, 较容易的区分开来。例如长臂虾亚科一般个体较大, 主要分布于淡水及浅海沿岸, 体型较瘦, 自由生

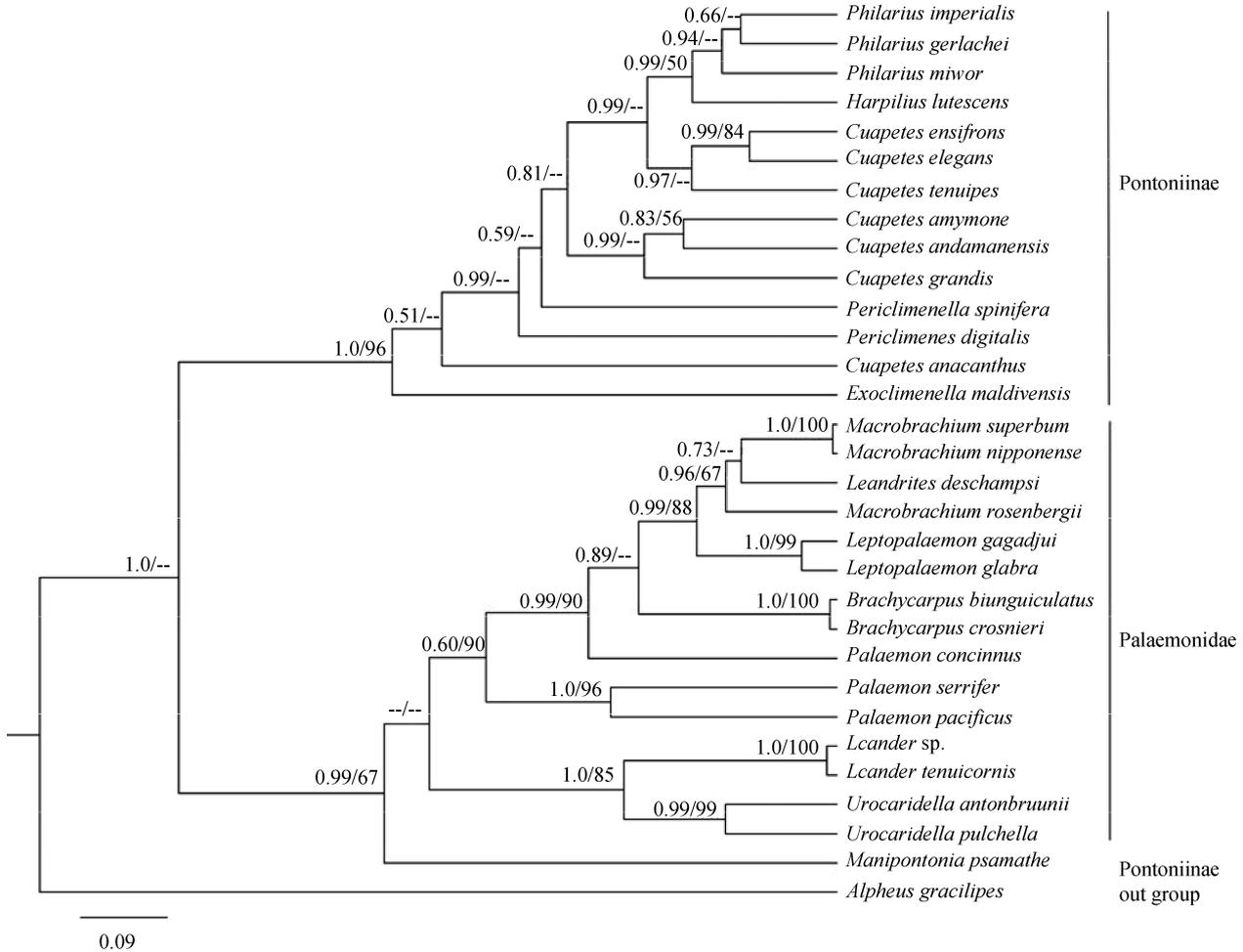


图 1 基于 16s rRNA 基因片段的长臂虾科的贝叶斯树

Fig.1 Phylogenetic tree reconstructed by Bayesian Inference analysis of DNA sequences based on mitochondrial 16s rRNA gene
枝上数值依次为 BI 树后验概率、邻接树自展值，“--”表示数值小于 0.5 或 50，或者 NJ 树与 BI 树不同的拓扑结构
Bayesian posterior probabilities (former) and bootstrap values (based on 1000 pseudoreplicates) from Neighbor-joining (later) are indicated on each branch. Only values higher than 50% are shown

活；而隐虾亚科则主要生活在海洋中，多与其他海洋生物共栖，个体较小，体型一般较粗胖^[5]。根据它们的生活环境、第三颚足及尾节的特征较容易鉴定到亚科。但像上文提及的短腕虾属、德曼隐虾属等属既具有长臂虾亚科的特征，又具有隐虾亚科特征的过渡种属，在形态上不能充分肯定其分类地位，则可以借助分子生物学的手段加以确认。

根据分析结果除隐虾亚科德曼隐虾属和外岩虾属分别与长臂虾亚科、隐虾亚科的遗传距离均明显高于两亚科内部平均遗传距离外，其他种属与所属亚科的平均遗传距离差别较不明显。虽然外岩虾属与隐虾亚科之间的平均遗传距离(0.249)明显大于隐虾亚科内部的平均遗传距离(0.165)，但其与长臂虾亚科、外群细足鼓虾的平均遗传距离(0.295, 0.329)

更大，这表明其与隐虾亚科中的种属具有更近的亲缘关系。这在通过 BI 和 NJ 方法所构建的系统发育树中也得到证明，外岩虾属物种 *E.maldivensis* 位于隐虾亚科分支的基部，并且具有很高的支持率(PP=1.0, BP=96)。尽管在形态学上其额角，第三颚足的关节鳃与长臂虾亚科的种属相似，但基于分子遗传距离和系统发育树的结果都肯定了外岩虾属属于隐虾亚科分类地位；同时也可推测其是隐虾亚科当中最早分化的，相对更接近隐虾亚科祖先的类群。在系统发育树中，隐虾亚科的德曼隐虾属与长臂虾亚科的种属聚合为一支，并且具有较高的支持率(PP=0.99, BP=67)。这在基于 16 s rRNA 基因的遗传距离也得到佐证，德曼隐虾属与长臂虾亚科的遗传距离(0.211)比其到隐虾亚科的遗传距离(0.245)更近，这表明德

曼隐虾属与长臂虾亚科的亲缘关系要比其所在的隐虾亚科更近。在形态上, 德曼隐虾在第三颚足基部没有侧鳃, 这与隐虾亚科中的种属相似; 但德曼隐虾属细长的, 向背侧弯曲的, 近头胸甲部分背侧具齿, 而腹侧无齿的额角, 以及胃上刺腹侧具有多数细小的齿状突起, 并且在雄性第一腹肢具有发达的内附肢^[11], 这些特征与长臂虾亚科的尾瘦虾属非常相似, 而与隐虾亚科中的其他种属具有明显差别。德曼隐虾属是 Bruce 等^[11]基于原细额岩虾(*Periclimenes psamathe*)的上述独特特征建立的新属。同样, 长臂虾亚科的美丽尾瘦虾也是由 Chace 等^[2]将原岩虾属中的物种 *P. pantonbruunii* 通过转属建立的; 这个种在第三颚足基部同样没有侧鳃。很明显这个种在作者的系统发育树中与尾瘦虾属的另一种聚合为一支, 因此, Chace 等对此种的转属安排是得到支持的。分子系统树的结果也同时支持 Holthuis^[17]对尾瘦虾属放在长臂虾亚科的观点, 而不支持 Kemp^[16]认为尾瘦虾属应该放在隐虾亚科中的分类安排。根据长臂虾科第一蚤状幼体形态不容易区分的长臂虾亚科瘦虾属、拟瘦虾属与隐虾亚科钩岩虾属、凯氏岩虾属和近钩岩属^[14]等, 在本文根据分子系统学的方法下, 也分别得到其所属亚科的支持。根据长臂虾科线粒体 16 s rRNA 基因序列分子特征及系统发育树, 除隐虾亚科德曼隐虾属不能归属到其所属的隐虾亚科外, 其他处于两亚科间过渡的、形态特征相似的属均可以得到区分; 且长臂虾亚科和隐虾亚科互为姊妹群, 支持将长臂虾科分为两个亚科的分类系统(德曼隐虾属除外)。

根据系统发育树, 隐虾亚科的凯氏岩虾属表现为多系发生; 钩岩虾属为单系发生。这与 Kou 等^[19]的研究结果一致。在长臂虾亚科中沼虾属和长臂虾属为多系发生; *Leptopalaemon* 属、短腕虾属、瘦虾属和尾瘦虾属为单系发生, 与马朋等^[21]、Kou 等^[27]的研究结果一致。

4 结语

根据长臂虾科线粒体 16s rRNA 基因片段分析其两亚科间的分子遗传距离及构建系统发育树, 结果显示除隐虾亚科德曼隐虾属外, 大多数处于两亚科间、同时具有两者特征的过渡种属, 可以获得有效区分。同时也从系统学角度提供了他们所属亚科及亲缘关系的分子证据。鉴于德曼隐虾属独特的形态特征及分子系统发育的分析结果, 作者建议重新评估

此属的分类地位。然而, 长臂虾科是个种类十分繁多、形态各异、生境、生活方式非常多样的类群, 基于单基因的研究存在局限性, 目前的结果也只是初步的。未来应该综合更多的形态特征、更多的分子标记及分类单元, 从而可以更加明确地分析长臂虾科内部的系统发育关系。

参考文献:

- [1] Chace F A J. On the classification of the Caridea (Decapoda)[J]. *Crustaceana*, 1992, 63: 70-80.
- [2] Chace F A J, Bruce A J. The caridean shrimps (Crustacea: Decapoda) of the Albatross Philippine Expedition, 1907-1910. Part 6: superfamily Palaemonoidea[J]. *Smithsonian Contributions to Zoology*, 1993, 543: 1-252.
- [3] Holthuis L B. The recent genera of the caridean and stenopodidean shrimps (Crustacea, Decapoda) with an appendix in the order Amphionidacea[M]. Leiden: Natuurhistorisch Museum, 1993: 328.
- [4] De G S, Franssen C H J. Carideorum catalogus: the recent species of the Dendrobranchiate, Stenopodidean, Procarididean and Caridean Shrimps (Crustacea: Decapoda)[J]. *Zoologische Mededelingen*, 2011, 85: 195-589.
- [5] 李新正, 刘瑞玉, 梁象秋. 中国长臂虾总科的动物地理学特点[J]. *生物多样性*, 2003, 11(5): 393-406.
- [6] 刘瑞玉. 黄海及东海经济虾类区系的特点[J]. *海洋与湖沼*, 1959, 2(1): 35-42.
- [7] 李新正. 隐虾类与海洋无脊椎动物的共栖关系(I)[J]. *海洋科学*, 1993, 6: 43-48.
- [8] 李新正. 隐虾类与海洋无脊椎动物的共栖关系(II)[J]. *海洋科学*, 1994, 6: 42-48.
- [9] 李新正. 隐虾类对其生态环境的适应性形态变异[J]. *海洋科学*, 1996, 4: 48-51.
- [10] 李新正, 刘瑞玉, 梁象秋, 等. 中国动物志[M]. 北京: 科学出版社, 2007: 381.
- [11] Bruce A J, Okuno J, Li X. *Manipontonia* gen. nov., a new pontoniine shrimp genus for *Periclimenes psamathe* (De Man) (Crustacea: Decapoda: Palaemonidae)[J]. *Zootaxa*, 2005, 926: 1-11.
- [12] Āuriš Z, Bruce A J. A revision of the '*petitthouarsii*' species group of the genus *Periclimenes* Costa, 1844 (Crustacea: Decapoda: Palaemonidae)[J]. *Journal of Natural History*, 1995, 29: 619-671.

- [13] Li X Z, Bruce A J, Manning R B. Some palaemonid shrimps (Crustacea: Decapoda) from Northern South China Sea, with descriptions of two new species[J]. The Raffles Bulletin of Zoology, 2004, 52(2): 513-533.
- [14] Mitsuhashi M, Sin Y W, Lei H C, et al. Systematic status of the caridean families Gnathophyllidae Dana and Hymenoceridae Ortmann (Crustacea:Decapoda): a preliminary examination based on nuclear rDNA sequences[J]. Invertebrate Systematic, 2007, 21: 613- 622.
- [15] Borradaile L A. On the Pontoniinae[J]. Transactions of the Linnean Society of London, Series 2, 1917, 17(3): 323-396.
- [16] Kemp S. Notes on Crustacea Decapoda in the Indian Museum, XV: Pontoniinae[J]. Records of the Indian Museum, 1922, 24(2): 113-288.
- [17] Holthuis L B. The Decapoda of the Siboga Expedition, Part X. The Palaemonidae collected by the Siboga and Snellius Expeditions, with remarks on other species, Part I: Subfamily Palaemoninae[J]. Siboga Expeditie, 1950, 39(9): 1-268.
- [18] 李新正, 刘瑞玉. 隐虾亚科(十足目: 长臂虾科)系统发育初探[J]. 海洋与湖沼, 1997, 28(4): 383-393.
- [19] Kou Q, Li X Z, Chan T Y, et al. Phylogenetic relationships among genera of the *Periclimenes* complex (Crustacea: Decapoda: Pontoniinae) based on mitochondrial and nuclear DNA[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2013, 68: 14-22.
- [20] Murphy N P, Austin C M. Phylogenetic relationships of the globally distributed freshwater prawn genus *Macrobrachium* (Crustacea: Decapoda: Palaemonidae): biogeography, taxonomy and the convergent evolution of abbreviated larval development[J]. Zoological Scripta, 2005, 34: 187-197.
- [21] 马朋, 刘萍, 李健, 等. 脊尾白虾 3 个野生群 mtDNA 16S rRNA 序列差异及长臂虾科系统进化关系[J]. 海洋与湖沼, 2012, 43(1): 174-179.
- [22] Larkin M A, Blackshields G, Brown N P, et al. Clustal W and clustal X version 2.0[J]. Bioinformatics, 2007, 23: 2947-2948.
- [23] Tamura K, Peterson D, Stecher G, et al. MEGA 5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28: 2731-2739.
- [24] Posada D, Crandall K A. Modeltest: testing the model of DNA substitution[J]. Bioinformatics, 1998, 14: 817-818.
- [25] Drummond A J, Suchard M A, Xie D, et al. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7[J]. Molecular Biology and Evolution, 2012, 29(8): 1969-1973.
- [26] 程起群, 樊强国, 夏连军, 等. 3 种沼虾的 16S rRNA 基因序列分析[J]. 浙江海洋学院学报, 2007, 26(1): 1-6.
- [27] Kou Q, Li X Z, Chan T Y, et al. Molecular phylogeny of the superfamily Palaemonoidea (Crustacea: Decapoda: Caridea) based on mitochondrial and nuclear DNA reveals discrepancies with the current classification[J]. Invertebrate Systematics, 2013, 27: 502-514.

A preliminary phylogenetic analysis of the family Palaemonidae (Caridea: Palaemonoidea) based on mitochondrial 16s rRNA gene

GAN Zhi-bin^{1, 2}, LI Xin-zheng¹

(1. Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Received: Oct., 19, 2013

Key words: palaemonidae; molecular phylogenetic; 16s rRNA gene

Abstract: The molecular phylogenetic relationship between the two subfamilies of Palaemonidae Rafinesque (Palaemoninae Rafinesque and Pontoniinae Kingsley) were reconstructed based on partial sequences of the mitochondrial 16s rRNA gene retrieved from GenBank. The aligned sequences dataset contained 14 genera, 30 sequences of the mitochondrial 16s rRNA gene of palaemonid shrimps, and one species from Alpheidae Rafinesque, *Alpheus gracilipes* Stimpson, as negative control. Sequence analysis showed that there were 263 variable sites and 213 parsimony informative sites among the total 466 base sites in the aligned dataset. The average content of A+T was 66.3%, significantly higher than G+C, indicating that the base compositions were biased in favor of A+T. The DNA genetic distance analysis showed that the genus *Manipontonia* Bruce had a smaller genetic distance to the subfamily Palaemoninae (0.211) than to its coordinial genera in subfamily Pontoniinae (0.245). It was consistent with the molecular phylogenetic tree constructed by Bayesian inference and Neighbor-joining methods. In the phylogenetic tree, the genus *Manipontonia* clustered in the assemblage of Palaemoninae rather than in the cluster of Pontoniinae. Furthermore, this genus is more similar to the Palaemoninae genus *Urocaridella* Borradaile in morphology. The morphology and molecular evidences suggested the systematic status of the genus *Manipontonia* needs to be re-evaluated. Genus *Manipontonia* and the two clustered subfamilies are sister groups, supporting the two subfamilies scheme of Palaemonidae.

(本文编辑: 谭雪静)