

# 中国大陆近海菖鲉属鱼类新记录种 ——三色菖鲉(*Sebastiscus tertius*) 的形态特征与 DNA 条形码研究\*

贾程豪<sup>1</sup> 高天翔<sup>2</sup> 徐胜勇<sup>2</sup> 宋娜<sup>1</sup>

(1. 中国海洋大学海水养殖教育部重点实验室 青岛 266003; 2. 浙江海洋大学水产学院 舟山 316022)

**摘要** 2018 年 4 月在浙江省舟山近海海域的渔业资源调查中采集到 19 尾菖鲉属鱼类标本, 经鉴定发现为三色菖鲉(*Sebastiscus tertius*), 为中国大陆近海海域的新记录种。本研究对采集到的 19 尾三色菖鲉标本拍摄照片并对其进行形态特征以及 DNA 条形码研究。三色菖鲉具有以下主要形态特征: 背鳍数 -12, 胸鳍数 18—19, 腹鳍数 -5, 臀鳍数 -5; 第一鳃弓总鳃耙数 6—7+13—17; 前鳃盖骨有 5 枚硬棘, 鳃盖骨后沿有 2 枚硬棘; 眶前骨下后角有 1 枚硬棘; 胸鳍处有一明显黑斑。测定了 19 尾标本的 12S rRNA 和 COI 序列, 结合 GenBank 中所有学名为 *Sebastiscus tertius* 的同源序列进行分析, 发现 12S rRNA 序列完全一致, 可作为该物种的微型 DNA 条形码, 而 COI 序列中所有个体明显分为两个分支, 两者遗传距离达到 0.044, 表明两分支可能为不同的有效种。COI 同源序列分析结果显示, GenBank 中学名为 *Sebastiscus tertius* 的鱼种与褐菖鲉(*Sebastiscus marmoratus*)聚为一支, 表明 GenBank 中的 *Sebastiscus tertius* 存在错误鉴定的情况。

**关键词** 三色菖鲉; 新记录种; 形态特征; DNA 条形码; 微型 DNA 条形码

**中图分类号** Q178.53; S932.4 **doi:** 10.11693/hyhz20191200275

菖鲉属 (*Sebastiscus*) 隶属于辐鳍鱼纲 (Actinopterygii)、新鳍鱼亚纲 (Neopterygii)、鲉形目 (Scorpaeniformes)、鲉亚目 (Scorpaenoidei)、鲉科 (Scorpaenidae), 主要分布于西太平洋以及印度尼西亚海域地区 (Gloerfelt *et al.*, 1984)。菖鲉属鱼类曾被划分为平鲉属 (*Sebastes*) 的一部分, 直到 1904 年 Jordan 和 Starks 根据鱼鳔的发达程度以及第二眶下骨的不同对其鉴别, 从而将其作为一个独立的属 (Jordan *et al.*, 1904; Matsubara, 1943a, b)。也曾经有学者想要把菖鲉属作为平鲉属的亚属进行分类的报道 (Barsukov *et al.*, 1978), 但目前多数文献都将菖鲉属作为一个独立的有效属 (Amaoka, 1984; Shimizu, 1984a, b; Washington *et al.*, 1984)。

目前菖鲉属被认为存在四个物种, 分别是: 白斑菖鲉 (*Sebastiscus albofasciatus*)、褐菖鲉 (*Sebastiscus marmoratus*)、三色菖鲉 (*Sebastiscus tertius*) (Lacepède, 1802; Cuvier *et al.*, 1829; Barsukov *et al.*, 1978) 以及日本学者 2018 年报道的一个菖鲉属新种 (*Sebastiscus vibrantus*) (Morishita *et al.*, 2018)。其中, 褐菖鲉广泛分布于西北太平洋, 其他种类都主要分布于东亚和印度尼西亚的温暖水域 (成庆泰等, 1962; 朱元鼎等, 1963; 成庆泰, 1997; Nakabo *et al.*, 2013; Morishita *et al.*, 2018)。

三色菖鲉 (*Sebastiscus tertius*), 俗称三色石狗公, 是菖鲉属中体型较大的种类, 最大可长到 30cm 以上 (陈大刚等, 2015; Morishita *et al.*, 2018)。该物种主要

\* 国家重点研发计划, 2019YFD0901301 号; 国家自然科学基金项目, 41776171 号。贾程豪, 硕士研究生, E-mail: 419160894@qq.com

通信作者: 宋娜, 硕士生导师, 副教授, E-mail: songna624@163.com

收稿日期: 2019-12-24, 收修改稿日期: 2020-03-03

分布于朝鲜半岛、日本、中国台湾以及印度尼西亚东部海域(Nakabo *et al*, 2013)。目前, 关于三色菖鲈的研究报道较少, 仅见国外关于该物种形态学以及对其温度光照胁迫影响的研究(Tokimura *et al*, 2001; Baek *et al*, 2004; Lim *et al*, 2014)。在我国, 到目前为止所记录到的三色菖鲈均来自台湾地区(邵广昭等, 1993), 香港地区虽有存在该物种的报道, 但并未有照片和标本为佐证(Yvonne *et al*, 2000), 而中国大陆其他地区则没有记录(成庆泰等, 1962; 朱元鼎等, 1963; 金鑫波, 1985; 成庆泰, 1997; 李金平等, 1999; 徐学军, 2001; 邓思明等, 2006; 刘敏等, 2013)。

DNA 条形码(DNA barcoding)由 Hebert 等(2003a)提出, 是一种对一段或多段目标基因进行分析以识别物种的分子鉴定技术。微型 DNA 条形码是指长度明显小于 600bp 的一段序列(程鹏等, 2012), 由于部分样品在保存过程中其 DNA 发生了降解, 很难得到完整的 DNA 条形码, 相比而言, 200bp 左右的序列更易扩增, 进而进行物种鉴定, Cywinska 等(2006)通过应用该技术对蛾类物种进行研究, 结果表明通过选取特定的 200bp 左右长度的序列可以有效对物种进行鉴定。当前 DNA 条形码和微型 DNA 条形码已被广泛运用于新物种和新记录种的发现以及对物种的鉴定等研究当中(彭居俐等, 2009; 程鹏等, 2012; Cywinska *et al*, 2006; Gao *et al*, 2011; Qin *et al*, 2013; Fang *et al*, 2015)。本研究记录了从浙江舟山海域采集的三色菖鲈, 在对其形态特征进行描述的同时还测定了该物种的 COI 基因片段序列以及 12S rRNA 基因片段短序列, 并与 GenBank 中的相关同源序列进行了比较分析, 为中国菖鲈属鱼类的分类提供理论依据, 同时为中国大陆近海菖鲈属鱼类研究提供基础资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

三色菖鲈标本于 2018 年 4 月 20 日采自浙江省舟山市近海(坐标: 30.0607°N, 122.3546°E), 共 19 尾, 体长 167.1—254.3mm。标本保存于中国海洋大学渔业生态学实验室(OUC-FEL), 标本编号: OUC\_FEL 20180401—20180419。

### 1.2 实验方法

**1.2.1 形态学研究** 本研究采用传统形态学测量方法, 用直尺直接测量样品的全长、体长, 精度精确至 0.1mm; 用游标卡尺测量样品的测量性状, 精度

精确至 0.01mm, 在本研究中, 具体测量性状包括: 体宽、体高、头长、吻长、尾柄长、尾柄高、上颌长、眼径、眼间距、眼后头长、胸鳍长、腹鳍长、背鳍基长、臀鳍基长; 用电子天平测量样品体质量, 精确至 0.01g。对样品的计数性状进行直接计数, 计数性状包括: 背鳍数、胸鳍数、腹鳍数、臀鳍数、尾鳍数、鳃耙数、鳃弓数、脊椎骨数。

三色菖鲈的可量性状及其测度依据见图 1。其中, 上颌长(UJL)和眼间距(ID)以实际测度数据为依据, 未在图中标注。

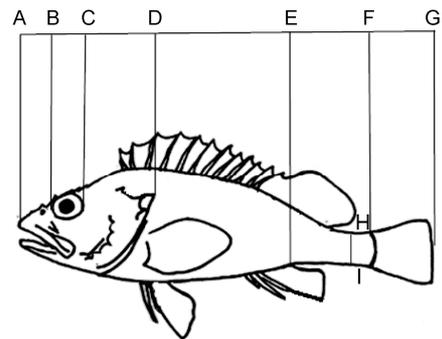


图 1 三色菖鲈可量性状特征

Fig.1 The schematic diagram of morphologic measurement of *S. tertius*

注: AH. 全长(Total length, TL), AG. 体长(Soma length, SL), AK. 体高(Body height, BH), AD. 头长(Head length, HL), CD. 眼后头长(Post orbital length, POL), BC. 眼径(Eye diameter, ED), EF. 尾柄长(Caudal peduncle length PL), IJ. 尾柄高(Caudal peduncle depth, PD)。该图仿自 Tokimura 等(2001)所发表论文中的图片

**1.2.2 遗传学研究** 取 19 尾所得样品尾部的适量肌肉组织, 采用酚-氯仿方法提取肌肉中的 DNA, 并在将所提取 DNA 溶解后置于 4°C 冰箱保存备用。

用于扩增样品线粒体 DNA 12S rRNA 片段的引物为 MiFish-U-F 和 MiFish-U-R (Miya *et al*, 2015), 引物序列为: MiFish-U-F: 5'-TTTGTCGGTAAACT CGTGCCAGC-3', MiFish-U-R: 5'-CAAACCTGGGAT TAGATACCCCACTAT AA-3'。用于扩增样品线粒体 DNA COI 片段的引物为 FishF1 和 FishR1 (Ward *et al*, 2005), 引物序列为: FishF1: 5'-TCAACCAACCAC AAA GACATTGGCAC-3', FishR1: 5'-TAGACTTC TGGGTGGCCAAAGAATCA-3'。

PCR 反应体系为 25μL, 包括 0.25μL 的 0.15μL 的 EasyTaq 酶(北京全式金生物技术有限公司), 各反应体系组分参照俞正森等(2017)研究中所用 PCR 反应体系。PCR 扩增所需反应条件参照 Fang 等(2015)研究中所用反应条件。所用 PCR 仪为 TaKaRa PCR

Thermal Cycler MP (TP3000)。以上反应均设阴性对照以排除产生引物二聚体以及 DNA 污染的情况。在进行 1%琼脂糖凝胶电泳检测( $U=5V/cm$ )进行确认之后,将所得 PCR 产物送至青岛擎科生物技术有限公司进行双向测序。

将测得的 12S rRNA 以及 COI 基因片段序列用 DNASTar(USA)软件包中的 SeqMan 软件进行人工校正和序列比对。从 GenBank 中下载所有拉丁学名为 *Sebastiscus tertius* 的同源序列以及部分拉丁学名为 *Sebastiscus marmoratus* 的同源序列(表 1, 表 2)进行分析,使用 MEGA5.0 软件以平鲷科鱼类的同源序列(表 1, 表 2)作为外群构建系统发育树,并计算组群间和组群内的遗传距离。

表 1 本研究所用 12S rRNA 序列信息(\*表示信息缺失)

Tab.1 Information of the 12S rRNA sequences cited in this study (\*: data missing)

物种名(拉丁学名)	样品编号	GenBank 序列号
	KAQ-P00012	AB969894
褐菖鲉 ( <i>Sebastiscus marmoratus</i> )	CBM:ZF:12876	LC091886
	CBM:ZF:18002	LC340094
	CBM:ZF:19612	LC474173
	CBM:ZF:19758	LC492345
三色菖鲉 ( <i>Sebastiscus tertius</i> )	*	LC026726
	KAQ-P00044	AB969892
许氏平鲷( <i>Sebastes schlegelii</i> )	CBM:ZF:12955	AB969888
许氏平鲷( <i>Sebastes schlegelii</i> )	CBM:ZF:14514	LC049851
汤氏平鲷( <i>Sebastes thompsoni</i> )	KAQ-P00035	AB969889

表 2 本研究所用 COI 序列信息

Tab.2 Information of the COI sequences cited in this study

物种名(拉丁学名)	样品编号	GenBank 序列号
	BH1122635	JN242672
褐菖鲉 ( <i>Sebastiscus marmoratus</i> )	XS116945	JN242675
	ZH1151832	JN242674
	BW-A9870	HQ564540
	Z711280	EU595290
三色菖鲉 ( <i>Sebastiscus tertius</i> )	PKU_2140	KM366112
	ASIZP0805693	KU943360
朝鲜平鲷( <i>Sebastes koreanus</i> )	PKUI_21	KM366122
朝鲜平鲷( <i>Sebastes koreanus</i> )	PKU_2467	KM366115
许氏平鲷( <i>Sebastes schlegelii</i> )	NSMK:PI-000085	HM180869

## 2 结果

### 2.1 三色菖鲉 *Sebastiscus tertius* (Barsukov and Chen, 1978)形态特征(图 2)

基本体型和体色见图 2。所用 19 尾标本鱼体呈长椭圆形(侧面观),体色呈红色到淡粉色。所得标本均身披栉鳞。头大,头部棘棱显著,眼上侧位。眶前骨下后角有 1 枚棘。前鳃盖骨有 5 枚棘,鳃盖骨有 2 枚棘。胸鳍较为宽大,且胸鳍基底中部有一较大暗斑。

三色菖鲉的可数性状见表 3。其中,背鳍数、腹鳍数、臀鳍数、鳃弓数和脊椎骨数均为定值;胸鳍鳍条数范围为 18—19,大部分为 19(71%);尾鳍鳍条数范围为 13—17,大部分为 16(46%);上鳃耙数范围为 6—7,下鳃耙数范围为 13—17,其中上鳃耙数为 7,下鳃耙数为 16 的个体较多(25%)。



图 2 三色菖鲉(OUC\_FEL 180404), 254.3mm SL, 采自舟山近海

Fig.2 *S. tertius* (OUC\_FEL 180404), 254.3mm SL, collected from coastal waters of Zhoushan

表3 舟山近海的三色菖鲉标本的可数性状及菖鲉属鱼类可数性状参考数值(\*表示信息缺失)

Tab.3 Countable characters of *S. tertius* specimens from Zhoushan coastal waters and the reference value for *Sebastiscus* fish (\*: data missing)

可数性状	舟山样品	三色菖鲉 <sup>1</sup>	褐菖鲉 <sup>2</sup>
背鳍数	-12	-12	-12
胸鳍数	18—19	18-20	17-19
腹鳍数	-5	-5	-5
臀鳍数	-5	-5	-5
尾鳍数	13—17	*	13-16
鳃耙数	6—7+13—17	6—9+16—18	5—6+10—13
鳃弓数	4	4	4
脊椎骨数	25	25	25

注: 1. 参考数值来自 Morishita 等(2018); 2. 参考数值来自徐胜勇等(2013)

可量性状比见表 4。其中, 全长为体长的 1.2—1.3 倍, 体长为体高的 2.7—3.4 倍, 为头长的 2.4—2.8 倍, 为眼后头长的 4.0—5.5 倍。头长为眼径的 3.7—5.5 倍, 为眼间距的 4.8—8.5 倍, 为上颌长的 4.5—6.4 倍。体长为尾柄长的 5.4—7.1 倍, 尾柄长为尾柄高的 1.5—2.1 倍。

表4 舟山近海的三色菖鲉标本的可量性状比

Tab.4 Ratios between measurable characters of *S. tertius* from Zhoushan

可量性状比	范围
全长/体长(TL/SL)	1.159—1.256
体长/体高(SL/BH)	2.667—3.381
体长/头长(SL/HL)	2.399—2.796
体长/眼后头长(SL/POL)	3.970—5.458
头长/眼径(HL/ED)	3.746—5.517
体长/尾柄长(SL/PL)	5.401—7.065
尾柄长/尾柄高(PL/PD)	1.490—2.051
头长/眼间距(HL/ID)	4.774—8.540
体长/上颌长(SL/UJL)	4.461—6.350

## 2.2 DNA 条形码分析

**2.2.1 12S rRNA 基因片段分析** 对所得标本中的 19 尾三色菖鲉的 12S rRNA 基因片段进行双向测序后, 共获得 19 条长度为 168bp 的序列, 其 GenBank 号为 MN854386—MN854404。将本研究所得序列与 GenBank 中学名为 *Sebastiscus tertius* 以及 5 条与三色菖鲉同属的学名为 *Sebastiscus marmoratus* 的同源序列(表 1)进行比较, 采用邻接法以汤氏平鲉和许氏平鲉为外群构建系统发育树, 结果表明, 在该系统树上明显分为两个组群(图 3)。其中, GenBank 中序列号为 LC026726 和 AB969892 的

学名为 *Sebastiscus tertius* 的 2 条序列与本研究的 19 尾三色菖鲉的 12S rRNA 序列先聚类, 该组内平均遗传距离为 0.000, 而 GenBank 中的学名为 *Sebastiscus marmoratus* 的 5 条序列聚为一支, 该组内平均遗传距离为 0.002 (0.000—0.006), 两组群间的遗传距离为 0.026。

**2.2.2 COI 基因片段序列分析** 对所得标本中的 19 尾三色菖鲉的 COI 基因片段进行双向测序, 共获得 19 条长度为 652bp 的序列, 其 GenBank 号为 MN863509—MN863527。将本研究所得序列与 GenBank 中学名为 *Sebastiscus tertius* 以及 5 条与三色菖鲉同属的学名为 *Sebastiscus marmoratus* 的同源序列(表 2)进行比较, 采用邻接法以朝鲜平鲉和许氏平鲉为外群构建系统发育树, 结果表明, 在该系统树上明显分为两个组群(图 4)。其中, GenBank 中序列号为 KM366112 和 KU943360 的学名为 *Sebastiscus tertius* 的 2 条序列与学名为 *Sebastiscus marmoratus* 的 5 条序列先聚类, 该组内的平均遗传距离为 0.002 (0.000—0.004), 而本研究的 19 尾三色菖鲉聚为一支, 该组内的平均遗传距离为 0.002 (0.000—0.011), 两组群间的遗传距离为 0.044。

## 3 讨论

浙江海域原有记录的菖鲉属鱼类仅 1 种, 即褐菖鲉(吴常文, 1999; 赵盛龙等, 2006; 俞存根等, 2010)。中国大陆近海海域原有记录的菖鲉属有 2 种, 分别是褐菖鲉和白斑菖鲉(金鑫波, 1987)。本次研究所发现的三色菖鲉为浙江省海域记录的第 2 种菖鲉属鱼类, 也是我国除台湾海域外所记录到的第 3 种菖鲉属鱼类。本研究通过对舟山海域获得的三色菖鲉标本分别进行传统形态学以及分子生物学上的鉴定, 为中国近海海域菖鲉属鱼类的鉴定提供依据。

三色菖鲉的原记录分布范围为朝鲜半岛、日本、台湾以及印度尼西亚东部的海域(Nakabo *et al.*, 2013), 于我国原本只记录于台湾海域(邵广昭等, 1993), 在我国大陆近海尚未有所记载。本研究所得样品增补了该物种的分布记录, 从我国近海范围来看, 本研究将其分布范围从我国台湾海域扩大到东海北部的舟山海域; 从世界范围来看, 本研究填补了北方朝鲜半岛、日本海域的已有分布记录与南方台湾、印度尼西亚东部海域的已有分布记录之间的空白海域, 完善了三色菖鲉的世界分布范围记录。

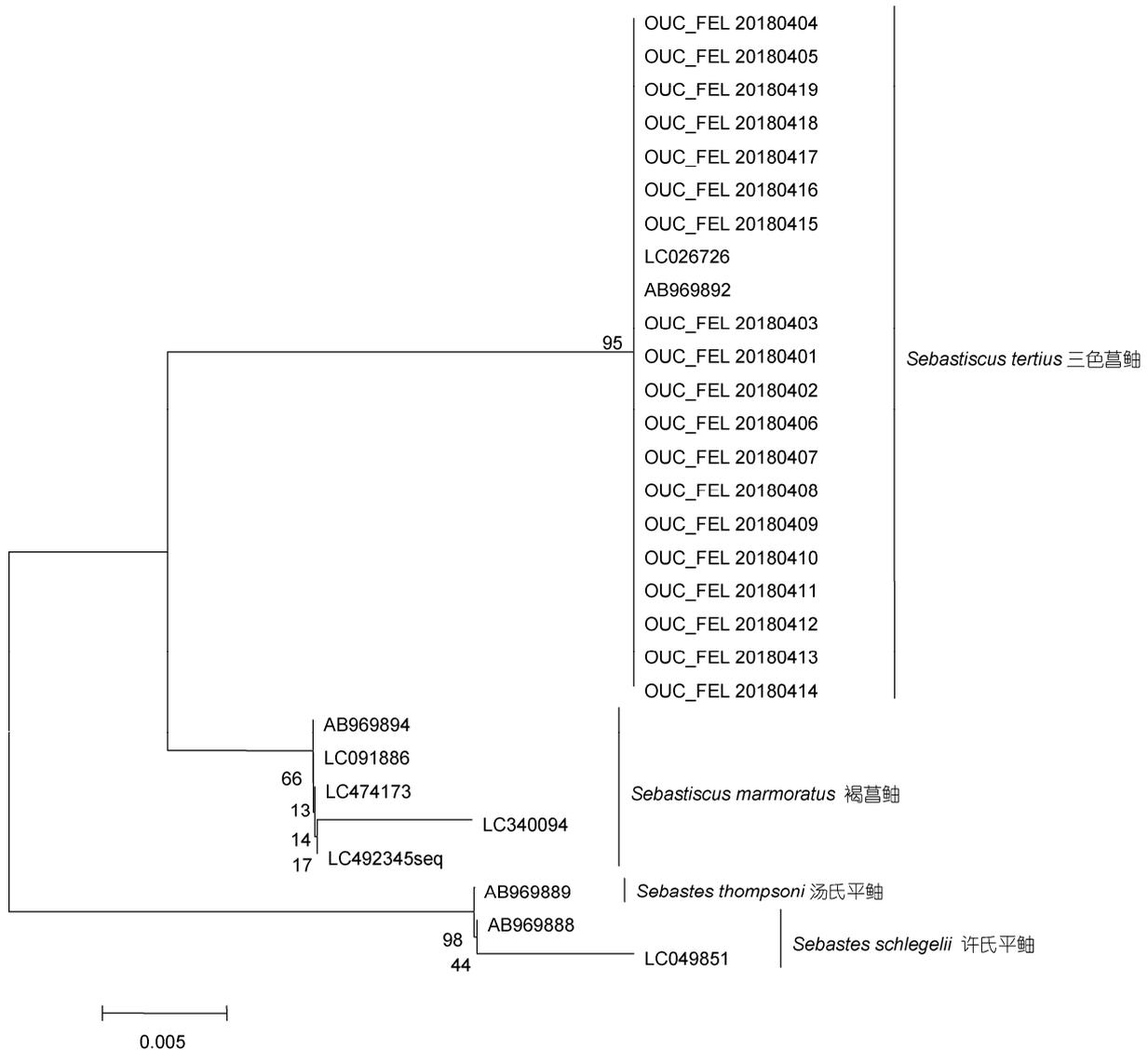


图3 基于12S rRNA序列,以汤氏平鲷和许氏平鲷为外群运用邻接法构建的三色葛鲷系统发育树

Fig.3 Phylogenetic tree of *Sebastiscus tertius* using *Sebastes thompsoni* and *Sebastes schlegelii* as outgroups based on neighbor-joining method and 12S rRNA sequences

在葛鲷属鱼类中,三色葛鲷与褐葛鲷形态非常相似。有学者将三色葛鲷认为是生活在深层海域的褐葛鲷(Matsubara, 1943a)。在褐葛鲷与三色葛鲷的比较研究中,没有单独的形态特征可以较为明显的区分两个物种,只能通过多种性状的结合如胸鳍鳍条数的数量、鳃耙的数量和鱼体的颜色来进行识别(Barsukov *et al.*, 1978)。在Barsukov等(1978)的研究中,褐葛鲷和三色葛鲷之间最大的不同体现为胸鳍鳍条的数量:大多数(80.7%)的褐葛鲷有18个,变动范围在17—19之间;大多数(83%)的三色葛鲷有19个,变动范围在18—20之间。在本研究中,所得标本的胸鳍鳍条数的数量为18—19之间,且大部分

(71%)为19。Barsukov等(1978)还发现,就体色而言,三色葛鲷的体色是棕红色到粉色之间并带有小斑点,比褐葛鲷的体色更加鲜艳。本研究所采集到的标本的体色均与该描述相符合。此外,有研究表明,三色葛鲷的体型可以成长到比褐葛鲷大(Tokimura *et al.*, 2001),且三色葛鲷所生活的水层比褐葛鲷更深(Amaoka, 1984; Shimizu, 1984a, b)。

线粒体12S rRNA基因序列具有相对保守的进化速率,可以很好地区分种间和属间的亲缘关系,并已经广泛地应用于鱼类等脊椎动物的分子系统学等研究(唐优良等, 2011)。Miya等(2015)通过对比大量物种线粒体DNA的12S rRNA基因序列,找到了

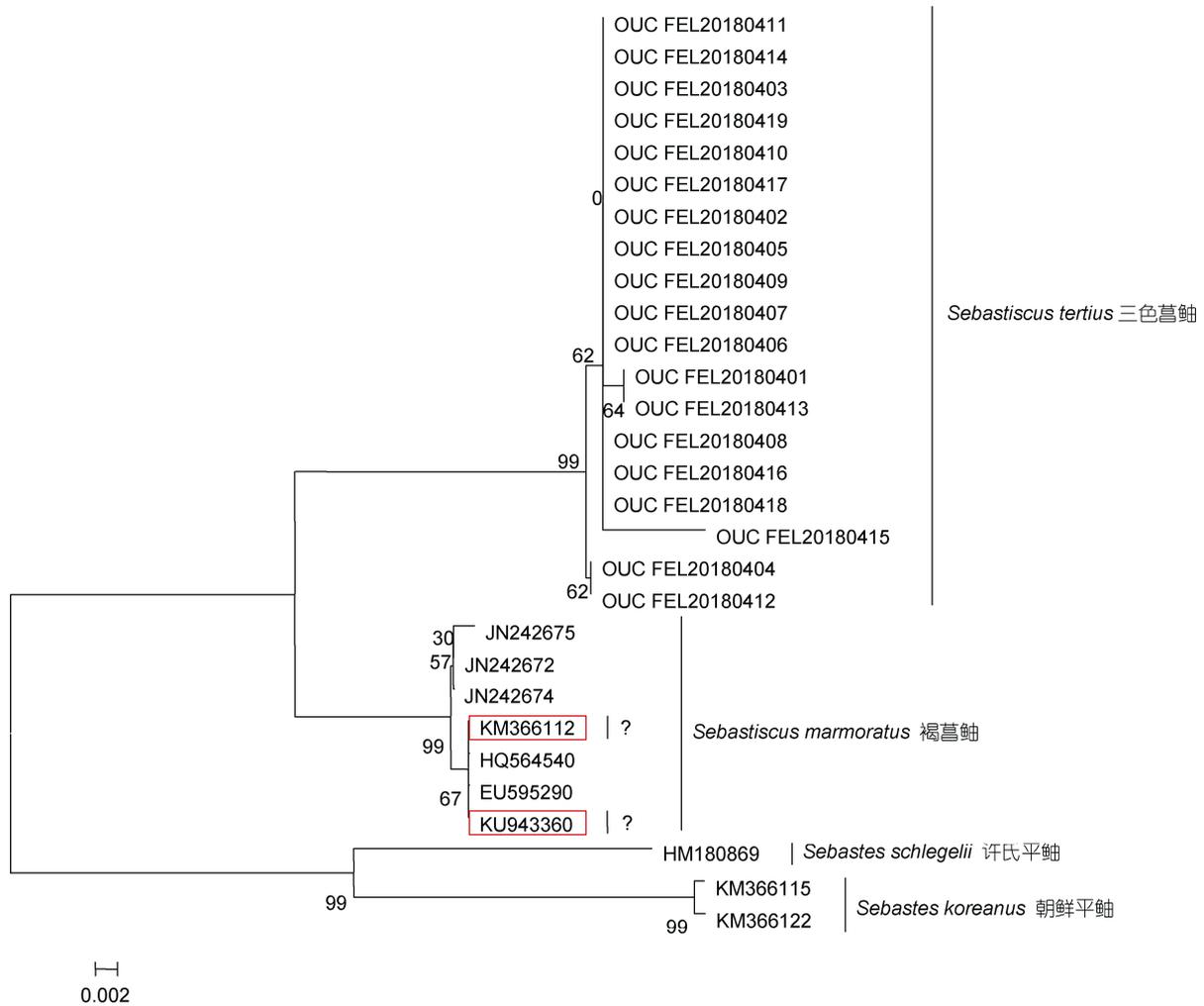


图 4 基于 COI 序列, 以朝鲜平鲉和许氏平鲉为外群运用邻接法构建的三色菖鲉系统发育树

Fig.4 Phylogenetic tree of *Sebastiscus tertius* using *Sebastes koreanus* and *Sebastes schlegelii* as outgroups based on neighbor-joining method and COI sequences

其中的一个高变区片段(163—185bp), 并设计了相关引物, 以此对鱼类的科、属、种进行了鉴定。Wang 等(2020)也通过使用该序列片段, 从所得 1357 个个体中准确鉴别出 37 个物种。本研究所得三色菖鲉 12S rRNA 序列与 GenBank 中已有的褐菖鲉序列明显分为两个组群, 其同属内的种间遗传距离为 0.026, 高于种内遗传变异的物种划界阈值( 0.02) (Hebert *et al*, 2004), 且与 GenBank 中已有的三色菖鲉序列(序列号为 LC026726 和 AB969892)完全一致, 可作為三色菖鲉的微型 DNA 条形码。

Hebert 等(2003b)通过对大量物种的线粒体 COI 基因序列进行分析, 表明 COI 基因序列能够很好地地区分动物物种, 是适合用来对物种进行鉴定的 DNA 条形码标准基因。本研究所得三色菖鲉 COI 序列与 GenBank 中已有的三色菖鲉序列(序列号为 KM366112 和

KU943360)通过构建系统发育树明显分为两个组群, 且网上已有的三色菖鲉序列与 GenBank 已有的褐菖鲉序列聚为一支, 其同属内的种间遗传距离为 0.044, 超过了种内平均遗传变异的物种划界阈值( 0.02) (Hebert *et al*, 2004), 推测这两条序列所对应的样品可能为褐菖鲉而非三色菖鲉。

#### 4 结论

本文报道了浙江舟山海域一新纪录种: 三色菖鲉, 并描述其形态以及研究其 DNA 条形码, 表明在鉴定形态极其相似的物种时对其 DNA 条形码研究的必要性。三色菖鲉学名为 *Sebastiscus tertius* (Barsukov and Chen, 1978), 其广泛分布于西太平洋, 在我国分布于东海、南海以及台湾海域。本研究结果对于中国菖鲉属鱼类的分类具有积极的参考作用, 同时为中

国近海菖鲈属鱼类研究提供基础资料。此外, 如果三色菖鲈为近几年来才进入舟山近海海域的物种, 其出现可能会对舟山当地生态系统产生不利影响, 进一步的生物学和遗传学研究有助于更好地了解该物种的种群历史和该物种的分布范围变化。

### 参 考 文 献

- 邓思明, 汤建华, 2006. 鲈科. 见: 倪勇, 伍汉霖. 江苏鱼类志. 北京: 中国农业出版社, 757
- 成庆泰, 1997. 鲈科. 见: 成庆泰, 周才武. 山东鱼类志. 济南: 山东科学技术出版社, 412
- 成庆泰, 王存信, 田明诚等, 1962. 鲈科. 见: 朱元鼎, 张春霖, 成庆泰. 南海鱼类志. 北京: 科学出版社, 834
- 朱元鼎, 金鑫波, 1963. 鲈科. 见: 朱元鼎, 张春霖, 成庆泰. 东海鱼类志. 北京: 科学出版社, 453
- 刘敏, 陈骁, 杨圣云, 2013. 鲈科. 见: 刘敏, 陈骁, 杨圣云. 中国福建南部海洋鱼类图鉴: 第一卷. 北京: 海洋出版社, 139
- 李金平, 杨廷宝, 梁之华等, 1999. 鲈科. 见: 李金平, 杨廷宝, 梁之华等. 澳门鱼类. 澳门: 海事博物馆, 澳门科学技术协进会, 191
- 吴常文, 1999. 浙江舟山近海褐菖鲈 *Sebastiscus marmoratus* 生物学研究. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 18(3): 185—190, 226
- 陈大刚, 张美昭, 2015. 鲈科. 见: 陈大刚, 张美昭. 中国海洋鱼类. 青岛: 中国海洋大学出版社, 764—765
- 邵广昭, 陈正平, 1993. 鲈科. 见: 沈世傑. 臺灣魚類志. 台北, 中国: 國立臺灣大學動物學系, 244—245
- 金鑫波, 1985. 鲈科. 见: 朱元鼎. 福建鱼类志(下). 福州: 福建科学技术出版社, 450
- 金鑫波, 1987. 鲈科. 见: 成庆泰, 郑葆珊. 中国鱼类系统检索. 北京: 科学出版社, 463—464
- 赵盛龙, 钟俊生, 2006. 鲈科. 见: 赵盛龙, 钟俊生. 舟山海域鱼类原色图鉴. 杭州: 浙江科学技术出版社, 41, 152
- 俞正森, 宋娜, 韩志强等, 2017. 浙江海域天竺鲷科鱼类新纪录种——黑边银口天竺鲷(*Jaydia truncata*)形态特征与DNA条形码研究. 海洋与湖沼, 48(1): 79—85
- 俞存根, 陈全震, 陈小庆等, 2010. 舟山渔场及邻近海域鱼类种类组成和数量分布. 海洋与湖沼, 41(3): 410—417
- 徐学军, 2001. 鲈科. 见: 王所安, 王志敏, 李国良等. 河北动物志鱼类. 石家庄: 河北科学技术出版社, 285—288
- 徐胜勇, 张辉, 柳本卓等, 2013. 中日褐菖鲈群体形态学比较研究. 水生生物学报, 37(5): 960—966
- 唐优良, 章群, 余帆洋等, 2011. 基于12S rRNA部分序列分析的中国8种笛鲷科鱼类系统发育初探. 海洋科学, 35(2): 22—26
- 彭居俐, 王绪祯, 王丁等, 2009. 基于线粒体COI基因序列的DNA条形码在鲤科鲈属鱼类物种鉴定中的应用. 水生生物学报, 33(2): 271—276
- 程鹏, 张爱兵, 王忠锁, 2012. 微型DNA条形码在鱼类识别上的应用. 首都师范大学学报(自然科学版), 33(2): 47—52
- Amaoka K, 1984. *Sebastiscus tertius*. In: Masuda H, Amaoka K, Araga C *et al* eds. The Fishes of the Japanese Archipelago. Tokyo, Japan: Tokai University Press, 313
- Baek J M, Kim C W, Lee J B *et al* 2004. Ultrastructure and histochemistry on the integumentary system of the rockfish, *Sebastiscus tertius* (teleostei: scorpaenidae). Applied Microscopy, 34(2): 83—93
- Barsukov V V, Chen L C, 1978. Review of the subgenus *Sebastiscus* (*Sebastes*, Scorpaenidae) with a description of a new species. Vopr Ichtiol, 18(2): 195—210
- Cuvier G L, Valenciennes M A, 1829. Histoire Naturelle des Poissons. Tome Quatrième. Paris: Chez F.G. Levrault
- Cywinska A, Hunter F F, Hebert P D N, 2006. Identifying Canadian mosquito species through DNA barcodes. Medical and Veterinary Entomology, 20(4): 413—424
- Fang Y L, Kai Y, Yanagimoto T *et al*, 2015. A new record of *Sebastes koreanus* from china based on morphological characters and DNA barcoding. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 33(3): 590—596
- Gao T X, Ji D P, Xiao Y S *et al*, 2011. Description and DNA barcoding of a new *Sillago* species, *Sillago sinica* (Perciformes: Sillaginidae), from coastal waters of China. Zoological Studies, 50(2): 254—263
- Gloerfelt T, Kailola P J, 1984. Trawled Fishes of Southern Indonesia and Northwestern Australia. The German Agency for Technical Cooperation. Singapore: Tien Wah Press, 407
- Hebert P D N, Cywinska A, Ball S L *et al*, 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 270(1512): 313—321
- Hebert P D N, Ratnasingham S, deWaard J R, 2003b. Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 270(S1): S96—S99
- Hebert P D N, Remigio E A, 2004. Testing the utility of partial COI sequences for phylogenetic estimates of gastropod relationships. Molecular Phylogenetics and Evolution, 29(3): 641—647
- Jordan D S, Starks E C, 1904. A review of the scorpaenoid fishes of Japan. Proceedings of the United States National Museum, 27(1351): 91—175
- Katoh M, Tokimura M, 2001. Genetic and morphological identification of *Sebastiscus tertius* in the East China Sea (scorpaeniformes: scorpaenidae). Ichthyological Research, 48(3): 247—255
- Lacepède B G E, 1802. Histoire Naturelle des Poissons. Vol 4. Plassan, Paris
- Lim S G, Baek J M, Kim C W *et al*, 2014. Effect of water temperature and photoperiod on final oocyte maturation in red marbled rockfish, *Sebastiscus tertius*. Development & Reproduction, 18(3): 133—137
- Matsubara K, 1943a. Studies on the Scorpaenoid fishes of Japan. Anatomy, phylogeny and taxonomy (I). Trans Shigenkagaku Kenkyusyo, 1: 1—170
- Matsubara K, 1943b. Studies on the Scorpaenoid fishes of Japan. Anatomy, phylogeny and taxonomy (I). Trans Shigenkagaku

- Kenkyusyo, 2: 171—485
- Miya M, Sato Y, Fukunaga T *et al*, 2015. Mifish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society Open Science*, 2(7): 150088
- Morishita S, Kawai T, Motomura H, 2018. *Sebastiscus vibrantus*, a new species of rockfish (sebastidae) from Indonesia and Taiwan. *Ichthyological Research*, 65(4): 423—432
- Nakabo T, Kai Y, 2013. Sebastidae. In: Nakabo T ed. *Fishes of Japan with Pictorial Keys to the Species*. 3rd ed. Hadano, Japan: Tokai University Press, 1933—1938
- Qin Y, Song N, Zou J W *et al*, 2013. A new record of a flathead fish (Teleostei: Platycephalidae) from China based on morphological characters and DNA barcoding. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 31(3): 617—624
- Shimizu T, 1984a. *Sebastiscus marmoratus* (Cuvier). In: Masuda H, Amaoka K, Araga C *et al* eds. *The Fishes of the Japanese Archipelago*. Tokyo, Japan: Tokai University Press, 313
- Shimizu T, 1984b. *Sebastiscus albofasciatus* (Lacepède). In: Masuda H, Amaoka K, Araga C *et al* eds. *The Fishes of the Japanese Archipelago*. Tokyo, Japan: Tokai University Press, 313
- Wang Y H, Duan J N, Shi H L *et al*, 2020. Species identification of small fish in Xixuan Island coastal waters of Zhoushan using DNA barcoding. *Journal of Applied Ichthyology*, 36(1): 75—84
- Ward R D, Zemlak T S, Innes B H *et al*, 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462): 1847—1857
- Washington B B, Eschmeyer W N, Howe K M, 1984. Scorpaeniformes: relationships. In: Moser H G, Richards W J, Cohen D M *et al* eds. *Ontogeny and Systematics of Fishes*. Lawrence, Kansas: American Society of Ichthyologists and Herpetologists, 438—447
- Yvonne S, Andrew S C, 2000. Scorpionfishes (Scorpionfishes). In: Sadovy Y, Cornish A S eds. *Reef fishes of Hong Kong*. Hong Kong, China: Hong Kong University Press, 66—67

## A NEW RECORD OF *SEBASTISCUS TERTIUS* (SCORPAENOIDEI: SEBASTIDAE) IN CHINESE MAINLAND COASTAL WATERS IN MORPHOLOGICAL CHARACTERS AND DNA BARCODING

JIA Cheng-Hao<sup>1</sup>, GAO Tian-Xiang<sup>2</sup>, XU Sheng-Yong<sup>2</sup>, SONG Na<sup>1</sup>

(1. *The Key Laboratory of Mariculture (Ocean University of China), Ministry of Education, Qingdao 266003, China;*

*2. Fisheries College, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China)*

**Abstract** A rockfish species *Sebastiscus tertius* (Barsukov and Chen, 1978) was recorded from coastal waters of Zhoushan, Zhejiang Province, China, based on 19 specimens with 167.1—254.3mm in standard length. This species was distinct from other rockfishes in the following combination of characters: dorsal-fin rays VII, 12, anal-fin rays III, 5, pectoral-fin rays 18—19; Gill rakers on first gill arch 6—7+13—17; 5 spines in the anterior operculum and 2 spines in the posterior edge of the operculum; 1 spine in the posterior horn of the anterior orbital bone; an obvious black spot on the pectoral fin. This species is the third *Sebastiscus* species recorded from China. The 12S rRNA gene fragments and cytochrome oxidase I subunit (COI) gene fragments were determined and the homologous sequences of *S. tertius* and in GenBank were analyzed. Results showed that the sequences of 12S rRNA were all identical with the homologous sequences of *S. tertius* from NCBI and could be used as the DNA barcode. The result of COI suggested that all individuals could be clearly divided into two branches with a genetic distance of 0.044, indicating that the two branches might be different effective species. In addition, combined with the homologous sequences analysis of *S. marmoratus* in GenBank, we found that the homologous sequences of *S. tertius* clustered into the same branch. We speculated that the sequences labeled as *S. tertius* are actually the sequences of *S. marmoratus*.

**Key words** *Sebastiscus tertius*; new record species; morphological characters; DNA barcoding; DNA mini-barcoding