

内蒙古呼伦贝尔辉河、乌尔逊河 和巴彦乌拉桥河发现乔氏花鳅

赵艺博¹ 佘相超¹ 李宜锴¹ 汤永涛² 王英男³ 王珣璠^{4,5}
魏怀聿⁶ 周传江^{1*}

1 河南师范大学生命科学学院, 河南省太行山森林生态系统观测研究站 新乡 453007; 2 河南师范大学水产学院 新乡 453007;
3 中国科学院动物研究所国家动物标本资源库 北京 100101; 4 中国科学院动物研究所动物多样性保护与有害动物防控全国重点
实验室 北京 100101; 5 中国科学院大学 北京 100049; 6 北京师范大学附属中学 北京 100052

摘要: 本研究针对内蒙古自治区花鳅属 (*Cobitis*) 鱼类多样性及分布现状, 以调查过程中采集到的疑似乔氏花鳅 (*C. choii*) 为对象, 旨在通过形态与分子证据对其进行准确物种鉴定, 并据此结合其分布信息, 探究其是否属于该区新记录种, 进而分析其分布特征与资源状况。2024 年 7 月, 在内蒙古自治区呼伦贝尔市辉河、乌尔逊河和巴彦乌拉桥河 3 条河流分别采集花鳅属标本 3 尾、4 尾和 9 尾, 共 16 尾。结合 15 项形态测量指标与基于线粒体 *COI* 基因的分子系统学分析, 进行物种鉴定。形态指标显示, 所有标本均具乔氏花鳅典型特征, 包括体侧纵带模糊、L5 带 (体侧面第五条纵带) 由 14~19 个斑点组成、雄性胸鳍第二分枝鳍条特化为骨质凸起等。主要形态比例与已报道特征基本一致, 但一部分形态学指标变异范围存在一定扩大, 如头长/标准长、体高/标准长、尾柄长/标准长、尾柄高/标准长、尾柄高/尾柄长, 可能因样本多为未成年个体或地域间的种群形态存在变异。分子系统发育分析结果显示, 所有样本与已知乔氏花鳅序列聚为一支, 组内遗传距离极低 (0.000 0~0.002 5), 支持其为同一物种。综上, 本研究通过形态与分子证据, 首次确认乔氏花鳅在内蒙古自治区的分布, 且其为该地区鱼类分布新记录种。该物种在呼伦贝尔市辉河、乌尔逊河和巴彦乌拉桥河中形成稳定种群, 建议加强其栖息地保护与系统监测, 以促进区域鱼类多样性研究与保护实践。

关键词: 花鳅属; 分布新记录种; 乔氏花鳅; *COI* 基因; 内蒙古自治区

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2026) 04-603-10

Cobitis choii found in Huihe River, Ursun River, and Bayan Wula Bridge River in Hulun Buir, Inner Mongolia, China

ZHAO Yi-Bo¹ SI Xiang-Chao¹ LI Yi-Kai¹ TANG Yong-Tao² WANG Ying-Nan³
WANG Yu-Fan^{4,5} WEI Franklin⁶ ZHOU Chuan-Jiang^{1*}

基金项目 科技基础资源调查专项 (No. 2023FY100303), 中国科学院战略生物资源计划项目 (No. CAS-TAX-24-006), 河南省科技攻关项目 (No. 242102320243, 252102210015);

* 通信作者, E-mail: chuanjiang88@163.com;

第一作者介绍 赵艺博, 男, 本科生; 研究方向: 鱼类保护; E-mail: 13007527278@163.com。

收稿日期: 2026-01-02, 修回日期: 2026-02-09 DOI: 10.13859/j.cjz.202625249 CSTR: 32109.14.cjz.202625249

1 College of Life Sciences, Henan Normal University, The Observation and Research Field Station of Taihang Mountain Forest Ecosystems of Henan Province, Xinxiang 453007; 2 College of Fisheries, Henan Normal University, Xinxiang 453007; 3 National Animal Collection Resource Center, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101; 4 State Key Laboratory of Animal Biodiversity Conservation and Integrated Pest Management, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101; 5 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049; 6 High School Affiliated to Beijing Normal University, Beijing 100052, China

Abstract: This study aimed to investigate the diversity and distribution of loaches of the genus *Cobitis* in the Inner Mongolia Autonomous Region, China. Focusing on specimens tentatively identified as *Cobitis choui* collected during field surveys, we sought to confirm their taxonomic status through integrated morphological and molecular evidence, determine whether they represent a new regional record, and analyze their distribution characteristics and resource status in the region. In July 2024, 16 *Cobitis* specimens were collected from three rivers—Huihe River (3 specimens), Ursun River (4 specimens), and Bayan Wula Bridge River (9 specimens)—in Hulun Buir City, Inner Mongolia, China. The species were identified through a combination of morphological examination (15 morphometric characteristics) and molecular phylogenetic analysis based on the mitochondrial *COI* gene. Morphological measurements followed standards from *The Loaches of China*. Molecular methods included genomic DNA extraction, PCR amplification and sequencing of the *COI* gene, sequence alignment by BLAST, and construction of a maximum likelihood phylogenetic tree based on genetic distances to clarify phylogenetic relationships. Morphologically, all specimens exhibited diagnostic characteristics of *C. choui*, including a faint longitudinal band on the body side, an L5 band composed of 14 ~ 19 distinct spots, and a lamina circularis on the second branched pectoral-fin ray in males (Fig. 1). Key morphological ratios were consistent with previously reported data, though some ratios (e.g., head length/standard length, body depth/standard length) showed wider variation ranges, possibly due to the predominance of juvenile individuals or regional population differentiation (Table 2). Molecular phylogenetic analysis revealed that all obtained *COI* sequences clustered within a clade of known *C. choui* sequences, with very low intragroup genetic distances (0.000 0 ~ 0.002 5), strongly supporting their conspecificity (Fig. 2; see detailed genetic distance matrix in Appendix 1). On the basis of congruent morphological and molecular evidence, this study provides the first confirmed record of *C. choui* in the Inner Mongolia Autonomous Region, which represents a new species record for the area. Stable populations are found across multiple rivers in Hulun Buir City. We recommend enhanced habitat protection and systematic monitoring for this species to support future research and conservation of regional fish biodiversity.

Key words: *Cobitis*; New species record; *C. choui*; *COI* gene; Inner Mongolia Autonomous Region

花 鳅 属 (*Cobitis*) 隶 属 于 鲤 形 目 (Cypriniformes) 鳅 科 (Cobitidae), 是 欧 亚 大 陆 淡 水 底 栖 鱼 类 区 系 中 的 一 个 重 要 演 化 类 群, 与 泥 鳅 属 (*Misgurnus*) 等 近 缘 类 群 共 同 构 成 了 该 生 态 域 底 栖 鱼 类 的 核 心 组 成 部 分。该 属 物 种 形 态 特 征 较 为 保 守, 通 常 以 细 长 体 型、特 化 口 须 及 体 侧 特 定 斑 纹 作 为 主 要 鉴 别 依 据。然 而,

由 于 种 间 形 态 分 化 微 弱, 历 史 上 基 于 地 域 标 本 的 分 类 描 述 与 修 订 存 在 较 多 交 叉, 导 致 同 物 异 名 现 象 频 发, 其 系 统 分 类 与 种 间 关 系 至 今 仍 存 在 显 著 争 议 (张 慧 2020)。目 前 全 球 范 围 内 花 鳅 属 已 记 载 91 个 有 效 种 (Froese and Pauly 2020), 我 国 已 报 道 24 种 (Chen et al 2018, Tan et al 2019)。在 淮 河 以 北 地 区, 已 知 分 布 的 花 鳅

属物种包括花斑花鳅(*C. melanoleuca*)(Nichols 1925)、北方花鳅(*C. granoei*)(Rendahl 1935)、黑龙江花鳅(*C. lutheri*)(Rendahl 1935)与细长花鳅(*C. gracilis*)(Chen and Chen 2016)共 4 种。该类群广泛栖息于欧亚大陆的江河、湖泊、溪流及沼泽等多种淡水生境,在我国除青藏高原外均有分布(Chen 1981, Sawada 1982, Bănărescu 1990)。

近年来,随着分类学研究的深入与调查范围的扩大,花鳅属的物种分布格局与区域物种组成信息不断更新。2024 年 7 月,本项目组在内蒙古自治区呼伦贝尔市开展鱼类资源调查时采集到 16 尾花鳅属鱼类标本。基于形态学特征初步鉴定为乔氏花鳅(*C. choii*),为验证该鉴定结果,本研究进一步结合分子系统学证据进行综合分析。结果显示,呼伦贝尔市所采样本确为乔氏花鳅。此前,该物种主要分布于朝鲜半岛及我国东北部分水系(Kim and Son 1984, 张慧 2020);本次记录首次将其已知分布范围扩展至我国内蒙古自治区,为内蒙古自治区鱼类分布新记录种。

这一新分布记录的确认,不仅补充并拓展了对乔氏花鳅地理分布范围的认知,也为深入探讨东亚淡水鱼类区系的交流路径与历史扩散过程提供了新的关键证据。随着类似记录的不断积累,区域物种名录将得以进一步完善,并将有助于从系统发育与生物地理学视角深化对花鳅属乃至鳅科鱼类演化格局与历史过程的认识。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究样本采自内蒙古自治区呼伦贝尔市 3 处地点:鄂温克族自治旗海拉尔河—辉河(辉河中桥 49°01'40.7" N, 119°43'38.4" E, 3 尾)、新巴尔虎右旗乌尔逊河(331 国道包格陶勒盖附近 48°24'31.0" N, 117°35'00.4" E, 4 尾)以及新巴尔虎右旗克鲁伦河—巴彦乌拉桥河(906 县道克尔伦苏木附近 48°10'08.7" N,

115°51'13.4" E, 9 尾)。样本采集后立即用 100% 乙醇整体固定,用于后续形态学测量与分子生物学实验。所有凭证标本保存于河南师范大学生命科学学院鱼类资源研究室,馆藏号 IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-LBCOAB-247007、IM-HLBCEEGN-247-003 ~ IM-HLBCEEGN-247-006、IM-HLBCNBRB-247-007 ~ IM-HLBCNBRB-247-015。

1.2 形态学测量

参照《中国条鳅志》(朱松泉 1989)的形态指标定义与 Kim 和 Son (1984)的标准,使用精度为 0.01 mm 的电子数显卡尺(桂林广陆数字测绘有限公司,型号:K18L120607,量程 0 ~ 1 200 mm)对保存完好的标本进行测量。测量指标包括 15 项:全长、标准长、体高、头长、尾柄长、尾柄高、背鳍前距、腹鳍前距、臀鳍前距、腹臀鳍距、吻长、胸鳍长、尾鳍长、背鳍基长和臀鳍基长。同时,分别对背鳍、臀鳍、胸鳍、腹鳍和尾鳍的分枝鳍条进行计数。

1.3 分子生物学方法鉴定

1.3.1 基因组 DNA 提取 取约 0.2 g 乙醇固定的肌肉组织,置于 1.5 ml 离心管中,去除残留乙醇并晾干后,采用高盐法提取基因组 DNA(汪永庆等 2001)。提取的 DNA 经琼脂糖凝胶电泳和超微量分光光度计(赛默飞,型号:NANODROP 2000)检测合格(浓度大于 100 µg/L, A_{260}/A_{280} 比值在 1.8 ~ 2.0 之间)后,保存于-20 °C 备用。

1.3.2 PCR 扩增目的基因 选用线粒体 COI 基因作为分子标记,所用引物序列为:COIF 5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3'和 COIR 5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3'。PCR 反应体系总体积为 25 µl,包含 13 µl 2 × *SanTaq* PCR Mix 预混液(生工生物工程有限公司),正、反向引物各 0.5 µl (100 µmol/L),经检测合格的基因组 DNA 模板 1 µl (100 µg/L),以及无菌无酶水 10 µl。反应程序如下,94 °C 预变性 5 min;随后进行 30 个循环,94 °C 变性 30 s,54 °C 退火 30 s,72 °C

延伸 1 min; 循环结束后 72 °C 终延伸 10 min; 最后 4 °C 保存。PCR 产物经琼脂糖凝胶电泳检测合格 (呈现单一、清晰、亮度适宜的条带) 后, 送至武汉天一辉远生物科技有限公司进行双向测序。序列数据及标本信息均已上传至 Barcode of Life Data System (BOLD) 平台的 “IMNFISH” 项目 (<https://doi.org/10.5883/DS-IMNFISH>), 序列对应的 BOLD 过程 ID (Process ID) 见表 1。

1.4 数据分析

本研究采用 Lasergene 软件包中的 Seqman 软件 (Swindells et al. 1997) 对测序得到的峰图文件进行序列组装。组装完成后, 利用 NCBI 网站的 BLAST (basic local alignment search tool) 工具对序列进行比对分析, 以确认所扩增片段为目标基因片段。同时, 从 NCBI 数据库下载了花鳅属相关物种的 COI 基因序列, 并选取金色萨瓦纳鳅 (*Sabanejewia aurata*) 作为外类群 (表 1)。

表 1 本研究使用的 COI 条形码序列
Table 1 COI barcode sequences used in this study

物种 Species	组别 Group	序列凭证号 Sequence voucher ID
乔氏花鳅 <i>Cobitis choui</i> (本研究 This study)	NM1	IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-HLBCOAB-247-007
	NM2	IM-HLBCEEGN-247-003 ~ IM-HLBCEEGN-247-006
	NM3	IM-HLBCNBRB-247-007 ~ IM-HLBCNBRB-247-015
韩鳅 <i>C. hankugensis</i>	Gp1	MN841275 (Lee et al. 2022)
		MZ339224 (Lee et al. 2022)
黑龙江花鳅 <i>C. lutheri</i>	Gp2	HQ536324 (Unpublished)
		HQ536326 (Unpublished)
		HQ536325 (Unpublished)
四线鳅 <i>C. tetralineata</i>	Gp3	MN206508 (Unpublished)
		MN206507 (Unpublished)
琵琶湖鳅 <i>C. biwae</i>	Gp4	AP011344 (Unpublished)
花斑花鳅 <i>C. melanoleuca</i>	Gp5	MK560644 (Unpublished)
双线鳅 <i>C. bilineata</i>	Gp6	OM515179 (Unpublished)
		OM515154 (Unpublished)
		OM515142 (Unpublished)
北方花鳅 <i>C. granoei</i>	Gp7	NC023473 (Unpublished)
		KF908768 (Unpublished)
乔氏花鳅 <i>C. choui</i>	Gp8	NC010649 (Kim et al. 2008)
		EU656112 (Kim et al. 2008)
		KJ553299 (Geiger et al. 2014)
地中海鳅 <i>C. arachthosensis</i>	Gp9	KJ553088 (Geiger et al. 2014)
		AP013311 (Unpublished)
条纹鳅 <i>C. striata</i>	Gp10	LC895540 (Unpublished)
高鳅 <i>C. takatsuensis</i>	Gp11	MW564539 (Unpublished)
金色萨瓦纳鳅 <i>Sabanejewia aurata</i>	Gp12	

表中以 “IM-” 起始的编号为本研究序列在 BOLD 系统中的过程 ID (Process ID); 其余为下载自 NCBI 的 GenBank 登录号。NM1. 采自辉河的样本序列组 (样本编号 IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-HLBCOAB-247-007); NM2. 采自乌尔逊河的样本序列组 (样本编号 IM-HLBCEEGN-247-003 ~ IM-HLBCEEGN-247-006); NM3. 采自巴彦乌拉桥河的样本序列组 (样本编号 IM-HLBCNBRB-247-007 ~ IM-HLBCNBRB-247-015)

Codes beginning with “IM-” in the table represent the Process IDs of sequences generated in this study in the BOLD system; all others are GenBank accession numbers downloaded from NCBI. NM1. Samples from Huihe River (sample IDs IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-HLBCOAB-247-007); NM2. Samples from Ursun River (sample IDs IM-HLBCEEGN-247-003 ~ IM-HLBCEEGN-247-006); NM3. Samples from Bayan Wula Bridge River (sample IDs IM-HLBCNBRB-247-007 ~ IM-HLBCNBRB-247-015)

随后，使用 MEGA 12 (Kumar et al. 2024) 软件，将本研究获得的 *COI* 序列与从数据库中下载的序列分别进行 Clustal W 多重比对，经修剪后获得一致序列。基于该一致序列，在 MEGA 12 中以 Kimura 双参数模型 (K2P) 构建分子系统发育树，采用 1 000 次重复抽样进行自展检验，其余参数保持默认设置。

根据系统发育树中序列的聚类结果，将聚为一支的序列初步划分为同一组。在此基础上，分别计算各组内与组间的遗传距离，以评估序列之间的亲缘关系及物种界定。

2 结果

2.1 形态学分析

鉴别特征：所采集标本具有较长的吻部及显著细长狭窄的尾柄。体色模式体现为体侧的 5 条纵带 (L1 ~ L5) 分界模糊，L2 和 L3 带融合为一排不规则的云状斑块，L5 带由 14 ~ 19

个呈小圆形 (雄性) 或细长形 (雌性) 的灰暗斑点构成，且体侧常散有众多深褐色小斑点。常表现出显著的性二型：雄性个体小于雌性，但胸鳍更长，其第二根分枝鳍条特化为最长、最粗，并衍生出一个狭长、内缘呈锯齿状的骨质凸起，在基部形成薄而狭长、边缘锯齿状的骨质盘；而雌性则无此结构，且其胸鳍第二分枝鳍条短于第三分枝鳍条。这些特征符合乔氏花鳅物种鉴别特征。

特征描述：本研究基于来自内蒙古自治区呼伦贝尔市不同地点的 16 尾标本 (辉河 3 尾、乌尔逊河 4 尾、巴彦乌拉桥河 9 尾) 进行形态学鉴定。其主要特征见图 1，形态测量结果见表 2。鳍式如下：背鳍 ii-7，臀鳍 ii-5，胸鳍 ii-7，腹鳍 ii-6，尾鳍分支鳍条 16。

本种为小型鱼类，标准长 32.67 ~ 49.76 mm。体型细长，侧扁；头部相对较小，其长占标准长的 19.81% ± 1.76%；吻部尖长，前端狭窄；

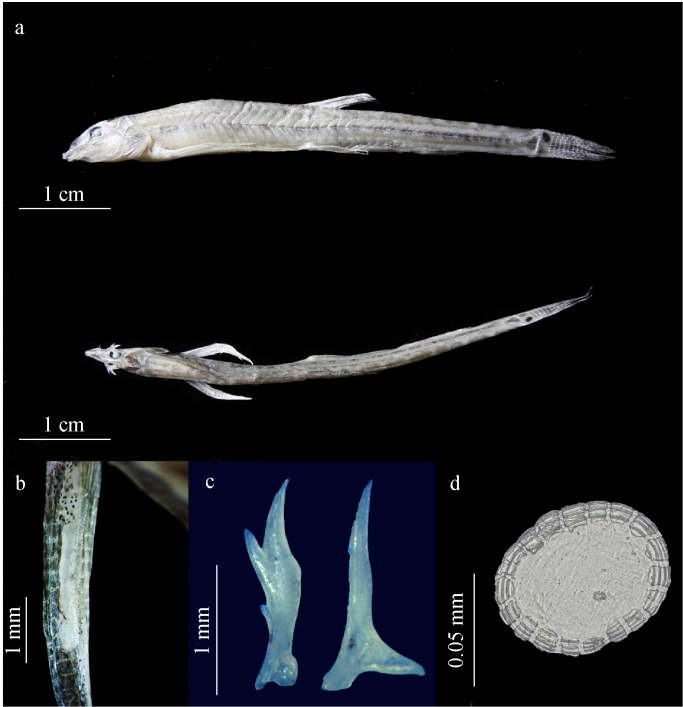


图 1 乔氏花鳅形态 (标本号 IM-HLBCEE GN-247-003)

Fig. 1 Morphological photos of *Cobitis choii* (Specimen ID IM-HLBCEE GN-247-003)

a. 整体 (全长 45.65 mm) 侧面观 (上) 和背面观 (下); b. 胸鳍骨质盘; c. 眼下刺; d. 鳞片。
a. Entire specimen (total length 45.65 mm), lateral view (top) and dorsal view (bottom); b. Pectoral-fin bony disc; c. Suborbital spine; d. Scale.

表 2 本研究标本与引证标本形态特征值比较

Table 2 Comparison of morphometric characteristics between specimens examined in this study and the reference specimens

特征 Characteristic	引证标本 (n = 13) Citation specimens Kim and Son 1984	本研究标本 (n = 16) Specimens of this study
全长 Total length (mm)	65.40 ~ 80.30	38.14 ~ 58.21
标准长 Standard length (mm)	55.50 ~ 69.70	32.67 ~ 49.76
占标准长的百分比 Percentage in standard length (%)		
头长 Head length	19.40 ± 0.86 (18.60 ~ 21.50)	19.81 ± 1.76 (17.68 ~ 24.03)
体高 Body depth	14.90 ± 1.20 (13.10 ~ 16.40)	12.51 ± 1.26 (9.73 ~ 14.15)
尾柄长 Caudal peduncle length	16.0 ± 0.99 (14.60 ~ 17.50)	17.87 ± 2.04 (14.54 ~ 22.17)
尾柄高 Caudal peduncle depth	7.30 ± 0.35 (6.70 ~ 7.80)	6.30 ± 0.61 (5.07 ~ 7.24) (尾柄高/尾柄长 Caudal peduncle depth/Caudal peduncle length 35.83% ± 6.48%)
背鳍前距 Predorsal length	51.00 ± 0.94 (50.00 ~ 52.50)	51.06 ± 2.14 (48.14 ~ 54.83)
腹鳍前距 Prepelvic length	53.80 ± 1.32 (51.90 ~ 56.50)	50.49 ± 1.89 (47.09 ~ 53.99)
臀鳍前距 Preanal length	77.00 ± 1.65 (73.60 ~ 79.40)	74.76 ± 3.00 (68.66 ~ 79.52)
腹臀鳍距 Pelvic to anal fin distance	34.30 ± 1.32 (31.00 ~ 36.20)	23.36 ± 2.68 (18.16 ~ 26.07)
吻长 Snout length	8.40 ± 0.51 (7.60 ~ 9.20)	8.00 ± 0.94 (6.39 ~ 9.70)
胸鳍长 Pectoral fin length	14.80 ± 3.06 (12.20 ~ 21.70)	17.20 ± 2.83 (12.28 ~ 22.10)
尾鳍长 Caudal fin length	16.80 ± 1.53 (15.5 ~ 19.20)	17.75 ± 1.00 (15.88 ~ 18.98)
背鳍基长 Dorsal fin base length	8.70 ± 0.56 (7.10 ~ 9.60)	9.35 ± 0.66 (8.23 ~ 10.57)
臀鳍基长 Anal fin base length	6.90 ± 0.34 (6.20 ~ 7.30)	7.02 ± 0.39 (6.47 ~ 7.60)

数据以平均值 ± 标准误 (范围) 表示。Data are expressed as mean ± SE (Range).

眼间距小于眼径；口小，下位，具须 3 对。身体被覆细小的椭圆形鳞片，鳞片中心区显著扩大；侧线短，末端不超过胸鳍。此外，各鳍位置相对稳定，胸鳍较长，其长占标准长的 $17.20\% \pm 2.83\%$ 。尾柄长显著短于头长，且极为细长狭窄：其长占标准长的 $17.87\% \pm 2.04\%$ ，高仅占标准长的 $6.30\% \pm 0.61\%$ 。

综合来看，本研究标本在基本体型比例上与乔氏花鳅原始描述相符。具体而言，与引证标本 (Kim and Son 1984) 相比，本研究标本在头长/标准长、体高/标准长、尾柄长/标准长、尾柄高/标准长及尾柄高/尾柄长 5 项比例性状上表现出更宽的变异范围，这可能与本研究样本个体较小或地域种群间的形态变异有关。

2.2 分子生物学及分子系统学分析

本研究通过 PCR 扩增，共获得采集自内蒙古自治区呼伦贝尔市 3 处地点 16 条花鳅属物种 COI 基因序列。经与 NCBI 数据库中近缘种的 COI 序列进行比对，获得长度为 531 bp 的一致序列。该序列包含保守位点 348 个、简约信息位点 152 个、可变位点 183 个及单态位点 31 个。碱基组成中 T、C、A、G 的含量分别为 32.5%、27.1%、22.5%和 17.9%，其中 A + T 含量 (55%) 高于 G + C 含量 (45%)。

基于最大似然法构建的系统发育树显示，本研究所得序列与 NCBI 数据库中的乔氏花鳅序列聚为一支 (图 2)。根据系统发育结果对序列进行分组，并计算组内及组间遗传距离，发现来自内蒙古 3 个采样点的样本 (辉河、乌尔

逊河和巴彦乌拉桥河）组内遗传距离极小（0.000 0 ~ 0.002 5），支持其为同一物种。进一步与数据库中已有的花鮰属序列比较，本研究所测序列与已记录的乔氏花鮰（序列登录号 NC010649 和 EU656112）遗传距离为 0，确认

属于同一物种，即本研究样本均为乔氏花鮰。同时，本研究测序样本与数据库中花鮰属其他鱼类的遗传距离介于 0.014 3 ~ 0.037 9 之间，表明它们属于花鮰属内不同的物种或遗传分化明显的种群（附录 1）。



图 2 基于线粒体 COI 基因 531 bp 序列构建的花鮰属鱼类最大似然法系统发育关系

Fig. 2 Maximum likelihood phylogenetic relationship of genus *Cobitis* based on 531 bp sequences of the mitochondrial COI gene

图中各分支节点处的数值为自展支持率。标尺表示每位点的碱基替换率。序列号 IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-HLBCOAB-247-007 为辉河样本，IM-HLBCEEGN-247-003 ~ IM-HLBCEEGN-247-006 为乌尔逊河样本，IM-HLBCNBRB-247-007 ~ IM-HLBCNBRB-247-015 为巴彦乌拉桥河样本，在图中全部与 NCBI 数据库中已有乔氏花鮰序列聚为一支。

Values at branch nodes represent bootstrap support. Scale bar indicates nucleotide substitutions per site. The accession numbers IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-HLBCOAB-247-007 correspond to Huihe specimens, IM-HLBCEEGN-247-003 ~ IM-HLBCEEGN-247-006 correspond to Ursun River specimens, and IM-HLBCNBRB-247-007 ~ 015 correspond to Bayan Wula Bridge River specimens. All these sequences cluster together with previously published *Cobitis choii* sequences from the NCBI database, forming a distinct monophyletic clade.

3 讨论

3.1 内蒙古自治区分布新记录种乔氏花鳅物种的确定

本研究采集自内蒙古自治区呼伦贝尔市三条河流的样本,其形态特征与文献记载(Kim and Son 1984)的乔氏花鳅关键鉴别特征基本相符。少数测量数据存在细微差异,可能源于水系隔离导致的种群遗传分化或本研究测量样本为酒精固定所致。基于 COI 序列的分子系统发育分析显示,本研究采集的样本与 NCBI 数据库中已有的乔氏花鳅聚为一支,3 个采样地样本间的遗传距离极低(0.000 0~0.002 5),支持其为同一物种。结合形态学比较与分子系统发育结果,本研究确认所采样本为乔氏花鳅。

我国已知分布有 24 种花鳅属鱼类。依据《内蒙古动物志》(旭日干 2011)记载,内蒙古自治区此前仅记录有北方花鳅和黑龙江花鳅两种。乔氏花鳅主要分布于东亚地区,包括俄罗斯、蒙古国及中国北方(如蓟县、滦河下游、哈尔滨和黑龙江下游等地)至朝鲜半岛(张慧 2020),此前在内蒙古自治区尚无正式发现记录。因此,本研究在呼伦贝尔市发现的乔氏花鳅为内蒙古自治区鱼类分布新记录种。

本研究首次确认乔氏花鳅在内蒙古自治区的分布,将其已知分布范围向西扩展至呼伦贝尔市,为该物种的生物地理学研究提供了新的分布点。此外,该发现也使得内蒙古自治区花鳅属鱼类记录从 2 种增加至 3 种,进一步丰富了该区域的鱼类多样性资料,对后续区系调查与保护规划具有参考价值。

3.2 乔氏花鳅的资源现状及保护

本论文项目组鱼类资源调查队于 2024 年 7 月在内蒙古自治区呼伦贝尔市开展野外调查期间,于 7 月 16 日和 17 日首次采集到乔氏花鳅标本。该区域水温较低,生境特征与乔氏花鳅的适宜条件基本吻合。后续在呼伦贝尔市多个不同地点进行的补充采样中,均成功获得了数量不等的该物种样本,表明乔氏花鳅在当地已

形成稳定种群,能够适应本区域的水文环境,并推测该种群已在此建立了有效的栖息与繁殖场所。

乔氏花鳅多栖息于底质为沙石、具有一定水流速度的河段,偏好有少量卵石散布的沙质河床,通常活动于水深较浅的近岸区域。为有效保护这一物种及其种群资源,建议从以下几方面开展保护工作:一是加强其栖息地的生态环境保护,维持水体质量和底质结构的自然状态;二是减少人为干扰与破坏,控制沿岸开发及污染排放;三是开展分布区域的公众宣传与执法监督,提升保护意识;四是科学规划和建设种质资源保护区,实施系统监测与研究。上述建议符合《中国生物多样性保护战略与行动计划(2023—2030 年)》(生态环境部 2023)中关于强化就地保护、恢复水生生态系统及加强物种监测的相关方向,可为该区域的生物多样性保护实践提供政策衔接。

通过上述措施,可进一步准确掌握该鱼的分布范围、种群数量及其动态变化,为其长期保护提供科学依据。

参 考 文 献

- Bănărescu P. 1990. Zoogeography of Fresh Waters. Vol. 1. General Distribution and Dispersal of Freshwater Animals. Wiesbaden: AULA-Verlag, 511.
- Chen J X. 1981. A study on the classification of the subfamily Cobitinae of China. Transactions of the Chinese Ichthyological Society, 1: 21–31.
- Chen Y X, Chen H, He D K, et al. 2018. Two new species of the genus *Cobitis* (Cypriniformes: Cobitidae) from South China. Zoological Systematics, 43(2): 156–168.
- Chen Y X, Chen Y F. 2016. A new species of the genus *Cobitis* (Cypriniformes: Cobitidae) from the Northeast China. Zoological Systematics, 41(4): 379–391.
- Froese R, Pauly D. 2020. FishBase version (06/2020). [DB/OL]. [2024-11-06]. <http://www.fishbase.org>.
- Geiger M F, Herder F, Monaghan M T, et al. 2014. Spatial heterogeneity in the Mediterranean Biodiversity Hotspot affects

- barcoding accuracy of its freshwater fishes. *Molecular Ecology Resources*, 14(6): 1210–1221.
- Kim I S, Son Y M. 1984. *Cobitis choii*, a new cobitid fish from Korea. *Korean Journal of Zoology*, 27(1): 49–55.
- Kim K Y, Lee S Y, Bang I C, et al. 2008. Complete mitogenome sequence of an endangered freshwater fish, *Iksookimia choii* (Teleostei; Cypriniformes; Cobitidae). *Mitochondrial DNA*, 19(5): 438–445.
- Kumar S, Stecher G, Suleski M, et al. 2024. MEGA12: Molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution*, 41(12): msae263.
- Lee S R, Kim E B, Go Y, et al. 2022. The complete mitochondrial genome of the Korean endemic species *Cobitis hankugensis* (Kim, Park, Son & Nalbant, 2003). *Mitochondrial DNA Part B*, 7(1): 21–22.
- Nichols J T. 1925. The two Chinese loaches of the genus *Cobitis*. *American Museum Novitates*, 170: 3.
- Rendahl H. 1935. Ein paar neue Unterarten von *Cobitis taenia* Menor. *Societas pro Fauna et Flora Fennica*, 10: 330–332.
- Sawada Y. 1982. Phylogeny and zoogeography of the superfamily Cobitoidea (Cyprinoidei, Cypriniformes). *Memoirs of the Faculty of Fisheries Hokkaido University*, 28: 199.
- Tan X C, Li P, Wu T J, et al. 2019. *Cobitis xui*, a new species of spined loach (Teleostei: Cobitidae) from the Pearl River drainage in Southern China. *Zootaxa*, 4604(1): 161–175.
- 生态环境部. 2023. 中国生物多样性保护战略与行动计划 (2023—2030 年). 北京: 生态环境部. [Ministry of Ecology and Environment of the People's Republic of China. 2023. China's National Biodiversity Conservation Strategy and Action Plan (2023–2030). Beijing: Ministry of Ecology and Environment.]
- 汪永庆, 王新国, 徐来祥, 等. 2001. 一种动物基因组 DNA 提取方法的改进. *动物学杂志*, 36(1): 27–29. [Wang Y Q, Wang X G, Xu L X, et al. 2001. A new rapid method for extraction of high quality of genomic DNA from animal tissues. *Chinese Journal of Zoology*, 36(1): 27–29.]
- 旭日干. 2011. 内蒙古动物志. 呼和浩特: 内蒙古大学出版社. [Xu R G. 2011. Fauna of Inner Mongolia. Hohhot: Inner Mongolia University Press.]
- 张慧. 2020. 我国淮河以北花鳅属鱼类系统学及生物地理学研究. 保定: 河北大学硕士学位论文, 30–50. [Zhang H. 2020. Systematics and phylogeography of genus *Cobitis* (Teleostei, Nemacheilidae) from north Huai River, China. Baoding: Hebei University, Master's dissertation, 30–50.]
- 朱松泉. 1989. 中国条鳅志. 南京: 江苏科学技术出版社. [Zhu S Q. 1989. The Loaches of China. Nanjing: Phoenix Science Press.]

附录 1 不同物种之间基于 COI 基因 531 bp 序列的遗传距离
Appendix 1 Genetic distance between different species based on the COI gene

物种 Species	组内遗传距离 Intra-group genetic distance	NM1	NM2	NM3	Gp1	Gp2	Gp3	Gp4	Gp5	Gp6	Gp7	Gp8	Gp9	Gp10	Gp11
NM1	0.000 0														
NM2	0.002 5	0.000 0													
NM3	0.001 5	0.000 0	0.000 0												
Gp1	0.000 0	0.014 3	0.014 3	0.014 3											
Gp2	0.007 6	0.023 1	0.023 1	0.023 1	0.014 3										
Gp3	0.000 0	0.017 2	0.017 2	0.017 2	0.014 3	0.005 7									
Gp4	n/c	0.014 3	0.014 3	0.014 3	0.011 4	0.008 5	0.002 8								
Gp5	n/c	0.020 1	0.020 1	0.020 1	0.028 9	0.037 9	0.031 9	0.028 9							
Gp6	0.001 3	0.026 1	0.026 1	0.026 1	0.017 2	0.020 2	0.020 2	0.017 2	0.028 9						
Gp7	0.000 0	0.020 2	0.020 2	0.020 2	0.011 4	0.020 2	0.020 2	0.017 2	0.034 9	0.017 2					
Gp8	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.014 3	0.023 1	0.017 2	0.014 3	0.020 1	0.026 1	0.020 2				
Gp9	0.005 7	0.014 3	0.014 3	0.014 3	0.017 2	0.028 1	0.026 1	0.023 1	0.028 9	0.029 1	0.029 1	0.014 3			
Gp10	n/c	0.023 1	0.023 1	0.023 1	0.014 3	0.005 7	0.005 7	0.008 5	0.031 9	0.014 3	0.020 2	0.023 1	0.026 1		
Gp11	n/c	0.017 2	0.017 2	0.017 2	0.020 2	0.029 1	0.023 1	0.020 2	0.031 9	0.026 1	0.020 2	0.017 2	0.026 1	0.029 1	
Gp12	n/c	0.017 2	0.017 2	0.017 2	0.026 1	0.025 1	0.023 1	0.020 2	0.026 0	0.020 2	0.032 1	0.017 2	0.014 3	0.023 1	0.029 1

NM1. 采自辉河的样本序列组 (样本编号 IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-HLBCOAB-247-007); NM2. 采自乌尔逊河的样本序列组 (样本编号 IM-HLBCOAB-247-003 ~ IM-HLBCOAB-247-006); NM3. 采自巴彦乌拉桥河的样本序列组 (样本编号 IM-HLBCNBRB-247-007 ~ IM-HLBCNBRB-247-015); Gp1. 韩鳊; Gp2. 黑龙江花鳊; Gp3. 四线鳊; Gp4. 琵琶湖鳊; Gp5. 花斑花鳊; Gp6. 双线鳊; Gp7. 北方花鳊; Gp8. 已知的乔氏花鳊 (参考序列); Gp9. 地中海鳊; Gp10. 高鳊; Gp11. 高鳊; Gp12. 外类群金色萨瓦纳鳊; n/c. 该组内仅包含 1 条序列, 无法进行组内成对比较, 故无对应数值

NM1. Samples from Huhe River (sample IDs IM-HLBCOAB-247-005 ~ IM-HLBCOAB-247-007); NM2. Samples from Ursun River (sample IDs IM-HLBCOAB-247-003 ~ IM-HLBCOAB-247-006); NM3. Samples from Bayan Wula Bridge River (sample IDs IM-HLBCNBRB-247-007 ~ IM-HLBCNBRB-247-015); Gp1. *Cobitis hankuensis*; Gp2. *C. luheri*; Gp3. *C. tetralineata*; Gp4. *C. biwa*; Gp5. *C. melanoleuca*; Gp6. *C. bilineata*; Gp7. *C. granoei*; Gp8. Reference sequences of *C. choui*; Gp9. *C. arachthosensis*; Gp10. *C. striata*; Gp11. *C. takatsiensis*; Gp12. Outgroup *Sabanejewia aurata*; n/c. The group contains only one sequence, so intragroup pairwise distance cannot be computed; therefore, no value is shown