

文章编号:1000-2367(2020)05-0119-06

DOI:10.16366/j.cnki.1000-2367.2020.05.018

河南省鳅科新纪录种—稀有鳅

周传江¹, 闫雪朦¹, 马文文¹, 杨长幸¹, 张巧鸽², 汤永涛¹, 孟晓林¹, 张建新¹, 聂国兴¹

(1.河南师范大学 水产学院,河南 新乡 453007;2.舞钢市水产技术推广站,河南 平顶山 462500)

摘要:自 2016 年,河南省鱼类资源调查队对全省鱼类资源进行了调查.在此期间,于多地采集到鳅科鱼类,以南阳市居多.通过形态学与分子系统学相结合的方法对该科鱼类进行鉴定,发现所采鳅科样品中存在河南省未曾纪录种类—稀有鳅(*Cobitis rara*).标本存放于河南师范大学水产学院鱼类标本室.本文对稀有鳅的主要鉴定特征、分布区域、资源现状、生存环境等方面做了初步分析.

关键词:鳅科;新纪录种;稀有鳅;河南省

中图分类号:Q959

文献标志码:A

稀有鳅(*Cobitis rara*)隶属于鲤形目(Cypriniformes)、鳅科(Cobitidae)、鳅属(*Cobitis*).有关于我国鳅属鱼类的研究,最早记录的种类是大斑鳅(*C. macrostigma* Dabry, 1872),记录于 Dabry 著述的《中国养鱼学和捕捞学(La pisciculture et la pêche en Chine)》.之后于四川西部发现的中华鳅(*C. sinensis* Sauvage et Dabry, 1874),记录于《中国淡水鱼类索引》.由于鳅属鱼类分化速度快,种间分类特征复杂困难,故早期对于鳅属鱼类的分类依据简单,此后对于鳅属鱼类的研究便越来越深入,分类依据科学严谨.基于各位学者的研究,有关鳅属鱼类的研究及记载详细而全面,为物种分类提供了更好的分类依据及理论基础.但就河南省而言,对鳅属鱼类的研究还有很大的空间.

鳅科是鲤形目中一个较大的类群,种类繁多,分布范围广,适应性极强,且在形态上具有复杂的变异.其中鳅属鱼类种类繁多且分化明显,分布范围广泛,除了寒冷的北方和青藏高原都有分布,主要分布在古北区和东方地区^[1].鳅属鱼类的地理分布区域性很明显,就数量和种类而言,一般南方多于北方,东部地区多于西部地区.且在珠江和长江水系分布物种和数量较多.此前,我国域内的鳅属鱼类记载了 21 种鳅属鱼类^[1].鳅属鱼类是一种营底栖生活的小型淡水鱼类,大多栖息在流动的山溪和泥沙底质的河流,主要以水生无脊椎动物和藻类为食.鳅属鱼类的个体小,身体形态相近,尽管形态上已经开始分化,考虑到环境以及其他因素的影响,早期研究将鳅属的不同种鱼类均认为是中华鳅的同物异名,但后来被鉴定为其他有效种.由于鳅属鱼类的体色及斑纹形态具有高度的变化性,同时鳅属鱼类的雌雄异形,使得鳅属鱼类的分类与鉴别比较困难^[2-3].

本文综合采用形态学和分子系统学的方法,就分布于河南省的鳅属鱼类稀有鳅的鉴别特征,分布区域,资源现状和生存环境做了初步的分析.

1 材料与方法

1.1 材料

19 尾实验鱼经地笼诱捕获得,分别采自河南省南阳市等地.9 尾全鱼标本用体积比为 10% 的甲醛溶液固定,用于后期形态特征的鉴别和数据测量;10 尾体积比为 100% 的乙醇固定保存,用于分子生物学数据分析.

1.2 形态学测量

用数显游标卡尺(精度为 0.01 mm)对 9 尾体积比为 10% 的甲醛溶液固定的样本进行 16 项形态学指标(见表 2)测量,并用电子天平称量其体质量(BH)、体视镜(OPTEC)对样品背鳍、胸鳍、腹鳍、臀鳍进行计数.

收稿日期:2020-04-20;修回日期:2020-07-05.

基金项目:国家自然科学基金(31872199);河南省科技攻关重点项目(182102110007;182102110046;182102110237;172102310751);河南省创新型科技团队支持计划(CXTD2016043);2019 年度河南省高等学校青年骨干教师培养计划项目(2019GGJS063);河南省水产学重点学科支持.

作者简介:周传江(1980—),男,河南南阳人,河南师范大学副教授,博士,主要从事鱼类资源保护教学和科研工作, E-mail: chuanjiang88@163.com.

通信作者:聂国兴(1971—),河南师范大学教授, E-mail: niegx@htu.cn.

1.3 分子生物学方法鉴定

1.3.1 基因组 DNA 提取

取 0.2 g 左右无水乙醇固定的肌肉样品,放入 1.5 mL 离心管中,将残留的无水乙醇去除,在烘干后采用酚-氯仿法提取基因组 DNA^[4],然后经质量体积比为 1% 琼脂糖凝胶电泳与紫外分光光度计检测合格的基因组 DNA 并置于 -20 °C 冰箱保存。

1.3.2 PCR 扩增目的基因

用于 PCR 扩增线粒体 Cyt b 基因的引物序列:正向引物:AACCACCGTTGTATTCAACTACAA;反向引物:ACCTCGATCTTCGGATTACAAGACCG.PCR 总反应体系为 30 μ L:Tap 酶 15 μ L,正反引物各 1.5 μ L,基因组模板 1 μ L,灭菌双蒸水 11 μ L.PCR 反应条件为 94 °C 预变性 5 min;94 °C 变性 30 s,55 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 1.5 min,共循环 30 次;72 °C 延伸 10 min,12 °C 保存.对 PCR 产物进行检测,检测合格后送生物公司进行双向测序。

1.4 数据分析

测序所得的峰图文件用 Lasergene 软件包中 Seqman 软件^[5]进行组装,并进行人工校对.组装完成的序列通过 NCBI(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)进行 BLAST 分析,确认所扩增片段是否为 Cyt b 基因,同时下载了其近缘种序列共 56 条(表 1).将测序得到的 10 条序列与数据库中下载序列结合,利用 Bioedit 软件对序列进行比对,将比对一致的序列通过 MEGA 7.0 软件进行分子系统发育关系树的构建,模型采用 Kimura 双参(K2P),1 000 次重复抽样,其他参数为默认设置.根据系统发育树计算种内及种间的遗传距离,以此评价各物种之间的亲缘关系。

表 1 本研究中涉及样品信息

Tab.1 Information of specimen in this study

物种名称	NCBI 登录号或样品编号	数据来源
<i>Cobitis rara</i>	HTU101745,HTU101749-HTU10175,HTU101756,HTU102681-HTU102685	本研究
<i>Cobitis rara</i>	EF508507.1	Slechtova, et al.2008 ^[7]
	KP161102.1-KP161103.1	Perdices et al.2016 ^[8]
<i>Cobitis macrostigma</i>	DQ105229.1-DQ105230.1	Tang, et al.2006 ^[9]
	JX888904.1	Unpublished
<i>Cobitis sinensis</i>	AM910632.1-AM910633.1	Chiang et al.2010 ^[10]
	JX888902.1	Unpublished
<i>Cobitis microcephala</i>	KP133113.1, JX888907.1	Unpublished
<i>Cobitis fasciola</i>	KP133115.1, JX888910.1	Unpublished
<i>Cobitis crassicauda</i>	KP133114.1, JX888909.1	Unpublished
<i>Cobitis stenocauda</i>	KP133111.1, JX888903.1	Unpublished
<i>Cobitis australis</i>	KC753352.1-KC753353.1	Chen, et al.2013 ^[11]
	MF004247.1	Unpublished
<i>Cobitis leptosome</i>	KP133117.1	Unpublished
<i>Cobitis wumingensis</i>	KX823429.1, KP133116.1	Unpublished
<i>Cobitis choii</i>	JN858874.1-JN858877.1	Perdices, et al.2012 ^[12]
<i>Cobitis gracilis</i>	KY009954.1-KY009957.1	Chen, et al.2016 ^[13]
<i>Cobitis granoei</i>	KX823423.1-KX823425.1	Unpublished
<i>Cobitis melanoleuca</i>	KX823426.1-KX823428.1	Unpublished
<i>Cobitis lutheri</i>	KF661710.1-KF661712.1, KF661714.1	Unpublished
<i>Cobitis baishagensis</i>	KX823432.1	Unpublished
<i>Cobitis hereromacula</i>	KX823433.1-KX823434.1	Unpublished
<i>Cobitis oxycephala</i>	MF004260.1	Unpublished
<i>Cobitis brachysoma</i>	MF004253.1-MF004256.1	Unpublished
<i>Cobitis dolichorhynchus</i>	MF004248.1-MF004250.1	Unpublished
<i>Sabanejewia balcanica</i>	EF605344.1-EF605347.1	Unpublished

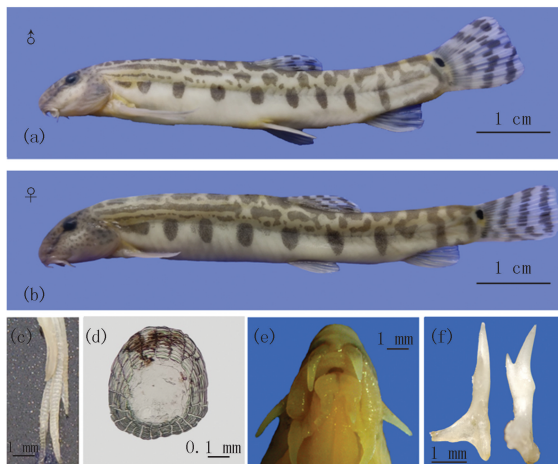
2 结 果

2.1 形态学分析结果

取 9 尾甲醛固定标本,其主要形态学鉴别特征与陈等人^[6]所描述的稀有鳅的特征相吻合:由于对底栖生活的适应,身体细长稍扁,近似圆筒形,中等大小;身体上有色素分布,胸鳍在雌雄性个体间存在形态上的差异,雄性个体的胸鳍更长,且游离端的更加尖锐,这与雄性个体的第二性征相吻合,雄性个体胸鳍第一根分枝鳍条基部的骨质突起固化明显,骨质突起延长,粗细略均匀稍弯,骨质突起的长约为宽的 3.2 倍;头部具有“U”形黑色条纹,与陈等人^[6]描述吻合,其主要特征见图 1,形态测量结果见表 2。

2.2 分子生物学及分子系统学结果

通过对测序所得的 10 条 *Cyt b* 序列与 NCBI 数据库中分析获得的 56 条序列进行比对,得到一致序列 1 140 bp,其中保守位点 697 个、变异位点 443 个、简约信息位点 423 个,从 T,C,A,G 4 种碱基组成上看 A+T(59.3%)含量高于 G+C(40.7%)含量,这与其他鱼类线粒体碱基含量相似:A+T 含量高,G+C 含量低,存在碱基偏倚现象。通过 Mega7.0 对 66 条序列构建 NJ 树。结果显示,本研究分析得到的序列没有和 NCBI 数据库中 *Cobitis rara* 的序列聚为一支(图 2)。通过系统发育结果对序列进行分组,计算同种鱼组内及组间遗传距离,除外类群外,得到组内遗传距离均小于 0.02,本实验所得序列与数据库中鳅属鱼类进行比较,各组比较结果均大于 0.02(表 3)。结合形态学特征以及对 NCBI 数据库中 *Cobitis rara* 的序列来源分析,我们初步确定本实验中样本为稀有鳅。



(a) 雄性体斑类型, (b) 雌性体斑类型, (c) 第二性征, (d) 鳞片, (e) 口唇, (f) 眼下刺。

图1 稀有鳅的主要形态鉴别特征

Fig.1 The main diagnostic morphological characteristics of *Cobitis rara*

表 2 稀有鳅形态学数据

Tab.2 Morphological measurement data of *Cobitis rara*

变量	BL/mm	BL/HL	BL/BD	BL/CPL	BL/CPD	BL/DL	BL/PFL	BL/PVL	BL/AL	HL/SNL	HL/OD	HL/IW	CPL/CPD
1	71.2	5.3	7.3	6.0	11.0	11.0	5.0	7.2	16.7	13.7	5.6	5.7	1.9
2	66.7	5.0	7.2	5.6	10.3	11.7	5.5	6.9	14.9	12.6	4.7	6.3	1.8
3	67.4	5.1	6.6	6.5	10.6	11.9	4.8	7.4	14.9	12.5	6.3	5.8	1.6
4	90.6	5.2	7.7	6.2	13.0	12.2	8.8	9.1	17.4	12.9	5.6	7.0	2.1
5	80.2	5.0	7.0	6.5	10.6	11.8	7.5	8.1	16.2	13.1	6.0	6.4	1.6
6	69.9	5.2	7.4	5.9	11.0	11.8	7.4	8.8	14.5	12.2	5.6	5.6	1.9
7	64.7	4.9	7.4	5.6	11.3	11.3	7.7	7.7	13.0	11.4	5.4	5.8	2.0
8	92.5	5.2	7.9	6.5	10.7	9.7	8.2	7.5	13.2	12.1	5.9	7.0	1.7
9	77.7	5.1	6.5	6.7	10.2	10.6	8.2	8.5	15.8	11.9	6.2	6.1	1.5
Range	64.7~90.6	4.9~5.3	6.5~7.9	5.6~6.7	10.2~13.0	9.7~12.2	4.8~8.8	6.9~9.1	13.0~17.4	11.4~13.7	4.7~6.3	5.6~7.0	1.5~2.1
Mean	75.6	5.1	7.2	6.2	11.0	11.3	7.0	7.9	15.2	12.5	5.7	6.2	1.8
SD	9.7	0.1	0.4	0.4	0.8	0.7	1.4	0.7	1.4	0.7	0.5	0.5	0.2

注:1~3 号个体为雄性,4~9 号个体为雌性。全长(TL)、体长(BL)、体高(BD)、体宽(BW)、头长(HL)、吻长(SNL)、眼径(OD)、眼间距(IW)、尾柄长(CPL)、尾柄高(CPD)、背鳍长(DL)、胸鳍长(PFL)、腹鳍长(PVL)、臀鳍长(AL)、腹鳍基末端至臀鳍起点的距离(PV)、腹鳍基起点至肛门的距离(PA)

3 讨 论

3.1 稀有鳅物种的确定

根据对文献的查找及统计,我国目前共记录鳅属(*Cobitis*)鱼类共有 23 种,其中沙花鳅(*C. arenae* Lin, 1934)主要分布于珠

江流域和海南南渡江, *C. baishagensis*^[14] 主要分布于海南省的河流, *C. hereromaculata*^[14] 主要分布于广东的螺河, *C. multimaculata*^[15] 主要分布于海南南流河, *C. australis*^[16], *C. leptosoma*^[17]、*C. microcephala*^[18] 和 *C. wumingensis*^[17] 主要分布于珠江流域西江等地, *C. obtusirostra*^[17] 主要分布于珠江流域北江等地, *C. oxycephala*^[1] 和 *C. brachysoma*^[1] 分布于珠江流域和南渡江等地, 其中我国鳅属鱼类有 11 种分布于我国南部广东省和海南省。大斑鳅 (*C. macrostigma* Dabry, 1872) 主要分布于我国长江中下游湖南、湖北等地, 北方鳅 (*C. granoei* Rendahl, 1935) 主要分布于我国北部吉林省、黑龙江省等地, *C. fasciola*^[18]、*C. crassicauda*^[18] 和 *C. stenocauda*^[18] 主要分布于我国信江、鄱阳湖乐安江等河流, 花斑鳅 (*C. melanoleuca* Nichols, 1925) 主要分布于黄河中游甘肃等地, 中华鳅 (*C. sinensis* Sauvage et Dabry, 1874) 主要分布于长江中上游等地。在以前的分类学研究中, 中华鳅被作为一个广布种, 由于存在地理分布差异, 稀有鳅之前被认为是中华花鳅的同物异名, 后被确认为有效种^[19]。

稀有鳅在河南省还未记录, 本研究应用形态学分析和分子生物学方法首次确认其在河南省是有分布的。但是本研究稀有鳅的序列与 NCBI 数据库中该物种的序列并没有聚到一起, 因此我们对这些序列来源进行了进一步调查, 发现这些序列标本购买自中国, 可能存在物种鉴别错误, 而依据错误的鉴定结果提交了序列。

根据对分布于河南省稀有鳅形态学数据的分析发现, 与陈^[19] 所描述的稀有鳅噶氏斑纹的特征相吻合。噶氏斑纹分界明显, 成体鳅 L₁ 和 L₅ 条带上斑纹的数量不一。尾鳍基部有两个斑点, 上方是深黑色不规则的斑点, 下方颜色浅, 几乎不明显。背鳍和尾鳍具有点状条纹。鳞上有初生辐射沟, 环片为非同心圆状排列。从外部形态来看, 雄性个体的胸鳍较雌性个体延长, 且游离端有明显棱角, 此处可以作为一个同种鱼类雌雄辨别的一个依据。

从上述外部形态、雌雄间的两性异性以及雄性个体的第二性征等特征, 均显示本研究的物种为稀有鳅。

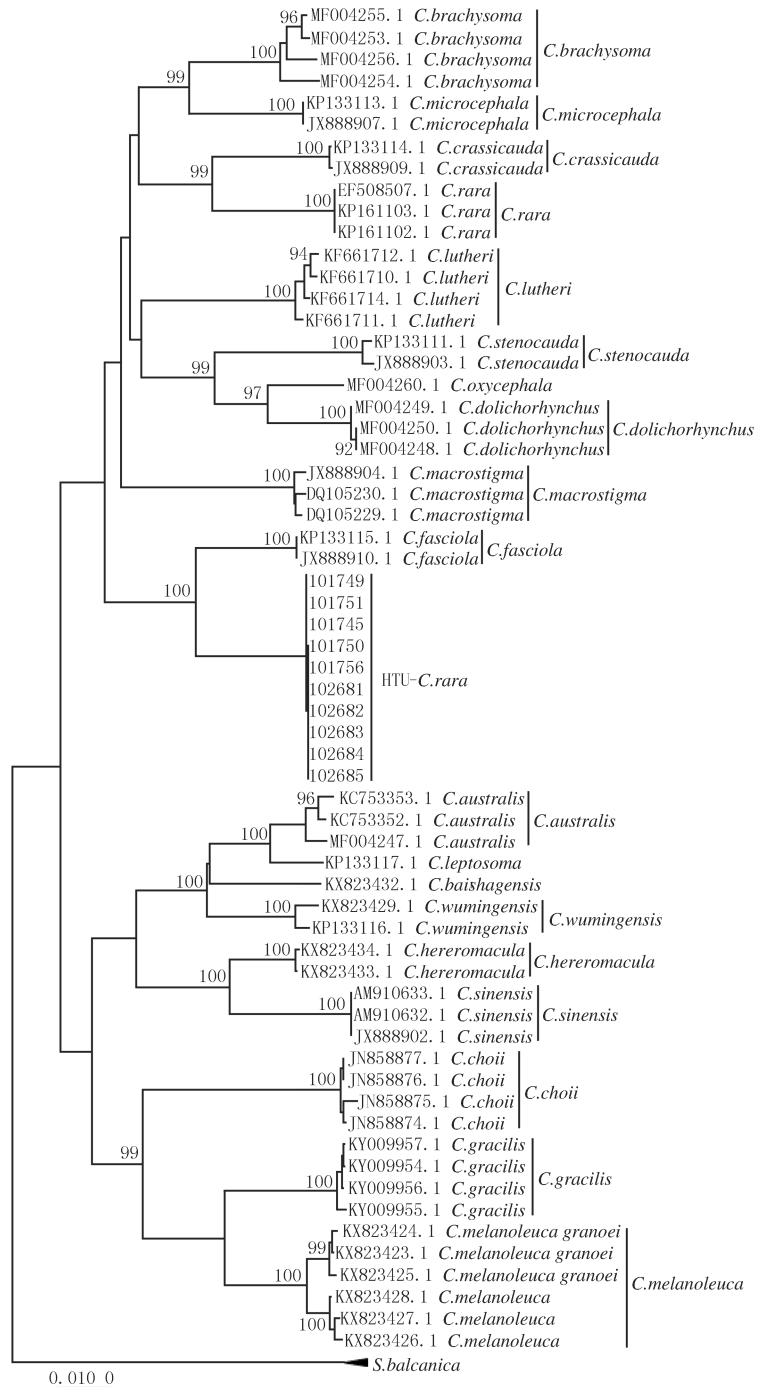


图2 基于线粒体Cyt b基因鳅属鱼类邻接法(neighbor-joining method, NJ)系统发育关系
Fig.2 Cobitis phylogenetic relationship based on mitochondrial Cyt b gene by neighbor-joining method

因此我们对这些序列来源进行了进一步调查, 发现这些序列标本购买自中国, 可能存在物种鉴别错误, 而依据错误的鉴定结果提交了序列。

根据对分布于河南省稀有鳅形态学数据的分析发现, 与陈^[19] 所描述的稀有鳅噶氏斑纹的特征相吻合。噶氏斑纹分界明显, 成体鳅 L₁ 和 L₅ 条带上斑纹的数量不一。尾鳍基部有两个斑点, 上方是深黑色不规则的斑点, 下方颜色浅, 几乎不明显。背鳍和尾鳍具有点状条纹。鳞上有初生辐射沟, 环片为非同心圆状排列。从外部形态来看, 雄性个体的胸鳍较雌性个体延长, 且游离端有明显棱角, 此处可以作为一个同种鱼类雌雄辨别的一个依据。

从上述外部形态、雌雄间的两性异性以及雄性个体的第二性征等特征, 均显示本研究的物种为稀有鳅。

3.2 稀有鳅分布范围及生境

据《浙江动物志》记载,稀有鳅分布于钱塘江的支流金华江^[20],生活习性与中华鳅相似.稀有鳅主要分布于长江中下游,汉江、嘉陵江等河流^[6],而此次我们在汉江水系支流(三门峡卢氏县)也发现了稀有鳅的存在.稀有鳅栖息在泥沙及沙砾底质的河流中,且对生存环境要求较高,生存环境周围分布有水草,水体水温相对较低,流水口分布数量稍多.

表 3 鳅属鱼类不同种之间 Cyt b 基因遗传距离计算结果

Tab.3 The genetic distance between different species based on the Cyt b gene

物种	种内遗传距离	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
1.HTU- <i>C.rara</i>	0.000 4																						
2. <i>C.rara</i>	0	0.145																					
3. <i>C.australis</i>	0.012 9	0.166	0.168																				
4. <i>C.baishagensis</i>	n/c	0.159	0.174	0.078																			
5. <i>C.leptosoma</i>	n/c	0.158	0.170	0.038	0.077																		
6. <i>C.brachysoma</i>	0.019 0	0.138	0.122	0.159	0.155	0.158																	
7. <i>C.choii</i>	0.004 2	0.179	0.173	0.165	0.161	0.160	0.169																
8. <i>C.crassicauda</i>	0.001 0	0.144	0.081	0.171	0.173	0.178	0.124	0.153															
9. <i>C.dolichorhynchus</i>	0.001 3	0.151	0.133	0.178	0.185	0.186	0.144	0.179	0.142														
10. <i>C.fasciola</i>	0	0.073	0.145	0.170	0.155	0.155	0.147	0.156	0.131	0.145													
11. <i>C.gracilis</i>	0.003 4	0.181	0.171	0.168	0.156	0.163	0.166	0.130	0.161	0.174	0.166												
12. <i>C.melanoleuca</i>	0.013 4	0.168	0.180	0.160	0.156	0.159	0.168	0.137	0.177	0.185	0.165	0.078											
13. <i>C.hereromacula</i>	0.001 9	0.155	0.167	0.119	0.116	0.116	0.159	0.155	0.165	0.166	0.153	0.146	0.140										
14. <i>C.lutheri</i>	0.007 7	0.138	0.123	0.177	0.175	0.170	0.125	0.175	0.131	0.122	0.127	0.167	0.164	0.158									
15. <i>C.macrostigma</i>	0.007 1	0.134	0.132	0.183	0.176	0.178	0.123	0.182	0.129	0.144	0.137	0.175	0.169	0.163	0.119								
16. <i>C.microcephala</i>	0	0.134	0.115	0.166	0.156	0.166	0.081	0.175	0.129	0.125	0.133	0.168	0.175	0.139	0.124	0.117							
17. <i>C.oxycephala</i>	n/c	0.143	0.131	0.168	0.168	0.168	0.142	0.174	0.149	0.056	0.140	0.173	0.182	0.164	0.125	0.143	0.128						
18. <i>C.sinensis</i>	0	0.173	0.180	0.127	0.136	0.131	0.177	0.165	0.185	0.179	0.158	0.148	0.163	0.063	0.172	0.172	0.165	0.177					
19. <i>C.stenocauda</i>	0.006 7	0.159	0.147	0.178	0.181	0.187	0.138	0.179	0.139	0.088	0.154	0.179	0.189	0.165	0.134	0.155	0.128	0.107	0.170				
20. <i>C.swamingensis</i>	0.012 6	0.163	0.160	0.081	0.074	0.074	0.148	0.153	0.154	0.176	0.155	0.160	0.168	0.114	0.174	0.172	0.153	0.164	0.126	0.164			
21. <i>S.balcanica</i>	0.011 1	0.207	0.230	0.216	0.229	0.223	0.202	0.222	0.206	0.221	0.203	0.214	0.213	0.212	0.207	0.215	0.200	0.217	0.206	0.200	0.212		

3.3 稀有鳅的资源现状

在对河南省鱼类资源进行调查的期间,河南省鱼类资源调查队于南阳市多县,三门峡市卢氏县等地均采集到稀有鳅,数量较多,说明了该物种已经形成了种群,且分布于不同的水系.

在资源调查中我们于河南省多地发现稀有鳅的存在,说明稀有鳅适应了该地的生活环境并进行生长繁殖.另外,我们在采集过程中发现,活体鳅属鱼类身体具有斑纹,且有一定变异,体形修长,颜色较泥鳅等其他鳅科鱼类鲜艳,因此可发展为观赏性鱼类.在资源调查过程中,于南阳和三门峡发现稀有鳅,因此可增加该鱼类在河南省的资源现状和分布情况的调查,为种质资源保护与开发打下基础.

参 考 文 献

[1] CHEN Y, CHEN H, HE D, et al. Two new species of the genus *Cobitis* (Cypriniformes: Cobitidae) from South China[J]. Zoological Systematics, 2018, 43(2): 156-168.

[2] NALBANT T T. Some problems in the systematics of the genus *Cobitis* and its relatives (Pisces, Ostariophysi, Cobitidae)[J]. Rev. Roum. Biol. (Biol. Anim.), 1993, 38: 101-110.

[3] VASILEV V P, VASILEVA K D, OSINOV A. Evolution of a diploid-triploid-tetraploid complex in fishes of the genus *Cobitis* (Pisces, Cobitidae)[J]. Evolution and Ecology of Unisexual Vertebrates, 1989: 153-169.

[4] 聂国兴, 汪曦, 周传江, 等. 基于形态学和分子系统学数据分析河南省鱼类新纪录种—北鳅[J]. 河南师范大学学报(自然科学版), 2019, 47(5): 1-6.

NIE G X, WANG X, ZHOU C J, et al. Analysis of new fish record of *Lefua costata* in Henan province based on morphological and molecular systematic data[J]. Journal of Henan Normal University (Natural Science Edition), 2019, 47(5): 1-6.

[5] SWINDELL S R, PLASTERER T N. Seqman: contig assembly[J]. Methods in Molecular Biology, 1997, 70(6): 75-89.

[6] 陈毅峰, 陈咏霞. 中国鳅属鱼类的副性征、嘴氏斑纹和分类整理(鲤形目, 鳅科, 鳅亚科)[J]. 动物分类学报, 2005, 30(4): 647-658.

- CHEN Y F, CHEN Y X. Secondary sexual characters, pigmentary zones of Gambetta and taxonomical revision the genus *Cobitis* from China (Pisces, Cobitidae, Cobitinae) [J]. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 2005, 30(4): 647-658.
- [7] SLECHTOVÁ V, BOHLEN J, PERDICES A. Molecular phylogeny of the freshwater fish family Cobitidae (Cypriniformes: Teleostei): Delimitation of genera, mitochondrial introgression and evolution of sexual dimorphism [J]. *Molecular Phylogenetics & Evolution*, 2008, 47(2): 812-831.
- [8] ANBE L, PERDICE S, JOER G, et al. Molecular Evidence for Multiple Origins of the European Spined Loaches (Teleostei, Cobitidae) [J]. *Plos One*, 2016, 11(1): 1-16.
- [9] TANG Q, LIU H, MAYDEN R, et al. Comparison of evolutionary rates in the mitochondrial DNA cytochrome b gene and control region and their implications for phylogeny of the Cobitoidea (Teleostei: Cypriniformes) [J]. *Molecular Phylogenetics & Evolution*, 2006, 39(2): 347-357.
- [10] CHIANGT Y. Multiple factors have shaped the phylogeography of Chinese spiny loach *Cobitis sinensis* in Taiwan as inferred from mitochondrial DNA variation [J]. *Journal of Fish Biology*, 2010, 76(5): 1173-1189.
- [11] CHEN Y, CHEN Y, HE D K. *Cobitis australis*, a new species of spined loach (Osteichthyes, Cobitidae) from the Pearl River, Guangxi of China [J]. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 2013, 38(2): 377-387.
- [12] PERDICES A, VICTOR V, EKATERINA V. Molecular phylogeny and intraspecific structure of loaches (genera *Cobitis* and *Misgurnus*) from the Far East region of Russia and some conclusions on their systematics [J]. *Ichthyological Research*, 2012, 59(2): 113-123.
- [13] CHEN Y, CHEN Y. A new species of the genus *Cobitis* (Cypriniformes: Cobitidae) from the Northeast China [J]. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 2016, 41(4): 379-391.
- [14] CHEN Y, SUI X, LIANG N, et al. Two new species of the genus *Cobitis* Linnaeus (Teleostei: Cobitidae) from southern China [J]. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 2016, 34(3): 517-525.
- [15] CHEN Y, CHEN Y. Two new species of cobitid fish (Teleostei, Cobitidae) from the River Nanliu and the River Beiliu, China [J]. *Folia Zoologica*, 2011, 60(2): 143-152.
- [16] 陈咏霞, 陈毅峰, 何德奎. 中国广西壮族自治区珠江流域鳅属一新种 [J]. *动物分类学报*, 2013, 38(2): 377-387.
- CHEN Y X, CHEN Y F, HE D K, et al. A new species of spined loach (Osteichthyes, Cobitidae) from the pearl river, Guangxi Zhuang of China [J]. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 2013, 38(2): 377-387.
- [17] CHEN Y, SUI X, He D, et al. Three new species of cobitid fish genus *Cobitis* (Teleostei, Cobitidae) from the River Pearl basin of China [J]. *Folia Zoologica*, 2015, 64(1): 1-16.
- [18] CHEN Y, CHEN Y. Three new species of cobitid fish (Teleostei, Cobitidae) from the River Xinjiang and the River Le'anjiang, tributaries of Lake Poyang of China, with remarks on their classification [J]. *Folia Zoologica*, 2013, 62(2): 83-95.
- [19] 陈咏霞. 我国鳅属及其邻近属鱼类的分类学整理和分子进化 [D]. 武汉: 中国科学院研究生院(水生生物研究所), 2007.
- CHEN Y X. Taxonomic revision and molecular evolution of Chinese loaches of *Cobitis* and its related genera (Pisces: Cobitidae) [D]. Wuhan: Graduate school of Chinese academy of sciences (Institute of hydrobiology), 2007.
- [20] 浙江动物志委员会. 浙江动物志, 淡水鱼类 [M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1991: 144-145.
- Zhejiang zoology committee. *Zoology of Zhejiang, freshwater fishes* [M]. Hangzhou: Zhejiang science and technology press, 1991: 144-145.

A new record species of the genus Cobitidae in Henan Province—*Cobitis rara*

Zhou Chuanjiang¹, Yan Xuemeng¹, Ma Wenwen¹, Yang Changxing¹,
Zhang Qiaoge², Tang Yongtao¹, Meng Xiaolin¹, Zhang Jianxin¹, Nie Guoxing¹

(1. College of Fisheries, Engineering Technology Research Center of Henan Province for Aquatic Animal Cultivation, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China; 2. Aquatic Technology Extension Station of Wugang City, Pingdingshan 462500, China)

Abstract: Since 2016, Cobitidae fishes were collected during an investigation on fish resources in Nanyang city. These fishes were identified by using integrated application of traditional morphological data and molecular systematic method, and it was found that there was no record of the species in Henan Province. The specimens are stored in Fish Herbarium of College of Fisheries, Henan Normal University. In this paper, the main morphological characteristics, distribution area, resource status, living environment and living habits of the fish were analyzed.

Keywords: Cobitidae; new record; *Cobitis rara*; Henan province