

河南省蛇鮈属新纪录种——光唇蛇鮈

周传江,丁琪琪,李菊艳,汤永涛,刘如垚,聂国兴

(河南师范大学 水产学院;生命科学学院,河南 新乡 453007)

摘要:自 2012 年至 2021 年,河南省鱼类资源调查队对省内鱼类资源进行了全面系统调查.在整理标本期间,发现在黄河与淮河采集的多尾蛇鮈属鱼类与此前河南已有记录的蛇鮈(*Saurogobio dabryi*)和长蛇鮈(*Saurogobio dumerili*)形态明显不同.运用形态学和分子系统学的方法对其进行分类鉴定,发现其唇薄简单,不发达,上下唇均无明显乳突,其他可量和可数性状也完全符合光唇蛇鮈(*Saurogobio gymnocheilus*)的鉴别特征.此外,基于 *Cyt b* 序列的分子系统学分析也显示其与长江流域的光唇蛇鮈具有最近亲缘关系,遗传距离仅为 0.9%,应为同种,支持形态学鉴定结果.基于此,确定本次采集到的蛇鮈属鱼类为光唇蛇鮈,是河南省新纪录种,同时也是其在黄河流域和淮河流域分布的首次记录(此前记录仅在长江中上游分布).

关键词:光唇蛇鮈;河南省;形态学;分子系统学

中图分类号:Q959

文献标志码:A

为摸清河南省鱼类资源现状,河南师范大学水产学院自 2012 年至 2021 年开展了为期 10 a 的第 2 次系统全面的鱼类资源本底调查,共采集样点 2 600 余个,涵盖河南省 18 地市,108 个县.截至目前,已发现河南省鱼类新纪录种 20 个,如北鳅(*Lefua costata* Kessler)^[1]、汉水扁尾薄鳅(*Leptobotia hansuiensis* Fang et Xu)^[2]、无须鱈(*Acheilognathus gracilis* Nichols)^[3]等.

蛇鮈属(*Saurogobio* Bleeker, 1870)隶属于鲤科(Cyprinidae)鮈亚科(Gobioninae),俗称船钉子,体极细长,略呈圆筒形,吻部突出,口下位,喜栖于沙质河底^[4].根据文献[5—9],普遍认为我国蛇鮈属鱼类有 8 个有效种,包括长蛇鮈(*Saurogobio dumerili* Bleeker)、蛇鮈(*Saurogobio dabryi* Bleeker)、无斑蛇鮈(*Saurogobio immaculatus* Koller)、光唇蛇鮈(*Saurogobio gymnocheilus* Lo, Yao et Chen)、细尾蛇鮈(*Saurogobio gracilicauculatus* Yao et Yang)、湘江蛇鮈(*Saurogobio xiangjiangensis* Tang)、斑点蛇鮈(*Saurogobio punctatus* Tang, Li, Yu, Zhu, Ding, Liu et Danley),还有文献[10]发表的新种滑唇蛇鮈(*Saurogobio lissilabris* Bănărescu et Nalbant),该新种采集于湖南洞庭湖,滑唇蛇鮈与光唇蛇鮈形态很相似,上下唇都是光滑无乳突,且下唇后方均有肉质垫,但区别就在于前者后缘游离,分开成 2 片,而光唇蛇鮈后缘不游离.其中,蛇鮈和长蛇鮈分布最为广泛,除西部地区外,几乎遍布我国主要水系,而其他物种仅分布于长江及以南水系.同样,《河南鱼类志》^[11]记录也仅有蛇鮈和长蛇鮈 2 种蛇鮈属鱼类在河南省分布.

在整理河南省鱼类标本期间,发现在黄河流域和淮河流域采集的多尾蛇鮈属鱼类上下唇均无乳突,显著区别于之前记录的蛇鮈和长蛇鮈上下唇具明显乳突这一特征,应为蛇鮈属其他物种.本研究综合运用形态学

收稿日期:2022-09-25;**修回日期:**2023-02-27.

基金项目:国家自然科学基金(31872199;U2004146);河南省科技攻关重点项目(182102110046;182102110237);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(2019GGJS063);河南省水产学重点学科经费.

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—),男,河南长垣人,河南师范大学教授,博士,主要研究领域为水产动物营养与饲料学、渔业资源评估与利用, E-mail:niegx@htu.cn.

和分子系统学的方法对其进行物种鉴定,确定为光唇蛇鮈,为河南省鱼类新纪录种,同时也是在黄河流域和淮河流域分布的首次纪录,将之前仅在长江中上游分布的记录范围向北扩大了近 500 km.研究结果进一步丰富了河南省鱼类的物种多样性,同时为《河南鱼类志》第二版的修订提供基础数据.

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究材料来自于 2015 年和 2017 年分别采集的蛇鮈及 35 尾待鉴定蛇鮈属鱼类(附表 I),现场取其右侧胸鳍保存于 95%(体积分数)酒精中,用于提取基因组.而后将鱼体置于体积分数为 10%的甲醛溶液中固定,用于后期的形态测量.

1.2 形态测量与比较

使用电子数显游标卡尺(精度为 0.01 mm)测量 16 个形态学指标,分别为全长(TL)、体长(BL)、头长(HL)、体宽(BW)、体高(BD)、眼径(OD)、吻长(SNL)、眼间距(IW)、尾柄长(CPL)、尾柄高(CPD)、胸鳍长(PFL)、腹鳍长(PVL)、臀鳍长(AL)、背鳍长(DL)、腹鳍基末端至臀鳍基起点(PV)、腹鳍起点到肛门的距离(PA).另外,对侧线鳞数目和背鳍鳍式等可数性状进行计数,形态测量指标均参照文献[12]对于蛇鮈属鱼类的形态度量学研究;利用体视镜观察并拍摄口唇特征,记录体侧和各鳍的体色及斑纹.获得所有数据后,查阅文献[5]蛇鮈属检索表,详细对照各物种的形态描述进行物种鉴定.

1.3 基因组提取、Cyt b 基因扩增与测序

分别选取黄河水系和淮河水系的蛇鮈及待鉴定蛇鮈样品各 3 条,取约 0.01 g 酒精浸泡的鳍条,采用高盐法^[13]提取基因组 DNA,操作步骤如下:组织中加入 DNA 提取液(0.5 mol/L EDTA,1 mol/L Tris-HCl,5%体积分数的 SDS)以及蛋白酶 K(10 mg/mL)溶液在 56 ℃水浴锅中将其消化;用三氯甲烷抽提 2 次取其上清液;上清液加-20 ℃冰预冷的异丙醇进行沉淀;弃去异丙醇废液后使用 70%(体积分数)冷乙醇对沉淀进行 2 次漂洗;等待沉淀干燥后加入 20 μL 双蒸水进行溶解.

利用引物 L14724(5'-GACTTGAAAAACCAACCGTTG-3')和 H15915(5'-CTCCGATCTCCGGATTA-CAAGAC-3')扩增线粒体 Cyt b 基因^[14],PCR 反应体系为 30 μL,包含 2×San Taq Master Mix 15 μL,正反向引物各 0.5 μL(10 μmol/L),DNA 模板 1 μL(约 100 ng),无菌双蒸水 13 μL.PCR 反应程序为:94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 30 s,54 ℃退火 35 s,72 ℃延伸 70 s,进行 35 次循环;72 ℃终延伸 10 min,4 ℃保存.PCR 产物经质量分数 1%的琼脂糖凝胶电泳检测合格后送至上海生工生物工程有限公司进行双向测序,测序引物同 PCR 引物.

1.4 分子系统学分析

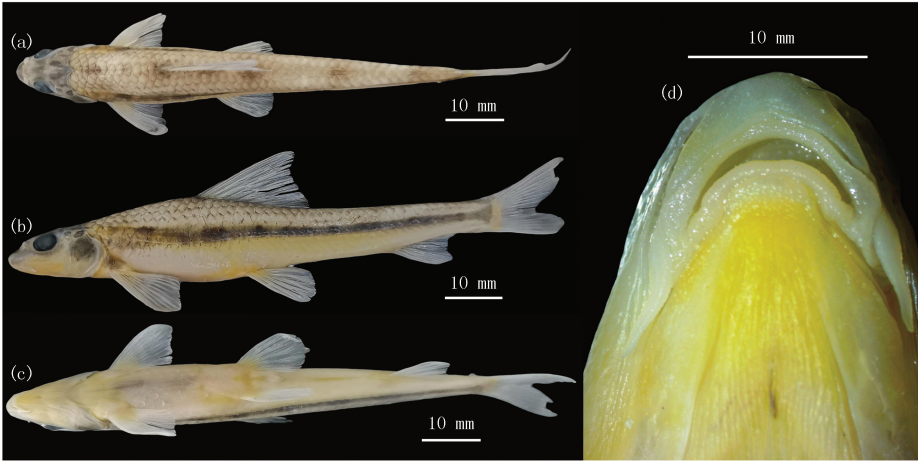
经测序获得的 DNA 序列采用 Lasergene v7.1 软件包中的 SeqMan 软件^[15]进行人工核查、校正及组装拼接.从 NCBI 数据库下载蛇鮈属及似鮈(*Pseudogobio vaillanti*)(用作外类群)的 Cyt b 序列(附表 II).使用 BioEdit 软件^[16]对拼接完成的序列进行多重比对分析,裁剪切掉冗余片段后获得一致序列.使用 MEGA 7.0 软件^[17]分别计算比对完成序列的序列基本特征参数.用 Phylosuite 软件^[18]选择最适替代模型为 GTR+I+G,在线网站 CIPRES Sciense gateway(<http://www.phylo.org/>)使用 RAxML-HPC BlackBox^[19]方法构建 ML 系统发育树,系统发育树节点的置信度利用 Bootstrap 检验,重复次数为 1 000.以物种划分组别,并且将河南省待鉴定蛇鮈和蛇鮈也划分为 2 个组,在 MEGA 7.0 软件中计算组间遗传距离.

2 结 果

2.1 待鉴定蛇鮈形态学特征

本研究测量的 35 尾待鉴定蛇鮈主要形态学特征如下:侧线鳞数目为 42~43;背鳍鳍式 iii-7;体长为体高 5.3~7.3 倍;体长为头长 4.2~5.9 倍;体长为尾柄长 6.3~8.3 倍;体长为尾柄高 12.8~17.5 倍;头长为吻长 2.3~3.8 倍;头长为眼径 2.6~4.8 倍;尾柄长为尾柄高的 1.7~2.5 倍(附表 III).经观测河南省待鉴定蛇鮈吻

部较短,鼻孔的前方未有显著的凹陷;唇部较薄,借助显微镜观察到有极其细微的小颗粒乳突存在于上下唇,在下唇前部中央位置有 1 个椭圆形的光滑肉垫,后缘不游离(图 1(d));背鳍无硬刺,胸鳍基部前仅有少数鳞片;鱼体背部呈灰黑色,在体侧中轴线上有 1 条浅黑色的纵纹,上面有 12 或 13 个黑色斑块(图 1(b)).这些特征指标均符合《中国动物志》^[5]对光唇蛇鮈的描述.此外,同样点采集的蛇鮈上下唇均具明显乳突(图 2(d)),与待鉴定蛇鮈明显不同.



(a) 背视图; (b) 侧视图; (c) 俯视图; (d) 吻部特征.

图1 待鉴定蛇鮈的主要形态鉴别特征(甲醛浸泡标本)

Fig.1 The main morphological identification characteristics of *Saurogobio* species need to be identified(specimens soaked in formalin solution)



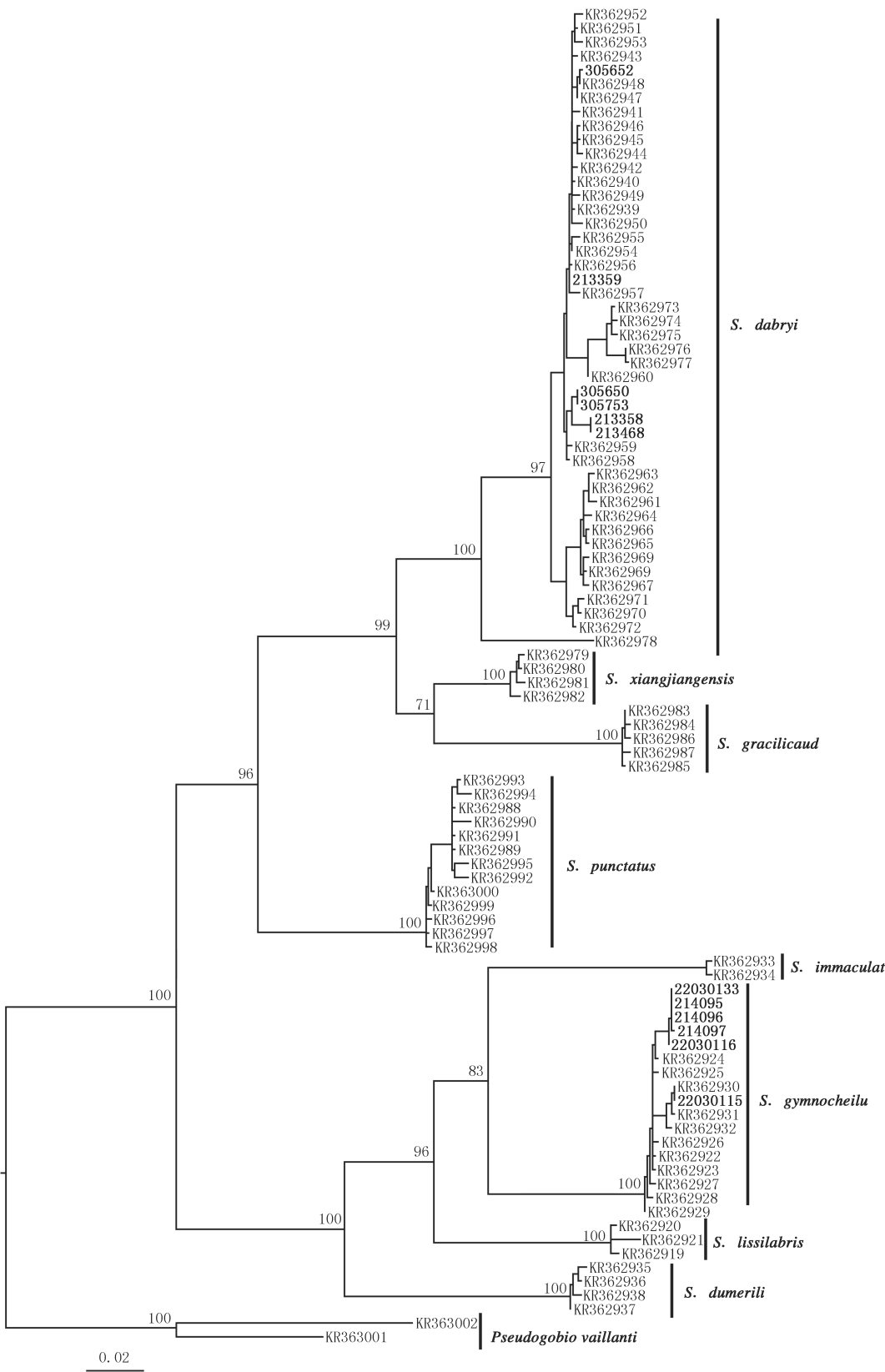
(a) 背视图; (b) 侧视图; (c) 俯视图; (d) 吻部特征.

图2 蛇鮈的主要形态鉴别特征(甲醛浸泡标本)

Fig.2 The main morphological identification characteristics of *S. dabryi*(specimens soaked in formalin solution)

2.2 Cyt b 基因分析及系统进化关系

通过 PCR 扩增实验,共获得蛇鮈和待鉴定蛇鮈各 6 条 Cyt b 序列.将从 NCBI 数据库中下载的近缘种 Cyt b 序列和本实验中所获得的序列进行比对后,获得长度 1 100 bp 的一致序列.系统发育结果显示(图 3),本研究待鉴定蛇鮈序列与数据库中下载的光唇蛇鮈序列聚为一支,本研究蛇鮈序列与数据库中下载的蛇鮈序列聚为一支,均形成单系群.组间遗传距离分析显示,河南省待鉴定蛇鮈与 NCBI 数据库中光唇蛇鮈组间距离仅为0.9%,河南省蛇鮈与 NCBI 数据库中蛇鮈的组间遗传距离 1.6%,而其余各物种间的遗传距离均大于8.0%(表 1).



加粗字体登录号为本研究所涉及的样品。

图3 基于Cyt b序列构建的的蛇鮈属鱼类最大似然法(ML)系统发育关系

Fig.3 Species phylogenetic relationships of *Saurogobio* genus based on the *Cyt b* sequences constructed by ML method

表 1 基于线粒体 Cyt b 序列计算的蛇鮈属种间遗传距离

Tab.1 The genetic distance between different species of genus *Saurogobio* based on the mitochondrial Cyt b sequence

序号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1										
2	0.108									
3	0.136	0.117								
4	0.132	0.134	0.137							
5	0.162	0.172	0.180	0.154						
6	0.158	0.156	0.177	0.151	0.086					
7	0.169	0.164	0.190	0.153	0.113	0.080				
8	0.162	0.155	0.185	0.150	0.125	0.116	0.136			
9	0.164	0.171	0.176	0.154	0.016	0.088	0.116	0.126		
10	0.109	0.009	0.117	0.134	0.177	0.158	0.169	0.154	0.176	

注:表中的序号 1~10 分别为滑唇蛇鮈(*S. lissilabris*)、光唇蛇鮈(*S. gymnocheilus*)、无斑蛇鮈(*S. immaculatus*)、长蛇鮈(*S. dumerili*)、蛇鮈(*S. dabryi*)、湘江蛇鮈(*S. xiangjiangensis*)、细尾蛇鮈(*S. gracilicaudatus*)、斑点蛇鮈(*S. punctatus*)、蛇鮈(*S. dabryi*, 本研究)、待鉴定蛇鮈(本研究)。

3 讨 论

3.1 光唇蛇鮈物种的确定

蛇鮈属自建立以来,已描述 18 个物种,经过多次分类学修订,目前仅有 8 个有效种,其中仅滑唇蛇鮈与光唇蛇鮈唇部无明显乳突,其余物种均具有明显乳突.本实验获得的待鉴定蛇鮈与河南省此前记录的蛇鮈和长蛇鮈口唇结构明显不同,其唇薄简单,不发达,上下唇均无明显乳突(图 1 和图 2);滑唇蛇鮈与光唇蛇鮈形态也很相似,但区别在于下唇形态,前者后缘游离,分开成 2 片,而光唇蛇鮈后缘不游离,与本实验获得的待鉴定蛇鮈一致(图 1)。

将待鉴定蛇鮈与《中国动物志》^[5]所记载的光唇蛇鮈的主要形态学特征进行比较,具体如下:侧线鳞数目为 42~43(vs 40~45)(括号内为《中国动物志》^[5]数据,下同);背鳍鳍式 iii-7(vs iii-7);体长为体高 5.3~7.3 倍(vs 5.0~6.9);体长为头长 4.2~5.9 倍(vs 4.5~5.1);体长为尾柄长 6.3~8.3 倍(vs 6.0~7.3);体长为尾柄高 12.8~17.5 倍(vs 12.0~15.0);头长为吻长 2.3~3.8 倍(vs 2.7~3.3);头长为眼径 2.6~4.8 倍(vs 3.7~4.5);尾柄长为尾柄高的 1.7~2.5 倍(vs 2.0~2.7).待鉴定蛇鮈与《中国动物志》^[5]对光唇蛇鮈各项形态指标描述基本一致,仅个别可量性状有所差异^[20].本研究河南省待鉴定蛇鮈为黄河和淮河种群,与长江种群个体有所差异也属正常.系统发育结果显示,河南省待鉴定蛇鮈序列与 NCBI 数据库中光唇蛇鮈序列聚为一支,构成单系群(图 3),且二者遗传距离也仅为 0.9%(表 1),远达不到种间水平^[21].因此,综合形态和分子系统学的结果,确定河南省待鉴定蛇鮈为光唇蛇鮈。

3.2 光唇蛇鮈的分布范围及生境情况

光唇蛇鮈之前的分布记录仅在长江中上游,本研究发现其在黄河流域和淮河流域亦有分布,且是首次报道,将其分布范围向北扩大了近 500 km.但其在黄河和淮河的详细资源分布并不清楚,需要后续进一步针对性调查.据河南省鱼类资源队采样过程中的观察,光唇蛇鮈仅栖息于沙质底河流的缓流处,且呈非连续分布,其对水质和溶氧要求较高,短时间离开水极易发生死亡。

3.3 光唇蛇鮈的资源现状及保护

在调查过程中发现,光唇蛇鮈在所有渔获物中占比较少,属少见鱼类,且呈不连续分布.另外,相比较文献^[5]的记载,本研究采集到的个体普遍偏小.近些年来,水体污染、过度捕捞、非法采沙等因素对光唇蛇鮈影响较大.从对光唇蛇鮈资源合理开发利用的角度综合考虑,建议以下资源保护举措:(1)光唇蛇鮈在我省仅黄河流域和淮河流域有零星分布,应进一步加大对两水系生态环境的保护力度,建立种质资源保护区;(2)对其繁殖生物学、摄食生态学等方面开展基础研究,广泛调查两水系的生物资源量及其栖息地的生态环境,探索限制其扩散和分布的关键因素,而后通过进行人工增殖放流补充其种群数量;(3)开发并利用更多的分子标记对其遗传多样性、分布格局、演化历史开展详细研究,积累全面的种质资源数据。

附 录

附表 I ~ III 见电子版(DOI:10.16366/j.cnki.1000-2367.2023.06.015).

参 考 文 献

[1] 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.

[2] 孟晓林,刘如垚,周传江,等.河南省鱼类新纪录种:汉水扁尾薄鳅[J].河南师范大学学报(自然科学版),2020,48(3):118-124.
MENG X L,LIU R Y,ZHOU C J,et al.A new record species of fish in Henan—*Leptobotia hansuiensis*[J].Journal of Henan Normal University(Natural Science Edition),2020,48(3):118-124.

[3] 周传江,陈欣,刘如垚,等.河南省鱼类新纪录种:无须鱈[J].河南师范大学学报(自然科学版),2021,49(3):110-115.
ZHOU C J,CHEN X,LIU R Y,et al.A new record species of fish in Henan Province—*Acheilognathus gracilis*[J].Journal of Henan Normal University(Natural Science Edition),2021,49(3):110-115.

[4] 伍献文.中国鲤科鱼类志:上卷[M].上海:上海科学技术出版社,1964.

[5] 中国科学院中国动物志编辑委员会,陈宜瑜.中国动物志.硬骨鱼纲.鲤形目.中卷[M].北京:科学出版社,1998.

[6] 张春光.中国内陆鱼类物种与分布[M].北京:北京科学技术出版社,1994.

[7] DAI Z Y,ZHANG E,JIANG Z G,et al.Redescription of the gudgeon species *Saurogobio gracilicaudatus* Yao & Yang in Luo, Yue & Chen,1977(Teleostei: Cyprinidae) from the Chang-Jiang Basin, South China, with a note on its generic classification[J].Zootaxa,2014,3847(2):283-291.

[8] TANG J H.Two new species of cyprinid fishes of the subfamily Gobioninae from China[J].Acta Zootaxonomica Sinica,1980,5(4):436-439.

[9] TANG Q Y,LI X B,YU D,et al.*Saurogobio punctatus* sp. nov., a new cyprinid gudgeon(Teleostei: Cypriniformes) from the Yangtze River, based on both morphological and molecular data[J].Journal of Fish Biology,2018,92(2):347-364.

[10] BANARESCU P,NALBANT T N.Pisces, Teleostei(Gobionidae/Gobioninae)[J].1973,93:304.

[11] 新乡师范学院生物系鱼类志编写组.河南鱼类志[M].郑州:河南科学技术出版社,1984.

[12] 杨秀平,张敏莹,刘焕章.蛇鮈属鱼类的形态度量学研究[J].水生生物学报,2003,27(2):164-169.
YANG X P,ZHANG M Y,LIU H Z.Studies on morphometrics of the genus saurogobio[J].Acta Hydrobiologica Sinica,2003,27(2):164-169.

[13] MURRAY M G,THOMPSON W F.Rapid isolation of high molecular weight plant DNA[J].Nucleic Acids Research,1980,8(19):4321-4325.

[14] XIAO W,ZHANG Y,LIU H.Molecular systematics of Xenocyprinae(Teleostei: Cyprinidae): taxonomy, biogeography, and coevolution of a special group restricted in East Asia[J].Molecular Phylogenetics and Evolution,2001,18(2):163-173.

[15] SWINDELL S R,PLASTERER T N.SEQMAN.contig assembly[J].Methods in Molecular Biology,1997,70:75-89.

[16] TIPPMANN H F.Analysis for free: comparing programs for sequence analysis[J].Briefings in Bioinformatics,2004,5(1):82-87.

[17] KUMAR S,STECHER G,TAMURA K.MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets[J].Molecular Biology and Evolution,2016,33(7):1870-1874.

[18] ZHANG D,GAO F L,JAKOVLIĆ I,et al.PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies[J].Molecular Ecology Resources,2020,20(1):348-355.

[19] STAMATAKIS A.RAxML-VI-HPc: maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models[J].Bioinformatics,2006,22(21):2688-2690.

[20] 杨金权.鮡亚科鱼类分子系统发育、演化过程及生物地理学研究[D].武汉:中国科学院水生生物研究所,2005.
YANG J Q.Molecular phylogeny, evolutionary process and biogeographical study of the subfamily Gobioninae[D].Wuhan: Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences,2005.

[21] ARIF I A,KHAN H A,BAHKALI A H,et al.DNA marker technology for wildlife conservation[J].Saudi Journal of Biological Sciences,2011,18(3):219-225.

附表 I 本研究中所采集的样本信息 Attached tab. I Sample information collected in this study			
水系	地点	样本情况	生境情况
黄河水系	河南省焦作市武陟县嘉应观乡秦厂村黄河干流	蛇鮈;待鉴定蛇鮈(10 尾)	沙质底河流
黄河水系	河南省郑州市中牟县万滩镇黄河干流	蛇鮈;待鉴定蛇鮈(10 尾)	沙质底河流
淮河水系	河南省信阳市固始县陈淋子镇土门岭村史河	蛇鮈;待鉴定蛇鮈(15 尾)	沙质底河流

附表 II 本研究中所用的 <i>Cyt b</i> 序列信息 Attached tab. II Information of <i>Cyt b</i> sequences used in this study			
序号	样品名称	NCBI 登录号或样品编号	数据来源
1	滑唇蛇鮈 <i>S. lissilabris</i>	KR362919~KR362921	文献[10]
2	光唇蛇鮈 <i>S. gymnocheilus</i>	KR362922~KR362924,KR362929~KR362930	文献[10]
3	无斑蛇鮈 <i>S. immaculatus</i>	KR362933~KR362934	文献[10]
4	长蛇鮈 <i>S. dumerili</i>	KR362935~KR362938	文献[10]
5	蛇鮈 <i>S. dabryi</i>	KR362939~KR362943	文献[10]
6	湘江蛇鮈 <i>S. xiangjiangensis</i>	KR362979~KR362982	文献[10]
7	细尾蛇鮈 <i>S. gracilicaudatus</i>	KR362983~KR362987	文献[10]
8	斑点蛇鮈 <i>S. punctatus</i>	KR362988~KR362992	文献[10]
9	蛇鮈 <i>S. dabryi</i>	淮河水系:305650,305652,305753 黄河水系:213358,213359,213468	本研究
10	待鉴定蛇鮈	淮河水系:2203015,22030116,22030133 黄河水系:214095,214096,214097	本研究
11	似鮈 <i>Pseudogobio vaillanti</i>	KR363001~KR363002	文献[10]

附表 Ⅲ 待鉴定蛇鮈形态学测量数据					
Attached tab. Ⅲ Morphological measurement data of <i>Saurogobio</i> species need to be identified					mm
测量指标	平均值±标准差		测量指标	平均值±标准差	
	黄河水系(<i>n</i> =20)	淮河水系(<i>n</i> =15)		黄河水系(<i>n</i> =20)	淮河水系(<i>n</i> =15)
TL	92.50±10.85	108.25±18.99	PFL	13.85±2.79	14.11±2.29
BL	76.84±7.63	91.15±14.78	PVL	11.91±1.46	12.71±2.05
BD	12.51±2.07	14.23±3.06	AL	11.82±2.08	13.07±2.01
BW	9.34±1.21	11.32±2.11	PV	4.63±1.07	5.93±1.17
HL	16.83±2.34	17.22±2.68	TL/BL	1.20±0.04	1.19±0.02
SNL	6.52±1.35	5.61±1.29	HL/BL	0.22±0.01	0.19±0.01
PV	18.96±1.35	24.10±5.48	CPL/BL	0.14±0.01	0.14±0.01
OD	4.39±0.53	5.36±1.05	CPD/BL	0.07±0.01	0.07±0.01
IW	6.92±1.44	8.06±1.84	CPD/CPL	0.49±0.06	0.51±0.05
CPL	11.06±1.90	12.69±2.44	SNL/HL	0.39±0.04	0.32±0.03
CPD	5.31±0.61	6.37±1.10	OD/HL	0.26±0.03	0.31±0.04
DL	17.06±2.27	18.72±3.07			

注:全长 TL,体长 BL,体高 BD,体宽 BW,头长 HL,吻长 SNL,腹鳍基末端至臀鳍基起点 PV,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,腹鳍起点到肛门的距离 PA.