

基于线粒体 *COI* 基因序列探讨泥蚶的遗传分化

郑文娟¹, 朱世华^{1,2,*}, 沈锡权², 刘必谦¹, 潘志崇², 叶央芳¹

(1. 宁波大学 应用海洋生物技术教育部重点实验室, 浙江 宁波 315211;
2. 宁波大学 生命科学与生物工程学院生物系, 浙江 宁波 315211)

摘要: 采用 PCR 技术对我国沿海地区 7 个泥蚶群体的线粒体 *COI* 基因部分序列进行了测定和遗传分析。在来自 7 个群体的 38 个泥蚶样本均得到 660bp 的 *COI* 基因片段序列, 共 103 个多态位点, 组成 17 种单倍型; 数据分析表明: 7 个群体形成了二大类群: 福建以北(包括福建)的 5 个群体(江苏盐城、浙江奉化、浙江乐清养殖和自然群体、福建福鼎)形成一个类群, 类群内的遗传距离为 0.0016; 福建以南的类群(广东湛江、海南海口)形成一个类群, 遗传距离为 0.0006; 二个类群之间的遗传距离为 0.1529, 表现为高度的分化。因此我国沿海泥蚶已分化形成福建以南和以北二大类群, 二大类群之间的遗传分化已达到亚种水平。

关键词: 泥蚶; *COI* 基因; 遗传多样性; 遗传分化

中图分类号: Q349.5; Q959.215 文献标识码: A 文章编号: 0254-5853(2009)01-0017-07

Genetic Differentiation of *Tegillarca granosa* Based on Mitochondrial *COI* Gene Sequences

ZHENG Wen-juan¹, ZHU Shi-hua^{1,2,*}, SHEN Xi-quan²,
LIU Bi-qian¹, PAN Zhi-chong², YE Yang-fang¹

(1. Department of Biology, Faculty of Life Science and Biotechnology, Ningbo University, Ningbo Zhejiang 315211, China;

2. Key Laboratory of Applied Marine Biotechnology, Ministry of Education, Ningbo University, Ningbo Zhejiang 315211, China)

Abstract: Partial sequences of the mitochondrial DNA cytochrome c oxidase subunit I gene (*COI*) of seven *Tegillarca granosa* populations, which were collected from China's coastal areas, were amplified by polymerase chain reaction (PCR). The length of *COI* gene of 38 *Tegillarca granosa* individuals from seven populations was all 660bp. One hundred and three variable sites were detected in the nucleotide sequences of 660 bp, and 17 different haplotypes were identified. The result showed that the seven populations could be divided into two groups based on the the genetic distance and phylogenetic analysis of their *COI* gene sequences. The two groups were classified as Group in the Northern Fujian (including Fujian) and Group in the Southern Fujian. Group in the Northern Fujian was composed of five populations and the genetic distance was 0.0016. Group in the Southern Fujian was composed of two populations and the genetic distance was 0.0006. However, the genetic distance between the two groups was significantly high (0.1529), which suggested significant genetic differentiation between the two groups. It suggested that Group in the North of Fujian (including Fujian) and Group in the South of Fujian should be the same species, but they were different subspecies.

Key words: *Tegillarca granosa*; *COI* gene; Genetic diversity; Genetic differentiation

泥蚶 (*Tegillarca granosa*) 俗称血蚶、粒蚶、花蚶等, 属软体动物门 (Mollusca) 瓣鳃纲 (Lamellibranchia) 列齿目 (Taxodonta) 蚶科 (Arcidae), 是一种栖息于沿海滩涂的广温性双壳

贝类, 在我国主要分布于山东、江苏、浙江、福建、广东等地, 是南方沿海地区的主要经济养殖贝类之一。通过对我国沿海地区泥蚶的不同地理种群形态差异、同工酶和 RAPD 等遗传多样性的研究, 发

收稿日期: 2008-09-03; 接受日期: 2008-12-18

基金项目: 浙江省教育厅资助项目(20000008)

*通讯作者: 朱世华, 男, 浙江鄞州人, 博士, 教授, 主要从事遗传学研究, zhushihua@nbu.edu.cn

第一作者简介: 郑文娟 (1982-), 女, 宁波大学生命科学与生物工程学院, 硕士, 主要从事鱼类分子遗传的研究, 现工作单位为浙江江南生物科技有限公司, E-mail: zhengwj37965@126.com

现福建以北(包括福建,下同)泥蚶和福建以南的广东沿海地区的泥蚶存在明显的遗传分化,我国及周边海域的泥蚶群体可分为两大类群(Li et al, 2003a; Zhang et al, 2004; Lǔ et al, 2005),两类群间的纬度分界点在福建广东两省之间,以海域位置划分,在东海和南海的分界线上,两类群间的不同群体间遗传距离较大,而两类群内部群体间的遗传距离较近(Li et al, 2003a; Lǔ et al, 2005)。但对于福建以北和福建以南这二个泥蚶类群的分类地位没有得到明确的解决,是作为二个不同种还是亚种,或仅仅是不同地理种群间差异需要进一步的实验依据来探讨和确定。

线粒体 DNA (Mitochondrial DNA, mtDNA) 作为分子遗传标记已成为分子系统学研究中很好的方法(Miya et al, 2003),其中 *COI* 基因在脊椎动物和无脊椎动物的系统分类、种类鉴别、群体的遗传多样性和分子进化学研究中得到广泛应用(Medina & Walsh, 2000; Kong et al, 2001a; Donald et al, 2005)。本研究采集了我国东南沿海地区的 7 个地理群体泥蚶,通过 *COI* 基因部分序列的测定,进行了遗传分析和分子系统树的构建。

1 材料和方法

1.1 材料来源

实验样品采集了江苏盐城养殖群体、浙江奉化养殖群体、浙江乐清养殖群体和自然群体、福建福鼎养殖群体、广东湛江养殖群体、海南海口养殖群体共 7 个群体,样品采集后活体运回,立即解剖,取斧足肌肉保存于 95% 的酒精中。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取和 PCR 扩增 每个泥蚶群体随机选取 4—6 个样本,每个样本取 0.1g 保存于 95% 酒精的肌肉组织,基因组 DNA 提取采用苯酚/氯仿抽提法(Zhu et al, 2006)。

用于 *COI* 基因片段扩增的引物为: *COI* L1490 (5'-GGTCAACAAATCAT AAAGATAT TGG-3') 和 *COI* H2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGA-CCAAAAATCA-3') (Folmer et al, 1994; Hafner et al, 1994)。反应的模板 DNA 约为 100ng,反应体系总体积为 50 μ L,其中 10 \times Ex Taq Buffer 5 μ L, dNTPs 2 μ L (各 2.5mmol/L),引物各 1 μ L (20 μ mol/L), Ex Taq 酶 0.4 μ L (2U)。PCR 反应条件为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 4min; 94 $^{\circ}$ C 变性 45s, 54 $^{\circ}$ C 退火 45s,

72 $^{\circ}$ C 延伸 1min, 35 个循环,最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10min。每次反应设立不含 DNA 模板的空白对照,扩增产物经 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测。

PCR 产物电泳割胶回收,经凝胶纯化试剂盒纯化,与 pUCm-T 载体(上海生工)连接,转化感受态细胞 DH5 α , 筛选阳性克隆子,提取克隆质粒,用 M13 引物在自动测序仪(Applied Biosystems 3730, 上海英俊)正反双向测序,以保证所测序列的准确性。

1.2.2 序列分析 测序后的序列,删除引物序列,*COI* 基因序列片段分别用 MEGA 3.0 软件中的 CLUSTAL 比对(Kumar et al, 2004),生成供系统发育分析的矩阵。利用 DnaSP 4.10.7 软件分析泥蚶群体的遗传多样性参数(Rozas et al, 2003),MEGA 3.0 软件分析泥蚶群体间的遗传距离(Kumar et al, 2004)。系统分析采用 *COI* 基因序列生成的系统发育分析的矩阵,使用软件包 PAUP 4.0b10(Swofford, 2003),所有数据均未加权,基于 Kimura 2-parameter 遗传距离,用 UPGMA 法构建系统分子树。系统树分支的置信度采用重复抽样分析(bootstrap analysis)的方法,重复抽样的次数为 1000 次。

2 结果

2.1 泥蚶群体 *COI* 基因部分序列特征

2.1.1 泥蚶群体 *COI* 基因部分序列碱基组成 *COI* 基因片段经 PCR 扩增、回收、克隆、测序,删除引物序列,38 个泥蚶样本均得到 660bp 的 *COI* 基因片段序列,没有发现碱基的插入和缺失。用 MEGA 3.0 软件计算泥蚶群体 *COI* 基因片段序列碱基组成,在所得到的 *COI* 基因片段序列中, T, C, A 和 G 碱基平均含量在江苏盐城、浙江奉化、浙江乐清自然群体、浙江乐清、福建福鼎这 5 个群体的碱基组成差异不大,广东湛江和海南海口这 2 个群体间的碱基组成比较一致,但前 5 个群体与后 2 个群体的碱基组成有明显的差异(表 1),广东湛江和海南海口这 2 个群体的 A 和 T 碱基含量相对较高。但所有群体的碱基组成中 A+T 的含量都显著高于 G+C 含量,这一模式与其他无脊椎动物的 *COI* 基因相似(Medina & Walsh, 2000; Harrison, 2004)。

2.1.2 泥蚶群体 *COI* 基因片段的遗传多样性 利用 Dna SP 4.10.7 软件分析泥蚶群体 *COI* 基因片段的遗传多样性参数(见表 2)。在 38 个泥蚶样本中,660bp 的 *COI* 基因片段序列有 103 个多态位点

(15.61%) (见表 3), 福建以北 (江苏盐城、浙江奉化、浙江乐清养殖和自然群体、福建福鼎) 的群体间序列差异较小, 福建以南 (广东湛江、海南海口) 种群间的序列差异也较小, 但福建以南和福建以北的群体间序列差异较大, 已呈现为福建以南和福建以北泥蚶为二大类群。103 个多态位点构成了 17 个单倍型 (表 2), 其中福建以北的类群以单倍型 G1 为主 (35.49%), 福建以南的类群以单倍型 G15 为主 (21.05%), 总群体的平均核苷酸差异为 36.246, 核苷酸多样性指数为 0.0549。其中江苏盐城群体中的单倍型数目、平均核苷酸差异、核苷酸

多样性指数在 7 个群体中是最高的, 其次是奉化群体, 乐清的养殖群体和自然群体的遗传多样性参数差异不大, 而广东湛江群体的各项遗传多样性参数最低 (表 3)。对福建以北 (江苏盐城、浙江奉化、浙江乐清养殖和自然群体、福建福鼎) 和福建以南 (广东湛江、海南海口) 二个类群遗传多样性分析, 福建以北类群中多态位点为 15, 平均核苷酸差异数为 1.071, 核苷酸多样性指数为 0.0016, 福建以南类群中多态位点为 2, 平均核苷酸差异数为 0.400, 核苷酸多样性指数为 0.0006。因此总群体极高的多态位点 (103)、平均核苷酸差异数 (36.246) 和核

表 1 泥蚶群体 COI 基因片段序列碱基组成

Tab. 1 Percentage of base composition of partial COI gene sequences in seven *Tegillarca granosa* populations

群体 Population	样本数目 Sample number	T%	C%	A%	G%	A+T%
YC	6	40.4	14.7	20.6	24.3	61.0
FH	6	40.5	14.7	20.5	24.3	61.0
YQC	6	40.4	14.7	20.6	24.3	61.0
YQW	6	40.5	14.7	20.3	24.5	60.8
FD	4	40.4	14.8	20.6	24.2	61.0
ZJ	6	40.9	15.0	21.2	22.9	62.1
HK	4	40.9	15.0	21.2	22.9	62.1

YC: 江苏盐城养殖群体(Yancheng population of Jiangsu province); FH: 浙江奉化养殖群体(Fenghua population of Zhejiang province); YQC: 浙江乐清养殖群体(Yueqing culture population of Zhejiang province); YQW: 浙江乐清自然群体(Yueqing wild population of Zhejiang province); FD: 福建福鼎养殖群体(Fuding population of Fujian province); ZJ: 广东湛江养殖群体(Zhanjiang population of Guangdong province); HK: 海南海口养殖群体(Haikou population of Hainan province)。

表 2 泥蚶群体 COI 基因片段的遗传多样性参数

Tab. 2 Genetic diversity parameters of partial COI gene in *Tegillarca granosa* populations

类群 Group	群体 Population	样本数目 Sample number	单倍型类型(数目) Haplotype (number)	单倍型数 (h)	单倍型多样性 (Hd)	多态位点(S)	平均核苷酸差异数 (k)	核苷酸多样性指数 (Pi)
GNF		28		14	0.722	15	1.071	0.0016
	YC	6	G1(1) G2(1) G3(1) G4(1) G5(1) G6(1)	6	1.000	5	1.667	0.0025
	FH	6	G1(3) G7(1) G8(1) G9(1)	4	0.800	3	1.000	0.0015
	YQC	6	G1(4) G10(1) G11(1)	3	0.600	3	1.000	0.0015
	YQW	6	G1(4) G12(1) G13(1)	3	0.600	1	0.500	0.0015
	FD	4	G1(3) G14(1)	2	0.500	1	0.500	0.0008
GSF		10		3	0.378	2	0.400	0.0006
	ZJ	6	G15(5) G16(1)	2	0.333	1	0.333	0.0005
	HK	4	G15(3) G17(7)	2	0.500	1	0.500	0.0008
	Total	38	17(38)	17	0.811	103	36.246	0.0549

h: 单倍型数(Number of haplotypes), Hd: 单倍型多样性(Haplotype diversity), S: 多态位点(Number of polymorphic sites), k: 平均核苷酸差异数(Average number of nucleotide differences), Pi: 核苷酸多样性指数(Nucleotide diversity)。

GNF: 福建以北类群 (Group on the north of Fujian province); GSF: 福建以南类群 (Group on the south of Fujian province); YC: 江苏盐城养殖群体 (Yancheng population of Jiangsu province); FH: 浙江奉化养殖群体(Fenghua population of Zhejiang province); YQC: 浙江乐清养殖群体(Yueqing culture population of Zhejiang province); YQW: 浙江乐清自然群体(Yueqing wild population of Zhejiang province); FD: 福建福鼎养殖群体(Fuding population of Fujian province); ZJ: 广东湛江养殖群体(Zhanjiang population of Guangdong province); HK: 海南海口养殖群体(Haikou population of Hainan province)。

表 3 泥蚶群体 COI 基因序列多态性核苷酸位点及各单倍型
 Tab. 3 Variation sites in COI gene sequences and haplotypes in seven *Tegillarca granosa* populations

单倍型		变异位点														登录号	
数目 (%)		Variable sites in sequences															
Haplotype	Number (%)	000000000	001111111	111111122	222222222	222223333	333333333	333444444	444444555	555555555	555666666	666	GenBank				
													accession number				
G1	15 (39.47)	AAAGGGACAA	GGGATGATG	GGGTGGTAGT	TAGTTCITTG	GTGATACAIG	GCTTCATCTA	CACAATGAAG	TACCGGGAAA	GCGAGGGAGA	CCTCCGGTGT	GAG	EF583525				
G2	1 (2.63)	C.....	EF583532				
G3	1 (2.63)	C.....	EF583533				
G4	1 (2.63)	A.....	EF583534				
G5	1 (2.63)	G.....	EF583535				
G6	1 (2.63)	T.....	EF583536				
G7	1 (2.63)	G.....	EF583526				
G8	1 (2.63)	C.....	EF583527				
G9	1 (2.63)	T.....	EF583524				
G10	1 (2.63)	A.....	G.....	EF583538				
G11	1 (2.63)	G.....	EF583537				
G12	1 (2.63)	A.....	EF583539				
G13	1 (2.63)	G.....	G.....	EF583540				
G14	1 (2.63)	C.....	EF583528				
G15	8 (21.05)	TGGAAA	TGG ATATG	AGCA AA	TACGA G	AATCCCT	ACATGGG	GC TTCCTGC	C	TGTGG	TGGT	T	AAAGGG	ATACCTATAC	TTC TGAGAAG	AGA	EF583529
G16	1 (2.63)	TGGAAA	TGG ATATG	AGCA AA	TACGA G	AATCCCT	ACATGGG	GC TTCCTGC	C	TGTGG	TGGT	T	AAAGGG	ATACCTATAC	TTC TGAGAAG	AGA	EF583530
G17	1 (2.63)	TGGAAA	TGG ATATG	AGCA AA	TACGA GG	AATCCCT	ACATGGG	GC TTCCTGC	C	TGTGG	TGGT	T	AAAGGG	ATACCTATAC	TTC TGAGAAG	AGA	EF583531

核苷酸多样性指数 (0.0549) 是因为二大类群之间的遗传差异所造成的。

2.1.3 泥蚶群体的 *COI* 基因片段的遗传距离 用 MEGA3.0 软件计算泥蚶群体的 *COI* 基因片段的遗传距离, 结果发现泥蚶群体内的遗传距离都很接近 (0.0005—0.0025), 而群体间的遗传距离在 0.0006—0.1540 (见表 4)。福建以北类群 (江苏盐城、浙江奉化、浙江乐清养殖和自然群体、福建福鼎) 之间的遗传距离都相近, 在 0.0011—0.0020 之间, 类群内的遗传距离为 0.0016。福建以南的类群 (广东湛江、海南海口) 之间的遗传距离只有 0.0006, 类群内的遗传距离为 0.0006。但福建南北群体间的遗传距离在 0.1521—0.1540, 二个类群间的遗传距离为 0.1529, 远远大于南北类群内的遗传距离, 表现为高度的遗传分化。

2.1.4 分子系统树的构建 基于线粒体 *COI* 基因部分序列, 对泥蚶进行系统发育分析, 应用 PAUP4.10b 软件的不加权配对组算术方法 (UPGMA) 法对 17 种单倍型进行了分子系统树的

构建(图 1)。从构建的分子系统树也可以看出形成了两大类群: 江苏、奉化、乐清养殖、乐清野生、福建形成福建以北类群 (I), 广东和海南形成福建以南类群 (II)。

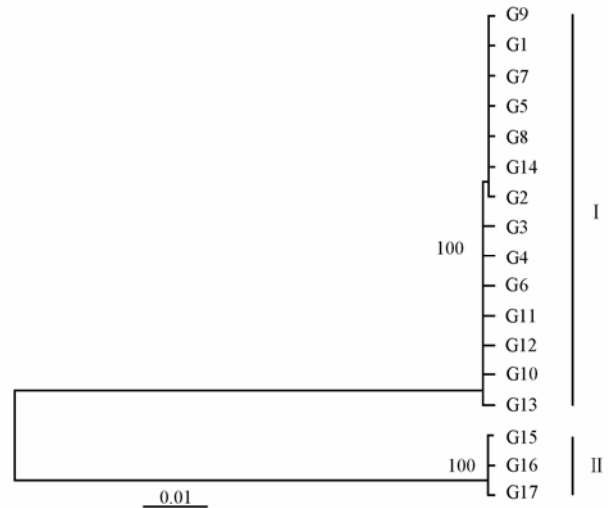


图 1 基于 17 种单倍型的 UPGAM 树
Fig. 1 UPGMA phylogenetic trees based on 17 haplotypes

表 4 7 个泥蚶群体内和群体间的遗传距离

Tab. 4 Genetic distance of partial *COI* gene within and between seven *Tegillarca granosa* populations

群体 Population	遗传距离 Genetic distance						
	YC	FH	YQC	YQW	FD	ZJ	HK
YC	0.0025						
FH	0.0020	0.0015					
YQC	0.0020	0.0015	0.0015				
YQW	0.0020	0.0015	0.0015	0.0015			
FD	0.0016	0.0011	0.0011	0.0011	0.0008		
ZJ	0.1535	0.1516	0.1529	0.1529	0.1524	0.0005	
HK	0.1540	0.1521	0.1534	0.1534	0.1529	0.0006	0.0008

*粗线代表群体内的遗传距离(Bold values indicate average distances within-population)。

YC: 江苏盐城养殖群体(Yancheng population of Jiangsu province); FH: 浙江奉化养殖群体(Fenghua population of Zhejiang province); YQC: 浙江乐清养殖群体(Yueqing culture population of Zhejiang province); YQW: 浙江乐清自然群体(Yueqing wild population of Zhejiang province); FD: 福建福鼎养殖群体(Fuding population of Fujian province); ZJ: 广东湛江养殖群体(Zhanjiang population of Guangdong province); HK: 海南海口养殖群体(Haikou population of Hainan province)。

3 讨论

3.1 泥蚶南北类群的遗传分化

Yu et al (1997) 采用淀粉凝胶电泳技术研究了山东荣成、青岛和浙江温州 3 个群体的 12 种等位基因遗传变异, 3 个群体间的遗传距离介于 0.0153—0.0310。Li et al (2003) 采用 RAPD 技术对福建以北的 5 个群体 (韩国、山东荣成、浙江奉化、浙江温岭、福建福鼎) 遗传多样性的研究结果, 5 个

群体间的遗传距离介于 0.0250—0.0901, 认为这 5 个群体分化不明显, 没有形成不同的地理种群。

Li et al (2003) 同样采用 RAPD 技术对福建以南(广东汕头和湛江)和福建以北(浙江温岭和韩国)种群做了遗传分化研究, 发现福建以南与以北类群间的遗传距离高达 0.3261—0.4511, 同时从形态上观察发现福建以北泥蚶和福建以南沿海的泥蚶存在差异: 后者壳前端较尖, 壳厚度较薄, 外形比较扁平, 不膨胀; 前者壳的颜色略带黄色, 而后者则

相对较淡。在血量和血色上,后者血量少,血色淡。Zhang et al (2004)对广西、浙江、山东和韩国的泥蚶形态性状进行了研究,发现浙江、山东与韩国泥蚶形态相近,与广西形态差异较大。Lǚ et al (2005)通过同工酶研究发现福建以北类群的釜山、荣成、奉化、乐清、福鼎5个群体,它们的平均遗传距离是0.0072;福建以南类群的汕头和湛江这两个群体遗传距离是0.0320;而这两个类群间的不同群体间的平均遗传距离高达0.4279,认为达到同属种间的水平。因此福建以南与以北的泥蚶有严重的遗传分化,已形成为二大不同的类群。

本研究应用线粒体的 *COI* 基因片段序列来研究7个泥蚶群体的遗传分化。从 *COI* 基因部分序列分析的7个泥蚶群体的遗传距离结果显示:福建以北类群(江苏盐城、浙江奉化、浙江乐清养殖和自然群体、福建福鼎)之间的遗传距离都相近,在0.0011—0.0020,类群内的遗传为0.0016,福建以南的类群(广东湛江、海南海口)之间的遗传距离只有0.0006,而福建南北类群间的遗传距离在0.1529之间,远远大于南北类群内的遗传距离,从而说明福建南北的泥蚶群体发生了严重的遗传分化,成为不同的二大类群。构建的分子系统树也显示福建以北类群与福建以南的类群为二大类群。

一般来说,在线粒体基因组中, *COI* 基因是变异性相对较大的区域。在其他软体动物中,Chen et al (2005)对蛭类大竹蛭(*Solen grandis*)、长竹蛭(*Solen strictus*)的线粒体 *COI* 基因片段序列进行了研究,数据分析结果表明 *COI* 基因片段大竹蛭与长

竹蛭两片段的遗传距离为0.1712。Donald et al (2005)通过 *COI* 基因序列比较研究,发现马蹄螺(Topshell)的5个属之间的平均遗传距离介于16.3—19.4%,属内种间的遗传距离介于5.7%—12.1%。Cho et al (2007)利用 *COI* 基因对韩国、中国和俄罗斯3个地理种群的魁蚶进行研究,得到三个地理种群的魁蚶间的遗传距离为0.1%—2.1%。

在其它无脊椎动物中,Zheng et al (2006)通过对 *COI* 基因部分序列的研究结果显示长江华溪蟹3个亚种内的遗传距离为0.002—0.041,亚种间的遗传距离为0.018—0.085。Kong et al (2001b)比较研究了黄河口中华绒螯蟹、珠江口中华绒螯蟹、日本绒螯蟹的线粒体 *COI* 基因片段的序列,发现黄河口中华绒螯蟹与珠江流域中华绒螯蟹 *COI* 序列完全相同,而与日本绒螯蟹差异非常明显,核苷酸差异率为4.86%,支持存在中华绒螯蟹和日本绒螯蟹,或它们为同一种的两个地理亚种的观点。Harrison (2004)利用 *COI* 基因部分序列对豆蟹科(Pinnotheridae) *Austinixa* 属的7个种研究得到各个种之间 *COI* 基因的遗传距离介于0.125—0.263。

因此,可能由于进化历程和环境影响不同、或遗传漂变等因素,使得不同物种 *COI* 基因的遗传变异、多样性、进化速率不同。但从 *COI* 基因的遗传距离来看,本研究的7个泥蚶群体确实已分化成福建以南和福建以北二大类群,二类群间的遗传距离高达0.1529,已达到了地理亚种的分化程度,并接近或达到了种间的差异。

参考文献:

- Chen LM, Kong XY, Yu ZN, Yu SS, Xu H. 2005. Sequence comparison and phylogenetic analysis of mtDNA 16S rRNA and *COI* gene fragments in three species of razor shell [J]. *Marine Sciences*, **29**(8): 27-32. [陈丽梅, 孔晓瑜, 喻子午, 于珊珊, 徐 晖. 2005. 3种蛭类线粒体16S rRNA和 *COI* 基因片段的序列比较及其系统学初步研究. 海洋科学, **29**(8): 27-32.]
- Cho ES, Jung CG, Sohn SG, Kim CW, Han SJ. 2007. Population genetic structure of the ark shell *Scapharca broughtonii* Schrenck from Korea, China, and Russia based on *COI* gene sequences [J]. *Marine Biotechnology*, **9**(2): 203-216.
- Donald KM, Kennedy M, Spencer HG. 2005. The phylogeny and taxonomy of austral monodontine topshells (Mollusca: Gastropoda: Trochidae), inferred from DNA sequences [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **37**: 474-483.
- Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates [J]. *Mol Mar Biol Biotechnol*, **3**: 294-299.
- Hafner MS, Sudman PD, Villablanca FX, Spradling TA, Demastes JW, Nadler SA. 1994. Disparate rates of molecular evolution in cospeciating hosts and parasites [J]. *Science*, **365**: 1087-1090.
- Harrison JS. 2004. Evolution, biogeography, and the utility of mitochondrial 16S and *COI* genes in phylogenetic analysis of the crab genus *Austinixa* (Decapoda: Pinnotheridae) [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **30**: 743-754.
- Kong XY, Jiang YY, Xiang JH, Yu ZN, Liu YJ. 2001a. Sequencing and potential uses of mitochondrial 16S rRNA and *COI* gene fragment in blood clam *Scapharca broughtonii* [J]. *Marine Science*, **25**(12): 46-48 [孔晓瑜, 姜艳艳, 相建海, 喻子午, 刘亚军. 2001a. 魁蚶线粒体16S rRNA和 *COI* 基因片段序列测定及其应用前景. 海洋科学, **25**(12): 46-48.]
- Kong XY, Yu ZN, Liu YJ, Gao TX, Wu YF. 2001b. Comparative study of mitochondrial *COI* gene fragment between Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) and Japanese mitten crab (*Eriocheir japonica*) [J]. *Journal of ocean university of Qingdao*, **31**(6): 861-866. [孔晓瑜, 喻子午, 刘亚军, 高天翔, 武云飞. 2001b. 中华绒螯蟹与日本绒螯蟹

- 线粒体 *COI* 基因片段的序列比较研究. 青岛海洋大学学报, **31**(6): 861-866.]
- Kumar S, Tamura K, Nei M. 2004. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment [J]. *Briefings in Bioinformatics*, **5**: 150-163.
- Li CH, Li TW, Song LS, Su XR. 2003. RAPD analysis on intra-species differentiation of *Tegillarca granosa* populations to the south and north of Fujian Province [J]. *Zool Res*, **24**(5): 362-366. [李成华, 李太武, 宋林生, 苏秀榕. 2003. 福建南北泥蚶种内分化的 RAPD 分析. 动物学研究, **24**(5): 362-366.]
- Li TW, Li CH, Song LS, Su XR. 2003. RAPD variation within and among five populations of *Tegillarca granosa* [J]. *Biodiversity Science*, **11**(2): 118-124. [李太武, 李成华, 宋林生, 苏秀榕. 2003. 5 个泥蚶群体遗传多样性的 RAPD 分析. 生物多样性, **11**(2): 118-124.]
- Lǚ ZM, Li TW, Su XR. 2005. Study on genetic diversity of *Tegillarca granosa* [J]. *High Technology Letters*, **15**(12): 104-110. [吕振明, 李太武, 苏秀榕. 2005. 泥蚶遗传多样性的研究. 高技术通讯, **15**(12): 104-110.]
- Medina M, Walsh PJ. 2000. Molecular systematics of the order Anaspeidea based on mitochondrial DNA sequence (12S, 16S, and *COI*) [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **15**(1): 41-58.
- Miya M, Takeshima H, Endo H, Ishiguro NB, Inoue JG, Mukai T, Satoh TP, Yamaguchi M, Kawaguchi A, Mabuchi K, Shirai SM, Nishida M. 2003. Major patterns of higher teleostean phylogenies: A new perspective based on 100 complete mitochondrial DNA sequences [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **26**: 121-138.
- Rozas J, Sánchez-DelBarrio JC, Messeguer X and Rozas R. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods [J]. *Bioinformatics*, **19**: 2496-2497.
- Swofford DL. 2003. PAUP: Phylogenetic analysis using parsimony (* and other methods), Version 10 [J]. Sinauer, Sunderland, MA.
- Yu ZN, Kong XY, YR, Wang RC, Liu BQ. 1997. Allozyme variation within populations of *Tegillarca granosa* [J]. *Journal of fishery sciences of China*, **4**(5): 15-21. [喻子牛, 孔晓瑜, 杨锐, 王如才, 刘必谦. 1997. 泥蚶等位基因酶遗传变异研究. 中国水产科学, **4**(5): 5-21.]
- Zhang YP, Lin ZH, Ying XP. 2004. Morphological variations and discriminant analysis of different geographical populations of *Tegillarca granosa* [J]. *Journal Of Fisheries Of China*, **28**(3): 339-342. [张永普, 林志华, 应雪萍. 2004. 不同地理种群泥蚶的形态差异与判别分析. 水产学报, **28**(3): 339-342.]
- Zheng F, Lu XL, Sun HY, Zhao Q. 2006. Genetic differentiation of *Sinopotamon yangtsekiense* based on Mitochondrial Cytochrome Oxidase Subunit I Gene [J]. *Journal of Nanjing Normal University (Natural Science)*, **29**(2): 103-105. [郑芳, 吕秀玲, 孙红英, 赵强. 2006. 基于线粒体 *COI* 基因序列探讨长江华溪蟹的遗传分化. 南京师大学报(自然科学版), **29**(2): 103-105.]

(上接第 16 页)

2 红颈瓣蹼鹬 *Phalaropus lobatus*

2007 年 8 月 21 日笔者在遂川沙子岭机场附近的湿地发现红颈瓣蹼鹬 1 只, 该鸟在机场附近的湿地停留两天。

形态特征: 嘴细长而直, 上体灰色和白色, 下体偏白。头顶及眼周黑色, 白色眉纹明显, 粗大的黑色贯眼纹十分显著。眼后耳羽向下至颈前有橙黄色纵纹。据形态特征推测该物种可能正处于换羽阶段。

分布: 红颈瓣蹼鹬分布广泛, 繁殖于全北界,

于世界各地的海上越冬。在国内除海南外均为旅鸟。该物种在国内分布于东北全境、河北、北京、辽宁、山东、青海、新疆、江苏、上海、福建、广东、香港、海南和台湾(MacKinnon et al, 2000; Zheng, 2005)。Zhong et al (2007) 在湖北也发现少量的红颈瓣蹼鹬。以上研究结果表明, 红颈瓣蹼鹬在江西周边省份已有分布记录。江西过去未有分布记录可能因为该物种在江西境内分布数量相对较少。此次在遂川机场附近湿地发现的红颈瓣蹼鹬为江西鸟类物种新记录。

致谢: 感谢审稿专家对本文提出的宝贵意见。

参考文献:

- Gao WP, Han YP, Li CM. 2000. Resources and protection of some Non-passeriformes birds in Taifu area[J]. *Sichuan Journal of Zoology*, **19**(4): 241-242. [高维平, 韩曜平, 李春梅. 2000. 太湖流域涉禽资源及保护. 四川动物, **19**(4): 241-242.]
- Huang SL, Hang LX, Gao SZ, Luo ZY. 2006. Diversity of migratory birds during autumn Nights in Fenghuang Mountains, Nanjian County, Yunnan Province[J]. *Zool Res*, **27**(2): 163-168. [黄石林, 韩联亮, 高素珍, 罗增阳. 2006. 云南南涧凤凰山秋季夜间迁徙鸟类多样性分析. 动物学研究, **27**(2): 163-168.]
- MacKinnon J, Phillipps K, He FQ. 2000. A Field Guide to the Birds of China [M]. Changsha: Hunan Education Press. [约翰·马敬能, 卡伦·菲利普斯, 何芬奇. 2000. 中国鸟类野外手册. 长沙: 湖南教育出版社.]
- Zheng GM. 2005. A Checklist on the Classification and Distribution of the Birds of China[M]. Beijing: Science Press.[郑光美. 2005. 中国鸟类分类与分布名录. 北京: 科学出版社.]
- Zhong FS, Yan HM, Li LP, Jiang Y, Yao Y, Deng XJ. 2007. Community structure and diversity of birds on East Dongting Lake Wetland of Hunan Province[J]. *Chinese Journal of Ecology*. **26**(12): 1959-1968. [钟福生, 颜亨梅, 李丽平, 蒋勇, 姚毅, 邓学建. 2007. 东洞庭湖湿地鸟类群落结构及其多样性. 生态学杂志, **26**(12): 1959-1968.]