

doi:10.16779/j.cnki.1003-5508.2019.03.022

山西省兽类一新记录

刘 洋

(四川省林业科学研究院,四川 成都 610081)

摘 要:通过分子实验证实了采集于山西省芦芽山国家级自然保护区的一只雌性鼯鼠(头骨不完整)标本为苔原鼯鼠,为山西省兽类一新纪录。该分布点是苔原鼯鼠在全球最南分布点,黄河是苔原鼯鼠向南扩展的一道屏障。标本保存于四川省林业科学研究院动物标本室。

关键词:苔原鼯鼠;新纪录;细胞色素 B 基因;山西省

中图分类号:Q959 文献标识码:A 文章编号:1003-5508(2019)03-0105-04

A Newly Recorded Mammal Species Found in Shanxi Province, China

LIU Yang

(Sichuan Academy of Forestry, Chengdu 610081, China)

Abstract: One female specimen of genus *Sorex* was collected in Shanxi Luya Mountain National Nature Reserve on 4th September, 2010, and was identified as *Sorex tundrensis* through molecular method. It was a new record for this mammal species in Shanxi Province. The site was the southernmost distribution spot in the world, and the Yellow River was a barrier to its southward spread. The specimen was deposited in the animal specimen room of Sichuan Academy of Forestry.

Key words: *Sorex tundrensis*, New record, Cyt b gene, Shanxi province

苔原鼯鼠(*Sorex tundrensis*)是1900年Merriam根据采自于美国阿拉斯加的标本命名^[1]。隶属于劳亚食虫目(Eulipotyphla)鼯鼠科(Soricidae)鼯鼠属(*Sorex*)。主要分布于俄罗斯的萨哈林岛(Sakhalin Isl)及西伯利亚,从伯朝拉河(Pechora)到楚科奇(Chukotka),向南直到阿尔泰山,蒙古,美国的阿拉斯加,加拿大西北育空(Yukon)^[1]。Hoffmann²把苔原鼯鼠作为可能分布于中国的两个鼯鼠类物种之一列于文中,王应祥^[3]在附录-B中用“?”表示它可能分布于我国内蒙古呼伦贝尔西北部,Smith and Xie^[4]在其书中也用“?”将其标示于中国的阿尔泰山和新疆。刘洋等^[5]首次证实了苔原鼯鼠在我国内蒙古有分布。Bannikov等^[6]利用116条细胞色素B序列构建的系统进化关系(NJ)将苔原鼯鼠分为

新北区组(Nearctic group, NA)、东古北区组(Eastern Palearctic group, E)、西古北区组(Western Palearctic group, W)、南中古北区组(South Central Palearctic group, SC)和北中古北区组(North Central Palearctic group, NC)5个进化支系。Hope等^[7]基于cytb基因构建的贝叶斯树(Bayes)将苔原鼯鼠分为中西伯利亚组(Central Siberia; CS)、东西伯利亚组(East Siberia; ES)、海事东北亚组(Maritime Northeast Asia; MNA)、新北区组(Nearctic; N)、远西西伯利亚组(Far West Siberia; FWS)、阿姆加盆地组(Amga Basin; AB)和西西伯利亚组(West Siberia; WS)共7个组。

本文主要核对了采集于山西省宁武县芦芽山国家级自然保护区干沟的1号雌性鼯鼠类标本物种,

收稿日期:2019-01-31

基金项目:四川省科技计划资助(2018JY0074)

作者简介:刘洋(1969-),男,研究员,主要从事兽类分类学研究(食虫类、翼手类), e-mail: liuyangsaf@sina.cn。

通过构建系统进化关系,发现其与位于日本海的俄罗斯莫涅龙岛(Moneron Island, Japan Sea, Russia)的一条序列(序列号:AB244646;图 27#)聚在一起,并属于 MNA 组。该纪录扩大了苔原鼯鼠的分布范围,黄河是其向南扩张的阻碍。

1 材料及方法

1.1 材料

分子实验所用材料为采集于山西的一号雌性鼯鼠标本,剥制标本及浸泡于 95% 酒精中的肌肉组织均保存于四川省林业科学研究院动物标本室。

1.2 分子实验及系统发育分析

1.2.1 分子实验

用酚-氯仿法提取总 DNA。使用哺乳动物线粒体细胞色素 B 基因(cytb)通用引物 L14734 和 H15985^[8]对样本进行 PCR 扩增。PCR 产物经纯化试剂盒纯化后送北京华大基因科技股份有限公司进行测序。

1.2.2 数据处理与分析

将获得的基因片段通过 DNASTAR, Lasergene 软件包下的 Seqman 进行手工拼接校正;使用 MEGA 5^[9]将其密码子翻译成氨基酸序列,通过检查是否存在终止子和空位以检验其片段是否存在假基因。利用 GenBank 下的 BLUST 功能对所获序列进行相似性搜索,发现与所测序列相似性高的物种为苔原鼯鼠。

1.2.3 系统发育分析

下载苔原鼯鼠 7 个组^[7]序列,序列选取原则为同一单倍型选用一条序列;剔除下载序列中含 W, M, R, Y, K 的序列,短片段序列少用,每个组选择

3-8 条序列(序列号见附图 1)。联合下载序列和所测序列,以中鼯鼠(*Sorex caecutiens*)为外群利用贝叶斯推断法(Bayesian inference, BI)和最大似然法^[10]进行分析(采集于山西的鼯鼠物种与鼯鼠属其它物种构建的系统进化关系预处理结果略)。

1.3 外形及头骨量度

外形量度利用野外记录所得,包括性别(sex)、年龄(age)、体重(Body Weight, BW)、头体长(Head and Body length, HB)、尾长(Tail length, TL)、后足长(Hind feet length, HF)、耳高(ear length, EL)等,精确到 0.1 cm。头骨量度标准参照刘洋等⁵的方法进行。

2 结果

2.1 分子实验结果

使用 MEGA 5^[9]软件对所获序列进行对位排列后发现目标序列未有插入和缺失现象发生,序列能转换为氨基酸,表示所获基因为非假基因;将比对后的序列提交到 GenBank,序列号为 MK341538。

2.2 系统进化关系

贝叶斯法(BI)和最大似然法(ML)构建的系统进化关系基本一致(见图 1),除中西北利亚组(CS)未聚为一支阿姆加盆地组(AB)在地理位置上是两个区域外,其余 5 个组的序列均分别聚为一支。从图 1 也可以看出,通过两种方法构建的系统发育关系,采集于山西的鼯鼠(编号 SAFLY01)均聚于苔原鼯鼠 MNA 组。

2.3 外形及头骨量度结果

从上述测量数据可以看出,采集于山西的标本外形及头骨量度均比内蒙的标本大(见表 1)。

表 1 外形及头骨量度及与内蒙古苔原鼯鼠测量数据比较(单位:mm,g)

Tab. 1 External and cranial measurements of *Sorex tundrensis*, and comparison with the data from Inner Mongolia (Length in mm; Weight in g)

野外记录号 No.	性别 sex	体重(g) BW	体长 HB	尾长 T	后足长 HF	上颌骨宽 MB
山西 10 年 031	♀	8	69	33	12	4.9
内蒙古 4 号标本*		6	50~54	28~32	9~10	4.2~4.58
野外记录号 No.	眶间宽 IOB	第二上臼齿宽 M ² -M ²	腭齿长 PIL	上齿列长 UTRL	下齿列长 LTRL	下颌长 LM
山西 10 年 031	3.54	4.52	8.24	8.2	7.6	11.28
内蒙古 4 号标本*	3.04~3.28	4~4.3	7.08~7.38	6.48~7.7.2	6.22~6.54	9.4~10.1

注:&:数据来源于刘洋等^[5]

Notes: &; data from Liu et al. ^[5]

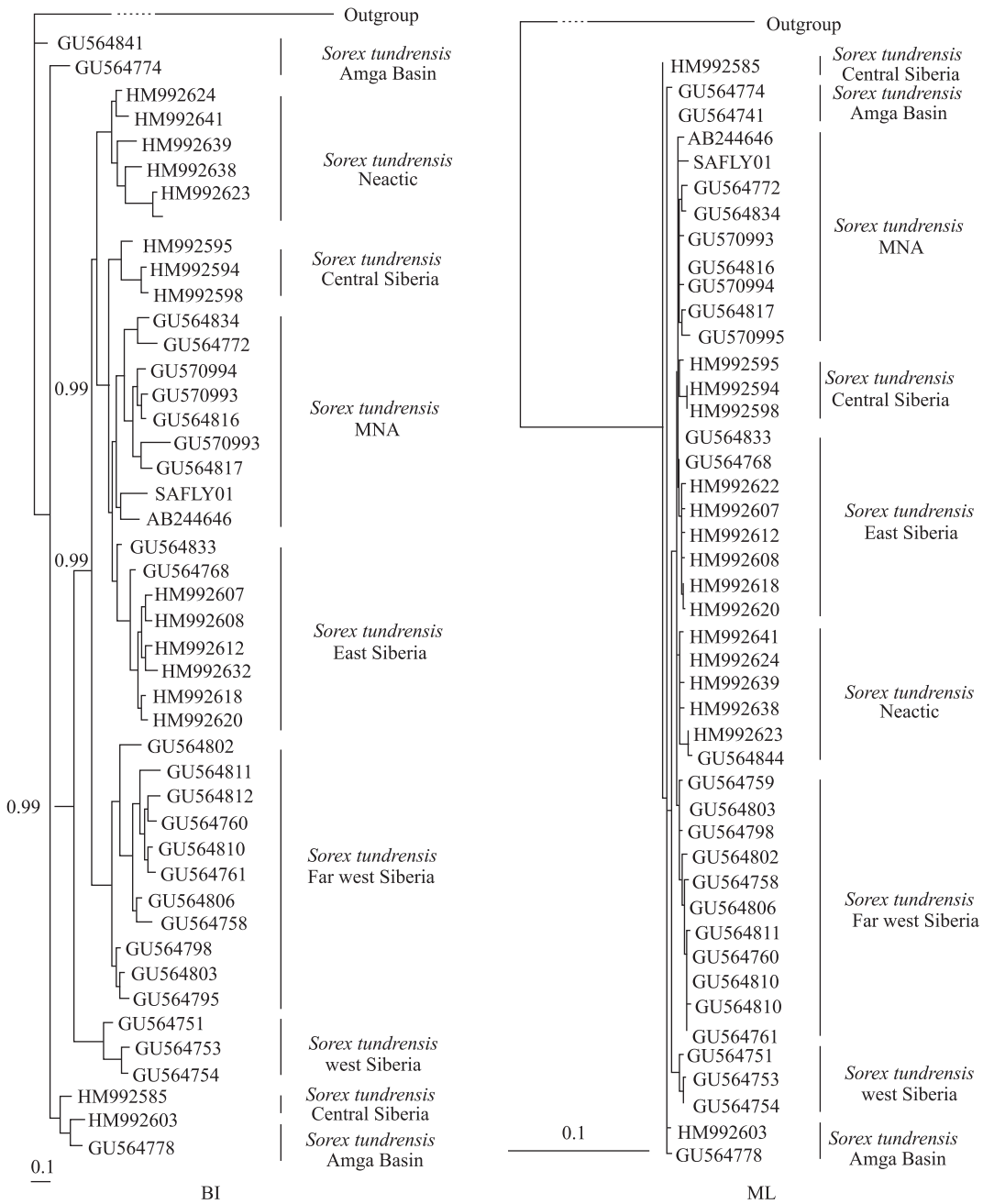


图 1 基于线粒体细胞色素 B 基因构建苔原鼯鼠贝叶斯树和最大似然系统进化树

Fig. 1 Phylogenetic tree of *sorex tundrensis* inferred from Bayes tree and Maximum likelihood tree based on the *cytb* gene

2.4 生境及分布

采集于山西的苔原鼯鼠,其分布的生境类型为落叶阔叶林;同域伴生的小型兽类有间颅鼠兔 (*Ochotona cansus*)、龙姬鼠 (*Apodemus draco*)、棕背鼠平 (*Myodes rufocanus*)、社鼠 (*Niviventer confucianus*)和川西长尾鼯 (*Chodsigoa hypsibius*)^[11]。伴生动物以棕背鼠平、龙姬鼠为优势种,社鼠、间颅鼠兔、川西长尾鼯数量较少。

综合刘洋等^[5]和 Bannikova 等^[6]的苔原鼯鼠分布坐标信息,利用 ArcGIS 软件生成苔原鼯鼠分布如

图 2。图中点 1 为山西调查样方坐标,点 2 坐标数据来自本刘洋等^[5],其余坐标点数据来自 Bannikova 等^[6]。

3 讨论

苔原鼯鼠主要特征为夏季体毛 3 色:上体暗棕色,体侧淡灰棕色,腹部淡灰白色;冬毛双色:上体暗棕色,腹部淡灰白色^[4]。将采集于山西的标本和采集于内蒙古乌兰诺尔的苔原鼯鼠标本放在一起,难

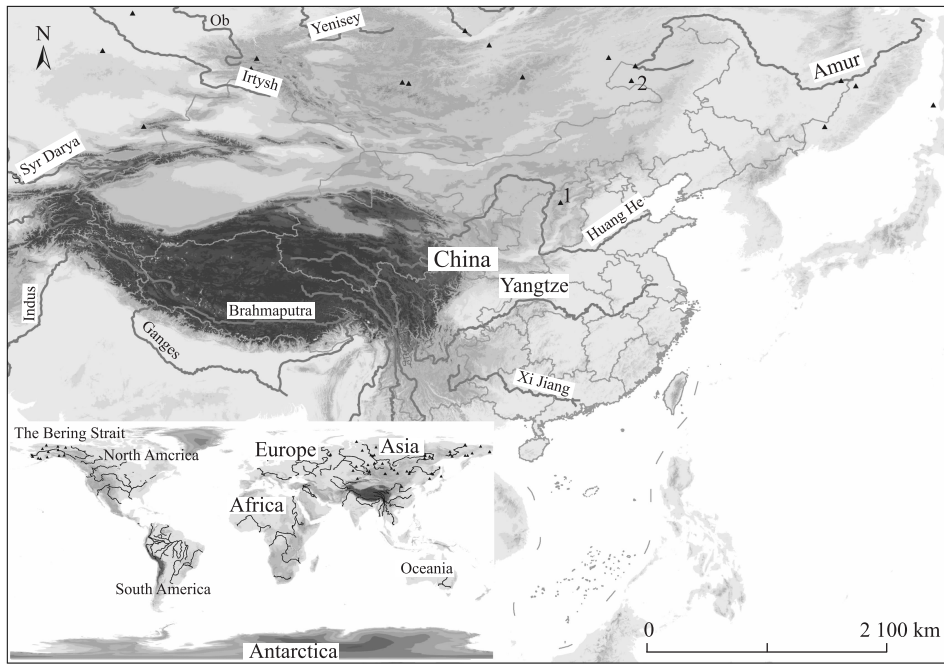


图2 苔原鼯鼠分布图

Fig. 2 The distribution of *Sorex tundrensis*

于分出彼此,它们在色泽上相一致,尽管采集环境不同。前者采集于内蒙古乌兰诺尔泡子附近的灌丛环境,后者采集于森林环境。

从测量数据看,采集于山西的标本比内蒙的标本大。采集于山西的标本头体长小于北美和阿拉斯加标本,尾长与北美和阿拉斯加标本较为接近^[5]。

采集于山西的苔原鼯鼠和采集于内蒙古乌兰诺尔的苔原鼯鼠(序列号为 GU570995、GU570993 和 GU570994)^[5]均位于海事东北亚组(MNA)内。从分子进化的关系证实了采集于山西的鼯鼠为苔原鼯鼠且属于海事东北亚组。采集于山西的苔原鼯鼠与位于日本海的俄罗斯莫涅龙岛(Moneron Island, Japan Sea, Russia)的序列(序列号:AB244646;图 27#)聚在一起且位于 MNA 组的基部,揭示它们有较近的亲缘关系。

山西发现的苔原鼯鼠分布的生境类型为落叶阔叶林,不同于采集于内蒙乌兰诺尔的怪柳灌丛,增加了苔原鼯鼠的生境分布类型;苔原鼯鼠在山西的发现,是我国记录的第二个分布点,是目前发现中国最南的一个分布点,也是其在全球最南的一个分布点,黄河是其向南扩张的一道屏障。

致谢:四川大学范振鑫副教授提供苔原鼯鼠外文文献;钟光辉、王平协助苔原鼯鼠序列提交;侯全芬、廖锐野外标本采集,在此一并致谢!

参考文献:

[1] Wilson D E, Reeder D M. Mammal Species of the World, Volume 1

(Third edition), 2005.

- [2] Hoffmann R S. A review of the systematics and distribution of Chinese red-toothed shrews (Mammalia: Soricinae). *Acta Theriologica Sinica*, 1987, 7 (2): 100 ~ 139.
- [3] 王应祥. 中国哺乳动物种和亚种分类名录与分布大全, 北京 [M]. 中国林业出版社, 2003.
- [4] Smith A, Xie Y. *A Guide to the Mammals of China*. Princeton: Princeton University Press, 2008.
- [5] 刘洋, 王昊, 刘少英. 苔原鼯鼠 (*Sorex tundrensis*) 在中国分布的首次证实 [J]. *兽类学报*, 2010, 30(4): 439 ~ 443.
- [6] Anna A, Bannikova, Nikolai E. Dokuchaev, Eugenia V. Yudina, Anatoly V. Bobretzov, Boris I. Sheftel and Vladimir S. Lebedev. Holarctic phylogeography of the tundra shrew (*Sorex tundrensis*) based on mitochondrial genes, 2010, 101: 721 ~ 746.
- [7] Hope, Waltari, Fedorov, Goropashnaya, Talbot and Cook. Persistence and diversification of the Holarctic shrew, *Sorex tundrensis* (Family Soricidae), in response to climate change, 2011, 20: 4346 ~ 4370.
- [8] Ohdachi S, Dokuchaev N E, Hasegawa M, et al. Intraspecific phylogeny and geographical variation of six species of northeastern Asiatic *Sorex* shrews based on the mitochondrial cytochrome b sequences. *Molecular Ecology*, 2001, 10: 2199 ~ 2213.
- [9] Tamura K, Peterson D, Peterson N, et al. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mole Biol Evolut*, 2011, 28 (10): 2731 ~ 2739.
- [10] Stamatakis A, Hoover P, Rougemont J. A rapid bootstrap algorithm for the RAxML Web-Servers. *Systematic Biology*, 2008, 75 (5): 758 ~ 771.
- [11] 刘洋, 刘少英, 孙治宇, 等. 山西省兽类一新纪录——川西缺齿鼯鼠 [J]. *四川动物*, 2011, 30(6): 967 ~ 968.