

## 中国梭螺科一新记录属

吴穹<sup>1</sup>, 邢炳鹏<sup>1,2</sup>, 范世豪<sup>3</sup>, 陈小银<sup>1</sup>, 孙柔鑫<sup>1</sup>, 陈光程<sup>1,2</sup>, 王春光<sup>1\*</sup>

(1. 自然资源部第三海洋研究所, 福建 厦门 361005;

2. 自然资源部北部湾滨海湿地生态系统野外科学观测研究站, 广西 北海 536015;

3. 中国期货市场监控中心有限责任公司, 北京 100080)

**摘要:**本研究记述了采集自海南陵水海域的梭螺科(Ovulidae)一新记录属:舟梭螺属(*Naviculavolva*)及一新记录种:折唇舟梭螺(*N. deflexa*), 对本属进行了形态描述并附标本照, 且通过比对样品的CO I基因序列证实了形态鉴定的准确性。本研究为梭螺科分类与研究提供参考资料, 丰富了我国海域梭螺科物种的多样性, 并使得折唇舟梭螺的分布范围延伸至海南省海域。

**关键词:**海洋生物学; 软体动物; 梭螺科; 新记录属; 舟梭螺属

DOI: 10.3969/J.ISSN.2095-4972.2023.01.001

中图分类号: P735

文献标识码: A

文章编号: 2095-4972(2023)01-0001-06

梭螺科(Ovulidae)是一种广泛分布在热带及亚热带海域的海生腹足纲动物, 体型通常较小, 壳体较薄, 无厣。梭螺科动物多生活在潮下带, 常附着在柳珊瑚、软珊瑚或海绵上面<sup>[1-2]</sup>, 主要以这些生物及其上的小型动物为食。梭螺科外套膜色彩艳丽, 形态多变, 且通常会拟态成宿主的外形<sup>[2-3]</sup>。

梭螺科在世界范围内已报道46属超过270种<sup>[4]</sup>, 主要分布于印度-西太平洋海域<sup>[2]</sup>。Lorenz等(2009)依据形态将*Cymbovula*属和*Ovulum*属的部分物种独立出来, 建立了舟梭螺属(*Naviculavolva*)<sup>[2]</sup>, 该属目前有6个物种<sup>[5]</sup>, 分别为*N. debelivus*、*N. deflexa*、*N. elegans*、*N. kurziana*、*N. malaita*和*N. massierorum*, 模式种为*N. malaita*。该属主要分布范围北至日本, 西至红海及非洲东岸, 南至澳大利亚, 东至马绍尔群岛, 中国海域尚未见相关记录。

DNA条形码技术是一种利用一段DNA序列进行物种鉴定的方法<sup>[6]</sup>, 能够很好地展示物种间的亲缘关系<sup>[7]</sup>, 其中线粒体细胞色素酶氧化亚基I(CO I)基因序列作为DNA条形码已被广泛接受<sup>[6, 8-9]</sup>。在多数生物类群中, 线粒体CO I基因序列在种内序列变异较小, 而种间差异显著<sup>[6-7]</sup>, 常被用于物种鉴定<sup>[10]</sup>、新记录种或新种的发现<sup>[11]</sup>、隐存种的发

掘<sup>[12-13]</sup>等。本研究结合形态和线粒体CO I基因序列对采自陵水海域的梭螺科样品进行了鉴定, 结果显示其为折唇舟梭螺(*Naviculavolva deflexa*), 该属为我国首次记录。标本现保存于自然资源部第三海洋研究所生物样品馆。

## 1 材料与方法

### 1.1 标本采集

标本于2021年9月潜水采集于海南陵水近岸海域水深约8 m处(18°28'N, 110°05'E), 共两个个体。采用Leica S9D体式显微镜观察, 并用Leica MC170 HD型摄像头拍照。

### 1.2 DNA提取与扩增

使用DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN)试剂盒按动物组织提取步骤进行DNA提取。在提取后使用Biodrop测量洗脱液中的核酸浓度。在进行PCR反应前, DNA需要稀释至0.2 μg/mL<sup>[14-16]</sup>。

CO I序列扩增采用通用引物dgLCO1490: 5'-GGTCAACAAATCATAAAGAYATYGG-3', dgHCO2198: 5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAARAAYCA-3'<sup>[17]</sup>。反应体系25 μL, 包含12.5 μL PCR mixture [Taq plus Master Mix II (Dye Plus)], 上下游引物各1 μL,

收稿日期: 2021-10-06

基金项目: 国家重点研发计划资助项目(2017YFA0604902); 自然资源部海洋生态环境科学与工程重点实验室开放课题资助项目(MESE-2019-03); 福建省科技厅计划资助项目(2019N0031)

作者简介: 吴穹(1992—), 男, 硕士研究生; E-mail: wuqiong@tio.org.cn

\* 通讯作者: 王春光(1979—), 男, 副研究员; E-mail: wangchunguang@tio.org.cn

2.5  $\mu\text{L}$ 模板,8  $\mu\text{L}$ 超纯水。退火温度为 45  $^{\circ}\text{C}$ ,每循环提高 0.5  $^{\circ}\text{C}$ ,15 个循环;49  $^{\circ}\text{C}$ ,20 个循环。目标产物约为 690 bp。

16S 序列扩增采用通用引物 16SAR:5'-CGCCT-GTTTATCAAAAACAT-3', 16SBR: 5'-CCGGTCT-GAACTCAGATCACGT-3'<sup>[18]</sup>。反应体系与 CO I 相同。退火温度 50  $^{\circ}\text{C}$ ,每循环提高 1  $^{\circ}\text{C}$ ,5 个循环;55  $^{\circ}\text{C}$ ,28 个循环。目标产物约为 550 bp。

两种序列的 PCR 产物经 1%琼脂糖凝胶电泳检测扩增效果,选取目标产物对应分子量处有明亮条带的 PCR 产物,送上海生工生物工程公司测序。

### 1.3 DNA 数据处理与分析

序列采用 DNAMAN 软件拼接对齐,并剪切掉两端信号较差的部分。使用 DNASTAR 软件中的 Edit-Seq 功能将序列转换为 .fas 格式<sup>[19]</sup>,经 MEGA-X 中的 ClustalW 工具对齐。利用 MEGA-X 软件构建系统发育树并计算遗传距离<sup>[20]</sup>,所有的序列均使用 BIC (Bayesian information criterion)法寻找分值最低的模型<sup>[21]</sup>。遗传距离采用 Jukes-Cantor 模型<sup>[22]</sup>。系统发育树及遗传距离数据均采用 Bootstrap 检验<sup>[23]</sup>,自展值为 1 000。

## 2 结果与讨论

### 2.1 译名来源

属名 *Naviculavolva* 由 *Navicula* 和 *volva* 两部分组成,*Navicula* 意为船形的,*volva* 指覆盖物、包裹物。种加词 *deflexa* 表示弯曲的。

### 2.2 形态

2.2.1 舟梭螺属 (*Naviculavolva*) 舟梭螺属主要特征为壳体呈长圆形,腹部扁平,无脐孔。索带呈勺形,不发达。壳口狭窄。外唇宽、平,具齿。前后水管沟发达。前后水管沟末端均倾斜,其中后水管沟常与索带在后水管沟的侧面形成缺刻。其与小舟梭螺属 (*Cymbovula*) 的区别在于齿舌差异以及外套膜的形态。小舟梭螺属的中央齿前段卷曲成“U”形,且侧齿前缘较为简单。另外,小舟梭螺属的外套膜颜色丰富,且具有乳突。而舟梭螺属的外套膜则为半透明的灰色,且乳突不发达<sup>[2]</sup>。

根据世界海洋物种目录 (World Register of Marine Species, WoRMS) 的记录,舟梭螺属目前有 6 个现生种<sup>[5]</sup>,分别为 *N. debelius*、*N. deflexa*、*N. elegans*、*N. kurziana*、*N. malaita*、*N. massierorum*,除 *N. debelius* 分布于红海<sup>[24]</sup>,*N. massierorum* 分布于非洲东部海域之外,该属其余物种的主要分布范围集中在太平洋西部海域。

2.2.2 折唇舟梭螺 (*Naviculavolva deflexa*) 同种异

名: *Ovulum deflexum* Sowerby, 1848: 135-138<sup>[25]</sup>; Jardine, 1849: 373-374<sup>[26]</sup>; Reeve, 1866: 363<sup>[27]</sup>; Cooper, 1894: 192<sup>[28]</sup>; Gate, 1973: 80<sup>[29]</sup>。 *Cymbovula deflexa* Gosliner, 1996: 135, 310<sup>[30]</sup>; Liltved, 2000: 126<sup>[31]</sup>; Coleman, 2003: 16<sup>[32]</sup>。 *Cymbula deflexa* WoRMS, 2021<sup>[33]</sup>。 *Ovula deflexa* Carpenter, 1857: 545<sup>[34]</sup>; Tryon, 1889: 302-304<sup>[35]</sup>。

Sowerby (1848)从菲律宾迪高岛 (Ticao) 采集到的一批贝类样品中首次描述了 *Naviculavolva deflexa*, 最初将其归为 *Ovulum* 属<sup>[25]</sup>。根据 Sowerby (1848) 对其的原始描述,本种外形特征主要是外唇宽阔、扁平,末端向下弯折 (图 1)。在舟梭螺属中,*N. deflexa* 与 *N. elegans* 最为瘦长,为长纺锤形,而其余种呈梭形,通过这一特征可以将 *N. deflexa* 与 *N. elegans* 同其他舟梭螺属物种区分开来。Lorenz 等 (2009) 指出在舟梭螺属中,只有 *N. deflexa*、*N. elegans* 和 *N. massierorum* 具有环绕壳体的黄色线条。而 *N. elegans* 与 *N. deflexa* 的主要差别在于 *N. elegans* 的壳体颜色较深,*N. elegans* 多为灰紫到紫褐色,而 *N. deflexa* 则多为牙白色到浅黄色。*N. massierorum* 与 *N. deflexa* 的主要差别在于 *N. massierorum* 壳体更宽,水管较短,外唇更宽<sup>[2]</sup>。目前,折唇舟梭螺的采集地点多集中在巴布亚新几内亚、印度尼西亚、澳大利亚以及菲律宾一带海域。另外,根据 Hardy (2021) 的记录,在日本也有该物种的采集记录<sup>[36]</sup>,但未提供详细信息。

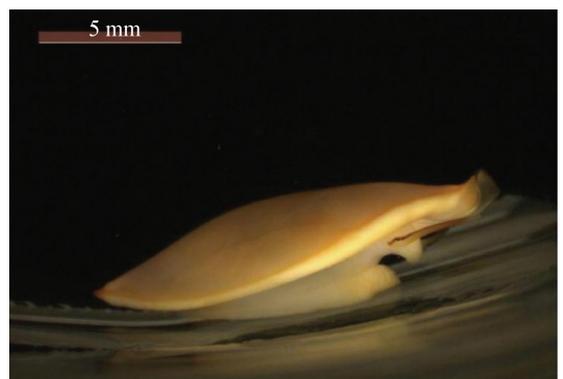


图 1 折唇舟梭螺 (*Naviculavolva deflexa*) 活体图

Fig. 1 Photo of living *Naviculavolva deflexa*

本次采集的两个标本软体部分均有一穿过眼部并贯穿触角的褐色条带,外套膜呈半透明,平滑无乳突,虹管 (Siphon) 边缘呈褐色。两样品壳体长度分别为 17.4 mm 和 15.2 mm,两个样品颜色略有差异,分别呈乳黄色和浅琥珀色,其中较小的个体前后水管沟呈淡紫色 (图 2)。两个标本壳体部分均有环绕壳体的鹅黄色线条,外唇宽阔,扁平,内缘有齿。壳口前端开口较宽,前水管基部与外唇末端形成一折

角。根据其壳体表面的鹅黄色线条、壳体颜色以及外唇宽度,该标本的形态特征符合 *N. deflexa*。



图 2 折唇舟梭螺 (*Naviculavolva deflexa*) 背腹观  
Fig. 2 Dorsal and ventral views of *Naviculavolva deflexa*  
图左半部分为标本 OK047729,图右半部分为标本 OK047730;  
标尺长度为 5 mm。

### 2.3 系统发育树构建

#### 2.3.1 CO I 系统发育树 获取的 CO I 序列剪去两

端信号较差的部分后长度为 682 bp,均已上传 NCBI (National Center for Biotechnology Information) 数据库(登录号为 OK047729、OK047730)。根据比对结果,结合 NCBI 上下载的 4 条梭螺科物种序列以及作为外群的宝贝科物种细紫端宝贝 (*Cypraea gracilis*) 序列,构建最大似然系统发育树,其中 BIC 值分数最低的模型为 HKY (Hasegawa-Kishino-Yano) + I<sup>[37]</sup>。分别使用 HKY+I、邻接法 (Neighbor-Joining, N-J)<sup>[38]</sup> 和 K2P (Kimura 2-Parameter) 模型<sup>[39]</sup> 构建系统发育树,三者的拓扑结构一致,本研究仅展示 HKY+I 模型构建的系统发育树,并将基于 N-J 模型的自展值标注在节点的括号内(图 3)。结果显示,在海南陵水海域采集到的两个样本和 *N. deflexa* 的 CO I 序列高度一致,其分支的自展值为 100%。两种单倍型与 *N. deflexa* 的遗传距离分别为 0.001 64 和 0(表 1),低于种间差异<sup>[7]</sup>,证明该样本确为 *N. deflexa*。

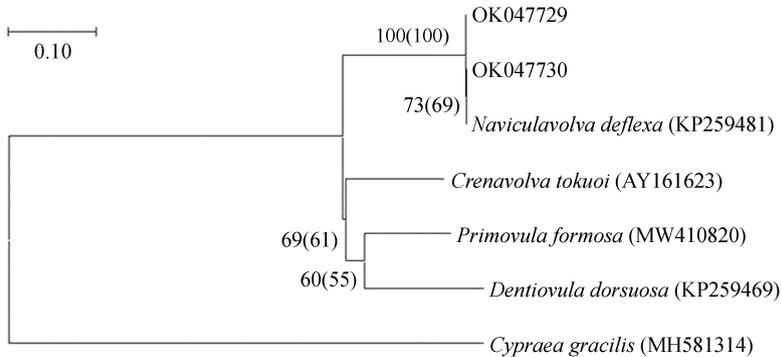


图 3 基于 HKY+I 模型的 CO I 系统发育树  
Fig. 3 Phylogenetic tree of CO I sequences base on HKY+I model  
括号内为基于 N-J 模型的自展值。

表 1 CO I 遗传距离矩阵

Tab. 1 Pairwise genetic distance matrix of CO I sequences

序列编号	OK047729	OK047730	KP259481	KP259469	MW410820	AY161623	MH581314
OK047729	—						
OK047730	0.001 65	—					
KP259481	0.001 64	0.000 00	—				
KP259469	0.174 89	0.173 14	0.174 89	—			
MW410820	0.150 41	0.150 69	0.152 42	0.144 42	—		
AY161623	0.160 51	0.160 81	0.162 55	0.164 59	0.142 43	—	
MH581314	0.255 81	0.256 31	0.258 12	0.310 90	0.244 35	0.262 77	—

注: KP259481 为 *Naviculavolva deflexa*, KP259469 为 *Dentiovula dorsuosa*, MW410820 为 *Primovula formosa*, AY161623 为 *Crenavolva tokuoi*, MH581314 为 *Cypraea gracili*。

2.3.2 16S 系统发育树 两个样品的 16S 序列剪切后长度为 527 bp, 已上传至 NCBI 数据库(登录号为 OK999973、OK999974)。以 NCBI 上下载的芝麻宝螺(*Notadusta punctata*)的 16S 序列作为外群, 结合其余 5 条梭螺科序列, 构建最大似然系统发育树,

BIC 分值最低的模型为 Tamura 3-Parameter+I<sup>[37]</sup> 参数模型(图 4)。结果显示在海南陵水采集的两个标本的 16S 序列与在东南亚采集的折唇舟梭螺<sup>[15]</sup> 序列高度一致, 支持该标本属于折唇舟梭螺。

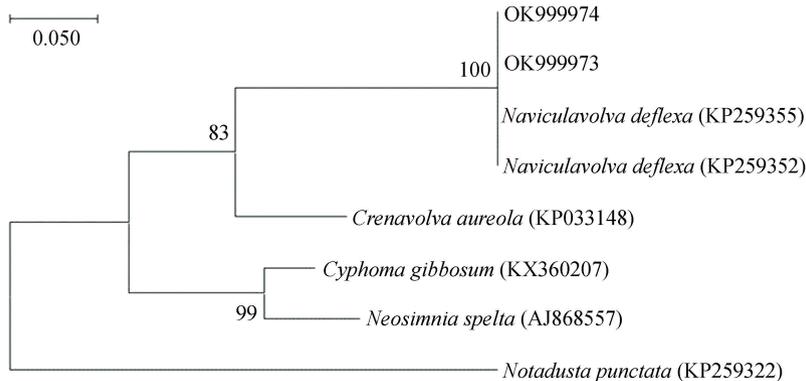


图 4 基于 Tamura 3-Parameter+I 模型的 16S 系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree of 16S sequences base on Tamura 3-Parameter+I

### 3 结论

本研究鉴定出我国梭螺科一个新记录属及一个新记录种, 即舟梭螺属(*Naviculavolva*)折唇舟梭螺

(*Naviculavolva deflexa*)。该发现进一步拓展了该物种的分布范围, 丰富了我国的梭螺科物种多样性。

**致谢:**感谢刘昕明老师和高张斌提供的宝贵样品; 感谢韩宜达对本研究的建议。

### 参考文献:

- [1] 马绣同. 中国动物志: 软体动物门, 腹足纲, 中腹足目, 宝贝总科[M]. 北京: 科学出版社, 1997. MA X T. Fauna Sinica; Mollusca, Gastropoda, Mesogastropoda, Cypraeoidea[M]. Beijing: Science Press, 1997.
- [2] LORENZ F, FEHSE D. The living Ovulidae; a manual of the families of allied cowries: Ovulidae, Pediculariidae and Eocypraeidae[M]. Hackenheim: ConchBooks, 2009.
- [3] 张素萍, 尉鹏. 中国宝贝总科图鉴[M]. 北京: 海洋出版社, 2011. ZHANG S P, YU P. Cowries and their relatives of China[M]. Beijing: China Ocean Press, 2011.
- [4] WoRMS. WoRMS taxon details; Ovulidae J. Fleming, 1822[DB/OL]. [2021-10-05]. <http://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=1747>.
- [5] WoRMS. WoRMS taxon details; *Naviculavolva* Lorenz & Fehse, 2009[DB/OL]. [2021-10-05]. <http://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=430502>.
- [6] HEBERT P D, CYWINSKA A, BALL S L, et al. Biological identifications through DNA barcodes[J]. Proceedings Biological Sciences, 2003, 270(1 512): 313-321.
- [7] MEYER C P, PAULAY G. DNA barcoding: error rates based on comprehensive sampling[J]. PLoS Biology, 2005, 3(12): e422.
- [8] SAVOLAINEN V, COWAN R S, VOGLER A P, et al. Towards writing the encyclopedia of life; an introduction to DNA barcoding[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences, 2005, 360(1 462): 1 805-1 811.
- [9] DASMAHAPATRA K K, MALLETT J. Taxonomy: DNA barcodes: recent successes and future prospects[J]. Heredity, 2006, 97(4): 254-255.
- [10] MEIER R, ZHANG G Y, ALI F. The use of mean instead of smallest interspecific distances exaggerates the size of the "barcoding gap" and leads to misidentification[J]. Systematic Biology, 2008, 57(5): 809-813.
- [11] DECAËNS T, ROUGERIE R. Descriptions of two new species of Hemileucinae (Lepidoptera: Saturniidae) from the region of Muzo in Colombia-evidence from morphology and DNA barcodes[J]. Zootaxa, 2008, 1 944(1): 34-52.
- [12] ZEMLAK T S, WARD R D, CONNELL A D, et al. DNA barcoding reveals overlooked marine fishes[J]. Molecular Ecology Resources, 2009, 9(S1): 237-242.
- [13] BALDWIN C, CASTILLO C I, WEIGT L A. Seven new species within western Atlantic *Starksia atlantica*, *S. lepicoelia*, and *S. sluiteri* (Teleostei, Labrisomidae), with comments on congruence of DNA barcodes and species[J]. ZooKeys, 2011, 79: 21.
- [14] REIJNEN B T, VAN DER MEIJ S E. Coat of many colours-DNA reveals polymorphism of mantle patterns and colouration in Caribbean *Cyphoma*

- Rödning, 1798 (Gastropoda, Ovulidae) [J]. PeerJ, 2017, 5: e3018.
- [15] REIJNEN B T, VAN DER MEIJ S E T. Systematics of the subfamily Aclyvolvinae (Caenogastropoda; Ovulidae) based on molecular and morphometric analyses [J]. Journal of Molluscan Studies, 2019, 85(3): 336-347.
- [16] WU Q, XING B, LIN M, et al. Molecular phylogeny suggests synonymy of *Sandalia bridgesi* within *Sandalia triticea* (Gastropoda: Ovulidae) [J]. ZooKeys, 2022, 1 096: 189-206.
- [17] MEYER C P, GELLER J B, PAULAY G. Fine scale endemism on coral reefs; archipelagic differentiation in turbinid gastropods [J]. Evolution, 2005, 59(1): 113-125.
- [18] PALUMBI S R. Nucleic acids II: the polymerase chain reaction [M]//HILLIS D, MORITZ C, MABLE B K. Molecular systematics. Sunderland; Sinauer Associates, 1996: 205-247.
- [19] BURLAND T G. Bioinformatics methods and protocols [M]. New York; Springer, 2000: 71-91.
- [20] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(10): 2 731-2 739.
- [21] NEI M, KUMAR S. Molecular evolution and phylogenetics [M]. Oxford: Oxford University Press, 2000.
- [22] JUKES T H, CANTOR C R. Evolution of protein molecules [M]//MONRO H N, ALLISON J B. Mammalian protein metabolism. Amsterdam; Elsevier, 1969.
- [23] FELSENSTEIN J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap [J]. Evolution, 1985, 39(4): 783-791.
- [24] LORENZ F, FEHSE D. Three new species of Ovulidae from the Red Sea (Mollusca; Gastropoda) [J]. Conchylia, 2012, 41: 10-24.
- [25] SOWERBY II G B. Description of some new species of *Ovulum* in the collection of Mr. Cumming [J]. Proceedings of the Zoological Society of London, 1848, 16: 135-138.
- [26] JARDINE W. Annals & magazine of natural history [M]. London; Taylor & Francis, Limited, 1849.
- [27] REEVE L, BROOKS V, REEVE F, et al. *Conchologia iconica*, or, illustrations of the shells of molluscous animals [M]. London; Reeve, Brothers, 1843.
- [28] BUREAU C S M, COOPER J G. Catalogue of West North American and many foreign shells, with their geographical ranges [M]. California; Superintendent State Printing, 1894.
- [29] CATE C. A systematic revision of the recent cypraeid family Ovulidae [J]. Veliger-Berkeley, 1973, 15: iv, 116.
- [30] GOSLINER T, BEHRENS D W, WILLIAMS G C. Coral reef animals of the Indo-Pacific; animal life from Africa to Hawaii exclusive of the vertebrates [M]. Berkeley; Sea Challengers, 1996.
- [31] LILTVED W R. Cowries and their relatives of southern Africa; a study of the southern African cypraeacean and velutinacean gastropod fauna [M]. Oxon; Gordon Verhoef, Seacomber Publications, 2000.
- [32] COLEMAN N. 2002 sea shells; catalogue of Indo-Pacific Mollusca [M]. Logan; Neville Coleman's Underwater Geographic Pty Limited, 2003.
- [33] WoRMS. WoRMS taxon details; *Naviculavolva deflexa* (G. B. Sowerby II, 1848) [DB/OL]. [2021-10-05]. <http://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=431020>.
- [34] CARPENTER P P. Catalogue of the collection of Mazatlan shells in the British museum [M]. London; Printed by order of the Trustees, 1857.
- [35] TRYON G W, PILSBRY H A, SHARP B. Manual of conchology, structural and systematic; with illustrations of the species [M]. Philadelphia; Academy of Natural Sciences, 1879.
- [36] HARDY. Hardy's internet guide to marine Gastropods [DB/OL]. [2021-10-05]. <https://conchology.be/?t=263&family=OVULIDAE%20SIMINIINAE&fullspecies=Naviculavolva%20deflexa&shellID=4722>.
- [37] TAMURA K. Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G+C-content biases [J]. Molecular Biology and Evolution, 1992, 9(4): 678-687.
- [38] SAITOU N, NEI M. The neighbor-joining method; a new method for reconstructing phylogenetic trees [J]. Molecular Biology and Evolution, 1987, 4(4): 406-425.
- [39] KIMURA M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences [J]. Journal of Molecular Evolution, 1980, 16(2): 111-120.

## A new record species in a new record genus of Ovulidae (Gastropoda) in China

WU Qiong<sup>1</sup>, XING Bingpeng<sup>1,2</sup>, FAN Shihao<sup>3</sup>, CHEN Xiaoyin<sup>1</sup>, SUN Rouxin<sup>1</sup>,  
CHEN Guangcheng<sup>1,2</sup>, WANG Chunguang<sup>1\*</sup>

(1. Third Institute of Oceanography, MNR, Xiamen 361005, China;

2. Observation and Research Station of Coastal Wetland Ecosystem in Beibu Gulf, MNR, Beihai 536015, China;

3. China Futures Market Monitoring Center, Beijing 100080, China)

**Abstract:** This paper describes a new record genus of Ovulidae collected from the waters of Lingshui, Hainan, the

genus *Naviculavolva* and a new record species, *N. deflexa*. The morphological features of the specimen are described and the specimen photos are attached. The correctness of the morphological identification was confirmed by comparing the CO I sequence and 16S sequence of the sample with NCBI database. This study provides reference for the classification study of the Ovulidae, thus extending the species diversity of Ovulidae in China seas and the distribution range of *Naviculavolva*.

**Key words:** marine biology; mollusk; Ovulidae; new record genus; *Naviculavolva*

**DOI:** 10.3969/J.ISSN.2095-4972.2023.01.001

(责任编辑:肖 静)