

长江中下游湖泊短颌鲚线粒体控制区 遗传多样性分析

王旭歌^{①②} 何勇凤^① 吴兴兵^① 杨德国^{①*}

① 中国水产科学研究院长江水产研究所, 农业部淡水生物多样性保护重点实验室 武汉 430223; ② 上海海洋大学 上海 201306

摘要: 为探明长江中下游不同湖泊中短颌鲚 (*Coilia brachygnathus*) 遗传多样性水平和遗传分化程度, 以洞庭湖、长湖、巢湖 3 个地理群体作为研究对象, 采用线粒体控制区序列为分子标记, 分别应用软件 DnaSP 5.0、Arlequin3.1.1、MEGA5.0 和 Network 5.1 进行了遗传参数统计和单倍型间分子变异分析 (AMOVA), 构建邻接系统树及单倍型网络图。对长江中下游短颌鲚野生群体的遗传多样性和遗传结构进行分析。结果显示, 用来分析的 1 236 bp D-loop 区序列中共 90 个变异位点, 54 个简约信息位点。长江中下游 3 个地理群体中共发现 58 个单倍型, 单倍型多样性 (h) 范围 0.949 ~ 0.982, 核苷酸多样性范围 0.004 99 ~ 0.006 21, 说明长江中下游 3 个湖泊短颌鲚地理群体具有较高的遗传多样性水平。3 个短颌鲚地理群体遗传分化指数 (F_{st}) 为 0.265 95, 呈现出中等程度的分化水平, 主要表现在巢湖群体与其他群体之间处于中等程度分化水平。依据遗传距离构建系统发育树及单倍型网络图也出现相类似结果。

关键词: 短颌鲚; D-loop; 遗传多样性; 遗传分化; 地理群体

中图分类号: Q953 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2018) 01-106-08

Genetic Diversity of *Coilia brachygnathus* in Yangtze River Based on Mitochondrial DNA D-loop Region Sequences

WANG Xu-Ge^{①②} HE Yong-Feng^① WU Xing-Bing^① YANG De-Guo^{①*}

① Key Laboratory of Freshwater Biodiversity Conservation, Ministry of Agriculture of China, Yangtze River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuhan 430223; ② Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: To assess the genetic diversity and genetic variation of *Coilia brachygnathus* populations in the mid-lower Yangtze River, three geographical populations from Dongting Lake, Changhu and Chaohu were studied based on mitochondrial D-loop sequences. Some genetic diversity parameters were analyzed by DnaSP 5.0, and heterozygous molecular variation analysis (AMOVA) was acquired by Arlequin 3.1.1. Using MEGA5.0, we analyzed the base composition, the number of nucleic acid site replacement, the calculation of

基金项目 现代农业产业技术体系专项资金 (No. CARS-46), “十二五”国家科技支撑计划课题 (No. 2012BAD25B08-03);

* 通讯作者, E-mail: yangdg@yfi.ac.cn;

第一作者简介 王旭歌, 女, 硕士研究生; 研究方向: 鱼类生态学; E-mail: 15290214105@126.com。

收稿日期: 2017-04-17, 修回日期: 2017-07-25 DOI: 10.13859/j.ejz.201801014

the genetic distance between populations and among populations. We also constructed the neighbor joining (NJ) phylogenetic tree, and the NJ system tree based on the topology of each branch. Network 5.1 was used to analyze the sequence of the control zone, and then the haplotype network diagram was constructed. Genetic diversity and genetic structure of *C. brachygnathus* populations in the mid-lower Yangtze River were analyzed. The results showed that there were 1 236 bp, 90 variation sites and 54 parsimony informative sites in D-loop sequence. There were 58 haplotypes among three geographical populations in the mid-lower Yangtze River, and the haplotypes diversity range was 0.949 - 0.982, the diversity of nucleotides was in the range of 0.004 99 - 0.006 21, indicating that the three geographical groups in the mid-lower Yangtze River had a high genetic diversity level (Table 2, 3). The genetic differential index F_{st} of total for populations was 0.265 95 (Table 4), showing that the genetic differentiation among populations was moderate and significant, especially between the Chaohu population and other groups. Similar results were also obtained according to the NJ phylogenetic tree and haplotype network diagram (Fig. 1, 2).

Key words: *Coilia brachygnathus*; D-loop; Genetic diversity; Genetic differentiation; Geographical populations

短颌鲚 (*Coilia brachygnathus*) 为德国人 Kreyenberg 和 Pappenheim (1908) 根据洞庭湖相关标本确立的一个物种, 为淡水生活鱼类, 分布于长江中下游的干支流和附属湖泊, 通江的湖泊相对较多, 冬季短颌鲚在深水区越冬, 其他季节则在水的中上层游弋 (湖北省水生生物研究所鱼类研究室 1976)。据相关资料记载, 巢湖的鲚属鱼类产量约占鱼类总产量的 70%, 鄱阳湖和洞庭湖约占 10% ~ 20%, 长湖相对较少。由于多年的持续高强度捕捞, 目前短颌鲚个体趋于小型化且资源量在不断减少 (罗红波 2006), 故捕捞利用现状不利于短颌鲚资源的正常维持。目前, 对短颌鲚的研究主要包括生物学特性、年龄与生长、渔业资源等方面 (洪云汉等 1984, 周宗汉等 1985, 张敏莹等 2005, 罗红波 2006, 刘引兰 2008, 许志强等 2009, 范海霞等 2011), 这些工作为短颌鲚的研究积累了丰富的资料和数据。

mtDNA 具有母系遗传和高突变率等特点, 特别是 D-loop 区的进化速率较其他区段快 5 倍以上, 是近缘种间和种内群体间遗传分化的重要标记, 因此广泛应用于亲缘关系近物种或种群间的遗传多样性方面的研究 (Xiao et al. 2009)。本文通过研究和分析短颌鲚 mtDNA

D-loop 区序列变异, 了解短颌鲚不同地理群体的遗传多样性水平和遗传分化程度, 可以为各湖泊制定有针对性的短颌鲚资源开发和保护对策提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 实验材料

短颌鲚样本于 2014 年 10 月至 2015 年 9 月期间从洞庭湖、长湖和巢湖现场采集 (表 1)。每个湖泊随机选取 30 尾短颌鲚个体, 每尾短颌鲚取背部肌肉 3 ~ 5 g, 置无水乙醇中保存, 用于后续实验。

1.2 短颌鲚 D-loop 序列的扩增与测定

取背部肌肉约 50 mg, 利用生工生物工程 (上海) 股份有限公司的动物组织基因组 DNA 提取试剂盒提取基因组 DNA。线粒体 DNA D-loop 的扩增引物序列为 DF1 (5'-CTA ACT CCC AAA GCT AGA ATT CT-3') 和 DR2 (5'-ATC TTA GCA TCT TCA GTG-3') (唐文乔等 2007)。PCR 反应条件为: 95 °C 预变性 5 min; 然后进行 95 °C 变性 40 s, 55 °C 退火 40 s 和 72 °C 延伸 1 min, 共 30 个循环; 最后 72 °C 延伸 5 min。PCR 产物经琼脂糖凝胶电泳后用生工生物工程 (上海) 股份有限公司 UNIQ-10 柱

表 1 短颌鲚样本采集信息

Table 1 The number of *Coilia brachygnathus* in each location

群体 Population	样本量 Sample size	采样地点 Location	采样时间 (年-月) Sampling time (Year-month)
洞庭湖 Dongting Lake	30	湖南洞庭湖鱼都码头 Dongting Lake in Hunan fish pier	2015-07
长湖 Changhu	30	湖北长湖关沮口码头 Changhu in Hubei Guanju pier	2014-10
巢湖 Chaohu	30	安徽巢湖城南水产品市场 Anhui Chaohu City south aquatic products market	2015-09

式试剂盒回收。经过纯化的扩增产物在生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序反应, 序列经正反两次重复测定以保证序列测定的相对准确性。

1.3 数据处理

采用 SeqMan 对测序序列比对, 同时进行人工校对。运用群体遗传分析软件 DnaSP 5.0 统计单倍型的个数 (H)、单倍型多样性 H_d 和核苷酸多样性 π 等遗传多样性参数。利用 Arlequin 3.1.1 软件进行单倍型间分子变异分析 (AMOVA) (Excoffier et al. 2005)。碱基组成、核酸位点替换数量、群体间和群体内遗传距离的计算及邻接系统树构建均通过软件 MEGA 5.0 完成, 其中, 构建邻接系统树时对拓扑图中每个分支的支持率都进行 1 000 次自展法重抽样检验完成 (Tamura et al. 2011)。采用 Network 5.1 对控制区序列进行统计简约分析, 构建单倍型网络图, 对图进行手工调整。

2 结果分析

2.1 序列变异特征

经过对 3 个群体 90 尾样本正反序列测定并

进行拼接之后, 共获得 1 195 ~ 1 254 bp 的 D-loop 序列。控制区片段经比对剪切后, 获得 1 236 bp 序列进行群体遗传分析, 其中, 变异位点 90 个, 简约信息位点 54 个, 保守位点 1 146 个。碱基 A、T、C 和 G 平均频率分别为 33.3%、33.2%、19.4% 和 14.2%。A 和 T 含量 (66.5%) 明显高于 C 和 G 含量 (33.6%)。

2.2 单倍型分布

长江中下游短颌鲚 3 个地理群体中共发现 58 种单倍型, GenBank 序列号为 KX869660 ~ KX869717。洞庭湖、长湖、巢湖各 30 尾个体的单倍型数量分别为 21、19 和 25 个; 群体间共享的单倍型为 4 个, 为单倍型总数的 6.9%, 另外 54 个单倍型仅为某个群体独有, 无 3 个地理群体共享的单倍型 (表 2)。

2.3 遗传多样性和遗传结构

巢湖群体的单倍型多样性最高, 长湖群体的单倍型多样性最低。巢湖群体核苷酸多样性最高, 长湖次之, 洞庭湖最低。3 个群体的核苷酸序列的多态位点数 (S) 26 ~ 50, 单倍型多样性 (h) 范围 0.949 ~ 0.982, 核苷酸多样性范围 0.004 99 ~ 0.006 21。巢湖地理群体多态位点

表 2 短颌鲚单倍型遗传信息

Table 2 The haplotype information of *Coilia brachygnathus*

群体 Population	单倍型数 Haplotype no.	单倍型多样性 Haplotype diversity	多态位点数 Polymorphic sites	核苷酸多样性 Nucleotide diversity
洞庭湖 Dongting Lake ($n = 30$)	21	0.963	26	0.004 99
长湖 Changhu ($n = 30$)	19	0.949	33	0.005 53
巢湖 Chaohu ($n = 30$)	25	0.982	50	0.006 21

数最多, 其核苷酸多样性也相对较高; 而洞庭湖群体的多态位点及核苷酸多样性均相对较低。

AMOVA 分析结果表明, 长江中下游 3 个地理群体短颌鲚的遗传差异主要发生在群体内部, 占 73.40%, 3 个地理群体之间遗传分化指数为 0.265 95, 不同的地理群体之间产生一定程度分化 (表 3)。

2.4 系统发育关系分析

巢湖群体和洞庭湖群体之间遗传距离最大, 长湖群体和洞庭湖群体遗传距离最小。各群体之间的遗传分化指数较低, 洞庭湖和长湖群体的分化指数最低, 而巢湖和洞庭湖群体之间存在较高的分化指数 (表 4)。

利用 MEGA 5.1 软件根据单倍型 (表 5) 构建的邻接系统发育树 (图 1) 及 Network 5.1 构建的单倍型网络图 (图 2) 均表现为短颌鲚 3 个种群的单倍型形成两个分支, 其中一个分支由洞庭湖和长湖群体的单倍型组成, 另一个分支由巢湖和少量长湖群体组成。

3 讨论

3.1 短颌鲚 D-loop 区结构与遗传多样性

D-loop 区为线粒体 DNA 的非编码序列, 其碱基更换速度快, 一般认为是线粒体基因组上进化最快部分, 控制区的变异速率比线粒体完整分子及其他区域快 5 到 10 倍, 在分子钟进化的速率可达到百万年 19% 的比率。短颌鲚 mtDNA D-loop 序列 A、T 明显多于 C、G, 呈现出碱基组成明显偏向性。这与鲚属鱼类 mtDNA 控制区 A 和 T 的“丰富区”一致 (唐文乔等 2007), 符合脊椎动物 mtDNA 碱基组成特点。

物种遗传多样性是对周围环境变化适应性。遗传多样性主要通过单倍型和核苷酸多样性来判断和确定, 往往其数值相对高, 表示相对基因丰度就会较大, 从而对周围环境不断变化的适应性相应地就会越强, 其存在和生存能力就越强。Lan 等 (1993) 认为, 当核苷酸多样性值在 0.001 5 ~ 0.004 7 时, 群体的遗传多样性较低。本研究中, 短颌鲚群体核苷酸多样性洞庭湖的最小 (0.004 99), 长湖 0.005 53、巢湖 0.006 21, 均大于 0.004 7。表明短颌鲚地理群体既有较高的单倍型多样性, 同时有较高的核苷酸多样性。

表 3 短颌鲚群体分子变异分析

Table 3 Analysis of molecular variance (AMOVA) for the *Coilia brachygnathus* populations

遗传差异来源 Source of variance	自由度 Degree of freedom	遗传变异元素 Variance components	占总变异百分比 Percentage of variance (%)
群体间 Among populations	2	3.967 23	26.60
群体内 With in populations	87	10.949 81	73.40
总计 Total	89	14.917 04	

$$F_{st} = 0.265 95$$

表 4 短颌鲚群体间的遗传分化指数 (F_{st} , 左下角) 和遗传距离 (右上角)

Table 4 Pairwise genetic differential index (F_{st}) and pairwise distance of *Coilia brachygnathus* stocks

	洞庭湖 Dongting Lake	长湖 Changhu	巢湖 Chaohu
洞庭湖 Dongting Lake		0.006	0.012
长湖 Changhu	- 0.015 08		0.011
巢湖 Chaohu	0.372 76*	0.355 54*	

“*”表示差异显著, $P < 0.05$, P 为遗传分化指数显著性检验值。

“**” means significance level, $P < 0.05$. P is the significance index of genetic differential index.

表 5 短颌鲢单倍型在各群体中的分布
Table 5 Haplotypes frequencies of D-loop gene fragments in *Coilia brachygnathus*

单倍型 Haplotype	数目 Number	群体 Population		
		洞庭湖 Dongting Lake	长湖 Changhu	巢湖 Chaohu
Hap1	1	1		
Hap2	1	1		
Hap3	1	1		
Hap4	7	4	3	
Hap5	1	1		
Hap6	9	4	5	
Hap7	1	1		
Hap8	1	1		
Hap9	1	1		
Hap10	1	1		
Hap11	1	1		
Hap12	1	1		
Hap13	4	3	1	
Hap14	4	4		
Hap15	1	1		
Hap16	1	1		
Hap17	2	1	1	
Hap18	1	1		
Hap19	1	1		
Hap20	3		3	
Hap21	1		1	
Hap22	1		1	
Hap23	4		4	
Hap24	1		1	
Hap25	1		1	
Hap26	1		1	
Hap27	1		1	
Hap28	1		1	
Hap29	1		1	
Hap30	1		1	
Hap31	1		1	
Hap32	1		1	
Hap33	1		1	
Hap34	1		1	
Hap35	1			1
Hap36	5			5
Hap37	1			1
Hap38	1			1
Hap39	1			1
Hap40	1			1
Hap41	1			1
Hap42	1			1
Hap43	1			1
Hap44	1			1
Hap45	1			1
Hap46	1			1
Hap47	1			1
Hap48	2			2
Hap49	1			1
Hap50	1			1
Hap51	2			2
Hap52	1			1
Hap53	1			1
Hap54	1			1
Hap55	1			1
Hap56	1			1
Hap57	1			1
Hap58	1			1

综合遗传多样性的评判指标可以看出, 3 个地理群体遗传多样性水平从高到低为巢湖 > 洞庭湖 > 长湖, 据相关资料记载, 巢湖的鲢属鱼类产量约占鱼类总产量的 70%, 鄱阳湖和洞庭湖约占 10% ~ 20%, 长湖相对较少。长湖与长江通过湖北太湖相连接, 相对于其他湖泊而言相对有一定的封闭性, 这可能是造成长湖短颌鲢遗传多样性相对较低的原因。

3.2 短颌鲢群体遗传距离及亲缘关系

遗传距离的大小和群体之间亲缘关系有一定的相关性, 故遗传距离的估算对遗传多样性推算有十分重要的意义。遗传距离变异范围在本文长江中下游 3 个地理群体短颌鲢之间为 0.006 至 0.012。相对遗传距离较小。同时, 根据相关资料 (Shaklee et al. 1982), 利用遗传距离 P 值来划分属、种和种群, 其分界线是 0.90、0.30、0.05。本研究中短颌鲢长江中下游群体间遗传距离的平均值是 0.008, 故尚未达到亚种分化水平。根据 F_{st} 大小划定群体的分化程度 (Freeland 2005): 低中高度分化的 F_{st} 值得范围分别为 0 ~ 0.05、0.05 ~ 0.25 和大于 0.25, 这个标准被大多鱼类分类所接受。本研究将 3 个地理群体短颌鲢作为一个整体, F_{st} 为 0.265 95, 这说明将 3 个地理群体短颌鲢作为一个大群体来讲已产生了高等程度的分化, 主要表现在长江下游巢湖与长江中游长湖和洞庭湖群体产生了一定程度的分化, 长江中游长湖和洞庭湖群体间存在负值现象, 说明长江中游湖泊之间分化相对不明显。

在邻接法构建的短颌鲢 mtDNA 控制区系统发育树和单倍型网络图中 (图 1, 2), 3 个地理群体的亲缘关系与它们的地理位置有一定的相关性。从中全新世以来, 由于环境污染和气候变化, 导致海平面不断上升, 长江干流到河口水位不断上升, 从而引起长江中下游两岸相对低洼的地方排水不畅, 故蓄水成为湖泊。形成湖泊时间的快慢, 与其地势的高低和长江干流水位高度相关。大体来讲, 长江下游两岸的地势较低的地方形成湖泊的时间相对早于长

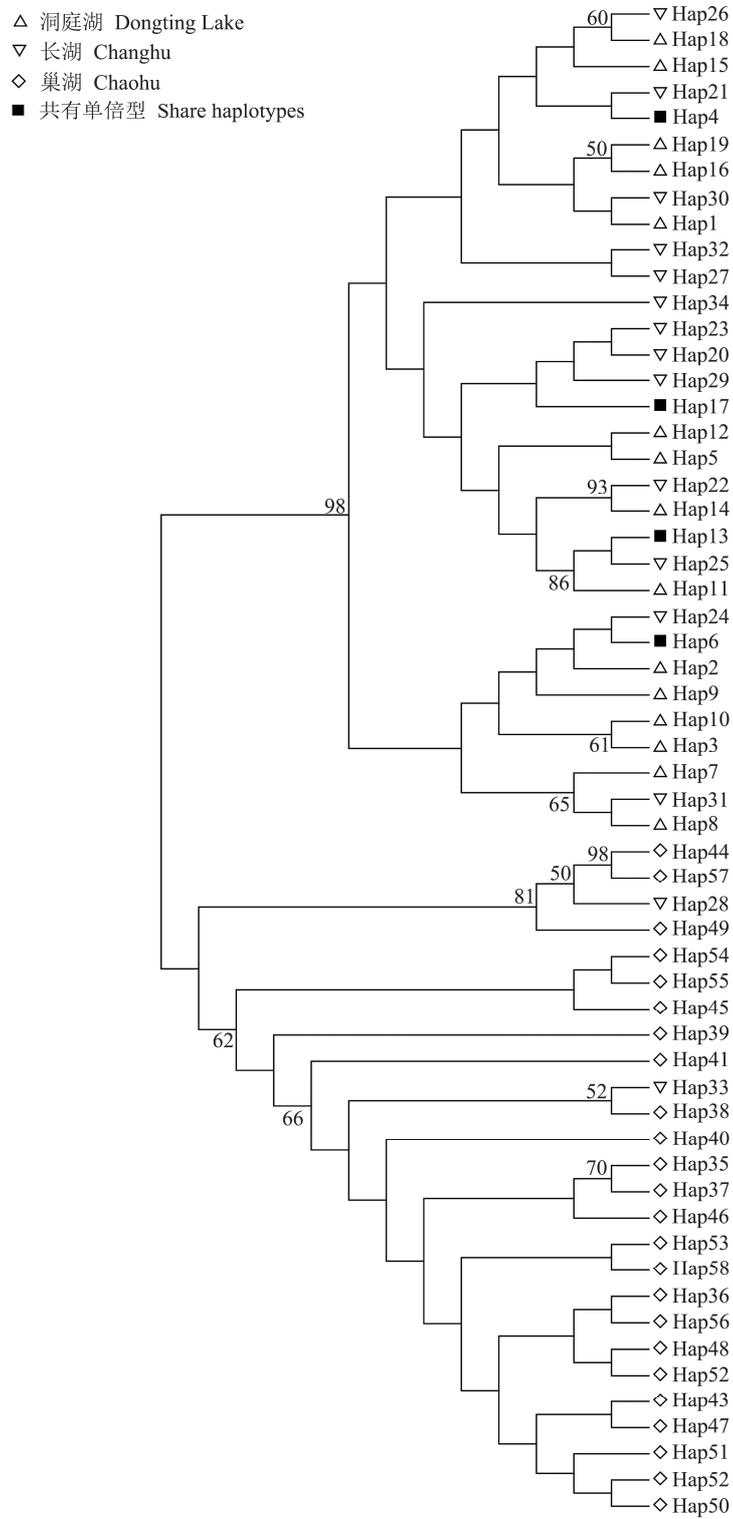


图 1 基于 3 个湖泊短颌鲚群体 D-loop 序列单倍型的邻接系统树

Fig. 1 Neighbor joining tree based on D-loop haplotypes of *Coilia brachygnathus*

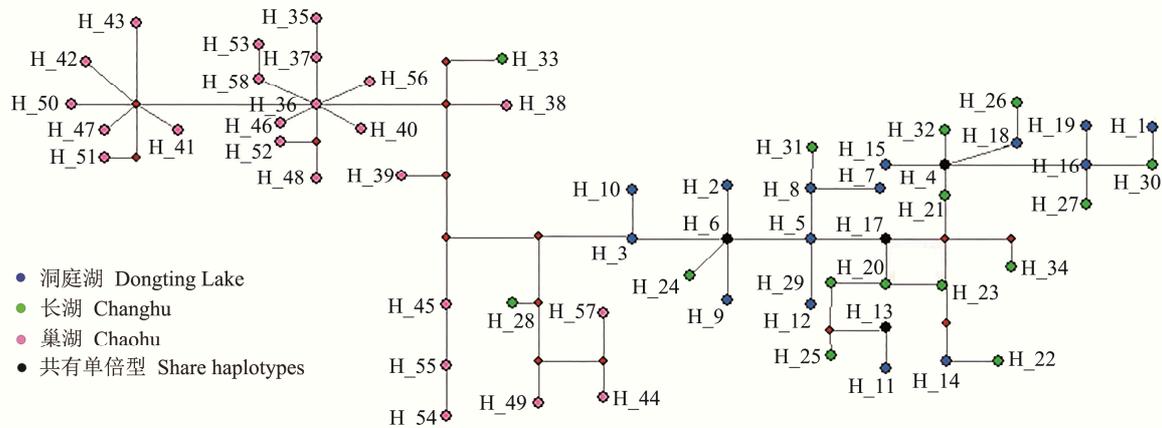


图2 短颌鲢 D-loop 单倍型的网络图

Fig. 2 The Network of D-loop haplotypes of *Coilia brachygnathus*

H-代表单倍型, 缺失单倍型用小的红色圆圈表示。

H- represents haplotypes. Missing haplotypes are indicated by red circles.

江中游地势较低处形成湖泊的时间(杨达源等 2000)。长湖、洞庭湖和鄱阳湖 3 个群体间的个体相互穿插, 并未形成各自种群内特定一支。同时 F_{st} 结果也显示, 长湖短颌鲢种群和洞庭湖短颌鲢种群间存在负值现象, 表明种群内个体间的差异大于种群间的差异水平, 表明这 3 个短颌鲢地理群体间没有十分显著遗传分化, 仍可以进行不断的随机交配。长湖通过湖北太湖与长江相通, 洞庭湖为通江湖泊, 群体之间的地理距离较近, 目前也没有明显的地理隔离, 在生物进化中必然伴随基因交流, 短颌鲢的繁殖期持续时间长, 为 5 ~ 10 月(袁传必等 1980), 且最新的研究发现短颌鲢中也存在溯河洄游个体(徐钢春等 2014), 故认为长江中游的短颌鲢存在相对较多的基因交流。巢湖为我国主要的淡水湖泊, 坐落于安徽省, 为长江下游湖泊。有大小河流 33 条汇聚后流入巢湖, 再经过裕溪河与长江相通。近些年由于人类活动的影响, 巢湖的生态环境受到了严重的影响, 水质不断恶化, 其富营养化越发严重, 由于巢湖独特的地理环境导致巢湖群体与其他群体间的基因交流受到一定程度影响。

致谢 长江水产研究所汪登强副研究员对文章写作的指导和修改, 上海海洋大学颜文斌、陈

亮和王亚龙参与了野外采样工作, 在此一并表示感谢。

参 考 文 献

- Excoffier L, Laval G, Schneider S. 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1(1): 47–50.
- Freeland J R. 2005. *Molecular Ecology*. Chichester: John Wiley and Sons, 112–116.
- Lan H, Shi L M. 1993. The origin and genetic differentiation of native breeds of pigs in south west China: An approach from mitochondrial DNA polymorphism. *Biochemical Genetics*, 31(1/2): 51–60.
- Shaklee J B, Tamaru C S, Waples R S. 1982. Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoretic analysis of proteins. *Pacific Science*, 36(2): 141–157.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, et al. 2011. MEGA 5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony method. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10): 2731–2739.
- Xiao Y S, Zhang Y, Gao T X, et al. 2009. Genetic diversity in the mtDNA control region and population structure in the small yellow croaker *Larimichthys polyactis*. *African Journal of Biotechnology*, 85(4): 303–314.

- 范海霞, 吴志强, 胡茂林. 2011. 鄱阳湖不同生长阶段短颌鲚生化成分和能量的变化. 水产科学, 30(2): 91-93.
- 洪云汉, 周敏. 1984. 短颌鲚的核型及其 ZZ-ZO 性染色体. 遗传, 6(4): 12-14.
- 湖北省水生生物研究所鱼类研究室. 1976. 长江鱼类. 北京: 科学出版社, 21-30.
- 刘引兰. 2008. 鄱阳湖短颌鲚的鉴定及其生物学特性. 南昌: 南昌大学硕士学位论文.
- 罗红波. 2006. 长江天鹅洲故道短颌鲚年龄生长及性腺发育. 成都: 西南大学硕士学位论文.
- 唐文乔, 胡雪莲, 杨金权. 2007. 从线粒体控制区全序列变异看短颌鲚和湖鲚的物种有效性. 生物多样性, 15(3): 224-231.
- 徐钢春, 顾若波, 刘洪波, 等. 2014. 长江短颌鲚耳石 Sr/Ca 值变化特征及其江海洄游履历. 水产学报, 38(7): 37-41.
- 许志强, 葛家春, 黄成, 等. 2009. 基于颌骨长度和线粒体 Cyt b 序列变异探讨短颌鲚的分类地位. 大连水产学院学报, 24(3): 242-245.
- 杨达源, 李徐生, 张振克. 2000. 长江中下游湖泊的成因与演化. 湖泊科学, 12(3): 226-232.
- 袁传必, 秦安龄, 刘仁华, 等. 1980. 关于长江中下游及东南沿海各省的鲚属鱼类种下分类的探讨. 南京大学学报, 16(3): 67-82.
- 张敏莹, 徐东坡, 刘凯, 等. 2005. 长江下游刀鲚生物学及最大持续产量研究. 长江流域资源与环境, 14(6): 694-699.
- 周宗汉, 林金榜. 1985. 刀鲚和短颌鲚血清蛋白聚丙烯酰胺凝胶电泳的比较研究. 南京大学学报, 21(1): 107-109.

江西鹰潭发现长尾鸭

Long-tailed Duck (*Clangula hyemalis*) Found in Yingtan, Jiangxi Province

长尾鸭 (*Clangula hyemalis*) 是鸭科 (Anatidae) 鸟类, 繁殖在北极地区, 越冬在北美洲太平洋沿岸、日本、朝鲜、欧洲西部沿海、波罗的海、里海、纽芬兰岛等地。长尾鸭在我国比较少见, 属冬候鸟或旅鸟, 在中国东北 (刘伯文 1992, 韩晓东 1994)、华北 (刘阳等 2005, 张月侠等 2014) 和华东 (鲁长虎等 2010)、四川 (朱磊等 2012)、新疆 (马鸣等 2007) 等地有记录。



图 1 长尾鸭 (肖冬样 摄)

Fig. 1 Long-tailed Duck, *Clangula hyemalis*
(Photo by XIAO Dong-Yang)

2013 年 1 月 16 日, 在江西省鹰潭市龙虎山风景名胜区的泸溪河段 (28°01'40"N, 117°05'11"E) 发现 1 只长尾鸭 (图 1), 并拍摄了视频、照片。该鸟体背及翅褐色, 头顶黑褐色, 脸白色, 颈侧白色具黑斑, 前胸与颈部交界具黑褐色环形带, 根据《中国鸟类野外手册》(约翰·马敬能等 2000) 描述, 判断该鸟为长尾鸭雌性个体。该鸟与中华秋沙鸭 (*Mergus squamatus*) 越冬群体混群, 在之后近 2 个月的越冬期, 当地护鸟员一直观测到该鸟在此河段附近活动。查阅《中国鸟类分类与分布名录》(郑光美 2011), 显示江西无长尾鸭分布记录, 本次发现的长尾鸭为江西省鸟类分布新记录。

孙志勇^① 雷小勇^② 黄晓凤^① 肖冬祥^③ 刘鹏^①

① 江西省林业科学院 南昌 330032; ② 余干县林业局 上饶 335110; ③ 鹰潭市龙虎山风景名胜区内清镇人民政府 鹰潭 335005

第一作者介绍 孙志勇, 男, 副研究员; 研究方向: 野生动物保护与利用; E-mail: 49363918@qq.com。

收稿日期: 2017-07-08, 修回日期: 2017-10-26 DOI: 10.13859/j.ejz.201801026