

# 湖南省永顺县发现亚洲宽耳蝠

吴涛<sup>①</sup> 黄太福<sup>①</sup> 龚小燕<sup>①</sup> 彭兴文<sup>②</sup> 彭乐<sup>①</sup> 张佑祥<sup>①</sup>  
彭清忠<sup>①</sup> 刘志霄<sup>①\*</sup> 张礼标<sup>②\*</sup>

① 吉首大学生物资源与环境科学学院 吉首 416000; ② 广东省生物资源应用研究所, 广东省动物保护与资源利用重点实验室, 广东省野生动物保护与利用公共实验室 广州 510260

**摘要:** 2014年4月6日及2015年8月17日在湖南省永顺县小溪乡竹坪村和小溪村附近共获得2只雄性宽耳蝠标本。该蝠体型中等偏小, 外耳廓呈方形, 具有明显的横嵴, 无耳突, 耳屏呈尖三角形, 双耳在额部相连, 耳屏长近耳长的一半; 背毛和腹毛黑棕色, 毛尖偏白色, 翼膜基部至股间膜的腹面毛色偏黄白色。脑颅骨略呈扁平状, 听泡较小, 齿式为2.1.2.3/3.1.2.3 = 34。综合外部形态、头骨特征、Cyt *b* 和 *ND1* 基因序列的比对及系统发育树的构建, 将其鉴定为亚洲宽耳蝠 (*Barbastella leucomelas*), 属湖南省翼手目动物分布新记录种, 标本分别保存于吉首大学生物资源与环境科学学院动物标本室(标本号: 20140406053) 和广东省生物资源应用研究所(标本号: 151126)。

**关键词:** 翼手目(蝙蝠); 亚洲宽耳蝠; 新分布记录; Cyt *b*; *ND1*; 湖南

**中图分类号:** Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2018) 03-339-08

## The Asian *Barbastelle* (*Barbastella leucomelas*) Found in Yongshun County of Hunan Province

WU Tao<sup>①</sup> HUANG Tai-Fu<sup>①</sup> GONG Xiao-Yan<sup>①</sup> PENG Xing-Wen<sup>②</sup> PENG Le<sup>①</sup>  
ZHANG You-Xiang<sup>①</sup> PENG Qing-Zhong<sup>①</sup> LIU Zhi-Xiao<sup>①\*</sup> ZHANG Li-Biao<sup>②\*</sup>

① *College of Biology and Environmental Sciences Jishou University, Jishou 416000;* ② *Guangdong Key Laboratory of Animal Conservation and Resource Utilization, Guangdong Public Laboratory of Wild Animal Conservation and Utilization, Guangdong Institute of Applied Biological Resources, Guangzhou 510260, China*

**Abstract:** Two males of *barbastelle* were obtained near of Zhuping Village and Xiaoxi Village, Xiaoxi Town, Yongshun County, Hunan Province, on April 6<sup>th</sup>, 2014 and August 17<sup>th</sup>, 2015. It was a medium-sized species, and had triangular tragi and nearly square outline of ears with transverse ridges in shape. The ears joined across its forehead without a prominent projecting lobe, and the tragi length was nearly a half of ear (Fig. 1a).

**基金项目** 国家自然科学基金项目 (No. 31560130), 湖南省生物类专业人才培养示范基地建设项目暨湖南省科普基地开放基金招标项目 (No. 17KPWT03), 广东省科学院科技发展专项 (No. 2017GDASCX-0107), 广东省林业自然保护区第一期动植物多样性监测体系建设项目 (No. 0877-16GZTP01D060);

\* 通讯作者, E-mail: zxliu1965@163.com, zhanglb@gdei.gd.cn;

**第一作者介绍** 吴涛, 男, 硕士研究生; 研究方向: 动物生态学; E-mail: 623725242@qq.com.

收稿日期: 2017-11-23, 修回日期: 2018-03-12 DOI: 10.13859/j.ejz.201803003

The dorsal and ventral fur appeared black brown with the hair tip slightly white, the ventral hair between patagium base and uropatagium was partially yellow-white. The skull is slightly flattened, and the small of tympanic bulla, The dental formula of specimens is  $2.1.2.3/3.1.2.3 = 34$  (Fig. 1b - e). They were identified as Asian *Barbastelle* (*Barbastella leucomelas*) based on its external morphology, skull characteristics, and the comparison of *Cyt b* and *ND1* gene sequences by construction of Neighbor-Joining phylogenetic tree (Fig. 2). The specimens of *B. leucomelas* were a new record of Chiroptera for Hunan Province, preserved in the Vertebrate Collection, College of Biology and Environmental Sciences of Jishou University and Guangdong Institute of Applied Biological Resources, respectively.

**Key words:** Chiroptera (Bats); Asian *Barbastelle* (*Barbastella leucomelas*); New record; *Cyt b*; *ND1*; Hunan

宽耳蝠属 (*Barbastella*) 隶属于翼手目 (Chiroptera) 蝙蝠科 (Vespertilionidae), 目前世界上已知有 3 种, 即欧洲宽耳蝠 (*B. barbastellus*)、北京宽耳蝠 (*B. beijingensis*) 和亚洲宽耳蝠 (*B. leucomelas*)。欧洲宽耳蝠分布于英国、保加利亚、土耳其、高加索山脉、加那利群岛等欧洲国家或地区 (Trujillo et al. 2002, Juste et al. 2003)。北京宽耳蝠为我国特有种, 目前仅发现于北京地区 (Zhang et al. 2007)。亚洲宽耳蝠分布较广, 见于埃及、伊朗、阿富汗、印度、尼泊尔、中国及日本等国 (Zhang et al. 2007), 在我国境内, 有分布记录的省区包括内蒙古、新疆、甘肃、陕西、四川、重庆、云南、河南、台湾 (Smith et al. 2009, 蒋志刚 2015)。2014 年 4 月 6 日、以及 2015 年 8 月 17 日, 我们在湖南小溪国家级自然保护区, 将鸟网布设在村庄周边的林间小路、溪边、桥下等蝙蝠活动频繁的场所以, 先后捕得 2 只雄性宽耳蝠个体, 编号为 20140406053 和 151126, 综合外部形态特征、头骨量度和分子数据, 将其鉴定为亚洲宽耳蝠, 为湖南省翼手目动物分布新记录种。

## 1 材料与方 法

### 1.1 标本采集

标本采集地点分别位于湖南省永顺县小溪国家级自然保护区境内的竹坪村 (28°47'31"N, 110°13'11"E, 海拔 308 m; 标本号为 20140406053) 和小溪村 (28°48'23"N,

110°15'30"E, 海拔 486 m; 标本号为 151126)。将标本带回室内进行外部形态观察、拍照、头骨制作及参数测量, 并取 20140406053 个体少量肌肉用于分子鉴定。由前臂与上臂连接处骨骺的骨化程度 (Anthony 1988) 判定两标本均为成体, 而后将标本 (以下称“湖南标本”) 置于 75% 的酒精中分别保存于吉首大学生物资源与环境科学学院动物标本室 (20140406053) 和广东省生物资源应用研究所 (151126)。

### 1.2 形态测量

依据翼手目动物形态测量标准 (杨奇森等 2007, Zhang et al. 2007), 用数显式游标卡尺 (上海申韩量具有限公司, 测量精度为 0.01 mm) 测量标本的外形和头骨, 用电子天平称重 (TANITA 牌, 日本, 精确到 0.1 g)。外形测量参数如下: 头体长 (head and body length, HBL)、前臂长 (forearm length, FL)、耳长 (ear length, EL)、耳宽 (ear width, EW)、耳屏长 (tragus length, TRL)、耳屏宽 (tragus width, TRW)、后足长 (hind-foot length, HFL)、胫长 (tibia length, TIL)、距长 (calcar length, CL)、尾长 (tail length, TL)、第 2 掌骨长 (the 2nd metacarpal length, 2DM)、第 3 掌骨长 (the 3rd metacarpal length, 3DM)、第 4 掌骨长 (the 4th metacarpal length, 4DM)、第 5 掌骨长 (the 5th metacarpal length, 5DM)。

剥离 20140406053 标本的头骨并测量以下参数: 颅全长 (greatest length of skull, GLS)、颅基长 (condylo-base length, CBL)、枕犬长

(condylo-canine length, CCL)、颅宽(braincase breadth, BB)、颅高(braincase height, BH)、眶间距(interorbital width, IOW)、听泡长(length of tympanic bulla, LTB)、上齿列长(upper tooth row length, C<sup>1</sup>-M<sup>3</sup>、上犬齿外宽(upper canine width, C<sup>1</sup>-C<sup>1</sup>: 上颌左右犬齿外缘间的宽度)、上第 2 臼齿宽(upper molar width, M<sup>2</sup>-M<sup>2</sup>: 上颌左右第 2 臼齿外缘间的宽度)、下颌长(mandible length, ML)、下齿列长(lower tooth row length, C<sub>1</sub>-M<sub>3</sub>: 下颌犬齿前端到第 3 臼齿后方的长度)。

为了确定湖南标本的种类, 我们选择 Zhang 等(2007)报道的 1 只亚洲宽耳蝠四川标本(IOZ-BRG-FLW007)、2 只亚洲宽耳蝠台湾标本[THU12920(7184)和 THU6977(12454)]以及 2 只北京宽耳蝠(IOZ-BRG00054 和 IOZ-BRG00065)与刘森等(2017)报道的 1 只亚洲宽耳蝠河南标本的外部形态和头骨测量数据进行比对。

### 1.3 基因组 DNA 的提取、PCR 扩增及测序

取 20140406053 号标本的肌肉组织约 0.25 g, 用 1%浓度的 PBS 缓冲液冲洗两次后, 采用生工生物工程(上海)股份有限公司的 Ezup 柱式动物基因组 DNA 抽提试剂盒(B518251)提取基因组 DNA。主要依据文献(Zhang et al. 2007, Sun et al. 2008)确定 Cyt *b* 和 *ND1* 两个基因的引物, Cyt *b*-1: 5'-TAG AAT ATC AGC TTT GGG TG-3', Cyt *b*-2: 5'-AAA TCA CCG TTG TAC TTC AAC-3'; L16S: 5'-CCT CGA TGT TGG ATC AGG-3', HtMet: 5'-GTA TGG GCC CGA TAG CTT-3'。引物均委托生工生物工程(上海)股份有限公司合成。PCR 反应体系的总体积为 50  $\mu$ l, 其中包括 5  $\mu$ l 模板 DNA (浓度约 10 ng)、5  $\mu$ l 10 $\times$  PCR Buffer、4  $\mu$ l 25 mmol/L 的 dNTP、0.5  $\mu$ l 10  $\mu$ mol/L 的引物、0.5  $\mu$ l *Taq* 酶(5 U/ $\mu$ l), 双蒸水补足至 50  $\mu$ l。扩增 Cyt *b* 和 *ND1* 基因片段反应程序为: 94  $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94  $^{\circ}$ C 变性 30 s, 49  $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72  $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 循环次数为 30 次; 最后 72  $^{\circ}$ C 总

延伸 10 min。PCR 产物用 1%琼脂糖凝胶电泳检测后, 选取条带清晰明亮的 PCR 产物寄送生工生物武汉测序部进行纯化后测序, 并对测序结果进行拼接。

### 1.4 数据处理

为了通过序列差异分析来确定湖南标本的种类, 有效扩增了湖南标本的 Cyt *b* (1 140 bp, GenBank 登录号 MG747669)和 *ND1* 基因(957 bp, GenBank 登录号 MG747670)。测序结果用 Chromas 2.33 查看峰值, 利用 DNASTAR 7.1 对拼接序列进行编辑校正。选用 Mega 7 (Tamura et al. 2011)软件, 基于 Kimura 双参模型(Kimura 2-parameter)计算全部碱基替换情形下的序列间遗传距离(K2P-distance)(Kimura 1980), 并统计碱基组成、信息位点、保守位点和转换/颠换率等。之后, 我们选择 Zhang 等(2007)报道的 4 只宽耳蝠、2 种长耳蝠(褐长耳蝠 *Plecotus auritus*、灰长耳蝠 *P. austriacus*)和刘森等(2017)报道的宽耳蝠的 Cyt *b* 和 *ND1* 基因序列进行比对, 以长耳蝠作为外群, 以邻接法(neighbor-joining, NJ)分别构建两个基因序列的系统发育树, 进化树各分支的置信度采用 1 000 次自举分析进行重复检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 外形及头骨特征

湖南标本体型中等偏小, 前臂长 40.22 ~ 40.31 mm。外耳廓呈方形, 具有明显横褶, 无耳突, 耳屏呈尖三角形, 双耳在额部相连, 耳屏长近耳长的一半(图 1a); 鼻孔位于鼻垫之后, 直接朝上, 鼻吻部较扁平且短, 有明显的含腺鼻隆, 上、下唇边具有较稠密的毛和少数较长的细须; 翼膜末端止于趾基部, 股间膜起始于踝关节, 具有距缘膜; 背毛和腹毛黑棕色, 毛尖偏白色, 腹面近翼膜和股间膜一带腹毛偏黄白色。体长大于尾长, 第 3 掌骨至第 5 掌骨依次减小, 后足长不到胫长之半(表 1)。

头骨较小, 颅全长为 14.49 mm, 比北京宽耳蝠略小, 其余头骨测量参数均与亚洲宽耳蝠



图1 亚洲宽耳蝠（湖南标本）的外形与头骨特征

Fig. 1 External and skull characteristics of *Barbastella leucomelas* (Hunan sample)

a. 正面观; b. 头骨背视图; c. 头骨腹视图; d. 头骨侧视图; e. 下颌骨正面观。

a. Full face view of bat; b. Dorsal view of skull; c. Ventral view of skull; d. Lateral view of skull; e. Frontal view of mandible.

相似（表1）；脑颅骨略呈扁平状，矢状嵴和人字嵴均可见，但不明显（图1b）。颧弓和眶上嵴微弱，听泡较小，基枕骨宽。齿式为2.1.2.3/3.1.2.3 = 34，前腭顶端的凹陷不超过第一枚前臼齿，鼻吻部较宽，鼻间沟明显（图1c）。上齿列长为4.64 mm，短于下齿列长（4.85 mm）。上颌，上门齿明显，外尖高于内尖，第1门齿（P<sup>1</sup>）有两个尖，第2门齿（P<sup>2</sup>）明显小于第1门齿；犬齿（C）发达，上犬齿强于下犬齿，缺乏第2齿尖；第1上前臼齿（P<sup>2</sup>）非常细小，位于犬齿内侧后缘靠近第2前臼齿（P<sup>4</sup>）处，第2前臼齿（P<sup>4</sup>）较大，其高度约为犬齿的2/3；第3臼齿（M<sup>3</sup>）较小，宽度约为第1（M<sup>1</sup>）、2臼齿（M<sup>2</sup>）的一半（图1c、d）。下颌，下门齿及第1前臼齿（P<sub>2</sub>）较小，但较明显；下犬齿高于第2前臼齿（P<sub>4</sub>），但宽度一致，第2前臼齿（P<sub>4</sub>）、第1臼齿（M<sub>1</sub>）、第2臼齿（M<sub>2</sub>）和第3臼齿（M<sub>3</sub>）几乎等高，第1臼齿（M<sub>1</sub>）、第2臼齿（M<sub>2</sub>）和第3臼齿（M<sub>3</sub>）齿冠呈“W”形，M<sub>3</sub>的宽度略小于M<sub>1</sub>、M<sub>2</sub>的宽度（图1e）。

## 2.2 分子鉴定

有效扩增了湖南标本（20140406053）的 *Cyt b*（1 140 bp）和 *ND1* 基因（957 bp），将获得的序列经比对校正后，通过 NCBI Blast 程序

进行相似性序列检测，结果显示，其 *Cyt b* 和 *ND1* 均与亚洲宽耳蝠达到 99% 的相似度，与北京宽耳蝠的最高相似度分别为 87% 和 85%。在 *Cyt b* 序列中，含有保守位点、变异位点、信息位点分别为 798 个、324 个、199 个，转换与颠换速率之比为 2.93；在 *ND1* 的序列中，含有保守位点、变异位点、信息位点分别为 634 个、323 个、206 个，转换与颠换速率之比为 4.49。基于 *Cyt b* 和 *ND1* 基因使用邻接法构建的分子进化树显示，湖南标本和亚洲宽耳蝠聚在一起，呈现最近的亲缘关系（图2）。经双参数模型计算的遗传距离显示，湖南标本 *Cyt b* 基因序列与亚洲宽耳蝠序列相差 2.1%~2.4%，与北京宽耳蝠序列相差 17.5%；*ND1* 基因序列与亚洲宽耳蝠序列相差 0~0.9%，与北京宽耳蝠序列相差 17.5%~18%。

## 3 讨论

随着对蝙蝠研究的深入，对于一些在外形上难以区分的种类也有了综合性的分类解决方案，而 DNA 遗传分析以其操作方便、方法规范、信息量大、分析快速准确等优点得到了更广泛的应用，但必须与形态学相结合才能显示其科学意义与分类学价值。在伏翼（Barratt et al.

表 1 不同地区宽耳蝠标本的外形及头骨数据比较 (mm)

	亚洲宽耳蝠 <i>B. leucomelas</i>										北京宽耳蝠 <i>B. beijingensis</i>	
	本研究 This study		河南 Henan		四川 Sichuan		台湾 Taiwan		台湾 Taiwan		IOZ-BRG00054	IOZ-BRG00065
	20140406053	1511126	刘森等 2017	Zhang et al. 2007	IOZ-BRG-FLW007	Zhang et al. 2007	THU12920 (7184)	Zhang et al. 2007	THU6977(12454)	Zhang et al. 2007	Zhang et al. 2007	Zhang et al. 2007
头体长 Head and body length, HBL	47.07	46.60	-	41.1	-	41.1	51.5	47.9	47.9	52.6	49.7	
前臂长 Forearm length, FL	40.22	40.31	40.4	37.8	-	37.8	40.0	42.1	42.1	41.1	41.9	
耳长 Ear length, EL	14.41	13.13	14.1	10.5	-	10.5	12.8	11.9	11.9	15.5	14.6	
耳宽 Ear width, EW	11.98	11.80	12.0	-	-	-	11.9	8.4	8.4	12.8	9.8	
耳屏长 Tragus length, TRL	7.15	8.42	6.9	-	-	-	6.9	5.3	5.3	6.9	7.4	
耳屏宽 Tragus width, TRW	3.33	3.35	3.6	-	-	-	3.4	2.6	2.6	3.5	3.1	
后足长 Hind-foot length, HFL	6.98	7.11	7.3	5.3	-	5.3	6.5	6.5	6.5	7.9	6.2	
脛长 Tibia length, TTL	17.81	18.62	20.6	18.4	-	18.4	18.1	19.2	19.2	19.1	23.1	
距长 Calcaneal length, CL	12.23	14.33	5.6	-	-	-	5.6	5.6	5.6	5.5	5.6	
尾长 Tail length, TL	43.10	41.41	46.3	40.0	-	40.0	27.0	41.7	41.7	47.0	32.7	
第 2 掌骨长 The 2nd metacarpal length, 2DM	36.70	35.25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
第 3 掌骨长 The 3rd metacarpal length, 3DM	36.51	37.47	36.5	-	-	-	35.1	39.6	39.6	39.9	40.9	
第 4 掌骨长 The 4th metacarpal length, 4DM	36.16	35.32	38.5	-	-	-	40.0	36.0	36.0	38.4	39.2	
第 5 掌骨长 The 5th metacarpal length, 5DM	34.25	34.64	36.4	-	-	-	38.1	37.9	37.9	36.7	37.8	
颅全长 Greatest length of skull, GLS	14.49	-	14.9	-	-	-	14.6	14.9	14.9	15.7	15.2	
颅基长 Condyllo-base length, CBL	13.43	-	13.5	-	-	-	13.2	13.4	13.4	14.3	13.9	
枕尖长 Condyllo-canine length, CCL	13.28	-	13.8	-	-	-	13.7	14.0	14.0	14.5	14.2	
颅宽 Braincase breadth, BB	8.44	-	8.4	-	-	-	8.0	8.0	8.0	8.6	8.5	
颅高 Braincase height, BH	6.46	-	6.7	-	-	-	6.9	6.8	6.8	6.0	7.9	
眶间距 Interorbital width, IOW	4.03	-	3.9	-	-	-	3.8	3.7	3.7	3.9	4.1	
听泡长 Length of tympanic bulla, LTB	3.24	-	3.1	-	-	-	3.2	3.0	3.0	2.9	3.0	
上齿列长 Upper tooth row length, C <sup>1</sup> -M <sup>2</sup>	4.64	-	4.9	-	-	-	5.0	4.9	4.9	4.7	4.9	
上犬齿外宽 Upper canine width, C <sup>1</sup> -C <sup>1</sup>	3.50	-	3.9	-	-	-	3.7	3.5	3.5	4.3	4.0	
上第 2 臼齿宽 Upper molar width, M <sup>2</sup> -M <sup>2</sup>	5.91	-	5.9	-	-	-	5.7	5.4	5.4	5.7	6.5	
下颌长 Mandible length, ML	9.63	-	9.6	-	-	-	5.0	4.9	4.9	4.7	4.9	
下齿列长 Lower tooth row length, C <sub>1</sub> -M <sub>3</sub>	4.85	-	5.3	-	-	-	5.5	5.4	5.4	5.3	5.1	

“-” 表示缺失数据。“-” indicating the data is absent.

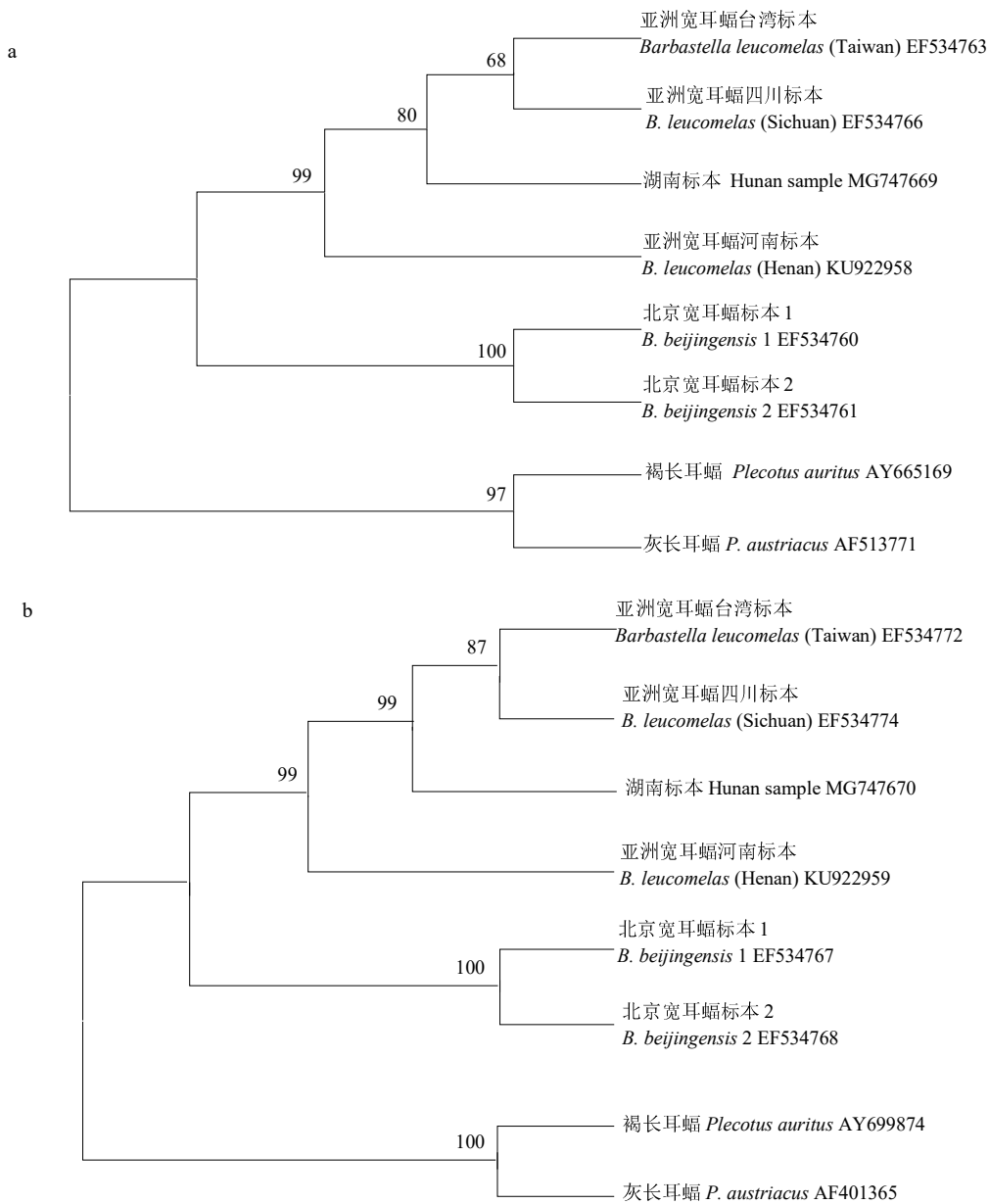


图2 基于 *Cyt b* (a) 和 *ND1* (b) 基因构建的邻接树

Fig. 2 Neighbor-joining (NJ) trees based on sequences of *Cyt b* (a) and *ND1* (b)

各分支上的数字表示节点支持率。The numbers on the tree indicate bootstrap 3value.

1997) 和长耳蝠 (Spitzenberger et al. 2006) 的种类鉴定中, 基因分析发挥了重要的作用。在线粒体基因中, *Cyt b* 和 *ND1* 基因相对于核基因在母系遗传中进化速度更快, 这两个基因经常被用来研究物种间的亲缘关系或系统发育关

系 (Li et al. 2006)。Baker 和 Bradley (2006) 的研究表明, 对于蝙蝠而言, 同一种群内 *Cyt b* 基因的变化范围为 0.2% ~ 3.8%, 同一物种内的变化范围为 0% ~ 5.9%, 在同属物种间的变化范围为 4.8% ~ 18.7%。湖南标本与亚洲宽耳蝠

的 *Cyt b* 基因序列差异在 2.5% 以内，而与北京宽耳蝠的序列差异在 17% 以上，表明湖南标本应归属于亚洲宽耳蝠。基于线粒体 *Cyt b* 和 *ND1* 基因构建的分子进化树显示，湖南标本与亚洲宽耳蝠聚为一支，并与四川标本遗传距离最近。Hackethal 等 (1988) 将亚洲宽耳蝠分为两个亚种，即西亚亚种 (*B. l. leucomelas*) 和南方亚种 (*B. l. darjelingensi*)，前者主要分布在西亚国家和地区，后者主要分布在东亚国家及地区。Yoshiyuki (1989) 研究发现，日本的亚洲宽耳蝠的平均耳长 (15.3 mm) 比印度 (19.0 mm) 的短，而耳长是蝙蝠比较稳定的分类学参数，据此认为它们可能是不同的种。Zhang 等 (2007) 研究发现日本的亚洲宽耳蝠与四川和台湾的亚洲宽耳蝠在线粒体 *Cyt b* 基因的遗传距离上相差 14.35%~14.74%，推断它们可能是不同的物种，但还需要更多的数据及标本比对。综上，湖南标本应为亚洲宽耳蝠南方亚种，但该亚种是否为一独立的种仍需进一步研究。

北京宽耳蝠、欧洲宽耳蝠和亚洲宽耳蝠在外形上较为相似，主要区别在于亚洲宽耳蝠耳外缘缺乏耳突。外形与头骨数据显示，亚洲宽耳蝠与北京宽耳蝠虽然总体上的差异很小，但亚洲宽耳蝠湖南标本的距长比其他亚洲宽耳蝠标本和北京宽耳蝠标本的都长，为其他标本距长的两倍多；其次，亚洲宽耳蝠湖南标本的第 3、4、5 掌骨的长度依次减小，这与北京宽耳蝠相同，而亚洲宽耳蝠其他标本的第 4 掌骨最长，第 3 和第 5 掌骨较短，这种情况有待今后更多的标本比对。图 2 (a) 中 *Cyt b* 进化树的支持率较低，但与刘森等 (2017) 报道亚洲宽耳蝠做的 *Cyt b* 进化树支持率相近，其可能的原因是该基因的进化速率较快，在不同物种之间的进化速率差异较大。

Zhang 等 (2007) 报道的北京宽耳蝠与刘森等 (2017) 报道的河南济源亚洲宽耳蝠的标本采自洞穴及隧道，而我们在 2013 至 2016 年对湖南小溪国家级自然保护区进行为期 3 年的生物资源本底调查期间，对保护区内的许多洞

穴也进行了洞栖性蝙蝠的专题调查，在洞穴中发现了大蹄蝠 (*Hipposideros armiger*)、普氏蹄蝠 (*H. pratti*)、中华菊头蝠 (*Rhinolophus sinicus*)、大菊头蝠 (*R. luctus*)、皮氏菊头蝠 (*R. pearsoni*)、菲菊头蝠 (*R. pusillus*)、大耳菊头蝠 (*R. macrotis*)、贵州菊头蝠 (*R. rex*) 和西南鼠耳蝠 (*Myotis altarium*)，但从未在洞穴内发现宽耳蝠。本文所捕到的这 2 只宽耳蝠均是夜间网捕所得，其中 1 只捕于山腰的一个村庄附近，另 1 只捕于溪边，因此对于其具体的栖息场所仍有待今后研究。鉴于该蝠数量稀少，已被列为易危物种 (蒋志刚等 2016)，应加强对其种群及栖息环境的研究和保护。

致谢 承蒙吉首大学生物资源与环境科学学院研究生周璐璐、张成、蒋颖等同学在实验分析和数据处理中给予的支持和帮助，广东省生物资源应用研究所何向阳、刘奇等在野外工作的帮助，谨致谢忱！

## 参 考 文 献

- Anthony E L P. 1988. Age determination in bats // Kunz T H. Ecological and Behavioral Methods for the Study of Bats. Washington, D. C.: Smithsonian Institution Press, 47-58.
- Baker R J, Bradley R D. 2006. Speciation in mammals and the genetic species concept. *Journal of Mammalogy*, 87(4): 643.
- Barratt E M, Deaville R, Burland T M, et al. 1997. DNA answers the call of pipistrelle bat species. *Nature*, 387(6629): 138-139.
- Hackethal H E, Grimmberger, Haensel J, et al. 1988. Untersuchungen zur morphologischen Variabilität der Mopsfledermaus, *Barbastella barbastellus* (Schreber, 1774) (Chiroptera Vespertilionidae). *Nyctalus* (Neue Folge), 2: 431-444.
- Juste J, Ibáñez C, Trujillo D, et al. 2003. Phylogeography of Barbastelle bats (*Barbastella barbastellus*) in the Western Mediterranean and the Canary Islands. *Acta Chiropterologica*, 5(2): 165-175.
- Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16: 111-120.
- Li G, Jones G, Rossiter S J, et al. 2006. Phylogenetics of small

- horseshoe bats from East Asia based on mitochondrial DNA sequence variation. *Journal of Mammalogy*, 87(6): 1234–1240.
- Spitzenberger F, Strelkov P P, Winkler H, et al. 2006. A preliminary revision of the genus *Plecotus*, (Chiroptera, Vespertilionidae) based on genetic and morphological results. *Zoologica Scripta*, 35(3): 187–230.
- Sun K P, Feng J, Jiang T L, et al. 2008. A new cryptic species of *Rhinolophus macrotis* (Chiroptera: Rhinolophidae) from Jiangxi Province, China. *Acta Chiropterologica*, 10(1): 1–10.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, et al. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology & Evolution*, 28(10): 2731–2739.
- Trujillo D, Ibanez C, Juste J. 2002. A new subspecies of *Barbastella barbastellus* (Mammalia: Chiroptera: Vespertilionidae) from the Canary islands. *Revue Suisse de Zoologie*, 109(3): 543–550.
- Yoshiyuki M. 1989. A systematic study of the Japanese Chiroptera. National Science Museum Monographs, 7: 1–242.
- Zhang J S, Han N J, Jones G, et al. 2007. A new species of *Barbastella* (Chiroptera: Vespertilionidae) from North China. *Journal of Mammalogy*, 88(6): 1393–1403.
- 蒋志刚. 2015. 中国哺乳动物多样性及地理分布. 北京: 科学出版社, 123.
- 蒋志刚, 江建平, 王跃招, 等. 2016. 中国脊椎动物红色名录. 生物多样性, 24(5): 500–551.
- 刘森, 薛茂盛, 戴文涛, 等. 2017. 河南济源发现亚洲宽耳蝠. 动物学杂志, 52(1): 122–128.
- Smith A T, 解焱. 2009. 中国兽类野外手册. 长沙: 湖南教育出版社, 311.
- 杨奇森, 夏霖, 冯祚建, 等. 2007. 兽类头骨测量标准 V: 食虫目、翼手目. 动物学杂志, 42(2): 56–62.