

中国沿海三井卷曲纽虫的分布与 COI 序列分析*

高凯梦, 孙世春**

(中国海洋大学水产学院, 海洋生物多样性与进化研究所, 山东 青岛 266003)

摘要: 本研究通过形态和 DNA 分类相结合的方法确认了三井卷曲纽虫(*Emplectonema mitsuii*)在中国沿海的分布, 共在浙江泗礁山、嵎山岛、枸杞岛、东极岛、大陈岛、南麂岛、柴屿和海南文昌 8 地发现本种。中国标本的形态与三井卷曲纽虫的原始描述基本一致, 但体型、吻针及针座明显较小。COI 序列分析显示, 中国沿海 21 个样品间 COI 序列平均遗传距离为 0.000 4 (未校正 p-距离), 包含 3 个单倍型, 其中 90% 的个体共享主单倍型 1, 平均单倍型多样性 Hd 为 0.186 ± 0.110 , 平均核苷酸多样性 π 为 $0.000 4 \pm 0.000 2$, 说明其遗传分化很低, 可能经历过瓶颈效应或种群是由少数个体通过奠基者效应形成。中国样品与韩国济州岛样品、日本忍路样品间的遗传差异较高(平均 p-距离为 0.017 7)。

关键词: 三井卷曲纽虫; 地理分布; 遗传多样性; 东海; 南海

中图分类号: Q959.1

文献标志码: A

文章编号: 1672-5174(2021)09-026-07

DOI: 10.16441/j.cnki.hdxh.20200207

引用格式: 高凯梦, 孙世春. 中国沿海三井卷曲纽虫的分布与 COI 序列分析[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2021, 51(9): 26-32.

Gao Kaimeng, Sun Shichun. Distribution and mitochondrial COI sequence variation of *Emplectonema mitsuii* Yamaoka (Nemertea) in China Seas[J]. Periodical of Ocean University of China, 2021, 51(9): 26-32.

卷曲属(*Emplectonema* Stimpson, 1857)属于纽形动物门(Nemertea)针纽纲(Hoploneurtea)单针目(Monostilifera)卷曲科(Emplectonemertidae Bürger, 1904), 是一类身体纤细的单针纽虫, 目前包含二十多个物种。在中国沿海曾报道细卷曲纽虫(*Emplectonema gracile* (Johnston, 1837))和三井卷曲纽虫(*Emplectonema mitsuii* Yamaoka, 1947)两种^[1-2]。其中, 三井卷曲纽虫在中国(大连)的记录^[2]存有较大疑问(见下文)。

三井卷曲纽虫最早由山冈贞一(Yamaoka)发现于日本下田, 原始描述是由奥田四郎对山冈贞一的遗作简化后发表于《日本动物图鉴》(改订增补)^[3], 山冈氏对该种的完整描述则于 2005 年发表^[4]。该种的已知分布区包括日本东海岸、日本海沿岸^[4-7]和韩国^[8]。

近年来, 本课题组在中国沿海纽形动物采集调查时, 在中国的东海、南海 8 地采集到三井卷曲纽虫标本 27 个, 并对其开展了形态学和分子生物学研究。

1 材料与方法

1.1 标本的采集、观察与处理

调查采集主要在岩相潮间带进行。采集方法一是

肉眼搜索, 二是采集海藻、固着贝类、藤壶等污损生物, 加海水浸泡通过溶氧胁迫获得纽虫。所获纽虫饥饿 24 h 后, 直接以 95% 乙醇固定用于后续分子生物学研究, 或活体运回实验室进行形态观察。

活体纽虫用 7.5% MgCl₂ 麻醉, 先用体视显微镜(尼康 SMZ800)观察、测量、拍照。然后将标本转移到载玻片上, 用盖玻片轻压, 于显微镜(尼康 E600)下进一步观察吻针等内部构造。标本以波恩氏液或 10% 海水福尔马林固定, 或以 10% 海水福尔马林固定头部, 以 95% 乙醇固定尾部(用于分子生物学研究)。形态学标本固定至少 24 h 后转移到 70% 乙醇保存, 乙醇固定的分子生物学样品于 -25 °C 保存。

本研究在中国沿海 8 个地点获得的 27 个标本, 其中用于分子生物学研究的标本 21 个, 采集信息见表 1、图 1。标本保存于中国海洋大学海洋生物多样性与进化研究所。除表 1 所列地点外, 近 20 年来, 我们还在辽宁大连、旅顺、大长山岛、獐子岛、广鹿岛、葫芦岛、河北秦皇岛、山东北隍城岛、大钦岛、砣矶岛、北长山岛、南长山岛、大黑山岛、崆峒岛、威海、荣成马山、乳山、鳌山卫、青岛、灵山岛、日照、福建平潭、南日岛、惠安、厦门、东山、广东南澳岛、深圳东山、碓洲岛、海陵岛、广西北海、

* 基金项目: 国家自然科学基金项目(31471957)资助

Supported by the National Natural Science Foundation of China(31471957)

收稿日期: 2020-07-10; 修订日期: 2020-08-13

作者简介: 高凯梦(1994-), 女, 硕士生, 从事无脊椎动物学研究。E-mail: 358681359@qq.com

** 通讯作者: E-mail: sunsc@ouc.edu.cn

防城港、涠洲岛、海南海口、临高、莺歌海、儋州、三亚、陵水、永兴岛、七连屿等 40 余个地点进行了样品采集(调查地点覆盖了自渤海至南海中国各海区),但未采集到本种纽虫。

表 1 研究标本的采集信息及 COI 的 GenBank 序列号

Table 1 Sampling information of specimens used in the present study, and the GenBank accession numbers of COI sequences

采集地 Localities	标本 Specimens	固定方法 Fixation*	序列号 Sequence accession numbers	文献 References
浙江省舟山市泗礁山 Sijiao Shan (Is.), Zhoushan, Zhejiang, China	20070630-3	E	—	
浙江省舟山市嵊山岛 Shengshan Is., Zhoushan, Zhejiang, China	20151014H1—H8	E	MT776029, MT776018, MT776019, MT776033, MT776030, MT776020, MT776034, MT776035	本研究 Present study
浙江省舟山市枸杞岛 Gouqi Is., Zhoushan, Zhejiang, China	20070703-6	B	—	
	20151016B1	E	MT776036	本研究 Present study
浙江省舟山市东极岛 Dongji Is., Zhoushan, Zhejiang, China	20140928A2, A3	E	MT782169, MT776023	本研究 Present study
浙江省台州市大陈岛 Dachen Is., Taizhou, Zhejiang, China	20070620-11	BE	—	
浙江省温州市南麂岛 Nanji Is., Wenzhou, Zhejiang, China	20140924A2, A3, A5, A8, A10	E	MT776027, MT776021, MT776028, MT776031, MT776032	本研究 Present study
	20140924A11, A12	F	—	
浙江省温州市柴屿 Chai Yu, Wenzhou, Zhejiang, China	20101007B3—B5	E	MT776024, MT776025, MT776026	本研究 Present study
	20101007B10	E	—	
海南省文昌市龙楼 Longlou, Wenchang, Hainan, China	20160407B1	E	MT776022	本研究 Present study
	20160407B2	FE	MT776037	本研究 Present study
日本北海道忍路 Oshoro, Hokkaido, Japan			AB505823	[6]
韩国济州岛 Jeju Is., Korea			KU839766	[8] **

注: *: B: 波恩氏液; E: 95% 乙醇; F: 10% 海水福尔马林; BE: 前段波恩氏液, 后段 95% 乙醇; FE: 前段 10% 海水福尔马林, 后段 95% 乙醇。B: Bouin's fluid; E: 95% ethanol; F: 10% formalin seawater; BE: Bouin's fluid for anterior region, 95% ethanol for posterior region; FE: 10% formalin for anterior region, 95% ethanol for posterior region.

** *: 文献记载该样品产地为“韩国”^[8], 经咨询标本采集人 Alexei V. Chernyshev (个人通信) 确认其采集地为济州岛。The locality of this specimen was reported as “Korea”^[8]. Professor Alexei V. Chernyshev (personal communication), the collector of the specimen, specified for present study that it was collected from Jeju Island.

1.2 分子生物学研究

所有样本均使用试剂盒 MicroElute Genomic DNA Kit200(OMEGA, USA)进行 DNA 的提取。利用通用引物正向引物 LCO-1490 GGTCACAAAT-CATAAAGATATTGG 和反向引物 HCO-2198 TTA-ACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA 进行 COI 基因片段扩增^[9]。PCR 反应体系为 25 μ L, 其热循环条件为: 94 $^{\circ}$ C 下预变性 2 min, 循环(94 $^{\circ}$ C 下变性 1 min, 49 $^{\circ}$ C 退火 40 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min) 35 次, 最后在 72 $^{\circ}$ C 延伸 7 min。扩增产物用 1% 琼脂糖凝胶进行电泳检测, 经纯化后用相同引物进行双向测序(北京六合华大基因科技有限公司)。DNA 序列的 GenBank 号(包括从 GenBank 下载的 2 条序列)见表 1。

用 MEGA ver.6.0 软件^[10]对序列进行比对、计算遗传距离(未校正 p-距离, uncorrected p-distance; 以下简称 p-距离)。用软件 TCS v.1.21^[11]在 95% 的链接概率下生成单倍型网络图。单倍型及核苷酸多样性参数由 DnaSP ver.5.10.01 软件计算^[12]。

2 结果

三井卷曲纽虫 *Emplectonema mitsuii* Yamaoka, 1947

Emplectonema mitsuii Yamaoka: 山冈贞一 1947: 1466, fig. 4133^[3]; 佐藤隼夫, 伊藤猛夫 1961: 187, fig. 7.1.7^[13]; 奥田四郎, 岩田文男 1965: 397, figs a-d^[14]; 宋鹏东等 1989: 53-54^[2]; Crandall et al. 2001: 177-178, pl. 1 figs 1-4, pl. 2 figs 16, 16a, 16b^[5]; Yamaoka 2005: 142^[4]; Kajihara et al. 2011: tab. 1^[6]; Sundberg et al. 2016: tab. S1^[8]。

2.1 标本及采集信息

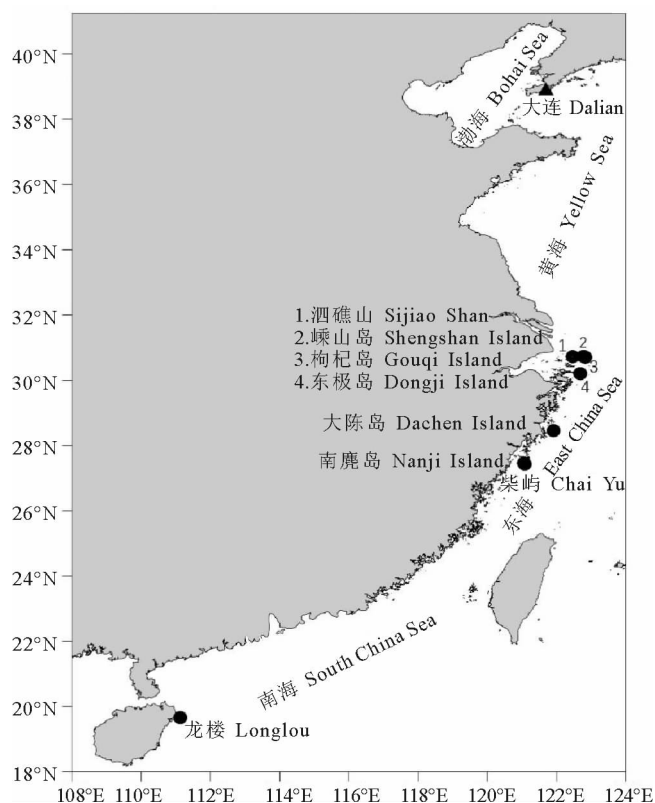
研究标本共 27 个。采自浙江省舟山市泗礁山、嵎山岛、枸杞岛、东极岛, 台州市大陈岛, 温州市南麂岛和柴屿, 海南省文昌市龙楼(铜鼓岭)共 8 个地点, 详细信息见表 1、图 1。所有标本均采自潮间带, 除在柴屿发现个别个体生活于岩石缝隙外, 均生活于海藻丛中。

2.2 形态

体扁平, 前部背面稍隆起, 腹面平, 麻醉后常向腹面弯曲。麻醉后体长约 15~29 mm, 体宽 0.5~0.7 mm。体黄, 显绿, 或黄绿色(见图 2A~E), 有的个体背面具青色小斑点(见图 2C)。头端尖, 运动时尤为明显。眼点较大, 分 4 组, 前两组各 2~6 个, 后两组各 1~4 个, 一般橙红色, 偶见暗褐色(见图 2C, D)。前头沟在腹面, 向上不延伸至背面; 后头沟位于后眼之后, 呈环绕身体的闭环(见图 2C~E)。头部中央具一橙红色色斑, 位于左右前眼点之间(见图 2B, C)。吻孔腹位, 纵裂缝状(见图 2D)。吻腔不及体长的一半。吻主针光滑, 长 62~85 μ m, 针座近锥形, 后端圆, 长 59~69 μ m, 针座宽 20~30 μ m(见图 2D)。主针略长于针座, 针长/座长为 1.02~1.14。副针囊 2 个, 各具副针 2~3 枚。肠具侧盲囊。没有对所有个体进行镜检, 但龙楼 4 月标本、枸杞 7 月标本、柴屿 10 月标本见成熟个体。生殖腺位于体后部约 60%, 数目很多(见图 2F, G)。精子头部棒状, 约 3~4 μ m, 具很长的鞭毛(见图 2H)。

2.3 DNA 序列

将中国 21 个标本的 COI 序列(658 bp)与 GenBank 下载的 2 条序列(见表 1)比对后, 得到长度为 513 bp 的序列数据集。对 23 条 COI 序列的分析共检测到 4 个不同单倍型(Hap1, Hap2, Hap3, Hap4), 构成一个单倍型网络。其中, 主单倍型 Hap1 包含 19 个个体, 来自中国沿海的 6 个地点(嵎山岛、枸杞岛、东极岛、南麂岛、柴屿、龙楼); Hap2 包含 2 个个体, 分别来自日本忍路和韩国济州岛; Hap3 和 Hap4 各包含 1 个个体, 分别采自嵎山岛和柴屿(见图 3)。所有 23 条序列的 p-距离为 0.000 0~0.017 5 (平均 0.003 3), 平均单倍型多样性(Hd)为 0.320 $\pm$ 0.121, 平均核苷酸多样性(π)为 0.003 $\pm$ 0.002, 呈现



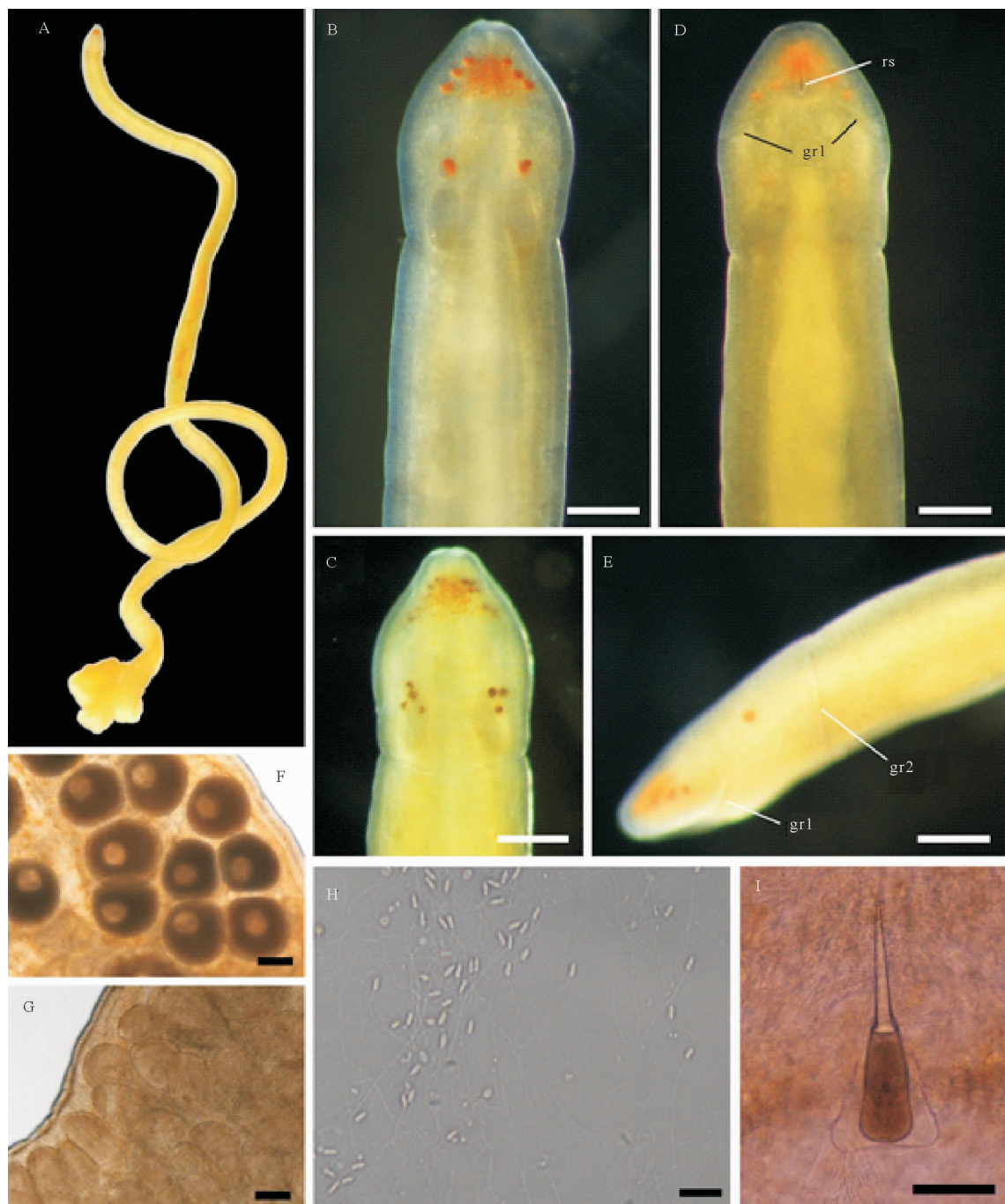
(圆点表示本研究的采集地点; 三角为其它文献记录^[2]。Circles show collecting sites of present study; the triangle shows the site of a previous record^[2].)

图 1 中国沿海三井卷曲纽虫的分布点

Fig. 1 Localities of *Emplectonema mitsuii* in China

单倍型多样性与核苷酸多样性均低的模式。中国沿海 21 个样本间的 p -距离为 0.000 0~0.003 9(平均 0.000 4), 平均单倍型多样性 H_d 为 0.186 ± 0.110 , 平均核苷酸多样性 π 为 $0.000 4 \pm 0.000 2$ 。东海(浙江 5 地 19 个标本)和

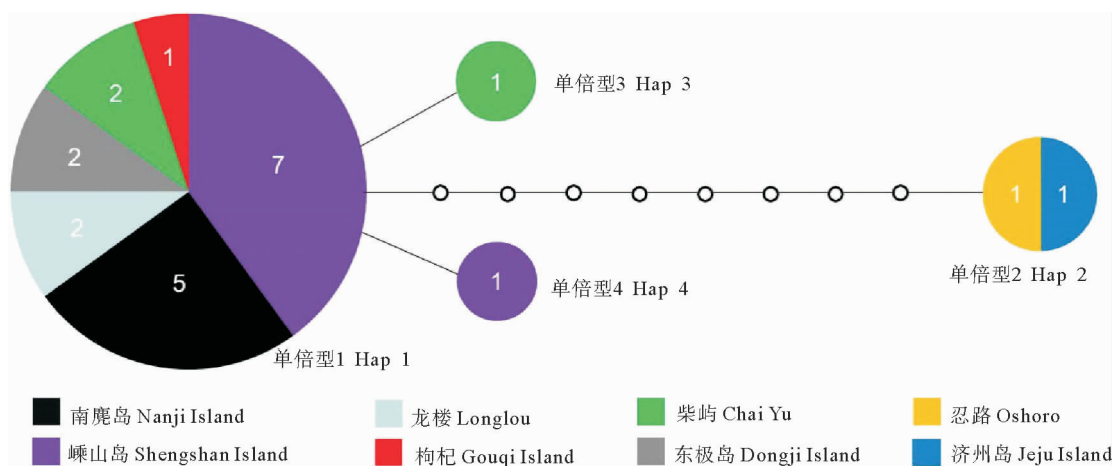
南海(龙楼 2 个标本)样本间平均遗传距离仅为 0.000 2。中国与日本(忍路)/韩国(济州岛)样本间遗传距离明显较大, 均为 0.017 7(日本与韩国两样本的 COI 序列相同)(见表 2)。



(A:活体外形(柴屿标本);B,C:头部背面观,示眼的数目和颜色变化(B大陈岛标本,C柴屿标本);D:头部腹面观(枸杞岛标本);E:头部侧面观(枸杞岛标本);F:柴屿 10 月份雌性个体的肠区压片,示成熟卵;G:柴屿 10 月份雄性个体的肠区压片,示成熟精巢;H:精子;I:主针及针座。gr1: 前头沟;gr2: 后头沟;rs: 吻口。比例尺:B~E = 200 μ m; F,G = 100 μ m; H = 10 μ m; I = 50 μ m。A: A complete worm from Chai Yu (Island); B, C: Dorsal view of head (A from Dachen Island, B from Chai Yu), showing number and color variation of eyes; D: Ventral view of head (from Gouqi Island); E: Lateral view of head (from Gouqi Island); F: Squeezed intestinal region of a female collected from Chai Yu in October; G: Squeezed intestinal region of a male collected from Chai Yu in October; H: Sperm; I: Central stylet and basis. gr1: Anterior cephalic groove; gr2: Posterior cephalic groove; rs: Rhynchostome. Scale bars: B~E = 200 μ m; F,G = 100 μ m; H = 10 μ m; I = 50 μ m.)

图 2 三井卷曲纽虫的形态

Fig. 2 Morphology of *Emplectonema mitsuii*



(图中数字为标本数;单倍型间的每个空心圆代表一个缺失的单倍型。Numbers correspond to the number of specimens; each blank circle indicates a missing haplotype.)

图3 三井卷曲纽虫 23 个样品 COI 序列的单倍型网络

Fig.3 The haplotype network based on COI for 23 specimens of *Emplectonema mitsuii* Yamaoka

表2 不同地点基于 COI 序列的遗传距离(未校正 p-距离)

Table 2 Averaged genetic distance (uncorrected p-distance) for COI sequences between different locations

	浙江 Zhejiang	海南 Hainan	忍路 Oshoro	济州岛 Jeju Island
浙江 Zhejiang	0.000 4 (0.000 0~0.003 9)	0.000 2	0.017 7	0.017 7
海南 Hainan	0.000 2	0.000 0	0.017 5	0.017 5
忍路 Oshoro	0.017 7	0.017 5	—	0.000 0
济州岛 Jeju Island	0.017 7	0.017 5	0.000 0	—

3 讨论

本文观察的中国标本的形态与原始描述基本一致。与模式标本相比^[4-5],本文标本存在以下细微差异:体型较小(体长 15~29 mm vs. 50~70 mm);体色黄绿色(见图 2A~E),而模式标本体色白黄;多数标本眼的颜色与原始描述一致,呈朱红色,但也发现眼呈暗褐色的标本(见图 2C);吻针和针座较小(主针长 62~85 μm vs. 96~130 μm ;针座长 59~69 μm vs. 80~110 μm),该差异可能是因为本文标本个体较小。Sundberg 等对大量样品的分析结果显示,纽形动物 COI 基因的种内变异上限约为 3%^[8],本文样品与韩国、日本标本间序列差异小于此值(见表 2)。基于 COI 序列的 TCS 物种界定分析显示,中国、日本、韩国的 23 个标本归于同一单倍型网络,也表明他们隶属同一物种^[15]。

除本文记录的分布点外,本种已知分布区包括日本下田(静冈)^[4-5]、三崎(神奈川)、忍路(北海道)和佐渡岛

(新潟)^[6-7],韩国济州岛(见表 1)。宋鹏东等曾在大连记录本种^[2],但近年来,作者及同事在辽宁至山东的黄渤海沿岸进行了多次调查采集,超过 20 个调查地点具有本种的典型生境(岩相潮间带,有大型藻类生长),但均未发现本种。三井卷曲纽虫是一暖水种,其在纬度较高的北海道忍路出现可能与对马暖流有关(柁原宏,个人通讯)。因此,本种在大连的分布可能系一误记。

COI 序列的分析结果表明,三井卷曲纽虫的单倍型多样性和核苷酸多样性总体较低,特别是浙江、海南 90%个体共享同一单倍型,其他个体与该主单倍型间也仅有一个碱基差异,提示其可能经历过瓶颈效应或种群是由少数个体通过奠基者效应而建立^[16]。虽然济州岛与忍路间、浙江各采样点与海南龙楼间的地理距离明显大于浙江各采样点与济州岛间的距离,但浙江和济州岛的个体间遗传距离远大于济州岛与忍路、浙江与海南个体间的遗传距离(见表 2)。遗憾的是,济州岛和忍路的样品仅有 1 个,海南样品仅有 2 个,包括模式产地在内的日本东海岸多个分布地均无可用于 DNA 研究的样品,现有数据尚不能探讨三井卷曲纽虫的地理分布格局的形成历史。

4 结语

形态研究和 DNA 序列分析表明,浙江和海南的标本与在日本、韩国报道的三井卷曲纽虫属于同种。在中国沿海三井卷曲纽虫分布于浙江、海南等暖水水域,前人在辽宁大连的记录可能为一误记。中国沿海三井卷曲纽虫的遗传距离、单倍型与核苷酸多样性均很低,但与韩国、日本 2 个样品间序列差异较大,提示有必要通过深度采样在种群水平上解析其地理分布格局的形成历史。

致谢:曾晓起教授、郑晓东教授等在样品采集过程中给予大量帮助, 俄罗斯科学院远东分院 Alexei V. Chernyshev 教授提供 GenBank 序列样品的准确采集地信息, 北海道大学柁原宏教授对研究物种在日本的分布给予进一步解释, 谨此致谢!

参考文献:

- [1] 尹左芬, 史继华, 李诺. 山东沿海纽形动物的初步调查[J]. 海洋通报, 1986, 5(1): 67-71.
Yin Z F, Shi J H, Li N. A preliminary study on the intertidal nemertean along the coast of Shandong Province[J]. Marine Science Bulletin, 1986, 5(1): 67-71.
- [2] 宋鹏东, 李映溪, 王桂云, 等. 大连沿海无脊椎动物实习指导[M]. 北京: 高等教育出版社, 1989.
Song P D, Li Y X, Wang G Y, et al. A Field Guide to the Seashore Invertebrates in Dalian[M]. Beijing: Higher Education Press, 1989.
- [3] 山岡貞一. みつみひもし *Emplectonema mitsuii* Yamaoka, かとらひもむし *Paranemertes katoi* Yamaoka, おぐまもむし *Amphiporus ogumai* Yamaoka, まにぬりひもむし *Prostoma roseocephalum* Yamaoka (奥田四郎提交出版)[M]//内田清之助. 日本動物圖鑑(改訂増補). 東京: 北隆館, 1947: 1466-1469.
- [4] Yamaoka T. On fourteen monostiliferous hoplonemertean from the Izu Peninsula, Middle Japan[J]. Seto Marine Biological Laboratory, 2005, 40(3-4): 141-158.
- [5] Crandall F B, Kajihara H, Mawatari S F, et al. The status of four Japanese nemertean species of Yamaoka[J]. Hydrobiologia, 2001, 456(1-3): 175-185.
- [6] Kajihara H, Olympia M, Kobayashi N, et al. Systematics and phylogeny of the hoplonemertean genus *Diplomma* (Nemertea) based on molecular and morphological evidence[J]. Zoological Journal of the Linnean Society, 2011, 161: 695-722.
- [7] Kajihara H. Species diversity of Japanese ribbon worms (Nemertea) [M]// Motokawa M, Kajihara H. Species Diversity of Animals in Japan. Tokyo: Springer, 2017: 419-444.
- [8] Sundberg P, Kvist S, Strand M. Evaluating the utility of single-locus DNA barcoding for the identification of ribbon worms (phylum Nemertea)[J]. PLoS ONE, 2016, 11(5): e0155541.
- [9] Folmer O, Black M, Hoeh W, et al. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates[J]. Molecular Marine Biology and Biotechnology, 1994, 3(5): 294-299.
- [10] Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6. 0[J]. Molecular Biology Evolution, 2013, 30: 2725-2729.
- [11] Clement M T, Posada D, Crandall K A, et al. TCS: A computer program to estimate gene genealogies[J]. Molecular Ecology, 2000, 9(10): 1657-1659.
- [12] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data[J]. Bioinformatics, 2009, 25: 1451-1452.
- [13] 佐藤隼夫, 伊藤猛夫. 無脊椎動物採集, 飼育, 実験法[M]. 東京: 北隆館, 1961.
- [14] 奥田四郎, 岩田文男. えぞひもむし *Tubulanus ezoensis* Yamaoka, さなだひもむし *Baseodiscus hemprichii* Ehrenberg, かすりひもむし *Lineus torquatus* Coe, おろちひもむし *Cerebratulus marginatus* Renier, あつけしひもむし *Micrura akkeshiensis* Yamaoka, くちべにひもむし *Micrura bella* Stimpson, らちだひもむし *Micrura uchidai* Yamaoka, みついひもむし *Emplectonema mitsuii* Yamaoka, かとらひもむし *Paranemertes katoi* Yamaoka, おなんどひもむし *Paranemertes peregrina* Coe, ふじかさひもむし *Zygonemertes grandulosa* Yamaoka, おぐまひもむし *Amphiporus ogumai* Yamaoka, やじろべひもむし *Amphiporus cervicalis* (Stimpson), さにぬりひもむし *Tetrastemma roseocephalum* Yamaoka, めの二ひもむし *Tetrastemma nigrifrons* Coe[M]//岡田要, 内田清之助, 内田亨. 新日本動物圖鑑. 東京: 北隆館, 1965: 390-400.
- [15] Hart M W, Sunday J. Things fall apart: Biological species form unconnected parsimony networks[J]. Biology Letters, 2007, 3: 509-512.
- [16] Grant W S, Bowen B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: Insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. Journal of Heredity, 1998, 89: 415-427.

Distribution and Mitochondrial COI Sequence Variation of *Emplectonema mitsuii* Yamaoka (Nemertea) in China Seas

Gao Kaimeng, Sun Shichun

(College of Fisheries, Institute of Evolution & Marine Biodiversity, Ocean University of China, Qingdao 266003, China)

Abstract: Based on morphological and molecular studies on specimens from eight sites of Zhejiang (Sijiao Shan Island, Shengshan Island, Gouqi Island, Dongji Island, Dachen Island, Nanji Island and Chai Yu) and Hainan (Longlou) Provinces, the occurrence of *Emplectonema mitsuii* Yamaoka, 1947 (phylum Nemertea) in China seas was confirmed. Present specimens were basically consistent with the original description of *E. mitsuii*, but body size, stylet and basis were smaller. Based on COI sequences, the overall mean uncorrected p-distance among 21 specimens from China was 0.000 4. Three haplotypes were identified, 90% of individuals shared the main haplotype (Hap 1). The mean haplotype diversity (Hd) was 0.186 ± 0.110 , and the mean nucleotide diversity (π) was $0.000 4 \pm 0.000 2$. The very low genetic differentiation may be explained with the fact that the Chinese population(s) may have experienced a bottleneck effect, and/or they may have been established from a small number of individuals with founder effect. The genetic differences between the Chinese samples and the 2 samples from Jeju Island and Oshoro (p-distance (0.017 7) were much higher. Therefore, it will be an interesting project to study the phylogeography of this species based on future intensive sampling across its full distribution range.

Key words: *Emplectonema mitsuii*; geographic distribution; genetic diversity; East China Sea; South China Sea

责任编辑 朱宝象