

新疆发现宽体金线蛭

江馥利¹ 蔡波² 朱未² 黄忠³ 刘婷婷¹ 黄勇^{1,4*}

1 广西中医药大学 南宁 530200; 2 中国科学院成都生物研究所 成都 610213; 3 广西自然博物馆 南宁 530012;

4 广西壮瑶药重点实验室(壮瑶药协同创新中心), 特色中药民族药广西高校工程研究中心 南宁 530200

摘要: 2023年6月25日于新疆维吾尔自治区阿克苏地区凤泉河公园北水边采集到水蛭类标本2号。利用其中1号标本基于线粒体 *COI* 基因序列构建的系统发育分析结果表明, 此次采集的标本与其他地区的宽体金线蛭 (*Whitmania pigra*) 聚为一支, 它们之间的遗传距离为 0.5% ~ 6.2%, 远小于与宽体金线蛭属其他近缘物种及同科不同属物种间的遗传距离 (11.1% ~ 26.5%)。基于形态特征比较, 所采集1号标本体型、体色、斑纹、纵纹、尾吸盘大小以及生殖系统形态结构与宽体金线蛭基本相符。结合分子及形态特征确定本次采集到的其中1号标本为宽体金线蛭。基于当前已知宽体金线蛭的分布范围, 确定其是新疆维吾尔自治区分布新记录种。

关键词: 蛭纲; 新记录种; 系统发育

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2026) 02-245-08

Whitmania pigra found in Xinjiang, China

JIANG Fu-Li¹ CAI Bo² ZHU Wei² HUANG Zhong³ LIU Ting-Ting¹ HUANG Yong^{1,4*}

1 *Guangxi University of Chinese Medicine, Nanning 530200; 2 Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences,*

Chengdu 610213; 3 Natural History Museum of Guangxi, Nanning 530012; 4 Guangxi Key Laboratory of Zhuang and Yao Ethnic

Medicine (Zhuang and Yao Medicine Collaborative Innovation Center), University Engineering Research Center of Characteristic Traditional

Chinese Medicine and Ethnomedicine, Nanning 530200, China

Abstract: On June 25, 2023, two leech specimens were collected from the north bank of Fengquan River Park in Aksu Prefecture, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China (41°08'56" N, 80°16'52" E, 1 100 m a.s.l.) (Figs. 1 and 2). The *COI* gene sequences of the specimens were obtained through extraction and amplification, and then compared with other species sequences in GenBank, followed by manual correction. We constructed a phylogenetic tree based on mitochondrial *COI* gene sequence (646 bp). The results showed that the collected specimens clustered with *Whitmania pigra* from other regions (Fig. 3), with a genetic distance ranging from 0.5% to 6.2% (Appendix 2), which was significantly lower than the genetic distance (11.1% ~ 26.5%)

基金项目 广西自然科学基金项目 (No. 2023GXNSFDA026065), 广西壮瑶药重点实验室、壮瑶药协同创新中心项目 (No. GXZYZZ2023-7), 第三次新疆综合科学考察项目 (No. 2022xjkk205-1), 特色中药民族药广西高校工程研究中心项目 (No. GXGCZXXK07), 广西中医药大学大学生科研训练计划课题 (No. 2022DXS12);

* 通信作者, E-mail: huangyikiz@163.com;

第一作者介绍 江馥利, 女, 硕士研究生; 研究方向: 中药(壮瑶药)资源和鉴定; E-mail: 1563803881@qq.com.

收稿日期: 2025-05-12, 修回日期: 2025-08-21 DOI: 10.13859/j.cjz.202625091 CSTR: 32109.14.cjz.202625091

between *W. pigra* and other closely related species within the same family, including both congeneric and non-congeneric taxa (Appendix 3). Combined with morphological comparison, the collected specimens exhibit body size, coloration, patterns, longitudinal stripes, tail sucker size, and reproductive system morphology and structure that are consistent with those of *W. pigra*. Thus, the collected specimens were identified as *W. pigra*. Meanwhile, *W. pigra* is widely distributed across most regions of China and is currently known to occur only in Japan outside China. Therefore, based on the currently known distribution range of *W. pigra*, the collected sample represents a new distribution record for the Xinjiang Uygur Autonomous Region.

Key words: Hirudinea; New record; Phylogeny

宽体金线蛭 (*Whitmania pigra*) 隶属于环节动物门蛭纲无吻蛭目黄蛭科 (Haemopidae) 金线蛭属, 别名马蛭、宽身金线蛭、宽身蚂蟥。该属已知有 4 个种, 分布于中国、日本、印度以及俄罗斯的阿穆尔州; 宽体金线蛭在中国大部分地区均有分布, 在国外仅见于日本 (杨潼 1996)。目前尚无具体研究或记录明确记录其在我国新疆的分布情况。

2023 年 6 月 25 日, 在新疆维吾尔自治区阿克苏地区凤泉河公园北水边 (41°08'56" N, 80°16'52" E, 海拔约 1 100 m) 采集到 2 号水蛭类个体, 但其中 1 号标本由于保存不当无法使用, 结合形态特征与分子系统发育分析, 确认另外 1 号标本为宽体金线蛭。基于当前已知宽体金线蛭的分布范围, 确定其是新疆维吾尔自治区水蛭类动物分布新记录种。

1 材料与方法

1.1 实验材料

2023 年 6 月 25 日, 在新疆维吾尔自治区阿克苏地区凤泉河公园北水边采集到 2 号水蛭类个体, 其中 1 号标本由于保存不当无法使用, 另外 1 号标本的编号是 2023061764, 现保存于广西中医药大学药学院。采集到的标本, 首先使用 75%乙醇缓慢淋洗 30 s, 使其卷曲程度降到最低, 随后转入 5 ml 冻存管, 加入 75%乙醇, 确保标本完全浸没, 保持低温、湿润, 防止干燥卷曲。取样品肌肉组织置于 95%乙醇溶液中, -20 °C 保存, 备用。

1.2 形态测量

形态测量参考《中国动物志》(杨潼 1996) 的方法, 使用数显游标卡尺 (德力西电气有限公司, 量程 0~150 mm, 精确度 0.01 mm) 测量采集的样品全长、体中部宽度及尾吸盘宽度等。每个指标测量 3 次, 取平均值。

1.3 分子系统发育分析

取样品肌肉组织约 30 mg, 使用天根生化科技 (北京) 有限公司的血液/细胞/组织基因组提取试剂盒提取样品的总 DNA。使用通用引物 (LCO1490: 5'-GGT CAA CAAATC ATA AAG ATA TTG G-3' 和 HCO2198: 5'-TAA ACT TTC AGG GTG ACC AAA AAA TCA-3') (王孟虎等 2021) 对线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基 I (COI) 基因片段进行 PCR 扩增。PCR 扩增体系为 25 μ l: 包括 Premix Ex Taq DNA 聚合酶 0.3 μ l, 上、下游引物各 1 μ l (引物最终浓度为 0.4 μ mol/L), DNA 模板 1 μ l (155.9 mg/L), 加无菌双蒸水至 25 μ l。PCR 扩增程序为, 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 52 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 45 s, 35 次循环; 72 °C 终延伸 7 min。PCR 扩增产物以 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 后将 PCR 扩增产物送至北京六合华大基因科技有限公司进行测序。序列经校正后上传到 GenBank 公共数据库, 登录号为 PV602342。

序列经 Bioedit 软件 (Hall 1999) 比对和人工校正。从 GenBank 中下载宽体金线蛭的 COI 基因序列, 以及同属的尖细金线蛭 (*W. acranulata*) 和光润金线蛭 (*W. laevis*), 以及黄

蛭属马蛭 (*Haemopsis sanguisuga*) 及其他科属相关物种的 *COI* 基因序列 (附录 1)。以石蛭科石蛭属八目石蛭 (*Erbobdella octoculata*) 和山蛭科山蛭属盐源山蛭 (*Haemadipsa yanyuanensis*) 为外群, 分别采用最大似然法 (maximum likelihood method, ML) 和贝叶斯法 (Bayesian inference method, BI) 构建分子系统发育树。利用 IQ-TREE web server (Trifinopoulos et al. 2016) (<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/>) 的 Model Selection, 基于赤池信息准则 (Akaike information criterion, AIC) 分析序列的最佳核苷酸替代模型为 TVM + G。最大似然树构建在 IQ-TREE web server 上进行, 使用超快自展法对分支支持率进行重复抽样检验, Bootstrap 设置为 1 000 次, 其他参数默认设置。BI 树构建使用 MrBayes 3.2 软件 (Ronquist et al. 2012), 以随机树为起始树, 替代模型参数为 $N_{st} = 6$, 马尔科夫链的蒙特卡洛方法设置为 4 条链 (3 条热链, 1 条冷链), 运行 1×10^6 代, 每 100 代对系统树进行抽样, 最终得到 10 001 棵系统树, 舍弃起始 50% 的运算结果后构建一致树。最后, 使用 MEGA 11.0 软件 (Tamura et al. 2021) 的未校正距离模型 (uncorrected genetic distance, *p*-distance) 计算物种内和物种间的遗传距离。

2 结果

2.1 形态特征及描述

本研究采集的标本体型较大, 略呈纺锤型, 头区显著变细, 后面较宽且圆, 体中部最宽阔。体背腹扁平, 但背部稍隆起。全长 65.0 mm, 宽 (体中部) 19.5 mm, 尾吸盘宽度 5.0 mm。体背面呈暗绿色, 有 5 条纵行的黑色间杂淡黄色的斑纹, 其中以背中一条色最深且粗长。腹面两侧以及中间共有 9 条断续的黑色纵纹。体两正侧面各有一条淡色的纵带。腹面为淡黄色, 腹面两侧各有一条由黄褐色或黑色斑点组成的宽大纵纹。在这两条纵纹之间大约有 7 条由色素斑点组成的间断纵纹, 以中侧一对较明显, 色素斑点最多。前吸盘小, 口孔在其后缘的前面。尾吸盘亦较小, 直径不及最大体宽的一半, 肛门位于最后一环的背中, 紧靠尾吸盘。雄性生殖孔和雌性生殖孔均位于环沟上, 相隔 5 环; 雄性生殖孔较小, 雌性生殖孔颇大, 具有唇状边缘。根据形态特征对比, 样品标本与宽体金钱蛭特征相符, 标本图片及其栖息地环境见图 1 和图 2。

2.2 分子系统发育关系和遗传距离

扩增和测序样品的 *COI* 基因片段, 经比校正后, 序列长度为 646 bp。碱基 T、C、A 和

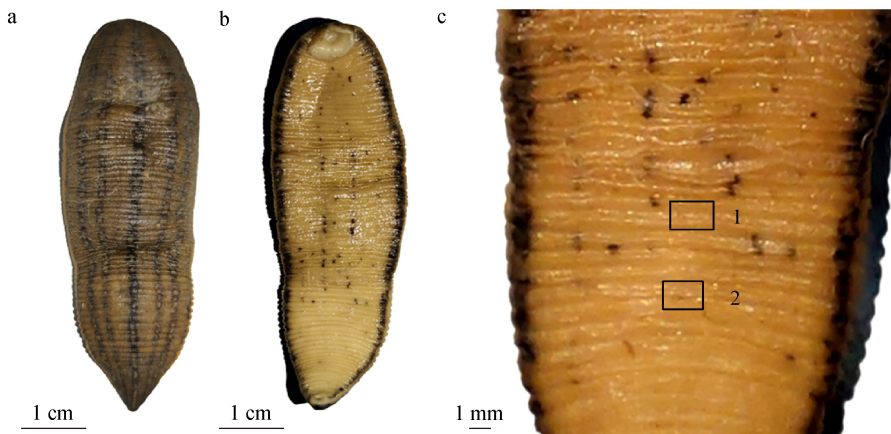


图 1 宽体金钱蛭形态 (新疆维吾尔自治区阿克苏地区)

Fig. 1 Morphology of *Whitmania pigra* (Aksu City, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China)

a. 背面观; b. 腹面观; c. 1-雌性生殖孔, 2-雄性生殖孔。

a. Dorsal view; b. Ventral view; c. 1- female genital pore, 2- male genital pore.



图 2 宽体金线蛭栖息地环境 (蔡波摄)

Fig. 2 Habitat environment of *Whitmania pigra* (Photo by CAI Bo)

G 的含量分别是 36.5%、18.3%、27.6% 和 17.6%，A + T 的平均含量 (64.1%) 高于 C + G 的平均含量 (35.9%)。基于最大似然法 (ML) 和贝

叶斯法 (BI) 分别构建的分子系统发育树拓扑结构一致 (图 3)。本研究采集的标本与宽体金线蛭的样品聚为一支，构成单系，支持率分别为 99% (ML) 和 1 (BI)，然后与尖细金线蛭构成姐妹群。本研究采集的标本与其他宽体金线蛭个体之间的未校正遗传距离 (*p*-distance) 为 0.5% ~ 6.2% (附录 2)；与同科同属的光润金线蛭和尖细金线蛭间的平均遗传距离分别为 15.7% 和 11.1%；与其他科属部分物种，马蛭、日本医蛭 (*Hirudo nipponia*)、侧纹医蛭 (*H. verbana*)、盐源山蛭以及八目石蛭的遗传距离范围为 17.6% ~ 26.5% (附录 3)。综合形态学、分子系统发育和遗传距离，支持采自新疆维吾尔自治区阿克苏地区的标本为宽体金线蛭。

2.3 生境描述

新疆维吾尔自治区阿克苏地区地处南疆中

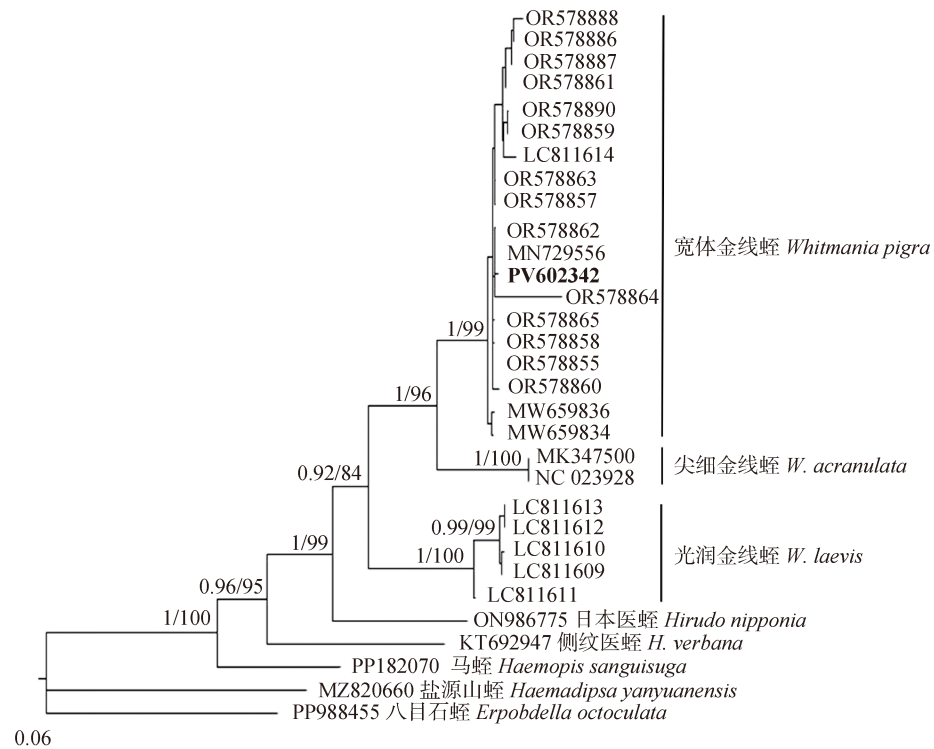


图 3 基于线粒体 COI 基因序列 (646 bp) 构建的最大似然系统发育树

Fig. 3 Maximum likelihood phylogenetic tree based on mitochondrial COI gene sequences (646 bp)

节点支持率分别表示贝叶斯后验概率/最大似然自举支持率；标尺表示系统发育树枝长。加粗序列号为本研究采集标本。

Node support rates indicate Bayesian posterior probabilities and maximum likelihood bootstrap support rates, respectively. Scale bar indicates the phylogenetic branch length. The specimen collected in this study is in bold.

部、塔克拉玛干大沙漠西北边缘、塔里木河上游，属暖温带干旱型气候，具有大陆性气候的显著特征，地势西北高东南低，日照时间长，昼夜温差显著，虽然干旱少雨，但境内河流水系丰富，形成独特的绿洲生态系统。本次新采集的 1 号宽体金线蛭标本，来源于新疆阿克苏地区凤泉河公园淤泥与水生植物交错分布的区域，采集时间为夏季夜间 23 时左右，具体发现位点为公园浅水区及周边泥沙质河岸带。该区域河岸基质局部淤积松软泥沙，河岸边水流较为平缓，水草丰茂，水质清澈，溶解氧含量较高，为宽体金线蛭提供了适宜的栖息与繁衍环境。

3 讨论

本次新采集到的宽体金线蛭标本与《中国动物志》(杨潼 1996)对宽体金线蛭的形态描述基本相符，体中等，具有分节的标记以及纵条纹，节VII背面有 4 环，而腹面仅有 3 环。宽体金线蛭的模式标本产地为日本，最初由 Whitman (1886) 命名，但因其描述不够详细，后经 Oka (1931) 修订。本次新采集的标本与日本来源的宽体金线蛭(登录号：LC811614)之间的遗传距离为 2.6%，除了与登录号为 OR578864(没有详细地点)个体的遗传距离比较大(6.2%)以外，与其他宽体金线蛭的遗传距离均比较小(0.5%~2.6%)，与同属的其他物种间的遗传距离最低为 11.1%，与其他科或者其他属物种间的遗传距离最低为 17.6%(附录 2 和 3)。分子系统发育分析的结果也表明，新采集标本与其余宽体金线蛭个体聚成单系，节点支持率非常高。因此，综合形态、遗传距离和系统发育的结果，本研究新采集到的标本为宽体金线蛭，证实了宽体金线蛭在新疆维吾尔自治区的分布。

本研究新增宽体金线蛭记录点为新疆维吾尔自治区阿克苏地区，该标本为夏季夜晚 23 时左右采集于浅水边，这与宽体金线蛭昼伏夜出的行为基本吻合。宽体金线蛭在国内广泛分布，吉林、辽宁、河北、内蒙古、宁夏、甘肃、

陕西、山西、山东、江苏、安徽、浙江、江西、浙江、湖北、贵州均有发现，在国外仅见于日本(杨潼 1996)。新疆维吾尔自治区在此前没有宽体金线蛭的分布记录，此次采集到的标本共 2 号，这可能是随内地鱼苗进入新疆的水生系统，推测可能在当地已有一定的个体数量，形成了稳定的种群。本次发现该物种是新疆维吾尔自治区的首次记录，是目前记录该物种分布区的最西边，扩大了对宽体金线蛭分布范围的认知，为进一步研究宽体金线蛭分布提供了基础资料。

参 考 文 献

- Hall T A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41(41): 95–98.
- Oka A. 1931. Sur une nouvelle espèce d'Hemiclepsis, provenant de Chine. *Proceedings of the Imperial Academy*, 7(3): 121–123.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- Tamura K, Stecher G, Kumar S. 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7): 3022–3027.
- Trifinopoulos J, Nguyen L T, von Haeseler A, et al. 2016. W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis. *Nucleic Acids Research*, 44(W1): W232–W235.
- Whitman C O. 1886. The Leeches of Japan. *Quarterly Journal of Microscopical Science*, 26: 317–416.
- 王孟虎, 孙一帆, 许亮, 等. 2021. 基于 COI 基因对东北林蛙、中国林蛙等蛙属 24 种的鉴定. *中国实验方剂学杂志*, 27(16): 150–158. [Wang M H, Sun Y F, Xu L, et al. 2021. Identification of 24 *Rana* species including *Rana dybowskii* and *Rana chensinensis* based on COI sequences. *Chinese Journal of Experimental Traditional Medical Formulae*, 27(16): 150–158.]
- 杨潼. 1996. 中国动物志环节动物门(蛭纲). 北京: 科学出版社, 136–139. [Yang T. 1996. *Fauna Sinica: Annelida (Hirudinea)*. Beijing: Science Press, 136–139.]

附录 1 样品信息和 COI 基因 GenBank 登录号

Appendix 1 Sample information and GenBank accession number of COI gene

物种 Species	地点 Locality	纬度、经度 Latitude and Longitude	标本凭证号 Voucher No.	GenBank 登录号 GenBank accession number
本文标本 Specimen of the study	中国新疆 Xinjiang, China	41°08'56" N 80°16'52" E	2023061764	PV602342
宽体金线蛭 <i>Whitmania pigra</i>	日本爱知县 Aichi, Japan	34°43'12" N 136°54'00" E	KUZ<JPN>:Z5148	LC811614
-	-	-	CSUBar2023-16 ~ CSUBar2023-26	OR578855 ~ OR578865
-	-	-	CSUBar2023-47 ~ CSUBar2023-51	OR578886 ~ OR578890
-	-	-	HSYC2014	MN729556
-	-	-	1, 2	MW659834, MW659836
光润金线蛭 <i>W. laevis</i>	日本冲绳县 Okinawa, Japan	24°27'00" N 122°57'00" E	KUZ<JPN>:Z5162	LC811613
	日本冲绳县 Okinawa, Japan	24°27'00" N 122°57'00" E	KUZ<JPN>:Z5159	LC811612
	韩国全罗南道 Jeollanam-do, South Korea	34°46'48" N 126°39'00" E	KUZ<JPN>:Z5158	LC811611
	中国台湾南投县 Nantou, Taiwan, China	24°03'36" N 120°55'48" E	KUZ<JPN>:Z5155	LC811610
	中国台湾南投县 Nantou, Taiwan, China	23°40'48" N 120°27'00" E	KUZ<JPN>:Z5154	LC811609
尖细金线蛭 <i>W. acranulata</i>	-	-	-	MK347500, NC_023928
日本医蛭 <i>Hirudo nipponia</i>	日本滋贺县 Shiga Prefecture, Japan	35°21'21" N 135°59'23" E	KUZ JPN Z3772-Z3775	ON986775
马蛭 <i>Haemopsis sanguisuga</i>	瑞典西约塔兰省 Vastra Gotaland, Sweden	57°59'49" N 12°35'13" E	CE18378	PP182070
侧纹医蛭 <i>Hirudo verbana</i>	土耳其萨姆松省 Samsun, Turkey	-	19	KT692947
盐源山蛭 <i>Haemadipsa yanyuanensis</i>	-	-	202000201	MZ820660
八目石蛭 <i>Erpobdella octoculata</i>	瑞典 Sweden	-	CE9786	PP988455

“- ”表示在原文没有该样品地点。“- ” indicates that the sample information is not mentioned in the original text.

附录 2 基于线粒体 *COI* 基因的宽体金线蛭样本间遗传距离
 Appendix 2 Genetic distances between some specimens of *Whitmania pigra* based on *COI* sequences

序号 No.	物种 Species	GenBank 登录号 GenBank accession number	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	
1	本文标本 Specimen of the study	PV602342																			
2	宽体金线蛭	MW659836	0.017																		
3	<i>Whitmania pigra</i>	MW659834	0.015	0.005																	
4		LC811614	0.026	0.028	0.026																
5		OR578890	0.019	0.017	0.019	0.017															
6		OR578888	0.026	0.025	0.026	0.025	0.011														
7		OR578887	0.025	0.023	0.025	0.023	0.015	0.011													
8		OR578886	0.026	0.025	0.026	0.025	0.017	0.009	0.002												
9		OR578865	0.008	0.012	0.011	0.022	0.014	0.022	0.020	0.022											
10		OR578864	0.062	0.060	0.059	0.079	0.068	0.076	0.073	0.074	0.057										
11		OR578863	0.009	0.014	0.012	0.020	0.015	0.023	0.019	0.020	0.005	0.059									
12		OR578862	0.006	0.014	0.012	0.023	0.015	0.023	0.022	0.023	0.005	0.059	0.006								
13		OR578861	0.019	0.017	0.019	0.017	0.009	0.017	0.006	0.008	0.014	0.067	0.012	0.015							
14		OR578860	0.012	0.014	0.015	0.026	0.015	0.023	0.022	0.023	0.008	0.062	0.009	0.009	0.015						
15		OR578859	0.017	0.015	0.017	0.015	0.002	0.009	0.014	0.015	0.012	0.067	0.014	0.014	0.008	0.014					
16		OR578858	0.006	0.011	0.009	0.020	0.012	0.020	0.019	0.020	0.002	0.059	0.003	0.003	0.012	0.006	0.011				
17		OR578857	0.009	0.014	0.012	0.017	0.015	0.023	0.019	0.020	0.005	0.062	0.003	0.006	0.012	0.009	0.014	0.003			
18		OR578855	0.008	0.012	0.011	0.022	0.014	0.022	0.020	0.022	0.003	0.060	0.005	0.005	0.014	0.008	0.012	0.002	0.005		
19		MN729556	0.005	0.012	0.011	0.022	0.014	0.022	0.020	0.022	0.003	0.057	0.005	0.002	0.014	0.008	0.012	0.002	0.005	0.003	

附录 3 基于 COI 基因序列的金线蛭属、黄蛭属、医蛭属、山蛭属以及石蛭属部分物种间的遗传距离

Appendix 3 Genetic distances between some species of *Whitmania*, *Haemadipsa*, *Hirudo*, *Haemadipsa* and *Erpobdella* based on COI sequences

序号 No.	物种 Species	GenBank accession number	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	本文标本 Specimen of the study	PV602342												
2	光润金线蛭 <i>Whitmania laevis</i>	LC811613	0.158											
3		LC811612	0.158	0.000										
4		LC811611	0.150	0.031	0.031									
5		LC811610	0.158	0.009	0.009	0.031								
6		LC811609	0.159	0.006	0.006	0.028	0.003							
7	尖细金线蛭 <i>W. acramulata</i>	MK347500	0.111	0.163	0.163	0.167	0.167	0.164						
8		NC 023928	0.111	0.163	0.163	0.167	0.167	0.164	0.000					
9	日本医蛭 <i>Hirudo nipponia</i>	ON986775	0.176	0.169	0.169	0.163	0.167	0.167	0.170	0.170				
10	马蛭 <i>Haemopsis sanguisuga</i>	PP182070	0.211	0.197	0.197	0.190	0.197	0.193	0.192	0.192	0.198			
11	侧纹医蛭 <i>Hirudo verbana</i>	KT692947	0.204	0.212	0.212	0.197	0.214	0.211	0.207	0.207	0.206	0.173		
12	盐源山蛭 <i>Haemadipsa yanyuanensis</i>	MZ820660	0.260	0.259	0.259	0.259	0.255	0.259	0.255	0.255	0.241	0.223	0.249	
13	八目石蛭 <i>Erpobdella octoculata</i>	PP988455	0.265	0.274	0.274	0.265	0.269	0.271	0.271	0.271	0.238	0.240	0.259	0.234