

# 广西北部湾沿海牡蛎的种类及其分布\*

李翠<sup>1,2</sup> 王海艳<sup>1</sup> 刘春芳<sup>1,2</sup> 李艳伟<sup>1</sup> 郭希明<sup>3</sup>

(1. 中国科学院海洋研究所 青岛 266071; 2. 中国科学院大学 北京 100049; 3. Haskin Shellfish Research Laboratory, Institute of Marine and Coastal Sciences, Rutgers University, Port Norris, New Jersey 08349, USA)

**提要** 采用 DNA 条形码(DNA barcoding)技术, 基于 COI 基因序列鉴定牡蛎种类, 研究了牡蛎科(Ostreidae)牡蛎在广西沿海的分布。本次研究从广西沿海 16 个采样地点的潮间带共采集 550 个野生牡蛎样本, 随机抽取了 367 个牡蛎样本进行基因组 DNA 的提取和线粒体 COI 基因的鉴定, 共检测到 4 属 7 种牡蛎。巨牡蛎属有 4 种, 分别为熊本牡蛎(*Crassostrea sikamea*)108 个, 葡萄牙牡蛎(*Crassostrea gigas angulata*)43 个, 香港巨牡蛎(*Crassostrea hongkongensis*)15 个, 近江牡蛎(*Crassostrea ariakensis*)18 个, 囊牡蛎属(*Saccostrea*)的多刺牡蛎(*Saccostrea echinata*)61 个, 爪牡蛎属(*Talonostrea*)的猫爪牡蛎(*Talonostrea talonata*)112 个, 齿牡蛎属(*Dendostea*)的齿缘牡蛎(*Dendostea crenulifera*)10 个。结果表明, 广西沿海牡蛎物种丰富, 至少 7 种牡蛎分布于潮间带, 其中优势种为猫爪牡蛎和熊本牡蛎, 在广西沿海各采样点均有分布。多刺牡蛎和葡萄牙牡蛎次之, 香港巨牡蛎、近江牡蛎、齿缘牡蛎数量较少, 分布较集中。

**关键词** 广西; 牡蛎科; COI; 分子鉴定; 分布  
**中图分类号** Q959.215

牡蛎属于软体动物门、双壳纲、珍珠贝目、牡蛎超科、牡蛎科, 是一种世界性广布种, 因其重要的经济价值和营养价值而被人们熟知, 但牡蛎贝壳形态受环境影响很大, 可塑性强。大部分牡蛎单纯依靠贝壳外部形态只能确定到属, DNA 条形码技术的应用有效地促进了牡蛎物种分类研究和系统发育分析。当前, 牡蛎分类学者结合形态和分子标记解决了与牡蛎的分类相关的很多争议。如: 应用线粒体基因从近江牡蛎区别出新种香港巨牡蛎(Lam *et al.*, 2003), 王海艳等人对我国南方和北方沿海牡蛎的种名进行了确认和修订(Wang *et al.*, 2008, 2010)。Lam 等(2004)根据贝壳形态和 COI 基因序列鉴定和描述了香港分布的 12 种牡蛎。

广西沿岸潮间带具有优越的地理环境和自然条件, 生物量丰富。《广西壮族自治区海岸带和海涂资

源综合调查报告》第四卷(海洋生物: 潮间带生物), 报告记录了共 158 科 488 种生物。其中对于牡蛎物种的记载仅为一种近江牡蛎(现证明为近江牡蛎和香港巨牡蛎)。其它调查规模都比较小, 仅对个别种类或局部海区的潮间带进行了报道。袁秀珍(1998)对广西北海及涠洲岛潮间带贝类调查中, 发现猫爪牡蛎(*Talonostrea talonata* Li & Qi, 1994)、近江牡蛎[*C. ariakensis* (Fujita, 1913)]、密鳞牡蛎(*Ostrea dense-lamellosa* Lischke, 1869)、团聚牡蛎[*Saccostrea glomerata* (Gould, 1850)]四种。最近的调查研究记录了广西茅尾海的三种常见牡蛎香港巨牡蛎[*C. hongkongensis* (Lam *et al.*, 2003)]、近江牡蛎[*C. ariakensis* (Fujita, 1913)]、熊本牡蛎[*C. sikamea* (Amemiya, 1928)](宋忠魁等, 2010)。

为弥补这一区域对于牡蛎调查资料的匮乏, 本

\* 国家环境保护部项目, 物种 10-二-14 号; 海洋公益性行业科研专项经费项目, 200805069 号; 中国科学院海洋研究所“一三五”生物多样性项目, 201210060101 号; 国家自然科学基金项目, 40406032 号, 40876084 号, 31000948 号; 中国科学院战略性先导科技专项, XDA1102030304 号。李翠, 硕士研究生, E-mail: licui19877322@163.com

通讯作者: 王海艳, 博士, 副研究员, E-mail: haiyanwang@qdio.ac.cn

收稿日期: 2012-12-27, 收修改稿日期: 2013-03-13

次研究大量采集了广西沿海野生牡蛎样本, 通过对 COI 基因的扩增, 并结合系统发育分析, 随机检测了其中的 367 个牡蛎样本。确定每个样本所属种名, 明确广西沿海牡蛎的种类多样性及分布。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本采集与保存

本次牡蛎调查区域从东至西涉及广西北海市、钦州市、防城港市(包括东兴市)潮间带共 16 个站点。本实验的牡蛎样本采集地点见图 1。遵循随机原则采集潮间带样本, 采样时不分大小。用牡蛎解剖刀撬开贝壳, 样本保存于 95% 的乙醇中。

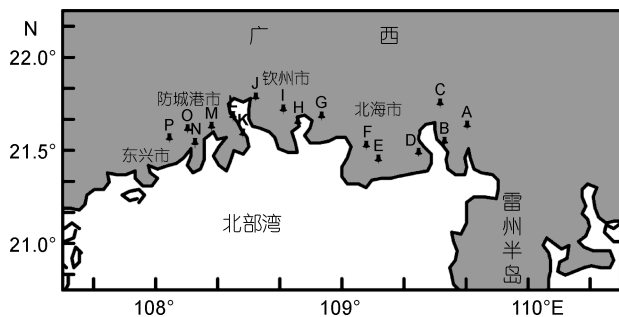


图 1 本次实验牡蛎样本的采集地点

Fig.1 Localities of oysters sample collection

A. 北海市合浦县山口镇, B. 北海市铁山港区川江, C. 北海市铁山港塘边村, D. 北海市铁山港区营盘镇, E. 北海市银海区龙潭下村, F. 北海市海滨公园, G. 北海市合浦县西场镇, H. 钦州市犀牛脚镇三娘湾村, I. 钦州市犀牛脚镇鸡墩头, J. 钦州市浦北县龙门镇, K. 防城港市港口区天堂坡, L. 防城港市港口区笪辽尾, M. 防城港市老黄埠, N. 防城港市江山乡白龙尾, O. 防城港市东兴市山心村, P. 防城港市东兴市东兴镇三德村

### 1.2 样本信息采集与初步鉴定

观察记录贝壳的各部分特征, 包括壳型, 壳上鳞片情况, 壳表面的颜色, 放射肋分布情况, 韧带槽形状及大小, 壳内面颜色, 闭壳肌痕颜色及形状。通过形态特征对牡蛎进行初步鉴定。选取外壳形态具有代表性的牡蛎样本, 对其内壳和外壳分别拍照记录。如图 2 所示。

### 1.3 基因组 DNA 的提取和目的基因 PCR 扩增

从牡蛎闭壳肌中取出 20—30μg 组织, 使用试剂盒 Dneasy™ Tissue Kit (Tiangen), 按照说明操作提取组织 DNA。通过聚合酶链式反应 polymerase chain reaction(PCR)获得 COI 基因片段。实验中 COI 扩增使用通用引物(LCO1490 5'-GGTCAACAAATCATA-AAGA TATTGG-3', 5'-HCO TAACTTCAGGGTGA-

CCAAAAAATCA-3') (Folmer *et al*, 1994)。PCR 反应体系为 25μL, 其中包括 0.2μmol/L 引物, 50—70ng DNA 模板, 2×PCR buffer, 2mmol/L dNTPs, 1.5μmol/L MgCl<sub>2</sub> 和 2U Taq 聚合酶(Tiagen Biotech)。循环参数如下: 预变性 95℃加热 5min, 引物退火 48—51℃ 1min, 引物延伸 72℃进行 1min, 循环中的变性 95℃ 30 秒, 循环数 30, 最后延伸 72℃维持 10min。获得的产物使用试剂盒 DP214 Universal DNA Produce Purification (Tiagen Biotech)进行纯化。最后使用 ABI 3730 自动化测序仪(Applied Biosystems, ABI)进行测序。PCR 引物作为测序用引物。使用 BLAST <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>。搜索所得序列是否存在污染。

### 1.4 遗传距离和系统发育分析

本次实验共获得 367 个牡蛎个体的 COI 片段。表 1 中为下载自 NCBI 的相关序列。使用 Clustal X2 (Larkin *et al*, 2007)进行多条序列比对, 比对后对测得的 COI 基因片段进行基因分型, 共获得 16 种单倍型。单倍型基因和下载自 NCBI 的 10 条序列生成用于系统发育分析的序列矩阵。应用 ModelTest 3.7 (Posada *et al*, 1998)基于 Akaike Information Criterion (AIC)为 COI 基因片段选择核苷酸最佳替换模型, 并估计相关参数。获得的最佳替换模型 GTR+I+G 被用于 ML (Maximum likelihood tree) and BI (Bayesian inference) 方法建树。

构建贝叶斯树时采用软件 MrBayes3.1 (Ronquist *et al*, 2003), 参数设置为 nst=6, rates=invgamma, 以随机树为起始树运行 1000 万代, 每 10000 代抽样一次。舍弃 25% 的老化样本, 根据剩余样本构建一致

表 1 本次研究使用序列的 GenBank 序列号

Tab.1 GenBank accession numbers of species sequenced and analyzed for this study

物种名称	COI GenBank 号
<i>Hyotissa imbricata</i> (Lamarck, 1819)	AB076917
<i>Neopycnodonte cochlear</i> (Poli, 1795)	JF496772
<i>Crassostrea ariakensis</i> (Fujita, 1913)	NC_012650
<i>Crassostrea angulata</i> (Lamarck, 1819)	NC_012648
<i>Crassostrea gigas</i> (Thunberg, 1793)	NC_001276
<i>Crassostrea hongkongensis</i> (Lam & Morton, 2003)	NC_011518
<i>Crassostrea iredalei</i> (Faustino, 1932)	NC_013997
<i>Crassostrea sikamea</i> (Amemiya, 1928)	NC_012649
<i>Saccostrea mordax</i> (Gould, 1850)	NC_013998
<i>Dendostrea frons</i> (Linnaeus, 1758)	AB084109

树。ML 树使用在线程序 PHYL (http://www.atgc-montpellier.fr/phyl)(Guindon *et al*, 2003)执行。相关参数使用 ModelTest3.7 的结果进行设置。使用 MEGA 5.05 (Kumar *et al*, 2012)分析序列的碱基组成, 计算牡蛎物种两两之间的 Kimura 2-parameter 遗传距离。

## 2 结果与分析

### 2.1 形态分析结果

本次采集的样本经形态特点初步鉴定, 可以确定到种的牡蛎有 4 种, 另外有巨蛎属的牡蛎必须借助分子手段鉴定。从图 2 中可以看出, 广西沿海牡蛎的外壳形态变化很大。

(1) 巨蛎属(*Crassostrea*), 图 2 中 A、B、C、F 均为巨蛎属牡蛎, 共同特点为壳大型, 不具栉齿, 壳面具层状同心生长鳞片, 左壳凹陷为杯状, 左壳比右壳要厚一些, 右壳较平, 左右壳都没有明显的放射肋。表面灰白色、黄褐色, 壳的内面呈白色, 闭壳肌痕呈 D 形或肾形。韧带槽明显。而巨蛎属牡蛎之间形态差别不明显, 而且不同地点生长环境不同, 采集的巨蛎属牡蛎存在着一定的形态差异, 从表面形态无法确定到种。

(2) 齿缘牡蛎 [*Dendostrea crenulifera* (Sowerby, 1871)], 图 2D。壳型小, 壳质坚厚, 放射肋在边缘处最明显, 个体大者有肋 20 余条, 壳内常为绿色, 结合面狭窄, 壳顶腔浅, 嵌合体遍布内缘。

(3) 猫爪牡蛎 (*Talonostrea talonata*), 图 2E。形态特征鲜明, 壳型小, 质薄, 侧扁。左壳有 5—8 条放射肋, 延伸出壳的边缘形成爪状, 肋上有少数棘, 壳顶腔较深, 内缘无嵌合体。

(4) 多刺牡蛎 (*Saccostrea echinata*), 图 2G。特点为壳型小, 侧扁, 右壳扁平, 具鳞片无放射肋, 翘起的半管状棘分布于除壳顶区以外的整个壳面, 壳内面嵌合体前后两侧均有出现。

### 2.2 序列组成及变异分析

本研究共获得 229 个牡蛎个体的 COI 序列, 共获得 16 种单倍型。所有序列比对后, 去除引物段碱基, 对长为 657bp 的共有序列进行分析显示, 可变位点 327 个, 简约信息位点 287 个。T、C、A、G 碱基平均含量为 39.0%、17.6%、21.9%、21.5%。其中, A+T 含量(60.9%)大于 G+C(39.1%)含量, 表现出一定的碱基组成偏倚。

### 2.3 系统发育分析结果

采用 MrBayes3.1 (Ronquist *et al*, 2003)构建贝叶斯树和使用在线程序 PHYL (http://www.atgc-montpellier.fr/phyl)构建的最大似然树, 结果如图 3 所示。以缘曲牡蛎科(*Grypheididae*)的牡蛎作为进化树的根。由图 3 可以看出, 单倍型 3 和单倍型 5 与 *C. sikamea* 熊本牡蛎(NC\_012649)聚为一支, COI 基因序

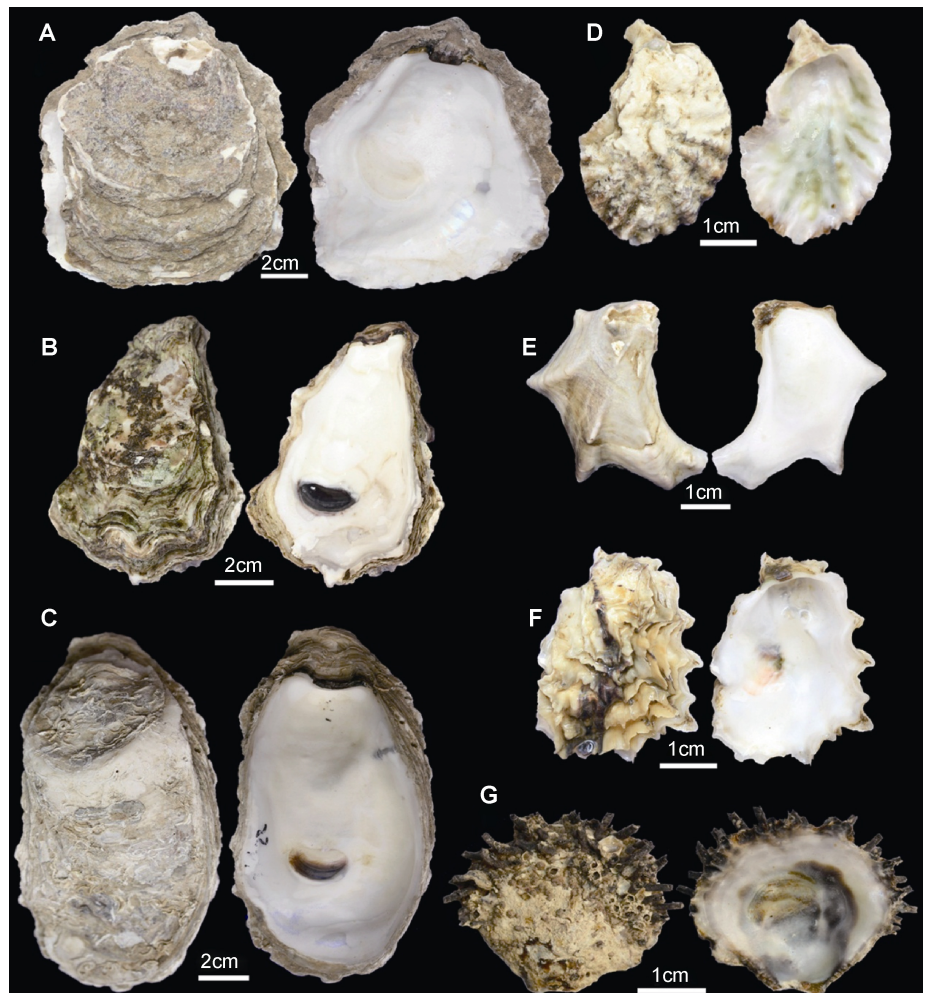


图 2 广西沿海采集到的具有代表性的牡蛎种类的贝壳形态

Fig.2 The shell morphology of typical oysters collected from the coastal sea in Guangxi, China  
A. *C. ariakensis*; B. *C. gigas angulata*; C. *C. hongkongensis*; D. *D. crenulifera*;  
E. *T. talonata*; F. *C. sikamea*; G. *S. echinata*

列分别有 4bp、5bp 不同, 相似度分别为 99% 和 98.9%。单倍型 1、2、4 与熊本牡蛎的在线序列 NC\_012649 分别有 6bp、6bp、7bp 的区别, 相似度均为 98.2%。且这三种单倍型牡蛎与熊本牡蛎的形态特征一致, 因此将它们鉴定为熊本牡蛎。单倍型 1—5 与 *C. sikamea* 聚为一支的贝叶斯后验概率(BPP)为 1, 表现出很高的支持率。单倍型 6、7、8 与葡萄牙牡蛎 *C. angulata* (NC\_012648) 聚为一支, 且支持率较高 (BPP=0.94, bootstrap value=0.83)。前期研究已经证明 *C. angulata* 为 *C. gigas* 的亚种(Wang *et al*, 2010)。结合形态学特征, 本次采集到的牡蛎定名为 *C. gigas angulata*。随后这一分支与 *C. gigas gigas* (NC\_001276) 聚为一支(BPP=1, bootstrap value=0.94)。单倍型 9 和 10 分别与近江牡蛎 *C. ariakensis* 和香港巨牡蛎 *C. hongkongensis* 聚为一支, 贝叶斯后验概率均为 1。因此系统发育分析结果支持单倍型 9 和 10 两种牡蛎分别为近江牡蛎和香港巨牡蛎。单倍型 16 为猫爪牡蛎, 最终与巨蛎属的其它牡蛎聚为较大的分支。单倍型

11 和 12 为齿缘牡蛎 *D. crenulifera*, 与形态学分析结果一致。单倍型 13—15 聚为一支(BPP=0.96, bootstrap value=1), 结合形态特征, 鉴定为多刺牡蛎 *S. echinata*。

以上结果说明, 广西沿海采得的样本共有 7 种。

#### 2.4 遗传距离分析结果

使用 MEGA 5.05 (Kumar *et al*, 2012) 分析序列的碱基组成, 计算牡蛎两两之间的 Kimura 2-parameter 遗传距离。牡蛎各个分类阶元的遗传距离总体分布使用箱线图呈现, 见图 4。COI 基因片段序列遗传距离分析结果表明: 牡蛎科种内遗传距离均小于 0.02, 种内差异的平均值为 0.007。属内种间物种的平均遗传距离集中在 95% 集中在 0.1—0.2 之间, 平均值为 0.146。由图标可以看出, 整个数据集的箱线图显示了较高分散度, 说明种间遗传距离波动范围较大。数据集内存在个别异常值, 但是仍大于种内最大遗传距离。种内、种间遗传距离未发生重叠, DNA 间隙明显。属间遗传差异则明显增大, 95% 集中在 0.225—0.325 之间, 平均值为 0.275。属间、种间遗传距离同

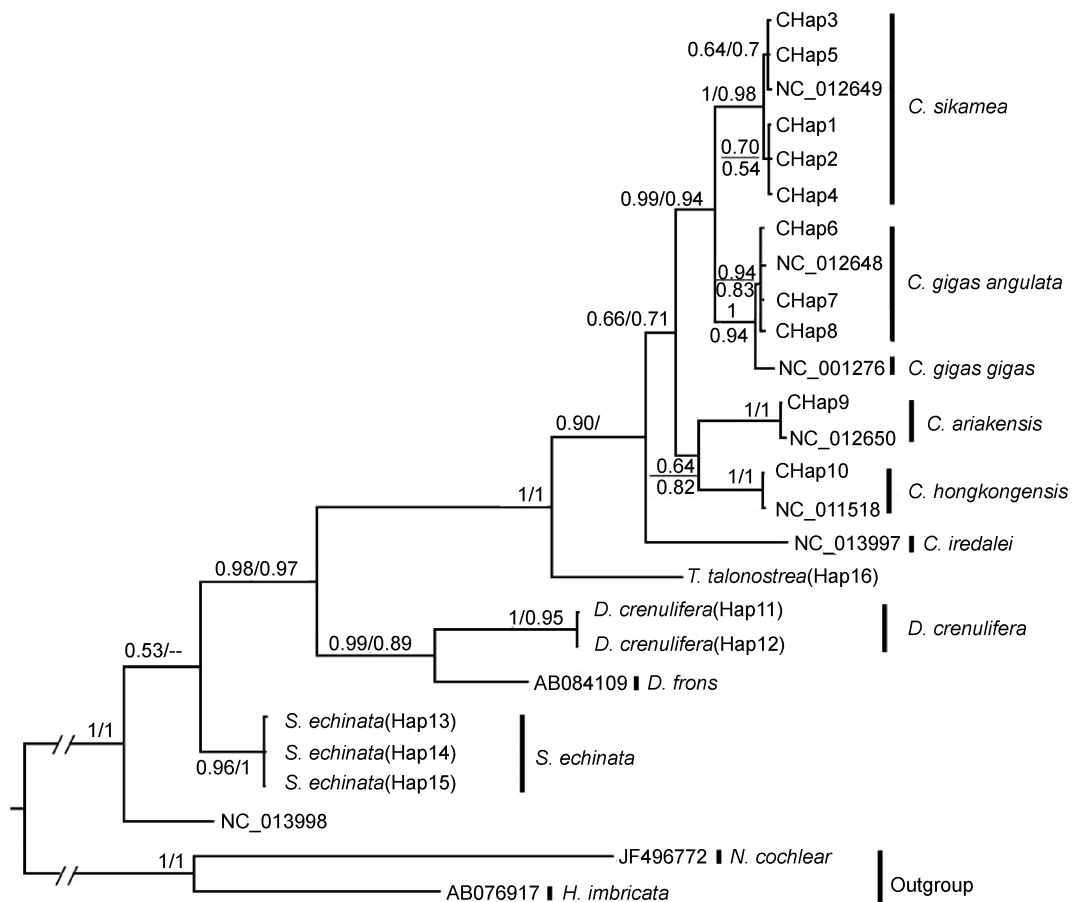


图 3 基于牡蛎 COI 基因使用贝叶斯方法(BI)和最大似然法(ML)构建的系统发育树

Fig.3 Beyes tree (BI) and maximum likelihood tree (ML) based on COI data sets for Ostreidae oysters

注: 枝上数字代表贝叶斯后验概率/bootstrap value, “-”代表 ML 树不同于 BI 树的拓扑结构

样不存在重叠部分,存在 DNA 间隙。以上数据说明, COI 基因在牡蛎种类鉴定中是有效的。

### 3 结论与讨论

#### 3.1 广西牡蛎的主要种类及分布

经过 COI 基因的鉴定,结果共鉴定出 7 种牡蛎,巨牡蛎属 4 种分别为熊本牡蛎(*C. sikamea*)、香港巨牡蛎(*C. hongkongensis*)、近江牡蛎(*C. ariakensis*)、葡萄牙牡蛎(*C. gigas angulata*)、多刺牡蛎(*S. echinata*)、猫爪牡蛎(*T. talonata*)、齿缘牡蛎(*D. crenulifera*)。结果见表 2。

从表 2 的样本种类和数量可以看出,广西沿海牡蛎物种丰富,至少 7 种牡蛎分布于潮间带,其中优势种为熊本牡蛎和猫爪牡蛎,广泛分布于广西沿海的潮间带地区,在 14 个采样地点均有分布,分别占样品总数的 30.3%和 31.4%。多刺牡蛎和葡萄牙牡蛎数量较多,鉴定出的样本数分别为总数的 16.6%和 11.7%。多刺牡蛎主要分布于钦州市和防城港市沿海,葡萄牙牡蛎主要分布于防城港市沿海。香港巨牡蛎,近江牡蛎,齿缘牡蛎数量较少。齿缘牡蛎只在铁山港的川江村沿海有少量样本。香港巨牡蛎、近江牡蛎分布地点重合,在北海市西场镇和铁山港石牛岭村均有少量发现。

(1) 熊本牡蛎(*C. sikamea*)个体小,但形状规则,味道清甜,具有较高的经济价值。作者在前期研究中发现这种牡蛎在江苏以南沿海潮间带有大量分布(Wang *et al.*, 2013)。本次采样发现大量的熊本牡蛎,在其它的调查中发现这种牡蛎在福建和广西沿海有大量分布(杜玄等, 2009; 宋忠魁等, 2010)。

(2) 葡萄牙牡蛎(*C. gigas angulata*)是我国重要的经济贝类,作者前期研究中首次把这种牡蛎修订为长牡蛎 *C. gigas angulata* 的亚种(Wang *et al.*, 2010),在浙江以南沿海有大量分布,福建是我国最大的葡萄牙牡蛎育苗与养殖区。本次采样发现较在广西北部湾沿海潮间带这种牡蛎有大量分布。

(3) 近江牡蛎(*C. ariakensis*)分布于全国沿海的河口附近的低盐区, Wang 等(2004)首次把原来统称的

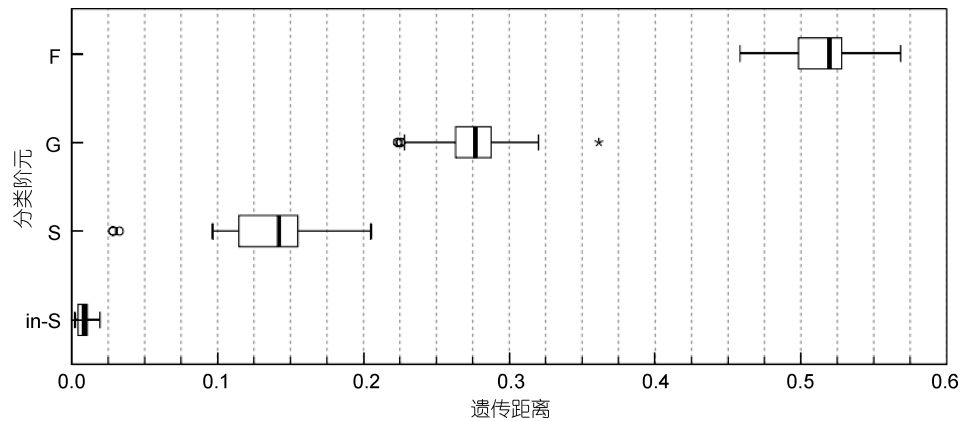


图 4 牡蛎不同分类阶元物种个体的遗传差异(K2P 距离)箱线图

Fig.4 Box plot of genetic distances for COI gene under K2P substitution model for Ostreidae oysters at different taxonomic levels

注: 左侧不同分类阶元之间的遗传距离分别为: In-S. 种内遗传差异, S. 同属不同种间遗传差异, G. 属间遗传差异, F. 科间遗传差异

“近江牡蛎 *C. rivularis*”的“红肉”定名为真正的“近江牡蛎”。生活适应力较强,分布范围广(徐凤山等, 2008)。资料记载此种牡蛎在广西的自然分布区为北海市和涠洲岛沿海潮间带(袁秀珍, 1998)。此次采样在北海市和铁山港区沿海潮间带发现有少量样本。由于这种牡蛎的野生资源越来越少,近江牡蛎的野生种需要加强保护。

(4) 香港巨牡蛎(*C. hongkongensis*)与近江牡蛎(*C. ariakensis*)在我国南方某些海区共同生活。这种牡蛎最早称为“近江牡蛎 *C. rivularis*”, Wang 等(2004)首次把原来统称的“近江牡蛎 *C. rivularis*”的“白肉”定名为香港巨牡蛎。主要分布于福建厦门以南(Wang *et al.*, 2004; 张素萍, 2008)。资料记载此种牡蛎在广西的自然分布区为钦江口的茅尾海和龙门港、金鼓江口、大风江口、铁山港、防城江口、江平黄竹江口的低潮线以下的河口海域。其中茅尾海和大风江口为养殖所用牡蛎种苗的主要采集地点。在本次调查中,只在大风江沿岸的北海市西场镇和铁山港区的海域采集到少量样品。

(5) 齿缘牡蛎(*D. crenulifera*)在以往报道分布于台湾、广东、海南、西沙群岛沿海(徐凤山等, 2008)。本次调查在广西铁山港沿海发现有此种牡蛎的分布。采集到的样本附着于低潮线附近的岩礁上。

(6) 猫爪牡蛎(*T. talonata*)为广温广布种,在我国南方沿海如广东、广西、海南(袁秀珍, 1998; 蔡英亚等, 2006)和北方沿海青岛、辽宁(李孝绪等, 1994)均有分布。此次采集到的样本在广西北部湾沿海各个采样点均有大量分布,其中有很多个体分布于红树林中。



(7) 多刺牡蛎(*S. echinata*)为暖水种,在我国浙江以南各省沿海潮间带均有分布(蔡英亚等, 2006; 徐凤山等, 2008)。本次采样获得的样本数量较多,在广西沿海的北海、防城港、钦州沿海分布广泛。

(8) 根据以往的报道,团聚牡蛎(*S. glomerata*)和密鳞牡蛎(*O. denselamellosa*)分布于广西沿海(袁秀珍, 1998),但在所采集的样品中没有发现这两种牡蛎。密鳞牡蛎主要分布于潮下带或浅海,在本次潮间带调查中并没有涉及到这些采样点。

### 参 考 文 献

- 杜 玄, 郭希明, 钱鲁闽, 2009. 福建沿海巨蛎属牡蛎的主要种类及其分布. 台湾海峡, 28(3): 399—404
- 李孝绪, 齐钟彦. 1994. 中国牡蛎的比较解剖学及系统分类和演化的研究. 海洋科学集刊, 36(135): 143—179
- 宋忠魁, 蔡小辉, 童 潼等, 2010. 广西茅尾海常见牡蛎的分子鉴定. 海洋科学, 34(8): 11—17
- 张素萍, 2008. 中国海洋贝类图鉴. 北京: 海洋出版社, 303—306
- 袁秀珍, 1998. 北海涠洲岛潮间带底栖贝类调查. 生物学通报, 33(6): 11—13
- 徐凤山, 张素萍. 2008. 中国海产双壳类图志. 北京: 科学出版社, 106—115
- 蔡英亚, 谢绍河, 2006. 广东的海贝. 汕头: 汕头大学出版社, 271—276
- Folmer O, Black M, Hoeh W *et al*, 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome *c* oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. Molecular Marine Biology and Biotechnology, 3(5): 294—299
- Guindon S, Gascuel O, 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. Syst Biol, 52(5): 696—704
- Kumar S, Stecher G, Peterson D *et al*, 2012. MEGA-CC, computing core of molecular evolutionary genetics analysis program for automated and iterative data analysis. Bioinformatics, 28(20): 2685—2686
- Lam K, Morton B, 2003. Mitochondrial DNA and morphological identification of a new species of *Crassostrea* (Bivalvia: Ostreidae) cultured for centuries in the Pearl River Delta, Hong Kong, China. Aquaculture, 228(1—4): 1—13
- Lam K, Morton B, 2004. The oysters of Hong Kong (Bivalvia: Ostreidae and Gryphaeidae). Raffles B Zool, 52(1): 11—28
- Larkin M A, Blackshields G, Brown N P *et al*, 2007. Clustal W and clustal X version 2.0. Bioinformatics, 23(21): 2947—2948
- Posada D, Crandall K, 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. Bioinformatics, 14(9): 817—818
- Ronquist F, Huelsenbeck J P, 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics, 19(12): 1572—1574
- Wang H Y, Guo X M, Zhang G F *et al*, 2004. Classification of Jinjiang oysters *Crassostrea rivularis* (Gould, 1861) from China, based on morphology and phylogenetic analysis. Aquaculture, 242(1—4): 137—155
- Wang H Y, Zhang G F, Lio X *et al*, 2008. Classification of common oysters from North China. Journal of Shellfish Research, 27(3): 495—503
- Wang H, Qian L, Liu X *et al*, 2010. Classification of a Common Cupped Oyster from Southern China. Journal of Shellfish Research, 29(4): 857—866
- Wang H, Qian L, Wang A *et al*, 2013. Occurrence and distribution of *Crassostrea sikamea* (Amemiya 1928) in China revealed by genetic analysis. Journal of Shellfish Research (in publish)

## CLASSIFICATION AND DISTRIBUTION OF OYSTERS OFF COASTAL GUANGXI, CHINA

LI Cui<sup>1,2</sup>, WANG Hai-Yan<sup>1</sup>, LIU Chun-Fang<sup>1,2</sup>, LI Yan-Wei<sup>1</sup>, GUO Xi-Ming<sup>3</sup>

(1. Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao, 266071; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100049; 3. Haskin Shellfish Research Laboratory, Institute of Marine and Coastal Sciences, Rutgers University, Port Norris, New Jersey 08349, USA)

**Abstract** We used COI barcodes to recognize the oysters from the coastal area in Guangxi, China. A total of 550 oysters were collected from 16 sites along coast, of which 367 oysters were specified in mitochondrial COI gene-based analysis. At least 7 oyster species were recognized in this study, of which 4 were from genus *Crassostrea* in Family Ostreidae: *C. sikamea* (186 samples), *C. gigas angulata* (43 samples), *C. hongkongensis* (15 samples), and *C. ariakensis* (18 samples); and 3 belong to other genera, i.e., *Saccostrea echinata* (61 samples), *Talonostrea talonata* (112 samples), and *Dendostrea crenulifera* (10 samples). The dominant ones were *T. talonata* and *C. sikamea*.

**Key words** Guangxi; Ostreidae; COI; molecular identification; distribution