

doi:10.3969/j.issn.1001-4616.2026.02.007

南京市入侵福寿螺的物种鉴定与遗传多样性分析

胡梦臻¹, 王聪聪¹, 张池莹², 黄映¹, 肖溢洁², 储海燕¹, 李宏¹, 陈炼²

(1. 南京师范大学生命科学学院, 江苏 南京 210023)

(2. 南京林业大学生命科学学院, 江苏 南京 210037)

[摘要] 福寿螺属(*Pomacea*)包含多个物种,其中小管福寿螺与斑点福寿螺形态近似,入侵能力较强.为明确南京市福寿螺种类及遗传多样性,本研究基于线粒体细胞色素氧化酶亚基 I(*COI*)基因序列和核基因 *EF1 α* 分型方法,对采自南京市 9 个区的河流及公园的 114 只福寿螺及 34 块卵块样本进行分析.经线粒体 *COI* 基因序列比对,南京市入侵福寿螺包括小管福寿螺和斑点福寿螺,其中小管福寿螺为入侵南京的优势种,未发现隐秘福寿螺.核基因 *EF1 α* 分型分析表明,南京市福寿螺中已出现小管福寿螺和斑点福寿螺的杂交个体,占比 24.56%.本研究结果为南京地区福寿螺的入侵风险评估与科学防治提供了基础数据和背景资料.

[关键词] 生物入侵,福寿螺,线粒体 *COI* 基因,杂交,遗传多样性

[中图分类号] Q958.1 **[文献标志码]** A **[文章编号]** 1001-4616(2026)02-0067-07

Species Identification and Genetic Diversity of Invasive *Pomacea* spp. in Nanjing City

Hu Mengzhen¹, Wang Congcong¹, Zhang Chiying², Huang Ying¹,
Xiao Yijie², Chu Haiyan¹, Li Hong¹, Chen Lian²

(1. School of Life Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

(2. College of Life Sciences, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: The genus *Pomacea* includes multiple species, with *Pomacea canaliculata* and *P. maculata* being morphologically similar and highly invasive. To identify *Pomacea* species and assess their genetic diversity in Nanjing City, the study analyzed 114 adult snails and 34 egg mass samples collected from rivers and park waters across 9 districts based on mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) gene sequences and nuclear *EF1 α* genotyping. All samples collected in Nanjing were identified as either *P. canaliculata* or *P. maculata*, with *P. canaliculata* being the predominant species. No occurrence of *P. occulta* was detected. Nuclear gene *EF1 α* genotyping revealed hybrid individuals between *P. canaliculata* and *P. maculata* in Nanjing, which constituted 24.56% of the total sampled individuals. These findings provide essential baseline data for risk assessment and targeted management strategies against *Pomacea* invasions in Nanjing.

Key words: biological invasion, *Pomacea*, mtDNA *COI* gene, hybridization, genetic diversity

福寿螺属(*Pomacea*)隶属于腹足纲(Gastropoda)中腹足目(Mesogastropoda)瓶螺科(Ampullariidae),是一类原产自南美洲和中美洲的大型淡水螺^[1-2].目前,多种福寿螺已广泛扩散至亚洲、北美洲、欧洲和大洋洲的 30 余个国家和地区^[3],其中,从原产地引入中国的福寿螺至少包括小管福寿螺(*Pomacea canaliculata*)、斑点福寿螺(*P. maculata*)、隐秘福寿螺(*P. occulta*)、神秘福寿螺(*P. diffusa*)和梯状福寿螺(*P. scalaris*) 5 种^[4-5].小管福寿螺与斑点福寿螺形态高度相似,二者均为入侵能力极强、危害严重的外来物种.小管福寿螺在中国的入侵范围最广,几乎遍及南方各省^[6],被世界自然保护联盟(IUCN)列为全球 100 种恶性外来入侵物种之一^[7],在江苏省被列为 I 级重点管控外来入侵物种及农业植物检疫性有害生物^[8].研究表明,小管福寿螺主要取食水稻秧苗和多种水生植物茎叶^[9],严重危害我国农田、河流、池塘和湿地等生态系统.此外,小管福寿螺繁殖能力极强,单次产卵量可超千粒,促使种群规模迅速扩张^[10].在入侵地,它们常通过与土著螺类竞争

收稿日期:2025-10-30.

基金项目:国家自然科学基金项目(32170434).

通讯作者:陈炼,博士,教授,研究方向:入侵生物学. E-mail:chenlian_2004@163.com

形成优势种群^[11-13],从而导致生物多样性下降,进一步加剧生态危害。

福寿螺属物种间形态高度相似,且种内存在形态变异,仅依靠螺壳等传统形态学指标难以实现准确鉴定^[14]。此外,小管福寿螺和斑点福寿螺在我国多个地区已发生种间杂交与遗传渐渗,导致杂交后代的卵块形态趋于一致,进一步增加了物种鉴别的复杂性^[15]。研究发现,杭州西湖水域的野生福寿螺种群中杂交个体比例高于纯合个体,表明该区域群体已发生广泛的种间杂交渐渗^[16]。然而,这种持续的种间杂交可能增强福寿螺的环境适应能力,例如小管福寿螺与斑点福寿螺的杂交个体较纯合个体表现出更强的环境耐受性,有助于其种群的快速扩散与定殖^[17]。

目前,江苏省苏州和扬州等地区的福寿螺入侵状况及遗传多样性已有相关报道^[2,18]。南京作为区域重要节点城市,水系发达、人类活动密集,秦淮河、创业河等长江支流可能为福寿螺沿江扩散提供生态通道,进而增加其向下游流域入侵的风险。然而,目前对南京地区福寿螺种类组成、遗传多样性及杂交状况还缺乏系统性研究。因此,本研究基于线粒体 *COI* 基因序列及核基因 *EF1 α* 分型,对南京市福寿螺种群开展物种鉴定、遗传多样性及杂交渐渗分析,旨在揭示其遗传多样性并评估潜在入侵风险,为当地福寿螺的科学防控提供基础数据与理论依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集、基因组 DNA 提取、PCR 扩增和测序

2023—2025 年,在南京市 10 个辖区开展福寿螺样本采集工作。2025 年 12 月在南京中国绿化博览园与月牙湖仅发现零星卵块,因卵块质量不佳未能收集;在莫愁湖公园、三山湖公园及无想寺水库未发现福寿螺或卵块。样本采集最终覆盖南京市 9 个区的 16 个采样点,获得 114 只福寿螺成螺及 34 块卵块(见表 1)。

表 1 南京福寿螺样本采集信息及线粒体 *COI* 基因单倍型

Table 1 The collection and corresponding *COI* haplotypes of *Pomacea* spp.

采样区	采样点	经纬度	生境	福寿螺 样本数	卵块 样本数	采集时间	线粒体 <i>COI</i> 基因单倍型
玄武区	玄武湖	32°04'N 118°47'E	湖泊	9	-	2024.09	NJ-Pc2(9)
	玄武湖	32°04'N 118°47'E	湖泊	1	1	2025.11	NJ-Pc2(2)
	钟山体育运动公园	32°02'N 118°52'E	沟渠	3	2	2023.10	NJ-Pc1(3),NJ-Pc2(2)
秦淮区	秦淮河	32°01'N 118°47'E	河流	2	2	2024.10	NJ-Pc1(2),NJ-Pc2(2)
	秦淮河	32°01'N 118°47'E	河流	7	-	2025.12	NJ-Pc2(7)
	永丰河	32°01'N 118°51'E	河流	6	-	2025.04	NJ-Pc3(6)
	永丰河	32°01'N 118°51'E	河流	10	-	2025.12	NJ-Pc3(10)
	月牙湖	32°02'N 118°49'E	河流	-	-	2025.11	-
建邺区	莫愁湖公园	32°02'N 118°45'E	湖泊	-	-	2025.12	-
	南京中国绿化博览园	32°01'N 118°42'E	湖泊	-	-	2025.12	-
鼓楼区	小桃园护城河	32°04'N 118°44'E	河流	10	-	2025.05	NJ-Pc1(1),NJ-Pc2(9)
浦口区	创业河	32°08'N 118°43'E	河流	6	6	2023.10	NJ-Pc3(12)
	创业河	32°08'N 118°43'E	河流	-	4	2025.12	NJ-Pc3(4)
	杏湖湿地公园	32°10'N 118°45'E	湖泊	1	4	2025.12	NJ-Pc3(3),NJ-Pc2(2)
栖霞区	东十里长沟	32°07'N 118°51'E	河流	3	1	2024.11	NJ-Pc2(4)
	东十里长沟	32°07'N 118°51'E	河流	11	-	2025.12	NJ-Pc2(11)
	九乡河生态公园	32°07'N 118°56'E	河流	2	4	2025.11	NJ-Pc1(1),NJ-Pc2(5)
雨花台区	将军山风景区	31°55'N 118°45'E	沟渠	8	-	2025.11	NJ-Pc1(8)
江宁区	麒麟科技生态园	32°01'N 118°53'E	池塘	10	-	2025.11	NJ-Pc2(10)
	兴发路麒麟街道	32°01'N 118°54'E	河流	-	3	2025.11	NJ-Pc2(3)
溧水区	幸庄湿地公园	31°37'N 119°01'E	湖泊	-	3	2025.12	NJ-Pc1(3)
	三山湖公园	31°44'N 118°58'E	湖泊	-	-	2025.12	-
	无想寺水库	31°35'N 119°00'E	河流	-	-	2025.12	-
高淳区	团结圩恒心路	31°23'N 118°52'E	沟渠	10	-	2025.12	NJ-Pm1(9),NJ-Pm2(1)
	凤山西路	31°20'N 118°52'E	河流	5	4	2025.12	NJ-Pc1(1),NJ-Pm1(8)
	泮池园湿地公园	31°19'N 118°52'E	池塘	10	-	2025.12	NJ-Pc1(8),NJ-Pm1(2)

注:“NJ-Pc、NJ-Pm”分别代表小管福寿螺、斑点福寿螺线粒体 *COI* 基因单倍型,括号内的数字表示对应单倍型的个体数量。“-”表示未采集到样本。

福寿螺成螺剪取其腹足肌组织,每个卵块样本中随机选取1粒卵,分别置于无菌冻存管中。采用FastPure Cell/Tissue DNA Isolation Mini Kit(南京诺唯赞生物科技股份有限公司),按照试剂盒说明书操作,分别对腹足肌及卵粒进行基因组DNA提取。利用超微量紫外分光光度计(Nanodrop,型号ND-2000)检测所提取DNA的浓度和纯度。使用引物LCO1490(5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3')和HCO2198(5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAATCA-3')^[19]扩增样本线粒体COI基因片段。反应体系为40 μL,含2×Rapid Taq Master Mix(南京诺唯赞生物科技股份有限公司)20 μL,上下游引物各1 μL(10 μmol/L),基因组DNA 100 ng。扩增产物经1.5%琼脂糖凝胶电泳验证,将单一目的条带的扩增产物送至上海生工生物工程股份有限公司纯化并进行测序。

1.2 物种鉴定以及序列特征分析

使用Chromas 2.6.6软件读取原始测序结果,结合峰图进行人工校正获得最终序列。基于NCBI核酸数据库对获得的线粒体COI基因最终序列进行Blast比对、序列相似性分析,再结合线粒体COI基因单倍型构建的系统发育关系,对福寿螺种类进行鉴定。采用MEGA 11.0软件^[20]以ClustalW默认参数对线粒体COI基因序列进行多重序列比对,去除两端冗余序列,分别计算变异位点数(variable sites)、简约信息位点数(parsimony-information sites)。利用DnaSP 5.10软件^[21]计算148个样本的线粒体COI基因序列单倍型、单倍型多样性(haplotype diversity, h)、核苷酸多样性(nucleotide diversity, π)。

1.3 系统发育关系重建

从GenBank数据库中分别下载已发表的小管福寿螺、斑点福寿螺及福寿螺属其他物种的40条线粒体COI基因单倍型序列(见表2)。结合本实验测序所获得的5条线粒体COI基因单倍型序列,构建线粒体COI基因序列数据集。运用MEGA 11.0软件中的ClustalW对线粒体COI基因序列数据集进行多重序列比对,去除两端冗余序列,利用DnaSP 5.10软件计算线粒体COI基因序列的单倍型,选取每个单倍型的一个代表性序列通过PhyloSuite v1.2.3软件中的ModelFinder,基于赤池信息量准则(akaike information criterion, AIC)^[22]选择最适序列替换模型。线粒体COI基因单倍型的最佳碱基替换模型为GTR+F+I+G4,随后构建贝叶斯树(bayesian inference, BI)。贝叶斯后验概率(bayesian posterior probabilities)大于或等于0.90时,支持单倍型之间的系统发育关系^[23]。以*P. paludosa*(GenBank序列号EU528477)、*P. scalaris*(GenBank序列号EU528506)线粒体COI基因作为外群,构建线粒体COI基因系统发育树。使用iTOL软件^[24]显示贝叶斯树的拓扑结构图。

表2 从GenBank下载的福寿螺属物种的线粒体COI基因序列信息

Table 2 The information of mtDNA COI haplotypes sequences of *P. canaliculata*, *P. maculata* and close related *Pomacea* species

物种	线粒体COI基因序列单倍型	来源
小管福寿螺 <i>P. canaliculata</i>	PcH3~4, PcH7	[6]
	Hap7~11, Hap13~17, Hap19, Hap20, Hap22, Hap23	[25]
	MZ396678, MZ396793	[18]
	AB728574~76, AB433775, AB728586~88, AB433757	[4]
斑点福寿螺 <i>P. maculata</i>	PmH2	[6]
	AB433777, AB728579	[26]
	EU528481	[19]
隐秘福寿螺 <i>P. oculata</i> <i>P. paludosa</i> <i>P. scalaris</i>	Hap24	[25]
	Hap1~5	[25]
	KT852790	[27]
	EU528477	[19]
	EU528506	[19]

1.4 杂交渐渗分析

利用引物组EF3Fc、EF3Rc、EF1Fm及EF3Rm,对本研究采集的114只福寿螺成螺样品进行核基因EF1 α 分型分析^[15]。通过3.5%(w/v)琼脂糖凝胶电泳检测5 μL的扩增产物。参考Yang等^[15]建立的福寿螺杂交型判定方法:当线粒体COI基因鉴定结果为小管福寿螺时,若核基因EF1 α 分型为小管福寿螺,则定义为CC型;若核基因EF1 α 分型为斑点福寿螺,则定义为CM型;若核基因EF1 α 分型为小管福寿螺与斑点福寿螺杂合型,则定义为CB型。当线粒体COI基因鉴定为斑点福寿螺时,依据核基因EF1 α 的不同分型结果,若分别为小管福寿螺、斑点福寿螺、小管福寿螺与斑点福寿螺杂合型,则依次定位为MC型、MM型及MB型^[15,18]。

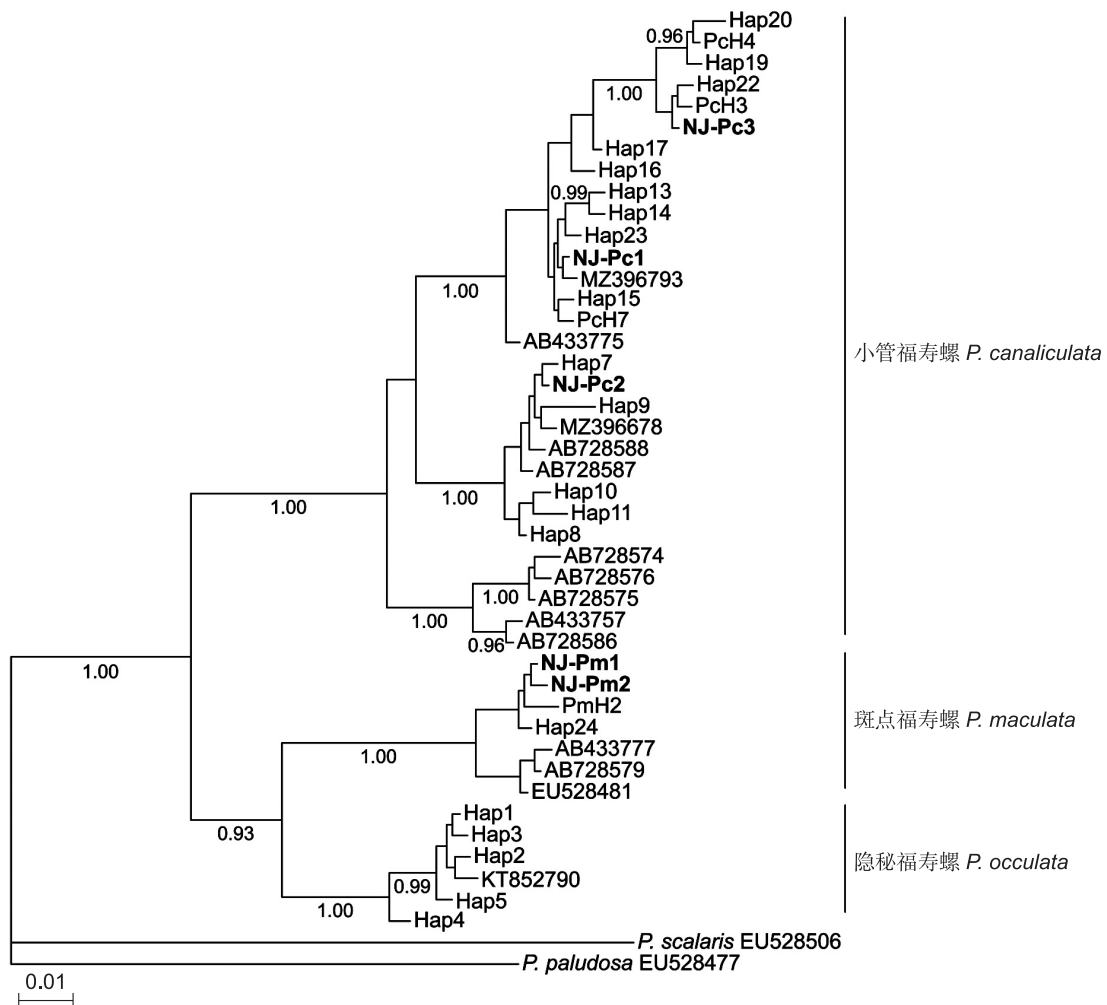
2 结果与分析

2.1 序列特征以及单倍型分析

对福寿螺及卵块样本进行线粒体 *COI* 基因测序,经序列比对与剪切,共获得长度为 602 bp 的序列 148 条. 利用 DnaSP 5.10 软件共鉴定出 5 种单倍型,命名为 NJ-Pc1、NJ-Pc2、NJ-Pc3、NJ-Pm1 和 NJ-Pm2. 序列比对结果显示,NJ-Pc1、NJ-Pc2 和 NJ-Pc3 分别对应 Yang 等^[6]报道的小管福寿螺线粒体 *COI* 基因单倍型 PcH1、PcH2 和 PcH5;NJ-Pm1 与斑点福寿螺线粒体 *COI* 基因单倍型 PmH1 一致. NJ-Pm2 为本研究新发现的斑点福寿螺单倍型. 单倍型 NJ-Pc2 在样本中占比最高且在南京市各区分布广泛,而 NJ-Pm1 和 NJ-Pm2 仅见于高淳区(见表 1). 测序获得的 148 条线粒体 *COI* 基因序列中,发现核苷酸变异位点 79 个,简约信息位点 78 个,1 个单一变异位点. 基于线粒体 *COI* 基因序列分析表明,小管福寿螺具有较高的遗传多样性,其单倍型多样性(h)为 0.620,核苷酸多样性(π)为 0.026. 斑点福寿螺的遗传多样性较低($h = 0.100$; $\pi = 1.600 \times 10^{-4}$).

2.2 系统进化分析

对本次测序获得的 5 条线粒体 *COI* 基因单倍型序列及 GenBank 下载的序列进行多重比对和剪切,共获得 45 条 503 bp 的线粒体 *COI* 基因单倍型序列数据集. 线粒体 *COI* 基因单倍型序列构建的贝叶斯系统发育树显示,3 种线粒体 *COI* 单倍型 NJ-Pc1、NJ-Pc2、NJ-Pc3 均与小管福寿螺构成单系群,而单倍型 NJ-Pm1、NJ-Pm2 与斑点福寿螺构成单系群,贝叶斯后验概率为 1.00,具有很高的节点支持率(图 1).



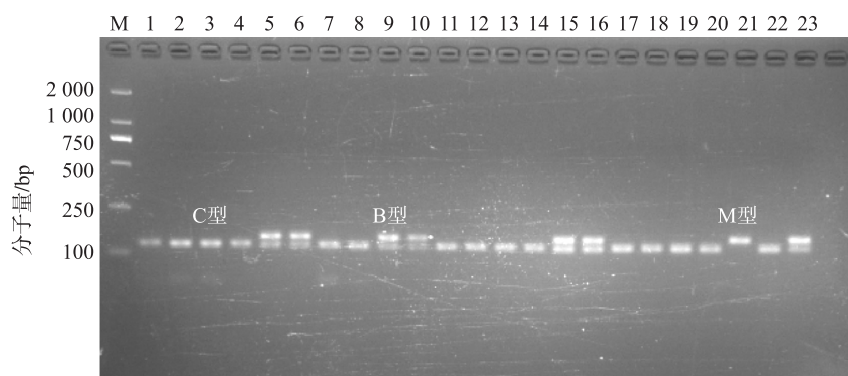
图中粗体分别表示小管福寿螺、斑点福寿螺不同的单倍型,节点的数值为贝叶斯后验概率(≥ 0.90).

图 1 基于福寿螺线粒体 *COI* 基因单倍型构建的贝叶斯树

Fig. 1 Bayesian inferences(BI) tree of *Pomacea* spp. based on mitochondrial *COI* gene haplotypes sequences

2.3 杂交渐渗分析

基于核基因 *EF1 α* 的特异性扩增结果,本研究检测到 3 种不同的核基因型:表现为单一的 125 bp 条带的小管福寿螺 C 型、151 bp 条带的斑点福寿螺 M 型以及同时具有 125 bp 和 151 bp 两条扩增条带的小管福寿螺-斑点福寿螺杂合 B 型(图 2)。基于线粒体 *COI* 基因序列和核基因型 *EF1 α* 分析,在小管福寿螺中以纯种个体 CC 型为主,共检测到 85 个个体,占比 87.63%;杂交个体 CB 型共 12 只,占比 12.37%。与小管福寿螺不同,斑点福寿螺样本中杂交个体比例较高。其中,MB 型和 MC 型各检测到 8 只,占比为 47.06%,仅在高淳区检测到 1 只纯种斑点福寿螺(MM 型),占比 5.88%。



M 为 100 bp DNA ladder, 1~23 为采自南京 9 个区域的福寿螺成螺部分个体核基因分型。

图 2 南京福寿螺样本 *EF1 α* 基因多重 PCR 扩增结果

Fig. 2 Multiplex PCR amplification results for the *EF1 α* gene from *Pomacea* spp. in Nanjing

3 讨论

本研究结果表明,入侵南京地区的福寿螺包含小管福寿螺与斑点福寿螺,其中小管福寿螺为优势种,分布覆盖调查涉及的南京市 9 个区;斑点福寿螺仅在高淳区检出,且该区存在两种福寿螺同域分布的现象,这是南京地区斑点福寿螺的首次记录。单倍型 NJ-Pc2 (PcH2) 在 9 个采样点中检出频率最高,该单倍型与来自阿根廷(GenBank 序列号 AB728585)、日本(GenBank 序列号 AB433757)^[4,26]的小管福寿螺线粒体 *COI* 基因单倍型完全一致,且在我国东部、南部沿海省份分布最广^[6]。系统发育分析显示, NJ-Pc2 (PcH2) 与阿根廷小管福寿螺单倍型(GenBank 序列号 AB728588)聚为亚支,并与苏州常熟地区福寿螺单倍型(GenBank 序列号 MZ396678)等构成单系群。结合其在我国东部-南部沿海广泛分布的特征,推测南京小管福寿螺虽与阿根廷种群亲缘关系密切,但独立建群可能性较低,更可能源于已定殖区域的二次扩散。两种斑点福寿螺单倍型中, NJ-Pm1 (PmH1) 占比达 95%,为优势单倍型,该单倍型在重庆、四川、浙江等地亦有报道^[6]。本研究中该单倍型仅见于高淳区,南京其他区域均未检出。其分布的局限性提示,南京地区斑点福寿螺可能源于国内已定殖区域的独立引入。基于线粒体 *COI* 基因序列和核基因 *EF1 α* 的分型结果显示,南京市存在小管福寿螺与斑点福寿螺的杂交个体(占比 24.56%),但未检出 CM 杂交型。已有研究表明,CM 杂交型仅分布于我国部分南方沿海地区,且在已知 6 种杂交型中占比较低^[15-16]。

种群遗传多样性是评估物种入侵潜力、环境适应与耐受能力的重要依据^[28]。在我国部分已调查区域,如中国香港($h = 0.441, \pi = 0.017$)^[29]、江苏苏州($h = 0.40, \pi = 0.017$)^[2]、杭州西湖水域($h = 0.488, \pi = 0.023$)^[16]的小管福寿螺遗传多样性普遍较低。然而,上述研究多集中于局部区域。吕山等^[30]对中国多个地区小管福寿螺单倍型多样性分析显示,其多样性水平较高($h = 0.705, \pi = 0.043$),与东南亚地区小管福寿螺的研究结果一致($h = 0.511, \pi = 0.016$)^[19]。本研究显示,南京地区小管福寿螺具有较高的遗传多样性($h = 0.620, \pi = 0.026$),这可能与多次引入事件有关^[14,25]。本次采样点多为城市景观水域,在公园景观建设与治理过程中常引入外来植物,可能夹带福寿螺或其卵块,从而导致多次引入。已有研究表明,山东、安徽等地首次发现的福寿螺多与外来植物引入有关^[31-32]。这种多次引入可能从不同入侵地获得更多的基因型,进而提升入侵种群的遗传多样性^[19,33]。

南京市河网密布、水体连通性强,加之旅游业发达与频繁的人为活动,共同加剧了福寿螺的入侵与扩

散风险. 本研究在小桃园护城河、秦淮河等水域均检测到两种小管福寿螺单倍型, 并发现这些区域已存在杂交个体. 作为贯穿南京主城区、水系结构复杂且连通长江的重要河流, 秦淮河可能成为福寿螺向长江干流扩散的关键通道. 一旦福寿螺在该水域稳定定殖, 极有可能随水流与航运活动进一步入侵长江主干流, 对长江流域生物多样性构成潜在威胁. 此外, 建邺区莫愁湖夏季发现有福寿螺分布, 但在2025年12月未发现福寿螺成螺或卵块. 后续研究可以结合环境DNA(eDNA)技术, 对福寿螺的分布动态开展持续监测^[34]. 此外, 需要建立跨区域防控体系, 加强对景区、河道等重点区域的监测力度, 通过设置防螺网、清理种苗附着卵块等措施, 阻断其扩散; 开展科普宣传, 设立警示标识, 进一步提升防控成效.

4 结论

本研究对南京市入侵福寿螺的种类组成及遗传多样性调查表明, 南京市入侵福寿螺包括小管福寿螺和斑点福寿螺, 其中小管福寿螺为入侵南京的优势种, 分布广泛且遗传多样性较高, 斑点福寿螺目前仅在高淳区发现, 尚未在南京市其他调查区域检测到. 基于线粒体 *COI* 基因序列和核基因 *EF1 α* 分型分析, 南京市存在小管福寿螺和斑点福寿螺的杂交个体.

[参考文献]

- [1] Cowie R H, Hayes K A, Thiengo S C. Global advances in ecology and management of golden apple snails[M]. Science City of Muñoz, Nueva Ecija; Philippine Rice Research Institute, 2006.
- [2] 钱子衿, 林友福, 杨雨婷, 等. 苏州市入侵福寿螺的遗传多样性[J]. 动物学杂志, 2021, 56(6): 929-938.
- [3] Brito F C, Joshi R C. The golden apple snail *Pomacea canaliculata*: a review on invasion, dispersion and control[J]. Outlooks on Pest Management, 2016, 27(4): 157-163.
- [4] Matsukura K, Okuda M, Cazzaniga N J, et al. Genetic exchange between two freshwater apple snails, and invading East and Southeast Asia[J]. Biological Invasions, 2013, 15(9): 2039-2048.
- [5] Wei R, Chang Y W, Xie H F, et al. Population genetic structure of *Pomacea canaliculata* in China based on the *COI* and *ITS1* genes[J]. Scientific Reports, 2024, 14(1): 12045.
- [6] Yang Q Q, Liu S W, He C, et al. Distribution and the origin of invasive apple snails, *Pomacea canaliculata* and *P. maculata* (Gastropoda: Ampullariidae) in China[J]. Scientific Reports, 2018, 8(1): 1185.
- [7] Lowe S, Browne M, Boudjelas S, et al. 100 of the world's worst invasive alien species; a selection from the global invasive species database[M]. Auckland: Invasive Species Specialist Group, 2000.
- [8] 魏然, 吴承东, 谢洪芳, 等. 入侵性有害生物福寿螺在江苏的风险分析[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2021, 42(6): 119-124, 137.
- [9] Karraker N E, Dudgeon D. Invasive apple snails (*Pomacea canaliculata*) are predators of amphibians in South China[J]. Biological Invasions, 2014, 16(9): 1785-1789.
- [10] 张佳佳. 浅谈稻田福寿螺绿色防控技术与运用[J]. 江西农业, 2025(7): 99-101.
- [11] Sin T S. Evaluation of different species of fish for biological control of golden apple snail *Pomacea canaliculata* (Lamarck) in rice[J]. Crop Protection, 2006, 25(9): 1004-1012.
- [12] Liu M Y, Sui C R, Zhao W Y, et al. Dynamic response of gut microbiota mediates the adaptation of *Cipangopaludina chinensis* to *Pomacea canaliculata* invasion[J]. Microbiome, 2025, 13(1): 171.
- [13] Kwong K L, Dudgeon D, Wong P K, et al. Secondary production and diet of an invasive snail in freshwater wetlands: implications for resource utilization and competition[J]. Biological Invasions, 2010, 12(5): 1153-1164.
- [14] Hayes K A, Cowie R H, Thiengo S C, et al. Comparing apples with apples: clarifying the identities of two highly invasive Neotropical Ampullariidae (Caenogastropoda) [J]. Zoological Journal of the Linnean Society, 2012, 166(4): 723-753.
- [15] Yang Q Q, He C, Liu G F, et al. Introgressive hybridization between two non-native apple snails in China: widespread hybridization and homogenization in egg morphology[J]. Pest Management Science, 2020, 76(12): 4231-4239.
- [16] 李迦南, 赵星星, 王恩, 等. 西湖水域外来生物福寿螺的种类鉴定及种群遗传多样性研究[J]. 水生生物学报, 2022, 46(3): 355-363.
- [17] Matsukura K, Izumi Y, Yoshida K, et al. Cold tolerance of invasive freshwater snails, *Pomacea canaliculata*, *P. maculata*, and their hybrids helps explain their different distributions [J]. Freshwater Biology, 2016, 61(1): 80-87.

- [18] 蒲佳佳,杨平俊,戴洋,等. 长江下游外来生物福寿螺的种类及其种群遗传结构[J]. 生物多样性,2023,31(3):117-130.
- [19] Hayes K A, Joshi R C, Thiengo S C, et al. Out of South America: multiple origins of non-native apple snails in Asia[J]. Diversity and Distributions,2008,14(4):701-712.
- [20] Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA 11: molecular evolutionary genetics analysis version 11[J]. Molecular Biology and Evolution,2021,38(7):3022-3027.
- [21] Rozas J S, Sánchez-DelBarrio J C, Messeguer X, et al. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods[J]. Bioinformatics,2003,19(18):2496-2497.
- [22] Posada D, Buckley T R. Model selection and model averaging in phylogenetics: advantages of akaike information criterion and bayesian approaches over likelihood ratio tests[J]. Systematic Biology,2004,53(5):793-808.
- [23] Busschau T, Conradie W, Daniels S R. One species hides many: Molecular and morphological evidence for cryptic speciation in a thread snake (Leptotyphlopidae; *Leptotyphlops sylvicolus* Broadley & Wallach, 1997) [J]. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research,2021,59(1):195-221.
- [24] Letunic I, Bork P. Interactive Tree Of Life (iTOL) v4: recent updates and new developments[J]. Nucleic Acids Research,2019,47(W1):W256-W259.
- [25] Lv S, Zhang Y, Liu H X, et al. Phylogenetic evidence for multiple and secondary introductions of invasive snails: *Pomacea* species in the People's Republic of China[J]. Diversity and Distributions,2013,19(1):147-156.
- [26] Matsukura K, Okuda M, Kubota K, et al. Genetic divergence of the genus *Pomacea* (Gastropoda: Ampullariidae) distributed in Japan, and a simple molecular method to distinguish *P. canaliculata* and *P. insularum* [J]. Applied Entomology and Zoology,2008,43(4):535-540.
- [27] Yang Q Q, Liu S W, He C, et al. Invisible apple snail invasions: importance of continued vigilance and rigorous taxonomic assessments [J]. Pest Management Science,2019,75(5):1277-1286.
- [28] Frankham R, Ballou J D, Briscoe D A. Introduction to conservation genetics[M]. UK: Cambridge University Press,2002.
- [29] Yang Q Q, Ip J C H, Zhao X X, et al. Molecular analyses revealed three morphologically similar species of non-native apple snails and their patterns of distribution in freshwater wetlands of Hong Kong[J]. Diversity and Distributions,2022,28(1):97-111.
- [30] 吕山,张仪,刘和香,等. 中国大陆福寿螺种群遗传学研究[J]. 中国血吸虫病防治杂志,2011,23(2):178-182.
- [31] 王龙江,许艳,孙慧,等. 山东省首次发现福寿螺入侵[J]. 中国血吸虫病防治杂志,2022,34(4):407-411.
- [32] 陶刚,王华. 安徽省福寿螺入侵现状、扩散趋势及防治对策研究[J]. 农村科学实验,2025,12:166-168.
- [33] Eyer P A, Blumenfeld A J, Johnson L N L, et al. Extensive human-mediated jump dispersal within and across the native and introduced ranges of the invasive termite *Reticulitermes flavipes* [J]. Molecular Ecology,2021,30(16):3948-3964.
- [34] Jerde C L, Mahon A R, Chadderton W L, et al. "Sight-unseen" detection of rare aquatic species using environmental DNA [J]. Conservation Letters,2011,4(2):150-157.

[责任编辑:黄敏]