

DOI: 10.14188/j.ajsh.20250102001

长江口河蚶染色体制备及核型分析

周思洁,唐杨欣,皮杰,张廖瑞林,王旭,
刘新华,向建国,李德亮*

(湖南农业大学水产学院,湖南长沙410128)

摘要: 蚶(*Corbicula*)在咸、淡水水域均有分布,且核型和倍性呈现规律性分布,可作为研究双壳类由海水向内陆演化的模型。以采集自上海市崇明岛东滩水域的长江口河蚶(*Corbicula fluminea*)为试验材料,对成贝斧足以4 μg/g湿重注射5 mg/mL的植物血球凝集素(phytohemagglutinin, PHA),处理25 h;针对同样部位,再以2 μg/g湿重注射10 mg/mL的秋水仙素,处理5 h;取其鳃组织进行低渗、固定、制片以及染色,观察长江口河蚶的染色体特征,并进行核型分析。结果表明,长江口河蚶染色体数目为 $2n = 38$,其19对染色体中,有2对对着丝粒染色体(m)、8对亚中着丝粒染色体(sm)、8对亚端着丝粒染色体(st)和1对近端着丝粒染色体(t)。长江口河蚶的染色体核型公式为 $2n = 38 = 4m + 16sm + 16st + 2t$,未见随体和性染色体。

关键词: 河蚶;染色体;核型;遗传分化

中图分类号: Q953

文献标志码: A

文章编号: 2096-3491(2025)04-0335-06

Chromosome preparation and karyotype analysis of *Corbicula fluminea* from the Yangtze River estuary

Zhou Sijie, Tang Yangxin, Pi Jie, Zhang Liaoruilin, Wang Xu,
Liu Xinhua, Xiang Jianguo, Li Deliang*

(College of Fisheries, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, Hunan, China)

Abstract: *Corbicula* clams inhabit both saltwater and freshwater bodies, and their karyotypes and ploidy levels show regular distribution, making them a potential model for studying the evolution of bivalves from seawater to freshwater. In this study, *Corbicula fluminea* from the Yangtze River estuary was used as the material, and the samples were collected from Dongtan, Chongming Island, Shanghai. After the axe foot was injected with 5 mg/mL phytohemagglutinin (PHA) at a rate of 4 μg/g wet weight for 25 h and 10 mg/mL colchicine at a rate of 2 μg/g wet weight for 5 h sequentially, the gill tissue of *C. fluminea* was dissected and subjected to hypoosmotic treatment, fixation, chromosome preparation and staining for observation of the chromosome characteristics and karyotype analysis of *C. fluminea* from the Yangtze River estuary. The results showed that *C. fluminea* from the Yangtze River estuary had $2n = 38$ chromosomes, and the 19 pairs of chromosomes can be assigned into 2 pairs of metacentric chromosome (m), 8 pairs of submetacentric chromosome (sm), 8 pairs of subtelocentric chromosome (st), and 1 pair of telocentric chromosome (t). The karyotype of *C. fluminea* from the Yangtze River estuary was $2n = 38 = 4m + 16sm + 16st + 2t$, with no satellite or heterosomes observed.

Key words: *Corbicula fluminea*; chromosome; karyotype; genetic differentiation

收稿日期: 2025-01-02 修回日期: 2025-04-25 接受日期: 2025-04-28

作者简介: 周思洁(2000-),女,硕士生,研究方向为渔业资源与环境,E-mail: zhousj@stu.hunau.edu.cn

* 通讯联系人: 李德亮(1980-),男,教授,研究方向为渔业资源与环境,E-mail: lidl@hunau.edu.cn

基金项目: 国家自然科学基金(31772832);国家重点研发计划(2023YFD2400900);湖南省重点研发计划(2022NK2060)

引用格式: 周思洁,唐杨欣,皮杰,等. 长江口河蚶染色体制备及核型分析[J]. 生物资源, 2025, 47(4): 335-340.

Zhou Sijie, Tang Yangxin, Pi Jie, et al. Chromosome preparation and karyotype analysis of *Corbicula fluminea* from the Yangtze River estuary [J]. Biotic Resources, 2025, 47(4): 335-340.

0 引言

染色体是遗传物质的主要载体,在细胞分裂过程中由染色质凝缩而成,其形态和数目是最稳定的细胞学特征之一^[1-2]。核型是一个物种染色体的数量和特征性状^[3]。染色体核型分析被广泛用于鉴定动植物的染色体数目、结构变异和倍性特征等^[4],染色体形态作为重要的核型特征,可被用于探讨不同物种或不同种群间的亲缘关系、系统分类、群体遗传结构和进化趋势^[5-6],对理解物种之间的繁殖隔离程度以及物种演化和分化情况具有重要意义^[7-8]。

蚬属(*Corbicula*)贝类隶属于软体动物门(Mollusca)、瓣鳃纲(Lamellibranchia)、帘蛤目(Venaroida)、蚬科(Corbiculidae)^[9-10]。已有研究表明,蚬属的染色体演化模式呈现生态适应性特征。现存种群存在二倍体、三倍体及四倍体,其单倍体数与栖息环境密切相关:淡水种群 $n=18$,咸水种群 $n=19$ ^[11]。研究发现,福建闽江河蚬的核型组成为 $2n=36=2m+26sm+8st$ (m :中着丝粒染色体; sm :亚中着丝粒染色体; st :亚端着丝粒染色体)^[12];江苏太湖河蚬的核型组成为 $2n=36=4m+8sm+22st+2t$ (t :近端着丝粒染色体)^[13];沅江河蚬为 $2n=36$ 和 $3n=54$,核型组成分别为 $2n=36=2m+2sm+32st$ 及 $3n=54=2m+10sm+24st$ ^[14];有学者同时采用核型分析及显微荧光法,证实四川安岳县河蚬倍性为 $3n=54$ 和 $4n=72$,核型组成分别为 $3n=54=6m+39sm+9st$ 及 $4n=72=8m+52sm+12st$ ^[15]。在日本,栖息在淡水中的桑蚬(*C. sandai*)、环纹蚬(*C. leana*)倍性分别为 $2n=36$ 、 $3n=54$,核型组成分别为 $2n=36=2m+2sm+32st$ 、 $3n=54=3m+12sm+39st$ ^[11]。日本Yodo River河口的日本蚬(*C. japonica*)是目前唯一被报道栖息在河口咸水区域的蚬,其核型组成为 $2n=38=2m+2sm+34st$ ^[11]。有学者提出,淡水种环纹蚬可能起源于桑蚬,而桑蚬可能起源于咸水种日本蚬^[11];结合染色体核型与生态特征分析,河蚬演化路径可能为从海水向淡水环境过渡,生殖方式由雌雄异体转为雌雄同体,染色体单倍体数从 $n=19$ 演化为 $n=18$,倍性由二倍体发展为三倍体^[12]。淡水双壳类被认为起源于海洋,文献[16-17]都认为双壳类原始二倍体类型可能是 $2n=38$,即单倍型为 $n=19$ 。目前的研究表明,栖息在海水中的大多数双壳类均为二倍体,且多数具有38条染色体,如帘蛤目中的栉孔扇贝(*Chlamys farreri*, $2n=38=6m+10sm+22st$)^[18],蚬科的泥蚬(*Tegillarca granosa*, $2n=38=22m+$

$12sm+4st$),毛蚶(*Scapharca subcrenata*, $2n=38=20m+12sm+6st$)^[19]。目前,中国已有核型研究的河蚬群体均栖息于淡水,且单倍体数为 $n=18$,倍性由沿海向内陆方向呈现逐渐增加的趋势^[12-15]。河蚬广泛栖息在淡水和河口咸水水域,可作为研究双壳类由海洋向内陆辐射的模型。

上海崇明岛东滩位于长江河口,处于咸淡水交汇的过渡区域,由此,长江口河蚬为研究长江流域河蚬的演化提供了重要机会。因此,本研究采集崇明岛东滩河蚬,采用传统核型分析方法探究其核型组成,分析和探讨河蚬的染色体核型演化,以期为蚬属贝类的遗传分化研究提供理论依据,为研究双壳类由海水向内陆演化的过程提供参考,为构建河蚬资源评估体系及河蚬资源种群繁育和利用提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验所用河蚬(*C. fluminea*)样品采集自上海市崇明岛东滩水域(31.437 411 00°N, 121.834 408 00°E),位于长江河口区域,采集的样品数量约为200只,筛选标准为壳长大于2 cm。将采集的河蚬样品活体转运至实验室暂养,水体充氧,定期换水,投喂绿藻、硅藻,以保证河蚬的正常生理状态。

1.2 染色体标本的制备

参考文献[14, 20]中的试验方法,首先对河蚬成贝的斧足以 $4 \mu\text{g/g}$ 湿重注射 5 mg/mL 的植物血球凝聚素,处理25 h;在同样部位,再以 $2 \mu\text{g/g}$ 湿重注射 10 mg/mL 的秋水仙素,处理5 h。处理结束后,解剖并剪取鳃组织作为试验材料,放入 0.065 mol/L 的KCl溶液中,低渗处理30 min,之后放入8 mL预冷卡诺固定液[$V_{\text{甲醇}}:V_{\text{冰乙酸}}=3:1$]中固定30 min,3 000 r/min离心10 min,弃上清液,重复固定和离心3次。固定完成后,倒掉卡诺固定液,加入1 mL的50%冰乙酸,制备细胞悬液。采用热滴片法制片,10%的吉姆萨染液染色30 min,自然晾干后,在显微镜下观察。

1.3 染色体计数与核型分析

在显微镜下放大1 000倍观察,选取分散好、形态完整的染色体中期分裂相拍照保存,利用ImageJ软件测量染色体长臂与短臂的绝对长度,计算染色体相对长度及臂比值(染色体相对长度=单个染色体长度/染色体组总长度 $\times 100\%$,臂比值=长臂长度/短臂长度),数据以平均值 \pm 标准差表示。根据染色体相对长度,从大到小对染色体进行排列整理,

参考文献[21]中的染色体分类标准进行染色体类型分类并配对,统计结果。

2 结果

2.1 长江口河蚬染色体数目

选取了32个分裂相较好的中期分裂相染色体(见图1),统计染色体的数目并计算其占比,结果见表1。其中染色体数目为38的细胞数占比最高,为43.750%,染色体数目为34的细胞数的占比为12.500%,而其他数量所占比例均小于10%。试验结果显示,长江口河蚬染色体数目众数为38。

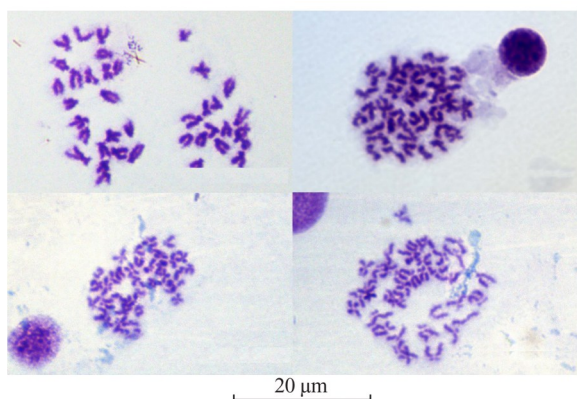


图1 长江口河蚬中期分裂相染色体

Figure 1 Metaphase chromosomes of *C. fluminea* from the Yangtze River estuary

表1 长江口河蚬染色体数目

Table 1 Chromosome numbers of *C. fluminea* from the Yangtze River estuary

染色体数目	细胞数	占比/%
50	1	3.125
38	14	43.750
36	2	6.250
34	4	12.500
32	2	6.250
30	2	6.250
29	1	3.125
26	1	3.125
25	1	3.125
24	1	3.125
22	1	3.125
12	1	3.125
10	1	3.125

2.2 长江口河蚬染色体核型分析

从长江口河蚬的染色体标本中选取8个分散好、形态正常的染色体中期分裂相进行测量和分析。结果显示,长江口河蚬的19对染色体中,有2对对中着

丝粒染色体(m)、8对亚中着丝粒染色体(sm)、8对亚端着丝粒染色体(st)、1对近端着丝粒染色体(t)。染色体核型为 $2n = 38 = 4m + 16sm + 16st + 2t$, 未见随体和性染色体(见表2和图2)。

表2 长江口河蚬染色体相对长度、臂比以及类型

Table 2 Relative length, type, and arm ratio of chromosome of *C. fluminea* from the Yangtze River estuary

染色体序号	相对长度/%	臂比	类型
1	3.10±0.15	1.18±0.07	m
2	2.75±0.16	1.19±0.12	m
3	3.46±0.26	2.36±0.28	sm
4	3.06±0.22	2.56±0.21	sm
5	2.91±0.16	2.42±0.27	sm
6	2.73±0.11	2.36±0.30	sm
7	2.64±0.11	2.25±0.16	sm
8	2.47±0.15	2.39±0.33	sm
9	2.30±0.12	2.43±0.34	sm
10	2.08±0.22	2.27±0.20	sm
11	3.44±0.27	3.50±0.21	st
12	3.03±0.18	3.59±0.33	st
13	2.81±0.19	3.58±0.35	st
14	2.65±0.17	3.86±0.34	st
15	2.46±0.13	3.52±0.26	st
16	2.35±0.09	3.42±0.20	st
17	2.22±0.18	3.39±0.07	st
18	1.88±0.44	3.27±0.25	st
19	1.67±0.23	∞	t

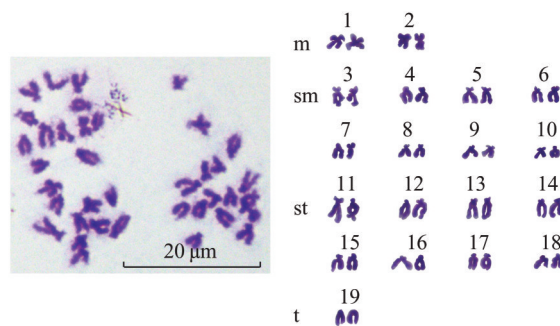


图2 长江口河蚬中期分裂相染色体及核型

Figure 2 Metaphase chromosomes and karyotype of *C. fluminea* from the Yangtze River estuary

3 讨论

3.1 河蚬染色体制备

染色体制片的流程一般是预处理→低渗→固定→滴片→染色,制片后得到清晰的染色体分裂相。已有研究表明,秋水仙素质量分数的高低和处理时间的长短均会影响到染色体形态,低渗时间过短会导致细胞形态发生畸形,过长则会导致细胞膜破裂,

染色体丢失^[22-23]。本试验中,以长江口河蚬成贝鳃组织为材料制备染色体标本,分别采用5 mg/mL、10 mg/mL、15 mg/mL的秋水仙素溶液对成贝斧足进行注射,处理时间为5 h。从制片效果看,10 mg/mL为最适秋水仙素溶液浓度;用5 mg/mL秋水仙素处理后,染色体形态呈丝状;用15 mg/mL秋水仙素处理后,染色体形态挛缩、聚集、分散情况不佳,难以计数。通过试验优化发现,采用0.065 mol/L的KCl溶液对河蚬细胞进行40 min低渗处理,效果最佳,0.045 mol/L KCl溶液低渗处理效果不理想,细胞形态易发生畸形。与文献[14]中的试验方法相比,本研究采用的低渗KCl溶液浓度更高(本研究中的KCl溶液浓度为0.065 mol/L,文献[14]中的KCl溶液浓度为0.0375 mol/L),推测原因可能为使用的河蚬样品栖息环境有差异。

3.2 长江口河蚬染色体核型分析

淡水双壳类被认为起源于海洋^[16]。截至2014年,有核型报道的双壳类为52种,其中,染色体数目为 $2n = 38$ 的有28种,占比53.8%,主要为海洋双壳类^[24]。有学者认为,双壳类原始的染色体数目可能为 $2n = 38$ ^[16-17]。本研究表明,长江口河蚬染色体数目为 $2n = 38$,与此前报道的咸水种日本蚬一致^[11],与已报道的多数海洋双壳类也类似^[5]。河口处于淡水和海水的交汇处,长江口河蚬和日本蚬可能代表双壳类由海洋向内陆辐射的过渡阶段。此外,基于线粒体细胞色素C氧化酶亚基I(cytochrome C oxidase subunit I, COI)的系统发育分析显示,长江口河蚬与日本蚬聚类为一支^[25],两者相同的染色体数目($2n = 38$)进一步印证了其具有较近的亲缘关系。目前,国内已报道的河蚬主要栖息在内陆淡水水域。河蚬和日本蚬倍性及生境情况见表3。

太湖河蚬、闽江河蚬、沅江河蚬和四川安岳河蚬的单倍体数目均为 $n = 18$,与本研究长江口河蚬单倍体数目 $n = 19$ 存在差异。有学者曾提出,桑蚬($2n = 36$)可能来源于日本蚬($2n = 38$)发生了两对

染色体融合^[11]。类似地,也有学者提出蚬由海水生演化为淡水生,单倍体数由 $n = 19$ 演化为 $n = 18$ ^[12]。基于单倍体核型公式分析,长江口河蚬为 $n = 2m + 16sm/st + 1t$,比同样栖息在河口的日本蚬($n = 1m + 18sm/st$)多一对m和t,少两对sm/st。与国内已报道的淡水蚬相比,长江口河蚬比太湖蚬($n = 2m + 15sm/st + 1t$)多一对sm/st,比闽江河蚬和沅江河蚬($n = 1m + 17sm/st$)多一对m和t,少一对sm/st,比四川安岳蚬($n = 2m + 16sm/st$)多一对t。在动物进化过程中,端部着丝粒染色体是染色体的原始类型,而较大的中部着丝粒的染色体是衍生类型^[26-27]。有研究表明,m和sm染色体一般具有稳定性,而t和st染色体较多变^[28]。因此,推测蚬在由海洋向内陆辐射的过程中发生了染色体融合,即由一对st和t融合产生一对新的染色体,导致单倍体数由 $n = 19$ 演变为 $n = 18$ ^[29]。但仅凭核型公式的结果并不足以以为这个假说提供充分的证据,还要开展进一步研究进行论证。

综合国内已有的河蚬染色体研究,位于河流下游和河口的河蚬群体倍性多为 $2n$,如本研究报道的长江口河蚬和已报道的太湖河蚬^[13]、闽江河蚬^[12]。而处于长江中游的沅江河蚬倍性为 $2n/3n$ ^[14],处于长江上游的安岳河蚬倍性为 $3n/4n$ ^[15]。总体上,河蚬的倍性呈现由沿海向内陆逐渐增加的趋势。这与文献[12]中提出的蚬由海水生演化为淡水生,染色体数由二倍体发展为三倍体的规律类似。此前的研究发现,河蚬可进行特殊的无性雄核生殖,通常受精卵中母系核遗传物质全部作为极体排出,后代仅遗传父系的核遗传物质。有学者分析了四川安岳河蚬的精子形态和倍性,发现该群体产不减数双鞭毛精子,这被认为是蚬营雄核生殖的标志性特征^[15]。此外,在湖南洞庭湖^[30]、沅江^[14]和捞刀河^[31]等河蚬群体中也发现了双鞭毛精子的存在,这表明雄核生殖河蚬可能广泛分布于长江流域。有学者在研究二倍体河蚬的雄核生殖过程中发现,虽然大多数卵细胞的

表3 河蚬和日本蚬倍性及生境情况

Table 3 Summary of ploidy and habitat of *Corbicula fluminea* and *Corbicula japonica*

种类	地域	生境	倍性
河蚬(<i>C. fluminea</i>)	江苏省太湖	淡水	$2n = 36 = 4m + 8sm + 22st + 2t$ ^[13]
	四川省安岳县	淡水	$3n = 54 = 6m + 39sm + 9st$ ^[15]
			$4n = 72 = 8m + 52sm + 12st$ ^[15]
	福建省闽江	淡水	$2n = 36 = 2m + 26sm + 8st$ ^[12]
湖南省沅江	淡水	$2n = 36 = 2m + 2sm + 32st$ ^[14]	
		$3n = 54 = 2m + 10sm + 24st$ ^[14]	
日本蚬(<i>C. japonica</i>)	日本淀川	海水	$2n = 38 = 2m + 2sm + 34st$ ^[11]

核染色体在第一次减数分裂中作为极体排出,但部分卵细胞保留了部分核染色体形成了雌性原核(n),并最终和雄性原核($2n$)融合形成了新的细胞核($3n$)^[32]。这一发现为蚬的染色体多倍化提供了一个可能的解释。基于此,推测蚬在由海洋向内陆辐射的过程中,借雄核生殖实现了由二倍体到三倍体再到四倍体的转变。

4 结 论

本研究成功获取了长江口河蚬的染色体图像,确定其染色体数目为 $2n=38$,核型公式为 $2n=38=4m+16sm+16st+2t$,其中包含2对中着丝粒染色体(m)、8对亚中着丝粒染色体(sm)、8对亚端着丝粒染色体(st)和1对近端着丝粒染色体(t),未发现随体和性染色体。长江口河蚬的染色体数目与同样栖息于河口的日本蚬($2n=38$)一致,且与多数海洋贝类的染色体数目相同,这为河蚬由海洋向内陆演化的假说提供了支持。此外,长江口河蚬的单倍体染色体数目为 $n=19$,而内陆河蚬的单倍体染色体数目为 $n=18$,推测河蚬在由河口向内陆演化的过程中可能发生了染色体融合,但这一假说仍需进一步研究验证。

参考文献

- [1] 吴松权,王立平,孙丽娜,等. 黄芪染色体核型分析[J]. 湖北农业科学, 2006, 45(5): 631-633.
Wu S Q, Wang L P, Sun L N, et al. Karyotype analysis of *Astragalus membranaceus* [J]. Hubei Agricultural Sciences, 2006, 45(5): 631-633.
- [2] 张婕妤,张子琦,周薇,等. 横断山高山冰缘带5种黄耆属植物的核型分析[J]. 植物科学学报, 2023, 41(1): 63-69.
Zhang J Y, Zhang Z Q, Zhou W, et al. Karyotype of five *Astragalus* species from the alpine subnival belt in the Hengduan Mountains [J]. Plant Science Journal, 2023, 41(1): 63-69.
- [3] Gerton J L. A working model for the formation of Robertsonian chromosomes [J]. Journal of Cell Science, 2024, 137(7): jcs261912.
- [4] 谭俊杰,刘科均,吕刚刚,等. 基于微卫星标记的洞庭青鲫倍性鉴定[J]. 水产学报, 2019, 43(7): 1549-1559.
Tan J J, Liu K J, Lü L G, et al. Ploidy identification for *Carassius auratus* var. *Dongting* based on microsatellites [J]. Journal of Fisheries of China, 2019, 43(7): 1549-1559.
- [5] 孙振兴. 中国海洋贝类染色体研究进展[J]. 海洋通报, 2004, 23(6): 77-83.
Sun Z X. Progress on the chromosome study of marine mollusks in China [J]. Marine Science Bulletin, 2004, 23(6): 77-83.
- [6] 孙勃,辜金花,童袁桃,等. 不同产地木耳菜的染色体核型分析[J]. 西北植物学报, 2017, 37(8): 1525-1532.
Sun B, Gu J H, Tong Y T, et al. Chromosome karyotype analysis of malabar spinach (*Basella alba*) from different origins [J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2017, 37(8): 1525-1532.
- [7] 莫饶,冷青云,黄明忠,等. 兰科11属14种植物核型分析[J]. 云南植物研究, 2009, 31(6): 504-508.
Mo R, Leng Q Y, Huang M Z, et al. A karyological study of fourteen species in eleven genera of the Orchidaceae [J]. Acta Botanica Yunnanica, 2009, 31(6): 504-508.
- [8] 刘永安,冯海生,陈志国,等. 植物染色体核型分析常用方法概述[J]. 贵州农业科学, 2006, 34(1): 98-102.
Liu Y A, Feng H S, Chen Z G, et al. Common methods of karyotype analysis in plant [J]. Guizhou Agricultural Sciences, 2006, 34(1): 98-102.
- [9] 黄一鸣,尤玉博,颜金扬,等. 河蚬 *Corbicula fluminea* (Müller) 的生态与食性的研究[J]. 福建师范大学学报(自然科学版), 1979(2): 99-105.
Huang Y M, You Y B, Yan J Y, et al. A study of the ecology and feeding habits of *Corbicula fluminea* (Müller) [J]. Journal of Fujian Normal University (Natural Science Edition), 1979(2): 99-105.
- [10] 徐信,钱玲妹,张兰,等. 淀山湖河蚬繁殖周期和增殖研究[J]. 水产学报, 1987, 11(2): 135-142.
Xu X, Qian L M, Zhang L, et al. The reproductive cycle of *Corbicula fluminea* (Müller) in Dianshan Lake, Shanghai [J]. Journal of Fisheries of China, 1987, 11(2): 135-142.
- [11] Okamoto A, Arimoto B. Chromosome of *Corbicula japonica*, *C. sandai* and *C. (Corbiculina) leana* (Bivalvia: Corbiculidae) [J]. Venus, 1986, 45(3): 194-202.
- [12] 黄勤. 河蚬 *Corbicula fluminea* (Müller) 的核型分析[J]. 福建师范大学学报(自然科学版), 1988, 4(1): 78-82.
Huang Q. Karyotype of *Corbicula fluminea* (Müller) [J]. Journal of Fujian Normal University (Natural Science Edition), 1988, 4(1): 78-82.
- [13] 闻海波. 我国主要淡水经济贝类的种质资源研究 [D]. 南京: 南京农业大学, 2009.
Wen H B. Study on germplasm of major economic freshwater mollusks of China [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2009.
- [14] 裴宏谦,占江凡,秦玲,等. 洞庭湖流域沅江蚬属贝类

- 的倍性研究[J]. 生命科学研究, 2020, 24(6): 452-458, 465.
- Pei H Q, Zhan J F, Qin L, et al. Ploidy investigation of *Corbicula* from the Yuan River, Lake Dongting basin [J]. Life Science Research, 2020, 24(6): 452-458, 465.
- [15] Komaru A Q S. Yellow and brown shell color morphs of *Corbicula fluminea* (Bivalvia: Corbiculidae) from Sichuan Province, China, are triploids and tetraploids[J]. Journal of Shellfish Research, 2001, 20(1): 323-328.
- [16] 王金星, 赵小凡, 周岭华, 等. 海洋动物细胞和种群生化遗传学[C]. 济南: 山东科学技术出版社, 1999.
- Wang J X, Zhao X F, Zhou L H, et al. Biochemical genetics of marine animal cells and populations [C]. Ji'nan: Shandong Science and Technology Press, 1999.
- [17] Nakamura H. A review of Molluscan cytogenetic information based on the CISMOCH: computerized index system for molluscan chromosomes: Bivalvia, Polyplacophora and Cephalopoda[J]. Venus (Japanese Journal of Malacology), 1985, 44(3): 193-225.
- [18] 王梅林, 郑家声, 余海. 栉孔扇贝 *Chlamys farreri* (Jones & Preston, 1904)染色体核型[J]. 青岛海洋大学学报, 1990, 20(1): 81-85.
- Wang M L, Zheng J S, Yu H. The karyotype of *Chlamys farreri*[J]. Journal of Ocean University of Qingdao, 1990, 20(1): 81-85.
- [19] 陆荣茂, 林志华, 张永普, 等. 毛蚶、泥蚶、橄榄蚶的核型比较分析[J]. 上海水产大学学报, 2008, 17(5): 625-629.
- Lu R M, Lin Z H, Zhang Y P, et al. Comparison on the karyotypes of *Scapharca subcrenata*, *Tegillarca granosa* and *Estellarca olivacea*[J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2008, 17(5): 625-629.
- [20] 王金星, 赵小凡, 周岭华, 等. 三种贝类的核型分析[J]. 海洋学报, 1998, 20(2): 102-107.
- Wang J X, Zhao X F, Zhou L H, et al. Karyotype analysis of three species of shellfish[J]. Haiyang Xuebao, 1998, 20(2): 102-107.
- [21] Levan A, Fredga K, Sandberg A A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes [J]. Hereditas, 1964, 52(2): 201-220.
- [22] 孙振兴. 一种观察贝类染色体的制片法[J]. 动物学杂志, 1991, 26(4): 34-35.
- Sun Z X. A method of preparation for the observation of chromosomes in shellfish[J]. Chinese Journal of Zoology, 1991, 26(4): 34-35.
- [23] Komaru A, Wada K T. Karyotypes of four species in the Pectinidae (Bivalvia: Pteriomorpha) [J]. Venus, 1985, 44(4): 249-259.
- [24] 蔡岩, 周永灿, 冯永勤, 等. 中国贝类染色体研究现状与进展[J]. 热带生物学报, 2014, 5(3): 297-306.
- Cai Y, Zhou Y C, Feng Y Q, et al. Review of chromosome studies of mollusks in China[J]. Journal of Tropical Biology, 2014, 5(3): 297-306.
- [25] Zeng C, Tang Y X, Vastrade M, et al. Salinity appears to be the main factor shaping spatial COI diversity of *Corbicula lineages* within the Chinese Yangtze River basin [J]. Diversity and Distributions, 2023, 29(3): 364-378.
- [26] 喻子牛, 孔晓瑜, 谢宗墉, 等. 真鲷 *Pagrosomus major* 和黑鲷 *Sparus macrocephalus* 的核型及 Ag-NOR 带研究[J]. 青岛海洋大学学报, 1993, 23(3): 107-115.
- Yu Z N, Kong X Y, Xie Z Y, et al. Studies on the karyotypes and Ag-NOR banding of *pagrosomus major* and *Sparus macrocephalus*[J]. Journal of Ocean University of Qingdao, 1993, 23(3): 107-115.
- [27] Li S S. Taxonomy of fish cell [J]. Science Trends of Biology, 1981(2): 8-15.
- [28] Ahmed M. Chromosome cytology of marine pelecypod mollusks [J]. Journal of the Chemical Society of Pakistan, 1976, 4: 77-94.
- [29] Robertson W R B. Chromosome studies: I. Taxonomic relationships shown in the chromosomes of Tettigidae and Acrididae: V-shaped chromosomes and their significance in Acrididae, Locustidae, and Gryllidae: chromosomes and variation [J]. Journal of Morphology, 1916, 27(2): 179-331.
- [30] 王剑平, 朱鹏飞, 王健, 等. 基于线粒体 Cyt *b* 基因序列的洞庭湖河蚬遗传多样性分析[J]. 水生态学杂志, 2018, 39(5): 89-94.
- Wang J P, Zhu P F, Wang J, et al. Genetic diversity analysis of *Corbicula fluminea* in Dongting Lake based on the mitochondrial cyt *b* gene [J]. Journal of Hydroecology, 2018, 39(5): 89-94.
- [31] 王剑平, 李德亮, 曾聪, 等. 捞刀河浏阳段河蚬的遗传多样性及生殖特征研究[J]. 水生生物学报, 2018, 42(5): 913-918.
- Wang J P, Li D L, Zeng C, et al. Genetic diversity and reproductive characteristics of *Corbicula fluminea* from the Laodao River in Liuyang City [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2018, 42(5): 913-918.
- [32] Komaru A, Kumamoto A, Kato T, et al. A hypothesis of ploidy elevation by formation of a female pronucleus in the androgenetic clam *Corbicula fluminea* in the Tone River estuary, Japan [J]. Zoological Science, 2006, 23(6): 529-532.