



# 我国华南中麝鼯分子系统地理学分析

栾天琪<sup>1</sup>, 郭秋颖<sup>1</sup>, 高 艺<sup>1</sup>, 韩美凤<sup>1</sup>, 张春风<sup>2</sup>,  
陈 欢<sup>1</sup>, 蔡 赫<sup>1</sup>, 金志民<sup>1</sup>, 张隽晟<sup>1</sup>, 刘 铸<sup>1\*</sup>

(1. 牡丹江师范学院生命科学与技术学院, 牡丹江, 157011;  
2. 黑龙江农业经济职业学院, 牡丹江, 157011)

## 稿件运行过程

收稿日期: 2023-07-11  
修回日期: 2023-10-24



## 摘 要

关键词: 华南中麝鼯;  
麝鼯属;  
分子系统地理学

Key words: Chinese white-toothed shrew (*Crocidura rapax*);  
*Crocidura*;  
Molecular phylogeography

中图分类号: Q95

文献标识码: A

文章编号:

2310-1490(2024)-02-0291-07

DOI: 10.12375/ysdwxb.20240207

华南中麝鼯(*Crocidura rapax*)亚种分化存在异议。为了明确我国华南中麝鼯的分子系统地理格局,为其分类学提供进一步分子生物学证据,测定了我国贵州华南中麝鼯20个样本的 *Cyt b* 基因序列,并结合 GenBank 下载的19个华南中麝鼯 *Cyt b* 基因序列进行一并分析。结果表明:系统发生树首先分成3个大的进化支,即华南中麝鼯华南亚种(*C. r. rapax*)进化支、西南中麝鼯(*C. vorax*)进化支、华南中麝鼯台中亚种(*C. rapax kurodai*)进化支。华南中麝鼯华南亚种分成贵州、云南、四川东南部谱系和四川中西部谱系。遗传距离结果发现,最大遗传距离出现在华南中麝鼯华南亚种四川中西部谱系与华南中麝鼯台中亚种之间(0.1181),其次是华南中麝鼯华南亚种贵州、云南、四川东南部谱系与华南中麝鼯台中亚种之间(0.1174)。华南中麝鼯华南亚种2个谱系间遗传距离为0.0195。中介网络分析也观察到相似分化格局。中介网络图的结果与系统发育关系和遗传距离的结果一致,支持来自台湾的华南中麝鼯样本为独立物种的观点,即台湾长尾麝鼯(*C. tadar*)。我国华南中麝鼯无亚种分化,分为贵州、云南、四川东南部谱系和四川中西部谱系。在华南中麝鼯的32个样本中发现23个单倍型,核苷酸多样性0.01285。种群历史分析暗示华南中麝鼯近期尽管经历了种群扩张,但并非为单次急剧扩张。

基金项目: 牡丹江师范学院科研项目(GP2022009, HX2023004); 黑龙江省省属高等学校基本科研业务费科研项目(1452TD008, 1451PT008, 1451TD002); 黑龙江省自然基金项目(LH2021C095)

第一作者简介: 栾天琪(1998—),男,硕士研究生;主要从事野生动物学研究。E-mail: 1246166303@qq.com

\* 通信作者: 刘铸, E-mail: liuzhu590@sohu.com

## Molecular Phylogeographic Analysis of Chinese White-toothed Shrew in China

LUAN Tianqi<sup>1</sup>, GUO Qiuying<sup>1</sup>, GAO Yi<sup>1</sup>, HAN Meifeng<sup>1</sup>, ZHANG Chunfeng<sup>2</sup>,  
CHEN Huan<sup>1</sup>, CAI He<sup>1</sup>, JIN Zhimin<sup>1</sup>, ZHANG Junsheng<sup>1</sup>, LIU Zhu<sup>1\*</sup>

(1. College of Life Science and Technology, Mudanjiang Normal University, Mudanjiang, 157011, China;  
2. Hei Long Jiang Agricultural Economics Vocational College, Mudanjiang, 157011, China)

**Abstract:** Subspecies differentiation of Chinese white-toothed shrew (*Crocidura rapax*) is controversial. In order to clarify the molecular phylogeographic pattern of *C. rapax* and provide further molecular biological evidence for taxonomy, this study analyzed the *Cyt b* gene sequences of *C. rapax* (20 samples) collected from Guizhou Province in China together with *Cyt b* gene sequences of *C. rapax* (19 samples) downloaded from GenBank. The phylogenetic tree was divided into three main clades: *C. r. rapax*, *C. vorax*, and *C. rapax kurodai*. The *C. r. rapax* is divided into Guizhou, Yunnan, southeast Sichuan lineage and central and west Sichuan lineage. The results of genetic distance showed that the greatest genetic distance was between central and west Sichuan lineage of *C. r. rapax* and *C. r. kurodai* (0.1181), followed by between Guizhou, Yunnan, southeast Sichuan lineage of *C. r. rapax* and *C. r. kurodai* (0.1174). The genetic distance between two lineages of *C. r. rapax* is 0.0195. A similar geographical patterns was also observed in the median-joining network analysis. The results of median-joining network are consistent with the results of phylogenetic relationships and genetic distance, supporting the view that the sample from Taiwan is a separate species, namely, *C. tadeae*. The *C. rapax* have no subspecies differentiation in China, and can be divided into Guizhou, Yunnan, southeast Sichuan lineage and central and west Sichuan lineage. Twenty-three haplotypes were found in the 32 samples of *C. rapax*, and the nucleotide polymorphism was 0.01285. The analysis of population history suggested that *C. rapax* has experienced population expansion recently, but it is not a single dramatic expansion.

华南中麝鼯(*Crocidura rapax*)隶属劳亚食虫目(Eulipotyphla)鼯鼯科(Soricidae)麝鼯属(*Crocidura*)。华南中麝鼯自发现后,在相当长的一段时间内被认为是*C. russula*的一个亚种(*C. r. rapax*)<sup>[1]</sup>。Jiang等<sup>[2]</sup>通过形态学分析认为华南中麝鼯和西南中麝鼯(*C. vorax*)是两个独立的物种,并且两个物种具有较相似的形态,根据形态学相似度将*C. kurodai*归类于华南中麝鼯。

华南中麝鼯的地理分布和亚种分化存在着明显的相关性。一部分学者认为在我国华南中麝鼯具有4个亚种:台中亚种(*C. rapax kurodai*)分布于台湾;绿岛亚种(*C. r. lutoensis*)分布于台湾东南部的绿岛;兰屿亚种(*C. r. tadeae*)分布于台湾东南部的兰屿岛;华南亚种(*C. r. rapax*)分布于云南、贵州、四川、广东、广西和海南<sup>[2-6]</sup>。另一部分学者认为分布于台湾及其周边岛屿的3个亚种(*C. r. kurodai*、*C. r. lu-*

*taoensis*和*C. r. tadeae*)属于另外一个物种,即台湾长尾麝鼯(*C. tadeae*)的3个亚种(指名亚种*C. t. tadeae*、台湾亚种*C. t. kurodai*和绿岛亚种*C. t. lutoensis*)<sup>[7-8]</sup>,在我国华南中麝鼯无亚种分化,分布于云南、贵州、四川、广东、广西和海南<sup>[7-9]</sup>。可见,华南中麝鼯的亚种分化存在异议。

系统地理学是研究物种间及物种内不同类群形成现有分布格局的历史原因和演化过程的一门科学<sup>[10]</sup>,分子系统地理学研究为动物分类地位的确定提供了从物种水平到系统发育水平的证据,进而为准确地评价动物物种分布格局奠定良好基础<sup>[11]</sup>。鉴于目前缺乏对华南中麝鼯的分子系统地理学系统分析,本研究采集并测序了来自我国贵州的华南中麝鼯*Cyt b*基因全序列,结合已有报道的我国台湾、四川和云南的华南中麝鼯*Cyt b*基因全序列(GenBank),分析我国华南中麝鼯的分子系统地理格局,

进一步为分类学提供分子生物学证据。

## 1 研究方法

### 1.1 样本采集

采用陷阱法, 辅以铗捕法采集华南中麝鼯样本。样本采集于我国贵州省, 采集时间为2019年1月—2021年10月, 共采集样本20个, 其中安顺地区(26°21'48" N, 105°55'35" E)样本5个(Guizhou AS1~Gui-

zhou AS5), 毕节地区(26°24'22" N, 105°44'4" E)样本13个(Guizhou BJ1~Guizhou BJ13), 六盘水地区(26°33'1" N, 104°57'18" E)样本2个(Guizhou LPS1, Guizhou LPS2)。从GenBank下载了其他地区华南中麝鼯的 *Cyt b* 基因全序列(19个), 基本信息见表1。本研究通过牡丹江师范学院实验动物伦理委员会审查(IACUC-MNU-0-401)。

表1 GenBank下载的华南中麝鼯 *Cyt b* 基因序列

Tab. 1 The *Cyt b* gene sequences of *Crocidura rapax* downloaded from GenBank

样本采样地 Sampling location	GenBank号 GenBank number	样本号 Sample number
1 台湾南投县 Nantou County Taiwan Province	GU358533	Taiwan NT1
	GU358534	Taiwan NT2
	GU358535	Taiwan NT3
	AB057420	Taiwan NT4
	AB062686	Taiwan NT5
	AB175086	Taiwan NT6
2 台湾台中市 Taichung City Taiwan Province	AB115557	Taiwan TZ1
3 四川省雅江县 Yajiang County Sichuan Province	MN690995	Sichuan YN1
	MN690996	Sichuan ML1
4 四川省木里藏族自治县 Muli Zangzu Autonomous County Sichuan Province	MN690997	Sichuan ML2
	MN690998	Sichuan JL1
6 四川省小金县 Xiaojin County Sichuan Province	MN337427	Sichuan XJ1
	MN337428	Sichuan XJ2
	MN337429	Sichuan XJ3
7 四川省甘洛县 Ganluo County Sichuan Province	KP120863	Sichuan GL1
8 四川省得荣县 Derong County Sichuan Province	MW682494	Sichuan DR1
	MW682360	Yunnan LJ1
9 云南省丽江市 Lijiang City Yunnan Province	MW682357	Yunnan LJ2
	MW682720	Yunnan LS1

### 1.2 试验方法

用剪刀剪取样本腿部肌肉组织, 将腿部肌肉组织用酚-氯仿法进行基因组DNA提取。mtDNA的 *Cyt b* 基因全序列PCR反应体系为50  $\mu$ L, 含200  $\mu$ mol/L的dNTP, 1.5 mmol/L的MgCl<sub>2</sub>, Primer (L14724/H15915)<sup>[12]</sup>各10 pmol/L, *Taq* DNA polymerase 2.5 U (大连宝生物), 模板为250 ng。PCR扩增的反应条件: 94 °C预变性3 min; 94 °C变性45 s, 50 °C退火50 s, 72 °C延伸45 s, 共30个循环; 72 °C延伸7 min, 4 °C保

存。PCR扩增产物经纯化回收进行测序(哈尔滨博仕生物技术有限公司)。

### 1.3 数据处理

使用EditSeq (DNASTar软件包)对试验获得mtDNA *Cyt b* 基因全序列和GenBank下载华南中麝鼯的序列(表1)进行序列编辑, 再利用Clustal W软件进行序列聚类比对<sup>[13]</sup>。利用DnaSP 5.10分析单倍型数量(number of haplotypes, *k*)、多态位点数量(number of polymorphic sites, *s*)、单倍型多态性(hap-

lotype diversity,  $h$ )、核苷酸差异平均数(average number of nucleotide differences,  $i$ )、核苷酸多样性(nucleotide diversity,  $\pi$ ), 计算 Tajima's  $D$  和 Fu's 检测中性选择情况, 进行显著性检测, 并结合种群的增长模型(a population growth-decline model)分析错配分布来检测种群数量扩张情况<sup>[14]</sup>。利用 MEGA 5.05 软件, 采用最大似然法(maximum likelihood, ML)构建系统发生树<sup>[15]</sup>。利用 Network 4.6 构建中介网络图(median-joining network)分析单倍型间进化关系<sup>[16]</sup>。

## 2 结果

### 2.1 系统发育关系

以西南中麝鼯和山东小麝鼯(*C. shantungensis*)

为外群, 利用 ML 法构建系统发生树(图 1)。系统发生树首先分成 3 个大的进化支: 一是华南中麝鼯华南亚种进化支; 二是西南中麝鼯进化支; 三是华南中麝鼯台中亚种进化支。西南中麝鼯进化支夹在华南中麝鼯华南亚种进化支和华南中麝鼯台中亚种进化支中间, 表现出与华南中麝鼯华南亚种具有较近的亲缘关系。本研究的系统发育关系结果支持来自台湾的华南中麝鼯样本为独立物种的观点, 即台湾长尾麝鼯。将华南中麝鼯华南亚种进化支以高支持率(99%)分成两个进化谱系, 一个是由贵州所有样本、云南所有样本和来自四川东南部甘洛县的样本构成的贵州、云南、四川东南部谱系, 另一个是由来自四川中部和西部的样本构成的四川中西部谱系, 可见两个谱系分化较为明显。

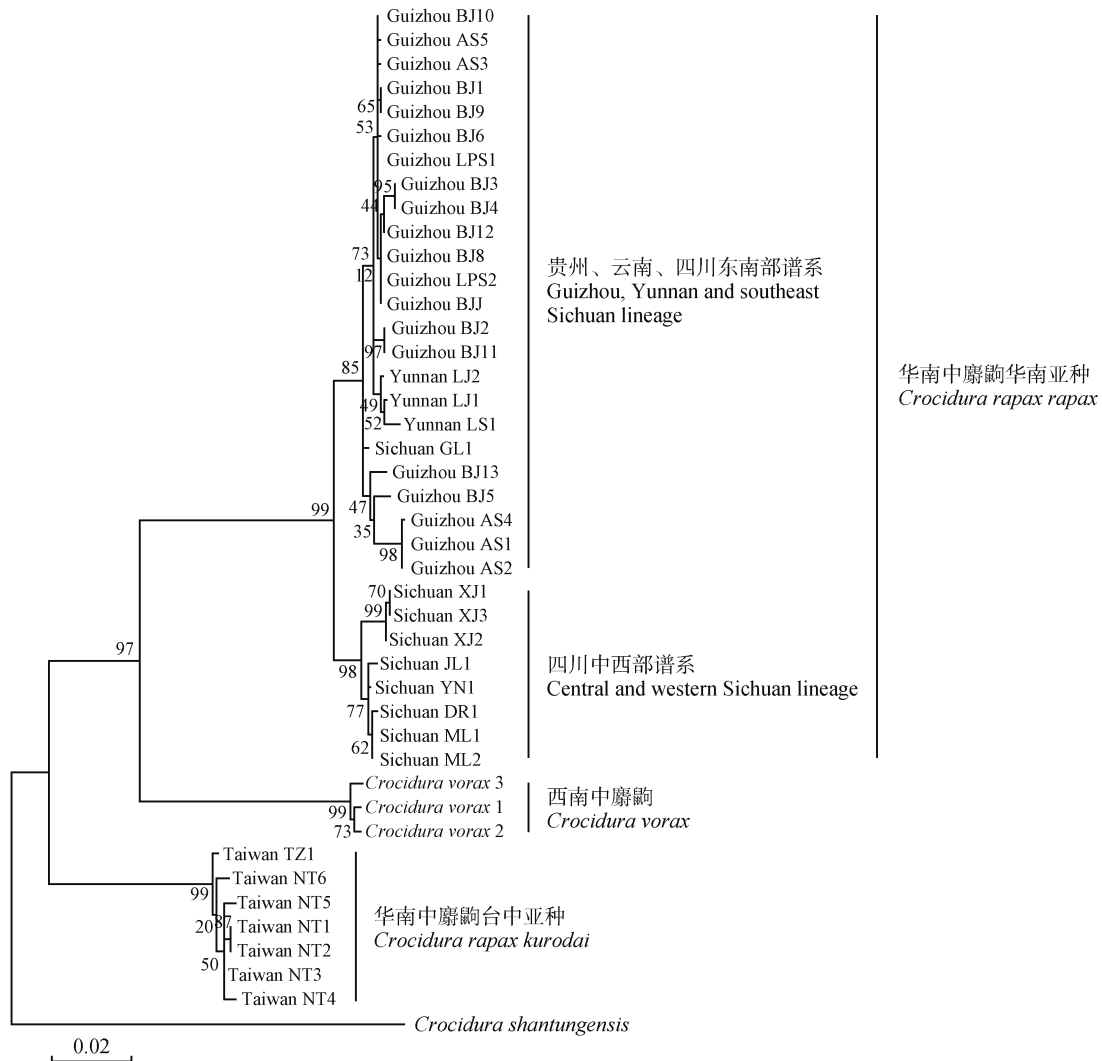


图 1 基于 *Cyt b* 基因构建的华南中麝鼯的 ML 系统发生树

Fig. 1 The ML phylogenetic tree of *Crocidura rapax* based on the *Cyt b* gene

## 2.2 遗传距离

计算了华南中麝鼯华南亚种的2个谱系与西南中麝鼯和华南中麝鼯台中亚种的遗传距离(表2)。华南中麝鼯华南亚种的2个谱系间的遗传距离最小(0.019 5),最大的遗传距离出现在华南中麝鼯华南亚种四川中西部谱系与华南中麝鼯台中亚种之间(0.118 1),其次是华南中麝鼯华南亚种贵州、云南、

四川东南部谱系与华南中麝鼯台中亚种之间(0.117 4),可见华南中麝鼯华南亚种与华南中麝鼯台中亚种之间的遗传距离较大,超过了西南中麝鼯与两个亚种之间的遗传距离。遗传距离结果与系统发育关系结果一致,支持来自台湾的华南中麝鼯样本为独立物种的观点,即台湾长尾麝鼯。

表2 研究类群间的遗传距离

Tab. 2 Genetic distances between taxa studied

研究类群 Taxa studied	华南中麝鼯华南亚种贵州、 云南、四川东南部谱系 Guizhou, Yunnan and southeast Sichuan lineage of <i>Crocridura rapax rapax</i>	华南中麝鼯华南亚种 四川中西部谱系 Central and western Sichuan lineage of <i>Crocridura rapax rapax</i>	西南中麝鼯 <i>Crocridura vorax</i>	华南中麝鼯 台中亚种 <i>Crocridura rapax kurodai</i>
华南中麝鼯华南亚种贵州、云南、四川东南部谱系 Guizhou, Yunnan and southeast Sichuan lineage of <i>Crocridura rapax rapax</i>				
华南中麝鼯华南亚种四川中西部谱系 Central and western Sichuan lineage of <i>Crocridura rapax rapax</i>	0.019 5			
西南中麝鼯 <i>Crocridura vorax</i>	0.108 9	0.110 1		
华南中麝鼯台中亚种 <i>Crocridura rapax kurodai</i>	0.117 4	0.118 1	0.117 0	

## 2.3 中介网络分析

中介网络图(图2)显示出与系统发育关系类似的结果。华南中麝鼯华南亚种贵州、云南和四川东南部谱系的单倍型位于中介网络图的中部,各单倍型间表现出较近的网络关系。华南中麝鼯华南亚种四川中西部谱系位于中介网络图的中部右上方,各单倍型间表现出较近的网络关系,都来自于一个突变节点。西南中麝鼯的单倍型位于中介网络的下方,表现出与华南中麝鼯华南亚种具有较远的网络关系。华南中麝鼯台中亚种的单倍型位于中介网络图的最上方,表现出与华南中麝鼯华南亚种具有较远的网络关系。中介网络图的结果与系统发育关系和遗传距离的结果一致,支持来自于台湾的华南中麝鼯样本为独立物种的观点,即台湾长尾麝鼯。

## 2.4 遗传多样性和历史种群动态

鉴于系统发育关系、遗传距离和中介网络分析的结果都支持来自台湾的华南中麝鼯样本为独立物种的观点,即台湾长尾麝鼯。本研究只对华南中麝鼯华南亚种包含的样本(32个)进行了遗传多样性和历史种群动态分析。华南中麝鼯的 *Cyt b* 基因全序列为 1 140 bp, 4 种核苷酸碱基含量的平均值分别为

A=29.6%, T=31.0%, G=13.2%, C=26.2%, 其中T的含量最高, G的含量最低, A+T的含量为60.6%, 明显高于G+C的含量(39.4%)。序列包含68个变异位点, 为45个简约信息位点(parsimony informative sites)和23个单变异位点(singleton variable sites), 变异位点数占总位点数的5.97%, 未发现插入和缺失。华南中麝鼯的遗传多样性参数见表3。在华南中麝鼯的32个样本中发现23个单倍型, 核苷酸多样性0.012 85。

华南中麝鼯的Tajima's *D*结果( $D=-0.542 1, p>0.100$ )尽管不显著, 但为负值, Fu's  $F_s$ 结果( $F_s=-3.771 0, p=0.014$ )为显著性负值(表3), 中性检测结果显示华南中麝鼯近期可能发生过种群扩张。采用错配分布方法对种群历史进行检验, 构建的华南中麝鼯错配曲线是多峰曲线(图3), 说明华南中麝鼯近期尽管经历了种群扩张, 但并非为单次急剧扩张。

## 3 讨论

Tokuda等<sup>[17]</sup>在我国台湾兰屿岛发现了台湾长尾麝鼯。Kuroda将台湾长尾麝鼯作为南小麝鼯(*C. horsfieldii*)的一个亚种, 并且说明它在台湾主岛没有

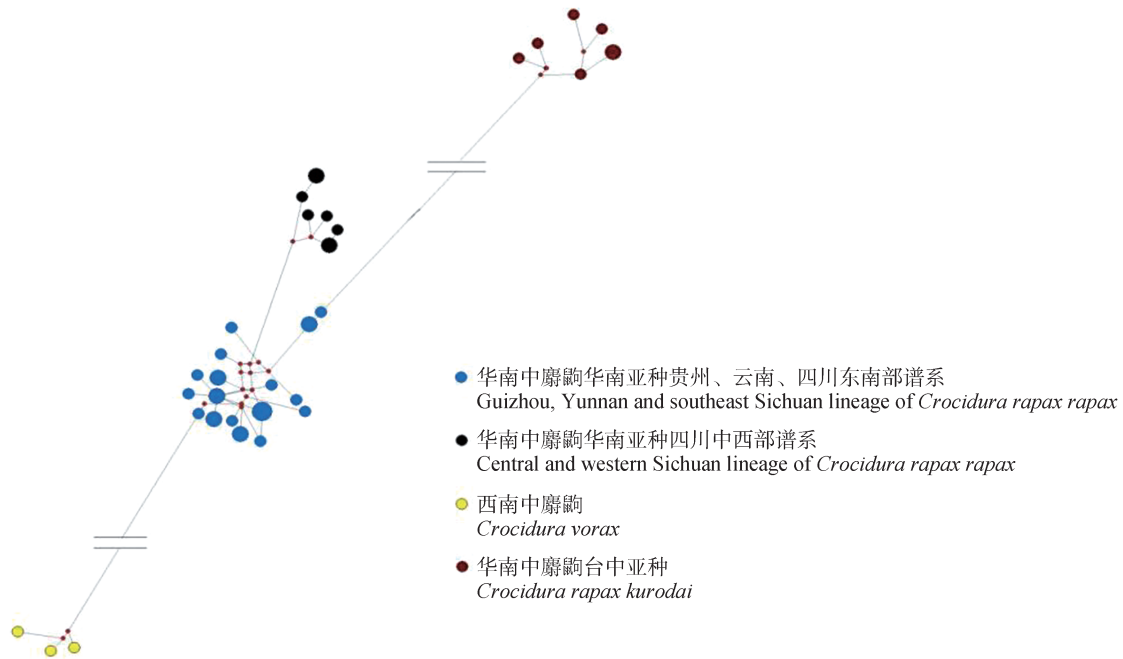


图2 单倍型中介网络(最短树的突变数为330)

Fig. 2 Median-joining network of haplotypes (number of mutations of the shortest tree =330)

表3 华南中麝鼩的遗传多样性参数

Tab. 3 The genetic diversity indices of *Crocidura rapax*

遗传多样性参数 The genetic diversity indices	华南中麝鼩 <i>Crocidura rapax</i> (n=32)
<i>Cyt b</i> 基因序列的长度/bp Length of <i>Cyt b</i> gene sequence used	1 140
单倍型数量 Number of haplotypes, <i>k</i>	23
多态位点数量 Number of polymorphic sites, <i>s</i>	68
单倍型多态性 Haplotype diversity, <i>h</i>	0.980
核苷酸差异平均数 Average number of nucleotide differences, <i>i</i>	14.649
核苷酸多样性 Nucleotide diversity, $\pi$	0.012 85
Tajima's <i>D</i>	-0.542 1; $p > 0.100$
Fu's $F_s$	-3.771 0; $p = 0.014$

分布<sup>[18]</sup>。Jameson等<sup>[19]</sup>在台湾主岛上发现了南小麝鼩的另外一个亚种(*C. h. kurodai*)。Fang等<sup>[20]</sup>根据形态学和核型分析,发现*C. kurodai*与南小麝鼩存在差异,认为*C. kurodai*为独立物种。Fang等<sup>[18]</sup>再次利用形态学和核型分析,认为台湾长尾麝鼩为有效物种,包括3个亚种:*C. t. kurodai*、*C. t. tadeae*、*C. t. lutaoensis*。近些年,还有很多文献将这些分布于台湾及其周边岛屿的麝鼩归类于华南中麝鼩:台中亚种(*C. r. kurodai*)、绿岛亚种(*C. r. lutaoensis*)、兰屿亚种(*C. r. tadeae*)<sup>[2-4,6]</sup>。本研究的系统发育关系、遗传距离和中介网络分析的结果都支持已有文献中认为

来自台湾的华南中麝鼩样本为独立物种的观点,即台湾长尾麝鼩。本研究的结果支持已有文献认为台湾长尾麝鼩为独立物种的观点,华南中麝鼩在我国没有亚种分化<sup>[7-9]</sup>。

华南中麝鼩被分成两个谱系,即华南中麝鼩贵州、云南、四川东南部谱系和华南中麝鼩四川中西部谱系。由于四川省由北向南的水系较多,推测是水系起到了一定的天然屏障阻隔作用使得华南中麝鼩被分成两个谱系。本研究未能获得我国广东、广西和海南的样本,这些地域华南中麝鼩的分子系统地理学问题有待进一步研究。

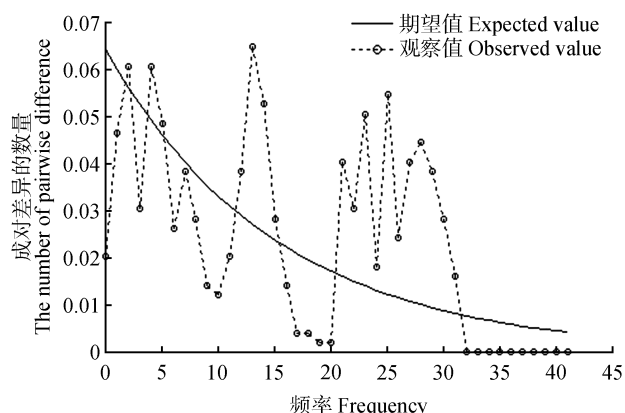


图3 突然扩张模型下华南中麝鼯的错配分布

Fig. 3 The observed pairwise difference and the expected mismatch distributions for *Crocidura rapax* under the sudden expansion model

### 参考文献:

- [1] ELLERMAN J R, MORRISON-SCOTT T C S. Checklist of Palearctic and Indian Mammals 1758 to 1946 [M]. London: the Trustees of the British Museum, 1951: 81.
- [2] JIANG X L, HOFFMANN R S. A revision of the white-toothed shrews (*Crocidura*) of southern China [J]. *Journal of Mammalogy*, 2001, 82(4): 1059–1079.
- [3] HUTTERER R. Order Soricomorpha [M]//WILSON D E, REEDER D A. Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference. 3rd ed. Baltimore: Johns Hopkins University Press, 2005: 249.
- [4] SMITH A T, 解焱. 中国兽类野外手册 [M]. GEMMA F, 绘. 陈延熹, 杨戎生, 张劲硕, 等译. 长沙: 湖南教育出版社, 2009: 227–228.  
SMITH A T, XIE Y. A guide to the mammals of China [M]. GEMMA F, illus. CHEN Y X, YANG R S, ZHANG J S, *et al.* trans. Changsha: Hunan Education Publishing House, 2009: 227–228.
- [5] 蒋志刚, 马勇, 吴毅, 等. 中国哺乳动物多样性及地理分布 [M]. 北京: 科学出版社, 2015: 67; 69.  
JIANG Z G, MA Y, WU Y, *et al.* China's mammal diversity and geographic distribution [M]. Beijing: Science Press, 2015: 67; 69.
- [6] BURGIN C J, HE K. Family Soricidae (shrews) [M]//WILSON D E, MITTERMEIER R A. Handbook of the mammals of the world: Vol. 8: insectivores, sloths and colugos [M]. Barcelona: Lynx Editions, 2018: 485.
- [7] 魏辅文, 杨奇森, 吴毅, 等. 中国兽类分类与分布 [M]. 北京: 科学出版社, 2022: 268.  
WEI F W, YANG Q S, WU Y, *et al.* Taxonomy and distribution of mammals in China [M]. Beijing: Science Press, 2022: 268.
- [8] 王应祥. 中国哺乳动物种和亚种分类名录与分布大全 [M]. 北京: 中国林业出版社, 2003: 23–24.
- [9] 谭邦杰. 哺乳动物分类名录 [M]. 北京: 中国医药科技出版社, 1992: 43.
- [10] AVISE J C, ARNOLD J, BALL R M, *et al.* Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics [J]. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 1987, 18: 489–522.
- [11] 刘铸, 徐艳春, 戎可, 等. 啮齿动物分子系统地理学研究进展 [J]. *生态学报*, 2014, 34(2): 307–315.  
LIU Z, XU Y C, RONG K, *et al.* The current progress in rodents molecular phylogeography [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, 34(2): 307–315.
- [12] IRWIN D M, KOCHER T D, WILSON A C. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals [J]. *Journal of Molecular Evolution*, 1991, 32(2): 128–144.
- [13] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAK F, *et al.* The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25(24): 4876–4882.
- [14] LIBRADO P, ROZAS J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(11): 1451–1452.
- [15] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, *et al.* MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2011, 28(10): 2731–2739.
- [16] BANDEL T H J, FORSTER P, RÖHL A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1999, 16(1): 37–48.
- [17] TOKUDA M, KANO T. A bat and a new shrew from Kōtō-shō (Botel-Tobago) [J]. *Annotationes Zoologicae Japonenses*, 1936, 15(4): 427–432.
- [18] FANG Y P, LEE L L. Re-evaluation of the Taiwanese white-toothed shrew, *Crocidura tadeae* Tokuda and Kano, 1936 (Insectivora: Soricidae) from Taiwan and two offshore islands [J]. *Journal of Zoology*, 2002, 257(2): 145–154.
- [19] JAMESON E W, JONES G S. The Soricidae of Taiwan [J]. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 1977, 90: 459–482.
- [20] FANG Y P, LEE L L, YEW F H, *et al.* Systematics of white-toothed shrews (*Crocidura*) (Mammalia: Insectivora: Soricidae) of Taiwan: karyological and morphological studies [J]. *Journal of Zoology*, 1997, 242(1): 151–166.