

# 中国按蚊属(双翅目:蚊科)分类研究进展\*

华亚琼, 闫振天, 付文博, 陈斌

(重庆师范大学昆虫与分子生物学研究所 重庆市动物生物学重点实验室, 重庆 401331)

**摘要:**按蚊属(*Anopheles* Meigen)是最重要的医学昆虫类群之一,其中很多种类是传播疟疾的重要媒介。本文根据近年来国内外按蚊属的研究文献(特别是《Zoological Record》)以及本实验室对按蚊属的分类学研究结果,总结了按蚊属分类学的研究历史、研究现状、系统发育关系和地理区系,更新了按蚊属的分类系统。目前中国已知按蚊属蚊虫2亚属62种,其中按蚊亚属(*Anopheles*)在中国共2派、3系、6组、4亚组,塞蚊亚属(*Cellia*)共4系、7组、6亚组。分布在东洋区的有45种,占中国按蚊属总数的72.58%;分布在古北区的有6种,占9.68%;跨古北区与东洋区的有11种,占17.74%。形态分类方法在针对复合体内姊妹种的分类鉴定和系统发生学研究上存在一定的局限性,需要结合分子分类学方法来进行研究。目前,建立更多的分子鉴定标准来确定复合种在蚊科中的分类地位是蚊虫分类研究的重要工作,而不断丰富蚊虫的基因组数据也是当前蚊虫系统发生研究的一个新的方向。

**关键词:**按蚊属;系统发育;分类;区系分布;研究进展

**中图分类号:**Q969.44<sup>+</sup>2

**文献标志码:**A

**文章编号:**1672-6693(2015)02-0023-09

按蚊属(*Anopheles* Meigen)隶属于双翅目(Diptera)、蚊科(Culicidae)、按蚊亚科(Anophelinae),是按蚊亚科3个属即按蚊属、白蚊属(*Bironella* Theobald)和沙蚊属(*Chagasia* Cruz)中种类最多的属。全世界已知有7个亚属即按蚊亚属(*Anopheles*)、塞蚊亚属(*Cellia*)、柯特蚊亚属(*Kerteszia*)、徕蚊亚属(*Nyssorhynchus*)、*Baimaia*、*Lophopodomys*和*Stethomyia*,分布于世界六大动物地理区系。中国已知两个亚属即按蚊亚属和塞蚊亚属,按蚊亚属种类遍布中国大部分地区,塞蚊亚属则主要分布在东洋区。目前,世界已知按蚊属537种<sup>[1]</sup>,中国已知62种,其中按蚊亚属34种,塞蚊亚属28种<sup>[2]</sup>。

按蚊属中很多蚊种都是重要的媒介昆虫,约1/5的种类可传播疟疾、丝虫病以及其他病原,是疟疾的唯一媒介类群。作为疟疾和丝虫病的重要传播媒介,按蚊比其他昆虫对人类的健康危害更大。按蚊属传疟媒介主要分布于按蚊亚属、塞蚊亚属以及柯特蚊亚属、徕蚊亚属中的少数种类。据世界卫生组织(WHO)<sup>[3]</sup>统计,2012年共有2.07亿的疟疾感染病例,死亡病例约62万,在一些疟疾高发地区,死亡率可达68%。中国的蚊虫媒介研究起步较早,随着蚊虫研究的深入和医疗条件的改善,疟疾已得到了一定的控制,流行范围大幅度缩小。

目前,中国按蚊属的分类研究在形态、分子、系统发育和种群遗传学等领域都有很大的进展。随着全球气候和生态环境的不断变化,蚊虫分布及分类系统也相应发生改变。因此,有必要对中国按蚊属的分类研究现状进行总结,为蚊虫分类研究提供基础的研究参考。本文依据《Zoological Record》(《动物学记录》)及相关的种类记述文献,对中国按蚊属的分类研究现状和区系分布进行系统的总结。

## 1 形态学分类研究现状

### 1.1 世界按蚊属形态学分类研究现状

蚊虫的形态学研究已经有200多年的历史。1771年,Pallas描述了按蚊属第一个种赫坎按蚊(*Anopheles*

\* 收稿日期:2014-06-13 修回日期:2014-11-14 网络出版时间:2015-01-22 11:59

资助项目:“两江学者”计划专项经费;美国国立卫生研究院NIH项目(No. 1R01AI095184);国家自然科学基金(No. 31071968; No. 31372265);重庆市科技攻关重点项目(No. CSTC2012GG-YYJSB80002);重庆师范大学基金青年项目(No. 13XLQ05; No. 2011XLS32)

作者简介:华亚琼,女,研究方向为昆虫分子生物学,E-mail: hyq90512@163.com;通讯作者:陈斌,教授,E-mail: c\_bin@hotmail.com

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/50.1165.n.20150122.1159.030.html>

*hyrcanus* Pallas); 1818 年, Meigen<sup>[4]</sup> 把五斑按蚊(*Anopheles maculipennis*) 作为模式种创建了按蚊属; 1910 年, Theobald<sup>[5]</sup> 根据蚊虫胸部和腹部鳞片的分布特征建立了正式的按蚊亚科分类系统。随着新种的不断发现, Theobald 的分类体系不能科学地描述所有的种, Christophers<sup>[6]</sup> 在 1915 年基于雄性成虫生殖器抱肢刚毛的位置和数量将按蚊属分为按蚊亚属、*Myzomyia* (= 塞蚊亚属) 和徕蚊亚属共 3 个亚属, 这种分类方法自提出后就被分类学家所广泛接受。随后 Komp<sup>[7]</sup>、Edwards<sup>[8]</sup>、Antunes<sup>[9]</sup>、Harbach<sup>[10]</sup> 相继建立了柯特蚊亚属、*Stethomyia*、*Lophopodomysia*、*Baimaia* 等 4 个亚属。

亚属以下种以上的分类阶元一般根据蚊虫的形态相似性归类, 并不能精确代表蚊种间的亲缘关系, 它们在国际动物命名法规中没有正式的分类地位。Root<sup>[11-12]</sup> 和 Christophers<sup>[13]</sup> 最早引入组(Group) 的概念来归纳按蚊属中形态相似的物种。随后, Edwards<sup>[8]</sup> 把按蚊亚属、塞蚊亚属和徕蚊亚属的种归并到组和系(Series)。经过 Reid 和 Knight<sup>[14]</sup>、Faran<sup>[15]</sup> 和 Linthicum<sup>[16]</sup> 等人的进一步修正、重新命名以及细化分类, 目前按蚊属内常用的分类阶元有派(Section)、系(Series)、组(Group)、亚组(Subgroup) 和复合体(Complex)。按蚊亚属根据蛹呼吸管的形状被分为两派, 蛹的呼吸管漏斗部狭长且裂隙较宽的为窄角派(Angusticorn), 呼吸管漏斗部较宽且裂隙较窄的为宽角派(Laticorn)。世界按蚊亚属已知 2 派、6 系、17 组、12 亚组, 中国有 2 派、3 系、6 组、4 亚组。塞蚊亚属没有派之分, 共分 6 系、22 组、12 亚组, 中国有 4 系、7 组、6 亚组。徕蚊亚属被分为 3 派、5 系、8 组、2 亚组, 中国没有分布。根据 2013 年 Harbach<sup>[1]</sup> 总结的按蚊属分类体系, 表 1 详细列出了中国按蚊属的分类系统。

### 1.2 中国按蚊属形态学分类研究现状

早在 1828 年, Wiedemann 就记述了广州市的中华按蚊(*Anopheles sinensis*), 但中国国内对接蚊属的研究起步于 20 世纪 30 年代。截至到 1938 年, 中国共发现按蚊 26 种<sup>[17]</sup>。由于按蚊属中包括多种传病媒介, 冯兰洲等蚊虫研究学者开始探索按蚊的传病途径和防治方法, 并对 26 种按蚊进行详细的分类和形态学记述。

20 世纪 50 年代以后, 中国在按蚊属的分类研究方面取得了很大进展, 许多新种被发现, 如许氏按蚊(*Anopheles xui*)、凉山按蚊(*Anopheles liangshanensis*)、黑河按蚊(*Anopheles heiheensis*) 等, 在 1949—2000 年间, 中国记述的可靠按蚊种达 60 种<sup>[17]</sup>。在此期间, 各蚊种的形态、分类、地理分布、医学重要性及防制等方面的研究发展迅速, 关于蚊虫区系和分类的手册和检索表也陆续出版。孟庆华在 1957 年出版《中国按蚊的分类习性与防制》中详细记述了中国按蚊属的 42 种蚊虫的幼虫、蛹和成蚊的形态特征, 并讨论了中国蚊虫的地理区系分布。同年, 冯兰洲出版了《中国蚊虫描述杂编》, 除了《中国按蚊的分类习性与防制》中描述的 42 种按蚊外, 冯兰洲还在该书中增加了杰普尔按蚊(*Anopheles jeyporiensis*)、萨氏按蚊(*Anopheles sacharovi*) 等共 46 种按蚊及少数幼虫和蛹的形态学描述。1997 年陆宝麟主编的《中国动物志 昆虫纲 第九卷, 双翅目, 蚊科(下)》出版, 这是中国按蚊属分类研究的基础参考著作。该书对中国按蚊属 59 种(按蚊亚属 31 种, 塞蚊亚属 28 种)按蚊的形态特征、地理分布、生态习性以及医学重要性等作了简要的介绍。

进入 21 世纪以后, 中国按蚊属的分类研究工作进一步发展。刘秀琴<sup>[18-19]</sup> 对中国 55 个种的成虫和幼虫的形态特征建立了检索表, 使按蚊属的形态分类学研究不断深化。2009 年, 董学书在其 1997 年的基础上修订《云南蚊类志》, 详细记述了云南已知的 50 个按蚊种, 对研究云南地区的按蚊具有极大的参考意义。

### 1.3 中国按蚊属形态分类学采用的主要形态特征

形态分类学作为分类研究的经典方法, 一直是按蚊属分类研究的最基本方法并沿用至今, 目前按蚊属的形态分类学采用的主要形态特征如表 2。

## 2 系统发育研究现状

蚊虫的系统发育是蚊种间和种上各阶元间的遗传分化和进化关系, 系统发育研究是系统分类的基础, 对于认知蚊虫的生物学特性、蚊虫对环境的适应和传病机制、对蚊虫的有效控制等具有重要作用。由于蚊虫化石难以得到, 没有直接的证据来说明按蚊的进化历史。20 世纪 70 年代以来, 国内外学者开始尝试用形态学特征和染色体型特征来研究按蚊属的系统发育关系。随着分子生物学技术的发展, 运用基因序列为蚊虫的系统发育研究提供了丰富的研究资料。近年来, 核糖体 DNA(rDNA) 和线粒体 DNA(mtDNA) 等分子标志的应用推动了该领域的进一步发展<sup>[20]</sup>。

表 1 中国按蚊属分类系统  
Tab. 1 The Classification System of Genus *Anopheles* in China

亚属	系(派)	组	亚组	复合体	种				
按蚊亚属 <i>Anopheles</i>	Anopheles (Angusticorn)	—	—	Claviger	带棒按蚊 <i>A. claviger</i>				
		Aitkenii	—	—	艾氏按蚊 <i>A. aitkenii</i>				
		—	—	—	孟加拉按蚊 <i>A. bengalensis</i>				
		—	—	—	花岛按蚊 <i>A. insulaeflorum</i>				
		—	—	—	棕毛按蚊 <i>A. palmatus</i>				
		—	—	—	宽磷按蚊 <i>A. sintonoides</i>				
		Lindesayi	—	Gigas	贝氏按蚊 <i>A. baileyi</i>				
		—	—	—	巨型按蚊 <i>A. gigas simlensis</i>				
		—	—	Lindesayi	林氏按蚊 <i>A. lindesayi</i>				
		—	—	—	勐朗按蚊 <i>A. mengalagensis</i>				
	Lophoscelomyia (Angusticorn)	Maculipennis	Maculipennis	—	—	米赛按蚊 <i>A. messeae</i>			
						萨氏按蚊 <i>A. sacharovi</i>			
		Asiaticus	Interruptus	—	—	间断按蚊 <i>A. interruptus</i>			
						傅氏按蚊 <i>A. freyi</i>			
		Myzorhynchus (Laticorn)	Barbirostris	—	—	朝鲜按蚊 <i>A. koreicus</i>			
						须荫按蚊 <i>A. barbumbrosus</i>			
		<i>Anopheles</i>	Hyrceanus	—	—	Barbirostris	须喙按蚊 <i>A. barbirostris</i>		
							银足按蚊 <i>A. argyropus</i>		
							比伦按蚊 <i>A. belenrae</i>		
							海拉尔按蚊 <i>A. hailarensis</i>		
	黑河按蚊 <i>A. heiheensis</i>								
	赫坎按蚊 <i>A. hyrcanus</i>								
	贵阳按蚊 <i>A. kweiyangensis</i>								
	凉山按蚊 <i>A. liangshanensis</i>								
	近黑按蚊 <i>A. pullus</i>								
	中华按蚊 <i>A. sinensis</i>								
	类中华按蚊 <i>A. sineroides</i>								
	许氏按蚊 <i>A. xui</i>								
八代按蚊 <i>A. yatsushiroensis</i>									
克劳按蚊 <i>A. crawfordi</i>									
雷氏按蚊 <i>A. lesteri</i>									
带足按蚊 <i>A. peditaeniatus</i>									
最黑按蚊 <i>A. nigerrimus</i>									
小洁按蚊 <i>A. nitidus</i>									
塞蚊亚属 <i>Cellia</i>	Myzomyia	Funestus	—	—	杰普尔按蚊 <i>A. jeyporiensis</i>				
			Aconitus	—	乌头按蚊 <i>A. aconitus</i>				
			Culicifacies	—	库态按蚊 <i>A. culicifacies</i>				
			Minimus	Minimus	哈里森按蚊 <i>A. harrisoni</i>				
	Neocellia	Annularis	—	—	—	微小按蚊 <i>A. minimus</i>			
						卡瓦按蚊 <i>A. karwari</i>			
						帕氏按蚊 <i>A. pattoni</i>			
						斯氏按蚊 <i>A. stephensi</i>			
	<i>Cellia</i>	Annularis	—	—	Annularis	环纹按蚊 <i>A. annularis</i>			
						菲律宾按蚊 <i>A. philippinensis</i>			
						雪足按蚊 <i>A. nivipes</i>			
						詹氏按蚊 <i>A. jamesii</i>			
<i>Cellia</i>	Jamesii	—	—	—	伪詹氏按蚊 <i>A. pseudojamesii</i>				
					美彩按蚊 <i>A. splendidus</i>				
					伪威氏按蚊 <i>A. pseudowillmori</i>				
					威氏按蚊 <i>A. willmori</i>				
<i>Cellia</i>	Maculatus	—	—	—	达罗毗按蚊 <i>A. dravidicus</i>				
					多斑按蚊 <i>A. maculatus</i>				
					赛沃按蚊 <i>A. sawadwongporni</i>				
					腹簇按蚊 <i>A. kochi</i>				
Neomyzomyia	Kochi	—	—	—	棋斑按蚊 <i>A. tessellatus</i>				
					Tessellatus	—	—	—	高砂按蚊 <i>A. takasagoensis</i>
					Leucosphyrus	Leucosphyrus	Dirus	贝曼按蚊 <i>A. baimaii</i>	
<i>Cellia</i>	Pyretophorus	—	—	—	大劣按蚊 <i>A. dirus</i>				
					不定按蚊 <i>A. indefinitus</i>				
					劳氏按蚊 <i>A. ludlowae</i>				
<i>Cellia</i>	—	—	—	Subpictus	迷走按蚊 <i>A. vagus</i>				
					浅色按蚊 <i>A. subpictus</i>				

表 2 按蚊属形态分类学常用鉴定特征

Tab. 2 Morphological Characteristics for Taxonomy of the Genus *Anopheles*

虫态	鉴定部位	分类鉴定特征
成虫	头部	雌虫食窦甲齿有无、触须白环形态、唇基鳞丛、喙和触须的长度、头顶鳞片形态
	腹部	腹面鳞丛形态、背板鳞片形态、雄性阴茎长度、小抱器背叶刺状物数量
	翅	前缘脉白斑数量、翅脉鳞片颜色和分布、翅顶端白斑数量和形态
	足	后股白环和鳞丛形态、后足附节白环数量和形态
蛹	头胸部	呼吸管基部暗斑、呼吸管管口形状
	腹部	腹毛形状、分支形态
	翅鞘	斑点和条纹的形态
幼虫	Ⅳ龄体表毛	形状、长度
卵	外形	长度和形状、甲板形状、缘饰形状、浮器位置

### 2.1 世界按蚊属系统发育研究现状

1998年, Harbach 和 Kitching<sup>[21]</sup>应用蚊虫的Ⅳ龄幼虫、蛹和成虫的73种形态特征, 针对蚊科38个属进行系统发育分析, 结果表明按蚊亚科、煞蚊族(Sabethini)和库蚊族(Culicini)为单系种群。Sallum<sup>[22]</sup>以按蚊亚科64个种为代表, 采用163个幼虫、蛹和成虫的形态特征, 讨论了其中的系统发育关系, 进一步表明按蚊亚科为单系群, 其中沙蚊属最早从按蚊亚科分化出来, 按蚊属和白蚊属形成一大支。由此 Sallum 认为白蚊属应归入按蚊属, 但此观点并未得到广泛认同。2002年, Sallum<sup>[23]</sup>又应用 mtDNA(COI, COII)和 rDNA(18S, 28S)序列对按蚊亚科的32个种进行系统发育学研究, 用简约法和最大似然法构建的系统发育树显示按蚊亚属和亚属 *Stethomyia* 之间的亲缘关系不同。该研究支持按蚊亚属、塞蚊亚属、柯特蚊亚属和徕蚊亚属是单系群, 柯特蚊亚属和徕蚊亚属是姐妹群关系。2005年, Harbach 和 Kitching<sup>[10]</sup>应用66个种的167个幼虫、蛹和成虫的形态特征进行隐含加权(IW)和相等权数(EW)分析。IW分析证实了塞蚊亚属、柯特蚊亚属和徕蚊亚属为单系群, 柯特蚊亚属和徕蚊亚属是姐妹群, 而按蚊亚属为多系群; EW分析的结论与 Sallum 的研究结论<sup>[22]</sup>相同, 但对不同特征赋予不同权重时, 结果则有差异。随后, Colucci 和 Sallum<sup>[24]</sup>应用逐次逼近特征加权(SACW)和隐含加权(IW), 对按蚊亚属的38个种进行系统发育分析。IW分析显示窄角派为单系群, SACW分析则认为它和 *Cyclolepteron Series* 为并系群; 宽角派在两个系统发生分析中都被认为是复系发生。在派以下水平, 只有丛股系(*Lophoscolomyia Series*)和 *Arribalzagia Series* 是单系群, 按蚊系(*Anopheles Series*)是多系群。相反, 在 Harbach & Kitching 的 IW 分析中, *Arribalzagia*, *Christya*, *Cyclolepteron*、丛股系和吸喙蚊系(*Myzorhynchus Series*)被认为是单系群。实际上, Colucci 和 Sallum 这次的分析与 Sallum 在2000年所做的系统发育分析有误差, 且不能完全证明按蚊亚属为单系群。Harbach<sup>[25]</sup>对其系统发育学分析表示质疑, 并指出需要进一步研究分析。

到目前为止, 所有的系统发育分析都验证了塞蚊亚属、柯特蚊亚属和徕蚊亚属是单系群, 柯特蚊亚属和徕蚊亚属为姐妹群关系。其他的系统发育关系各个研究学者意见不一, 还需要进一步验证。

### 2.2 中国按蚊属系统发育学研究现状

中国对按蚊属的系统发育研究相对较早, 陈汉彬<sup>[26]</sup>在1987年采用4种不同的支序分类方法, 初步分析了蚊科各亚科的系统发育关系。他把蚊科的3个亚科划分为两个单系类群, 其中按蚊亚科为一独立类群, 巨蚊亚科(*Toxorhynchitinae*)和库蚊亚科(*Culicinae*)组成另一类群。1991年, 瞿逢伊和钱国正<sup>[27]</sup>以中国13种按蚊各虫期的形态特征和染色体核型特征为材料, 通过系统发育数值分析方法分析了中国按蚊属种间的系谱关系, 并指出新热带界是按蚊属的发源地。2005年, 马雅军<sup>[28]</sup>基于 rDNA-ITS2 序列对中国赫坎按蚊种团的12个种进行系统发育分析, 强调了分子鉴别在分类学、生态学和种群遗传学等综合研究方面的重要作用。Willkenson 等人<sup>[29]</sup>认为嗜人按蚊(*Anopheles anthropophagus*)为雷氏按蚊(*Anopheles lesteri*)的同物异名, 并且扩大了雷氏按蚊亚组(Lesteri Subgroup)(包括中华按蚊、近黑按蚊和雷氏按蚊), 马雅军<sup>[28]</sup>对此也表示赞同。随后, 马雅军<sup>[30-31]</sup>分别基于 rDNA-28S-D3、mtDNA-COII 和 rDNA-ITS2 序列探讨了中国部分塞蚊亚属种间的系统发育关

系,指出新塞蚊系(*Neocellia Series*)、迈蚊系(*Myzomyia Series*)为并系群,新迈蚊系(*Neomyzomyia Series*)为单系群,并认为塞蚊亚属各系间的亲缘关系因依据的蚊种、分子标志和重建方法的不同会有差异,需进一步研究后确定。

### 3 分子分类研究现状

按蚊属中复合体内的姐妹种是形态学不易区分但是生理、生态习性及其媒介效能各异的近缘种。20 世纪 50 年代以前,蚊虫的分类鉴定工作主要是以形态学特征为依据。继在欧洲第一次发现五斑按蚊复合体(*Anopheles maculipennis Complex*)以后,越来越多的蚊虫复合体和隐存种被发现,用经典的形态学分类方法已不能满足这些种类鉴别的需要。近些年来,分子遗传学分类方法在蚊虫分类研究中开始得到愈加广泛的应用。该方法可直接研究基因型的分类特征并可尽量排除标本局限性、表型变异等影响,因此能客观反映蚊种间和种内的亲缘关系。

目前的分子分类方法主要以染色体、蛋白质、核酸为材料,运用同工酶电泳技术、免疫技术、分子细胞学技术及测序等,对复合体近缘种进行对比分析鉴别。应用于蚊虫分类鉴别的分子生物学技术和方法主要包括 DNA 探针技术、聚合酶链反应(Polymerase chain reaction, PCR)、随机引物扩增多态 DNA(Random amplified polymorphism DNA, RAPD)、DNA 测序和限制性酶切片长度多态性(Restriction fragment length polymorphism, RFLP)技术等<sup>[32]</sup>。国内外学者应用分子分类技术对蚊虫复合体及其近缘种做了大量的研究。如 Collins 等人<sup>[33]</sup>制备了冈比亚按蚊复合体(*Anopheles gambiae Complex*)已知 6 个成员种的基因组克隆探针,成功区别出其中的 5 个成员种, Audtho 等人<sup>[34]</sup>和 Yasothornsrikul 等人<sup>[35]</sup>分别用 DNA 探针和 RFLP 技术,鉴别出了大劣按蚊复合体(*Anopheles dirus Complex*)的 A、B、C、D 种,随后国内外学者<sup>[36-37]</sup>又对法老按蚊复合体(*Anopheles farauti Complex*)、刻点按蚊复合体(*Anopheles punctulatus Complex*)等多种蚊虫制备了探针; Sharpe 等人<sup>[38]</sup>曾以 rDNA 28S 基因片段作为标记,用特异等位基因扩增鉴别微小按蚊(*Anopheles minimus*, 微小按蚊 A 种)和哈里森按蚊(*Anopheles harrisoni*, 微小按蚊 C 种),并用单链构象多态性(SSCP)扩增 rDNA-D3 序列,区分开了上述两种按蚊以及乌头按蚊(*Anopheles aconitus*)和瓦容按蚊(*Anopheles varuna*)。

中国的分子分类研究起步较晚,但经过国内学者们的不懈努力,中国的复合体研究也取得了不俗的进展。牛玲玲等人<sup>[39]</sup>从中华按蚊 DNA 基因库中筛选出一段特异的 DNA 片段,制成鉴定中华按蚊和嗜人按蚊的 DNA 探针,取得了良好的结果;陈斌等人<sup>[40-43]</sup>用 SSCPS 以及核糖体 DNA 28S 的 D3 区域和线粒体 *COII* 的序列数据,对中国南部 9 个省的微小按蚊进行形态和分子鉴定,证实了中国微小按蚊型 A(Form A)、型 B(Form B)其实是同一个种,型 B 仅是微小按蚊 A 种的形态变异。随后,陈斌等人又对中国南部地区的微小按蚊、乌头按蚊、瓦容按蚊和溪流按蚊(*Anopheles fluviatilis*)等形态相似蚊种进行种群遗传学和区系分布的调查,结合形态学用分子分类的方法阐明了中国微小按蚊复合体(*Anopheles minimus Complex*)的分布,证实了乌头按蚊存在于云南和海南,并否定了瓦容按蚊和溪流按蚊在中国的存在。

### 4 地理区系分析

中国处于世界动物地理区系中的东洋区和古北区,而中国动物地理区系又分为蒙新区、东北区、青藏区、华北区、西南区、华中区和华南区。参考《Zoological Record》及国内外相关的种类记述文献<sup>[2,44]</sup>,本文分析了中国按蚊属各种在中国动物地理区系中的分布情况,具体情况见表 3。由表 3 可以看出,中国按蚊属蚊虫只分布在东洋区的种有 45 种,占中国按蚊属总数的 72.58%;只分布在古北区的有 6 种,占总数的 9.68%;跨古北区与东洋区的有 11 种,占总数的 17.74%。从该结果可以看出,东洋区由于处于温带,温度适中,环境适宜,因而分布着大量的按蚊物种。

### 5 中国按蚊属分类学存在的问题及研究展望

近几十年来,随着环境、气候的变化以及新种的不断发现,按蚊属的区系分布和分类系统也发生了相应的改变,形态学分类方法在复合体、姐妹种尤其是隐存种方面的分类鉴定明显不足。分子分类方法虽然技术相对成熟、鉴定的准确性较强,但也存在很多问题。例如,基因库的统一性不够强,不能对所有录入的基因序列进行统

一准确的核定,因而使同一蚊种的同一基因序列出现差异;而作为分子鉴定标准的蚊虫标本,往往出现标本记录不详实甚至标本缺失等现象。

表 3 中国按蚊属蚊虫的动物地理区系分布

Tab. 3 The Geographical Distribution of Genus *Anopheles* in China

种名	中国动物地理分布区							种名	中国动物地理分布区						
	古北区				东洋区				古北区				东洋区		
	I	II	III	IV	V	VI	VII		I	II	III	IV	V	VI	VII
艾氏按蚊 <i>A. aitkenii</i>					√	√	√	类中华按蚊 <i>A. sineroides</i>					√		√
孟加拉按蚊 <i>A. bengalensis</i>					√	√	√	许氏按蚊 <i>A. xui</i>						√	
花岛按蚊 <i>A. insulaeflorum</i>					√	√	√	八代按蚊 <i>A. yatsushiroensis</i>			√	√			
棕毛按蚊 <i>A. palmatus</i>					√		√	杰普尔按蚊 <i>A. jeyporiensis</i>					√	√	√
宽磷按蚊 <i>A. sintonoides</i>					√		√	乌头按蚊 <i>A. aconitus</i>					√	√	√
贝氏按蚊 <i>A. baileyi</i>		√		√	√	√	√	库态按蚊 <i>A. culicifacies</i>					√	√	√
巨型按蚊 <i>A. gigas simlensis</i>		√		√	√	√		哈里森按蚊 <i>A. harrisoni</i>					√	√	√
林氏按蚊 <i>A. lindesayi</i>	√		√	√	√	√	√	微小按蚊 <i>A. minimus</i>					√	√	√
勐朗按蚊 <i>A. mengalagensis</i>					√			卡瓦按蚊 <i>A. karwari</i>					√		√
米赛按蚊 <i>A. messeae</i>	√		√					帕氏按蚊 <i>A. pattoni</i>		√	√	√	√	√	√
萨氏按蚊 <i>A. sacharovi</i>	√							斯氏按蚊 <i>A. stephensi</i>					√		√
带棒按蚊 <i>A. claviger</i>	√							环纹按蚊 <i>A. annularis</i>					√		√
间断按蚊 <i>A. interruptus</i>					√		√	菲律宾按蚊 <i>A. philippinensis</i>					√		√
须喙按蚊 <i>A. barbirostris</i>					√	√	√	雪足按蚊 <i>A. nivipes</i>					√		√
须荫按蚊 <i>A. barbumbrosus</i>					√	√	√	詹氏按蚊 <i>A. jamesii</i>					√		√
傅氏按蚊 <i>A. freyi</i>					√			伪詹氏按蚊 <i>A. pseudojamesii</i>					√		√
朝鲜按蚊 <i>A. koreicus</i>			√			√		美彩按蚊 <i>A. splendidus</i>					√	√	√
克劳按蚊 <i>A. crawfordi</i>					√			伪威氏按蚊 <i>A. pseudowillmori</i>					√		√
雷氏按蚊 <i>A. lesteri</i>			√	√	√	√	√	威氏按蚊 <i>A. willmori</i>					√		√
带足按蚊 <i>A. peditaeniatus</i>					√	√		达罗毗按蚊 <i>A. dravidicus</i>					√		√
最黑按蚊 <i>A. nigerrimus</i>					√	√		多斑按蚊 <i>A. maculatus</i>					√	√	√
小洁按蚊 <i>A. nitidus</i>					√	√		赛沃按蚊 <i>A. sawadwongporni</i>					√		√
银足按蚊 <i>A. argyropus</i>					√			腹簇按蚊 <i>A. kochi</i>					√	√	√
比伦按蚊 <i>A. belenrae</i>			√					高砂按蚊 <i>A. takasagoensis</i>							√
海拉尔按蚊 <i>A. hailarensis</i>	√							贝曼按蚊 <i>A. baimaii</i>					√		√
黑河按蚊 <i>A. heiheensis</i>			√		√			大劣按蚊 <i>A. dirus</i>					√		√
赫坎按蚊 <i>A. hyrcanus</i>	√				√			棋斑按蚊 <i>A. tessellatus</i>					√	√	√
贵阳按蚊 <i>A. kweiyangensis</i>					√	√	√	不定按蚊 <i>A. indefinitus</i>					√		√
凉山按蚊 <i>A. liangshanensis</i>					√			劳氏按蚊 <i>A. ludlowae</i>							√
近黑按蚊 <i>A. pullus</i>			√		√			迷走按蚊 <i>A. vagus</i>					√		√
中华按蚊 <i>A. sinensis</i>	√	√	√	√	√	√	√	浅色按蚊 <i>A. subpictus</i>					√	√	√

注: I. 蒙新区; II. 青藏区; III. 东北区; IV. 华北区; V. 西南区; VI. 华中区; VII. 华南区。“√”表示某一物种在该区域有分布。

中国幅员辽阔,地势复杂,从北而南占据了温带、亚热带、热带以及特殊的青藏高寒区等温度带,各地的热量条件差异很大,而在中国发现的按蚊属昆虫只占世界按蚊属的 11.55%,还有不少种类有待发现和鉴别。此外,

研究学者依据形态特征对按蚊属主要类群的系统发育关系划分已达成了基本共识,但依据分子特征对各系、各种团间的亲缘关系划分还未达成统一,需要进一步研究。

蚊虫的形态分类和分子分类是两种不同的方法,两者有很大的互补性和依赖性。随着分子生物学的发展,蚊虫的分子鉴定也在不断发展,以蚊虫复合体及隐存种分子鉴定技术为基础的蚊虫分子分类学将成为蚊类学研究的热点。用分子方法快速、准确的鉴定出正确的蚊种将是分类学的巨大进步,它不仅能正确反映种间的亲缘关系,也能更客观地对待和制定防疟策略,从而从根本上消除蚊媒传染病。

#### 参考文献:

- [1] Harbach R E. *Anopheles* mosquitoes—new insights into malaria vectors[M]. [S. l.]: InTech, 2013: 1-55.
- [2] 闫振天,付文博,陈斌,等. 中国按蚊属昆虫名录修订(双翅目:蚊科)[J]. 重庆师范大学学报:自然科学版, 2013, 30(6): 36-45.  
Yan Z T, Fu W B, Chen B, et al. A revised check list of *Anopheles* species in China (Diptera: Culicidae)[J]. Journal of Chongqing Normal University: Natural Science, 2013, 30(6): 36-45.
- [3] WHO. World Malaria report 2013[R]. Geneva: World Health Organization, 2013.
- [4] Meigen J W. Systematische Beschreibung der bekannten europäischen zweiflügeligen Insekten, volume 1[M]. Aachen: [s. n.], 1818.
- [5] Theobald F V. A Monograph of the Culicidae or mosquitoes, volume 5[M]. London: British Museum (Natural History), 1910.
- [6] Christophers S R. The male genitalia of *Anopheles*[J]. Indian Journal of Medical Research, 1915, 3: 371-394.
- [7] Komp W H W. The species of the subgenus *Kerteszia* of *Anopheles* (Diptera, Culicidae)[J]. Annals of the Entomological Society of America, 1937, 30(3): 492-529.
- [8] Edwards F W. Genera Insectorum, Diptera, Fam. Culicidae, Fascicle 194[M]. Bruxelles: Desmet-Verteneuil, 1932.
- [9] Antunes P C A. A new *Anopheles* and a new *Goeldia* from Colombia(Dipt. Culic.)[J]. Bulletin of Entomological Research, 1937, 28(01): 69-73.
- [10] Harbach R E, Rattanarithikul R. *Baimaia*, a new subgenus for *Anopheles kyondawensis* Abraham, a unique crab-hole-breeding anopheline in Southeastern Asia[J]. Proceedings of the Entomological Society of Washington, 2005, 107(4): 750-761.
- [11] Root F M. The classification of American *Anopheles* mosquitoes[J]. American Journal of Hygiene, 1922, 2: 321-322.
- [12] Root F M. The male genitalia of some American *Anopheles* mosquitoes[J]. American Journal of Hygiene, 1923, 3(3): 264-279.
- [13] Christophers S R. Provisional list and reference catalogue of the Anophetini[J]. Indian Medical Research Memoir, 1924, 3: 1-105.
- [14] Reid J A, Knight K L. Classification within the subgenus *Anopheles* (Diptera, Culicidae) [J]. Annals of Tropical Medicine and Parasitology, 1961, 55(4): 474-488.
- [15] Faran M E. Mosquito studies (Diptera, Culicidae) XXX-IV. A revision of the Albimanus Section of the subgenus *Nyssorhynchus* of *Anopheles*[J]. Contributions of the American Entomological Institute, 1980, 15(7): 1-215.
- [16] Linthicum K J. A revision of the Argyritarsis Section of the subgenus *Nyssorhynchus* of *Anopheles* (Diptera: Culicidae)[J]. Mosquito Systematics, 1988, 20(2): 98-271.
- [17] 陆宝麟,赵彤言. 50年来我国的蚊类研究[J]. 昆虫学报, 2000, 43(S1): 1-7.  
Lu B L, Zhao T Y. The mosquito studies in the past fifty years in China [J]. Acta Entomologica Sinica, 2000, 43(S1): 1-7.
- [18] 刘秀琴,柯春荣,何社吉,等. 中国按蚊幼虫检索表[J]. 医学动物防制, 2009, 25(9): 644-648.  
Liu X Q, Ke C R, He S J, et al. China *Anopheles* larvae search map[J]. Chinese Journal of Pest Control, 2009, 25(9): 644-648.
- [19] 刘秀琴,柯春荣,何社吉,等. 中国按蚊成虫检索表[J]. 医学动物防制, 2009, 25(6): 405-409.  
Liu X Q, Ke C R, He S J, et al. China *Anopheles* mosquito search map[J]. Chinese Journal of Pest Control, 2009, 25(6): 405-409.
- [20] 张阳,马雅军. 分子标志在蚊虫系统发育关系重建中的应用现状[J]. 国际医学寄生虫病杂志, 2007, 34(1): 50-53.  
Zhang Y, Ma Y J. Research progress on molecular markers in reconstruction of mosquito phylogeny[J]. International Journal of Medical Parasitic Diseases, 2007, 34(1): 50-53.
- [21] Harbach R E, Kitching J. Phylogeny and classification of the Culicidae(Diptera)[J]. Systematic Entomology, 1998, 23(4): 327-370.
- [22] Sallum M A M, Schultz T R, Wilkerson R C. Phylogeny of Anophelinae (Diptera: Culicidae) based on morphological characters[J]. Annals of the Entomological Society of A-

- merica, 2000, 93(4): 745-775.
- [23] Sallum M A M, Schultz T R, Foster P G, et al. Phylogeny of Anophelinae (Diptera: Culicidae) based on nuclear ribosomal and mitochondrial DNA sequences[J]. Systematic Entomology, 2002, 27(3): 361-382.
- [24] Collucci E, Sallum M A M. Cladistic analysis of the subgenus *Anopheles* (*Anopheles*) Meigen (Diptera: Culicidae) based on morphological characters[J]. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, 2007, 102(3): 277-291.
- [25] Harbach R E. The Culicidae (Diptera): a review of taxonomy, classification and phylogeny[J]. Zootaxa, 2007, 1668(1): 591-638.
- [26] 陈汉彬. 中国蚊科亚科的支序分类(双翅目: 蚊科)[J]. 四川动物, 1987, 6(2): 10-14.  
Chen H B. The cladistics of Anophelinae in China (Diptera: Culicidae)[J]. Sichuan Journal of Zoology, 1987, 6(2): 10-14.
- [27] 瞿逢伊, 钱国正, 许漱璧. 我国 13 种按蚊的系统发育数值分析[J]. 医学动物防制, 1991, 7(3): 165-169.  
Qu F Y, Qian G Z, Xu S B. Numerical phylogenetic analysis of thirteen species of Anopheline mosquito from China (Diptera: Culicidae)[J]. Chinese Journal of Pest Control, 1991, 7(3): 165-169.
- [28] Ma Y J. The *Hyrcaeus* group of *Anopheles* (*Anopheles*) in China (Diptera: Culicidae): species discrimination and phylogenetic relationships inferred by ribosomal DNA internal transcribed spacer 2 sequences[J]. J Med Entomol, 2005, 42(4): 610-619.
- [29] Wilkerson R C, Li C, Rueda L M, et al. Molecular confirmation of *Anopheles* (*Anopheles*) *lesteri* from the Republic of South Korea and its genetic identity with *An. (Ano.) anthropophagus* from China (Diptera: Culicidae)[J]. Zootaxa, 2003, 378: 1-14.
- [30] 吴静, 马雅军, 马颖. 基于 mtDNA 和 rDNA 基因序列的中国按蚊属塞蚊亚属种类的系统发育研究[J]. 昆虫学报, 2010, 53(9): 1030-1038.  
Wu J, Ma Y J, Ma Y. Phylogenetic relationship among the species of *Anopheles* Subgenus *Cellia* (Diptera: Culicidae) in China: inferred by mitochondrial and ribosomal DNA sequences[J]. Acta Entomologica Sinica, 2010, 53(9): 1030-1038.
- [31] 马雅军, 吴静, 马颖. 基于 rDNA-ITS2 序列的中国按蚊属塞蚊亚属部分种类的系统发育研究(双翅目: 蚊科)[J]. 昆虫分类学报, 2011, 33(4): 245-256.  
Ma Y J, Wu J, Ma Y. Phylogenetic relationship among the species of *Anopheles* Subgenus *Cellia* (Diptera: Culicidae) in China: inferred by ITS2 sequences of ribosomal DNA [J]. Entomotaxonomia, 2011, 33(4): 245-256.
- [32] 闫振天. 中国南方塞蚊亚属分类及系统发生研究(双翅目: 蚊科: 按蚊属)[D]. 重庆: 重庆师范大学, 2013.  
Yan Z T. Taxonomic and phylogenetic study on the subgenus *Cellia* from southern China (Diptera: Culicidae: Anopheles)[D]. Chongqing: Chongqing Normal University, 2013.
- [33] Collins F H, Mendez M A, Rasmussen M O, et al. A ribosomal RNA gene probe differentiates member species of the *Anopheles gambiae* complex [J]. Am J Trop Med Hyg, 1987, 37(1): 37-41.
- [34] Audtho M, Tassanakajon A, Boonsaeng V, et al. Simple nonradioactive DNA hybridization method for identification of sibling species of *Anopheles dirus* (Diptera: Culicidae) complex[J]. J Med Entomol, 1995, 32(2): 107-111.
- [35] Yasothornsrikul S, Panyim S, Rosenberg R. Diagnostic restriction fragment patterns of DNA from the four isomorphic species of *Anopheles dirus* [J]. Southeast Asian J Trop Med Publ Hlth, 1998, 19(4): 703-708.
- [36] Booth D R, Mahon R J, Sriprakash K S. DNA probes to identify members of the *Anopheles farauti* complex [J]. Med Vet Entomol, 1991, 5(4): 447-454.
- [37] Beebe N W, Foley D H, Cooper R D, et al. DNA probes for the *Anopheles punctulatus* complex [J]. Am J Trop Med Hyg, 1996, 54(4): 395-398.
- [38] Sharpe R G, Hims M M, Harbach R E, et al. PCR-based methods for identification of species of the *Anopheles minimus* group: allele-specific amplification and single-strand conformation polymorphism [J]. Med Vet Entomol, 1999, 13(3): 265-73.
- [39] 牛玲玲. DNA 探针用于中华按蚊和嗜人按蚊的分类研究 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 1992, 10(4): 267-270.  
Niu L L. DNA probe for identification of sibling species of *Anopheles sinensis* and *Anopheles anthropophagus* [J]. Chinese Journal of Parasitology and Parasitic Diseases, 1992, 10(4): 267-270.
- [40] Chen B, Harbach R E, Butlin R K. Molecular and morphological studies on the *Anopheles minimus* group of mosquitoes in Southern China: taxonomic review, distribution and malaria vector status [J]. Med Vet Entomol, 2002, 16(3): 253-265.
- [41] Chen B, Harbach R E, Butlin R K. Genetic variation and population structure of the mosquito *Anopheles jeyporiensis* in southern China [J]. Mol Ecol, 2004, 13(10): 3051-3056.
- [42] Chen B, Butlin R K, Pedro PM, et al. Molecular variation, systematics and distribution of the *Anopheles fluviatilis* complex in southern Asia [J]. Med Vet Entomol, 2006, 20

- (1):33-43.
- [43] Chen B, Pedro P M, Harbach R E, et al. Mitochondrial DNA variation in the malaria vector *Anopheles minimus* across China, Thailand and Vietnam; evolutionary hypothesis, population structure and population history[J]. *Heredity*, 2011, 106(2):241-252.
- [44] 董学书. 云南蚊类志, 上卷[M]. 云南: 云南科技出版社, 2010:1-394.
- Dong X S. The Mosquito Fauna of Yunnan China, volume one[M]. Yunnan: Yunnan Science & Technology Press, 2010:1-394.

## Animal Sciences

### Progress of the Taxonomic Research of the Genus *Anopheles* (Diptera: Culicidae) in China

HUA Yaqiong, YAN Zhentian, FU Wenbo, CHEN Bin

(Institute of Entomology and Molecular Biology, Chongqing Key Laboratory of Animal Biology, Chongqing Normal University, Chongqing 401331, China)

**Abstract:** The genus *Anopheles* is one group of the most important medical insects, many of which are important malaria vectors. This paper summarized the research history, research status, phylogenetic relationships and geographic distribution, and updated the classification system of the genus *Anopheles* based on the research literature, especially *Zoological Record* and the taxonomic research in our laboratory. Up to now, the genus *Anopheles* has 2 known subgenus, 62 known species in China. The subgenus *Anopheles* is divided into 2 Sections, 3 Series, 6 Groups and 4 subgroups. The subgenus *Cellia* is divided into 4 Series, 7 Groups and 6 Subgroups. Geographical fauna analysis showed that there are 45 species distributed in the Oriental Region, making up 72.58% of the total species number of the genus *Anopheles* in China; 6 species in the Palaearctic region, account for 9.68% of the total; and 11 species have distribution across both the Oriental and Palaearctic Regions, making up 17.74% of the total. The limitations in morphological identification of sibling species require the combination of morphological taxonomy and molecular taxonomical method not only for species identification but also for phylogenetic studies. Presently, molecular identification standard for sibling species in complex is still a important work to elucidate the taxonomic status of species, and increasing genomic data is a new prospective to elucidate the phylogenetic relationship of mosquitoes.

**Key words:** *Anopheles*; phylogeny; taxonomy; geographic distribution; research progress

(责任编辑 方 兴)