

Doi: 10.11840/j.issn.1001-6392.2022.04.008

福建海域海地瓜 (*Acaudina molpadioides*) 形态特征及系统发育的初步分析

郑碧琪^{1,3,4}, 季晓^{2,3}, 夏永健^{1,3,4}, 林婧^{1,3,4}, 黄文^{1,3,4},
程宏^{1,3,4}, 刘守海^{2,3}, 秦玉涛^{2,3}, 刘炜^{1,3,4}

(1. 宁德海洋环境监测中心站, 福建 宁德 352000; 2. 国家海洋局东海环境监测中心, 上海 201206; 3. 自然资源部海洋生态监测与修复技术重点实验室, 上海 201206; 4. 滨海电厂海洋生态联合研究中心, 福建 宁德 352000)

摘要: 本研究应用形态学和分子生物学方法对福建海域的一种海参——海地瓜 (*Acaudina molpadioides*) 进行了观察和分析, 描述了海地瓜的骨片、触手、石灰环、波里氏囊、呼吸树、性腺等重要特征。观察到的骨片类型有哑铃体、颗粒体、杆状体、C形体、穿孔板和环形体, 数量上以哑铃体为主。与之前的报道相比, 颗粒体和C形体是两种新观察到的骨片类型。获得了一段海地瓜的 mtCO I 基因片段序列 (长度为 596 bp), 基于 mtCO I 序列的系统发育树 (NJ 树、ML 树和 Bayes 树) 在一定程度上支持了海地瓜属于海参纲芋参目尻参科物种的分类地位。将该序列与 GenBank 中已收录的 4 条海地瓜 mtCO I 序列 (登录号: MK050109、EU827691、FJ971405、KX874336) 进行了遗传距离分析, 结果显示 MK050109 序列样本与本研究样本为相同物种, 即海地瓜, 其余 3 条 mtCO I 序列的物种命名还需要进一步论证。

关键词: 海地瓜; 形态; 骨片; mtCO I; 系统发育; 物种分类

中图分类号: P735; Q174; Q179 文献标识码: A 文章编号: 1001-6932(2022)04-0427-09

Morphological characteristics and phylogenetic analysis of the sea cucumber *Acaudina molpadioides* in Fujian coastal waters

ZHENG Biqu^{1,3,4}, JI Xiao^{2,3}, XIA Yongjian^{1,3,4}, LIN Jing^{1,3,4}, HUANG Wen^{1,3,4}, CHENG Hong^{1,3,4},
LIU Shouhai^{2,3}, QIN Yutao^{2,3}, LIU Wei^{1,3,4}

(1. Ningde Marine Environmental Monitoring Center, Ningde 352000, China; 2. East China Sea Environment Monitoring Center, State Oceanic Administration, Shanghai 201206, China; 3. Key Laboratory of Marine Ecological Monitoring and Restoration Technologies, Ministry of Natural Resources, Shanghai 201206, China; 4. Joint Research Center for Marine Ecology of Coastal NPP, Ningde 352000, China)

Abstract: The sea cucumber *Acaudina molpadioides* from Fujian was observed and analyzed with morphological and molecular biological methods. The characteristics of spicules, tentacles, calcareous ring, Polian vesicle, respiratory tree and gonad were described. The spicules had types of dumbbell, granule, rod, C-form, perforated plate and ring, most of which was dumbbell. Comparing with the previous reports, the granule and C-form were two newly observed spicule types. A partial sequence (596 bp in length) of mtCO I gene of *A. molpadioides* was obtained. To some extent, the phylogenetic tree (NJ tree, ML tree and Bayes tree) based on mtCO I sequences supported *A. molpadioides* belonging to the family Caudinidae, order Molpadida, class Holothuroidea. Our sequence was compared with four mtCO I sequences of *A. molpadioides* from GenBank (accession number: MK050109, EU827691, FJ971405, KX874336), and the genetic distances between these

收稿日期: 2021-08-20; 修订日期: 2021-11-08

基金项目: 自然资源部东海局青年科学基金(201712; 202112); 自然资源部海洋生态监测与修复技术重点实验室开放研究基金(MEMRT202110)

作者简介: 郑碧琪 (1989—), 硕士, 工程师, 主要从事海洋大型底栖动物和海洋生态研究。电子邮箱: zhengbiqu@ecs.mnr.gov.cn

通讯作者: 刘炜, 高级工程师。电子邮箱: liuwei@ecs.mnr.gov.cn

sequences were calculated. Results showed that the sample of sequence MK050109 was the same species (*A. molpadioides*) as the sample in this study, however, the naming of other three mtCO I sequences needs further verification.

Keywords: *Acaudina molpadioides*; morphology; spicule; mtCO I; phylogeny; taxonomy

海地瓜 (*Acaudina molpadioides*) 属于棘皮动物门 (Echinodermata) 海参纲 (Holothuroidea) 芋参目 (Molpadida) 尻参科 (Caudinidae) 海地瓜属 (*Acaudina*), 是一种低价值海参, 多数穴居于潮间带至浅海的软泥底, 少数生活于泥沙、沙泥或沙底, 在我国南北沿海均有分布^[1]。

2015 年 8 月, 大量海地瓜在福建某滨海核电厂取水口聚集, 并进入鼓网, 导致机组的海水循环泵跳闸, 反应堆紧急停堆, 给核电运行带来安全隐患^[2]。近年来有关机构针对海地瓜开展了一系列基础生物学研究工作^[3], 而物种的准确鉴定是相关工作的前提。

海参骨片因形状、大小常随种类而异, 并且十分稳定, 故而成为物种鉴定的主要依据; 另外, 海参的触手、石灰环、波里氏囊等也是形态学上的重要分类特征。廖玉麟及张凤瀛等先后对海地瓜的主要形态进行了描述^[1,4], 本文将首次呈现海地瓜的解剖细节图和骨片电镜图, 并作详细的文字描述。

随着分子生物学的快速发展, 线粒体 CO I 基因作为“条形码”可有效对生物进行物种鉴定, 也可以为系统发育提供参考^[5-10]。本研究将获得的一段海地瓜 CO I 基因片段序列与 GenBank 数据库中相关序列进行比对, 并进行系统发育分析。

本文通过形态学和分子生物学方法对海地瓜进行观察分析, 以期补充海地瓜的基础生物学资料, 将有助于海地瓜这一物种的准确鉴别, 并可为滨海核电厂邻近海域的海地瓜灾害监测预警工作提供基础保障。

1 材料与方法

1.1 样品采集与保存

样本采自福建省福鼎市近岸海域的沉积物中, 部分样本活体带回实验室, 部分样本用无水乙醇现场固定后带回实验室。

1.2 形态学观察

1.2.1 形态观察

活体样本在 10%乙醇溶液中浸泡 1 h 后, 在体

视显微镜 (Nikon SMZ1500) 下进行观察、解剖、拍照, 记录其外部形态和内部特征。

1.2.2 骨片制备与观察

从 5 个样本 (无水乙醇保存) 的前部、中部和尾部 (包括肛门) 分别剪取 1 cm² 体壁组织, 蒸馏水洗净后分别置于 1.5 mL 离心管中, 加入 1 mL 30%次氯酸钠溶液, 消化 60 s 左右, 挑出未消化的组织块, 待骨片沉淀完全, 弃去上层溶液, 加入适量蒸馏水并反复漂洗 5 次, 待骨片沉淀, 从管底吸取一滴骨片悬液于载玻片上, 盖上盖玻片, 即可于光学显微镜 (Olympus BX43) 下观察。待骨片沉淀完全, 移去上层水, 滴加无水乙醇漂洗 3 次, 吸取骨片悬液滴加在胶膜上, 待样品完全干燥后进行喷金, 然后使用扫描电子显微镜 (VEGA3 TES-CAN) 进行观察拍照。

1.3 mtCO I 基因片段序列的扩增与分析

采用海洋动物组织基因组 DNA 提取试剂盒—离心柱型 (天根生化科技 (北京) 有限公司) 提取海地瓜样本的基因组 DNA, 具体方法参照试剂盒说明书。

参考 GenBank 数据库中海参纲动物的 mtCO I 基因序列, 使用 Primer 5.0 软件设计引物。上游引物为 5'-GACATGGCTTTCCACGAATG-3', 下游引物为 5'-GCTCGTGTGTCTACGTCCA-3'。

25 μL 的 PCR 反应体系组成如下: 基因组 DNA 模板 1 μL, 正反向引物各 1 μL (10 μmol/L), TaKaRa Premix Taq 12.5 μL, 纯水 9.5 μL。PCR 反应程序为: 94 °C 预变性 5 min, 94 °C 变性 30 s, 53 °C 退火 45 s, 72 °C 延伸 1 min, 循环 35 次, 最后 72 °C 延伸 7 min。PCR 产物经电泳检测后, 送往上海杰李生物技术有限公司测序。

通过 DNASTAR 等软件对测序结果进行编辑, 将编辑好的序列在 GenBank 数据库中进行 BLAST 比对, 获取同源性较高的多条棘皮动物 mtCO I 基因序列或线粒体基因组序列。将这些序列导入 MEGA7 软件中比对、编辑, 然后选择 Kimura 2-parameter 模型计算序列间的遗传距离。

上述序列在 MEGA7 软件中用邻接法 (Neighbor-

Joining, NJ) 和最大似然法 (Maximum Likelihood, ML) 构建系统发育树, 分别采用 Kimura 2-parameter 模型和 General Time Reversible +G+I 模型, 各分支点的置信度经过 1000 次检验 (Bootstrap method)。

在 PhyloSuite 软件的 ModelFinder 模块下估算出数据集的最优化模型为 GTR+I+G, 然后在 MrBayes 模块下基于贝叶斯法 (Bayesian, BI) 构建系统发育树, 运行 200 万代^[11-12]。

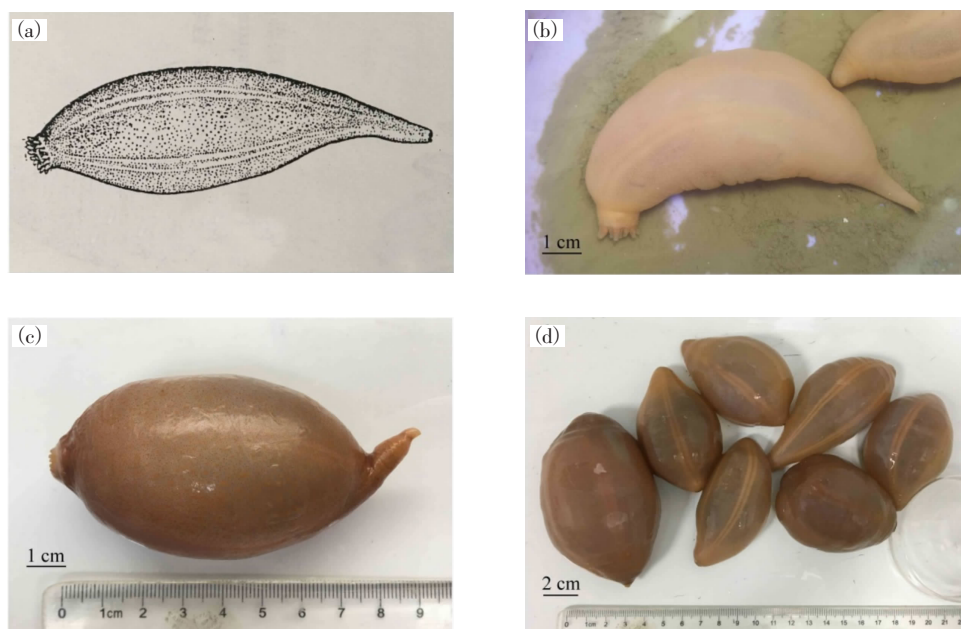
2 结果

2.1 形态特征与骨片类型

海地瓜外形略呈纺锤形, 末端逐渐变细。体长一般为 10 cm 左右, 最大可达 20 cm。体壁十分光滑,

稍透明, 幼小个体更为透明 (图 1)。触手 15 个, 无分枝, 但靠近顶端有一对小侧指 (图 2 (a)、(b))。中等及较大个体表面密生微细不规则的赭色斑点, 使身体呈赭色 (图 2 (c))。肛门周围有 5 组小疣, 每组有 4~6 个疣 (图 2 (d))。体壁内侧有辐射分布的 5 道纵肌, 从口延伸至肛门, 每道纵肌由 2 条肌带组成 (图 2 (e))。咽部的石灰环有 5 个辐板和 5 个间辐板, 借结缔组织愈合而成, 每个辐板各有一对短的后延部 (图 2 (f))。性腺由许多分枝状的生殖管构成, 生殖管一端封闭, 另一端汇合成一总管, 通过体壁开口于触手稍后方的生殖孔 (图 2 (g))。波里氏囊 1 个, 卵圆形, 位于咽部附近 (图 2 (h))。呼吸树发达, 由一短茎分出左右两根树枝状分枝管 (图 2 (i))。

海地瓜骨片大小范围在 10~50 μm 间, 表面平



(a) 模式图^[4], 左侧为口端/触手端, 右侧为肛门端; (b) 海水中伸展状态的活体海地瓜; (c) 酒精保存的样本; (d) 收缩状态的活体样本

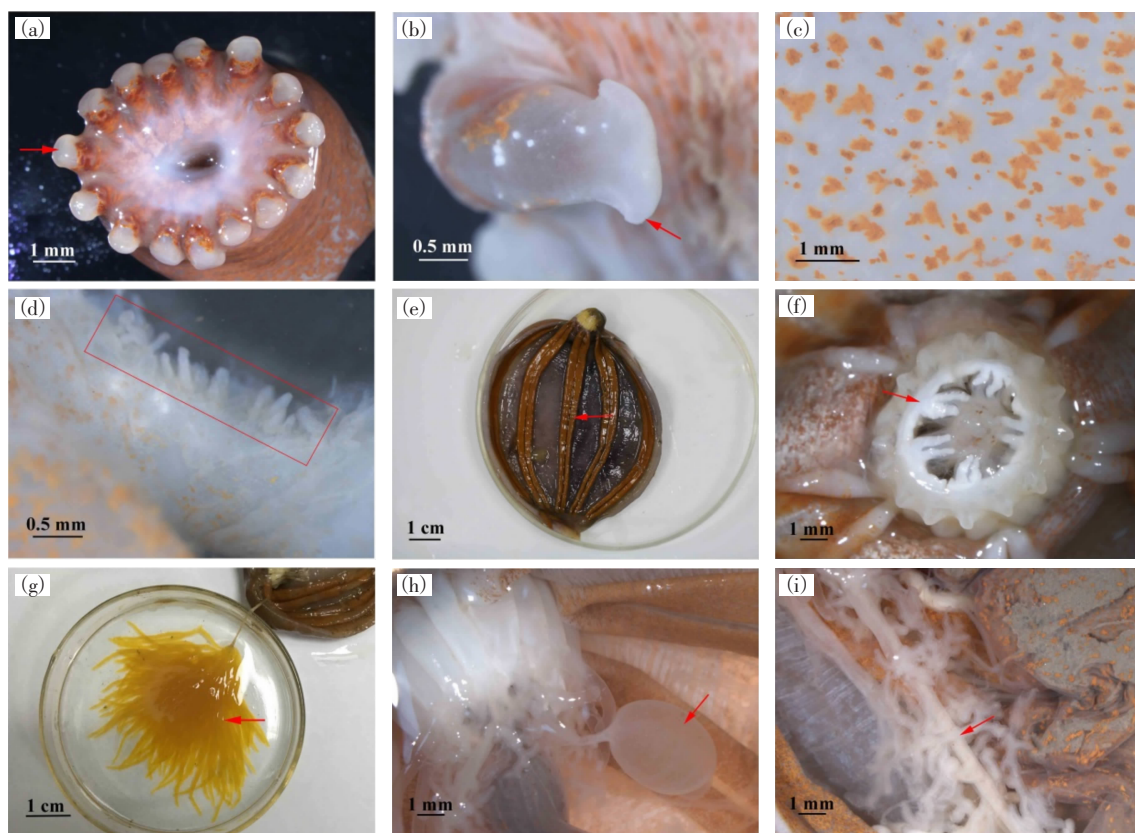
图 1 海地瓜的外在形态

滑或具有颗粒, 骨片类型较多, 可分为哑铃体、颗粒体、杆状体、C 形体、穿孔板和环形体。哑铃体形态为两头大、中间小, 长度大致为 20~30 μm (图 3 (a)); 颗粒体是形状不一的圆形、椭圆形或不规则形状 (图 3 (c)); 杆状体有长有短, 有粗有细, 有分枝或不分枝, 有瘤或无瘤 (图 3 (b)、(d)); C 形体的形态呈 C 形 (图 3 (e)); 穿孔板形状较复杂, 体型较大, 有多个穿孔, 边缘有刺状突起 (图 3 (f)); 环形体或称油炸圈饼形体是一

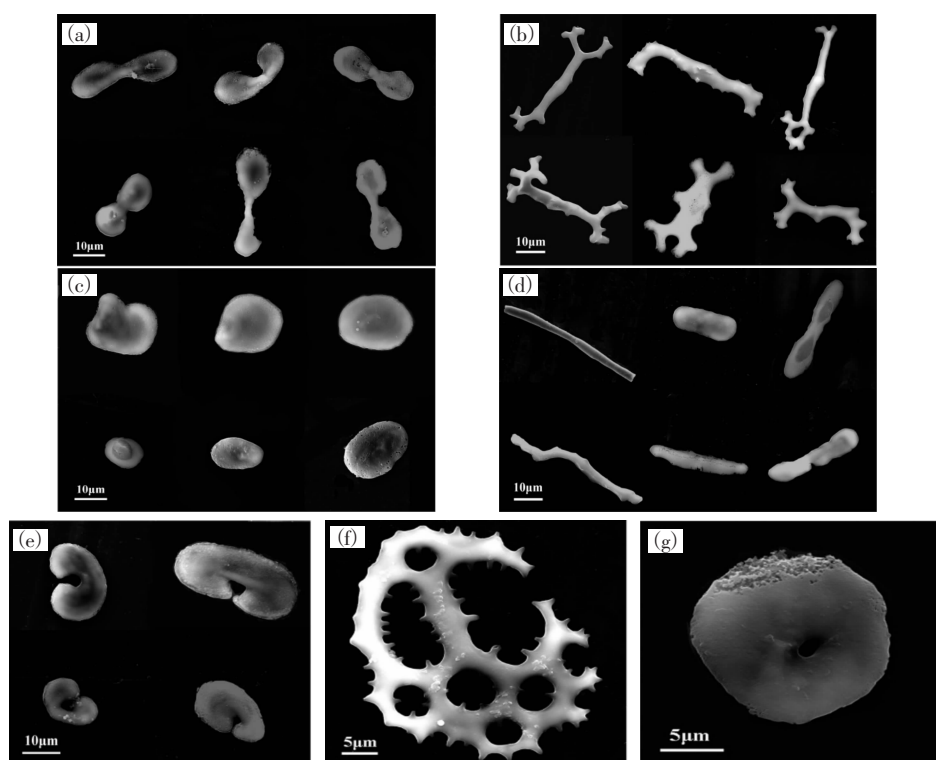
种中间有 1 个穿孔的环形结构 (图 3 (g))。海地瓜前部和中部体壁的骨片以哑铃体为主, 另外可见少量颗粒体和杆状体; 尾部 (包括肛门) 的骨片类型丰富, 除数量丰富的哑铃体外, 还有颗粒体、杆状体、C 形体、穿孔板、环形体, 其中穿孔板和环形体数量极少。

2.2 mtCO I 基因序列比较

本研究测序获得的海地瓜 mtCO I 基因片段序列长度为 596 bp。在 GenBank 中比对后, 发现该



(a)、(b) 触手; (c) 体壁外表面的赭色斑点; (d) 肛门疣; (e) 体壁内侧纵肌; (f) 石灰环; (g) 性腺; (h) 波里氏囊; (i) 呼吸树局部
图2 海地瓜的局部特征



(a) 哑铃体; (b) 分枝杆状体; (c) 颗粒体; (d) 不分枝杆状体; (e) C形体; (f) 穿孔板; (g) 环形体
图3 海地瓜骨片扫描电镜图

数据库已收录了 3 条海地瓜 mtCO I 基因片段序列 (登录号: EU827691、FJ971405、KX874336), 以及 1 条海地瓜线粒体完整基因组序列 (登录号: MK050109)。这 4 条序列与本研究获得序列的遗传距离计算结果显示: 本研究获得的序列与 MK050109 序列的遗传差异仅为 0.4%, 而与其他 3 条序列的遗传差异为 16.1%~17.7%; EU827691 和 FJ971405 序列的遗传差异仅为 0.2% (表 1)。

表 1 海地瓜 mtCO I 序列的相对遗传差异

	1	2	3	4	5
1					
2	0.004				
3	0.177	0.173			
4	0.161	0.157	0.113		
5	0.177	0.173	0.002	0.111	

注: 1—5 依次为本研究获得序列、MK050109、EU827691、KX874336、FJ971405。

2.3 系统发育分析

利用 mtCO I 基因序列进行海地瓜的系统发育分析, 构建了 NJ 树、ML 树和 Bayes 树 (图 4—图 6)。

NJ 树和 ML 树的拓扑结构基本一致。27 种棘皮动物被分为 5 枝, 即海参纲、海胆纲、海星纲、海百合纲和蛇尾纲。15 种海参纲物种大致被分成 3 小枝, 分别为芋参目、枝手目和楯手目, 但置信度不高。本研究获得的海地瓜序列与 MK050109 序列以 100% 的置信度独立成群, 5 条海地瓜序列以高置信度聚为一枝, 并与其他芋参目物种聚为一枝, 但置信度较低。

Bayes 树同样显示了海参纲、海胆纲、海星纲、海百合纲和蛇尾纲 5 个分枝。海参纲中, 5 个楯手目物种以 71% 的置信度独立成枝, 但枝手目和芋参目物种却被拆分到不同支系。海地瓜与同为芋参目尻参科的海棒槌属一种 (*Paracaudina* sp. FM-2010) 以 65% 的置信度聚为一枝, 但不与芋参目芋参科的 3 条序列成群。

3 讨论

3.1 形态特征

海参触手形状在分类上很重要, 是分目的重要依据, 分为枝形触手、楯形触手、羽形触手和指形

触手等, 触手可伸展可收缩^[1]。海地瓜的指形触手在酒精样本里常为收缩状态。

海参咽部围有一个环状的石灰质板, 称为石灰环, 它对于支持咽部、神经环和水管系统具有重要作用, 它的形态和大小随种类而异, 在分类上意义很大^[1]。典型的石灰环由 5 个辐板和 5 个间辐板借结缔组织愈合而成, 复杂石灰环的辐板常有成对的后延部, 海地瓜属于此类型。

波里氏囊是海参类水管系统的一部分, 是膨胀的贮水器官, 有圆、卵圆或长瓶形^[1]。芋参目的波里氏囊数目为 1 个, 如海地瓜; 无足目的波里氏囊的数目在 1 个以上, 如棘刺锚参 (*Protankyra bidentata*) 有 3~6 个^[1]。

呼吸树是海参类特有的呼吸器, 但只见于枝手目、楯手目和芋参目^[1]。海地瓜属于芋参目, 拥有发达的呼吸树。

海地瓜为雌雄异体动物, 在非生殖季节时性腺通常为橙黄色, 其性腺在性成熟时体积增大, 雄性成熟性腺呈淡黄色, 雌性成熟性腺呈粉橘色^[3]。

3.2 骨片

海参体壁真皮的表层里包含有称之为骨片或骨针的内骨骼, 其化学成分为碳酸钙, 是海参纲最重要的特征, 仅极少数海参体壁内没有骨片。海参骨片的形状、大小随种类而异, 并且十分稳定, 故在海参分类上是最重要的依据^[1,13-14]。

目前《中国动物志: 棘皮动物门 (海参纲)》中记录的海地瓜属仅 2 种, 为海地瓜和白肛海地瓜 (*Acaudina leucoprocta*), 二者在骨片上有明显差异。廖玉麟描述白肛海地瓜成年个体体壁内骨片主要为卵圆形板, 而海地瓜成年个体骨片以哑铃体为主^[1]。对比本研究样本的骨片观察结果 (主要为哑铃体), 本文认为福建福鼎海域采集到的海参为海地瓜, 而非白肛海地瓜。

张凤瀛等描述的海地瓜骨片类型有哑铃体、杆状体、穿孔板和扣状体^[4], 廖玉麟提出的类型有哑铃体、杆状体、穿孔板、环形体及花纹样体^[1], 而本研究观察到的海地瓜骨片类型有哑铃体、杆状体、穿孔板、环形体、颗粒体和 C 形体。对比可知, 本研究观察到了两种新的骨片类型, 即颗粒体和 C 形体。此外, 不同研究者的观察结果存在差异, 这种现象提示不同产地海地瓜的骨片形态存在细微差别的可能。

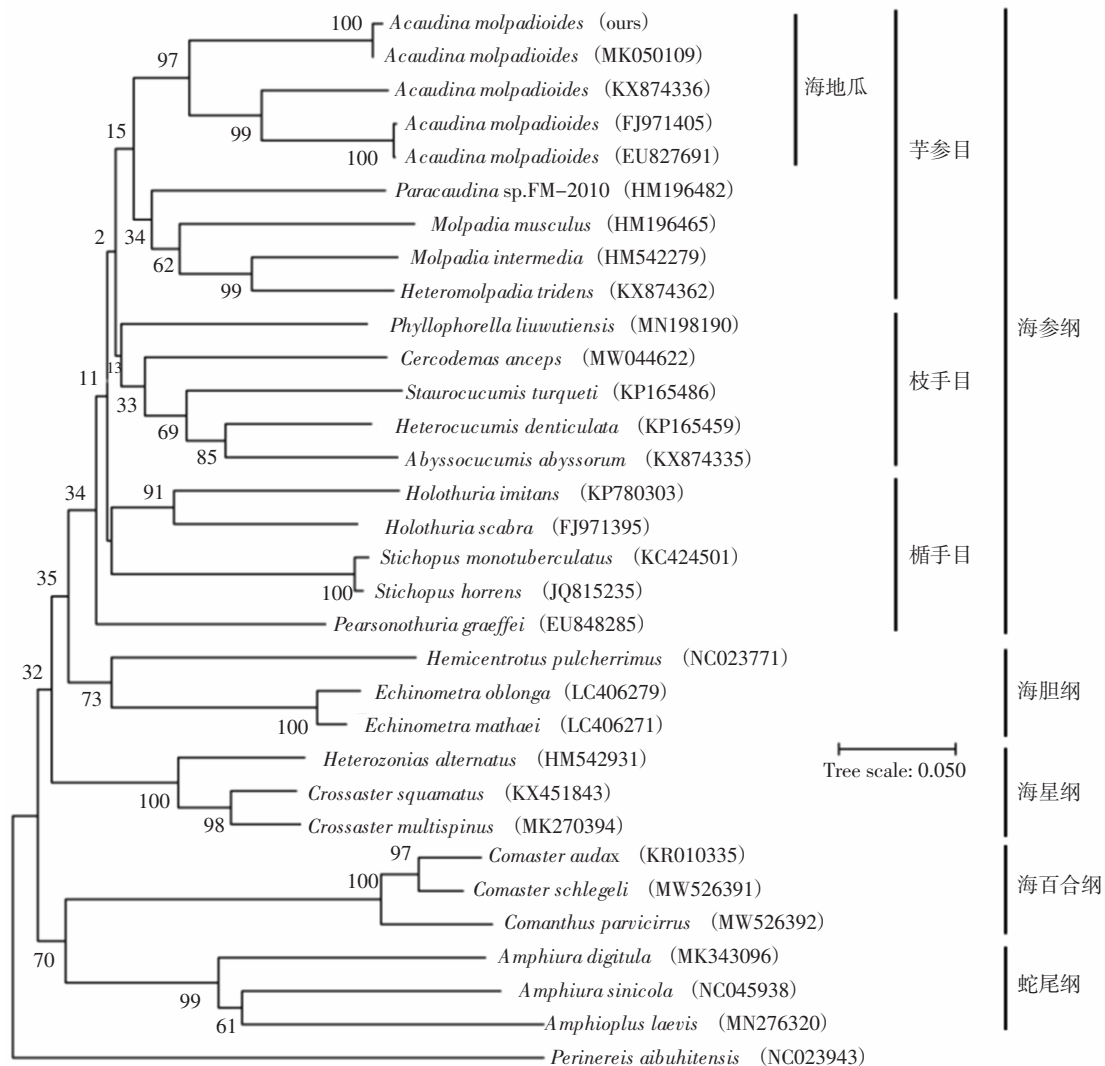


图4 基于 mtCO I 序列构建的 NJ 系统发育树

注：双齿围沙蚕（*Perinereis aibuhitensis*）作为外群

廖玉麟认为海地瓜的骨片形态变化很大，不仅不同大小样本的骨片有差异，并且发现生活在不同底质粒度里的海地瓜骨片也有差别^[1]。廖玉麟认为体长 3~4 cm 的小标本，体壁一般没有骨片，或者仅在肛门疣内检出少量骨片；体长 7~8 cm 的标本，骨片以哑铃体为主；体长 13 cm 以上的标本出现较多的星形穿孔板。本研究用以骨片观察的海地瓜样本体长为 7~10 cm，骨片以哑铃体为主，与廖玉麟的描述相符。廖玉麟还提出生活在细粒度底质（如软泥底）的海地瓜，一般都没有骨片，或者骨片很少；生活在粗粒度底质（如泥沙、沙泥或沙底）的海地瓜骨片多且发达。本研究样本采集地的底质为黏土质粉砂（黏土 33.4%、粉砂 66.6%、砂 0%，

数据未公开），粒度较粗，海地瓜骨片丰富，符合廖玉麟的描述。

3.3 mtCO I 序列比较

在分子遗传距离方面，通常认为基于 mtCO I 基因的种内遗传差异小于 2%，而种以上各分类阶元的遗传距离没有统一的标准，且有交叉重叠。本研究获得的海地瓜 mtCO I 基因片段序列与 MK050109 序列的遗传差异为 0.4%，EU827691 序列和 FJ971405 序列的遗传差异为 0.2%，符合种内遗传差异水平。然而本研究获得序列与其他 3 条海地瓜 mtCO I 序列（EU827691、FJ971405、KX874336）的遗传差异在 16.1%~17.7% 间，超出种内遗传差异水平。

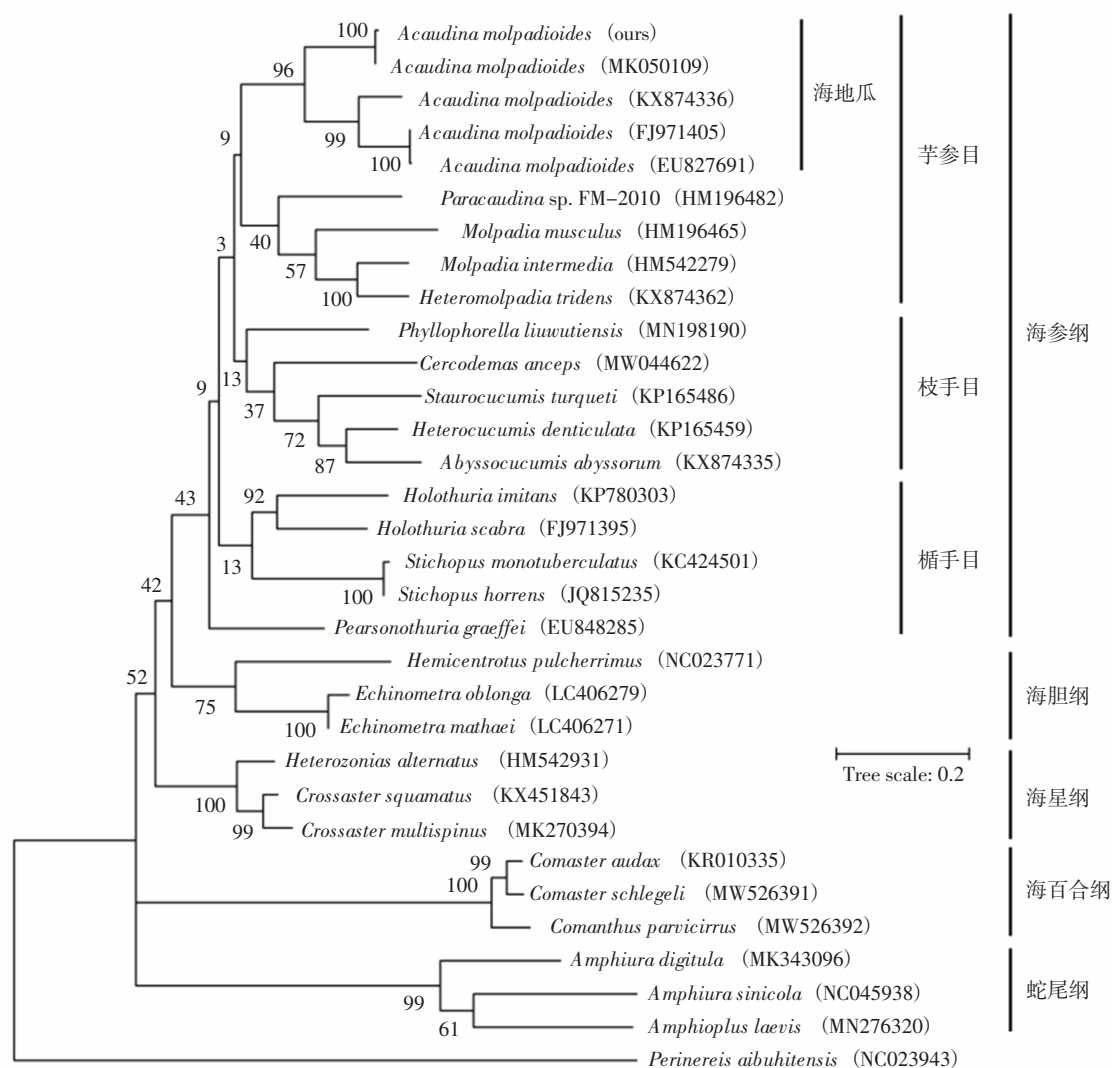


图 5 基于 mtCO I 序列构建的 ML 系统发育树

MK050109 序列的样本来自福建宁德海域^[15], 与本研究样本相同。EU827691 序列的样本采自浙江宁波海域^[16], FJ971405 序列的样本是在广州市场上购买的干品参^[17], KX874336 序列的样本采集地是澳大利亚西海岸^[10], 以上 3 条序列的相关报道中未见其对样本骨片形态的具体描述。

综上所述, 本文认为 MK050109 序列样本与本研究样本为相同物种, 即海地瓜。而 EU827691、FJ971405、KX874336 这 3 条 mtCO I 序列的物种命名还需要进一步论证。

3.4 系统发育分析

随着分子生物学的快速发展, 许多学者应用分子技术研究物种分类和系统发育, 可为传统形态学分类体系提供有力佐证, 或者以此提出新的分类方

式^[10,14]。

Wang 等选取棘皮动物 (4 种海参、1 种海胆、2 种海星、1 种海百合) 和模式生物 (斑马鱼、果蝇、小鼠等) 构建了基于线粒体基因组的 ML 系统发育树, 结果显示海地瓜与 4 种海参聚为一枝^[15]。由于该树只包含了 3 种楯手目和 1 种枝手目海参, 海参纲物种数量少, 因此仅支持海地瓜属于海参纲物种, 无法判断其更具体的分类地位。

本文选取了 26 种棘皮动物 mtCO I 基因片段序列用作海地瓜的系统发育分析, 涵盖了所有棘皮动物类别 (海参纲、海胆纲、海星纲、蛇尾纲、海百合纲), 其中包含了 14 种海参 (5 个楯手目、5 个枝手目和 4 个芋参目, GenBank 数据库中海参纲其余目几乎无 mtCO I 序列)。由 NJ 树和 ML 树

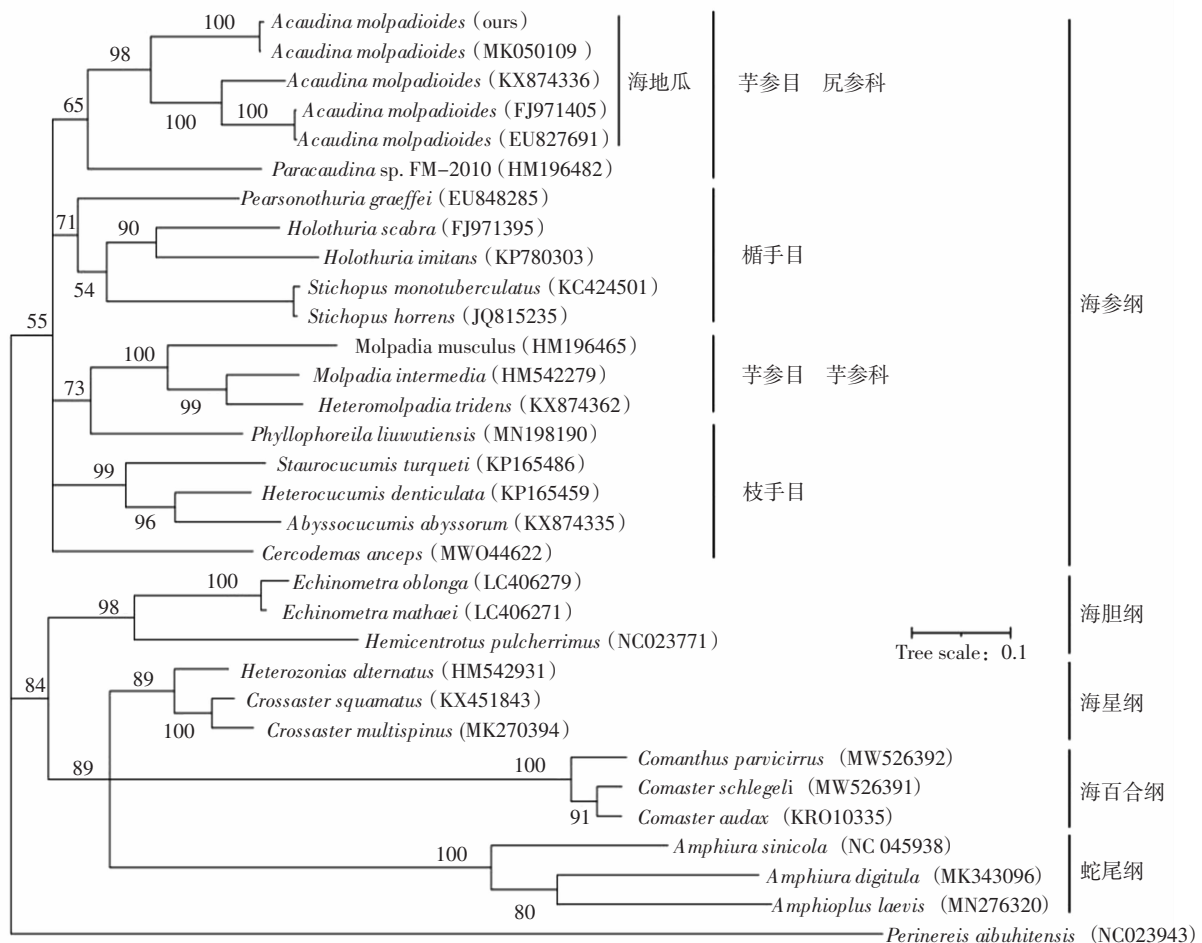


图6 基于 mtCO I 序列构建的贝叶斯树

(图4和图5)可知,海地瓜与芋参目物种聚为一枝,虽然置信度较低,但在一定程度上也支持了《中国动物志》中海地瓜属于海参纲芋参目的分类地位。Bayes树(图6)显示海地瓜与同为芋参目尻参科的海棒槌属以65%的置信度聚为一枝,但不与芋参目芋参科的3条序列成群。NJ树和ML树显示的芋参目低置信度以及Bayes树中芋参科和尻参科分属不同枝,说明芋参科和尻参科在mtCO I基因水平上的差异较大。

在《中国动物志:棘皮动物门(海参纲)》中芋参目仅记录2科,即芋参科和尻参科,而尻参科仅记录3属,为尻参属、海地瓜属和海棒槌属。因此本文认为基于mtCO I基因的系统进化树在一定程度上支持《中国动物志》中海地瓜的分类地位,即海地瓜属于海参纲芋参目尻参科。

目前 GenBank 数据库中收录的海参纲芋参目

线粒体基因序列还较少,随着数据库的不断丰富,将为海地瓜的系统发育提供更有力的证明。

致谢: 本研究分子生物学实验得到了中国水产科学研究院东海水产研究所李磊博士的帮助,特此感谢。

参考文献

- [1] 廖玉麟. 中国动物志: 棘皮动物门(海参纲)[M]. 北京: 科学出版社, 1997.
- [2] 吴彦农, 王娅琦, 侯秦脉, 等. 海洋异物堵塞核电厂取水系统事件的经验反馈[J]. 核安全, 2017, 16(1): 26-32.
- [3] 郑碧琪, 鲁超, 刘炜, 等. 福建北部海域海地瓜 (*Acaudina molpadioides*) 的性腺发育研究[J]. 海洋学报, 2021, 43(4): 133-140.
- [4] 张凤瀛, 廖玉麟, 吴宝铃, 等. 中国动物图谱: 棘皮动物[M]. 北京: 科学出版社, 1964.

- [5] 单懿. 应用线粒体序列对几种海参的初步鉴定和系统分类的研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2005.
- [6] 徐岩, 潘红平, 阎冰, 等. 基于线粒体 COI 和 16S rRNA 基因的中国沿海相手蟹系统发育研究[J]. 海洋学报, 2019, 41(8): 63–71.
- [7] 王博文, 郭东晖. 厦门湾伪镖水蚤科一新种——郑氏伪镖水蚤[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2019, 58(3): 375–381.
- [8] 易啸, 王攀攀, 王军, 等. 基于线粒体 CO I 的 DNA 条形码在对虾科种类鉴定中的研究[J]. 水产学报, 2018, 42(1): 1–9.
- [9] HUANG J H, ZHANG A B, MAO S L, et al. DNA barcoding and species boundary delimitation of selected species of Chinese Acridoidea (Orthoptera: Caelifera)[J]. PLoS One, 2013, 8(12): 1–17.
- [10] MILLER A K, KERR A M, PAULAY G, et al. Molecular phylogeny of extant Holothuroidea (Echinodermata)[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2017, 111: 110–131.
- [11] 张东, 李文祥, 高芳奎, 等. PhyloSuite 在多基因系统发育分析中的应用. Bio-101 e1010661. Doi: 10.21769/BioProtoc.1010661, 2021.
- [12] ZHANG D, GAO F, JAKOVLCIĆ I, et al. PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies[J]. Molecular Ecology Resources, 2020, 20(1): 348–355.
- [13] 文菁, 张吕平, 胡超群, 等. 中国热带 6 种海参骨片的种类和形态研究[J]. 海洋学报, 2009, 31(2): 139–145.
- [14] 李晓萌, 肖宁, 曾晓起, 等. 中国 13 种海参系统发育和骨片演化分析[J]. 中国水产科学, 2019, 26(3): 416–426.
- [15] WANG G L, LI X, WANG J H, et al. The complete mitochondrial genome and phylogenetic analysis of *Acaudina molpadioides*[J]. Mitochondrial DNA Part B, 2019, 4(1): 668–669.
- [16] 李慧, 李太武, 苏秀榕, 等. 海地瓜的分子分类学研究[J]. 水产科学, 2009, 28(12): 733–736.
- [17] WEN J, HU C Q, ZHANG L P, et al. Genetic identification of global commercial sea cucumber species on the basis of mitochondrial DNA sequences[J]. Food Control, 2011, 22(1): 72–77.

(本文编辑: 杨瑞)