

中国石莼属海藻新记录种——大野石莼(*Ulva ohnoi*)的形态与多基因标记分析

曾昭钧, 谢恩义, 崔建军

广东海洋大学, 广东 湛江 524088

摘要: 文报道了采自广西防城港和广东湛江的中国石莼属海藻一新记录种——大野石莼 *Ulva ohnoi* Hiraoka & S. Shimada 2004, 详细描述了其形态特征并进行了多基因标记分析。结果表明, 大野石莼具固着个体和漂浮个体, 藻体呈浅绿色, 长 15~60cm, 单生或丛生, 质脆, 易撕裂, 外观呈圆形、长卵形或不规则形; 藻体细胞表面观呈方形或多边形, 不规则排列, 边缘具齿状凸起; 藻体上部和中部相似, 细胞尺寸为 (10~20)×(5~15)μm, 厚度为 20~45μm; 藻体基部细胞近圆形, 尺寸为 (10~30)×(10~22)μm, 基部厚度为 70~90μm。 *rbcL* 和 *tufA* 基因序列分析结果显示, 采集的样本均与 GenBank 中的大野石莼序列聚在一支, 有高 Bootstrap 值与后验概率支持, 彼此间遗传距离为 0~0.1%。本研究丰富了我国石莼属的物种多样性, 强调了分子生物学技术在绿藻物种鉴定中的重要性, 为我国海藻资源保护及利用提供了基础分类学资料。

关键词: 大野石莼; 新记录种; 形态; 多基因标记; *rbcL*; *tufA*

A new record of *Ulva* species from China: morphological and multi-gene marker analysis of *Ulva ohnoi*

ZENG Zhaojun, XIE Enyi, CUI Jianjun

Guangdong Ocean University, Guangdong Zhanjiang 524088, China

Abstract: This study presents a novel record of the *Ulva* algae species, *Ulva ohnoi* Hiraoka & S. Shimada 2004, discovered in China, specifically from Fangchenggang in Guangxi and Zhanjiang in Guangdong. Detailed morphological characteristics are described, accompanied by a multi-gene marker analysis. The results indicate that *Ulva ohnoi* exhibits both attached and floating forms. The thallus is light green, with lengths ranging from 15 to 60 cm, and can be solitary or tufted. The tissue is brittle and prone to tearing, displaying shapes such as round, ovate, or irregular. The surface cells of the thallus are square or polygonal, arranged irregularly, with jagged protrusions along the edges. The upper and middle parts of the thallus exhibit similar cell dimensions of (10~20)×(5~15)μm and a thickness of 20~45μm. In contrast, the basal cells are nearly round, measuring (10~30)×(10~22)μm (corrected range for clarity), with a thickness of 70~90μm. Analysis of the *rbcL* and *tufA* gene sequences revealed that the samples collected in this study are genetically identical to the type specimens of *Ulva ohnoi*, supported by high bootstrap values and posterior probabilities. This study enhances the species diversity of the *Ulva* genus in China, underscores the significance of molecular biology techniques in identifying green algae species, and provides essential taxonomic data for the conservation and utilization of marine algae resources in China.

Key words: *Ulva ohnoi*; New record species; Morphology; Multi-gene markers; *rbcL*; *tufA*

石莼属(*Ulva*)隶属于绿藻门(Chlorophyta)、石莼纲(Ulvophyceae)、石莼目(Ulvales)、石莼科(Ulvaceae), 该属种类广泛分布于全球海洋及淡水生态系统(Guiry et al, 2025), 是中国沿海常见的大型绿藻。石莼属藻类具有重要的生态及经济价值(Mantri et al, 2020)。其生长速度快、野外生物量大, 是沿海生态系统中的重要初级生产者(Wichard et al, 2015); 其营养丰富, 食用价值高(林月等, 2019; Hofmann et al, 2024), 也常作为水产动物养殖的饲料(赵瑞祯, 2012)。此外, 随着研究的深入, 该属物种在医药(Li et al, 2018)、生态养殖(王萍等, 2010)、环境修复(胡劲召等, 2017)及生物燃料(Farobie et al, 2022)等领域的应用潜力也逐渐被开发。根据 AlgaeBase(www.algaebase.org)的信息, 目前全球石莼属共有 100 个有效种, 是石莼目中物种数量最多的属(Guiry et al, 2025)。其中中国记录有 20 余种, 而《中国海藻志》记录了 18 种(丁兰平, 2013)。

21 世纪之前, 石莼属物种的分类鉴定主要依赖形态学方法。然而, 石莼属物种的形态简单且具较高可塑性, 这使得传统的形态学方法往往无法准确识别物种, 导致了大量物种被错误鉴定, 属内物种相互混淆 (Tanner, 1980; Cui et

al, 2018; Tran et al, 2022)。根据 AlgaeBase 数据库最新收录数据(截至 2024 年), 石莼属已登记物种及种下分类单元(含种、亚种、变种及变型)命名记录超过 600 条, 但其中仅有不到总数的 1/6 得到了承认(Guiry et al, 2025)。近年随着分子生物学技术的普及, DNA 条形码技术被广泛应用于石莼属物种的分类鉴定, 显著完善了该属的分类系统, 许多分类学错误已被纠正(Hughey et al, 2021; Tran et al, 2022; Rathod et al, 2023), 更多的石莼属新种也在全球范围内被陆续发现(Kang et al, 2022; Carneiro et al, 2023; Steinhagen et al, 2023; Tran et al, 2023)。近年我国也报道了多个新物种及新记录种, 例如, Chen 等(2015)在山西省发现了淡水石莼新种 *U. shanxiensis*; 王静等(2015)在山东烟台调查绿潮时发现新记录种 *Ulva laetevirens*; Xie 等(2020)在一项研究中鉴定了包括 *U. simplex*、*U. splitiana*、*U. partita*、南方浒苔(*U. meridionalis*)、*U. tepida* 和 *U. chaugulii* 在内的 6 个新记录种; Wei 等(2022)报道了以孤雌生殖扩大种群的新记录种加州石莼(*U. californica*)。这些研究表明国内石莼属藻类的分类学研究尚存在较大的发展空间。

本团队在 2024 年和 2025 年 3 月在广西壮族自治区防

基金项目: 科技部国家重点研发项目 (2024YFD2401804); 国家重点研发计划重点专项(2022YFD2401303); 宁波市 2023 重大科技攻关暨揭榜挂帅项目 (2023ZJ118)

作者简介: 曾昭钧(2001—), 男, 广西壮族自治区南宁市人, 硕士研究生, 从事大型海藻资源开发与利用研究。email: zeng200138@163.com

通信作者: 崔建军, email: cuijianjun29@163.com

Foundation item: The National Key R&D Program of China (2024YFD2401804); National Key Research and Development Program of China (2022YFD2401303); 2023 Major Science and Technology Research and Launch Project of Ningbo City (2023ZJ118);

Corresponding author: CUI Jianjun. email: cuijianjun29@163.com

城港市和广东省湛江市沿岸大型海藻野生资源调查中,发现了形态特征差异明显的多个石莼属藻类样品。为进一步确定其分类学地位,本研究对其进行了形态学及多基因(*rbcL*, *tufA*)标记分析。经鉴定,该样品为大野石莼(*U. ohnoi*),为中国新记录种。本研究丰富了我国石莼属的物种多样性,强调了分子生物学技术在绿藻物种鉴定中的重要性,为我国海藻资源保护及利用提供了基础分类学资料。

1 材料与方法

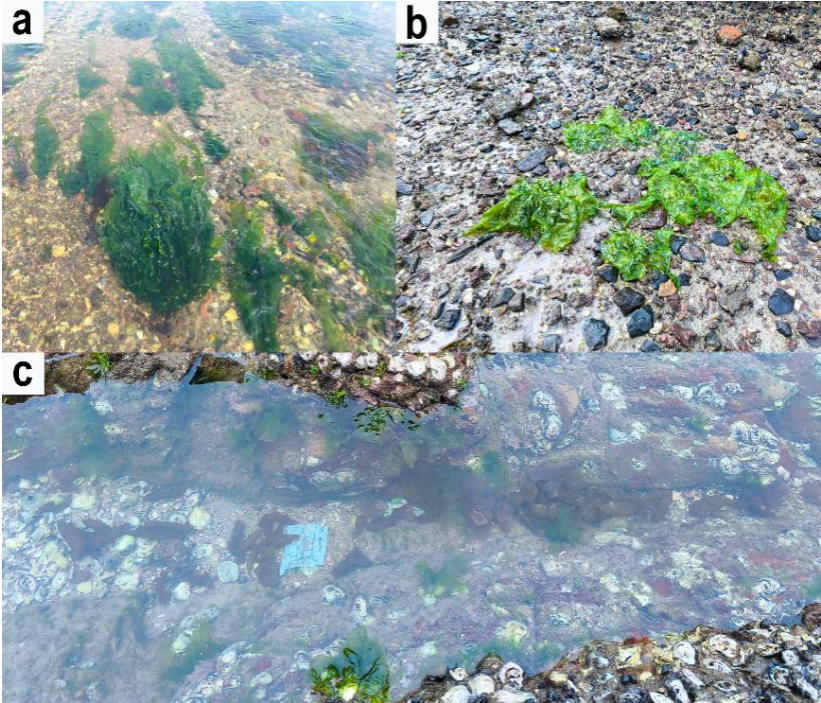


图1 大野石莼栖息地环境
a. 湛江特呈岛, 固着于石块或贝壳上的大野石莼; b. 湛江特呈岛, 被冲至岸边的漂浮个体; c. 防城港怪石滩, 生长在潮汐池中的个体。

Fig.1 *Ulva ohnoi* habitat environment

a. *U. ohnoi* attached to rocks or shells at Techeng Island, Zhanjiang, Guangdong Province; b. Floating individuals of *U. ohnoi* washed ashore on Techeng Island, Zhanjiang; c. *U. ohnoi* specimens growing in a tidal pool at Guaishi Beach, Fangchenggang, Guangxi Province.

1.2 形态学观察

挑选 30 株状态良好且较完整的个体, 参照《中国海藻志》(丁兰平, 2013)中的描述方法, 记录样品的形态学特征, 包括藻体的外观、色泽、质地和边缘是否有锯齿状结构等。用光学显微镜(Olympus CX33, 东京, 日本)观察并拍摄藻体上部、中部和基部的细胞形态及大小等特征, 并制作腊叶标本保存。完成形态学观察后, 从中随机挑选 10 株样本(其中防城港样本 4 株, 湛江样本 6 株), 取 50mg 组织, 置于-20℃冷冻保存, 供后续 DNA 提取使用。

1.3 分子序列分析

基因组 DNA 提取采用生工生物工程(Shanghai Sangon Biotech)提供的植物基因组 DNA 快速抽提试剂盒(50/100 次反应套装, 产品编号 B518231), 按照制造商说明操作。选

表 1 引物信息

Tab.1 Primer Information

基因区域	引物名称及序列	参考文献
<i>rbcL</i>	RH1 (5'-ATGTCACCACAAACAGAACTAAAGC-3')	Manhart, 1994
	1385r (5'-AATTC AAATTTAATTTCTTTCC-3')	
<i>tufA</i>	tufGF4 (5'-GGNGCNGC NCAATGGAYGG-3')	Famà et al, 2002
	tufAR (5'-CCTTCNCGAATMGCRAAWCGC-3')	

1.1 材料来源

大野石莼样本于 2024 年和 2025 年 3 月分别采集自广西壮族自治区防城港市防城区怪石滩 (21°29'57"N, 108°13'15"E) 和广东省湛江市特呈岛 (21°9'10"N, 110°26'40"E)沿岸, 样本栖息地环境见图 1。采集的样本在 4 小时内运送至广东海洋大学藻类资源开发与养殖环境生态修复实验室。样本在经过消毒海水清洗, 去除表面砂砾、杂藻等杂质后,用于后续形态学记录和分子分析。

择目前国际上常用于石莼属分类鉴定的两个基因标记 (Tran et al, 2022): 叶绿体大亚基 (Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, *rbcL*) 基因和延伸因子 Tu (elongation factor Tu, *tufA*) 基因用于分子分析, 各基因标记的引物信息见表 1。PCR 扩增使用 Bio-Rad C1000™热循环仪进行, 反应体系(总体积 20μL)包括: DNA 模板(1μL, 约 50ng·μL⁻¹)、2×SanTaq PCR Mix(10μL)、正向与反向引物(各 1μL)以及灭菌双蒸水 7μL, PCR 程序参数(Bachoo et al, 2023)见表 2。PCR 扩增产物经 1%琼脂糖凝胶电泳检测后, 送至广州生工公司进行克隆与测序, 获得拼接后的序列数据。序列已上传至 NCBI 数据库, 具体信息见表 3。

表 2 PCR 程序参数
Tab.2 PCR Program Parameters

基因区域	预变性	变性	退火	延伸	循环数	最终延伸
<i>rbcl</i>	95°C 6 min	95°C 1 min	45°C 1 min	72°C 1 min	35	72°C 10 min
<i>tufA</i>	94°C 4 min	95°C 1 min	45°C 30 s	72°C 1 min	35	72°C 7 min

表 3 本研究新扩增的序列信息
Tab.3 The newly expanded sequence information of this study

样本编码	采集地点	采集日期	<i>rbcl</i> 基因序列号	<i>tufA</i> 基因序列号
FCG001	广西防城港	2025-3-1	PV282387	/
FCG002	广西防城港	2025-3-1	PV282388	PV366677
FCG003	广西防城港	2025-3-1	PV282389	PV366678
FCG004	广西防城港	2025-3-1	/	/
ZJ001	广东湛江	2024-3-25	PV282390	/
ZJ002	广东湛江	2025-3-4	PV282391	PV366679
ZJ003	广东湛江	2025-3-4	/	PV366680
ZJ004	广东湛江	2025-3-4	/	PV366681
ZJ005	广东湛江	2025-3-4	/	PV366682
ZJ006	广东湛江	2025-3-4	/	PV366683

“/”表示序列未扩增成功

序列比对采用 NCBI BLAST 进行, 结合现有分类学文献筛选 NCBI 数据库中的可靠序列用于系统发育分析。使用 BioEdit v7.2.6.1 软件进行序列比对与校正(Hall, 1999), MEGA v11.0 软件进行序列特征分析(Tamura et al, 2004), 并通过 Modeltest v3.7 软件筛选最优进化模型(Posada et al, 2004)。使用软件 MEGA v11.0 构建最大似然法(Maximum Likelihood, ML)和邻接法(Neighbor-Joining, NJ)系统进化树(Tamura et al, 2021), 构建 ML 树时选用 GTR+G+I 进化模型, 构建 NJ 树时使用 Kimura two-parameter 模型, Bootstrap 重复 1000 次。软件 MrBayes v3.1.2 用于构建贝叶斯(Bayesian Inference, BI)进化树(Ronquist et al, 2003), 设定运行代数 1000000 代, 抽样频率 1000 代, 丢弃前 25% 的树, 计算剩余树中 50% 的多数一致树。序列间的遗传距离在软件 MEGA v11.0 中使用 Kimura two-parameter 模型计算。

2 结果

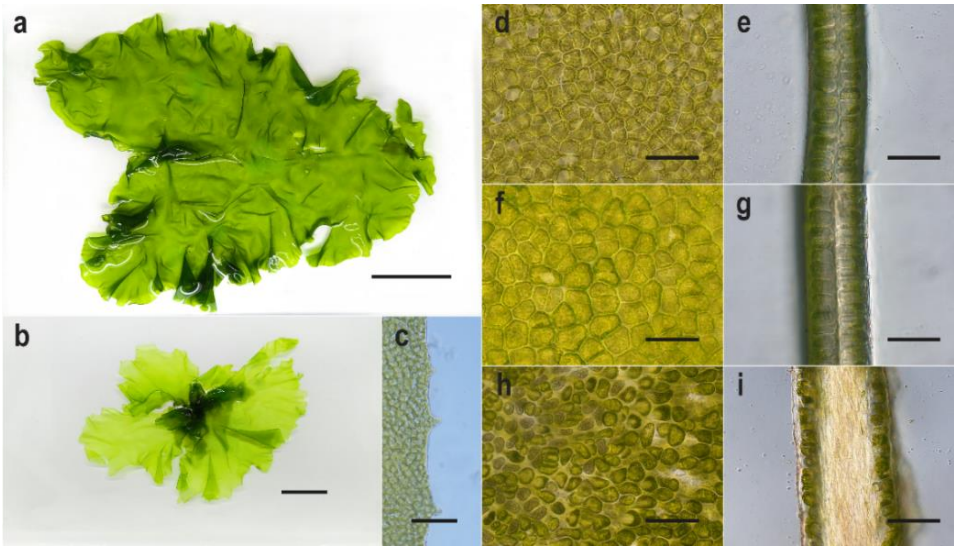


图 2 大野石莼的形态学

a. 湛江个体; b. 防城港个体; c. 藻体边缘具齿状结构; d. 藻体上部表面观; e. 藻体上部切面观; f. 藻体中部表面观; g. 藻体中部切面观; h. 藻体基部表面观; i. 藻体基部切面观; 图中比例尺长度分别为 5cm (a)、2cm (b)、100μm (c, h)、50μm(d, f, i)、20μm(e, g, h)

Fig.2 Morphology of *Ulva ohnoi*

a. *U. ohnoi* specimen from Zhanjiang, Guangdong Province; b. *U. ohnoi* specimen from Fangchenggang, Guangxi Province ; c. Dentate structures at the margin of the thallus; d. Surface view of the upper thallus region; e. Cross-sectional view of the upper thallus region; f. Surface view of the mid-thallus region; g. Cross-sectional view of the mid-thallus region; h. Surface view of the basal thallus region; i. Cross-sectional view of the basal thallus region. Scale bars: 2 cm (a), 100 μm (c), 20 μm (d, f), 50 μm (e, g, h, i).

标本编号: FCG001-003, 由曾昭钧于 2025 年 3 月 1 日采集于广西壮族自治区防城港市怪石滩景区; ZJ002-004, 由曾昭钧于 2025 年 3 月 4 日采集于广东省湛江市特呈岛。标本保存于广东海洋大学藻类资源开发与利用实验室。

2.2 多基因标记分析

系统发育树以 *Umbraulva olivascens*、*Percursaria percursa*、*Ulvaria obscura* 和 *Gemina letterstedtioidea* 为外群。用于构建 *rbcL* 系统发育树的序列共 29 条, 5 条为本研

究新扩增序列, 其序列最终长度为 1053bp, 保守位点为 908bp, 变异位点为 145bp, 简约信息位点为 84bp。用于构建 *tufA* 系统发育树的序列共 26 条, 7 条为本研究新扩增序列, 其序列最终长度为 730bp, 保守位点为 579bp, 变异位点为 150bp, 简约信息位点为 76bp。基于 NJ 法、ML 法和 BI 法构建的系统发育树拓扑结构相似, 故本文仅展示 NJ 法系统发育树。

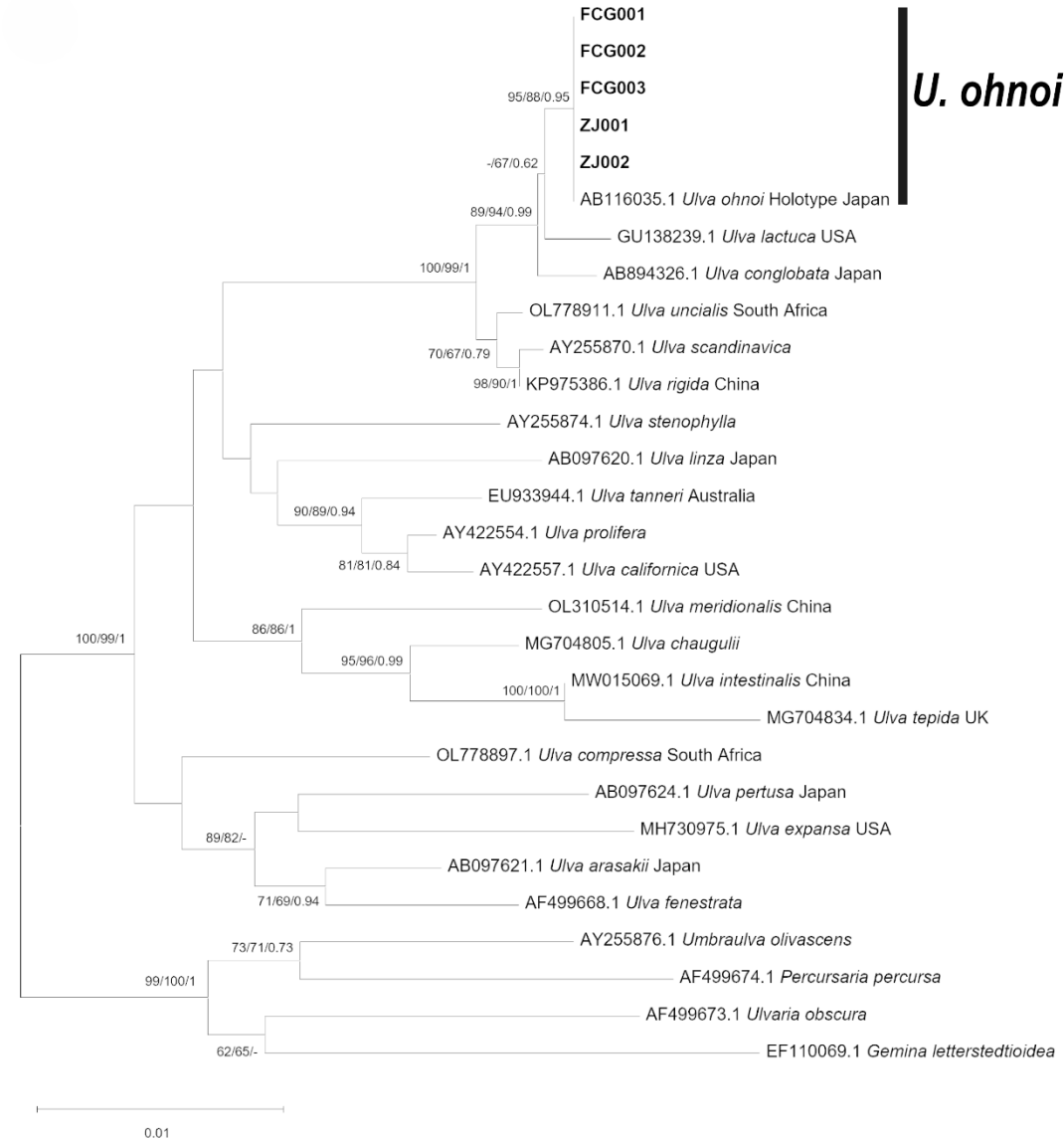


图 3 基于 *rbcL* 基因构建的邻接树
图中粗体为本研究新扩增序列, 节点旁的数值从左到右分别为 NJ、ML 的 Bootstrap 值和 BI 的后验概率, 仅展示 Bootstrap 值 $\geq 60\%$ 后验概率 ≥ 0.6 的节点数值

Fig.3 Neighbor-joining tree based on *rbcL* genes
Boldface indicates newly amplified sequences generated in this study. Values adjacent to nodes represent (from left to right): Bootstrap support values for NJ and ML analyses, and Bayesian posterior probabilities for BI analysis. Values are shown only for nodes with Bootstrap support $\geq 60\%$ (NJ/ML) and posterior probability ≥ 0.6 (BI).

结果表明, 在 *rbcL* 系统发育树中(图 3), 本研究新扩增的 5 条序列(FCG001-003, ZJ001-002)为同一类群, 它们与来自日本的大野石莼模式标本序列(AB116035.1)聚在同一分支, 有高 Bootstrap 值和后验概率支持(95/88/0.95), 这 6 条序列间无碱基序列差异, 彼此间遗传距离为 0。在 *tufA* 系

统发育树中(图 4), 本研究新扩增的 7 条序列(FCG002-003, ZJ002-006)也为同一类群, 它们与来自韩国、科威特、澳大利亚和厄瓜多尔的大野石莼序列聚在同一分支, 有高 Bootstrap 值和后验概率支持(99/100/1), 彼此间遗传距离为 0~0.1%。

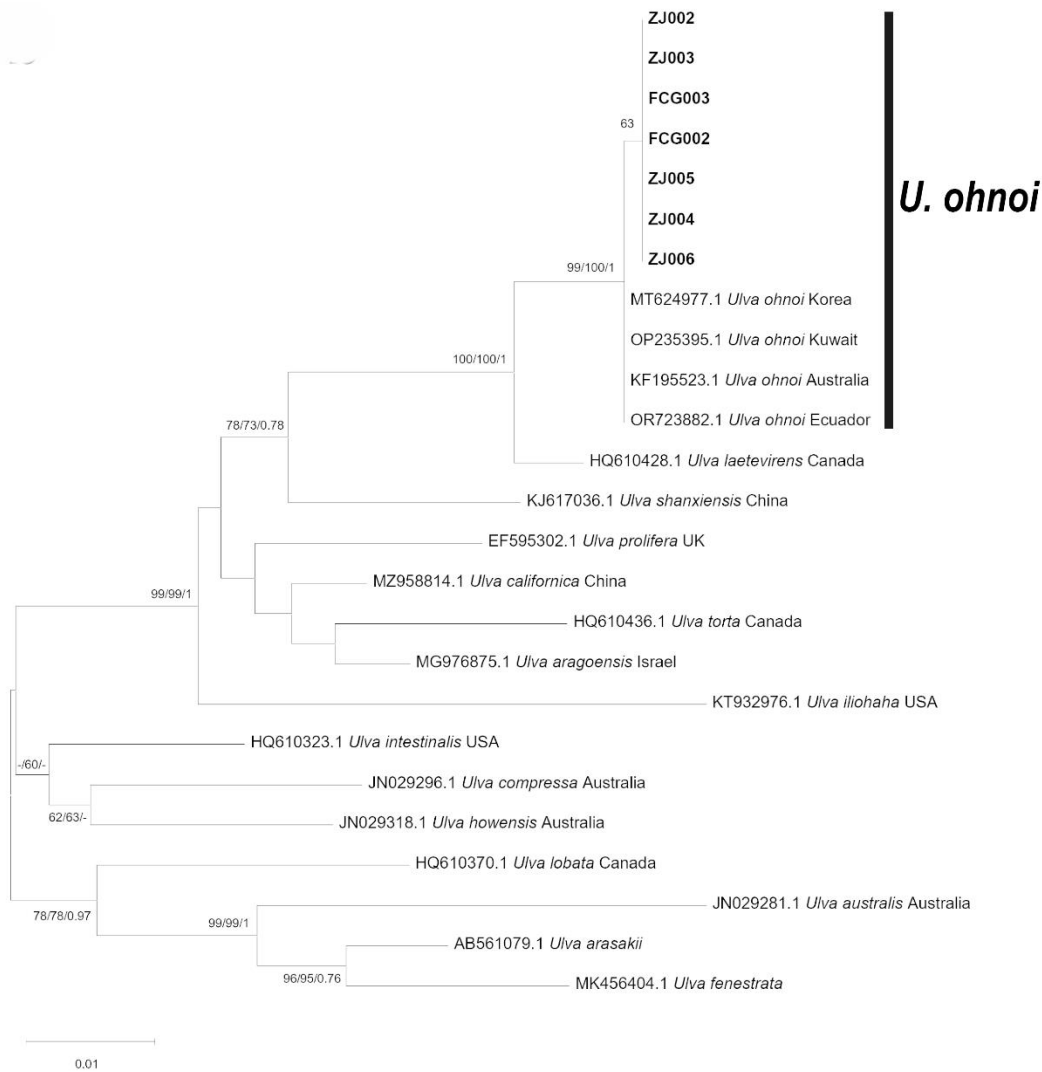


图 4 基于 *tufA* 基因构建的邻接树

图中粗体为本研究新增序列，节点旁的数值从左到右分别为 NJ、ML 的 Bootstrap 值和 BI 的后验概率，仅展示 Bootstrap 值 $\geq 60\%$ 后验概率 ≥ 0.6 的节点数值

Fig.4 Neighbor-joining tree based on *tufA* genes

Boldface indicates newly amplified sequences generated in this study. Values adjacent to nodes represent (from left to right): Bootstrap support values for NJ and ML analyses, and Bayesian posterior probabilities for BI analysis. Values are shown only for nodes with Bootstrap support $\geq 60\%$ (NJ/ML) and posterior probability ≥ 0.6 (BI).

3 讨论

日本藻类学家大野正雄博士(Masao Ohno)于 1988 年首次发现并研究了大野石莼(当时暂时命名为 *Ulva* sp.), 并对其生态及生理特性进行了初步分析(Ohno, 1988)。随后, Hiraoka 等(2004)在研究绿潮暴发种时对该物种进行了进一步的研究, 通过形态学、分子数据及杂交实验确认其为新种, 并以大野博士的姓氏命名该物种, 以示纪念。该物种的模式产地为日本高知县土佐市土佐湾。在原始命名文献中(Hiraoka et al, 2004), 大野石莼同样被分为漂浮个体与固着个体两种形态。固着个体高 20~30cm, 外观呈圆形或卵形, 浅绿色, 脆弱易撕裂, 藻体上部常出现裂缝, 藻体边缘常具齿状结构; 藻体中上部厚度为 30~55 μm , 而基部厚度为 80~90 μm ; 藻体细胞表面观呈四方形或多边形, 不规则排列, 上部和中部细胞尺寸为(14~20) \times (7~15) μm , 基部细胞为圆形, 尺寸为(14~30) \times (12~20) μm 。漂浮个体的高度可超过 50cm, 无基部部分, 其余部分与固着个体相似。本研究

于湛江特呈岛采集的大野石莼固着及漂浮个体, 形态特征与原始命名文献(Hiraoka et al, 2004)中的描述高度一致。在防城港怪石滩潮汐池发现的样本个体普遍较小, 推测是环境压力导致了石莼属物种的形态变化, Ng 等 (2024)在新加坡调查时就发现了大野石莼形态高度可变, 达 5 种形态型。潮汐池中水流较弱或几乎无流动, 导致水气交换不足, 这对藻类的生长产生了不利影响(Parker, 1981; 曾昭钧等, 2025), 似乎是防城港个体较小的原因。

Hiraoka 等(2004)的原始命名文献不仅提供了大野石莼较详细的形态学描述, 还测得了该物种模式标本的 *rbcL* 序列信息, 为后来学者对该物种的准确鉴定提供了重要的分子依据。在本研究构建的 *rbcL* 基因系统发育树中, 采自广西防城港和广东湛江的样本序列均属于同一类群, 它们与日本大野石莼的模式标本序列聚在同一进化支, 且有高 Bootstrap 值和后验概率支持(95/88/0.95), 这些序列间无碱基序列差异, 彼此间的遗传距离为 0。在 *tufA* 基因系统发

育树中, 尽管缺乏与模式标本序列的比对, 但本研究新扩增的 7 个序列与来自韩国、科威特、澳大利亚等地的大野石莼序列聚在一支, 有高 Bootstrap 值和后验概率支持 (99/100/1), 彼此间的遗传距离仅为 0~0.1%。综上所述, 经过较详细的形态学比对和多基因标记分析, 可确定本研究采集的样本为大野石莼。

自 2004 年大野石莼命名以来, 该物种在过去 20 年间陆续在全球范围内被记录, 并且已在多个地区形成绿潮。例如, 2004 年至 2010 年, 大野石莼先后在韩国(Bae, 2010)和夏威夷群岛(O'Kelly et al, 2010)被发现; 而 2011 至 2020 年间, 记录地点已扩展至欧洲(Cormaci et al, 2014)、非洲(Melton et al, 2016)、美洲(Melton et al, 2016; Miladi et al, 2018; Pedroche et al, 2020)、澳洲(Kirkendale et al, 2013)、中东(Pirian et al, 2016; Krupnik et al, 2018)和南亚(Kazi et al, 2016)各国; 在过去五年中, 该物种又在东南亚等地(Gabrielson et al, 2024; NG et al, 2024)有新的记录。在各地的文献中, 大野石莼普遍被描述为“入侵”或“外来”物种(Krupnik et al, 2018; Miladi et al, 2018)。Yabe 等(2009)提出, 全球气候变暖和海水富营养化加剧是大野石莼种群扩散和绿潮暴发的关键。Zanolla 等(2019)的研究进一步证实了这一点, 他们发现大野石莼具有极高的耐热性, 其最适生长温度为 27~31℃, 这一温度范围比孔石莼(*U. pertusa*)更能促进其扩散。Krupnik 等(2018)在以色列的调查发现, 当地海水温度比过去 20 年上升了 3℃, 导致大野石莼等非本地物种变得更加常见。大野石莼在中国的首次报道来源于陈先锋(2015)对来自韩国釜山的船舶压舱水进行宏基因组 DNA 检测时, 发现了包括大野石莼在内的多种入侵藻类(当时仅有分子数据, 没有进行形态学描述及正式记录)。然而, 鉴于大野石莼在全球范围内的广泛分布以及其形态的高度可塑性, 且本研究已在广西、广东两地发现该物种, 在湛江特呈岛已连续两年均有发现, 我们推测大野石莼在我国首次被发现并非物种入侵所致, 而是该物种可能与石莼(*U. lactuca*)和浒苔(*U. prolifera*)等类似, 属于全球分布的物种。NG 等(2024)的调查发现, *U. ohnoi* 存在网状、小叶片状、大叶片状及丝状等形态型, 彼此间形态差异较大, 在过去被错误识别为多个物种。在我国, 大野石莼可能早已存在, 但由于其形态与其他石莼属物种相似, 长期未被识别和记录。在进行分子系统发育分析之前, 我们曾误将该物种认定为石莼。我国的其他石莼属物种同样存在被误鉴定的情况, 例如 Hiraoka 等(2017)的研究就发现, NCBI 数据库中来自我国的曲浒苔(*U. flexuosa*)序列均与来自欧洲模

式产地的曲浒苔序列明显不一致, 这很可能是由于形态学鉴定错误, 错误的物种名称被上传至数据库, 目前尚无分子证据支持我国存在曲浒苔的分布。这突显了分子生物学技术在藻类分类和鉴定中的重要性, 也反映出我国石莼属藻类分类学研究仍不完善, 需进一步深入开展相关工作。

作为全球绿潮形成的主要物种之一, 大野石莼自发现以来便受到学术界广泛关注, 在谷歌学术数据库中, 相关研究文献已百余篇, 这些研究不仅涉及绿潮的相关探讨, 还包括该物种在各领域的应用潜力。例如, Prabhu 等(2019)的研究指出, 大野石莼的干重淀粉含量可达 21.44%, 离岸规模化养殖的每公顷大野石莼每年可产 3.43t 淀粉, 为可持续淀粉供应提供了新方案; 与其他石莼属物种一样, 大野石莼在水产养殖领域可作为各种水产动物的饲料(Magnusson et al, 2019; de Lima Santos et al, 2024); 在医药领域, 从大野石莼中提取的多糖可作为营养保健品或疫苗佐剂(Ponce et al, 2020), 而提取的精油有很强的抗炎症作用(Kang et al, 2021); 在农业领域, Espinosa-Antón 等(2024)的研究表明, 大野石莼粉可起到改善土壤的作用, 进而促进番茄的生长; 此外, 大野石莼在清洁能源生产(Perumal et al, 2024)及生物修复(Bastos et al, 2019)等新兴领域也展现出了潜在的应用价值。基于大野石莼的耐高温特性(Krupnik et al, 2018; Zanolla et al, 2019; Nakamura et al, 2020), 其有在我国南部沿海进行规模化栽培的潜力。大野石莼在我国的首次记录, 有望为我国海藻资源的开发与利用提供新的种质资源。

4 结论

本文通过形态学及分子分析相结合的方法, 鉴定了采集自广西防城港和广东湛江的一种石莼属物种。形态方面, 该种具固着个体和漂浮个体, 藻体呈浅绿色, 长 15~60cm, 单生或丛生, 质脆, 易撕裂, 外观呈圆形、长卵形或不规则形; 藻体细胞表面观呈方形或多边形, 不规则排列, 边缘具齿状凸起; 藻体上部和中部相似, 细胞尺寸为(10~20)×(5~15)μm, 厚度为 20~45μm; 藻体基部细胞近圆形, 尺寸为(10~30)×(10~22)μm, 基部厚度为 70~90μm。*rbcL* 和 *tufA* 基因序列分析结果显示, 采集的样本均与 GenBank 中的大野石莼序列聚在一支, 有高 Bootstrap 值与后验概率支持, 彼此间遗传距离为 0~0.1%。综上可确定采集的样本为中国新记录种: 大野石莼(*Ulva ohnoi* Hiraoka & S. Shimada 2004)。本研究丰富了我国石莼属的物种多样性, 强调了分子生物学技术在绿藻物种鉴定中的重要性, 为我国海藻资源保护及利用提供了基础分类学资料。

参考文献 References

- 陈先锋, 2015. 有害藻类快检技术研发及其在压舱水和港口水检测中的应用 [D]. 浙江: 宁波大学. CHEN XIANFENG, 2015. Development of rapid molecular detection methods for harmful algal species and its application in the ballast water and port's water [D]. Zhejiang: Ningbo University (in Chinese with English abstract).
- 丁兰平, 2013. 中国海藻志 第二卷 第一册 丝藻目 胶毛藻目 褐藻目 石莼目 溪菜目 刚毛藻目 顶管藻目 [M]. 北京: 科学出版社 (in Chinese).
- 胡劲召, 胡鑫鑫, 刘成前, 等, 2017. 石莼修复富营养化海水的实验研究 [J]. 江汉大学学报 (自然科学版), 45(5):395-399. HU

- JINGZHAO, HU XINXIN, LIU CHENGQIAN, et al, 2017. Bioremediation of Eutrophic Sea Waters with *Ulva Pertusa* [J]. Jiangnan Univ. (Nat. Sci. Ed.), 45(5):395-399 (in Chinese with English abstract).
- 林月, 沈照鹏, 宗雯雯, 等, 2019. 石莼(*Ula lactuca* L.)营养成分及多糖组成分析 [J]. 食品工业科技, 40(17):304-308, 313. LIN YUE, SHEN ZHAOPENG, ZONG WENWEN, et al, 2019. Analysis on Nutritional Component and Polysaccharide Composition of *Ulva lactuca* L [J]. Science and Technology of Food Industry, 40(17):304-308, 313 (in Chinese with English abstract).
- 王静, 王毅超, 王洪淑, 等, 2021. 我国新记录绿潮物种 *Ulva*

- laetevirens* 的比较叶绿体基因组学研究[J]. 海洋与湖沼, 52(05):1201-1213. WANG JING, WANG YICHAO, WANG HONGSHU, et al, 2021. COMPARATIVE CHLOROPLAST GENOME ANALYSIS OF NEW-GREEN TIDE CAUSATIVE SPECIES IN CHINA: *ULVA LAETEVIRENS* [J]. OCEANOLOGIA ET LIMNOLOGIA SINICA, 52(05):1201-1213 (in Chinese with English abstract).
- 王萍, 吴常文, 钟贞贞, 2010. 石莼对褐菖鲉养殖水体的生态作用[J]. 南方水产, 6(3):63-67. WANG PING, WU CHANGWEN, ZHONG ZHENZHEN, 2010. Ecological effects of *Ulva lactuca* on *Sebastiscus marmoratus* aquaculture [J]. South China Fishery Science, 6(3):63-67 (in Chinese with English abstract).
- 赵瑞祯, 2012. 石莼饲料对鲈鱼生长影响的研究[J]. 饲料研究, (8):58-60 (in Chinese).
- 曾昭钧, 孙立伟, 谢恩义, 2025. 围氏马尾藻(*Sargassum wightii*)周年生长及有性生殖的早期发育研究[J]. 热带海洋学报, 44(01):44-52. ZENG ZHAOJUN, SUN LIWEI, XIE ENYI, 2025. Study on the annual growth and early development of sexual reproduction of *Sargassum wightii* [J]. JOURNAL OF TROPICAL OCEANOGRAPHY, 44(01):44-52 (in Chinese with English abstract).
- BACHOO T, BOLTON J J, MACEY B. M, et al, 2023. Resolving the identity of commercially cultivated *Ulva* (Ulvaceae, Chlorophyta) in integrated seaweed-abalone aquaculture farms in South Africa [J]. Journal of Phycology, 59(6), 1272-1283.
- BAE E H, 2010. Ulotrichales, Ulvales. In: Algal flora of Korea. Volume 1, Number 1. Chlorophyta: Ulvophyceae: Ulotrichales, Ulvales, Cladophorales, Bryopsidales [M]. Marine green algae.
- BASTOS E, SCHNEIDER M, DE QUADROS D P C, et al, 2019. Phytoremediation potential of *Ulva ohnoi* (Chlorophyta): Influence of temperature and salinity on the uptake efficiency and toxicity of cadmium [J]. Ecotoxicology and environmental safety, 174, 334-343.
- CARNEIRO V A R, MARTINS N T, ALBUQUERQUE DA SILVA S L, et al, 2023. Revealing the diversity of the genus *Ulva* (Ulvales, Chlorophyta) in southeastern Brazil, with a description of *Ulva kanagawae* sp. nov. [J]. Phycologia, 62(5), 407-420.
- CHEN L, FENG J, XIE S L, 2015. *Ulva shanxiensis* (Ulvaceae), a new species from Shanxi, China [J]. Novon: A Journal for Botanical Nomenclature, 23(4), 397-405.
- CORMACI M, FURNARI G, ALONGI G, et al, 2014. Flora marina bentonica del Mediterraneo: Chlorophyta [J]. Bulletin of the Gioenia Academy of Natural Sciences of Catania, 47(377), FP11-FP436.
- CUI J, MONOTILLA A P, ZHU W, et al, 2018. Taxonomic reassessment of *Ulva prolifera* (Ulvophyceae, Chlorophyta) based on specimens from the type locality and Yellow Sea green tides [J]. Phycologia, 57(6), 692-704.
- DE LIMA SANTOS I, SIQUEIRA CARNEIRO R F, DE MORAIS A P M, et al, 2024. *Ulva ohnoi* as a feed additive for Pacific white shrimp post-larvae cultured in a biofloc system [J]. Aquaculture International, 32(7), 8809-8822.
- Espinosa-Antón A A, Hernández-Herrera R M, 2024. Effects of green seaweed (*Ulva onhoi*) on the reproductive development of tomato (*Solanum lycopersicum*) plants [J]. Acta Agrobotanica, 77.
- FAMÀ P, WYSOR B, KOOISTRA W H, et al, 2002. Molecular phylogeny of the genus *Caulerpa* (Caulerpales, Chlorophyta) inferred from chloroplast *tufA* gene1. Journal of phycology, 38(5), 1040-1050.
- FAROBIE O, SYAFTIKA N, MASFURI I, et al, 2022. Green algae to green fuels: Syngas and hydrochar production from *Ulva lactuca* via sub-critical water gasification [J]. Algal Research, 67, 102834.
- GABRIELSON P W, SMITH A C, BRUNO J F, et al, 2024. Taxonomic assessment of blade-forming *Ulva* species (Ulvales, Chlorophyta) in the Galápagos Archipelago, Ecuador using DNA sequencing [J]. Botanica Marina, 67(2), 153-164.
- GUIRY M D, GUIRY G M, 2025. AlgaeBase. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <https://www.algaebase.org>.
- HALL T A, 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT [J]. In Nucleic acids symposium series (Vol. 41, No. 41, pp. 95-98).
- HIRAOKA M, SHIMADA S, UENOSONO M, et al, 2004. A new green-tide-forming alga, *Ulva ohnoi* Hiraoka et Shimada sp. nov. (Ulvales, Ulvophyceae) from Japan [J]. Phycological research, 52(1), 17-29.
- HOFMANN L C, STRAUSS S, SHPIGEL M, et al, 2024. The green seaweed *Ulva*: tomorrow's "wheat of the sea" in foods, feeds, nutrition, and biomaterials [J]. Critical reviews in food science and nutrition, 1-36.
- HUGHEY J R, GABRIELSON P W, MAGGS C A, et al, 2021. Taxonomic revisions based on genetic analysis of type specimens of *Ulva conglobata*, *U. laetevirens*, *U. pertusa* and *U. spathulata* (Ulvales, Chlorophyta) [J]. Phycological Research, 69(2), 148-153.
- KANK J, PARK J, SEO J K, et al, 2021. Intestinal anti-inflammatory activity of *Ulva ohnoi* oil in DSS-induced experimental mouse model [J]. Scientific reports, 11(1), 15087.
- KANG P J, AN J W, NAM K W, 2022. *Ulva grossa* sp. nov. (Ulvales, Chlorophyta) from Korea based on Molecular and Morphological Analyses [J]. Journal of Marine Bioscience and Biotechnology, 14(1), 51-60.
- KAZI M A, KAVALE M G, SINGH V V, 2016. Morphological and molecular characterization of *Ulva chaugulii* sp. nov., *U. lactuca* and *U. ohnoi* (Ulvophyceae, Chlorophyta) from India. Phycologia, 55(1), 45-54.
- KIRKENDALE L, SAUNDERS G W, WINBERG P, 2013. A molecular survey of *Ulva* (Chlorophyta) in temperate Australia reveals enhanced levels of cosmopolitanism [J]. Journal of phycology, 49(1), 69-81.
- LI W, WANG K, JIANG N, et al, 2018. Antioxidant and antihyperlipidemic activities of purified polysaccharides from *Ulva pertusa* [J]. Journal of Applied Phycology, 30, 2619-2627.
- MAGNUSSON M, GLASSON C R, VUCKO M J, et al, 2019. Enrichment processes for the production of high-protein feed from the green seaweed *Ulva ohnoi* [J]. Algal Research, 41, 101555.
- MANHART J R, 1994. Phylogenetic analysis of green plant *rbcL* sequences [J]. Molecular phylogenetics and evolution, 3(2), 114-127.
- MANTRI V A, KAZI M A, BALAR N B, et al, 2020. Concise review of green algal genus *Ulva* Linnaeus [J]. Journal of Applied Phycology, 32, 2725-2741.
- MELTON J T III, COLLADO-VIDES L, LOPEZ-BAUTISTA J M, 2016. Molecular identification and nutrient analysis of the green tide species *Ulva ohnoi* M. Hiraoka & S. Shimada, 2004 (Ulvophyceae, Chlorophyta), a new report and likely nonnative species in the Gulf of Mexico and Atlantic Florida, USA [J]. Aquatic invasions, 11(3), 225-237.
- MILADI R, MANGHISI A, MINICANTE S A, et al, 2018. A DNA barcoding survey of *Ulva* (Chlorophyta) in Tunisia and Italy reveals the presence of the overlooked alien *U. ohnoi* [J]. Cryptogamie, Algologie, 39(1), 85-107.
- NG Y F, HUANG D, 2024. Species diversity and phylogeny of the green macroalga *Ulva* (Ulvophyceae, Chlorophyta) in Singapore [J]. Phytotaxa, 662(1), 67-79.
- O' KELLY C J, KURIHARA A, SHIPLEY T C, et al, 2010. Molecular Assessment of *Ulva* Spp. (Ulvophyceae, Chlorophyta) In The Hawaiian Islands I [J]. Journal of phycology, 46(4), 728-735.
- RATHOD S G, ANISODDIN KAZI M, MANTRI V A, 2023. Molecular evidence to support the transfer of *Enteromorpha ovata* to genus *Ulva* and evaluate its divergence using multi-locus time-calibrated phylogeny [J]. Nordic Journal of Botany, 2023(12), e04103.
- PEDROCHE F F, SENTIES A, 2020. Diversidad de macroalgas marinas en México. Una actualización florística y nomenclatural [J]. Cymbella, 6(1), 4-55.
- PIRIAN K, PIRI K, SOHRABIPOUR J, et al, 2016. Molecular and morphological characterisation of *Ulva chaugulii*, *U. paschima* and *U. ohnoi* (Ulvophyceae) from the Persian Gulf, Iran. Botanica marina, 59(2-3), 147-158.
- POSADA D, BUCKLEY T R, 2004. Model selection and model averaging in phylogenetics: advantages of Akaike information criterion and Bayesian approaches over likelihood ratio tests [J]. Systematic

- biology, 53(5), 793-808.
- PRABHU M, CHEMODANOV A, GOTTLIEB R, et al, 2019. Starch from the sea: the green macroalga *Ulva ohnoi* as a potential source for sustainable starch production in the marine biorefinery [J]. *Algal Research*, 37, 215-227.
- RONQUIST F, HUELSENBECK J P, 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models [J]. *Bioinformatics*, 19(12), 1572-1574.
- STEINHAGEN S, KRAMÁR L, TOTH G B, 2023. The unheeded existence of the tubular greens: molecular analyses reveal the distribution of a new *Ulva* species (Ulvophyceae, Chlorophyta), *Ulva capillata* sp. nov. in the Atlantic-Baltic Sea transect [J]. *Journal of Applied Phycology*, 35(1), 509-522.
- TAMURA K, NEI M, KUMMAR S, 2004. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(30), 11030-11035.
- TAMURA K, STECHER G, KUMMAR S, 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11 [J]. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027.
- TANNER C E, 1980. CHLOROPELTA GEN. NOV., AN ULVACEOUS GREEN ALGA WITH A DIFFERENT TYPE. OF DEVELOPMENT 1 [J]. *Journal of Phycology*, 16(1), 128-137.
- TRAN L A T, LELIAERT F, VIEIRA C, et al, 2023. Molecular assessment of *Ulva* (Ulvales, Chlorophyta) diversity in Vietnam including the new species *U. vietnamensis* [J]. *Phycological Research*, 71(1), 13-24.
- TRAN L A T, VIEIRA C, STEINHAGEN S, et al, 2022. An appraisal of *Ulva* (Ulvophyceae, Chlorophyta) taxonomy [J]. *Journal of Applied Phycology*, 34(5), 2689-2703.
- WEI X, LIU W, LIN X, LIU Q, et al, 2022. First record of *Ulva californica* in the mainland of China: a single alien parthenogenetic population in discontinuous distribution [J]. *Journal of Oceanology and Limnology*, 40(6), 2343-2353.
- WICHARD T, CHARRIER B, MINEUR F, et al, 2015. The green seaweed *Ulva*: a model system to study morphogenesis [J]. *Frontiers in plant science*, 6, 72.
- XIE W F, WU C H, ZHAO J, et al, 2020. New records of *Ulva* spp.(Ulvophyceae, Chlorophyta) in China, with special reference to an unusual morphology of *U. meridionalis* forming green tides [J]. *European Journal of Phycology*, 55(4), 412-425.
- OHNO M, 1988. Seasonal changes of the growth of green algae, *Ulva* sp. in Tosa Bay, southern Japan [J]. *Mar. Fouling* 7: 13-7 (in Japanese).
- PARKER H S, 1981. Influence of relative water motion on the growth, ammonium uptake and carbon and nitrogen composition of *Ulva lactuca* (Chlorophyta) [J]. *Marine Biology*, 63(3), 309-318.
- KRUPNIK N, PAZ G U Y, DOUEK J, et al, 2018. Native, invasive and cryptogenic *Ulva* species from the Israeli Mediterranean Sea: risk and potential [J]. *Mediterranean Marine Science*, 19(1), 132-146.
- YABE T, ISHII Y, AMANO Y et al, 2009. Green tide formed by free-floating *Ulva* spp. at Yatsu tidal flat, Japan [J]. *Limnology*, 10, 239-245.
- ZANOLLA M, CARMONA R, KAWAI H, et al, 2019. Role of thermal photosynthetic plasticity in the dispersal and settlement of two global green tide formers: *Ulva pertusa* and *U. ohnoi* [J]. *Marine Biology*, 166(10), 123.
- MILADI R, MANGHISI A, MINICANTE S A, et al, 2018. A DNA barcoding survey of *Ulva* (Chlorophyta) in Tunisia and Italy reveals the presence of the overlooked alien *U. ohnoi* [J]. *Cryptogamie, Algologie*, 39(1), 85-107.
- HIRAOKA M, ICHIHARA K, ZHU W, et al, 2017. Examination of species delimitation of ambiguous DNA-based *Ulva* (Ulvophyceae, Chlorophyta) clades by culturing and hybridization [J]. *Phycologia*, 56(5), 517-532.
- MELTON J T I, GARCÍA-SOTO G C, LÓPEZ-BAUTISTA J M, 2016. A new record of the bloom-forming green algal species *Ulva ohnoi* (Ulvales, Chlorophyta) in the Caribbean Sea [J]. *ALGA*, 51, 62-64.
- PRABHU M, CHEMODANOV A, GOTTLIEB R, et al, 2019. Starch from the sea: the green macroalga *Ulva ohnoi* as a potential source for sustainable starch production in the marine biorefinery [J]. *Algal Research*, 37, 215-227.
- KANG J, PARK J, SEO J K, et al, 2021. Intestinal anti-inflammatory activity of *Ulva ohnoi* oil in DSS-induced experimental mouse model [J]. *Scientific reports*, 11(1), 15087.
- PONCE M, ZUASTI E, ANGUÍS V, et al, 2020. Effects of the sulfated polysaccharide ulvan from *Ulva ohnoi* on the modulation of the immune response in Senegalese sole (*Solea senegalensis*) [J]. *Fish & shellfish immunology*, 100, 27-40.
- PERUMAL P K, PATEL A K, SINGHANIA R R, et al, 2024. Harnessing *Ulva ohnoi* for eco-friendly bioethanol production via hydrothermal pretreatment [J]. *Journal of the Taiwan Institute of Chemical Engineers*, 164, 105662.