

ICS 65.150

CCS B 50

# T/GDSF

## 广东水产学会团体标准

T/GDSF 0007—2022

### 南海岛礁海域海参生态增殖技术规范

Technical specifications for ecological enhancement and of reef-inhabiting sea cucumbers in South China Sea

2022 - 11 - 30 发布

2022 - 12 - 1 实施

广东水产学会 发布

## 目 次

前 言 .....	III
1 范围 .....	1
2 规范性引用文件 .....	1
3 术语和定义 .....	1
4 海域选择 .....	1
4.1 自然条件 .....	1
4.2 水质理化条件 .....	1
5 物种选择 .....	2
6 种苗培育及苗种要求 .....	2
7 生态增殖 .....	2
7.1 苗种转运 .....	2
7.2 适应性驯化 .....	2
7.3 底播增殖 .....	2
8 增殖容量 .....	3
9 海参生物量调查 .....	3
9.1 潜水员和设备 .....	3
9.2 潜水断面设置 .....	3
9.3 海参生物量监测与计算 .....	3
10 生态增殖效果评估 .....	3
10.1 基于海参生物量的增殖效果评估 .....	3
10.2 基于环境 DNA 的增殖效果评估 .....	4
10.3 基于增殖群体回捕占比率的增殖效果评估 .....	4
11 管理 .....	4
附 录 A (规范性) 海参生态增殖放流情况记录表 .....	5
A.1 海参生态增殖放流情况记录表 .....	5
附 录 B (资料性) 基于海参环境 DNA 的海参丰度计算 .....	6
B.1 特异性 qPCR 扩增引物设计 .....	6
B.2 PCR 扩增、质粒构建及质粒标准模板制备 .....	6
B.3 DNA 标准定量曲线制作 .....	6
B.4 环境 DNA 的 qPCR 扩增及海参丰度计算 .....	6
附 录 C (资料性) 基于微卫星分子标记的海参底播回捕占比率计算 .....	7
C.1 样本采集 .....	7
C.2 样本保存 .....	7
C.3 样本 DNA 提取 .....	7
C.4 多态性 SSR 位点的筛选 .....	7

C.5 PCR 扩增及基因分型 ..... 7

C.6 特定种类海参回捕抽样样本的遗传区分及回捕占比率计算 ..... 7

## 前 言

本文件按照GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

请注意本文件的某些内容可能涉及专利。本文件的发布机构不承担识别专利的责任。

本文件由广东水产学会提出并归口。

本文件起草单位：中国科学院南海海洋研究所、海南大学、华南农业大学、广西科学院、广西精工海洋科技有限公司、湛江市东海岛东方实业有限公司。

本文件主要起草人：胡超群、罗鹏、陈廷、鄂子譞、谢珍玉、孙红岩、陈偿、江晓、柯志新、姜发军、程楚杭、赖俊翔、张鑫、刘阳、章翔、张吕平、但学明、宋建强、陈文林。

# 南海岛礁海域海参生态增殖技术规范

## 1 范围

本文件规定了南海岛礁海域海参生态增殖的海域选择、物种选择、种苗培育及苗种要求，描述了生态增殖效果监测与评估的方法，提供了海参生态增殖管理的指导意见。

本文件适用于南海岛礁海域海参的生态增殖。

## 2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中，注日期的引用文件，仅该日期对应的版本适用于本文件；不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GB 11607 渔业水质标准

GB/T 12763.6 海洋调查规范 第6部分：海洋生物调查

SC/T 2111 浅海多营养层次综合养殖技术规范 海带、牡蛎、海参

DB21/T 1878 农产品质量安全 刺参人工育苗技术规程

## 3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

### 3.1

**原生种 Original species**

在无人为干预的野生环境下自然演化而来的物种。

### 3.2

**生态增殖 Ecological enhancement**

采用放流、移植或栽培、底播等人工方式，在生态系统承载力范围内，利用天然生产力增加生物种群产量的过程。

### 3.3

**适应性驯化 Adaptive domestication**

增殖放流苗种适应野外海域环境的人工培育和过程。

### 3.4

**底播增殖 Bottom sowing for stock enhancement**

通过播撒底栖生物苗种到适合的海底生境，利用天然生产力增加放流种群产量的过程。

### 3.5

**环境 DNA Environmental DNA**

是指从环境样本中提取的所有DNA的集合，包括环境微生物以及从生物体上脱落下来的活细胞DNA和因生物死亡后细胞破碎而游离出的胞外DNA。

## 4 海域选择

### 4.1 自然条件

根据岛礁环境特点，结合历史资料、捕捞生产信息以及资源生态环境的本底调查资料，针对不同种类的海参，筛选确定海参生态增殖的海域。增殖海域应生态环境良好、饵料生物丰富、水流畅通。

### 4.2 水质理化条件

增殖海域的水质理化因子应符合表1的要求。

表1 南海岛礁海参增殖海域水质理化因子要求

水质理化因子	参数
水温	18℃~35℃
盐度	25~35
pH	8.0~9.0
底层溶解氧	4.0mg/L~10.0mg/L
其它水质因子	符合GB 11607规定

## 5 物种选择

选择来自南海海域的礁栖海参原生种，禁止采用外来种、杂交种、转基因种以及其他不符合生态要求的海参物种进行生态增殖。适合南海岛礁海域生态增殖的主要种类为玉足海参（*Holothuria leucospilota*）、糙海参（*H. scabra*）小疣刺参（*Stichopus monotuberculatus*）和糙刺参（*S. horrens*）。

## 6 种苗培育及苗种要求

参照DB21/T 1878中的方法进行生态增殖种苗的培育。用于生态增殖的人工繁育参苗和底播参苗应活动力强、外观无损伤、形态正常、无畸形、规格整齐。规格应符合表2的要求。

表2 南海岛礁海参底播生态增殖苗种规格

规格等级	体重
小规格	1g/头<体重≤2g/头
大规格	体重>2g/头

## 7 生态增殖

### 7.1 苗种转运

海参苗种从育苗池转运至待增殖海域的方法及要求如下：

- 在参苗运输桶或塑料袋内加入清洁海水，加水高度不超过运输容器体积的 2/3；
- 从海参育苗池中收集海参苗，以清洁海水冲洗体表，放入参苗运输桶或塑料袋内，密度控制在小规格参苗 50 头/L~100 头/L，大规格参苗 10 头/L~50 头/L；
- 采用敞口运输桶运输参苗，应配备充电式移动增氧机持续增氧；采用塑料袋运输参苗，应向袋内充入纯氧，氧气与水体体积比为 1: 3，并用宽橡皮筋轧紧袋口；
- 用敞口运输桶充气运输时应注意遮荫，用封闭塑料袋运输时应适当降温；
- 将运输桶或塑料袋放入转运车内，运送至待增殖海域。

### 7.2 适应性驯化

将海参苗种运输至待增殖海域后，在海域设置小型网箱，规格为2m×2m×2m的小型网箱可暂养参苗2万头~4万头，暂养时间为3d，每天投喂附近海域的海底表层泥沙（含有机质）1次，投喂量为200g/次~1000g/次，第4d不投喂，直接装运至船上进行底播增殖。

### 7.3 底播增殖

#### 7.3.1 底播时间

南海岛礁海域海参苗种的底播最适宜月份为每年的3月~10月。

#### 7.3.2 底播天气

选择晴朗、多云或阴天进行底播生态增殖，海面最大风力≤5级，气温≤35℃。

### 7.3.3 运输船及暂养桶

根据运输量以及放流海域的水深，选择合适大小的渔船或快艇作为运输船，运输船应有遮阴设施和配置移动式增氧泵，可平稳放置暂养桶，暂养桶体积为100L~300L，每个暂养桶放置增氧气石1个。

### 7.3.4 苗种运输

以抄网将参苗从暂养网箱内捞至装有清洁海水的暂养桶内，暂养桶每桶放置参苗5000头~15000头，运输至底播预定海域。

### 7.3.5 苗种底播

船速：2m/s~4m/s，投放密度：0.1头/m<sup>2</sup>~0.2头/m<sup>2</sup>，苗种底播按照SC/T 2111中的方法进行，记录投放中心位点的GPS坐标、投放数量和覆盖范围（距中心位点坐标的距离），填写海参增殖放流情况记录表（参见附录A）。

## 8 增殖容量

不超过增殖海域历史上礁栖海参最大捕捞产量的2倍。

## 9 海参生物量调查

### 9.1 潜水员和设备

按GB/T 12763.6的规定进行潜水员配备和设备准备。

### 9.2 潜水断面设置

在生态增殖海域设置6个监测断面，断面水深10m以内，每个断面宽1.2m，长50m，断面设置方法为：在监测海域内，通过潜水设定起点，沿礁石走向拉皮尺至终点，起点到终点距离为50m。

### 9.3 海参生物量监测与计算

潜水员沿皮尺方向进行断面内海参数量调查，肉眼可见海参个体均计入海参数量，并根据海参形态辨别海参种类，进行断面内海参数量统计，调查海域的海参生物量计算公式为：

$$SCin1 = 10000 \times (S1 + S2 + S3 + S4 + S5 + S6) / 360 \dots\dots\dots (1)$$

式中：

SCin1——调查海域面积内观测的海参生物量，单位为头/hm<sup>2</sup>；

S1——断面1内观测的海参数量，单位为头；

S2——断面2内观测的海参数量，单位为头；

S3——断面3内观测的海参数量，单位为头；

S4——断面4内观测的海参数量，单位为头；

S5——断面5内观测的海参数量，单位为头；

S6——断面6内观测的海参数量，单位为头。

## 10 生态增殖效果评估

### 10.1 基于海参生物量的增殖效果评估

基于潜水调查结果，根据底播增殖实施前后增殖海域和对照海域（未实施海参增殖的临近海域）的海参生物量变化来评估生态增殖效果。底播增殖实施前增殖海域和对照海域的本底海参生物量分别为 $B_{Q1}$ 和 $B_{QC1}$ ；底播增殖一年后增殖海域和对照海域的海参生物量分别为 $B_{Q2}$ 和 $B_{QC2}$ 。生态增殖效果评估值（ $R_Q$ ）计算公式如下：

$$R_Q = [(B_{Q2}/B_{Q1}) / (B_{QC2}/B_{QC1}) - 1] \times 100\% \dots\dots\dots (2)$$

式中:

- $R_Q$ ——增殖效果评估值, 单位为%;
  - $B_{Q1}$ ——增殖海域的本底海参生物量, 单位为头/hm<sup>2</sup>;
  - $B_{Q2}$ ——实施一年后增殖海域的海参生物量, 单位为头/hm<sup>2</sup>;
  - $B_{QC1}$ ——对照海域的本底海参生物量, 单位为头/hm<sup>2</sup>;
  - $B_{QC2}$ ——实施一年后对照海域的海参生物量, 单位为头/hm<sup>2</sup>。
- 按照表3的分级标准, 进行海参生态增殖效果的分级评估。

表3 基于海参生物量的生态增殖效果评估分级

指标	增殖效果分级			
	优	良	一般	差
增殖效果评估值 ( $R_Q$ )	>30%	30% ≥ $R_Q$ ≥ 20%	20% > $R_Q$ ≥ 10%	<10%

### 10.2 基于环境 DNA 的增殖效果评估

调查增殖海域和对照海域的海参环境DNA丰度(方法参见附录B), 根据底播增殖实施前后增殖海域和对照海域海参环境DNA的丰度变化来评估生态增殖效果。底播增殖实施前增殖海域和对照海域的本底海参环境DNA丰度分别为 $B_{E1}$ 和 $B_{EC1}$ ; 底播增殖一年后增殖海域和对照海域的海参环境DNA丰度分别为 $B_{E2}$ 和 $B_{EC2}$ 。生态增殖效果评估值( $R_E$ )计算公式如下:

$$R_E = [(B_{E2}/B_{E1})/(B_{EC2}/B_{EC1}) - 1] \times 100\% \dots\dots\dots (3)$$

式中:

- $R_E$ ——增殖效果评估值, 单位为%;
  - $B_{E1}$ ——增殖海域的本底海参环境DNA丰度, 单位为拷贝/mL;
  - $B_{E2}$ ——实施一年后增殖海域的海参环境DNA丰度, 单位为拷贝/mL;
  - $B_{EC1}$ ——对照海域的本底海参环境DNA丰度, 单位为拷贝/mL;
  - $B_{EC2}$ ——实施一年后对照海域的海参环境DNA丰度, 单位为拷贝/mL。
- 按照表4的分级标准, 进行海参生态增殖效果的分级评估。

表4 基于环境 DNA 的海参生态增殖效果评估分级

指标	增殖效果分级			
	优	良	一般	差
增殖效果 ( $R_E$ )	>30%	30% ≥ $R_E$ ≥ 20%	20% > $R_E$ ≥ 10%	<10%

### 10.3 基于增殖群体回捕占比率的增殖效果评估

在海参底播增殖实施一年后, 在增殖海域进行海参增殖群体回捕, 基于微卫星分子标记的海参底播回捕占比率的计算方法参见附录C。

按照表5的分级标准, 进行海参生态增殖效果的分级评估。

表5 基于增殖群体回捕占比率的海参生态增殖效果评估分级

指标	增殖效果分级			
	优	良	一般	差
增殖群体回捕占比率 ( $R_H$ )	>20%	20% ≥ $R_H$ ≥ 10%	10% > $R_H$ ≥ 5%	<5%

## 11 管理

海参增殖放流后, 应定期巡查放流海域, 防止非法捕捞增殖放流的海参资源。

附 录 A  
(规范性)  
海参生态增殖放流情况记录表

A.1 海参生态增殖放流情况记录表

海参生态增殖放流情况记录表见表A.1。

表A.1 海参生态增殖放流情况记录表

增殖放流单位：

记录日期：

海参种类		放流日期	
放流人员		放流海域	
气温		水温	
盐度		pH	
放流数量		规格	
放流海域中心位点 GPS 坐标			
放流海域边缘坐标 1		放流海域边缘坐标 2	
放流海域边缘坐标 3		放流海域边缘坐标 4	
放流海域边缘坐标 5		放流海域边缘坐标 6	
放流海域边缘坐标 7		放流海域边缘坐标 8	
放流海域边缘坐标 9		放流海域边缘坐标 10	
放流海域边缘坐标 11		放流海域边缘坐标 12	

记录人： \_\_\_\_\_

核对人： \_\_\_\_\_

## 附录 B

(资料性)

## 基于海参环境 DNA 的海参丰度计算

## B.1 特异性 qPCR 扩增引物设计

针对特定海参种类的线粒体COI基因或基因组DNA特异区域设计种特异性qPCR扩增引物，引物设计的原则为：引物特异性强，长度19bp~22bp，GC含量40%~60%，碱基分布均匀，扩增片段长度为150bp~200bp。

## B.2 PCR 扩增、质粒构建及质粒标准模板制备

以目标海参的DNA为模板，进行常规的海参特异性PCR扩增，进行PCR产物纯化，采用常规的方法进行PCR产物克隆与质粒转化，提取质粒，溶于50 $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O中，-20 $^{\circ}$ C保存，测量质粒的浓度。质粒拷贝数计算公式为：

$$ST = 6.02 \times 10^{23} \times CON \times 0.66 \times NT \dots\dots\dots (B.1)$$

式中：

*ST*——质粒拷贝数，单位为拷贝/ $\mu$ L；

*CON*——质粒检测浓度，单位为 $\mu$ g/ $\mu$ L；

*NT*——质粒碱基数量，单位为bp。

## B.3 DNA 标准定量曲线制作

将质粒分别稀释至 $10^1$ 、 $10^2$ 、 $10^3$ 、 $10^4$ 、 $10^5$ 、 $10^6$ 、 $10^7$ 和 $10^8$ 拷贝/ $\mu$ L，作为标准模板，模板量为1 $\mu$ L，进行常规qPCR扩增，以测得的*C<sub>t</sub>*值为纵坐标，以质粒模板拷贝数的对数为横坐标，绘制目标海参DNA标准定量曲线。

## B.4 环境 DNA 的 qPCR 扩增及海参丰度计算

## B.4.1 环境DNA提取

使用标准的采水器收集海参生态增殖海域的底层海水，每个点采集500mL海水样品，使用0.22 $\mu$ m滤膜对底层海水进行过滤，剪碎滤膜，采用海洋动物组织基因组DNA提取试剂盒对滤膜上的生物样本进行DNA提取，提取后的DNA溶于50 $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O中，-20 $^{\circ}$ C保存，作为环境DNA。

## B.4.2 环境DNA的qPCR扩增及特定种类海参DNA的定量

以1 $\mu$ L上述提取的环境DNA为模板，进行常规qPCR扩增，扩增体系为20 $\mu$ L，测量样品*C<sub>t</sub>*值，通过标准曲线，求得*C<sub>t</sub>*值所对应的模板中特定种类海参DNA的拷贝数。

## B.4.3 基于环境DNA的海参丰度计算

在调查海域设置采样点6个，采集采样点的海域底层海水500mL，提取环境DNA，并按照本文件B.4.2的方法对样品中特定种类海参的DNA进行定量，分别计为*D<sub>SC1</sub>*~*D<sub>SC6</sub>*，调查海域特定种类海参DNA的平均拷贝数 (*D<sub>SC</sub>*) 即为特定种类海参环境DNA的丰度值，*D<sub>SC</sub>*的计算公式为：

$$D_{SC} = (D_{SC1} + D_{SC2} + D_{SC3} + D_{SC4} + D_{SC5} + D_{SC6})/6 \dots\dots\dots (B.2)$$

式中：

*D<sub>SC</sub>*——调查海域特定种类海参DNA的平均拷贝数，单位为拷贝/mL；

*D<sub>SC1</sub>*~*D<sub>SC6</sub>*——调查海域第1个~6个采样点特定种类海参DNA的拷贝数，单位为拷贝/mL。

## 附录 C

(资料性)

## 基于微卫星分子标记的海参底播回捕占比计算

## C.1 样本采集

对于生态增殖区的同种类海参，底播增殖前分别采集原生种群和底播苗种群体样本各50头~60头，回捕时随机抽取50头~60头回捕样本。

## C.2 样本保存

样本采集后，用剪刀剪取一块200mg~500mg的体壁组织，置于10mL离心管中，加入5mL 95%乙醇，常温运至实验室保存。

## C.3 样本 DNA 提取

采用常规的海洋动物组织基因组DNA提取试剂盒提取海参样本DNA，DNA浓度 $\geq 50\text{ng}/\mu\text{L}$ ， $\text{OD}_{260}/\text{OD}_{280}=1.8\sim 2.0$ 。

## C.4 多态性 SSR 位点的筛选

对不同来源的特定种类海参进行基因组测序并利用MISA软件查找具有地理差异的特定种类海参的SSR位点，采用Primer Premier 5软件设计引物，对不同来源的特定种类海参基因组DNA进行PCR扩增，采用遗传分析仪对PCR扩增产物进行分型，并利用GeneMapper 3.2软件读取等位基因片段的长度，采用Cervus软件计算期望杂合度(He)、观测杂合度(Ho)及多态性信息含量(PIC)，筛选出20个~30个具有高度多态性的特定种类海参的SSR标记。

## C.5 PCR 扩增及基因分型

利用本文件C.4中具有高度多态性的SSR标记的特异性引物，对特定种类的海参样本进行PCR扩增。PCR反应体系25 $\mu\text{L}$ ，包括：10 $\times$ PCR buffer 2.5 $\mu\text{L}$ 、10 mM dNTP 0.5 $\mu\text{L}$ 、高保真PCR酶1U、正向引物(10 $\mu\text{M}$ ) 0.5 $\mu\text{L}$ 、反向引物(10 $\mu\text{M}$ ) 0.5 $\mu\text{L}$ 、DNA模板1 $\mu\text{L}$ ，其余由无菌双蒸水补足至25 $\mu\text{L}$ 。PCR扩增程序为：95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性5min；95 $^{\circ}\text{C}$ 变性30s，52 $^{\circ}\text{C}$ ~58 $^{\circ}\text{C}$ 退火30s，72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸30s，共32个循环；72 $^{\circ}\text{C}$ 再延伸6min。采用遗传分析仪对PCR扩增产物进行分型。

## C.6 特定种类海参回捕抽样样本的遗传区分及回捕占比计算

## C.6.1 特定种类海参回捕抽样样本的遗传区分

利用本文件C.5的分型结果，通过相关软件对三个群体(原生种群、放流苗种和回捕样本)进行遗传分析，鉴定特定种类海参的回捕抽样样本与同种类底播苗种群体和原生种群间的遗传距离，如回捕抽样样本与底播苗种群体具有相似的分子遗传特征，且聚为一类时，可确定其为底播群体的回捕个体。

## C.6.2 海参底播回捕占比计算

统计特定种类海参回捕抽样样本中底播群体的回捕个体数，并按如下公式计算海参底播回捕占比：

$$R_H = (C_n/C_t) \times 100\% \dots\dots\dots (C.1)$$

式中：

$R_H$ ——海参底播回捕占比，单位为%；

$C_n$ ——特定种类海参回捕抽样样本中底播群体的回捕个体数，单位为头；

$C_t$ ——特定种类海参回捕抽样样本的总个体数，单位为头。