Korean J. Malacol. 32(1): 55-62 2016
http://dx.doi.org/10.9710/kjm.2016.32.1.55

동남아시아 4개국 두족류의 분류 및 계통분류학적 연구

황희주[1], 강세원[1], 박소영[1], 정종민[1], 송대권[1], 박형춘[2], 박홍석[3], 한연수[4], 이준상[5], 이용석[1]

[1]순천향대학교 자연과학대학 생명시스템학과, [2]순천향대학교 인문과학대학 중어중문학과,
[3](주)지앤시바이오, [4]전남대학교 농업생명과학대학 식물생명공학부 [5]강원대학교 환경연구소

Classification and Phylogenetic Studies of Cephalopods from four countries of South-East Asia

Hee Ju Hwang[1], Se Won Kang[1], So Young Park[1], Jong Min Chung[1], Dae Kwon Song[1], Hyeongchun Park[2], Hong Seog Park[3], Yeon Soo Han[4], Jun-Sang Lee[5] and Yong Seok Lee[1]

[1]Department of Life Science and Biotechnology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University, Asan, Chungnam 31538, Korea
[2]Department of Chinese Language and Literature, College of Humanities, Soonchunhyang University, Asan, Chungnam 31538, Korea
[3]Research Institute, GnC BIO Co., LTD., 621-6 Banseok-dong, Yuseong-gu, Daejeon 34069, Korea
[4]Division of Plant Biotechnology, College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea.
[5]Institute of Environmental Research, Kangwon National University, Chuncheon, Gangwon-do, 24341, Korea

ABSTRACT

In this study, an attempt has been made to analyze the morphology of Cephalopods distributed in Korea and collected samples from South-East Asian countries including Thailand, Indonesia, Vietnam, and China. A phylogenetic analysis was performed using the mitochondrial gene, Cytochrome c oxidase subunit I (COI) to understand the genetic divergences of the species and validate their origins. For achieving the objectives, samples were collected directly from Thailand Hat Yai, Songkhla, Indonesia Medan, Vietnam Ho Chi Minh, and Vung Tau in August 2015 and from China in September 2015. A total of 23 species of Cephalopods were identified falling under three orders, four familyies and nine genus. The species were distributed under Order: Octopoda (1 family, 3 genus, and 9 species), Order: Sepiolioda (1 family, 2 genus, and 8 species), and Order Teuthoidea (2 family, 4 genus, and 6 species). 23 species which is 1 family 3 genus 9 species in Octopoda, 1 family 2 genus 8 species in Sepiolioda, 2 family 4 genus 6 species in Teuthoidea. Phylogenetic analysis using COI gene was conducted for 18 species. For the remaining 5 species sequencing results showed severe variation and hence were not considered further. The COI phylogenetic analysis for the 18 species of Cephalopods were found consistent with the morphological identification. The excluded species will be subjected for a further detailed analysis.

Key words: Cephalopod, Classification, Phylogenetic study, COI

Received: March 18, 2016; Revised: March 28, 2016; Accepted: March 31, 2016
Corresponding author : Jun-Sang Lee
Tel: +82 (33) 250-7409, e-mail: sljun@kangwon.ac.kr
Corresponding author : Yong Seok Lee
Tel: +82 (41) 530-3040, e-mail: yslee@sch.ac.kr
1225-3480/24610
This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License with permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproducibility in any medium, provided the original work is properly cited.

서 론

국내 해양생태계 변화 및 연근해 수산생물자원의 고갈 등으로 식생활에서 이용되어지는 수산생물의 수입이 해마다 늘어나고 있다. 그러나 통일되지 않은 수입 수산물의 국명과 검증되지 않은 학명의 표기로 학계와 수산물 유통상 그리고 관계기관과의 혼동이 유발되고 있다. 유통되고 있는 수입 수산물의 검증된 학명과 통일된 명칭의 사용은 소비자의 먹거리 선택을 위한 중요한 사안이다. 따라서 이러한 문제점을 해결하기 위하

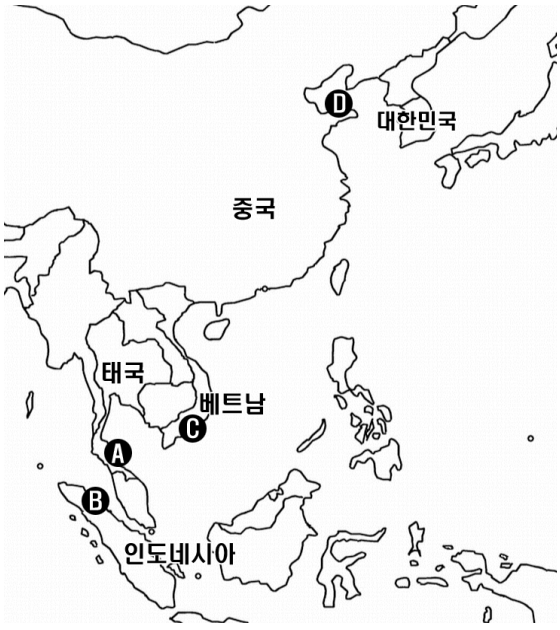

Fig. 1. The collected area from four-nation. **A**. Thailand; Hat Yai, Songkhla area, **B**. Indonesia; Medan area, **C**. Vietnam; Ho Chi Minh and Vung Tau area, **D**. China; Yentai area.

여 본 연구는 국내 수입 두족류의 대부분을 차지하는 동남아시아 4개국 (중국, 베트남, 태국, 인도네시아) 의 수출대상 두족류를 형태와 분자생물학적 방법으로 대상종을 정확하게 분류하고, 그 목록을 작성 하였다. 동정된 결과로 국내 기록종과 일치할 경우, 동일한 한국 국명을 부여하고, 국내 기록이 없는 외국산 종은 새로운 국명을 부여하였다. 본 연구 결과로 수입 두족류의 형태적, 유전자적 판별 매뉴얼로 활용되어, 수입 두족류에 대한 정확하고 신속한 종 식별 자료로 활용되기를 기대한다.

재료 및 방법

1. 두족류 샘플 확보

1) 국내 수입 두족류

국내 수입되는 4개국의 두족류 표본은 각 수산시장 및 냉동상태로 판매되는 제품들을 수거하여 사용하였다.

2) 4개국 현지 국가 두족류

태국 핫야이, 송클라 지역, 인도네시아 메단 지역, 베트남 호치민 및 붕따우 지역, 중국의 연태 지역을 조사대상 지역으로 선정하여 2015년 8월부터 10월까지 채집을 실시하였다. 채집은 각국의 수산물 가공 처리 업체와 수산물 시장을 방문하여, 종 당 2개체 이상의 해당 시료를 구입하였다. 현지에서 수거한 표본은 드라이아이스로 냉동 후, 직접 운반하거나 항공 수화물을 통하여 국내 반입하였다.

2. 종의 동정

국내 또는 현지 4개국을 통하여 수집된 표본은 강원대학교 환경연구소로 옮겨와 각 목 단위로 구분 후, 종 동정을 실시하였다. 수입 두족류의 종 동정은 Jereb & Roper (2005, 2010), Jereb *et al*. (2014), Okutani *et al*. (1987, 2000), Okutani (1995, 2005), Normam (2000), Sreeja *et al*. (2012), Norman & Lu (2000) 등의 도감 및 논문을 참고하였다. 종 동정 결과 우리말 이름이 없는 종에는 새로운 국명을 신칭 부여 하였고, 일부 부적절한 국명은 개칭하였다. 표기된 학명과 분류 체계는 Jereb & Roper (2005, 2010), Jereb *et al*. (2014) 를 따랐다.

3. 종 판별용 marker nucleotide 탐색 및 종간 유연관계 분석

1) DNA extraction

각각의 동정된 두족류 샘플 조직을 적당한 사이즈로 잘라내어 grinding 후에 DNeasy Blood & Tissue kit (QIAGEN)를 이용하여 DNA를 추출하여 농도 1 μg 이상, purity 값은 1.8-2.0 (OD260/280) 이 되는 것만을 사용하였다.

2) DNA 증폭 및 정제

추출한 DNA를 COI universal primer를 사용하여 DNA를 증폭하였다 (Table 1). PCR 조건은 10X PCR buffer 2 μl, 10 mM dNTP Mix 0.5 μl, Solgent사 Taq polymerase 0.2 μl, Foward primer (5 pmol) 0.5 μl, Reverse primer (5 pmol) 0.5 μl, genomic DNA 2 μl, Grade Water를 mix 한 후 2720 thermocycler (Applied Biosystems) 을 사용하여 96℃에서 3 min denaturation 반응 후 96℃에서 20sec, 50℃-55℃에서 20 sec, 72℃에서 1 min 동안 35 cycle로 PCR을 진행 하였다.

3) COI 유전자 서열 시퀀싱

ABI 3730XL DNA Analyzer를 이용하여 상기의 조건으

Table 1. COI primer sequence

primer name	sequence
COI-LCO1490	GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG
COI-HCO2198	TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA

로 확보한 PCR product는 Big Dye Ready Reaction Mix (v3.1) 0.5 μl, 5× buffer 1 μl, DMSO 0.5 μl, primer (10 pmol) 0.5 μl, Template 1 μl, Grade Water 6.5 μl 의 조건으로 mixture를 만든 후, 2720 thermocycler (Applied Biosystems) 을 사용하여 96℃에서 1 min denaturation 반응 후 96℃에서 10 sec, 52℃에서 5 sec, 60℃에서 4 min 동안 35 cycle sequencing PCR을 진행 하였다. Sequencing PCR로 증폭된 DNA는 EtOH 침전법으로 정제한 후, ABI 3730XL DNA Analyzer로 양방향 sequencing을 진행하였다.

4) COI 서열 확보 및 종간 유연관계 분석

양방향으로 시퀀싱 된 각 chromatogram 파일들은 Phred (Ewing and Green, 1998; Ewing *et al.*, 1998) 소프트웨어를 사용하여 base calling 하여 FASTA 포맷으로 변환 후 cap3 (Huang and Madan, 1999) 프로그램을 이용하여 assembly 하였다. 확보되어진 COI 서열들은 NCBI에 등록하였으며 연체동물 전용 BLAST 서버 (Lee *et al.*, 2004; Kang *et al.*, 2014; Kang *et al.*, 2015) 를 이용하여 형태분류와 COI 서열을 통한 분류의 동정 유의성을 확인하였다. Clustalx (Higgins and Sharp, 1988) 프로그램을 이용하여 다중정렬 수행 후 정렬된 서열들을 기준으로 MEGA 6 (Tamura *et al.*, 2013) 프로그램을 이용하여 Maximum likelihood 방식 (bootstrap 1000) 으로 phylodendrogram을 도식화하였다.

결과 및 고찰

1. 수입 두족류 동정

국내에서 유통되고 있는 4개국의 수입 두족류와 4개국 방문을 통한 현지 구입 두족류는 문어목 1과 3속 9종, 갑오징어목 1과 2속 8종, 오징어목 2과 4속 6종 등, 모두 3목 4과 9속 23종이다. 국가별로는 중국 3목 3과 7속 11종, 베트남 3목 3과 5속 14종, 태국 3목 3과 4속 6종, 인도네시아 3목 3과 7속 9종이었다.

동남아시아 4개국 (중국, 베트남, 태국, 인도네시아) 수입 두족류 목록

Order Octopoda Leach, 1818 문어목
- Family Octopodidae d'Orbigny, 1840 문어과
  - Genus *Amphioctopus* Fischer, 1882 주꾸미속 (신칭)
    - *Amphioctopus aegina* (Gray, 1849) 모래주꾸미 (개칭) (실험재료: 베트남, 태국, 인도네시아)
    - *Amphioctopus fangsiao* (d'Orbigny, 1839-1841) 주꾸미 (실험재료: 중국, 베트남)
    - *Amphioctopus marginatus* (Taki, 1964) 하이야주꾸미 (신칭) (실험재료: 베트남, 태국)
    - *Amphioctopus exannulatus* (Norman, 1993) 쏙여주꾸미 (신칭) (실험재료: 베트남)
    - *Amphioctopus membranaceus* (Quoy & Gaimard, 1832) 남방주꾸미 (실험재료: 태국)
    - *Amphioctopus rex* (Nateewathana & Norman, 1999) 붉은머리주꾸미 (신칭) (실험재료: 베트남)
  - Genus *Octopus* Cuvier, 1798 문어속
    - *Octopus minor* (Sasaki, 1920) 낙지 (실험재료: 중국, 베트남, 인도네시아)
    - *Octopus vulgaris* Cuvier, 1797 참문어 (실험재료: 중국)
  - Genus *Cistopus* 주머니낙지속 (신칭)
    - *Cistopus taiwanicus* Liao & Lu, 2009 대만주머니낙지 (신칭) (실험재료: 베트남, 인도네시아)

Order Sepiolida Fioroni, 1981 갑오징어목
- Family Sepiidae Leach, 1817 갑오징어과
  - Genus *Sepia* Linnaeous, 1758 갑오징어속
    - *Sepia aculeata* Van Hasselt, 1835 그물무늬갑오징어 (실험재료: 중국, 인도네시아)
    - *Sepia lycidas* Gray, 1849 입술무늬갑오징어 (실험재료: 중국)
    - *Sepia pharaonis* Ehrenberg, 1831 파라오갑오징어 (실험재료: 태국, 베트남)
    - *Sepia recurvirostra* Steenstrup, 1875 굽은지느러미갑오징어 (신칭) (실험재료: 베트남, 태국)
    - *Sepia stellifera* Homenko & Khromov, 1984 창끝갑오징어 (신칭) (실험재료: 중국)
    - *Sepia kobiensis* Hoyle, 1885 두점갑오징어 (실험재료: 베트남)

Sepia madokai Adam, 1939 바늘갑오징어 (실험재료: 베트남)
Genus *Sepiella* Gray, 1849 쇠갑오징어속
Sepiella inermis (Van Hasselt, 1835) 무가시갑오징어 (신칭) (실험재료: 중국, 인도네시아)
Sepiella japonica Sasaki, 1929 쇠갑오징어 (실험재료: 중국)

Order Teuthoida Naef, 1916 오징어목
Family Loliginidae Lesueur, 1821 꼴뚜기과
Genus *Loliolus* Steenstrup, 1856 꼴뚜기속 (신칭)
Loliolus (*Nipponololigo*) *uyii* (Wakiya & Ishikawa, 1921) 붉은점꼴뚜기 (신칭) (실험재료: 중국)
Genus *Sepioteuthis* Blainville, 1824 흰꼴뚜기속 (신칭)
Sepioteuthis lessoniana Ferussac, 1831 흰꼴뚜기 (실험재료: 중국, 베트남, 태국, 인도네시아)
Genus *Uroteuthis* Rehder, 1945 창꼴뚜기속 (신칭)
Uroteuthis (*Photololigo*) *chinensis* (Gray, 1849) 한치꼴뚜기 (실험재료: 베트남, 태국, 인도네시아)
Uroteuthis (*Photololigo*) *edulis* (Hoyle, 1885) 창꼴뚜기 (실험재료: 베트남, 인도네시아)
Uroteuthis (*Photololigo*) *duvaucelii* (Orbigny, 1835) 인도꼴뚜기 (신칭) (실험재료: 인도네시아)
Family Ommastrephidae 살오징어과
Genus *Todarodes* Steenstrup, 1880 참살오징어속 (신칭)
Todarodes pacificus (Steenstrup, 1880) 살오징어 (실험재료: 중국)

Table 2. COI sequence NCBI accession List (Accession number: LC121533 - LC121582)

Species	Accession Number	Species	Accession Number
Amphioctopus aegina	LC121533	*Octopus vulgaris*	LC121558
Amphioctopus aegina	LC121534	*Sepia aculeata*	LC121559
Amphioctopus aegina	LC121535	*Sepia aculeata*	LC121560
Amphioctopus aegina	LC121536	*Sepia kobiensis*	LC121561
Amphioctopus aegina	LC121537	*Sepia madokai*	LC121562
Amphioctopus exannulatus	LC121538	*Sepia pharaonis*	LC121563
Amphioctopus fangsiao	LC121539	*Sepia pharaonis*	LC121564
Amphioctopus fangsiao	LC121540	*Sepia recurvirostra*	LC121565
Amphioctopus fangsiao	LC121541	*Sepia recurvirostra*	LC121566
Amphioctopus marginatus	LC121542	*Sepia stellifera*	LC121567
Amphioctopus marginatus	LC121543	*Sepiella inermis*	LC121568
Amphioctopus marginatus	LC121544	*Sepiella inermis*	LC121569
Amphioctopus membranaceus	LC121545	*Sepiella japonica*	LC121570
Amphioctopus membranaceus	LC121546	*Sepioteuthis lessoniana*	LC121571
Amphioctopus rex	LC121547	*Sepioteuthis lessoniana*	LC121572
Cistopus taiwanicus	LC121548	*Sepioteuthis lessoniana*	LC121573
Cistopus taiwanicus	LC121549	*Sepioteuthis lessoniana*	LC121574
Cistopus taiwanicus	LC121550	*Todarodes pacificus*	LC121575
Uroteuthis duvaucelii	LC121551	*Uroteuthis chinensis*	LC121576
Loliolus uyii	LC121552	*Uroteuthis chinensis*	LC121577
Octopus minor	LC121553	*Uroteuthis chinensis*	LC121578
Octopus minor	LC121554	*Uroteuthis edulis*	LC121579
Octopus minor	LC121555	*Uroteuthis edulis*	LC121580
Octopus minor	LC121556	*Uroteuthis edulis*	LC121581
Octopus minor	LC121557	*Uroteuthis duvaucelii*	LC121582

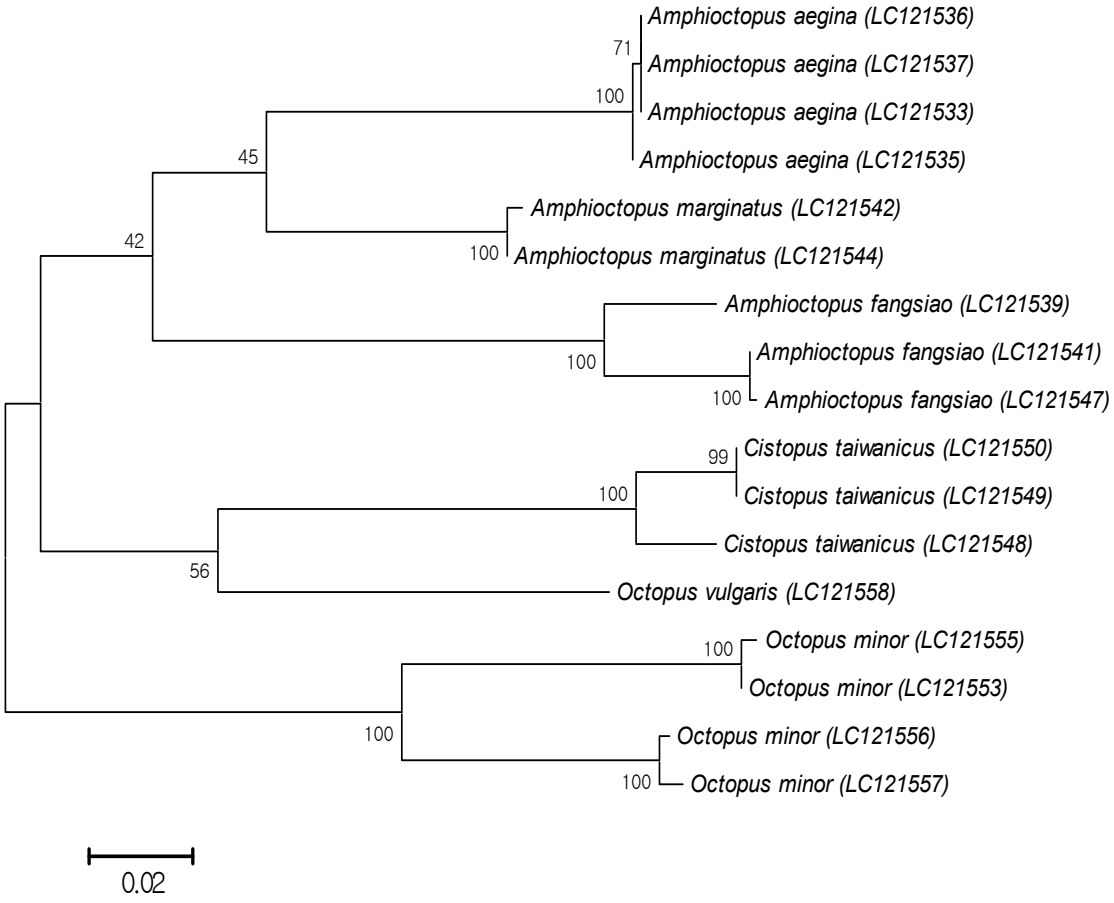

Fig. 2. Molecular Phylogenetic analysis results of Order Octopoda using MEGA6 (Maximum Likelihood method)

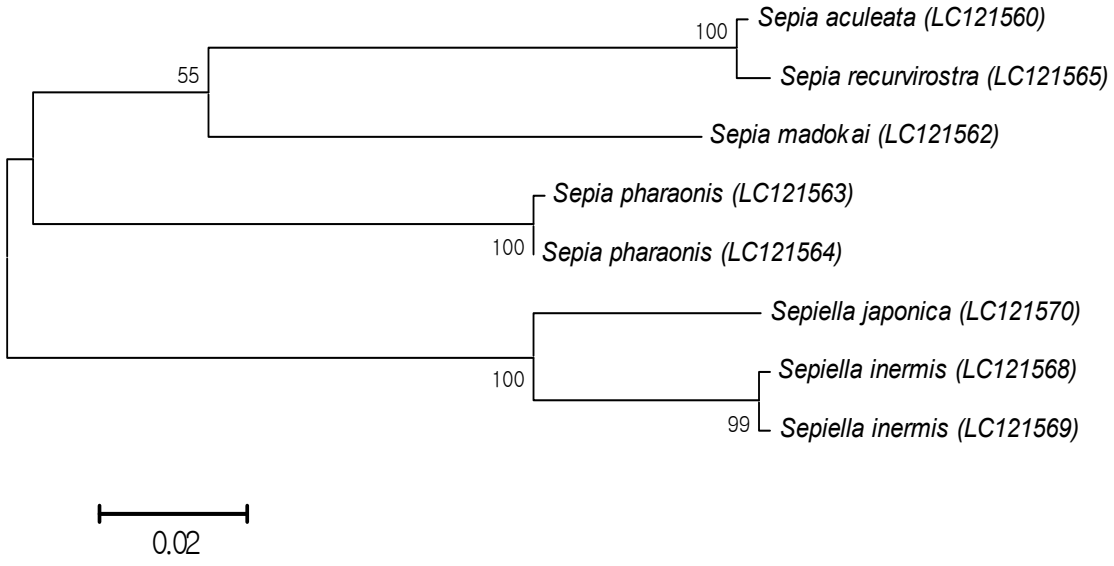

Fig 3. Molecular Phylogenetic analysis results of Order Sepiolida using MEGA6 (Maximum Likelihood method).

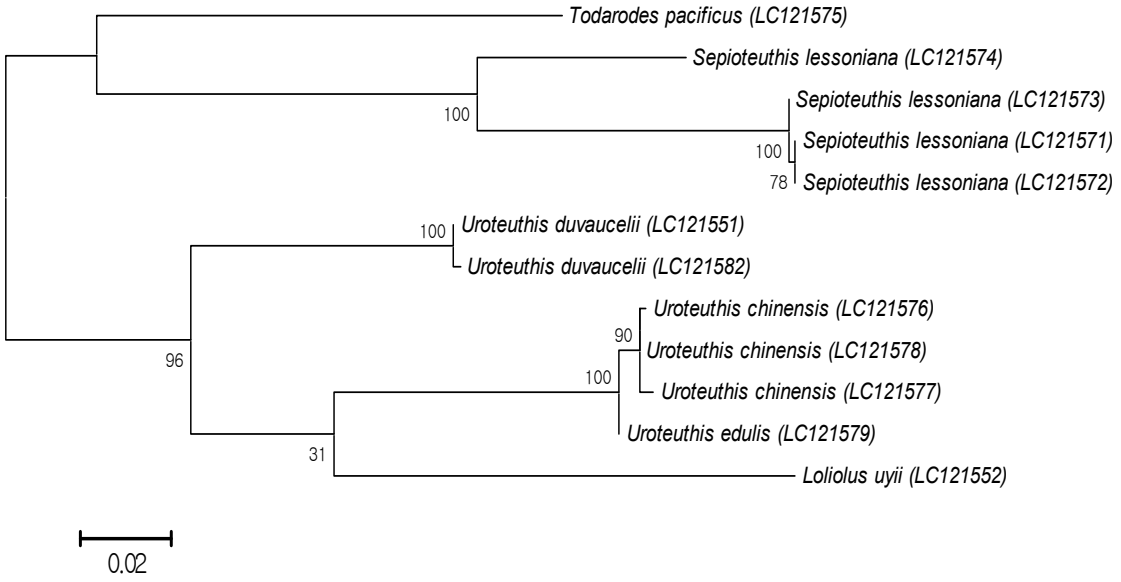

Fig 4. Molecular Phylogenetic analysis results of Order Teuthoida using MEGA6 (Maximum Likelihood method).

2. COI 서열 확인 및 서열 등록

시퀀싱을 통해서 분석된 각 COI 서열들은 연체동물 전용 BLAST 서버를 이용하여 상동성 검사 후 NCBI Genbank에 등록하였다 (Table 2).

3. COI 서열을 이용한 종간 유연관계 분석

각 대상종들로부터 얻어진 COI 유전자 서열을 Clustalx를 사용하여 정렬하고 이 후 MEGA 6 프로그램을 활용하여 각 서열별로 문어목 (Fig. 2), 갑오징어목 (Fig. 3), 오징어목 (Fig. 4) 으로 다시 정열 후 각각의 종간 유연관계의 계통수가 그려졌다.

문어목 6종 (17 샘플) 의 COI 서열을 이용한 분자계통학적 분석결과 *Octopus minor*가 우선적으로 분지되어 나왔고, 다음으로 *Cistopus taiwanicus*, *Octopus vulgaris* 가 포함된 그룹과 주꾸미속 (*Amphioctopus*) 으로 분리되었다. 주꾸미속의 경우 형태학적인 분류 결과와 마찬가지로 *A. aegina*, *A. marginatus*, *A. fangsiao*가 개체별로 잘 분리되었음을 확인할 수 있었다.

갑오징어목 6종 (8 샘플) 의 COI 서열을 이용한 분자계통학적 분석결과 4종의 갑오징어 (*Sepia*) 속과 2종의 쇠갑오징어 (*Sepiella*) 속, 총 2개의 속으로 분지되었다. 쇠갑오징어속은 *Sepiella japonica*와 *Sepiella inermis* 두 그룹으로 나누어졌으며 갑오징어속의 경우 *Sepia pharaonis* 가 우선적으로 분지되었으며, 다음으로 *Sepia madokai*가 나누어지고 *Sepia aculeata*, *Sepia recurvirostra* 가 한 그룹으로 묶였다.

오징어목 6종 (12 샘플) 의 COI 서열을 이용한 분자계통학적 분석결과 2개의 그룹으로 나뉘어졌다. 꼴뚜기과 (Loliginidae) 의 흰꼴뚜기속 (*Sepioteuthis*) 과 살오징어과 (Ommastrephidae) 의 참살오징어속 (*Todarodes*) 으로 이루어진 그룹과 꼴뚜기과의 꼴뚜기속 (*Loliolus*), 창꼴뚜기속 (*Uroteuthis*) 으로 이루어진 그룹으로 분리되었다. 이 후 꼴뚜기속과 창꼴뚜기속은 *Uroteuthis duvaucelii* 이 우선 분리된 후 꼴뚜기속의 *Loliolus uyii*와 창꼴뚜기속 나머지 종으로 분리되었다.

본 연구에서는 샘플들을 직접 채집하여 형태분류를 진행한 후 시퀀싱을 통하여 COI 유전자의 서열을 얻었다. 분자계통학적 분석에 앞서 각 샘플에서 얻은 COI 서열과 NCBI Genbank 에 등록되어져 있는 두족류의 COI 서열과의 유사도를 확인하기 위하여 NCBI에서 제공하는 BLAST (Altschul *et al.*, 1990) 프로그램을 사용하였다. 그 결과 일부 샘플의 경우 같은 종이 아닌 다른 여러 종에 매치되는 경우가 있었다. 이러한 결과를 반영하여 분자계통학적 분류를 위한 분석에는 일부 샘플이 제외되고 수행되었다. 제외된 종은 주꾸미속 (*Amphioctopus*) 3종 (*A. exannulatus*, *A. membranaceus*, *A. rex*) 과, 갑오징어속 (*Sepia*) 3종 (*S. stellifera, S. kobiensis, S. madokai)* 이었다. 이러한 결과로 미루어 보아 현재 NCBI Genbank에 등록되어진 몇몇 서열들은 두족류의 1차적인 종 동정 결과에 의구심을 자아내고 있다. 따라서 정확히 동정된 샘플의 재분석을 통하여 두족류 대한 형태 및 분자계통학적인 분류 결과에 대한 활발한 논의가 이루어져야 한다고 사료된다. 한편 본 연구 결과는 동남아시아 4개국의 모든 자생 두족류를 대상으로 분석한 결과는 아니다.

결 론

1. 동남아시아 4개국에서 채집 되어진 두족류는 3목 4과 9속 24종이다. 이중 국내 기록종인 *Amphioctopus aegina*는 국명을 개칭하였고, 국내 기록종이 아닌 *A. membranaceus, A. exannulatus, A. rex, Cistopus taiwanicus, Sepia recurvirostra S. stellifera, S. inermis, Loliolus uyii, Uroteuthis duvaucelii* 9종은 국명 신칭 하였다.
2. 문어목 3종 (*A. exannulatus, A. membranaceus, A. rex*)과 갑오징어목 3종 (*S. stellifera, S. kobiensis, S. madokai)*의 시료는 서열의 유사도가 매우 낮은 분석 결과를 얻어, 추후 다각도에서 재분석이 필요하다고 판단된다.
3. 문어목 3종과 갑오징어목 3종 이외의 시료들은 형태학적 분석결과와 계통분류학적 결과가 모두 일치하였다. *U. edulis*, *A. aegina, A. marginatus, S. aculeata* 종 들의 경우는 지리적인 변이가 매우 심한 것으로 알려져 있어, BLAST 결과 대표성을 나타내는 개체를 기준으로 하여 분석되었다.
4. 여러 참고문헌 등에서 보이듯이 *Octopus minor*의 경우 COI 유전자 서열의 서식지에 따른 변이가 큰 것을 알 수 있었다.

사 사

본 연구는 식품의약품안전처 “수입수산물 유사어종 과학적 판별법 개발” 과제 및 순천향대학교 학술연구비 지원으로 수행되었습니다. 본 과제를 수행하기 위해 각 국가별로 샘플채취를 도와주신 주식회사 일풍 김광록 대표, 태국 현지기업인 S2K 김수식 대표, 베트남의 Hop Tan Seafood 대표 Doan Van Thanh 대표 Hai Ha seafood Ha Thanh Ha 대표 및 이효상 대표, 인도네시아에 거주 하시는 남궁균, 박중웅, 원창석 대표 그리고 중국의 김경곤 대표께 깊은 감사의 말씀을 전합니다.

REFERENCES

Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Meyers, E.W., and Lipman, D.J. (1990) Basic Local Alignment Search Tool. *Journal of Molecular Biology*, **215**: 403-410.

Bergman, A. M. (2013) Phylogeography of *Sepioteuthis lessoniana* (the bigfin reef squid) and *Uroteuthis duvauceli* (the Indian squid). Honors Theses, Southern Illinois University, Carbondale, United States of America.

Bonnaud L., Saihi A. and Boucher-Rodoni R. (2002) Are 28S Rdna And 18S Rdna Informative For Cephalopod Phylogeny? *Bulletin Of Marine Science*, **71**(1): 197-208

Braid, H.E., McBride, P.D., Bolstad, K.S.R. (2014) Molecular phylogenetic analysis of the squid family Mastigoteuthidae (Mollusca, Cephalopoda) based on three mitochondrial genes. *Hydrobiologia*, **725**(1): 145-164.

Cheng R., Zheng X., Ma Y., Li Q. (2013) The complete mitochondrial genomes of two octopods *Cistopus chinensis* and *Cistopus taiwanicus*: revealing the phylogenetic position of the genus Cistopus within the order Octopoda. *PLoS One,* **8**: e84216.

Cheng, R., Yang, J., Lin, X., Zheng, X., Li, Q. (2012). "Determination of the complete mitochondrial DNA sequence of Octopus minor." *Molecular Biology Reports*, **39**(4): 3461-3470.

Ewing, B., and Green, P. (1998) Base-calling of automated sequencer traces using phred. II. Error probabilities. *Genome Research*, **8**: 186-194.

Ewing, B., Hillier, L., Wendl, M.C., and Green, P. (1998) Base-calling of automated sequencer traces using phred. I. Accuracy assessment. *Genome Research*, **8**: 175-185.

Furuya H. (2006) Three new species of dicyemid mesozoans (phylum Dicyemida) from *Amphioctopus fangsiao* (Mollusca: Cephalopoda), with comments on the occurrence patterns of dicyemids. *Zoological Science*, **23**(1): 105-119.

Guo B., Wang W., Qi P., Wu C., Chen Y., Lv Z. (2016) Complete mitochondrial genome of the needle cuttlefish *Sepia aculeata* (Sepioidea, Sepiidae). *Mitochondrial DNA*, **27**(1): 67-68.

Hebert, P.D., Ratnasingham, S., and deWaard, J.R. (2003) Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings Biology Sciences*, **270** Suppl 1: S96-99.

Higgins, D.G., and Sharp, P.M. (1988) CLUSTAL: a package for performing multiple sequence alignment on a microcomputer. *Gene*, **73**: 237-244.

Hsiao C., Shen K.N., Ching T.Y., Wang Y.H., Ye J.J., Tsai S.Y., Wu S.C., Chen C.H., Wang C.H. (2015) The complete mitochondrial genome of the cryptic "lineage A" big-fin reef squid, *Sepioteuthis lessoniana* (Cephalopoda: Loliginidae) in Indo-West Pacific. *Mitochondrial DNA*: 1-2.

Huang, X., and Madan, A. (1999) CAP3: A DNA sequence assembly program. *Genome Research*, **9**: 868-877.

Jereb, P. & Roper, C.F.E. (2005) Cephalopods of the World. An annotated and Illustrated Catalogue of Cephalopod Species Known to Date. Volume 1 Chambered Nautiluses and Sepioida. Food and Agriculture Organization of the United Nations Rome. pp. 1-262, pls. i-ix.

Jereb, P. & Roper, C.F.E. (2010) Cephalopods of the World. An annotated and Illustrated Catalogue of Cephalopod Species Known to Date. Volume 2 Myopsid and Oegopsid Squids. Food and Agriculture Organization of the United Nations Rome. pp. 1-605,

pls. i-x.

Jereb, P., Roper, C.F.E., Norman, M.D. & Finn, J.K. (2014) Cephalopods of the World. An annotated and Illustrated Catalogue of Cephalopod Species Known to Date. Volume 2 Octopods and Vampire Squids. Food and Agriculture Organization of the United Nations Rome. pp. 1-352, pls. i-xi.

Kang J.H., Kim Y.K., Park J.Y., An C.M., Jun J.C. (2012) Development of microsatellite markers to genetically differentiate populations of *Octopus minor* from Korea and China. *Molecular Biology Reports*, **39**(8): 8277-8286.

kang, S.W., Hwang, H.J., Park, S.Y., Wang, T.H., Park, E.B., Lee, T.H., Hwang, U.W., Lee, J.-S., Park, H.S., Han, Y.S., Lim, C.E., Kim, S., and Lee, Y.S. (2014) Mollusks Sequence Database: Version II. *Korean Journal of Malacology,* **30**(4): 429-431.

Kang, S.W., Park, S.Y., Patnaik, B.B., Hwang, H.J., Kim, C., Kim, S., Lee, J.S., Han, Y.S., and Lee, Y.S. (2015) Construction of PANM Database (Protostome DB) for rapid annotation of NGS data in Mollusks. *Korean Journal of Malacology*, **31**(3): 243-247.

Kawashima Y., Nishihara H., Akasaki T., Nikaido M., Tsuchiya K., Segawa S., Okada N. (2013) The complete mitochondrial genomes of deep-sea squid (*Bathyteuthis abyssicola*), bob-tail squid (*Semirossia patagonica*) and four giant cuttlefish (*Sepia apama*, *S. latimanus*, *S. lycidas* and *S. pharaonis*), and their application to the phylogenetic analysis of Decapodiformes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **69**(3): 980-993.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., and Kumar, S. (2013) MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, **30**: 2725-2729.

Lee, Y.S., Jo, Y.-H., Kim, D.-S., Kim, D.-W., Kim, M.-Y., Choi, S.-H., Yon, J.-O., Byun, I.-S., Kang, B.-R., Jeong, K.-H., and Park, H.-S. (2004) Construction of BLAST Server for Mollusks. *Korean Journal of Malacology,* **20**(2): 165-169.

Lindgren A.R., Pankey M.S., Hochberg F.G., Oakley T.H. (2012) A multi-gene phylogeny of Cephalopoda supports convergent morphological evolution in association with multiple habitat shifts in the marine environment. *BMC Evolutionary Biology*, **12**: 129.

Norman, M.D. & Lu, C.C. (2000) Preliminary Checklist of the Cephalopods the South China Sea. *The Raffles Bulletin of Zoology*, Supplement No. **8**: 539-567.

Norman, M.D. (2000) Cephalopods; A world Guide. Frankfurt, Germany, IKAN Publishing. pp. 1-320.

Okutani, T. (1995) Cuttlefish and Squids of the World in Color. Publication for the 30th Anniversary of the Foundation of National Cooperative Association of Squid Processors. pp. 1-185. [in Japanese and English].

Okutani, T. (2000) Marine Mollusks in Japan. Tokai Univ., Press. Tokyo. (Ed.). pp. 1-1172. [in Japanese and English].

Okutani, T. (2005) Past, Present and Future Studies on Cephalopod Diversity in Tropical West Pacific. *Phuket Marine biological Center Research Bulletin*, **66**: 39-50.

Okutani, T., Tagawa, M., Horikawa H. & Fish, M. (1987) Cephalopods from Continental Shelf and Slope around Japan. Japan Fisheries Resource Conservation Association. pp.1-194. [in Japanese and English].

Shen K.N., Yen T.C., Chen C.H., Ye J.J., Hsiao C.D. (2014) The complete mitochondrial genome of the cryptic "lineage B" big-fin reef squid, *Sepioteuthis lessoniana* (Cephalopoda: Loliginidae) in Indo-West Pacific. Mitochondrial DNA: 1-2.

Speiser D.I., Pankey M., Zaharoff A.K., Battelle B.A., Bracken-Grissom H.D., Breinholt J.W., Bybee, S.M., Cronin, T.W., Garm, A., Lindgren, A.R., Patel, N.H., Porter, M.L., Protas, M.E., Rivera, A.S., Serb, J.M., Zigler, K.S., Crandall, K.A., Oakley, T.H. (2014) Using phylogenetically-informed annotation (PIA) to search for light-interacting genes in transcriptomes from non-model organisms. *BMC Bioinformatics,* **15**: 350.

Sreeja, V., Bijukumar, A. & Norman, M.D. (2012) First report of *Amphioctopus neglectus* (Nateewathana & Norman, 1999) and A. rex (Nateewathana & Norman, 1999) (Mollusca: Cephalopoda) from the Indian coast. *Molluscan Research*, **32**(1): 43-49.

Wang W., Guo B., Li J., Qi P., Wu C. (2014) Complete mitochondrial genome of the common cuttlefish *Sepia pharaonis* (Sepioidea, Sepiidae). *Mitochondrial DNA*, **25**: 198-199.

Wang W., Guo B., Li J., Wang H., Qi P., Lv Z., Wu C. (2015) Complete mitochondrial genome of the spineless cuttlefish *Sepiella inermis* (Sepioidea, Sepiidae). *Mitochondrial DNA*, **26**: 151-152.

Yang J.M., Sun G.H., Zheng X.D., Ren L.H., Wang W.J., Li G.R., Sun B.C. (2015) Genetic differentiation of *Octopus minor* (Mollusca, Cephalopoda) off the northern coast of China as revealed by amplified fragment length polymorphisms. *Genet. Mol. Res.*, **14**: 15616-15623.

Zhang X, Zheng X, Ma Y, Li Q (2015) Complete mitochondrial genome and phylogenetic relationship analyses of *Amphioctopus aegina* (Gray, 1849) (Cephalopoda: Octopodidae). *Mitochondrial DNA*, : 1-2.