

# 海南岛发现长舌果蝠

谢焕旺<sup>①②</sup> 汪慧琳<sup>③</sup> 何向阳<sup>①</sup> 梁捷<sup>①</sup>  
王俊华<sup>①</sup> 张语之<sup>①②</sup> 张劲硕<sup>④</sup> 张礼标<sup>①\*</sup>

① 广东省生物资源应用研究所, 广东省动物保护与资源利用重点实验室, 广东省野生动物保护与利用公共实验室 广州 510260;

② 武汉大学生命科学院 武汉 430072; ③ 南部战区空军保障部机营处 广州 510007;

④ 中国科学院动物研究所, 国家动物博物馆 北京 100101

**摘要:** 2019年7月于海南岛儋州市石花水洞网捕到1只蝙蝠, 形态特征、头骨特征及线粒体 *Cyt b* 基因序列鉴定证实其为长舌果蝠 (*Eonycteris spelaea*), 该物种为海南岛蝙蝠分布新记录种。其主要鉴别特征为: 中等体型, 前臂长 69.6 mm; 第二指无爪; 有一短尾, 尾长 12.9 mm, 明显突出于股膜之后; 肛腺发达; 头骨较大, 头骨和吻部相对较长, 颅全长 35.2 mm, 吻长 11.4 mm。本文报道了海南岛长舌果蝠的外部形态、头骨特征以及基于 *Cyt b* 基因序列的系统发育树结果, 并与该物种已报道的数据进行了比较。

**关键词:** 翼手目 (蝙蝠); 长舌果蝠; 分布新记录种; 海南岛

**中图分类号:** Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2020) 02-165-07

## A New Record of Cave Nectar Bat *Eonycteris spelaea* in Hainan Island, China

XIE Huan-Wang<sup>①②</sup> WANG Hui-Lin<sup>③</sup> HE Xiang-Yang<sup>①</sup> LIANG Jie<sup>①</sup>  
WANG Jun-Hua<sup>①</sup> ZHANG Yu-Zhi<sup>①②</sup> ZHANG Jin-Shuo<sup>④</sup> ZHANG Li-Biao<sup>①\*</sup>

① *Guangdong Key Laboratory of Animal Conservation and Resource Utilization, Guangdong Public Laboratory of Wild Animal Conservation and Utilization, Guangdong Institute of Applied Biological Resources, Guangzhou 510260;*

② *College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan 430072;* ③ *Southern Theater Command Air Force Support Department Jiying Division, Guangzhou 510007;* ④ *National Zoological Museum of China, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China*

**Abstract:** In July 2019, a bat was captured at Shihua Cave in Danzhou of Hainan Island and identified as *Eonycteris spelaea* by morphological measurements, skull characteristics and analysis on mitochondrial *Cyt b* gene. It is medium-sized bat with a forearm of 69.6 mm and without a claw on the second finger of the forelimb (Table 1). A short tail of 12.9 mm is prominent behind the femoral membrane and the bat has well-developed anal gland (Table 1 and Fig. 1). The greatest length of skull (GTL) is 35.2 mm and the rostral length (RL) is 11.4 mm (Table 1). The phylogenetic relationships of *E. spelaea* with its close species inferred from *Cyt b* gene sequences display that the Hainan bat and *E. spelaea* cluster a branch in high bootstrap value (Fig. 2). This is the first record of this species in Hainan Island. In the present study, morphological characters, the skull

**基金项目** 广东省科技计划项目 (No. 2018B030324001), 广东省科学院科技发展专项 (No. 2018GDASCX-0107);

\* 通讯作者, E-mail: zhanglb@gdei.gd.cn;

**第一作者简介** 谢焕旺, 男, 硕士研究生; 研究方向: 动物生态学; E-mail: hwxie28@163.com。

收稿日期: 2019-10-24, 修回日期: 2020-01-08 DOI: 10.13859/j.cjz.202002005

characters and the phylogenetic tree based on *Cyt b* gene sequences were represented detailedly. Comparisons were also performed between our findings and published data about the species recorded in other areas.

**Key words:** Chiroptera (bat); *Eonycteris spelaea*; New record; Hainan Island

海南岛是中国第二大岛 (18°9' ~ 20°11'N, 108°36' ~ 111°4'E), 处于印度尼西亚-马来西亚热带地区的北部边缘地带 (徐龙辉等 1983)。海南有着典型的热带季风气候, 常年气温较高, 降雨量大, 同时也有着典型的岛屿生态环境 (邓须军 2018)。海南岛是我国生物多样性最高的地区之一, 也是世界生物多样性研究与保护的热点区域 (李玉春等 2005, 史海涛 2011), 具有十分重要的研究价值。胡宜峰等 (2019) 统计海南岛内共有翼手目 8 科 20 属 41 种, 其中, 狐蝠科 2 种, 即犬蝠 (*Cynopterus sphinx*) 和棕果蝠 (*Rousettus leschenaultii*)。

长舌果蝠 (*Eonycteris spelaea*) 隶属于翼手目 (Chiroptera) 狐蝠科 (Pteropodidae) 长舌果蝠亚科 (Macroglossinae) 大长舌果蝠属, 常集大群栖息于洞穴中, 食物以花蜜和花粉为主, 水果为辅 (Thavry et al. 2017)。目前, 在我国仅见分布于广西和云南 (Smith 等 2009)。2019 年 7 月, 本研究组于海南岛儋州市采集到 1 只狐蝠科蝙蝠, 基于其外部形态、头骨特征和分子序列比对, 鉴定为长舌果蝠, 为海南岛翼手目分布新记录物种。

## 1 研究方法

### 1.1 标本采集

2019 年 7 月 30 日在海南岛儋州市八一农场石花水洞 (109°18'E, 19°27'N, 海拔 139 m) 洞口, 通过雾网捕获到 1 只雄性蝙蝠。

### 1.2 外形及头骨测量

将蝙蝠带回实验室, 称量体重 (MS-501 微型电子称, 美国双杰 G & G 电子天平有限公司, 精确到 0.1 g), 记录性别和年龄, 根据《中国兽类野外手册》进行物种初步鉴定 (Smith 等 2009)。参照杨奇森等 (2007) 和潘清华等 (2007) 的测量标准, 采用游标卡尺 (DIGITAL

CALIPER 牌电子数显卡尺, 桂林迪吉特电子有限公司, 精确到 0.1 mm) 对标本进行详细形态数据的测量。将蝙蝠制作毛皮标本并剥离头骨, 依据小型哺乳动物测量标准 (Bates et al. 1997, 杨奇森等 2007) 进行头骨测量。与中国云南 (冯庆等 2007)、印度 (Nameer et al. 2016) 以及尼泊尔 (Acharya et al. 2012, Sharma et al. 2018) 的长舌果蝠标本进行外形和头骨形态的比较。毛皮和头骨标本保存于广东省生物资源应用研究所 (标本号 HN191224)。

### 1.3 *Cyt b* 基因片段的扩增与分析

分子鉴定采用线粒体细胞色素 *b* 基因 (*Cyt b*) 序列作为分子标记。采集该标本肌肉组织保存于无水乙醇中, 使用 QIAGEN 公司的基因组提取试剂盒进行 DNA 提取, 扩增引物为 L14724 5'-CGA AGC TTG ATA TGA AAA ACC ATC GTT G-3' 和 H15149 5'-AAA CTG CAG CCC CTC AGA ATG ATA TTT GTC CTC A-3' (Linacre et al. 2005)。扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测后送北京擎科生物科技有限公司武汉分公司进行测序和拼接。

### 1.4 分子鉴定

将获得的序列在 GenBank 上进行 Nucleotide BLAST 搜索, 与已知物种 *Cyt b* 序列比对确认该物种的可能分类地位。从 NCBI 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) 下载长舌果蝠、菲律宾长舌果蝠 (*E. robusta*)、大长舌果蝠 (*E. major*)、安氏长舌果蝠 (*Macroglossus sobrinus*) 和棕果蝠的 *Cyt b* 序列, 加上本研究样本的基因序列, 利用 MUSCLE (Edgar 2004) 进行对位排序, 使用 MEGA 5.0 (Tamura et al. 2011) 采用邻接法 (neighbor-joining method) 构建系统发育树 (Saitou et al. 1987), 自展 1 000 次评估节点置信度。

## 2 结果

### 2.1 外部形态及头骨形态特征

本次采集到的蝙蝠标本为成年雄性个体，中等体型。耳屏缺失，耳缘形成一完整的环；第Ⅱ指无爪；第Ⅲ掌骨略大于第Ⅳ和第Ⅴ掌骨长度；后足长不足胫骨长的一半，爪长而粗壮。身体毛发浓密柔软，中等长度；背部毛发呈浅黑褐色；腹部毛发较浅，短而密，呈灰褐色。

肛门两侧肛周腺发达；有一短尾，明显突出于股膜之后。头骨较大，明显偏斜，头骨和吻部相对较长。前颌骨游离，无腭骨；眶后突明显发达；基枕骨和基蝶骨不异常地狭窄。牙齿构造特化，适宜食果、食蜜；齿尖不发达；齿冠平坦，有直线的中沟；上下臼齿齿冠前部有两枚钝的齿尖；上颌第三臼齿微小；齿式 2.1.3.2/2.1.3.3 = 34。外形与头骨的测量值见表 1，形态学特征见图 1。

表 1 长舌果蝠外部形态及头骨测量（长度：mm，体重：g）

Table 1 External and skull measurements of *Eonycteris spelaea* (length in mm, weight in g)

项目 Item	海南 Hainan (HN 191224)	云南 Yunnan (冯庆等 2007)	印度 India (Nameer et al. 2016)	尼泊尔 Nepal (Accharya et al. 2012, Sharma et al. 2018)
体重 Body mass, Wt	79.7	43.1 ~ 65.9	61 ~ 85	68
前臂长 Forearm length, FA	69.6	65.0 ~ 71.8	72.23 ~ 76.69	66.0 ~ 78.0
头体长 Body length, HB	119.9	102.0 ~ 115.0	84.21 ~ 96.82	92.0 ~ 130.0
耳长 Ear length, EL	15.8	19.9 ~ 21.1	19.06 ~ 19.65	16.9 ~ 21.0
后足长 Hind-foot length, HF	15.1	13.2 ~ 16.8	15.06 ~ 19.7	17.0 ~ 21.0
尾长 Tail length, TL	12.9	13.0 ~ 17.0	14.4 ~ 15.08	10.5 ~ 23.0
胫骨长 Tibia length, TiB	33.5	28.0 ~ 32.3	35.21 ~ 39.75	29.5
第Ⅲ掌骨长 Third metacarpal length, IIIMC	46.4	47.5 ~ 53.08		42.7
第Ⅲ掌骨第Ⅰ指骨长 Length of first phalanx of the third digit, III <sup>1</sup>	31.1	31.0 ~ 34.27		32.1
第Ⅲ掌骨第Ⅱ指骨长 Length of second phalanx of the third digit, III <sup>2</sup>	42.6	37.04 ~ 41.26		44.7
第Ⅳ掌骨长 Fourth metacarpal length, IVMC	43.2	47.19 ~ 52.23		44.7
第Ⅴ掌骨长 Fifth metacarpal length, VMC	42.1	41.62 ~ 48.38		41.5
第Ⅴ掌骨第Ⅰ指骨长 Length of first phalanx of the fifth digit, V <sup>1</sup>	20.0	19.87 ~ 24.04		21.4
第Ⅴ掌骨第Ⅱ指骨长 Length of second phalanx of the fifth digit, V <sup>2</sup>	18.3	16.60 ~ 19.47		18.7
颅全长 Greatest length of skull, GTL	35.6	33.21 ~ 36.45	34.09 ~ 36.8	33.3 ~ 37.5
颅基长 Condylbasal length, CBL	31.7	32.05 ~ 34.81		31.7 ~ 36.3
颅高 Braincase height, BH	11.8	9.16 ~ 11.98		
枕犬长 Condyllo-canine length, CCL	30.2	30.92 ~ 33.74	31.66 ~ 33.23	
颧宽 Zygomatic breadth, ZB	22.9	19.06 ~ 21.42	19.49 ~ 23.31	19.0 ~ 22.1
脑颅宽 Braincase breadth, BB	15.0	19.73 ~ 23.14	14.82 ~ 15.4	14.0 ~ 15.1
眶间距 Least interorbital width, IOW	7.1	5.98 ~ 7.35		
腭桥长 Palatal bridge length, PBL	17.6	13.58 ~ 18.08		
后头宽 Mastoid width, MAW	14.0	12.45 ~ 14.27		
吻长 Rostral length, RL	11.4	12.25 ~ 14.89		
吻宽 Rostral width, RW	6.9	7.59 ~ 9.01		
上齿列长 Length of upper tooth row, C <sup>1</sup> -M <sup>3</sup>	12.6	12.66 ~ 15.49		11.9 ~ 13.4
下齿列长 Length of lower tooth row, C <sub>1</sub> -M <sub>3</sub>	14.0	14.10 ~ 16.06		13.0 ~ 13.7

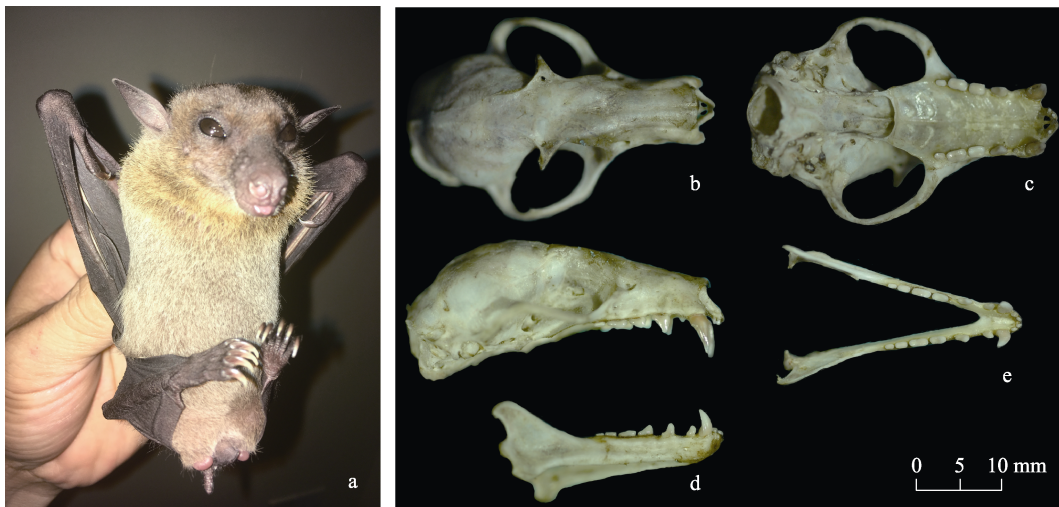


图 1 长舌果蝠照片和头骨特征 (HN 191224)

Fig. 1 Photo and skull characteristics of *Eonycteris spelaea* (HN 191224)

a. 外部形态; b. 头骨背面; c. 头骨腹面; d. 头骨侧面; e. 下颌骨正面

a. Photo; b. Dorsal view of skull; c. Ventral view of skull; d. Lateral view of skull; e. Front view of mandible.

## 2.2 序列分析

测序后的原始序列通过 BLAST 并去除两端的非 *Cyt b* 基因片段后, 获得 425 bp 的 *Cyt b* 基因部分片段。经 NCBI 数据库 Nucleotide BLAST 比对, 与 NCBI 序列号为 KX 823319.1 的长舌果蝠 *Cyt b* 基因序列的相似性最高, 为

99.53%。将获得的部分 *Cyt b* 基因序列与 NCBI 数据库中已有的长舌果蝠、安氏长舌果蝠、棕果蝠、菲律宾长舌果蝠、大长舌果蝠的 *Cyt b* 基因序列 (表 2) 构建系统发育树, 该海南蝙蝠样本与长舌果蝠聚为高支持度的一支 (图 2)。结合外形和头骨鉴定, 将本研究中海南样

表 2 构建部分果蝠的系统进化树的 *Cyt b* 序列信息

Table 2 List of the 17 cytochrome *b* (*Cyt b*) sequences used to reconstruct the phylogeny of bats

物种 Species	样品来源 Locality	GenBank 序号 GenBank accession number	文献 References
	印度 Indina	JN627514.1	NCBI
	印度 Indina	KT875801.1, KT875794.1	Francisca et al. 2016
	菲律宾 Philippines	AB062476.1	Bastian et al. 2002
长舌果蝠 <i>Eonycteris spelaea</i>	菲律宾 Philippines	AB046324.1, AB046323.1, AB046322.1	Bastian et al. 2001
	中国 China	FJ218482.1	Norberto et al. 2009
	西非 West Africa	KX823319.1	Hassanin et al. 2016
	马来西亚 Malaysia	EU521601.1	Faisal et al. 2008
菲律宾长舌果蝠 <i>E. robusta</i>	菲律宾 Philippines	JN398201.1	Francisca et al. 2011
大长舌果蝠 <i>E. major</i>	马来西亚 Malaysia	EU521600.1	Faisal et al. 2008
安氏长舌果蝠 <i>Macroglossus sobrinus</i>	西非 West Africa	KX823318.1	Hassanin et al. 2016
棕果蝠 <i>Rousettus leschenaultia</i>	中国 China	FJ549337.1, FJ549336.1 FJ549335.1, FJ549331.1	NCBI

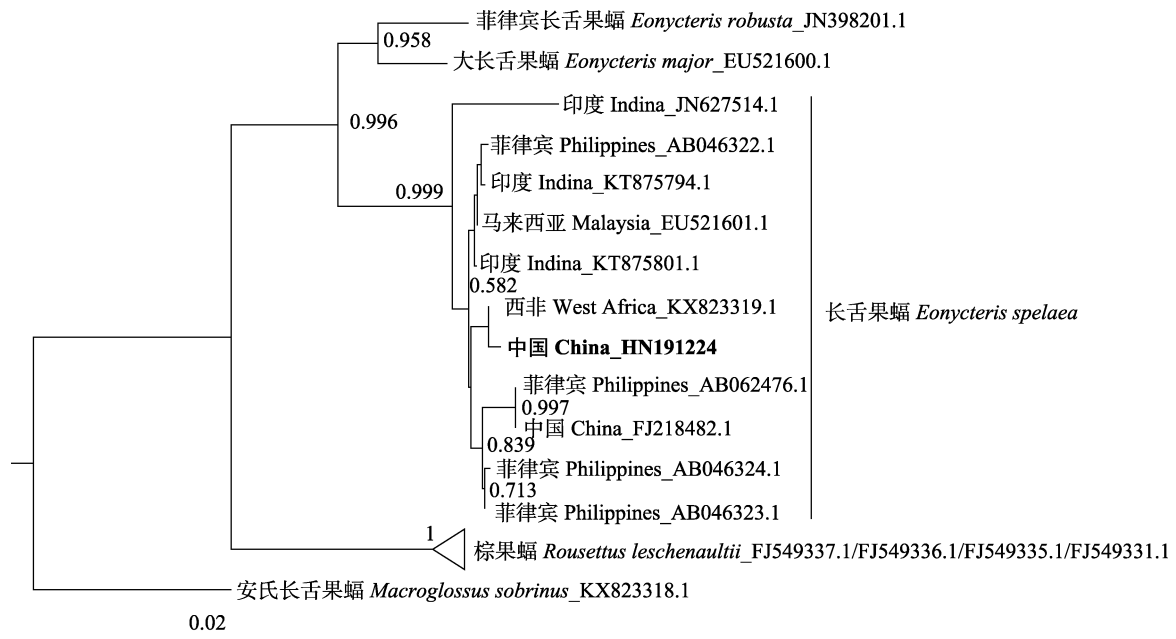


图2 基于 Cyt *b* 基因 425 bp 序列构建的长舌果蝠及其近缘物种系统进化树 (邻接树)

Fig. 2 Phylogenetic relationships of *Eonycteris spelaea* with its close species inferred from Cyt *b* gene sequences and using neighbor joining

树结点数字代表支持率, 棕果蝠和安氏长舌果蝠作为外群。图中其他 Cyt *b* 基因序列来源见表 2。HN191224 代表本文研究样本。

Node numbers indicate bootstrap value, *Rousettus leschenaultii* and *Macroglossus sobrinus* as outgroups, other Cyt *b* gene sequences information showed in table 2. HN191224 indicate the sample studied in this paper.

本鉴定为长舌果蝠。

### 3 讨论

狐蝠科长舌果蝠亚科的蝙蝠主要以植物的浆果、花和花蜜为食。其特征是体型中等或偏小, 舌延长, 舌尖呈刷状, 舌面中央具乳突状突起。长舌果蝠亚科有 6 属 12 种, 主要分布于东南亚、南沙群岛、澳大利亚和热带非洲 (冯庆等 2007)。寿振黄 (1957) 最早报道了云南省河口小南溪采集的长舌果蝠为中国新纪录, 但是仅仅作了简要的记述。后来, 冯庆等 (2007) 报道长舌果蝠亚科在中国分布也仅有 2 属 2 种, 分别是大长舌果蝠属的长舌果蝠和小长舌果蝠属 (*Macroglossus*) 的安氏长舌果蝠, 该研究作了非常细致的比较。长舌果蝠的舌延长, 舌尖上的刷状突起比较多且很发达, 与安氏长舌

果蝠很相似, 但是不同之处在于: (1) 长舌果蝠的体型较大, 前臂长在 65.0 ~ 71.8 mm 之间 (本文研究标本的前臂长 69.6 mm); 而安氏长舌果蝠的前臂长是 47.31 ~ 51.01 mm; (2) 长舌果蝠第二指无爪, 安氏长舌果蝠第二指具爪 (本文研究标本第二指无爪); (3) 长舌果蝠有一短尾, 尾长范围是 13 ~ 17 mm (本文研究标本尾长 12.9 mm), 且明显突出于股膜之后; 但安氏长舌果蝠尾很短, 大多没有超出毛被以外。

长舌果蝠 (*Macroglossus spelaea*) 的模式产地为缅甸娜莎琳 (Dobson 1871)。由于第二指无爪和白齿非常粗壮等特征, 与小长舌果蝠属 (*Macroglossus*) 具有明显不同, 所以在 1873 年命名人又以 *M. spelaeus* 为属模另立了一个新属, 即大长舌果蝠属 (*Eonycteris*) (Dobson 1873)。针对大长舌果蝠属的物种划分问题,

Andersen (1912) 分为了 3 种: 偏小体型的长舌果蝠、偏大体型的大长舌果蝠和洛氏长舌果蝠 (*E. rosenbergi*), 但 Andersen 对洛氏长舌果蝠的分类地位存有疑问, 怀疑它可能是长舌果蝠的畸形个体。Tate 等 (1942) 对长舌果蝠属作了比较详细的对比分析, 认为洛氏长舌果蝠并不成立。Corbet 和 Hill (1992) 亦将本属分为长舌果蝠和大长舌果蝠, 并认为菲律宾长舌果蝠只是大长舌果蝠的亚种。Corbet 和 Hill (1992) 还提到长舌果蝠应该分成 3 个亚种: 在南亚和东南亚大陆分布的较小体型的指名亚种 *E. s. spelaeus*; 仅分布在苏拉威西北部体色偏暗的苏拉威西亚种 *E. s. rosenbergi*, 第 3 下臼齿  $M_3$  小或缺失为其主要区别特征; 爪哇亚种 *E. s. glandifera* 的体型较指名亚种大, 吻部很短且细 (分布在爪哇到菲律宾)。我国的长舌果蝠以及本次研究的蝙蝠个体其体型较小、体色较浅亮、并且第 3 下臼齿  $M_3$  大而显著, 与指名亚种相似。

此次捕获的海南标本 (HN 191224) 形态和头骨特征与文献描述的长舌果蝠特征一致 (表 1), 并且基于线粒体 *Cyt b* 基因构建的分子进化树显示与长舌果蝠聚集为一支 (图 2), 进一步证实物种鉴定的可靠性。长舌果蝠主要分布于文莱、柬埔寨、印度、马来西亚、印度尼西亚、菲律宾、缅甸、新加坡、越南、东帝汶、老挝、泰国和中国, 目前在我国边缘性分布于广西的西南部和云南的南部 (Smith 等 2009, 蒋志刚等 2015)。本次长舌果蝠在海南岛发现, 扩大了对该物种在我国分布地域的认识, 对其保护与研究具有一定的意义。我们推断中国南部的其他省份 (如广东省等) 也可能有该种的分布, 有待进一步调查证实。

**致谢** 承蒙张锦睿同学及海南省石花水洞地质公园的工作人员在野外样本采集过程中给予的帮助; 感谢曹鹏熙同学对头骨图片的处理。

## 参 考 文 献

Acharya P R, Adhikari H, Dahal S, et al. 2012. Bats of Nepal: A Field

Guide. New Baneshwor, Kathmandu, Nepal: Small Mammals Conservation and Research Foundation, 31.

Andersen K. 1912. Catalogue of the Chiroptera in the Collection of the British Museum Vol 1: Megachiroptera. 2nd ed. London: Natural History Museum Publications, 761–765.

Bastian S T, Tanaka K, Anunciado R V P, et al. 2001. Phylogenetic relationships among Megachiropteran species from the two major islands of the Philippines, deduced from DNA sequences of the cytochrome *b* gene. *Canadian Journal of Zoology*, 79(9): 1671–1677.

Bastian S T, Tanaka K, Anunciado R V P, et al. 2002. Evolutionary relationships of Flying Foxes (Genus *Pteropus*) in the Philippines inferred from DNA sequences of cytochrome *b* gene. *Biochemical Genetics*, 40(3/4): 101–116.

Bates P J J, Harrison D L. 1997. Bats of the Indian Subcontinent. Sevenoaks: Harrison Zoological Museum Publication, 258.

Corbet G B, Hill J E. 1992. The Mammals of the Indomalayan Region: A Systematic Review. London: Natural History Museum Publications, 488.

Dobson G E. 1871. On some new species of Malayan bats from the collection of Dr. Stoliczka. *Proceedings Asiatic Society of Bengal*: 12–39.

Dobson G E. 1873. On the Pteropidae of India and its Islands, with descriptions of New or Little Known Species. *Proceedings Asiatic Society of Bengal*: 194–205.

Edgar R C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5): 1792–1797.

Faisal A K. 2008. Diversification of old world bats in Malaysia: an evolutionary and phylogeography hypothesis tested through the genetic species concept. *Balkanistic Forum*, 64(1/3): 18.

Francisca C A, Norberto P G, Rob D S, et al. 2011. Evolutionary relationships of the Old World fruit bats (Chiroptera, Pteropodidae): Another star phylogeny. *BMC Evolutionary Biology*, 331: 183–204.

Francisca C A, Norberto P G, Nancy B S. 2016. The evolutionary history of the African fruit bats (Chiroptera: Pteropodidae). *Acta Chiropterologica*, 18(1): 73–90.

Hassanin A, Nesi N, Marin J, et al. 2016. Comparative phylogeography

- of African fruit bats (Chiroptera, Pteropodidae) provide new insights into the outbreak of Ebola virus disease in West Africa. *Retour au numéro*, 339(11/12): 517–528.
- Linaere A, Lee C I. 2005. Species determination: the role and use of the cytochrome *b* gene. *Methods in Molecular Biology*, 297: 45–52.
- Nameer P O, Ashmi R, Aravind S K, et al. 2016. First record of Dobson's long-tongued fruit bat *Eonycteris spelaea* (Dobson, 1871) (Mammalia: Chiroptera: Pteropodidae) from Kerala, India. *Journal of Threatened Taxa*, 8(11): 9371–9374.
- Norberto P G, Francisca C A, Nancy B S. 2009. Phylogenetic relationships of Harpyionycterine megabats (Chiroptera: Pteropodidae). *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 331: 183–204.
- Saitou N, Nei M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4): 406–425.
- Sharma B, Sanjeev B, Subedi A, et al. 2018. First record of dawn bat *Eonycteris spelaea* (Dobson, 1871) (Mammalia: Chiroptera: Pteropodidae) from western Nepal. *Bat Research and Conservation*, 11(1): 92–95.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, et al. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10): 2731–2739.
- Tate G H H. 1942. Results of the archbold expeditions. No. 48. Pteropodidae (Chiroptera) of the Archbold Collections. *British Museum (Natural History)*, 80: 331–347.
- Thavry H, Cappelle J, Bumrungsri S, et al. 2017. The diet of the cave nectar bat (*Eonycteris spelaea* Dobson) suggests it pollinates economically and ecologically significant plants in southern Cambodia. *Zoological Studies*, 56: e17
- 邓须军. 2018. 海南热带森林资源变动下经济、社会和生态协调发展研究. 哈尔滨: 东北林业大学博士学位论文, 34–61.
- 冯庆, 王应祥, 林苏. 2007. 中国安氏长舌果蝠的分类记述. *动物学研究*, 28(6): 647–653.
- 徐龙辉, 刘振河, 廖维平, 等. 1983. 海南岛的鸟兽. 北京: 科学出版社.
- 胡宜峰, 余文华, 岳阳, 等. 2019. 海南岛翼手目物种多样性现状与分布预测. *生物多样性*, 27(4): 400–408.
- 蒋志刚, 马勇, 吴毅, 等. 2015. 中国哺乳动物多样性及地理分布. 北京: 科学出版社.
- 李玉春, 蒙以航, 张利存, 等. 2005. 中国翼手目地理分布的环境因子影响分析. *动物学报*, 51(3): 413–422.
- 潘清华, 王应祥, 岩崑. 2007. 中国哺乳动物彩色图鉴. 北京: 中国林业出版社.
- 史海涛. 2011. 海南两栖爬行动物志. 北京: 科学出版社, 14–15.
- 寿振黄. 1957. 云南兽类的新纪录. *科学通报*, 16: 500–501.
- Smith A T, 解焱. 2009. 中国兽类野外手册. 长沙: 湖南教育出版社, 267–358.
- 杨奇森, 夏霖, 冯祚建, 等. 2007. 兽类头骨测量标准V: 食虫目、翼手目. *动物学杂志*, 42(2): 56–62.