

文蛤属2种贝类多变量形态分析及日本文蛤的物种有效性

吴杨平*, 姚国兴, 陈爱华*, 张志伟

(江苏省海洋水产研究所, 江苏 南通 226007)

摘要:为探讨日本文蛤与中国文蛤属2种贝类的形态差异及日本文蛤的物种有效性,采用多变量形态度量,结合传统分类方法,获得日本文蛤和中国大陆文蛤属2种贝类8个形态比例性状,并做单因素方差分析、聚类分析、主成分分析、判别分析及Mantel检验。结果表明,(1)单因子方差分析显示,日本文蛤与中国大陆文蛤属2种贝类,在8个比例性状中存在着5~8个显著差异($P < 0.05$);(2)聚类分析表明,6个文蛤地理种群距离相近,且呈现南北分别聚为一类,而日本文蛤与长乐丽文蛤相近;(3)主成分分析构建了3个主成分,其贡献率分别为34.88%、18.61%、16.89%,累积贡献率为70.38%,三维主成分散布图进一步表明日本文蛤与丽文蛤均独立于文蛤不同地理种群重叠区之外;(4)判别分析构建了8个判别函数,判别准确率 P_1 为39.09%~100%, P_2 为47.06%~100%,日本文蛤与中国大陆文蛤属2种贝类的综合判别率为70.60%,其中日本文蛤判别准确率为100%,丽文蛤判别准确率高91.67%;(5)Mantel检验结果表明,各种群间的地理距离与欧氏距离之间存在显著相关性($r = 0.6237, P < 0.01$)。研究认为,日本文蛤属于丽文蛤,与长乐丽文蛤属于同一种不同地理种群;根据MAYR等提出的75%规则,8个比例性状中有5个性状大于1.28,两个丽文蛤群体已达到亚种水平。

关键词:文蛤;丽文蛤;多变量形态度量;物种有效性

中图分类号:S 917; Q 959

文献标志码:A

文蛤属(*Meretrix*)贝类隶属于软体动物门(Mollusca)、瓣鳃纲(Lamellibranchia)、异齿亚纲(Heterodonta)、帘蛤目(Veneroidea)、帘蛤科(Veneridae),是广温、广盐性滩涂埋栖型双壳贝类,广泛分布于朝鲜、日本、越南、巴基斯坦、印度和中国等国家。目前报道的文蛤属贝类有文蛤(*Meretrix meretrix* Linnaeus)^[1]、丽文蛤(*Meretrix lusoria* Roeding)^[2]、斧文蛤(*Meretrix lamarckii* Deshayes)、皱肋文蛤(*Meretrix lyrata* Sowerby)、中国文蛤(*Meretrix petechialis*)和栗文蛤(*Meretrix castanea* Lamarck)等,中国文蛤主要分布于中国台湾、韩国^[3-4],皱肋文蛤和栗文蛤为中国南海、越南等国家与地区习见种^[5]。另据报

道,日本本土传统文蛤属丽文蛤广泛分布于日本北海道至冲绳沿海^[6-7],但随着从中国、韩国不断输入其他文蛤产品,日本本土文蛤属贝类混杂,甚至出现了难以甄别的“杂交种”(Meretrix sp.)^[7-10],日本文蛤种质资源遭到破坏;而对日本文蛤属贝类进行甄别,则便于今后开展文蛤贸易及各方面基础研究。

目前,有关文蛤属贝类的研究主要集中在形态学^[11]、细胞学^[12-13]、生理生化^[14-16]、分子遗传学^[17-21]、养殖学和病理学^[22-23]等方面,对日本文蛤形态分类的研究还未见报道。而国内对软体动物的形态差异分析研究较多,诸如泥蚶(*Tegillarca granosa*)^[24]、西施舌(*Coelomastra*

收稿日期:2011-03-21 修回日期:2011-05-11

资助项目:江苏省科技支撑计划项目(BE2010317);江苏省水产三项更新项目(PJ2010-50, BZ2010-10);南通市科技创新计划项目(AS2010021)

通讯作者:吴杨平, E-mail:uyiping@yahoo.cn;陈爱华, E-mail:chenah540540@yahoo.com.cn

antiquata)^[25]、缢蛏 (*Sinonovacula constricta*)^[26]、波纹巴非蛤 (*Paphia undulata*)^[27]、青蛤 (*Cyclina sinensis*)^[28]、彩虹明樱蛤 (*Moerella iridescens*)^[29]。本文拟通过多变量形态度量学方法、多元统计方法及 Mantel 检验对日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类加以区分,并探讨文蛤属贝类间的形态差异特点与地理分化规律,旨在为日本文蛤的识别与归属问题,以及种质资源保护和引种利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

实验所用日本文蛤(JML)采自日本三重县,中国大陆文蛤属 2 种贝类分别是采自长乐(CLM)、云霄(YXM)、珠江(ZJM)、庄河(ZHM)、东营(DYM)、启东(QDM)的文蛤和采自长乐的丽文蛤(CLL)(表 1,图 1)。所有样品在江苏省海洋水产研究所江苏省文蛤良种场内砂滤海水中暂养(盐度 23.7),除去壳外脏物,吐砂干净后随机抽取一定数量用于测量。

表 1 采样时间、地点和样本数
Tab.1 Statistics of sampling time, sites and number

地理种群 species	样本数量 sample number	壳长/mm shell length		体质量/g total weight		采集地点 sampling site	采集时间 sampling time
		范围 range	均值 mean	范围 range	均值 mean		
日本文蛤 JML	63	37.55 ~ 43.53	40.42 ± 1.56	13.8 ~ 23.6	18.0 ± 2.0	日本三重	2009-12
长乐丽文蛤 CLL	88	44.78 ~ 56.91	52.22 ± 2.36	24.3 ~ 48.6	37.9 ± 5.1	福建长乐	2009-11
长乐文蛤 CLM	80	54.88 ~ 86.59	63.62 ± 4.70	30.4 ~ 88.4	59.4 ± 12.9	福建长乐	2009-11
云霄文蛤 YXM	50	45.72 ~ 59.19	49.06 ± 2.40	24.9 ~ 45.2	31.0 ± 3.8	福建云霄	2009-11
珠江文蛤 ZJM	82	34.76 ~ 56.57	46.27 ± 4.76	10.9 ~ 42.6	26.2 ± 7.6	广东珠江	2009-11
启东文蛤 QDM	110	34.72 ~ 62.08	50.33 ± 4.88	13.1 ~ 64.2	36.2 ± 10.8	江苏启东	2008-06
东营文蛤 DYM	39	33.90 ~ 41.76	39.10 ± 1.95	8.7 ~ 19.1	15.5 ± 2.3	山东东营	2010-04
庄河文蛤 ZHM	39	30.77 ~ 54.83	43.56 ± 5.66	7.7 ~ 38.6	21.5 ± 6.9	辽宁庄河	2010-04



图 1 样本采集地理分布图

★表示采样地点。

Fig.1 Geographic distribution of sampling

★Shows sampling sites.

1.2 形态度量

采用游标卡尺、分规、直尺等测量工具,精确到 0.01 mm,测量壳长(AB)、壳宽(GH)、壳高(OC)、韧带长(OD)、楯面长(OE)、楯面宽(MN)、小月面长(OF)、前端到腹缘(BC)、后端到腹缘(AC)等 9 个可度量性状(图 2)。

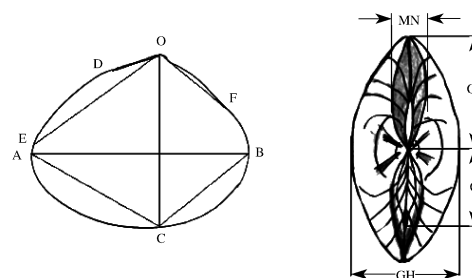


图 2 样本的形态测量

Fig.2 Morphological measurement of samples

1.3 数据处理

采用 SPSS 16.0 进行单因素方差分析以及聚类分析、主成分分析和判别分析 3 种多元分析方法对日本文蛤和中国大陆文蛤属 2 种贝类的形态差异进行比较分析。为消除样品规格大小对形态特征的影响,将所有参数分别除以本身壳长值予以校正,得到 8 个形态特征比例性状,再分别求出各组参数校正值的平均值。采用 TFPGA 程序分析地理直线距离与欧氏距离的相关性。

聚类分析 使用经校正处理后所获得的 8 个

形态学比例性状的平均校正值进行聚类分析,所采用的聚类方法为欧氏距离的最短距离系统聚类法。

主成分分析 通过 SPSS 16.0 统计软件从 8 个形态比例性状中运算得出 3 个综合性指标,即互不关联的 3 个主成分。主成分贡献率和累计贡献率的计算参照 MORALEV^[30] 的方法。

判别分析 采用逐步判别法进行判别分析。逐步判别参照 BREZESKI 等^[31] 的方法对所有参数进行校正。判别分析对所有样本进行逐个判别,判别准确率及综合判别率的计算公式如下:

判别准确率 $P_1(\%) = \text{判别正确的样品数} / \text{实测样品数} \times 100$

判别准确率 $P_2(\%) = \text{判别正确的样品数} / \text{判别样品数} \times 100$

$$\text{综合判别率 } P = \frac{\sum_{i=1}^k A_i}{\sum_{i=1}^k B_i}$$

式中, A_i 为第 i 个群体判别正确的样品数, B_i 为第 i 个群体实际判别的样品数, k 为群体数。

相关分析 利用 8 个形态特征比例性状求出各组样品每个参数校正值的平均值,通过 SPSS 16.0 进行相关分析中的距离分析,得出欧氏距离,并结合 Google Earth 软件测量每个采样地点

的地理距离,通过 TFPGA 1.3 软件对欧氏距离和地理距离进行两数值的相关分析。

1.4 差异系数(CD)的计算

参照 MAYR 等^[32] 的方法计算差异系数,检验不同群体之间的差异程度。参照识别和划分亚种的 75% 规则,差异系数(CD)可由下列公式求得:

$$CD = (M_1 - M_2) / (S_1 + S_2)$$

式中, M_1 和 M_2 分别代表两个群体某项形态性状的平均值, S_1 和 S_2 为对应的标准差。若差异系数大于 1.28,则分为亚种。

2 结果

2.1 形态比较

对日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类进行单因子方差分析,并对各群体指标采用 LSD 法进行多重比较。从多重比较结果可知,日本文蛤与东营文蛤存在 5 个形态特征差异显著 ($P < 0.05$),与长乐丽文蛤、庄河文蛤均分别存在 6 个形态特征差异显著 ($P < 0.05$),而与长乐文蛤、云霄文蛤、珠江文蛤和启东文蛤均分别存在 8 个形态特征差异显著 ($P < 0.05$)。

表 2 日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类可量性状的平均值和标准差及单因子方差分析结果

Tab. 2 The means, standard deviations and results of One-Way ANOVA for morphometric characters between Japanese *M. lusoria* and two Chinese species of *Meretrix*

性状 trait	日本文蛤 JML	长乐丽文蛤 CLL	长乐文蛤 CLM	云霄文蛤 YXM	珠江文蛤 ZJM	启东文蛤 QDM	东营文蛤 DYM	庄河文蛤 ZHM
壳宽/壳长 GH/AB	0.840 ± 0.051 ^a	0.487 ± 0.017 ^b	0.509 ± 0.020 ^c	0.530 ± 0.021 ^d	0.511 ± 0.034 ^c	0.504 ± 0.017 ^c	0.540 ± 0.031 ^d	0.536 ± 0.032 ^d
壳高/壳长 OC/AB	0.538 ± 0.018 ^a	0.793 ± 0.018 ^b	0.815 ± 0.019 ^c	0.812 ± 0.024 ^c	0.794 ± 0.022 ^b	0.811 ± 0.026 ^c	0.840 ± 0.018 ^d	0.828 ± 0.025 ^c
韧带长/壳长 OD/AB	0.256 ± 0.021 ^a	0.253 ± 0.012 ^a	0.266 ± 0.020 ^b	0.242 ± 0.017 ^c	0.274 ± 0.019 ^d	0.295 ± 0.026 ^c	0.281 ± 0.050 ^d	0.299 ± 0.021 ^c
楕面长/壳长 OE/AB	0.741 ± 0.048 ^a	0.645 ± 0.024 ^b	0.679 ± 0.037 ^c	0.690 ± 0.037 ^c	0.706 ± 0.023 ^d	0.718 ± 0.046 ^c	0.735 ± 0.046 ^a	0.743 ± 0.040 ^a
楕面宽/壳长 MN/AB	0.338 ± 0.027 ^a	0.252 ± 0.034 ^b	0.265 ± 0.027 ^c	0.248 ± 0.027 ^b	0.267 ± 0.025 ^c	0.265 ± 0.029 ^c	0.311 ± 0.021 ^d	0.290 ± 0.026 ^c
小月面长/壳长 OF/AB	0.415 ± 0.028 ^a	0.335 ± 0.036 ^b	0.376 ± 0.030 ^c	0.390 ± 0.028 ^d	0.392 ± 0.026 ^d	0.402 ± 0.034 ^c	0.421 ± 0.040 ^a	0.392 ± 0.042 ^{dc}
前端到腹缘/壳长 BC/AB	0.674 ± 0.067 ^a	0.602 ± 0.022 ^b	0.594 ± 0.032 ^{bf}	0.622 ± 0.025 ^c	0.599 ± 0.025 ^{bd}	0.604 ± 0.030 ^{bd}	0.647 ± 0.019 ^c	0.638 ± 0.026 ^c
后端到腹缘/壳长 AC/AB	0.641 ± 0.069 ^a	0.631 ± 0.017 ^{ac}	0.708 ± 0.027 ^b	0.703 ± 0.039 ^b	0.713 ± 0.024 ^b	0.691 ± 0.039 ^c	0.644 ± 0.025 ^a	0.649 ± 0.027 ^{ad}

注:上标英文小写字母表示群体间的差异程度,字母相同或包含关系表示差异不显著,不同或交集表示差异显著。

Notes: The superscript means the difference among populations. The same superscript or inclusion relation means the differences are not significant, while the different superscript or intersection relation means the differences are significant.

2.2 聚类分析

日本文蛤与长乐丽文蛤距离最近,形态比较

相近;长乐文蛤、珠江文蛤、启东文蛤、云霄文蛤、东营文蛤和庄河文蛤 6 个文蛤地理种群距离相

近,且呈现南北分别聚为一类,即采自南方长乐、珠江、启东和云霄的文蛤聚为一类,采自北方东营和庄河的文蛤聚为一类。由此可见,日本文蛤与丽文蛤相近,属丽文蛤,是一类分布在日本沿海的丽文蛤(图 3)。

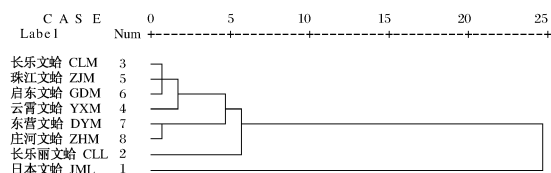


图3 日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类的聚类分析图
Fig. 3 Diagram showing the relationship between Japanese *M. lusoria* and two Chinese species of *Meretrix*

2.2 主成分分析

主成分 1 的贡献率为 34.88%, 主成分 2 的贡献率为 18.61%, 主成分 3 的贡献率为 16.89%, 累积贡献率为 70.38% (表 3)。3 个主成分可以解释日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类之间的形态差异。在主成分 1 中,壳宽与壳长比值(GH/AB)、壳高与壳长比值(OC/AB)以及韧带长与壳长比值(OD/AB)的影响最大,其贡献率分别为 81.3%、80.8%、70.8%;主成分 2 中,楯面宽与壳长比值(MN/AB)影响最大,贡献率为 74.4%。

表 3 8 个可量性状主成分分析因子负荷值及主成分贡献率
Tab. 3 Factor loadings of principal components extracted from 8 morphological characters and cumulative contribution ratio

性状 trait	主成分 component		
	1	2	3
壳宽/壳长 GH/AB	0.813*	0.137	-0.108
壳高/壳长 OC/AB	0.808*	0.288	0.330
韧带长/壳长 OD/AB	0.708*	-0.280	0.019
楯面长/壳长 OE/AB	0.654	0.079	-0.544
楯面宽/壳长 MN/AB	0.406	0.744*	-0.006
小月面长/壳长 OF/AB	0.351	-0.651	0.153
前端到腹缘/壳长 BC/AB	-0.251	0.440	0.699
后端到腹缘/壳长 AC/AB	0.443	-0.363	0.650
各主成分贡献率/% contribution ratio	34.88	18.61	16.89
累计贡献率/% cumulative contribution ratio	34.88	53.49	70.38

注: * 表示负荷值 > 0.700, 为主要贡献变量。

Notes: Variables with the main contribution to each factor are explained by * marked loading > 0.700.

为了进一步评估主成分分析与聚类分析的相关性,采用主成分 1、主成分 2 和主成分 3 获得的数据构建三维主成分散布图(图 4)。由图 4 可见文蛤不同地理种群重叠率很高,表明其形态极其相近;而长乐丽文蛤相对独立于文蛤重叠区域之外,日本文蛤的独立性更高,图中明显可见日本文蛤几乎为一个独立区域。主成分分析结果与聚类分析结果一致。

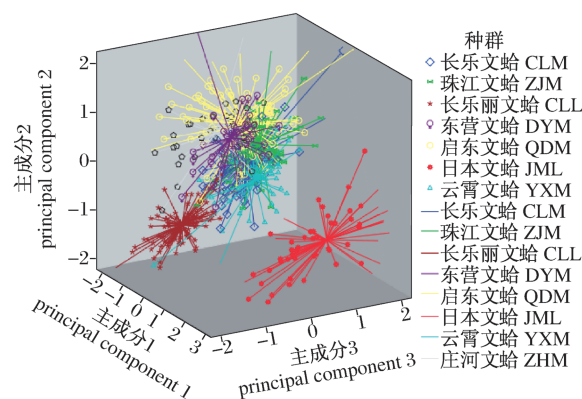


图 4 日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类 8 个形态学特征 3 个主成分散布图

Fig. 4 Scatter diagram for the 3 principal components based on 8 morphological indices between Japanese *M. lusoria* and two Chinese species of *Meretrix*

2.3 判别分析

通过逐步判别分析,筛选出 8 个性状特征值,建立 8 个群体的判别函数,为了消除个体大小对参数指标的影响,度量指标除以壳长作为判别特征值,以 X_1 、 X_2 、 X_3 、 X_4 、 X_5 、 X_6 、 X_7 、 X_8 分别代表壳宽/壳长、壳高/壳长、韧带长/壳长、楯面长/壳长、楯面宽/壳长、小月面长/壳长、前端腹缘/壳长、后端腹缘/壳长 8 个性状。表 4 为判别函数的各项系数与常数项。日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类的判别公式如下:

$$\text{日本文蛤群体: } Y_{JML} = 731.934X_1 + 200.967X_2 + 286.650X_3 + 484.455X_4 + 115.375X_5 + 235.798X_6 + 1.022X_7 + 1.194X_8 - 1.375$$

$$\text{长乐丽文蛤群体: } Y_{CLL} = 233.619X_1 + 1.176X_2 + 226.216X_3 + 356.867X_4 - 140.170X_5 + 85.407X_6 + 811.455X_7 + 1.177X_8 - 1.248$$

$$\text{长乐文蛤群体: } Y_{CLM} = 244.547X_1 + 1.168X_2 + 249.367X_3 + 394.141X_4 - 122.078X_5 + 116.113X_6 + 901.273X_7 + 1.108X_8 - 1.373$$

$$\text{云霄文蛤群体: } Y_{YXM} = 275.224X_1 + 1.161X_2 +$$

$$\begin{aligned}
 &199.914X_3 + 409.846X_4 - 149.999X_5 + 127.999X_6 + 906.609X_7 + 1109X_8 - 1384 \\
 &927.759X_7 + 1111X_8 - 1397 \quad \text{东营文蛤群体: } Y_{\text{DYM}} = 271.161X_1 + 1181X_2 + \\
 &\quad \text{珠江文蛤群体: } Y_{\text{ZJM}} = 249.466X_1 + 1084X_2 + 245.041X_3 + 407.970X_4 - 88.437X_5 + 159.271X_6 + \\
 &269.710X_3 + 423.406X_4 - 107.810X_5 + 135.808X_6 + 912.753X_7 + 1071X_8 - 1416 \\
 &917.914X_7 + 1134X_8 - 1374 \quad \text{庄河文蛤群体: } Y_{\text{ZHM}} = 271.110X_1 + 1157X_2 + \\
 &\quad \text{启东文蛤群体: } Y_{\text{QDM}} = 236.806X_1 + 1131X_2 + 285.989X_3 + 421.093X_4 - 117.859X_5 + 132.084X_6 + \\
 &300.764X_3 + 420.447X_4 - 128.796X_5 + 141.067X_6 + 912.787X_7 + 1081X_8 - 1404
 \end{aligned}$$

表4 日本文蛤与中国大陆文蛤属2种贝类形态判别函数各项系数及常数项

Tab.4 Coefficients and constants of discriminant functions for Japanese *M. lusoria* and two Chinese species of *Meretrix*

变量 variable	性状 trait	日本文蛤 JML	长乐丽文蛤 CLL	长乐文蛤 CLM	云霄文蛤 YXM	珠江文蛤 ZJM	启东文蛤 QDM	东营文蛤 DYM	庄河文蛤 ZHM
X_1	壳宽/壳长 GH/AB	731.934	233.619	244.547	275.224	249.466	236.806	271.161	271.110
X_2	壳高/壳长 OC/AB	200.967	1176	1168	1161	1084	1131	1181	1157
X_3	韧带长/壳长 OD/AB	286.650	226.216	249.367	199.914	269.710	300.764	245.041	285.989
X_4	楯面长/壳长 OE/AB	484.455	356.867	394.141	409.846	423.406	420.447	407.970	421.093
X_5	楯面宽/壳长 MN/AB	115.375	-140.170	-122.078	-149.999	-107.810	-128.796	-88.437	-117.859
X_6	小月面长/壳长 OF/AB	235.798	85.407	116.113	127.999	135.808	141.067	159.271	132.084
X_7	前端到腹缘/壳长 BC/AB	1022	870.335	901.273	927.759	917.914	906.609	912.753	912.787
X_8	后端到腹缘/壳长 AC/AB	1194	1017	1108	1111	1134	1109	1071	1081
	常数 constant	-1375	-1248	-1373	-1397	-1374	-1384	-1416	-1404

将日本文蛤与中国大陆文蛤属2种贝类的8个性状参数的校正值分别代入上述8个判别函数中,计算出函数值,哪个函数值最大,被判个体即归入哪一类。判别准确率 P_1 为 39.09% ~ 100%, P_2 为 47.06% ~ 100%, 日本文蛤与中国大陆文蛤属2种贝类的综合判别率为 70.60% (表5)。判别分析表明,日本文蛤和长乐丽文蛤的判别准确

率最高,分别为 100% 和 91.67% ~ 100%, 而文蛤各个地理群体的判别准确率相对较低,说明文蛤地理群体间形态上接近,日本文蛤与文蛤之间的形态差异较大,可见丽文蛤与文蛤在形态上还是可辨的;另一方面,则说明丽文蛤与文蛤之间存在的形态差异可以通过测定8个形态比例参数,代入判别方程加以区别。

表5 日本文蛤与中国大陆文蛤属2种贝类判别分析结果

Tab.5 Discriminant results of Japanese *M. lusoria* and two Chinese species of *Meretrix*

种群 species	样本数目 sample number	判别准确率/% discrimination accuracy		预测分类 forecast classification							
		P_1	P_2	JML	CLL	CLM	YXM	ZJM	QDM	DYM	ZHM
日本文蛤 JML	63	100.00	100.00	63	0	0	0	0	0	0	0
长乐丽文蛤 CLL	88	100.00	91.67	0	88	0	0	0	0	0	0
长乐文蛤 CLM	80	63.75	72.86	0	2	51	9	9	5	2	2
云霄文蛤 YXM	50	76.00	61.29	0	2	3	38	5	0	2	0
珠江文蛤 ZJM	82	64.63	54.08	0	0	6	9	53	13	0	1
启东文蛤 QDM	110	39.09	62.32	0	3	8	6	30	43	2	18
东营文蛤 DYM	39	74.36	69.05	0	0	2	0	1	1	29	6
庄河文蛤 ZHM	39	61.54	47.06	0	1	0	0	0	7	7	24
合计 total	551	70.60	63	96	70	62	98	69	42	51	

2.4 差异系数检验

两个丽文蛤群体在 GH/AB 上差异系数很高,为 5.29,大于 1.28; 在 OC/AB、OE/AB、MN/

AB 和 OF/AB 上差异系数均大于 1.28; 仅在 OD/AB、BC/AB 和 AC/AB 上差异系数小于 1.28 (表6)。

表 6 日本文蛤与长乐丽文蛤 8 个性状的平均值及差异系数
 Tab. 6 Mean values and coefficient of difference of the 8 morphometric indices between Japanese *M. lusoria* and Changle *M. lusoria*

性状 trait	日本文蛤 JML	长乐丽文蛤 CLL	t-检验 t-test	差异系数 coefficient of difference
壳宽/壳长 GH/AB	0.840 3 ± 0.050 2	0.487 1 ± 0.016 6	-53.199 **	5.29
壳高/壳长 OC/AB	0.538 0 ± 0.018 0	0.793 3 ± 0.017 6	78.053 **	7.19
韧带长/壳长 OD/AB	0.256 2 ± 0.020 9	0.252 8 ± 0.012 3	-1.239	0.10
楯面长/壳长 OE/AB	0.740 5 ± 0.046 8	0.645 3 ± 0.023 7	-14.740 **	1.35
楯面宽/壳长 MN/AB	0.338 0 ± 0.027 0	0.252 0 ± 0.033 3	-15.544 **	1.43
小月面长/壳长 OF/AB	0.415 4 ± 0.027 7	0.334 7 ± 0.035 4	-12.817 **	1.28
前端到腹缘/壳长 BC/AB	0.673 8 ± 0.065 5	0.601 6 ± 0.021 7	-8.217 **	0.83
后端到腹缘/壳长 AC/AB	0.641 0 ± 0.067 7	0.630 9 ± 0.017 1	-0.952	0.12

注: ** 表示差异显著 ($P < 0.01$)。

Notes: ** means significant ($P < 0.01$).

2.5 相关分析

使用 Google Earth 软件测量不同自然种群间

的地理距离,使用 SPSS 16.0 计算出不同种群间的欧氏距离(表 7)。

表 7 日本文蛤与中国大陆文蛤属 2 种贝类直线距离与欧氏距离矩阵
 Tab. 7 The analysis of correlation between Euclidian distance and geographical distance of Japanese *M. lusoria* and two Chinese species of *Meretrix*

	日本文蛤 JML	长乐丽文蛤 CLL	长乐文蛤 CLM	云霄文蛤 YXM	珠江文蛤 ZJM	启东文蛤 QDM	东营文蛤 DYM	庄河文蛤 ZHM
日本文蛤 JML	0	1 893.62	1 888.35	2 202.87	2 622.83	1 403.15	1 629.75	1 318.31
长乐丽文蛤 CLL	0.467	0	5.46	311.49	729.91	681.72	1 282.14	1 560.23
长乐文蛤 CLM	0.457	0.101	0	316.96	735.36	676.98	1 278.87	1 555.91
云霄文蛤 YXM	0.435	0.114	0.049	0	427.83	966.18	1 497.78	1 819.85
珠江文蛤 ZJM	0.438	0.122	0.039	0.054	0	1327.81	1 748.87	2 123.08
启东文蛤 QDM	0.450	0.126	0.059	0.072	0.039	0	698.26	889.19
东营文蛤 DYM	0.429	0.165	0.127	0.116	0.117	0.095	0	449.10
庄河文蛤 ZHM	0.427	0.147	0.111	0.106	0.099	0.074	0.043	0

注: 对角线以上的数据为地理距离(km), 对角线以下的为欧氏距离。

Notes: the data are geographical distance(km) (above diagonal) and Euclidian distance(below diagonal).

为了检测种群间的欧氏距离与地理距离的相关性,运用 TFPGA 1.3 程序进行 Mantel 检验,结果表明,各种群间的地理距离与欧氏距离之间显著相关性($r = 0.623 7, P < 0.01$)。

3 讨论

对 8 个形态比例参数的 3 种多元分析结果表明,日本文蛤在形态上与中国长乐丽文蛤相近,与文蛤形态差异较大。其中文蛤的不同地理种群间差异最小,重叠区域较大,证明近十几年来,随着文蛤异地移养趋于常态,在一定程度上造成了各地区文蛤资源的交叉混杂,打破了地理与生态隔离,破坏了原先中国沿海分布的文蛤种群具有的较高杂合度和变异度。判别分析结果显示文蛤不

同地理种群间的准确判别率很低,仅 39.09% ~ 76.00%,亦正是文蛤贸易不断带来异地移养的结果。因此,为了应对当前文蛤种质混杂的局面,加大优良种质的搜集、保存,从而达到利用文蛤遗传多样性的多样性进行遗传改良及育种的目的,迫切需要采集文蛤野生原种,建立种质资源库以备今后工作的开展。

文蛤属贝类间在形态上极其相似,除科研领域加以明确区分外,一般都概以“文蛤”视之。近年来,文蛤属贝类的研究得到进一步深化。王鸿霞等^[20]研究了丽文蛤、斧文蛤全基因组序列特征;WANG 等^[19]构建了文蛤的 cDNA 文库;潘宝平等^[16]对文蛤、丽文蛤、帘文蛤(*M. lyrata*)和斧文蛤进行了 16S rRNA 基因及 ITS1 序列的系统

学分析;陈爱辉等^[33]测定了文蛤、斧文蛤、丽文蛤、琴文蛤(*M. lyrata*)的CO I基因序列,并与短文蛤(*M. petechialis*)的相应序列做了比较;栗志民等^[34]报道了温度和盐度对皱肋文蛤(*M. lyrata*)幼贝存活与生长的影响;冯建彬等^[11]运用多元统计学方法比较不同群体文蛤形态差异。日本文蛤采自日本三重县,武藏石寿^[35]报道指出,日本北海道、东北、瀬戸内海、九州主产丽文蛤。但由于填埋、水库建设等河川改造工程,使得日本国内的丽文蛤生息地消失。目前,随着文蛤贸易的开展,亚洲各国不同文蛤属贝类不断输入日本,而仅以“日本文蛤”概之,相当混乱,从而引发了有关日本文蛤的物种有效性问题的讨论。主成分分析三维散布图结果表明,采自日本三重县的日本文蛤与中国大陆丽文蛤相近,应为丽文蛤的一种。根据MAYR亚种分类标准,采自三重县的丽文蛤与中国大陆的丽文蛤8个比例性状中有5个达到亚种水平,可以认为两个丽文蛤种群已达到亚种水平。长乐丽文蛤采自中国南方,此海域的气候、温度、盐度、底质及及饵料种类等多种理化因子及生境与日本三重县海域有异,这种地理条件和生态环境上的差异直接导致地理隔绝和生殖隔离,经过长期的自然选择势必导致丽文蛤种群的分化,遗传差异的世代累积最终形成两个亚种。但由于形态性状经常会受环境因素的影响而发生变化,有的形态特征并非稳定遗传,因此,有些情况下形态变化并不能真实反映遗传变异,更不能准确地判断不同地理居群的遗传变异状况,而且表型和基因型之间存在着基因表达、调控、个体发育等一系列中间环节,遗传表达易受环境条件、生殖期及基因显隐性的影响,所以还必须进行更深层次的研究,并加以比较和验证。AVISE等^[36]和O'BRIEN等^[37]亦在MAYR分类学原理的基础上,提出亚种间的形态差异要与分子差异一致,因此,要确认长乐与三重是两个丽文蛤亚种还需要分子遗传学方面的研究佐证。

参考文献:

- [1] 庄启谦. 中国动物志软体动物门双壳纲帘蛤科[M]. 北京:科学出版社,2001:229-236.
- [2] 林志华. 文蛤种质资源的遗传基础及利用的研究[D]. 青岛:中国海洋大学,2007.
- [3] 台湾贝类资料库[DB/OL]. [http://shell.sinica.edu.tw],2009.
- [4] 巫文隆. 台湾貝類目錄 V 雙綱,行政院農業委員會林務局, VII +217[M]. 台北,台灣,2004.
- [5] 蔡英亚,李海燕. 越南沿海的双壳纲软体动物[J]. 湛江海洋大学学报,2002;22(4):1-13.
- [6] 田中邦三. 日本の希少な野生水生生物に関する基礎資料(I)[J]. 水産庁日本水産資源保護協会,1994:69-78.
- [7] 加藤真刃福田宏. 二枚貝綱,日本における干潟海岸とそこに生息する底生生物の現状[J]. WWF Japanサイエンスレポート,1996:65-73.
- [8] 池田尋紀. 相模のハマグリ[J]. みたまき,1988,22:16-17.
- [9] 小菅丈治. 資源研究の現場から(5)ハマグリはどうなっているのか—水産重要種でありながら希少種,ハマグリをとりまく現状—[J]. 水産の研究,1995,14(6):33-37.
- [10] 小菅丈治,西濱士郎,高山順子. 天草茂木根干潟の大型底生生物—特にイボキサゴとハマグリについて—[J]. 南紀生物,1994,36(2):115-119.
- [11] 冯建彬,李家乐,王美珍,等. 我国四海区不同群体文蛤形态差异与判别分析[J]. 浙江海洋学院学报:自然科学版,2005,24(4):318-323.
- [12] 董迎辉,林志华,柴雪良,等. 文蛤受精及早期胚胎发育过程的细胞学观察[J]. 动物学报,2007,53(4):700-709.
- [13] 王晓梅,刘保忠,相建海. 文蛤(*Meretrix meretrix*)幼虫发育过程中细胞凋亡和Caspase功能分析[J]. 海洋与湖沼,2009,40(2):181-186.
- [14] 陈大鹏,沈怀舜,丁亚平,等. 文蛤(*Meretrix meretrix*)地理种群ISSR分子标记的初步研究[J]. 南京师范大学学报:自然科学版,2004,27(3):74-77.
- [15] 李太武,苏秀榕,季延滨. 不同发育阶段文蛤同工酶基因的表达研究[J]. 海洋学报,2006,28(5):162-166.
- [16] 潘宝平,吴琪,张素萍,等. 文蛤属(*Meretrix*)16S rRNA基因及ITS1序列的系统学分析[J]. 海洋与湖沼,2006,37(4):342-347.
- [17] 杜晓东,邓岳文,叶富良,等. 广东和广西地区野生文蛤的遗传多样性[J]. 中国水产科学,2004,11(1):41-47.
- [18] 林志华,董迎辉,李宁,等. 基于形态参数和AFLP标记的文蛤(*Meretrix meretrix*)不同地理群体遗传变异分析[J]. 海洋与湖沼,2008,39(3):245-251.
- [19] WANG A M, WANG Y, GU Z F. 文蛤(*Meretrix meretrix*)cDNA文库的构建及ESTs序列的初步分析[C]. 中国动物学会、中国海洋湖沼学会贝类学

- 会分会第十四次学会研讨会论文摘要汇编,2009.
- [20] 王鸿霞,张素萍,刘保忠. 文蛤属线粒体全基因组序列特征分析[C]. 中国动物学会、中国海洋湖沼学会贝类学会分会第十四次学会研讨会论文摘要汇编,2009.
- [21] 张志伟,陈爱华,姚国兴,等. 我国沿海不同地理原种文蛤的 SRAP 分析[J]. 海洋与湖沼,2010,41(3):429-434.
- [22] 陈远,李大成,王志松,等. 滩涂围网养殖文蛤不同密度对生长的影响[J]. 水产科学,2009,28(9):531-533.
- [23] 万夕和,顾李生,杨杰等. 南通沿海文蛤暴发性疾病的组织病理学研究[J]. 浙江海洋学院学报:自然科学版,2006,25(2):124-128.
- [24] 张永普,林志华,应雪萍,等. 不同地理种群泥蚶的形态差异与判别分析[J]. 水产学报,2004,28(3):339-342.
- [25] 尤仲杰,包永波,张爱菊. 中国沿海西施舌 5 个自然群体形态差异和 RAPD 分析[J]. 海洋学报,2007,29(3):98-104.
- [26] 刘达博,牛东红,姜志勇,等. 缢蛭 7 群体的形态差异与判别分析[J]. 海洋渔业,2009,31(4):363-368.
- [27] 刘建勇,孙成波,李文,等. 我国南海 4 个真曲巴非蛤自然种群的形态差异分析[J]. 热带生物学报,2010,1(1):72-77.
- [28] 古恒光,刘建勇; 杨国宏. 我国南海 4 个青蛤野生群体的形态差异分析[J]. 广东海洋大学学报,2010,30(3):1-5.
- [29] 李晓英,董志国,王美珍,等. 杭州湾与海州湾彩虹明樱蛤群体形态差异分析[J]. 水产科学,2010,29(11):648-653.
- [30] MORALEV S N. Cholinesterase active center statistical analysis of structure variability[J]. Journal of Evolutionary Biochemistry and Physiology,2001,37(1):25-34.
- [31] BRZESKI V J, DOYLE R W. A morphometric criterion for Sex discrimination in tilapia[A] // The second international symposium on tilapia in aquaculture: ICLARM conference proceeding. Department of Fisheries, Bangkok, Thailand, and International Center of Living Aquatic Resources Management, Manila, Philippines,1988:439-444.
- [32] MAYR E, LINSLEY E G, USING R L. Methods and principles of systematic zoology[M]. New York and London:McGraw Hill,1953.
- [33] 陈爱辉,李朝霞,封功能. 基于线粒体 CO I 基因序列的文蛤属(软体动物门:帘蛤科)系统发育关系[J]. 动物学研究,2009,30(3):233-239.
- [34] 栗志民,刘志刚,姚茹,等. 温度和盐度对皱肋文蛤幼贝存活与生长的影响[J]. 生态学报,2010,30(13):3406-3413.
- [35] 武蔵石寿. 目八譜[M],東京:国立博物館,1843.
- [36] AVISE J C, BALL R M. Principles of genealogical concordance in species concepts and biological taxonomy [J]. Oxford Surveys Evolutionary Biology,1990,7:45-67.
- [37] O' BRIEN S J, MAYR E. Bureaucratic mischief: recognizing endangered species and subspecies[J]. Science,1991,251:187-1188.

Multivariate morphometric analysis of two species of *Meretrix*, with notes on Japanese *Meretrix lusoria*'s validity

WU Yang-ping*, YAO Guo-xing, CHEN Ai-hua*, ZHANG Zhi-wei
(Jiangsu Institute of Marine Fisheries, Nantong 226007, China)

Abstract: Based on 8 morphological characters between Japanese *Meretrix lusoria* and two Chinese species of *Meretrix*, by means of multivariate morphometrics and traditional taxonomy methods, and then we analyzed with One-Way ANOVA, principal component analysis, cluster analysis, discriminant analysis and Mantel test for investigating morphological variations among them and evaluated Japanese *M. lusoria* species validities. Results and inference are as follows: (1) One-Way ANOVA showed that there were 5 – 8 significant differences among 8 morphological characters between Japanese *M. lusoria* and two Chinese species of *Meretrix* ($P < 0.05$). (2) Results of cluster analysis showed that six *M. meretrix* populations formed a separate cluster, among which, the southern populations were a cluster while the northern populations were another. Japanese *M. lusoria* was close to Changle *M. lusoria*. (3) In principle component analysis, three principle components were constructed by factor loading. The contribution ratios of four principle components were 34.88%, 18.61%, 16.89%, respectively, and the cumulative contribution ratio was 70.38%. The three dimensional Scatter diagram further indicated that Japanese *M. lusoria* and Changle *M. lusoria* had no overlap with the different *M. meretrix* populations. (4) Eight discriminant functions of Japanese *M. Lusoria* and two Chinese species of *Meretrix* were established, and the discriminant accuracy was 39.09% – 100% for P_1 and 47.06% – 100% for P_2 . The average diseriminant accuracy was 70.60%. The discriminant accuracy of Japanese *M. lusoria* was 100% and that of *M. lusoria* was above 91.67%. (5) Results of Mantel test showed that geographical distance and Euclidian distance of all *Meretrix* populations were significant ($r = 0.6237, P < 0.01$). Above results indicate that Japanese *M. lusoria* and Changle *M. lusoria* should belong to *M. lusoria*, which were the different geographical populations. According to the MAYR 75% rule, the results indicated five out of eight morphological characters were above 1.28, so the difference of the two *M. lusoria* populations was greater than difference between subspecies.

Key words: *Meretrix meretrix*; *Meretrix lusoria*; multivariate morphometrics; species validity

Corresponding author: WU Yang-ping. E-mail: uyping@ yahoo. cn;

CHEN Ai-hua. E-mail: chenah540540@ yahoo. com. cn