

黄、渤海扁玉螺(*Neverita didyma*)表型变异分析*

孙振兴¹ 宋志乐² 杨建敏³ 常林瑞¹

(1. 鲁东大学生命科学学院 烟台 264025; 2. 烟台市芝罘区渔业技术推广站 烟台 264001;

3. 山东省海洋水产研究所 烟台 264006)

提要 采用多变量形态分析方法,对黄、渤海海域的丹东、烟台、青岛、赣榆、昌黎和莱州 6 个地理居群的扁玉螺的表型形态变异进行了研究。主成分分析构建了 3 个主成分,第一、第二和第三主成分的贡献率分别为 41.68%、28.45%和 27.67%,累计贡献率达 97.80%。聚类分析结果显示,烟台居群与青岛居群之间的形态最为接近,二者首先聚为一支;丹东居群与赣榆居群聚为另一分支;昌黎居群、莱州居群与其它居群的趋异程度较大。方差分析和 Duncan's 多重比较表明,扁玉螺各居群之间的若干形态差异显著($P < 0.05$)。利用逐步判别法进行判别分析,建立了 6 个居群的判别函数,判别准确率 P_1 为 52.9%—86.5%, P_2 为 52.4%—89.1%,综合判别准确率为 74.4%。上述结果显示,6 个居群的扁玉螺在表型形态上已出现了一定程度的变异,壳高、壳顶至脐高是反映其形态变异的主要性状,但各居群间的变异尚未分化到亚种水平。

关键词 扁玉螺,表型变异,主成分分析,判别分析

中图分类号 S917.4, Q953

生物的表型形态变异是遗传变异的表现之一,它与染色体、DNA 序列等的变异一样,反映了生物的遗传多样性(Pinheiro *et al*, 2005)。环境差异可使具有相同基因型的个体具有不同的表型,不同地理居群的生物,其表型形态也往往因栖息环境的变化而异。因此,研究生物的表型变异,有助于揭示居群的变异特点,从形态学角度评价种质的遗传多样性(Tintia *et al*, 2003; 杨建敏等, 2006)。扁玉螺(*Neverita didyma*)分布于我国南北沿海以及印度-西太平洋海域(张素萍, 2008),是软体动物门腹足纲的一种中型食用贝类,有丰富的营养价值(郑怀平等, 2002),近年来已成为我国贝类增殖的开发对象。

多变量形态分析方法可以从众多的形态变量中有效地筛选出存在差异的形态变量(Zelditch *et al*, 1995),因此已被广泛应用于水产动物的形态变异分析(Swain *et al*, 1999; 魏开建等, 2003; Silva *et al*, 2010)、各阶段生长指标的确定(何铜等, 2009)、不同地理居群的辨别等(Salini *et al*, 2004; 张永普等, 2009;

刘建勇等, 2010),但迄今国内外尚未见有关扁玉螺不同地理居群表型变异的研究报道。本文以黄、渤海海域 6 个地理居群的扁玉螺为对象,采用主成分分析、判别分析等多变量分析方法,对扁玉螺的表型形态变异进行了研究,以为扁玉螺的种质资源保护利用以及选育种时不同地理居群的辨别等提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 取样与数据采集

扁玉螺(*Neverita didyma*)分别采自黄海海域的辽宁丹东(简称 DD, 以下类同)、山东烟台(YT)和青岛(QD)、江苏赣榆(GY),以及渤海海域的河北昌黎(CL)和山东莱州(LZ)近海,共 6 个地理居群。分别从各居群中随机取样若干只,编号后用游标卡尺逐个测量壳宽、壳高、壳顶至脐高、体高、厖长和厖宽 6 项表型形态参数(孙振兴等, 2010),测量精确至 0.02mm。扁玉螺各居群的取样数量和表型形态统计值见表 1。

* 山东省科技发展计划项目, 2008GG10005023 号; 鲁东大学学科建设基金资助项目, 2009—2012。孙振兴, 教授, E-mail: sunzhenxing56@163.com

收稿日期: 2011-08-18, 收修改稿日期: 2011-10-19

表 1 6 个居群扁玉螺的表型性状统计值
Tab.1 Statistics of phenotypic traits of *N. didyma* six populations

居群	取样数	统计参数	壳宽	壳高	壳顶至脐高	体高	厖长	厖宽
丹东(DD)	94	平均值	59.5374	47.0762	25.7968	31.5179	42.1406	27.3304
		标准差	4.8677	6.1287	3.6614	3.6169	4.1007	2.5084
昌黎(CL)	102	平均值	46.1998	36.6290	18.0810	23.0280	32.5712	20.7284
		标准差	5.5552	4.7434	2.4475	4.2079	4.4353	2.7184
烟台(YT)	103	平均值	37.6546	29.5043	17.4464	18.1806	25.2940	15.9206
		标准差	2.4208	2.3596	1.5028	1.5740	1.9361	1.0928
莱州(LZ)	104	平均值	31.1140	24.7338	12.9832	14.1515	20.9848	13.2800
		标准差	2.6697	2.6895	1.7316	1.7472	1.7946	1.1605
青岛(QD)	102	平均值	38.3006	29.4863	17.8208	18.8394	25.7247	16.3725
		标准差	3.1551	3.6516	2.1333	3.0586	1.9728	1.2004
赣榆(GY)	96	平均值	53.2742	44.3350	24.2952	27.4481	36.7121	22.8469
		标准差	4.3317	5.6162	3.0420	3.1898	3.7213	1.9958
总计	601	平均值	44.0003	35.0022	19.2453	21.9843	30.3152	19.2473
		标准差	10.4573	9.2141	4.9949	6.5681	7.8916	5.0681

1.2 分析方法

利用 SPSS 19 软件进行各项分析, 各组数据在正式分析前经正态性检验和方差齐性检验。主成分分析、聚类分析和判别分析时, 为消除扁玉螺个体大小差异对分析的影响, 先将原始数据以 lg 进行对数转换(吴仲贤, 1993)。

1.2.1 主成分分析 以主成分法提取因子, 最大方差法旋转, 根据前 k 个主成分的累积贡献率 $\geq 85\%$ 的原则, 作为入选的主成分。利用主成分得分, 分别以主成分 1、主成分 2 为 X - Y 轴, 作出主成分二维散点图。

1.2.2 聚类分析 以欧氏距离的最短距离法对所有样本的 6 项表型性状进行系统聚类, 得到反映 6 个居群形态相似性的聚类图。

1.2.3 方差分析和多重比较 为比较各居群之间的表型形态变异, 以壳高/壳宽、壳顶至脐高/壳宽、体高/壳宽、厖长/壳宽、厖宽/壳宽 5 项比例性状, 进行单因素方差分析和 Duncan 多重比较, 显著性水平为 $\alpha = 0.05$ 。

1.2.4 差异系数的计算 按照 Mayr(1999)居群形态差异系数(coefficient of difference, CD)公式, 计算 6 个居群间各比例性状的差异系数:

$$CD = \frac{|M_1 - M_2|}{SD_1 + SD_2}$$

式中, CD 为差异系数, M_1 和 M_2 分别为 2 个居群某项比例性状的平均值, SD_1 和 SD_2 分别为这 2 个居群该项比例性状的标准差。如果 CD 值大于 1.28, 则认为地

理居群间的变异达到亚种水平; 反之, 则属于居群间变异。

1.2.5 判别分析 用逐步判别法建立扁玉螺 6 个居群的判别函数, 再据此对所有样本的类别进行判别。判别准确率按下式计算:

判别准确率 P_1 (%) = 某一居群判别正确的样本数 / 该居群的观测样本数 $\times 100$

判别准确率 P_2 (%) = 某一居群判别正确的样本数 / 被判为该居群的样本数 $\times 100$

$$\text{综合判别准确率 } P = \sum_{i=1}^k A_i / \sum_{i=1}^k B_i$$

式中, A_i 为第 i 个居群判别正确的样本数, B_i 为第 i 个居群的观测样本数, k 为居群数。

2 结果与分析

2.1 主成分分析

对全部 601 只扁玉螺的 6 项表型性状的主成分分析结果显示, 第一、第二和第三主成分对形态变异的总方差的贡献率分别为 41.68%、28.45%和 27.67%, 3 个主成分的累积贡献率达 97.80%(表 2)。

表 2 扁玉螺表型性状 3 个主成分的特征值和累积贡献率
Tab.2 Eigenvalue and cumulative contribution rate of three principal components for phenotypic traits of *N. didyma*

主成分	特征值	贡献率(%)	累积贡献率(%)
1	2.5010	41.6830	41.6830
2	1.7068	28.4462	70.1292
3	1.6604	27.6739	97.8031

从 3 个主成分的因子负荷值(表 3)中可以看出,在第一主成分上有较大负荷的变量为壳高、其次为厣宽,第二主成分上有较大负荷的变量为壳顶至脐高,第三主成分上有较大负荷的变量为体高;而且壳高、壳顶至脐高、体高的因子负荷值都大于 0.70。由此表明,对扁玉螺表型性状的 3 个主成分贡献较大的均为高度因子。

表 3 扁玉螺表型性状的 3 个主成分的因子负荷

Tab.3 Factor loadings of three principal components for phenotypic traits of *N. didyma*

性状	主成分 1	主成分 2	主成分 3
壳宽	0.6846	0.5103	0.5000
壳高	0.7893*	0.4471	0.3808
壳顶至脐高	0.4569	0.7941*	0.4001
体高	0.4983	0.4724	0.7154*
厣长	0.6889	0.4489	0.5435
厣宽	0.6911	0.4373	0.5459

注: *表示因子负荷值>0.7000

图 1 是以不同地理居群作为类别的 6 个居群扁玉螺的第一、第二主成分散点图,从图中可以看出,烟台与青岛居群之间、丹东与赣榆居群之间有较多的重叠区域,而昌黎居群、莱州居群相对区分明显,与其它居群的重叠区域较少。

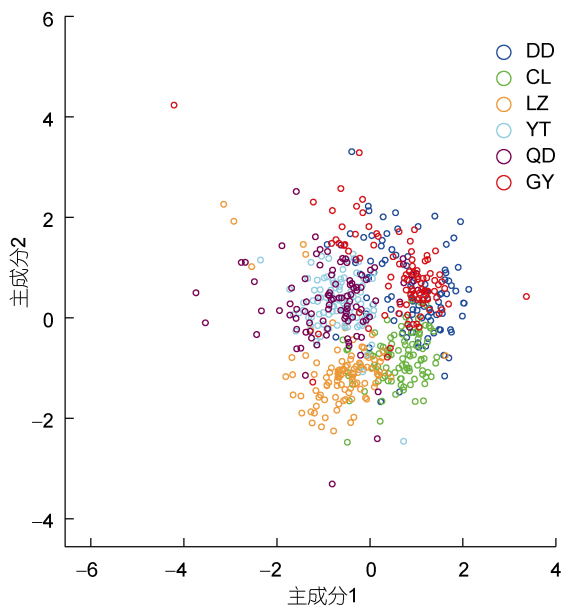


图 1 扁玉螺 6 个居群第一、第二主成分散点图

Fig.1 Scatter diagram for the first and the second principal components of six populations of *N. didyma*

2.2 聚类分析

通过对所有扁玉螺样本的 6 项表型性状进行系统聚类,得到了反映 6 个居群形态相似性的聚类图(图 2)。结果显示,烟台居群与青岛居群的形态最为接近,二者首先聚为一分支;丹东居群与赣榆居群聚为另一分支;而昌黎居群、莱州居群与其它居群的趋异程度较大。聚类分析结果与主成分散点图基本一致。

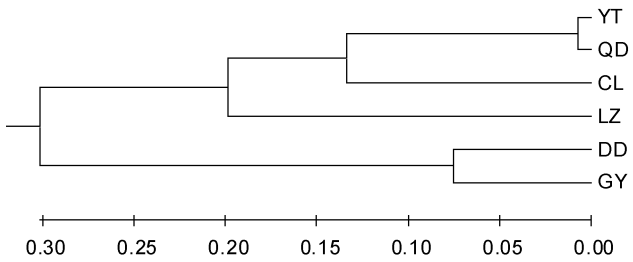


图 2 扁玉螺 6 个居群的聚类图

Fig.2 Clustering dendrogram of six populations of *N. didyma*

2.3 表型形态变异

方差分析表明,扁玉螺 6 个居群在壳高/壳宽、壳顶至脐高/壳宽、体高/壳宽、厣长/壳宽、厣宽/壳宽 5 项比例性状上,均表现出极显著差异($P<0.01$)。在此基础上,分别对 6 个居群的 5 项性状进行了多重比较(表 4)。由表 4 可知,烟台与青岛居群之间在 5 项比例性状上均表现为差异不显著($P>0.05$);而丹东与赣榆居群之间,除了在体高/壳宽上差异不显著($P>0.05$)外,在其它 4 项比例性状上均为差异显著($P<0.05$)。昌黎居群的表型变异表现在壳顶至脐高/壳宽、厣宽/壳宽 2 项性状上,与其它 5 居群之间均为差异显著($P<0.05$);而莱州居群的表型变异则表现在壳顶至脐高/壳宽、体高/壳宽 2 项性状上,与其它 5 居群之间均为差异显著($P<0.05$)。上述结果对主成分分析和聚类分析的结果作出了进一步的量化诠释。

2.4 各居群之间的差异系数检验

通过计算 6 个居群之间 5 项比例性状的差异系数(CD),结果显示,在全部 75 个 CD 值的数据中(限于篇幅仅列出部分数据),仅有 1 个 CD 值大于 1.28(表 5),即烟台与昌黎居群之间在壳顶至脐高/壳宽的变异上达到了亚种水平,而其它各居群之间的变异程度均尚未达到亚种水平。

2.5 判别分析

2.5.1 判别函数的建立 用扁玉螺的 6 项表型性状作为变量,通过逐步判别法,剔除了对判别力贡献

表 4 不同居群扁玉螺 5 项比例性状的 Duncan 多重比较(平均值±标准差)

Tab.4 Duncan's multiple comparison for five characters of different populations of *N. didyma* (Mean±S.D.)

居群	壳高/壳宽	壳顶至脐高/壳宽	体高/壳宽	厖长/壳宽	厖宽/壳宽
丹东(DD)	0.7893±0.0628 ^b	0.4326±0.0421 ^b	0.5293±0.0410 ^a	0.7083±0.0445 ^a	0.4595±0.0277 ^a
昌黎(CL)	0.7926±0.0307 ^b	0.3912±0.0205 ^d	0.4965±0.0512 ^b	0.7049±0.0424 ^a	0.4491±0.0280 ^b
烟台(YT)	0.7840±0.0448 ^{bc}	0.4638±0.0331 ^a	0.4835±0.0375 ^b	0.6722±0.0378 ^c	0.4232±0.0206 ^c
莱州(LZ)	0.7949±0.0530 ^b	0.4171±0.0408 ^c	0.4551±0.0426 ^c	0.6753±0.0324 ^c	0.4272±0.0186 ^c
青岛(QD)	0.7709±0.0823 ^c	0.4653±0.0398 ^a	0.4933±0.0796 ^b	0.6733±0.0416 ^c	0.4293±0.0366 ^c
赣榆(GY)	0.8315±0.0760 ^a	0.4561±0.0481 ^a	0.5156±0.0473 ^a	0.6890±0.0399 ^b	0.4291±0.0183 ^c

注: 同列数值中, 上标含不同字母表示平均值间差异显著($P<0.05$), 含相同字母表示差异不显著($P>0.05$)

表 5 扁玉螺 6 个居群之间的差异系数比较

Tab.5 Comparison of difference coefficient among the six populations of *N. didyma*

居群	丹东	昌黎	烟台	莱州	青岛	赣榆
丹东	—	0.0343	0.0497	0.0481	0.1269	0.3034
昌黎	0.6610	—	0.1134	0.0282	0.1914	0.3646
烟台	0.4155	1.3546*	—	0.1117	0.1028	0.3930
莱州	0.1869	0.4228	0.6327	—	0.1773	0.2833
青岛	0.3988	1.2267	0.0198	0.5975	—	0.3824
赣榆	0.2613	0.9467	0.0945	0.4395	0.1037	—

注: 对角线左下方为壳顶至脐高/壳宽的 CD 值, 右上方为壳高/壳宽的 CD 值; *表示 $CD>1.28$

较小的变量, 分别建立了扁玉螺各居群的判别函数式如下:

丹东居群:

$$Y_{DD} = 259.8087X_1 + 16.2715X_2 + 673.1628X_3 - 713.0168$$

昌黎居群:

$$Y_{CL} = 264.5185X_1 - 12.9089X_2 + 617.6838X_3 - 605.5768$$

烟台居群:

$$Y_{YT} = 256.0718X_1 + 44.6251X_2 + 501.7165X_3 - 518.7436$$

莱州居群:

$$Y_{LZ} = 258.9194X_1 + 6.7713X_2 + 482.7562X_3 - 456.3187$$

青岛居群:

$$Y_{QD} = 247.9138X_1 + 44.4147X_2 + 516.7228X_3 - 524.6235$$

赣榆居群:

$$Y_{GY} = 281.0336X_1 + 39.9385X_2 + 583.7538X_3 - 656.3607$$

式中, Y 为判别函数值, X_1 为壳高, X_2 为壳顶至脐高,

X_3 为厖宽。

2.5.2 判别结果 将扁玉螺的壳高、壳顶至脐高、厖宽 3 项观测值分别代入上述 6 个判别函数式中, 计算出 6 个函数值, 以函数值最大的判别函数所对应的居群作为该个体的归属居群。据此对所有扁玉螺观测样本按上述判别函数式进行预测分类, 各居群的判别准确率 P_1 为 52.9%—86.5%, P_2 为 52.4%—89.1% (表 6), 综合判别准确率为 74.4%。

3 讨论

3.1 多变量形态分析对扁玉螺的适用性

在扁玉螺若干可测度的形态指标中, 究竟哪些指标是反映其形态变异的主要因素? 主成分分析的目的就是要解决这一问题。因为主成分分析是一种通

表 6 判别函数对扁玉螺观测样本的预测分类及准确率

Tab.6 Predicted classification of discriminant functions for observed specimens and their percentages of accuracy

居群	样本数量	准确率(%)		预测分类					
		P_1	P_2	丹东	昌黎	烟台	莱州	青岛	赣榆
丹东	94	86.2	79.4	81	4	0	0	0	9
昌黎	102	80.4	87.2	11	82	1	1	4	3
烟台	103	60.2	56.9	0	1	62	4	36	0
莱州	104	86.5	89.1	0	0	8	90	6	0
青岛	102	52.9	52.4	0	2	38	6	54	2
赣榆	96	81.3	84.8	10	5	0	0	3	78

过降低数据维数从而简化数据结构的统计方法,它可以将多指标问题简化为指标较少的综合指标问题,虽然这些综合指标之间互不相关,但却能反映原来多个指标的大部分信息,可以从多维数据信息中客观地确定综合评价体系中各指标的权重,克服了人为主观因素及多个指标间相关性的影响(袁志发等, 2002)。从本文结果看,入选的 3 个主成分的累积贡献率达到 97.80%,说明 3 个主成分所包含的信息占原始变量的绝大部分,因此能很好地概括扁玉螺不同居群间的形态变异。而对主成分贡献较大的均为贝壳高度因子,其中,对第一主成分贡献最大的是壳高,对第二主成分贡献最大的是壳顶至脐高。结合判别函数式中对判别力贡献较大的前 2 个变量分别是壳高、壳顶至脐高,与对前 2 个主成分贡献大的变量完全一致,进一步印证了多变量形态分析方法适用于扁玉螺的表型变异分析。上述结果同时也提示,贝壳高度因子是反映扁玉螺形态变异的主要因素,这与决定管角螺(*Hemifusus tuba*)形态变异的第一主成分主要为螺旋部高和体螺层高(罗福广等, 2010)有着相似之处。

3.2 对扁玉螺判别分析的变量数目及判别准确率

通过本文建立的 6 个判别函数式,可以有效地对不同扁玉螺居群进行辨别。由于进行判别分析的所有变量不一定都能很好地反映类间差异,逐步判别法选择变量的目的就是选出对判别贡献较大、最能反映类间差异的变量,并据此建立较好的判别函数。本文用逐步判别法从 6 个变量中选出了 3 个变量,虽然比全模型判别法(综合判别准确率为 75.4%,具体结果文中未显示)少了 3 个变量,但判别准确率变化不大,这也说明了逐步判别法是可行的。而采用较少的变量,更便于收集数据和简化计算,也便于在实际工作中应用。

关于判别准确率,在已有的贝类判别分析研究中,对三角帆蚌(*Hyriopsis cumingii*)的综合判别准确率为 83.3%(钱荣华等, 2003),波纹巴非蛤(*Paphia undulata*)为 63.8%(刘建勇等, 2010),本文中扁玉螺为 74.4%,虽然与其它贝类有一定差异,但仍可获得较满意的判别效果。其中,烟台居群与青岛居群的判别准确率较低,这与前述 2 居群之间性状差异不显著有关。尽管如此,但根据统计分析的有关判别法则,期望达到的判别准确率($\%$) $> (100/\text{总类别数}) \times 1.25$,即可认为判别有效(张文彤等, 2004)。由此可见,本文中的判别准确率都大于该基准,对烟台和青岛居群的

判别结果也是有效的。

3.3 关于扁玉螺的表型变异与分化

在本文分析的 6 个扁玉螺地理居群中,从主成分散点图(图 1)和聚类图(图 2)看,烟台居群与青岛居群之间的表型形态最为接近,比例性状的多重比较结果(表 4)也显示,两居群在比例性状上没有显著差异。丹东居群与赣榆居群虽然单独聚为一个分支,在主成分散点图上也有较多重叠,但结合比例性状多重比较的结果就会发现,两居群之间在多项比例性状上存在显著差异,这表明二者之间存在着潜在的表型趋异倾向。上述结果也说明多重比较可以从具体量化的角度,进一步补充和诠释主成分和聚类分析的结果。根据差异系数检验结果(表 5),虽然烟台居群与昌黎居群之间在壳顶至脐高/壳宽的变异上达到了亚种水平,但仅凭 1 个性状的变异是不足以分化为亚种的,只是反映了该性状的变异程度较大。

生物的表型变异与栖息环境有着密切的关系,这是由于它们承受的生境选择压力不同(Boulding *et al*, 1999; Silva *et al*, 2010)。在海洋螺类形态变异的研究中, Boulding 等(1999)的实验表明,滨螺(*Littorina sitkana*)的贝壳大小和厚度与栖息地能否屏蔽海浪有关; Doyle 等(2010)认为,水温对滨螺(*Littorina obtusata*)的表型变异只是间接地起作用;杨建敏等(2006)发现,脉红螺(*Rapana venosa*)的形态变异与其分布的地理纬度有关,纬度愈向北的居群其形态变异愈明显;罗福广等(2010)认为,管角螺的形态差异与地理分布、环境气候、生物饵料等因子有关。本文中,处于渤海海域的昌黎、莱州居群与处于黄海海域的其它 4 个居群间的形态趋异性较为明显,其原因之一可能与黄、渤海海域的环境有关。

遗传和变异是生物进化的基本要素,表型变异是建立在遗传基础之上的,也是遗传因子与环境因子长期共同作用的结果。扁玉螺迁移范围较小,各居群之间分布不连续造成的地理隔离限制了基因流,这些都是引起扁玉螺居群遗传分化的因素(孙始威等, 2008)。笔者认为,这些因素也会对扁玉螺的表型变异产生一定程度的影响。

致谢 河北省水产研究所王六顺研究员, 丹东水产品批发市场庞文君先生, 鲁东大学生命科学学院学生张传永、许光剑协助采集部分扁玉螺, 生物技术专业 2008 级学生孙田力、杨娟、颜朱爽、李青、金继银等协助测量样品, 谨致谢忱。

参 考 文 献

- 刘建勇, 吴继兴, 孙成波, 2010. 我国东南沿海 5 个波纹巴非蛤(*Paphia undulata*)地理群体的形态差异分析. 海洋与湖沼, 41(1): 114—120
- 孙始威, 孙振兴, 葛宜和等, 2008. 基于 ISSR 标记的扁玉螺自然居群遗传结构. 生态学报, 28(11): 5499—5505
- 孙振兴, 常林瑞, 徐建鹏, 2010. 扁玉螺(*Neverita didyma*)表型性状对体重和软体部重的影响效应分析. 海洋与湖沼, 41(4): 513—518
- 杨建敏, 郑小东, 李 琪等, 2006. 中国沿海脉红螺(*Rapana venosa*)居群数量性状遗传多样性研究. 海洋与湖沼, 37(5): 385—392
- 吴仲贤, 1993. 生物统计. 北京: 北京农业大学出版社, 246—249
- 何 铜, 刘小林, 杨长明等, 2009. 凡纳滨对虾各月龄性状的主成分与判别分析. 生态学报, 29(4): 2134—2142
- 张文彤, 董 伟, 2004. SPSS 统计分析高级教程. 北京: 高等教育出版社, 261—265
- 张永普, 应雪萍, 王铁杆等, 2009. 橄榄蚶三个地理群体的形态差异分析. 海洋科学, 33(10): 100—103
- 张素萍, 2008. 中国海洋贝类图鉴. 北京: 海洋出版社, 111
- 罗福广, 李 斌, 罗平秀等, 2010. 中国沿海管角螺 4 个自然群体形态差异的比较. 中国海洋大学学报, 40(3): 65—70
- 郑怀平, 高 健, 2002. 扁玉螺蛋白质、脂肪含量的季节变化. 海洋科学, 26(4): 52—55
- 袁志发, 周静芋, 2002. 多元统计分析. 北京: 科学出版社, 188—207
- 钱荣华, 李家乐, 董志国等, 2003. 中国五大湖三角帆蚌形态差异分析. 海洋与湖沼, 34(4): 436—443
- 魏开建, 熊邦喜, 赵小红等, 2003. 五种蚌的形态变异与判别分析. 水产学报, 27(1): 13—18
- Boulding E G, Holst M, Pilon V, 1999. Changes in selection on gastropod shell size and thickness with wave-exposure on northeastern Pacific shores. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 232(2): 217—239
- Doyle S, MacDonald B, Rochette R, 2010. Is water temperature responsible for geographic variation in shell mass of *Littorina obtusata* (L.) snails in the Gulf of Maine? Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 394(1—2): 98—104
- Mayr E, 1999. Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist. Cambridge, Massachusetts: Harvard University Press publications, 103—162
- Pinheiro A, Teixeira C M, Rego A L *et al*, 2005. Genetic and morphological variation of *Solea lascaris* (Risso, 1810) along the Portuguese coast. Fisheries Research, 73(1—2): 67—78
- Salini J P, Milton D A, Rahman M J *et al*, 2004. Allozyme and morphological variation throughout the geographic range of the tropical shad, hilsa *Tenualosa ilisha*. Fisheries Research, 66(1): 53—69
- Silva A C, Silva I C, Hawkins S J *et al*, 2010. Cheliped morphological variation of the intertidal crab *Eriphia verrucosa* across shores of differing exposure to wave action. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 391(1—2): 84—91
- Swain D P, Foote C J, 1999. Stocks and chameleons: the use of phenotypic variation in stock identification. Fisheries Research, 43(1—3): 113—128
- Tintia F, Ungaroc N, Pasolinia P *et al*, 2003. Development of molecular and morphological markers to improve species-specific monitoring and systematics of northeast Atlantic and Mediterranean skates (Rajiformes). Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 288(2): 149—165
- Zelditch M L, Fink W L, Swiderski D L, 1995. Morphometrics, homology, and phylogenetics: quantified characters as synapomorphies. Systematic Biology, 44(2): 179—189

ANALYSIS OF PHENOTYPIC VARIATION OF *NEVERITA DIDYMA* IN THE YELLOW SEA AND BOHAI SEA

SUN Zhen-Xing¹, SONG Zhi-Le², YANG Jian-Min³, CHANG Lin-Rui¹

(1. College of Life Science, Ludong University, Yantai, 264025; 2. Zhifu Fishery Technical Extension Station, Yantai, 264001;

3. Shandong Marine Fisheries Research Institute, Yantai, 264006)

Abstract The phenotypic morphological variations in six geographical populations of *Neverita didyma* were analyzed by using the multivariate analysis method. The samples of the six populations were taken from the offshores of Dandong (DD), Yantai (YT), Qingdao (QD), Ganyu (GY), Changli (CL) and Laizhou (LZ) in the Yellow sea and Bohai sea of China, respectively. Three principal components (PC) were constructed in the analysis. The contributory ratio of the PC1, PC2 and PC3 was 41.68%, 28.45% and 27.67% respectively, and the cumulative contributory ratio was 97.80%. The results of cluster analysis indicated that the morphological characters were rather similar between the populations of YT and QD, they clustered into one clade at first. The populations of DD and GY formed another clade, whereas the CL and LZ populations differed greatly from other populations. ANOVA and Duncan's multiple comparison revealed that the six populations differed significantly in some morphological characters ($P < 0.05$). The discrimination functions of the six populations were constructed with stepwise method. Further, the discrimination accuracy was 52.9%—86.5% for P_1 and 52.4%—89.1% for P_2 , the integrative discrimination accuracy was 74.4%. In this paper, all the results indicate that there is a morphological variation of some extent among the six populations of *N. didyma*, the shell height and the height between apex and callus were chiefly characteristics of variation. But these variations of six populations have not yet reached the level of different subspecies.

Key words *Neverita didyma*, Phenotypic variation, Principal component analysis, Discriminant analysis