

研究简报

黄渤海长蛸群体的形态多样性研究*

霍莉莉¹, 南泽^{1,2}, 侯纯强³, 牟宗宝⁴, 郑小东^{1,2**}

(1. 中国海洋大学海洋生物多样性与进化研究所, 山东 青岛 266003; 2. 海水养殖教育部重点实验室(中国海洋大学), 山东 青岛 266003;
3. 天津市水产研究所, 天津 300457; 4. 獐子岛集团股份有限公司, 辽宁 大连 116000)

摘要: 为研究黄、渤海海域内长蛸(*Octopus minor*)的不同地理群体的形态多样性。采集了天津、秦皇岛、丹东、木浦、群山 5 个长蛸群体共 116 个体,采用多元分析方法综合分析了其 15 个形态学指标,建立了群体的判别函数。研究表明:长蛸群体的腕式均为 1>2>3>4,腕间膜式为 A>B>C>D>E(其中阿拉伯数字代表长蛸的 4 对腕长;英文字母代表长蛸的 5 组腕间膜长)。性状相关性分析表明,重量性状与胴体部性状、胴体部性状与头部性状和漏斗性状之间存在极显著的相关性($P<0.01$)。主成分分析将体尺性状划分为两个主成分,累计贡献率达 72.041%,表明适宜用几个相互独立的因子来解释不同长蛸群体间的差异性。逐步判别分析方法建立 5 个群体的判别函数,判别准确率 P_1 为 69.6%~100%, P_2 为 80.0%~100%,综合判别准确率为 90.5%,根据判别函数散点图可清晰地将韩国群体(木浦和群山)与中国群体(天津、秦皇岛和丹东)区分开。单因素方差分析显示,韩国群体(木浦和群山)与中国群体(天津、秦皇岛和丹东)之间腕吸盘数目存在显著差异性($P<0.05$),天津和秦皇岛群体间腕吸盘数目最接近。聚类分析将 5 个群体分为 2 支,天津和秦皇岛群体先聚于一支,再与丹东群体聚于一支,木浦和群山群体单独聚于一支。研究结果表明,黄渤海长蛸群体形态存在地域差异。

关键词: 长蛸; 地理群体; 形态多样性; 群体差异; 多元分析

中图分类号: S931.1

文献标志码: A

文章编号: 1672-5174(2021)07 II-146-08

DOI: 10.16441/j.cnki.hdxh.20200097

引用格式: 霍莉莉, 南泽, 侯纯强, 等. 黄渤海长蛸群体的形态多样性研究[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2021, 51(增 I): 146-153.

Huo Lili, Nan Ze, Hou Chunqiang, et al. A morphological analysis of *Octopus minor* populations inhabiting in the Bohai Sea and the Yellow Sea[J]. Periodical of Ocean University of China, 2021, 51(Sup.I): 146-153.

长蛸(*Octopus minor*)隶属于软体动物门(Mollusca)头足纲(Cephalopoda)八腕目(Octopoda)蛸科(Octopodidae),俗称八腿蛸、马蛸、长腿蛸等,广泛分布于中国沿海、朝鲜半岛以及日本群岛海域^[1]。长蛸肉质鲜美,蛋白丰富,矿物质种类齐全,微量元素中锌含量高,还含有多种必需氨基酸和多不饱和脂肪酸,被誉为高蛋白、低脂肪、多营养的海产品,且可食部分高达 90%以上,可生吃^[2]。目前,国内外学者在长蛸人工养殖^[3]、生理^[4]、细胞遗传^[5]、生态^[6]等方面已有诸多报道。

近年来,有关学者分别从表型水平、蛋白质水平、分子水平等多层次分析了长蛸的遗传变异。高晓蕾等^[7]采用多元分析的方法对渤海南部、黄海、东海以及南海分布的 11 个长蛸群体进行了比较分析。高强

等^[8]使用同工酶标记对黄、渤海分布的 3 个长蛸野生群体进行了生化遗传学研究。Xu 等^[9]利用线粒体 CO I 和 16S rRNA 基因分析了中国沿海长蛸群体的遗传变异和遗传结构。Kang 等^[10]利用微卫星标记对中国黄、渤海 3 群体以及朝鲜半岛沿海 4 个群体进行了遗传分化研究。Gao 等^[11]利用微卫星标记对中国沿海 10 个群体进行遗传结构分析。基于分子标记与形态学方法得出的长蛸群体遗传多样性水平存在不一致性^[7,9,11],前者结果表明朝鲜半岛海域分布的长蛸群体相较于中国黄渤海群体可能已分化到亚种水平^[9-10],但缺乏形态学数据支持。重要的是,形态多样性更易于反映群体表型特征和差异,形态学与分子学数据有机结合并综合分析才能全面解释群体遗传变异和遗传结构^[7]。

* 基金项目:国家自然科学基金项目(31672257);中央高校基本科研业务费专项(201822022)资助

Supported by the National Natural Science Foundation of China(31672257); the Fundamental Research Funds for the Central Universities(201822022)

收稿日期:2020-03-23;修订日期:2020-05-04

作者简介:霍莉莉(1996-),女,硕士生。E-mail: 1173470694@qq.com

** 通讯作者:E-mail: xdzheng@ouc.edu.cn

目前,基于多变量形态标记与多元统计分析法已广泛用于波纹巴非蛤(*Paphia undulata*)、管角螺(*Hemifusus tuba*)、脉红螺(*Rapana venosa*)等诸多软体动物的形态多样性研究^[12-14]。头足类作为软体动物门的特殊分支,大多数种类缺少坚硬结构且身体柔软,可塑性较大,因此形态学研究中,除记录体尺性状指标,例如全长、胴部长、腕间膜长、腕长、腕吸盘等,还进行差异性指标变量的筛选和分析,从而获得多样性信息^[15-16]。本文拟对黄渤海野生长蛸群体开展形态多样性比较,分析其性状相关性和群体分化程度,旨在寻求可视化、可量化的形态学标记,阐述其遗传结构与分化水平,对种质资源保护、管理和合理利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验材料

采集天津(39°03'N, 117°58'E)、秦皇岛(39°33'N, 119°37'E)、丹东(39°51'N, 124°18'E)、木浦(34°28'N, 126°09'E)和群山(35°59'N, 126°36'E)5个长蛸野生群体共116个,地跨34°N至39°N约5个纬度(见图1)。所有长蛸个体均体型完整,无断腕或再生腕。

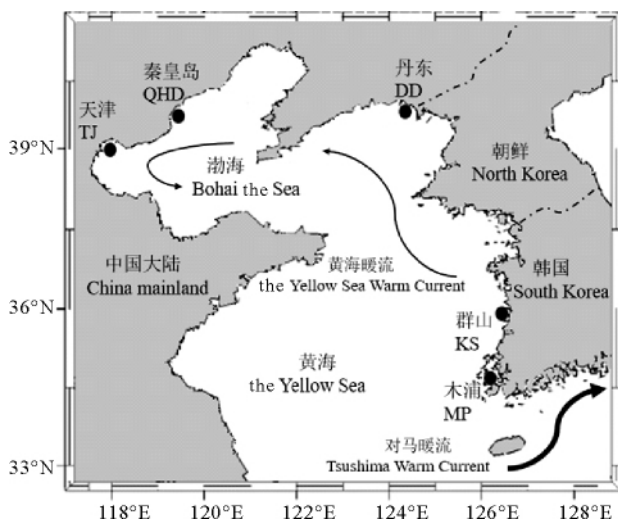


图1 长蛸群体采样地点

Fig.1 The location of *O. minor*

1.2 形态指标测量

长蛸样品冷冻保存,测量前将样品放置于室温环境或者海水中进行解冻。观察样品的体色、形态完整性以及雌雄。对15个形态学指标进行测量,测量方法参照文献^[17-18]。体尺测量数据包括全长(TL)、胴背长(MLd)、胴腹长(MLv)、胴体部开口(PA)、4对腕长(AL-1、2、3、4)、腕间膜长(WD-LA、LB、LC、LD、LE、RB、RC、RD)。其中,LA表示右一腕与左一腕间,LB表示左一腕与左二腕间、LC表示左二腕与左三腕间、LD表示左三腕与左四腕间、LE表示左四腕与右四腕间、RD表示右四腕与右三腕间、RC表示右三腕与右二腕间、RB表示右二腕与右一腕间。胴背宽(MW)、茎化腕舌叶长(LL)、茎化腕交接基长(CL)、头宽(HW)、内侧漏斗长(FFL)、外侧漏斗长(FL)、各腕最大吸盘直径(SDn-R/L 1-4)。利用数显电子天平(精度0.001g)进行体重(TWt)测量;解剖镜下观察计数各腕吸盘数量(SC-R/L 1-4)。

1.3 数据分析

采用SPSS21.0对TL、TW_t、ML_v、ML_d、PA、MW、HW、FL、FFL、AL-1、AL-2、AL-3、AL-4等性状进行数据标准化处理,即各性状值/TL,然后进行数据多元分析。

1.3.1 主成分分析 将体尺性状数据进行主成分分析,用较少的数据去解释原始数据中的大部分变量,将相关性高的性状转化为彼此间相互独立或者不相关的性状。最后使得所选出的分类性状要比原始个数少,从而将多个变量性状用几个少的新变量解释,每个新变量都能够反映原始变量的大部分信息。分析方法参照Brzeski等^[19]。

1.3.2 逐步判别分析 采用费希尔判别,根据线性费希尔函数值,判断哪些长蛸个体对组间差异贡献率最大,根据其值对所测样本归类。首先筛选出标准化指标变量,建立判别方程进而考察错判率和交叉验证,对于错判率不理想和错判率理想的种类进行新样本的分类。判别准确率计算公式参照刘建勇等^[12]:

表1 长蛸5个地理群体形态采集信息表

Table 1 Sample details for five populations of *O. minor*

群体 Populations	缩写 Abbreviation	地理坐标 Location	采样时间 Collecting time	样本数/尾 Sample	平均全长±标准差/mm Average total length±SD
天津 Tianjing	TJ	39°03'N, 117°58'E	2018-12-15	22	455.63±106.11
秦皇岛 Qinghuangdao	QHD	39°33'N, 119°37'E	2018-10-31	24	450.76±99.51
丹东 Dandong	DD	39°51'N, 124°18'E	2018-11-15	29	513.06±62.86
木浦 Mokpo(Korea)	MP	34°28'N, 126°09'E	2018-02-02	23	484.65±87.15
群山 Kunsan(Korea)	KS	35°59'N, 126°36'E	2019-04-28	18	692.50±92.73

判别准确率 $P_1 = \text{判别正确的长蛸数} / \text{实测长蛸数} \times 100\%$;

判别准确率 $P_2 = \text{判别正确的长蛸数} / \text{判别长蛸数} \times 100\%$;

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

式中: A_i 和 B_i 分别为第 i 个群体中被判别正确的个体数和实际判别的个体数; k 为群体。

1.3.3 单因素方差分析 将5个长蛸群体上4对腕的吸盘数进行整理总结(雄性右三腕吸盘的数据单独比较)。同时计算出每个雄性个体 CL/LL, CL/R3 的平均值。将得到数值行单因素方差分析。逐步测试这些变量的不同水平是否给变量造成了显著的差异或者变动。

1.3.4 聚类分析 采用多个变量的数据对样本进行分类, 所得聚类谱系图可以明显的表现其分类的结果。在分析中采用的聚类方法为欧氏距离的最短距离系统聚类法, 所得结果是通过相似性测度来计算不同变量间的相似性, 并且按照相似的程度从强到弱连接相应节点构建树状图。

2 结果

2.1 长蛸腕式及腕间膜式

根据 FAO 标准, 蛸科动物可以使用阿拉伯数字、大写英文字母和 $>$ 、 $<$ 、 $=$ 符号表达腕式和腕间膜式, 统计分析 AL-1、AL-2、AL-3、AL-4 的值, 可得到5个群体腕式均为 $1 > 2 > 3 > 4$ 。每个长蛸样品测量的腕间

膜数据有8组(WD-LA、LB、LC、LD、LE、RB、RC、RD), 对5个群体中每只长蛸样品进行腕间膜的测量统计, 长蛸的腕间膜式基本遵循 $A > B > C > D > E$ 的规律。腕间膜长最大值出现在左一腕和右一腕腕间; 最小值出现在左四腕与右四腕腕间。不同群体之间全长范围也有较大差异, 其中群山(KS)群体的平均全长最大(692.50 ± 92.73) mm, 天津(TJ)群体的平均全长最小(455.63 ± 106.11) mm(见图2)。

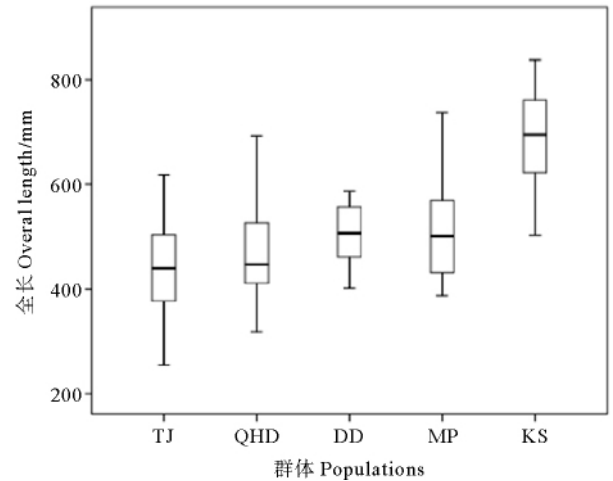


图2 长蛸5个地理群体全长箱线图

Fig.2 The Box-Plot of total length for five populations of *O. minor*

2.2 性状间的相关性

在数据完成标准化前提下对以下12个性状进行相关性分析(见表2)。

表2 性状间表型相关系数

Table 2 The phenotypic correlation coefficient of traits

	TW _t	ML _d	ML _v	MW	HW	PA	FL	FFL	AL-1	AL-2	AL-3	AL-4
TW _t	1	0.771**	0.676**	0.008	0.425**	0.765**	0.256*	0.633**	-0.131	0.464**	0.542**	0.606**
ML _d	0.771**	1	0.802**	0.096	0.433**	0.793**	0.189	0.647**	-0.161	0.441**	0.558**	0.596**
ML _v	0.676**	0.802**	1	0.17	0.601**	0.749**	0.245*	0.673**	-0.034	0.494**	0.608**	0.671**
MW	0.008	0.096	0.17	1	0.242*	0.072	0.125	0.176	0.043	0.113	0.193	0.181
HW	0.425**	0.433**	0.601**	0.242*	1	0.507**	0.679**	0.661**	0.185	0.443**	0.538**	0.572**
PA	0.765**	0.793**	0.749**	0.072	0.507**	1	0.077	0.634**	-0.107	0.491**	0.621**	0.726**
FL	0.256*	0.189	0.245*	0.125	0.679**	0.077	1	0.565**	0.181	0.191	0.201	0.193
FFL	0.633**	0.647**	0.673**	0.176	0.661**	0.634**	0.565**	1	0.118	0.456**	0.598**	0.668**
AL-1	-0.131	-0.161	-0.034	0.043	0.185	-0.107	0.181	0.118	1	0.285**	0.15	0.159
AL-2	0.464**	0.441**	0.494**	0.113	0.443**	0.491**	0.191	0.456**	0.285**	1	0.757**	0.678**
AL-3	0.542**	0.558**	0.608**	0.193	0.538**	0.621**	0.201	0.598**	0.15	0.757**	1	0.794**
AL-4	0.606**	0.596**	0.671**	0.181	0.572**	0.726**	0.193	0.668**	0.159	0.678**	0.794**	1

注: *表示 $P < 0.05$ 显著相关, **表示 $P < 0.01$ 极显著相关。TW_t 代表体重、ML_d 代表胴背长、ML_v 代表胴腹长、MW 代表胴背宽、HW 代表头宽、PA 代表胴体部开口、FL 代表外侧漏斗长、FFL 代表内侧漏斗长、AL-1、2、3、4 代表第一、第二、第三和第四对腕长。

Note: * mean significant correlation ($P < 0.05$), ** mean highly significant correlation ($P < 0.01$). TW_t represents body weight, ML_d represents dorsal mantle length, ML_v represents ventral mantle length, MW represents mantle width, HW represents head length, PA represents pallial aperture, FL represents funnel length, FFL represents free funnel length, AL-1, 2, 3 and 4 represent the first, second, third and fourth pair of arm lengths.

在所研究的性状中存在显著相关性的数据集中在体重与胴体性状间($P < 0.01$), 胴体部性状与漏斗性状间($P < 0.01$) 以及各对腕长间($P < 0.01$), 其中胴背长与胴腹长的相关系数最大。各对腕性状间存在极显著相关($P < 0.01$), 其中第三对腕与第四对腕的相关系数最大, 此结果表明长蛸胴体部性状与头部性状和漏斗性状, 以及各对腕长之间不仅在功能上相互配合, 而且在形态性状上也存在一定的体尺相关性。

2.3 主成分分析

对 5 个群体的 8 个性状参数进行 Kaiser-Meyer-Olkin(KMO) 和 Bartlett 检测, KMO 值为 $0.727 > 0.6$, 即可适合做因子分析。Bartlett 值为 637.725, 且显著性 $P < 0.01$, 也表明数据可以通过主成分分析进行因子分析。得出可将 8 个性状参数划分为两个主成分: 主成分 1 与主成分 2, 主成分 1 的贡献率为 54.699%, 主成分 2 的贡献率 17.342%, 累计贡献率为 72.041%, 所以这两个主成分能够解释 5 个长蛸群体形态差异的 72.041%。主成分 1 的贡献率为 54.699% 的值最大, 影响不同长蛸群体形态差异的指标为 TW_t 、 ML_d 、 ML_v 、HW、PA、FFL。在主成分 2 中影响长蛸群体性状差异的指标为 FL(见表 3)。

表 3 长蛸形态特征主成分的负荷值以及贡献率

Table 3 Contributory ratios and loading values of principal components on morphological characteristics of *O. minor*

变量 Variable	负荷值 Loading value	
	第一主成分 ^①	第二主成分 ^②
TW_t/TL	0.744*	-0.363
ML_d/TL	0.871*	-0.273
ML_v/TL	0.877*	-0.215
MW/TL	0.208	0.385
HW/TL	0.747*	0.469
PA/TL	0.859*	-0.336
FL/TL	0.453	0.774*
FFL/TL	0.865*	0.235
主成分值 ^③	4.376	1.387
贡献率 ^④ /%	54.699	17.342
累计贡献率 ^⑤ /%	72.041	

注: * 表示负荷值大于 0.700。* mean loading value is greater than 0.700。
 ①Principal component 1; ②Principal component 2; ③Principal components value; ④Contributory ratio; ⑤Cumulative contributory ratio.

2.4 逐步判别分析

采用逐步判别的方法得到以下 5 个长蛸群体的判别公式。

天津群体: $Y_{TJ} = -18.056A_1 + 130.655A_2 + 341.227A_3 - 10.197A_4 + 768.602A_5 + 170.069A_6 - 171.562A_7 + 34.314A_8 - 55.663$;

秦皇岛群体: $Y_{QHD} = -35.209 A_1 + 67.460 A_2 + 420.596 A_3 - 2.979 A_4 + 878.182 A_5 + 95.718 A_6 - 199.386 A_7 - 19.167 A_8 - 44.651$;

丹东群体: $Y_{DD} = 28.063 A_1 + 56.546 A_2 + 336.741 A_3 - 7.264 A_4 + 647.727 A_5 + 203.811 A_6 - 127.952 A_7 + 78.351 A_8 - 60.517$;

木浦群体: $Y_{MP} = -39.819 A_1 + 140.139 A_2 + 321.446 A_3 - 3.500 A_4 + 670.773 A_5 + 3.314 A_6 + 288.701 A_7 - 320.892 A_8 - 39.009$;

群山群体: $Y_{KS} = -9.761 A_1 + 238.121 A_2 + 239.415 A_3 - 2.414 A_4 + 193.168 A_5 + 81.965 A_6 - 21.927 A_7 - 280.387 A_8 - 34.344$ 。

对 116 个个体的性状特征值进行逐步判别分析, 将差异性显著的特征性状作为判别不同群体的特征指标。逐步判别法得到 A_1 、 A_2 、 A_3 、 A_4 、 A_5 、 A_6 、 A_7 和 A_8 分别代表 TW_t/TL 、 ML_d/TL 、 ML_v/TL 、 MW/TL 、 HW/TL 、 PA/TL 、 FL/TL 和 FFL/TL 8 个性状指标, 将它们分别代入上述判别函数中, 计算出 5 个函数值。比较函数值的大小, 被判别的个体属于函数值最大的判别函数所对应的群体。

分析结果显示已经对 5 个群体中的 90.5% 个体进行了正确的分类, 判别准确率 P_1 为 69.6%~100%, P_2 为 80.0%~100%。其中木浦群体与群山群体的判别率最高, 表明这两个群体相较于其他群体的差异性显著($P < 0.05$)。其中天津群体的判别准确率最低, 其中 22 个天津个体中有 3 个被判别为秦皇岛群体, 有 2 个被判别到丹东群体, 1 个被判别到群山群体, 存在较多互为判别错误的个体(见表 4)。

从判别散点图可知, 在横轴方向的判别函数 1 轴上, 秦皇岛群体、天津群体和丹东群体的散点重叠区域较多, 由此可以得出此 3 个地理群体间性状差异性不大。散点图总趋势显示木浦与群山群体相比于其他群体, 其散点分布区域更为集中, 且与其他群体无明显重叠区域(见图 3), 说明韩国两个群体相较于我国分布的 3 个群体形态具有明显的差异。

2.5 吸盘数目及茎化腕交接基差异性分析

综合 4 对腕的吸盘数比较, 木浦群体的吸盘数目在第一对腕(平均 202.54 ± 15.62) 最多, 丹东群体的吸盘数目在第二对腕(平均 188.43 ± 16.35)、第三对腕(平均 180.14 ± 30.51) 和第四对腕(平均 177.94 ± 19.25) 最多。秦皇岛群体的吸盘数目在第一对腕(平均 190.44 ± 11.43)、第二对腕(平均 172.02 ± 11.02)、第四对腕(平均 151.11 ± 11.44) 最少, 天津群体的吸盘

表4 长蛸5个地理群体的分析判别结果

Table 4 Discriminant results of five populations of *O. minor*

群体 Populations	样本数目 Numbers	判别准确率/% Discriminant accuracy		预测分类 Predicted classification				
		P_1	P_2	TJ	QHD	DD	MP	KS
TJ	22	69.6	80.0	16	3	2	0	1
QHD	24	95.8	88.5	0	23	0	0	1
DD	29	86.2	92.6	4	0	25	0	0
MP	23	100	100	0	0	0	23	0
KS	18	100	90.0	0	0	0	0	18
总计 Total	116		90.5	20	26	27	23	20

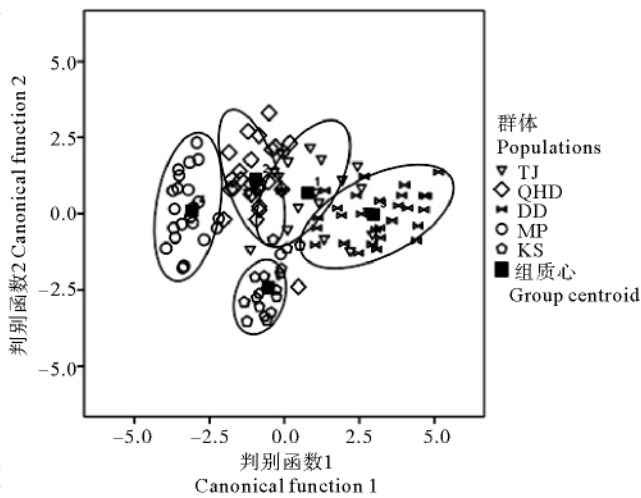


图3 长蛸群体判别分析函数散点图

Fig.3 Canonical discriminant scatter plots of *O. minor* populations

数目在第三对腕(平均 154.31 ± 17.08)最少。进行ANOVA 单因素方差分析和 Duncan's 多重检验分析可得,木浦与群山群体的4对腕的吸盘数相较于天津和秦皇岛群体多具有显著差异($P < 0.05$),天津与秦皇岛群体之间的4对腕吸盘数目多为差异不显著($P > 0.05$)。在中国的3个群体中,丹东群体4对腕吸盘数与秦皇岛和天津群体存在显著差异($P < 0.05$)。雄性右三腕吸盘数在5个群体中差异不显著($P > 0.05$),且不会随着地理位置的变化而存在显著差异,CL/R3和CL/LL比值中可以明显得出黄渤海海域的5个长蛸群体均无显著差异($P > 0.05$)(见表5)。

2.6 聚类分析

将5个群体的体尺性状数据进行校正后取平均值进行聚类分析,聚类分析将5个群体分为两支,天津和秦皇岛群体先聚于一支,再与丹东群体聚于一支,木浦和群山群体单独聚于一支。由聚类结果可知韩国群体与中国黄渤海分布的长蛸群体具有形态差异性(见图4)。

表5 长蛸不同地理群体多性状的多重比较

Table 5 Multiple comparisons for multiple characters of different populations of *O. minor*

群体 Populations	SC1	SC2	SC3	SC4	SC3(H)	CL/LL	CL/R3
TJ	191.22 ± 16.95^{ab}	177.79 ± 16.34^{bc}	154.31 ± 17.08^c	154.59 ± 15.92^c	57.90 ± 4.15^a	0.14 ± 0.04^b	0.018^a
QHD	190.44 ± 11.43^b	172.02 ± 11.02^c	156.48 ± 12.26^c	151.11 ± 11.44^c	53.40 ± 3.24^a	0.21 ± 0.02^a	0.017^a
DD	198.53 ± 17.67^{ab}	188.43 ± 16.35^a	180.14 ± 30.51^a	177.94 ± 19.25^a	58.10 ± 4.45^a	0.14 ± 0.06^b	0.018^a
MP	202.54 ± 15.62^a	184.16 ± 16.06^{ab}	167.57 ± 14.24^b	157.27 ± 17.77^b	56.13 ± 3.61^a	0.18 ± 0.04^{ab}	0.017^a
KS	201.57 ± 5.10^{ab}	185.79 ± 21.45^b	169.21 ± 18.10^b	164.32 ± 15.45^{bc}	53.60 ± 5.10^a	0.17 ± 0.03^b	0.020^a

注:不同群体有相同字母表示彼此间无显著差异($P > 0.05$),标有不同字母表示彼此间差异性显著($P < 0.05$)。SC1代表第一对腕吸盘数,SC2代表第二对腕吸盘数,SC3代表第三对腕吸盘数,SC4代表第四对腕吸盘数,SC3(H)代表雄性右三腕吸盘数,CL/LL表示茎化腕交接基长与茎化腕舌叶长的比值,CL/R3表示茎化腕交接基长与雄性右三腕长的比值。

Notes: The same letters among populations mean no significant difference ($P > 0.05$), and the different letters among populations mean significant difference ($P < 0.05$).SC1 represents the number of suckers in the first pair of arms, SC2 represents the number of suckers in second pair of arms,SC3 represents the number of suckers in third pair of arms, SC4 represents the number of suckers in fourth pair of arms, SC3(H) represents the number of suckers on hectocotylistised arm, CL/LL represents the ratio of calamus length to ligula length, CL/R3 represents the ratio of calamus length to length of male right three arms.

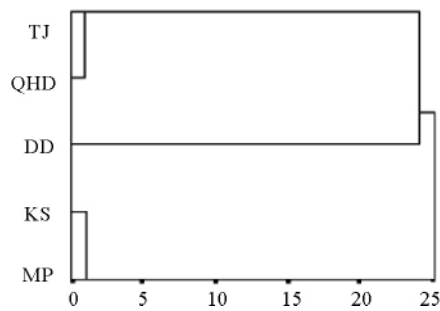


图 4 长蛸 5 个地理群体聚类分布图

Fig.4 Diagram of cluster analysis of five populations of *O. minor*

3 讨论

基于 12 个性状的表型相关系数表得知(见表 2), 性状中存在极显著相关性的数据集中在体重与胴体部性状之间($P < 0.01$)、胴体部性状互相之间($P < 0.01$)和各对腕长之间($P < 0.01$), 其中胴背长与胴腹长之间相关系数是性状间相关系数中最大的, 此结果与高晓蕾^[20]相同。长蛸胴体部性状、头部性状和漏斗性状相关性高, 且各个腕性状间有显著相关性, 说明具相同/相似功能的器官, 体尺性状可能也存在一定相关性^[21]。

综合 4 对腕的吸盘数比较, 丹东群体的吸盘数目最多, 其次是木浦群体与群山群体, 天津和秦皇岛群体的吸盘数目最少(见表 5)。韩国木浦群体和群山群体与其他群体在腕吸盘数上差异显著($P < 0.05$), 天津与秦皇岛两个群体间吸盘数目差异不显著($P > 0.05$), 而 CL/LL、雄性茎化腕吸盘数以及 CL/R3 差异不显著($P > 0.05$)。这与高晓蕾等^[7]的分析结果相似, 即雄性茎化腕吸盘数以及茎化腕交接基长在不同地域群体中稳定, 可用于区分不同物种的形态学标记, 而除茎化腕以外的各腕吸盘数变化则可作为区分不同群体的形态学指标。

物种的形态差异与其栖息环境息息相关。由于不同海区生境的温度、盐度、海流等指标存在一定差异, 造成了不同群体间存在某种程度的地理隔离, 从而在形态、生理及遗传水平上形成一定差异^[22]。依据长蛸的生活习性, 其幼体没有浮游期且营底栖生活, 大大影响了群体的扩散, 群体间基因交流频率减少, 从而产生一定差异。同时, 天津和秦皇岛位于三面环陆的渤海, 丹东群体位于黄海北部, 韩国木浦和群山群体位于黄海西南部, 黄海渤海群体间位置较远, 黄海暖流在 4 月至 8 月期间流经济州岛西部, 到达中国的西北海岸, 与中国沿海水域相比, 这股海流的强度相对较弱, 很少进入渤海湾内部^[23], 也造成了不同海域群体间基因交流频率低, 使得黄海群体与渤海群体表现出明显的形态

差异。地理相邻性会造成遗传距离与地理距离间的相关性^[24], 这可能造成了黄海西南部木浦群体与群山群体以及渤海天津群体与秦皇岛群体差异性小(见图 3 和 4)的原因。基于微卫星标记和形态学分析均表明各地理群体受地理位置影响, 距离较远的群体间存在较大差异^[7,11]。依据已有研究表明韩国海域长蛸群体可能已分化到亚种水平^[9-10], 本文为其提供了一定的形态学数据支持。但韩国附近海域长蛸群体能否被当做一个独立物种, 仍需深入研究。

致谢: 韩国群山海进水产李海莉经理提供了韩国的长蛸群体样品, 中国海洋大学研究生许晨曦、李希豹、任静对样品处理提供了帮助, 特此感谢。

参考文献:

- [1] Jereb P, Roper C F E, Norman M D, et al. Cephalopods of the world[C]// An Annotated and Illustrated Catalogue of Cephalopod Species Known to Date, Volume 3. Octopods and Vampire Squids. FAO Species Catalogue for Fishery Purposes. Rome: FAO, 2013: 200.
- [2] 钱耀森, 郑小东, 王培亮, 等. 天鹅湖长蛸营养成分的分析及评价[J]. 海洋科学, 2010, 34(12): 14-18.
Qian Y S, Zheng X D, Wang P L, et al. Analysis and evaluation of nutritive composition of *Octopus minor* in Lake Swan[J]. Marine Sciences, 2010, 34(12): 14-18.
- [3] Zheng X D, Qian Y S, Liu C, et al. *Octopus minor*[C]// Iglesias J, Fuentes L, Villanueva R, et al. Cephalopod Culture. New York: Springer, 2014: 415-426.
- [4] Seol D W, Lee J, Im S Y. Clove oil as an anesthetic for common octopus (*Octopus minor*, Sasaki) [J]. Aquaculture Research, 2007, 38(1): 45-49.
- [5] Wang J H, Zheng X D. Comparison of the genetic relationship between nine cephalopod species based on cluster analysis of karyotype evolutionary distance[J]. Comparative Cytogenetics, 2017, 11(3): 477-494.
- [6] Song M P, Wang J H, Zheng X D. Prey preference of the common long-armed octopus *Octopus minor* (Cephalopoda: Octopodidae) on three different species of bivalves[J]. Journal of Oceanology and Limnology, 2019, 37(5): 1595-1603.
- [7] 高晓蕾, 许然, 张志新, 等. 中国沿海长蛸群体形态性状的差异[J]. 水产学报, 2019(7): 1593-1602.
Gao X L, Xu R, Zhang Z X, et al. Morphological variation analysis of *Octopus minor* in the coastal waters of China[J]. Journal of Fisheries of China, 2019(7): 1593-1602.
- [8] 高强, 郑小东, 孔令锋, 等. 长蛸(*Octopus variabilis*)自然群体生化遗传学研究[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2009, 39(6): 1193-1197.
Gao Q, Zheng X D, Kong L F, et al. Biochemical genetic analysis of wild populations of *Octopus variabilis*[J]. Periodical of Ocean University of China, 2009, 39(6): 1193-1197.
- [9] Xu R, Bo Q K, Zheng X D. A divergent lineage among *Octopus minor* (Sasaki, 1920) populations in the Northwest Pacific suppor-

- ted by DNA barcoding[J]. *Marine Biology Research*, 2018, 14(4): 335-349.
- [10] Kang J H, Kim Y K, Park J Y, et al. Development of microsatellite markers to genetically differentiate populations of *Octopus minor* from Korea and China[J]. *Molecular Biology Reports*, 2012, 39(8): 8277-8286.
- [11] Gao X, Zheng X, Bo Q, et al. Population genetics of the common long-armed *Octopus minor* (Sasaki, 1920) (Cephalopoda: Octopoda) in Chinese waters based on microsatellite analysis[J]. *Bi-ochemical Systematics & Ecology*, 2016(66): 129-136.
- [12] 刘建勇, 吴继兴, 孙成波. 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[J]. *海洋与湖沼*, 2010(1): 114-120.
- Liu J Y, Wu J X, Sun C B. Morphological variations of different geographic populations of *Paphia undulata* off southeast China [J]. *Oceanologia Et Limnologia Sinica*, 2010(1): 114-120.
- [13] 罗福广, 苏翔驹, 区小玲, 等. 中国沿海管角螺 4 个自然群体遗传多样性的 RAPD 分析[J]. *上海海洋大学学报*, 2011(5): 655-660.
- Luo F G, Su X J, Qu X L, et al. RAPD analysis on *Hemifusus tuba* (Gmelin) of four different natural populations in China[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2011(5): 655-660.
- [14] 杨建敏, 郑小东, 李琪, 等. 中国沿海脉红螺(*Rapana venosa*)居群数量性状遗传多样性研究[J]. *海洋与湖沼*, 2006(5): 385-392.
- Yang J M, Zheng X D, Li Q, et al. Quantitative study on phenotypic genetic diversity of *Rapana venosa* in China's coastal waters [J]. *Oceanologia Et Limnologia Sinica*, 2006(5): 385-392.
- [15] Liao J X, Lu C C. A new species of *Cistopus* (Cephalopoda: Octopodidae) from Taiwan and morphology of mucous pouches[J]. *Journal of Molluscan Studies*, 2009, 75(3): 269-278.
- [16] Sin Y W, Yau C, Chu K H. Morphological and genetic differentiation of two loliginid squids *Uroteuthis (Photololigo) chinensis* and *Uroteuthis (Photololigo) edulis* (Cephalopoda: Loliginidae), in Asia[J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 2009, 369(1): 22-30.
- [17] Roper C F E, Voss G L. Guidelines for taxonomic descriptions of cephalopod species[J]. *Early Medieval Europe*, 1983, 20(1): 39-69.
- [18] Norman M D, Sweeney M J. The shallow-water Octopuses (Cephalopoda: Octopodidae) of the Philippines[J]. *Invertebrate Systematics*, 1997, 11(1): 89-140.
- [19] Brzeski V J, Doyle R W. Morphometric criterion for sex discrimination in tilapia, 1988[C]. ICLARM: Department of Fisheries, 1988, 439-444.
- [20] 高晓蕾. 中国沿海长蛸群体遗传学研究[D]. 青岛: 中国海洋大学水产学院, 2014: 24-26.
- Gao X L. Studies on Population Genetics of *Octopus minor* Located in the Waters of China[D]. Qingdao: Fisheries College of Ocean University of China, 2014: 24-26.
- [21] 许星鸿, 阎斌伦, 郑家声, 等. 长蛸生殖系统的形态学与组织学观察[J]. *动物学杂志*, 2008, 43(4): 77-84.
- Xu X H, Yan B L, Zheng J S, et al. Morphology and histology of the reproductive system in *Octopus variabilis*[J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2008, 43(4): 77-84.
- [22] 钱荣华, 李家乐, 董志国, 等. 中国五大湖三角帆蚌形态差异分析[J]. *海洋与湖沼*, 2003(4): 436-443.
- Qian Y H, Li J L, Dong Z G, et al. Morphological variations analysis among populations of *Hyriopsis cumingii* in five large lakes of China[J]. *Oceanologia Et Limnologia Sinica*, 2003(4): 436-443.
- [23] Pang I C, Kim K H. Seasonal variation of water mass distributions in the eastern Yellow Sea and the Yellow Sea warm current [J]. *Journal of the Korean Society of Oceanography*, 1998, 33(3): 41-52.
- [24] Scribner K T, Evans J E, Morreale S J, et al. Genetic divergence among populations of the yellow-bellied slider turtle (*Pseudemys scripta*) separated by aquatic and terrestrial habitats[J]. *Copeia*, 1986(3): 691-700.

A Morphological Analysis of *Octopus minor* Populations Inhabiting in the Bohai Sea and the Yellow Sea

Huo Lili¹, Nan Ze^{1,2}, Hou Chunqiang³, Mou Zongbao⁴, Zheng Xiaodong^{1,2}

(1. Institute of Evolution and Marine Biodiversity, Ocean University of China, Qingdao 266003, China; 2. The Key Laboratory of Mariculture(Ocean University of China), Ministry of Education, Qingdao 266003, China; 3. Tianjin Fisheries Research Institute, Tianjin 300457, China; 4. Zhangzidao Group Co. Ltd., Dalian 116000, China)

Abstract: To investigate the morphological difference among populations and intraspecies morphological diversity of *Octopus minor*, a total of 116 individuals of 5 natural populations (Tianjin, Qinhuangdao, Dandong, Mokpo and Kunsan) distributed in Bohai Sea and Yellow Sea were collected. A multi-variate analysis method was used to comprehensively analyze the 15 morphological indexes of them and a population discriminant function was established. The results showed that the arm formula of *O. minor* was 1>2>3>4 and the web formula was A>B>C>D>E. (Arabic numerals represent four pairs of arm lengths. English alphabet represent the five groups of web lengths) The correlation analysis of traits showed that there is a significant correlation between weight and mantle, mantle and head and funnel ($P<0.01$). Principal component analysis showed that two principal components are constructed with a cumulative contributory ratio of 72.041%, indicating that it is suitable for *O. minor* to explain difference between different populations with several independent factors. The result of stepwise discriminant analysis revealed that the five populations differ significantly in morphology ($P<0.01$). The discriminant functions of five populations were established, and the discriminant accuracy ranged from 69.6% to 100% for P_1 and from 80.0% to 100% for P_2 . The average discriminant accuracy was 90.5%. The Korean populations (Mokpo and Kunsan) can be clearly separated from the Chinese populations (Tianjin, Qinhuangdao and Dandong) based on the scatter plots of discriminant functions. One-way analysis of variance (ANOVA) showed that there are significant differences between the number of suckers in the arms of Chinese populations (Tianjin, Qinhuangdao and Dandong) and the Korean populations (Mokpo and Kunsan), and Tianjin and Qinhuangdao populations have the closest number of suckers in the arms. The cluster analysis revealed that five populations are clustered into two categories. Qinhuangdao population and Tianjin population grouped together at first, then clustered with Dandong while Mokpo and Kunsan formed a separated group. In summary, five *O. minor* populations in Bohai Sea and Yellow Sea exhibited a significant morphological divergence.

Key words: *Octopus minor*; geographical population; morphological diversity; population variation; multi-variant analysis

责任编辑 朱宝象