

矮慈菇居群的数量分类研究*

钟扬

陈家宽

(中国科学院武汉植物研究所, 武汉 430074)

(武汉大学生物系)

摘要 本文运用聚类分析和主成分分析基础上构造最小生成树的方法, 对采自中国南方的7个矮慈菇居群用28个形态学性状进行了数量分类研究。结果划分出3个类群, 综合反映了各居群间的亲缘关系。本文还简要讨论了数量分类学方法在居群生物学中的应用问题。

关键词 数量分类学; 居群; 矮慈菇

引言

矮慈菇 (*Sagittaria pygmaea* Miq.) 是一种主要分布在东亚、东南亚的热带和亚热带地区的水生杂草。该种生态适应性强, 形态变异较大。它与其它慈菇属植物的区别为: 植株最为矮小, 叶无叶柄与叶片之分, 为带形或匙形, 雌花仅一朵, 偶尔为2或0, 无柄等。而过去研究中存在的一些混乱, 如认为矮慈菇还具有箭形叶的类型, 则是由于所见标本太少, 缺乏比较, 并未能进行野外居群研究所致^[4-6]。

实际上, 居群是物种进化的基本单位。居群内和居群间性状的变异是进化植物学研究的重要内容之一。然而, 居群水平难于分类。鉴此, 本文运用聚类分析和主成分分析基础上构造最小生成树方法, 对采自中国南方的7个矮慈菇居群进行了数量分类研究。目的是揭示这些居群间的亲缘关系, 以便进一步研究性状与生境或遗传相联系的变异规律。同时, 评价数量分类方法在居群生物学中的应用。

材料和方法

本文以采自中国南方4省的7个矮慈菇居群作为分类运算单位(OTUs)(表1)。居群的野外取样, 首先详细观察与记载样地的生境, 再确定取样面积的大小, 然后在样地内按一定间隔和一定方向随机采取25个以上的完整植株。同一居群内的植株有相同的标本号和自己的序号。所有标本均藏于武汉大学生物系标本馆^[2]。

选取28个有变异的形态学性状(表2)。观察和测量居群中的各植株。用各植株的平均值作为OTUs的原始数据, 形成 $\bar{x}\{x_{ij}\}7 \times 28$ 的数据矩阵, 以便数量分析^[1]。

聚类分析中, 首先对原始数据矩阵 X 进行标准化处理, 计算各OTUs之间的平均欧

表1 七个矮慈菇居群

| 编号 | 标本号 | 取样地点和时间 | 取样面积 m ² | 植株数 |
|----------------|---------|--------------------|---------------------|-----|
| P ¹ | C. 0111 | 湖北利川; 1985, 8, 7 | 30 | 64 |
| P ² | C. 0122 | 湖北利川; 1985, 8, 9 | 25 | 55 |
| P ³ | C. 0124 | 湖北武昌; 1985, 8, 22 | 50 | 58 |
| P ⁴ | C. 0150 | 福建崇安; 1985, 9, 20 | 40 | 71 |
| P ⁵ | C. 0170 | 广西南宁; 1985, 10, 11 | 50 | 58 |
| P ⁶ | C. 0173 | 广西容县; 1985, 10, 15 | 50 | 50 |
| P ⁷ | C. 0182 | 广东阳春; 1985, 10, 20 | 30 | 58 |

* 感谢柯善强、黄德世同志提供帮助。

氏距离系数矩阵; 采用UPGMA法作出分类结果的树系图^[3,7]。主成分分析中前三个主成分保留原28维性状空间信息量的77.06%; 将各 OTU在前三个主成分空间排序, 计算 OTUs间的平均欧氏距离矩阵; 根据Prim(1957)法, 构造最小生成树并计算平均树长^[3,8,9]。

本文全部运算均用 BASIC 语言编写程序, 在中国科学院武汉植物研究所 IBM PC/XT型微机上完成。

结果与讨论

聚类分析的结果见树系图(图1)。在树系图上, 7个居群分为3类: 第I类包括5个居群{ P_1, P_2, P_4, P_6, P_7 }, 其中 P_1 和 P_2 关系最为密切, P_6 和 P_7 次之; P_4 和 P_3 为独立的II和III类, 特别是 P_3 与其它居群间的关系最为疏远。在PCA基础上构造MST的结果见图2。在图2上, 7个居群在前三个主要成分上排序并用平均权重划分MST的结果也为3类, 与树系图一致, 说明这三维主成分能集中反映原28维性状空间的真实情况。

居群间的亲缘关系与它们在性状上的变异程度是相关联的。检查主成分分析结果, 根据负荷量可知对前三个主成分起重要作用的依次是性状5, 性状13, 性状6和性状19。研究表明, 这4个性状正是矮慈菇具有极大表型可塑性的性状^[2]。以花序梗长(性状5)为例, 虽然过去的研究认为它无明显的分类价值, 但在居群水平显然是一个重要的分类性状。该性状与居群的生境(特别是水深)关系密切。因为矮慈菇靠昆虫(蝇类)传粉, 这种传粉方式使其花序梗长度的可塑性对水深变化必须作出最敏感的反应, 即当水深迅速加大时花序梗也要快速伸长使其长度达到使全部花露出水面的程度。图3示出了聚类分析后3个类群中花序梗长的变异幅度、平均值和标准差。从图3中亦可以看出, P_3 和 P_5 确是较独特的两个居群。总之, 数量分类结果综合反映了矮

表2 矮慈菇居群的分类性状

| 序号 | 性 状 | 类型* | 序号 | 性 状 | 类型* |
|----|---------|-----|----|---------|-----|
| 1 | 叶片形状 | M | 15 | 雄花萼片长 | N |
| 2 | 上裂片长 | N | 16 | 雄花萼片宽 | N |
| 3 | 上裂片宽 | N | 17 | 花瓣长 | N |
| 4 | 上裂片叶脉数 | N | 18 | 花瓣宽 | N |
| 5 | 花序梗长 | N | 19 | 雄蕊数目 | N |
| 6 | 花序长 | N | 20 | 花丝长 | N |
| 7 | 总苞片长 | N | 21 | 花丝宽 | N |
| 8 | 总苞片宽 | N | 22 | 花药长 | N |
| 9 | 雌花梗长 | N | 23 | 花药宽 | N |
| 10 | 雌花萼片长 | N | 24 | 宿存萼片反折否 | T |
| 11 | 雌花萼片宽 | N | 25 | 宿存萼片长 | N |
| 12 | 雌花萼片反折否 | T | 26 | 宿存萼片宽 | N |
| 13 | 雄花梗长 | N | 27 | 瘦果长 | N |
| 14 | 雄花梗直径 | N | 28 | 瘦果宽 | N |

* M: 多态性状; N: 数量性状; T: 二态性状

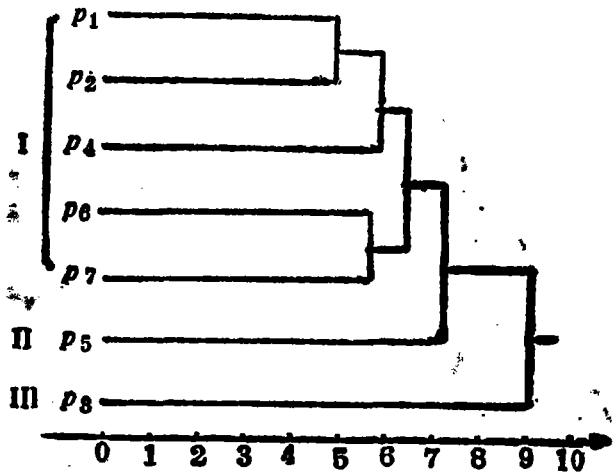


图1 矮慈菇居群的树系图
(平均欧氏距离, UPGMA)

慈菇 7 个居群间的亲缘关系。

目前，在很多种内变异式样的研究工作中，大多采用统计分析方法检验居群内各性状的变异幅度、平均值和标准差，但难于将所有性状或者多个重要性状的结果统一起来作为划分居群类型的依据。事实上，在居群水平具有较大分类价值的性状多为数量性状，而且通常具有连续变异的特点。从本文的分析结果看，在这样的性状基础上，聚类分析和主成分分析及构造最小生成树为划分居群类型以便作进一步的性状变异程度分析提供了定量化方法。当然，其中的主成分分析一般要保证前三维主成分保留原性状空间信息量70%以上方有效。这对原始数据的线性化程度有一定的要求。同样，在此条件下，其它排序方法如主坐标分析、位置向量排序和典范分析等都可用于居群的分类与排序工作^[3, 7]。

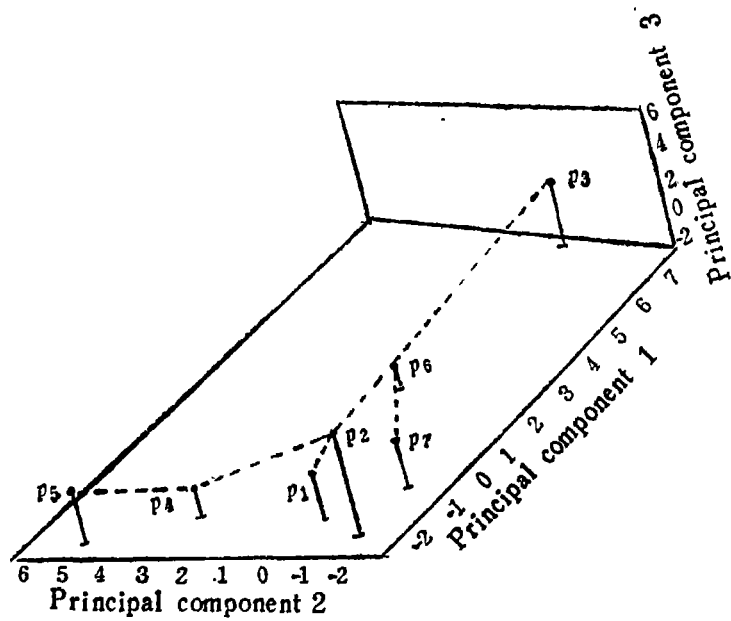


图2 七个居群的3维主成分排序和最小生成树

(树长, 12.5686, 平均权重2.0944)

- $d(1, 2) = 1.4945, d(6, 7) = 1.7521,$
- $d(2, 6) = 1.7564, d(2, 4) = 1.9873,$
- $d(4, 5) = 2.1257, d(3, 6) = 3.4526$

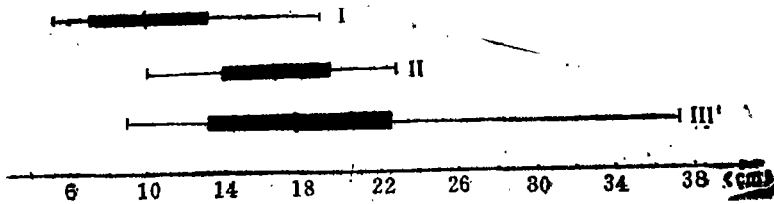


图3 三类居群中花序梗长的变异幅度、平均值和标准差

参 考 文 献

- [1] 陈家宽等, 1988: 中国慈菇属的数量分类研究。武汉大学学报(自然科学版), (1): 107—113。
- [2] 陈家宽, 1989: 中国慈菇属的系统与进化植物学研究。武汉大学出版社。
- [3] 阳含熙等, 1981: 植物生态学的数量分类方法。科学出版社。
- [4] Bogin, C., 1955: Revision of the genus *Sagittaria* (Alismataceae). Mem. N. Y. Bot. Gard. 9 (2): 179—233.
- [5] Rataj, K., 1972: Revision of the genus *Sagittaria* I. Old World Species. Annual. Zool. Bot. 76: 1—31.
- [6] Rataj, K., 1973: Revision of the genus *Sagittaria* II. The Species of West Indies, Central and South America. Annual. Zool. Bot. 78: 1—61.
- [7] Sneath, P. H. A. and Sokal, R. R. 1973: Numerical Taxonomy: The principles and practice of numerical classification. W. H. Freeman and Company, San Francisco.
- [8] Prim, R. C. 1957: Shortest connection networks and some generalizations. Bell. Syst. Tech., J. 36: 1389—1401.
- [9] Hu, C. C. Crovello, T. J. and Sokal, R. R. 1985: The numerical taxonomy of some Species of *Populus* based on vegetative Characters. Taxon. 34 (2): 197—206.

A NUMERICAL TAXONOMIC STUDY OF POPULATIONS OF SAGITTARIA PYGMAEA

Zhong Yang

(Wuhan Institute of Botany, Academia Sinica, Wuhan 430074)

Chen Jiakuan

(Department of Biology, Wuhan University)

Abstract In the present paper, seven populations of *Sagittaria pygmaea* from the southern part of China were studied by cluster analysis and constructing minimum spanning tree (MST) based on principal component analysis (PCA) using 28 morphological characters. The results obtained through the numerical taxonomic methods show that 7 populations can be divided into 3 groups and all are conducive to the relationships among those populations. In addition, some problem about application of numerical taxonomy in population biology were also discussed briefly.

Key words Numerical taxonomy; population; *Sagittaria pygmaea*