

中国近海织纹螺科系统分类研究的现状与展望

Status and prospects of the systematics of Nassariidae (Mollusea: Gastropoda) in China coasts

杨静文, 张素萍

(中国科学院 海洋研究所, 山东 青岛 266071)

中图分类号: Q959.212

文献标识码: A

文章编号: 1000-3096(2009)10-0124-03

1 织纹螺科的简介

织纹螺科(Nassariidae)属于软体动物门、腹足纲、新进腹足目、蛾螺总科。其个体较小,成体贝壳高度通常在8~35 mm之间。外形多呈卵圆形、长卵圆形及尖锥形,螺旋部尖圆锥形,体螺层稍膨胀。大部分种类的螺肋与纵肋相交叉成网状或方格状,形似织纹,因此得名。壳口多呈卵圆形,前水管沟宽短,呈缺刻状,后水管沟小。外唇厚,边缘常有齿状突起,内缘具齿列;内唇光滑或具褶皱。厣角质,黄褐色,呈长卵圆形或椭圆形。

足长而宽,后端常分叉,形成2个尾状物。眼位于触角基部的外侧。外套膜较薄,齿舌呈带状,齿式为1·1·1,中齿的两侧各有一列两端尖突的侧齿,通常透明,整齐地排列在齿舌带上。

织纹螺是较常见的前鳃类动物,由于其属于广温广盐的种类,适应能力较强,一般生活在近岸潮间带至浅海的沙、泥沙质海底和礁石间,仅有少数种类栖息于较深的海底。此类动物广泛分布于世界各大洋中,从温带、亚热带到热带海区均有分布^[1,2]。织纹螺在中国北至黄、渤海北部向南至南沙群岛海域广为分布。但根据初步调查发现其在东海、南海和南沙群岛显现出更大的生物多样性。目前中国大陆地区已经报道的约有30种织纹螺,其中如秀丽织纹螺(*Nassarius (Reticunassa) festivus*),西格织纹螺(*N. (Zeuxis) siquijorensis*),红带织纹螺(*N. (Zeuxis) succinctus*),纵肋织纹螺(*N. (Varicunassa) variciferus*)等为中国沿海广分布性种类。

织纹螺为食腐性动物,栖息于潮间带的织纹螺主要以鱼类或其他动物的尸体为食,除此以外可能还会进食一些多毛类、蛇尾纲动物。此外,有关学者们还观察发现一些种类的织纹螺还会进食后鳃动物的卵,另外的一些种类虽然喜食腐肉,但是依靠藻类及碎屑也能维持自身生存^[3~5]。因此,其在生态系统中扮演着分解者的角色,对维持生态系统的平衡,特

别是底栖生态群落的稳定等有着重要作用。

织纹螺除了在底栖群落中扮演重要的角色外,对外界环境变化特别敏感,在受到环境压力刺激后其生殖器官会发生“性畸变”现象,因此可以作为环境监测的生物指标种。此外,织纹螺常被俗称为“海瓜子”、“海螺丝”,其肉质鲜嫩,沿海居民一直以来都有食用它的习惯,特别是在盛产织纹螺的我国东南沿海地区,纵肋织纹螺,红带织纹螺以及西格织纹螺等都是餐桌上常见的美味佳肴。但是近几年来,由于工业废水和生活污水的影响,引发较大规模的赤潮,造成织纹螺体内的毒素积累,因食用织纹螺而造成的中毒事件时有发生,使其成为目前关注和研究的热点。

2 织纹螺分类研究现状和问题

最早对于织纹螺的描述出现在1758年,但是直到20世纪初,织纹螺才作为一个独立科被正式确立^[6]。在织纹螺科200多年的分类研究史中,世界上记录的织纹螺达2000余种,在这些种类中,大部分为同物异名,仅有319种为现存物种,584种为化石种。根据有关学者调查发现,现今分类系统中该科的平均同物异名率大约是1:4,在一些属及亚属中甚至高达1:40。对于织纹螺科动物的亚科、属及亚属的划分不同学者间也一直存在争议。Cossmann^[7]最初根据壳轴基部形态把织纹螺分为4个亚科。Cernohorsky^[8]把Truncariinae亚科划分出去,认为织纹螺科分为Dorsaninae、Cylleninae、Nassariinae 3

收稿日期:2009-06-18;修回日期:2009-07-30

基金项目:中国科学院知识创新工程重要方向项目资助(KSCX2-YW-Z-0916);中国科学院海洋研究所知识创新前沿项目分类专项基金资助(2007-12)

作者简介:杨静文(1984-),女,山东济宁人,硕士研究生,主要从事海洋贝类分类学研究,电话:0532-82898903, E-mail: silence84309@163.com;张素萍,通信作者,研究员, E-mail: museum@ms.qdio.ac.cn

个亚科。此外,在查阅相关文献和国际上的主要数据库后发现,有关属的定义与命名还存在着较大分歧,有的尚待进一步的研究确定。对织纹螺科的分类研究,目前主要还是采用 Cernohorsky(1984)的分类系统。

对于广布在世界海域的织纹螺物种的报道及研究一直不曾间断,Locard^[9]记述了北美西海岸的 12 种织纹螺。Carlos^[10]报道了菲律宾产织纹螺 2 属 9 亚属 30 种。Adam 等^[11]报道了西非沿岸的 46 种织纹螺。Salisbury^[12]描述了夏威夷产织纹螺科 8 种。Kibum^[13]报道了肯尼亚和莫桑比克的 4 个织纹螺新种。

1978 年,Cernohorsky^[14]详细描述了热带太平洋沿岸的 2 属 10 亚属 43 种,并于 1984 年系统地描述了世界上分布的织纹螺 12 属,共计约 600 个化石种和 300 个现存种^[8]。此外,于 1992 年报道了热带太平洋的 2 个新种^[15]。Okutani^[16]详细描述了日本海产软体动物,其中包括了织纹螺科 11 属 69 种。

中国对织纹螺科的分类研究起步较晚且研究报道很少,在 20 世纪 60 年代前,仅有一些零散的记载。60 年代以后,中国的贝类分类研究得到了迅速发展,张玺、齐钟彦等陆续报道了中国沿海织纹螺科种类。齐钟彦等^[17]在《中国动物图谱》(第二册)中记录织纹螺科 12 种;赖浩然^[18]在《贝友》杂志中记录台湾产织纹螺 21 种;巫文隆^[19]在台湾贝类目录中记录了台湾地区织纹螺 50 种。Qi 等^[20]在《Seashells of China》记录织纹螺 21 种。除上述零星的和地区性的报道外,对中国沿海的织纹螺科至今尚未进行完整的系统分类学和动物地理学研究。所以,目前中国沿海织纹螺科的物种数量尚未有一个比较确切的数字,对其分布状况,区系特点尚不十分清楚。

早期的织纹螺分类研究主要依靠传统形态学、解剖学方法以及繁殖生物学等特征,对一些物种进行分类研究,缺乏遗传基础,很容易受到被观察对象的个体差异、生境变化等因素的干扰。另外,对于一些外部形态较为近似的种类,如细肋织纹螺,西格织纹螺和雕刻织纹螺等,仅仅依靠传统的形态分类学难以给出较为可信的结果,因此需要借助最新的研究方法与技术手段,如蛋白质电泳,核酸杂交,染色体核型和计数等,对于传统分类学所得到的结果予以佐证。近年来,相关学者如:Ponder 基于解剖学的相似性,认为蛾螺科跟织纹螺科、细带螺科和盔螺科有着比较密切的联系;Hassl 基于多种形态学和解剖学特征得到的结果,利用数值分类学探讨了织纹螺各亚科的系统发生关系。

3 分子生物学技术在系统发育学上的应用

进入 21 世纪以来,随着分子生物学的飞速发展,以及物种基因库日新月异的更新,利用分子系统学来确定物种的系统发生和分类学地位也已经被许多学者接受和采用。目前用于贝类系统发生学研究

的主要分子生物学方法有核酸序列分析(DNA sequence analysis)、RFLP(限制性片段长度多态性分析(Restriction fragment length polymorphism)等方法,且对于 DNA 测序主要集中于核糖体和线粒体基因序列^[21]。其中,在核糖体基因序列中编码 18S rRNA 和 28S rRNA 的基因片段和 ITS 片段应用较多,特别是 ITS 序列,位于 18S~28S 核糖体的内转录间隔区,是核基因组中进化较快的 DNA 片段,因此常被作为研究生物系统发生与进化的重要分子标记,在科以下阶元的分类中有非常显著的优势,是目前用于分类和系统演化研究的最有应用前景的技术之一。

在 mtDNA 中,由于 16S rDNA 和 COI 基因序列具有较强的中间解析和鉴别能力,因而在脊椎动物和无脊椎动物的系统与进化学及种类鉴别中得到广泛应用。2003 年,加拿大动物学家 Paul Hebert 等^[22]对动物界,包括脊椎动物和无脊椎动物共 11 门 13 320 个物种的线粒体 COI (Cytochrome C oxidase I,细胞色素 C 氧化酶亚基 I)基因序列比较分析,认为除腔肠动物 Cnidaria 外,98% 的物种遗传距离差异在种内 0~2%,种间平均可达到 11.3%,可以作为单一的小片段基因来代表物种,作为物种的条形码编码,即 DNA barcoding。因此,COI 也可以广泛地被用于研究种群的系统发生及群体间亲缘关系,是目前分子系统学上最佳的靶序列。

在织纹螺科研究中,所涉及的基因序列有:18S rRNA、28S rRNA、16S rRNA 序列、COI 基因、部分微卫星序列以及一些编码蛋白质的 mRNA 的基因序列^[23~25],特别是线粒体用以编码 16S rRNA 的 DNA 片段已被证明可用于相关近缘种类的系统学研究^[26]。中国的相关学者也基于传统的形态分类学方法、齿舌结构,同时利用 18S rRNA 序列和 16S rRNA 基因片段,分别对福建沿海和浙江沿海的十几种织纹螺进行了形态和分子系统发育研究,用以鉴定新种,确立种属关系^[27,28]。

对于基于形态学得到的结果和分子系统学在分类学和系统发生中的应用问题一直存在着争议,由于分子生物学给出的结果较形态学特征更容易排除个体差异和环境因素的干扰,因此大多数学者认为其适合于分类及系统进化的研究,并有着更大的优越性。但是,由于形态学特征较分子生物学信息更易收集和保存,其在化石种类的研究中有着不可替代的优势,同时,基于形态学特征所得到的结果不会受限于所采纳的基因片段自身特点的限制,因而能够更全面和系统地反映物种特征,在研究和鉴别中有着不可替代的价值。目前基于分子生物学的结果还不足以推翻建立在形态分类基础上的进化关系,但是有助于对形态分类的结果进行验证。所以形态学特征与分子学特征应该是相辅相成的,通过合理的分析研究方法将传统形态学与分子系统学结合起

来将会对织纹螺科的种类鉴别和系统发生给出一个更科学和可信的结果。

4 中国织纹螺科系统分类学研究展望

织纹螺科动物虽然个体较小,却是海洋动物区系中重要的软体动物类群之一,在系统分类学研究中占有相当重要的地位。与日本和菲律宾等周边国家报道的织纹螺科的种类相比,中国对织纹螺科的系统学研究相对落后,已记录的种类相对较少,而中国海岸线长,浅海滩涂辽阔,有一些地方特有种和未描述的种类尚未被发现和记录,因此对中国近海织纹螺科的系统学研究肯定会有新种和中国新记录种被发现。

对织纹螺的研究将依托中国科学院海洋生物标本馆丰富的馆藏贝类标本资源和中国科学院海洋研究所传统的形态分类学方面的优势,发展分子系统学等新理念、新手段。采用分子生物学技术与传统的形态分类学相结合的方法,对中国沿海分布的织纹螺科进行系统分类学与动物地理学研究,并探讨其种群关系、生物学特性、地理分布等。以期明确该类群动物各种、属间的分类及鉴别特征,解决疑难种的准确鉴定问题,澄清一些混淆种及同物异名,并找出其亲缘关系;搞清各海区不同生活环境中种类的分布特点并建立系统检索表和进化分支树,确立此类群动物的分类地位,完成中国沿海织纹螺的区系分类、动物地理学和系统演化研究,为系统发育及进化研究提供分子水平的依据;将极大地丰富和深化我们对近海软体动物的区系分类和系统演化的认识,为中国的海洋生物多样性研究、贝类资源保护和开发利用提供重要的科学依据。

参考文献:

- [1] 张玺,齐钟彦. 贝类学纲要 [M]. 北京:科学出版社, 1961. 146.
- [2] Cernohorsky W O. Indo-Pacific Nassariidae (Mollusca; Gastropoda) [M]. Australia: Records of the Auckland Institute and Museum, 1972.
- [3] Gabriel C J. Victorian Sea Shells; A Handbook for Collectors and Students [M]. Victoria: Field Naturalists' Club of Victoria, 1936.
- [4] Gonor J J. Predator-prey reactions between two marine prosobranch gastropods [J]. *Veliger*, 1965, 7(4): 228-232.
- [5] Loch I. Predatory nassariids [M]. Sydney: Austral Shell News, 1977.
- [6] Iredale T. On two editions of Dume, ril's Zoologie Analytique [J]. *Proceedings of the Malacological Society of London*, 1916, 12: 79-84.
- [7] Cossmann M. Essais de Pale' oconchologie Compare' e [M]. Pairs: Self-published, 1901.
- [8] Cernohorsky W O. Systematics of the family Nassariidae (Mollusca; Gastropoda) [M]. Auckland N. Z.; Bulletin of the Auckland Institute and Museum, 1984.

- [9] Locard L S. Rine shells of the west coast of North America [M]. California: Stanford University Press, 1927.
- [10] Carlos B L. Shells of the Philippines [M]. Philippines: Carfel Seashell Museum, 1936.
- [11] Adam W, Knudsen J. Revision of Nassariidae (Mollusca; Gastropoda prosobranchia) of Western Africa [J]. *Med K Belg Inst Nat Wet*, 1984, 55(9): 1-95.
- [12] Salisbury R. A garland of Hawaiian dog whelks [J]. *Hawaiian Shell News*, 1977, 25(2): 5-8.
- [13] Kilburn R N. Four new *Bullia* species (Mollusca; Gastropoda; Nassariidae) from Kenya and, Mozambique [J]. *Ann Natal Mus*, 1978, 23(2): 297-303.
- [14] Cernohorsky W O. New species of Mitridae, Costellariidae and Turridae from the Hawaiian Islands with notes on *Mitra siphoni* in the Galapagos Islands [J]. *The Nautilus*, 1978, 92(2): 61-67.
- [15] Cernohorsky W O. Description of new species of Nassariidae (Mollusca, Neogastropoda) from the Pacific Ocean [J]. *Bull Mus Natl Hist Nat Paris*, 1992, 14: 69-74.
- [16] Okutani T. Marine Mollusks in Japan [M]. Tokyo: Tokai University Press, 2000.
- [17] 齐钟彦, 马秀同, 楼子康, 等. 中国动物图谱-软体动物(第二册) [M]. 北京: 科学出版社, 1983.
- [18] 赖浩然. 台湾的织纹螺科 [J]. 贝友, 1996, 20: 42-47.
- [19] Wu W L. The Taiwan Malacofauna III. Gastropoda; Neogastropoda [M]. Taiwan: Academia Sinica, 2003.
- [20] Qi Z Y. Seashells of China [M]. Beijing: China Ocean press, 2004. 96-100.
- [21] 张爱菊, 尤仲杰. 分子生物技术在贝类鉴定和分类上的应用 [J]. 宁波大学学报(理工版), 2005, 18(3): 404-408.
- [22] 张爱菊, 尤仲杰. 贝类分子系统发生的研究进展 [J]. 水产科学, 2006, 25(12): 663-665.
- [23] Lambert J D, Nagy L M. Asymmetric inheritance of centrosomally localized mRNAs during embryonic cleavages [J]. *Nature*, 2002, 420(6916): 628-686.
- [24] Passamanek Y J, Schander C, Halanych K M. Investigation of molluscan phyogeny using large-subunit and small-subunit nuclear *Rrna sequences* [J]. *Mol Phylogenet Evol*, 2004, 32(1): 25-38.
- [25] Hayashi S. The molecular phylogeny of the Buccinidae (Caenogastropoda; Neogastropoda) as inferred from the complete mitochondrial 16S rRNA gene sequences of selected representatives [J]. *Molluscan Res*, 2005, 25: 85-98.
- [26] Kong X Y, Zhang L S, Yu Z N, *et al*. Sequencing of ribosomal internal transcribed spacer regions and mitochondrial gene fragments in *Crassostrea gigas* [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2002, 9(4): 304-308.
- [27] 刘炜明. 福建沿海织纹螺形态分类和分子系统发育研究 [D]. 厦门: 厦门大学硕士学位论文, 2006. 1-98.
- [28] 张爱菊. 浙江沿海织纹螺科的系统分类学研究 [D]. 宁波: 宁波大学硕士学位论文, 2007. 1-75.

(本文编辑: 康亦兼)