

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2016.15183

珠江流域 3 个野生大眼鲮群体的形态差异

杨慧荣¹, 欧阳徘徊^{1,2}, 李桂峰³, 孙际佳¹, 夏雨¹, 王紫钰¹, 刘丽^{1,2}

1. 华南农业大学 动物科学学院, 广东 广州 510642;

2. 华南农业大学 动物科学学院, 广东省农业动物基因组学与分子育种重点实验室, 广东 广州 510642;

3. 中山大学 生命科学学院, 广东 广州 510275

摘要: 采用传统形态学和框架分析法, 对广西三江段的右江(ZY)、左江(YJ)及红水河(HSH)野生大眼鲮(*Siniperca kneri*)群体的 110 个个体形态比例性状进行比较研究。利用 SPSS17.0 软件对 33 项(11 项传统形态与 21 项框架形态)形态学可量性状比例数据进行单因素方差分析、主成分分析(Principal Component Analysis, PCA)和聚类分析(Cluster Analysis, CA)。依据可量性状的 LSD 单因素比较分析结果, 3 个种群大眼鲮的显著差别主要体现在头部及尾部性状特征; 其中, 红水河群体分别与右江群体、左江群体在头部[HW/BL、ED/BL、U(10-11)]及尾部[CPL/BL、N(5-6)]存在显著差异, 而右江群体与左江群体之间不存在显著差异。在比较大眼鲮群体形态差异上, 框架结构性状 C(1-11)、E(2-11)、F(2-10)、G(3-4)、I(3-9)、M(4-10)、K(4-9)、J(4-5)、T(9-10)、O(5-8)、N(5-6)、P(5-7)、R(7-8)、S(8-9), 即大眼鲮的头部及躯干部框架性状可以作为解释其差异的主要成分, 而传统形态外形大小则作为解释其差异的次要成分。LSD 单因素方差分析结果和聚类分析结果均一致表明: 左江群体与右江群体首先聚为一支, 再与红水河群体聚为一支。以上结果显示: 大眼鲮 3 个群体存在形态差异, 且与其地理分布密切相关。本研究从形态特征上为珠江流域广西江段大眼鲮群体的划分提供科学数据, 为大眼鲮优良品种的培育和种质资源保护提供理论依据。

关键词: 大眼鲮; 野生群体; 形态差异; 珠江

中图分类号: S93

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2016)02-0447-11

大眼鲮(*Siniperca kneri*), 俗称桂花鱼、白桂等, 隶属于鲈形目(Perciformes), 鲈科(Serranidae), 鲮属(*Siniperca*), 是一种具有重要经济价值的凶猛肉食性鱼类, 为中国特有种^[1]。个体较大, 肉质美, 为重要经济鱼类, 分布于中国长江及其以南水系, 喜栖息于江河、湖泊的流水环境。由于经济的快速发展、酷渔滥捕以及水环境的破坏, 大眼鲮的野生种质资源受到较大程度的压迫, 种质资源呈现一定程度的下降趋势。据我们的采样调查表明: 在广东的东江、西江、北江等水系的干流, 大眼鲮已成偶见

种, 仅在一些大型湖泊和水库中还有一定的种群数量, 但大多已不能构成渔业产量和优势群体^[1-2]。

因大眼鲮为中国特有种, 国外学者对其研究并不多见, 国内学者针对大眼鲮的研究多集中在资源状况、基础生物学、养殖和人工繁殖以及环境生态学的研究^[3-9], 仅 Chen 等^[10]用线粒体全基因组技术研究了翘嘴鲮、大眼鲮和斑鲮的系统发生关系, Yang 等^[11]基于转录组测序技术进行了大眼鲮 SSR(simple sequence repeat)标记的开发和分析, 除了本实验室采用微卫星技术研究了珠江流域 3 个

收稿日期: 2015-06-13; 修订日期: 2015-09-06.

基金项目: 国家自然科学基金青年基金(31502144); 公益性行业(农业)科研专项经费(201303048); 广东省科技计划项目(2013B020308001); 广东省海洋渔业科技攻关与研发项目(A201501A09); 广东省自然科学基金(2015A030313409); 国家科技基础条件平台建设项目(2008DKA30470-010).

作者简介: 杨慧荣(1977-), 女, 研究方向为渔业种质资源, 分子生物学与鱼类生理学.

并列第一作者: 欧阳徘徊(1987-), 女, 研究方向为鱼类种质资源.

通信作者: 刘丽, 副教授. E-mail: liuli@scau.edu.cn

野生大眼鰕群体的遗传多样性外^[12],至今尚未发现不同水域地理群体多样性的研究。本研究采用传统形态学和框架分析法,对广西三江段的右江(代码:YJ)、左江(代码:ZJ)及红水河(代码: HSH)野生大眼鰕群体的 112 个个体形态比例性状进行比较研究,本研究从形态特征上为珠江流域广西江段大眼鰕群体的划分提供科学数据,为大眼鰕优良品种的培育和种质资源保护提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

广西右江大眼鰕 35 尾采自白色市江段,左江大眼鰕 40 尾采自左江崇左市江段,红水河大眼鰕野生群体 35 尾采自合山市江段(表 1),共 110 尾,均为野生群体。

1.2 方法

1.2.1 形态学测量 实验样本于 MS-222 (200 mg/L)

中麻醉 5 min,采用量鱼板(精确度 0.1mm)、直尺(精确度 0.1mm)、游标卡尺(精确度 0.01mm)、曲尺测量全于采样点对鲜活个体即刻进行形体学数据测量,获得了鱼类形态学标记传统测量方法中的 13 项可量性状,并且根据大眼鰕 11 个特征点测量了 21 个框架数据。13 项可量性状包括体重(BWH)、全长(TL)、体长(BL)、体宽(BW)、体高(BD)、头长(HL)、头高(HD)、头宽(HW)、吻长(SL)、眼径(ED)、眼间距(ID)、尾柄长(CPL)及尾柄高(CPW);11 个特征点分别用 1、2、3、4、5、6、7、8、9、10、11 标示(图 1);21 项框架结构性状分别用 A(1-2)、B(1-3)、C(1-11)、D(2-3)、E(2-11)、F(2-10)、G(3-4)、H(3-10)、I(3-9)、J(4-5)、K(4-9)、L(4-8)、M(4-10)、N(5-6)、O(5-8)、P(5-7)、Q(6-7)、R(7-8)、S(8-9)、T(9-10)、U(10-11)标示,其中 1-2 表示点 1 至点 2 的距离,1-3 表示点 1 至点 3 的距离,以此类推^[13-17]。

表 1 实验样品采集信息
Tab. 1 The information of experimental samples

群体(代码) population (code)	采集地点 location sampled	经纬度 longitude and latitude	样品数量 number	样品编号 sample ID	采集时间 time sampled
右江(YJ)	白色市 Baise	106.6318°E, 23.9015°N	35	YJ 1-35	2012.7
左江(ZJ)	崇左市 Chongzuo	106.9995°E, 22.3247°N	40	ZJ 1-40	2012.7
红水河(HSH)	合山市 Heshan	108.9242°E, 23.5522°N	35	HS 1-35	2012.7

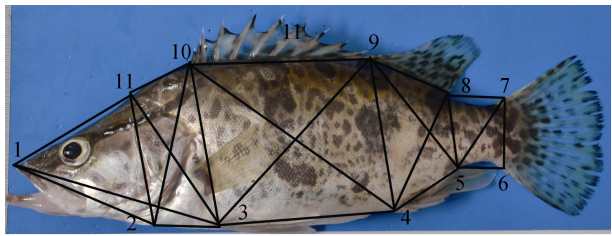


图 1 大眼鰕框架图

1: 吻前端; 2: 下颌骨最后端; 3: 腹鳍起点; 4: 臀鳍起点; 5: 臀鳍末端; 6: 尾鳍腹部起点; 7: 尾鳍背部起点; 8: 背鳍末端; 9: 背鳍鳍棘部末端; 10: 背鳍起点; 11: 头背部末端。

Fig. 1 Truss network of distance measurements of *Siniperca kneri*
1: tip of snout; 2: terminus of mandible; 3: origin of pelvic fin; 4: origin of anal fin; 5: terminus of anal fin; 6: ventral origin of caudal fin; 7: dorsal origin of caudal fin; 8: terminus of dorsal fin; 9: fin spine's terminus of dorsal fin; 10: origin of dorsal fin; 11: terminus of head back.

1.2.2 数据处理方法 根据李思发等^[18]的方法,为了消除个体间大小的差异,12 项可量性状数据和 21 项框架结构数据进行标准化处理,然后再进行下一步的深入分析,即将所得 33 项可量性状原始数据与相对应的体长(BL)数据的比例数据。利用数据分析软件 SPSS17.0 中单因素方差分析(One-Way ANAOV)中的最小显著极差法(LSD, least significant difference method)对 3 个群体的 12 项传统可量性状和 21 项框架结构性状的比例数据进行多重比较;利用数据分析软件 SPSS17.0 中的描述统计方法、主成分分析、聚类分析对 3 个群体的 33 项可量性状比例进行分析;从而得到 3 个群体在形态学标记中的形态差异数据,主导区别形态差异的主要成分及 3 个种群之间的形态差异的聚类分析。

2 结果与分析

2.1 3 个群体 12 项传统形态性状和 21 项框架可量性状的 LSD 多重比较

对 3 个不同群体 12 项传统形态学标记可量性状比例数据进行检验, 选取符合单因素分析的 7 项传统形态学标记进行 LSD 法的多重比较, 用进

行单因素方差分析中的 LSD 法进行不同群体间的多重比较, 得到群体间的差异结果, 如表 2 所示。右江群体、左江群体和红水河群体三者在 BWH/BL、HW/BL、ED/BL 及 CPL/BL 比例项目中存在显著差异($P<0.05$); 在 BD/BL 比例项目中, 红水河群体分别和右江群体、左江群体之间存在显著性差异($P<0.05$), 而右江群体和左江群体之

表 2 7 项传统形态学标记 LSD 的多重比较
Tab. 2 LSD multiple comparisons of three *S. kneri* populations based on 7 traditional morphological characteristics

项目 item	群体 I 及均值 population I and mean value	比对群体 J comparison popula- tion J	群体间均值差异(I-J) Mean difference between populations (I-J)	标准误 SE	P	95%置信区间 95% confidence interval	
						下限 lower bound	上限 upper bound
体重/体长 BWH/BL	YJ(12.0185)	ZJ	5.17999*	0.58643	0.000	4.0174	6.3425
		HSH	4.22914*	0.60567	0.000	3.0285	5.4298
	ZJ(6.8385)	YJ	-5.17999*	0.58643	0.000	-6.3425	-4.0174
		HSH	-0.95084	0.58643	0.108	-2.1134	0.2117
	HSH(7.7893)	YJ	-4.22914*	0.60567	0.000	-5.4298	-3.0285
全长/体长 TL/BL	YJ(1.1703)	ZJ	0.95084	0.58643	0.108	-0.2117	2.1134
		HSH	-0.03423*	0.00993	0.001	-0.0539	-0.0145
	ZJ(1.2046)	YJ	0.00312	0.01025	0.761	-0.0172	0.0234
		HSH	0.03423*	0.00993	0.001	0.0145	0.0539
	HSH(1.1672)	YJ	0.03735*	0.00993	0.000	0.0177	0.0570
体高/体长 BD/BL	YJ(0.3220)	ZJ	-0.00312	0.01025	0.761	-0.0234	0.0172
		HSH	0.03735*	0.00993	0.000	-0.0570	-0.0177
	ZJ(0.3144)	YJ	0.00765	0.00486	0.118	-0.0020	0.0173
		HSH	0.07331*	0.00502	0.000	0.0634	0.0833
	HSH(0.2487)	YJ	-0.00765	0.00486	0.118	-0.0173	0.0020
头长/体长 HL/BL	YJ(0.3611)	ZJ	0.06566*	0.00486	0.000	0.0560	0.0753
		HSH	-0.07331*	0.00502	0.000	-0.0833	-0.0634
	ZJ(0.3901)	YJ	-0.06566*	0.00486	0.000	-0.0753	-0.0560
		HSH	-0.02900*	0.00394	0.000	-0.0368	-0.0212
	HSH(0.3682)	YJ	-0.00706	0.00407	0.086	-0.0151	0.0010
头宽/体长 HW/BL	YJ(0.3147)	ZJ	0.02900*	0.00394	0.000	0.0212	0.0368
		HSH	0.02194*	0.00394	0.000	0.0141	0.0298
	ZJ(0.2906)	YJ	0.00706	0.00407	0.086	-0.0010	0.0151
		HSH	-0.02194*	0.00394	0.000	-0.0298	-0.0141
	HSH(0.3360)	ZJ	0.02403*	0.00613	0.000	0.0119	0.0362
眼径/体长 ED/BL	YJ(0.1856)	ZJ	-0.02137*	0.00634	0.001	-0.0339	-0.0088
		HSH	-0.02403*	0.00613	0.000	-0.0362	-0.0119
	ZJ(0.2167)	YJ	-0.04540*	0.00613	0.000	-0.0576	-0.0332
		HSH	0.02137*	0.00634	0.001	0.0088	0.0339
	HSH(0.1743)	ZJ	0.04540*	0.00613	0.000	0.0332	0.0576
尾柄长/ 体长 CPL/BL	YJ(0.3206)	ZJ	-0.03108*	0.00456	0.000	-0.0401	-0.0220
		HSH	0.01133*	0.00471	0.018	0.0020	0.0207
	ZJ(0.2794)	YJ	0.03108*	0.00456	0.000	0.0220	0.0401
		HSH	0.04241*	0.00456	0.000	0.0334	0.0514
	HSH(0.4511)	YJ	-0.01133*	0.00471	0.018	-0.0207	-0.0020
		ZJ	-0.04241*	0.00456	0.000	-0.0514	-0.0334
		ZJ	0.04117*	0.01126	0.000	0.0189	0.0635
		HSH	-0.13059*	0.01163	0.000	-0.1536	-0.1075
		YJ	-0.04117*	0.01126	0.000	-0.0635	-0.0189
		HSH	-0.17176*	0.01126	0.000	-0.1941	-0.1494
		YJ	0.13059*	0.01163	0.000	0.1075	0.1536
		ZJ	0.17176*	0.01126	0.000	0.1494	0.1941

注: *均值差异显著水平为 0.05, YJ 代表右江群体, ZJ 代表左江群体, HSH 代表红水河群体。
Note: * means significant level of mean differences was 0.05. YJ, ZJ and HSH indicated Youjiang, Zuojiang and Hongshuihe polulations, respectively.

间没有显著性差异($P>0.05$)。

同样, 对 3 个不同群体 21 项框架可量性状比例数据进行检验, 选取符合单因素分析的 8 项框架可量形态学标记进行 LSD 法的多重比较, 用进行单因素方差分析中的 LSD 法进行不同群体间的多重比较, 得到群体间的差异结果, 如表 3 所示。

右江群体、左江群体和红水河群体三者 在 T(9-10) 比例项目中, 3 个不同群体之间没有显著差异($P>0.05$); 在 N(5-6)、U(10-11)比例项目中, 红水河群体分别和右江群体、左江群体之间存在显著性差异($P<0.05$), 而右江群体和左江群体之间没有显著性差异($P>0.05$)。

表 3 8 项框架几何可量性状标记 LSD 的多重比较

Tab. 3 LSD multiple comparisons of three *S. kneri* populations based on 8 truss network of distance measurements

项目 item	群体 I 及均值 population I and mean value	比对群体 J comparison population J	群体间均值差异 ($I-J$) mean difference between populations ($I-J$)	标准误 SE	P	95%置信区间 95% confidence interval	
						下限 lower bound	上限 upper bound
C(1-11)	YJ(0.24821)	ZJ	0.0091229	0.0080061	0.257	-0.006748	0.024994
		HSH	-0.0113240	0.0082686	0.174	-0.027716	0.005068
	ZJ(0.23909)	YJ	-0.0091229	0.0080061	0.257	-0.024994	0.006748
		HSH	-0.0204469*	0.0080061	0.012	-0.036318	-0.004576
	HSH(0.25954)	YJ	0.0113240	0.0082686	0.174	-0.005068	0.027716
		ZJ	0.0204469*	0.0080061	0.012	0.004576	0.036318
E(2-11)	YJ(0.20737)	ZJ	-0.0065593	0.0066524	0.326	-0.019747	0.006628
		HSH	-0.0194083*	0.0068706	0.006	-0.033028	-0.005788
	ZJ(0.21393)	YJ	0.0065593	0.0066524	0.326	-0.006628	0.019747
		HSH	-0.0128490	0.0066524	0.056	-0.026037	0.000339
	HSH(0.22677)	YJ	0.0194083*	0.0068706	0.006	0.005788	0.033028
		ZJ	0.0128490	0.0066524	0.056	-0.000339	0.026037
G(3-4)	YJ(0.34248)	ZJ	0.0247650*	0.0105692	0.021	0.003813	0.045717
		HSH	0.0201105	0.0109158	0.068	-0.001529	0.041750
	ZJ(0.31772)	YJ	-0.0247650*	0.0105692	0.021	-0.045717	-0.003813
		HSH	-0.0046544	0.0105692	0.661	-0.025607	0.016298
	HSH(0.32237)	YJ	-0.0201105	0.0109158	0.068	-0.041750	0.001529
		ZJ	0.0046544	0.0105692	0.661	-0.016298	0.025607
J(4-5)	YJ(0.13523)	ZJ	-0.0098633*	0.0045942	0.034	-0.018971	-0.000756
		HSH	-0.0104201*	0.0047448	0.030	-0.019826	-0.001014
	ZJ(0.1451)	YJ	0.0098633*	0.0045942	0.034	0.000756	0.018971
		HSH	-0.0005567	0.0045942	0.904	-0.009664	0.008551
	HSH(.14565)	YJ	0.0104201*	0.0047448	0.030	0.001014	0.019826
		ZJ	0.0005567	0.0045942	0.904	-0.008551	0.009664
N(5-6)	YJ(0.11482)	ZJ	0.0044823	0.0057777	0.440	-0.006971	0.015936
		HSH	-0.0345811*	0.0059672	0.000	-0.046410	-0.022752
	ZJ(0.11034)	YJ	-0.0044823	0.0057777	0.440	-0.015936	0.006971
		HSH	-0.0390635*	0.0057777	0.000	-0.050517	-0.027610
	HSH(0.1494)	YJ	0.0345811*	0.0059672	0.000	0.022752	0.046410
		ZJ	0.0390635*	0.0057777	0.000	0.027610	0.050517
O(5-8)	YJ(0.12972)	ZJ	0.0048376	0.0042094	0.253	-0.003507	0.013182

(待续 to be continued)

(续表 3 Tab. 3 continued)

项目 item	群体 I 及均值 population I and mean value	比对群体 J comparison population J	群体间均值差异 (<i>I-J</i>) mean difference be- tween populations (<i>I-J</i>)	标准误 SE	<i>P</i>	95%置信区间 95% confidence interval	
						下限 lower bound	上限 upper bound
O(5-8)	YJ(0.12972)	HSH	-0.0044003	0.0043474	0.314	-0.013019	0.004218
	ZJ(0.12489)	YJ	-0.0048376	0.0042094	0.253	-0.013182	0.003507
		HSH	-0.0092379*	0.0042094	0.030	-0.017582	-0.000893
	HSH(0.13412)	YJ	0.0044003	0.0043474	0.314	-0.004218	0.013019
		ZJ	0.0092379*	0.0042094	0.030	0.000893	0.017582
T(9-10)	YJ(0.34036)	ZJ	-0.0111215	0.0105429	0.294	-0.032022	0.009779
		HSH	-0.0054404	0.0108887	0.618	-0.027026	0.016145
	ZJ(0.35169)	YJ	0.0111215	0.0105429	0.294	-0.009779	0.032022
		HSH	0.0056811	0.0105429	0.591	-0.015219	0.026581
	HSH(0.3457)	YJ	0.0054404	0.0108887	0.618	-0.016145	0.027026
U(10-11)		ZJ	-0.0056811	0.0105429	0.591	-0.026581	0.015219
	YJ(0.1827)	ZJ	-0.0080212	0.0057537	0.166	-0.019427	0.003385
		HSH	0.0317077*	0.0059424	0.000	0.019928	0.043488
	ZJ(0.19072)	YJ	0.0080212	0.0057537	0.166	-0.003385	0.019427
		HSH	0.0397289*	0.0057537	0.000	0.028323	0.051135
	HSH(0.15099)	YJ	-0.0317077*	0.0059424	0.000	-0.043488	-0.019928
		ZJ	-0.0397289*	0.0057537	0.000	-0.051135	-0.028323

注: *均值差异显著水平为 0.05, YJ 代表右江群体, ZJ 代表左江群体, HSH 代表红水河群体。1: 吻前端; 2: 下颌骨最后端; 3: 腹鳍起点; 4: 臀鳍起点; 5: 臀鳍末端; 6: 尾鳍腹部起点; 8: 背鳍末端; 9: 背鳍棘部末端; 10: 背鳍起点; 11: 头背部末端。
Note: * means significant level of mean differences was 0.05. YJ, ZJ and HSH indicated Youjiang, Zuojiang and Hongshuihe populations, respectively. 1: Tip of snout; 2: Terminus of mandible; 3: Origin of pelvic fin; 4: Origin of anal fin; 5: Terminus of anal fin; 6: Ventral origin of caudal fin; 8: Terminus of dorsal fin; 9: Fin spine's terminus of dorsal fin; 10: Origin of dorsal fin; 11: Terminus of head back.

2.2 3 个群体 33 项可量性状的单因素方差分析及主成分分析

红水河、左江及右江 3 个群体 13 项传统可量性状和 21 项框架可量性状数据, 利用 Excel 软件, 对 3 个群体 33 项可量性状数据进行标准化处理, 得到 3 个群体 33 项可量性状的比例项目数据; 再利用 SPSS17.0 软件, 统计各比例项目数据的平均值及标准差。

对 3 个不同群体 33 项可量性状比例数据, 采用单因素方差分析中的 LSD 法进行不同群体间的多重比较, 得到群体间的差异结果; 利用主成分分析法分析 3 个群体大眼鲈的 33 项形态大小和外形可量性状比例项目。结合表 4 及图 2, 根据主成分个数提取原则, 特征值大于 1 的主成分数目为 6; 图 2 主成分碎石图显示: 第 6 个主成分后, 整个趋

势呈现平稳状态, 共提取 6 个主成分。主成分 1、主成分 2、主成分 3、主成分 4、主成分 5、主成分 6 的特征值分别为 13.856、5.745、2.611、1.641、1.158、1.013; 初始方差百分比分别为 41.988%、17.408%、7.913%、4.973%、3.509%、3.068%, 6 个主成分的累积贡献率达到 78.859%, 即前 6 个主成分可以解释不同群体间整体形态差异的 78.859%。其中在第一主成分中, 主要是框架结构可量性状 M/BL、F/BL、B/BL、K/BL、E/BL、S/BL、T/BL、P/BL、J/BL、O/BL、I/BL、G/BL、C/BL、R/BL、N/BL 在群体形态差异上起了最大作用; 在第二主成分中, 可量性状 CPL/BL、A/BL、BD/BL、SL/BL、U/BL、HW/BL、ED/BL 在群体形态差异上起了最大作用; 在第三主成分中, 可量性状 HD/BL、HL/BL、CPW/BL、BWH/BL 在群体形态

差异上起了最大作用; 在第四主成分、第五主成分及第六主成分中, 在群体形态差异起了最大作用的可量性状分别是 ID/BL、TL/BL、BW/BL。结合 3 个群体大眼鰰的外形大小(12 项传统可量性状)及框架结构几何形状(21 项框架可量性状)两部分的数据, 进行主成分分析的结果表明: 绝大数的框架结构几何形 C(1-11)、E(2-11)、F(2-10)、G(3-4)、I(3-9)、M(4-10)、K(4-9)、J(4-5)、T(9-10)、O(5-8)、N(5-6)、P(5-7)、R(7-8)、S(8-9)数据可以作为解释 3 个群体大眼鰰的形态差异, 而其他的外形大小参数及部分框架结构几何形状则作为次要成分来解释群体间形态差异。此部分结论与传统外形大小中的头部和躯干部能作为解释大眼鰰群体形态差异的主要成分一致。

表 4 3 个大眼鰰群体 33 项可量性状比例主成分方差和方差贡献率
Tab. 4 Variance and variance contribution of the principle components based of three *Siniperca kneri* populations on 33 measurable characteristics

主成分 principal component	初始特征值 initial eigenvalue		累积百分比/% cumulative percentage	提取百分比/平方和载入 extracting percentage/square loaded	
	合计 total	方差百分比/% percentage of variance		方差百分比/% percentage of variance	累积百分比/% cumulative percentage
1	13.856	41.988	41.988	41.988	41.988
2	5.745	17.408	59.395	17.408	59.395
3	2.611	7.913	67.308	7.913	67.308
4	1.641	4.973	72.281	4.973	72.281
5	1.158	3.509	75.791	3.509	75.791
6	1.013	3.068	78.859	3.068	78.859
7	0.774	2.347	81.206		
8	0.645	1.955	83.160		
9	0.575	1.742	84.903		
10	0.534	1.619	86.521		
11	0.485	1.470	87.991		
12	0.386	1.171	89.162		
13	0.367	1.112	90.274		
14	0.351	1.063	91.338		
15	0.317	0.960	92.298		
16	0.289	0.877	93.175		
17	0.253	0.766	93.941		
18	0.228	0.690	94.630		
19	0.220	0.666	95.297		
20	0.210	0.637	95.934		
21	0.192	0.583	96.517		
22	0.173	0.524	97.041		
23	0.161	0.489	97.530		
24	0.141	0.427	97.957		
25	0.133	0.402	98.359		
26	0.115	0.348	98.707		
27	0.097	0.293	99.000		
28	0.076	0.231	99.231		
29	0.071	0.216	99.447		
30	0.059	0.179	99.625		
31	0.056	0.170	99.795		
32	0.037	0.114	99.909		
33	0.030	0.091	100.000		

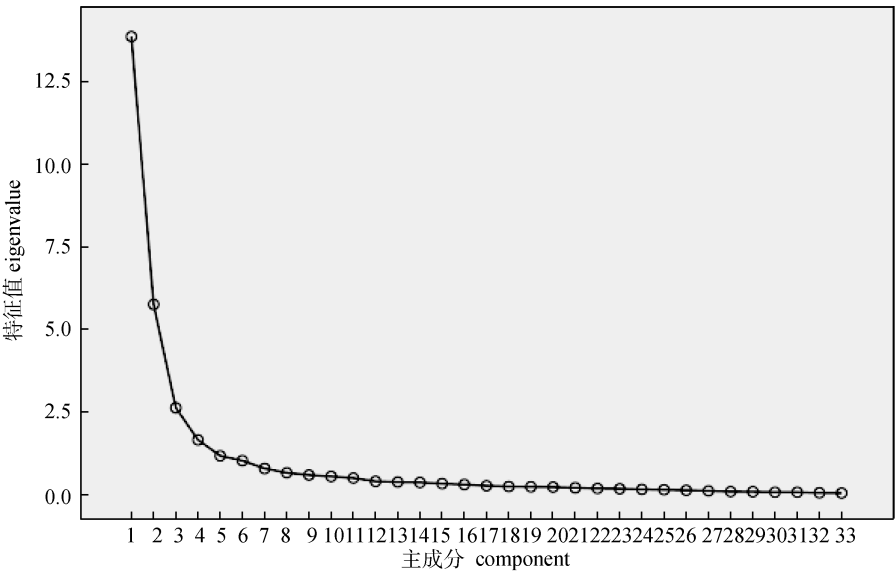


图 2 3 个大眼鲈群体 33 项可量性状比例主成分特征根数值碎石图

Fig. 2 Scree Plots of the eigenvalues of the principle components for three *Siniperca kneri* populations based on 33 measurable characteristics

2.3 3 个群体大眼鲈 33 项可量性状的散点图

根据表 22 中各形态可量性状比例的主成分得分矩阵, 分别对 3 个群体的大眼鲈在主成分 1 对主成分 2 做散点图, 从而得到 3 个群体在其主成分 1 对主成分 2 的散点图上的分布情况(图 3)。如图 3 所示, 3 个群体在 33 项可量性状比例数

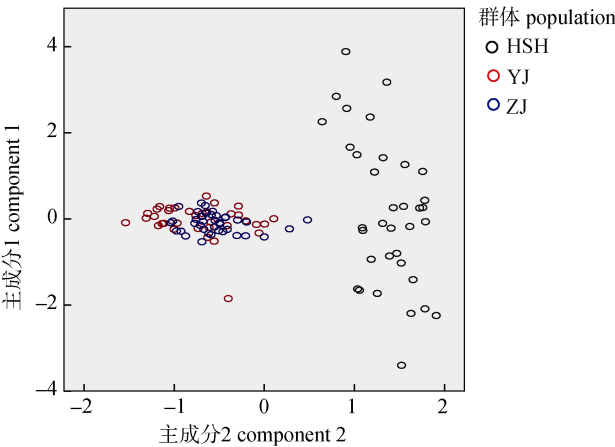


图 3 大眼鲈 3 个群体 33 项可量性状第 1、第 2 主成分散点图

HSH 代表红水河群体, YJ 代表右江群体, ZJ 代表左江群体.

Fig. 3 Scatter plots of scores on the 1st and 2nd principle components of three *Siniperca kneri* populations based on 33 measurable characters

HSH, YJ, and ZJ indicating populations of Hongshuihe, Youjiang and Zuojiang, respectively.

据展现在主成分 1 对主成分 2 散点图的分布情况, 右江群体与左江群体基本重叠分布在一个范围内, 且与红水河群体不存在交汇点, 而红水河群体整个群体虽然分布零散, 但也基本分布在垂直于主成分 2 的某部分区域范围, 通过主成分 2 能将红水河群体与右江群体、左江群体完全分开。

2.4 3 个群体大眼鲈可量性状的聚类分析

利用 SPSS17.0 对 3 个群体 33 项形态学可量性状比例项目进行聚类分析, 得到 3 个地理群体之间的欧式距离和水平聚类树状图。如表 5 及和图 4 所示。从 3 个角度进行分析得到的一致结果, 即右江群体和左江群体先聚为一支, 然后再与红水河群体聚为一支。3 个群体之间的聚类关系符合了其地理位置的分布状况。聚类结果表明: 大眼鲈群体的形态差异与其特定的生活环境和地理隔离息息相关。

表 5 3 个群体大眼鲈 33 项形态学可量性状聚类平方欧式距离

Tab. 5 Squared euclidean distances of three *Siniperca kneri* populations based on 33 measurable characters

群体 population	右江 (YJ)	左江(ZJ)	红水河(HSH)
右江 (YJ)	0.000	14.765	17.658
左江(ZJ)	14.765	0.000	22.606
红水河(HSH)	17.658	22.606	0.000

CASE	0	5	10	15	20	25
Label	Num	+	+	+	+	+
YJ	1	+	+	+	+	+
ZJ	2	+	+	+	+	+
HS	3	+	+	+	+	+

图 4 3 个群体大眼鰕 33 项形态学可量性状聚类图
YJ 代表右江群体, ZJ 代表左江群体, HS 代表红水河群体。
Fig. 4 Diagram of cluster analysis of three *Siniperca kneri* populations based on 33 measurable characters
YJ, ZJ and HS indicating populations of Youjiang, Zuojiang and Hongshuihe, respectively.

3 讨论

鱼类形态特征是在遗传因子与环境因子双重影响下的外在表现形式^[19], 也是物种分类和种类鉴别的重要依据, 通常将同种鱼类具有相同形态特征的类群称之为一个群体(population), 鱼类群体间的变异可以为其群体结构的划分和群体鉴定提供基础资料和依据。传统的形态学分析多数仅采用可数性状及可量性状的单一比较, 该方法对种间及种以上水平的鉴定有效, 但对种内的鉴定往往无能为力^[20]。在传统可数可量性状的基础上, 按照统一的结构网, 利用整个鱼体的特征坐标点之间的距离建造的“框架结构形态系统”^[21], 提高了形态差异和判别和鉴定的概率。框架结构可量性状将覆盖整个鱼体形状的标记距离通过数字特征坐标点来计算, 特征点的选取也遵循易标记和同质性的原则^[22]。大量研究证明: 框架结构形态系统比传统的形态学分析方法在反映形态差异方面更有效^[23], 在鱼类不同种群间形态差异的研究上得到了广泛的应用, 为掌握种群结构提供了基础资料。

在鱼类群体多样性研究分析中, 形态学标记方法得到了广泛的应用^[13-17, 24-27]。本实验从大眼鰕的传统形态可量性状、框架结构可量性状及传统形态可量性状+框架结构可量性状综合 3 个层面, 采用单因素方差比较、主成分分析、聚类分析 3 种多元分析方法对广西三江段的右江、左江及红水河野生大眼鰕群体进行形态差异的比较研究。依据可量性状的 LSD 单因素比较分析结果, 3 个种群大眼鰕的显著差别主要体现在头部及尾部性状特征; 其中, 红水河群体分别与右江群体、左江群体在头部[HW/BL、ED/BL、U(10-11)]及尾部

[CPL/BL、N(5-6)]存在显著差异, 而右江群体与左江群体之间不存在显著差异。LSD 单因素方差分析结果同样符合 3 个群体在地里位置上的远近差异, 并与主成分分析、聚类分析结果一致。从整体上看, 在比较大眼鰕群体形态差异上, 框架结构性状 C(1-11)、E(2-11)、F(2-10)、G(3-4)、I(3-9)、M(4-10)、K(4-9)、J(4-5)、T(9-10)、O(5-8)、N(5-6)、P(5-7)、R(7-8)、S(8-9), 即大眼鰕的头部及躯干部框架性状可以作为解释其差异的主要成分, 而传统形态外形大小则作为解释其差异的次要成分, 这些特征可以作为大眼鰕形态分类上的依据。

在鱼类种群遗传多样性研究中, 焦点集中在鱼类的聚类分析与地理分布的相关性研究。早在 1986 年, 研究者发现生境距离较近的种群间遗传相似性较高是由于基因流的作用, 地理隔离与遗传距离间的显著相关说明种群间的遗传分化主要是由于地理相邻性^[28]。鱼类地理区划与聚类关系的相关性, 显示出生态环境是鱼类种群聚类的一大因素。本实验中 33 项可量性状综合聚类分析结果也表明: 左江群体和右江群体先聚为一支, 再与红水河群体聚为一支。分析其原因, 红水河大眼鰕群体与左江、右江群体因地理隔离导致了相应的生殖隔离^[29], 体现出了适度的遗传距离和遗传分化, 进而导致大眼鰕各群体的形态呈现差异。针对这 3 个群体的研究, 形态学聚类结果与用微卫星技术的遗传多样性分析结果具有一致性, 且都与群体的地理分布呈现相关性, 均符合 3 个群体在地理位置上的分布状况^[12], 验证了“地理环境是物种多样性的基础”这一理论依据。

本实验进行了 3 群体大眼鰕的形态学差异研究, 探讨大眼鰕 3 群体间的形态特征、变异以及与地理分布的关系, 为大眼鰕 3 群体的划分、识别、种质资源的可持续利用及保护提供基础信息, 为大眼鰕优良品种的培育提供理论依据。

参考文献:

- [1] Liu L Z, Li G F, Chen S J, et al. Age and growth of bigeye mandarinfish (*Siniperca kneri*) in Guishi Reservoir, Guangxi Province[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2012, 19(2): 229-236. [刘凌志, 李桂峰, 陈石娟, 等. 广西

- 龟石水库大眼鲈的年龄与生长特征[J]. 中国水产科学, 2012, 19(2): 229–236.]
- [2] Liu L Z, Chen S J, Lu X, et al. Status investigation of fish resources in Guishi Reservoir of Guangxi[J]. Guangxi Sciences, 2010, 17(4): 391–395. [刘凌志, 陈石娟, 卢薛, 等. 广西龟石水库鱼类资源调查研究[J]. 广西科学, 2010, 17(4): 391–395.]
- [3] Huang J H, Li J E, Liu C, et al. A scanning electron microscopical observation of the gills of *Epinephelus fario* (Thunberg) and *Siniperca kneri* Garman[J]. Zoological Research, 2005, 26(1): 82–88. [黄建华, 李加儿, 刘匆, 等. 鲢点石斑鱼和大眼鲈鳃的扫描电镜观察[J]. 动物学研究, 2005, 26(1): 82–88.]
- [4] Li H J. Feeding study of bigeye mandarin fish (*Siniperca kneri*) in Pearl river water system[J]. Reservoir Fisheries, 2008, 28(4): 66–68. [李红敬. 珠江水系大眼鲈的食性研究[J]. 水利渔业, 2008, 28(4): 66–68.]
- [5] Chen J, Zheng W B, Wu Y Y, et al. The growth and fecundity of *Siniperca chuatsi* and *Siniperca kneri*[J]. Journal of South China Normal University: Natural Science Edition, 2003(1): 110–114. [陈军, 郑文彪, 伍育源, 等. 鲈鱼和大眼鲈鱼年龄生长和繁殖力的比较研究[J]. 华南师范大学学报: 自然科学版, 2003(1): 110–114.]
- [6] Leung H M, Leung A O, Wang H S, et al. Assessment of heavy metals/metalloid (As, Pb, Cd, Ni, Zn, Cr, Cu, Mn) concentrations in edible fish species tissue in the Pearl River Delta (PRD), China[J]. Mar Pollut Bull, 2014, 78(1–2): 235–245.
- [7] Luo D, Sun J J, Lu X, et al. Comparative sperm ultrastructure of three species in *Siniperca* (Teleostei: Perciformes: Siniperidae)[J]. Micron, 2011, 42(8): 884–891.
- [8] Cheng Z, Liang P, Shao D D, et al. Mercury biomagnification in the aquaculture pond ecosystem in the Pearl River Delta[J]. Arch Environ Contam Toxicol, 2011, 61(3): 491–499.
- [9] Lei L, Li J, Li G Y, et al. Stereospecific analysis of triacylglycerol and phospholipid fractions of five wild freshwater fish from Poyang Lake[J]. J Agric Food Chem, 2012, 60(7): 1857–1864.
- [10] Chen D X, Chu W Y, Liu X L, et al. Phylogenetic studies of three siniperid fishes (Perciformes: Siniperidae) based on complete mitochondrial DNA sequences[J]. Mitochondrial DNA, 2012, 23(2): 70–76.
- [11] Yang M, Zheng H Z, Liang X F, et al. Development and characterization of novel SSR markers in *Siniperca kneri* Garman[J]. Genet Mol Res, 2014, 13(3): 7593–7606.
- [12] Yang H R, Ouyang P H, Li G F, et al. Genetic diversity among three wild populations of *siniperca kneri* in the Pearl River by microsatellite technology[J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni, 2015, 54(1): 103–109. [杨慧荣, 欧阳徘徊, 李桂峰, 等. 用微卫星技术研究珠江流域三个野生大眼鲈群体的遗传多样性[J]. 中山大学学报: 自然科学版, 2015, 54(1): 103–109.]
- [13] Magnan P, Proulx R, Berrebi P, et al. Morphological variation in the freshwater blenny *Salaria fluviatilis* from Corsican rivers: adaptive divergence, phenotypic plasticity or both?[J]. J Fish Biol, 2014, 84(1): 31–44.
- [14] He Y F, Li R, Wang J W, et al. Morphological Variation Among Wild Populations of Chinese Rare Minnow (*Gobio cypris rarus*): Deciphering the Role of Evolutionary Processes[J]. Zoological Science, 2013, 30(6): 475–483.
- [15] Fei J H, Shao X Y. Studies on the growth characteristics and morphological differences of fish in plateau lakes[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2012, 43(4): 789–796. [费驥骞, 邵晓阳. 高原湖泊鱼类生长特性与形态差异研究[J]. 海洋与湖沼, 2012, 43(4): 789–796.]
- [16] He J, Xu P, Dong Z J, et al. Morphological variation and differentiation in GIFT strains Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2009, 16(1): 54–60. [何杰, 徐跑, 董在杰, 等. 吉富品系尼罗罗非鱼(GIFT)群体内的形态差异与分化[J]. 中国水产科学, 2009, 16(1): 54–60.]
- [17] Liu J Y, Yang T B. Morphological variation of grey mullet *Mugil cephalus* in different geographical populations along china coast[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2009, 40(5): 572–576. [刘建勇, 杨廷宝. 我国沿海鲻鱼 (*Mugil cephalus*)不同地理群体形态差异研究[J]. 海洋与湖沼, 2009, 40(5): 572–576.]
- [18] Li S F, Cai W Q, Zhou B Y. Morphological and biochemical genetic variations among populations of blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*)[J]. Journal of Fisheries of China, 1991, 15(3): 204–211. [李思发, 蔡完其, 周碧云. 团头鲂种群间的形态差异和生化遗传差异[J]. 水产学报, 1991, 15(3): 204–211.]
- [19] Kinsey S T, Orsoy T, Bert T M, et al. Population structure of the Spanish sardine *Sardinella aurii*: natural morphological variation in a genetically homogenous population[J]. Mar Biol, 1994, 118: 309–317.
- [20] Cardin S X. Advances in morphometric identification offishery stocks [J]. Rev Fish Biol Fish, 2000, 10(1): 91–112.
- [21] Trebunova M, Laputkova G, Geci L, et al. Enhancement of docetaxel-treated MCF-7 cell death by 900-MHz radiation[J]. Cent Eur J Biol, 2013, 8(4): 357–365.
- [22] Van Doornik D M, Milner G B, Winans G A. An improved method of data collection for transferrin polymorphism in

- coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*)[J]. Biochem Genet, 1995, 33(7–8): 257–260.
- [23] Erguden D, Turan C. Examination of gentic and morphologic structure of sea-bass (*Dicentrarchus labrax* L.1758) populations in Turkish coastal waters[J]. Turk J Vet Sci, 2005, 29: 727–733.
- [24] Barriga J P, Milano D, Cussac V E. Variation in vertebral number and its morphological implication in *Galaxias platei*[J]. J Fish Biol, 2013, 83(5): 1321–1333.
- [25] Byrkjedal I, Hadler-Jacobsen S, Rees D, et al. Molecular and morphological variation in saddled fathead sculpins (*Psychrolutidae: Cottunculus*) of the north-east Atlantic Ocean, with a synonymy of three species[J]. J Fish Biol, 2014, 85(3): 821–837.
- [26] Domingos T J, Moraes L N, Moresco R M, et al. Genetic and morphological diversity of *Moenkhausia oligolepis* (Characiformes: Characidae) populations in the tributaries of the Araguaia River, Brazil: implications for taxonomy and conservation[J]. Genet Mol Res, 2014, 13(3): 7979–7991.
- [27] Tobler M, Bertrand N. Morphological variation in vanishing Mexican desert fishes of the genus *Characodon* (Goodeidae)[J]. J Fish Biol, 2014, 84(2): 283–296.
- [28] 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.
- [29] MA G C, Shao H S, Lu H P, et al. AFLPs congruent with morphological differentiation of Asian common minnow *Zacco* (Pisces: Cyprinidae) in Taiwan[J]. Zool Scr, 2006, 3(4): 341–351.

Morphological differentiation among three wild populations of *Siniperca kneri* in Pearl River

YANG Huirong¹, OUYANG Paihuai^{1, 2}, LI Guifeng³, SUN Jijia¹, XIA Yu¹, WANG Ziyu¹, LIU Li^{1, 2}

1. College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;

2. College of Animal Science, South China Agricultural University; Guangdong Provincial Key Laboratory of Agro-animal Genomics and Molecular Breeding, Guangzhou 510642, China;

3. School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275, China

Abstract: The Pearl River Basin, as the largest river of southern China, comprises the Xijiang River, North River, East River and Pearl River Delta. With abundant water and fish resources, Xijiang River, which comprises the Nanpan River, Hongshui River, Qianjiang River, Youjiang River and Zuojiang River, has a wide basin that represents 77.8% of the Pearl River Basin. The big-eye mandarin fish (*Siniperca kneri* Garman, 1912), belonging to the Perciformes, Serranidae, *Siniperca*, is a special and precious freshwater fish distributed only in China, especially in the Pearl River. *S. kneri*, which is a carnivorous freshwater fish with a favorable taste and abundant nutrients, has become one of the most important commercial freshwater fish in China, and has the potential to be a candidate aquaculture species because of its significant economic and ecological value. However, some negative factors, such as the constant severe water pollution, the building of water conservation engineering works, overfishing, and electrifying and bombing of fishes, have led to its miniaturization, low annualized phenomenon and rapid reduction of its wild population. Morphological differentiation among three wild populations (YJ: Youjiang River, ZJ: Zuojiang, HSH: Hong Shui He River) of *S. kneri* in the Pearl River was studied based on traditional morphology and a truss network of distance measurements. We aimed to learn more about the germplasm resource of *S. kneri* by determining the differences among the three populations and to provide reliable scientific evidence to underpin the protection and use of germplasm resources of *S. kneri*. Three multivariate analysis methods were used (One-Way ANOVA, principal component analysis and cluster analysis) for 33 morphometric proportional parameters, using SPSS17.0 software. Based on the LSD results of one-way ANOVA for the measurable characters, there were significant differences between three *S. kneri* populations, mainly in the head and tail traits. Specifically, there was a significant difference in the head traits [HW/BL, ED/BL, U (10–11)] and tail traits [CPL/BL, N (5–6)] between the HSH population and ZJ population, and between the HSH population and YJ population, respectively; however, there was no significant difference between the ZJ population and YJ population. For the morphological differences among populations, the contribution of the truss network of distance measurements C(1–11), E(2–11), F(2–10), G(3–4), I(3–9), M(4–10), K(4–9), J(4–5), T(9–10), O(5–8), N(5–6), P(5–7), R(7–8) and S(8–9) indicated that the truss network of the head and trunk of *S. kneri* was the principal component, and the contribution of traditional characters was the second. Cluster analyses suggested consistently that the ZJ and YJ populations clustered first and then clustered with the HSH population, whether based on the traditional morphology or the truss network. All of the above indicated that morphological differentiation existed among the three populations and was closely associated their geographical distribution. The results, representing basic knowledge of *Siniperca kneri* in Pearl River, provide reliable scientific evidence for the protection and use of germplasm resources and for artificial selection breeding of *S. kneri*.

Key words: *Siniperca kneri*; wild population; morphological differentiation; Pearl River

Corresponding author: LIU Li. E-mail: liuli@scau.edu.cn