

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2018.17306

黄海、东海近海七个棘头梅童鱼地理群体的形态差异分析

梁述章^{1,2}, 宋炜^{1,2}, 赵明¹, 谌微¹, 李羽^{1,2}, 马凌波¹

1. 农业部远洋与极地渔业创新重点实验室, 中国水产科学院东海水产研究所, 上海 200090;

2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306

摘要: 对 2013 年采自连云港、大丰、崇明、舟山、宁德、厦门和温州的 7 个棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*)群体共 238 个个体进行形态学比较研究, 运用单因素方差分析、主成分分析、聚类分析和判别分析等多元统计分析方法对 13 项可量性状以及 20 项框架参数进行形态差异分析。单因素方差分析结果显示, 7 个地理群体之间确实存在显著性差异; 主成分分析得到的 4 个主成分对不同群体间总差异的贡献率分别为 53.131%、9.328%、4.249% 和 3.406%, 累积贡献率为 70.113%, 躯干部最能用以区分不同的地理种群; 主成分分析和聚类分析结果基本一致, 认为 7 个棘头梅童鱼地理群体在形态上不存在明显的南北分化现象; 通过判别分析得到 14 个比例变量并构建判别函数, 将 7 个群体的数据代入函数, 得到群体的综合判别率为 85.3%, 判别准确率 P1 为 62.5%~96.7% (群体判别正确的尾数/群体的实际尾数), P2 为 78.1%~90.6% (判别正确的尾数/判入该群体的尾数), 舟山群体由于其特殊的地理因素, 判别准确率较低 (P1=62.5%, P2=78.1%)。本研究为棘头梅童鱼地理种群判别、种质资源保护以及良种选育等提供了基础的形态学数据。

关键词: 棘头梅童鱼; 群体; 形态差异; 多元分析; 判别分析

中图分类号: S931

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2018)03-0576-10

棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*), 俗称梅童, 小金鳞, 隶属硬骨鱼纲(Osteichthyes), 鲈形目(Perciformes), 石首鱼科(Sciaenidae), 梅童鱼属, 为我国重要的小型底栖经济鱼类^[1]。棘头梅童鱼广泛分布于黄渤海、东海和南海, 适温、适盐范围广, 肉质细嫩而鲜美, 为沿海居民喜食的水产品之一^[2-3]。目前对于棘头梅童鱼的研究主要集中于利用微卫星以及线粒体基因分析种群多样性^[4-8]、分子克隆^[9-10]、生物学特征观察^[11]和人工繁殖^[12]等方面。仅刘晓慧等^[13]采用传统形态学方法研究了我国 5 个棘头梅童鱼地理群体的形态差异。2015 年, 胡艳等^[14]的研究结果显示, 长江口的棘头梅童鱼的资源开发率超过 0.5, 属于过度捕捞状态, 因此对棘头梅童鱼种质资源保护和优质苗种的培育极为迫切。

在鱼类学研究中, 可数性状及可量性状是最直观的分类性状。为了更精确地反映种群之间的外形差异, 框架法应运而生, 并被广泛应用于种群鉴别^[15]。框架法是在鱼体上确定多个形态坐标点, 并分为不同区域, 在纵向、横向、交叉方向上描述鱼体的形态特征^[16]。采用框架法测量框架数据, 再加上传统的形态学度量数据, 利用多元统计分析方法, 能更准确地对不同地理群体间的形态差异进行分析^[17-19]。本研究应用 13 个可量性状和 20 个框架数据, 以 4 种多元分析方法(单因素方差分析、主成分分析、聚类分析和判别分析)对我国黄海、东海 7 个地理群体棘头梅童鱼的形态差异进行比较分析, 旨在为其种质资源评价、保护和合理利用提供理论依据, 进而为今后棘头梅童鱼的产业化开发和资源增殖奠定基础。

收稿日期: 2017-08-30; 修订日期: 2017-12-11.

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项子课题(201303047); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金项目(东 2015M08).

作者简介: 梁述章(1992-), 男, 硕士研究生, 研究方向为水产生物技术. E-mail: szlianglst@163.com

通信作者: 宋炜, 副研究员, 硕士生导师. E-mail: swift83@sina.com

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验所用样本为2013年5月至2013年12月采自中国黄海的连云港、大丰，东海的崇明、舟山、温州、宁德和厦门(图1)。样本采集地点、时间、数量和体长等信息见表1。同一地方样本为同一批次渔获物，样本均尚未达到性成熟，无法从外形判断性别，故样本为雌雄混合样本。

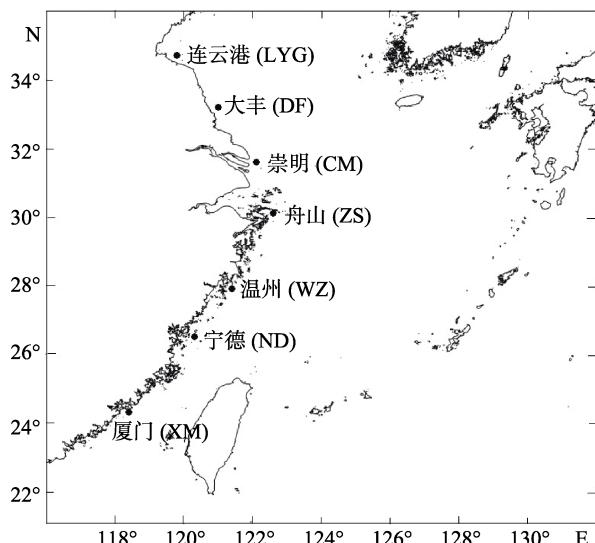


图1 本研究样本采集地点图

Fig. 1 Map of the sampling locations in this study

表1 棘头梅童鱼的采样资料

Tab. 1 Sampling details of *Collichthys lucidus*

采样地点 sampling location	采样时间 sampling date	数量 number	样本体长/cm sample body length	
			范围 range	平均值 mean value
连云港 Lianyungang	2013-11	32	9.85~13.42	11.42±0.79
大丰 Dafeng	2013-11	30	9.03~12.21	11.04±0.83
崇明 Chongming	2013-05	43	9.72~13.42	11.15±0.85
舟山 Zhoushan	2013-05	40	9.85~13.57	11.94±0.97
温州 Wenzhou	2013-12	30	11.28~12.88	11.96±0.44
宁德 Ningde	2013-06	33	9.63~15.87	12.30±1.67
厦门 Xiamen	2013-12	30	9.08~11.38	10.42±0.55

1.2 样品测量

用游标卡尺测量传统性状和框架结构。传统性状包括：体重(body weight, BW)、全长(total length, TL)、体长(body length, BL)、体高(body

depth, BD)、头长(head length, HL)、头高(head depth, HD)、吻长(snout length, SL)、眼径(eye diameter, ED)、眼后头长(length of head behind the eye, LHBE)、眼间距(interorbital width, ID)、尾柄高(caudal peduncle depth, CD)、尾柄长(length of caudal peduncle, LCP)、肛前距(length in front anus, LFA)13个可量性状；框架结构数据包括：右胸鳍基部(P1)、吻前端(P2)、腹鳍起点(P3)、头部枕骨棘棱最前缘(P4)、臀鳍起点(P5)、背鳍起点(P6)、臀鳍末端(P7)、背鳍末端(P8)、尾鳍背部起点(P9)9个测量坐标点之间的距离所形成的20个框架数据(图2)，精确至0.05 mm。电子天平测量体重，精确至0.01 g。

1.3 数据分析

将12个可量性状数据和20个框架参数均除以各自体长(BL)予以校正，获得32项形态比例性状，以消除样本个体大小的差异对形态特征的影响^[20]。所有数据的统计分析用Microsoft Excel 2010和SPSS 19.0完成。

1.3.1 单因素方差分析 对所有比例变量进行Shapiro-wilk检验，确定比例变量数据是否符合正态分布。符合正态分布的数据进行单因素方差分析，其他数据采用K个独立样本的中位数检验进行非参数检验。

1.3.2 主成分分析 通过SPSS 19.0软件对单因素方差分析得到的显著差异的比例变量进行主成分分析，得出几个综合性指标(互不关联的几个主成分)，每项变量在各主成分的因子得分，以及主成分特征值和贡献率。

1.3.3 聚类分析 得到32项形态比例参数后，求出7个群体样本每项比例参数的平均值，使用SPSS 19.0软件，采用欧氏距离的最短距离系统聚类法进行聚类分析。

1.3.4 判别分析 在SPSS 19.0软件中，用逐步判别法对所有比例变量进行判别分析，得到多项比例变量，构建由以上比例变量组成的7个群体的判别函数，对所有个体进行判别，判别准确率的公式参照李思发等^[15]的方法：

$$\text{判别准确率 } P1(\%) = O/M \times 100$$

$$\text{判别准确率 } P2(\%) = O/N \times 100$$

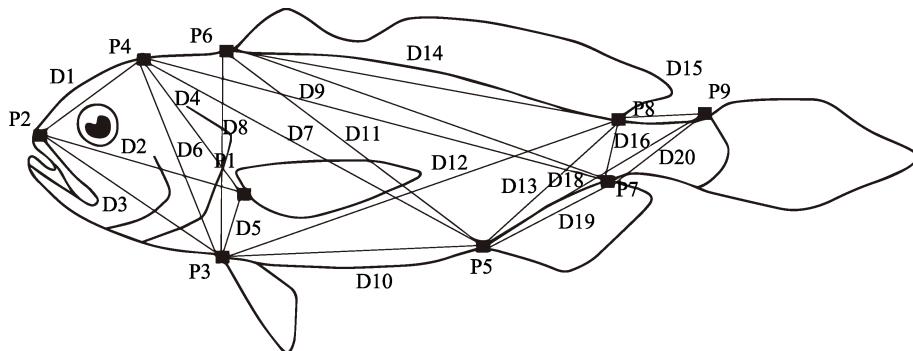


图 2 棘头梅童鱼形态测量框架

9个坐标点之间的距离形成20个框架数据。D表示各点间的直线距离。D1: P2-P4; D2: P1-P2; D3: P2-P3; D4: P1-P4; D5: P1-P3; D6: P3-P4; D7: P4-P5; D8: P3-P6; D9: P4-P7; D10: P3-P5; D11: P5-P6; D12: P3-P8; D13: P5-P8; D14: P6-P8; D15: P8-P9; D16: P7-P8; D17: P6-P7; D18: P5-P9; D19: P5-P7; D20: P7-P9。
P1: 胸鳍起点; P2: 吻前端; P3: 腹鳍起点; P4: 头部枕骨棘棱最前缘; P5: 臀鳍起点; P6: 背鳍起点; P7: 臀鳍末端; P8: 背鳍末端; P9: 尾鳍背部起点。

Fig. 2 The truss networks for distance measures of *Collichthys lucidus*

Twenty truss parameters are obtained by measurements of the distances between the two of 9 landmark. The “D” means the distance between the points. D1: P2-P4; D2: P1-P2; D3: P2-P3; D4: P1-P4; D5: P1-P3; D6: P3-P4; D7: P4-P5; D8: P3-P6; D9: P4-P7; D10: P3-P5; D11: P5-P6; D12: P3-P8; D13: P5-P8; D14: P6-P8; D15: P8-P9; D16: P7-P8; D17: P6-P7; D18: P5-P9; D19: P5-P7; D20: P7-P9.
P1: origin of operculum fin; P2: tip of snout; P3: origin of pelvic fin; P4: leading edge of head occipital spine; P5: origin of anal fin; P6: origin of dorsal fin; P7: terminus of anal fin; P8: Terminus of dorsal fin; P9: dorsal origin of caudal fin.

式中, O 为棘头梅童鱼群体判别正确的尾数, M 为该群体实际尾数, N 为判入该群体的尾数。

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

式中, A_i 为第 i 种群体判别正确的尾数; B_i 为第 i 种群体实际的尾数; k 为群体数。

2 结果与分析

2.1 方差分析

对棘头梅童鱼的 7 个群体的 12 项可量比例性状以及 20 项框架比例参数进行 Shapiro-wilk 检验。所得结果显示, 仅“体重/体长”、“体高/体长”、“吻长/体长”和“眼径/体长”等 4 项比例性状符合正态分布, 对此 4 项数据进行单因素方差分析结果显示, 各群体之间均有极显著差异 ($P<0.01$) (表 2)。对剩余的 28 项变量进行非参数检验, 使用 K 个独立样本的中位数检验法, 结果如表 3 所示, “D18/体长”在各群体间差异显著 ($P<0.05$), 而其他 27 项变量在各群体间差异为极显著 ($P<0.01$)。

2.2 主成分分析

为进一步明确影响不同地理群体棘头梅童鱼形态差异的主成分因子, 将 32 项比例性状进行主

表 2 7 个棘头梅童鱼地理群体单因素方差分析结果
Tab. 2 One-way ANOVA for seven stocks of *Collichthys lucidus*

变量 variable	变量来源 variance source	F	P
体重/体长 body weight/body length	组间变异 BG	65.370	0.000
	组内变异 WG		
	总变异 T		
体高/体长 body depth / body length	组间变异 BG	39.559	0.000
	组内变异 WG		
	总变异 T		
吻长/体长 snout length / body length	组间变异 BG	10.044	0.000
	组内变异 WG		
	总变异 T		
眼径/体长 eye diameter / body length	组间变异 BG	31.639	0.000
	组内变异 WG		
	总变异 T		

注: BG-组间变异; WG-组内变异; T-总变异。

Note: BG-Between groups; WG-Within groups; T-Total.

成分分析。首先对数据进行 KMO 和 Bartlett 检验, KMO 检测值为 0.960, Bartlett 球度检测的相伴概率等于 0, 说明判定变量间相关性极强, 适合做主成分分析(表 4)。根据主成分累计贡献率大于 70% 计算, 共获得 4 个主成分的方差贡献率分别为 53.131%、9.328%、4.249% 和 3.406%, 累计

表3 非参数检验结果

Tab. 3 Non-parametric test for the nonnormal distribution characters

形态比例参数 proportional parameter	中值 mid-value	渐近显著性 <i>P</i>
肛前距/体长 length in front anus/body length	0.583	0.000
全长/体长 total length/body length	1.259	0.000
头高/体长 head depth/body length	0.269	0.000
头长/体长 head length/body length	0.263	0.000
尾柄长/体长 length of caudal peduncle/body length	0.196	0.003
尾柄高/体长 caudal peduncle depth/body length	0.075	0.000
眼间距/体长 interorbital width/body length	0.118	0.000
眼后头长/体长 length of head behind the eye/body length	0.147	0.000
D1/体长 D1/body length	0.183	0.000
D2/体长 D2/body length	0.283	0.000
D3/体长 D3/body length	0.329	0.000
D4/体长 D4/body length	0.232	0.000
D5/体长 D5/body length	0.124	0.000
D6/体长 D6/body length	0.313	0.000
D7/体长 D7/body length	0.546	0.000
D8/体长 D8/body length	0.295	0.000
D9/体长 D9/body length	0.677	0.000
D10/体长 D10/body length	0.332	0.000
D11/体长 D11/body length	0.428	0.000
D12/体长 D12/body length	0.559	0.000
D13/体长 D13/body length	0.257	0.000
D14/体长 D14/body length	0.555	0.000
D15/体长 D15/body length	0.146	0.000
D16/体长 D16/body length	0.096	0.000
D17/体长 D17/body length	0.542	0.000
D18/体长 D18/body length	0.374	0.026
D19/体长 D19/body length	0.185	0.000
D20/体长 D20/body length	0.200	0.000

表4 KMO 和 Bartlett 的检验

Tab. 4 KMO and Bartlett's test

取样足够度的 Kaiser-Meyer-Olkin 度量 Kaiser-Meyer-Olkin Measure of sampling adequacy	0.960
Bartlett 的球形度检验 Bartlett's test of sphericity	7218.824
近似卡方 approx. chi-square	
自由度 df	496
<i>P</i>	0.000

贡献率 70.113%，包含了总变量的大部分，说明可以用这 4 个相互独立的因子来概括棘头梅童鱼不同地理群体的形态差异(表 5)。主成分 1 主要取

表5 7个棘头梅童鱼地理群体主成分矩阵

及主成分贡献率

Tab. 5 Principal component matrix and contribution rates for seven stocks of *Collichthys lucidus*

形态比例参数 proportional parameter	主成分 principal component	1			
		2	3	4	
全长/体长 total length/body length	0.756	0.124	-0.070	0.062	
肛前距/体长 length in front anus/body length	0.783	0.363	-0.016	0.022	
头高/体长 head depth/body length	0.841	-0.026	-0.235	0.060	
头长/体长 head length/body length	0.802	-0.015	-0.111	-0.082	
尾柄长/体长 length of caudal peduncle/body length	-0.023	0.074	0.182	0.881	
尾柄高/体长 caudal peduncle depth/body length	0.806	-0.289	0.008	-0.073	
眼间距/体长 interorbital width/body length	0.802	-0.150	-0.069	0.061	
眼后头长/体长 length of head behind the eye/body length	0.666	0.026	-0.060	-0.131	
体重/体长 body weight/body length	0.349	-0.620	0.197	-0.286	
体高/体长 body depth/body length	0.862	-0.347	-0.007	-0.016	
吻长/体长 snout length/body length	0.626	0.002	0.105	-0.170	
眼径/体长 eye diameter/body length	0.758	-0.296	-0.290	0.078	
D1/体长 D1/body length	0.803	0.046	0.070	0.048	
D2/体长 D2/body length	0.669	-0.062	-0.469	0.176	
D3/体长 D3/body length	0.786	0.102	-0.133	0.029	
D4/体长 D4/body length	0.790	-0.229	-0.290	0.138	
D5/体长 D5/body length	0.737	-0.280	0.261	-0.063	
D6/体长 D6/body length	0.908	-0.192	-0.117	0.072	
D7/体长 D7/body length	0.861	0.108	-0.101	0.063	
D8/体长 D8/body length	0.858	-0.343	0.060	-0.042	
D9/体长 D9/body length	0.896	0.158	-0.031	0.052	
D10/体长 D10/body length	0.474	0.547	0.257	-0.039	
D11/体长 D11/body length	0.853	-0.015	0.028	0.034	
D12/体长 D12/body length	0.750	0.295	0.363	-0.023	
D13/体长 D13/body length	0.784	-0.106	0.214	-0.020	
D14/体长 D14/body length	0.861	0.182	0.171	0.030	
D15/体长 D15/body length	0.079	0.888	-0.116	-0.083	
D16/体长 D16/body length	0.644	-0.141	0.167	-0.034	
D17/体长 D17/body length	0.756	0.158	0.198	-0.016	
D18/体长 D18/body length	0.666	0.477	-0.063	-0.053	
D19/体长 D19/body length	0.628	0.111	0.489	0.075	
D20/体长 D20/body length	0.467	0.538	-0.303	-0.252	
主成分特征值 eigenvalue	17.022	2.985	1.360	1.090	
主成分贡献率 contribution rate	53.131	9.328	4.249	3.406	

决于“体高/体长”、“D6/体长”、“D7/体长”、“D8/体长”、“D9/体长”、“D11/体长”和“D14/体长”等 7 项比例变量, 主要反映的是躯干部特征; 主成分 2 主要取决于“体重/体长”、“D10/体长”、“D15/体长”和“D20/体长”等 4 项比例变量, 主要反映尾部和躯干部特征; 即主成分 1 和主成分 2 主要反映的是棘头梅童鱼躯干部和尾部特征。

用棘头梅童鱼 7 个不同地理群体的主成分 1 和主成分 2 绘制主成分分析图, 结果如图 3 所示。从图中可以看出, 崇明和温州群体都各自成一体, 整体上都能够和其他群体显著区分开来; 宁德、厦门和舟山群体个体间存在较大程度的重叠; 大丰和连云港群体之间重合度最高, 表明两群体之间的形态相似度最高。

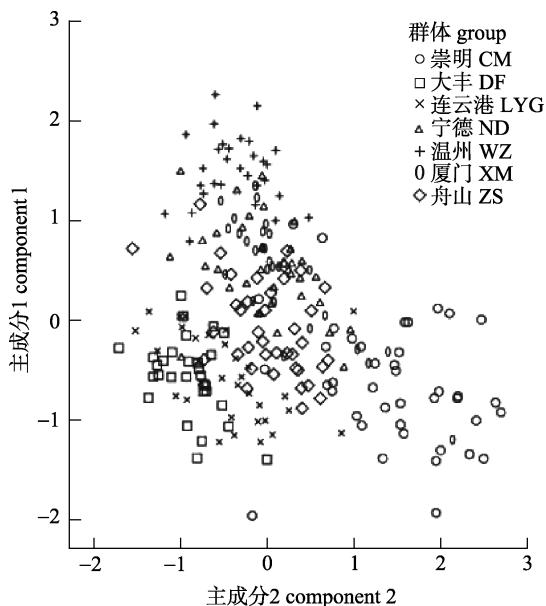


图 3 棘头梅童鱼 7 个地理群体的第 1、2 主成分散点图

Fig. 3 Scatter plot of first and second principle components for PCA of 7 *Collichthys lucidus* populations

2.3 聚类分析

选择对主成分起决定性作用的 17 项比例变量, 计算每项变量在每个群体的平均值, 对数据标准化处理之后进行聚类分析, 采用组间联接方法, 得到群体间的欧式距离树状图(图 4)。从图中可以看出, 宁德、舟山和厦门群体欧氏距离最近, 最先聚合在一起, 之后再与崇明群体聚合, 形成一组; 大丰和连云港群体聚为一组; 温州群体自为一组。

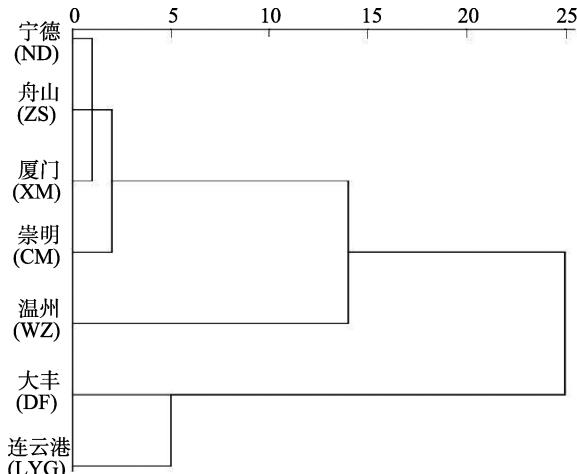


图 4 7 个地理群体的聚类分析树形图

Fig. 4 Hierarchical dendrogram of 7 different populations of *Collichthys lucidus*

2.4 判别分析

本研究对 7 个棘头梅童鱼群体的全部比例变量进行逐步判别分析, 最终得到 14 项比例变量, 判别 F 检验结果表明这 14 项性状判别效果均较好 ($P<0.01$), 由 14 项比例变量构建棘头梅童鱼群体的 7 个判别函数, 如下:

$$\begin{aligned} Y(\text{崇明}) &= 67.554X_1 + 91.657X_2 + 114.915X_3 + \\ &21.086X_4 + 16.639X_5 + 178.547X_6 + 146.113X_7 + \\ &70.230X_8 + 17.287X_9 + 31.683X_{10} - 68.490X_{11} + \\ &41.941X_{12} + 40.558X_{13} + 100.779X_{14} - 113.152 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Y(\text{大丰}) &= 99.971X_1 + 207.615X_2 + 0.457X_3 + \\ &12.335X_4 - 146.716X_5 + 252.413X_6 - \\ &33.895X_7 + 197.961X_8 - 196.291X_9 + \\ &117.794X_{10} - 225.678X_{11} + 22.672X_{12} + \\ &272.779X_{13} + 4.245X_{14} - 110.152 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Y(\text{连云港}) &= 102.030X_1 + 228.406X_2 + 57.204X_3 + \\ &15.710X_4 - 62.947X_5 + 159.897X_6 - 51.277X_7 + \\ &201.568X_8 - 128.000X_9 + 79.016X_{10} - \\ &221.596X_{11} + 36.226X_{12} + 235.117X_{13} + \\ &1.341X_{14} - 112.773 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Y(\text{宁德}) &= 15.190X_1 + 197.813X_2 + 207.041X_3 + \\ &23.211X_4 + 3.991X_5 + 531.8 + 13X_6 + 70.227X_7 + \\ &227.933X_8 - 168.129X_9 + 22.919X_{10} - 30.329X_{11} + \\ &20.617X_{12} + 20.902X_{13} + 13.352X_{14} - 126.425 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Y(\text{厦门}) &= 33.319X_1 + 194.112X_2 + 69.966X_3 + \\ &22.866X_4 - 171.537X_5 + 884.275X_6 + 78.087X_7 + \\ &251.291X_8 - 96.018X_9 + 99.282X_{10} - 96.309X_{11} - \\ &55.257X_{12} - 22.276X_{13} + 27.998X_{14} - 137.204 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} Y(\text{温州}) &= 87.028X_1 + 148.144X_2 - 24.474X_3 + \\ &\quad 29.238X_4 - 272.911X_5 + 716.849X_6 + 106.139X_7 + \\ &\quad 237.913X_8 - 67.111X_9 + 76.574X_{10} - 109.814X_{11} - \\ &\quad 35.289X_{12} - 34.869X_{13} + 47.968X_{14} - 141.906 \\ Y(\text{舟山}) &= 75.909X_1 + 157.138X_2 + 106.559X_3 + \\ &\quad 22.311X_4 + 6.761X_5 + 480.186X_6 + 28.890X_7 + \\ &\quad 162.246X_8 - 30.547X_9 + 48.728X_{10} - 107.452X_{11} - \\ &\quad 0.025X_{12} + 16.102X_{13} + 51.168X_{14} - 116.112 \end{aligned}$$

式中, X_1 =肛前距/体长, X_2 =头高/体长, X_3 =眼前距/体长, X_4 =体重/体长, X_5 =吻长/体长, X_6 =眼径/体长,

X_7 =D1/体长, X_8 =D4/体长, X_9 =D5/体长, X_{10} =D7/体长, X_{11} =D8/体长, X_{12} =D10/体长, X_{13} =D15/体长, X_{14} =D19/体长。

将采集的 7 个群体所有数据代入方程检验判别准确率, 结果表明判别准确率 P1 为 62.5%~96.7%, 判别准确率 P2 为 78.1%~90.6%, 综合判别率为 85.3%。即将上述形态学数据代入判别公式中可以对 7 个地理群体的棘头梅童鱼作出较为准确的判别(表 6)。

表 6 棘头梅童鱼 7 个地理群体的判别结果

Tab. 6 Discriminant results of seven populations of *Collichthys lucidus*

群体 population	预测分类 prediction category							判别准确率/% identification accuracy		综合判别率/% total discriminant accuracy
	崇明 CM	大丰 DF	连云港 LYG	宁德 ND	厦门 XM	温州 WZ	舟山 ZS	P1	P2	
崇明(CM)	41	0	0	0	0	0	2	95.3	85.4	
大丰(DF)	0	26	4	0	0	0	0	86.7	86.7	
连云(LYG)	0	4	27	0	0	0	1	84.4	84.4	
宁德(ND)	1	0	0	28	2	0	2	84.8	87.5	85.3
厦门(XM)	0	0	0	2	27	0	1	90.0	84.4	
温州(WZ)	0	0	0	0	0	29	1	96.7	90.6	
舟山(ZS)	6	0	1	2	3	3	25	62.5	78.1	

3 讨论

鱼的体形特征受到遗传组成和环境因素的双重影响, 足够程度的地理隔离, 可能导致种内种群间明显的表型和遗传差异。Cheng 等^[21]对鲚(*Coilia* spp.)的研究发现, 在形态方面, 其地理上接近的不同种种群, 要比地理上距离远的同种种群更相似。因此推断, 同一属的鱼, 生活在同一地理区域的不同种种群形态可能较为相似, 而生活在不同地理区域的相同种种群可能存在较大的形态差异。对不同地理区域的同一物种的形态差异进行研究, 有利于种质资源的保护和良种选育。本研究将传统形态特征和框架数据结合, 采用 4 种多元统计方法对黄海、东海近海的 7 个棘头梅童鱼的地理群体的 13 项可量性状和 20 项框架参数进行了统计分析, 为石首鱼科, 尤其是梅童鱼属的分类鉴别等研究提供参考资料。

单因素方差分析结果显示, 棘头梅童鱼 7 个

地理群体, 除了“D18/体长”外, 其余性状上均存在极显著差异, 说明群体间存在较大的变异, 不同海区的地理条件和环境因素也对其形态产生一定影响。

主成分分析是一种多变量分析方法, 能直观地反映个体之间的相似程度, 根据因子的累计贡献率来确定提取的公因子数, 一般是要求所提取的公因子的累计贡献率在 85%以上, 也可以根据样本容量进行调整^[22-23]。由于本研究样本容量较大, 公因子数按照累计贡献率 70%以上来提取, 共提取到 4 个主成分。主成分 1 贡献率为 53.131%, 主要反映的是“体高/体长”、“D6/体长”、“D7/体长”、“D8/体长”、“D9/体长”、“D11/体长”和“D14/体长”等躯干部特征, 说明可以利用这些特征来判断不同群体间的差异。王伟等^[24]对翘嘴红鲌(*Erythroculter ilishaeformis*)以及 Winans^[25]对大西洋鲑(*Salmo salar*)的研究, 一致认为鱼类尾部是变异最迅速的部位, 可以根据鱼类尾部框架结构

对不同种群成功区分,本研究不符合此变异趋势,分析认为游泳能力强弱决定了尾部变异速率,翘嘴红鲌行动迅猛善跳跃,太平洋鲑具有溯河洄游特性,运动能力强,而棘头梅童鱼是短距离洄游物种,运动能力一般。

从主成分分析图上可以看出,群体之间存在不同程度差异,其中大丰与连云港群体之间重合度最高,即形态相似度最高,差异最小。从单个群体的散点分布来看,厦门群体较为特殊,在横轴和纵轴上均跨度较大,说明群体内部很可能存在分化;温州群体分布相对紧密,说明该群体形态均一,群体内差异较小,由表1也可看出,采集的温州群体样本间的体长相差最小,此结果与赵明等^[26]的研究结果相符,其发现温州群体的遗传多样性低,推测认为与过度捕捞现象有关,使得该区域个体几乎不受外部群体的影响;崇明群体最为分散,说明群体内部差异最大且形态差异不均一,这可能与其地理因素有关,崇明群体处于长江口水域,南邻东海的舟山渔场,北靠黄渤海渔场,特殊的地理环境使得其在形态上向特殊和独立的方向进化,内部差异变大。

宋炜等^[27]利用核基因微卫星分析棘头梅童鱼野生群体的遗传多样性,认为中国沿海的棘头梅童鱼群体没有出现南北分化现象,刘晓慧等^[13]运用多元形态统计分析方法,对棘头梅童鱼群体差异性进行研究,得出一致的结论。而赵明等^[26]通过对本研究同一批样品进行线粒体 CO I 基因序列分析,认为棘头梅童鱼明显分为两大支,温州以北的群体连云港、大丰、崇明和舟山聚为一支(北方群体),以南的群体温州、宁德和厦门聚为另一支(南方群体)。殷丽娜^[28]采用 mtDNA 控制区全序列分析中国沿海棘头梅童鱼群体,得出了与赵明等^[26]一致的结论,认为中国沿海的棘头梅童鱼基本呈现南北分化的格局。本研究中聚类分析与主成分分析结果基本一致,宁德、舟山和厦门群体先聚在一起,再与崇明群体聚类,大丰和连云港群体聚为一组,温州群体自为一组,无明显的南北分化现象。上述结论有所差别,可能的原因有:(1)采样时间、采样地点和样本数量的不同;(2)采用的分析方法不同^[29]。相对于核基因而言,线

粒体基因更易受到选择性压力影响,在检测小地理范围的基因交流方面效果较差;而对于鱼的形态,线粒体基因的一些碱基变化,可能无法反映到鱼的外部形态上,以至于即使同一批样品,线粒体基因分析和形态分析的结果相悖。大丰和连云港群体欧氏距离近,单独形成一支,且在主成分分析中重合度最高,可能与两个群体都位于黄渤海渔场,且地理距离较近有关,两个群体间存在基因交流,差异较小。

采用逐步判别法建立的判别函数,除舟山群体外,综合判别率和各判别准确率均在 85% 左右,即错判率在 15% 之内,属于可接受范围,可以进行有效的判别。舟山群体判别准确率低可能是由舟山独特的地理因素造成的。舟山地处海岸线中点,地形平缓,沉积物以黏土质粉砂为主,中国台湾暖流、日本寒流以及黄海冷流分别沿我国海岸线流动,在舟山交汇,并与长江、钱塘江和甬江的入海淡水汇合,淡水从陆地上带来丰富的营养物质,形成我国最大的渔场,复杂的水文条件吸引附近水域的棘头梅童鱼(长江洄游型和钱塘江洄游型等)前来舟山渔场觅食、产卵等^[30],洋流又增加了棘头梅童鱼的卵、幼体和成鱼的扩散,促进群体间出现交叉,产生基因交流。

综合以上的研究结果,4 种形态分析方法分别从不同角度证实棘头梅童鱼 7 个群体间存在显著性差异,其结果对于分析棘头梅童鱼群体间的差异、种质资源的保护及合理利用、良种选育和后续棘头梅童鱼的人工养殖以及海洋生物多样性保护具有重要的意义。但需要指出的是,本研究所用的各种群的采样时间、数量和大小均有不同,具有一定的局限性,今后要对棘头梅童鱼种质资源进行更全面及准确的评估,还需要从分子遗传标记、微卫星分析和生理生化指标等分子和细胞水平综合分析。

参考文献:

- [1] Zhu Y D, Wu H L. Fishes Annals of East China Sea[M]. Beijing: Science Press, 1963: 286-293. [朱元鼎, 伍汉霖. 东海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社, 1963: 286-293.]
- [2] Wu C W, Wang W H. The biology distribution and resources changes of *Collichthys lucidus* in Zhejiang offshore[J]. Ma-

- rine Fisheries, 1991(1): 6-10. [吴常文, 王伟宏. 浙江近海棘头梅童鱼的分布生物学与资源变动[J]. 海洋渔业, 1991(1): 6-10.]
- [3] Gao T X, Han G, Ma G Q, et al. Morphological variation analysis of *C. lucidus* and *C. niveatus* [J]. Periodical of Ocean University of China, 2013, 43(1): 27-33. [高天翔, 韩刚, 马国强, 等. 黑鮰梅童鱼和棘头梅童鱼的形态学比较研究[J]. 中国海洋大学学报, 2013, 43(1): 27-33.]
- [4] Lin N F, Su Y Q, Ding S X, et al. Genetic diversity assessed using microsatellite DNA of spinyhead croaker (*Collichthys lucidus*) from the Zhoushan waters[J]. Journal of Applied of Oceanography, 2011, 30(2): 229-233. [林能锋, 苏永全, 丁少雄, 等. 舟山近海棘头梅童鱼群体遗传多样性微卫星DNA分析[J]. 应用海洋学学报, 2011, 30(2): 229-233.]
- [5] Song N, Ma G Q, Zhang X M, et al. Genetic structure and historical demography of *Collichthys lucidus* inferred from mtDNA sequence analysis[J]. Environmental Biology of Fishes, 2014, 97(1): 69-77.
- [6] Chen W, Song W, Chen F F, et al. Development and characterization of SNP derived from spinyhead croaker (*Collichthys lucidus*) by RNA-seq[J]. Conservation Genetics Resources, 2017, 9(4): 573-577.
- [7] Zheng D F, Zhao J L, Zhou W Y, et al. Genetic structure of *Collichthys lucidus* populations from China coastal areas by AFLP analysis[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2011, 42(3): 443-447. [郑德锋, 赵金良, 周文玉, 等. 我国沿海棘头梅童鱼群体遗传结构的 AFLP 分析[J]. 海洋与湖沼, 2011, 42(3): 443-447.]
- [8] Zheng D F, Zhao J L, Zhou W Y. mtDNA control region sequence variation and genetic structure of *Collichthys lucidus* populations[J]. Progress in Fishery Sciences, 2011, 32(2): 34-40. [郑德锋, 赵金良, 周文玉. 棘头梅童鱼线粒体控制区的序列变异与群体遗传结构[J]. 渔业科学进展, 2011, 32(2): 34-40.]
- [9] Song W, Jiang K J, Zhang F Y, et al. Molecular cloning and gene expression analysis of cystatin C-like proteins in spinyhead croaker *Collichthys lucidus*[J]. Genetics and Molecular Research: GMR, 2016, 15(1): gmr 15017417.
- [10] Song W, Jiang K J, Zhang F Y, et al. Characterization, molecular cloning, and expression analysis of Ecsit in the spinyhead croaker, *Collichthys lucidus*[J]. Genetics and Molecular Research: GMR, 2016, 15(1): gmr 15017193.
- [11] Shan L Z, Shao X B, Yan M C. The study on biological characteristics of *Collichthys lucidus*(Richardson)[J]. Journal of Aquaculture, 2007, 28(6): 4-5. [单乐州, 邵鑫斌, 袁茂仓. 棘头梅童鱼幼鱼生物学特性的初步观察[J]. 水产养殖, 2007, 28(6): 4-5.]
- [12] Shan L Z, Shao X B, Xie X L, et al. Study on the technique of artificial propagation and larva nursery of *Collichthys lucidus*[J]. Journal of Zhejiang Ocean University (Natural Science), 2006, 25(3): 266-271. [单乐州, 邵鑫斌, 谢起浪, 等. 棘头梅童鱼人工繁殖及育苗技术研究[J]. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 2006, 25(3): 266-271.]
- [13] Liu X H, Song N, Liu H Y, et al. Preliminary analysis on morphological characteristics of 5 *Collichthys lucidus* geograpuical populations[J]. Transactions of Oceanology and Limnology, 2015(2): 59-67. [刘晓慧, 宋娜, 刘鸿雁, 等. 棘头梅童鱼 5 个地理群体的形态学初步分析[J]. 海洋湖沼通报, 2015(2): 59-67.]
- [14] Hu Y, Zhang T, Yang G, et al. Assessment of resource situation of *Collichthys lucidus* in coastal waters of the Yangtze estuary[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2015, 26(9): 2867-2873. [胡艳, 张涛, 杨刚, 等. 长江口近岸水域棘头梅童鱼资源现状的评估[J]. 应用生态学报, 2015, 26(9): 2867-2873.]
- [15] Li S F, Li C H, Li J L. Analysis of morphological variations among strains of Nile Tilapia (*Oreochromis Niloticus*)[J]. Acta Zoologica Sinica, 1998, 44(4): 450-457. [李思发, 李晨虹, 李家乐. 尼罗罗非鱼品系间形态差异分析[J]. 动物学报, 1998, 44(4): 450-457.]
- [16] Murta A G. Morphological variation of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) in the Iberian and North African Atlantic: implication for stock identification[J]. ICES Journal of Marine Science, 2000, 57(4): 1240-1248.
- [17] 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.]
- [18] Li M, Zeng F R, Wang J. Morphological variations of *Chiloscyllium plagiosum* in different geographical populations along southern China coast[J]. Journal of Xiamen University (Natural Science), 2013, 52(1): 139-144. [李萌, 曾凡荣, 王军. 中国南部海域不同地理群体条纹斑竹鲨的形态差异分析[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2013, 52(1): 139-144.]
- [19] Ma A J, Wang X A, Sun Z B, et al. Morphological variations

- among three different populations of *Takifugu rubripes*[J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2016, 47(1): 166-172. [马爱军, 王新安, 孙志宾, 等. 红鳍东方鲀三个不同群体的形态差异分析[J]. 海洋与湖沼, 2016, 47(1): 166-172.]
- [20] Pan S F, Li T W, Su X R. Study on variations of amino acids component among populations of *Tegillarca granosa* by multivariation analysis methods[J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2006, 37(6): 536-540. [潘沙芳, 李太武, 苏秀榕. 用多元分析法研究泥蚶氨基酸地区差异[J]. 海洋与湖沼, 2006, 37(6): 536-540.]
- [21] Cheng Q Q, Lu D R, Ma L. Morphological differences between close populations discernible by multivariate analysis: A case study of genus *Coilia* (Teleostei: Clupeiforms)[J]. *Aquatic Living Resources*, 2005, 18(2): 187-192.
- [22] Voss R S, Marcus L F, Escalante P. Morphological evolution in muroidrodents: I. Conservative patterns of craniometrics covariance and their ontogenetic basis in the Neotropical genus *Zygodontomys*[J]. *Evolution*, 1990, 44(6): 1568-1587.
- [23] Eisenhour D J. Systematics of *Macrhybopsis tetranema* (Cypriniforms: Cyprinidae)[J]. *Copeia*, 1999(4): 969-980.
- [24] Wang W, Chen L Q, Gu Z M, et al. Analysis of morphological variations among seven populations of *Erythroculter ilishaformis*[J]. *Freshwater Fisheries*, 2007, 37(3): 40-44. [王伟, 陈立侨, 顾志敏, 等. 7个不同翘嘴红鲌群体的形态差异分析[J]. 淡水渔业, 2007, 37(3): 40-44.]
- [25] Winans G A. Multivariate morphometric variability in Pacific salmon: Technical demonstration[J]. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1984, 41(8): 1150-1159.
- [26] Zhao M, Song W, Ma C Y, et al. Population genetic structure of *Collichthys lucidus* based on the mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1 sequence[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2015, 22(2): 233-242. [赵明, 宋炜, 马春艳, 等. 基于线粒体 COI 基因序列的棘头梅童鱼 7 个野生群体遗传结构分析[J]. 中国水产科学, 2015, 22(2): 233-242.]
- [27] Song W, Meng Y Y, Jiang K J, et al. Analysis of genetic diversity among seven wild *Collichthys lucidus* populations by using microsatellite marker[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2017, 41(1): 31-39. [宋炜, 孟永永, 蒋科技, 等. 棘头梅童鱼七个野生群体遗传多样性的微卫星分析[J]. 水产学报, 2017, 41(1): 31-39.]
- [28] Yin L N. Studies on genetic diversity and population structure of *Collichthys lucidus*[D]. Qingdao: Ocean University of China, 2013. [殷丽娜. 棘头梅童鱼的遗传多样性与种群遗传结构研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2013.]
- [29] Zhao F, Zhuang P, Zhang L Z, et al. Morphological variation of *Pampus argenteus* among five samples near the coastal area of the Bohai Sea, Huanghai Sea and East China Sea[J]. *Acta Oceanologica Sinica*, 2011, 33(1): 104-110. [赵峰, 庄平, 章龙珍, 等. 渤海、黄海及东海近海五个银鲳地理群体的形态变异[J]. 海洋学报, 2011, 33(1): 104-110.]
- [30] Li S H, Guo W, Shi X D, et al. Environment and resources with their future utilization in Zhoushan archipelago[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2007, 16(4): 425-429. [李书恒, 郭伟, 施晓冬, 等. 舟山群岛海洋环境资源及其开发利用[J]. 长江流域资源与环境, 2007, 16(4): 425-429.]

Morphology of seven *Collichthys lucidus* populations near the coast of the Yellow Sea and East China Sea

LIANG Shuzhang^{1,2}, SONG Wei^{1,2}, ZHAO Ming¹, CHEN Wei¹, LI Yu^{1,2}, MA Lingbo¹

1. Key Laboratory of Oceanic and Polar Fisheries, Ministry of Agriculture; East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai 200090, China;

2. College of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: *Collichthys lucidus*, which occurs in the coastal waters of China, including the Yellow, East China, and South China Seas, is a favorite seafood of coastal residents and has great economic value. However, because *C. lucidus* resources have been rapidly reduced by overfishing and artificial breeding technology is immature, breeding high-quality fish fry and germplasm conservation and utilization are critical. The aim of the present study was to analyze and compare the morphology of 238 *C. lucidus* individuals that were collected from seven locations, including Lian Yungang, Dafeng, Chongming, Zhoushan, Ningde, Xiamen, and Wenzhou. More specifically, one-way ANOVA, principle components analysis, cluster analysis, and discriminant analysis were used to investigate whether the seven geographic populations differed in regards to 13 morphological traits and 20 truss network characters. Because individual size variation could have affected the results, all data were calibrated using body length (BL). One-way ANOVA revealed significant differences between the seven *C. lucidus* geographical populations, and the four principal components identified using principal component analysis accounted for 53.131%, 9.328%, 4.249%, and 3.406%, respectively, of the variation among populations and 70% in total. The first principal component reflected trunk characteristics—body depth/BL, D6 (origin of pelvic fin to the front edge of head occipital spine)/BL, D7 (the front edge of head occipital spine to origin of anal fin)/BL, D8 (origin of pelvic fin to origin of dorsal fin)/BL, D9 (the front edge of head occipital spine to end point of anal fin)/BL, D11 (origin of anal fin to origin of dorsal fin)/BL, and D14 (origin of dorsal fin to end point of dorsal fin)/BL, which indicates that trunk characteristics can be used as a basis for judging population differences. Both the cluster and principle components analyses showed that there was no obvious north-south differentiation in the species' morphology. Many studies have reported opposite patterns, possibly owing to different sampling times, locations, quantities, and analyses. Discrimination analysis indicated that the comprehensive discrimination rate of the seven *C. lucidus* populations was 85.3% and that the discriminant accuracy ratio was 62.5%–96.7% and 78.1%–90.6% for P1 (Correct discriminant number of one group/the actual number of the group) and P2 (Correct discriminant number of one group/discriminant number entering the group) respectively. However, the discrimination accuracy of the Zhoushan population was low, owing to its unique geographical factors, including ocean current and freshwater flow. The present study provides basic *C. lucidus* morphological data that can be used for identifying *C. lucidus* populations, protecting germplasm resources, and selecting fine varieties.

Key words: *Collichthys lucidus*; geographical population; morphological difference; multivariate analysis; discriminant analysis

Corresponding author: SONG Wei. E-mail: swift83@sina.com