

文章编号: 1674-5566(2014)03-0388-07

不同鳊鲂属鱼类群体的形态差异分析

陈杰, 李福贵, 黄创新, 蒋霞云, 邹曙明

(上海海洋大学 农业部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306)

摘要: 运用 3 种多元统计方法对我国鳊属长春鳊 (*Parabramis pekinensis*)、鲂属团头鲂 (*Megalobrama amblycephala*)、东江三角鲂 (*Megalobrama terminalis*)、钱塘江三角鲂 (*Megalobrama terminalis*)、厚颌鲂 (*Megalobrama pellegrini*) 和广东鲂 (*Megalobrama hoffmanni*) 6 个群体的可数性状、可量性状和框架性状的形态学差异进行了分析。结果显示, 鲊鲂属鱼类 6 群体在侧线鳞数、侧线上鳞数、侧线下鳞数、背鳍条数、胸鳍条数、腹鳍条数、臀鳍条数等 7 项形态可数性状上的差异不显著 ($P > 0.05$)。对 9 项可量比例参数和 20 项框架比例参数的聚类分析结果表明, 团头鲂与同属的厚颌鲂、三角鲂亲缘关系较近, 这 3 个鲂属种群与鳊属长春鳊形态差异较大, 与同为鲂属的广东鲂形态差别最大; 另外, 聚类分析表明三角鲂的 2 个地理群体(东江三角鲂、钱塘江三角鲂)也存在一定的形态差异。判别分析构建了鳊鲂属鱼类 6 群体的判别函数, 其综合判别率为 93.7%。主成分分析提取的前 2 个主成分的累积贡献率为 77.9%, 其中主成分 1 的贡献率为 70.9%, 对鳊鲂属鱼类群体间形态学差异起决定性作用的特征集中在背腹轴方向。

研究亮点: 通过对我国鳊属鲂属鱼类 6 个群体 221 尾个体各 36 项形态学参数的测量和统计, 揭示了群体间的形态距离, 构建了各群体的形态判别函数, 阐明了群体间的主要形态特征差异。为我国鳊属鲂属鱼类遗传育种的进一步开展提供了参考。

关键词: 鮓属; 鲂属; 形态学; 多元统计; 亲缘关系

中图分类号: Q 174; S 917

文献标志码: A

鳊鲂鱼类, 即鳊属 (*Parabramis*) 和鲂属 (*Megalobrama*), 两者均隶属于鲤形目 (Cypriniformes)、鲤科 (Cyprinidae)、鮈亚科 (Culterinae)。一些鳊鲂属鱼类的命名上存在着分歧^[1-6]。在分类上, 鲂属通常分为 4 个种, 即三角鲂^[7] (*Megalobrama terminalis*)、广东鲂 (*Megalobrama hoffmanni*)、厚颌鲂 (*Megalobrama pellegrini*) 和团头鲂^[8] (*Megalobrama amblycephala*)。鳊属仅有长春鳊 (*Parabramis pekinensis*), 又名鳊鱼。鳊鲂鱼类在我国江河、湖泊的分布较广, 其在我国淡水捕捞业和淡水养殖业中所占比重也日趋增长。然而, 随着过度捕捞、围湖造田、水利建设规模的日益加大, 我国鳊鲂鱼类的野生资源正在不断地衰退和混杂, 随之

而来的基因水平的混杂也会不可避免地发生。由于鳊鲂鱼类的地理分布有着重叠, 形态和生活习性也都较为接近, 在自然条件下有可能相互交配^[9-10], 在一定程度上加剧了种质混杂的威胁。

在遗传水平上, 先后有学者以同工酶和 DNA 片段为标记, 对鲂的个体发生^[11], 厚颌鲂的分化形成^[12], 团头鲂的群体遗传^[13]以及团头鲂、三角鲂、广东鲂的种间亲缘关系^[14]进行了探讨。在形态学上, 先后有学者对鲂属鱼类的分类^[3,8]和种质标准^[15-16]进行了研究。最近, 我们以微卫星 DNA 为标记, 分析了我国主要鳊鲂属的遗传结构^[17]。本实验从长春鳊、团头鲂、三角鲂、厚颌鲂和广东鲂原产地或繁殖场收集大量样本, 采用多元统计方法对其形态特征的差异进行全面比较,

收稿日期: 2014-01-10 修回日期: 2014-03-12

基金项目: “十二五”国家科技支撑计划项目(2012BAD26B00); 国家自然科学基金(31272633, 31201760); 上海高校知识服务平台(ZF1206)

作者简介: 陈杰(1981—), 男, 博士, 研究方向为鱼类遗传育种。E-mail:j_chen@shou.edu.cn

通信作者: 邹曙明, E-mail:smzou@shou.edu.cn

进一步阐明了鳊鲂属鱼类的形态种质指标差异亲缘关系,可为科学系统地遗传选育^[18-20]提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验材料

5个鲂属鱼类群体(东江三角鲂、钱塘江三角鲂、广东鲂、团头鲂、厚颌鲂)和1个鳊属鱼类群体(长春鳊),均保存于上海海洋大学农业部团头鲂遗传育种中心。其中,东江三角鲂取自广东珠江东江支流河源段,钱塘江三角鲂取自杭州市农业科学院水产研究所,广东鲂取自广东南海沙头镇大健鱼苗场,厚颌鲂取自重庆市东平水产养殖有限公司,长春鳊取自长江江苏靖江段。除了东江三角鲂、长春鳊是原种和团头鲂是选育良种^[21-22]外,其它3个群体皆是原种后代,均为一周龄。每个群体的取样量在300尾以上,大塘暂养,随机采样,团头鲂、钱塘江三角鲂、东江三角鲂和广东鲂群体各30尾,厚颌鲂取样50尾,长春鳊取样51尾,进行传统形态学可数性状和可量性状数据测量和框架结构数据测定。

1.2 形态学参数的测量

本实验测量的可数性状有侧线鳞数、侧线上鳞数、侧线下鳞数、背鳍条数、胸鳍条数、腹鳍条数和臀鳍条数,计7项。测量的可量性状有全长、体长、体高、头长、吻长、眼径、眼间距、尾柄长、尾柄高和背棘长,并转化为相应比例参数,有全长/体长、体长/体高、体长/头长、头长/吻长、头长/眼径、头长/眼间距、体长/尾柄长、尾柄长/尾柄高、背棘长/体长,计9项。框架结构数据的测定参照图1^[23],有D₁₋₂、D₁₋₃、D₃₋₅、D₅₋₇、D₇₋₉、D₂₋₄、D₄₋₆、D₆₋₈、D₈₋₁₀、D₄₋₁、D₄₋₃、D₄₋₅、D₆₋₃、D₆₋₅、D₆₋₇、D₈₋₅、D₈₋₇、D₈₋₉、D₁₀₋₇、D₁₀₋₉,计20项。20项框架结构数据被转化为和全长的比例参数以减少鱼体大小引起的统计误差。数据采用两脚规配合直尺测量,精确到0.1 mm。

1.3 形态学数据分析

基于9项传统形态学可量比例参数和20项框架结构比例参数,运用聚类分析、判别分析和主成分分析3种多元统计方法分别对鳊鲂属群体

间形态学差异进行评估。聚类分析采用加权配对组法构建树形图,形态分化的程度以欧氏距离表示。在进行逐步判别分析和主成分分析之前,数据已经过旋转以提高正态分布性,鱼体大小的影响也通过使用可量比例参数和框架比例参数得到最大程度的减小。主成分贡献率和累积贡献率的计算参照文献[24-25]。使用SPSS 13.0软件对数据加以分析。

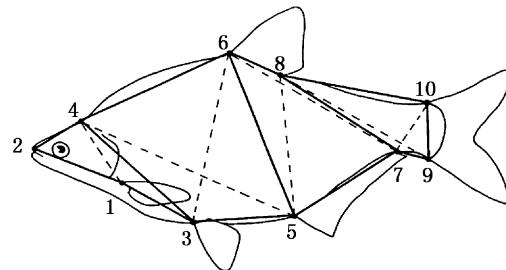


图1 鲔鲂属鱼类框架结构示意图

Fig. 1 Truss network of distance measures assessed in *Parabramis* and *Megalobrama*

10个定位点之间的距离为20个框架数据。例如,D₅₋₆表示定位点5与6之间的距离。1. 胸鳍起点;2. 吻前端;3. 腹鳍起点;4. 头背部末端;5. 臀鳍起点;6. 背鳍起点;7. 臀鳍末端;8. 背鳍末端;9. 尾鳍腹部起点;10. 尾鳍背部起点。

2 结果

2.1 鲔鲂属鱼类的可数性状

我国鳊鲂属鱼类群体的侧线鳞数、侧线上鳞数、侧线下鳞数、背鳍条数、胸鳍条数、腹鳍条数、臀鳍条数7项可数性状的平均值和标准差见表1。6个群体间两两配对比较,经t检验,其在测量的可数性状上的差异不显著($P > 0.05$)。

2.2 鲔鲂属鱼类的聚类分析

我国鳊鲂属6群体的形态距离见表2,由其构建的亲缘关系树如图2所示。由图可知,团头鲂和厚颌鲂以及2个群体的三角鲂较为接近,长春鳊和上述4个群体距离较远,而广东鲂却和同为鲂属的团头鲂、三角鲂、厚颌鲂以及鳊属长春鳊差异最大。另外,聚类分析表明三角鲂的2个地理群体(东江三角鲂、钱塘江三角鲂)也存在一定的形态差异。

表1 6个鮀属鱼类群体的可数性状均值和标准差

Tab. 1 Overall mean and standard deviation of meristic characters of 6 populations of genera *Parabramis* and *Megalobrama*

参数	团头鲂	厚颌鲂	钱塘江三角鲂	东江三角鲂	长春鳊	广东鲂
样本数	30	50	30	30	51	30
侧线鳞数	51.8 ± 2.6	52.7 ± 2.2	51.7 ± 2.3	52.9 ± 2.3	52.6 ± 2.1	52.2 ± 2.3
侧线上鳞数	11.9 ± 0.6	11.8 ± 0.6	10.7 ± 0.7	10.9 ± 0.3	11.1 ± 0.3	11 ± 0.0
侧线下鳞数	9.3 ± 0.9	9.6 ± 0.7	8.8 ± 0.9	8.9 ± 0.3	8.9 ± 0.3	8.6 ± 0.5
背鳍条数	3,7	3,7	3,7	3,7	3,7	3,7
胸鳍条数	1,16 ~ 19	1,16 ~ 19	1,16 ~ 19	1,16 ~ 19	1,16 ~ 19	1,16 ~ 19
腹鳍条数	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8
臀鳍条数	3,27 ~ 22	3,27 ~ 22	3,27 ~ 22	3,27 ~ 22	3,27 ~ 22	3,27 ~ 22

表2 6个鮀属鱼类群体的形态距离

Tab. 2 Morphological distances calculated with cluster analysis between 6 populations of genera *Parabramis* and *Megalobrama*

平方欧氏距离	团头鲂	厚颌鲂	钱塘江三角鲂	东江三角鲂	长春鳊	广东鲂
团头鲂	0	1.256 5	2.557 3	21.264 7	85.528 6	566.624 7
厚颌鲂	1.256 5	0	4.228 4	26.888 4	95.963 5	595.775 0
钱塘江三角鲂	2.557 3	4.228 4	0	12.192 8	63.509 7	507.844 0
东江三角鲂	21.264 7	26.888 4	12.192 8	0	25.574 1	374.651 8
长春鳊	85.528 6	95.963 5	63.509 7	25.574 1	0	218.070 7
广东鲂	566.624 7	595.775 0	507.844 0	374.651 8	218.070 7	0

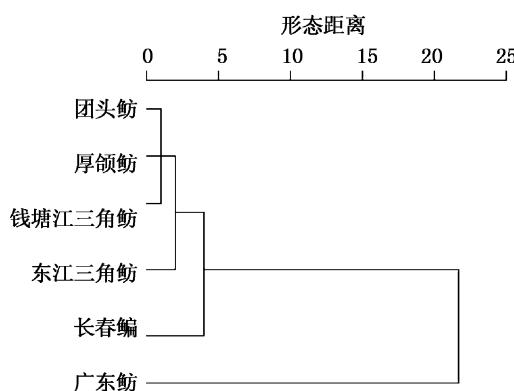


图2 6个鮀属鱼类群体的形态聚类树形图

Fig. 2 Clustering dendrogram of 6 populations of genera *Parabramis* and *Megalobrama*

2.3 鮀属鱼类的判别分析

对长春鳊群体、团头鲂群体、2个三角鲂群体、厚颌鲂群体和广东鲂群体的29项比例参数进行逐步判别分析,构建了6个鮀属鱼类群体的判别函数,结果如下。

团头鲂: $Y = -280.75 + 19.62 \text{ 头长/吻长} + 55.55 \text{ 尾柄长/尾柄高} - 13.67 \text{ 背棘长/体长} + 379.95 D_{1-2}/\text{全长} + 196.75 D_{1-3}/\text{全长} - 17.78 D_{3-5}/\text{全长} + 179.98 D_{5-7}/\text{全长} + 360.15 D_{4-6}/\text{全长}$

长 + 44.04 $D_{8-10}/\text{全长} - 480.23 D_{6-3}/\text{全长} + 687.84 D_{6-5}/\text{全长} + 189.01 D_{8-7}/\text{全长}$

厚颌鲂: $Y = -268.73 + 18.42 \text{ 头长/吻长} + 70.42 \text{ 尾柄长/尾柄高} + 155.96 \text{ 背棘长/体长} + 313.38 D_{1-2}/\text{全长} + 113.14 D_{1-3}/\text{全长} - 251.07 D_{3-5}/\text{全长} + 275.38 D_{5-7}/\text{全长} + 390.15 D_{4-6}/\text{全长} + 209.69 D_{8-10}/\text{全长} - 136.50 D_{6-3}/\text{全长} + 173.64 D_{6-5}/\text{全长} + 108.09 D_{8-7}/\text{全长}$

钱塘江三角鲂: $Y = -271.85 + 21.14 \text{ 头长/吻长} + 68.74 \text{ 尾柄长/尾柄高} + 71.39 \text{ 背棘长/体长} + 431.29 D_{1-2}/\text{全长} + 198.74 D_{1-3}/\text{全长} + 16.34 D_{3-5}/\text{全长} - 128.74 D_{5-7}/\text{全长} + 360.47 D_{4-6}/\text{全长} + 273.54 D_{8-10}/\text{全长} - 312.07 D_{6-3}/\text{全长} + 328.14 D_{6-5}/\text{全长} + 163.58 D_{8-7}/\text{全长}$

东江三角鲂: $Y = -262.12 + 15.67 \text{ 头长/吻长} + 69.71 \text{ 尾柄长/尾柄高} + 107.57 \text{ 背棘长/体长} + 319.63 D_{1-2}/\text{全长} + 103.10 D_{1-3}/\text{全长} - 208.36 D_{3-5}/\text{全长} + 272.36 D_{5-7}/\text{全长} + 415.23 D_{4-6}/\text{全长} + 156.21 D_{8-10}/\text{全长} - 284.13 D_{6-3}/\text{全长} + 404.10 D_{6-5}/\text{全长} + 86.03 D_{8-7}/\text{全长}$

长春鳊: $Y = -275.66 + 21.59 \text{ 头长/吻长} + 66.17 \text{ 尾柄长/尾柄高} + 26.34 \text{ 背棘长/体长} +$

434.26 D_{1-2} /全长 + 215.73 D_{1-3} /全长 - 129.73 D_{3-5} /全长 + 295.02 D_{5-7} /全长 + 489.21 D_{4-6} /全长 + 132.86 D_{8-10} /全长 - 187.72 D_{6-3} /全长 + 55.78 D_{6-5} /全长 + 167.65 D_{8-7} /全长

广东鲂: $Y = -280.48 + 19.54$ 头长/吻长 + 74.60 尾柄长/尾柄高 - 49.39 背棘长/体长 + 284.54 D_{1-2} /全长 + 315.85 D_{1-3} /全长 + 47.88 D_{3-5} /全长 + 140.04 D_{5-7} /全长 + 562.37 D_{4-6} /全长 + 134.09 D_{8-10} /全长 - 211.58 D_{6-3} /全长 + 184.89 D_{6-5} /全长 + 90.87 D_{8-7} /全长

通过逐个引入变量再检验其判别能力,回代后的结果见表3。30尾团头鲂,用判别函数回代分类,与实际相符的29尾,错分为长春鳊1尾,团头鲂的判别准确率为96.7%;50尾厚颌鲂,用判

别函数回代分类,与实际相符的41尾,错分为三角鲂7尾,错分为长春鳊2尾,厚颌鲂的判别准确率为82%;30尾钱塘江三角鲂,用判别函数回代分类,与实际相符的30尾,没有错分,钱塘江三角鲂的判别准确率为100%;30尾东江三角鲂,用判别函数回代分类,与实际相符的28尾,错分为厚颌鲂2尾,东江三角鲂的判别准确率为93.3%;51尾长春鳊,用判别函数回代分类,与实际相符49尾,错分为厚颌鲂和三角鲂各1尾,长春鳊的判别准确率为96.1%;30尾广东鲂,用判别函数回代分类,与实际相符30尾,没有错分,广东鲂的判别准确率为100%。判别函数对鮈属鱼类6群体的综合判别率为93.7%。

表3 6个鮈属鱼类群体逐步判别分析归类结果

Tab.3 Classification results by stepwise discriminant analysis of 6 populations of genera *Parabramis* and *Megalobrama*

种群	样本数	团头鲂	厚颌鲂	钱塘江 三角鲂	东江 三角鲂	长春鳊	广东鲂	判别准确率 /%	综合判别率 /%
团头鲂	30	30 (29)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (1)	0 (0)	100.0 (96.7)	
厚颌鲂	50	0 (0)	45 (41)	1 (1)	4 (6)	0 (2)	0 (0)	90.0 (82.0)	
钱塘江三角鲂	30	0 (0)	0 (0)	30 (30)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	100.0 (100.0)	95.9 (93.7)
东江三角鲂	30	0 (0)	2 (2)	0 (0)	28 (28)	0 (0)	0 (0)	93.3 (93.3)	
长春鳊	51	0 (0)	1 (1)	0 (0)	1 (1)	49 (49)	0 (0)	96.1 (96.1)	
广东鲂	30	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	30 (30)	100.0 (100.0)	

2.4 鮈属鱼类的主成分分析

对长春鳊群体、团头鲂群体、2个三角鲂群体、厚颌鲂群体和广东鲂群体的9项可量比例参数和20项框架比例参数的形态测量数据进行主成分分析,结果显示主成分1的累积贡献率达到70.9%,即主成分1可以解释群体间形态差异的70.9%。在主成分1中, D_{1-3} 、 D_{4-6} 、 D_{6-3} 、 D_{6-5} 、 D_{6-7} 、 D_{8-5} 、 D_{8-7} 和 D_{10-9} 的负荷值分别为0.748、0.718、0.954、0.953、0.849、0.938、0.840和0.723,表明这8项比例参数对主成分1有主要贡献(>0.700)。

以主成分1对主成分2绘制散点图见图3。从图中可以看出,主成分1代表的性状对广东鲂群体、长春鳊群体、团头鲂群体或厚颌鲂群体间的形态差异有主要贡献,而主成分2代表的性状则对团头鲂群体、厚颌鲂群体间的形态差异有主要贡献。2个三角鲂群体在主成分1和主成分2代表的性状上和厚颌鲂群体均有部分重叠。

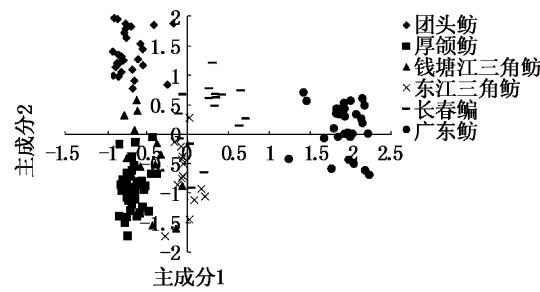


图3 6个鮈属鱼类群体主成分1对主成分2散点图

Fig.3 Scatter diagram for PC1 and PC2 of 6 populations of genera *Parabramis* and *Megalobrama*

3 讨论

3.1 不同鮈属鱼类群体间亲缘关系

本文运用3种多元统计方法,基于29项比例参数对鮈属鱼类6群体的分析表明,团头鲂与同属的厚颌鲂、三角鲂亲缘关系较近。近来对鲂属鱼类线粒体细胞色素b基因片段序列的分析结

果显示,团头鲂与同属的厚颌鲂、三角鲂有着较近的亲缘关系^[26]。对不同鳊鲂鱼类群体遗传结构的微卫星分析结果也显示,团头鲂与三角鲂有着较近的亲缘关系,与厚颌鲂的亲缘关系较远^[17]。此外,本研究显示3个鲂属种群(团头鲂、三角鲂和厚颌鲂)与鲂属的广东鲂形态距离较鳊属的长春鳊大,而线粒体细胞色素b基因片段序列分析和微卫星分析结果^[17,26]则显示长春鳊与包括广东鲂的4个鲂属鱼类群体的遗传距离较远,不同分析方法存在一定的差异。造成这些差异的原因可能与不同的分析方法的运用有关。

形态学测定属于传统鉴别方法。物种具有性状上的遗传稳定性,种间的差异通常只要对少数个体进行检索即可确定。而群体是种内的个体,在其内部往往呈现不同程度的性状变异,因此需要通过对群体的大规模计量和统计分析,方能判别群体间的差异。形态学方法至今仍是判明群体间差异的主要手段,但不同学者选取的形态性状各不相同,会导致得出的结论有所差别。此外,形态性状易受环境因素和基因显隐性表达等因素的影响,使得其应用受到限制。现代分子生物学技术手段的运用补充了形态学研究的不足。鱼类线粒体DNA具有分子小、结构简单、母系遗传和进化速度快等特点,对其研究有助于揭示群体的遗传结构和群体间亲缘关系。然而,线粒体DNA各基因的进化速率并不相同,如控制区(D-loop)基因的进化速率是其他区段的5倍^[27-28],由此选取线粒体DNA的某个基因片段序列并以其分析结果来反映群体间的差异和亲缘关系远近可能并不全面。微卫星DNA是均匀分布于真核生物基因组中的简单重复序列,含量丰富,且不受环境条件等因素的影响,被广泛应用于遗传杂交育种和绘制染色体遗传图谱等领域。通常在分析群体遗传结构前会进行微卫星标记的筛选,并选取部分多态性高的微卫星位点开展后续工作。这样的选取往往带有主观性,可能也不全面,而一个形态学性状常常是由多个基因共同决定的,对高多态性微卫星位点的选择是否导致了形态学分析与微卫星DNA分析得出不完全一致的结果仍未可知。对传统形态学性状及其所有编码基因的研究仍有待进一步深入。

3.2 不同鳊鲂属鱼类群体间形态差异与其栖息地环境的关系

不同鳊鲂属鱼类群体在我国的自然分布不一,仅有少量重合,地理分布呈多元化。不同的地理位置造成鳊鲂属鱼类受不同环境因子制约,会引起形态学上的差异。推断长江水系和珠江水系没有天然的交流是广东鲂和鳊鲂属鱼类其余种类形态差异大的成因。另外,三角鲂的2个地理群体(东江三角鲂、钱塘江三角鲂)也存在一定的形态差异,表明地理环境的阻隔会造成三角鲂种群的分化。

通常认为鲂属鱼类有团头鲂、三角鲂、厚颌鲂和广东鲂4种。根据本文得出的主成分散点图,鲂属不同群体的性状间确有重叠,但仍然可以按主成分1和主成分2将其划归不同区域,三角鲂和广东鲂各有侧重性状,群体间的形态差异客观存在。主成分分析表明,主成分1可以解释群体间大部分形态差异,D₁₋₃、D₄₋₆、D₆₋₃、D₆₋₅、D₆₋₇、D₈₋₅、D₈₋₇、D₁₀₋₉这8项比例参数对主成分1有主要贡献,其对应的性状决定着6群体的主要形态差异。不难发现,这些性状大多集中在鱼体的纵轴,即背腹轴方向。尽管体高这个性状本身对主成分1并无有效作用,8项比例参数的大部分都是和体高相关的性状,这与之前易伯鲁^[8],蔡鸣俊等^[15]的研究吻合。主成分分析显示鱼体背腹轴方向的性状在鳊鲂属鱼类形态差异方面起着关键作用。曹文宣指出梁子湖的团头鲂与三角鲂生活环境是静水或缓流,繁殖行为则要在有一定水流和水草生长茂密的地方^[7]。因此,背腹轴高的团头鲂和三角鲂更适宜这样的栖息地。厚颌鲂主要分布于我国长江干流、嘉陵江、岷江、沱江、金沙江、渠江、涪江和青衣江等。广东鲂主要分布于我国珠江水系。长春鳊则取自长江江苏靖江段。可以看到,相比团头鲂、三角鲂相对静态水体的栖息地,厚颌鲂、广东鲂和长春鳊的栖息地水体流速更大,降低背腹轴的相对高度有利于保证更快的游速。同时,这3个种的体型也有侧扁型向纺锤形过渡的趋势,其中以广东鲂尤为显著。不同鳊鲂属鱼类群体的背腹轴高度变化都是对相对静态或动态水体的适应性进化。

参考文献:

- [1] 伍献文. 中国鲤科鱼类志(上卷) [M]. 上海:上海科学技术出版社,1964;120-136.
- [2] 成庆泰,郑葆珊. 中国鱼类系统检索 [M]. 北京:科学出版社,1987;427-431.
- [3] 罗云林. 鲻属鱼类的分类整理[J]. 水生生物学报,1990,14(2):160-165.
- [4] 陈宜瑜. 中国动物志:硬骨鱼纲鲤形目(中卷) [M]. 北京:科学出版社,1998;1865-1872.
- [5] 黄宏金,张卫. 长江鱼类三新种[J]. 水生生物学报,1986,10(1):99-100.
- [6] 徐薇,熊邦喜. 我国鮰属鱼类的研究进展[J]. 水生态学杂志,2008,1(2):7-11.
- [7] 曹文宣. 梁子湖的团头鲂与三角鲂[J]. 水生生物学集刊,1960(1):57-58.
- [8] 易伯鲁. 关于鲂鱼(平胸鮰)种类的新资料[J]. 水生生物学集刊,1955(2):115-122.
- [9] 罗俊烈. 杂交优势在鱼类生产中的利用[J]. 动物学杂志,1990,25(3):54-57.
- [10] 楼允东. 鱼类育种学 [M]. 北京:中国农业出版社,1999:6-16.
- [11] 汪亚平,刘焕章. 鲻成体组织及胚胎发育过程中同工酶表达的研究[J]. 动物学研究,1994,15(s):107-118.
- [12] 刘焕章,汪亚平. 厚颌鲂种群遗传结构及哑基因问题[J]. 水生生物学报,1997,21(2):194-196.
- [13] 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.
- [14] 李思发,朱泽闻,邹曙明,等. 鲻属团头鲂、三角鲂及广东鲂种间遗传关系及种内遗传差异[J]. 动物学报,2002,48(3):339-345.
- [15] 蔡鸣俊,张敏莹,曾清兰,等. 鲻属鱼类形态度量学研究[J]. 水生生物学报,2001,25(6):631-635.
- [16] 宋文,王艺舟,祝东梅,等. 鲻属鱼类形态差异分析[J]. 淡水渔业,2013,43(3):21-27.
- [17] 张倩倩,陈杰,蒋霞云,等. 不同鮰属鱼类群体微卫星DNA指纹图谱的构建和遗传结构分析[J]. 水产学报,2014,38(1):15-22.
- [18] ZOU S, LI S, CAI W, et al. Ploidy polymorphism and morphological variation among reciprocal hybrids by *Megalobrama amblycephala* × *Tinca tinca* [J]. Aquaculture, 2007, 270(1/4): 574-579.
- [19] 杨怀宇,李思发,邹曙明. 三角鲂与团头鲂正反杂交 F₁ 的遗传性状[J]. 上海水产大学学报,2002,11(4):305-309.
- [20] ZOU S, LI S, CAI W, et al. Ploidy level, morphological characteristics and performance of interploid hybrids by *Megalobrama amblycephala* ♀ × allo-tetraploids ♂ [J]. Aquaculture Research, 2010, 42(11): 1687-1693.
- [21] 李思发,蔡完其. 团头鲂双向选育效应研究[J]. 水产学报,2000,24(3):201-205.
- [22] 邹曙明,李思发,蔡完其,等. 团头鲂良种雌核发育群体的建立及遗传变异研究[J]. 水产学报,2001,25(4):311-316.
- [23] 李思发. 中国淡水主要养殖鱼类种质研究 [M]. 上海:上海科学技术出版社,1998:148-152.
- [24] DEBUSE V J, ADDISION J T. Morphometric variability in UK populations of the European lobster [J]. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom, 2001, 81:469-474.
- [25] 张尧庭,方开泰. 多元统计分析引论 [M]. 北京:科学出版社,1999:393-454.
- [26] 谢楠,刘新铁,冯晓宇,等. 鲻属鱼类细胞色素片段序列分析[J]. 现代农业科技,2012(1):290-292.
- [27] CANN R L, BROWN W M, WILSON A C. Polymorphic sites and the mechanism of evolution in human mitochondrial DNA [J]. Genetics, 1984, 106(3):479-499.
- [28] ROSEL P E, HAYGOOD M G, PERRIN W F. Phylogenetic relationship among the true porpoise (Cetacean: Phocoenidae) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 1995, 4(4):463-474.

Morphological variations of genera *Parabramis* and *Megalobrama* teleost populations

CHEN Jie, LI Fu-gui, HUANG Chuang-xin, JIANG Xia-yun, ZOU Shu-ming

(Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: In the present study, three multivariate morphometrics analyses were introduced to assess the morphological variations on meristic parameters, measurable scaling parameters and truss network scaling parameters in *Parabramis pekinensis*, *Megalobrama amblycephala*, *M. terminalis* (Dongjiang population and Qiantangjiang population), *M. pellegrini* and *M. hoffmanni* in China. Results were shown below: No significant variation ($P > 0.05$) was observed on seven meristic parameters such as scale number on lateral line, scale number above lateral line, scale number beneath lateral line, soft dorsal fin (spines, rays), pectoral fin (spines, rays), pelvic fin (spines, rays), anal fin (spines, rays) among *Parabramis* and *Megalobrama* species. Based on nine measurable scaling parameters and twenty truss network scaling parameters, cluster analysis presented a relatively close relationship between *M. amblycephala*, *M. terminalis* and *M. pellegrini*, and these three species had relatively far relationship with the species of genus *Parabramis*, while they all had great morphological variation with the species *M. hoffmanni*. Meanwhile, certain morphological variations were detected between Dongjiang population and Qiantangjiang population of the species *M. terminalis*. Discriminant analysis outputted six discriminant functions with a comprehensive accuracy rate of 93.7% among the six populations of genera *Parabramis* and *Megalobrama*. The cumulative contributive proportion of two chief principal components extracted by principal component analysis was 77.9%, in which principal component 1 accounted for 70.9%. Characters that played key roles in inter-species morphological variation among *Parabramis* and *Megalobrama* concentrated mainly in the direction of dorsal-ventral axis.

Key words: *Parabramis*; *Megalobrama*; morphology; multivariate morphometrics analysis; relationship