

日本囊对虾(*Marsupenaeus japonicus*)3 个野生种群和 1 个养殖种群的形态差异与判别分析*

李义军¹ 李 婷¹ 王 平² 孙成志² 蔡晶晶² 孙成波¹

(1. 广东海洋大学水产学院 湛江 524088; 2. 海南省昌江南疆生物技术有限公司 三亚 572000)

提要 采用 3 种多元分析方法, 对 3 个野生种群和 1 个养殖种群的 13 个形态比例参数进行比较研究。聚类分析结果表明, 广东湛江和海南临高的种群形态最接近, 福建厦门种群的趋异程度最大。主成分分析构建了 6 个主成分, 其贡献率分别为: 第 1 主成分 23.084%, 第 2 主成分 17.976%, 第 3 主成分 15.321%, 第 4 主成分 13.84%, 第 5 主成分 12.707%, 第 6 主成分 7.770%, 累积贡献率为 90.699%。逐步判别选入 6 个贡献率较大的性状进行判别分析, F 检验结果显示, 4 个种群形态差异显著($P < 0.01$); 同时建立了 4 个种群的判别函数, 其判别准确率 P_1 、 P_2 均为 100%。综合判别率为 100%。3 种多元分析结果均认为, 4 个种群日本囊对虾在形态上已产生一定程度的差异, 且集中表现在体重、头胸甲的性状上。

关键词 日本囊对虾, 形态差异, 聚类分析, 判别分析, 主成分分析

中图分类号 S968.31

日本囊对虾(*Marsupenaeus japonicus*), 俗称竹节虾、斑节虾、花虾及车虾, 分布甚广, 从红海、非洲的东部到朝鲜、日本一带沿海均有分布, 我国长江以南沿海也大量分布。其肉质鲜嫩, 营养丰富, 市场价格高, 耐低温、耐干能力强, 适合鲜活虾出售, 发展潜力较大, 已成为许多国家和地区的重要养殖对象(王克行, 1997)。有关凡纳滨对虾的遗传多样性的研究, 国内外均有较多的报道, 如分析了对不同品系的凡纳滨对虾的遗传变异, 并成功地筛选出了一些特异性标记(Alcivar-Warren *et al*, 1997), 采用 SSR 标记评估凡纳滨对虾养殖种群的遗传多样性(Cruz *et al*, 2004), 采用微卫星位点对凡纳滨对虾选育家系进行研究(张留所等, 2005), 采用 RAPD 技术对凡纳滨对虾的亲代与子代的遗传多样性进行分析(李锋等, 2006)。采用多元分析的方法分析虾类的形态差异则较多, 如采用多元分析的方法分析了不同罗氏沼虾种群形态差异(郭惠等, 2006), 利用多元分析的方法

分析了日本沼虾种群的形态差异(赵晓勤等, 2006)。关于利用多元分析的方法对物种的形态差异进行比较研究的报道, 如用多元分析的方法分析了不同地理种群泥蚶的形态差异(张永普等, 2004), 对三疣梭子蟹 4 个野生种群形态差异的分析(高宝全等, 2007), 对美国 4 个不同来源的凡纳滨对虾种群进行形态差异与判别分析(孙成波等, 2009)。但利用多元分析的方法分析不同日本囊对虾种群之间的差异与亲缘关系的研究则未见报道。本文采用聚类分析、判别分析和主成分分析 3 种多元分析方法进行分析中国南部沿海 3 个不同野生种群和 1 个养殖种群的日本囊对虾形态性状的差异, 以期为我国的日本囊对虾选育、种质资源的保护与利用, 以及生产实践提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

日本囊对虾(*Marsupenaeus japonicus*)的野生种

* 海南省重点科技计划项目, 090706 号; 海南省星火产业带专项资金项目, HNXH200903 号; 科技部农业科技成果转化资金项目, 2010GB2E200382 号。李义军, 硕士研究生, E-mail: liyijun1114@163.com

通讯作者: 孙成波, 博士, 副教授, E-mail: suncb@gdou.edu.cn

收稿日期: 2009-09-23, 收修改稿日期: 2009-12-22

群分别取自福建厦门、广东湛江、海南临高 3 地天然海域, 养殖种群则取自海南省昌江南疆生物技术有限公司三联养殖基地, 每个种群随机采集 60 尾。4 个种群的来源与代码见表 1。

表 1 实验用虾的来源与代码
Tab.1 Source and coding of the experimental animals

种群代码	材料来源
Y_1	福建厦门
Y_2	广东湛江
Y_3	海南临高
Y_4	养殖种群

1.2 数据测量和处理

用游标卡尺对每尾虾测量 9 个形态参数: 体长、头胸甲长、头胸甲宽、头胸甲高、第一腹节宽, 第一腹节高、第腹节宽、第三腹节高、第六腹节长, 测量精确到 0.02mm; 用电子天平称体质量, 精确到 0.01g。

1.3 数据统计

实验数据用 Excel 进行初步的整理, 再用 SPSS17.0 软件处理, 采用聚类分析、判别分析和因子分析 3 种多元分析方法, 对 4 个地理群体进行形态差异分析。

1.3.1 Excel 进行初步的整理 用 Excel 计算各个种群各个形态参数的平均值以及各形态比例参数。

1.3.2 聚类分析 为了科学合理地进行实验数据的整理与分析, 消除虾体规格大小对参数的影响, 多元分析中多采用以体长为基数或取 2 个形态参数比值的方法。本研究选用 13 个形态特征比例参数(各参数的代号见表 2), 采用欧氏距离的最短距离系统聚类法进行数据分析。

1.3.3 判别分析 逐步判别时对所有参数进行校正的方法, 对所有的样本进行逐个判别。判别准确率

表 2 形态比例参数及代号
Tab.2 Morphological parameters and their coding

形态参数比	代码	形态参数比	代码
体质量/体长	A_1	第三腹节高/体长	A_8
头胸甲长/体长	A_2	第六腹节长/体长	A_9
头胸甲宽/体长	A_3	头胸甲宽/第一腹节宽	A_{10}
头胸甲高/体长	A_4	头胸甲高/第一腹节高	A_{11}
第一腹节宽/体长	A_5	第三腹节宽/头胸甲宽	A_{12}
第一腹节高/体长	A_6	第三腹节高/头胸甲高	A_{13}
第三腹节宽/体长	A_7		

的计算公式参照李思发等(1998)方法:

$P_1 = \text{某日本囊对虾种群判别正确的尾数/该种群实际尾数} \times 100\%$

$P_2 = \text{某日本囊对虾种群判别正确的尾数/判入该种群尾数} \times 100\%$

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

式中, A_i 为第 i 个种群中判别正确的尾数, B_i 为第 i 个种群中的实际尾数, k 为种群数。

1.3.4 主成分分析 通过 SPSS 的因子分析, 从 13 项形态比例参数中得出 6 个综合性指标, 即互不关联的 6 个主成分, 以及各主成分贡献率与累计贡献率。

2 结果与分析

2.1 聚类分析

运用欧氏距离的最短距离系统聚类法, 得出层次分析树形图, 见图 1。从图 1 可以看出, 广东湛江种群与海南临高种群的欧式距离最短, 形态最为接近, 而与福建厦门种群和养殖种群的趋异程度逐渐增加。

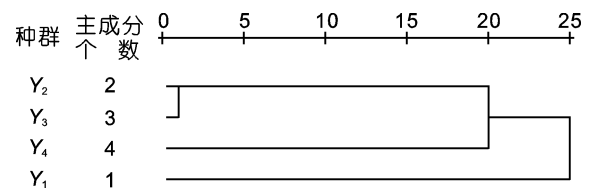


图 1 4 个种群日本囊对虾聚类分析图

Fig.1 Clustering analysis of four different populations of *M. japonicus*

2.2 判别分析

采用逐步分析(Use stepwisemethod)的方法, 从 13 个形态参数中选出对判别贡献率较大的 6 个参数进行判别分析, F 检验的结果表明, A_1 、 A_2 、 A_6 、 A_8 、 A_9 达到极显著水平 ($P < 0.01$), A_{10} 达到显著水平 ($P < 0.05$)。

根据 6 个参数建立 4 个群体的判别公式, 各函数的自变量系数和常数项见表 3。

$$Y_1: y = 16.065A_1 + 874.704A_2 + 938.631A_6 + 357.887A_8 + 1393.138A_9 + 12.135A_{10} - 407.994$$

$$Y_2: y = 5.245A_1 + 726.130A_2 + 977.502A_6 + 509.907A_8 + 966.084A_9 + 21.240A_{10} - 303.955$$

$$Y_3: y = 4.829A_1 + 906.872A_2 + 1124.066A_6 + 377.039A_8 + 1232.762A_9 + 18.538A_{10} - 405.435$$

$$Y_4: y = 0.613A_1 + 495.410A_2 + 1038.685A_6 + 717.050A_8 + 1655.222A_9 + 27.883A_{10} - 348.981$$

表 3 4 个种群日本囊对虾形态判别公式各项系数及常数项
Tab.3 The coefficients and constants of the discrimination formula for the four populations of *M. japonicus*

参数	指标			
	1	2	3	4
A_1	16.056	5.245	4.829	0.613
A_2	874.704	726.130	906.872	495.410
A_6	938.631	977.502	1124.066	1038.685
A_8	357.887	509.907	377.039	717.050
A_9	1393.138	966.084	1232.762	1655.222
A_{10}	12.135	21.240	18.538	27.883
常量	- 407.994	- 303.955	- 405.435	- 348.981

为验证判别公式的实用性,对测量样本按上述判别公式进行预测分类,见表 4。判别准确率 P_1 为 100%, 判别准确率 P_2 为 100%, 综合判别率为 100%。 F 检验结果表明, 判别效果较好($P < 0.01$), 因此, 种群的判别公式是可靠的。

2.3 主成分分析

2.3.1 主成分的方差贡献率 通过 SPSS 因子分析选用了方差贡献率较大的 6 个主成分, 见表 5。其贡献率分别是主成分 1: 23.084%, 主成分 2: 17.976%, 主成分 3: 15.321%, 主成分 4: 13.84%, 主成分 5: 12.707%, 主成分 6: 7.770%。累积贡献率为 90.699%。6 个成分累计贡献率包含了其总变异的绝大部分, 表明可以用这 6 个相互独立的因子来概括不同种群间的形态变异。在主成分 1 中, A_1 、 A_2 这 2 个变量影

表 4 4 个种群日本囊对虾判别结果
Tab.4 Discrimination results for four populations of *M. japonicus*

种群	总数	预测分类				判别准确率(%)		综合
		Y_1	Y_2	Y_3	Y_4	P_1	P_2	
Y_1	60	60	0	0	0	100	100	100
Y_2	60	0	60	0	0	100	100	
Y_3	60	0	0	60	0	100	100	
Y_4	60	0	0	0	60	100	100	

响最大。

2.3.2 主成分 1、主成分 2 散布图 为了更加清楚、直观地显示出 4 个种群的差异情况, 使用主成分 1 与主成分 2 进行联合分析, 绘制散布图见图 2。从图 2 中可以直观地看出: 福建厦门、广东湛江、海南临高、养殖 4 个种群集团沿对角线逐渐向原点靠近; 广东湛江种群与海南临高种群有着最大的交叠比例, 福建厦门种群与其它 3 个种群偏离较大。说明广东湛江种群与海南临高种群形态最为接近, 而福建厦门种群趋异程度最大, 这与聚类分析结果吻合。

3 讨论

3.1 形态差异与亲缘关系

对 13 项形态比例参数的 3 种多元分析结果均表明, 4 个种群在日本囊对虾在形态上已经产生一定程度的差异, 且集中表现在体重与头胸甲长这两个形

表 5 4 个种群日本囊对虾主成分分析中的因子负荷矩阵及主成分对总变差的贡献率

Tab.5 Component matrix and contributions of principal components to total variances in PCA analysis for four populations of *M. japonicus*

形态比例参数	主成分 1	主成分 2	主成分 3	主成分 4	主成分 5	主成分 6
A_1	<u>0.750</u>	0.267	0.144	- 0.164	0.328	0.093
A_2	<u>0.581</u>	0.197	0.246	0.075	<u>0.563</u>	- 0.258
A_3	0.322	0.064	<u>0.838</u>	0.261	- 0.321	0.102
A_4	- 0.177	- 0.665	0.063	<u>0.611</u>	0.379	- 0.001
A_5	0.490	0.328	0.216	- 0.002	<u>0.561</u>	0.300
A_6	- 0.673	0.068	0.332	0.280	0.468	- 0.025
A_7	0.217	<u>0.580</u>	- 0.352	<u>0.677</u>	- 0.177	0.018
A_8	- 0.732	0.089	0.230	0.359	0.289	- 0.182
A_9	- 0.404	0.080	- 0.001	0.027	0.029	<u>0.876</u>
A_{10}	0.155	- 0.060	<u>0.775</u>	0.269	- 0.541	- 0.013
A_{11}	0.466	- 0.695	- 0.250	0.317	- 0.074	0.019
A_{12}	0.169	<u>0.573</u>	- 0.429	<u>0.657</u>	- 0.158	0.000
A_{13}	- 0.507	<u>0.709</u>	0.153	- 0.235	- 0.086	- 0.183
贡献率(%)	23.084	17.976	15.321	13.840	12.707	7.770

注: 表中下划线的数据表示主成分中影响最大的变量

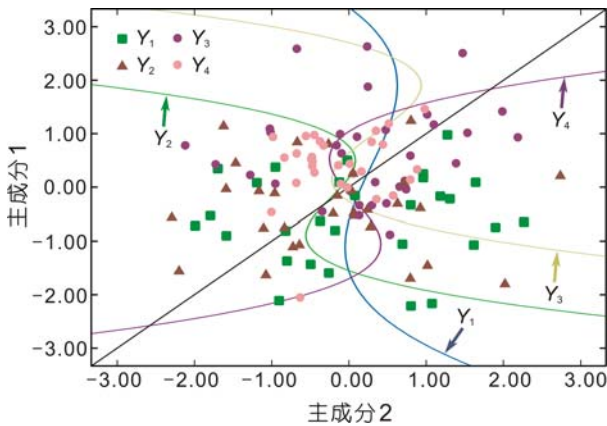


图2 4 个种群日本囊对虾主成分 1、主成分 2 散布图

Fig.2 Scatter diagram for PC1 and PC2 of *M. japonicus* from four different populations

注: 图中线条为不同种群的 1、2 主成分拟合回归线

状上。其中, 广东湛江种群与海南临高种群之间差异最小, 几乎没有差异, 笔者认为广东湛江种群与海南临高种群应属于同一个种群, 这可能与两种群的地理距离较近有关; 福建厦门种群与养殖种群、广东湛江种群、海南临高种群差异较大, 可认为是独立的另一个种群; 养殖种群与广东湛江种群、海南临高种群间的差异较之福建厦门种群与广东湛江种群、海南临高种群间的差异小; 福建厦门种群与养殖种群间的差异较之福建厦门种群与广东湛江种群、海南临高种群间的差异小, 这可能是由于养殖种群的种苗来源于福建厦门, 后在海南养殖, 养殖环境、养殖方法的不同造成了群体间性状的差异, 使得养殖种群的性状有别于其它三个种群, 成为独立的又一种群。

3.2 判别区分日本囊对虾种群的性状依据

在主成分 1 中, A_1 、 A_2 这 2 个因子负荷最大, 即体重/体长、头胸甲长/体长这两个比例参数影响最大。这说明体重、体长、头胸甲长这 3 个性状是决定 4 个种群形态分类的主要依据, 这 3 个性状不仅可用于判别这 4 个种群, 也可以运用到其他种群的鉴别中。

3.3 多元分析方法在虾类判别以及资源保护上的应用前景

传统上, 虾类的分类与鉴定, 仅限于对某几个特征性状的有或无的描述, 这对种上水平的分类十分有效, 但对于形态相似程度很高的种群鉴别, 却往往显得无能为力。而本研究所采用的聚类分析、主成分分析和判别分析这 3 种多元分析方法, 从不同的角度

反映种群间的形态学差异可较好地能在形态上对种群作出区分。目前越来越多的育种和进化方面的研究, 是利用多元分析和数值分类方法进行的, 如中华绒螯蟹(*Eriocheir sinensis*) (王武等, 2007)、青蛤(*Cyclina sinensis*) (么宗利等, 2007)、文蛤(*Meretrix meretrix*) (冯建彬等, 2005)、三角帆蚌(*Hyriopsis cumingii* Lea) (钱荣华等, 2003)、尼罗罗非鱼(*Tilapia nilotica*) (李思发等, 1998) 等。

参 考 文 献

- 么宗利, 王 慧, 周 凯等, 2007. 我国 5 个青蛤地理种群形态差异分析. 海洋水产研究, 28(2): 63—70
- 王 武, 徐 灿, 张文博等, 2007. 4 个地方种群绒螯蟹形态差异的比较研究. 水产渔业科学, 23(6): 648—653
- 王克行, 1997. 虾蟹类增殖学. 北京: 中国农业出版社, 218
- 冯建彬, 李家乐, 王美珍等, 2005. 我国 4 海区不同种群文蛤形态差异与判别分析. 浙江海洋学院学报, 24(4): 318—323
- 孙成波, 陈国良, 童汉荣等, 2009. 美国 4 个凡纳滨对虾 (*Litopenaeus vannamei*) 种群形态差异与判别分析. 海洋与湖沼, 40(1): 27—32
- 李 锋, 林继辉, 刘楚吾, 2006. 凡纳滨对虾引进亲虾及其子一代的遗传多样性研究. 海洋科学, 30(9): 64—68
- 李思发, 李晨虹, 李家乐, 1998. 尼罗罗非鱼品系间形态差异分析. 动物学报, 44(4): 450—457
- 张永普, 林志华, 应雪萍, 2004. 不同地理种群泥蚶的形态差异与判别分析. 水产学报, 28(2): 339—342
- 张留所, 相建海, 2005. 凡纳滨对虾微卫星位点在两个选育家系中遗传的初步研究. 遗传, 27(6): 919—924
- 赵晓勤, 倪 娟, 陈立侨等, 2006. 日本沼虾 4 个种群的形态差异分析. 中国水产科学, 13(2): 224—229
- 钱荣华, 李家乐, 董志国等, 2003. 中国五大湖三角帆蚌形态差异分析. 海洋与湖沼, 34(4): 436—443
- 高宝全, 刘 萍, 李 健等, 2007. 三疣梭子蟹 4 个野生种群形态差异分析. 中国水产科学, 14(2): 223—228
- 郭 惠, 陈立桥, 杨国梁等, 2006. 不同罗氏沼虾种群形态差异的比较研究. 中国水产科学, 7(4): 530—535
- Alcivar-Warren A, Overstreet R M, Dhar A K, 1997. Genetic susceptibility of cultured shrimp (*Penaeus vannamei*) to infection hypodermal and hematopoietic necrosis virus and *Baculovirus penaei*: Possible relationship with growth and metabolic gene expression. J Invertebr Pathol, 70(3): 190—197
- Cruz P, Ibarra A M, Mejia-Ruiz H *et al*, 2004. Genetic variability assessed by microsatellites in a breeding program of pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). Mar Biotechnol (NY), 6: 157—164

ANALYSIS OF MORPHOLOGICAL VARIATIONS AMONG THREE WILD AND ONE CULTIVATION POPULATIONS OF *MARSUPENAEUS JAPONICUS*

LI Yi-Jun¹, LI Ting¹, WANG Ping², SUN Cheng-Zhi², CAI Jing-Jing², SUN Cheng-Bo¹

(1. Fisheries College of Guangdong Ocean University, Zhanjiang, 524088;

2. Hainan Changjiang Nanjiang Bio-Technology Co., Ltd, Sanya, 572000)

Abstract Morphological differences among four groups of *Marsupenaesus japonicus* were studied with 13 morphological parameters using three multivariation analysis methods (cluster analysis, discriminant analysis, and component analysis). Cluster analysis showed that clams from the Guangdong Zhanjiang and Hainan Lingao population were rather similar in morphology, whereas the Fujian Xiamen population differed greatly from other populations. Through principal component analysis, six principal components were established, with their contributory rates being 23.084%, 17.976%, 15.321%, 13.84%, 12.707%, and 7.770%, respectively, and the cumulative contributory rate being 90.699%. The stepwise discrimination analysis revealed that the four populations differed significantly in morphology ($P < 0.01$). Further, the discrimination functions of the four populations were set up, the discrimination accuracy being 100% for both P_1 and P_2 , and the integrative discrimination accuracy being 100%. The overall results indicate that blind seed selection is relevant to the miniaturization of the cultured population, and that there are some morphological differences among the four populations, e.g. characteristics of carapace.

Key words *Marsupenaesus japonicus*, Morphological difference, Cluster analysis, Discriminant analysis, Principal component analysis