

红鳍东方鲀(*Takifugu rubripes*)三个不同群体的形态差异分析*

马爱军^{1,2} 王新安^{1,2} 孙志宾^{1,2} 赵艳飞¹ 孙建华^{1,2} 王广宁^{1,2}
孟雪松³ 刘圣聪³ 张 涛³

(1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所 农业部海洋渔业可持续发展重点实验室 青岛市海水鱼类种子工程与生物技术重点实验室 青岛 266071; 2. 青岛海洋科学与技术国家实验室海洋生物学与生物技术功能实验室 青岛 266071; 3. 大连天正实业有限公司 大连 116000)

摘要 对 3 个不同群体红鳍东方鲀(*Takifugu rubripes*)进行 16 项形态性状的测定,采用 3 种多元统计分析方法和方差分析方法,比较了 3 个群体的外部形态特征。聚类分析结果表明,3 个红鳍东方鲀群体中,日本群体(J)和养殖群体(R)的差异最大,野生群体(Y)和养殖群体(R)的差异最小。主成分分析构建了 3 个反映形态特征信息的综合性指标——主成分 1、主成分 2 和主成分 3,三者的贡献率分别为 54.961%、12.129%和 6.459%,三个主成分的累积贡献率为 73.549%,3 群体之间存在明显的偏离,形成三个不同的类群,其中,养殖群体(R)和日本群体(J)间的形态差异最大,野生群体(Y)和养殖群体(R)的形态差异最小。判别分析表明,3 个红鳍东方鲀群体的形态差异基本上达到差异显著($P<0.05$)或极显著水平($P<0.01$),利用贡献率最大的 6 个参数建立了 3 个群体的判别函数,其判别准确率分别为 97.69%—100%(P_1)、97.39%—100%(P_2),综合判别率为 98.62%,可以认为逐步判别法对于红鳍东方鲀不同群体的初步鉴定是可行的。方差分析多重比较结果表明,3 个群体在部分形态特征上表现出明显差异,其中,养殖群体(R)和日本群体(J)之间形态特征差异显著指标最多,养殖群体(R)和野生群体(Y)之间形态特征差异显著指标最少。显然,聚类分析、主成分分析、判别分析和方差分析的结论基本上是类似的,它们从不同角度反映了群体间的形态学差异。

关键词 红鳍东方鲀; 形态差异; 聚类分析; 判别分析; 主成分分析

中图分类号 S965 **doi:** 10.11693/hyhz20150300083

红鳍东方鲀(*Takifugu rubripes*),隶属于鲀形目(Tetraodontiformes)、鲀科(Tetraodontidae)、东方鲀属(*Takifugu*),是具有海江洄游习性的底栖鱼类,主要分布在黄海、渤海和东海。红鳍东方鲀肉味鲜美,营养丰富,脂肪含量低,含有丰富的多种有益微量元素,是经济价值较高的鱼种之一(Aparicio *et al.*, 2002; Asakawa *et al.*, 2010)。近年来,红鳍东方鲀在我国大连、秦皇岛、唐山、天津等地区开始大量养殖,已成为我国沿海河豚渔业的主要养殖种类,随着养殖规

模扩大,生长速度慢、产量低、发病率高、种质退化现象不断发生,加之种质不纯正、养殖技术不规范等现象,严重制约了红鳍东方鲀养殖业的发展。因此,培育出优质、高产的红鳍东方鲀新品种,并进行低毒养殖是我国河豚养殖产业可持续发展的需求。

对于动物的选择育种,育种基础群体遗传背景分析是育种工作的基础,它可以评估遗传育种的潜力,决定着选择育种所能取得的遗传进展,甚至育种工作的成败。动物育种基础群体遗传变异的研究

* 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金资助,20603022012005 号;大连金州新区科技计划项目资助,2012-B1-012 号。马爱军,博士,研究员,博士生导师,E-mail: maaj@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2015-03-19, 收修改稿日期: 2015-05-13

目前主要利用分子生物学(徐成等, 2001; 全迎春等, 2006; Chistiakov *et al*, 2009)和生物多元统计(马爱军等, 2008; 王新安等, 2008)的方法进行。有关红鳍东方鲀选育群体的遗传变异已有利用分子生物学对其进行研究(郝君等, 2006; 万玉美等, 2011), 但通过生物多元统计的方法对其进行研究尚未见有报道。目前, 本课题组正在开展红鳍东方鲀的良种选育研究, 也利用微卫星 DNA 遗传多样性研究分析了所收集选育群体的遗传变异。本研究采用聚类分析、主成分分析和判别分析三种生物多元统计方法和单因子方差分析方法对红鳍东方鲀三个选育群体的遗传背景进行分析, 以期对红鳍东方鲀良种选育工作提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 材料来源

本研究所用数据为 3 个不同群体的红鳍东方鲀

生长性能测定资料。其中, 大连天正实业有限公司人工养殖群体, 记为 R; 大连天正从日本引进的群体, 记为 J; 大连天正在黄海捕捞的野生群体, 记为 Y。不同群体的培育, 维持各项养殖管理条件基本一致。分别对 3 个群体进行数据采集时, 为消除个体规格差异对实验结果的影响, 所采用数据的大小规格应尽量接近。观察样本的数量和规格见表 1。

1.2 数据分析

1.2.1 性状测量 实地随机抽样, 逐尾用游标卡尺、直尺等测量工具测定 3 个不同群体的形态学性状。群体测量参数包括全长(TL)、体长(BL)、体高(BD)、头长(HL)、眼后头长(EH)、吻长(SL)、口宽(MW)、眼径(ED)、眼间距(IS)、尾柄长(CPL)、尾柄高(CPD)、尾柄宽(CPB)、体宽(BW)、头长+躯干长(HL+TR)、尾长(TA)、体周长 1(BG1)(沿背鳍前环躯干长度)、体周长 2(BG2)(沿胸鳍后环躯干长度)等 17 个形态性状(图 1), 精确到 0.01cm。

表 1 红鳍东方鲀 3 个不同群体的观测样本数量和规格

Tab.1 The numbers and sizes of samples from three different populations of *T. rubripes*

群体	样本数	体长(cm)		体质量(kg)	
		范围	平均值	范围	平均值
日本(J)	153	22—33	28.475±1.624	0.470—1.22	0.843±0.135
野生(Y)	169	21—35.5	30.979±1.985	0.327—0.970	0.892±0.109
养殖(R)	39	22—34	32.112±2.022	0.389—1.033	0.977±0.176

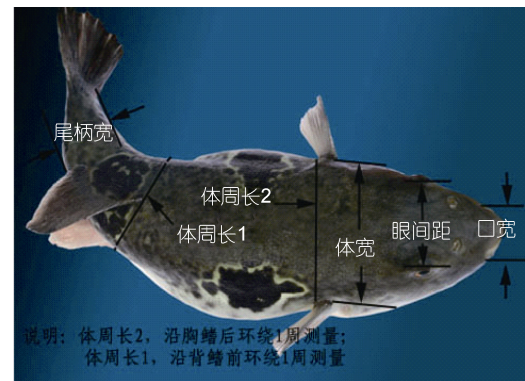
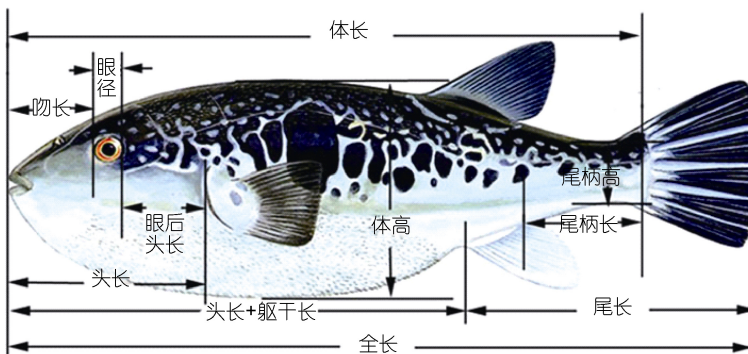


图 1 红鳍东方鲀形态学测量位点

Fig.1 The morphological and mark points for measurement of *T. rubripes*

1.2.2 数据处理 对于上述所得的形态学特征数据与其体长(BL)的比值作为形态度量分析的性状值, 以消除样本个体大小差异对形特征的影响(王新安等, 2008)。共得到 16 个比例性状, 采用统计软件 SPSS11.5 进行以下统计分析。

(1) 聚类分析 参照等 Betal 等(2004)、钱荣华

等(2003)的方法, 利用软件分析所得欧几里德距离(Euclidean Distance)和相似系数(Coefficients)进行群体聚类, 用树形图显示群体间的亲疏程度。

(2) 主成分分析 参照 Moralev(2001)、苏金明等(2002)的方法, 通过软件分析, 从所有参数指标中得出 3 个综合性指标, 即 3 个主成分; 计算机软件分

析将输出主成分 1、主成分 2 和主成分 3 的贡献率及三者累积贡献率, 显示各主成分的特征向量。

(3) 判别分析 采用逐步分析 (Use stepwisemethod) 的方法对所有参数进行校正, 对所有的样本进行逐个判别。判别准确率的计算公式:

判别准确率 $P_1 = (\text{判断正确的红鳍东方鲀尾数} / \text{实际判别的该群体尾数}) \times 100\%$

判别准确率 $P_2 = (\text{判别正确的红鳍东方鲀尾数} / \text{判入该群体尾数}) \times 100\%$

$$\text{综合判别率 } P_2 = \left(\sum_{i=1}^K A_i / \sum_{i=1}^K B_i \right) \times 100\%$$

式中, A_i 为群体判别正确的七带石斑鱼数, B_i 为实测的群体样本数, K 为群体数。

(4) 单因子方差分析 运用 SPSS11.5 软件, 采用单因子方差分析 (One-way ANOVA), 并采用 Duncan 法进行组间多重比较分析不同群体间的形态差异。

2 结果与分析

2.1 聚类分析

利用系统聚类分析, 日本群体(J)、野生群体(Y)和养殖群体(R)间的平均欧式距离见表 2, 聚类结果见图 2。从图 2 可见: 日本群体(J)和养殖群体(R)先聚在一起, 与养殖群体(R)一起被归为一类, 然后再与野生群体(Y)聚在一起, 而野生群体(Y)被归为另外一类。这说明野生群体(Y)与养殖群体(R)的形态较为相似。从表 2 可见: 野生群体(Y)和养殖群体(R)的欧式距离为 0.388839, 与日本群体(J)的欧式距离为 0.536764, 养殖群体(R)和日本群体(J)间的欧式距离最大, 为 0.711762。

表 2 红鳍东方鲀 3 个群体间的欧氏距离
Tab.2 The Euclidean distance among three *T. rubripes* populations

群体	日本群体(J)	野生群体(Y)	养殖群体(R)
日本群体(J)	—	0.536764	0.711762
野生群体(Y)	0.536764	—	0.388839
养殖群体(R)	0.711762	0.388839	—

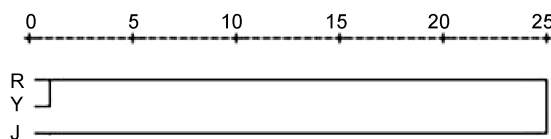


图 2 3 个不同群体的聚类分析树形图

Fig.2 Hierarchical dendrogram of three different populations of *T. rubripes*

R. 养殖群体; Y. 野生群体 2; J. 日本群体。下同

2.2 主成分分析

对红鳍东方鲀 3 个群体的 16 个形态比例性状进行主成分分析, 共获得 3 个主成分。16 个性状对 3 个主成分的特征向量及 3 个主成分的方差贡献率见表 3。结果表明: 第一个主成分贡献率为 54.961%, 根据主成分特征向量分量的绝对值可知, 主要反映 CPB/BL、CPD/BL、TA/BL、HL/BL、CPL/BL、BW/BL、MW/BL、BG2/BL、ED/BL 和 TR/BL 等指标, 其中 CPB/BL、CPD/BL、TA/BL 的影响最大; 第二个主成分贡献率为 12.129%, 明显比第一主成分低得多, 主要反映 BD/BL、IS/BL 和 TL/BL 等指标; 第三个主成分更低, 贡献率仅为 6.459%, 主要反映指标 EH/BL。三个主成分的累积贡献率为 73.549%, 未达到累积贡献率大于或等于 85% 的要求, 说明难以用几个相互独立的因子来概括红鳍东方鲀不同群体间的形态差异。

表 3 红鳍东方鲀 3 个群体的 16 个性状对 3 个主成分的特征向量及主成分的贡献率

Tab.3 Eigenvectors and cumulative contribution rates of three principal components from the 16 traits of three *T. rubripes* populations

性状	主成分		
	1	2	3
BG1/BL	0.744	-0.004	0.105
TL/BL	0.011	0.728	-0.399
HL/BL	0.986	-0.041	-0.057
TR/BL	0.934	-0.082	-0.086
TA/BL	0.990	-0.002	0.030
CPL/BL	0.981	0.023	0.038
SL/BL	0.884	-0.060	-0.011
EH/BL	0.082	0.414	0.847
ED/BL	0.958	-0.084	0.036
CPD/BL	0.991	0.006	0.045
BD/BL	0.166	0.902	-0.106
MW/BL	0.966	-0.110	-0.082
BW/BL	0.967	-0.066	-0.023
IS/BL	0.239	0.860	0.022
CPB/BL	0.993	-0.012	0.027
BG2/BL	0.966	0.012	-0.058
各主成分贡献率(%)	54.961	12.129	6.459
累积贡献率(%)	54.961	67.090	73.549

用红鳍东方鲀 3 个不同群体的主成分 1、主成分 2 和主成分 3 绘制三维空间主成分分析图, 结果如图 3 所示。主成分 1 主要反映了 CPB/BL、CPD/BL、TA/BL、HL/BL、CPL/BL、BW/BL、MW/BL、BG2/BL、ED/BL 和 TR/BL 等指标, 主成分 2 主要反映了

BD/BL、IS/BL 和 TL/BL 等指标, 而主成分 3 主要反映指标 EH/BL。从图 3 中可以看出: 3 个群体间的形态差异分化明显, 形成三个不同的类群, 3 群体在主成分 1 轴上的差异较在主成分 2 轴及主成分 3 轴上的差异明显。图中显示, 野生群体(Y)和养殖群体(R)的形态差异较小, 与日本群体(J)的形态差异稍大, 养殖群体和日本群体(J)间的形态差异最大。

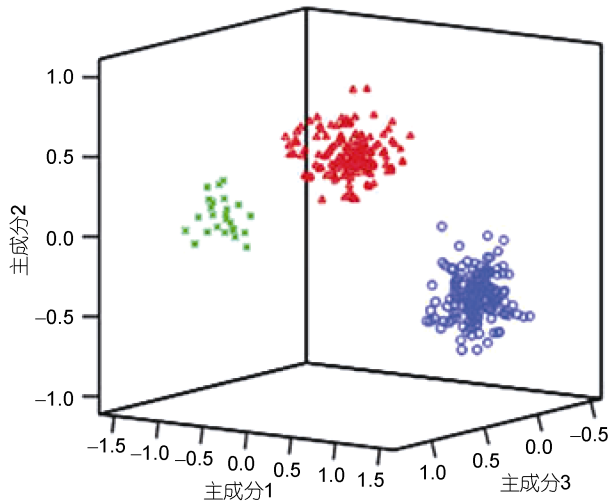


图 3 3 个群体红鳍东方鲀主成分 1、主成分 2 和主成分 3 的散布图

Fig.3 Scatter diagram for PC1, PC2, and PC3 of Plot of *T. rubripes* form three different populations
蓝色(○)表示 J; 红色(●)表示 Y; 绿色(×)表示 R

2.3 判别分析

利用逐步判别法, 对 16 个形态比例参数进行判别分析。结果表明, 除 TA/BL 和 EH/BL 两个比例性状外, 其余 14 个比例性状依次进入判别公式, 此时, 判别准确率和综合判别率均为 100%。显然, 包含 14 个比例性状的判别公式对群体的判别是非常精确的, 但同时工作量也很大, 理想的判别公式应该既具有较高的判别率, 又具有很强的实用性。因此, 为了建立简便实用的判别公式, 在确保一定判别准确率的前提下, 进一步筛选出贡献较大的形态比例参数, 并建立判别公式。从 14 个特征性状中筛选出对区分三类群体有显著贡献的 6 个变量, 即 IS/BL、TL/BL、BD/BL、ED/BL、BG2/BL 和 BW/BL 进行判别分析, F 检验的结果表明, 这 6 个性状均达到极显著水平 ($P < 0.01$)。根据 6 个参数所建立的 3 个群体的判别公式为:

$$\text{日本群体(J): } Y = -324.718 + 337.267X_1 + 477.595X_2 + 101.732X_3 - 227.039X_4 + 191.878X_5 - 341.491X_6$$

$$\text{野生群体(Y): } Y = -367.972 + 822.610X_1 + 464.599X_2 + 93.925X_3 + 361.016X_4 + 143.064X_5 - 378.003X_6$$

$$\text{养殖群体(R): } Y = -177.218 + 312.496X_1 + 328.871X_2 - 136.590X_3 + 215.779X_4 + 21.577X_5 + 48.104X_6$$

式中, X_1 、 X_2 、 X_3 、 X_4 、 X_5 和 X_6 分别表示 IS/BL、TL/BL、BD/BL、ED/BL、BG2/BL 和 BW/BL。

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。三个群体的判别准确率 P_1 依次为 99.33%、97.69% 和 100%, 判别准确率 P_2 依次为 97.39%、100% 和 97.44%, 综合判别率为 98.62%。 F 检验结果表明判别效果较好 ($P < 0.01$), 因此, 群体的判别公式是可靠的。显然, 对 3 个群体进行判别时, 尽管包含 6 个比例性状的判别公式比包含 14 个性状的判别公式的准确率稍有降低, 但各类判别率依然很高 ($> 97.36\%$), 同时工作量大大降低, 因此可在实际工作中进行应用。要判断某尾红鳍东方鲀所归属的群体, 只需测出上述 6 个形态比例参数, 分别代入上述 3 个判别公式, 计算出 3 个函数值, 以函数值最大的判别函数所对应的群体名称作为该个体的群体名。

表 4 基于 6 个贡献显著的比率变量判别函数对 3 个群体判别分析结果

Tab.4 Results of discriminant analysis of three populations of *T. rubripes* based on three discriminant functions with six significant ratio variables

群体类型	预测分类			判别准确率		综合判别率 (%)
	J	Y	R	P_1 (%)	P_2 (%)	
J	149	0	1	99.33	97.39	98.62
Y	4	169	0	97.69	100	
R	0	0	38	100	97.44	
合计	153	169	39			
百分率(%)	42.38	46.81	10.80			

2.4 单因子方差分析

对红鳍东方鲀 3 个群体的 16 个形态比例性状分别进行单因子方差分析, 并对差异显著者在两两群体间进一步进行多重比较分析, 分析结果见表 5。方差分析结果表明: 在群体间所比较的 16 个形态比例性状值中, 除比例性状 MW/BL 差异不显著 ($P > 0.05$) 外, 其余均达到显著 ($P < 0.05$) 或极显著水平 ($P < 0.01$)。两两比较结果表明: 养殖群体(R)和日本群体(J)之间差异显著的有 15 项, 其中 12 项达到极显著水平; 养殖群体(R)和野生群体(Y)之间差异显著的有 8 项, 其中 6 项达到极显著水平; 日本群体(J)和野生群体(Y)之间差异显著的有 13 项, 其中 9 项达到极显著水平。

表 5 3 个群体 16 个比例性状的平均值
Tab.5 Means of the 16 morphometric traits in three populations

性状	J	Y	R
BG1/BL	1.031±0.677 ^{AB}	0.701±0.025 ^B	0.774±0.075 ^A
TL/BL	1.173±0.009 ^{Aa}	1.151±0.194 ^{Ba}	1.220±0.040 ^{AB}
HL/BL	0.355±0.301 ^{ab}	0.298±0.065 ^b	0.276±0.022 ^a
TR/BL	0.380±0.324 ^{Ba}	0.514±0.167 ^{AB}	0.321±0.028 ^{Aa}
TA/BL	0.627±0.536 ^{AB}	0.346±0.084 ^B	0.333±0.027 ^A
CPL/BL	0.401±0.372 ^{AB}	0.140±0.040 ^B	0.183±0.021 ^A
SL/BL	0.140±0.126 ^A	0.128±0.154 ^a	0.090±0.009 ^{Aa}
EH/BL	0.172±0.080 ^{Aa}	0.148±0.050 ^a	0.140±0.008 ^A
ED/BL	0.043±0.037 ^{Aa}	0.034±0.022 ^{Ba}	0.017±0.001 ^{AB}
CPD/BL	0.215±0.183 ^{AB}	0.013±0.03 ^B	0.103±0.012 ^A
BD/BL	0.243±0.006 ^{AC}	0.200±0.040 ^{BC}	0.232±0.018 ^{AB}
MW/BL	0.127±0.110	0.119±0.048	0.105±0.007
BW/BL	0.348±0.292 ^A	0.397±0.093 ^B	0.235±0.030 ^{AB}
IS/BL	0.220±0.001 ^{AC}	0.184±0.031 ^{AC}	0.200±0.012 ^{AB}
CPB/BL	0.227±0.201 ^{AB}	0.148±0.030 ^B	0.119±0.015 ^A
BG2/BL	0.860±0.738 ^{Ba}	0.396±0.100 ^{AB}	0.660±0.054 ^{Aa}

实验数值上标表示多重比较结果, 上标中含有相同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$), 含有相同大写字母表示差异极显著 ($P<0.01$)

3 讨论与结论

目前, 动物群体差异分析主要有分子生物学(徐成等, 2001; 全迎春等, 2006; Chistiakov *et al*, 2009)和生物多元统计(马爱军等, 2008; 王新安等, 2008)两种方法。由于实验材料易得, 操作简便, 生物多元统计方法近年来得到广泛应用(钱荣华等, 2003; 马爱军等, 2008; 王新安等, 2008; 李义军等, 2010; 董志国等, 2010)。具体来说, 多元统计就是研究客观事物中多个变量(或多个因素)之间相互依赖的统计规律性, 它的重要基础之一是多元正态分析, 又称多元分析。近年来, 随着统计理论研究的不断深入, 多元统计分析方法的内容一直在丰富。其中, 主要内容包括多元正态总体参数估计、假设检验和常用的多元统计方法。多元正态总体参数估计、假设检验是多元统计推断的核心和基础, 而常用的多元统计分析方法则是具体应用。从形式上, 常用多元统计分析方法可划分为两类: 一类属于单变量常用的统计方法在多元随机变量情况下的推广和应用, 如多元回归分析、典型相关分析等; 另一类是对多元变量本身进行研究所形成的一些特殊方法, 如主成分分析、因子分析、聚类分析、判别分析、对应分析等。在动物领域, 通常利用主成分分析、聚类分析和判别分析对群体差异进行综合判

定(钱荣华等, 2003; 马爱军等, 2008; 王新安等, 2008; 李义军等, 2010; 董志国等, 2010)。

本文利用聚类分析、主成分分析和判别分析三种常用的生物多元统计方法以及单因子方差分析的方法对 3 个不同群体红鳍东方鲀的形态差异进行了研究。聚类分析是对不同群体进行初步归类, 量化群体间的差异程度, 常被用来对分析对象的相似程度进行分析(蔡庆华, 1990; 李勤生等, 1991)。本研究中, 从聚类分析树形图和群体间的欧式距离可以看出, 3 个不同群体的红鳍东方鲀群体间, 日本群体(J)和养殖群体(R)的差异最大, 野生群体(Y)和养殖群体(R)的差异最小, 野生群体(Y)和日本群体(J)的差异处于中间位置。主成分分析是一种将原来多个彼此相关的指标转换为新的、个数较少且相互独立或不相关综合指标的方法, 可以化简为繁, 且不损失或很少损失原有信息, 在体型分析中已得到广泛应用(钱荣华等, 2003; 魏开建等, 2003)。将多个形态比例性状综合成少数几个因子, 从而得出不同群体的差异大小, 并可根据不同群体的主成分值找出各群体在各主成分值上差异较大的参数(钱荣华等, 2003; 韩冰等, 2007)。在本研究中, 从主成分分析图上可以看出, 3 个不同群体的红鳍东方鲀群体, 形态差异分化明显, 形成三个不同的类群, 野生群体(Y)和养殖群体(R)的形态偏离较小, 与日本群体(J)的形态偏离稍大, 养殖群体(R)和日本群体(J)间的形态偏离最大。这与聚类分析的结果相同。判别分析是鉴定鱼类群体的常用方法之一, 用构建的判别公式可以较准确地进行群体的判别(练青平等, 2011)。在本研究的判别分析中, 利用贡献率最大的 6 个参数 IS/BL、TL/BL、BD/BL、ED/BL、BG2/BL 和 BW/BL 构建了 3 个判别函数, 对 3 种鱼样本的综合判别准确率为 98.62%, 错判率仅为 1.38%。显然, 本函数的判别效果较好。进一步观察发现, 进入判别函数的贡献率最大的 3 个参数 IS/BL、TL/BL、BD/BL 是主成分分析中主成分 2 所反映的指标, 另 3 个贡献率大的参数 ED/BL、BG2/BL 和 BW/BL 是主成分 1 所反映的指标。对红鳍东方鲀 3 个群体的 16 个形态比例性状方差分析多重比较的结果表明, 养殖群体(R)和日本群体(J)之间差异显著的有 15 项, 其中 12 项达到极显著水平; 养殖群体(R)和野生群体(Y)之间差异显著的有 8 项, 其中 6 项达到极显著水平; 日本群体(J)和野生群体(Y)之间差异显著的有 13 项, 其中 9 项达到极显著水平, 显然, 从方差分析的结果可以看出, 养殖群体(R)和日本群体(J)之间差异最大,

养殖群体(R)和野生群体(Y)之间差异最小。综合 3 种生物多元统计分析和方差分析的结果可以看出, 方差分析与聚类分析、主成分分析和判别分析的结论基本上是类似的, 但也存在少许差异, 它们从不同的角度反映了群体间的形态学差异, 其作用是不可相互替代的。

事实上, 基于生物多元统计的方法对动物群体差异进行研究, 想要得到精确的结果并非一项容易的工作。这主要是由于动物群体尺寸规格的差异会使研究结论失真, 出现“假分离”现象。为消除群体大小差异对研究结果的影响, 通常情况下, 采用所采集的形态特征数据与其体长的比值作为形态度量分析的性状值, 本文也对分析数据进行了这种处理。然而, 这种转换方法也只是在一定程度上减弱了群体差异对研究结果的影响, 因为即使是对相同的动物群体, 在不同发育阶段的表型形态的比值范围也是不同的。因此, 利用生物多元统计研究不同动物群体差异的良好方法, 是在尽量缩小不同群体大小规格差异的前提下, 同时采用生物多元统计和分子生物学的方法对相同的研究对象进行研究, 即: 分子生物学的研究材料来源于生物多元统计的研究个体, 对两种研究结论综合分析, 得出较为准确的结论。

参 考 文 献

- 万玉美, 王 蕾, 谭照君等, 2011. 红鳍东方鲀两个群体的遗传结构及与经济性状的相关性分析. 淡水渔业, 41(5): 9—16
- 马爱军, 王新安, 雷霖霖等, 2008. 大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)四个不同地理群体数量形态特征比较. 海洋与湖沼, 39(1): 24—29
- 王新安, 马爱军, 陈超等, 2008. 七带石斑鱼(*Epinephelus septemfasciatus*)两个野生群体形态差异分析. 海洋与湖沼, 39(6): 655—660
- 全迎春, 李大宇, 曹鼎辰等, 2006. 微卫星 DNA 标记探讨镜鲤的种群结构与遗传变异. 遗传, 28(12): 1541—1548
- 苏金明, 傅荣华, 周建斌等, 2002. 统计软件 SPSS 系列应用实战篇. 北京: 电子工业出版社, 290—301
- 李义军, 李 婷, 王 平等, 2010. 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. 海洋与湖沼, 41(4): 500—504
- 李勤生, 蔡庆华, 华 俐等, 1991. 东湖异养细菌群落的分类结构和聚类分析. 水生生物学报, 15(3): 242—253
- 练青平, 宓国强, 胡廷尖等, 2011. 唇鱼骨、花鱼骨及其杂交 F₁ 的形态差异分析. 大连海洋大学学报, 26(6): 493—499
- 郝 君, 孙效文, 孟雪松, 2006. 红鳍东方鲀微卫星 DNA 多态性初步分析. 上海水产大学学报, 15(1): 21—24
- 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
- 徐 成, 王可玲, 张培军, 2001. 鲈鱼群体生化遗传学研究. 种群生化遗传结构及变异. 海洋与湖沼, 32(3): 248—254
- 董志国, 李晓英, 阎斌伦等, 2010. 中国海五种群三疣梭子蟹的形态差异分析. 海洋通报, 29(4): 421—426
- 韩 冰, 王艳君, 高天翔, 2007. 黄、东海 3 个黄姑鱼群体和 1 个鲈鱼群体的形态学比较研究. 海洋水产研究, 28(3): 23—30
- 蔡庆华, 1990. 武汉东湖浮游植物水华的多元分析. 水生生物学报, 14(1): 22—31
- 魏开建, 熊邦喜, 赵小红等, 2003. 五种蚌的形态变异与判别分析. 水产学报, 27(1): 13—18
- Aparicio S, Chapman J, Stupka E *et al*, 2002. Whole-genome shotgun assembly and analysis of the genome of *Fugu rubripes*. Science, 297(5585): 1301—1310
- Asakawa M, Fujita Y, Yasui K *et al*, 2010. Anthelmintic effects of excitatory amino acids in red algae for parasitic copepods of cultured pufferfish. In: Aquaculture 2010-Meeting. San Diego, California: The World Aquaculture Society, 136
- Betal S, Chowdhury P R, Kundu S *et al*, 2004. Estimation of genetic variability of *Vigna radiate* cultivars by RAPD analysis. Biologia Plantarum, 48(2): 205—209
- Chistiakov D A, Voronova N V, 2009. Genetic evolution and diversity of common carp *Cyprinus carpio* L. Central European Journal of Biology, 4(3): 304—312
- Moralev S N, 2001. Cholinesterase active center statistical analysis of structure variability. Journal of Evolutionary Biochemistry and Physiology, 37(1): 25—34

MORPHOLOGICAL VARIATIONS AMONG THREE DIFFERENT POPULATIONS OF *TAKIFUGU RUBRIPES*

MA Ai-Jun^{1,2}, WANG Xin-An^{1,2}, SUN Zhi-Bin^{1,2}, ZHAO Yan-Fei¹, SUN Jian-Hua^{1,2},
WANG Guang-Ning^{1,2}, MENG Xue-Song³, LIU Sheng-Cong³, ZHANG Tao³

(1. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences; Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture; Qingdao Key Laboratory for Marine Fish Breeding and Biotechnology, Qingdao 266071, China; 2. Laboratory for Marine Biology and Biotechnology, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266071, China; 3. Dalian Tianzheng Industrial Co. Ltd., Dalian 116000, China)

Abstract Morphological comparison using 16 morphological indices among three populations of *Takifugu rubripes* from group R (farmed in Dalian, NE China), J (Japanese) and Y (wild one from the Yellow Sea) was conducted statistically in hierarchical cluster analysis, principal component analysis, discriminatory analysis, and one-way ANOVA analysis. The hierarchical cluster analysis showed that the morphological difference between J and R was small, while that between Y and R was the biggest. Principal component analysis revealed three principal components, contributing 54.961%, 12.129%, and 6.459%, and reaching cumulatively 73.549%. Therefore, the morphological variations among the three populations were significant ($P < 0.05$), and come mainly from the first principal component. The results of discriminant analysis revealed also a significant ($P < 0.05$) or very significant ($P < 0.01$) difference among the three groups. Three discriminant functions were obtained, the discrimination accuracy being 97.69%—100% (P_1) and 97.39%—100% (P_2), the integrated discrimination accuracy being 98.62%, which shows that it is feasible to adopt stepwise discriminatory analysis to distinguish the populations. The results of One-way ANOVA analysis and multiple comparison are in accordance with the conclusion of other methods, and they reflect morphological variations among the populations from different points of view.

Key words *Takifugu rubripes*; morphological difference; cluster analysis; discriminant analysis