

## 大口黑鲈佛山和台湾群体自交与杂交子代的 生长和形态差异分析

李江涛<sup>1</sup>, 杨凯宇<sup>1</sup>, 邱晓桐<sup>1</sup>, 方俊超<sup>1</sup>, 黄菲菲<sup>1</sup>, 邱小龙<sup>1</sup>,  
吕晓静<sup>2</sup>, 梁日深<sup>1</sup>, 李清清<sup>1</sup>, 林 鑫<sup>1</sup>

(1. 仲恺农业工程学院动物科技学院/广州市水产病害与水禽养殖重点实验室, 广东广州 510225;  
2. 仲恺农业工程学院化学工程学院, 广东广州 510225)

**摘要:** 文章以大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 佛山群体和台湾群体为亲本, 建立了佛山自交、台湾自交、正交子代 (佛山♀×台湾♂)、反交子代 (台湾♀×佛山♂) 4 个试验群体, 通过 6 个月的养殖试验, 对其生长和形态差异进行了比较。结果显示, 正反交子代的生长性能和体质量变异系数均高于 2 个亲代自交群体。形态分析结果表明, 4 个试验群体的形态差异主要集中于躯干的中部和尾部。前三主成分累计贡献率达 92.9%, 第一主成分贡献率为 71.3%, 主要反映躯体前、中部形态特征; 第二主成分贡献率为 16.6%, 主要反映躯体后部特征。前二主成分因子得分散点图中 4 个群体重叠区域较小, 可以完全区分。将可量性状和框架性状结合在一起所构建的逐步判定模型推测准确率最高 (86.7%~96.0%)。研究结果可为大口黑鲈佛山群体、台湾群体及其杂交子代的生长与形态鉴定提供基础数据。

**关键词:** 大口黑鲈; 台湾群体; 佛山群体; 杂交子代; 形态差异

中图分类号: Q 145<sup>+</sup>.1; S 917.4

文献标志码: A

开放科学 (资源服务) 标识码 (OSID):



## Comparison of growth and morphological characteristics of inbred and hybrid families of *Micropterus salmoides* from Foshan and Taiwan populations

LI Jiangtao<sup>1</sup>, YANG Kaiyu<sup>1</sup>, QIU Xiaotong<sup>1</sup>, FANG Junchao<sup>1</sup>, HUANG Feifei<sup>1</sup>, QIU Xiaolong<sup>1</sup>,  
LYU Xiaojing<sup>2</sup>, LIANG Rishen<sup>1</sup>, LI Qingqing<sup>1</sup>, LIN Li<sup>1</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering/Guangzhou Key Laboratory of Aquatic Animal Diseases and Waterfowl Breeding, Guangzhou 510225, China; 2. College of Chemistry and Chemical Engineering, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China)

**Abstract:** Taking Foshan and Taiwan populations of *Micropterus salmoides* as parents, we established four populations including Foshan inbreeding group (Foshan ♀×Foshan ♂), Taiwan inbreeding group (Taiwan ♀×Taiwan ♂), normal progeny (Foshan ♀×Taiwan ♂) and reciprocal progeny (Taiwan ♀×Foshan ♂), and carried out a 6-month experiment, in order to compare their growth and morphological characteristics. Results show that the growth performance and coefficient of variation for body mass were

收稿日期: 2020-12-25; 修回日期: 2021-02-22

资助项目: 国家自然科学基金项目 (32002375); 广东省基础与应用基础研究基金 (2020A1515410006)

作者简介: 李江涛 (1988—), 男, 博士, 特聘副教授, 从事水产种质资源研究。E-mail: jtaoli@163.com

通信作者: 林 鑫 (1970—), 男, 博士, 教授, 从事水产种质资源与病害研究。E-mail: linli@zhku.edu.cn

significantly higher in the hybrid groups than in the two inbred groups. The results of morphological analysis show that the morphological differences of the four populations were mainly in the middle part of trunk and tail. The contribution rate of the first three principal components was 92.9%, and that of the first principal component was 71.3%, mainly reflecting the morphological characteristics of the front and middle part of the body. The contribution rate of the second principal component was 16.6%, reflecting the characteristics of the tail region of fish body. In the scatter plot of the scores of the first two principal components, the four populations could be completely distinguished due to the low overlap area. The stepwise discriminant model constructed by combining measurable traits and frame traits showed the highest accuracy (86.7%–96.0%). The results provide references for the growth and morphological identification of hybrid families of *M. salmoides* from Foshan and Taiwan populations.

**Key words:** *Micropterus salmoides*; Taiwan population; Foshan population; Hybrid progeny; Morphological difference

大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 又名加州鲈, 隶属于鲈形目、鲈亚目、太阳鱼科、黑鲈属, 原自然分布于北美洲, 于 1983 年从中国台湾引入广东省<sup>[1]</sup>。大口黑鲈因具有适温范围较广、肉质鲜美、营养丰富、抗病力强、生长迅速等特点, 深受养殖户和消费者欢迎, 在我国多个省市与地区迅速推广养殖<sup>[2]</sup>。近年来国内大口黑鲈一直缺乏人工定向选育, 繁殖过程中没有严格遵守亲本选择的要求, 加之我国大陆地区引进新的种质资源相对较少<sup>[3]</sup>, 导致大口黑鲈优良性状发生明显退化<sup>[4-5]</sup>、遗传多样性显著降低<sup>[6-7]</sup>, 主要表现为抗逆性能下降、性成熟年龄缩短、生长速度变慢等<sup>[8]</sup>。孙成飞等<sup>[9]</sup>研究发现国内养殖的大口黑鲈群体遗传多样性已显著低于国外野生群体, 刘海涌等<sup>[10]</sup>研究指出国内养殖大口黑鲈的生长性能已显著下降。

生长性能和形态特征是鱼类育种过程中重要的选种参数<sup>[11]</sup>。多元统计分析已经在鱼、虾、蟹、贝等多种水产动物的生长和形态学研究中得到大量应用。在鱼类研究中, Farré等<sup>[12]</sup>、苟盼盼等<sup>[13]</sup>、李江涛等<sup>[14]</sup>分别对不同地理群体、不同家系、不同性别的鱼类形态学进行了多元统计分析。周家辉等<sup>[15]</sup>、王佩佩等<sup>[3]</sup>分别对大口黑鲈北方亚种-优鲈 1 号、北方亚种-佛罗里达亚种-优鲈 3 号之间的生长性能和形态学参数进行了多元统计分析。另外, 其他鱼类如褐点石斑鱼 (*Epinephelus fuscoguttatus*)<sup>[16]</sup>、许氏平鲈 (*Sebastes schlegeli*)<sup>[17]</sup>、大刺鲈 (*Mastacembelus armatus*)<sup>[18]</sup> 和红鳍东方鲀 (*Takifugu rubripes*)<sup>[19]</sup> 等的形态学多元统计分析也有报道。

为进一步改良大口黑鲈种质, 国内部分育种企业从我国台湾地区再次引进了大口黑鲈群体, 其遗传多样性较为丰富, 遗传改良潜力较大。但有关大口黑鲈台湾新引进群体与大陆群体及其交配子代的生长和形态差异尚不清楚。本研究运用多元统计分

析方法, 选择佛山地区群体, 将其与台湾群体进行交配试验, 分析后代与亲代的生长性能差异, 同时将传统形态学可量性状与框架结构参数相结合, 对大口黑鲈佛山群体、台湾群体及其杂交子代的形态差异进行探讨, 以期为大口黑鲈育种提供基础资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验在佛山市南海百容水产良种有限公司开展。大口黑鲈佛山群体和台湾群体均取自该公司, 其中佛山群体为本地养殖种, 台湾群体由该公司从台湾引进。从大口黑鲈佛山群体和台湾群体中挑选性腺发育较好的亲本 (体质量约 600 g) 各 30 尾, 建立了佛山自交 (佛山♀×佛山♂, 以下用 F 表示)、台湾自交 (台湾♀×台湾♂, 以下用 T 表示)、正交子代 (佛山♀×台湾♂, 以下用 FT 表示)、反交子代 (台湾♀×佛山♂, 以下用 TF 表示) 4 个试验群体, 对其生长性能和形态学差异进行比较。

### 1.2 试验方法

针对 4 个试验群体, 随机挑选鱼苗各 300 尾, 初始体质量为 (15.0±0.5) g, 用电子芯片 (Trovan 公司产, 型号 ID100, 频率 128 kHz) 进行家系标记。标记过程为: 用 MS-222 麻醉, 每次麻醉 10 尾鱼。电子芯片、注射针头等用 75% 乙醇浸泡消毒, 将包含电子芯片的注射针头插入背鳍前缘 1 cm 处, 然后与鱼体长轴呈平行向前推入芯片。标记部位经含 75% 乙醇棉球擦拭后放入 667 m<sup>2</sup> 的池塘内养殖。养殖期间采用配合饲料 (粗蛋白 48%) 进行投喂, 每日上、下午各投喂 1 次, 每日投喂量为鱼体质量的 3%~8%。养殖期间池塘水质状况基本稳定。养殖时间为 6 个月。养殖结束时根据电子芯片判定各试验群体并测量其生长和形态指标。

生长和形态指标测量过程为: 从各试验群体随机挑选试验鱼各 30 尾, 经 MS-222 麻醉后, 用电子天平 (YP-3002, 上海) 测量体质量, 然后将其躯干和尾鳍完全展开, 用直尺测量其体长 (BL) 和形态参数 (精确度为 0.1 cm)。

### 1.3 生长指标

特定生长率 (SGR)、绝对增重率 (ARG,  $g \cdot d^{-1}$ ) 和体质量变异系数 (CV) 等生长指标计算公式参考刘海涌等<sup>[10]</sup> 和周家辉等<sup>[15]</sup>:

$$SGR = [(\ln W_2 - \ln W_1) / d] \times 100\% \quad (1)$$

$$ARG = (W_2 - W_1) / d \quad (2)$$

$$CV = \text{标准差} / \text{平均体质量} \times 100\% \quad (3)$$

式中:  $W_1$  为初始体质量 (15 g);  $W_2$  为养殖结束时体质量 (g);  $d$  为养殖时间 (180 d)。

### 1.4 形态指标

形态参数包括体长 (BL)、头长 (HL)、头高 (HD)、头宽 (HB)、体高 (BD)、体宽 (BB)、叉长 (FL)、尾高 (TD) 8 个可量性状以及由吻前端、枕骨后末端、胸鳍基部、臀鳍基部、背鳍起点、背鳍末端、臀鳍起点、臀鳍末端、尾鳍起点 9 个测量坐标点之间的距离所形成的 13 个框架性状<sup>[14]</sup> (图 1)。

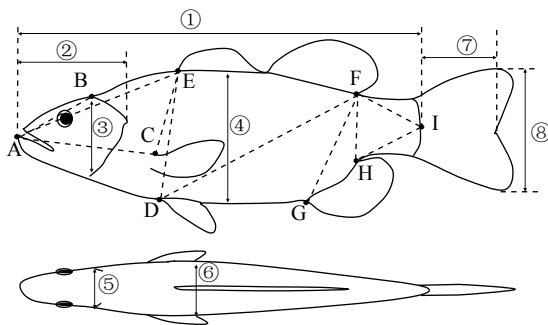


图1 大口黑鲈形态度量框架

可量性状: ① 体长; ② 头长; ③ 头高; ④ 体高; ⑤ 头宽; ⑥ 体宽; ⑦ 叉长; ⑧ 尾高; 框架结构: A. 吻端; B. 枕骨后末端; C. 胸鳍基点; D. 臀鳍基点; E. 背鳍基点; F. 背鳍末端; G. 臀鳍基点; H. 臀鳍末端; I. 尾鳍起点。

Figure 1 Morphological measures of *M. salmoides*

Measurable trait: ① Body length; ② Head length; ③ Head depth; ④ Body depth; ⑤ Head breadth; ⑥ Body breadth; ⑦ Fork length; ⑧ Tail depth; Frame structure: A. Tip of snout; B. Terminus of occipital bone; C. Origin of pectoral fin; D. Origin of anal fin; E. Origin of dorsal fin; F. Terminus of dorsal fin; G. Origin of anal fin; H. Terminus of anal fin; I. Origin of tail fin.

### 1.5 数据分析

数据分析及制图参考李江涛等<sup>[14]</sup> 和蔡磊等<sup>[20]</sup>。用 Origin 9.0 和 SPSS 19.0 软件进行制图和分析。为消除鱼体大小差异对可量性状和框架参数的影

响, 将可量性状和框架参数与体长相予以修正。描述性统计值均采用平均值±标准误 ( $\bar{X} \pm SE$ )。数据在做进一步统计分析前检验其正态性 (Kolmogorov-Smirnov test, K-S 检验)。采用单因素方差分析 (One-way ANOVA) 检验不同群体间是否具有显著性差异, 如果差异显著 ( $P < 0.05$ ), 则进一步采用最小显著差异法 (Least significant difference, LSD) 对不同群体进行两两对比。用主成分分析和逐步判别分析处理相应的数据, 其中采用 Bartlett 球形检验和 KMO (Kaiser-Meter-Olkin) 检验判断主成分分析的适宜性。

## 2 结果

### 2.1 生长对比

大口黑鲈佛山自交、台湾自交和正反交子代群体的生长指标见表 1。体长、体质量、特定生长率和绝对增重率均显示为佛山自交群体显著小于台湾自交群体 ( $P < 0.05$ ), 但上述 2 个群体的生长指标均显著小于正、反交群体 ( $P < 0.05$ )。正交群体的体长、体质量、特定生长率、绝对增长率虽然与反交群体无显著差异 ( $P > 0.05$ ), 但其平均值均高于反交群体。

体质量变异系数结果显示为正交群体最高, 反交群体其次, 台湾自交群体第三, 而佛山自交群体最低。

### 2.2 形态特征参数

大口黑鲈佛山自交、台湾自交及其正、反交子代群体的形态参数检验结果见表 2。K-S 检验显示, 大口黑鲈所有群体的形态指标均服从正态分布 ( $P > 0.05$ ), 可以进行参数检验。

单因素方差分析结果显示, 头长/体长、头高/体长、头宽/体长、吻端至枕骨末端长度 (AB)/体长、吻端至胸鳍基点长度 (AC)/体长、吻端至背鳍基点长度 (AE)/体长、胸鳍基点至背鳍基点长度 (CE)/体长、背鳍基点至背鳍末端长度 (EF)/体长、背鳍基点至臀鳍基点长度 (EG)/体长、臀鳍基点至背鳍末端长度 (GF)/体长、臀鳍基点至臀鳍末端长度 (GH)/体长、背鳍末端至臀鳍末端长度 (FH)/体长等结果在不同群体间均无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。

体高/体长、体宽/体长、臀鳍基点至背鳍基点长度 (DE)/体长、臀鳍基点至背鳍末端长度 (DF)/体长等结果展现出相似的规律: 正、反交群体均显著高于佛山自交群体 ( $P < 0.05$ ), 但均显著小于台湾自

表1 大口黑鲈4个交配组合的子代生长指标  
Table 1 Growth indices of four mating combinations of *M. salmoides*

交配组合 Mating combination		佛山自交 F	台湾自交 T	正交 FT	反交 TF	方差分析 ANOVA (Sig.)
样本数 Number		30	30	30	30	—
体长 Body length/cm	范围 Range	15.4~20.7	17.5~26.3	20.0~33.3	19.4~28.7	—
	平均值±标准误 $\bar{X} \pm SE$	18.4±0.5 <sup>c</sup>	21.5±0.9 <sup>b</sup>	24.7±1.3 <sup>a</sup>	23.5±1.1 <sup>a</sup>	<0.001
体质量 Body mass/g	范围 Range	81.3~137.1	103.4~195.9	130.3~271.3	123.1~222.1	—
	平均值±标准误 $\bar{X} \pm SE$	112.7±5.2 <sup>c</sup>	145.3±9.3 <sup>b</sup>	168.5±14.2 <sup>a</sup>	156.5±11.2 <sup>a</sup>	<0.001
特定增长率 SGR/%	范围 Range	0.94~1.23	1.08~1.43	1.21~1.61	1.17~1.50	—
	平均值±标准误 $\bar{X} \pm SE$	1.12±0.03 <sup>c</sup>	1.26±0.03 <sup>b</sup>	1.33±0.04 <sup>a</sup>	1.29±0.04 <sup>a</sup>	<0.001
绝对增重率 AGR/(g·d <sup>-1</sup> )	范围 Range	0.37~0.68	0.49~1.00	0.64~1.42	0.60~1.15	—
	平均值±标准误 $\bar{X} \pm SE$	0.54±0.03 <sup>c</sup>	0.72±0.05 <sup>b</sup>	0.85±0.08 <sup>a</sup>	0.79±0.06 <sup>a</sup>	<0.001
体质量变异系数 Body mass CV/%		15.3	21.0	27.7	24.6	—

注：同行不同字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )；后表同此。

Note: Different letters within the same line indicate significant difference ( $P < 0.05$ ); the same case in the following table.

表2 大口黑鲈4个交配组合的子代统计检验结果  
Table 2 Results of descriptive statistics of morphological parameters for four mating combinations of *M. salmoides*

形态参数 Morphological parameter	K-S检验 K-S test (Sig.)	佛山自交 F	台湾自交 T	正交 FT	反交 TF	方差分析 ANOVA (Sig.)
头长/体长 HL/BL	0.557	0.307±0.003	0.308±0.003	0.303±0.001	0.314±0.004	0.171
头高/体长 HD/BL	0.611	0.238±0.004	0.240±0.003	0.233±0.003	0.232±0.003	0.167
头宽/体长 HB/BL	0.697	0.128±0.002	0.134±0.002	0.131±0.006	0.141±0.005	0.153
体高/体长 BD/BL	0.900	0.305±0.003 <sup>c</sup>	0.336±0.003 <sup>a</sup>	0.321±0.004 <sup>b</sup>	0.323±0.005 <sup>b</sup>	<0.001
体宽/体长 BB/BL	0.770	0.149±0.004 <sup>c</sup>	0.187±0.004 <sup>a</sup>	0.168±0.003 <sup>b</sup>	0.171±0.006 <sup>b</sup>	<0.001
叉长/体长 FL/BL	0.926	0.149±0.003 <sup>a</sup>	0.109±0.003 <sup>c</sup>	0.130±0.002 <sup>b</sup>	0.136±0.004 <sup>b</sup>	<0.001
尾高/体长 TD/BL	0.995	0.306±0.005 <sup>a</sup>	0.266±0.005 <sup>c</sup>	0.288±0.006 <sup>b</sup>	0.292±0.003 <sup>b</sup>	<0.001
AB/体长 AB/BL	0.664	0.255±0.007	0.276±0.006	0.268±0.006	0.272±0.011	0.255
AC/体长 AC/BL	0.728	0.308±0.007	0.313±0.003	0.306±0.003	0.311±0.005	0.757
AE/体长 AE/BL	0.974	0.410±0.005	0.428±0.003	0.412±0.004	0.416±0.007	0.126
CE/体长 CE/BL	0.799	0.214±0.005	0.235±0.004	0.229±0.003	0.224±0.012	0.097
DE/体长 DE/BL	0.733	0.287±0.003 <sup>c</sup>	0.321±0.002 <sup>a</sup>	0.309±0.003 <sup>b</sup>	0.307±0.003 <sup>b</sup>	<0.001
DF/体长 DF/BL	0.708	0.486±0.003 <sup>c</sup>	0.522±0.004 <sup>a</sup>	0.512±0.003 <sup>b</sup>	0.505±0.004 <sup>b</sup>	<0.001
EF/体长 EF/BL	0.852	0.365±0.004	0.373±0.004	0.372±0.002	0.367±0.003	0.307
EG/体长 EG/BL	0.808	0.374±0.002	0.388±0.007	0.381±0.005	0.376±0.005	0.230
GF/体长 GF/BL	0.651	0.241±0.004	0.249±0.003	0.244±0.003	0.246±0.006	0.577
GH/体长 GH/BL	0.914	0.151±0.005	0.148±0.004	0.144±0.003	0.146±0.005	0.263
FH/体长 FH/BL	0.704	0.169±0.002	0.168±0.003	0.168±0.001	0.170±0.003	0.308
FI/体长 FI/BL	0.801	0.270±0.005 <sup>a</sup>	0.240±0.004 <sup>c</sup>	0.260±0.002 <sup>b</sup>	0.256±0.007 <sup>b</sup>	0.014
HI/体长 HI/BL	0.792	0.256±0.003 <sup>a</sup>	0.234±0.004 <sup>c</sup>	0.246±0.003 <sup>b</sup>	0.244±0.009 <sup>b</sup>	0.016

交群体 ( $P<0.05$ ); 正交群体和反交群体间无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

叉长/体长、尾高/体长、背鳍末端至尾鳍起点长度 (FI)/体长、臀鳍末端至尾鳍起点长度 (HI)/体长等结果展现出相似的规律: 正、反交群体均显著高于台湾自交群体 ( $P<0.05$ ), 但均显著小于佛山自交群体 ( $P<0.05$ ); 正交群体和反交群体间无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

### 2.3 主成分分析

Bartlett 球形检验拒绝零假设 ( $P<0.001$ ), 表明样本数据来自多元正态分布, 可以进行因子分析。KMO 检验统计量为 0.959, 说明主成分分析效果较好。大口黑鲈佛山自交、台湾自交及其正、反交子代群体的形态特征主成分分析结果见表 3。前 3 个主成分的特征根分别为 14.268、3.321 和 1.006, 累计贡献率已达 92.9%, 可舍去其余主成分。

第一主成分 (PC1) 贡献率为 71.3%, 负载量较大的为头长/体长、头高/体长、头宽/体长、体高/体长、体宽/体长、AB/体长、AC/体长、AE/体长、CE/体长、DE/体长、DF/体长、EF/体长、EG/体长等性状, 主要反映大口黑鲈躯体前中部的主体特征。第二主成分 (PC2) 贡献率为 16.6%, 负载量较大的为叉长/体长、尾高/体长、FH/体长、FI/体长、HI/体长等性状, 主要反映大口黑鲈躯体后部的主体特征。第三主成分 (PC3) 贡献率为 5.0%, 负载量较大的为 GF/体长、GH/体长等性状, 主要反映大口黑鲈躯干后部的高度特征。

前 2 个主成分累计贡献率已达 87.9%, 因此本研究取前两个主成分进行分析。对 PC1 和 PC2 的因子得分做图分析。结果显示, 无论 PC1 或 PC2, 大口黑鲈佛山自交、台湾自交及其正、反交子代群体的因子得分平均值均有一定差异 (图 2)。在 PC1 中, 4 个群体的因子得分平均值差异相对较大, 其中佛山自交和反交子代群体的因子得分平均值为负数 ( $<0$ ), 台湾自交和正交子代群体的因子得分平均值为正数 ( $>0$ )。在 PC2 中, 佛山自交和台湾自交后代群体的因子得分平均值为负数 ( $<0$ ), 正、反交子代群体的因子得分平均值为正数 ( $>0$ ), 但相比 PC1, 4 个群体间的平均值差异较小。

将 PC1 和 PC2 绘制成二维散点图, 结果见图 3。佛山自交群体与台湾自交群体重叠区域较小, 可以完全分开; 正、反交子代群体与佛山自交和台湾自交群体有少量重叠区域, 也可以完全分开; 正、反

表3 大口黑鲈形态特征变量主成分分析的负载系数  
Table 3 Load capacity of a principal component analysis on morphological variables of *M. salmoides*

形态参数 Morphological parameter	负载系数 Factor loading		
	第一主成分 PC1	第二主成分 PC2	第三主成分 PC3
头长/体长 HL/BL	0.905	-0.340	0.429
头高/体长 HD/BL	0.841	-0.450	-0.222
头宽/体长 HB/BL	0.860	-0.589	0.092
体高/体长 BD/BL	0.898	0.090	-0.026
体宽/体长 BB/BL	0.832	-0.084	-0.024
叉长/体长 FL/BL	0.075	-0.913	0.281
尾高/体长 TD/BL	0.148	-0.874	0.089
AB/体长 AB/BL	0.844	-0.422	-0.242
AC/体长 AC/BL	0.934	-0.558	0.148
AE/体长 AE/BL	0.796	0.388	-0.334
CE/体长 CE/BL	0.945	0.026	-0.593
DE/体长 DE/BL	0.885	-0.169	-0.117
DF/体长 DF/BL	0.951	0.470	-0.291
EF/体长 EF/BL	0.721	0.654	0.170
EG/体长 EG/BL	0.810	0.447	0.367
GF/体长 GF/BL	0.322	0.205	0.978
GH/体长 GH/BL	0.110	-0.171	0.831
FH/体长 FH/BL	0.534	-0.934	0.121
FI/体长 FI/BL	-0.121	0.833	-0.027
HI/体长 HI/BL	-0.206	0.820	0.537
特征根 Eigenvalue	14.268	3.321	1.006
贡献率 Contribute rate/%	71.3%	16.6%	5.0%
累计贡献率 Cumulative contribute rate/%	71.3%	87.9%	92.9%

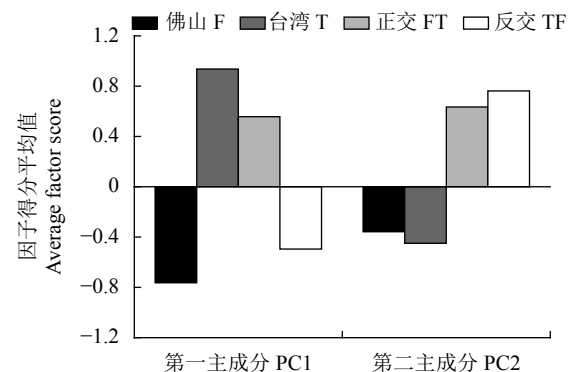


图2 大口黑鲈4个交配组合子代前二主成分因子得分平均值  
Figure 2 Average factor scores of first two axes for four mating combinations of *M. salmoides*

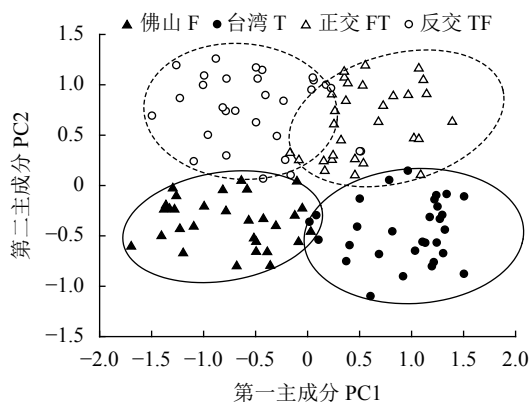


图3 大口黑鲈4个交配组合子代主成分分析二维散点图  
Figure 3 Two-dimensional scatter plot of principal component analysis for four mating combinations of *M. salmoides*

交子代群体之间重叠区域相对较大, 但绝对部分可以分开。

#### 2.4 判别模型的建立及验证

在主成分分析的基础上, 将4个群体的形态学参数(可量性状、框架性状、可量性状+框架性状)进行逐步判别分析, 根据变量对模型的贡献大小, 逐步剔除不显著相关变量, 建立相关判别模型。

1) 可量性状判定模型。从可量性状中筛选出4个参数, 分别标为  $C_1$ (头长/体长)、 $C_2$ (体高/体长)、 $C_3$ (体宽/体长)、 $C_4$ (叉长/体长), 所建判别方程为。

$$F: F_1 = 2\,930.109 \times C_1 + 1\,426.217 \times C_2 - 1\,206.644 \times C_3 + 789.804 \times C_4 - 862.590;$$

$$T: F_2 = 2\,794.276 \times C_1 + 1\,675.757 \times C_2 - 1\,199.912 \times C_3 + 631.438 \times C_4 - 885.127;$$

$$FT: F_3 = 2\,859.394 \times C_1 + 1\,615.591 \times C_2 - 1\,328.049 \times C_3 + 564.705 \times C_4 - 842.296;$$

$$TF: F_4 = 2\,913.982 \times C_1 + 1\,544.529 \times C_2 - 1\,155.888 \times C_3 + 799.977 \times C_4 - 886.595;$$

2) 框架性状判定模型。从框架性状中筛选出7个参数, 分别标为  $C_1$ (AB/体长)、 $C_2$ (CE/体长)、 $C_3$ (DE/体长)、 $C_4$ (DF/体长)、 $C_5$ (GH/体长)、 $C_6$ (FH/体长)、 $C_7$ (FI/体长), 所建立的判别方程为:

$$F: F_1 = -459.804 \times C_1 - 4.476 \times C_2 + 3\,137.996 \times C_3 + 453.545 \times C_4 - 512.876 \times C_5 - 148.940 \times C_6 + 2\,475.763 \times C_7 - 1\,901.101;$$

$$T: F_2 = -491.921 \times C_1 - 78.727 \times C_2 + 3\,328.390 \times C_3 + 495.650 \times C_4 - 622.030 \times C_5 - 116.331 \times C_6 + 2\,622.602 \times C_7 - 2\,058.584;$$

$$FT: F_3 = -460.538 \times C_1 - 55.070 \times C_2 + 3\,178.769 \times$$

$$C_3 + 504.202 \times C_4 - 585.142 \times C_5 + 21.252 \times C_6 + 2\,506.608 \times C_7 - 1\,960.169;$$

$$TF: F_4 = -443.865 \times C_1 - 18.225 \times C_2 + 3\,128.327 \times C_3 + 444.919 \times C_4 - 445.649 \times C_5 + 58.312 \times C_6 + 2\,398.848 \times C_7 - 1\,904.772;$$

3) 可量性状+框架性状判定模型: 将可量性状和框架性状结合在一起进行分析, 最终筛选出8个参数, 分别标为  $C_1$ (体高/体长)、 $C_2$ (体宽/体长)、 $C_3$ (叉长/体长)、 $C_4$ (尾高/体长)、 $C_5$ (DE/体长)、 $C_6$ (DF/体长)、 $C_7$ (FI/体长)、 $C_8$ (HI/体长), 所建立的判别方程为。

$$F: F_1 = -5\,864.069 \times C_1 + 491.867 \times C_2 + 3\,922.823 \times C_3 - 1\,768.989 \times C_4 + 5\,784.472 \times C_5 + 1\,660.597 \times C_6 + 5\,515.095 \times C_7 + 4\,601.277 \times C_8 - 4\,193.629;$$

$$T: F_2 = -5\,544.592 \times C_1 + 799.660 \times C_2 + 3\,630.863 \times C_3 - 1\,440.073 \times C_4 + 5\,714.289 \times C_5 + 1\,701.069 \times C_6 + 5\,645.872 \times C_7 + 4\,648.487 \times C_8 - 4\,214.525;$$

$$FT: F_3 = -5\,615.376 \times C_1 + 258.266 \times C_2 + 3\,682.727 \times C_3 - 1\,643.112 \times C_4 + 5\,729.796 \times C_5 + 1\,656.389 \times C_6 + 5\,441.491 \times C_7 + 4\,581.930 \times C_8 - 4\,157.051;$$

$$TF: F_4 = -5\,554.613 \times C_1 + 670.585 \times C_2 + 3\,714.626 \times C_3 - 1\,495.331 \times C_4 + 5\,546.926 \times C_5 + 1\,579.398 \times C_6 + 5\,252.272 \times C_7 + 4\,236.184 \times C_8 - 3\,975.324$$

利用所建立的判别方程判断大口黑鲈4个群体时, 将受测鱼的参数引入方程, 分别计算  $F_1$ 、 $F_2$ 、 $F_3$ 、 $F_4$ , 函数值最大的即为其所属。为验证群体判断模型的可靠性, 对已确定群体的120尾大口黑鲈进行判别验证, 利用模型推测其理论群体, 并与实际情况进行比较(表4)。可量性状判定模型的平均推测准确率为79.1%, 框架性状判定模型的平均推测准确率为71.7%。可量性状和框架性状结合在一起所构建的判别模型的平均推测准确率达90.0%。

在此基础上, 为判断模型稳定性, 随机挑选4个群体共100尾鱼进行第二次判定, 验证判别模型的准确率, 结果见表5。可量性状判定模型的平均推测准确率为78.0%, 框架性状判定模型的平均推测准确率为77.0%。可量性状和框架性状结合在一起所构建的判别模型, 其平均推测准确率为91.0%。

### 3 讨论

#### 3.1 不同群体间生长性能对比

鱼类的生长变异程度远远超过人类等高等动

表4 大口黑鲈4个交配组合子代判定模型预测结果

Table 4 Predicted results of determination model for four mating combinations of *M. salmoides*

数据类型 Data type	鉴定数量 Number	推测准确率 Accuracy rate/%				平均推测准确率 Average accuracy rate/%
		佛山自交 F	台湾自交 T	正交 FT	反交 TF	
可量性状 Measurable trait	30	80.0	76.7	83.3	76.7	79.1
框架性状 Frame trait	30	66.7	73.3	70.0	76.7	71.7
可量性状+框架性状 Measurable trait+Frame trait	30	90.0	93.3	86.7	90.0	90.0

表5 大口黑鲈4个交配组合子代判定模型结果验证

Table 5 Validation of determination model for four mating combinations of *M. salmoides*

数据类型 Data type	鉴定数量 Number	推测准确率 Accuracy rate/%				平均推测准确率 Average accuracy rate/%
		佛山自交 F	台湾自交 T	正交 FT	反交 TF	
可量性状 Measurable trait	25	72.0	80.0	84.0	76.0	78.0
框架性状 Frame trait	25	68.0	76.0	84.0	80.0	77.0
可量性状+框架性状 Measurable trait+Frame trait	25	92.0	96.0	88.0	88.0	91.0

物, 具有较大的选择育种潜力<sup>[21-22]</sup>。通常来说, 鱼类只有经过持续的选育, 其生长性能才能够明显改善并进行稳定遗传<sup>[23]</sup>。本研究对大口黑鲈佛山群体、台湾群体及其正反交后代群体的生长性能进行综合分析, 结果显示佛山自交群体后代生长性能显著小于新引进的台湾自交群体, 证明了我国大陆地区大口黑鲈的生长性能已发生退化; 这可能与其苗种生产过程中没有遵循科学规范的操作有关。自1983年大口黑鲈从中国台湾地区引进内地后, 我国大陆地区新引进的种质资源相对较少<sup>[3]</sup>, 长期近亲繁殖和人为选择使得基因的纯度提高, 导致大口黑鲈遗传多样性显著降低<sup>[6-7]</sup>, 表现为生长性能下降、生长速度变慢等<sup>[10]</sup>。类似的现象在其他物种也有报道, 例如周劲松等<sup>[24]</sup>对罗氏沼虾 (*Macrobrachium rosenbergii*) 缅甸引进群体和浙江养殖群体的生长性能进行分析, 结果显示罗氏沼虾浙江养殖群体的生长速度显著低于引进群体。

生长一致性在一定程度上表现了群体内基因的同质性。鱼类的体质量变异系数反映了群体生长规格的一致性程度, 表明该群体的遗传变异程度大小<sup>[25]</sup>。体质量变异系数大表明该群体遗传变异较高, 反之则表明该群体遗传变异较低。本研究中正、反交子代群体的体质量变异系数均高于佛山和台湾亲代群体, 并且正、反交子代群体的生长性能较亲代显著提升, 表明将大口黑鲈台湾群体和佛山

群体进行交配具有较大的选育潜力, 可为今后大口黑鲈育种提供一定基础材料。

### 3.2 形态分析

由于鱼类受到环境及养殖条件等多种选择压力的影响, 导致不同群体之间逐渐产生形态分化。多元分析方法可将传统可量性状和框架参数相结合, 从而在鱼类形态差异分析上获得更好的效果<sup>[26]</sup>。当前鱼类形态学分析常用的多元统计方法包括主成分分析和判定分析<sup>[20]</sup>。主成分分析可根据鱼类可量性状和框架参数, 系统概括不同群体间的形态差异<sup>[26]</sup>。逐步判定分析可根据变量对模型的贡献大小, 逐步剔除不显著相关变量, 筛选出相应的测量指标, 最终将任一待判样本判入其中一个群体<sup>[27]</sup>。目前对大口黑鲈的形态学研究主要集中于不同亚种之间的对比。Richard 和 Editors<sup>[28]</sup>研究发现, 大口黑鲈北方亚种和佛罗里达亚种间仅在侧线鳞和肋骨数上存在明显差异; 蔡磊等<sup>[20]</sup>以大口黑鲈北方亚种和佛罗里达亚种为亲本, 构建了北方亚种自交、佛罗里达亚种自交和正、反交子代群体, 通过主成分分析和判定分析发现头部和尾部是大口黑鲈4个群体间变异较大的部位。

地理隔绝可导致同一亚种在种内逐步产生遗传分化, 这种分化在本地养殖群体和新引入群体之间更为明显。例如, Bai 等<sup>[29]</sup>研究发现大口黑鲈养殖群体和野生群体之间遗传分化明显。我国大口黑鲈

大陆养殖群体主要引自台湾地区,长期近亲繁殖和人为选择使得其遗传多样性显著降低,但其形态特征与新引进的台湾群体是否发生分化,之前并不了解。本研究对佛山群体、台湾群体及其正、反交子代的可量性状和框架结构数据进行分析发现,上述4个群体的形态差异主要集中于躯干中、后部。

本研究进一步通过主成分分析发现,前3个主成分累积贡献率达到92.9%,说明可以用几个相互独立的因子来概括大口黑鲈4个群体间的形态差异。蔡磊等<sup>[20]</sup>分析了不同亚种间大口黑鲈的形态特征,发现主成分分析所得到的前6个主成分累计贡献率为82.97%,与本研究的主成分分析效果相差较大;原因可能与研究对象有关。本研究重点针对同一亚种,其形态特征分化可能小于不同亚种间的形态差异,因此主成分分析的降维效果相对较好。

本研究发现,佛山自交群体与台湾自交群体重叠区域较小,可以完全分开;两子代群体与亲代群体有少量重叠区域,也可以完全分开;两子代群体之间重叠区域相对较大,但绝大部分可以分开。上述结果表明,局部特征在大口黑鲈不同群体间差异更为显著,可以根据这些参数从外观上鉴定大口黑鲈群体。本研究通过逐步判定分析发现,将可量性状和框架性状结合在一起所获得的模型推测准确率最高,第一次鉴定结果显示该判定模型的总推测准确率为90.0%,第二次鉴定结果显示其推测准确率达到91.0%,表明大口黑鲈群体归属可通过少数形态参数予以判定,与蔡磊等<sup>[20]</sup>的研究结论相近。关于该判定模型是否适用于其他地区养殖的大口黑鲈群体,有待进一步研究,以考证该判定模型的通用性。本研究中主成分和判定分析均显示,4个群体的形态差异主要存在于躯体中部和尾部,与方差分析结果一致,说明大口黑鲈同一亚种内躯体中部和尾部是变异较大的部位。

综上所述,大口黑鲈台湾引进群体生长性能高于佛山本地养殖群体,两者交配后的子代具有更好的生长性能和体质量变异系数。大口黑鲈4类群体形态差异主要集中于躯干中部和尾部,可通过相关参数构建模型鉴定其群体归属。本研究结果可为大口黑鲈佛山群体、台湾群体及其交配子代的生长与形态鉴定提供基础数据,也有利于大口黑鲈的育种和管理。

#### 参考文献:

- [1] FAN J, BAI J, MA D. Isolation and characterization of 40 SNP in largemouth bass (*Micropterus salmoides*)[J]. *Conserv Genet Res*, 2020, 12(1): 57-60.
- [2] MA H J, MOU M M, PU D C, et al. Effect of dietary starch level on growth, metabolism enzyme and oxidative status of juvenile largemouth bass, *Micropterus salmoides*[J]. *Aquaculture*, 2019, 498: 482-487.
- [3] 王佩佩, 周国勤, 陈树桥. 大口黑鲈北方亚种, 佛罗里达亚种及“优鲈3号”杂交F<sub>1</sub>子代生长性能及遗传多样性分析[J]. *海洋渔业*, 2020, 42(4): 403-409.
- [4] 梁素娴, 孙效文, 白俊杰, 等. 微卫星标记对中国引进加州鲈养殖群体遗传多样性的分析[J]. *水生生物学报*. 2008, 32(5): 694-700.
- [5] 樊佳佳, 白俊杰, 李胜杰, 等. 大口黑鲈微卫星 DNA 指纹图谱的构建和遗传结构分析[J]. *水生生物学报*, 2012, 36(4): 600-609.
- [6] 梁素娴, 白俊杰, 叶星, 等. 养殖大口黑鲈的遗传多样性分析[J]. *大连水产学院学报*, 2007, 22(4): 260-263.
- [7] 朱新平, 杜合军, 郑光明, 等. 大口黑鲈养殖群体遗传多样性的分析[J]. *大连水产学院学报*, 2006, 21(4): 341-345.
- [8] 卢建峰, 白俊杰, 李胜杰, 等. 大口黑鲈选育群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. *淡水渔业*, 2010, 40(3): 3-7.
- [9] 孙成飞, 谢汶峰, 胡婕, 等. 大口黑鲈3个养殖群体的遗传多样性分析[J]. *南方水产科学*, 2019, 15 (2): 64-71.
- [10] 刘海涌, 李胜杰, 白俊杰. 大口黑鲈养殖群体和引进群体生长性能的比较分析[J]. *水产养殖*, 2015, 36(9): 1-5.
- [11] HWANG E K, YOTSUKURA N, PANG S J, et al. Seaweed breeding programs and progress in eastern Asian countries[J]. *Phycologia*, 2019, 58(5): 484-495.
- [12] FARRÉ M, LOMBARTE A, RECASENS L, et al. Habitat influence in the morphological diversity of coastal fish assemblages[J]. *J Sea Res*, 2015, 99: 107-117.
- [13] 苟盼盼, 王秀利, 窦冬雨, 等. 红鳍东方鲀不同家系群体的形态性状差异与相关性分析[J]. *大连海洋大学学报*, 2019, 34(5): 674-679.
- [14] 李江涛, 林小涛, 周晨辉, 等. 实验室条件下唐鱼两性异形及其与游泳能力关系[J]. *应用生态学报*, 2016, 27(5): 1639-1646.
- [15] 周家辉, 李胜杰, 姜鹏. 大口黑鲈北方亚种群体和“优鲈1号”群体及其正反杂交子代的遗传和生长性能比较[J]. *海洋渔业*, 2020, 42(3): 324.
- [16] 黄建盛, 陈刚, 张健东, 等. 褐点石斑鱼不同月龄形态性状的主成分及通径分析[J]. *水产学报*, 2017, 41(7): 1105-1115.
- [17] 韩慧宗, 姜海滨, 王斐, 等. 许氏平鲈不同月龄选育群体形态性状的主成分与通径分析[J]. *水产学报*, 2016, 40(8): 1163-1172.
- [18] 周惠强, 李芬, 舒琥, 等. 大刺鳅雌雄个体形态差异分析[J]. *广东海洋大学学报*, 2019, 39(1): 1-6.
- [19] 马爱军, 王新安, 孙志宾, 等. 红鳍东方鲀 (*Takifugu rubripes*) 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] 蔡磊, 白俊杰, 李胜杰, 等. 大口黑鲈北方亚种, 佛罗里达亚种及其杂交子代的生长和形态差异分析 [J]. 水产学报, 2012, 36(6): 801-808.
- [21] 王炳谦, 谷伟, 贾钟贺, 等. 4个品系虹鳟生产性能的比较 [J]. 大连水产学院学报, 2007, 22(3): 170-174.
- [22] 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.
- [23] 孙龙芳, 李姣, 梁旭方, 等. 翘嘴鳊 F<sub>3</sub>~F<sub>5</sub> 群体选育效果分析 [J]. 广东农业科学, 2014, 41(13): 114-118.
- [24] 周劲松, 曹哲明, 杨国梁, 等. 罗氏沼虾缅甸引进种和浙江本地种及其杂交种的生长性能与 SRAP 分析 [J]. 中国水产科学, 2006, 13(4): 667-673.
- [25] 陈林, 李思发, 简伟业, 等. 吉奥罗非鱼 (新吉富罗非鱼♀×奥利亚罗非鱼♂) 生长性能的评估 [J]. 上海水产大学学报, 2008, 17(3): 257-262.
- [26] 王新安, 马爱军, 陈超, 等. 七带石斑鱼 (*Epinephelus septemfasciatus*) 两个野生群体形态差异分析 [J]. 海洋与湖沼, 2008, 39(6): 655-660.
- [27] 马爱军, 王新安, 雷霖霖, 等. 大菱鲆 (*Scophthalmus maximus*) 四个不同地理群体数量形态特征比较 [J]. 海洋与湖沼, 2008, 39(1): 24-29.
- [28] RICHARD H, EDITORS H C. Black bass biology and management[M]. Washington, D. C.: Sport Fishing Institute, 1975: 67-75.
- [29] BAI J, LUTZ-CARRILLO D J, QDUAN Y, et al. Taxonomic status and genetic diversity of cultured largemouth bass *Micropterus salmoides* in China[J]. Aquaculture, 2008, 278(1/2/3/4): 27-30.