

斑节对虾4个地理种群自交与杂交 F_1 的形态特征分析

孙苗苗^{1,2}, 黄建华^{1*}, 杨其彬¹, 周发林¹, 苏天凤¹, 江世贵¹

(1. 中国水产科学研究院南海水产研究所,

广东省渔业生态环境重点实验室,农业部南海渔业资源开发利用重点实验室,广东 广州 510300;

2. 上海海洋大学水产与生命学院,上海 201306)

摘要:为研究三亚(S)、泰国(T)、印尼(Y)和非洲(F)4个斑节对虾地理群体的形态亲缘关系,实验运用多元分析方法,采用8个测量性状4个斑节对虾地理群体杂交与自交的10个 F_1 形态进行了比较研究。方差分析结果显示,三亚和非洲杂交SF(S♀×F♂)与泰国和非洲杂交TF(T♀×F♂)的 F_1 8个性状无显著性差异($P>0.05$),但与以S、T、Y为亲本的7个杂交与自交 F_1 间存在显著差异性($P<0.05$)。斑节对虾形态特征主成分分析,共构建了2个主成分,累积贡献率为72.54%。主成分1主要反映了斑节对虾第三腹节长(TSL)、第二腹节长(SSL)、第六腹节长(SISL)和头胸甲宽(CW)特征,方差贡献率48.15%;主成分2反映了体长与头胸甲长的变化,方差贡献率24.39%。10个 F_1 判别准确率较低。聚类分析结果显示,ST(S♀×T♂)、TS(T♀×S♂)、TT(T♀×T♂)的 F_1 形态距离最近,首先聚为一支,SF、TF、YF(Y♀×F♂)的 F_1 形态距离较近,聚为另一支。

关键词:斑节对虾; 杂种; 形态特征; 多元分析

中图分类号: Q 174; S 968.22

文献标志码: A

斑节对虾(*Penaeus monodon*)俗称草虾,具有分布广、适盐范围广、养殖产量较高、肉味鲜美等特点,是世界三大养殖虾类品种之一,主要分布于印度洋和西太平洋^[1],也是中国南方沿海诸省的重要养殖对象。有关斑节对虾的遗传多样性的研究,国内外有较多的报道。Li等^[2]采用微卫星技术研究了两个群体斑节对虾的遗传多样性,Wang等^[3]利用 AFLP 方法对斑节对虾遗传和进化进行了分析,Zhou等^[4]采用线粒体DNA控制序列分析了南部海域斑节对虾的遗传结构。

形态特征是物种遗传特性的外在表现,是遗传多样性最直接的体现,具有研究手段直接且经济等优点^[5],是进行群体结构鉴定的有效手段^[6]。目前越来越多的研究者利用多元分析方法对水产动物的种群形态特征分析来研究种群的遗传多样性、进化特征和种群亲缘关系。形态学

分析已在鱼类^[7-8]、蟹类^[9-12]、贝类^[13-15]和虾类^[16-19]中广泛应用,但利用多元分析的方法分析不同斑节对虾种群形态差异的研究则很少有报道。为了确保斑节对虾渔业资源的可持续利用,对其种群结构的研究显得尤为重要。

本研究从形态学入手,采用主成分分析、判别分析和聚类分析3种多元分析方法,比较和分析了10个斑节对虾自交和杂交 F_1 的形态特征差异,旨在为其种群鉴定、种质资源保护和合理利用、亲缘关系研究以及后续良种选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验材料

三亚(S)、泰国(T)、印尼(Y)和非洲(F)4个野生群体斑节对虾亲虾通过商业途径获得。于2010年7月以人工受精方式进行亲本群体内自交和群体间杂交,亲本产卵孵化后进行苗种培育,

收稿日期:2011-12-20 修回日期:2012-05-02

资助项目:现代农业产业技术体系建设专项(CARS-47);广东省海洋渔业推广专项(A201101B03);广东省科技计划项目(2009B020308002)

通讯作者:黄建华,E-mail:hjh210440@sina.com.cn

获得10个不同交配组合的F₁。为了消除环境效应对斑节对虾形态的影响,幼体标粗至体长3~4 cm后进行荧光标记,混合养殖于同一池塘。对其

180日龄的8个形态参数进行测量分析。实验用虾来源和样本信息见表1。

表1 斑节对虾不同交配组合的F₁样本数量和规格

Tab.1 Sample number and shrimp size of the first generation of different mating groups of *P. monodon*

不同交配组合 different mating groups	亲本量(雌/雄) number of parents	样本量 sample size	体长/mm body length	
			范围 range	$\bar{X} \pm SD$
T ♀ × T ♂ (TT)	15/15	100	72.30 ~ 139.23	96.41 ± 12.83
S ♀ × S ♂ (SS)	4/4	60	70.50 ~ 131.00	94.53 ± 17.12
Y ♀ × Y ♂ (YY)	12/13	100	68.00 ~ 124.60	94.85 ± 14.40
S ♀ × T ♂ (ST)	10/5	100	70.63 ~ 119.57	93.38 ± 8.82
T ♀ × S ♂ (TS)	11/8	100	74.60 ~ 141.15	93.13 ± 13.66
T ♀ × Y ♂ (TY)	7/4	100	82.38 ~ 137.58	99.47 ± 9.75
Y ♀ × T ♂ (YT)	7/5	32	75.20 ~ 134.70	98.78 ± 14.58
S ♀ × F ♂ (SF)	8/5	100	70.16 ~ 110.77	86.83 ± 10.71
T ♀ × F ♂ (TF)	6/3	83	71.45 ~ 105.92	88.86 ± 9.47
Y ♀ × F ♂ (YF)	5/3	87	70.00 ~ 113.50	90.88 ± 13.08

1.2 形态指标与测量

实地随机抽样,使用数显电子游标卡尺(精度为0.1 mm)测量不同组合F₁斑节对虾形态学性状,包括体长(BL)、头胸甲长(CL)、头胸甲宽(CW)、头胸甲高(CH)、第一腹节长(FSL)、第二腹节长(SSL)、第三腹节长(TSL)、第六腹节长(SISL),共8个表型参数。

1.3 统计分析

对8个可量性状数据(BL、CL、CW、CH、FSL、SSL、TSL、SISL)用SPSS(version10.1, SPSS Inc. 1999)进行方差分析、主成分分析、判别分析和聚类分析。为了消除斑节对虾规格大小对形态分析的影响,每尾对虾的所有实测可量数据通过以下公式进行转化^[16,20-21]。

$$M_s = M_o (L_s/L_o)^b \quad (1)$$

$$b = \text{Log}_{10} M_o / \text{Log}_{10} L_o \quad (2)$$

式中, M_s 为各性状标准化数据; M_o 为各性状测量数据; L_s 为头胸甲长测量值平均数; L_o 为头胸甲长测量值。

主成分分析,计算出各主成分的得分、方差贡献率和累计方差贡献率,并根据贡献较大的主成分的得分绘制主成分散布图。判别分析采用逐步判别,每步选择 willks 的 λ 统计量值最小的变量进入判别函数。聚类分析根据10个群体数据间的欧氏距离进行分层聚类。

2 结果

2.1 方差分析

方差分析结果显示,3个自交F₁群体(TT, SS和YY),除第六腹节长(SISL)其余7个性状间无显著性差异($P > 0.05$);以三亚、泰国为亲本的正反交F₁群体(ST, TS)所测量各性状间均无显著性差异($P > 0.05$);泰国和印尼正反交F₁群体(TY, YT)的体长(BL)、头胸甲长(CL)、头胸甲高(CH)这三个性状间存在显著差异($P < 0.05$);以非洲作为父本的3个杂交F₁群体(SF, TF和YF),仅YF的第三、第六腹节长(TSL, SISL)与SF有显著性差异($P < 0.05$),这个3个群体的其他性状无显著性差异(表2)。

2.2 主成分分析

对所有样本的8个形态性状进行主成分分析,共获得2个主成分,其贡献率分别为48.15%、24.39%,累计贡献率为72.54%。第一主成分中,TSL、SSL、SISL和CW的影响最大,其负荷值分别为0.868、0.859、0.793和0.782;第二主成分中作用最大的是TL(0.871)和CL(-0.842)(表3)。10个F₁主成分2对主成分1作图,结果见图1。由图1可知,10个群体主成分落点相互重叠,不能清晰区分开来。

表 2 斑节对虾不同群体间 8 个形态特征的差异
Tab. 2 Differences in 8 morphological characters of ten *P. monodon* populations

F ₁ populations	性状 traits							
	BL	FSL	SSL	TSL	SISL	CL	CW	CH
TT	96.41 ± 12.83 ^{def}	9.31 ± 1.56 ^b	8.60 ± 1.31 ^b	8.64 ± 1.25 ^c	13.79 ± 1.43 ^{cd}	26.13 ± 4.28 ^{abcd}	14.20 ± 1.58 ^{def}	16.03 ± 1.42 ^{bc}
SS	97.43 ± 13.01 ^{ef}	9.59 ± 1.50 ^{bc}	8.83 ± 1.33 ^b	8.57 ± 1.18 ^c	14.33 ± 1.28 ^{ef}	27.11 ± 5.40 ^{cd}	14.55 ± 1.65 ^{fg}	16.07 ± 1.60 ^{bc}
YY	96.56 ± 9.58 ^{def}	9.49 ± 1.55 ^{bc}	8.77 ± 1.46 ^b	8.58 ± 1.26 ^c	14.26 ± 1.23 ^c	26.68 ± 4.05 ^{bcd}	14.18 ± 1.16 ^{def}	16.54 ± 2.79 ^{cd}
ST	93.38 ± 8.82 ^{cde}	9.30 ± 1.41 ^b	8.55 ± 1.12 ^b	8.38 ± 0.97 ^c	13.80 ± 1.18 ^{cd}	26.53 ± 4.07 ^{bcd}	13.95 ± 1.33 ^{de}	15.84 ± 1.43 ^b
TS	93.13 ± 13.66 ^{cd}	9.20 ± 1.61 ^{ab}	8.61 ± 1.24 ^b	8.40 ± 1.25 ^c	13.44 ± 1.39 ^{bc}	26.05 ± 4.30 ^{abc}	13.82 ± 1.42 ^{cd}	15.96 ± 1.74 ^{bc}
TY	99.47 ± 9.75 ^f	9.84 ± 1.58 ^c	9.36 ± 1.55 ^c	9.16 ± 1.27 ^d	14.71 ± 1.49 ^f	27.58 ± 3.73 ^d	14.92 ± 1.70 ^g	16.78 ± 1.72 ^d
YT	98.78 ± 14.58 ^f	9.14 ± 1.80 ^{ab}	8.60 ± 1.51 ^b	8.33 ± 1.28 ^c	14.08 ± 1.74 ^{de}	27.19 ± 4.59 ^{cd}	14.36 ± 1.71 ^{ef}	16.42 ± 1.62 ^{bcd}
SF	86.83 ± 10.71 ^a	8.69 ± 1.18 ^a	8.00 ± 1.17 ^a	7.71 ± 1.23 ^a	12.73 ± 1.05 ^a	24.91 ± 3.30 ^a	12.89 ± 1.00 ^a	14.72 ± 1.10 ^a
TF	88.86 ± 9.47 ^{ab}	8.72 ± 1.42 ^a	7.96 ± 1.20 ^a	7.87 ± 1.16 ^{ab}	13.06 ± 1.29 ^{ab}	25.04 ± 3.49 ^a	13.32 ± 1.32 ^{ab}	15.00 ± 1.30 ^a
YF	91.90 ± 8.20 ^{bc}	9.06 ± 1.33 ^{ab}	8.36 ± 1.30 ^{ab}	8.21 ± 1.11 ^{bc}	13.62 ± 0.98 ^c	25.30 ± 3.69 ^{ab}	13.39 ± 1.04 ^b	15.12 ± 1.31 ^a

注:英文字母上标表示群体间的差异程度,上标相同或包含关系表示差异不显著,不同或交集关系表示差异显著。

Notes: The superscript means the difference among populations. The same superscript or containing relation means the differences are not significant, while the different superscript or intersection relation means the differences are significant.

表 3 斑节对虾 8 个性状对 2 个主成分的特性向量及主成分的贡献率

Tab. 3 Eigenvectors and cumulative contribution rates of two principal components from the 8 traits of *P. monodon*

性状 traits	主成分 principal components	
	1	2
TSL	0.868	-0.271
SSL	0.859	-0.229
SISL	0.793	0.200
CW	0.782	0.253
FSL	0.697	-0.259
CH	0.624	0.431
BL	0.336	0.871
CL	0.364	-0.842
累计贡献率/% cumulative contribution rate	48.15	72.54

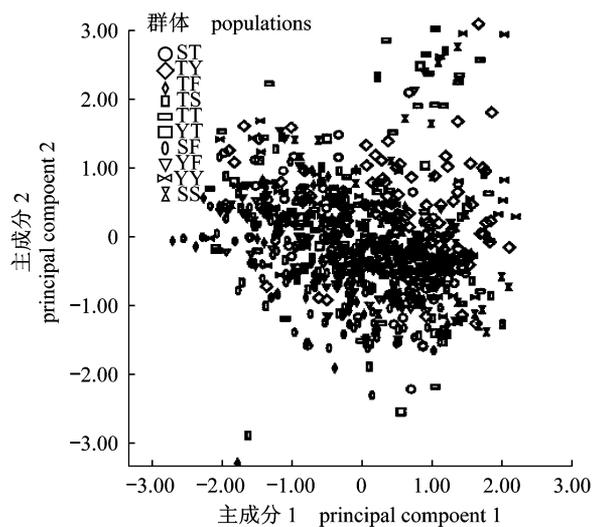


图 1 斑节对虾不同 F₁ 的第一、第二主成分散布图

Fig. 1 Projection scores of first and second principal components for F₁ of *P. monodon*

2.3 判别分析

通过判别分析,共获得了 8 个典型判别函数,前 5 个典型判别函数的累积方差是 99.0% (表 4)。测量变量与判别式函数的相关性见表 5,从 8 个特征性状中筛选出有显著贡献的 4 个变量 CH、SISL、TSL、SSL。第一和第二判别函数散布图见图 2,虽然 10 个 F₁ 不能被清晰地分开,但以非洲为父本的 3 个杂交 F₁ 与其它 7 个 F₁ 各分为一组。不同组合 F₁ 错辨现象比较明显,正确辨别率较低为 6%~59%,其中 SF 的正确辨别率最高,为 59% (表 6)。

2.4 聚类分析

对所有样本的 8 个测量数据进行聚类分析,得出 10 个斑节对虾 F₁ 的聚类图。从图 3 可以看出,10 个 F₁ 主要聚为两大支。以三亚、泰国、印尼为亲本的杂交与自交 F₁ 群体首先聚为一支,以非洲作为父本的杂交 F₁ 群体 TF、SF、YF 聚为另一支,进一步验证了判别分析的结果。

表 4 不同组合 F₁ 斑节对虾判别函数分析结果
Tab. 4 Statistical analysis of first eight discriminant functions for the ratios of the F₁ of *P. monodon*

函数 function	特征值 value	方差/% variance	累积方差/% cumulative variance	卡方 chisquare	自由度 df	P
1	0.789	8.837	88.7	579.836	72	0.000
2	0.032	3.6	92.3	84.429	56	0.008
3	0.028	3.1	95.4	57.864	42	0.052
4	0.021	2.4	97.8	34.686	30	0.254
5	0.011	1.2	99.0	16.602	20	0.679
6	0.007	0.8	99.8	7.327	12	0.835
7	0.001	0.1	99.9	1.534	6	0.957
8	0.001	0.1	100.0	0.430	2	0.807

表 5 斑节对虾测量性状与判别函数的相关性
Tab.5 Correlation of morphometric variables used in the discriminant analysis with each of the discriminant functions obtained for *P. monodon*

性状 traits	函数 functions							
	1	2	3	4	5	6	7	8
CH	0.431	0.575*	0.178	-0.213	-0.301	-0.360	-0.349	-0.254
SISL	0.479	-0.348	0.144	-0.675*	0.035	-0.317	-0.190	-0.134
TSL	0.357	0.231	-0.457	-0.635*	0.194	-0.289	0.003	0.295
SSL	0.321	0.212	-0.122	-0.491	0.634*	-0.416	-0.047	0.135
CW	0.481	0.032	-0.360	-0.021	0.023	-0.670*	-0.386	-0.197
FSL	0.252	0.032	-0.053	-0.406	0.220	-0.534	0.658*	-0.037
BL	0.390	0.032	-0.180	-0.164	-0.058	0.191	-0.052	-0.863*
CL	0.238	0.039	0.111	0.079	0.231	-0.358	0.142	0.849*

注: * 每个变量和任意判别式函数间最大的绝对相关。
 Notes: * Largest absolute correlation between each variable and any discriminant function.

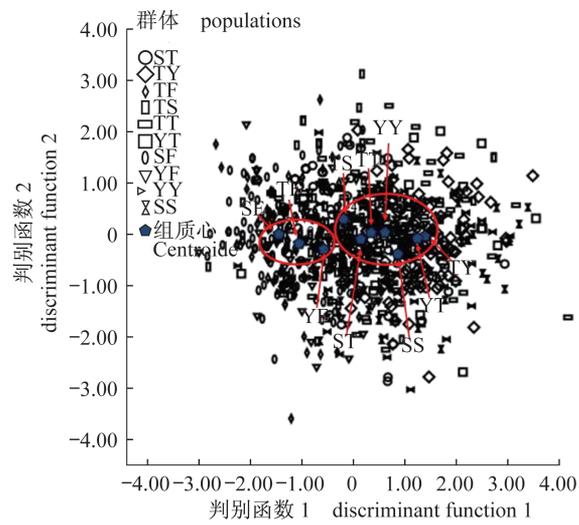


图 2 不同斑节对虾群体的第一、第二判别函数散布图
Fig.2 Projection scores of first and second discriminant functions for F₁ of *P. monodon*

表 6 10 个群体斑节对虾的判别结果
Tab.6 The discriminant results of ten *P. monodon* populations

群体 populations		预测组成员 predicted group membership										合计 total	
		TT	SS	YY	ST	TS	TY	YT	SF	TF	YF		
初始 original	TT	6	13	5	5	20	14	15	4	7	11	100	
	SS	7	8	5	2	1	11	12	1	0	13	60	
	YY	13	5	22	3	8	18	16	4	1	10	100	
	ST	5	12	15	6	17	10	9	4	11	11	100	
	计数 count	TS	8	4	7	9	23	7	5	13	9	15	100
		TY	7	13	16	0	3	38	19	0	0	4	100
		YT	4	3	2	2	0	7	13	1	0	0	32
		SF	2	0	0	0	6	0	3	59	16	14	100
		TF	0	0	1	3	9	0	1	27	26	16	83
YF	3	4	2	10	9	2	1	17	9	30	87		
百分比/% percent	TT	6.0	13.0	5.0	5.0	20.0	14.0	15.0	4.0	7.0	11.0	100	
	SS	11.7	13.3	8.3	3.3	1.7	18.3	20.0	1.7	0	21.7	100	
	YY	13.0	5.0	22.0	3.0	8.0	18.0	16.0	4.0	1.0	10.0	100	
	ST	5.0	12.0	15.0	6.0	17.0	10.0	9.0	4.0	11.0	11.0	100	
	TS	8.0	4.0	7.0	9.0	23.0	7.0	5.0	13.0	9.0	15.0	100	
	TY	7.0	13.0	16.0	0	3.0	38.0	19.0	0	0	4.0	100	
	YT	12.5	9.4	6.3	6.3	0	21.9	40.6	3.1	0	0	100	
	SF	2.0	0	0	0	6.0	0	3.0	59.0	16.0	14.0	100	
	TF	0	0	1.2	3.6	10.8	0	1.2	32.5	31.3	19.3	100	
YF	3.4	4.6	2.3	11.5	10.3	2.3	1.1	19.5	10.3	34.5	100		

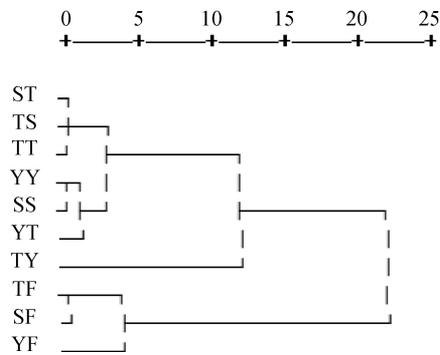


图3 10个F₁斑节对虾形态聚类分析图

Fig. 3 Cluster analysis diagram based on morphological traits in ten F₁ stocks of *P. monodon*

3 讨论

在研究水生动物不同群体形态变化时,样本量备受研究者关注,如果样本量较少,则不能获得足够的形态变异,从而导致对群体间差异进行错误的判断^[16,22]。目前,学者认为在进行主成分分析和判别分析时,样本量(N)与所选择的测量性状(P)的比值不能低于3^[23]。本研究中,群体YT的样本量最少(32),但N/P为4,研究结果具有统计学意义。

3.1 不同群体斑节对虾形态特征方差分析

方差分析显示,以三亚、泰国、印尼为亲本自交F₁(TT,SS,YY)和杂交F₁(ST,TS,TY,YT)在形态上除个别性状存在差异,基本无显著差异,研究认为三亚、泰国、印尼的亲虾地理位置分布上较近,存在一定的基因交流,遗传差异较小^[24],也有可能由于我国斑节对虾养殖苗种一直以来依赖从东南亚国家进口亲虾繁育,养殖过程中的逃逸造成基因交流与基因混杂,以至在其杂交与自交后代中所表现的差异也较小。Duda等证明西印度洋和西太平洋斑节对虾群体在种群结构上有极显著差异。本研究,以非洲(西印度洋群体)为父本的3个杂交F₁(SF,TF,YF)在形态上无显著差异,但与其它7个F₁群体却有差异性,这一结果可能是受父系效应的影响^[26],父本的遗传信息影响了其后代的形态特征。

3.2 斑节对虾形态特征多元分析

主成分分析在形态分析中广泛应用,可以将多个彼此相关的指标转换为新的、个数较少且互相独立或不相关的综合指标,便于统计分析^[27]。李朝霞等^[28]研究了中国对虾“黄海1号”选育群

体与野生群体的形态学差异,获得4个主成分的累积贡献率为53.85%。本研究,10个F₁获得2个主成分,其累积贡献率为72.54%,虽然高于中国对虾的累积贡献率,但按照累积贡献率大于或等于85%的要求^[29],斑节对虾杂交F₁不宜用几个相互独立的因子来概括不同组合间F₁的形态差异。本研究即使获得的两个主成分不能区分10个斑节对虾F₁(图1),但仍显示了各性状在不同F₁间的差别(表3)。

判别分析所得到的前5个判别函数的贡献率达99%,从8个测量性状中筛选出对区分10个F₁有显著贡献的4个变量CH、SISL、TSL、SSL,说明仅用这4个变量所建立的判别函数具有显著的判别效果。尽管判别函数散布图没能清楚地将所研究的10个F₁分开,个体间存在较多的重叠,但在一定程度上显示了这些群体间的联系。从图2可以看出,SF、TF、YF在形态上可以分为一组,其它群体为另一组。每个组内群体的错辨率较高(表6),说明同一个组内的群体在形态上较为相似,以至于难以正确辨别。可能还是基因交流与基因混杂的问题。

聚类分析结果与判别分析基本一致,SF、TF、YF形态距离较近,进一步证实了以非洲为父本的杂交群体间的形态差异较小($P > 0.05$);群体ST、TT、TS形态距离较近,形态特征比较相似。

3.3 不同斑节对虾杂交与自交F₁群体形态趋异的原因分析

形态学分析被广泛应用于水产动物群体鉴别^[30]。形态特征的变化是由遗传因子和环境因子共同影响的^[31-32];反之,形态特征的不同又可以反映出群体间遗传因子与地理环境的不同^[33]。孙成波等^[19]用多元分析法研究了4个凡纳滨对虾种群的形态差异与亲缘关系,确定了不同种群判别区分的形态参数依据。李思发等^[34]认为尼罗罗非鱼品系间形态差异是由遗传因子所决定的。李勇等^[33]研究发现,辽河、长江、瓯江幼蟹形态上的差异也是由遗传差异所致。本研究中,10个F₁斑节对虾标记后混合养殖于同一池塘,排除了环境因素对其形态差异的影响,因此作者认为遗传因子决定了斑节对虾不同交配组合F₁间的形态变化。而杂交F₁的性状是继承了其父母本的遗传信息,所以亲本的遗传特性在这10个F₁的形态变化上起到了重要作用。熊小飞等^[24]从

分子生物学方面比较分析了中国南海海域斑节对虾群体与西印度洋、西太平洋群体种群遗传结构,认为西印度洋群体与西太平洋和中国海域群体的差异较大,西太平洋群体与中国海域群体之间存在一定程度的基因交流。本研究,4个地理群体的斑节对虾亲本分别来自西印度洋(非洲)、东印度洋(印尼)、西太平洋(泰国)和中国南海(三亚)。非洲来源斑节对虾在遗传结构上与泰国、印尼和三亚来源的对虾具有较大差异,因此以非洲群体作为父本的杂交后代(SF、TF、YF)在形态上与其他F₁存在显著差异,以三亚、泰国、印尼群体作为母本的杂交与自交后代形态特征较为相似。由于非洲母本数量较少,加之随机抽样测量,没能获得足够的以非洲为母本的杂交F₁数据,因此本文没有对其分析,这将在后续的研究中加以验证。

参考文献:

- [1] Mohamed K H. Synopsis of the biological data on the jumbo tiger prawn *Penaeus monodon* Fabricius, 1798[C]. FAO World Scientific Conference on the Biology and Culture of Shrimps and Prawns, 1967, 3: 1 - 15.
- [2] Li Y T, Kanokpan W, Mudagandur S. Development of two microsatellite multiplex systems for black tiger shrimp *Penaeus monodon* and its application in genetic diversity study for two populations [J]. Aquaculture, 2007, 266(1 - 4): 279 - 288.
- [3] Wang Z Y, Kwok H T, Ka H C. Applications of AFLP technology in genetic and phylogenetic analysis of penaeid shrimp [J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2004, 32(4): 399 - 407.
- [4] Zhou F L, Jiang S G, Jiang Y J, et al. Population genetic structure of the tiger prawn (*Penaeus monodon*) in the coastal waters of South China, based on mitochondrial DNA control region sequences [J]. Journal of Applied Ichthyology, 2009, 25(4): 411 - 416.
- [5] Pinheiro A, Teixeira C M, Rego A L. Genetic and morphological variation of *Solca lascaris* (Risso, 1810) along the Portuguese coast [J]. Fisheries Research, 2005, 73(1 - 2): 67 - 78.
- [6] Begg G A, Waldman J R. An holistic approach to fish stock identification [J]. Fisheries Research, 1999, 43(1 - 3): 35 - 44.
- [7] Samae S M, Patzner R A, Mansour N. Morphological differentiation within the population of Siah Mahi, *Capoeta capoeta gracilis*, (Cyprinidae, Teleostei) in a river of the south Caspian Sea basin; a pilot study [J]. Journal of Applied Ichthyology, 2009, 25(5): 583 - 590.
- [8] 水柏年,孙希福,韩志强,等. 黄海、东海蓝点马鲛群体的形态特征分析 [J]. 水产学报, 2009, 33(3): 445 - 451.
- [9] Rosenberg M S. Fiddler crab claw shape variation: a geometric morphometric analysis across the genus *Uca* (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae) [J]. Biological Journal of the Linnean Society, 2002, 75(2): 147 - 162.
- [10] Brian J V, Fernandes T, Ladle R J. Patterns of morphological and genetic variability in UK populations of the shore crab, *Carcinus maenas* Linnaeus, 1758 (Crustacea: Decapoda: Brachyura) [J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 2006, 329(1): 47 - 54.
- [11] 王武,徐灿,张文博,等. 四个地方种群绒螯蟹形态差异的比较研究 [J]. 中国农学通报, 2007, 23(6): 648 - 653.
- [12] 高保全,刘萍,李健,等. 三疣梭子蟹4个野生群体形态差异分析 [J]. 中国水产科学, 2007, 14(2): 223 - 228.
- [13] Márquez F, Robledo J, Penaloza G E, et al. Use of different geometric morphometrics tools for the discrimination of phenotypic stocks of the striped clam *Ameghinomya antiqua* (Veneridae) in north Patagonia, Argentina [J]. Fisheries Research, 2010, 101(1 - 2): 127 - 131.
- [14] 张永普,林志华,应雪萍. 不同地理种群泥蚶的形态差异与辨别 [J]. 水产学报, 2004, 28(3): 339 - 342.
- [15] 魏开建,熊邦喜,赵小红,等. 五种蚌的形态变异与判别分析 [J]. 水产学报, 2003, 27(1): 13 - 18.
- [16] Anastasiadou C, Liasko R, Leonardos I. Biometric analysis of lacustrine and riverine populations of *Palaemonetes antennarius* (H. Milne-Edwards, 1837) (Crustacea, Decapoda, Palaemonidae) from north-western Greece [J]. Limnologica, 2009, 39(3): 244 - 254.
- [17] Konan K N, Gourene B A A, Ouattara A, et al. Morphometric variation among male populations of freshwater shrimp *Macrobrachium vollenhovenii* Herklots, 1851 from Côte d'Ivoire Rivers [J]. Fisheries Research, 2010, 103(1 - 3): 1 - 8.
- [18] 赵晓勤,倪娟,陈立侨,等. 日本沼虾4种群的形态

- 差异分析 [J]. 中国水产科学, 2006, 13 (2): 224 - 229.
- [19] 孙成波, 陈国良, 童汉荣, 等. 美国 4 个凡纳滨对虾 (*Litopenaeus vannamei*) 种群形态差异与辨别分析 [J]. 海洋与湖沼, 2009, 40(1): 27 - 32.
- [20] Hurlbut T, Clay D. Morphometric and meristic differences between shallow and deep-water populations of white hake (*Urophycis tenuis*) in the southern Gulf of St Lawrence [J]. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 1998, 55: 2274 - 2282.
- [21] Ferrito V, Mannino M C, Pappalardo A M, et al. Morphological variation among populations of *Aphanius fasciatus* Nardo, 1827 (Teleostei, Cyprinodontidae) from the Mediterranean [J]. Fish Biology, 2007, 70(1): 1 - 20.
- [22] Mcgarigal K, Cushman S, Stafford S. Multivariate Statistics for wildlife and ecology research [M]. Springer Verlag Heidelberg, 2000.
- [23] Kocovsky P M, Adams J V, Bronte C R. The effect of sample size on the stability of principal component analysis of truss-based fish morphometrics [J]. Transactions of the American Fisheries Society, 2009, 138(3): 487 - 496.
- [24] 熊小飞, 江世贵, 夏军红, 等. 中国南海海域斑节对虾群体与西印度洋、西太平洋群体种群遗传结构的比较分析 [J]. 水产学报, 2008, 32 (6): 855 - 863.
- [25] Duda T F, Palumbi S R. Population structure of the black tiger prawn, *Penaeus monodon*, among western Indian Ocean and western Pacific populations [J]. Marine Biology, 1999, 134: 705 - 710.
- [26] 罗坤, 杨国梁, 孔杰, 等. 罗氏沼虾不同群体杂交效果分析 [J]. 海洋水产研究, 2008, 29(3): 67 - 73.
- [27] 张尧庭, 方开泰. 多元统计分析引论 [M]. 北京: 科学出版社, 1982: 393 - 401.
- [28] 李朝霞, 李健, 王清印, 等. 中国对虾“黄海 1 号”选育群体与野生群体的形态特征比较 [J]. 中国水产科学, 2006, 13(3): 384 - 388.
- [29] Veasey E A, Schammas E A, Vencovsky R, et al. Germplasm characterization of *Sesbania accessions* based on multivariate analysis [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2001, 48(1): 79 - 90.
- [30] Kinsey S T, Orsoy T, Bert T M, et al. Population structure of the Spanish sardine *Sardinella aurita*: natural morphological variation in a genetically homogenous population [J]. Marine Biology, 1994, 118: 309 - 317.
- [31] 李思发. 淡水鱼类种群生态学 [M]. 北京: 农业出版社, 1990: 213 - 215.
- [32] Murta A G. Morphological variation of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) in the Iberian and North Africa Atlantic: implications for stock identification [J]. Marine Science, 2000, 57: 1240 - 1248.
- [33] 李勇, 李思发, 王成辉, 等. 三水系中华绒螯蟹幼蟹形态判别程序的建立和使用 [J]. 水产学报, 2001, 25(2): 120 - 126.
- [34] 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.

Morphological variability in reciprocal hybrids F₁ of *Penaeus monodon* from four geographical populations

SUN Miao-miao^{1,2}, HUANG Jian-hua^{1*}, YANG Qi-bin¹,
ZHOU Fa-lin¹, SU Tian-feng¹, JIANG Shi-gui¹

(1. Key Laboratory of Fishery Ecology and Environment, Guangdong Province, Key Laboratory of South China Sea Fishery Resources Utilization, Ministry of Agriculture, South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300, China;
2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: Based on 8 morphological characters, three multivariation analysis methods (principal component analysis, discriminant analysis and cluster analysis) were used to compare and investigate the morphological variations of the first generation of three self-bred (TT, SS, YY) and seven corresponding hybrids (ST, TS, YT, TY, SF, TF and YF) in *Penaeus monodon* from four geographical populations, and approached the relative relationships among the populations. ANOVA analysis indicated that the first generation of different mating groups showed some morphological variations except SF and TF. The principal component analysis of the first generation of *Penaeus monodon* yielded two principal components (PCs), which accounted for 72.54% of the total variation. In the first PC, which explained 48.15% of the total variance, the most important characters were numbered of the third pleon segment length (TSL), second pleon segment length (SSL), sixth pleon segment length (SISL) and carapace width (CW) of the shrimps. In the second PC (24.39%), expressed variables exclusively associated with the carapace length (CL) and body length (BL). Based on DFA evaluation, the proportion of individuals correctly classified into their original groups was very low. The cluster analysis indicated that there were most similar morphological characters among the stocks of ST, TS, TT and SF, TF, YF.

Key words: *Penaeus monodon*; hybrid; morphological characteristics; multivariation analysis

Corresponding author: HUANG Jian-hua. E-mail: hjh210440@sina.com.cn