

分子群体遗传学方法处理鲤形态学数据的适用性

林明雪¹, 王 剑², 王 军¹, 李康乐¹, 古珍珍¹,
项松平², 徐志彬², 贾延民³, 鲁国延³, 王成辉^{1*}

(1. 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;

2. 浙江龙泉省级瓯江彩鲤良种场, 浙江 龙泉 323700;

3. 陕西延安市水产工作站, 陕西 延安 716000)

摘要: 在鱼类形态学性状的数据处理分析中, 主要利用数理统计分析软件进行形态学数据的聚类分析、主成分分析和判别分析, 而随着现代分子生物学技术的发展, 一系列分子群体遗传学数据分析方法和处理软件应运而生。为研究分子群体遗传学方法对鱼类形态学数据分析的适用性, 实验以兴国红鲤、玻璃红鲤、荷包红鲤完全双列杂交产生的 9 个群体形态学数据为对象, 比较了传统形态学方法与分子群体遗传学方法对鱼类形态学性状的分析效果。结果发现, 两类方法的聚类分析结果一致; 主成分分析的结果表明, 传统形态学分析方法能反映个体间的形态差异, 而分子群体遗传学方法则能更好地反映群体间的形态差异; 判别分析结果显示, 两类方法的综合判别率相当; 利用 STRUCTURE 软件进行的遗传聚类分析结果也发现, 两类方法所得的结果一致。研究表明, 应用传统形态学方法与分子群体遗传学方法分析鲤形态学性状是一致的, 分子群体遗传学方法处理鲤科鱼类形态学数据是可行的。

关键词: 鲤; 形态性状; 多元分析; 分子遗传学

中图分类号: Q 348; S 917.4

文献标志码: A

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、最直观的表现形式, 也是鱼类分类学上的重要依据。通过研究鱼类群体形态特征的差异, 有助于了解群体间的亲缘关系与地理分类^[1]。目前, 鱼类形态学性状的数据分析中, 主要利用数理统计分析软件进行 3 种多元分析: 聚类分析、主成分分析和判别分析^[2-8]。

随着现代分子生物学技术的发展, 一系列分子群体遗传学数据分析方法与处理软件应运而生, 通过这些软件对分子数据进行处理分析, 可以更加全面地了解生物群体的遗传多样性以及遗传进化等。当前, 分子群体遗传学方法已广泛地应用于生物群体进化、亲缘关系以及物种分类等研究^[9-11]。为尝试将传统形态学方法与

分子群体遗传学方法相结合, 研究分子群体遗传学方法对形态学数据分析的适用性。已有学者提出了不同的数据转换方法^[12-17], 并采用分子群体遗传学方法对蜥蜴^[18]、草类植物^[19-20]、珊瑚^[21]等物种的形态学性状进行了分析。在鱼类, 目前可见有关丽鲷科等 (Cichlidae) 的报道^[22-24], 而国内尚未见这方面的研究报道。鱼类形态学数据能否利用分子群体遗传学方法进行处理仍需研究和探讨。

本实验以兴国红鲤 (*Cyprinus carpio* var. *singuanensis*)、荷包红鲤 (*C. carpio* var. *wuyuanensis*)、玻璃红鲤 (*C. carpio* var. *wananensis*) 完全双列杂交产生的 9 个群体形态学数据为对象, 首先应用传统形态学分析方法进

收稿日期: 2014-12-30 修回日期: 2015-03-03

资助项目: 国家自然科学基金 (30972250, 31372521, 31372521); 上海市科委项目 (123919N1100)

通信作者: 王成辉, E-mail: wangch@shou.edu.cn

行分析,然后将形态学数据转换为分子数据,应用分子群体遗传学方法进行分析,然后比较这两类方法的分析结果差异,探讨分子群体遗传学方法分析鲤形态学数据的适用性和可靠性,为鱼类及其他水产生物的形态学数据分析提供新的分析手段。

1 材料与方 法

1.1 实验材料

2012 年 5 月,选取兴国红鲤、荷包红鲤和玻璃红鲤等 3 种红鲤品种的雌、雄繁育亲本各 10 尾进行 3×3 完全双列杂交,构建 9 个遗传交配组合(表 1)。具体配组方式是将每个红鲤品种内每尾雌鱼的卵子平均分成 3 份,然后分别与 3 种红鲤的一尾雄鱼进行人工授精,如兴国红鲤第一尾雌鱼的卵子分成 3 份,分别与兴国红鲤、荷包红鲤和玻璃红鲤的第一尾雄鱼进行人工授精;同样,荷包红鲤第一尾雌鱼和玻璃红鲤第一尾雌鱼的卵子也

分成 3 份,分别与兴国红鲤、荷包红鲤和玻璃红鲤的第一尾雄鱼进行人工授精。如此类推,每种红鲤雌、雄各 10 尾亲鱼共进行了 90 次人工授精。相同交配组合的受精卵和仔鱼在同一个池塘内进行孵化和苗种培育。

2012 年 8 月下旬,当各组合的 F₁ 生长至 10 cm 左右时,选择每个组合规格一致的 60 尾鱼进行电子数码标记(PIT 标记),然后平均分配放于 3 个标准水泥池(40 m³)中进行饲养。2 龄阶段时将实验鱼分别转运至同一池塘内的 3 个网箱中饲养。2013 年 12 月(2 龄商品鱼规格)取样进行形态学数据测量。

1.2 数据测量

共测量实验鱼 323 尾(35~39 尾/组),包括两类性状参数共 8 398 个:一类是传统的形态学性状(5 项):体质量、全长、体长、体高、体宽(表 2);另一类是形态框架性状(21 项),鲤框架测量示意图及性状内容参考李思发等^[2]方法。

表 1 3 种红鲤的双列杂交配组方式

Tab.1 The diallel crossing patterns in the three varieties of red common carp

	兴国红鲤(♂) <i>C. carpio</i> var. <i>singuonensis</i>	荷包红鲤(♂) <i>C. carpio</i> var. <i>wuyuanensis</i>	玻璃红鲤(♂) <i>C. carpio</i> var. <i>wananensis</i>
兴国红鲤(♀) <i>C. carpio</i> var. <i>singuonensis</i>	自交(XX) purebred	正交(XH) crossbred	正交(XB) crossbred
荷包红鲤(♀) <i>C. carpio</i> var. <i>wuyuanensis</i>	反交(HX) crossbred	自交(HH) purebred	正交(HB) crossbred
玻璃红鲤(♀) <i>C. carpio</i> var. <i>wananensis</i>	反交(BX) crossbred	反交(BH) crossbred	自交(BB) purebred

注:括号内字母为交配组合代号

Notes: letters in the brackets indicate the code name of the cross combinations

表 2 红鲤 9 个群体主要形态性状参数

Tab.2 Mean values of body weight and main morphological parameters for the nine populations of red common carp

群体 populations	均值和标准差 mean value and standard deviation (mean ± SD)			
	体质量/g body weight	体长/cm body length	体高/cm body height	体宽/cm body width
HH	726.73 ± 244.26	23.77 ± 2.28	10.60 ± 1.79	6.55 ± 0.97
XX	832.63 ± 274.41	28.59 ± 3.46	10.08 ± 1.30	6.38 ± 0.94
BB	535.04 ± 162.69	25.05 ± 2.86	8.74 ± 0.98	5.26 ± 0.61
HB	899.75 ± 272.66	27.24 ± 2.22	10.78 ± 1.22	6.88 ± 0.91
BH	858.06 ± 286.74	26.88 ± 2.56	10.91 ± 1.45	6.45 ± 0.97
HX	800.91 ± 274.96	26.31 ± 2.83	10.38 ± 1.35	6.60 ± 1.02
XH	835.30 ± 255.59	25.93 ± 2.10	10.75 ± 1.30	6.60 ± 1.03
BX	903.68 ± 250.76	28.38 ± 2.45	10.72 ± 1.27	6.70 ± 0.89
XB	749.69 ± 224.22	28.14 ± 2.67	9.58 ± 0.96	6.15 ± 0.74

1.3 数据处理与分析

为消除鱼体规格大小对参数值的影响,先将每尾鱼的所有参数(体质量与全长除外)分别除以体长予以校正,得到可比性状参数后再进行分析。传统的形态学分析方法包括聚类分析、主成分分析、判别分析等,采用 SPSS 17.0 软件进行。

分子群体遗传学分析采用微卫星分子数据分析方法。微卫星分子数据分析是通过 DNA 分型得出每个微卫星位点有效等位基因的片段大小,再根据这些片段大小进行各群体之间的遗传聚类关系等后续分析。本研究测定的上述形态性状参数可看作等位基因的片段大小,因此分子群体遗传学方法分析是将形态学数据转化为分子数据进行分析,即将每个形态性状参数当作每个微卫星位点来进行分析。具体转化方法:根据微卫星等位基因的片段大小,将上述可比性状参数加权 1 000 倍,由于微卫星分子数据为离散型数据,因此对每一个形态性状参数的数据进行分组,分组原则为每 20 取一个数值,例如:210 = 200 ~ 220、230 = 221 ~ 240,从而得到离散分子数据。

应用分子群体遗传学方法进行分析的软件包括 POPGENE 32^[25]、GENALEX 6.5^[26]、GENECLASS^[27]、STRUCTURE 2.3.4^[28]等。其中使用 POPGENE 32 软件计算出聚类分析所需的遗传距离,然后用 MEGA 5.2.2 软件构建群体系统树。使用 GENALEX 6.5 进行主成分分析,用 GENECLASS 进行判别分析。应用 STRUCTURE 2.3.4 软件进行 9 个交配组间的遗传聚类关系分析,设置聚类数值(K)从 1 到 9,分析参数:burn-in = 20 000, MCMC iteration = 1 000 000,最佳 K 值(ΔK)根据 Falush 等^[29]的方法确定,所得到的聚类分布用 DISTRUCT^[30]程序绘制成彩色柱状图。

2 结果

2.1 聚类分析

传统形态学方法与分子群体遗传学方法的聚类分析结果相一致:如当 9 个交配组合合并分析时,传统形态学方法(图 1-a)与分子群体遗传学方法(图 1-e)均将这 9 个组合分为两大支,两者的拓扑结构基本相同。当分别进行两两品种与其正反杂交种分析时,传统形态学方法(图 1-b ~ d)与

分子群体遗传学方法(图 1-f ~ h)所得的聚类结果也基本一致:如两种方法构建的兴国红鲤(XX)、玻璃红鲤(BB)与其正反杂交种(XB、BX)的聚类拓扑结构一致(图 1-b、图 1-f);兴国红鲤(XX)、荷包红鲤(HH)与其正反杂交种(XH、HX)的聚类拓扑结构一致(图 1-c、图 1-g);玻璃红鲤(BB)、荷包红鲤(HH)与其正反杂交种(BH、HB)的聚类拓扑结构一致(图 1-d、图 1-h)。以上结果表明:用传统形态学方法与分子群体遗传学方法对鲤形态学数据进行聚类分析的结果是一致的。

2.2 主成分分析

群体水平的主成分分析表明:两类方法的主成分 1(PC1)均能较好地地区分兴国红鲤、玻璃红鲤及其正反杂交种 4 个群体(XX、BB、BX、XB)与其他 5 个群体的差异,但分子群体遗传学方法所解释的变异率(83.26%)明显高于传统形态学方法(64.80%)(图 2)。在个体水平上,无论是 9 个组合的全部个体(图 3-a、图 3-e),还是两两亲本群体与其正反杂交种的分类比较(图 3-b ~ d、图 3-f ~ h),两类方法所分析的结果也基本相似,但分子群体遗传学方法所解释的变异率明显低于传统形态学方法,表明传统形态学方法能更好地反映个体间的形态差异(图 3)。

2.3 判别分析

将 9 个群体进行整体上的判别分析时,传统形态学方法的综合判别准确率为 33.9%,分子群体遗传学方法的综合判别准确率为 33.4%(表 3)。将两两亲本群体与其正反杂交种分成 3 组进行独立的判别分析时,传统形态学方法的综合判别率为 56.3% ~ 70.6%,分子群体遗传学方法的综合判别率为 46.5% ~ 61.5%,传统形态学方法的判别准确率稍高(表 4)。总体上,两类分析方法的判别结果与准确率基本相近,表明分子群体遗传学方法可应用于鲤形态学数据的判别分析。

2.4 遗传聚类关系分析

使用 STRUCTURE 2.3.4 软件对红鲤 9 个群体进行遗传聚类分析结果显示:当 $K = 2$ 时,为群体的最佳聚类分组,此时 9 个群体聚为两类,即兴国红鲤、玻璃红鲤及其正反杂交种 4 个群体(BX、BB、XB、XX)聚为一类,其余 5 个群体聚为一类(图 4)。分析结果与前面所述的聚类分析、主成分分析一致。

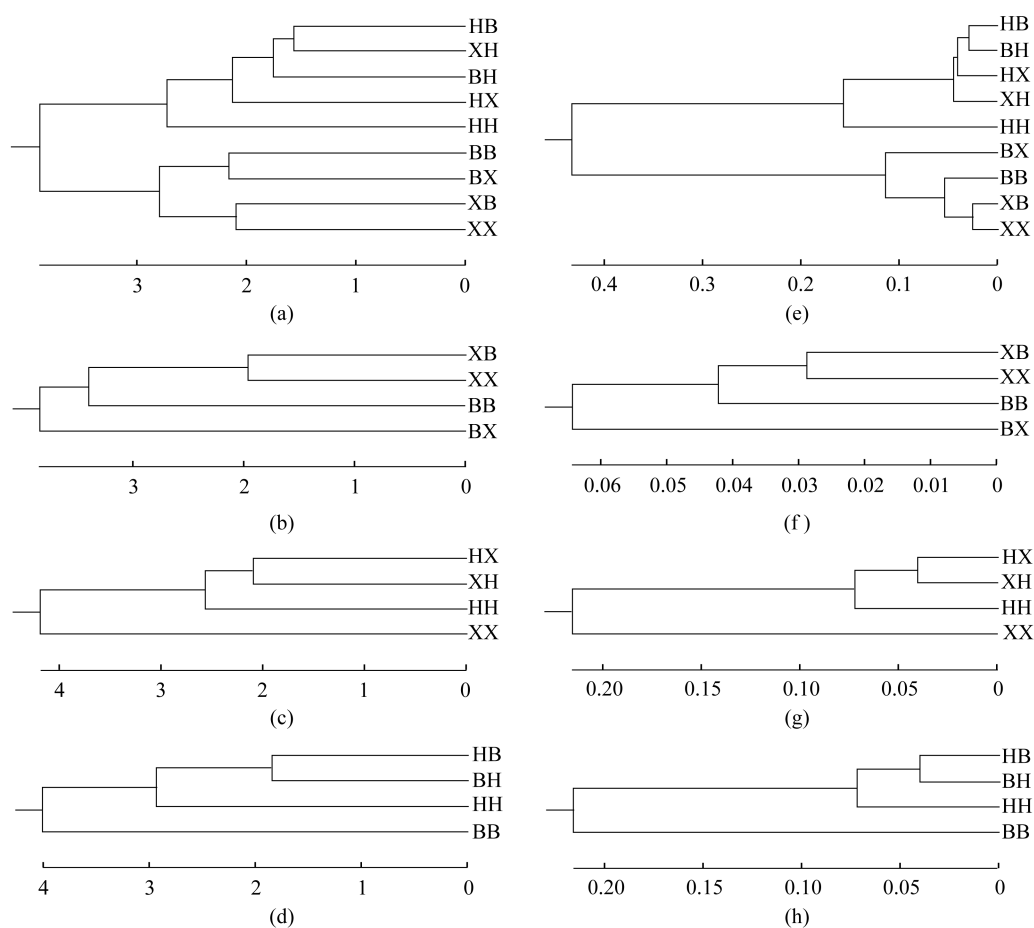


图1 传统形态学方法与分子群体遗传学方法对红鲤形态性状的聚类分析

(a)~(d)传统形态学方法；(e)~(h)分子群体遗传学方法

Fig.1 Cluster analysis for morphological traits of red common carp based on traditional morphological method and molecular population genetics method

(a) - (d) the traditional morphological method; (e) - (h) the molecular population genetics method

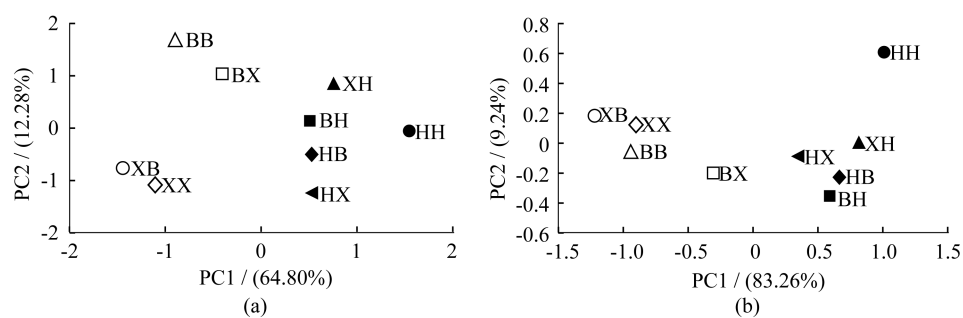


图2 传统形态学方法与分子群体遗传学方法对红鲤形态性状的主成分分析(群体水平)

(a)传统形态学方法；(b)分子群体遗传学方法

Fig.2 Principal component analysis for morphological traits of red common carp based on the traditional morphological method and molecular population genetics method (population level)

(a) the traditional morphological method; (b) the molecular population genetics method

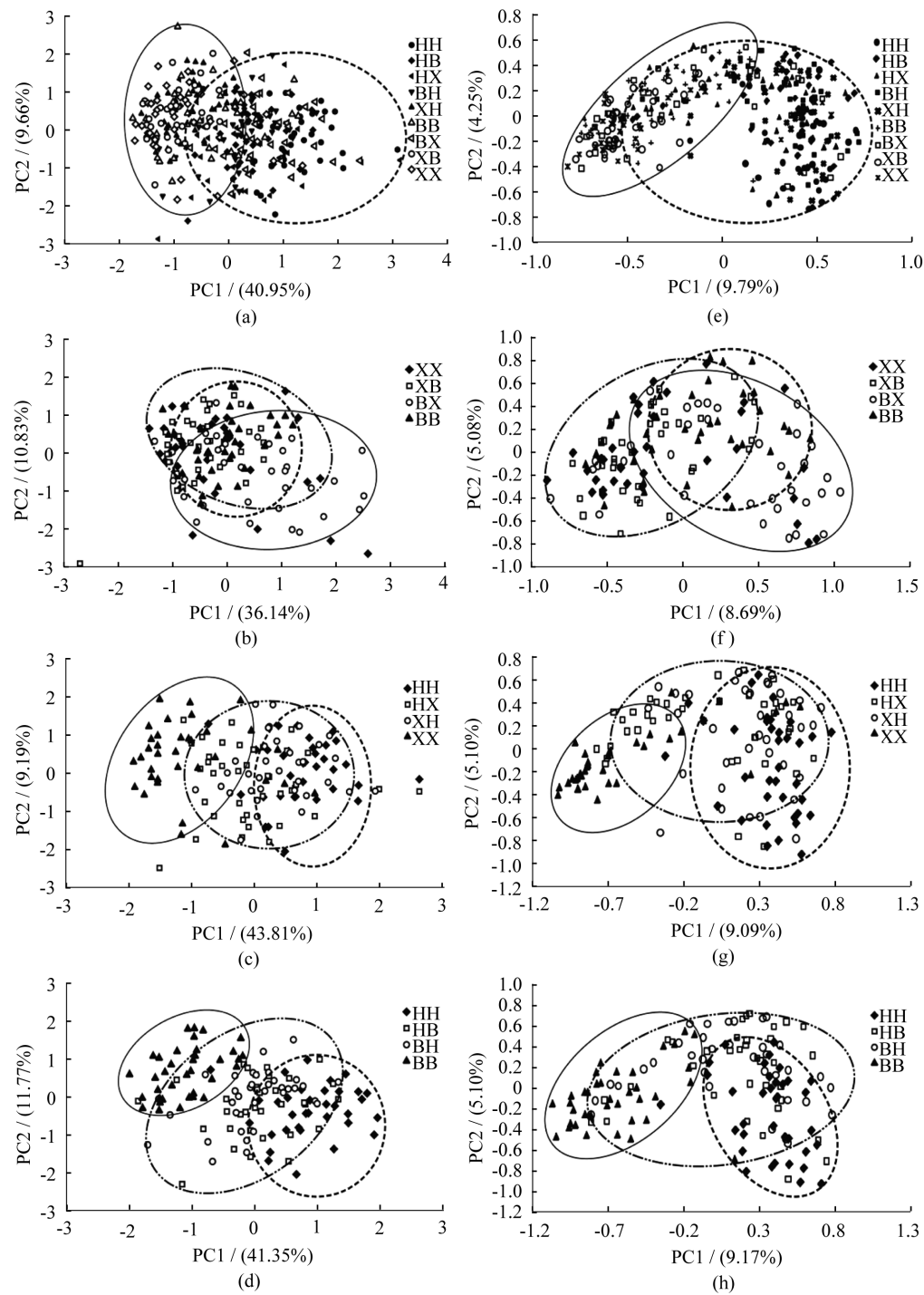


图3 传统形态学方法与分子群体遗传学方法对红鲤的主成分分析(个体水平)

(a)~(d)传统形态学方法;(e)~(h)分子群体遗传学方法

Fig. 3 Principal component analysis for morphological traits of red common carp based on the traditional morphological method and molecular population genetics method (individual level)

(a) - (d) the traditional morphological method; (e) - (h) the molecular population genetics method

表 3 传统形态学方法与分子群体遗传学方法对红鲤形态性状的整体判别分析结果
 Tab.3 Discrimination analysis for morphological traits in red common carp based on the traditional morphological method and molecular population genetics method

群体 populations	样本数 size	判别归类 discriminant classification										判别准确率 discriminant accuracy		综合判别率/% synthetic discriminant accuracy
		HH	HB	HX	BH	BB	BX	XH	XB	XX	P1/%	P2/%		
HH	36	20/23	2/5	5/2	3/2	1/0	1/0	4/3	0/0	0/1	55.6/63.9	41.7/46.0		
HB	35	6/5	4/9	7/4	8/9	0/0	2/3	2/2	2/2	4/1	11.4/25.7	26.7/25.7		
HX	39	8/3	2/7	13/7	2/4	6/2	1/4	5/6	1/2	1/4	33.3/17.9	27.1/36.8		
BH	35	2/5	2/4	4/2	20/13	0/2	2/2	2/5	1/0	2/2	57.1/37.1	35.7/27.7		
BB	37	1/1	0/0	1/0	4/2	21/19	0/3	0/0	8/9	2/3	56.8/51.4	44.7/22.5	33.9/33.5	
BX	35	2/2	2/5	3/1	7/4	3/8	5/5	2/2	7/4	4/4	14.3/14.3	33.3/21.7		
XH	35	7/11	2/3	14/3	9/8	1/0	1/3	0/6	1/1	0/0	0/17.1	0/24.0		
XB	35	0/0	1/1	0/0	1/0	9/5	1/2	0/0	21/17	2/10	60.0/48.6	36.2/36.2		
XX	35	2/0	0/1	1/0	2/5	6/4	2/3	0/1	17/12	5/9	14.3/25.7	25.0/26.5		

注:传统形态学方法/分子群体遗传学方法

Notes: the traditional morphological method/the molecular population genetics method

表 4 传统形态学方法与分子群体遗传学方法对红鲤形态性状的分组判别分析结果
 Tab.4 Discrimination analysis for morphological traits in three groups of red common carp based on the traditional morphological method and molecular population genetics method

组别 groups	群体 populations	样本数 sizes	判别归类 discriminant classification				判别准确率 discriminant accuracy		综合判别率/% synthetic discriminant accuracy
			HH	BB	HB	BH	P1/%	P2/%	
1	HH	36	31/23	0/0	4/6	1/7	86.1/63.9	81.6/65.7	70.6/61.5
	BB	37	0/1	33/33	1/0	3/4	89.2/89.2	82.5/78.6	
	HB	35	6/6	1/4	18/15	10/10	51.4/42.9	56.3/53.6	
	BH	35	1/5	6/5	9/7	19/18	54.3/51.4	57.6/46.2	
2	HH	36	20/25	1/1	7/6	8/4	55.6/69.4	52.6/59.5	61.4/53.1
	XX	35	1/0	29/27	2/3	3/5	82.9/77.1	74.4/69.2	
	HX	39	10/5	7/9	15/15	7/10	38.5/38.5	60.0/42.9	
	XH	35	7/12	2/2	1/11	25/10	71.4/28.6	58.1/34.5	
3	BB	37	27/20	4/3	4/5	2/9	73.0/54.1	69.2/54.1	56.3/46.5
	XX	35	2/4	8/9	7/10	18/12	22.9/25.7	38.1/36.0	
	BX	35	6/8	5/4	21/19	3/4	60.0/54.3	60.0/51.4	
	XB	35	4/5	4/9	3/3	24/18	68.6/51.4	51.1/41.9	

注:传统形态学方法/分子群体遗传学方法

Notes: the traditional morphological method/the molecular population genetics method

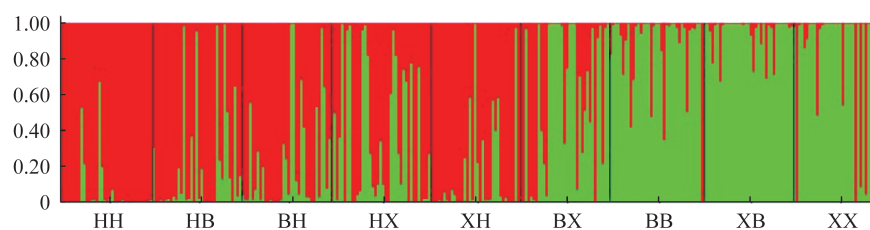


图 4 红鲤 9 个群体形态性状的 STRUCTURE 遗传聚类分析图

Fig. 4 STRUCTURE genetic clustering analysis for the nine populations of red common carp

3 讨论

通过传统形态学方法与分子群体遗传学方法对兴国红鲤、玻璃红鲤、荷包红鲤完全双列杂交所产生的 9 个群体的形态学数据进行比较分析可知:两类方法的聚类分析结果一致;主成分分析的结果表明传统形态学分析方法能更好地反映个体间的形态差异,而分子群体遗传学方法则能更好地反映群体间的形态差异;判别分析的结果显示两类方法的综合判别结果较为相当;利用 STRUCTURE 软件进行的遗传聚类分析结果也进一步表明,两类分析方法所得的结果一致。本研究表明,应用传统形态学方法与分子群体遗传学方法对鲤形态学数据进行分析的结果一致,分子群体遗传学方法处理鲤形态学数据是可行的。本研究以鲤为例说明了分子群体遗传学方法处理形态学数据是可行的,此后还可以对其他鱼类进行分析,以验证分子群体遗传学方法的准确性。

本研究使用两种方法进行判别分析时均是对 23 个形态参数进行判别,其结果均表明整体判别与分组判别的综合判别率相差很大,即将 9 个群体在同一水平上进行判别,其判别准确率很低,这是因为群体间相互杂交使后代在一定程度上继承了亲本的形态特征,从而产生后代性状的相似性和重叠^[8],特别是本研究采用的是 1 雌 3 雄的双列杂交方式,来自同一尾雌鱼的卵子分别与 3 尾雄鱼进行了交配,同一尾雄鱼的精子也与 3 尾雌鱼进行了交配,这种配组方式进一步增加了组合间的形态相似性。而将两两亲本群体与其正反杂种分成 3 组进行独立的判别分析时其综合判别率稍高(56.3%~70.6%),这是由于减少了其他组合群体的干扰。但相比于其他非杂交群体,本研究的判别准确率还是相对偏低^[4-5]。这也与本研究的遗传交配设计有关,不同于其他研究中的雌雄 1 比 1 单独配组。这种现象在其他水产生物研究中也有报道,如董志国等^[8]对三角帆蚌 3 个地理种群自交与杂交 F₁ 9 个群体的形态差异研究中,判别分析同样也很难将其区分开来,将其分为 3 组进行独立的判别分析时,得出 3 组的综合判别率为 69.54%~81.25%。此外,本实验选取的 3 种红鲤除荷包红鲤外,其他 2 种红鲤的形态特征非常相近,它们的正反杂种与其亲本的形态特征也差异不大,在一定程度上造成判别准确

率偏低。但本研究重点讨论的是两种方法分析的一致性,不是判别准确率的高低,若两种方法的判别准确率相近,说明两者的分析效果一致或相似。

如何将形态学数据转换为分子数据,不同的学者提出了不同观点。Thiele^[12]与 Wiens^[13]提出的数据转换方法使用频率最高。此外,大多数的研究都是依据形态学数据来构建群体的系统发育树^[31-36],而本实验利用分子群体遗传学软件对形态学数据进行了聚类分析、主成分分析以及判别分析,并验证了方法的可行性。

参考文献:

- [1] Wang C H. Study on genetic diversity of red common carps in China [D]. Shanghai: Shanghai Fisheries University, 2002: 3 - 14. [王成辉. 中国红鲤遗传多样性研究. 上海: 上海水产大学, 2002: 3 - 14.]
- [2] Li S F, Wang C H, Cheng Q Q. Morphological variations and phylogenesis of four strains in *Cyprinus carpio* [J]. Journal of Fisheries of China, 2005, 29(5): 606 - 611. [李思发, 王成辉, 程起群. 红鲤四品系的形态差异和种系关系. 水产学报, 2005, 29(5): 606 - 611.]
- [3] Tang Z Y, Lin Y, Li L P, et al. Analysis of morphological variations among four imported populations of *Tilapia nilotica* [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2012, 25(2): 718 - 722. [唐瞻杨, 林勇, 李莉萍, 等. 四个尼罗罗非鱼引进种群的形态差异分析. 西南农业学报, 2012, 25(2): 718 - 722.]
- [4] Mao H L, Zhao Z X, Shu H D, et al. Morphological variations in four *Pelteobagrus* species in Poyang Lake [J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2014, 41(5): 793 - 797. [毛慧玲, 赵哲霞, 舒汉鼎, 等. 鄱阳湖 4 种黄颡鱼形态差异分析. 安徽农业大学学报, 2014, 41(5): 793 - 797.]
- [5] Wang W, Chen L Q, Gu Z M, et al. Analysis of morphological variations among seven populations of *Erythroculter ilishaeformis* [J]. Freshwater Fisheries, 2007, 37(3): 40 - 44. [王伟, 陈立侨, 顾志敏, 等. 7 个不同翘嘴红鲌群体的形态差异分析. 淡水渔业, 2007, 37(3): 40 - 44.]
- [6] Liang C, Yang A G, Liu Z H, et al. Morphological variations and discriminant analysis of different geographical populations of *Scapharca broughtonii* Schrenck [J]. Marine Sciences, 2011, 35(11): 108 - 113. [梁超, 杨爱国, 刘志鸿, 等. 4 个地理群体魁蚶

- (*Scapharca broughtonii*) 的形态差异与判别分析. 海洋科学, 2011, 35(11): 108 - 113.]
- [7] Zhao X Q, Ni J, Chen L Q, *et al.* Analysis of morphological variations among four populations of *Macrobrachium nipponensis* [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2006, 13(2): 224 - 229. [赵晓勤, 倪娟, 陈立侨, 等. 日本沼虾 4 种群的形态差异分析. 中国水产科学, 2006, 13(2): 224 - 229.]
- [8] Dong Z G, Li J L, Zheng H F. Morphological variability in original parents and their reciprocal hybrids F_1 of fresh water mussel *Hyriopsis cumingii* from three geographical populations in China [J]. Journal of Dalian Fisheries University, 2008, 23(2): 92 - 97. [董志国, 李家乐, 郑汉丰. 三角帆蚌 3 个地理种群自交与杂交 F_1 代的形态差异分析. 大连水产学院学报, 2008, 23(2): 92 - 97.]
- [9] Cheng J. Molecular phylogeography of two *Scomber* species in Northwestern Pacific [D]. Qingdao: Ocean University of China, 2013: 1 - 192. [程娇. 西北太平洋两种鲈属鱼类的分子系统地理学研究. 青岛: 中国海洋大学, 2013: 1 - 192.]
- [10] Li J. Studies on molecular phylogeny of lower Euteleostean fishes (Teleostei; Euteleostei) and processes in shaping spatial patterns of species diversity of *Schizothorax* (Teleostei) and *Hynobius* (Amphibia) [D]. Shanghai: Fudan University, 2011: 1 - 161. [李隽. 低等真真骨鱼类的分子系统发育关系研究 - 兼论裂腹鱼属鱼类与两栖动物, 小鲵属物种多样性空间格局的成因. 上海: 复旦大学, 2011: 1 - 161.]
- [11] Qi Z C. Molecular phylogenetics and biogeography of the worldwide Smilacaceae (Liliales) [D]. Zhejiang: Zhejiang University, 2013: 1 - 126. [祁哲晨. 世界菝葜科 (百合目) 的分子系统发育及其生物地理学研究. 浙江: 浙江大学, 2013: 1 - 126.]
- [12] Thiele K. The holy grail of the perfect character: The cladistic treatment of morphometric data [J]. Cladistics, 1993, 9(3): 275 - 304.
- [13] Wiens J J. Character analysis in morphological phylogenetics: Problems and solutions [J]. Systematic Biology, 2001, 50(5): 689 - 699.
- [14] Strait D S, Moniz M A, Strait P T. Finite mixture coding a new approach to coding continuous characters [J]. Systematic Biology, 1996, 45(1): 67 - 78.
- [15] Wiens J J. Polymorphism in systematics and comparative biology [J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 1999, 30: 327 - 362.
- [16] Wiens J J. Polymorphic characters in phylogenetic systematics [J]. Systematic Biology, 1995, 44(4): 482 - 500.
- [17] Mickevich M F, Johnson M S. Congruence between morphological and allozyme data in evolutionary inference and character evolution [J]. Systematic Zoology, 1976, 25(3): 260 - 270.
- [18] Wiens J J, Bonett R M, Chippindale P T. Ontogeny discombobulates phylogeny: Paedomorphosis and higher-level salamander relationships [J]. Systematic Biology, 2005, 54(1): 91 - 110.
- [19] Naczi R F C. Insights on using morphologic data for phylogenetic analysis in Sedges (Cyperaceae) [J]. The Botanical Review, 2009, 75(1): 67 - 95.
- [20] D'Hondt C, Schols P, Huysmans S, *et al.* Systematic relevance of pollen and orbicule characters in the tribe Hillieae (Rubiaceae) [J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 2004, 146(3): 303 - 321.
- [21] Vargas S, Breedy O, Guzman H M. The phylogeny of Pacifigorgia (Coelenterata, Octocorallia, Gorgoniidae): A case study of the use of continuous characters in the systematics of the Octocorallia [J]. Zoosystema, 2010, 32(1): 5 - 18.
- [22] Rican O, Kullander S O. Character- and tree-based delimitation of species in the ' Cichlasoma ' facetum group (Teleostei, Cichlidae) with the description of a new genus [J]. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research, 2006, 44(2): 136 - 152.
- [23] Rican O, Zardoya R, Doadrio I. Phylogenetic relationships of Middle American cichlids (Cichlidae, Heroini) based on combined evidence from nuclear genes, mtDNA, and morphology [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2008, 49(3): 941 - 957.
- [24] Simonovic P D. Phylogenetic relationships of Ponto-Caspian gobies and their relationship to the Atlantic-Mediterranean Gobiinae [J]. Journal of Fish Biology, 1999, 54(3): 533 - 555.
- [25] Yeh F C, Yang R C, Boyle T B, *et al.* POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis [C]. Molecular Biology and Biotechnology Centre. Canada: University of Alberta, 1997, 10.
- [26] Peakall R, Smouse P E. GenAlEx 6. 5: Genetic analysis in Excel: Population genetic software for teaching and research-an update [J]. Bioinformatics, 2012, 28(19): 2537 - 2539.
- [27] Piry S, Alapetite A, Cornuet J M, *et al.* GENECLASS2: A software for genetic assignment

- and first-generation migrant detection [J]. *Journal of Heredity*, 2004, 95(6): 536 – 539.
- [28] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945 – 959.
- [29] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies [J]. *Genetics*, 2003, 164(4): 1567 – 1587.
- [30] Rosenberg N A. DISTRUCT: A program for the graphical display of population structure [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2004, 4(1): 137 – 138.
- [31] Werneck F D P, Giugliano L G, Collevatti R G, *et al.* Phylogeny, biogeography and evolution of clutch size in South American lizards of the genus *Kentropyx* (Squamata: Teiidae) [J]. *Molecular Ecology*, 2009, 18(2): 262 – 278.
- [32] Giugliano L G, Collevatti R G, Colli G R. Molecular dating and phylogenetic relationships among Teiidae (Squamata) inferred by molecular and morphological data [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2007, 45(1): 168 – 179.
- [33] Stephens P R, Wiens J J. Ecological diversification and phylogeny of emydid turtles [J]. *Biological Journal of the Linnean Society*, 2003, 79(4): 577 – 610.
- [34] De-Nova J A, Sosa V, Wurdack K J. Phylogenetic relationships and the description of a new species of *Enriquebeltrania* (Euphorbiaceae): An enigmatic genus endemic to Mexico [J]. *Systematic Botany*, 2006, 31(3): 533 – 546.
- [35] Moon H K, Vinckier S, Walker J B, *et al.* A search for phylogenetically informative pollen characters in the *Subtribe salviinae* (Menthae; Lamiaceae) [J]. *International Journal of Plant Sciences*, 2008, 169(3): 455 – 471.
- [36] Bogdanowicz W, Juste J, Owen R D, *et al.* Geometric morphometrics and cladistics: Testing evolutionary relationships in mega- and microbats [J]. *Acta Chiropterologica*, 2005, 7(1): 39 – 49.

Applicability of molecular population genetics methods in analyzing common carp morphological data

LIN Mingxue¹, WANG Jian², WANG Jun¹, LI Kangle¹, GU Zhenzhen¹,
XIANG Songping², XU Zhibin², JIA Yanmin³, LU Guoyan³, WANG Chenghui^{1*}

(1. Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Ministry of Agriculture,
Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;

2. Oujiang Color Common Carp Provincial Farm, Longquan 323700, China;

3. Yanan Fisheries Station, Yanan 716000, China)

Abstract: The traditional morphological methods implemented in mathematical statistic software, including clustering analysis, principal component analysis and discriminant analysis, have been widely used in dealing with morphological data in fishes. However, a series of molecular genetics software have also been developed coupling with development of modern molecular biology techniques. In this paper, in order to study the applicability of the molecular population genetics methods in analyzing fish morphological data, the morphological traits of nine mating combinations from a complete diallel cross of Xingguo red common carp (*C. carpio* var. *singuonensis*), Glass red common carp (*C. carpio* var. *wananensis*) and Purse red common carp (*C. carpio* var. *wuyuanensis*), were used to conduct comparative analysis of traditional morphological methods and molecular population genetics methods. The results showed that the same profiles of clustering analysis were found from the two kinds of methods. The principal component analysis indicated that the traditional morphological methods can better reflect the morphological variations among individuals, while the molecular population genetics methods can better reflect the morphological differences among populations. The discriminant analysis showed the similar discriminant accuracy of the two kinds of methods. Furthermore, the genetic clustering analysis results using software STRUCTURE illustrated the consistency of the two kinds of methods. Consequently, the study produced the same results from the traditional morphological methods and molecular population genetics methods in dealing with morphological data of red common carp. It is feasible to analyze morphological data of common carp using molecular population genetics methods.

Key words: common carp; morphological traits; multivariate analysis; molecular genetics

Corresponding author: WANG Chenghui. E-mail: wangch@shou.edu.cn