

魏源博,张桂蓉,李雷,等.雅鲁藏布江异齿裂腹鱼不同群体的形态差异[J].华中农业大学学报,2021,40(3):238-247.

DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2021.03.027

雅鲁藏布江异齿裂腹鱼不同群体的形态差异

魏源博¹,张桂蓉¹,李雷²,马波²,马徐发¹,魏开建¹

1.华中农业大学水产学院/水产养殖国家级实验教学示范中心/

农业农村部淡水生物繁育重点实验室,武汉430070;2.中国水产科学研究院黑龙江水产研究所,哈尔滨150070

摘要 为探讨雅鲁藏布江异齿裂腹鱼(*Schizothorax o'connori*)群体形态学差异,基于12个常规性状和20个框架性状的比例数据,运用多变量形态度量学方法对异齿裂腹鱼10个群体的形态差异进行研究。主成分分析提取了6个主成分,累计贡献率为74.23%,其中第一主成分主要受全长/体长、吻长/体长、眼径/体长、 D_{1-2} /体长、 D_{1-3} /体长等14个鱼体水平轴向性状的影响,第二主成分主要受体高/体长、尾柄高/体长、体宽/体长、胸鳍起点间距/体长、腹鳍起点间距/体长等10个鱼体垂直轴向性状的影响。主成分分析、单因素方差分析和聚类分析结果显示,雅鲁藏布大峡谷下游支流帕隆藏布江通麦和卡达桥2个群体、大峡谷上游8个群体之间形态分化明显,分别聚为一支,而大峡谷上游8个群体聚为2个组群。建立了10个群体的判别函数,总判别准确率为88.60%,其中日喀则、拉孜、墨竹工卡和通麦群体的判别准确率为95.92%~100.00%。大峡谷上游、下游异齿裂腹鱼群体间的形态分化可能与地理隔离及适应特定栖息环境等有关。

关键词 异齿裂腹鱼;形态度量分析;群体形态差异;主成分分析;聚类分析;种群资源;珍稀物种;群体识别;判别分析;雅鲁藏布江

中图分类号 S 917 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2021)03-0238-10

异齿裂腹鱼(*Schizothorax o'connori*)隶属鲤形目(Cypriniformes)、鲤科(Cyprinidae)、裂腹鱼亚科(Schizothoracinae)、裂腹鱼属(*Schizothorax*),是我国西藏特有的高原冷水性鱼类,分布于雅鲁藏布江中上游干支流及其附属水体中^[1]。异齿裂腹鱼是随着青藏高原的急剧隆升而特化的裂腹鱼类群之一^[2],是雅鲁藏布江的主要优势鱼类和珍稀物种,具有重要经济和生态价值,在鱼类进化和动物地理学等研究中具有重要科学价值。近年来,由于过度捕捞、外来物种入侵、涉水工程建设等人类活动的影响,其自然种群数量急剧下降,个体小型化明显^[3-4],急需加强其现有种群资源保护的研究。

目前,国内学者对异齿裂腹鱼生物学特征^[5-6]、资源状况^[3]等作了研究,并开展了种群资源评估^[7]、增殖放流试验与幼鱼标记方法^[8-9]等研究,以保护其种群资源。探明珍稀鱼类不同群体的潜在遗传结构、遗传分化、形态差异等种质特征,是科学开展亲本遗传管理、人工繁育、增殖放流等种质资源养护的

重要前提之一。武云飞等^[1]首次报道了雅鲁藏布大峡谷(后文简称大峡谷)上游流域和下游支流中异齿裂腹鱼在须长、下咽骨形态等少量形态特征上存在明显差异。随后国内学者基于单个mtDNA序列^[10]或将mtDNA序列与微卫星标记相结合^[11-12],对雅鲁藏布江异齿裂腹鱼的亲缘地理学和群体遗传学进行了研究,揭示异齿裂腹鱼群体存在显著遗传结构,大峡谷上游流域和下游支流等群体间存在明显遗传分化。而关于异齿裂腹鱼不同地理群体的形态差异还未见研究报道。为此,笔者通过测量鱼体常规和框架形态性状,运用主成分分析、聚类分析、判别分析等方法比较了雅鲁藏布江异齿裂腹鱼10个群体的形态差异,建立了不同群体的形态判别函数,旨在为雅鲁藏布江异齿裂腹鱼群体识别、种质资源保护和管理提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 材料

异齿裂腹鱼10个群体样本于2018年4—6月

收稿日期:2020-07-23

基金项目:国家自然科学基金项目(31772851)

魏源博, E-mail: 1071159245@qq.com

通信作者:魏开建, E-mail: kjwei@mail.hzau.edu.cn

采自雅鲁藏布江流域拉孜县、日喀则市、桑日县、加查县的墨竹工卡县江段,以及大峡谷下游支流帕隆藏布江的通麦镇、卡达桥江段,样本量和鱼体规格等见表 1。

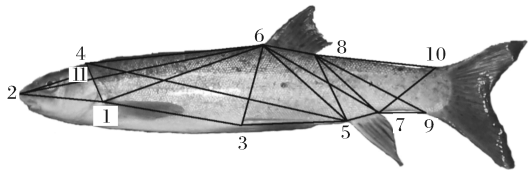
表 1 异齿裂腹鱼 10 个群体的样本量、体长、体质量和采样地点

Table 1 Sample size, body length, body weight and sampling locations of ten populations of *S. o'connori*

群体 Population	样本量 Sample size	体长/cm Body length		体质量/kg Body weight		经度 Longitude	纬度 Latitude
		范围 Range	均值 Mean	范围 Range	均值 Mean		
拉孜(LTS) Lhatse	29	35.17~45.68	41.02	0.65~1.35	1.06	87°38'4.72"E	29°05'6.01"N
日喀则(SG) Shigatse	33	26.77~34.75	31.12	0.27~0.52	0.37	88°52'44.66"E	29°16'12.96"N
墨竹工卡(MG) Maldrogongkar	49	17.63~54.12	34.18	0.08~2.30	0.70	91°20'53.65"E	29°40'19.33"N
桑日(SR) Sangri	37	26.39~49.31	39.02	0.25~1.69	0.99	92°03'56.65"E	29°17'01.23"N
加查(GC) Gyaca	41	23.59~52.17	40.48	0.20~1.97	1.09	92°37'31.79"E	29°06'67.97"N
朗县(NAN) Nangxian	47	26.10~51.22	34.86	0.30~2.23	0.77	92°53'49.42"E	29°04'03.78"N
米林(ML) Mainling	46	24.39~47.30	31.26	0.20~2.21	0.54	94°06'09.37"E	29°11'59.16"N
派镇(PZ) Paizhen	15	18.07~47.76	32.97	0.06~1.70	0.68	94°51'41.73"E	30°06'10.68"N
通麦(TM) Tongmai	35	16.11~35.39	22.64	0.06~0.65	0.18	95°04'17.34"E	30°05'79.59"N
卡达桥(KDQ) Kadaqiao	10	20.06~25.79	22.74	0.11~0.25	0.17	95°19'28.17"E	29°59'47.33"N

1.2 形态性状测量

对鱼体的两类形态性状进行测量。一类是常规形态性状^[13-14],先用数显游标卡尺(精确度 0.01 mm)测量鱼体的眼径(ED)、眼间距(ID)、口裂宽(MB)、体宽(BW)、胸鳍起点间距(DOP)、腹鳍起点间距(DOV),然后以直尺为参照拍摄鱼体左侧数码照片,采用 Photoshop 软件度量工具测量鱼体的全长(TL)、体长(BL)、头长(HL)、吻长(SL)、体高(BD)、尾柄长(CPL)、尾柄高(CPD)等 13 个常规形态性状。另一类是框架形态性状^[13,15-16],采用 11 个解剖学坐标点进行框架测量(图 1),坐标点之间的直线距离用 D_{1-2} 、 D_{1-3} 、 $\cdots$ 、 D_{8-10} 等表示,采用 Photoshop 软件共测量了 20 个框架形态性状(精确度 0.1 mm)。



11 个解剖学坐标位点 Eleven anatomical landmark points. 1. 胸鳍起点 Origin of pectoral fin; 2. 吻端 Tip of snout; 3. 腹鳍起点 Origin of ventral fin; 4. 额部有鳞部最前端 Most anterior end of scales on skull; 5. 臀鳍起点 Origin of anal fin; 6. 背鳍起点 Origin of dorsal fin; 7. 臀鳍基部末端 Terminus of anal fin base; 8. 背鳍基部末端 Terminus of dorsal fin base; 9. 尾鳍腹部起点 Ventral origin of caudal fin; 10. 尾鳍背部起点 Dorsal origin of caudal fin; 11. 鳃盖基部 Operculum base.

图 1 异齿裂腹鱼形态测量框架结构

Fig.1 Truss network for morphological measurement of *S. o'connori*

1.3 数据分析

为了消除鱼体大小差异对形态性状观测值的影响,将每一个体的形态测量数据与其体长(BL)的比值作为形态度量分析的性状^[14-17],共有 32 个比例性状(体长除外)用于分析。采用 Statistica 7.0 软件对 32 个比例性状数据进行主成分分析、聚类分析和判别分析,其中聚类方法为欧氏距离的最短距离法,判别分析采用逐步判别法^[18]。采用单因素方差分析和 Newman-Keuls 检验比较不同群体之间形态比例性状的差异。

2 结果与分析

2.1 主成分分析

主成分分析提取了 6 个主成分(PC1~PC6),其方差累积贡献率为 74.23%(表 2)。从 32 个比例性状对 6 个主成分的负荷值可以看出,PC1 贡献率最高(28.22%),主要与全长、吻长、眼径、 D_{1-2} 、 D_{1-3} 、 D_{1-6} 、 D_{2-11} 、 D_{3-5} 、 D_{4-5} 、 D_{4-6} 、 D_{7-9} 、 D_{7-10} 、 D_{8-9} 、 D_{8-10} 对体长(BL)的 14 个比例性状有关,主要反映吻端至尾柄端鱼体水平轴向的形态变化;PC2 贡献率次之(19.09%),主要与体高、尾柄高、体宽、胸鳍起点间距、腹鳍起点间距、 D_{3-6} 、 D_{5-6} 、 D_{5-8} 、 D_{6-7} 、 D_{7-8} 对 BL 的 10 个比例性状有关,主要反映鱼体垂直轴向躯干部高度、宽度以及尾柄高度的形态变化;PC3 和 PC4 的贡献率分别为 9.02% 和 8.59%,各比例性状的负荷值均小于 0.600;PC5(贡献率 5.25%)主要与 D_{6-8} /BL 有关,主要反映背鳍基部长度的变化;PC6(贡献率 4.06%)主要与 ID/BL 有关,主要反映头部眼间距的变化。

表 2 异齿裂腹鱼 10 个群体 32 个比例性状对 6 个主成分的负荷值及主成分的贡献率

Table 2 Loading of six principal components for thirty-two characters of ten *S. o'connori* populations and their contribution rate

比例性状 Proportional character	变量 Variable	主成分 Principal components (PC)					
		PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
全长/体长 TL/BL	X ₁	0.643 *	−0.044	−0.147	−0.150	0.131	0.420
头长/体长 HL/BL	X ₂	0.588	−0.094	−0.523	0.165	0.265	−0.005
吻长/体长 SL/BL	X ₃	0.711 *	−0.128	−0.446	0.224	0.181	−0.187
眼径/体长 ED/BL	X ₄	0.748 *	0.125	0.002	−0.041	0.245	0.269
眼间距/体长 ID/BL	X ₅	−0.370	−0.057	−0.351	−0.147	−0.104	−0.613 *
口裂宽/体长 MB/BL	X ₆	0.250	−0.563	−0.409	−0.077	−0.150	−0.049
体高/体长 BD/BL	X ₇	−0.199	−0.761 *	−0.185	−0.302	−0.019	0.198
尾柄长/体长 CPL/BL	X ₈	0.571	0.177	0.192	−0.523	−0.262	−0.130
尾柄高/体长 CPD/BL	X ₉	0.346	−0.608 *	−0.051	−0.283	−0.125	0.149
体宽/体长 BW/BL	X ₁₀	−0.461	−0.622 *	−0.184	−0.221	0.059	−0.074
胸鳍起点间距/体长 DOP/BL	X ₁₁	−0.323	−0.626 *	−0.367	−0.231	−0.128	−0.279
腹鳍起点间距/体长 DOV/BL	X ₁₂	−0.321	−0.630 *	−0.235	−0.276	−0.058	−0.137
D ₁₋₂ /体长 D ₁₋₂ /BL	X ₁₃	0.770 *	0.065	−0.434	0.111	0.249	−0.018
D ₁₋₃ /体长 D ₁₋₃ /BL	X ₁₄	−0.602 *	−0.332	0.162	−0.182	0.149	0.129
D ₁₋₄ /体长 D ₁₋₄ /BL	X ₁₅	0.444	−0.257	−0.115	−0.340	0.231	0.225
D ₁₋₆ /体长 D ₁₋₆ /BL	X ₁₆	−0.837 *	0.031	0.013	−0.339	0.146	0.111
D ₂₋₆ /体长 D ₂₋₆ /BL	X ₁₇	−0.561	0.263	−0.417	−0.272	0.420	0.061
D ₂₋₁₁ /体长 D ₂₋₁₁ /BL	X ₁₈	0.684 *	−0.150	−0.479	0.165	0.224	−0.076
D ₃₋₅ /体长 D ₃₋₅ /BL	X ₁₉	−0.697 *	0.029	0.145	0.322	0.045	0.029
D ₃₋₆ /体长 D ₃₋₆ /BL	X ₂₀	−0.302	−0.728 *	−0.121	−0.387	0.009	0.187
D ₄₋₅ /体长 D ₄₋₅ /BL	X ₂₁	−0.720 *	−0.121	0.229	−0.012	0.322	0.100
D ₄₋₆ /体长 D ₄₋₆ /BL	X ₂₂	−0.702 *	0.277	0.038	−0.421	0.283	0.036
D ₅₋₆ /体长 D ₅₋₆ /BL	X ₂₃	0.020	−0.818 *	0.220	0.270	−0.015	0.104
D ₅₋₇ /体长 D ₅₋₇ /BL	X ₂₄	−0.387	−0.264	−0.152	0.379	−0.269	−0.107
D ₅₋₈ /体长 D ₅₋₈ /BL	X ₂₅	0.071	−0.811 *	0.298	0.077	0.218	−0.112
D ₆₋₇ /体长 D ₆₋₇ /BL	X ₂₆	0.166	−0.769 *	0.212	0.449	−0.119	0.133
D ₆₋₈ /体长 D ₆₋₈ /BL	X ₂₇	−0.166	−0.130	−0.340	0.250	−0.655 *	0.428
D ₇₋₈ /体长 D ₇₋₈ /BL	X ₂₈	0.278	−0.670 *	0.409	0.233	0.269	−0.117
D ₇₋₉ /体长 D ₇₋₉ /BL	X ₂₉	0.610 *	0.226	0.155	−0.561	−0.258	−0.018
D ₇₋₁₀ /体长 D ₇₋₁₀ /BL	X ₃₀	0.652 *	0.036	0.125	−0.554	−0.258	−0.029
D ₈₋₉ /体长 D ₈₋₉ /BL	X ₃₁	0.636 *	−0.363	0.482	−0.106	0.058	−0.200
D ₈₋₁₀ /体长 D ₈₋₁₀ /BL	X ₃₂	0.625 *	−0.240	0.566	−0.119	0.117	−0.173
可解释方差 Explained variance		9.031	6.109	2.886	2.749	1.679	1.298
贡献率/% Contribution rate		28.22	19.09	9.02	8.59	5.25	4.06

注 Note: * 标记的负荷值>0.600 Marked loadings are>0.600.

以贡献率最高的 PC1 和 PC2 构建因子得分散布图(图 2)。通麦(TM)和卡达桥(KDQ)2 个群体彼此重叠,其散布区位于 PC1 轴上因子得分>0.75、PC2 轴上因子得分<0.25 的区域,并与大峡谷上游 8 个群体几乎完全分开,存在明显差异。在大峡谷上游 8 个群体中,日喀则(SG)与米林(ML)、墨竹工卡(MG)群体的散布区相邻且有较多重叠。拉孜(LTS)、桑日(SR)、加查(GC)、朗县(NAN)4 个群体之间彼此重叠,它们与 SG 群体散布区相邻但重叠很少。MG、ML 和派镇(PZ)3 个群体的散布区较分散。

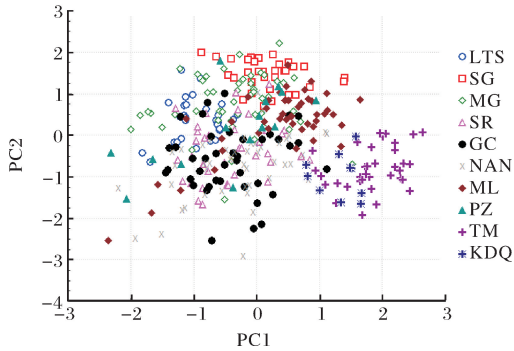


图 2 异齿裂腹鱼 10 个群体的第一、第二主成分散布图
Fig.2 Scatter diagram for the first principal component (PC1) and the second principal components (PC2) of ten *S. o'connori* populations

2.2 群体间形态差异的方差分析

单因素方差分析表明,10个群体之间32个比例性状均存在显著性差异($P<0.05$),群体之间各比例性状平均数的多重比较结果见表3。

从表3可见,在12个常规形态性状中,TM群体TL/BL和ED/BL均值最大,KDQ群体次之,这2个群体的TL/BL和ED/BL都显著大于大峡谷上游8个群体($P<0.05$)。同时,TM群体的HL/BL、SL/BL、CPD/BL均值也最大,显著大于其余9个群体($P<0.05$);KDQ群体ID/BL均值最小,显著小于其余9个群体($P<0.05$)。TM和KDQ2个群体的其他6个常规性状与大峡谷上游一部分群体间无显著差异。在大峡谷上游8个群体中,LTS群体有4个性状(TL/BL、HL/BL、SL/BL、CPD/BL)均值最小;SG群体有2个性状(ID/BL、CPL/BL)均值最大,5个性状(MB/BL、BD/BL、BW/BL、DOP/BL、DOV/BL)均值最小;MG和SR群体分别在CPL/BL、ED/BL性状的均值最小;SR和GC群体分别在BW/BL、MB/BL性状的均值最大;NAN群体在3个性状(BD/BL、DOP/BL、DOV/BL)的均值最大。在大峡谷上游8个群体之间,12个常规形态性状分别呈现不同程度的差异(表3)。

在20个框架形态性状中,TM与KDQ2个群体之间仅有3个性状(D_{1-2}/BL 、 D_{2-11}/BL 和 D_{3-6}/BL)存在显著性差异($P<0.05$)。TM群体3个性状(D_{1-2}/BL 、 D_{1-4}/BL 、 D_{2-11}/BL)均值最大,都显著大于大峡谷上游8个群体($P<0.05$)。TM(或KDQ)群体5个性状(D_{1-6}/BL 、 D_{2-6}/BL 、 D_{3-5}/BL 、 D_{4-5}/BL 、 D_{4-6}/BL)均值最小,2个群体的5个性状都显著小于大峡谷上游8个群体($P<0.05$)。TM(或KDQ)群体6个性状(D_{5-6}/BL 、 D_{5-8}/BL 、 D_{6-7}/BL 、 D_{7-8}/BL 、 D_{8-9}/BL 、 D_{8-10}/BL)均值最大,2个群体的6个性状都显著大于大峡谷上游8个群体($P<0.05$)。在大峡谷上游8个群体中,LTS群体有4个性状(D_{1-6}/BL 、 D_{2-6}/BL 、 D_{4-5}/BL 、 D_{4-6}/BL)均值最大, D_{2-11}/BL 均值最小;SG群体有7个性状(D_{1-3}/BL 、 D_{3-6}/BL 、 D_{5-6}/BL 、 D_{5-8}/BL 、 D_{6-7}/BL 、 D_{6-8}/BL 、 D_{7-8}/BL)均值最小;MG群体的 D_{6-8}/BL 均值最大,2个性状(D_{8-9}/BL 、 D_{8-10}/BL)均值最小;SR群体有2个性状(D_{1-4}/BL 、 D_{7-10}/BL)均值最小;GC群体有2个性状(D_{3-5}/BL 、 D_{5-7}/BL)均值最大, D_{7-9}/BL 均值最小;NAN群体的 D_{1-2}/BL 均值最小,在2个性状(D_{1-3}/BL 、 D_{3-6}/BL)均值最大。大峡谷上游8个群体之间20个框架形态性状表现出不同程度的差异(表3)。

表3 异齿裂腹鱼10个群体间32个比例性状平均数的多重比较

Table 3 Multiple comparison for averages of thirty-two proportional characters among ten populations of *S. o'connori*

性状 Character	群体 Population									
	LTS	SG	MG	SR	GC	NAN	ML	PZ	TM	KDQ
TL/BL	1.148± 0.011d	1.162± 0.013bcd	1.152± 0.025cd	1.151± 0.019cd	1.159± 0.022bcd	1.169± 0.021b	1.170± 0.022b	1.165± 0.021bc	1.194± 0.020a	1.183± 0.012a
HL/BL	0.179± 0.009d	0.185± 0.012cd	0.191± 0.013bc	0.196± 0.013b	0.192± 0.018bc	0.186± 0.011bcd	0.191± 0.015bc	0.187± 0.017bcd	0.206± 0.010a	0.193± 0.008bc
SL/BL	0.056± 0.004e	0.063± 0.004bc	0.060± 0.006cd	0.066± 0.005b	0.065± 0.007b	0.060± 0.006cde	0.063± 0.007bc	0.058± 0.009de	0.072± 0.006a	0.067± 0.003b
ED/BL	0.016± 0.000d	0.022± 0.000c	0.018± 0.001d	0.016± 0.000d	0.017± 0.001d	0.018± 0.000d	0.022± 0.001c	0.018± 0.001d	0.027± 0.001a	0.025± 0.001b
ID/BL	0.085± 0.004a	0.086± 0.005a	0.082± 0.005bcd	0.085± 0.004ab	0.083± 0.004bc	0.082± 0.004b	0.079± 0.003de	0.080± 0.005cde	0.077± 0.004e	0.074± 0.004f
MB/BL	0.084± 0.006cd	0.082± 0.004d	0.083± 0.007cd	0.093± 0.008b	0.101± 0.005a	0.099± 0.006a	0.095± 0.006b	0.087± 0.009c	0.095± 0.007b	0.093± 0.004b
BD/BL	0.225± 0.011b	0.192± 0.007d	0.200± 0.007d	0.228± 0.018b	0.229± 0.013b	0.243± 0.018a	0.214± 0.023c	0.229± 0.030b	0.220± 0.013bc	0.232± 0.009b
CPL/BL	0.165± 0.011bc	0.179± 0.009a	0.157± 0.013c	0.157± 0.016c	0.159± 0.012c	0.169± 0.014ab	0.175± 0.017a	0.172± 0.013ab	0.179± 0.012a	0.175± 0.012ab
CPD/BL	0.102± 0.006d	0.102± 0.003d	0.103± 0.006cd	0.105± 0.005cd	0.105± 0.005cd	0.109± 0.006b	0.107± 0.004bc	0.106± 0.007bc	0.114± 0.005a	0.110± 0.004b
BW/BL	0.153± 0.008a	0.130± 0.004d	0.137± 0.011cd	0.155± 0.011a	0.150± 0.014a	0.151± 0.012a	0.143± 0.013bc	0.148± 0.013ab	0.136± 0.007cd	0.142± 0.007bc
DOP/BL	0.152± 0.008a	0.136± 0.008c	0.142± 0.010b	0.151± 0.007a	0.154± 0.008a	0.155± 0.010a	0.143± 0.009b	0.146± 0.012b	0.142± 0.009b	0.144± 0.006b

续表 3 Continued Table 3

性状 Character	群体 Population									
	LTS	SG	MG	SR	GC	NAN	ML	PZ	TM	KDQ
DOV/BL	0.100± 0.006a	0.092± 0.004c	0.094± 0.005bc	0.099± 0.006a	0.100± 0.005a	0.101± 0.008a	0.096± 0.005ab	0.099± 0.008a	0.096± 0.004ab	0.098± 0.004ab
D_{1-2} /BL	0.194± 0.008c	0.203± 0.010bc	0.200± 0.014bc	0.200± 0.009bc	0.199± 0.016bc	0.194± 0.011c	0.203± 0.017bc	0.196± 0.022c	0.221± 0.012a	0.209± 0.006b
D_{1-3} /BL	0.333± 0.011ab	0.315± 0.021d	0.327± 0.015abc	0.330± 0.013abc	0.329± 0.012abc	0.336± 0.014a	0.321± 0.017bcd	0.335± 0.020a	0.320± 0.010cd	0.323± 0.018bcd
D_{1-4} /BL	0.121± 0.005bcd	0.117± 0.007d	0.112± 0.006e	0.111± 0.007e	0.118± 0.009cd	0.122± 0.005bc	0.120± 0.006bcd	0.117± 0.008d	0.127± 0.007a	0.124± 0.005ab
D_{1-6} /BL	0.403± 0.013a	0.382± 0.015b	0.385± 0.017b	0.387± 0.015b	0.385± 0.019b	0.396± 0.016a	0.386± 0.018b	0.398± 0.025a	0.352± 0.012c	0.358± 0.013c
D_{2-6} /BL	0.578± 0.012a	0.567± 0.011b	0.568± 0.014b	0.573± 0.012ab	0.565± 0.014b	0.563± 0.013b	0.567± 0.011b	0.573± 0.016ab	0.546± 0.016c	0.540± 0.011c
D_{2-11} /BL	0.122± 0.008e	0.127± 0.007de	0.133± 0.010bcd	0.138± 0.008b	0.131± 0.012cd	0.128± 0.009cde	0.134± 0.008bc	0.127± 0.014cde	0.148± 0.007a	0.139± 0.005b
D_{3-5} /BL	0.258± 0.011a	0.252± 0.012a	0.257± 0.018a	0.258± 0.013a	0.259± 0.014a	0.252± 0.018a	0.251± 0.014a	0.254± 0.014a	0.230± 0.010b	0.232± 0.014b
D_{3-6} /BL	0.217± 0.011b	0.182± 0.008d	0.185± 0.013d	0.214± 0.020b	0.219± 0.013b	0.233± 0.017a	0.203± 0.022c	0.217± 0.026b	0.204± 0.011c	0.216± 0.009b
D_{4-5} /BL	0.658± 0.012a	0.631± 0.018b	0.633± 0.022b	0.638± 0.017b	0.642± 0.018b	0.641± 0.032b	0.634± 0.018b	0.642± 0.019b	0.615± 0.013c	0.618± 0.015c
D_{4-6} /BL	0.438± 0.016a	0.419± 0.016b	0.402± 0.026c	0.402± 0.015c	0.403± 0.018c	0.407± 0.015bc	0.408± 0.018bc	0.417± 0.023b	0.370± 0.016d	0.375± 0.014d
D_{5-6} /BL	0.278± 0.009c	0.267± 0.010d	0.280± 0.011c	0.292± 0.010b	0.294± 0.014b	0.291± 0.012b	0.281± 0.013c	0.281± 0.024c	0.301± 0.010a	0.304± 0.014a
D_{5-7} /BL	0.072± 0.005cd	0.071± 0.004cd	0.076± 0.006ab	0.074± 0.005bc	0.079± 0.007a	0.076± 0.009ab	0.071± 0.004cd	0.069± 0.006d	0.069± 0.004d	0.070± 0.004cd
D_{5-8} /BL	0.184± 0.007c	0.174± 0.008d	0.181± 0.012c	0.193± 0.012b	0.194± 0.015b	0.193± 0.013b	0.187± 0.012bc	0.188± 0.012bc	0.205± 0.009a	0.204± 0.008a
D_{6-7} /BL	0.312± 0.012e	0.309± 0.010e	0.325± 0.013cd	0.332± 0.012bc	0.336± 0.014b	0.332± 0.012b	0.322± 0.011d	0.322± 0.012d	0.345± 0.013a	0.348± 0.015a
D_{6-8} /BL	0.127± 0.009b	0.126± 0.011b	0.139± 0.013a	0.138± 0.012a	0.137± 0.011a	0.139± 0.010a	0.131± 0.009ab	0.137± 0.010a	0.127± 0.010b	0.129± 0.013b
D_{7-8} /BL	0.199± 0.009de	0.197± 0.010e	0.201± 0.013cde	0.210± 0.012bc	0.213± 0.016b	0.208± 0.014bcd	0.206± 0.011bcde	0.205± 0.012bcde	0.231± 0.016a	0.234± 0.009a
D_{7-9} /BL	0.140± 0.010bc	0.146± 0.013ab	0.131± 0.013cd	0.131± 0.012d	0.124± 0.013e	0.138± 0.016bcd	0.151± 0.014a	0.138± 0.008bcd	0.151± 0.010a	0.145± 0.014ab
D_{7-10} /BL	0.175± 0.009cd	0.189± 0.010ab	0.171± 0.013d	0.170± 0.012d	0.171± 0.015d	0.182± 0.014bc	0.187± 0.010ab	0.180± 0.010bc	0.194± 0.008a	0.188± 0.012ab
D_{8-9} /BL	0.317± 0.011c	0.322± 0.014c	0.314± 0.015c	0.320± 0.011c	0.318± 0.014c	0.324± 0.016bc	0.332± 0.019b	0.319± 0.011c	0.360± 0.014a	0.358± 0.015a
D_{8-10} /BL	0.283± 0.016de	0.297± 0.017b	0.276± 0.016e	0.282± 0.011de	0.285± 0.015cde	0.292± 0.015bcd	0.294± 0.012bc	0.282± 0.013de	0.325± 0.016a	0.324± 0.017a

注:数据为平均数±标准差。采用单因素方差分析和 Newman-Keuls 检验比较 10 个群体间各个性状平均数的差异。同行中标有不同字母者有显著性差异 ($P < 0.05$)。Note: Data were expressed as $\bar{X} \pm SD$. One-way ANOVA and Newman-Keuls test were used to compare the difference of average of each character among ten populations. In the same row, there were significant differences between/among the averages marked with different letters ($P < 0.05$).

总体上,在 32 个比例性状中, TM 和 KDQ 2 个群体中, SR 与 GC 之间的 N_D 最少(4); LTS 群体与大峡谷上游 8 个群体之间的显著差异性状数与 ML 之间的 N_D 最多(22), 与 SG、MG 之间的 N_D 次之(17), 与其余 4 个群体之间的 N_D 相对较少; SG 群体与 ML、MG 之间的 N_D 较少(13~15), 与其余 5

个群体之间的 N_D 较多(17~21)。

2.3 聚类分析

基于 32 个比例性状对 10 个群体进行聚类分析,获得群体之间的平均欧氏距离范围为 0.087 (TM/KDQ) ~ 0.172 (TM/LTS)。其中, TM 和 KDQ 2 个群体与大峡谷上游 8 个群体之间的欧氏距离较大(0.126~0.172); NAN 群体与 SG 和 MG 之间的距离(0.133 和 0.132)、GC 与 SG 群体之间的距离(0.128)也较大,其余群体之间的距离较小(0.102~0.124)。基于欧氏距离构建了 10 个群体的聚类图(图 3),大峡谷下游支流 TM 和 KDQ 2 个群体形态相近而聚为一支,而大峡谷上游 8 个群体聚为另一支。在大峡谷上游 8 个群体这一分支中, SR 与 GC 群体形态相似、先聚在一起,再依次与 LTS、PZ、NAN 群体聚为一个组群;而 SG、ML、MG 3 个群体聚为另一个组群。

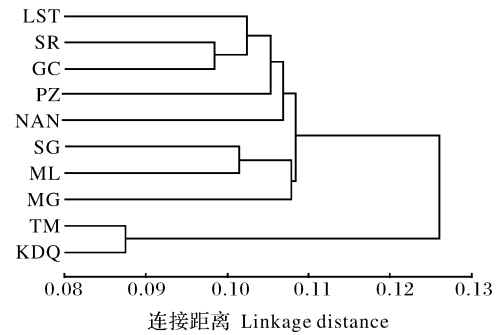


图 3 异齿裂腹鱼 10 个群体的最短距离聚类图

Fig.3 Single-linkage clustering dendrogram for ten populations of *S. o'connori*

2.4 判别分析

以 32 个比例性状为变量进行逐步判别分析,除了 $D_{1-2}/BL(X_{13})$ 、 $D_{4-5}/BL(X_{21})$ 、 $D_{5-8}/BL(X_{25})$ 、 $D_{6-8}/BL(X_{27})$ 和 $D_{7-8}/BL(X_{28})$ 5 个变量外,其余 27 个变量进入判别函数模型,建立了 10 个群体的判别函数。

(1) 拉孜群体。 $Y_{LTS} = 3002.369 X_1 + 732.151 X_2 + 7047.822 X_3 - 1949.241 X_4 + 3499.036 X_5 - 1870.299 X_6 + 1387.652 X_7 + 3625.944 X_8 - 1624.360 X_9 + 519.739 X_{10} + 1932.954 X_{11} - 2105.085 X_{12} + 3239.348 X_{14} + 1171.691 X_{15} + 1008.424 X_{16} + 5411.707 X_{17} - 470.030 X_{18} + 4523.303 X_{19} - 2775.975 X_{20} + 196.919 X_{22} - 58.460 X_{23} + 2062.115 X_{24} + 5514.266 X_{26} + 2302.522 X_{29} + 1531.528 X_{30} + 196.629 X_{31} + 1225.034 X_{32} - 6598.516$

(2) 日喀则群体。 $Y_{SG} = 2989.667 X_1 + 643.754 X_2 + 7358.882 X_3 - 1281.108 X_4 + 3923.461 X_5 - 2011.638 X_6 + 1339.438 X_7 + 3676.911 X_8 - 1287.225 X_9 + 353.823 X_{10} + 1765.852 X_{11} - 2049.128 X_{12} + 3264.665 X_{14} + 1072.897 X_{15} + 1097.811 X_{16} + 5399.343 X_{17} - 490.341 X_{18} + 4487.499 X_{19} - 2869.418 X_{20} + 165.807 X_{22} - 34.800 X_{23} + 2162.706 X_{24} + 5529.401 X_{26} + 2158.717 X_{29} + 1647.495 X_{30} + 179.736 X_{31} + 1286.859 X_{32} - 6626.670$

(3) 墨竹工卡群体。 $Y_{MG} = 2981.756 X_1 + 792.050 X_2 + 6915.334 X_3 - 1976.734 X_4 + 3340.831 X_5 - 1910.287 X_6 + 1294.349 X_7 + 3583.220 X_8 - 1158.271 X_9 + 370.989 X_{10} + 1834.297 X_{11} - 2092.989 X_{12} + 3343.405 X_{14} + 1029.428 X_{15} + 1105.368 X_{16} + 5394.602 X_{17} - 184.436 X_{18} + 4484.203 X_{19} - 2884.122 X_{20} + 70.116 X_{22} + 23.154 X_{23} + 2178.918 X_{24} + 5563.006 X_{26} + 2219.596 X_{29} + 1569.653 X_{30} + 199.959 X_{31} + 1190.729 X_{32} - 6577.920$

(4) 桑日群体。 $Y_{SR} = 3001.853 X_1 + 784.068 X_2 + 7229.501 X_3 - 2290.213 X_4 + 3268.801 X_5 - 1629.678 X_6 + 1347.496 X_7 + 3624.255 X_8 - 1330.922 X_9 + 544.721 X_{10} + 1767.158 X_{11} - 2208.857 X_{12} + 3308.798 X_{14} + 826.075 X_{15} + 1026.208 X_{16} + 5494.513 X_{17} - 280.854 X_{18} + 4507.298 X_{19} - 2772.519 X_{20} + 106.457 X_{22} + 24.307 X_{23} + 1992.492 X_{24} + 5627.834 X_{26} + 2280.207 X_{29} + 1470.125 X_{30} + 190.271 X_{31} + 1243.161 X_{32} - 6669.560$

(5) 加查群体。 $Y_{GC} = 3022.222 X_1 + 772.190 X_2 + 7129.981 X_3 - 2019.010 X_4 + 2989.977 X_5 - 1315.493 X_6 + 1345.486 X_7 + 3636.092 X_8 - 1465.768 X_9 + 428.654 X_{10} + 1819.289 X_{11} - 2133.470 X_{12} + 3307.839 X_{14} + 1042.368 X_{15} + 1055.139 X_{16} + 5415.418 X_{17} - 470.365 X_{18} + 4443.698 X_{19} - 2724.452 X_{20} + 112.696 X_{22} + 8.163 X_{23} + 2123.102 X_{24} + 5611.999 X_{26} + 2084.288 X_{29} + 1581.902 X_{30} + 215.544 X_{31} + 1244.319 X_{32} - 6644.989$

(6) 朗县群体。 $Y_{NAN} = 3055.395 X_1 + 744.379 X_2 + 6909.057 X_3 - 1883.445 X_4 + 2991.248 X_5 -$

$1359.882X_6 + 1385.155X_7 + 3642.168X_8 - 1330.583X_9 + 344.176X_{10} + 1834.385X_{11} - 2174.764X_{12} + 3330.055X_{14} + 1178.572X_{15} + 1180.788X_{16} + 5285.327X_{17} - 358.094X_{18} + 4410.660X_{19} - 2697.382X_{20} + 89.154X_{22} + 12.095X_{23} + 2115.027X_{24} + 5553.574X_{26} + 2127.554X_{29} + 1564.525X_{30} + 233.389X_{31} + 1254.994X_{32} - 6667.308$

(7) 米林群体。 $Y_{ML} = 2983.518X_1 + 714.391X_2 + 7038.261X_3 - 1516.378X_4 + 2970.776X_5 - 1432.526X_6 + 1307.074X_7 + 3626.569X_8 - 1201.976X_9 + 461.619X_{10} + 1711.132X_{11} - 2068.102X_{12} + 3319.962X_{14} + 1143.675X_{15} + 1150.670X_{16} + 5372.931X_{17} - 277.712X_{18} + 4479.056X_{19} - 2810.657X_{20} + 127.260X_{22} + 47.399X_{23} + 2094.169X_{24} + 5551.864X_{26} + 2252.351X_{29} + 1576.706X_{30} + 256.352X_{31} + 1245.163X_{32} - 6668.613$

(8) 派镇群体。 $Y_{PZ} = 3038.265X_1 + 744.877X_2 + 6924.664X_3 - 2012.521X_4 + 3040.877X_5 - 1684.007X_6 + 1406.175X_7 + 3725.842X_8 - 1335.267X_9 + 412.869X_{10} + 1811.571X_{11} - 2032.629X_{12} + 3327.985X_{14} + 1074.745X_{15} + 1078.089X_{16} + 5400.738X_{17} - 326.087X_{18} + 4480.470X_{19} - 2787.921X_{20} + 113.527X_{22} - 81.855X_{23} + 1913.674X_{24} + 5625.300X_{26} + 2125.409X_{29} + 1566.582X_{30} + 238.636X_{31} + 1189.939X_{32} - 6648.842$

(9) 通麦群体。 $Y_{TM} = 3029.269X_1 + 715.645X_2 + 7055.980X_3 - 1198.808X_4 + 2647.934X_5 - 1651.777X_6 + 1217.272X_7 + 3567.004X_8 - 652.596X_9 + 149.849X_{10} + 1743.001X_{11} - 1903.262X_{12} + 3426.079X_{14} + 1244.540X_{15} + 1154.638X_{16} + 5273.629X_{17} - 69.383X_{18} + 4268.999X_{19} - 2703.402X_{20} + 68.565X_{22} + 240.262X_{23} + 2064.480X_{24} + 5520.375X_{26} + 2051.476X_{29} + 1514.430X_{30} + 368.857X_{31} + 1378.797X_{32} - 6745.938$

(10) 卡达桥群体。 $Y_{KDQ} = 3042.155X_1 + 671.836X_2 + 7001.299X_3 - 1236.848X_4 + 2458.777X_5 - 1575.414X_6 + 1287.672X_7 + 3585.757X_8 - 1013.749X_9 + 216.647X_{10} + 1754.327X_{11} - 1837.031X_{12} + 3352.578X_{14} + 1182.510X_{15} + 1129.104X_{16} + 5222.019X_{17} - 168.748X_{18} + 4209.209X_{19} - 2638.592X_{20} + 91.632X_{22} + 180.261X_{23} + 2036.048X_{24} + 5541.165X_{26} + 2000.552X_{29} + 1494.862X_{30} + 358.715X_{31} + 1373.484X_{32} - 6634.083$

将每个个体的比例性状数据代入上述公式进行判别分析,群体的判别准确率为 53.33% ~ 100.00%,总的判别准确率为 88.60%。其中 SG 群体的判别准确率为 100.00%,LTS、MG 和 TM 群体的判别准确率大于 95.00%。10 个群体的预测分类及判别准确率详情见表 4。

表 4 判别函数对异齿裂腹鱼 10 个群体的预测分类及准确率

Table 4 Predicted classifications of discriminant functions and their percentages of accuracy for ten populations of *S. o'connori*

群体 Population	样本量 Sample size	准确率/% Accuracy	预测分类 Predicted classification									
			LTS	SG	MG	SR	GC	NAN	ML	PZ	TM	KDQ
LTS	29	96.55	28	0	0	0	0	0	1	0	0	0
SG	33	100.00	0	33	0	0	0	0	0	0	0	0
MG	49	95.92	0	1	47	1	0	0	0	0	0	0
SR	37	89.19	0	0	3	33	0	0	1	0	0	0
GC	41	78.05	0	0	0	2	32	5	1	1	0	0
NAN	47	82.98	0	0	1	0	4	39	3	0	0	0
ML	46	89.13	0	0	0	0	1	2	41	2	0	0
PZ	15	53.33	1	0	1	2	0	3	0	8	0	0
TM	35	97.14	0	0	0	0	0	0	0	0	34	1
KDQ	10	80.00	0	0	0	0	0	0	0	0	2	8
总计 Total	342	88.60	29	34	52	38	37	49	47	11	36	9

3 讨 论

群体分化是进化生物学的重要研究内容,而形态发生是物种水平上鱼类群体鉴定的重要标准^[19]。鱼类形态特征受到遗传因子和环境因素的影响,群体间的形态差异是生物多样性的外在表现^[17,20-21]。

鱼类形态的多元统计分析信息更加丰富、有效,是对传统形态分类研究的补充和完善^[22],因此,形态度量学在水产动物的物种识别^[13,18,22]、鱼类群体形态分化及生物多样性保护研究^[14-17,20-21]等方面得到了广泛应用。本研究基于 32 个常规和框架形态性状,采用主成分分析、聚类分析、判别分析和单因素方差

分析等方法对雅鲁藏布江异齿裂腹鱼 10 个群体的形态差异进行了比较分析。

主成分分析可将多个相互关联的指标转换为新的、个数较少、相互独立的综合指标,以反映群体间的主要形态差异^[14-15,18]。本研究的主成分分析提取了 6 个主成分,其方差累积贡献率 74.23%,未达到累积贡献率 $\geq 85\%$ 的要求,说明难以用几个相互独立的主成分来全面地概括异齿裂腹鱼不同群体间的形态差异^[14-15,22]。PC1 主要与全长/体长、吻长/体长、眼径/体长、 D_{1-2} /体长、 D_{1-3} /体长等 14 个比例性状有关,主要反映吻端至尾柄端鱼体水平轴向的差异;PC2 主要与体高/体长、尾柄高/体长、体宽/体长、胸鳍起点间距/体长、腹鳍起点间距/体长等 10 个比例性状有关,主要反映鱼体垂直轴向躯干部高度、宽度以及尾柄高度的差异。PC1 与 PC2 的散布图显示,大峡谷下游支流通麦(TM)和卡达桥(KDQ)2 个群体差异很小,它们与大峡谷上游 8 个群体形态分化明显,且在 PC1 轴上差异更大。拉孜(LTS)、桑日(SR)、加查(GC)、朗县(NAN)4 个群体间形态差异较小,它们与日喀则(SG)群体差异较大。方差分析表明,在 32 个比例性状中,TM 和 KDQ 与大峡谷上游 8 个群体之间有显著差异的性状数相对较多;在大峡谷上游 8 个群体中,SG 群体与 ML、MG 之间的显著差异性状数较少,与其余 5 个群体间的显著差异性状数较多,而 SR、GC、NAN、LTS 群体之间显著差异性状数较少。方差分析显示的群体间形态差异与主成分分析结果基本一致。此外,与大峡谷上游 8 个群体相比,TM 和 KDQ 2 个群体的全长、眼径、背鳍基部-臀鳍基部之间的斜向高度较大、尾柄部较长,而躯干部较短($P < 0.05$);同时,TM 群体的头长和吻长较长、眼间距较小、尾柄较高($P < 0.05$)。因此,头部、躯干部和尾柄部的部分性状是区分 TM、KDQ 2 个群体与大峡谷上游 8 个群体的关键因素,这与其他鱼类群体间或近缘种间在头部、尾部或躯干部一些性状上存在差异的研究相似^[13,16,22]。

判别分析是常用的群体鉴定方法,通过建立判别函数能较准确地进行群体判别^[14-15]。本研究,基于 27 个比例性状建立了 10 个群体的判别函数,总的判别准确率为 88.60%,其中 SG 群体的判别准确率为 100.00%,LTS、MG 和 TM 群体的判别准确率高于 95.00%,除 PZ 外,其余群体的判别准确率高于 78.00%,判别效果较好。SR、GC、NAN、ML 群体之间有少数个体相互判别错误,这说明地理相

邻群体间的形态差异较小,与主成分分析结果一致。而 PZ 群体判别准确率最低,可能是因为其样本量较小、或与上游 SR、NAN 等群体存在一定的基因交流有关。

聚类分析可以根据样本多个指标的原始数据信息量化样本间的差异程度并进行初步归类,以分析群体间的相似性^[13-14]。聚类分析显示,TM 和 KDQ 2 个群体的欧氏距离最短而聚为一支,而大峡谷上游 8 个群体聚为另一支,2 个分支间的欧氏距离较大。大峡谷上游 8 个群体又聚为 SG/ML/MG 和 SR/GC/LTS/PZ/NAN 2 个组群。聚类分析结果与主成分分析、方差分析的群体差异基本一致,认为大峡谷下游支流帕隆藏布江 TM 和 KDQ 2 个群体形态差异小而为一支,大峡谷上游 8 个群体为另一支,两者存在明显的形态分化;同时,大峡谷上游群体间也存在一定的形态差异。TM 和 KDQ 2 个异齿裂腹鱼群体与大峡谷上游 8 个群体在外部形态上的明显分化,与武云飞等^[1]报道的大峡谷上游和下游支流中异齿裂腹鱼在须长、下咽骨形态等少量形态特征差异相互印证,也与 He 等^[10]基于单个 mtDNA 序列以及 Guo 等^[12]基于 2 个 mtDNA 序列与微卫星标记分析揭示的大峡谷上游和下游支流中异齿裂腹鱼群体之间存在显著遗传分化的结果一致。大峡谷上游 8 个群体可划分 2 个形态差异组群,这与微卫星标记分析显示大峡谷上游异齿裂腹鱼群体包含 2 个遗传谱系相吻合^[12],但 ML 群体在形态聚类中位置与遗传结构中的谱系不一致。因此,异齿裂腹鱼不同群体间的外部形态分化与其在青藏高原隆升过程中因地理隔离等造成的遗传分化有关^[10,12]。此外,鱼类外部形态除了受到遗传因子的影响,也会受到栖息环境因素影响^[13,16-17,20-21]。雅鲁藏布江中游江段山高坡陡,有瀑布和跌水,水流较急;而大峡谷下游支流帕隆藏布江底多滩礁、乱石,水流甚急^[1],中游江段 8 个群体与大峡谷下游支流 2 个群体的异齿裂腹鱼可能因为长期隔离并适应特定栖息环境而出现表型的差异^[1,13]。例如,与大峡谷上游群体相比,大峡谷下游支流 TM、KDQ 群体的全长和尾柄部较长,TM 群体头长和吻长较长、尾柄较高,这些特征使其具有稳定、相对较强的游泳能力,这可能是对急流的适应^[16,22]。这与姜晋铭等^[23]对甘肃省境内的 3 种裂腹鱼的研究中也得出了长期地理隔绝导致种群分化的结果是一致的。

本研究对雅鲁藏布江异齿裂腹鱼 10 个群体的外部形态差异进行了分析,探讨了雅鲁藏布大峡谷

上游和下游支流不同群体之间的形态特征、分化、判别方法以及与地理分布的关系,可为雅鲁藏布江异齿裂腹鱼群体的划分、鉴定、增殖放流、种质资源保护及其适应性进化研究提供重要的基础数据。

参考文献 References

- [1] 武云飞,吴翠珍. 青藏高原鱼类[M]. 成都:四川科学技术出版社,1992:297-513. WU Y F, WU C Z. Fish of Qinghai-Tibet Plateau [M]. Chengdu: Sichuan Science and Technology Press, 1992:297-513 (in Chinese).
- [2] 曹文宣,陈宜瑜,武云飞,等. 裂腹鱼类的起源和演化及其与青藏高原隆起的关系[C]//中国科学院青藏高原综合科学考察队. 青藏高原隆起的时代、幅度和形式问题. 北京:科学出版社,1981:118-130. CAO W X, CHEN Y Y, WU Y F, et al. Origin and evolution of Schizothoracine fishes in relation to the upheaval of the Xizang Plateau [C]//Tibetan Expedition Team of the Chinese Academy of Science Studies. On the period, amplitude and type of the uplift of the Qinghai-Xizang Plateau. Beijing: Science Press, 1981:118-130 (in Chinese).
- [3] 杨汉运,黄道明,谢山,等. 雅鲁藏布江中游渔业资源现状研究[J]. 水生态学杂志, 2010, 3(6): 120-126. YANG H Y, HUANG D M, XIE S, et al. Status of fishery resources in the middle reach of Brahmaputra River [J]. Journal of hydroecology, 2010, 31(6): 120-126 (in Chinese with English abstract).
- [4] 李建川,李艳丽,林进,等. 放生对拉萨河流域鱼类物种多样性和群落结构的影响[J]. 高原农业, 2018, 2(5): 462-469. LI J C, TU Y L, LIN J, et al. Influence of religious release on fish assemblages in the Lhasa River Basin, Tibet, China [J]. Journal of plateau agriculture, 2018, 2(5): 462-469 (in Chinese with English abstract).
- [5] YAO J, CHEN Y, CHEN F, et al. Age and growth of an endemic Tibetan fish, *Schizothorax o'connori*, in the Yarlung Tsangpo River [J]. Journal of freshwater ecology, 2009, 24(2): 343-345.
- [6] 马宝珊. 异齿裂腹鱼个体生物学和种群动态研究[D]. 武汉:华中农业大学, 2011: 1-154. MA B S. Study on the biology and population dynamics of *Schizothorax o'connori* [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2011: 1-154 (in Chinese with English abstract).
- [7] 马宝珊,王思博,邵俭,等. 雅鲁藏布江异齿裂腹鱼种群资源状况及其养护措施[J]. 中国水产科学, 2020, 27(1): 106-117. MA B S, WANG S B, SHAO J, et al. Population resources and fishery conversation policies of *Schizothorax oconnori* in the Yarlung Zangbo River [J]. Journal of fishery sciences of China, 2020, 27(1): 106-117 (in Chinese with English abstract).
- [8] 朱挺兵,刘海平,李学梅,等. 西藏鱼类增殖放流初报[J]. 淡水渔业, 2017, 47(5): 34-39. ZHU T B, LIU H P, LI X M, et al. A preliminary review of fish stock enhancement in Tibet, China [J]. Freshwater fisheries, 2017, 47(5): 34-39 (in Chinese with English abstract).
- [9] 朱挺兵,曾本和,刘海平,等. 两种标记方法对异齿裂腹鱼幼鱼的标记效果研究[J]. 生物资源, 2019, 41(3): 276-279. ZHU T B, ZENG B H, LIU H P, et al. Effects of two tagging methods on *Schizothorax o'connori* juveniles [J]. Biotic resources, 2019, 41(3): 276-279 (in Chinese with English abstract).
- [10] HE D, CHEN Y. Phylogeography of *Schizothorax o'connori* (Cyprinidae: Schizothoracinae) in the Yarlung Tsangpo River, Tibet [J]. Hydrobiologia, 2009, 635(1): 251-262.
- [11] GUO X Z, ZHANG G R, WEI K J, et al. Development of twenty-one polymorphic tetranucleotide microsatellite loci for *Schizothorax o'connori* and their conservation application [J]. Biochemical systematics and ecology, 2013, 51: 259-263.
- [12] GUO X Z, ZHANG G R, WEI K J, et al. Phylogeography and population genetics of *Schizothorax o'connori*: strong subdivision in the Yarlung Tsangpo River inferred from mtDNA and microsatellite markers [J/OL]. Scientific reports, 2016, 6: 29821 [2020-07-23]. <https://doi.org/10.1038/srep29821>.
- [13] 李忠利,陈永祥,胡思玉,等. 四川裂腹鱼和重口裂腹鱼形态差异的多元分析[J]. 动物学杂志, 2015, 50(4): 547-554. LI Z L, CHEN Y X, HU S Y, et al. Multivariate analysis on the morphological differentiation of Kozlov's schizothoracin (*Schizothorax kozlovi*) and David's schizothoracin (*S. davidi*) [J]. Chinese journal of zoology, 2015, 50(4): 547-554 (in Chinese with English abstract).
- [14] 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. MA A J, WANG X A, SUN Z B, et al. Morphological variations among three different populations of *Takifugu rubripes* [J]. Oceanologia et limnologia sinica, 2016, 47(1): 166-172 (in Chinese with English abstract).
- [15] 凌去非,李思发,乔德亮. 丁鱥不同群体间形态学差异与随机扩增多态 DNA (RAPD) 分析[J]. 水生生物学报, 2006, 30(5): 578-586. LING Q F, LI S F, QIAO D L. Morphological variation and random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis of different populations of *Tinca tinca* [J]. Acta hydrobiologica sinica, 2006, 30(5): 578-586 (in Chinese with English abstract).
- [16] 杨慧荣,欧阳徘徊,李桂峰,等. 珠江流域 3 个野生大眼鲈群体的形态差异[J]. 中国水产科学, 2016, 23(2): 447-457. YANG H R, OUYANG P H, LI G F, et al. Morphological differentiation among three wild populations of *Siniperca kneri* in Pearl River [J]. Journal of fishery sciences of China, 2016, 23(2): 447-457 (in Chinese with English abstract).
- [17] PAKKASMAA S, PIIRONEN J. Morphological differentiation among local trout (*Salmo trutta*) populations [J]. Biological journal of the linnean society, 2001, 72(2): 231-239.
- [18] 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. WEI K J, XIONG B X, ZHAO X H, et al. Morphological variations and discriminant analysis of five freshwater unionid species (Bivalvia: Unionidae) [J]. Journal of fisheries of China, 2003, 27(1): 13-18 (in Chinese with English abstract).
- [19] CADRIN S X. Advances in morphometric identification of fishery stocks [J]. Reviews in fish biology and fisheries, 2000, 10

- (1):91-112.
- [20] SWAIN D P, RIDDELL B E, MURRAY C B. Morphological differences between hatchery and wild populations of Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*): environmental versus genetic origin [J]. Canadian journal of fisheries and aquatic sciences, 1991, 48(9):1783-1791.
- [21] KINSEY S T, ORSOY T, BERT T M, et al. Population structure of the Spanish sardine *Sardinella aurii*: natural morphological variation in a genetically homogenous population [J]. Marine biology, 1994, 118(2):309-317.
- [22] 王业宁, 李胜忠, 刘长龙. 新疆3种雅罗鱼的多元形态[J]. 水产科学, 2019, 26(4):636-645. WANG Y N, LI S Z, LIU C L. Multivariate analysis on the morphological among three species of *Leuciscus* in Xinjiang [J]. Journal of fishery sciences of China, 2019, 26(4):636-645 (in Chinese with English abstract).
- [23] 娄晋铭, 张智, 王太, 等. 甘肃省3种裂腹鱼遗传多样性与地理种群分化[J]. 华中农业大学学报, 2019, 38(4):77-84. LOU J M, ZHANG Z, WANG T, et al. Genetic diversity and population differentiation of three Schizothoracinae fishes in Gansu Province [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2019, 38(4):77-84 (in Chinese with English abstract).

Morphological differentiation among different populations of *Schizothorax o'connori* in Yarlung Tsanpo River

WEI Yuanbo¹, ZHANG Guirong¹, LI Lei², MA Bo², MA Xufa¹, WEI Kaijian¹

1. College of Fisheries/National Demonstration Center for Experimental Aquaculture Education/
Key Lab of Freshwater Animal Breeding, Ministry of Agriculture and Rural Affairs,
Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;
2. Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of
Fishery Sciences, Harbin 150070, China

Abstract To explore the morphological differentiation of *Schizothorax o'connori* populations in the Yarlung Tsanpo River, multivariate morphometric methods were used to investigate the morphological differences of ten populations of *S. o'connori* based on the proportional data of 12 conventional characters and 20 truss characters. In principal component analysis, six principal components (PC) were constructed, with the cumulative contribution rate of 74.23%, of which the first principal component (PC1) was mainly affected by 14 characters along the horizontal body axis such as TL/BL, SL/BL, ED/BL, D_{1-2} /BL and D_{1-3} /BL, and the PC2 is mainly affected by 10 characters along the vertical body axis such as BD/BL, CPD/BL, BW/BL, DOP/BL, DOV/BL. The results of principal component analysis, one-way ANOVA and cluster analysis showed that there was distinct morphological differentiation between the two populations (Tongmai and Kadaqiao) from the Purlung Tsangpo River—a tributary in the lower reaches of the Yarlung Tsangpo Grand Canyon (YTGC), and the eight populations from the upper reaches of the YTGC, and each of the two groups was clustered into one branch. Whereas the eight populations from the upper reaches of the YTGC were grouped into two sub-groups. The discriminant functions were built for ten populations of *S. o'connori*, with a total discriminant accuracy rate of 88.60%, of which the discriminating accuracy for Shigatse, Lhatse, Maldrogongkar and Tongmai populations ranged from 95.92% to 100.00%. The morphological differentiation of the *S. o'connori* populations between the upper and lower reaches of the YTGC may be related to geographical isolation and their adaptation to specific habitats. The results obtained in this study will provide basic information for the identification, enhancement and release, conservation of germplasm resources, and adaptive evolution study of this species.

Keywords *Schizothorax o'connori*; morphometric analysis; population morphological difference; principal component analysis; cluster analysis; population resources; rare species; population identification; discriminant analysis; Yarlung Tsanpo River

(责任编辑:边书京)