

条石鲷(*Oplegnathus fasciatus*)养殖群体 与野生群体线粒体控制区序列 遗传变异研究*

肖志忠^{1,2} 肖永双² 任桂静³ 高天翔¹ 涂登志¹ 韩志强⁴
马道远² 徐世宏² 刘清华² 李 军²

(1. 中国海洋大学 海水养殖教育部重点实验室 青岛 266003; 2. 中国科学院海洋研究所 青岛 266071;
3. 中国水产科学研究院东海水产研究所 上海 200090; 4. 浙江海洋学院 舟山 316004)

摘要 采用线粒体(mtDNA)控制区序列分析方法,进行了条石鲷养殖群体(F₁代和 F₂代)与野生群体的遗传变异比较研究。结果表明:在长度为 484bp 的 mtDNA 控制区片段中,条石鲷养殖群体 F₁代单倍型多样性水平($h = 0.955 \pm 0.047$)略低于野生群体($h = 1.000 \pm 0.034$),却显著高于养殖 F₂代群体($h = 0.797 \pm 0.070$);条石鲷野生群体($\pi = 0.021 \pm 0.012$)、养殖群体 F₁代($\pi = 0.018 \pm 0.010$)和养殖群体 F₂代($\pi = 0.014 \pm 0.008$)的核苷酸多样性水平呈现明显的递减趋势;核苷酸不配对分布和两两序列相比较碱基差异结果显示条石鲷野生群体、养殖群体 F₁代和养殖群体 F₂代也呈现明显的递减趋势。分子方差分析(AMOVA)、两两群体相比较的 F_{ST} 和确切 P 检验结果皆显示条石鲷养殖群体 F₁代和 F₂代与野生群体存在显著的遗传分化。单倍型最小跨度分析和 NJ 系统分析结果均未检测到显著的谱系结构。

关键词 条石鲷, 养殖群体, 野生群体, 线粒体控制区, 遗传变异

中图分类号 Q953+3

条石鲷(*Oplegnathus fasciatus*)隶属于鲈形目(Perciformes)、石鲷科(Oplegnathidae)、石鲷属(*Oplegnathus*),主要分布于太平洋和印度洋地区,包括黄海、东海、我国台湾沿海,日本、韩国及夏威夷群岛等沿岸,是一种暖温性底层鱼类(孟庆闻等,1995;肖志忠等,2008)。由于其具有较高的经济价值和观赏价值,极具增殖潜力(全汉锋等,2007;肖志忠等,2008)。日本自 20 世纪 70、80 年代起就对条石鲷人工繁育和养殖技术展开研究,而我国自 21 世纪初才开始着手进行条石鲷人工繁育研究,近年来,条石鲷

已经成为人工繁育与养殖的重要品种(全汉锋等,2007;柳学周等,2008)。目前,国内学者对条石鲷的研究较少,主要集中于生态学、发育生物学及人工繁殖等方面的研究(全汉锋等,2007;柳学周等,2008),而关于其种群遗传分化及养殖群体遗传多样性水平监测研究则鲜有报道。孙鹏等(2011a, b)基于线粒体片段对条石鲷舟山种群遗传多样性展开初步研究,发现条石鲷舟山种群存在较高水平的遗传多样性。

线粒体 DNA(mtDNA)一般为严格的母系遗传,具有较快的进化速率,并且突变固定后形成的多态

* “十二五”农村领域国家科技计划课题,2012AA10A413-1 号;中国科学院创新前沿项目,KSCX2-YW-N-47-08 号;海洋渔业科学与技术浙江省重中之重学科开放课题,20110208 号;山东省优秀中青年科学家科研奖励基金课题,BS2012HZ025;农业部东海与远洋渔业资源开发利用重点实验室开放课题,K201204 号;国家 2012 年度留学回国人员科技活动项目择优资助课题,2013.01。肖志忠,副研究员,博士研究生,E-mail: dahaihuang1982@163.com

通讯作者: 李 军,研究员,博导,E-mail: junli@qdio.ac.cn

收稿日期: 2012-07-09, 收修改稿日期: 2012-08-27

位点可反映出群体的遗传结构,已成为一种探讨种群遗传结构、种内遗传分化的有效遗传标记(Brown *et al.*, 1982; Wilson *et al.*, 1985; 张方等, 1998; Hebert *et al.*, 2003)。Sbisá 等(1997)认为线粒体控制区缺乏编码选择压力而比其它线粒体基因的进化速率更快,更适合于研究种群水平的遗传分化,国内外学者利用 mtDNA 控制区序列作为分子标记对海洋鱼类种群遗传变异展开了广泛的深入研究(Wilson *et al.*, 1985; Sbisá *et al.*, 1997; 张方等, 1998; 陈竹等, 2011)。本研究通过分析条石鲷养殖群体与野生群体的遗传多样性差异趋势,为条石鲷种质资源保护和人工繁育提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 实验材料

于 2009 年 5 月在青岛胶南海域采集野生条石鲷样本 12 尾;于 2010 年 3 月在胶南养殖场随机采集 12 尾条石鲷养殖样本(F_1),其亲本是 2007 年由福建宁德近海捕获的野生成鱼繁殖(200 尾,♀♂=157:43)而来的;于 2010 年 9 月在胶南养殖场随机采集 24 尾条石鲷养殖子二代样品(F_2),其是由条石鲷养殖样本 F_1 培育的成鱼(56 尾,♀♂=45:11)作为亲本繁殖而来的。取肌肉样品于 95%乙醇固定,保存备用。

1.2 实验方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 取条石鲷样本肌肉组织约 100mg,采用标准的酚-氯仿方法提取基因组 DNA,将提取的基因组 DNA 溶解于 100 μ l 双蒸水,4 $^{\circ}$ C 保存备用。用于扩增线粒体 DNA 的控制区的引物分别为:12S-5'-GTGCGGATACTTGCATGTGT-3'和 DL-S5'-CCCACCACTA ACTCCCAAAGC-3'。PCR 反应体系总体积为 50 μ l,其中:10 \times PCR 缓冲液 5 μ l, dNTPs 4 μ l (2.5mmol/L),引物各 2 μ l, *Taq* 酶 2U,模板 DNA 2 μ l,加双蒸水至 50 μ l。PCR 反应条件为:94 $^{\circ}$ C 预变性 3min,然后 35 个循环包括:94 $^{\circ}$ C 变性 1min,50 $^{\circ}$ C 退火 1min,72 $^{\circ}$ C 延伸 1min;最后在 72 $^{\circ}$ C 延伸 10min。取 2 μ l PCR 扩增产物进行 1.5%琼脂糖凝胶电泳检测($U = 5V/cm$)。

1.2.2 目的片段的序列测定 用 UNIQ-10 柱式 DNA 胶回收试剂盒(上海华舜)进行目的片段的回收纯化。用 ABI 公司 3700 型全自动 DNA 序列分析仪进行双向测序,测序反应采用与 PCR 反应一致的引物。

1.3 数据分析

运用 Dnastar 软件包(DNASTAR, Inc., Madison,

USA)进行序列比对并辅以人工矫正。运用 MEGA 4.0 计算序列的碱基组成、多态性、序列间的转换颠换比率。使用软件 ARLEQUIN(ver. 3.000) (Excoffier *et al.*, 2005)计算群体遗传学参数:多态位点数目(S)、单倍型多样性(h)、核苷酸多样性(π)和两两序列比对平均核苷酸差异数(k);计算群体的观测杂合度;进行分子差异分析(AMOVA)和 P 检验,并计算两两群体间的 F_{ST} 值检验群体遗传结构。分子系统树的构建在 MEGA 4.0 中完成(Tamura *et al.*, 2007),采用邻接法(NJ)基于 K-2P 模型构建。运用 NETWORK 软件构建单倍型最小跨度树。

2 结果

2.1 条石鲷 mtDNA 控制区序列遗传多态

通过对条石鲷 mtDNA 基因组控制区片段进行 PCR 扩增、序列测定和比对,得到长度为 484bp 的同源片段序列。在 mtDNA 控制区同源片段上共检测到 53 处多态位点,其中在条石鲷野生群体中检测到 35 处多态位点,在养殖群体 F_1 代和养殖群体 F_2 代中分别检测到 32 处和 31 处多态位点(表 1)。条石鲷野生群体的期望杂合度(0.021)略高于养殖群体 F_1 代(0.018),却显著高于养殖群体 F_2 代(0.014)(表 1),揭示条石鲷野生群体和养殖群体 F_1 代具有丰富的遗传信息。

四种核苷酸(A、T、G 和 C)的组成分析结果显示:条石鲷在 mtDNA 控制区片段上核苷酸组成含量差异不显著,并且在分布上呈现明显的一致性。在 mtDNA 控制区片段上转换大于颠换($T_i : T_v = 5.0-6.7$),并且 A+T 平均含量(67.00%)明显大于 G+C 含量(33.00%)。条石鲷野生群体 A+T 和 G+C 含量与养殖群体 F_1 代和 F_2 代差异不显著(表 1)。

种群遗传多样性分析结果显示:在 48 个个体中共检测到了 25 个单倍型,其中 H3 为野生群体和养殖群体共享单倍型(图 1,表 2),H1、H2、H4 和 H6 为养殖群体 F_1 代(2 H_1 , 1 H_2 , 2 H_4 , 1 H_6)和 F_2 代(10 H_1 , 2 H_2 , 5 H_4 , 1 H_6)特有共享单倍型。核苷酸不配对分布结果显示条石鲷野生群体、养殖群体 F_1 代和 F_2 代群体内个体间出现最大频率碱基差异数分别为 10、9 和 8(图 2)。

2.2 种群遗传结构分析

两两群体相比较的 ϕ_{ST} 结果显示,条石鲷野生群体与养殖群体 F_1 代和 F_2 代遗传分化检测值分别为 0.191 和 0.102,并且统计检验是极显著($P < 0.01$);条石鲷养殖群体 F_1 代和 F_2 代的遗传分化 ϕ_{ST} 值为 0.011,

表 1 本研究所用序列信息
Tab.1 Sequence information in the present study

遗传参数	变异总量	野生群体	养殖群体 F ₁	养殖群体 F ₂
样本量/长度(bp)	48/484	12/484	12/484	24/484
多态位点数	53	35	32	31
插入/缺失	2	1	1	1
转换/颠换比	5.5	5.8	6.7	5.0
单倍型数目	25	12	9	10
单倍型多样性(<i>h</i>)	0.916±0.028	1.000±0.034	0.955±0.047	0.797±0.070
两两序列相比较的碱基差异数(<i>k</i>)	8.850±4.153	10.015±4.929	8.727±4.335	6.859±3.345
核苷酸多样性(π)	0.018±0.010	0.021±0.012	0.018±0.010	0.014±0.008
期望杂合度	0.018	0.021	0.018	0.014
A+T 含量(%)	67.00	67.12	67.00	66.94

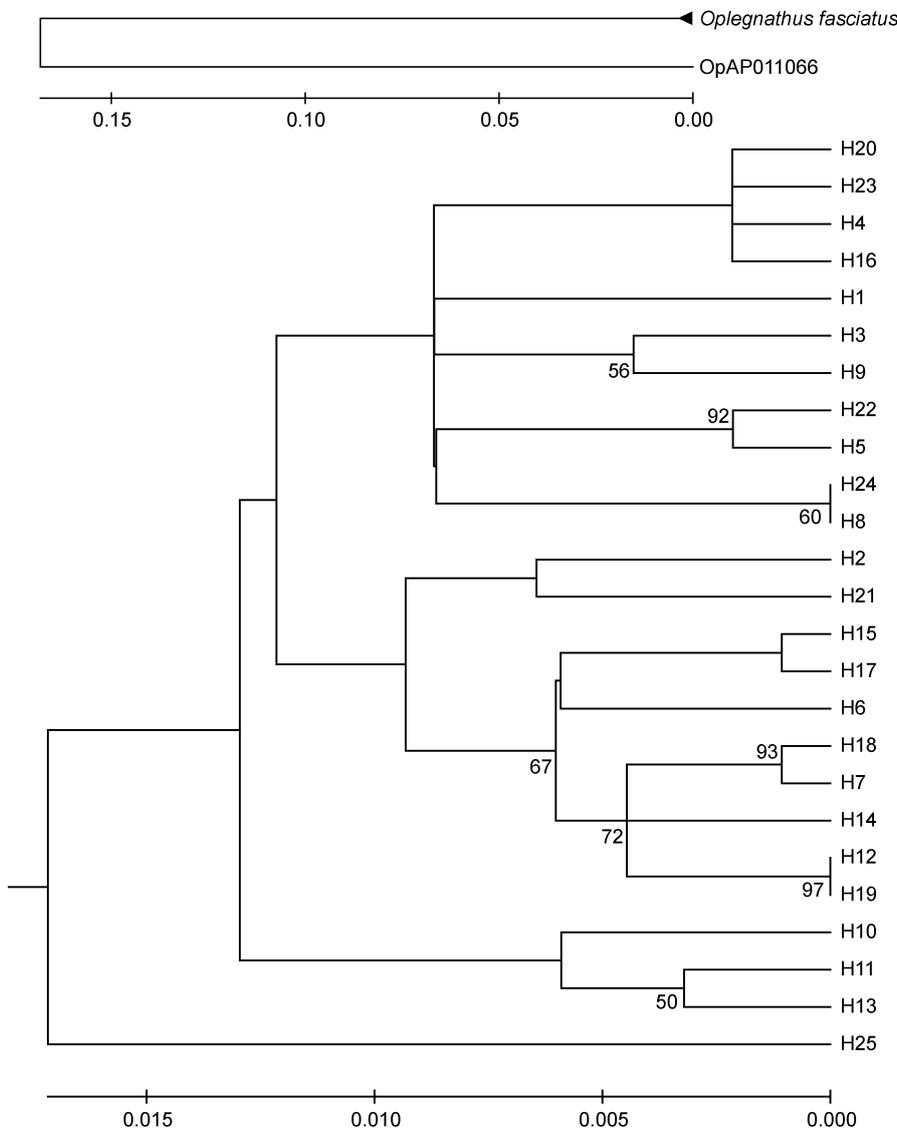


图 1 基于条石鲷线粒体控制区序列构建的 NJ 系统树
Fig.1 Neighbor-joining tree of *O. fasciatus* resulted from mtDNA control region

统计检验结果不显著($P = 0.29$)。基于分子方差分析计算结果显示, 本研究所比较分析的条石鲷群体间遗传分化指数(Φ_{ST})为 0.105, 其中, 有 89.46%的遗传变异来自群体内个体间差异; 野生组群和养殖组群间的遗传分化指数(Φ_{CT})为 0.163, 83.26%的遗传变异来自群体内个体间差异积累, 存在显著的遗传结构(表 3)。运用确切 P 检验分析条石鲷野生群体与养殖群体 F_1 代和 F_2 代中个体的随机分布情况, 以探讨野生群体和养殖群体间是否存在随机交配情况。在 0.01 统计检验水平下, 野生群体与养殖群体 F_1 代和 F_2 代的 P 值分别为 0.282 和 0.000, 养殖群体 F_1 代和 F_2 代之间的 P 值为 0.231。

2.3 系统发育分析

本研究以条石鲷同属近缘种斑石鲷(*Oplegnathus punctatus*)(缩写 Op, GenBank 注册号: AP011066)为外群, 构建了 25 个单倍型的 NJ 邻近关系系统进化树(图 1)。尽管系统树显示出了两个可能存在的分支, 但这两个分支的单系性未得到充分支持。条石鲷野生群体与养殖群体个体混杂在一起, 没有形成与养殖和野生群体相对应的谱系结构。单倍型最小跨度树

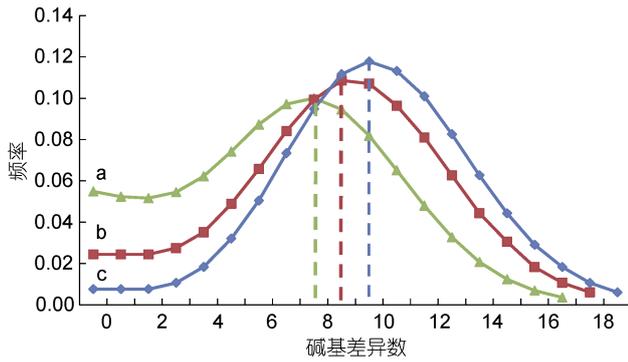


图2 条石鲷野生群体与养殖群体核苷酸不配对分布分析
Fig.2 Mismatch analyses of nucleotide for wild and cultured populations of *O. fasciatus*
注: a. 养殖群体 F₂代, b. 养殖群体 F₁代, c. 野生群体

结果显示, 单倍型的分布呈现随机性, 基于线粒体母性遗传特性, 养殖群体 F₁代和 F₂代个体共享单倍型频率较高(表 2)。

3 讨论

从遗传学角度来说, 物种遗传多样性水平的高低与其适应能力、生存能力和进化潜力存在密切的相关性(Yang *et al.*, 2007; 李延梅等, 2009; 黎中宝等, 2009)。贫乏的遗传多样性必将给物种种质资源的保

护和利用带来不利的影响。以往鱼类遗传多样性的研究取材主要集中于自然种群, 而忽略了养殖群体遗传多样性的监测(刘臻等, 2007)。目前鱼类遗传育种中的亲鱼多采用养殖群体, 因此, 分析比较养殖和野生群体的遗传多样性对鱼类种质资源的保护十分必要。

本研究结果显示, 在长度为 484bp 的 mtDNA 控制区片段中, 条石鲷养殖群体与野生群体的 A+T、G+C 含量差异不显著, 碱基组成在分布上呈现一致性。多态位点数和预期杂合度分析结果显示, 条石鲷养殖群体 F₁代和野生群体较养殖群体 F₂代具有更丰富的遗传背景(表 1)。单倍型多样性(h)和核苷酸多样性(π)是衡量种群遗传多态程度的重要指标, 本研究结果显示条石鲷野生群体呈现高水平的单倍型多样性($h = 1.000 \pm 0.034$)和核苷酸多样性($\pi = 0.021 \pm 0.012$), 研究结果显著高于孙鹏等(2011a)基于 mtDNA COI 和 Cyt *b* 得到的舟山野生条石鲷种群 h (0.795, 0.770)和 π (0.008, 0.003); 条石鲷养殖 F₁代 h (0.955 \pm 0.047)和 π (0.018 \pm 0.010)略低于野生群体, 研究结果高于孙鹏等(2011b)基于 mtDNA D-loop 得到的舟山养殖群体 h (0.892)和 π (0.0138); 养殖群体 F₂代单倍型多样性($h = 0.797 \pm 0.070$)和核苷酸多样性($\pi = 0.014 \pm 0.008$)显著低于野生群体。上述结果显示与条石鲷 mtDNA 基因

表 2 条石鲷单倍型在野生群体与养殖群体中的分布情况(H 表示单倍型)

Fig.2 Distribution of haplotypes between wild and cultured populations of *O. fasciatus* (H indicated the haplotype)

单倍型	野生群体	养殖群体 F ₁	养殖群体 F ₂	单倍型	野生群体	养殖群体 F ₁	养殖群体 F ₂
H1	0	2	10	H14	1	0	0
H2	0	1	2	H15	1	0	0
H3	1	1	1	H16	1	0	0
H4	0	2	5	H17	1	0	0
H5	0	0	1	H18	1	0	0
H6	0	1	1	H19	1	0	0
H7	0	0	1	H20	1	0	0
H8	0	0	1	H21	1	0	0
H9	0	0	1	H22	0	2	0
H10	0	0	1	H23	0	1	0
H11	1	0	0	H24	0	1	0
H12	1	0	0	H25	0	1	0
H13	1	0	0				

表 3 条石鲷野生群体与养殖群体的分子方差(AMOVA)分析
Tab.3 Hierarchical analysis of AMOVA for wild and cultured populations of *O. fasciatus*

遗传变异来源	Φ_{ST}	Φ_{SC}	Φ_{CT}	组群间变异(%)	种群内变异(%)
所有群体	0.105	—	—	10.54	89.46
野生与养殖群体	0.167	0.005	0.163	16.33	83.26

注: Φ_{ST} : 群体分化指数, Φ_{SC} : 组群内群体间分化指数, Φ_{CT} : 组群间分化指数

组其它区域相比控制区片段更适合作为其种群遗传多样性检测的有效标记; 条石鲷 F_1 代与野生群体遗传多样性相似, 差异不显著, 这与其野生亲本具有高水平的遗传多样性和用于人工繁育的野生种群有效种群大小数量相关, 而经过两代繁育后的 F_2 代种群遗传多样性呈现明显的降低趋势, 这与其用于繁育的亲本数量(56尾)少有关。以往研究表明, 人工繁育过程中由于瓶颈效应、遗传漂变和近亲杂交等原因会造成养殖物种遗传多样性低于野生种群, 并且在很多养殖鱼类检测中得到证实(王伟继等, 2000; 张全启等, 2004; 王世锋等, 2007; 彭士明等, 2010)。目前, 通过选择具有高水平遗传多样性亲本和增加养殖群体亲本繁殖基数的方法, 可以有效保持养殖群体的遗传多样性水平(张丹丹等, 2009)。本研究中条石鲷养殖群体 F_2 代遗传多样性水平的降低是由其繁育亲本基数较小造成的, 因此, 在以后的条石鲷养殖过程中应该选择遗传多样性丰富的种群作为亲本, 并且保持一定的亲本数量, 同时注意对养殖群体遗传多样性进行追踪监测。

两两群体相比较的 ST 结果显示, 本研究中条石鲷野生群体与养殖群体 F_1 代和 F_2 代皆存在显著的遗传分化, 分子方差分析(AMOVA)显示条石鲷野生群体和养殖群体间存在显著的遗传结构, 遗传分化指数(Φ_{CT})达到了 0.163。人工繁育过程中, 由于用于繁育的亲本数量有限, 往往产生遗传漂变和近交效应, 引起某些等位基因的丢失, 从而造成人为的选育分化。孙博林等(2011)基于微卫星标记对中间球海胆(*Strongylocentrotus intermedius*)养殖群体和放流群体遗传结构展开研究, 发现其养殖群体和用于放流群体间产生了一定的遗传结构差异。陈竹等(2011)基于 mtDNA D-loop 对野生和养殖斜带髯鲷(*Haplooglycys nitens*)群体进行研究, 发现养殖的斜带髯鲷与野生群体发生了显著遗传分化。本研究中连续两代繁育的条石鲷群体与野生群体间产生了极显著的遗传分化, 这与选用条石鲷繁育的亲本数量少有关。条石鲷野生群体与养殖群体虽然在 mtDNA 控制区上发生了显著遗传分化, 但是在系统进化水平上还未能积累足够的遗传变异而形成显著的分支结构, 单倍型最小跨度分析和 NJ 系统分析均未检测到与养殖和野生群体相对应的谱系结构。确切 P 检验分析结果表明条石鲷野生群体与养殖群体 F_2 代之间没有形成随机交配机会, 两群体间产生了显著的遗传分化; 条石鲷野生群体与养殖群体 F_1 代虽然存在显著的遗传分化, 但是

两者依然可以组成一个随机交配的基因池。

综上所述, 在条石鲷人工繁育过程中, 为了维持条石鲷种质资源的遗传多样性水平, 合理保护和利用该种质资源, 应对条石鲷养殖群体遗传多样性进行实时监测, 选择遗传多样性丰富的群体不断补充繁育亲本, 同时保持一定的繁育亲本基数以防止因亲本数量不足而导致的遗传多样性降低和优良性状衰退。

参 考 文 献

- 王世锋, 杜佳莹, 苏永全等, 2007. 斜带髯鲷野生与养殖群体遗传结构的 ISSR 分析. 海洋学报, 29(4): 105—110
- 王伟继, 孔 杰, 庄志猛等, 2000. 真鲷野生群体和人工繁殖群体的同工酶遗传差异. 生物多样性, 8(4): 391—396
- 全汉锋, 肖志忠, 2007. 条石鲷人工繁育技术研究. 台湾海峡, 26(2): 295—300
- 刘 臻, 鲁双庆, 匡刚桥等, 2007. 湘江野鲤养殖群体和自然群体遗传多样性微卫星分析. 生态学杂志, 26(7): 1074—1079
- 孙 鹏, 尹 飞, 王妍妍等, 2011a. 条石鲷线粒体 COI 和 Cyt b 序列的遗传变异分析. 水产学报, 35(3): 327—333
- 孙 鹏, 李 杰, 尹 飞等, 2011b. 条石鲷养殖群体线粒体控制区序列遗传变异分析. 海洋渔业, 33(1): 9—14
- 孙博林, 张慧敏, 王 霞等, 2011. 中间球海胆放流群体和养殖群体的遗传学比较. 中国农学通报, 27(17): 67—71
- 李延梅, 牛 栋, 张志强等, 2009. 国际生物多样性研究科学计划与热点述评. 生态学报, 29(4): 2115—2122
- 肖志忠, 郑 炯, 于道德等, 2008. 条石鲷早期发育的形态特征. 海洋科学, 32(3): 25—30
- 张 方, 米志勇, 1998. 动物线粒体 DNA 的分子学研究进展. 生物工程进展, 18(3): 25—31
- 张丹丹, 郑光明, 朱新平等, 2009. 西江野生鲮与养殖群体的遗传分析. 华南农业大学学报, 30(3): 81—85
- 张全启, 徐晓斐, 齐 洁等, 2004. 牙鲆野生群体与养殖群体的遗传多样性分析. 中国海洋大学学报, 34(5): 816—820
- 陈 竹, 钟 山, 罗大极等, 2011. 基于线粒体 D-loop 区比较分析野生与养殖斜带髯鲷种群的遗传多样性. 水生生物学报, 35(5): 1—7
- 孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖, 1995. 鱼类分类学. 北京: 中国农业出版社, 734—756
- 柳学周, 徐永江, 王妍妍等, 2008. 条石鲷的早期生长发育特征. 动物学报, 54(2): 332—341
- 彭士明, 施兆鸿, 侯俊利, 2010. 基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因序列比较分析养殖与野生银鲳群体遗传多样性. 水产学报, 34(1): 19—25
- 黎中宝, 方 秀, 陈 锦等, 2009. 大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)养殖群体遗传多样性的降低. 海洋与湖沼, 40(4): 446—450
- Brown W, Prager E, Wang A *et al*, 1982. Mitochondrial DNA

- sequences of primates: tempo and mode of evolution. *Journal of Molecular Evolution*, 18: 225—239
- Excoffier L, Laval G, Schneider S, 2005. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol Bioinform Online*, 1: 47—50
- Hebert P, Cywinska A, Ball S *et al*, 2003. Biological identification through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270: 313—321
- Sbisá E, Tanzariello F, Reyes A *et al*, 1997. Mammalian mitochondrial D-loop region structure analysis: identification of new conserved sequences and their functional and evolutionary implications. *Gene*, 205: 125—140
- Tamura K, Dudley J, Nei M *et al*, 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24(8): 1596—1599
- Wilson A, Cann R, Carr S, 1985. Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biological Journal of the Linnean Society*, 26: 375—400
- Yang P, Zhang H, Chen L *et al*, 2007. Genetic structure of the oriental river prawn (*Macrobrachium nipponense*) from the Yangtze and Lancang Rivers, inferred from COI gene sequence. *Zoological Research*, 28(2): 113—118

COMPARATIVE ANALYSIS ON THE GENETIC VARIATION OF CULTURED AND WILD ROCK BREAM *OPLEGNATHUS FASCIATUS* POPULATION BASED ON mtDNA CONTROL REGION

XIAO Zhi-Zhong^{1,2}, XIAO Yong-Shuang², REN Gui-Jing³, GAO Tian-Xiang¹, TU Deng-Zhi¹,
HAN Zhi-Qiang⁴, MA Dao-Yuan², XU Shi-Hong², LIU Qing-Hua², LI Jun²

(1. *The Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education, Ocean University of China, Qingdao, 266003;*

2. *Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao, 266071;* 3. *East China Sea Fisheries*

Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai, 200090;

4. *Zhejiang Ocean University, Zhoushan, 316004*)

Abstract Partial nucleotide sequences of mitochondrial DNA control region fragment were sequenced and analyzed to estimate genetic differentiations between cultured (F_1 and F_2) and wild rock bream (*Oplegnathus fasciatus*) populations. The result showed that the haplotype diversity of cultured population (F_1) ($h = 0.955 \pm 0.047$) was just a little below that of wild population ($h = 1.000 \pm 0.034$), but which was significantly higher than that of F_2 ($h = 0.797 \pm 0.070$) based on the length of 484bp sequence. Significant decline trend of nucleotide diversity was detected from wild population ($\pi = 0.021 \pm 0.012$) to cultured population F_1 ($\pi = 0.018 \pm 0.010$) and F_2 ($\pi = 0.014 \pm 0.008$), the same results were also checked in the Mismatch analysis and average number of nucleotide differences analysis in the present study. Significant population genetic differentiations were detected between cultured population (F_1 and F_2) and wild population based on the analyses of AMOVA, conventional Φ_{ST} and the exact test. No significant genealogical structure corresponding to the cultured and wild populations was detected in the species based on the MST and NJ analyses.

Key words *Oplegnathus fasciatus*, Cultured population, Wild population, mtDNA control region, Genetic variation