

文章编号:1674-7054(2011)02-0123-06

南海斜带石斑鱼野生群体与人工繁殖群体的微卫星分析

骆 剑,黄宗文,陈国华,王 珺,杨 薇,郭仁湘

(海南大学 海洋学院;热带生物资源教育部重点实验室;海洋生物国家级实验教学示范中心,海南 海口 570228)

摘 要: 为了评估我国斜带石斑鱼野生群体与人工繁殖群体的种质现状,采用19个微卫星标记对斜带石斑鱼南海野生群体和海南人工繁殖群体进行遗传多样性研究。结果显示,在野生和人工繁殖群体中,19个基因座位的有效等位基因数(N_e)分别为1.135 0~4.516 2和1.00 0~3.982 7;群体平均观测杂合度(H_o)分别为0.706 1和0.687 5;群体平均期望杂合度(H_e)分别为0.480 3和0.421 5;多态信息含量(PIC)分别为0.547 5和0.493 0;2个群体间的遗传相似系数(G_{st})为0.979 4,遗传距离(D)为0.020 8。这表明斜带石斑鱼南海野生群体与人工繁殖群体的遗传多样性仍然比较丰富,人工繁殖群体没有出现明显的遗传分化和种质退化的现象。

关键词: 斜带石斑鱼;野生群体;人工繁殖群体;微卫星

中图分类号: Q 789

文献标志码: A

斜带石斑鱼(*Epinephelus coioides*)隶属鲈形目(Perciformes)、鲷科(Serranidae)、石斑鱼属(*Epinephelus*),为世界性的经济鱼类,主要分布于西太平洋琉球群岛、澳大利亚与贝劳和菲济群岛的东部^[1]。斜带石斑鱼在我国主要分布于南海海域和台湾海峡^[2]。斜带石斑鱼因肉质鲜美而具有较高的商业价值。全球每年约有25万t野生斜带石斑鱼成鱼及数目巨大的幼鱼被捕捞,且斜带石斑鱼栖息地珊瑚礁和红树林遭到大规模破坏,导致斜带石斑鱼资源量锐减^[3]。2006年的《世界自然保护联盟濒危物种红色名录》^[4]已将其评估为近危物种(NT, Near Threatened)。我国是石斑鱼的养殖大国,福建、广东、海南等地已形成大规模的石斑鱼养殖产业,但近年来幼苗死亡率高、疾病多发等因素困扰着养殖业的发展^[5-12],究其原因,可能是因高密度养殖造成环境恶劣以及因亲本种质不佳导致幼苗体弱的结果。种苗的质量直接影响成鱼阶段的养殖,因此,调查我国南繁育种地海南省人工繁殖的石斑鱼群体的遗传多样性并对其种质状况进行评估,对人工繁殖石斑鱼种苗的遗传改良及种质监测具有重要的理论及应用价值。在斜带石斑鱼种质资源及遗传多样性研究方面,Antoro等^[13]对泰国及印尼的石斑鱼野生群体开展了种群遗传差异的研究;王家祺等^[14]对台湾及广东地区的石斑鱼人工繁殖群体开展了微卫星研究;董秋芬等^[15]也对南海海域多种石斑鱼野生群体的系统发生进行了调查。我国海南岛东部是南海斜带石斑鱼最主要的栖息地之一,也是亲鱼资源补充地;同时海南岛也是斜带石斑鱼的主要人工繁殖及育苗产地。为合理评估和利用我国南海斜带石斑鱼资源,笔者采用微卫星分子标记技术对南海斜带石斑鱼野生群体与海南人工繁殖群体进行遗传多样性的调查。此次调查,一方面可以评估南海斜带石斑鱼自然资源的状况,为建立南海斜带石斑鱼遗传多样性数据库提供基础资料;另一方面通过评价斜带石斑鱼人工繁殖群体的种质状况,为南海斜带石斑鱼亲本的选择育种工作提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 实验样本 斜带石斑鱼人工繁殖群体(CP)来源于海南省最大的斜带石斑鱼苗种产地万宁市;野

收稿日期:2011-04-24

基金项目:国家科技支撑计划(2007BAD29B01);863计划(2010AA10A402);海南大学科研启动项目(kyqd1018)

作者简介:骆剑(1980-),男,湖南衡阳人,海南大学海洋学院讲师,博士。E-mail:luojian@yahoo.cn.

通信作者:陈国华(1956-),男,教授,研究生导师。E-mail:chguh3240@yahoo.com.cn

生群体(WP) 来源于海南岛东部琼海 – 万宁 – 陵水的珊瑚礁海域。样品经鉴定^[16] 后剪取尾鳍 ,用 $\varphi = 95\%$ 的酒精保存带回实验室 , -80°C 保存备用。每群体各准备 48 个样品用于分析。

1.1.2 微卫星引物 从 GenBank 中搜索获得 48 对近缘种石斑鱼微卫星引物 ,筛选出 19 对条带清晰、重复性好的引物由上海生工生物工程公司合成。

1.2 方 法

1.2.1 基因组 DNA 提取 用由天根公司生产的 DNA 提取试剂盒提取 ,并使用琼脂糖凝胶电泳检测其完整性 ,用分光光度计检测其浓度 , -20°C 保存。

1.2.2 PCR 扩增及电泳 PCR 反应体系为 $20\text{ }\mu\text{L}$,其中包括 $2\text{ }\mu\text{L}$ $10\times\text{PCR}$ 缓冲液 , $1.5\text{ }\mu\text{L}$ $25\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}\text{MgCl}_2$, $1.5\text{ }\mu\text{L}$ $2.5\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}\text{dNTP}$ $0.2\text{ }\mu\text{L}$ ($5\text{ U}\cdot\mu\text{L}^{-1}$) 的 *Taq* DNA 酶 , $1\text{ }\mu\text{L}$ (约 15 ng) 的正反引物 , $50\sim100\text{ ng}$ 基因组 DNA ,加水至 $20\text{ }\mu\text{L}$ 。扩增程序: 94°C 预变性 5 min ; 94°C 变性 30 s ; 退火 45 s (各对引物的退火温度见表 1) 72°C 延伸 45 s ; 共 35 个循环 ,最后 72°C 延伸 5 min 。扩增产物采用天能电泳仪和上海天能 VE-180 垂直电泳槽 ,进行 $\varphi = 8\%$ 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳(PAGE) 检测 ,Goldview 染色 ,Al-phamagerTM²²⁰⁰ 凝胶成像分析系统进行扫描 ,并保存图像。

表 1 微卫星位点及序列

位点	引物序列	序列号	退火温度/ $^{\circ}\text{C}$	等位基因范围
Mbo029	F-GAGCACGCACACTGAGCAAC R-TGCCAGTAAGGCAAAGTGGTC	AF325162	58.0	110 ~ 190
Mbo048	F-CAACGTTGTCATAATCTGAGCAT R-CGTGGATGATGTTAACTTTGGTG	AF325164	56.0	67 ~ 110
Mbo061	F-TGAAGAATGTCAGATATTTTGTGGTG R-TCCCAAGAGTGTTGAAGTTATAGG	AY063512	56.0	110 ~ 190
Mbo066	F-CGCATGTTTGTAAGAACAGGAAG R-GCTTCACTCTTGGGTGTTGG	AF325163	58.0	89 ~ 110
Em-3	F-ATTACGGACACACGCACA R-GAACACGACCCCTGCTAA	——	54.0	150 ~ 154
CT-1	F-AGCAAGAGCACAATAGCCAGAA R-CCATATGACAAAATGAGACATAAG	AF539611	54.0	140 ~ 142
GAA-1	F-GGAGTGTTAAATATGCCCACCA R-CAGAAATCGCTGAGGACAAGAG	AF539612	56.0	190 ~ 242
GAG007	F-CTGTAATAGACAACCCACTGTAC R-CCTGTAGCATCTTCACTAGCTG	AF182200	56.0	120 ~ 190
GAG01	F-CTAGAGGATCATTGACAATGTAG R-CCTGACTAATCCACAGTAATTGC	AF183141	54.0	89 ~ 110
GAG049	F-ACTCTAATCTACAGCATATTCT R-CAGCTCGCCTGAAAGACT	AF184960	48.0	80 ~ 110
D463-1	F-GAGCCACGACGACTGTTT R-GTCTGCACTTACTCTTTCTGTT	DQ914902	54.0	96 ~ 124
D493	F-TAATTGGGGATATGTGAC R-CATTTCTTCTTGCTTCG	DQ914901	50.0	92 ~ 120
D496	F-TTACTGGCAGCAATGGAC R-GATGTATGACTACGAATGG	DQ914905	50.0	143 ~ 230
Pm12	F-AGAAAAAGCTCCACAACACAACAA R-GAGCCCCAGTCCCAAATATTG	EU117134	54.0	160 ~ 242
Pm02	F-GATCAGCCTGTTAGCCCTGGATAA R-CCCCCTGGCCAAGTCACAG	EU117133	56.0	147 ~ 190
RH_CA_002	F-CTCGTTACCACATCGGGACT R-AACACTGGCTGGTTTGCAC	EU117136	58.0	110 ~ 170
RH_CA_004	F-GAGAACGACATTCCAGCACA R-TGTGTGACCAGAAACCAGGA	EU117137	56.0	150 ~ 242
RH_CA_007	F-CAGAAACATCTCCCCAAAA R-CTGGCAGAGCAATTAGAGGC	EU117138	54.0	250 ~ 353
RH_CA_008	F-AGTTGCCAGGTTACACGAG R-TTGGGTCTGGCATTTAGAG	EU117139	58.0	190 ~ 242

注: F 为正向引物; R 为反向引物

1.2.3 统计分析 计算电泳条带中的每一条带的相对分子质量,按照相对分子质量的大小,转化成 AA, AB 等格式,用 PopGen32 统计等位基因数 N_a ,有效等位基因数 N_e ,观测杂合度 H_o ,期望杂合度 H_e ,群体间的遗传相似性系数,遗传距离并计算其多态信息含量(PIC) 等。

2 结果与分析

2.1 PCR 扩增结果 海南近海斜带石斑鱼的野生和人工繁殖群体的微卫星 PCR 扩增结果见表 1 和图 1。微卫星 PCR 扩增结果表明,在 19 对扩增稳定重复性好的微卫星中,多态位点有 15 个,单态位点有 4 个,多态位点比例为 78.95%;共检测到 75 个等位基因,平均每对引物获得 3.95 个等位基因。在斜带石斑鱼野生和人工繁殖群体中,19 个基因座位的等位基因(A) 平均数分别为 4.928 6 和 3.785 7,每个基因座位有效等位基因数(N_e) 分别为 1.135 0~4.516 2 和 1.00 0~3.982 7,平均数分别为 3.010 1 和 2.513 3。

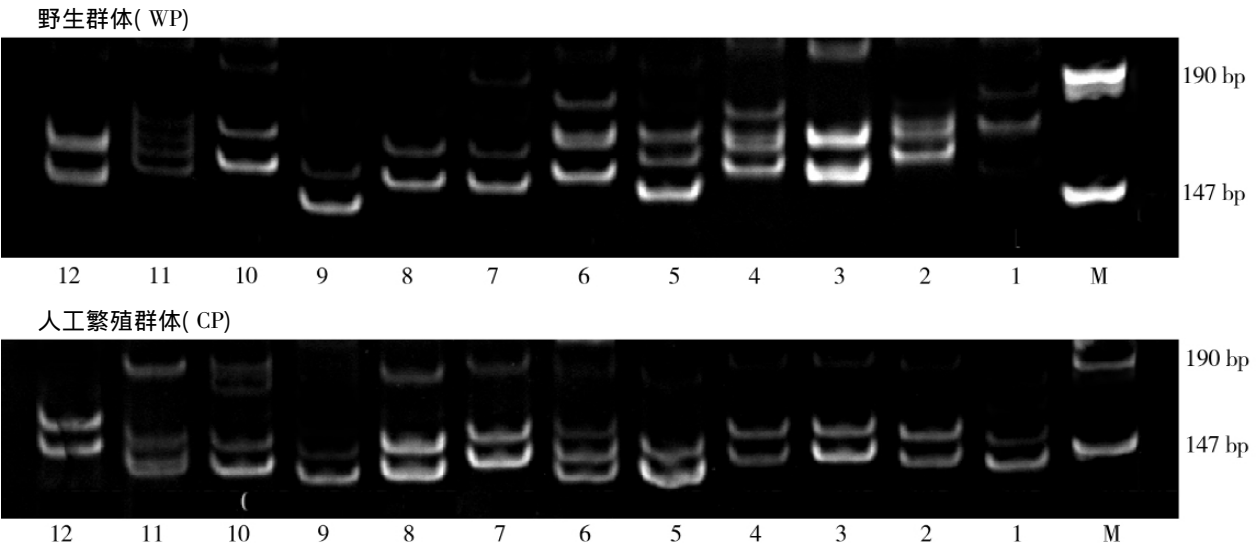


图1 斜带石斑鱼野生与人工繁殖群体在位点 GAG007 的部分聚丙烯酰胺凝胶电泳图谱
(从右到左: M, 1~12 号个体; Marker: PUC18 DNA/MspI)

2.2 遗传多样性指标 杂合度(H) 又名基因多样性,反映种群在基因位点上的变异程度。群体杂合度越低,表明该群体遗传一致性越高;反之,杂合度越高,表明该群体的遗传多样性越高。斜带石斑鱼南海野生群体与海南人工繁殖群体平均观测杂合度(H_o) 分别为 0.706 1 和 0.687 5;群体平均期望杂合度(H_e) 分别为 0.480 3 和 0.421 5。

多态信息含量(PIC) 是等位基因频率和数目变化的函数,是衡量片段多态性的较好指标。当 $PIC > 0.5$ 时,该基因座位为高度多态基因座位;当 PIC 在 $0.25 \sim 0.5$ 时,为中度多态基因座位;当 $PIC < 0.25$ 时,则为低度多态基因座位^[17]。表 2 显示,人工繁殖群体除了单态基因座位外,有 7 个高度多态基因座位和 6 个中度多态基因座位;野生群体除了单态基因座位外,有 9 个高度多态基因座位,5 个中度多态基因座位。群体平均多态信息含量(PIC) 分别为 0.547 5 和 0.493 0;2 个群体间的遗传相似系数(G_{st}) 为 0.979 4,遗传距离(D) 为 0.020 8。

对野生和人工繁殖 2 个群体每个位点的 Hardy-Weinberg P 值进行无偏离估计,大部分位点均偏离平衡状态($P < 0.001$)。由表 2 的 F_{is} 值可以看出,除了纯合性状的绝大部分基因座位杂合子基本都处于过剩状态,只 Mbo048 和 Mbo061 存在杂合子缺失,这说明可能存在无效等位基因。通过 F -检验得到 2 个群体的 F_{st} 值为 0.015 7,表示总遗传变异有 1.57% 来自各群体之间,98.43% 来自群体之内,这说明 2 群体间的分化较小。

表2 斜带石斑鱼人工繁殖与野生群体 19 个微卫星座位的观察杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、多态信息含量(PIC)及各位点的固定指数

基因座位	人工繁殖群体 CP				野生群体 WP			
	H_o	H_e	PIC	F_{IS}	H_o	H_e	PIC	F_{IS}
Mbo029	1.000 0	0.629 3	0.558 3	-0.589 0	1.000 0	0.756 3	0.719 5	-0.322 2
Mbo048	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *	0.041 7	0.118 9	0.115 1	0.649 6
Mbo061	0.104 2	0.098 7	0.093 9	-0.054 9	0.416 7	0.423 2	0.390 2	0.015 4
Mbo066	1.000 0	0.510 2	0.390 2	-0.960 0	1.000 0	0.649 3	0.586 3	-0.540 1
Em-3	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *
CT-1	0.958 3	0.499 1	0.374 6	-0.920 0	1.000 0	0.558 2	0.459 8	-0.791 6
GAA-1	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *
GAG007	1.000 0	0.748 9	0.703 1	-0.335 3	1.000 0	0.778 4	0.743 3	-0.284 6
GAG01	1.000 0	0.520 0	0.404 7	-0.923 2	0.958 3	0.520 0	0.404 7	-0.843 1
GAG049	1.000 0	0.677 3	0.616 0	-0.476 4	1.000 0	0.663 0	0.607 6	-0.508 3
D463-1	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *
D493	1.000 0	0.500 0	0.375 0	-1.000 0	1.000 0	0.500 0	0.375 0	-1.000 0
D496	1.000 0	0.664 5	0.601 5	-0.504 9	1.000 0	0.774 5	0.738 8	-0.291 1
Pm12	1.000 0	0.650 8	0.586 2	-0.536 5	1.000 0	0.539 5	0.433 1	-0.853 6
Pm02	1.000 0	0.520 4	0.405 2	-0.921 6	1.000 0	0.706 6	0.652 9	-0.415 2
RH_CA_002	1.000 0	0.675 3	0.615 3	-0.480 7	1.000 0	0.729 2	0.682 4	-0.371 4
RH_CA_004	1.000 0	0.737 2	0.692 1	-0.356 5	1.000 0	0.721 4	0.674 0	-0.386 3
RH_CA_007	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *	0.000 0	0.000 0	* * * *	* * * *
RH_CA_008	1.000 0	0.576 4	0.4853	-0.734 9	1.000 0	0.687 1	0.629 4	-0.455 5
平均值	0.687 5	0.421 5	0.4930	——	0.706 1	0.480 3	0.547 5	——

3 讨 论

石斑鱼属的大多数种类都是渔业捕捞的对象。根据 IUCN 的调查结果^[3], 已有 20 余种石斑鱼被列入濒危、易危或近危名录, 因此, 加强对石斑鱼资源的调查与多样性评估显得尤为重要。Rhodes 等^[18]使用微卫星分子标记技术对 *E. polyphkadion* 群体的遗传结构进行了分析, 结果显示其杂合度为 0.457 ~ 0.988。Zatcoff 等^[19]用微卫星标记分析了 *E. morio* 的种群结构, 得到该群体的平均 H_e 为 0.540 ~ 0.928, 群体平均多态信息含量(PIC) 分别为 0.547 5 和 0.493 0。尹绍武等^[20]在采用微卫星技术对点带石斑鱼养殖和野生群体进行分析中发现, 养殖群体和野生群体的平均杂合度均处在较高的水平, 分别为 0.833 7 和 0.790 4。蒙子宁等^[21]的研究得到斜带石斑鱼养殖群体遗传多样性逐代出现显著降低的结果。董秋芬等^[15]分析了 9 种石斑鱼的遗传多样性数据, 9 种石斑鱼的观测杂合度为 0.461 5 ~ 0.623 9。本研究获得的南海野生斜带石斑鱼群体的观测杂合度为 0.706 1。以上研究结果显示某些石斑鱼群体的遗传多样性水平较高, 某些石斑鱼群体则出现多样性降低的情况。由于石斑鱼寿命较长(20 年以上)^[3], 其种群数量减少而导致的遗传多样性丧失不会在短期内显示出来, 其遗传多样性在检测上往往具有滞后性, 因此, 通过对斜带石斑鱼自然资源的定期监测来评价其遗传多样性的变化是很有意义的。

Antoro 等^[13]分析了泰国及印尼斜带石斑鱼(*E. coioides*) 群体在 4 个微卫星位点上的多样性情况, 得到泰国及印尼斜带石斑鱼(*E. coioides*) 群体的平均杂合度范围为 0.36 ~ 0.55; 董秋芬等^[15]利用 13 对微卫星引物得到的南海斜带石斑鱼野生群体的杂合度为 0.512 8; 王家祺^[14]利用 5 对引物对斜带石斑鱼台湾

和广东群体进行微卫星检测,得到2个群体平均杂合度为0.672 1和0.682 6。这些研究结果存在着一定的差异,这可能是他们采用的微卫星位点存在差异所致。笔者综合了以上研究报道的引物,在本研究中检测了较多的位点(19个),得到南海野生群体的平均观测杂合度(H_o)为0.706 1。排除掉引物差异对结果的影响,与已有报道的其他地理群体相比,本研究检测的斜带石斑鱼南海野生群体的遗传多样性水平较高。此外,海南人工繁殖群体平均观测杂合度(H_o)为0.687 5,多态信息含量、 F_{IS} 值、 F_{st} 值等遗传参数的比较分析结果均表明,斜带石斑鱼海南人工繁殖群体的遗传多样性仍然较高,且未出现明显的遗传分化。

本研究得到的结果显示,斜带石斑鱼南海群体依然拥有较高的异质度;海南人工繁殖群体的遗传多样性仅比前者稍低,没有出现明显的遗传分化和种质退化。不过,渔业的过度捕捞与石斑鱼栖息地的破坏将不可避免地导致斜带石斑鱼资源量的减少,因此,实行渔业配额制度,尤其是加强禁渔期对石斑鱼幼苗聚集地红树林的保护是石斑鱼渔业可持续发展的重要手段。同时,为了保持斜带石斑鱼人工繁殖群体遗传多样性,也需要维持一定规模的亲鱼数量。

参考文献:

- [1] HEEMSTRA P C, RANDALL J E. Groupers of the World[J]. FAO SPECIES CATALOGUE, 1993, 16(125): 130–132.
- [2] SADOVY Y, CORNISH A S. Reef Fishes of Hong Kong[M]. Hong Kong: Hong Kong University Press, 2000.
- [3] IUCN. Orange-spotted Grouper (*Epinephelus coioides*) [R/OL]. Downloaded: IUCN, 2010 [2010-07-09]. <http://www.iucnredlist.org/apps/redlist/details/44674/0>.
- [4] IUCN. IUCN Red List of Threatened Species[R/OL]. Downloaded: IUCN, 2006 [2010-07-09]. <http://www.iucnredlist.org>
- [5] CHI S C, LO B J, LO C F, et al. Detection of nervous necrosis virus (NNV) in the eggs, larvae and juveniles of the hatchery-reared groupers, *Epinephelus fuscogutatus* and *Epinephelus akaara* (Temminck & Schlegel) by polymerase chain reaction[J]. Methodology in Fish Disease Research, 1997: 259–264.
- [6] ERLINDA R C, LESTER R J, EUSEBIO P S, et al. Occurrence and histopathogenesis of a didymozoid trematode (*Gonapodasmium epinepheli*) in pond-reared orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides* [J]. Aquaculture, 2001, 201: 211–217.
- [7] 黄志坚, 何建国. 鲑点石斑鱼细菌病原的分离鉴定和致病性[J]. 中山大学学报: 自然科学版, 2002, 41(5): 64–67.
- [8] JOHANS R, RANHEIM T, HANSEN M K, et al. Pathological changes in juvenile Atlantic halibut *Hippoglossus hippoglossus* persistently infected with nodavirus [J]. Dis Aquat Organ, 2002, 50(3): 161–169.
- [9] 陈信忠, 苏亚玲, 龚艳清, 等. 闽南地区养殖石斑鱼病毒性神经坏死病初步研究[J]. 福建水产, 2003, 9(3): 11–14.
- [10] 陈晓燕, 胡超群, 陈偿, 等. 人工养殖点带石斑鱼弧菌病病原菌的分离及鉴定[J]. 海洋科学, 2003, 27(6): 68–72.
- [11] 陈信忠, 苏亚玲, 龚艳清, 等. 逆转录聚合酶链式反应(RT-PCR)检测5种养殖石斑鱼的神经坏死病毒[J]. 中国水产科学, 2004, 11(3): 202–207.
- [12] 覃映雪, 池信才, 苏永全, 等. 网箱养殖青石斑鱼的溃疡病病原[J]. 水产学报, 2004, 28(3): 297–302.
- [13] ANTORO C, NA-NAKOM U, KOEDPRANG W. Study of genetic diversity of orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides*, from Thailand and Indonesia using microsatellite markers[J]. Mar Biol, 2006, 8: 17–26.
- [14] 王家祺, 郭丰, 丁少雄, 等. 斜带石斑鱼不同地理群体遗传变异的微卫星分析[J]. 海洋科学, 2009, 33(11): 60–64.
- [15] 董秋芬, 刘楚吾, 郭昱嵩, 等. 9种石斑鱼遗传多样性和系统发生关系的微卫星分析[J]. 遗传, 2007, 29(7): 837–843.
- [16] 成庆泰, 郑葆珊. 中国鱼类系统检索: 上、下册[M]. 北京: 科学出版社, 1987: 287–293, 1035–1047.
- [17] BOSTEIN B, WHITE R L, SKOLNICK M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. Am J Hum Genet, 1980, 32(3): 314–331.

- [18] RHODES K L , LEWIS R I , CHAPMAN R W , et al. Genetic structure of camouflage grouper , *Epinephelus polyphekadion* (Pisces: Serranidae) , in the western central Pacific [J]. Mar Biol 2003 ,142: 771 – 778.
- [19] ZATCOFF M S , BALL A O , SEDBERRY G R. Population genetic analysis of red grouper , *Epinephelus morio* , and scamp , *Myceroperca phenax* from the southeast U. S. Atlantic and Gulf of Mexico [J]. Mar Biol 2004 ,144: 769 – 777.
- [20] 尹绍武 , 廖经球 , 黄海 , 等. 海南近海点带石斑鱼野生和养殖群体微卫星多态分析 [J]. 应用与环境生物学报 2008 ,14 (2) : 215 – 219.
- [21] 蒙子宁 , 杨丽萍 , 吴丰 , 等. 斜带石斑鱼养殖群体遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. 热带海洋学报 2007 26(2) : 44 – 48.

Microsatellite Analyses of Wild Population and Cultivation Artificial Propagation Population in Orange-Spotted Grouper (*Epinephelus coioides*) in the South China Sea.

LUO Jian , HUANG Zong-wen , CHEN Guo-hua , WANG Jun , YANG Wei , GUO Ren-xiang

(College of Ocean , Hainan University; Key Laboratory of Tropic Biological Resources of Ministry of Education ,
Hainan University , Haikou 570228 , China)

Abstract: Microsatellite makers were used to evaluate genetic variations of Orange-Spotted Grouper (*Epinephelus coioides*) in the South China Sea wild population and the Hainan cultivation artificial propagation population , and 48 individuals in each stock were assessed at 19 SSR loci. The result showed that the wild population (WP) and cultivation artificial propagation population (CP) , the number of effective alleles (N_e) were 1.135 0—4.516 2 and 1.00 0—3.982 7 respectively; values of mean observed heterozygosity (H_o) were 0.7061 and 0.687 5 respectively; expected heterozygosity (H_e) was 0.480 3 and 0.421 5 respectively; polymorphic information content (PIC) were 0.547 5 and 0.493 0 respectively; genetic similarity coefficient (G_{st}) , genetic differentiation coefficient (F_{st}) and genetic distance (D) between WP and CP were 0.979 4 , 0.015 7 and 0.020 8 respectively. These genetic parameters suggested that the genetic variations in the South China Sea wild population of *E. coioides* were well conserved and the genetic differentiation and degradation were not obvious in Hainan cultivation artificial propagation population.

Key words: *Epinephelus coioides*; wild population; cultivation artificial propagation population; microsatellite analyses.