

3 个花鳗鲡地理种群的 AFLP 分析

朱友芳¹, 林凤钦², 王艺磊², 谢芳靖²

(1. 福建省莆田市水产科学研究所, 福建 莆田 351100; 2. 集美大学 水产学院 福建省高校水产科学技术与食品安全重点实验室, 福建 厦门 361021)

摘要: 应用 AFLP 分子标记技术首次对澳大利亚、海南岛和菲律宾 3 个种群的共 60 尾花鳗鲡(*Anguilla marmorata*) 幼鱼样品进行了遗传多样性分析。4 对选择性扩增引物共扩增得到 180 个位点, 平均每对引物扩增出 45 个位点。澳大利亚、海南岛和菲律宾 3 个种群的多态位点分别为 78.33%、79.44% 和 84.44%, Nei's 遗传多样性指数分别为 0.330 2±0.188 9、0.337 2±0.194 6 和 0.357 1±0.176 7, Shannon's 多样性指数分别为 0.477 3±0.264 7、0.484 4±0.270 2 和 0.514 6±0.243 3; 根据基因分化系数和 AMOVA 分析估算, 3 个花鳗鲡种群遗传变异分别有 89.25% 和 96.07% 存在于种群内, 10.75% 和 3.93% 存在于种群间。基因分化系数、AMOVA 分析、遗传距离、基因流、系统树和显性基因型频率分析结果表明: 3 个花鳗鲡种群间出现了遗传分化, 地理距离越大遗传分化程度越高, 三者之间出现一定的基因交流。研究结果对花鳗鲡养殖具有指导意义。

关键词: 花鳗鲡(*Anguilla marmorata*); 种群; AFLP; 遗传变异

中图分类号: Q347

文献标识码: A

文章编号: 1000-3096(2011)08-0083-06

花鳗鲡 (*Anguilla marmorata*) 隶属鳗鲡目 (Anguilliforme)、鳗鲡科 (Anguillidae)、鳗鲡属 (*Anguilla*), 属热带和亚热带江海洄游鱼类, 分布范围广, 东达太平洋中部诸岛, 西达非洲东部, 南达澳大利亚南部, 北达朝鲜、日本南部, 中国产于长江以南至海南岛各江河水域^[1-2]。

有关不同种群花鳗鲡的骨骼结构差异及遗传多样性已有研究报道, Watanabe 等^[3]通过对花鳗鲡脊椎骨的数目研究, 得出了密克罗尼西亚岛 (Micronesia) 的花鳗鲡脊椎骨的数目与印度洋及太平洋其他 12 个花鳗鲡种群存在明显差异的结论; Minegishi 等^[4]采用线粒体 DNA 和微卫星分析的方法, 得出了可以将花鳗鲡划分为南太平洋、北太平洋、东印度洋和西印度洋 4 个种群的结论; Gong 等^[5]采用微卫星分析的方法, 得出了花鳗鲡的 Aus(澳大利亚)种群和中国种群的多样性指数相似、所有位点均符合哈迪-温伯格平衡的结论; 齐兴柱等^[6]通过对线粒体细胞色素 b 基因的测序, 得出了花鳗鲡的日本和夏威夷种群的地理差异小于 Hai(中国海南岛)种群与它们之间的地理差异的结论。

扩增片段长度多态性 (Amplified Fragment Length Polymorphism, 简称 AFLP) 具有多态性强, 谱带丰富且清晰可辨, 实验结果稳定性、重复性好的特

点, 可以在一次实验中同时观察到大量的限制性片段。因此, AFLP 技术广泛应用于种质鉴定、基因克隆和定位、遗传图谱构建和遗传差异分析等研究^[7-12]。目前中国花鳗鲡养殖的苗种主要来源于澳大利亚、海南岛和菲律宾三地, 三者在水温、驯食和抗病力等方面均存在差异。为了分析产生这些差异的原因, 本研究首次采用 AFLP 技术对花鳗鲡的 Aus 种群、Hai 种群和 Phi(菲律宾)种群进行遗传多样性分析, 研究结果对花鳗鲡养殖具有一定的指导意义。

1 材料和方法

1.1 实验鱼

收集 Aus 墨尔本附近海域、Hai 东海岸和 Phi 棉兰老岛东部的花鳗鲡幼鱼各 20 尾, 取肌肉固定于 95% 的酒精中, 4℃ 保存备用。

1.2 基因组 DNA 提取

DNA 提取和纯化参照 Sambrook 等^[13], 采用苯

收稿日期: 2010-12-08; 修回日期: 2011-06-13

基金项目: 福建省高校水产科学技术与食品安全重点实验室基金资助项目(2008J201)

作者简介: 朱友芳(1964-), 男, 福建仙游人, 副研究员, 硕士研究生, 主要从事水产养殖及病害防治的研究, 电话: 0594-6298821, E-mail: e365cn@163.com

酚/氯仿法提取总 DNA。DU640 紫外分光光度仪测定 DNA 浓度, 用无菌双蒸水将模板的一部分稀释到 20 mg/L, 置于 4 °C 中保存, 其余的未稀释的模板母液放于 -20 °C 冰箱中备用, 通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的完整性以及纯度, 凝胶电泳采用 GDST500 紫外凝胶成像分析系统。

1.3 AFLP 指纹图谱构建

参照 Vos 等^[14]和 Wang 等^[15]方法构建 AFLP 指纹图谱。AFLP 接头和预扩增引物序列见表 1。2 种内切酶分别为 EcoR I 和 Mse I。经过预实验从 8 种 EcoR I 引物(E-AA、E-AC、E-AG、E-AT、E-TA、E-TC、E-TG 和 E-TT)和 8 种 Mse I 引物(M-CAA、M-CAC、M-CAG、M-CAT、M-CTA、M-CTC、M-CTG 和 M-CTT)共 64 对引物组合中, 筛选出 4 对选择性扩增引物组合(4 对引物组合分别为: E-TG/M-CAC, E-TG/M-CAT, E-AA/M-CAC, E-AA/M-CAA)进行 AFLP 分析。AFLP 试剂盒购自 invitrogen 公司。

表 1 AFLP 接头及预扩增引物序列
Tab. 1 Adaptors and pre-amplification primer sequences in AFLP analysis

引物/接头	序列(5'-3')
EcoR I 接头	CTCGTAGACTGCGTACC
	AATTGGTACGCAGTCTAC
Mse I 接头	GACGTGAGTCCTGAG
	TACTCAGGACTCAT
预扩增引物	E ₀ GACTGCGTACCAATTC
	M ₀ GATGAGTCCTGAGTAA

1.3.1 酶切反应

每个样品的酶切混合液包括: 160 ng 的 DNA 样品, 0.2 μL 的 Mse I(Mse I 10 mol/L), 4 μL 的 10×Tango 反应缓冲液, 再加双蒸水至反应总体积 18 μL。将反应混合液置于 MJ-PTC200 温度梯度 PCR 仪中进行 Mse I 酶切, Mse I 酶切反应条件: 65 °C 3 h, 80 °C 15 min, 4 °C 5 min。反应结束后, 再加入 0.2 μL 的 EcoR I(EcoR I 10 mol/L), 加双蒸水至总反应体积 20 μL, 进行 EcoR I 酶切, EcoR I 酶切反应条件: 37 °C 3 h, 80 °C 15 min, 4 °C 5 min。1% 的琼脂糖凝胶电泳检测酶切效果, 4 °C 下保存备用。

1.3.2 连接反应

每个连接反应混合液包括: 酶切样品 10 μL, 10 nmol/L EcoR I/Mse I 接头 0.8 μL, 10×T₄ 反应缓冲液 2 μL, 1 mol/L T₄ 连接酶 0.5 μL, 加双蒸水至总体积

20 μL, 22 °C 恒温过夜。-20 °C 下保存备用。

1.3.3 预扩增反应

反应混合液包括: 2 μL 的连接产物, 2 μL 的 10×Taq buffer, 1.6 μL 的 25 nmol/L MgCl₂, 0.5 μL 的 dNTPs(10 mmol/L), 0.17 μL 的 E₀(33 mol/L), 0.17 μL 的 M₀(33 mol/L), 13.46 μL 的无菌双蒸水, 0.1 μL 的 Taq DNA 聚合酶(5 U/μL), 共 20 μL。PCR 反应条件: 先 94 °C 1 min; 再 94 °C 30 s, 56 °C 60 s, 72 °C 60 s, 共 20 个循环; 4 °C 5 min。预扩增完成后, 将产物在 1% 琼脂糖凝胶中检测预扩增产物的效果。将预扩增产物取出 5 μL 加入 45 μL 双蒸水, 混合均匀作为选择性扩增模板。

1.3.4 选择性扩增反应

取 5.0 μL 的选择性扩增模板, 各加入 15.0 μL 选择性扩增反应混合液: 2.0 μL 的 10×Taq buffer, 1.2 μL 的 25 nmol/L MgCl₂, 0.4 μL 的 dNTPs(10 mmol/L), 10.2 μL 的无菌双蒸水, 0.5 μL 的 EcoR I 引物(10 μmol/L), 0.5 μL 的 Mse I 引物(10 μmol/L)。0.2 μL 的 Taq DNA 聚合酶(5 U/μL)。PCR 反应条件: 首先 94 °C 1 min; 再 94 °C 30 s, 65 °C 30 s, 72 °C 60 s, 循环 13 次(每一循环退火温度减少 0.7 °C), 然后 94 °C 30 s, 65 °C 30 s, 72 °C 60 s, 23 个循环; 72 °C 10 min; 4 °C 5 min。最后 4 °C 保存。

1.3.5 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳

AFLP 扩增产物(共 20 μL)在电泳前加入 10 μL 上样缓冲液, 95 °C 变性 5 min, 立即放入冰盒中冷却(防止复性)。采用 6% 的变性聚丙烯酰胺凝胶, 电泳缓冲液为 1×TBE, 在恒电压 2 000 V 下使用美国 Bio-Rad 聚丙烯酰胺凝胶电泳仪电泳, 先预电泳 30~45 min, 直至温度达到 55 °C。然后每个样品取 5 μL 上样, 恒电压 2000V 电泳 2 h 左右, 用银染法显示电泳结果。

1.4 数据统计分析

对所有扩增清晰的条带进行记录, 采用“0-1”系统记录谱带位置, 观察扩增条带的有无, 有带记为“1”, 无带记为“0”。将上述获得的 AFLP 指纹图谱转换成 1 和 0 构成的数字矩阵, 结果填入 Microsoft Excel 表格中。在种群处于 Hardy-Weinberg 平衡的条件下, 利用 POPGENE VERSION 1.31^[16]软件统计位点总数、多态位点数, 计算多态位点频率、显性基因型频率、Nei's 基因多样性指数、Shannon's 多样性指数、种群总基因多样性、种群内基因多样

性、种群间的 G_{st} (基因分化系数)、种群间的 N_m (基因流系数)、遗传相似度和遗传距离等。利用 Arlequin 3.5 进行 AMOVA 分析, 采用 MEGA 3 软件以 UPGMA 法对 3 个种群进行聚类分析, 构建群体间亲缘演化系统树图谱。

2 结果

2.1 3 个种群 AFLP 扩增结果及遗传多样性

用 4 对选择性引物(即引物组合 E-TG/M-CAC,

E-TG/M-CAT, E-AA/M-CAC, E-AA/M-CAA)对花鳗 3 个种群共 60 个样本的 DNA 进行 AFLP 分析, 共扩增出 180 条清晰的条带, 其中多态性条带为 160 条, Aus、Hai 和 Phi 3 个种群的多态位点分别为 78.33%、79.44%和 84.44%, 总多态位点比率为 88.89%(表 2)。将每个扩增片段视为一个基因位点, 每对引物检出的位点数从 34~50 个不等, 平均每对引物检出 45 个位点。在 3 个种群中, Phi 种群的遗传多样性最高, 而 Aus 种群的遗传多样性最低。

表 2 3 个种群扩增结果及遗传学参数

Tab. 2 Amplification results and parameters of genetic diversity in the three *Anguilla marmorata* populations

种群	多态位点数	多态位点比例(%)	Nei's 遗传多样性指数	Shannon's 多样性指数
Aus	141	78.33	0.330 2±0.188 9	0.477 3±0.264 7
Hai	143	79.44	0.337 2±0.194 6	0.484 4±0.270 2
Phi	152	84.44	0.357 1±0.176 7	0.514 6±0.243 3
总计	160	88.89	0.382 6±0.157 8	0.549 7±0.215 0

2.2 3 个种群的遗传分化及聚类分析

根据 G_{st} (表 3)和 AMOVA 分析估算(表 4), 3 个花鳗种群遗传变异分别有 89.25%和 96.07%存在于种群内, 10.75%和 3.93%存在于种群间。

根据 Wright^[17]的标准, G_{st} 值介于 0~0.05, 表明种群间遗传分化较弱; 介于 0.05~0.15, 表明种群间遗传分化中等; 0.15~0.25 表明种群间遗传分化较大; 当 G_{st} 值>0.25 表明分化极大。由表 3 得出 Aus 种群~Hai 种群、Aus 种群~Phi 种群和 Hai 种群~Phi 种群均出现中等遗传分化。

地理距离: Aus~Hai > Aus~Phi > Hai~Phi; G_{st} (表 3): Aus 种群~Hai 种群 > Aus 种群~Phi 种群 > Hai 种群~Phi 种群; 遗传距离(表 5): Aus 种群~Hai 种群 >

Aus 种群~Phi 种群 > Hai 种群~Phi 种群, 可见地理距离越大遗传分化程度越高。

通常认为种群间的 $N_m < 1$, 种群间基因交流是有限的, 若 $N_m > 1$, 说明种群间通过某种渠道进行基因交流^[18]。花鳗两两种群间的 N_m 和 3 个种群的总 N_m 均超过 1, 说明种群间有基因交流。3 个花鳗种群间的 N_m 以 Hai 种群~Phi 种群最高。

将 180 个扩增位点的显性基因型频率以 10%为单位划分区间, 0 和 1 分别设为一个单独的区间, 统计显性基因型频率位于各区间内的位点数。通过对不同种群的显性基因型频率在各区间内的位点数的走势比较, 可以分析出各种群遗传结构是否存在差异。由图 1 可以看出 3 个种群的曲线走势呈现出现

表 3 3 个花鳗种群遗传分化

Tab. 3 Genetic differentiation for the three populations of *Anguilla marmorata*

种群	总基因多样性(H_t)	种群内基因多样性(H_s)	基因分化系数(G_{st})	基因流系数(N_m)
Aus~Hai	0.371 5±0.025 1	0.333 7±0.025 1	0.101 6	4.419 0
Aus~Phi	0.376 3±0.026 0	0.343 7±0.024 8	0.086 7	5.264 9
Hai~Phi	0.369 3±0.028 8	0.347 2±0.027 6	0.059 9	7.848 7
总计	0.382 6±0.024 9	0.341 5±0.022 8	0.107 5	4.153 0

表 4 花鳗种群的 AMOVA 分析数据

Tab. 4 Data derived from AMOVA of *Anguilla marmorata*

变异来源	自由度	方差总和	变异组成	所占比例(%)
种群间	2	62.822	0.153 6	3.93
种群内	537	2017.422	3.756 8	96.07
总计	539	2080.244	3.910 4	100

表 5 种群间遗传相似性(对角线*上)及遗传距离(对角线*下)

Tab. 5 Inter-population genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal)

种群	Aus	Hai	Phi
Aus	****	0.886 7	0.900 7
Hai	0.120 3	****	0.932 4
Phi	0.104 6	0.070 0	****

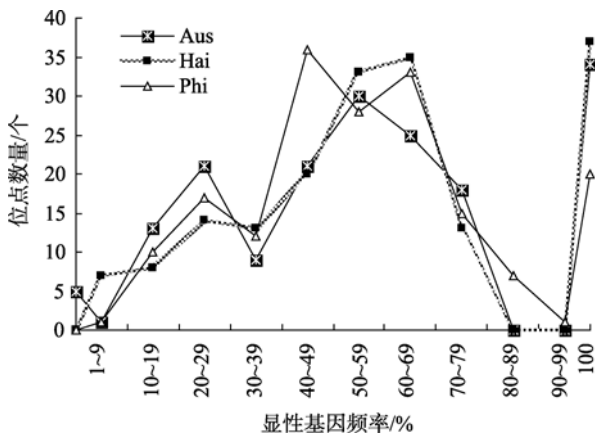


图 1 扩增位点数在不同显性基因频率区间内分布

Fig. 1 Distributions of amplified loci in different frequency intervals

律性, 总体趋势基本相似, 但有差异: Aus 种群与 Phi 种群在 0~9%和 40%~69%区间走势不同; Aus 种群与 Hai 种群在 0~9%和 50%~69%区间走势不同; Hai 种群和 Phi 种群在 40%~59%区间走势不同。说明 3 个种群在遗传结构方面存在一定的差异。通过计算花鳗鲡 3 个不同地理种群之间的 Nei's 遗传相似度和遗传距离(表 5), 根据遗传距离构建系统树(图 2), 由图 2 中看出 Hai 种群和 Phi 种群亲缘关系较近, 首先聚在一起, 它们与 Aus 种群亲缘关系较远, 最后聚在一起。

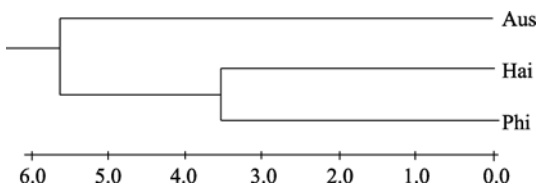


图 2 UPGMA 方法构建 3 个花鳗鲡种群的系统树

Fig. 2 UPGMA dendrogram by AFLP in the three *Anguilla marmorata* populations

3 讨论

Aus 种群和 Hai 种群的 Nei's 遗传多样性指数分

别为 $0.330 2 \pm 0.188 9$ 和 $0.337 2 \pm 0.194 6$ 、Shannon's 多样性指数分别为 $0.477 3 \pm 0.264 7$ 和 $0.484 4 \pm 0.270 2$, Aus 和 Hai 两种群多样性指数相似, 这与采用微卫星分析的方法得出的花鳗鲡 Aus 种群和中国种群多样性指数相似的结论一致^[5]。

有关研究人员采用 AFLP 技术对日本鳗鲡 (*Anguilla japonica*)^[9]、蓝圆鲀 (*Decapterus maruadsi*)^[10]和鲙鱼 (*Miichthys miiuy*)^[11]进行遗传多样性分析, 得出了这三种鱼的多态位点比例分别为 62.81%~74.10%、64.65%和 68.86%~72.51%, 并根据多态位点比例认为日本鳗鲡、蓝圆鲀和鲙鱼遗传多样性较高。3 个花鳗鲡种群多态位点比例为 78.33%~84.44%, 高于日本鳗鲡、蓝圆鲀和鲙鱼, 可见 3 个花鳗鲡种群遗传多样性目前还处在较高的水平。我们认为与花鳗鲡自然产卵、产卵后亲鱼死亡、自然种群分布广、人为干扰因素较少等相关。

Minegishi 等^[4]采用线粒体 DNA 和微卫星分析的方法, 将花鳗鲡划分为南太平洋、北太平洋、东印度洋和西印度洋 4 个种群, 据此分析, 属于南太平洋的 Aus 种群与属于北太平洋的 Hai 种群和 Phi 种群出现了遗传分化, 这与本次研究所得的结论一致。齐兴柱等^[6]在利用细胞色素 b 基因对不同地域花鳗鲡种群进行分析时得出了同位于北太平洋花鳗鲡的日本种群和 Hai 种群两者之间存在地理差异, 本次研究同样也得出了同位于北太平洋 Hai 种群和 Phi 种群间出现了遗传分化的结论。

研究结果表明, 3 个花鳗鲡种群间出现了中等程度的遗传分化, 我们认为原因可能为: 花鳗鲡于成年时降河洄游到江河口附近性腺才开始发育, 而后入深海进行繁殖。初孵出仔鱼为白色薄软的叶状体, 叶状体尚不能自主游动, 依靠海流将其带到陆地沿岸后发生变态, 变成短的圆线条状的幼鳗, 进入淡水河湖内索食生长。由于 3 个花鳗鲡种群性腺成熟的时间及到达产卵场的时间不同, 不同种群亲鱼所产的仔鱼在不同的海流的作用下, 于特定的时间到达特定的地域, 因此 3 个种群难以融合在一起形成 1 个随机交配的大种群, 3 个种群间出现中等程度的遗传分化。

花鳗鲡两两种群间的 N_m 和 3 个种群的总 N_m 均超过 1, 种群间有基因交流, 遗传分化与地理距离成正相关, 原因可能是: 虽然不同种群花鳗鲡的亲鱼因产卵时间的差异而无法交配, 但花鳗鲡鱼卵和仔鱼随海流漂浮和迁移, 不同年份海流的变化可能使

少数花鳗鲡的鱼卵和仔鱼的漂浮和迁移路线发生变化,混合到其他种群中,种群内鱼卵和仔鱼的迁入迁出减弱了种群间的遗传分化,产生了一定的基因交流,地理距离越远,携带不同种群花鳗鲡鱼卵和仔鱼的海流混合的机会越少,因此遗传分化与地理距离成正相关。

中国花鳗鲡养殖苗种主要来源于 Aus、Hai 和 Phi 三地,三者在水温、驯食和抗病力方面均表现出差异,如与 Hai 和 Phi 的苗种相比, Aus 的苗种可适应较低的水温,在精养池中比较容易驯食,但容易发生单鳃病等病害,而 Hai 的苗种则为三者中最难驯食的,由水丝蚓(*Limnodrilus hoffmeisteri*)转为配合饲料往往无法转换成功,究其原因可能与 3 个种群间的遗传分化有关。因此,在今后的养殖生产中必须加强花鳗鲡的基础生物学研究,对不同产地的花鳗鲡采用不同的养殖模式、驯食方式和诱食剂等,以满足各自生长的需要,达到高产稳产的目的。

参考文献:

- [1] Miller M J, Mochioka N, Otake T, et al. Evidence of a spawning area of *Anguilla marmorata* in the western North Pacific [J]. *Marine Biology*, 2002, 140: 809-814.
- [2] 陈锤. 花鳗鲡的生态学特征与开发利用[J]. *北京水产*, 2005, 1: 54.
- [3] Watanabe S, Aoyama J, Miller M J, et al. Evidence of population structure in the giant mottled eel, *Anguilla marmorata*, using total number of vertebrae [J]. *Copeia*, 2008, 3: 680-688.
- [4] Minegishi Y, Aoyama J, Tsukamoto K. Multiple population structure of the giant mottled eel, *Anguilla marmorata* [J]. *Molecular Ecology*, 2008, 7(3): 3109-3122.
- [5] Gong X L, Ren S J, Chen S Q. Highly polymorphic microsatellite loci from the giant mottled eel (*Anguilla marmorata*) [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2009, 9(6): 1544-1547.
- [6] 齐兴柱, 尹绍武, 娄甜甜, 等. 海南产花鳗鲡细胞色素 b 基因的克隆及序列分析[J]. *海南大学学报自然* 科学版, 2007, 25(4): 397-401.
- [7] 王伟继, 岳志芹, 孔杰, 等. AFLP 分子标记技术的发展及其在海洋生物中的应用[J]. *海洋水产研究*, 2005, 26 (1): 82-87.
- [8] 林斌彬, 张子平, 王艺磊, 等. AFLP 技术发展及其在水产生物学研究中的应用[J]. *集美大学学报(自然科学版)*, 2008, 13(1): 45-51.
- [9] 张辛, 许璞, 许广平, 等. 中国东海日本鳗鲡种群遗传结构的 AFLP 分析[J]. *水生态学杂志*, 2010, 3(1): 82-86.
- [10] 张丽艳, 苏永全, 丁少雄, 等. 福建近海蓝圆鲹种群遗传多样性的 AFLP 分析[J]. *水产学报*, 2010, 34(5): 680-687.
- [11] 彭志兰, 柳敏海, 傅荣兵, 等. 舟山鳊鱼群体遗传多样性的 AFLP 研究[J]. *上海水产大学学报*, 2010, 19(2): 172-177.
- [12] 邵艳卿, 陆荣茂, 董迎辉. 三种鲶的遗传多样性分析 [J]. *海洋科学*, 2009, 33(10): 26-30.
- [13] Sambrook J, Russell D. 分子克隆实验指南(第三版)[M]//北京: 科学出版社, 2002: 463-471.
- [14] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting [J]. *Nucleic Acids Research*, 1995, 23: 4407-4414.
- [15] Wang Z Y, Tsoi K H, Chu K H. Applications of AFLP technology in genetic and phylogenetic analysis of penaeid shrimp [J]. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2004, 32(4): 399-407.
- [16] Yeh F C, Yang R C, Boyle T. POPGEN(version 1. 3. 1). Microsoft Windows-based Freeware for Population Genetic Analysis [M]//Edmonton: University of Alberta, 1999: 1-28.
- [17] Wright S. The genetical structure of population [J]. *Ann Eugen-ics*, 1951, 15: 323-334.
- [18] 曲若竹, 侯林, 吕红丽, 等. 种群遗传结构中的基因流[J]. *遗传*, 2004, 26(3): 377-382.

AFLP analysis of three *Anguilla marmorata* geographic populations

ZHU You-fang¹, LIN Feng-qin², WANG Yi-lei², XIE Fang-jing²

(1. Putian Municipal Institute of Fishery Science, Putian 351100, China; 2. The Key Laboratory of Science and Technology for Aquaculture and Food Safety, Fisheries College, Jimei University, Xiamen 361021, China)

Received: Dec., 08, 2010

Key words: *Anguilla marmorata*; population; AFLP; genetic variation

Abstract: This study is the first of its kind to document genetic diversity of giant mottled eel (*Anguilla marmorata*) among three geographic populations of Australia, Hainan Island, and Philippines. This study was performed on 60 young eels by using AFLP molecular marker technique. A total of 180 AFLP loci, of which 160 loci were polymorphic, were detected by four primer combinations. The percentage of polymorphic loci from Australia, Hainan Island, and Philippines was 78.33%, 79.44%, and 84.44%, respectively; Shannon's diversity index was 0.4773 ± 0.2647 , 0.4844 ± 0.2702 , and 0.5146 ± 0.2433 , respectively. The G_{st} and AMOVA analysis showed that there were 89.25% and 96.07% genetic variation within the three populations, and 10.75% and 3.93% genetic variation among populations. Our results indicate that genetic differentiation has occurred and has a positive correlation with geographic distant. Meanwhile, gene flows exist among all three populations. These data will be important for the farming management of *A. marmorata*.

(本文编辑: 谭雪静)