

# 南沙群岛密斑马面鲀群体遗传多样性分析\*

高天翔<sup>1</sup> 王志杨<sup>2</sup> 宋娜<sup>3</sup> 宋林<sup>4</sup>

(1. 浙江海洋大学水产学院 舟山 316022; 2. 烟台大学海洋学院 烟台 264005; 3. 海水养殖教育部重点实验室(中国海洋大学) 青岛 266003; 4. 辽东学院 丹东 118001)

**摘要** 密斑马面鲀 *Thamnaconus tessellatus* 是在我国南海海域较为常见的一种马面鲀属鱼类。本研究基于线粒体 DNA 控制区序列对南沙群岛密斑马面鲀 3 个群体的遗传结构及其遗传多样性进行了分析。研究结果显示, 密斑马面鲀的控制区序列变异程度较大, 86 尾个体序列的变异位点数为 38 个, 共定义了 28 个单倍型; 3 个密斑马面鲀群体的单倍型多样度和核苷酸多样性均较高, 且相差不大; 密斑马面鲀群体间未检测到显著的群体遗传结构, 分子方差分析表明, 99.67% 的遗传差异来自于群体内, 群体间遗传差异仅为 0.33%。贝叶斯树和最大似然树均显示出密斑马面鲀单倍型间松散的分布, 未检测到显著的谱系结构。群体历史动态分析结果表明密斑马面鲀的群体经历了更新世的群体扩张事件。

**关键词** 密斑马面鲀; 南沙群岛; 控制区; 遗传多样性; 群体遗传结构

中图分类号 S931.5 doi: 10.11693/hyhz20180300061

马面鲀属 *Thamnaconus* 隶属于鲀形目 Tetraodontiformes、单角鲀科 Monacanthidae (苏锦祥等, 2002), 俗称面包鱼、剥皮鱼, 广泛分布于印度-西太平洋热带至暖温带海域。马面鲀属区别于同科其他属的主要形态学特征为腹鳍退化为 1 鳍棘, 腹鳍鳍棘不能活动, 第一背鳍具 2 鳍棘(苏锦祥等, 2002; 陈大刚等, 2015)。马面鲀属鱼类在西北太平洋的报道过的种类有 5 种, 分别是绿鳍马面鲀 *T. modestus*、黄鳍马面鲀 *T. hypargyreus*、密斑马面鲀 *T. tessellatus*、马面鲀 *T. septentrionalis*、拟马面鲀 *T. modestoides*(苏锦祥等, 2002; 陈大刚等, 2015)。其中黄鳍马面鲀和绿鳍马面鲀均为我国近海常见的重要的经济鱼类, 而密斑马面鲀 *Thamnaconus tessellatus* (Günther, 1880) 较为少见, 主要分布于西太平洋热带海域, 在我国主要分布在南海海域。密斑马面鲀区别于黄鳍马面鲀和绿鳍马面鲀的典型特征为体侧密布大量黑褐色暗色斑点、尾鳍深色无黑色边缘(苏锦祥等, 2002; 陈大刚等, 2015)。目前, 对马面鲀属鱼类的研究主要包括种的

鉴定和种间系统发育关系(Wu *et al.*, 2008; 邵星晨, 2015)及重要经济种绿鳍马面鲀(郑元甲, 1997; 陈丕茂, 2000; An *et al.*, 2013)、黄鳍马面鲀(钱世勤, 1998; 郑元甲, 2001; 李玉芳, 2014; Wang *et al.*, 2016)的相关研究, 而对密斑马面鲀的研究极少, 仅限于渔业群落生态学中的物种报道。

线粒体 DNA 控制区因其具有较高的种内多态性成为研究群体水平遗传多样性的理想标记(Cann *et al.*, 1984; Liu *et al.*, 2007)。结合 Avise 总结的物种谱系地理结构的五种格局(Avise, 2000), 我们发现西北太平洋海洋鱼类存在 3 种系统地理格局(高天翔等, 2009)。近年来, 中国海鱼类的 3 种谱系地理格局已得到越来越多的验证(韩志强, 2008; Ni *et al.*, 2014)。同属近缘种有相似的生活习性, 分布区重叠或邻近, 对同海域近缘种的谱系地理格局进行比较研究, 可充分阐明海洋环境的变迁和种的生活习性对各自谱系地理格局的影响(Ahti *et al.*, 2016)。到目前为止, 绿鳍马面鲀和黄鳍马面鲀的分子系统地理学研究已有相关报道

\* “全球变化与海气相互作用”专项, GASI-02-SCS-YSWaut/spr(南海); 国家自然科学基金项目, 41776171 号。高天翔, 教授, 博导, E-mail: gaotianxiang0611@163.com

通信作者: 宋娜, 副教授, E-mail: songna624@163.com

收稿日期: 2018-03-23, 收修改稿日期: 2018-07-21

(An *et al.*, 2013; Wang *et al.*, 2016), 而密斑马面鲀的研究尚属空白。本研究基于线粒体 DNA 控制区第一高变区片段序列对采自南海海域的密斑马面鲀群体进行了分析, 旨在揭示其遗传多样性和遗传结构现状, 推测谱系历史动态, 阐明密斑马面鲀现有谱系地理格局形成及维持机制, 以期为其资源的保护和开发提供基础资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

本研究于 2013—2015 年在南海生物多样性调查中共采集密斑马面鲀 3 个群体, 共 86 个个体(图 1, 表 1)。经形态鉴定后, 将样品冷冻保存至中国海洋大学渔业生态学实验室, 并取背部肌肉于 95% 的酒精中保存。

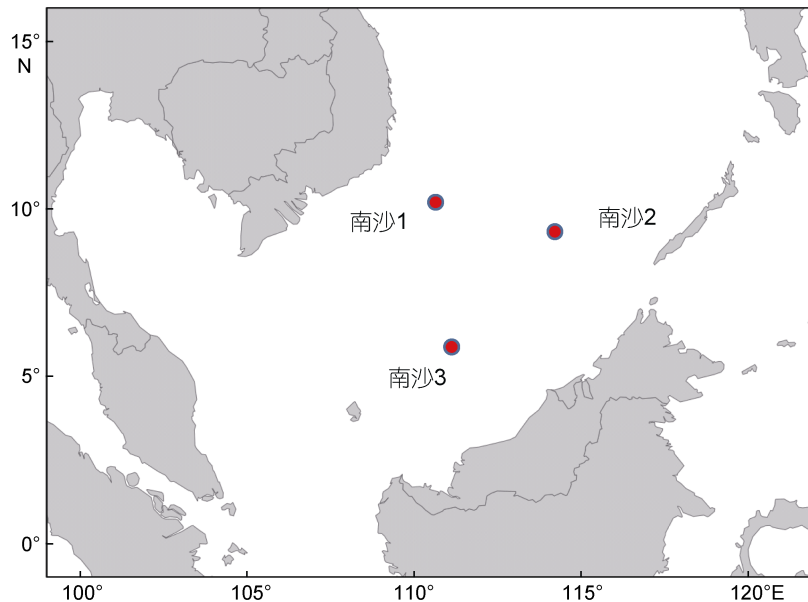


图 1 密斑马面鲀样品采集地点

Fig.1 The sampling sites of *T. tessellatus* in this study

### 1.2 DNA 提取

采用传统酚-氯仿方法提取密斑马面鲀基因组 DNA, 用超纯水将乙醇沉淀后的 DNA 溶解,  $-20^{\circ}\text{C}$  保存备用。

### 1.3 PCR 扩增与产物测序

本研究中采用引物 DL-S(5'-CCCACCACTA-ACTCCCAAAGC')和 DL-R(5'-CTGGAAAGAACGC-CCGGCATG-3')对密斑马面鲀的线粒体 DNA(mtDNA) 控制区的高变区(Hypervariable region I; HVRI)进行扩增。纯化、回收后的 PCR 产物送上海桑尼生物科技有限公司采用 ABIPrism 3700 自动测序仪进行双向测定。

### 1.4 数据分析

测序结果使用 DNASTAR 软件进行编辑、比对, 去除引物序列, 对变异位点逐一核对, 截去 5'端 tRNA 序列 28bp, 得到 423bp 的线粒体控制区 5'端片段。所有样本对应的序列经 Mega 7.0 (Kumar *et al.*, 2016)软件中的 MUSCLE 算法初步比对后, 进行人工

校对。在 DnaSP 软件中统计简约信息位点、多态位点等的数量并定义单倍型, 根据单倍型所含个体归属群体的情况, 将所有单倍型分为群体独享单倍型和共享单倍型, 统计群体独享单倍型数, 共享单倍型依次按所含个体数、个体归属的群体数、群体自北向南的位置、实验样本号的次序编号整理。通过 jModelTest (Posada, 2008)软件基于相关标准筛选出核苷酸最适模型, 利用 Arlequin ver 3.5 软件 (Excoffier *et al.*, 2010)计算了序列多样性指数包括单倍型多样性、核苷酸多样性、两两配对核苷酸差异平均值、转换位点数、颠换位点数等。

通过 Arlequin 软件计算两两群体间的  $\Phi_{ST}$  值、两两群体间的净两两核苷酸差异平均值(以下简称“净核苷酸差异均值”)及群体内两两核苷酸差异平均值(以下简称“群体内核苷酸差异均值”), 对  $P$  值进行 Bonferroni 校正, 并进行分子方差分析(AMOVA), 均置换检验 10000 次。由于本研究中密斑马面鲀群体间地理距离较近, 为检测群体间是否可进行随机交配

产生基因流, 采用 Arlequin 软件中确切  $P$  检验 (Raymond *et al.*, 1995) 对密斑马面鲀的群体进行检测。

通过 Arlequin 3.5 软件计算核苷酸不配对分布 (mismatch distribution), 分别模拟群体数量 (demographic / sudden expansion) 和空间扩张 (range / spatial expansion)。运用 BEAST 1.8 软件 (Drummond *et al.*, 2007) 中贝叶斯天际线 (Bayesian skyline plot; BSP) 检测群体历史群体大小变动。

## 2 结果

本研究中 86 尾密斑马面鲀的线粒体控制区序列的变异位点数为 38 个 (表 1), 占序列总长的 8.98%, 其中, 简约信息位点 29 个, 插入缺失位点 2 个, 转换位点 33 个, 颠换位点 4 个。密斑马面鲀的控制区序列的变异程度较大, 检测到了大量的简约信息位点和部分个体独享位点 (9 个), 插入缺失位点少, 转换颠换比较大, 多重置换发生较少, 适用于分子系统地

理学研究。

密斑马面鲀序列对应着 28 个单倍型 (表 2), 其中, 群体共享单倍型为 13 个, 群体独享单倍型为 15 个。群体共享单倍型共包含 68 尾密斑马面鲀的序列, 占总样本数的 79.07%, 单倍型 SH1 包含的个体序列数最多, 为 19 条, 包含的个体涉及每个群体, 且在群体内的数量所占比例也较均衡, 分别为 24.00%、17.14%、26.92%, 其次是单倍型 SH2, 包含的个体序列数为 16 条, 主要分布于南沙 2 号和 1 号群体内, 其它共享单倍型包含的个体序列数都 5 条。除南沙 3 号群体的两个群体独享单倍型分别包含 3 条、2 条个体序列外, 其余群体独享单倍型均仅包含 1 个个体的序列。在 3 个密斑马面鲀群体中, 单倍型多样度和核苷酸多样性相差不大, 总体的单倍型多样性为  $0.91 \pm 0.02$ , 核苷酸多样性为  $0.0117 \pm 0.0064$ , 单倍型多样度和核苷酸多样性均较高。群体内变异位点数为 24—30 个, 总体的变异位点数为 38 个。

表 1 密斑马面鲀采样信息及多样性指数  
Tab.1 Sample specification and the diversity index of *T. tessellatus*

群体简称	采样地点	位置	采样时间 (年.月)	样品数量	单倍型数	独享单倍型数	变异位点	单倍型多样性 ( $h$ )	核苷酸多样性 ( $\pi$ )
NS1	南沙 1	110°40', 10°11'	2013.04	25	13	3	24	0.89±0.04	0.0102±0.0058
NS2	南沙 2	114°12', 9°18'	2013.04	35	16	4	27	0.91±0.03	0.0116±0.0064
NS3	南沙 3	111°11', 5°54'	2015.03	26	16	8	30	0.92±0.04	0.0132±0.0072
共计				86	28	15	38	0.91±0.02	0.0117±0.0064

表 2 密斑马面鲀共享单倍型在群体内的个体分布  
Tab.2 Distribution of shared haplotypes in each population of *T. tessellatus*

共享单倍型	个体数	NS1	NS2	NS3
SH1	19	6	6	7
SH2	16	6	8	2
SH3	5	3	1	1
SH4	4	1	3	
SH5	4		3	1
SH6	4		3	1
SH7	3	1	2	
SH8	3	1	1	1
SH9	2	1	1	
SH10	2	1	1	
SH11	2	1	1	
SH12	2	1		1
SH13	2		1	1
共计	68	22	31	15

表 3 密斑马面鲀群体间净核苷酸差异均值、群体内核苷酸差异均值及  $\Phi_{ST}$  值

Tab.3 Corrected average pairwise differences and $\Phi_{ST}$ values between <i>T. tessellatus</i> populations and the average number of pairwise difference on the diagonal within <i>T. tessellatus</i> populations			
	NS1	NS2	NS3
NS1	4.3046	-0.0454	0.0012
NS2	-0.0106	4.8973	0.0874
NS3	0.0001	0.0173	5.4834

注: 净核苷酸差异均值 (右上)、群体内核苷酸差异均值 (左上至右下的对角线上) 及  $\Phi_{ST}$  值 (左下)

贝叶斯聚类分析 (图 2) 建议将所有单倍型分为 2 个类群, 此时边缘似然对数值最大, 为 -332.8933, 但自大而小第 2—5 位的边缘似然对数值及类群数分别为 -342.0236 和 3 个类群、-355.6126 和 4 个类群、-370.1723 和 5 个类群、-371.3459 和 5 个类群, 均差

异较小,需根据单倍型网络图、贝叶斯树和最大似然树再慎重考虑分组情况。

单倍型网络图(图 3)呈明显的星状分布,主体中央单倍型为 SH2,仅单倍型 SH5、NS1\_3 与其他相邻单倍型间的差异大于 5bp,其余各相邻单倍型间的核苷酸差异 3bp,未检测到与分布显著相关的谱系结构。

贝叶斯树和最大似然树均显示出单倍型间松散

的分布,形成了大量多歧分支,尤以贝叶斯树为甚(图 4)。密斑马面鲈的单倍型在贝叶斯树和最大似然树上仅能形成后验概率和支持率均较高的 1—4 个单倍型组成的分支,未检测到显著的谱系结构。根据单倍型网络图、贝叶斯树和最大似然树结果,在密斑马面鲈种内未检测到显著的谱系结构,3 个群体为 1 个谱系,单倍型分支松散,种内可能发生过群体扩张事件,单倍型 SH2 可能是主要的祖先单倍型。

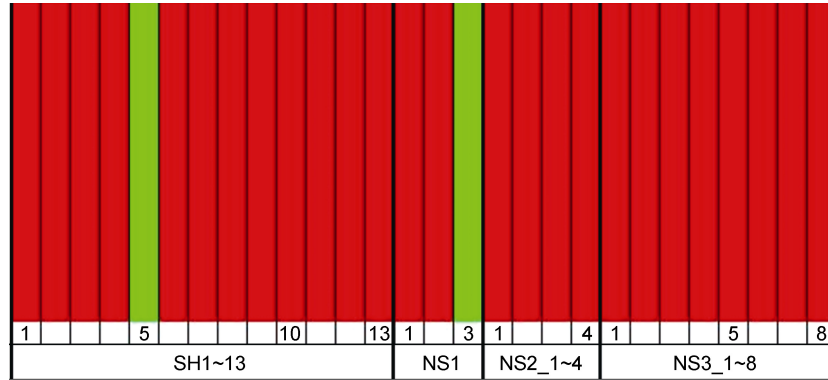


图 2 密斑马面鲈单倍型的贝叶斯种群镶嵌图

Fig.2 The Bayesian clustering analysis of *T. tessellatus* haplotypes

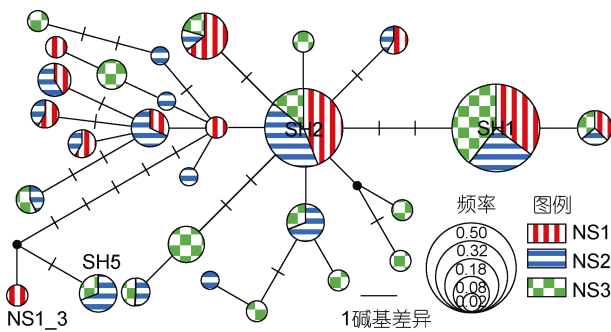


图 3 密斑马面鲈单倍型网络图

Fig.3 The haplotype median-joining network of *T. tessellatus*

南沙的密斑马面鲈谱系的 Tajima 检验  $D$  值和符氏检验值均为负值,分别为 $-1.2272$ 和 $-10.5571$ ,且符氏检验的  $P$  值为  $0.0010$ ,为极显著,故谱系序列的进化拒绝中性假说,谱系可发生过群体扩张等事件。密斑马面鲈的核苷酸不配对分布(图 5)接近单峰型,Harpending 偏离指数为  $0.0169$  且不显著,尚未显著偏离单峰分布。空间扩张模型与观测值的拟合程度更佳,空间扩张模型的方差总和( $0.0025$ )显著小于种群扩张模型的方差总和( $0.0049$ ),且统计检验均未显著偏离模型。空间扩张模型估算的  $\tau$  值为

$3.56$ ,按控制区  $3\%$ — $10\%$ 每百万年的分歧速率推算出密斑马面鲈谱系扩张的时间约为  $28.19$  万年前至  $8.46$  万年前。

贝叶斯天际线分析(图 6)表明密斑马面鲈谱系自约( $150$ — $500$ )万年前有效群体大小显著增长,在约( $120$ — $400$ )万年前增速显著减缓并趋于稳定(采用控制区  $3\%$ — $10\%$ 每百万年的分歧速率)。

### 3 讨论

物种的遗传多样性是长期进化的产物,是其生存、发展和进化的前提(Laikre *et al*, 2005)。本研究中密斑马面鲈序列的单倍型多样度和核苷酸多样性均处于较高水平,表明南沙群岛的密斑马面鲈具有较高的遗传多样性暗示密斑马面鲈可能具有大而稳定的有效群体大小。这一结果也与已报道的绿鳍马面鲈(An *et al*, 2013)和黄鳍马面鲈(Wang *et al*, 2016)相似,三种马面鲈属鱼类皆具有较高的遗传变异性,这也暗示其可能具有较高的进化潜力,对环境改变响应的进化能力也较强。另外,密斑马面鲈作为一种尚未重点开发的经济种类,经受渔业捕捞压力小,群体的遗传多样性高,因此可考虑适度开发利用其资源。

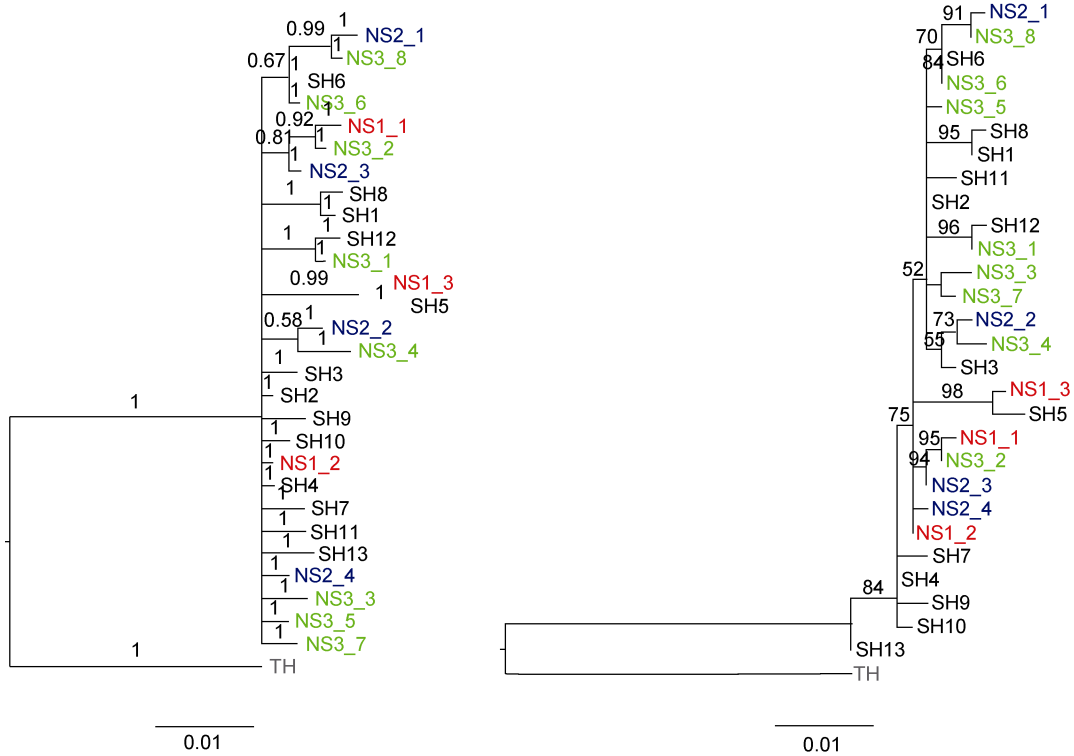


图 4 密斑马面鲷单倍型贝叶斯树(左)和最大似然树(右)

Fig.4 The Bayesian inference tree (left) and maximum likelihood tree (right) of *T. tessellatus*

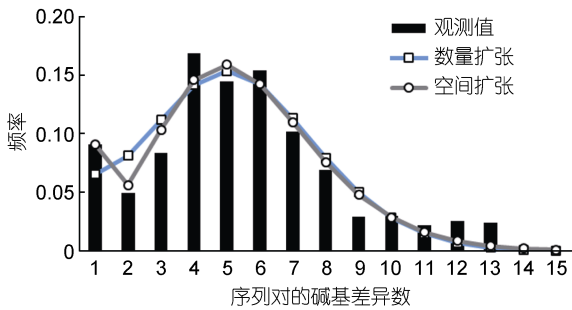


图 5 密斑马面鲷核苷酸不配对分布

Fig.5 The mismatch distribution analysis of *T. tessellatus*

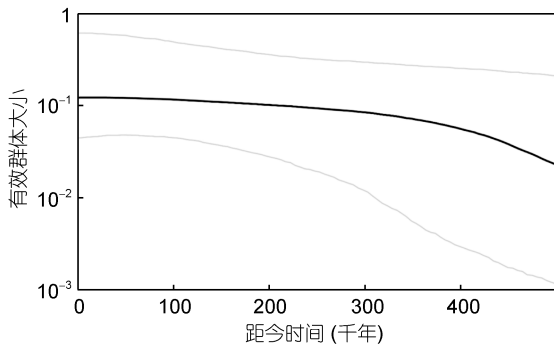


图 6 密斑马面鲷贝叶斯天际线分析

Fig.6 The Bayesian skyline analysis of *T. tessellatus*

更新世冰期剧烈的气候变化对很多物种的分布范围造成了巨大的影响(Avise, 2000; Liu *et al*, 2007)。本研究中密斑马面鲷的群体历史动态分析说明其经历了更新世冰期后有效群体数量增大的历史事件,更新世冰期海平面下降、温度骤降和黑潮势弱等因素可能导致密斑马面鲷的栖息地面积骤减,甚至在冰盛期南海南部陆架已露出海面(Wang, 1999),现今南海南部的密斑马面鲷显然是冰期后扩张重殖的群体。冰期海水温度的降低使密斑马面鲷的栖息环境更局限于赤道附近海域,但尚不能推测出密斑马面鲷群体避难所的具体位置,后续的研究须采集密斑马面鲷分布范围内的连续多个群体并基于多标记手段对其谱系地理结构进行更详尽的分析。

密斑马面鲷群体间未检测到显著的遗传结构,整体的分子方差分析结果表明群体内的遗传差异显著大于群体间,确切 *P* 检验的结果也暗示 3 个群体间可产生随机的基因流。本研究中的 3 个群体为 1 个可随机交配的种群,可能主要由南海南部开阔的海域环境、复杂的环流系统(Liu, 2013)和马面鲷属鱼类较强的活动能力(苏锦祥等, 2002; 陈大刚等, 2015)等因素造成。目前对密斑马面鲷的生物学研究比较缺乏,

但系统发育分析的结果表明黄鳍马面鲀与密斑马面鲀亲缘关系较近,在西北太平洋海域的重叠可能北至东海东部、南至赤道海域,同域性极强(李玉芳, 2014),因此密斑马面鲀呈现出与黄鳍马面鲀相似的系统地理格局(Wang *et al*, 2016)。同属的绿鳍马面鲀为暖温性鱼类,虽然不同地理群体间也不存在显著的遗传结构,但系统发育上具有较大分化,与密斑马面鲀和黄鳍马面鲀呈现不同的系统地理格局。更新世冰期过后,密斑马面鲀的避难群体发生栖息地扩张和有效群体大小的增长,且不同群体间存在显著的基因流,是其未形成显著的谱系结构的主要原因。许多高扩散性的鱼类如竹荚鱼 *Trachurus japonicus* (Song *et al*, 2014)等也存在相同的谱系地理结构,更新世冰期的海洋环境特征、冰期后东海和南海环境的演变和生活史特征在不同种谱系地理格局的形成中扮演了重要的作用。

#### 4 结论

本研究基于线粒体 DNA 控制区第一高变区序列对南沙群岛的 3 个密斑马面鲀群体进行了遗传学分析,研究结果提示南沙群岛的密斑马面鲀群在遗传管理上应作为一个管理单元进行管理。较高的遗传多样性水平提示我们可考虑适度开发利用其资源。

#### 参 考 文 献

- 苏锦祥,李春生,2002. 中国动物志 硬骨鱼纲 鲀形目 海蛾鱼目 喉盘鱼目 鲀目. 北京: 科学出版社
- 李玉芳,2014. 南海黄鳍马面鲀(*Thamnaconus hypargyreus*)种群分析. 上海: 上海海洋大学硕士学位论文
- 陈大刚,张美昭,2015. 中国海洋鱼类. 青岛: 中国海洋大学出版社
- 陈丕茂,詹秉义,2000. 绿鳍马面鲀年龄生长与合理利用. 中国水产科学, 7(1): 35—40
- 郑元甲,1997. 东海区马面鲀资源变动及其原因的初步研究. 中国水产科学, 4(4): 18—24
- 郑元甲,李圣法,宓崇道等,2001. 东海与南海的黄鳍马面鲀种群研究. 中国水产科学, 8(1): 46—52
- 邵星晨,2015. 基于线粒体 COI 序列的中国沿海鲀形目鱼类 DNA 条形码研究. 广州: 暨南大学硕士学位论文
- 钱世勤,1998. 东海黄鳍马面鲀生物学特性和资源利用状况. 中国水产科学, 5(3): 25—29
- 高天翔,任桂静,刘进贤等,2009. 海洋鱼类分子系统地理学研究进展. 中国海洋大学学报, 39(5): 897—902
- 韩志强,2008. 三种海洋鱼类分子系统地理学研究. 青岛: 中国海洋大学博士学位论文
- Ahti P A, Coleman R R, DiBattista J D *et al*, 2016. Phylogeography of Indo-Pacific reef fishes: sister wrasses *Coris gaimard* and *C. cuvieri* in the Red Sea, Indian Ocean and Pacific Ocean. *Journal of Biogeography*, 43(6): 1103—1115
- An H, Lee J, Park J *et al*, 2013. Genetic structure of the Korean black scraper *Thamnaconus modestus* inferred from microsatellite marker analysis. *Molecular Biology Reports*, 40(5): 3445—3456
- Avice J C, 2000. *Phylogeography: the History and Formation of Species*. Harvard: Harvard University Press
- Cann R L, Brown W M, Wilson A C, 1984. Polymorphic sites and the mechanism of evolution in human mitochondrial DNA. *Genetics*, 106(3): 479—499
- Drummond A J, Rambaut A, 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology*, 7(1): 214
- Excoffier L, Lischer H E L, 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3): 564—567
- Kumar S, Stecher G, Tamura K, 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870—1874
- Laikre L, Palm S, Ryman N, 2005. Genetic population structure of fishes: implications for coastal zone management. *Ambio*, 34(2): 111—119
- Liu J X, Gao T X, Wu S F *et al*, 2007. Pleistocene isolation in the Northwestern Pacific marginal seas and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845). *Molecular Ecology*, 16(2): 275—288
- Liu J Y, 2013. Status of marine biodiversity of the China Seas. *PLoS One*, 8(1): e50719
- Ni G, Li Q, Kong L F *et al*, 2014. Comparative phylogeography in marginal seas of the northwestern Pacific. *Molecular Ecology*, 23(3): 534—548
- Posada D, 2008. jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7): 1253—1256
- Raymond M, Rousset F, 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution*, 49(6): 1280—1283
- Song N, Jia N, Yanagimoto T *et al*, 2013. Genetic differentiation of *Trachurus japonicus* from the Northwestern Pacific based on the mitochondrial DNA control region. *Mitochondrial DNA*, 24(6): 705—712
- Wang P X, 1999. Response of Western Pacific marginal seas to glacial cycles: paleoceanographic and sedimentological features. *Marine Geology*, 156(1—4): 5—39
- Wang Z Y, Zhang Y, Zhao L L *et al*, 2016. Shallow mitochondrial phylogeographical pattern and high levels of genetic connectivity of *Thamnaconus hypargyreus* in the South China Sea and the East China Sea. *Biochemical Systematics and Ecology*, 67: 110—118
- Wu Y J, Hsieh C H, Chen H M *et al*, 2008. Identification of six common species of processed filefish using cytochrome *b* gene sequence and PCR-RFLP analysis. *The Raffles Bulletin of Zoology*, 19: 151—158

## STUDIES ON POPULATION GENETIC DIVERSITY OF *THAMNACONUS TESSELLATUS* FROM NANSHA ISLANDS OF SOUTH CHINA SEA

GAO Tian-Xiang<sup>1</sup>, WANG Zhi-Yang<sup>2</sup>, SONG Na<sup>3</sup>, SONG Lin<sup>4</sup>

(1. Fishery College, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China; 2. Ocean College, Yantai University, Yantai 264005, China; 3. Key Laboratory of Mariculture (Ocean University of China), Ministry of Education, Qingdao 266003, China; 4. Eastern Liaoning University, Dandong 118001, China)

**Abstract** *Thamnaconus tessellatus* is a common marine fish distributed in the South China Sea. To determine the genetic diversity of *T. tessellatus*, a control region segment of mitochondrial DNA was sequenced for three populations collected from the Nansha Islands. Thirty-eight polymorphic sites were detected among 86 individuals, showing a high genetic variation. These polymorphic sites defined 28 haplotypes. The three populations showed a similar high haplotype diversity and nucleotide diversity. No significant population genetic differentiation was detected among the three populations. The results show that the proportion of genetic variation was 99.67% within-populations and only 0.33% among-populations. The topology of the Bayesian inference tree and maximum likelihood tree were shallow, showing no significant genealogical branches or clusters corresponding to the sampling localities. Both mismatch distribution analysis and neutrality tests showed that *T. tessellatus* has experienced a recent population expansion.

**Key words** *Thamnaconus tessellatus*; Nansha Islands; control region; genetic diversity; population genetic structure