

# 大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 岱衢洋 选育群体和官井洋养殖群体的 遗传差异分析\*

丁诗华 黄丽英 张海琪<sup>1)</sup> 徐晓林

(西南大学水产与水文学院水产生物技术实验室 重庆 400716)

(浙江省水产技术推广总站 杭州 310012 西南大学水产与水文学院

水产生物技术实验室 重庆 400716)

(浙江省水产技术推广总站 杭州 310012)

**提要** 应用 RAPD 技术对大黄鱼岱衢洋选育群体和官井洋养殖群体的遗传差异进行研究, 选取 15 条 10bp 随机引物, 共检测出 96 个 RAPD 位点。结果表明, 岱衢洋选育群体的多态位点比例为 33.33%, 平均杂合度为 0.3008, Shannon 多样性信息指数为 0.0879, 群体内个体间平均遗传相似系数为 0.9079, 平均遗传距离为 0.0921; 官井洋养殖群体的多态位点比例为 43.75%, 平均杂合度为 0.3298, Shannon 信息指数为 0.1221, 群体内个体间平均遗传相似系数为 0.8784, 平均遗传距离为 0.1216。大部分遗传变异 (93.52%) 存在于群体内, 少部分遗传变异 (6.48%) 存在于群体间。两群体间的 Nei 氏标准遗传距离为 0.0123。以上分析表明, 大黄鱼官井洋养殖群体的遗传多样性水平高于岱衢洋选育群体, 但两个群体都处于较低的遗传多样性水平, 需要对大黄鱼的种质资源进行科学管理和保护, 以避免遗传多样性下降。

**关键词** 大黄鱼, 遗传多样性, RAPD 分析, 遗传保护

**中图分类号** S917

大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 属于鲈形目 (Perciformes)、石首鱼科 (Sciaenidae)、黄鱼属 (*Pseudosciaena*), 是我国特有的重要海水鱼类, 主要产于福建 (官井洋)、浙江 (岱衢洋) 海域, 曾为我国四大海洋经济鱼类之一。由于对大黄鱼种质资源保护的重视不足, 其资源一直处于过度开发利用状态, 尤其是 20 世纪 60 年代实施敲快作业以来, 大黄鱼资源受到严重破坏, 70 年代末以后不能形成渔汛, 80 年代初资源已严重枯竭 (林新濯, 1991)。为拯救大黄鱼这一濒临灭绝的物种, 1985 年闽东水产研究所率先突破官井洋大黄鱼的人工育苗难关, 其后浙江省亦在岱衢洋大黄鱼人工育苗方面获得成功, 这些研究为大黄鱼的

人工养殖提供了基础和机遇, 促进了大黄鱼产业化、规模化生产。但在大黄鱼的人工养殖过程中, 多代近交繁殖已造成严重的种质退化, 许多经济性状出现衰退, 如病害频发、性成熟提早、成鱼个体小型化、品质下降等, 因而岱衢洋大黄鱼亟待进行品种选育和遗传改良。目前, 浙江省水产技术推广总站等单位已对浙江省的岱衢洋大黄鱼进行选育。分析大黄鱼的遗传背景, 评估其遗传多样性现状并采取措施防止遗传多样性流失, 对于大黄鱼的品种选育和遗传改良、遗传多样性保护及可持续利用等都具有重要的理论和应用价值。自 1990 年以来, 随机扩增多态性 DNA (RAPD) 技术广泛用于遗传多样性分析及生

\* 全国水产技术推广总站资助项目, 2002—2005 浙江省大黄鱼良种繁育技术示范与推广专项, 2002—2005 浙江省分析测试基金项目 (No. 04020)。丁诗华, 博士, 副教授, 硕士生导师, E-mail: shhdng@yahoo.com.cn

1) 通讯作者, 张海琪, E-mail: nbzhq@163.com

收稿日期: 2005-01-15; 收修改稿日期: 2005-09-27

物进化研究,该技术采用随机引物扩增寻找多态性 DNA 片段作为分子标记,具有快速、简便等特点(蒙子宁等, 2003 申雪艳等, 2004)。本研究利用这一技术对岱衢洋选育群体和官井洋养殖群体的遗传差异进行研究,为大黄鱼种质资源评估、种质鉴定、遗传改良以及种质资源管理提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 个体均于 2004 年 12 月采自宁波象山港养殖场。岱衢洋大黄鱼个体为原代野生亲本经选优后的  $F_2$  代,即:按生长快、活力强、个体大、体色金黄的标准从 300 尾野生岱衢洋大黄鱼中选出 56 尾优良野生亲鱼 ( $F_0$ ) 进行人工繁殖,所获  $F_1$  鱼经 4 次选优共培育出 98 尾人工亲鱼 ( $F_1$ )。随机选择  $F_1$  亲鱼所产的后代  $F_2$ ,共 20 尾,平均规格为全长 30.8 cm、体重 355 g。官井洋大黄鱼个体为象山港养殖场按常规育苗方法获得的后代,共 20 尾,平均规格为全长 32.6 cm,体重 385 g。所有活体用充氧塑料袋运回实验室,经形态学测量后,取肌肉置于 1.5 ml 离心管中,编号后直接放入超低温冰箱于  $-70^\circ\text{C}$  保存至分析。

### 1.2 RAPD 分析方法

**1.2.1 总 DNA 提取** 约 0.1 g 肌肉组织样品经匀浆后,悬浮于 500  $\mu\text{l}$  细胞裂解液 (10 mmol/L Tris-HCl, 1 mmol/L EDTA, 50 mmol/L NaCl, 35 mmol/L SDS, pH 8.0),按蛋白酶 K 酚 氯仿抽提法 (Sambrook *et al.*, 1989) 制备总 DNA。

**1.2.2 DNA 检测** 以 1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测所提 DNA 的完整性。采用紫外光谱法测定样品 DNA 浓度,最后将 DNA 原液稀释至 25 ng/ $\mu\text{l}$  于  $-20^\circ\text{C}$  保存备用。

**1.2.3 RAPD 扩增** 从 40 条人工合成的随机引物中筛选出 15 条能稳定扩增出清晰条带的引物,并利用筛选引物进行两个群体的 RAPD 分析。RAPD 反应按李明云等 (2004) 的方法并略做优化。RAPD 反应总体积为 25  $\mu\text{l}$  含 2.5  $\mu\text{l}$  10  $\times$  PCR 反应缓冲液、25 ng 基因组 DNA、2.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>、0.1 mmol/L dNTPs、1  $\mu\text{mol/L}$  引物、1U Taq DNA 聚合酶,用灭菌双蒸水补足体积。扩增程序为 94 $^\circ\text{C}$  预变性 3 min, 94 $^\circ\text{C}$  变性 45 s, 36 $^\circ\text{C}$  复性 45 s, 72 $^\circ\text{C}$  延伸 90 s, 45 个循环,最后在 72 $^\circ\text{C}$  继续延伸 7 min。RAPD 反应结束后于 4 $^\circ\text{C}$  保存。扩增产物在 1.5% 琼脂糖凝胶上进行电泳分离,电压为

3—4V/cm, 时间约 3 h。电泳结束后用 Quantity EQ 型生物凝胶成像仪进行凝胶观察、照像。

### 1.3 数据分析

只记录琼脂糖凝胶电泳图谱中稳定清晰的 DNA 扩增带,每一条带均代表一个引物结合位点即一个 RAPD 位点。RAPD 位点数按电泳图谱中同一位置上条带的有无分别统计为 1 和 0。根据 RAPD 扩增结果,计算各群体遗传变异参数。

多态位点比例  $P = \text{多态位点数} / \text{总位点数}$ 。群体内的位点平均杂合度  $H_o = \sum (1 - \sum x_i^2) / N$  (李红蕾等, 2002); Shannon 遗传多样性信息指数  $H_o = - \sum x_i \ln x_i$  (Wichita *et al.*, 1995)。其中,  $x_i$  为第  $i$  位点在群体中出现的频率,  $N$  为此群体检测到的位点总数。

用  $H_o$  来分析和计算群体内的平均遗传多态度 ( $H_{pop}$ ) 和总遗传多态度 ( $H_{sp}$ )。  $H_{pop} = \sum H_o / n$ ,  $H_{sp} = - \sum (X \ln X) / n$ ,  $n$  为群体数,  $X$  为  $n$  个群体的综合表型频率。分别以  $H_{pop}$ 、 $H_{sp}$  和  $(H_{sp} - H_{pop}) / H_{sp}$  评估群体内和群体间的遗传变异比例 (张国范等, 2002)。

个体间的遗传相似系数 ( $S$ ) 和遗传距离 ( $D$ ) 根据下列公式计算 (Nei *et al.*, 1979):  $S = X_{ab} / (X_a + X_b)$ ,  $D = 1 - S$ 。其中,  $X_a$  和  $X_b$  分别为个体 a 和个体 b 的位点总数,  $X_{ab}$  为两个个体的共享位点数。

群体间的标准遗传距离根据 Nei (1972) 的方法计算:  $D_s = - \ln I = J_{xy} / (J_x \times J_y)^{1/2}$ , 其中  $J_x$ 、 $J_y$  和  $J_{xy}$  分别是所有位点上  $j_x$ 、 $j_y$  和  $j_{xy}$  的算术平均值, 且  $j_x = \sum X_i$ ,  $j_y = \sum Y_i$ ,  $j_{xy} = \sum X_i Y_i$ ,  $X_i$ 、 $Y_i$  分别是 X 和 Y 群体中第  $i$  个等位基因的频率。

## 2 结果

### 2.1 RAPD 扩增结果

随机选取两个大黄鱼群体 DNA 样品各 5 份,利用 40 条随机引物进行预扩增检测,发现其中 25 条随机引物的扩增效果不理想,其余 15 条引物则能获得稳定、清晰、重复性好的扩增带,可用于进一步的分析。利用这 15 条筛选引物对两群体共 40 份 DNA 样品进行 RAPD 分析,产生的扩增带片段长度在 250—2000 bp 之间,共 96 条扩增带,代表 96 个可分析的 RAPD 位点 (表 1),每条引物扩增出的平均条带数为 6.4。其中,岱衢洋大黄鱼群体的多态位点为 32 个,多态位点比例为 33.33%;官井洋大黄鱼群体的多态位点为 42 个,多态位点比例为 43.75%。由此可见,岱衢洋和官井洋大黄鱼群体的多态性存在一定的差异。

表 1 两个大黄鱼群体的 RAPD 引物及扩增条带数

Tab 1 Sequences of random primers and the number of the resulting bands in RAPD analysis of two *P. crocea* populations

引物编号	序列 (5'-3')	扩增条带数	岱衢洋群体条带数	官井洋群体条带数
S11	GTAGACCCGT	11	5-8	5-9
S36	AGCCAGCGAA	6	6	6
S47	TTGGCACGGG	3	3	3
S109	TGTAGCTGGG	8	4-5	3-6
S120	GGGAGACATC	7	4-6	5-6
S121	ACGGATCCTG	7	6-7	5-7
S122	GAGGATCCCT	6	4-6	4-6
S125	CCGAATTCCC	6	2-4	2-5
S128	GGGATATCGG	4	2-3	2-4
S132	ACGGTACCAG	3	2-3	2-3
S133	GGCTGCAGAA	9	2-7	3-7
S136	GGAGTACTGG	5	3-4	3-5
S140	GGTCTAGAGG	10	8-9	7-9
S290	CAAACTGGG	4	2-4	2-3
S405	GGGAACGTGT	7	7	7
总数		96	70-78	65-78

## 2.2 大黄鱼群体的遗传多样性

根据所检测到的表型频率计算各群体的平均杂合度 ( $H_e$ ) 和 Shannon 多样性信息指数 ( $H_o$ ), 用于评估群体水平上的遗传多样性。分析显示, 岱衢洋和官井洋大黄鱼群体的平均杂合度分别为 0.3008 和 0.3298 (表 2)。岱衢洋大黄鱼群体的 Shannon 多样性指数在 0.0598—

0.1325 之间, 平均值为 0.0879; 官井洋大黄鱼群体的 Shannon 多样性指数则在 0.0593—0.1782 之间, 平均值为 0.1221; 两群体的  $H_e$  值经  $t$  检验显示具有差异显著性 ( $P = 0.0066$ )。以上结果表明, 官井洋大黄鱼群体的遗传多样性高于岱衢洋大黄鱼群体, 但两个群体的遗传多样性均处于较低水平。

表 2 两个大黄鱼群体的遗传多样性分析

Tab 2 Genetic diversity in two populations of *P. crocea*

群体	个体数	多态位点数	多态位点比例 $P$	$H_e$	$H_o$
选育群体	20	32	33.33%	0.3008	0.0879
养殖群体	20	42	43.74%	0.3298	0.1221

## 2.3 大黄鱼群体的遗传变异

利用 Shannon 多样性指数可分析群体内和群体间的遗传多样性, 从而揭示遗传变异在群体内和群体间的分布。由表 3 可知, 大黄鱼群体内的总遗传多态度 ( $H_{sp}$ ) 为 0.1120, 群体内的平均遗传多态度 ( $H_{pop}$ ) 为 0.1050。遗传多样性在群体内的

分布比率 ( $H_{pop}/H_{sp}$ ) 约为 0.94, 在群体间的分布比率 ( $H_{sp}-H_{pop}/H_{sp}$ ) 约为 0.06。由此可见, 两个大黄鱼群体的绝大部分 (约 94%) 遗传变异来自群体内, 只有极少部分 (约 6%) 遗传变异发生在群体间。此外, 实验结果还显示利用引物 S132 和 S36 可分别检测到群体内和群体间的最大遗传变异。

表 3 大黄鱼遗传多样性在群体内和群体间的分布

Tab 3 Partitioning of the genetic diversity within and between the two *P. crocea* populations for 15 random primers estimated by Shannon's Index

引物	选育群体 $H_s$	养殖群体 $H_s$	$H_{pop}$	$H_{sp}$	$H_{pop} H_{sp}$	$(H_{sp} - H_{pop}) H_{sp}$
S11	0.1042	0.1693	0.1368	0.1514	0.9036	0.0964
S36	0.0750	0.0593	0.0671	0.0782	0.8581	0.1419
S47	0.1074	0.1153	0.1114	0.1253	0.8891	0.1109
S109	0.0909	0.1241	0.1075	0.1168	0.9204	0.0796
S120	0.0672	0.1295	0.0984	0.1021	0.9638	0.0362
S121	0.0912	0.1361	0.1137	0.1282	0.8869	0.1131
S122	0.0724	0.0725	0.0725	0.0821	0.8830	0.1170
S125	0.1082	0.1333	0.1208	0.1295	0.9328	0.0672
S128	0.1325	0.1770	0.1548	0.1583	0.9779	0.0221
S132	0.1281	0.1782	0.1532	0.1468	1.0436	-0.0436
S133	0.0634	0.1162	0.0900	0.0912	0.9868	0.0132
S136	0.0598	0.0618	0.0608	0.0702	0.8661	0.1339
S140	0.0806	0.1118	0.0962	0.0946	1.0169	-0.0169
S290	0.0725	0.1534	0.1130	0.1267	0.8919	0.1081
S405	0.0645	0.0937	0.0791	0.0786	1.0064	-0.0064
平均值	0.0879	0.1221	0.1050	0.1120	0.9352	0.0648

## 2.4 遗传相似性和遗传距离

根据 RAPD 分析中获得的扩增带,按 Nei 等 (1979)方法进行计算,获得了大黄鱼群体的遗传相似性和遗传距离。岱衢洋大黄鱼群体内的遗传相似系数在 0.8652—0.9437 之间,平均为 0.9079,遗传距离平均为 0.0921;官井洋大黄鱼养殖群体内遗传相似系数在 0.8392—0.9252 之间,平均为 0.8784,遗传距离平均为 0.1216。相

比之下,官井洋大黄鱼群体内个体间的遗传距离较远,表明该群体有较高遗传多样性,这与上述分析结果完全一致。两群体间的 Nei 氏标准遗传距离 ( $D_s$ )较小,仅为 0.0123,进一步证实两个大黄鱼群体之间的遗传分化处于较低的水平。

## 2.5 特异性标记的筛选

从图 1 可以发现,在所有的扩增片段中,没有仅出现于某一群体的特异性 RAPD 分子标记。

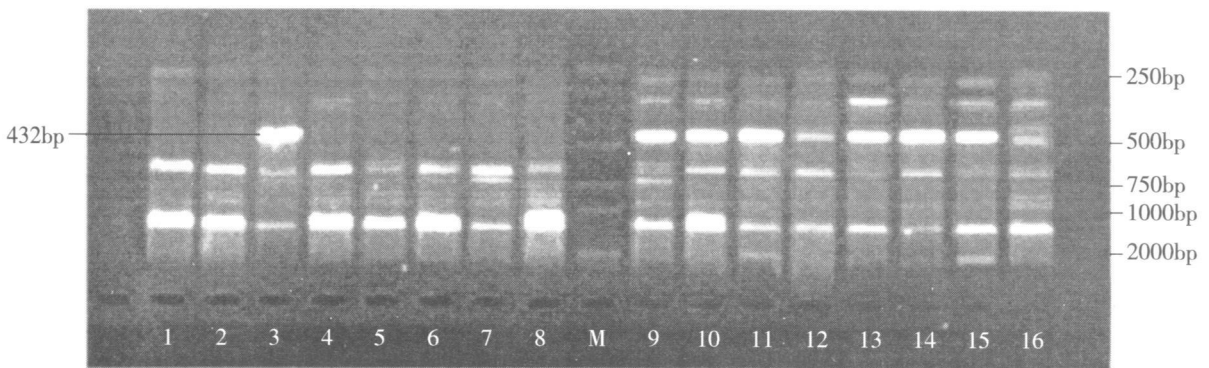


图 1 引物 S11 对大黄鱼两群体的扩增结果

Fig. 1 RAPD patterns from the two *P. crocea* populations using random primer S11  
1—8 为岱衢洋大黄鱼选育群体的 8 个个体; 9—16 为官井洋大黄鱼养殖群体的 8 个个体;  
M 为 Marker 2000 分子量标记

其中, 引物 S11 扩增出的一条 432bp 片段在两群体内的分布频率存在特别显著的差异。在来自岱衢洋大黄鱼选育群体的 20 个个体中, 只有 2 个个体出现 432bp 扩增带, 出现频率为 10%; 而官井洋大黄鱼养殖群体的 20 个个体则全部出现此扩增带, 出现频率 100%。虽然这一片段具有相对的特异性, 但不能作为准确鉴别这两个大黄鱼群体的分子标记。

### 3 讨论

RAPD 技术广泛用于基因组 DNA 的多态性分析, 扩增产物片段的多态性反映了基因组相应区域的 DNA 多态性, 大量的引物在理论上可以覆盖全部基因组, 从而获得足以用于分析的 RAPD 分子标记。由于 RAPD 标记由一条随机核苷酸引物扩增获得, 因此扩增过程比较敏感, 可能存在重复性问题。影响重复性的主要因素为基因组的大小、模板 DNA 长度和含量。在本实验中, 大黄鱼的基因组远远高于 1.5Mb 的临界值, 且模板 DNA 均在 100—150kb 之间, 又采用了最适模板含量 1ng/μl 故实验结果具有较高的 RAPD 标记重复性。利用 RAPD 技术可寻找用于种质鉴定的特异性分子标记。通常, 种属之间遗传分化程度越高, 就越容易获得区分种属的特异性分子标记, 而要获得区分同一物种不同种群的特异性分子标记则相对困难。本研究利用随机引物对岱衢洋和官井洋大黄鱼群体的 DNA 样品进行 PCR 扩增, 未发现仅存在于某一群体的特异性 RAPD 标记。

对岱衢洋选育群体和官井洋养殖群体的遗传多样性进行 RAPD 分析表明, 无论从多态位点比例、平均杂合度、Shannon 多样性信息指数, 还是从群体内个体间的遗传距离来看, 官井洋大黄鱼养殖群体都保持了相对较高的遗传多样性, 而岱衢洋大黄鱼选育群体的遗传多样性则处于较低水平。但总体而言, 本研究中检测的岱衢洋大黄鱼选育群体和官井洋大黄鱼养殖群体在遗传多样性方面并不丰富, 这与有效亲本数量不够, 定向选择增强, 导致种质资源衰退可能有一定的关系。应尽快采取管理保护措施, 有效避免近亲杂交、遗传漂变和瓶颈效应, 从而保持乃至提高大黄鱼现有的遗传多样性水平。

在大黄鱼人工育苗过程中, 若选择体质健壮的大黄鱼作为亲本进行苗种繁育, 则其子代的生长速度快, 不易患病, 死亡率低; 未经亲本选择而

获得的子代生长较缓慢, 在养殖过程中易患病, 尤其是在寒流经过之后, 死亡率特别高。可见, 科学地开展大黄鱼的人工繁育是十分必要的, 这在其他动物已得到证实, 如饲养于北美的斯氏瞪羚 (*Gazella spekei*)。在饲养当初, 其亲本仅为一雄三雌 4 个个体, 在常规饲养中产生了严重的近交衰退, 但在执行了以遗传管理为指导的繁育计划之后, 斯氏瞪羚无论在数量上还是在体质上均有很大提高 (Kalinowski *et al.* 2000)。Basiao 等 (1984) 的研究也表明, 日本 1963 年引进的尼罗罗非鱼经过二十多年的养殖后仍能保持较高的遗传变异水平, 科学而严格的遗传管理起了重要作用。虽然目前岱衢洋大黄鱼选育群体遗传多样性水平低, 但只要今后加强遗传管理, 尽快设立岱衢洋大黄鱼原种场和保护区, 坚持不断地收集野生岱衢洋大黄鱼作为亲鱼, 选择遗传变异高的个体进行人工繁殖, 扩大遗传变异度, 降低近交系数, 仍然有可能保持乃至提高人工繁育岱衢洋大黄鱼的遗传变异水平。

### 参 考 文 献

- 申雪艳, 宫庆礼, 雷霖霖等, 2004 进口大菱鲆 (*Scophthalmus maximus* L.) 苗种的遗传结构分析. 海洋与湖沼, 35(4): 332—341
- 李红蕾, 宋林生, 刘保忠等, 2002 栉孔扇贝不同种群的遗传结构及其杂种优势. 海洋与湖沼, 33(2): 188—195
- 李明月, 张海琪, 朱俊杰等, 2004 罗氏沼虾浙江养殖群体与缅甸自然群体遗传差异的 RAPD 分析. 水产学报, 28(4): 360—364
- 张国范, 王继红, 赵洪恩等, 2002 皱纹盘鲍中国群体和日本群体自交与杂交  $F_1$  的 RAPD 标记. 海洋与湖沼, 33(5): 484—491
- 林新濯, 1991 我国海洋渔业现状. 见: 王所安. 动物学专题. 北京: 北京大学出版社, 119—123
- 蒙子宁, 庄志猛, 金显仕等, 2003 黄海和东海小黄鱼遗传多样性的 RAPD 分析. 生物多样性, 11(3): 197—203
- Basiao ZU, Taniguchi N, 1984 An investigation of enzyme and other protein polymorphisms in Japanese stocks of the tilapia *Oreochromis niloticus* and *Tilapia zilli*. *Aquaculture*, 38: 335—345
- Kalinowski S T, Hedrick P W, Miller P S, 2000 Inbreeding depression in the speke's gazelle captive breeding program. *Conservation Biology*, 15(5): 1375—1384
- Nei M, 1972 Genetic distance between populations. *Ameri-*

- can Naturalist 106: 283—292
- Nei M, Li W H, 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc Natl Acad Sci USA, 76(10): 5269—5273
- Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T, 1989. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, 2: 60—280
- Wichita F N, Waugh R, Hackett C A *et al.*, 1995. Detection of genetic diversity in tea (*Camellia sinensis*) using RAPD markers. Genome 38: 201—210

## ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY IN BREEDING AND CULTIVATED POPULATIONS OF *PSEUDOSCIAENA CROCEA*

DING ShiHua, HUANG LiYing, ZHANG HaiQi, XU XiaoLin  
 (Lab of Aquatic Bioengineering, College of Aquaculture and Hydrology,  
 Southwest University, Chongqing, 400716)  
 (Zhejiang Fisheries Technical Extension Center, Hangzhou, 310012; Lab of Aquatic Bioengineering,  
 College of Aquaculture and Hydrology, Southwest University, Chongqing, 400716)  
 (Zhejiang Fisheries Technical Extension Center, Hangzhou, 310012)

**Abstract** Large yellow croaker *Pseudosciaena crocea*, a commercially important marine fish, distributes mainly in nearshore and offshore areas of Zhejiang and Fujian Provinces in southeastern China. In past two decades, the fish resources were under serious threat due to over-fishing and marine pollution. The production of wild fish of the species has decreased dramatically since the 1980s whereas the fish farming developed quickly by successful artificial mass production. The seeds for aquaculture were from the strains in two localities of Fujian and Zhejiang. This study is to clarify the population genetic structures of the strains and to assess the genetic differences between the strains for genetic potential and better management of breeding resource in future. The random amplified polymorphic DNA (RAPD) technique was applied to study the genetic diversity in the breeding population and cultivated population of *P. crocea* respectively. All of the RAPD markers were generated from 20 index samples each in the two populations. Fifteen of forty random decamer primers, which produced clear and polymorphic band patterns, were selected to detect the RAPD bands. Total 96 RAPD bands, each representing a RAPD locus, were obtained in experiment. Among them, 32 RAPD loci (accounting for 1/3) were polymorphic in the breeding population, while 42% or 43.75% were found in the cultivated population. The average heterozygosity and Shannon's Information Index were 0.3008 and 0.0879 in the breeding population and 0.3298 and 0.1221 in the cultivated population, respectively, indicating very low-level genetic variations in the two populations. It was found that 93.52% of the genetic variation existed within the populations in contrast to only 6.48% between the populations. The average genetic similarity (*S*) and genetic distance (*D*) calculated by Nei and Li's (1979) statistic method were 0.9079 and 0.0921, and 0.8784 and 0.1216, respectively in the two populations, suggesting a small genetic variation in both populations. The low inter-population genetic differentiation was further revealed by Nei's (1972) standard genetic distance (*D<sub>s</sub>*) at 0.0123 between the two populations. The population genetics parameters indicated that although the breeding population displayed a greater genetic diversity than the cultivated one, the genetic diversity within or between the two populations was very low. Appropriate measurements must be taken to protect the germplasm of *P. crocea* from the reduction in genetic diversity.

**Key words** *Pseudosciaena crocea*, Genetic diversity, RAPD analysis, Genetic conservation