

中国对虾养殖群体与野生群体线粒体控制区序列的比较

张辉¹, 高天翔^{1*}, 庄志猛², 金显仕²

(1. 中国海洋大学教育部海水养殖重点实验室, 山东 青岛 266003;

2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东 青岛 266071)

摘要: 比较分析了中国对虾养殖群体与野生群体 mtDNA 控制区序列。研究结果显示, 在长度为 563 bp 的 mtDNA 控制区片段中, 中国对虾养殖群体与野生群体序列间存在一定程度的遗传差异。野生群体的基因多样性为 0.967 2, 略高于养殖群体(0.938 0), 两群体间未检测到共享单倍型; 野生群体 mtDNA 控制区核苷酸多样性为 0.010 6, 养殖群体核苷酸多样性为 0.009 4, 略低于野生群体的核苷酸多样性。基于 K-2P 模型计算得到中国对虾两群体间的平均遗传距离为 0.010 8, 野生群体个体间平均遗传距离为 0.010 7, 养殖群体个体间平均遗传距离为 0.009 5; 单倍型最小跨度树和 NJ 系统树均未检测到显著的谱系结构。确切 P 检验显示两群体间没有随机交配现象($P = 0.000 9$)。两群体间的 F_{ST} 值为 0.069 8($P = 0.00$), 表明两群体间存在显著的遗传分化。

关键词: 中国对虾; 线粒体控制区; 遗传多样性; 养殖群体; 野生群体

中图分类号: Q 178.1; S 917

文献标识码: A

中国对虾 (*Fenneropenaeus chinensis*) 隶属于十足目 (Decapoda)、对虾总科 (Penaeoidea)、对虾科 (Penaeidae)、明对虾属, 主要分布于亚热带海域的边缘区以及我国的黄渤海, 属温水性种^[1]。中国对虾具有较高的经济价值, 是中国和朝鲜半岛重要的水产品之一^[2]。近年来, 由于受到过度捕捞、环境污染等影响, 其资源量急剧下降。随着 1992 年流行性中国对虾疾病的暴发, 中国对虾出现了育苗成活率、养殖成活率降低和苗种规格变小的现象^[3]。因此, 研究对虾的种质资源情况及其遗传多样性现状, 对于保护这一重要的经济虾类具有极其重要的作用。

线粒体 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 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分子标记^[4]。迄今, 运用线粒体 DNA 对中国对虾进行遗传多样性的研究主要为

16S rRNA 和 CO I 基因^[5-6]。Sbisà 等^[7]认为线粒体控制区缺乏编码选择压力, 比其他线粒体基因的进化速率更快, 更适用于研究种群遗传结构。国内外学者利用 mtDNA 控制区序列作为分子标记, 对许多海洋生物种群遗传结构展开了广泛的研究^[8-10], 但在中国对虾的遗传多样性研究中应用极少, 目前仅有 Cui 等^[11]运用线粒体控制区限制性片段长度多态性 (restriction fragment length polymorphism, RFLP) 以及 14 个个体的控制区全序列, 研究了黄海和渤海中国对虾野生群体的遗传结构。迄今, 尚未见 mtDNA 控制区序列在中国对虾养殖群体研究中的报道。

本研究采用 mtDNA 控制区为分子标记, 对中国对虾养殖群体的遗传多样性进行分析, 并与 GenBank 中注册号为 DQ825391 ~ DQ825404 的中国对虾野生群体序列进行了比较研究, 以期为中国对虾种质资源的保护及其遗传多样性研究提供基础资料和科学依据。

收稿日期: 2010-01-17

修回日期: 2010-05-27

资助项目: 国家“八六三”高技术研究发展计划(2009AA09Z401); 国家海洋局公益性科研专项(200905019)

通讯作者: 高天翔, E-mail: gaozhang@ouc.edu.cn

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究所用中国对虾养殖群体 21 个样本,于 2009 年 9 月采自威海市乳山第一对虾养殖场(亲虾为乳山近海海捕的中国对虾)。野生群体来自渤海及黄海水域,且不同地点的野生个体之间没有明显的遗传分化^[11],所用序列从 GenBank 中下载(GenBank 登录号为 DQ825391 ~ DQ825404)。本研究选用同属的墨吉对虾(*Fenneropenaeus merguensis*)作为外群,样品于 2009 年 8 月采自长江口九段沙。所有样品采集后取背部肌肉,于 95% 酒精中固定保存。

1.2 DNA 提取及序列扩增

将肌肉组织用蛋白酶 K 消化后,按照标准的酚-氯仿抽提法进行总 DNA 的提取。序列扩增引物为 12S-5' AAGAACCAGCTAGGATAAAA-CTTT-3' 和 PCR-1R5'-GATCAAAGAACATTC-TTAACTAC-3'^[12]。反应体系为 25 μ L 包括 1.25 U *Taq* DNA 聚合酶(大连宝生物工程有限公司);各种反应组分的终浓度为 200 nmol/L 的正反向引物;200 μ mol/L 的每种 dNTP,10 mmol/L Tris pH 8.3,50 mmol/L KCl 和 1.5 mmol/L $MgCl_2$ (大连宝生物工程有限公司)。基因组 DNA 约为 20 ng。每组 PCR 均设阴性对照用来检测是否存在污染。PCR 参数包括 94 $^{\circ}C$ 预变性 3 min,94 $^{\circ}C$ 变性 40 s,45 $^{\circ}C$ 退火 40 s,72 $^{\circ}C$ 延伸 30 s,循环 35 次,72 $^{\circ}C$ 延伸 3 min。所有 PCR 均在 Eppendorf 热循环仪(德国艾本德股份公司)上完成。扩增产物经纯化后送上海桑尼生物科技有限公司直接测序,为了保证序列的准确性,所有序列均进行双向测序。

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^[13]计算序列的碱基组成、多态性、序列间的转换颠换比率以及群体间的遗传距离[运用 Kimura 双参数(K-2P)模型计算]。分子系统树的构建在 MEGA 4.0 中完成,采用邻接法(NJ)(K-2P 模型)构建。运用 Network 软件构建中国对虾野生群体与养殖群体的单倍型最小跨度树。采用 ARLEQUIN(Ver. 3.0)^[14]软件进行确切 *P* 检验,并计算两两群体间的 F_{ST} 值检验两群体之间的遗传分化程度。单倍型间遗传距离采用 K-2P 核苷酸进化模型计算。

2 结果

2.1 序列多态性

经扩增测序,得到了中国对虾养殖群体 21 个样本以及墨吉对虾 4 个样本的控制区序列(GenBank 登录号分别为 HM358480 - HM358500;HM358476 - HM358479),其序列长度分别为 563 bp 和 571 bp,据此截取 GenBank 登录号为 DQ825391 ~ DQ825404 的 14 条中国对虾野生群体 mtDNA 控制区全序列中的同源片段序列用于比较分析。

从表 1 可以看出,中国对虾与墨吉对虾在线粒体控制区序列上存在较大差异。中国对虾序列长度为 563 bp,墨吉对虾序列长度为 571 bp。墨吉对虾基因多样性(1.00)大于中国对虾(0.973 4),具有更高的种内多态性。墨吉对虾核苷酸多样性(0.032 7)大于中国对虾(0.010 2);序列转换颠换比率墨吉对虾(8.00)大于中国对虾(3.55)。两种对虾 A + T 含量均高于 G + C,但中国对虾的 G + C 含量更低。

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

	中国对虾 <i>F. chinensis</i>	墨吉对虾 <i>F. merguensis</i>	中国对虾养殖群体 cultured population of <i>F. chinensis</i>	中国对虾野生群体 wild population of <i>F. chinensis</i>
个体数/序列长度(bp) number/sequence length	35/563	4/571	21/563	14/563
多态位点数 polymorphic sites	50	36	32	27
插入/缺失 indels	2	0	2	1
简约信息位点数 parsimony informative sites	17	4	12	8
转换颠换比 ratio of transitions/transversions	3.55	8.00	4.00	3.50
单倍型数目 haplotype number	26	4	14	12
基因多样性 gene diversity	0.973 4	1.000 0	0.938 0	0.967 2
核苷酸多样性 nucleotide diversity	0.010 2	0.032 7	0.009 4	0.010 6
A + T 含量(%) content of A + T	82.5	82.0	82.7	82.2
C + G 含量(%) content of C + G	17.6	18.6	17.4	17.8

在长度为 563 bp 的线粒体控制区序列中,中国对虾养殖群体与野生群体序列存在一定程度的差异。野生群体 14 个个体的序列共定义了 12 个单倍型,基因多样性为 0.967 2,共检测到 27 个多态位点,1 处插入/缺失,8 个简约信息位点,转换 21 个,颠换 6 个,转换颠换比率为 3.5;养殖群体 21 条序列定义了 14 个单倍型,基因多样性为 0.938 0,共检测到 32 个多态位点,2 处插入/缺失,12 个简约信息位点,转换 24 个,颠换 6 个,转换颠换比率为 4.0。两群体没有共享单倍型,单

倍型最小跨度树显示两群体没有形成明显的谱系结构(图 1)。野生群体序列核苷酸多样性为 0.010 6,养殖群体核苷酸多样性为 0.009 4。野生群体与养殖群体碱基含量基本相同,没有明显差异。

运用 K-2P 模型计算得到,野生群体与养殖群体的平均遗传距离为 0.010 8,其中野生群体内个体间平均遗传距离为 0.010 7,养殖群体内个体间平均遗传距离为 0.009 5。

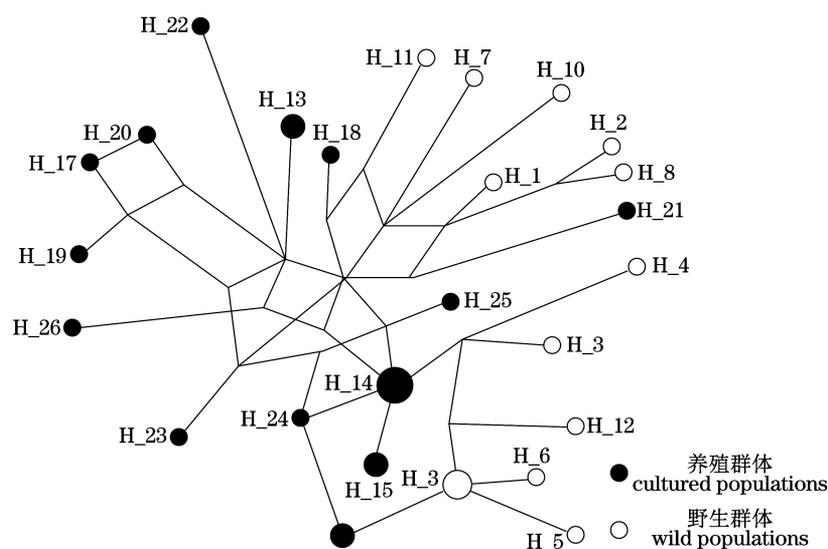


图 1 基于中国对虾养殖群体与野生群体控制区序列单倍型最小跨度树
H 表示单倍型。

Fig. 1 MST based on the haplotypes of cultured and wild populations of *F. chinensis*
H indicated the haplotype.

2.2 遗传结构

运用确切 P 检验检测养殖群体与野生群体中个体的随机分布情况,以揭示两群体是否存在随机交配。在 0.05 置信水平下, P 值为 0.000 9,该结果表明两群体之间没有随机交配现象,两群体间存在较大的遗传分化。两群体的 F_{ST} 值为 0.069 8 ($P = 0.00$),该结果表明两群体间存在较大的遗传分化,形成了显著的群体遗传结构。

2.3 系统发育关系

研究基于中国对虾养殖群体与野生群体线粒体控制区序列,以墨吉对虾为外群,运用 K-2P 模型构建了两群体的 NJ 系统发育树(图 2)。

从 NJ 系统树可以看出,中国对虾养殖群体与野生群体各单倍型混杂在一起,两群体之间没

有形成显著的谱系结构。中国对虾两群体均与墨吉对虾亲缘关系较远。

3 讨论

遗传多样性是生物多样性的重要组成部分,是生命进化和物种分化的重要基础。通常,一个物种的遗传多样性水平越高,其对环境的适应能力也就越强^[15]。遗传多样性的降低可导致物种适应能力降低、有害隐性基因表达增加以及经济性状衰退等现象的发生,并最终导致物种退化。不科学的人工繁育会降低养殖群体遗传多样性水平,这通常是由于有效亲本数量不够、定向选择增强等原因导致。因此,探讨养殖群体遗传多样性的变化情况、不同群体之间的遗传结构并比较群体遗传变异水平,可以为选育优良品种提供依据。

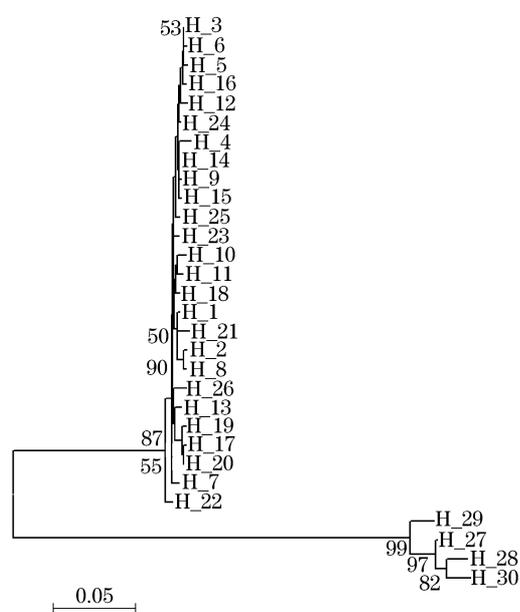


图2 基于中国对虾线粒体控制区序列单倍型构建的 NJ 系统树

H₁ ~ H₁₂ 为中国对虾野生群体; H₁₃ ~ H₂₆ 为中国对虾养殖群体; H₂₇ ~ H₃₀ 为墨吉对虾。

Fig. 2 Neighbor-joining tree of *F. chinensis* resulted from haplotypes of mtDNA control region

H₁ - H₁₂ indicated wild population of *F. chinensis*; H₁₃ - H₂₆ indicated cultured population of *F. chinensis*; H₂₇ - H₃₀ indicated *F. merguensis*.

研究表明,中国对虾养殖群体与野生群体控制区序列的碱基组成基本相同,与其他物种线粒体控制区序列碱基组成研究相似,如三疣梭子蟹 (*Portunus trituberculatus*)^[9]、斑节对虾 (*Penaeus monodon*)^[10]、墨吉对虾等。养殖群体和野生群体的基因多样性水平都比较高,养殖群体的基因多样性虽略低于野生群体基因多样性,但两者没有明显的差异 ($P > 0.05$)。核苷酸多样性是衡量线粒体 DNA 遗传多样性的重要指标。本研究计算了两个群体的核苷酸多样性,结果显示,养殖群体核苷酸多样性 (0.009 4) 略低于野生群体的核苷酸多样性 (0.010 6),均维持在较低水平。从以上结果可以看出,中国对虾养殖群体与野生群体遗传多样性相似,没有显著差异,可能是因为所用样本为海捕中国对虾子一代,在人工繁育过程中没有对遗传多样性产生较大影响,也可能与选用了遗传多样性较高的亲本有关。研究表明,人工繁育和养殖对于不同物种遗传多样性的影响不同。罗氏沼虾 (*Macrobrachium rosenbergii*)^[16]、日本

对虾 (*Penaeus japonicus*)^[17] 和秀丽白虾 (*Exopalaemon modestus*)^[18] 等,受养殖影响较大导致其遗传多样性下降; 鲮 (*Cirrhina molitorell*)^[19]、斜带髯鲷 (*Haplochromis nitens*)^[20] 等则因为养殖群体亲本的繁殖基数大,具有一定的群体稳定性以及养殖与野生群体之间存在基因交流等原因,养殖群体的遗传多样性并没有显著降低。因此,为了防止连续多代养殖对中国对虾遗传多样性的影响,在进行中国对虾人工繁育时,选择尽可能多的亲本或遗传多样性较高的亲本进行繁殖,对于中国对虾的种质资源保护具有重要意义。

关于中国对虾群体的遗传多样性的研究报道较多,但运用不同方法得到的结果有所差异。运用同工酶、RAPD、AFLP 等方法的研究,表明中国对虾的遗传多样性维持在较低水平^[21-27]。如利用同工酶得到的中国对虾平均观测杂合度 (H_o) 在 0.01 ~ 0.03^[21]; RAPD 结果显示, H_o 最高值仅为 0.24^[22-26]; AFLP 结果显示野生与养殖群体的遗传多态位点比例均低于 50%^[27]。而运用微卫星研究结果表明中国对虾的遗传多样性水平较高。孟宪红等^[28]、刘萍等^[29-30] 运用微卫星技术研究发现,中国对虾各等位基因位点杂合度均较高 ($H_o > 0.6$),具有较高的遗传多样性。本研究结果支持中国对虾遗传多样性水平较低的结论,虽然养殖群体和野生群体的基因多样性水平较高,但是核苷酸多样性处在较低水平,这种现象表明中国对虾可能是由一个较小的有效种群迅速增长的,虽然通过变异积累了较高的基因多样性,但却还未能积累形成较高的核苷酸多样性^[31]。

Cui 等^[11] 利用线粒体控制区研究了采自黄海、渤海 6 个地点中国对虾野生群体的遗传结构,其结果显示各野生群体间没有明显的遗传分化。本研究基于 K-2P 模型计算得到的中国对虾养殖群体与野生群体的平均遗传距离、确切 P 检验以及 F_{ST} 值均显示,两群体间存在显著的遗传分化,具有明显的遗传结构。近年中国对虾每年的放流量已达 60 亿尾左右^[32],造成养殖群体与野生群体显著分化的原因可能是由于人工放流不够科学,虽然采取野捕家养的方式,但没有充分考虑有效亲本数量并利用杂交优势进行人工繁育,使某些稀有等位基因在大规模人工繁育过程中丢失^[28]。本研究所用的中国对虾养殖群体与野生

群体存在显著的遗传分化,原因可能是由于在人工选育过程中,选用的亲虾数量不够多、只注重了特定性状的稳定遗传,而使某些稀有基因在选育过程中丢失导致的。单倍型最小跨度树显示两群体间没有共享单倍型,提示运用线粒体控制区序列区分中国对虾养殖群体与野生群体可能是有效的。由于中国对虾能做长距离洄游^[1],不同地点的个体会在越冬场形成混合种群,因此明确混合种群中中国对虾的来源,对于渔业资源的管理与保护十分重要。根据本研究结果,线粒体控制区序列可能成为中国对虾种群判定的一个有效标记,为其种群判定提供遗传学依据。但由于单倍型最小跨度树中不少单倍型之间存在 1 个或多个中间节点,暗示有较多的过渡单倍型没有被检测到,因此,要得到更为准确的研究结果,应进一步增加样品数量进行研究。

综上所述,为了维持中国对虾的遗传多样性水平,保护其种质资源,在进行人工繁殖时应当选择尽可能多的亲本或者遗传多样性相对较高的亲本。同时,运用线粒体控制区序列对于区分中国对虾的不同群体可能是有效的,这为混合种群中中国对虾样品来源的判定提供了基础依据。

参考文献:

- [1] 见时璋,陈世骧,李汝祺,等. 中国大百科全书:生物学[M]. 北京:中国大百科全书出版社,1991:293.
- [2] Cha H K, Oh C W, Hong S Y, *et al.* Reproduction and population dynamics of *Penaeus chinensis* (Decapoda: Penaeidae) on the western coast of Korea, Yellow Sea[J]. Fisheries Research, 2002, 56(1):25-36.
- [3] 邓景耀,庄志猛. 渤海对虾补充量变动原因的分析及对策研究[J]. 中国水产学科学, 2001, 7(4):125-128.
- [4] Verheyen E, Salzburger W, Meyer A, *et al.* Origin of the superflock of cichlid fishes from lake Victoria, East Africa [J]. Science, 2003, 300(5617):325-329.
- [5] Gao T X, Li J, Wang Q Y, *et al.* Sequence analysis on mitochondrial 16S rRNA gene in *Fenneropenaeus chinensis* [J]. 中国水产科学, 2003, 10(5):359-364.
- [6] Quan J X, Lu X M, Zhuang Z M, *et al.* Low genetic variation of *Penaeus chinensis* as revealed by mitochondrial CO I and 16S rRNA gene sequences [J]. Biochemical Genetics, 2001, 39(7-8):279-284.
- [7] Sbisà E, Tanzariello F, Reyes A, *et al.* Mammalian mitochondrial D-loop region structure analysis: identification of new conserved sequences and their functional and evolutionary implications [J]. Gene, 1997, 205(1-2):125-140.
- [8] Liu J X, Gao T X, Wu S F, *et al.* Pleistocene isolation in the marginal ocean basins and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845) [J]. Molecular Ecology, 2007, 16(2):275-288.
- [9] 冯冰冰,李家乐,牛东红,等. 我国四大海域三疣梭子蟹线粒体控制区基因片段序列比较分析[J]. 上海水产大学学报, 2008, 17(2):134-137.
- [10] 姜永杰,周发林,黄建华,等. 深圳海域斑节对虾野生种群线粒体控制区序列的多态性分析[J]. 南方水产, 2006, 2(1):54-57.
- [11] Cui Z X, Li C P, Jang I K, *et al.* Lack of genetic differentiation in the shrimp *Penaeus chinensis* in the northwestern Pacific [J]. Biochemical Genetics, 2007, 45(7-8):579-588.
- [12] Chu K H, Li C P, Tam Y K, *et al.* Application of mitochondrial control region in population genetic studies of the Chinese shrimp *Penaeus chinensis* [J]. Molecular Ecology Notes, 2003, 3(1):120-122.
- [13] Tamura K, Dudley J, Nei M, *et al.* MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4. 0 [J]. Molecular Biology and Evolution, 2007, 24(8):1596-1599.
- [14] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2005, 1:47-50.
- [15] 中国科学院生物多样性委员会. 生物多样性研究的原理与方法[M]. 北京:科学出版社, 1994:141-165.
- [16] 张海琪,何中央,徐晓林,等. 罗氏沼虾缅甸野生群体和浙江养殖群体的遗传多样性比较[J]. 中国水产科学, 2004, 11(6):506-512.
- [17] 庄志猛,孔杰,石拓,等. 日本对虾野生和养殖群体遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 自然科学进展, 2001, 11(3):250-255.
- [18] 张敏莹,刘焕章,徐东坡,等. RAPD 分析野生和养殖太湖秀丽白虾的遗传多样性[J]. 农业生物技术学报, 2008, 16(5):905-906.
- [19] 张丹丹,郑光明,朱新平,等. 西江野生鲮与养殖群

- 体的遗传分析[J]. 华南农业大学学报, 2009, 30(3): 81-85.
- [20] 王世锋, 杜佳莹, 苏永全, 等. 斜带髯鲷野生与养殖群体遗传结构的 ISSR 分析[J]. 海洋学报, 2007, 27(4): 105-110.
- [21] Wang W J, Kong J, Bao Z M, *et al.* Isozyme variation in four populations of *Penaeus chinensis* shrimp [J]. Biodiversity Science, 2001, 9(3): 241-246.
- [22] 石拓, 孔杰, 刘萍, 等. 中国对虾遗传多样性的 RAPD 分析 - 朝鲜半岛西海岸群体的 DNA 多态性[J]. 海洋与湖沼, 1999, 30(6): 609-615.
- [23] Zhuang Z M, Shi T, Kong J, *et al.* Genetic diversity in *Penaeus chinensis* shrimp as revealed by RAPD technique[J]. 自然科学进展, 2001, 11(6): 432-438.
- [24] Liu Z H, Kong J, Liu P, *et al.* Application of RAPD technology for identification in three different stocks of *Penaeus chinensis*[J]. Acta Oceanologica Sinica, 2003, 22(4): 629-634.
- [25] 马春艳, 孔杰, 孟宪红, 等. 中国对虾 5 个地理群体的 RAPD 分析[J]. 水产学报, 2004, 28(3): 245-249.
- [26] 孟宪红, 马春燕, 刘萍, 等. 黄、渤海中国对虾 6 个地理群体的遗传结构及其遗传分化[J]. 高技术通讯, 2004, 14(4): 97-102.
- [27] 安丽, 刘萍, 李健, 等. “黄海 1 号”中国对虾不同世代间的 AFLP 分析[J]. 中国海洋大学学报, 2008, 38(6): 921-926.
- [28] 孟宪红, 孔杰, 王清印, 等. 微卫星技术对黄、渤海海域 7 个不同地理群体中国对虾的遗传结构和遗传分化研究[J]. 海洋水产研究, 2008, 29(5): 1-10.
- [29] 刘萍, 孟宪红, 孔杰, 等. 中国对虾微卫星 DNA 多态性分析[J]. 自然科学进展, 2004, 14(2): 150-155.
- [30] 刘萍, 孟宪红, 何玉英, 等. 中国对虾 *Fenneropenaeus chinensis* 黄、渤海 3 个野生地理群体遗传多样性的微卫星 DNA 分析[J]. 海洋与湖沼, 2004, 35(3): 252-257.
- [31] Avise J C. Phylogeography: the history and formation of species [M]. Cambridge: Harvard University Press, 2000.
- [32] Wang Q Y, Zhuang Z M, Deng J Y, *et al.* Stock enhancement and translocation of the shrimp *Penaeus chinensis* in China[J]. Fisheries Research, 2006, 80(1): 67-79.

Comparative analysis of the mitochondrial control region between the cultured and wild populations of Chinese shrimp (*Fenneropenaeus chinensis*)

ZHANG Hui¹, GAO Tian-xiang^{1*}, ZHUANG Zhi-meng², JIN Xian-shi²

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

2. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China)

Abstract: In present study, genetic differentiation of the Chinese shrimp *Fenneropenaeus chinensis* between cultured (21 individuals) and wild populations (14 individuals, sequences were downloaded from the GenBank) was investigated using the sequence of mitochondrial control region (CR). Four individuals of the *F. merguensis* were chosen as the outgroup during the phylogenetic analysis in this study. Sequences were edited and aligned using DNA Star software and refined manually. Genetic diversity indices such as number of haplotypes, polymorphic sites, transitions, transversions, and indels were obtained using the program ARLEQUIN (Ver. 3.0). Haplotype diversity (h) and nucleotide diversity (π) were calculated with DNASP 4.0. The nucleotide compositions and the average distances between populations and within population were calculated with MEGA 4.0. The Network software was used to draw the minimum spanning tree based on the haplotype data. The results were as follows: the A + T content was higher than the G + C content in both the populations, but the G + C content was a little lower in the cultured population. The results indicated genetic divergence existed between the 2 populations based on the 563 bp sequences. The gene diversity of the wild population (0.967 2) was a little higher than the cultured population (0.938 0). There was no shared haplotype between the 2 populations. The ratio of transitions/transversions of the wild populations and nucleotide diversity were 3.5 and 0.010 6 respectively while they were 4.0 and 0.009 4 for the cultured population. The nucleotide diversity of the wild population was a little higher than cultured population. The K-2P distance was 0.010 8 between the 2 populations, 0.010 7 in the wild population and 0.009 5 in the cultured population. Both the NJ phylogenetic tree and the haplotype minimum spanning tree showed no significant genealogical structure. The exact test of population differentiation showed that the 2 populations were significantly different ($P = 0.000 9$). The F_{ST} value between the populations was 0.069 8 ($P = 0.00$), which indicated that the difference between 2 populations was significant. This may indicate that some alleles were lost during the aquaculture.

Key words: *Fenneropenaeus chinensis*; mitochondrial control region; genetic diversity; cultured population; wild population

Corresponding author: GAO Tian-xiang. E-mail: gaozhang@ouc.edu.cn