

## 鲍分子遗传学研究进展\*

黎中宝

(集美大学水产学院 厦门 361021)

**摘要** 阐述了近年来鲍分子遗传学方面的研究进展,总结了核型分析、等位酶、微卫星和小卫星、随机扩增多态性 DNA、限制性片断长度多态性、线粒体 DNA、表达序列标签研究和基因序列等技术在鲍种群遗传多样性、遗传分化、遗传结构及种质鉴定等方面的应用。并指出今后应加强鲍蛋白质组学、功能基因组学、遗传连锁图谱、数量性状基因座和标记辅助选择等方面研究。

**关键词** 鲍 分子遗传学 等位酶 微卫星和小卫星 基因序列

**Advances in molecular genetics of abalone** . LI Zhong-Bao(School of Fisheries, Jimei University, Xiamen 361021, China), *CJEA*, 2006, 14(1):16~20

**Abstract** The advances in molecular genetics of abalone are stated. Genetic markers in molecular genetics of abalone include karyotype analysis, allozyme, microsatellite and minisatellite, RAPD, RFLP, MtDNA, ESTs and gene sequence markers. The application of these markers has made a good progress in investigations of genetic diversity, genetic differentiation, genetic structure, species and strain identification in abalone. It will be strengthened in aspect of proteomics, function genomics, genetic linkage mapping, quantitative trait loci(QTL) and marker-assisted selection(MAS) in abalone.

**Key words** Abalone, Molecular genetics, Allozyme, Microsatellite and minisatellite, Gene sequence

(Received April 8, 2005; revised May 16, 2005)

鲍为海产“八珍”之首,属名贵海珍品,经济价值高,是极为重要的养殖对象。全世界现存鲍种约有 70 种,其中有 20 多种属重要经济种类。本研究阐述了核型分析、等位酶、微卫星和小卫星、随机扩增多态性 DNA (RAPD)、限制性片断长度多态性(RFLP)、线粒体DNA(MtDNA)、表达序列标签研究(ESTs)和基因

序列等技术在鲍分子遗传学方面的研究进展,为有效保护鲍种质资源与遗传多样性及科学遗传育种提供理论依据。

表 1 鲍属中 15 个种二倍体染色体数目

Tab.1 Diploid chromosome number of abalone

物种 Species	染色体数目(2n) No. of diploid chromosome	地理分布 Geographic occurrence	参考文献 Reference
<i>H. tuberculata</i>	28	欧洲地中海地区	[12]
<i>H. lamellose</i>	28	欧洲地中海地区	[13]
<i>H. asinina</i>	32	印度洋~太平洋地区	[14]
<i>H. ovina</i>	32	印度洋~太平洋地区	[14]
<i>H. diversicolor aquatilis</i>	32	印度洋~太平洋地区	[15]
<i>H. aquatilis</i>	34	印度洋~太平洋地区	[15]
<i>H. diversicolor</i>	32	印度洋~太平洋地区	[16]
<i>H. planate</i>	32	印度洋~太平洋地区	[16]
<i>H. varia</i>	32	印度洋~太平洋地区	[16]
<i>H. exigua</i>	32	南 日 本	[16]
<i>H. rufescens</i>	36	北太平洋地区	[17]
<i>H. cracherodii</i>	36	北太平洋地区	[18]
<i>H. disdus disdus</i>	36	北太平洋地区	[19]
<i>H. disdus hannai</i>	36	北太平洋地区	[19]
<i>H. madaka</i>	36	北太平洋地区	[20]

### 1 研究进展

染色体研究。核型分析是细胞遗传学研究的基础,在保护生物学、种质分类学和遗传育种(种间杂交育种和染色体组操作)的研究中发挥着重要作用。鲍属中 15 个种二倍体染色体数目见表 1,根据二倍体染色体数目可将鲍鱼染色体数目分为 3 类,即第一类鲍鱼染色体数目为 28(2n=28),主要分布在欧洲地中海地区;第二类鲍鱼染色体数目为 32(2n=32,除 *H. aquatilis* 二倍体染色体数目为 34),主要分布在印度洋~太平洋地区;第三类鲍鱼染色体数目为 36(2n=36,除南日本的 *H. exigua* 二

\* 国家自然科学基金项目(30231013)和福建省自然科学基金项目(B0110036)资助

收稿日期:2005-04-08 改回日期:2005-05-16

倍体染色体数目为 32), 主要分布在北太平洋地区<sup>[11]</sup>。Geiger D. 等<sup>[11]</sup> 根据染色体数目阐述了鲍属生物地理起源, 认为鲍鱼起源于欧洲地中海地区, 从欧洲地中海地区到印度洋~太平洋地区, 然后到北太平洋地区, 因为欧洲地中海地区的 *H. tuberculata* ( $2n=28$ ) 为遗迹种, 该理论即特提斯海模型。

等位酶分析。等位酶是同一基因位点不同等位基因所编码的一种酶的不同形式<sup>[21]</sup>, 等位酶概念及其酶谱分析和遗传学的计算均不同于同工酶。等位酶电泳技术是稳定、可靠的生化遗传标记之一, 具有等显表达和多态性的特点, 因而被广泛用于调查和评估水产种质资源的遗传结构、遗传多样性、种群及种间遗传鉴定、内交检测与遗传连锁图的构建中, 目前该技术已应用于鲍属 10 个种的研究中, 即 *H. rubra*<sup>[22]</sup>、*H. laevigata*<sup>[23]</sup>、*H. rufescens*<sup>[24]</sup>、*H. cracherodii*<sup>[25]</sup>、*H. roei*<sup>[26]</sup>、*H. fulgens*<sup>[27]</sup>、*H. diversicolor supertexta* (*H. diversicolor aquatilis*)<sup>[1,2,28]</sup>、*H. diversicolor*<sup>[1,2]</sup>、*H. disdushannai*<sup>[1,3]</sup> 和 *H. disdus disdus*<sup>[1,3]</sup>, 其研究内容包括鲍鱼遗传结构、遗传变异、遗传多样性、种群和种间遗传鉴定等。

微卫星研究。微卫星指以 2~6 个核苷酸为基本单位串联重复平均分布于整个基因组的 DNA 序列, 又称短串联重复 (STR)、简单重复序列 (SSRs)。如 *H. disdus disdus* 的 2 个核苷酸重复微卫星 (CA)<sub>30</sub> (Genebank 号码: AB025384)、*H. kamtschatkana* 的 3 个核苷酸重复微卫星 (ACC)<sub>10</sub> (ACT)<sub>21</sub> (ACC)<sub>14</sub> (ACT)<sub>20</sub> (Genebank 号码: AY013583)、*H. rubra* 的 4 个核苷酸重复微卫星 (CAGA)<sub>5</sub> (Genebank 号码: AF302824)。截至目前除 *H. rufescens* 已发育 21 个微卫星外, *H. rubra*、*H. kamtschatkana*、*H. disdus disdus*、*H. asinina*、*H. disdus hannai* 分别发育 22 个微卫星、12 个微卫星、5 个微卫星、11 个微卫星和 4 个微卫星 (见表 2), 表 2 表明鲍鱼各等位基因在重复数目上有很大的不同, 因此作者认为无限等位基因模式 (IAM) 是鲍鱼微卫星位点的主要突变模式。鱼类的 DNA 序列中每隔 10kb 就会发生 1 个微卫星<sup>[29]</sup>, 由于微卫星具有等显表达、呈高度多态性和平均分布于整个基因组等特点, 已被广泛应用于鲍鱼 *H. rubra*<sup>[30,31]</sup> 和 *H. kamtschatkana*<sup>[32]</sup> 种群的遗传结构, *H. rubra*、*H. midae*<sup>[33]</sup> 和 *H. discus hannai*<sup>[34]</sup> 种群的遗传变异, *H. asinina*<sup>[35]</sup> 和 *H. discus hannai*<sup>[36]</sup> 的家系分析, *H. discus hannai*<sup>[37]</sup> 孟德尔遗传规律的研究, *H. rubra* 和 *H. conicorpora* 种质资源的评估<sup>[38]</sup>。黎中宝等还研究了多元 PCR 在黑鲍微卫星遗传研究中的应用, 它不仅能够有效节省大量时间和实验成本及大大提高微卫星检测仪器使用效率, 且可提高实验效果<sup>[4]</sup>。

小卫星研究。小卫星指以 10~100 个核苷酸的核心序列串联重复形式的 DNA 序列, Huang B. X. 等<sup>[30]</sup> 首次用 2 个小卫星 (GHR, MIPR) 研究 *H. rubra* 种群遗传结构, 结果表明这 2 个小卫星位点的杂合度符合 Hardy-Weinberg 平衡, 这与 3 个微卫星位点的结果相反, 但他们都揭示了显著的 *H. rubra* 种群细分。Klinbunga S. 等<sup>[39]</sup> 用 3 个小卫星的引物 (INS, M13, YN73) 扩增 *H. varia* 群体、*H. asinina* 群体和 *H. ovina* 群体, 结果发现明确与 *H. varia* 相关的片段有 1 个 (来自引物 YN73 的 820bp), 明确与 *H. asinina* 相关的片段有 7 个 (来自引物 YN73 的 1190bp、980bp、710bp 和 500bp, 来自引物 INS 的 1450bp、1000bp 和 780bp), 明确与 *H. ovina* 相关的片段有 2 个 (来自引物 YN73 的 2100bp 和 420bp)。

随机扩增多态性 DNA 研究。Huang B. X. 等<sup>[30]</sup> 用随机扩增多态性 DNA 的方法研究 *H. rubra* 种群的遗传结构结果表明, *H. rubra* 种群间有显著的种群细分和 *H. rubra* 种群内显著的遗传变异, 多态位点百分数为 93.33%。黎中宝<sup>[5]</sup> 用 RAPD 技术研究 4 种鲍的亲缘关系结果表明, 盘鲍群体和皱纹盘鲍群体亲缘关系较近, 杂色鲍群体和九孔鲍群体亲缘关系较近。皱纹盘鲍中国群体和日本群体自交与杂交 4 个 F1 家系的多态位点百分数为 36.84%~47.37%<sup>[6]</sup>。日本盘鲍、皱纹盘鲍及正反杂交后代多态位点百分数为 43.3%<sup>[7]</sup>。1 个皱纹盘鲍人工群体的 F1 代多态位点百分数为 72.37%<sup>[8]</sup>。

限制性片段长度多态性研究。限制性片段长度多态性技术不仅用于鲍属物种的种质鉴定, 且可用于其种群遗传多样性与分化、遗传结构及分子生态学的研究。Elliott N. G. 等<sup>[40]</sup> 用线粒体 COI 和 COII 基因的限制性片段长度多态性技术将分布于南半球的 11 个鲍鱼物种区分开; 通过核细胞溶解酶基因 (1300bp) 的限制性片段长度多态性技术将南非的 2 个物种 *H. midae* 和 *H. spadicea* 区分开<sup>[41]</sup>。Conod N. 等<sup>[31]</sup> 用线粒体 DNA 的限制性片段长度多态性技术研究了澳大利亚维多利亚 (1 个群体) 和塔斯马尼亚 (4 个群体) *H. rubra* 种群间遗传结构。Klinbunga S. 等<sup>[39]</sup> 用 18S rDNA (核 DNA) 和 16S rDNA (线粒体 DNA) 的限制性片段长度多态性技术研究了泰国 *H. varia* 群体、*H. asinina* 群体和 *H. ovina* 群体的遗传多样性与分化。黎中宝等<sup>[38]</sup> 用 MtDNA-RFLP 技术对 *H. rubra* 和 *H. conicorpora* 种群遗传结构进行评估, 且认为 *H. conicorpora* 是 *H. rubra* 的亚种。

线粒体 DNA 研究。线粒体 DNA 是母系遗传, 线粒体 DNA 的进化速率比核 DNA 的进化速率快 5~10

表 2 5 种鲍鱼微卫星位点的重复序列、等位基因数目及大小范围和 Genebank 号码  
 Tab.2 Microsatellite locus, repeat sequence, no. of alleles, size range and accession no. of genebank from 5 species of abalone

物种 Species	位点 Locus	重复序列 Repeat sequence	等位基因的数目 No. of alleles	等位基因大小范围/ bp Size range of alleles	Genebank 号码 Accession no.	
<i>H. rubra</i>	<i>cmrHr1.11</i>	(AC) <sub>15</sub>	2	172 ~ 176	AF194951	
	<i>cmrHr1.14</i>	(GT) <sub>13</sub> TT(GT) <sub>2</sub> GA(GT) <sub>3</sub>	4	251 ~ 275	AF195952	
	<i>cmrHr1.24</i>	(AT) <sub>8</sub>	4	222 ~ 228	AF195953	
	<i>cmrHr1.25</i>	(CA) <sub>25</sub> (AT) <sub>6</sub> TT(AT) <sub>5</sub> (TG) <sub>3</sub>	9	291 ~ 309	AF195954	
	<i>cmrHr2.9</i>	(GT) <sub>27</sub>	13	159 ~ 233	AF195956	
	<i>cmrHr2.14</i>	(GAGT) <sub>8</sub> ... (GAGT) <sub>5</sub>	8	199 ~ 237	AF195957	
	<i>cmrHr2.26</i>	(ATTC) <sub>5</sub> T <sub>4</sub> C(ATTC) <sub>2</sub>	8	190 ~ 212	AF195958	
	<i>cmrHr2.30</i>	(GT) <sub>6</sub> ... (GT) <sub>13</sub>	16	284 ~ 328	AF195959	
	<i>cmrHr2.36</i>	(AC) <sub>21</sub>	8	83 ~ 121	AF195960	
	<i>cmrHr1.5</i>	(CAGA) <sub>5</sub>		126	AF302824	
	<i>cmrHr1.6</i>	(CA) <sub>4</sub> ... (CA) <sub>3</sub>		89	AF302825	
	<i>cmrHr1.23</i>	(AC) <sub>32</sub>		122	AF302826	
	<i>cmrHr2.3</i>	(GT) <sub>14</sub> TT(TG) <sub>3</sub>		100	AF302827	
	<i>cmrHr2.5</i>	(GT) <sub>21</sub>		283 ~ 299	AF194955	
	<i>cmrHr2.15</i>	(CA) <sub>27</sub>		288	AF194956	
	<i>cmrHr2.17</i>	(GT) <sub>38</sub>		226	AF302828	
	<i>cmrHr2.18</i>	(GAGT) <sub>3</sub>		134	AF302829	
	<i>cmrHr2.20</i>	(AC) <sub>23</sub> (GCAC) <sub>18</sub>		186	AF302830	
	<i>cmrHr2.22</i>	(CA) <sub>22</sub>		117 ~ 193	AF302831	
	<i>cmrHr2.23</i>	(AC) <sub>16</sub>		258 ~ 266	AF302832	
	<i>cmrHr2.27</i>	(GT) <sub>17</sub> (GCGT) <sub>23</sub> (GT) <sub>2</sub>		347	AF302833	
	<i>cmrHr2.29</i>	(CA) <sub>58</sub>		321	AF302834	
	<i>H. kamtschatica</i>	<i>Hka3</i>	(GTA) <sub>16</sub> (GAGT) <sub>10</sub>	51	229 ~ 314	AY013572
		<i>Hka6</i>	(TGG) <sub>4</sub> (GGC) <sub>2</sub> (GGT) <sub>2</sub> (AGG) <sub>10</sub> (AGGG) <sub>2</sub> (AGG) <sub>2</sub>	20	106 ~ 188	AY013573
		<i>Hka12</i>	(CA) <sub>40</sub> <sub>i</sub>	63	184 ~ 363	AY013574
		<i>Hka28</i>	(CA) <sub>25</sub>	30	187 ~ 24	AY013575
		<i>Hka37</i>	(TGG) <sub>3</sub> (GGT) <sub>2</sub> (GGA) <sub>2</sub> (GGGA) <sub>6</sub> <sub>i</sub>	21	243 ~ 305	AY013576
		<i>Hka40</i>	(CA) <sub>30</sub>	24	110 ~ 180	AY013577
		<i>Hka43</i>	(GACA) <sub>16</sub>	20	179 ~ 255	AY013578
<i>Hka48</i>		(CA) <sub>65</sub> <sub>i</sub>	52	120 ~ 220	AY013579	
<i>Hka56</i>		(CA) <sub>27</sub>	26	97 ~ 148	AY013580	
<i>Hka65</i>		(CA) <sub>9</sub> (CA) <sub>12</sub>	37	100 ~ 200	AY013581	
<i>Hka80</i>		(CA) <sub>32</sub>	27	88 ~ 144	AY013582	
<i>Hka85</i>		(ACC) <sub>10</sub> (ACT) <sub>21</sub> (ACC) <sub>14</sub> (ACT) <sub>20</sub>	23	130 ~ 340	AY013583	
<i>H. disdus disdus</i>		<i>Hdd6 C</i>	(GACT) <sub>2</sub> (CTCA) <sub>7</sub> (CA) <sub>2</sub> CT(CA) <sub>9</sub>	7	219 ~ 247	AB025367
	<i>Hdd108 C</i>	(CA) <sub>30</sub>	5	170 ~ 186	AB025384	
	<i>Hdd114 C</i>	(CA) <sub>2</sub> CT(CA) <sub>13</sub> (CGCA) <sub>11</sub> (CA) <sub>6</sub>	10	216 ~ 250	AB025387	
	<i>Hdd115 C</i>	(CA) <sub>8</sub> (CG) <sub>4</sub>	3	243 ~ 247	AB025388	
	<i>Hdd299</i>	(TCA) <sub>8</sub> (AT) <sub>2</sub> (TA) <sub>2</sub> X <sub>6</sub> (GA) <sub>8</sub> (CA) <sub>18</sub> (CTCA) <sub>8</sub> X <sub>4</sub> (CA) <sub>3</sub>	8	190 ~ 220	AB047107	
	<i>H. asinina</i>	<i>Hap2</i>	(CA) <sub>10</sub> T(CA) <sub>3</sub>	2	166 ~ 168	G62416
<i>Hap9</i>		(CA) <sub>8</sub> CG(CA) <sub>4</sub> AA(CA) <sub>3</sub>	6	124 ~ 134	G62417	
<i>Hap10</i>		(CA) <sub>10</sub> AA(CA) <sub>2</sub> (GA) <sub>6</sub> CA(GA) <sub>6</sub>	14	140 ~ 170	G62418	
<i>Hap13</i>		(CA) <sub>5</sub> AG(CA) <sub>11</sub>	25	128 ~ 182	G62419	
<i>Hap1 M</i>		(CA) <sub>23</sub>	17	94 ~ 136	G62220	
<i>Hap2 J</i>		(CA) <sub>21</sub> (CT) <sub>20</sub>	14	235 ~ 265	G62216	
<i>Hap2 K</i>		(CA) <sub>30</sub>	22	102 ~ 158	G62221	
<i>Hap2 L</i>		(CA) <sub>12</sub> (AG) <sub>20</sub>	16	198 ~ 232	G62217	
<i>Hap3 C</i>		(CA) <sub>33</sub>	9	122 ~ 140	G62219	
<i>Hap3 D</i>		(CA) <sub>4</sub> (CG) <sub>3</sub> (CA) <sub>14</sub>	16	12 ~ 238	G62222	
<i>Hap3 E</i>		(CA) <sub>6</sub> TA(CA) <sub>5</sub> TA(CA) <sub>2</sub> TACATA(CA) <sub>4</sub> TA(CA) <sub>4</sub> TA(CA) <sub>4</sub> TACACATA(CA) <sub>4</sub> TACATA(CA) <sub>5</sub> TA(CA) <sub>6</sub> TA(CA) <sub>7</sub> (TA) <sub>2</sub> (CGCA) <sub>4</sub> (CA) <sub>18</sub>	12	186 ~ 230	G62218	
<i>H. disdus hannai</i>	<i>Hdh1321</i>	(CACCT) <sub>7</sub> CACTT(CACCT) <sub>3</sub>	20	272 ~ 362	AB084076	
	<i>Hdh78</i>	(CA) <sub>9</sub> TA(CA) <sub>9</sub> ... (CCACA) <sub>13</sub>	7	177 ~ 332	AB084077	
	<i>Hdh1761</i>	(CGCCA) <sub>11</sub> (CTCCA) <sub>6</sub> ... (CTCCA) <sub>15</sub> ... (CTCCA) <sub>9</sub>	18	405 ~ 596	AB084078	
	<i>Hdh1457</i>		12	481 ~ 601	AB084079	

倍<sup>[42]</sup>, 因而线粒体 DNA 是研究遗传结构、遗传多样性和种质鉴定强有力的分子工具。Jiang L. 等<sup>[43]</sup> 建立了我国台湾 *H. diversicolor* 线粒体 DNA 的物理图谱, 且存在广泛的长度变异(17.33 ~ 19.74kb)。对野生群体和养殖群体的研究表明, 野生群体存在广泛的内交和养殖群体的线粒体 DNA 具高度相似性<sup>[43]</sup>。

表达序列标签研究。表达序列标签是 cDNA 文库产生的短序列, 其代表特定发育阶段或特定组织所表达的基因, 是鉴定基因和分析基因表达的有效方法之一<sup>[44]</sup>。对 27 种鲍细胞溶解酶基因的 cDNA 序列比较研究表明, 22 种鲍能被区分开, 但 *H. diversicolor supertexta* 与 *H. diversicolor aquatilis* 间、*H. conicorpora* 与 *H. rubra* 间、*H. tuberculata lamellosa* 与 *H. tuberculata tuberculata* 间、*H. makada* 与 *H. discus hannai* 间的细胞溶解酶序列几乎一致<sup>[45]</sup>。王艺磊等<sup>[9]</sup> 研究构建了副溶血弧菌感染 12h 和 24h 杂色鲍肝脏全长 cDNA 文库。

基因序列研究。与其他遗传技术(RAPD, RFLP 等)比较, DNA 测序技术能提供更加准确的遗传信息。18S rDNA 测序结果表明 *H. discus discus* 和 *H. discus hannai* 之间是亚种间关系或更低的关系<sup>[46]</sup>。杨建敏等<sup>[10]</sup> 比较研究了 *H. discus discus*、*H. discus hannai* 和 *H. gigantea* 线粒体 DNA 16S rDNA 基因片段, 分析了 528bp 的碱基序列。认为 16S rDNA 基因在鲍属内具很高的保守性。黎中宝等首先发现了 *H. ovina* 的 COI(193bp)和 COII(157bp)基因片段序列, 并比较研究了 *H. ovina* 与 *H. asinina* 的 COI 和 COII 的基因片段。但 COI 序列的分析并未揭示出 5 个 *H. cracherodii* 群体间的遗传分化<sup>[25]</sup>。

## 2 展 望

综上所述未来鲍分子遗传学的研究中应重点加强扩增片段长度多态性(AFLP)、简单核苷多态性(SNP)、生物芯片等分子遗传技术的应用; 并重点加强鲍蛋白质组学、功能基因组学、遗传连锁图谱、数量性状基因座(QTL)和标记辅助选择(MAS)等方面的研究。

## 参 考 文 献

- 1 黎中宝, 刘文彪, 韩 芳等. 4 种经济鲍遗传多样性与分化的研究. 中国生态农业学报, 2005, 12(4): 15 ~ 19
- 2 黎中宝, 田 柱, 朱冬蕊等. 九孔鲍和杂色鲍等位酶的生化遗传分析. 海洋科学, 2004, 28(2): 27 ~ 31
- 3 黎中宝, 邓书林, 许秀芹等. 盘鲍和皱纹盘鲍等位酶的生化遗传分析. 海洋科学, 2004, 28(4): 43 ~ 49
- 4 黎中宝, Appleyard S. A., Elliott N. G. 多元 PCR 在微卫星研究中的应用. 海洋与湖沼, 2005, 36(4): 319 ~ 325
- 5 黎中宝. 用 RAPD 技术研究几种鲍亲缘关系. 中国生态农业学报, 2004, 12(4): 60 ~ 63
- 6 张国范, 王继红, 赵洪恩等. 皱纹盘鲍中国群体和日本群体的自交与杂交 F1 的 RAPD 标记. 海洋与湖沼, 2002, 33(5): 484 ~ 491
- 7 万俊芬, 汪小龙, 潘 洁等. 日本盘鲍 × 皱纹盘鲍子代杂种优势的 RAPD 分析. 青岛海洋大学学报, 2001, 31(4): 506 ~ 512
- 8 孙 博, 刘 晓, 张国范. 一个皱纹盘鲍人工群体内个体大小遗传变异的 RAPD 分析. 海洋科学, 2003, 27(5): 27 ~ 30
- 9 王艺磊, 张子平, 戴 军等. 副溶血弧菌感染 12h 和 24h 杂色鲍肝脏全长 cDNA 文库的构建. 中国水产科学, 2004, 11(3): 190 ~ 195
- 10 杨建敏, 郑小东, 王如才等. 3 种鲍 16S rRNA 基因片段序列的初步研究. 青岛海洋大学学报, 2003, 33(1): 36 ~ 40
- 11 Geiger D., Groves L. Review of fossil abalone(Gastropoda: Vestigastropoda: Haliotidae) with comparison to recent species. J. Paleontol., 1999, 73: 872 ~ 885
- 12 Arai K., Wilkins N. Chromosomes of *Haliotis tuberculata* L. Aquaculture, 1986, 58: 305 ~ 308
- 13 Colombera D., Tagliaferri F. Chromosomes of *H. tuberculata* and *H. lamellosa*. Caryologia, 1983, 36: 231 ~ 234
- 14 Jarayabhand P., Yom-La R., Popongviwat A. Karyotypes of marine mollusks in the family Haliotidae found in Thailand. J. Shellfish Res., 1998, 17: 761 ~ 764
- 15 Nakamura H. Chromosomes of *H. diversicolor aquatilis*(Archaeogastropoda: Haliotidae). Mol. Rev., 1985, 18: 113 ~ 114
- 16 Arai K., Fujino K., Kudo M. Karyotypes and zymogram differences among three species of the abalones *Haliotis planate*, *H. varia*, *H. diversicolor diversicolor*. Bull. Jpn. Soc. Sci. Fisherses, 1988, 54: 2055 ~ 2064
- 17 Gallardo-Escarate C., Alvarez-Borrego J., Portilla M. A. D. R., et al. Chromosomes of pacific red abalone *Haliotis rufescens*(Archaeogastropoda: Haliotidae) using image analysis. J. Shellfish Res., 2004, 23(1): 205 ~ 209
- 18 Minkler J. Chromosomes of the black abalone(*Haliotis cracherodii*). Experientia, 1977, 33: 1143
- 19 Arai K., Tsubaki H., Ishitani Y., et al. Chromosomes of *H. discus hannai* Ino and *H. discus* Reeve. Bull. Jpn. Soc. Sci. Fisherses, 1982, 48: 1689 ~ 1691
- 20 Nakamura H. Chromosomes of Archaeogastropoda( Mollusca: Prosobranchia) with some remarks on their citotaxonomy and phylogeny. Pub. Seto. Marine Biol. Lab., 1986, 31: 191 ~ 297
- 21 Prakash S., Lewontin R. C., Hubby L. A molecular approach to the study of genetic heterozygosity in natural populations. IV. Patterns of genetic variation in central, marginal and isolated populations of *Drosophila pseudoobscura*. Genetics, 1969, 61: 841 ~ 858
- 22 Brown L. D. Genetic variation and population structure in the blacklip abalone. *Haliotis rubra*. Aust. J. Mar. Freshwater Res., 1991, 42: 77 ~ 90

- 23 Brown L . D ., Murray N . D . Population genetics . gene flow and stock structure in *Haliotis rubra* and *Haliotis laevigata* . Abalone of the World: Biology, Fisheries and Culture . Oxford: Blackwell Scientific, 1992 . 24 ~ 33
- 24 Burton R . S ., Tegner M . J . Enhancement of red abalone *Haliotis rufescens* stocks at San Miguel Island: reassessing a success story . Mar . Ecol . Prog . Ser ., 2000, 202: 303 ~ 308
- 25 Hamm D . E ., Burton R . S . Population genetics of black abalone . *Haliotis cracherodii* . along the central California coast . J . Exp . Mar . Bio . Eco ., 2000, 254: 235 ~ 257
- 26 Hancock B . Genetic subdivision of Roe 's abalone . *Haliotis roei* Grey (mollusca Gastropoda) in south-western Australia . Mar . Freshwater Res ., 2000, 51: 679 ~ 687
- 27 Z iga G ., Guzm n Del Pr o S . A ., Cisneros R ., *et al* . Population genetic analysis of the abalone *Haliotis fulgens* (mollusca Gastropoda) in Baja California . Mexico . J Shellfish Res ., 2000, 19: 853 ~ 859
- 28 Li Z . B ., Chen C . S . Genetic structure of cultured *H . diversicolor supertexta* (Reeve) populations . Journal of Shellfish Research, 2004, 23(4): 1135 ~ 1137
- 29 Wright J . M . DNA fingerprinting in fishes . Biochemistry and Molecular Biology of Fishes . Amsterdam: Elsevier, 1993 . 58 ~ 91
- 30 Huang B . X ., Peakall R ., Hanna P . J . Analysis of genetic structure of balcklip abalone (*Haliotis rubra*) populations using RAPD minisatellites and microsatellites markers . Marine Biology, 2000, 136: 207 ~ 216
- 31 Conod N ., Bartlett J . P ., Evans B . S ., *et al* . Comparison of mitochondrial and nuclear DNA analyses of population structure in the black-lip abalone *Haliotis rubra* leach . Mar . Freshwater Res ., 2002, 53: 711 ~ 718
- 32 Withler R . E ., Campbell A ., Li S ., *et al* . High levels of genetic variation in northern abalone *Haliotis kamtschatkana* of British Columbia . Fisheries and Oceans Science, 2001, 97: 1 ~ 27
- 33 Evans B ., Bartlett J ., Sweijd N ., *et al* . Loss of genetic variation at microsatellite loci in hatchery produced abalone in Australia (*Haliotis rubra*) and south abalone (*Haliotis midae*) . Aquaculture, 2004, 233: 109 ~ 127
- 34 Li Q ., Park C ., Endo T ., *et al* . Loss of genetic variation at microsatellite loci in hatchery strains of the Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) . Aquaculture, 2004, 235: 207 ~ 222
- 35 Selvamani M . J . P ., Degan S . M ., Degan B . M . Microsatellite genotyping of individual abalone larvae: parentage assignment in aquaculture . Mar . Biotechnol ., 2001, 3: 487 ~ 485
- 36 Li Q ., Park C ., Kijima A . Allelic transmission of microsatellites and application to kinship analysis in newly hatched Pacific abalone larvae . Fisheries Science, 2003a, 69: 883 ~ 889
- 37 Li Q ., Park C ., Kobayashi T ., *et al* . Inheritance of microsatellite DNA markers in the Pacific abalone *Haliotis discus hannai* . Mar . Biotechnol, 2003b, 5: 331 ~ 338
- 38 Li Z . B ., Appleyard S . A ., Elliott N . G . Genetic structures of *Haliotis rubra* and *Haliotis conicorpora* populations using microsatellite markers and mtDNA-RFLP analysis . Marine Freshwater Research, 2005 (9): 17 ~ 21
- 39 Klinbunga S ., Pripue P ., Khamnamtong N ., *et al* . Genetic diversity and molecular markers of the tropical abalone (*Haliotis asinina*) in Thailand . Mar . Biotechnol, 2003, 5: 505 ~ 517
- 40 Elliott N . G ., Bartlett J ., Evans B ., *et al* . Identification of south hemisphere abalone (*Haliotis*) species by PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA . Journal of Shellfish Research, 2002, 21(1): 219 ~ 226
- 41 Sweijd N . A ., Bowie R . C . K ., Lopata A . L ., *et al* . A PCR technique for forensic . species-level identification of abalone tissue . J . Shellfish Res ., 1998, 17: 889 ~ 895
- 42 Brown W . M ., George M . J ., Wilson A . C . Rapid evolution of animal mitochondrial DNA . Proc . Natl . Acad Sci . USA, 1979, 76: 1967 ~ 1971
- 43 Jiang L ., Wu W . L ., Huang P . C . The mitochondrial DNA of Taiwan abalone *Haliotis diversicolor* Reeve . 1846 (Gastropoda: Archaeogastropoda: Haliotidae) . Monlucular Marine Biology and Biotechnology, 1995, 4(4): 353 ~ 364
- 44 Franco G . R ., Adams M . D ., Bento S . M ., *et al* . Identification of new *Schistosoma mansoni* genes by the EST strategy using a directional cDNA library . Gene, 1995, 152: 141 ~ 147
- 45 Lee Y . H ., Vacquier V . D . Evolution and systematics in Haliotidae (Mollusca: Gastropoda): inference from DNA sequence of sperm lysin . Marine Biology, 1995, 124: 267 ~ 278
- 46 Naganuma T ., Hisadome K ., Shiraiishi K ., *et al* . Molecular distinction of two resemblant abalone . *Haliotis discus discus* and *Haliotis discus hannai* by 18S rDNA sequences . J . Mar . Biotechnol, 1998, 6: 59 ~ 61