

종묘방류 해역에서 채집된 참전복의 microsatellite marker에 의한 유전 다양성 및 집단 구조

정달상 · 박철지¹ · 전창영*
 국립수산물과학원 방류종묘기술센터, ¹육종연구센터

Genetic Variability and Population Structure of Pacific Abalone *Haliotis discus hannai* Sampled from Stocked Areas Using Microsatellite DNA Markers

Dal Sang JEONG, Chul Ji PARK¹ and Chang Young JEON*
 Marine Seed Releasing Technology Center, NFRDI, Jeollanamdo 537-806, Korea
¹Genetic and Breeding Research Center, NFRDI, Kyeongsangnamdo 656-842, Korea

Microsatellite DNA markers were used to investigate the genetic diversity and population structure of Pacific abalone *Haliotis discus hannai* collected from six locations (Uljin, Ulsan, Daechon, Taean, Wando, and Yosu) where hatchery-produced abalone have been released intensively. There was no distinguishable difference in the observed and expected heterozygosities between the six populations and a cultured population. However, there was a difference in the number of alleles per locus: 12.8 for the cultured population and 13.8 to 15.8 for the six populations. The proportion of stocked abalone ranged from 41.1 to 92.7% for wild-caught populations with a decreasing tendency of alleles per locus for an increasing proportion of stocked abalone. A departure from Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) assessed using the Markov chain procedure ($P < 0.05$) was observed in the six populations and cultured population at loci Hdh145 and Hdh512. The pairwise *Fst* test ($P < 0.05$) showed a significant difference between the Uljin and Ulsan populations and four remaining populations (Wando, Daechon, Yosu, and the cultured population), among which the Wando population differed less than the other three populations (Daechon, Yosu, and the cultured population).

Key words : Pacific abalone, Microsatellite DNA marker, Genetic variation, Population structure

서론

세계적으로 줄어드는 수산생물자원의 회복, 관리 및 지속적인 이용을 위하여 많은 노력을 하는 가운데 자연 생태계의 보전을 고려한 수산생물자원의 조성에 관심이 높아지고 있으며, 수산종묘의 방류도 하나의 중요한 요소로 적용되고 있다. 그러나 유전학적 다양성이 낮아진 인공종묘가 대량으로 방류되면 자연 집단의 유전학적 다양성에 영향을 미칠 것으로 보고하고 있다 (Allendorf and Ryman, 1987; Yoshida et al., 2000; Ward, 2006). 이에 따라 종묘방류의 개념은 유전특성을 이용하여 정의되어야 한다고 주장하고 있으며, 생태계의 영향을 고려하는 종묘방류가 요구되고 있다 (FAO, 1993; Booke, 1999; Evans et al., 2004).

우리나라에서는 현재 약 40 종의 수산종묘가 방류되고 있으며, 참전복은 우리나라의 수산양식업과 연안의 수산자원조성을 위한 주요 대상종으로 이 종에 대한 인공종묘의 방류는 1970년대 중반에 시작되어 2003년 이후에는 매년 3백만 마리 이상이 우리나라 전 연안에 방류되고 있다 (MOMAF, 2007). 따라서 많은 수의 인공종묘가 방류됨에 따라 그 지역에 오랫동안

동안 서식하고 있는 자연집단과 종묘방류에 따른 집단의 유전학적 다양성의 파악은 수산자원의 관리를 위한 아주 중요한 과정이 되었다.

최근 수산 및 양식생물의 집단유전학, 유전육종 등의 연구에 활용되고 있는 microsatellite DNA marker를 이용하여 수산자원조성을 위한 방류종묘의 유전학적 평가, 양식집단 및 자연집단의 유전학적 다양성 비교 등에 관한 연구가 활발히 진행되고 있다 (Perez-Enriquez et al., 1999; Norris et al., 2000; Jeong et al., 2006, 2007). Microsatellite DNA marker를 이용한 참전복에 대한 연구는 microsatellite 유전표식자의 분리 및 특성 (Li et al., 2002; Park et al., 2003; An and Han, 2006), 친자감별 (Hara and Sekino, 2007), 양식전복 및 자연전복의 유전학적 다양성 (Sekino et al., 2005; Li et al., 2004, 2007) 등이 진행되고 있다.

본 연구는 참전복의 인공종묘가 우리나라 연안에 지속적으로 방류됨에 따라 그 지역에 서식하고 있는 자연집단에 어느 정도 영향을 미쳤을 지를 파악하고 참전복 지역집단의 자원관리를 위한 기초 자료를 제공하고자 인공종묘가 방류된 해역에서 채집된 전복집단의 유전학적 구조와 변이 등을 6개의 microsatellite DNA marker를 이용하여 조사하였다.

*Corresponding author: cyjeon2@naver.com

재료 및 방법

전복종묘의 방류에 따른 자연집단의 유전학적 조성과 다양성에 미치는 영향을 분석하기 위하여 각각 4 cm 내외의 전복종묘를 방류한 울진 (36°31'N, 129°26'E), 울산 (35°33'N, 129°27'E), 태안 (36°43'N, 126°07'E), 대천 (36°04'N, 126°26'E), 여수 (34°34'N, 127°39'E) 그리고 완도 (34°21'N, 126°55'E) 연안의 6 개 지역집단을 조사하였다. 지역집단은 해녀에 의해 채취된 것으로 방류된 전복과 자연 전복이 섞여 있는 것을 무작위로 구입하여 조사하였다. 또한 인공종묘를 양식한 완도 지역의 양식집단을 조사하여 6개의 지역집단의 유전학적 다양성 등과 비교하였다. 분석에 이용된 집단의 크기는 평균 각장이 8.0 cm에서 10.0 cm로 총 651마리였다 (Table 1).

Table 1. Number of samples and population constituents used in this study

Population	Number of samples	Mean size (cm ±sd)	Composition (%)	
			*Released	Wild
Uljin	120	8.0±0.7	78.3	21.7
Ulsan	77	8.3±0.7	58.9	41.1
Taeon	88	10.0±1.0	73.9	26.1
Daechon	104	9.3±0.2	60.0	40.0
Yosu	77	9.5±0.8	41.1	58.9
Wando	109	9.2±0.4	92.7	7.3
Cultured	76	9.3±0.3	100	-

*Released: adjudged the released indicated by the green mark (Sakai, 1962).

샘플은 현장에서 살아있는 상태에서 크기를 측정하고 DNA 분석을 위하여 근육의 일부를 채취하여 100% 알코올의 1.5 mL tube에 보관하였다. 폐각에 붙어 있는 부착생물을 5% 염산으로 제거한 후 Sakai (1962)와 Sekino et al. (2005)의 방법에 의해 각정부의 녹색 (green mark)의 유무로 방류산과 자연산을 구분하였다.

보관된 시료의 DNA 추출은 Chelex (Bio-rad)를 이용하였고, 유전적 다양성 분석에 사용된 microsatellite loci는 Li et al. (2002), Park et al. (2003) 그리고 Sekino et al. (2005)의 방법에

의해 추출된 Awb017, Awb083, Awb098, Hdh1321, Hdh145, Hdh512로 모두 6개를 이용하였다 (Table 2). 각 시료의 PCR에 의한 genotype은 DNA 염기서열 분석기 (ABI Prism 3100, Applied Biosystems)를 이용하였다.

집단별 유전학적 다양성을 파악하기 위하여 각 유전자좌에 대한 대립유전자수 (number of alleles per locus), 이형접합체율 (observed heterozygosity; Ho, expected heterozygosity; He), 대립 유전자 빈도 그리고 다형성 정보지수 (polymorphism information content; PIC) 등을 Cervus ver. 2.0 software를 이용하여 구했다. 또한 각 집단간 대립유전자 빈도에 의한 유전학적 차이 (Wright's *Fst*)를 Arlequin software를 이용하였으며, 각 집단간의 유전학적 거리를 기초로 UPGMA dendrogram을 Phylip ver. 3.5와 Treeview program을 이용하여 작성하였다.

결 과

인공종묘생산시 폐각의 각정부에 나타나는 green mark를 이용하여 각 지역집단내에 자연전복과 혼재되어 있는 방류전복을 구분한 결과, 방류전복의 혼획비율은 울진집단 78.3%, 울산집단 58.9%, 태안집단 73.9%, 대천집단 60.0%, 여수집단 41.1%, 완도집단 92.7%였으며, 각 지역집단 중에서 방류전복의 혼획비율은 여수집단이 가장 낮았고 완도집단이 가장 높게 나타났다 (Table 1).

조사된 6개의 지역집단과 양식집단의 평균 이형접합체율 (He)의 범위는 0.784-0.824였으며, 대천집단이 낮았고 울산집단이 높게 나타났으나, 각 지역의 전복집단들과 양식집단간에는 차이가 없었다. 유전자좌에 따른 대립유전자수는 울진집단, 태안집단, 완도집단 그리고 양식집단이 Hdh145에서 5개로 가장 적었고, 대천집단에서 Hdh1321이 36개로 가장 많았다. 지역집단의 평균 대립유전자수의 범위는 13.8-15.8개로서 태안집단이 가장 낮았고, 대천집단이 가장 많았으며, 방류전복의 혼획율이 높은 완도집단과 태안집단에서 대립유전자의 수가 낮게 나타나는 경향을 보였다. 양식집단은 12.8개로 조사된 집단 중에서 가장 낮았다. 또한 집단별 다형성 정보지수

Table 2. Primer sequences for microsatellite loci used in this study

Locus	Repeat type	Primer sequences (5'-3')	Size (bp)	Genbank accession No.
Awb017 ^a	(AC) ₁₆	F: ACATGTCGTGATTGTTTCCCAC R: TCCTGACCACATACTGTTCCACATTAG	205-239	AB177912
Awb083 ^a	(ATC) ₈	F: GCTTAGAAGGGACATAACTCGCAATA R: AATAGACATTCTACAAGCGAGGAAA	229-256	AB177936
Awb098 ^a	(AC) ₁₃	F: ACATGGAAGTGCAGTCCTAGAAGC R: TGATTATTTTCAGATCGCCGTCATA	167-191	AB177939
Hdh1321 ^b	(CGCA) ₄ (CA) ₁₈	F: TTCTGAGATGAGACGCACCAC R: TTGGCAGCAGGCGTCGTGT	263-369	AB084076
Hdh145 ^c	(CA) ₇	F: TAGTTGTTGAACCTTTCTGTTG R: TAGACAAAACAGAAAACCTTACC	130-142	AB091480
Hdh512 ^c	(GA) ₂₃	F: CCGAGATGTTTACAGAGAGA R: CACACTCGATTTCTCACTCA	88-142	AB091482

^aSekino et al., 2005; ^bLi et al., 2002; ^cPark et al., 2003.

(PIC)의 평균범위는 0.753-0.798로서 대천집단이 낮았고 울산 집단이 높게 나타났다 (Table 3).

Markov chain procedure test ($P < 0.05$)에 의해 전복집단이 Hardy-Weinberg 평형에 따르는 지를 비교해 본 결과, Hdh145와 Hdh512의 유전자좌에서 모든 집단이 서로 다르게 나타나는 등 대부분의 집단에서 Hardy-Weinberg 평형에 따르지 않는 것으로 나타났다 (Table 4).

각 집단별 이질성 검정을 위한 Fst의 범위는 -0.001-0.0210이었으며, 울진집단과 울산집단이 다른 집단들과 유의적인 차이 ($P < 0.05$)를 나타내었다. 또한 조사된 전복의 집단별 유전적 거리의 범위는 0.0281-0.0974이었으며, 대천집단과 태안집단의 거리가 가장 가까웠고, 완도집단과 울진집단 사이에서 가장 멀었다 (Table 5). 유전적 거리에 기초한 각 집단별 UPGMA dendrogram에서는 대천집단, 태안집단, 양식집단, 여수집단 그리고 완도집단이 유연관계가 가까운 집단으로 나타났고, 울진집단과 울산집단이 별도의 유연관계를 나타냈다 (Fig. 1).

고 찰

최근 microsatellite DNA marker를 이용하여 종묘생산을 위한 어미집단과 이들 어미로부터 생산된 종묘집단에 대한 유전학적 연구결과에 의하면 어미집단에 의해 생산된 종묘집단의 유전학적 다양성은 어미집단 보다 낮아지며, 이러한 종묘집단은 자연집단보다 다양성은 보다 더 낮아진다고 보고하고 있다. 이에 따라 FAO (1993)에서는 종묘방류에 의한 자연집단의 영향을 고려하여 유전학적 다양성이 확보된 종묘가 방류되도록 권고하고 있다.

인공적으로 종묘생산시에 넘치의 경우, Jeong et al. (2006)이 83마리의 양식산 어미로부터 생산된 종묘의 대립유전자수는 어미집단에 비해 평균 23.5% 감소하며, Sekino et al. (2002)은 인공생산된 종묘집단이 그 지역에서 서식하고 있는 자연집단에 비해 대립유전자수가 평균적으로 47.2% 감소한다고 보고하였다. 전복의 경우는 Li et al. (2004)이 6개의 microsatellite loci를 이용하여 방류용 종묘생산을 위한 어미집단과 자연집단을 비교한 결과에서 어미집단이 자연집단에 비해 75% 정도

Table 3. Genetic variability of six microsatellites loci in seven populations of the Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*)

Locus	Uljin (n=76)	Ulsan (n=74)	Taeon (n=76)	Daechon (n=76)	Yosu (n=75)	Wando (n=76)	Cultured (n=78)
Awb017							
N (ae)	10 (4.2)	10 (6.1)	11 (6.9)	12 (6.9)	12 (6.2)	10 (5.5)	11 (5.9)
Ho	0.671	0.730	0.789	0.803	0.880	0.750	0.756
He	0.765	0.840	0.862	0.860	0.845	0.822	0.836
PIC	0.730	0.814	0.840	0.838	0.820	0.794	0.811
Awb083							
N (ae)	7 (3.8)	9 (3.7)	9 (2.8)	9 (2.8)	8 (2.9)	7 (3.6)	7 (2.6)
Ho	0.539	0.521	0.632	0.671	0.507	0.658	0.615
He	0.741	0.731	0.647	0.648	0.656	0.725	0.613
PIC	0.695	0.689	0.576	0.579	0.588	0.676	0.532
Awb098							
N (ae)	12 (4.0)	10 (4.2)	8 (3.0)	11 (3.0)	11 (5.6)	10 (4.5)	8 (4.5)
Ho	0.632	0.703	0.579	0.671	0.760	0.671	0.639
He	0.754	0.765	0.670	0.675	0.824	0.782	0.789
PIC	0.721	0.731	0.623	0.643	0.798	0.748	0.747
Hdh1321							
N (ae)	30 (15.7)	30 (17.8)	31 (15.8)	36 (16.6)	35 (20.2)	30 (13.2)	28 (16.0)
Ho	0.842	0.865	0.711	0.842	0.853	0.711	0.821
He	0.942	0.950	0.943	0.946	0.957	0.930	0.944
PIC	0.933	0.941	0.933	0.937	0.948	0.920	0.934
Hdh145							
N (ae)	5 (3.8)	7 (3.8)	5 (3.1)	7 (2.9)	7 (3.2)	5 (3.4)	5 (3.0)
Ho	0.461	0.389	0.434	0.368	0.400	0.579	0.429
He	0.739	0.738	0.682	0.658	0.696	0.713	0.675
PIC	0.694	0.702	0.641	0.616	0.653	0.670	0.630
Hdh512							
N (ae)	25 (14.2)	23 (11.6)	19 (11.9)	20 (11.1)	19 (12.8)	22 (10.1)	18 (10.1)
Ho	0.487	0.437	0.645	0.342	0.219	0.566	0.487
He	0.936	0.921	0.922	0.916	0.930	0.907	0.907
PIC	0.925	0.908	0.910	0.903	0.917	0.893	0.893
Average							
N (ae)	14.8 (7.6)	14.8 (7.9)	13.8 (7.3)	15.8 (7.2)	15.3 (8.5)	14.0 (6.7)	12.8 (7.0)
Ho	0.605	0.608	0.632	0.616	0.603	0.656	0.625
He	0.813	0.824	0.787	0.784	0.818	0.813	0.794
PIC	0.783	0.798	0.754	0.753	0.787	0.783	0.758

N, number of alleles; a_e, Effective number of alleles; Ho, observed heterozygosity; He, expected heterozygosity; PIC, polymorphism information content; n, surveyed specimens.

Table 4. Markov chain procedure test (Hardy-Weinberg Equilibrium) in seven populations of the Pacific abalone *Haliotis discus hannai*

	Awb017	Awb083	Awb098	Hdh1321	Hdh145	Hdh512
Uljin	0.117±0.001	0.002±0.000*	0.013±0.000*	0.000±0.000*	0.007±0.000*	0.000±0.000*
Ulsan	0.017±0.000*	0.000±0.000*	0.290±0.001	0.097±0.000	0.000±0.000*	0.000±0.000*
Taeon	0.046±0.000*	0.640±0.001	0.108±0.001	0.000±0.000*	0.000±0.000*	0.000±0.000*
Daechon	0.240±0.001	0.064±0.001	0.737±0.001	0.027±0.000*	0.000±0.000*	0.000±0.000*
Yosu	0.131±0.001	0.000±0.000*	0.058±0.000	0.002±0.000*	0.000±0.000*	0.000±0.000*
Wando	0.144±0.001	0.413±0.001	0.000±0.000*	0.000±0.000*	0.010±0.000*	0.000±0.000*
Cultured	0.029±0.000*	0.507±0.001	0.001±0.000*	0.267±0.000	0.000±0.000*	0.000±0.000*

*Significant level at $P < 0.05$.

Table 5. Pairwise comparison of F_{st} (under) and genetic distance (upper) in seven populations of the Pacific abalone *Haliotis discus hannai*

	Uljin	Ulsan	Taeon	Daechon	Yosu	Wando	Cultured
Uljin	-	0.0594	0.0863	0.0935	0.0871	0.0974	0.0896
Ulsan	0.0089*	-	0.0657	0.0645	0.0726	0.0931	0.0688
Taeon	0.0184*	0.0114*	-	0.0281	0.0528	0.0467	0.0414
Daechon	0.0210*	0.0139*	0.0037*	-	0.0446	0.0677	0.0499
Yosu	0.0093*	0.0084*	0.0019	-0.0001	-	0.0549	0.0465
Wando	0.0192*	0.0173*	0.0016	0.0111*	0.0062*	-	0.0607
Cultured	0.0157*	0.0109*	0.0036	0.0041	0.0023	0.0125*	-

*Significant level at $P < 0.05$.

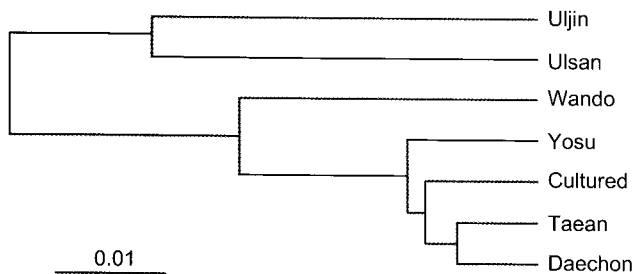


Fig. 1. A UPGMA dendrogram of seven populations of the Pacific abalone *Haliotis discus hannai* based on Nei's genetic distance.

다양성이 감소한다고 하였으며, Evans et al. (2004)는 자연산 어미로부터 생산된 종묘집단의 대립유전자수는 자연집단에 비해 35-65% 감소한다고 보고하였다. 또한 Li et al. (2007)은 중국의 양식집단의 대립유전자수 (범위 8.0-9.4개)가 자연집단 (범위 21.8-23.0개) 보다 낮았다고 보고하고 있다.

본 조사에서 인공종묘를 양식한 양식집단의 이형접합체율은 6개의 지역집단과 차이는 없었으나 양식집단의 평균 대립유전자수는 12.8개로 지역집단의 평균 대립유전자수인 14.8개 (범위 13.8-15.8개) 보다 적었다. 또한 조사된 6개의 지역집단 중에서 방류전복의 혼획율이 70% 이상인 완도집단, 태안집단, 울진집단의 대립유전자수가 다른 지역집단에 비해 낮은 것으로 나타났다. 그러나 일본의 Iwate 지역과 Miyagi 지역에서 본 연구에서와 같은 Hdh1321 유전자좌로 조사된 자연집단의 대립유전자수는 40개와 42개로 본 연구의 지역집단보다 높게 나타났다 (Li et al., 2004). 이러한 결과는 본 분석에 이용

된 집단은 방류된 지역에서 해녀에 의해 채취된 것으로서 방류산과 자연산과 섞여 있기 때문에 일본의 자연집단에 비해 대립유전자수가 낮은 것으로 판단된다.

Markov chain procedure test ($P < 0.05$)에 의해 전복집단이 Hardy-Weinberg 평형에 따르는 지를 비교해 본 결과, Hdh145와 Hdh512의 loci에서 대부분의 집단이 Hardy-Weinberg 평형에 따르지 않는 것으로 나타났다는 것은 유래가 서로 다른 어미로부터 생산된 양식산 종묘가 60% 이상 지역집단으로 가입되었기 때문으로 추정된다.

조사된 지역집단들의 유전학적 고정지수인 F_{st} 의 범위는 -0.0001-0.0210으로 각 집단간의 차이가 적게 나타났다. Li et al. (2004)이 자연집단과 양식집단간의 F_{st} 범위가 0.059-0.243 이라는 결과 보다 본 연구에서 분석된 지역집단과 양식집단간의 F_{st} 가 낮은 값을 보였다. 이러한 원인은 우리나라 연안에 서식하고 있는 전복 집단은 지속적인 종묘방류로 인하여 유전학적 다양성이 감소되어 있으며, 이에 따라 지역집단간의 유전학적 차이가 적게 나타나는 결과라고 생각된다.

유전적 거리에 기초한 각 집단별 UPGMA dendrogram에서는 남해안과 서해안의 대천집단과 태안집단 그리고 여수집단과 완도집단이 유연관계가 가까운 집단으로 나타났고, 동해안의 울진집단과 울산집단은 별도의 유연관계를 나타냈다. 특히 서해안과 남해안의 지역집단의 차이가 작은 원인은 일부지역에서 생산된 인공종묘의 방류가 그 지역에 서식하고 있는 집단의 유전학적 조성에 영향을 줘서 지역집단의 특성이 감소한 것으로 추정된다.

Microsatellite DNA marker를 이용하여 조사된 각 지역전복을 분석한 결과에서 전복 종묘방류에 의해 지역집단 내에

방류전복의 혼획율이 높을수록 그 지역에 서식하고 있는 전복 집단의 유전학적 다양성이 낮아진 결과를 보임에 따라 앞으로의 종묘방류는 그 지역에 서식하고 있는 자연집단의 유전학적 다양성을 유지하고 보전하기 위하여 유전학적 다양성이 높은 종묘를 방류해야하고 방류한 후에도 지속적인 유전학적 평가와 이에 대한 관리가 이뤄져야 하며, 방류전복이 자연전복과 재생산에 참여하여 자연전복집단에 어떠한 영향을 미치는지에 대해서도 연구 되어야 한다고 생각된다.

사 사

이 연구는 국립수산물과학원(방류용 건강종묘생산 연구, RP-2008-RE-004)의 지원에 의하여 연구되었으며, 본 연구를 위하여 시료의 채집과 정보를 제공해 주신 어업인들께 감사드립니다.

참 고 문 헌

- An, H.S. and S.J. Han. 2006. Isolation and characterization of microsatellite DNA markers in the Pacific abalone, *Haliotis discus hannai*. *Molecular Ecology Notes*, 6, 11-13.
- Allendorf, F.W. and N. Ryman. 1987. Genetic management of hatchery stocks. In: Ryman, N. Utter, F.W. (Eds.), *Population genetics and fishery management*. University of Washington Press, 141-159.
- Booke, H.E. 1999. The stock concept revisited: perspectives on its history in fisheries. *Fish. Res.*, 43, 9-11.
- Evans, B., J. Bartlett, N. Sweijd, P. Cook and N.G. Elliott. 2004. Loss of genetic variation at microsatellite loci in hatchery produced abalone in Australia (*Haliotis rubra*) and South Africa (*Haliotis midae*). *Aquaculture*, 233, 109-127.
- FAO. 1993. Report of the expert consultation on utilization and conservation of aquatic genetic resources. *FAO Fish. Tech. Rep.*, 491, 1-58.
- Hara, M. and M. Sekino. 2007. Parentage testing for hatchery-produced abalone *Haliotis discus hannai* based on microsatellite markers: preliminary evaluation of early growth of selected strains in mixed family farming. *Fisheries Sci.*, 73, 831-836.
- Jeong, D.S., E.B. Gonzalez, K. Morishima, K. Arai and T. Umino. 2007. Parentage assignment of stocked black sea bream, *Acanthopagrus schlegeli* in Hiroshima Bay using microsatellite DNA markers. *Fish. Sci.*, 73, 823-830.
- Jeong, D.S., K.S. Kim and K.K. Kim. 2006. Evaluation of effective breeders number (N_e) for stock enhancement in olive flounder *Paralichthys olivaceus* using microsatellite DNA markers. *J. Aquaculture*, 19, 205-209.
- Li, Q., C. Park and A. Kijima. 2002. Isolation and characterization of microsatellite loci in the Pacific abalone, *Haliotis discus hannai*. *J. Shellfish*, 21, 811-815.
- Li, Q., C. Park, T. Endo and A. Kijima. 2004. Loss of genetic variation at microsatellite loci in hatchery strains of the Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*). *Aquaculture*, 235, 207-222.
- Li, Q., J. Shu, R. Yu and C. Tian. 2007. Genetic variability of cultured populations of the Pacific abalone (*Haliotis discus hannai* Ino) in China based on microsatellites. *Aqu. Res.*, 38, 981-990.
- MOMAF. 2007. Annual report of fisheries in Korea. *MOMAF*, 324, 77-78.
- Norris, A.T., D.G. Bradley and E.P. Cunningham. 2000. Parentage and relatedness determination in farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*) using microsatellite markers. *Aquaculture*, 182, 73-83.
- Park, C., Q. Li, T. Kobayashi and A. Kijima. 2003. Characterization of novel microsatellite DNA markers in the Pacific abalone *Haliotis discus hannai*. *Fish Gen. Breed. Sci.*, 33, 19-24.
- Perez-Enriquez, R., M. Takagi and N. Taniguchi. 1999. Genetic change and pedigrees tracing of a hatchery-reared stock of red sea bream (*Pagrus major*) used for stock enhancement, based on microsatellite DNA markers. *Aquaculture*, 173, 413-423.
- Sakai, S. 1962. Ecological study on the abalone, *Haliotis discus hannai* Ino: I. Experimental study on the food habit. *Bull. Jpn. Soc. Sci. Fish.*, 28, 766-779.
- Sekino, M., M. Hara and N. Taniguchi. 2002. Loss of microsatellite and mitochondrial DNA variation in hatchery strains of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. *Aquaculture*, 213, 101-122.
- Sekino, M., T. Saido, T. Fujita, T. Kobayashi and H. Takami. 2005. Microsatellite DNA markers of Ezo abalone (*Haliotis discus hannai*): a preliminary assessment of natural populations sampled from heavily stocked areas. *Aquaculture*, 243, 33-47.
- Yoshida, K., M. Takagi, M. Tanaka and N. Taniguchi. 2000. Genetic variability and divergence of wild and artificially raised Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* inferred from microsatellite DNA analysis. *Fish Gen. Breed. Sci.*, 29, 93-102.
- Ward, R.D. 2006. The importance of identifying spatial population structure in restocking and stock enhancement programmes. *Fisheries Research*, 80, 9-18.

2008년 7월 7일 접수
2008년 12월 2일 수리