

SỰ GIỐNG NHAU VỀ DI TRUYỀN HỌC GIỮA CÁC QUẦN THỂ ỐC HƯƠNG *Babylonia areolata* [Link, 1807] DỌC THEO BỜ BIỂN VIỆT NAM

Mai Duy Minh

TÓM TẮT

Phân tích điện di của 10 locut đã cho thấy tính tương tự về di truyền học của ba quần thể ốc hương ở hai miền phân bố của Việt Nam gồm Thanh Hóa thuộc vùng biển Miền Bắc, Bình Thuận và Vũng Tàu thuộc vùng biển Miền Nam. Các dẫn liệu thu được cho thấy quần thể ốc hương Miền Bắc (Thanh Hóa) dường như cách ly với quần thể Miền Nam nhưng thời gian cách ly chưa đủ để các quần thể ốc phân hóa rõ rệt về di truyền. Sự khác nhau về tần suất alen của locut Pgdh giữa quần thể Thanh Hóa và quần thể Miền Nam có thể là do sự hạn chế của dòng gen, sự khác nhau về chiều hướng của chọn lọc tự nhiên hoặc do những thay đổi tạm thời về tần suất của các alen hiếm.

GENETIC SIMILARITY AMONG POPULATIONS OF BABYLON SNAILS *BABYLONIA AREOLATA* [LINK, 1807] ALONG THE COAST OF VIET NAM

Mai Duy Minh

ABSTRACT

Allozyme electrophoresis of ten loci showed genetic similarity and random mating among three populations of Babylon snails in Vietnam from Thanh Hoa in the north and Binh Thuan & Vung Tau in the south. The data indicated that the northern population is genetically separated from the southern ones, but may not have been isolated sufficiently long for Babylon snails to evolve genetic difference. Significant difference in allelic frequencies at the Pgdh locus between Thanh Hoa and the southern samples could be explained by limited gene flows, different selective forces or temporary changes in frequencies of rare alleles.

I. GIỚI THIỆU

Ở Việt Nam, ốc hương là loài hải sản có giá trị kinh tế cao. Ngư dân thu lợi nhuận từ đối tượng này nhờ nghề khai thác nguồn lợi tự nhiên và nuôi thương phẩm. Mấy năm gần đây, nguồn lợi ốc hương giảm đi rất nhanh do khai thác quá mức. Vì vậy những hiểu biết thêm về sinh học quần thể bao gồm đa dạng sinh học ở mức độ gen của ốc hương rất cần thiết cho việc sử dụng và bảo tồn nguồn lợi của chúng.

Đọc theo bờ biển Việt Nam, có hai khu vực phân bố ốc hương ở hai vùng khí hậu khác nhau là khu vực Miền Bắc (Thanh Hóa, Hà Tĩnh và Huế) và khu vực Miền Nam (Bình Thuận và Vũng Tàu). Đọc theo bờ biển, cách ly về địa lý giữa hai miền phân bố này khoảng 800km. Ở độ sâu 10 m, biến thiên nhiệt độ nước biển khu vực Miền Bắc và Miền Nam tương ứng là 20 - 30°C và 25 - 30°C (Uu & Brankart 1997). Những khác nhau này có thể sẽ tạo ra những khác nhau về chiều hướng chọn lọc tự nhiên và cách ly về dòng gen giữa các quần thể ốc hương khu vực Miền Bắc và Miền Nam. Trong các loài chân bụng biển, những phân hóa về di truyền quần thể có thể là kết quả của chọn lọc tự nhiên hoặc là kết quả của sự cách ly dòng gen do ngăn cách về địa lý (Huang et al. 2000; Gajardo et al. 2002). Thời gian sống trôi nổi ngắn của ốc hương ở giai đoạn ấu trùng (Hứa et al. 2001) và những sai khác về điều kiện địa lý có thể sẽ tạo ra những phân hóa về di truyền giữa quần thể khu vực Miền Bắc và Miền Nam. Tiến hành phân tích di truyền bằng phương pháp điện di allozyme của ba quần thể ốc hương ở Thanh Hóa (Miền Bắc), ở Bình Thuận và Vũng Tàu (Miền Nam) nhằm kiểm tra giả thiết: Có sự khác nhau về cơ sở di truyền giữa quần thể ốc hương ở Thanh Hóa và hai quần thể ở Bình Thuận và Vũng Tàu.

II. NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

1. Thu mẫu

Tổng số 130 cá thể ốc hương bố mẹ được thu thập ngẫu nhiên từ nguồn khai thác của ngư dân trong đó có 33 cá thể từ Thanh Hóa, 61 cá thể từ Bình Thuận và 36 cá thể từ Vũng Tàu. Mẫu vật được lưu giữ trong điều kiện - 30°C trong 15 ngày. Phần cơ chân của ốc được lưu giữ trong điều kiện - 80°C trước khi tiến hành điện di.

2. Điện di

Quá trình điện di được thực hiện trong điều kiện nguồn điện 600 V, 50 W, 80 mA trong 3 giờ. Ba dung dịch đệm được sử dụng là (i) lithiumhydroxide-boric pH= 8,1 (Ridgway et al. 1970) cho hai enzyme glucose-6-phosphate isomerase (Gpi, E.C.5.3.1.9) và phosphoglucosmutase (Pgm, E.C.5.4.2.2); (ii) tris-citric acid pH = 7,0 (Alaya et al. 1972) cho hai enzyme malate dehydrogenase (Mdh, E.C.1.1.1.37) và mannose 6 phosphate isomerase Mpi, E.C. 5.3.1.8); (iii) morpholine citric acid pH = 6 (Clayton & Tretiak 1972) cho sáu enzyme aspartate aminotransferase (Aat, E.C.2.6.1.1), acid phosphatase (Acp, E.C.3.1.3.2), cytosol aminopeptidase (Ap, E.C.3.4.11.1), isocitrate dehydrogenase (Idh, E.C.1.1.1.42) và phosphogluconate dehydrogenase (Pgdh, E.C.1.1.1.44). Nhuộm gell và đặt tên alen lần lượt theo phương pháp của Murphy et al. (1996) và Richardson et al. (1986).

3. Phân tích số liệu

Phần mềm G-stat (Siegmund, 1995) được sử dụng cho việc phân tích và xử lý số liệu. χ^2 -test một bậc tự do được sử dụng để phân tích luật Hardy Weinberg. Oneway - ANOVA (Fowler et al. 1998) được dùng để so sánh số lượng các alen của từng locus giữa ba quần thể. Phân tích tính tương đồng về tần suất các alen giữa ba quần thể bằng G-test. Sai khác về di truyền giữa ba quần thể (Nei 1972) cũng được xem xét. Chỉ số di truyền (F statistics) được tính theo công thức của Weir & Cockerham (1984). Fis và Fst (Grant & da Silva-Tatley 1997) được xác định thông qua phần mềm GDA (Lewis & Zaykin 2001) nhằm kiểm tra khả năng bắt cặp sinh sản ngẫu nhiên của các cá thể trong mỗi quần đàn và giữa các quần đàn. χ^2 -test được sử dụng để đánh giá mức ý nghĩa của Fis và Fst bằng phương pháp của Waples (1987). Giá trị âm và dương của Fis lần lượt chỉ ra tính vượt trội hoặc thiếu hụt của các dạng dị hợp tử trong quần đàn.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

Mười locus tương ứng với 10 enzyme được phân tích. Các kết quả về tần suất alen và các chỉ số thống kê đã cho thấy tính tương tự về di truyền học và khả năng bắt cặp sinh sản ngẫu nhiên của các cá thể trong quần thể. Tuy vậy, sai khác của locus *Pgdh* giữa quần thể Miền Bắc và Miền Nam đã được ghi nhận. Tần suất alen và các chỉ số thống kê di truyền tương ứng được trình bày ở bảng 1, 2 và 3.

Trong khi sáu locus không có biến dị, bốn locus khác là đa hình thái và tuân theo luật Hardy Weinberg ở cả ba quần thể. Số lượng trung bình của các alen cho một locus giao động trong khoảng 1,6 - 2,0 cho mười alen và 2,5 - 3,5 cho bốn alen đa hình thái và tương tự như nhau giữa ba quần thể. Trừ trường hợp của *Pgdh*, chín locus khác tương tự nhau về tần suất các alen tương ứng. Khoảng cách di truyền giữa hai quần thể cho tất cả các locus rất thấp; 0,01 cho cặp Bình Thuận - Vũng Tàu; 0,02 cho cặp Thanh Hóa - Bình Thuận và 0,03 cho cặp Thanh Hóa - Vũng Tàu. Các giá trị này tính riêng cho *Pgdh* là 0,01; 0,10 và 0,13. Fis tính cho 4 locus đa hình thái của từng quần thể bằng không (Bảng 3). Fst bằng không cho ba locus đa hình thái *Acp*, *Mpi*, *Pgm* nhưng lớn hơn không trong trường hợp của *Pgdh* giữa quần thể Thanh Hóa và hai quần thể Miền Nam.

IV. THẢO LUẬN

Đặc điểm ấu trùng sống nổi và môi trường sinh thái tương tự như nhau có thể lý giải cho tính đồng nhất về di truyền giữa hai quần thể Miền Nam (Bình Thuận và Vũng Tàu). Sau khoảng 12 - 16 ngày sống trôi nổi, ấu trùng ốc hương chuyển từ đời sống trôi nổi sang đời sống đáy (Hứa et al. 2001). Thêm vào đó, tồn tại một hệ thống dòng chảy dọc bờ biển từ Bình Thuận tới Vũng Tàu và ngược lại trong mùa sinh sản của ốc hương (Fang et al. 1998). Mối quan hệ

giữa các yếu tố này có thể tạo ra dòng gen cao giữa Bình Thuận và Vũng Tàu. Hơn nữa chiều hướng tương tự của chọn lọc tự nhiên đã góp phần hình thành tính đồng nhất về di truyền giữa hai vùng quần thể này. Hiện tượng này đã được phát hiện ở nhiều quần thể của các loài chân bụng biển (Hamm & Burton 2000; Hoskin 2000; Wolf et al. 2000). Tuy vậy trường hợp này không thể giải thích cho tính tương tự về di truyền giữa các quần thể Miền Bắc và Miền Nam.

Tại thời điểm nghiên cứu, khả năng có sự liên kết dòng gen giữa quần thể Miền Bắc và Miền Nam là rất ít. Ngay cả khi cho rằng tồn tại dòng gen cao giữa các quần thể phía bắc; từ Thanh Hóa đến Huế do vùng phân bố của chúng rất gần nhau (Nguyễn et al. 1999), dòng chảy dọc bờ biển từ Huế đến Bình Thuận (Fang et al. 1998) ít có khả năng vận chuyển ấu trùng ốc hương có 12 - 16 ngày sống trôi nổi đi xa với khoảng cách địa lý 800 km. Tính gián đoạn của dòng gen do cách ly địa lý 300 km đã được phát hiện ở loài chân bụng biển *Littoraria cingulata* (Johnson & Black 1998). Nang trứng của ốc hương được gắn vào giá thể cát, đá (Hứa Ngọc Phúc và cộng sự 2001) vì thế chúng không thể phân tán nhờ quá trình trôi dạt của các loại bè trôi nổi. Khả năng di chuyển trên tầng mặt nước biển đã được phát hiện ở nhiều loài chân bụng biển nhưng chưa tìm thấy đối với ốc hương (Anderson 1971; Newell 1979). Không có dòng chảy ngược lại từ Miền Nam ra Huế (Fang et al. 1998) để chuyển tải ốc theo chiều từ Miền Nam ra Huế. Hơn nữa tính đến thời điểm nghiên cứu chưa có hiện tượng di giống ốc hương trong nuôi trồng thủy sản từ vùng này sang vùng khác.

Tính tương tự về chiều hướng của chọn lọc tự nhiên cũng không thể giải thích cho tính đồng nhất về di truyền giữa các quần thể Miền Bắc và Miền Nam. Miền Bắc và Nam thuộc hai vùng khí hậu khác nhau. Trong khi có bốn mùa ở Miền Bắc, chỉ có hai mùa ở Miền Nam. Ở độ sâu 10m, biến động nhiệt độ nước biển hàng năm ở Miền Bắc là 20 - 30°C so với ở Miền Nam là 25 - 30°C (Uu & Brankart 1997). Những khác nhau này là cơ sở hình thành chiều hướng khác nhau của chọn lọc tự nhiên. Kết quả nghiên cứu đã chỉ ra sự khác nhau về tần suất alen của *Pgdh* giữa quần thể ở Thanh Hóa và quần thể Miền Nam. Điều kiện môi trường khắc nghiệt hơn ở Miền Bắc có thể giải thích cho số lượng thấp hơn của các alen của *Pgdh* so với ở Miền Nam. Giá trị dương của *Fst* của locut này nhiều khả năng là do sự khác nhau về chiều hướng chọn lọc giữa hai vùng quần thể Bắc và Nam (Cockerham 1973). Giá trị *Fis* bằng không trong các quần thể có thể là do sức sống ngang nhau của các dạng đồng hợp tử và dị hợp tử trong mỗi quần đàn khi giả thiết một locut gồm hai alen (Lewontin & Cockerham 1959). Cũng trong vùng phân bố Miền Bắc và Miền Nam, các dẫn liệu về hình thái học và lịch sử vòng đời của cá song *Decapterus maruadsi* đã chỉ ra sự tồn tại của các quần thể cá khác nhau (Nguyễn 2000). Như vậy bằng chứng về chiều hướng khác nhau của chọn lọc tự nhiên giữa hai miền Nam Bắc đã được làm sáng tỏ. Trong trường hợp này, đối với ốc hương, lực chọn lọc tự nhiên chưa đủ mạnh để tạo nên những thay đổi về luật Hardy Weinberg của bốn locut đa

hình thái. Tuy vậy, khác nhau về tần suất alen của *Pgdh* có thể liên quan đến sự thay đổi tạm thời của cơ sở di truyền. Sự xuất hiện và mất đi của một số alen hiếm nhưng không làm giảm đi kiểu gen dị hợp tử đã được phát hiện trong quần thể ngao ương nuôi *Mercenaria mercenaria* (Dillon & Manzi 1987) và bào ngư *Haliotis tuberculata* (Mgaya et al. 1995). Trong nghiên cứu này, tất cả các locut đa hình thái tuân theo luật Hardy Weinberg và không có sự thiếu hụt hay vượt trội của kiểu gen dị hợp tử. Hơn nữa đối với *Pgdh*, ngoại trừ trường hợp của hai alen chiếm ưu thế, tần suất của các alen còn lại rất thấp. Chính vì vậy những khác nhau về tần suất alen của locut *Pgdh* giữa quần thể Miền Bắc và quần thể Miền Nam cũng có thể là do sự xuất hiện và mất đi của một số alen hiếm.

Tính đồng nhất về di truyền giữa các quần thể ốc hương đã nói lên mối liên hệ về cơ sở di truyền của chúng. Các chỉ số thống kê về di truyền ở đây là kết quả nghiên cứu allozyme, nó không chỉ phản ánh dòng gen trong thời điểm nghiên cứu mà trong một số trường hợp nó cũng phản ánh cơ sở phân bố và phát triển trong lịch sử tiến hóa của quần thể (Uthicke & Benzie 2000; Mariani et al. 2000). Một quần thể có lịch sử ngắn hơn 10.000 năm có thể không đủ dài để tiến hóa về tần suất alen (Doherty et al. 1995). Vì vậy cơ sở phân bố và phát triển trong lịch sử tiến hóa của ốc hương có thể giải thích cho tính tương tự về di truyền giữa các quần thể. Trong trường hợp giả thiết rằng hai vùng quần thể ốc hương Miền Bắc và Nam của Việt Nam hiện tại bị cách ly hoàn toàn, sự cách ly này chưa đủ thời gian cho các quần thể phân hóa về cơ sở di truyền. Kết quả bước đầu về nghiên cứu cơ sở di truyền của quần thể ốc hương đã phản ánh tính tương tự về di truyền học ở mức độ quần thể của hai vùng quần thể ốc hương thuộc Miền Bắc và Miền Nam của Việt Nam. Tuy nhiên các nghiên cứu sử dụng các kỹ thuật phân tử khác ở các vùng phân bố của ốc hương tại các thời điểm khác nhau nên được thực hiện để khẳng định thêm kết quả của nghiên cứu này.

LỜI CẢM ƠN

Tôi xin bày tỏ lòng biết ơn tới Tiến sỹ Vibeke Simonsen & Tiến sỹ Jens Tang Christensen Phòng Sinh thái Học Biển, Viện Khoa Học Sinh Học, Trường Đại học Aarhus Đan Mạch và các nghiên cứu viên Trung Tâm Nghiên Cứu Thủy Sản 3, Nha Trang cho việc thảo luận và sửa chữa bài viết này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Anderson, A. 1971. Intertidal activity, breeding and the floating habit of *Hydrobia ulvae* in the Ythan estuary. *Journal of Marine Biological Association of the U.K.* 51: 423-437.
2. Ayala, F. J., J.R. Powell, M.L. Tracey, C.A. Mourro, S. Perez-Salas 1972. Enzyme variability in *Drosophila willistoni* group. Genetic variation in natural populations of *Drosophila willistoni*. *Genetics* 70: 113-139.
3. Clayton, J.W. & D.N. Tretiak 1972. Amine-citrate buffers for pH control in starch gel electrophoresis. *Journal of Fisheries Research Board of Canada* 29: 1169-1172.

4. **Cockerham, C.C. 1973.** Analysis of gene frequencies. *Genetics* 74: 679-700.
5. **Dillon, R.T. & J.J. Manzi 1987.** Hard clam (*M. mercenaria*) broodstocks: genetic drift and loss of rare alleles without reduction in heterozygosity. *Aquaculture* 60: 99-105.
6. **Doherty, P.J., S. Planes & P. Mather 1995.** Gene flow and larval duration in seven species of coral reef fish from the Great Barrier Reef. *Ecology* 76:2373-2391.
7. **Fang, W., Z. Guo & Y. Huang 1998.** Observational study of the circulation in the southern South China Sea. *Chinese Science Bulletin* 43: 898-907.
8. **Fowler, J., L. Cohen & P. Jarvis 1998.** *Practical statistics for Field Biology* 2nd edition. John Wiley & Sons Ltd. Baffins Lane, Chichester.
9. **Gajardo, G., J.M. Cancino & J.M. Navarro 2002.** Genetic variation and population structure in the marine snail *Chorus giganteus* (Gastropod: Muricidae), an overexploited endemic resource from Chile. *Fisheries Research* 55:329-333.
10. **Grant, W.S. & F.M. da Silva-Tatley 1997.** Lack of genetically-subdivided population structure in *Bullia digitalis*, a southern African marine gastropod with lecithotrophic development. *Marine Biology* 129:123-137.
11. **Hamm, D.E. & R.S. Burton 2000.** Population genetics of black abalone, *Haliotis cracherodii*, along the central California coast. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 254: 235-247.
12. **Hoskin, M.G. 2000.** Effects of the East Australian Current on the genetic structure of a direct developing muricid snail (*Bedevea hanleyi*, Angas): variability within and among local populations. *Biological Journal of the Linnean Society* 69: 245-262.
13. **Hứa, N.P., T.X.T. Nguyen, D.M. Mai, D.H. Phan & T.Y. Kieu 2001.** Spawning characteristics of *Babylonia areolata* (Neogastropoda: Buccinidae). In: *Proceedings of the 11th International Congress & Workshop. Tropical Marine Mollusc Programme (TMMP).* Phuket Marine Biological Center Special Publication 25: 161-166.
14. **Huang, B.X., R. Peakall & P.J. Hanna 2000.** Analysis of genetic structure of blacklip abalone *Haliotis rubra* populations using RAPD minisatellite and microsatellite markers. *Marine Biology* 136 (2): 207-216.
15. **Johnson, M.S. & R. Black 1998.** Effects of isolation by distance and geographical discontinuity in *Littoraria cingulata*. *Marine Biology* 132: 295-303.
16. **Lewis, P.O. & D. Zaykin 2001.** *Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data.* Version 1.0 (d16c). Free program distributed by the authors over the internet from <http://lewis.eeb.uconn>.
17. **Lewontin, R.C. & C.C. Cockerham 1959.** The goodness of fit test for detecting natural selection in random mating populations. *Evolution* 13: 561-564.
18. **Mariani, S., V. Ketmaier & E. de Matthaëis 2002.** Genetic structuring and gene flow in *Cerastoderma glaucum* (Bivalvia: Cardiidae): evidence from allozyme variation at different geographic scales. *Marine Biology* 140: 687-697.
19. **Mgaya, Y.D., E.M. Gosling, J.P. Mercer & J. Donlon 1995.** Genetic variation at three polymorphic loci in wild and hatchery stocks of the abalone, *Haliotis tuberculata* Linneus. *Aquaculture* 136:71-80.
20. **Murphy, R.W., J.W. Sites Jr., D.G. Buth & C.H. Haufler 1996.** *Proteins: Isozyme Electrophoresis.* In Hillis D.M., C. Moritz & B.K. Mable (eds). *Molecular Systematics.* 2nd edition, Sinauer Associates: Massachusetts: 51-120.

21. **Newell, R.C. 1979.** Biology of intertidal animals. 3rd Edition Marine Ecological Surveys.
22. **Nei, M. 1972.** Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106: 283-291.
23. **Nguyễn, H.P., S.T. Vo & H.Y. Nguyen 1999.** The distribution and resources of commercial gastropoda and bivalvia (Mollusca) in the coastal waters of Vietnam. Proceedings of the first national workshop on marine mollusks. Vietnamese agricultural publication 1: 27-60.
24. **Nguyễn Việt Nghĩa 2000.** Stock identification of round scad *Decapterus maruadsi* (Temminck & Schlegel, 1844) in Vietnamese water. MSc thesis. Institute of Biological Sciences, University of Aarhus, Denmark. 23 pages.
25. **Richardson B.J., P.R. Baverstock & M. Adam 1986.** Allozyme electrophoresis. A handbook for animal systematics and population studies. Chapter 9: 145-228. Academic press Inc. San Diego California 92101.
26. **Ridgway, G.J., S.W. Sherburne & R.D. Lewis 1970.** Polymorphism in the esterases of Atlantic herring. *Transactions of the American Fisheries Society* 99: 147-151.
27. **Siegismund, H.R 1995.** G-Stat, version 3.1, Genetical statistic programs for the Analysis of Population Data. Arboretum, Royal Veterinary and Agricultural University, Hørsholm, Denmark.
28. **Uthicke, S. & J.A.H. Benzie 2000.** Allozyme electrophoresis indicates high gene flow between populations of *Holothuria (Microthele) nobilis* (Holothuroidea: Aspidochirotida) on the Great Barrier Reef. *Marine Biology* 137: 819-825.
29. **Uu, D. V. & J. -M. Brankart 1997.** Seasonal variation of temperature and salinity fields and water masses in the Bien Dong (South China) Sea. *Mathematical and Computer Modelling* 26: 97-113.
30. **Waples, R.S. 1987.** A multispecies approach to the analysis of gene flow in marine shore fishes. *Evolution* 41: 385-400.
31. **Weir, B.S. & C.C. Cockerham 1984.** Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
32. **Wolf, H.De., R. Verhagen & T. Backeljau 2000.** Large scale population structure and gene flow in the planktonic developing periwinkle, *Littorina striata*, in Macaronesia (Mollusca: Gastropoda). *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 246: 69-83.

Bảng 1: Tần suất alen của 10 locut từ ba quần thể ốc hương *Babylonia areolata*. n là kích thước mẫu

Locut / alen	Quần thể		
	Thanh Hóa	Bình Thuận	Vũng Tàu
<i>Aat</i>			
(n)	33	61	36
1	1.00	1.00	1.00
<i>Acp</i>			
(n)	33	61	36
1	0.42	0.43	0.43
2	0.58	0.57	0.57
<i>Ap</i>			
(n)	33	61	36
1	1.00	1.00	1.00
<i>Gpi</i>			
(n)	33	61	36
1	1.00	1.00	1.00
<i>Idh</i>			
(n)	33	61	36
1	1.00	1.00	1.00
<i>Mdh-1</i>			
(n)	33	61	36
1	1.00	1.00	1.00
<i>Mdh-2</i>			
(n)	33	61	36
	1.00	1.00	1.00
<i>Mpi</i>			
(n)	33	61	36
1	0.18	0.12	0.11
2	0.82	0.88	0.89
<i>Pgdh</i>			
(n)	33	61	36
1	0.00	0.01	0.01
2	0.00	0.01	0.01
3	0.02	0.30	0.32
4	0.00	0.03	0.04
5	0.96	0.63	0.61
6	0.02	0.02	0.00
<i>Pgm</i>			
(n)	33	61	36
1	0.00	0.01	0.03
2	0.02	0.02	0.04
3	0.93	0.90	0.85
4	0.05	0.07	0.08

Bảng 2: Thống kê di truyền của 10 locut của ba quần thể ốc hương *Babylonia areolata*

Các chỉ số	Quần thể		
	Thanh Hóa	Bình Thuận	Vũng Tàu
Số alen trung bình/locut	1,60	2,00	1,90
Số alen trung bình / locut đa hình thái (99%)	2,50	3,50	3,25
Tỷ lệ trung bình của các locut đa hình thái	0,40	0,40	0,40
Tần suất dị hợp tử quan sát	0,103	0,123	0,144
Tần suất dị hợp tử lý thuyết	0,097	0,141	0,150

Bảng 3: Fis trong từng quần thể và Fst giữa hai quần thể của 4 locut đa hình thái. N và (*) tương ứng chỉ ra sai khác không có ý nghĩa và có ý nghĩa khi so sánh Fis và Fst với 0 ở độ tin cậy 99%**

Locut	Quần thể			Nhóm quần thể		
	Thanh Hóa	Bình Thuận	Vũng Tàu	Thanh Hóa- Bình Thuận	Thanh Hóa- Vũng Tàu	Bình Thuận- Vũng Tàu
<i>Acp</i>	0,022 ^N	0,002 ^N	-0,062 ^N	-0,011 ^N	-0,014 ^N	0,010 ^N
<i>Mpi</i>	-0,207 ^N	0,171 ^N	0,169 ^N	0,002 ^N	0,006 ^N	-0,012 ^N
<i>Pgdh</i>	-0,007 ^N	0,081 ^N	0,109 ^N	0,205 ^{**}	0,257 ^{**}	-0,010 ^N
<i>Pgm</i>	-0,036 ^N	-0,072 ^N	-0,004 ^N	-0,004 ^N	0,013 ^N	-0,001 ^N