

북태평양 서식 연어의 계군 분석

윤문근* · Syuiti Abe** · 정희제*

* 국립해양생물자원관, ** 북해도대학교

Genetic stock identification of Chum salmon in the Pacific Rim

Moongeun Yoon*† · Syuiti Abe** · Hee-Je Jeong**

* National Marine Biodiversity Institute of Korea, ** Hokkaido University

요 약 : 우리나라로 회귀하는 연어는 북태평양에서 서식하는 연어 중 가장 넓은 영역에 분포하고 있으며, 경제적으로 매우 중요한 어류로서 이들의 자원관리를 위한 유전학적 연구가 활발히 진행되고 있다. 특히, 베링해와 북태평양 지역은 연어의 주 성장지로서 인접국가에서 산란된 연어들이 혼재되어 있어 국가별 연어의 계군을 구분할 수 있는 유전적 마커 개발 및 적용이 필요하고, 본 연구에서는 각 국가별 연어 집단에 대한 유전적 다양성, 차이점, 구조 및 인구통계학적 연구를 통한 유전학적 특징을 밝히고, 베링해와 북태평양 지역에서 성장하고 있는 연어의 국가별 계군의 분포와 이동 양상을 제시하려 한다.

핵심용어 : 북태평양, 연어, 계군분석, 분자마커

ABSTRACT : Chum salmon, *Oncorhynchus keta*, has received considerable attention in recent years for population genetic studies due to its broad geographic distribution and high commercial importance in North Pacific fisheries. The Bering Sea and North Pacific Ocean provide major feeding habitats for various salmon stocks originating from Japan, Russia and North America. Chum salmon are a dominant pelagic fish in the Bering Sea during summer and their numbers fall when they moved in coastal areas to spawn. Population genetic data for chum salmon that can serve as a baseline for stock identification studies are scarce. In this review, we describe recently developed molecular markers and discuss their use in the study of genetic population structure of chum salmon in the Pacific Rim. In addition, we review previous genetic studies focused on the assessment of stock compositions in mixed chum salmon aggregations in the Bering Sea and North Pacific Ocean.

KEY WORDS : Pacific Rim, Chum salmon, Genetic stock identification, Molecular marker