

황해산 참조기(*Pseudosciaena polyactis* Bleeker)의 mitochondrial DNA 분석

황규린 · 이영철 · 장정순* · 허회권

인하대학교 이과대학 해양학과 · *인하대학교 의과대학 생화학교실

Mitochondrial DNA Analysis of the Small Yellow Croaker (*Pseudosciaena polyactis* Bleeker) in the Yellow Sea

Gyu-Lin HWANG, Yong-Chul LEE, Chung-Soon CHANG*
and Hoi-Kwon HUE

Department of Oceanography, College of Natural Sciences, Inha University

*Department of Biochemistry, College of Medicine, Inha University

To investigate the population differences of small yellow croaker (*Pseudosciaena polyactis* BLEEKER) in the Yellow Sea, five catching sites (three from China; Zoushan, Shanghai and Qingdao, two from Korea; Inchon and Mokpo) were selected for sampling. The populations of small yellow croaker from all five catching sites were investigated to analyze their mtDNA's restriction fragment length polymorphism (RFLP) using 18 kinds of restriction enzymes. The average molecular size of the entire mtDNA was estimated at 16.9 ± 0.6 kb. According to the results of RFLP analysis, a total of 40 restriction sites were identified in every population surveyed and the overall cleavage patterns of mtDNA, based on the RFLP, showed similar tendencies. However, the five restriction enzymes such as *ApaI*, *EcoRI*, *PstI*, *SmaI* and *SstII* showed slightly different cleavage patterns which could have resulted from individual variations between the populations of Korea and China.

序 論

水産資源學(fishery dynamics) 측면에서 지속적 인 수산자원 어획고의 조절은 어획 대상해역의 水産生態, 1차 生産量 및 水系地理學(hydrography)의 이해와 관리에 있다고 하겠다. 여기서 대상생물의 연구단위는 個體群(population), 또는 系群(stock) 이 된다.

초기 학자들은 몇가지 形態形質의 차이만을 대 상으로 하였는데 이 방법은 고전적인 것으로 脊椎

骨數, 지느러미 살수, 각 부위별 비율의 차이 등을 비교하여 집단 식별에 이용하였다(Schmidt, 1909; Le Gall, 1935; Fukuhara *et al.*, 1962; Royce, 1964). 그러나 같은 계군이라 할지라도 棲息環境에 따라 일부 형태적 차이가 있을수 있기 때문에 형태적 형질만에 의한 계군 식별에는 많은 어려움이 內在 되어 있다.

이러한 어려움을 해결하고자 種分化 문제나 分類上 어려운 종의 遺傳的 近緣關係의 해석에 分子 生物學的 方法論이나 기타 生化學的 또는 免疫學

본 연구는 1992년에서 1993년까지 인하대학교에서 수행된 허회권 박사의 박사후과정 연구의 일부임.

的方法을 많이 이용하고 있으며, 수산자원학에는 Sick(1961)가 電氣泳動法을 도입한 이래 어류의 개체군 單位를 정의하는데 널리 利用되고 있다(Jamieson and Jones, 1967; Ligny, 1969; Jamieson, 1970). 上記 방법을 이용하는 γ -taxonomy는 그 중에서도 電氣泳動法 및 同位酵素의 다형현상(isozyme polymorphism)을 이용한 방법이 많이 사용되고 있으며(Day *et al.*, 1974; 양서영, 1983; 김익수의, 1985), 최근에는 mitochondrial DNA (mtDNA)에 대한 분석이 매우 效果的으로 이용되고 있다(Avise *et al.*, 1979, 1984; Lansman *et al.*, 1982a; Kessler and Avise, 1985). mtDNA는 일반적으로 核 DNA에 비해 매우 작은 크기(약 15~20kb)의 二重環狀構造로 몇몇 종류의 制限酵素를 처리시켜 얻은 restriction fragment length polymorphism(RFLP)을 분석함으로써 생물군의 進化的 類緣關係를 推定할 수 있으며(Lansman *et al.*, 1982b; Berg and Ferris, 1984; Avise, 1986; Avise *et al.*, 1987) 이러한 mtDNA는 일반적으로 核 DNA보다 빠른 진화속도(evolutionary rate)의 특징을 갖으므로(Brown *et al.*, 1979) 種內, 集團內, 集團間, 近緣種間 그리고 sympatric 지역의 雜種형성의 기원 등을 연구하는데 광범위하게 도입되고 있다(Spolsky and Uzzell, 1984; Bermingham and Avise, 1986; Wallis and Arntzen, 1989).

수산생물을 대상으로 mtDNA RFLP를 이용한 연구로 Avise *et al.*(1984)은 *Lepomis*屬에 속하는 sunfish에서 intraspecific divergence가 있음을 보고하였고, 이외에도 무지개 송어류인 *Salmo clarki*, *S. gairdnerii* 및 *Salvelinus*屬(Gyllensten *et al.*, 1985; Wilson *et al.*, 1985) 등과 태평양 연어인 *Oncorhynchus*屬(Thomas *et al.*, 1986), 또한 *Alosa sapidissima*(Bentzen *et al.*, 1988)에 대한 연구가 있다.

참조기(*Pseudosciaena polyactis*)는 황해 남쪽과 東支那海 서부에서 잡히는 商業的으로 매우 중요한 底棲魚類(demersal species)로 黃海 混合群, 江蘇群, 浙江群으로 구분되어진다(Yamada *et al.*, 1986). 韓國에서는 1940年代에서 1950年代 初에 최고 漁獲量을 기록하였고 그 후 급격히 감소하여 이에 대한 관리가 요구되고 있다.

本 研究에서는 위에 열거한 여러 연구에서 입증된 실험적 根據를 중심으로 한국내 인천 및 목포 지역과 중국 연근해 지역(Qingdao, Shanghai, Zoushan)을 선정하여 그 지역에서 서식하는 참조기 mtDNA의 제한효소 절편양상을 분석하여 種內 유전적 변이를 밝히고 이를 이용한 黃海 棲息 참조기

각 집단에 대한 비교를 실시하고자 하였다.

材料 및 方法

本 연구에 이용된 시료의 채집은 黃海產 참조기 중 한국의 인천 및 목포 해역과 중국 연근해의 Qingdao(113漁區), Shanghai(142漁區) 및 Zoushan(184漁區) 해역을 대상으로 실시하였으며 채집 일시, 장소 및 개체수는 Fig. 1과 같다. 중국의 시료는 中國科學院 海洋研究所의 도움으로 채집하였고, 채집된 시료는 dry ice로 급속냉동시킨 다음 실험실로 운반하여 실험에 사용하였다.

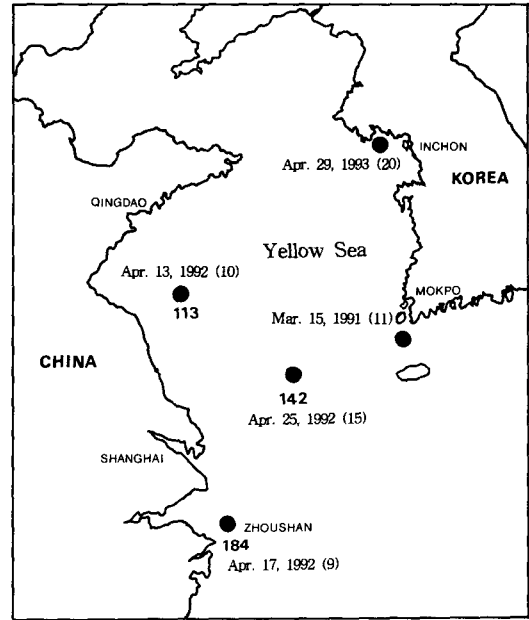


Fig. 1. Map showing the sampling sites and dates. Numbers in the parenthesis indicate total number of individuals from each sites.

mtDNA의 추출은 Mulligan and Chapman(1989)의 방법을 응용하여 실시하였다. 실험실로 운반된 시료의 卵(egg)을 신선하게 摘出하여 조직 20g에 30ml의 cold TEK buffer(50mM Tris, 10mM EDTA, 1.5% KCl, pH 7.5)를 넣어 마쇄한 다음 1,000×g에서 20분간 2회 遠心分離하여 핵과 mitochondria를 분리 하였다. 원심분리후 얻은 上等液을 다시 12,000×g에서 50분간 원심분리한 다음 沈澱物인 mitochondria를 再 遠心分離하였다. 이 침전물을 TEK

buffer에 浮遊시켜 NP-40을 1% 되게 부가한 후 4℃에서 30분간 방치하여 mitochondria의 막을 파괴하였다. 이것을 다시 12,000×g에서 10분간 원심분리한 후 상등액에 同量의 TE saturated phenol을 넣어 5분간 방치한 뒤 원심분리(12,000×g, 2')하여 단백질을 침전시키고 상등액을 PC(phenol : chloroform=1 : 1)용액으로 처리한 후 동일조건으로 원심분리하여 단백질을 완전히 제거하였다. 이후 chloroform과 isoamyl alcohol(24:1, V/V)을 첨가하여 원심분리 후 殘留 phenol을 제거시켰다. 이 상등액에 cold ethyl alcohol(95%)를 1:2 비율로 넣고 -20℃에서 하룻밤 放置시킨 다음 12,000×g에서 15분간 원심분리하여 mtDNA를 얻었다. 이상과 같이 준비된 mtDNA에 적량의 TE buffer(10mM Tris, 0.5 mM EDTA, pH 8.0)를 넣고 분주 보관(-20℃)하여 실험에 사용하였다.

이후 six base recognition endonuclease인 *ApaI*, *BamHI*, *BclI*, *BglI*, *BstEII*, *ClaI*, *EcoRI*, *KpnI*, *NciI*, *NcoI*, *PstI*, *PvuII*, *SacI*, *SmaI*, *SstI*, *SstII*, *XhoI* 및 *XbaI* 등 18종의 制限酵素를 이용하여 적절한 온도에서 mtDNA를 digestion 시켰다.

電氣泳動은 0.8% agarose gel을 사용하였으며 (pH 8.05, TEA buffer : 40mM Tris, 20mM sodium acetate, 2mM EDTA, 18mM NaCl), ethidium bromide로 染色 후 U.V. light 하에서 寫眞撮影 하였다. Marker로는 *HindIII*로 절단한 λDNA를 사용하였다.

結 果

mtDNA의 restriction fragment length polymorphism(RFLP)를 이용한 계군분석을 위하여 한국의 2지역과 中國의 3지역에서 채집한 참조기의 mtDNA를 분석한 전기영동상을 marker DNA의 분자량과 비교 분석하여 얻은 각 지역의 제한효소별 切片의 분자량은 Table 1과 같다.

18종의 제한효소에 의한 절편 양상은 5개 지역이 기본적으로 모두 동일하였으며(A type), *ApaI*, *EcoRI*, *PstI*, *SmaI* 및 *SstII*에서 일부 집단간 또는 집단내 차이를 보였다(B type).

*ApaI*으로 처리한 인천지역 참조기 mtDNA 절편 양상을 보면 7.5kb, 5.2kb, 2.3kb 및 1.7kb의 4개의 절편을 갖는 A type과 9.3kb, 6.8kb의 2개의 절편을 갖는 B type이 동시에 나타났으며 나머지 지역은 모두 A type만을 보이고 있다(Fig. 2). *EcoRI*에 의한 절편양상에서는 중국의 184, 113 및 142 漁區가

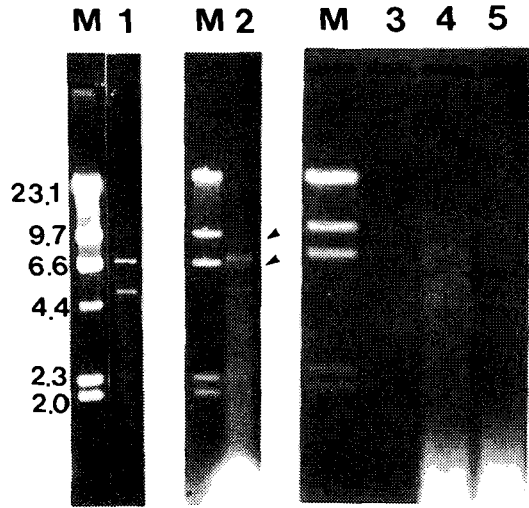


Fig. 2. Electrophoretic patterns of mtDNA restriction fragments digested with *ApaI*. Arrows indicate the differences of the Inchon population which are considered as a "B" type in Table 1. Marker is λDNA digested with *HindIII*(unit; kb). (M; marker, 1; Mokpo, 2; Inchon, 3; site 184, 4; site113, 5; site142)

동일하게 각각 7.5kb, 5.4kb와 3.8kb의 3개의 절편을 갖는 A type과 11.5kb와 5.4kb의 2개의 절편을 갖는 B type이 관찰되었으며 한국 2집단은 모두 A type만을 보였다(Fig. 3). *PstI*에 의한 절편양상은 한국

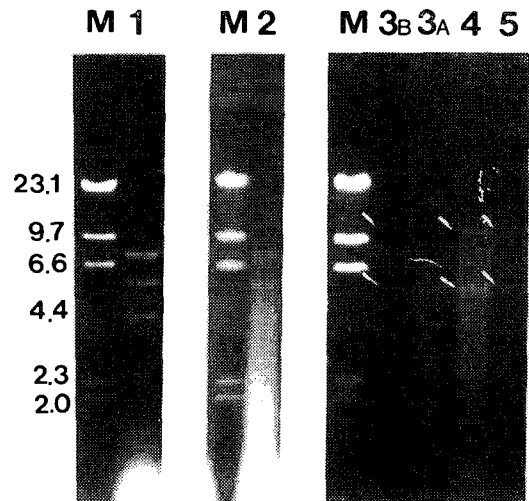


Fig. 3. Electrophoretic patterns of mtDNA restriction fragments digested with *EcoRI*. Arrows indicate the differences of the Chinese populations which are considered as a "B" type in Table 1. Marker is λDNA digested with *HindIII*(unit; kb). (M; marker, 1; Mokpo, 2; Inchon, 3; site 184, 4; site113, 5; site142)

Table 1. Molecular sizes estimated from restriction fragments using the mtDNA of small yellow croaker in the Yellow Sea. In each study locations, "-" means that fragment size of B type is equal to that of A type
(1; Mokpo, 2; Incheon, 3; site184, 4; site113, 5; site142)

LOCAL ENZYME	1		2		3		4		5	
	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B
<i>ApaI</i>	7.5	-	7.5	9.3	7.5	-	7.5	-	7.5	-
	5.2	-	5.2	6.8	5.2	-	5.2	-	5.2	-
	2.3	-	2.3		2.3	-	2.3	-	2.3	-
	1.7	-	1.7		1.7	-	1.7	-	1.7	-
	16.7	-	16.7	16.1	16.7	-	16.7	-	16.7	-
<i>BamHI</i>	no	-	no	-	no	-	no	-	no	-
<i>BclI</i>	12.0	-	12.0	-	12.0	-	12.0	-	12.0	-
	2.6	-	2.6	-	2.6	-	2.6	-	2.6	-
	1.6	-	1.6	-	1.6	-	1.6	-	1.6	-
	1.4	-	1.4	-	1.4	-	1.4	-	1.4	-
	17.6	-	17.6	-	17.6	-	17.6	-	17.6	-
<i>BglI</i>	9.0	-	9.0	-	9.0	-	9.0	-	9.0	-
	4.0	-	4.0	-	4.0	-	4.0	-	4.0	-
	1.7	-	1.7	-	1.7	-	1.7	-	1.7	-
	1.5	-	1.5	-	1.4	-	1.5	-	1.5	-
	16.2	-	16.2	-	16.2	-	16.2	-	16.2	-
<i>BstEII</i>	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-
	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-
<i>ClaI</i>	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-
	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-
<i>EcoRI</i>	7.5	-	7.5	-	7.5	11.5	7.5	11.5	7.5	11.5
	5.4	-	5.4	-	5.4	5.4	5.4	5.4	5.4	5.4
	3.8	-	3.8	-	3.8		3.8		3.8	
	16.7	-	16.7	-	16.7	16.9	16.7	16.9	16.7	16.9
<i>KpnI</i>	13.7	-	13.7	-	13.7	-	13.7	-	13.7	-
	3.3	-	3.3	-	3.3	-	3.3	-	3.3	-
	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-
<i>NciI</i>	8.7	-	8.7	-	8.7	-	8.7	-	8.7	-
	3.3	-	3.3	-	3.3	-	3.3	-	3.3	-
	3.3	-	3.3	-	3.3	-	3.3	-	3.3	-
	15.3	-	15.3	-	15.3	-	15.3	-	15.3	-
<i>NcoI</i>	11.0	-	11.0	-	11.0	-	11.0	-	11.0	-
	5.9	-	5.9	-	5.9	-	5.9	-	5.9	-
	16.9	-	16.9	-	16.9	-	16.9	-	16.9	-
<i>PstI</i>	9.9	18.0	9.9	18.0	9.9	-	9.9	-	9.9	-
	7.7		7.7		7.7	-	7.7	-	7.7	-
	17.6	18.0	17.6	18.0	17.6	-	17.6	-	17.6	-
<i>PvuII</i>	8.5	-	8.5	-	8.5	-	8.5	-	8.5	-
	6.5	-	6.2	-	6.2	-	6.2	-	6.2	-
	2.2	-	2.2	-	2.2	-	2.2	-	2.2	-
	17.2	-	17.2	-	17.2	-	17.2	-	17.2	-
<i>SacI</i>	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-
	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-
<i>SmaI</i>	13.5	-	13.5	-	13.5	-	13.5	-	13.5	-
	3.3	-	3.3	8.0 5.0 3.3	3.3	-	3.3	-	3.3	-
	16.8	-	16.8	-	16.8	-	16.8	-	16.8	-
<i>SstI</i>	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-
	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-	17.0	-
<i>SstII</i>	6.4	11.0	6.4	11.0	6.4	-	6.4	-	6.4	-
	4.4		4.4		4.4	-	4.4	-	4.4	-
	3.7	3.7	3.7	3.7	3.7	-	3.7	-	3.7	-
	1.8	1.8	1.8	1.8	1.8	-	1.8	-	1.8	-
	16.3	16.5	16.3	16.5	16.3	-	16.3	-	16.3	-
<i>XbaI</i>	12.8	-	12.8	-	12.8	-	12.8	-	12.8	-
	3.7	-	3.7	-	3.7	-	3.7	-	3.7	-
	16.5	-	16.5	-	16.5	-	16.5	-	16.5	-
<i>XhoI</i>	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-
	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-	17.5	-

의 인천과 목포지역에서 각각 9.9kb, 7.7kb의 A type과 18.0kb의 단일 절편을 보이는 B type이 관찰되었으나 중국의 3집단은 모두 A type만을 보이고 있다(Fig. 4). 한편 *Sma*I의 경우에는 인천집단

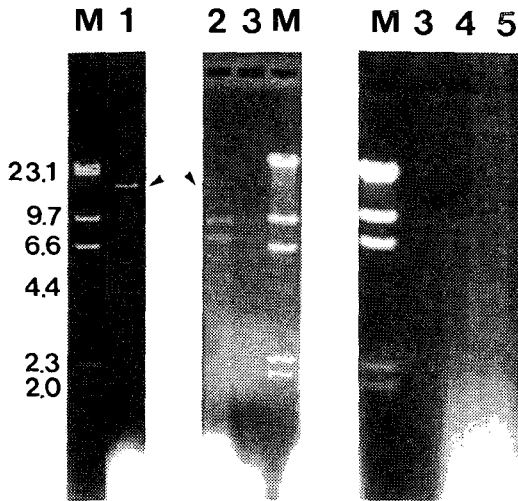


Fig. 4. Electrophoretic patterns of mtDNA restriction fragments digested with *Pst*I. Arrows indicate the differences of the Mokpo and Incheon population which are considered as a "B" type in Table 1.

Marker is λ DNA digested with *Hind*III(unit; kb). (M; marker, 1; Mokpo, 2; Incheon, 3; site 184, 4; site113, 5; site142)

만이, *Sst*II에 의한 양상에서는 한국의 목포, 인천 집단만이 A type과 B type의 두가지 절편양상을 보이고 나머지 집단은 모두 동일한 A type을 보이고 있다(Fig. 5, Fig. 6).

본 연구에서 처리된 18 종류의 제한효소중 *Bst*II, *Cla*I, *Sac*I, *Sst*I 및 *Xho*I에 의한 참조기 mtDNA의 절편양상은 1개의 제한효소 인식부위를 갖는 것으로 나타났으며(Table 1), *Bam*HI의 認識部位는 5지역 모두 나타나지 않았다. 본 연구에서 18종의 제한효소에 의한 5개 지역의 참조기 mtDNA RFLP에서 1개 이상의 절편을 갖는 전체 절편수는 A type의 경우 총 40개이며, B type의 경우 집단간 차이를 보여 목포 38개, 인천 37개, 중국 3집단 모두 39개의 절편수를 보였으며 조사지역 참조기 mtDNA의 평균 분자량은 16.9 ± 0.6 kb 이었다.

考 察

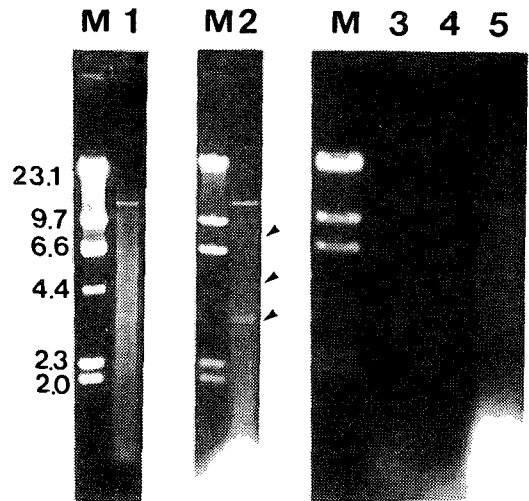


Fig. 5. Electrophoretic patterns of mtDNA restriction fragments digested with *Sma*I. Arrows indicate the differences of the Incheon population which are considered as a "B" type in Table 1. Marker is λ DNA digested with *Hind*III(unit; kb). (M; marker, 1; Mokpo, 2; Incheon, 3; site 184, 4; site113, 5; site142)

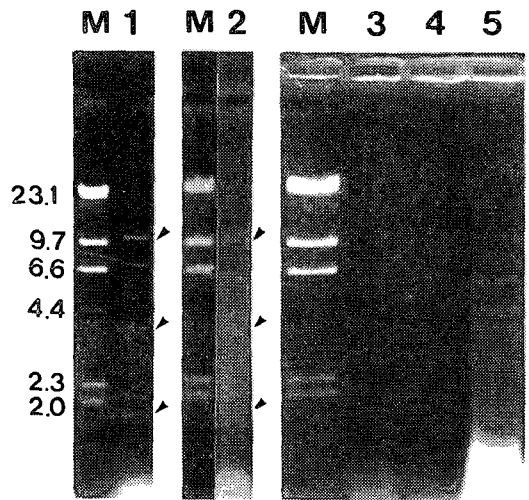


Fig. 6. Electrophoretic patterns of mtDNA restriction fragments digested with *Sst* II. Arrows indicate the differences of the Mokpo and Incheon population which are considered as a "B" type in Table 1.

Marker is λ DNA digested with *Hind*III(unit; kb). (M; marker, 1; Mokpo, 2; Incheon, 3; site 184, 4; site113, 5; site142)

Mulligan과 Chapman(1989)은 미국 Chesapeake 灣에서 서식하고 있는 white perch(*Morone americana*)의 mtDNA를 이용하여 분석한 결과 3개 계군이 존재함을 발견하였고 특이지역의 경우 계군의 혼합현상이 일어나고 있으며, 한개의 개체가 여러 개의 서로 다른 切片 多型化 현상을 포함하고 있는 heteroplasmy 현상을 나타내고 있음을 보고한 바 있다. 그러나 본 연구에서 관찰된 B type의 경우는 heteroplasmy보다는 시료의 양이 적은 관계로 여러 개체를 혼합하여 사용한 결과로 나타난 個體變異 일 가능성과 부분적인 절단의 가능성이 모두 존재한다고 생각된다. *ApaI* 제한효소에 의한 인천지역 참조기의 절편양상 B type에서 9.3kb와 6.8kb의 절편은 A type의 7.5kb와 2.3kb 절편 및 5.2kb와 1.7kb 절편의 각각의 합과 분자량이 비슷하여 A type이 부분적으로 cleavage 되었거나 切斷 認識部位에 變異가 있는 개체가 混在되어 있을 가능성도 있으며, *SmaI* 제한효소의 경우에도 인천지역의 B type 절편양상이 8.0kb, 5.0kb 및 3.3kb로 나머지 4개 지역과 비교했을 때 유일하게 B type이 있는 것으로 보아 위와 같은 理由인 것으로 사료된다. 한국의 목포와 인천에서만 B type이 나타난 *PstI*, *SstII* 제한효소의 경우나 *EcoRI* 제한효소에 의한 중국의 3개 지역 참조기의 B type의 11.5kb 절편은 A type의 7.5kb와 3.8kb 절편의 합과 분자량이 비슷하여 유사한 결과로 생각되며 이는 個體別 分析 등으로 더 연구되어야 할 과제라고 생각된다.

분석된 황해산 참조기 mtDNA의 평균 분자량은 16.9 ± 0.6 kb로 이미 연구된 다른 어류군과 유사하였다(Billington and Hebert, 1991).

이상의 결과에서와 같이 한국 및 중국 연근해의 5개 지역에서 채집된 참조기 난소로부터 얻은 mtDNA의 제한효소 절편 양상은 몇가지 제한효소에서 記述한 것과 같은 特性을 갖고 있으며 이러한 결과에 미루어 볼때 한국 및 중국의 5개 지역에서의 참조기 집단의 mitochondrial DNA는 기본적으로 모두 同一한 gene을 소유한 同一 起源으로 생각되며 부분적으로 집단간 차이를 갖는 개체변이의 混在 가능성이 관찰되었다.

要 約

黃海에 서식하는 참조기(*Pseudosciaena polyactis* Bleeker) 각 계군의 遺傳的 差異點을 분석하기 위하여 중국에서 3지역(Zhoushan, Shanghai, Qing-

dao), 한국 2지역(목포, 인천)에서 채집된 참조기로부터 mitochondrial DNA(mtDNA)의 RFLP(制限酵素 切片 多型現象)를 분석하였다.

총 18종의 制限酵素를 이용하여 처리한 결과 5개 집단 모두 동일한 크기인 16.9 ± 0.6 kb의 mtDNA를 소유한 것으로 나타났으며 이는 다른 魚類群들과 유사한 크기였다. 참조기 mtDNA에 대한 RFLP 분석을 행한 결과 각 집단 마다 대략 40여개의 절편이 관찰되었고 5개 집단 모두 동일한 mtDNA 切片 樣相을 보였으나 사용된 제한효소 중 *ApaI*, *EcoRI*, *PstI*, *SstII* 및 *SmaI*에서 중국과 한국 집단내 또는 집단간 절편 양상의 차이도 관찰할 수 있었다.

참 고 문 헌

- 김익수 · 이종영 · 양서영. 1985. 한국산 황어아과 어류의 계통 분류학적 연구. 한국수산학회지 18(4):381~400.
- 양서영. 1983. 납자루 아과 수종의 유전적변이에 관하여. 생물학적연구연보, 전북대 4:25~32.
- Avise, J. C., R. A. Lansman and R. O. Shade. 1979. The use of restriction endonucleases to measure mitochondrial DNA sequence relatedness in natural populations. I. Population structure and evolution in the genus *Peromyscus*. Genetics, 92, 279~295.
- Avise, J. C., A. Bermingham, L. G. Kessler and N. C. Saunders. 1984. Characterization of mitochondrial DNA variability in a hybrid swarm between subspecies of bluegill sunfish(*Lepomis macrochirus*). Evolution, 38, 931~941.
- Avise, J. C. 1986. Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals. Phil. Trans. R. Soc. Lond, B312, 325~342.
- Avise, J. C., J. Arnold, R. M. Ball, E. Bermingham, T. Lamb, J. E. Neigel, C. A. Reeb and N. C. Saunders. 1987. Interspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. Ann. Rev. Ecol. Syst., 18, 489~522.
- Bentzen, P., W. C. Leggett and G. C. Brown. 1988. Length and restriction site heteroplasmy in the mitochondrial DNA of American shad(*Alosa sapidissima*). Genetics, 118, 509~518.
- Berg, W. J., and S. D. Ferris. 1984. Restriction en-

- donuclease analysis of salmonid mitochondrial DNA. Can. J. Fish. Aquat. Sci., 41, 1041~1047.
- Bermingham, E. and J. C. Avise. 1986. Molecular zoogeography of freshwater fishes in the southeastern United States. Genetics, 113, 939~965.
- Billington, N. and P. D. N. Hebert. 1991. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions. Can. J. Fish. Aquat. Sci., 48(suppl. 1), 80~94.
- Brown, W. M., M. George and A. C. Wilson. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. Proc. Natl. Acad. Sci., USA 76, 1967~1971.
- Day, T. H., P. C. Hillier and B. Clarke. 1974. Properties of genetically polymorphic isozyme produced by cells at the alcohol dehydrogenase locus in *D. melanogaster*. Biochem. Genet., 11, 141.
- Fukuhara, F. H. et al. 1962. Continental origin of Red salmon as determined from morphological characters. Intern. N. Pac. Fish. Comm. Bull., 8, 15~109.
- Gyllensten, U., R. F. Leary, F. W. Allendorf and A. C. Wilson. 1985. Introgression between two cutthroat trout subspecies with substantial karyotypic, nuclear and mitochondrial genomic divergence. Genetics, 111, 905~915.
- Jamieson, A. and B. W. Jones. 1967. Two races of cod at Faroe. Heredity, 22, 610~612.
- Jamieson, A. 1970. Cod transferrins and genetic isolates, XII Europ. Conf. Anims. Blood Groups and Biochem., Aggreg. Warsaw, 533~538.
- Kessler, L. G. and J. C. Avies. 1985. A comparative description of mitochondrial DNA differentiation in selected avian and other vertebrate genera. Mol. Biol. Evol., 2, 109~125.
- Lansman, R. A., R. O. Shade, J. F. Shapira and J. C. Avise. 1982a. The use of restriction endonucleases to measure mitochondrial DNA sequence relatedness in natural populations. III. Techniques and potential applications. J. Mol. Evol., 17, 214~226.
- Lansman, R. A., J. C. Avise, C. F. Aquadro, J. F. Shapira and S. W. Daniel. 1982b. Extensive genetic variation in mitochondrial DNA's among geographic populations of the deer mouse, *Peromyscus maniculatus*. Evolution, 37, 1~16.
- Le Gall, J. 1935. Le hareng *Clupea harengus* Linne les populations de l'Atlantique Nord Est. Ann. Inst. Ocean, Monaco, 15:215.
- Ligny, W. 1969. Serological and biochemical studies on fish population. Oceanogr. Mar. Biol., 7, 411~513.
- Mulligan, T. J. and R. W. Chapman. 1989. Mitochondrial DNA analysis of Chesapeake Bay White Perch, *Morone americana*. Copeia, 3, 679~688.
- Royce, W. 1964. A morphometric study of Yellow fin tuna, *Thunnus albacares* Bonnaterre, U.S. Fish and Wildlife Ser. Fish. Bull., 63, 395~444.
- Schmidt, J. 1909. The distribution of the pelagic fry and the spawning region of the Gadoids in the North Atlantic from Iceland, Rapp. Proces-Verb. Cons. Int. Explor. Mer., 10, 158.
- Sick, K. 1962. Haemoglobin polymorphism in fishes. Nature(London), 192, 894~896.
- Spolsky, G. and T. Uzzell. 1984. Natural interspecies transfer of, mitochondrial DNA in amphibians. Proc. Natl. Acad. Sci., USA 80:6942~6946.
- Thomas, W. K., R. E. Withler and A. T. Beckenbach. 1986. Mitochondrial DNA analysis of pacific salmonid evolution. Can. J. Zool, 64, 1058~1064.
- Wallis, G. P. and J. W. Arntzen. 1989. Mitochondrial DNA variation in the crested new superspecies: Limited cytoplasmic gene flow among species. Evolution, 43, 88~104.
- Wilson, G. M., W. K. Thomas and A. T. Beckenbach. 1985. Intra- and inter-specific mitochondrial DNA sequence divergence in *Salmo*: rainbow, steelhead, and cutthroat trouts. Can. J. Zool, 63, 2088~2094.
- Yamada, U., M. Tagawa, S. Kishida, and K. Honjo. 1986. Fishes of the East China Sea and the Yellow Sea. Seikai Reg. Fish. Res. Lab., Japan, 501pp.

1994년 1월 28일 접수

1994년 9월 3일 수리