

日本 海域에 棲息하고 있는 도다리, *Pleuronichthys cornutus*, 2型間의 遺傳的 分岐

박중연 · 木島 明博* · 강용주**

국립수산진흥원 어류양식과 · *동북대학 농학부 · **부산수산대학교 해양생물학과

Genetic Divergence of Two Types of Finespotted Flounder, *Pleuronichthys cornutus*, Distributed in the Japan Sea Area

Jung-Youn PARK, Akihiro KIJIMA* and Yong-Joo KANG**

*Fish Culture Division, National Fisheries Research and Development Agency,
Yongsan-gun, Kyongsangnam-do 626-900, Korea*

**Department of Fishery Science, Faculty of Agriculture,
Tohoku University, Sendai 981, Japan*

***Department of Marine Biology, National Fisheries University of Pusan,
Pusan 608-737, Korea*

In order to estimate the degree of genetic divergence between the two types of finespotted flounder, *Pleuronichthys cornutus* which is important commercially in Japan, isozyme analysis was carried out by starch gel electrophoresis.

Twenty two loci coding for fourteen enzymes were scored in two types of finespotted flounder and three completely divergent loci (*Acp*, *Idh-2* and *Mdh-2*), with no common alleles, were observed between these two types.

Nei's genetic distance between two types was 0.46592. However, the expected average heterozygosity was 0.120 in type A (Hon meitagarei) and 0.095 in type B (Bake meitagarei). These results mean that the existence of two types of finespotted flounder was established in this study which may have had genetic divergence and the divergence time of these two types may have been about 2.3×10^6 years ago.

서 론

日本 海域에 서식하고 있는 도다리는 산업적으로 중요한 魚種 중의 하나이며 分類學上 1種으로 보고되어 있다(Minami, 1972; Chen and Ötaki, 1974; Matsubara *et al.*, 1979; Nozawa and Kato, 1981). 그러나 日本 南部 鳥取縣의 어민들은 반점의 형태, 체표면의 색채, 신선도 저하 등, 가시적인 차이에 의해 Hon meitagarei와 Bake meitagarei로 구분하여 취급하고 있으며 가격면에서도 Hon meitagarei가 약 10배 비싼 것으로 나타났다. 한편

Kato와 Fujio(1979)는 仙台灣에 채집한 도다리의 표본을 이용하여 isozyme 분석을 행한 결과 2형 (Hon meitagarei; A type, Bake meitagarei; B type) 이 혼재하고 있다고 보고하였으며, Nozawa와 Kato (1981)는 2형(A, B type)간의 형태적 차이를 비교하여 2형간에 있어서 대부분의 形質에서 유의차가 존재하지 않았다고 보고하는 등 유전적인 측면과 형태적인 측면이 완전하게 일치가 되지 않아 異種으로 구별하는데 많은 어려움이 존재하였다. 동일 종 내의 변종이라 칭해지는 同胞種(sibling species) 간의 유전적 분기는 특히 淡水에 서식하고 있는

새우류에 관해서는 많은 보고가 되어 있지만(Chow and Fujio, 1985; Fidhiany *et al.*, 1988; Ikeda *et al.*, 1991) 어류에 관해서는 거의 보고가 된 바가 없으며 이들 동포종간의 遺傳的 分岐 정도는 isozyme 전기영동법에 의해 유용하게 검출될 수 있다고 보고되고 있다(Fujio, 1972; Ikeda *et al.*, 1991). 이에 본 연구는 日本 海域에 서식하고 있는 도다리 2형의 유전적 분화의 정도를 측정하기 위하여 그들의 유전적 변이성 및 유전적 거리를 측정하고 이들 2형간의 유전적 분화정도를 분기 유전자좌에 의한 진화의 관점에서 고찰하는데 그 목적이 있다.

재료 및 방법

본 연구에 사용된 도다리(*Pleuronichthys cornutus*)는 3지점에서 5 lot가 채집 되었으며 전분 gel 전기영동 분석에 사용된 조직, 완충용액 및 검출한 효소는 표1에 나타내었다.

Isozyme 효소의 염색방법은 Fujio(1984)와 Kijima 등(1988)의 방법을 개량하여 사용하였으며, 분리된 isozyme 전기영동상으로부터 유전자좌의 추정 및 대립유전자의 명명법은 Park 등(1990)에 따랐다. 또한 2형간의 유전적 분화정도를 나타내는 유전적 거리의 계산은 Nei (1972)의 방법을, 각 지역집단간의 유전적 유연 관계를 나타내는 유연도

(dendrogram)는 유전적 거리를 기초로 하여 산출하는 Sokal and Sneath (1963)의 수량분류학적 방법의 하나인 UPGMA(unweighted pair-group method using arithmetic averages)를 이용하였다.

결 과

실험에 사용된 도다리 2형에서 공통적으로 근육 조직에서 6개, 간조직에서 10개, 眼조직에서 1개 등, 총 14개의 isozyme 효소가 검출되었다. 14개의 효소중 1개의 zone으로 나타나 1개의 유전자좌로 추정된 효소는 ACP, CK, ODH, 6PGD, PGM, SDH 와 SOD의 7종이었으며 2개의 zone으로 분리되어 2개의 유전자좌로 추정된 효소는 AAT, α GPD, GPI, IDH 및 LAP의 5종이었다. 이중 2개의 유전자좌로 추정된 IDH는 채집지역 및 시기에 따라 효소활성에 큰 차이가 나타나 2개의 유전자좌로 추정을 하였으나 본 연구에서의 결과로서 사용하기는 부적합하였기 때문에 *Idh-2* 유전자좌만을 채택하였다. 한편 眼조직에서 검출된 LDH는 3개의 zone으로 나타나 3개의 유전자좌로 추정되었다.

검출된 14종의 효소중에서 1개의 subunit가 독자적으로 활성을 나타내어 1개 혹은 2개의 band로 나타내는 단량체 효소구조(monomeric enzyme structure)로서 변이를 보인 것은 PGM 효소이었으

Table 1. List of examined enzymes, tissues and electrophoretic buffer

Enzyme(abbreviation)	Used tissue	Buffer*
Aspartate aminotransferase (AAT)	muscle, liver	T-C
Acid phosphatase (ACP)	liver	T-C
Creatine kinase (CK)	liver	T-C
α -Glycerophate dehydrogenase (α GPD)	muscle, liver	T-C
Glucophosphate isomerase (GPI)	muscle, liver	T-C
Isocitrate dehydrogenase (IDH)	liver	T-C
Leucine aminopeptidase (LAP)	muscle	T-C
Lactate dehydrogenase (LDH)	eye	T-C
Malate dehydrogenase (MDH)	muscle	T-C
Octanol dehydrogenase (ODH)	liver	T-C
6-Phosphogluconate dehydrogenase (6PGD)	liver	T-C
Phosphoglucomutase (PGM)	muscle	T-C
Sorbitol dehydrogenase (SDH)	liver	T-C
Superoxide dismutase (SOD)	liver	T-C

*0.135M tris-0.043M citrate buffer (pH 7.0)

며, 서로 다른 2개의 subunit가 결합하여 1개 혹은 3개의 band로서 활성을 나타내는 2량체 효소구조 (dimeric enzyme structure)로서 변이를 보인 것은 AAT, ACP, α GPD, GPI, IDH, MDH, ODH, 6PGD 및 SOD의 9효소였다. 또한 서로 다른 5개의 subunit가 결합하여 1개 혹은 5개의 band를 보여주는 4량체 효소구조(tetrameric enzyme structure)로서 변이를

보인 것은 LDH 및 SDH 효소였다.

도다리에서 검출된 14종의 효소 중, 2형에서 공통적으로 추정된 것은 22유전자좌이었으며 이 중 2개 이상의 대립유전자를 가지는 유전자좌는 A type에서 16, B type에서는 13유전자좌에서 관찰되었다.

Table 2는 도다리 2형에서 나타난 유전자 빈도를

Table 2. Allele frequencies in each sample batches of finespotted flounder, *Pleuronichthys cornutus*

Locus	N	Hachinohe 70	Haragama- I 50	Haragama- II 27	Haragama- III 23	Hyogo 45
<i>Aat-1</i>	A	0.036	0	0.037	0	0.011
	B	0.957	1.000	0.963	1.000	0.978
	C	0.007	0	0	0	0.011
<i>Aat-2</i>	A	1.000	1.000	0.981	0.022	0.044
	B	0	0	0.019	0.978	0.956
<i>Acp</i>	A	0	0	0	0.130	0
	B	0	0	0	0.870	0.800
	C	0	0	0	0	0.200
	D	0.950	0.960	0.944	0	0
	E	0.050	0.040	0.056	0	0
<i>Ck</i>	A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	<i>αGpd-1</i>	A	0.007	0.010	0	0
<i>αGpd-1</i>	B	0.993	0.990	1.000	0.100	0.011
	C	0	0	0	0.867	0.867
	D	0	0	0	0.033	0.122
	<i>αGpd-2</i>	A	0.515	0.570	0.519	0.174
<i>αGpd-2</i>	B	0.471	0.410	0.444	0.826	0.867
	C	0.014	0.020	0.037	0	0
	<i>Gpi-1</i>	A	0.007	0.025	0	0
B		0.899	0.900	0.889	0	0
C		0.094	0.075	0.111	0.848	0.856
D		0	0	0	0.152	0.133
E		0	0	0	0	0.011
<i>Gpi-2</i>	A	0.807	0.890	0.778	0.957	1.000
	B	0.193	0.110	0.222	0.043	0
<i>Idh-2</i>	A	0	0	0	1.000	1.000
	B	1.000	1.000	1.000	0	0
<i>Lap-1</i>	A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Lap-2</i>	A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Ldh-1</i>	A	0	0	0	0.022	0
	B	1.000	1.000	1.000	0.978	0.989
	C	0	0	0	0	0.011

Table 2. continued

Locus	N	Hachinohe 70	Haragama-I 50	Haragama-II 27	Haragama-III 23	Hyogo 45
<i>Ldh-2</i>	A	0.193	0.256	0.389	0.848	0.955
	B	0.800	0.732	0.611	0.152	0.034
	C	0.007	0.012	0	0	0.011
<i>Ldh-3</i>	A	0.993	1.000	1.000	1.000	1.000
	B	0.007	0	0	0	0
<i>Mdh-1</i>	A	1.000	1.000	0.981	1.000	1.000
	B	0	0	0.019	0	0
<i>Mdh-2</i>	A	0	0	0	1.000	1.000
	B	1.000	1.000	1.000	0	0
<i>Mdh-3</i>	A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Odh</i>	A	0.007	0.030	0.021	0	0
	B	0.993	0.960	0.916	1.000	1.000
	C	0	0.010	0.063	0	0
<i>6PGd</i>	A	0	0	0.037	0.022	0.044
	B	0	0.010	0	0.978	0.956
	C	0.609	0.590	0.666	0	0
	D	0.087	0.050	0	0	0
	E	0.297	0.300	0.278	0	0
	F	0.007	0.020	0.019	0	0
<i>Pgm</i>	A	0	0	0	0	0.011
	B	0	0	0	0	0.011
	C	0	0	0	0.304	0.256
	D	0.029	0.020	0.019	0.696	0.722
	E	0.964	0.960	0.962	0	0
	F	0.007	0.020	0.019	0	0
<i>Sdh</i>	A	0.235	0.214	0.185	0.023	0.033
	B	0.765	0.786	0.815	0.795	0.923
	C	0	0	0	0.182	0.044
<i>Sod</i>	A	0.993	0.960	0.962	1.000	1.000
	B	0	0.020	0.019	0	0
	C	0.007	0.020	0.019	0	0

나타낸 것이다. 총 22유전자좌 중 2형에 있어서 주 대립유전자가 다른 분기유전자좌(divergent loci)는 *Aat-2*, *Acp*, *Gpi-1*, *aGpd-1*, *Idh-2*, *Ldh-2*, *Mdh-2*, *6PGd* 및 *Pgm*의 9유전자좌 이었으며, 이들 중 3유전자좌(*Acp*, *Idh-2*, 및 *Mdh-2*)는 공통의 대립유전자를 가지지 않는 완전분기유전자좌(complete divergent loci)로 나타났다.

도다리의 2형에서 나타난 유전적 변이는 Table 3에 표시하였다. A형의 3집단과 B형의 2집단에서 나타난 변이유전자(P; 주 대립유전자의 빈도가 0.95 이상)의 비율은 평균 0.273(0.227-0.318)과 0.205(0.182-0.227)로 A형에서, 다형변이유전자좌(P*; 주 대립유전자의 유전자 빈도가 0.95 이하)는 평균 0.288(0.273-0.318)과 0.295(0.273-0.318)로 B형

Table 3. Genetic variability in each sample batches of the finespotted flounder, *Pleuronichthys cornutus*

	Hachinohe	Haragama- I	Haragama- II	Haragama- III	Hyogo
P ^a	0.318	0.227	0.273	0.182	0.227
Mean			0.273		0.205
P ^b	0.273	0.273	0.318	0.318	0.273
Mean			0.288		0.295
P+P ^c	0.591	0.500	0.591	0.500	0.500
Mean			0.561		0.500
He ^d	0.115	0.113	0.131	0.102	0.087
Mean			0.120		0.095
A/L ^e	1.9	1.9	1.9	1.6	1.8
Mean			1.9		1.7

^a Proportion of variant loci.

^b Proportion of polymorphic loci.

^c Proportion of variant loci including polymorphic loci.

^d Average heterozygosity.

^e Average number of alleles per locus.

에서 높은 수치를 나타내었다. 또한 이들 2종류의 변이유전자좌를 합친 총유전적 변이(P+P*)는 A형이 평균 0.561(0.500-0.591), B형이 평균 0.500이었으며 유전자 빈도로부터 구한 평균 이형접합체율(average heterozygosity)의 기대치는 각각 0.120(0.113-0.131)과 0.095(0.087-0.102)로 나타나 전체적으로 A형이 B형보다 높은 변이성을 나타내고 있음을 알 수 있었다.

2형에 있어서 유전적 분화의 정도를 밝히기 위하여 22유전자좌의 대립유전자 빈도를 이용하여 각 lot간의 유전자 빈도의 차의 검정(t-test)과 Nei의 유전적거리를 구하였다(Table 4). T-test의 결과

집단내에 있어서는 A형의 각 lot간이 평균 1유전자좌, B형의 2 lot간이 평균 3개의 유전자좌에서 유의한 차를 나타내었다(95% 유의수준). 한편, 2형간에서는 평균 12유전자좌에서 유의차가 나타나 동일형의 집단내에서 나타난 차이보다 현저하게 높은 값을 나타내었다. 이러한 사실은 2형간에 있어서 유전적 차이가 존재할 뿐만 아니라 동일한 집단내에서도 각각 독립된 번식구조를 형성하고 있음을 의미한다. 또한 A형보다는 B형이 보다 폐쇄적인 집단구조를 구성하고 있다는 것을 추측할 수 있었다. Nei의 유전적거리는 A형의 지역집단간에서 평균 0.00202, B형의 지역 집단간에서는 평균

Table 4. Genetic distance (below diagonal) and number of loci(above diagonal) revealing significant differences of allele frequency at the 22 loci between each pair of sample batches in the two types of finespotted flounder

	Hachinohe	Haragama- I	Haragama- II	Haragama- III	Hyogo
Hachinohe	-	1	2	12	12
Haragama- I	0.00105	-	0	11	12
Haragama- II	0.00278	0.00222	-	12	13
Haragama- III	0.46874	0.46304	0.45479	-	3
Hyogo	0.47746	0.47160	0.46121	0.00381	-

0.00381로 나타났으며, 2형간의 유전적거리는 평균 0.46592로 지역 집단간보다 현저하게 높은 분화정도를 나타내었다. 한편, 유전적 거리를 기초로 하여 각 지역 집단간의 유전적 유연도(dendrogram)를 나타낸 결과(Fig. 1), 도다리는 크게 유전적으로 다른 2 types, 즉 A형 및 B형으로 나누어졌으며 지역적인 경향성을 관찰할 수 없었다. 이상의 결과를 종합하여 계산해 보면 2형간의 유전적 분기연도는 대략 2.3×10^6 년으로 추정된다.

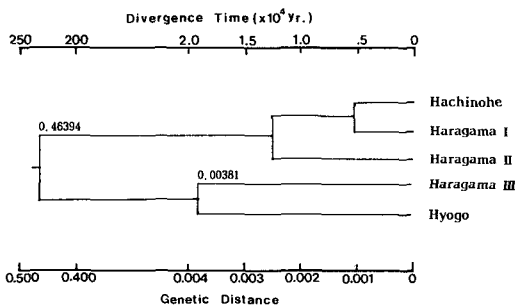


Fig. 1. Genetic relationship and divergence time in five sampling groups of two types of finespotted flounder.

고찰

최근 20년동안 많은 발전과 진보를 거듭해온 전기영동에 의한 isozyme 분석 기술로 말미암아 곤충, 어류, 조류, 척추동물을 포함한 많은 생물종의 유전적 분화와 변이성 및 분화성이 보고된 바 있다 (Nei, 1972; Ayala *et al.*, 1974; Nei and Roychoudhury, 1974; Ward and Galleguillos, 1983; Taniguchi *et al.*, 1986; Kijima and Fijio, 1990). 특히 종이나 집단의 유전적 변이성 및 분화를 연구하기 위한 가장 적합한 방법의 하나로서 isozyme 효소 전기영동법이 가장 많이 이용되고 있으며, isozyme 전기영동법에 의해 측정되는 유전적 분화의 정도는 가장 대표적으로 Nei의 유전적 거리(genetic distance; D)가 이용되고 있다. Nei (1975)는 많은 동물종의 유전적 거리를 조사하여 종간에는 1.0, 종내에는 0.1이라는 평균값을 보고하였으며 해산어류에 관해서는 Fujio (1984)가 10목 103종의 어류로부터 조사한 결과 동속 이종간에서는 평균 0.388임을 보고하였다. 한편, 가자미속에 관한 보고를 살펴보면 Park 등(1990) 및 Park 과 Kijima (1990)는 동

屬異種간인 참가자미와 문치가자미에서 평균 0.47940, 異屬異種간인 들가자미와 강도다리간에서 0.49049도 보고하면서 異屬異種간의 유전적 거리가 同屬異種간과 유사한 값을 나타낸것은 그들의 번식과정에 있어서 생태적 환경이 크게 관련하고 있다고 결론지었으며 유전적 거리가 0.5부근의 경우는 종의 단위임을 보고하였다. 이러한 결과를 본 연구에서 나온 도다리 2형간의 유전적 거리의 결과와 비교하여 보면, 2형간의 유전적 거리가 0.46394로 유전학적 관점으로 보아 種 혹은 亞種으로 분류하여도 무방하리라 생각된다. 그러나 형태학적인 차이가 거의 존재하지 않는다는 Nozawa와 Kato(1981)의 결과와 종합하여 고찰해 보면 變種 혹은 동포종으로 취급하는 것도 무리가 없으리라 판단되어진다.

종의 유전적 분화 정도는 유전적 거리(D)로서 유용하게 나타내고 있지만 유전적 거리의 개념은 종간 및 종내에 있어서 그들의 생태적 환경, 번식 조건 및 인위적 조절에 의한 양식화 등에 의해 크게 좌우되는 경우가 있다(Park *et al.*, 1990; Park and Kijima, 1990). 이에 종의 분화를 그들이 가지고 있는 분기유전자좌의 존재여부로서 보다 명확하게 구분할수 있다고 보고되어 있으며(Fidhiany *et al.*, 1988; Park *et al.*, 1990; Park and Kijima, 1990; Ikeda *et al.*, 1991; Park, 1992), 특히 Park (1992)은 isozyme 유전자에 의한 유전적 거리와 분기유전자좌의 비율을 2대립 유전자 모델을 이용하여 구한 결과를 보고하면서 종의 유전적 분화에서 종내의 경우에는 유전자 빈도의 차에 의해서, 종간의 경우에는 분기유전자좌의 존재에 의해 특징지어진다고 보고하였다. 유전적 분기에 관해 분기 유전자 좌로서 설명된 보고를 살펴보면, 어류의 경우 가자미과 어류가 보고된 바 있는데 이 자료를 살펴보면, 동속내의 이종인 참가자미와 문치가자미에서 3유전자좌, 이속 이종인 강가자미와 들가자미에서 3유전자좌가 관찰되었다고 보고하였다(Park *et al.*, 1990; Park and Kijima, 1990). 한편, 갑각류로서는 독립된 지역집단을 형성하면서 동일 종 내에서도 많은 분화를 하고 있다는 담수새우류의 보고로는 동속변종인 *Palaemon paucidens*의 2형간(A 및 B type)에서 16유전자좌 중 1개의 유전자좌(Fidhiany *et al.*, 1988), *Parutya compressa*의 2 아종간에서 19개의 유전자좌중 7개가 완전분기 유전자로 나타났다고 보고되어 있다(Iekeda *et al.*, 1991). 이러한 보고와 본 연구의 결과를 비교해보면 도다리 2형간에도 21 유전자좌 중 3개의 완전분기유전자가 관찰되어 유

전적 거리로서 나타난 異種의 수준과 일치하는 결과를 나타내었으며 갑각류의 2아종간과 거의 동일한 수준의 분기를 보여주고 있음을 추정할 수 있다.

이론적인 집단 유전학적 관점에서 볼때 유전적 분화의 정도는 격리의 정도에 의해서 결정되며 유전적 변이성은 집단을 구성하고 있는 유효한 크기에 의해서 결정된다는 가설이 세워져 있다(Kimura and Crow, 1964; Kijima and Fujio, 1990). 이러한 관점에서 살펴볼 때 도다리의 경우는 A type이 B type 보다 높은 변이율을 나타내어 그들 2형간에 있어서 번식에 관여하는 집단의 크기에 차이가 있음을 추정할 수 있다. 또한 이러한 사실을 2형에서 나타난 유전적 거리와 비교해서 살펴보면 보다 명확하게 판단할 수 있다. 2형에서 나타난 종내의 유전적 거리는 A type이 평균 0.00200, B type이 0.00381로 B type이 높게 나타났으며, 유전적 변이성은 A형이 0.120, B형이 0.095로 A형이 높게 나타났다. 이를 종합해보면, A형은 좁은 유전적 거리 및 높은 유전적 변이를, B형은 낮은 유전적 변이 및 넓은 유전적 거리를 나타낸다. 이러한 사실을 Kimura와 Crow (1964) 및 Kijima와 Fujio(1990)의 가설에 의해 고찰해보면, A type은 B type에 비해 보다 큰 번식집단(effective size)을 형성하고 있으며, 생식생태적 격리가 없고, 자유로운 번식행동을 하고 있음을 추측할 수 있다. 한편 B type은 격리에 의해 종내에서도 각각 독립된 번식구조를 형성하고 있으며 그들을 구성하는 집단의 크기도 A type에 비해 상대적으로 소규모 일 것으로 추정된다. 이상의 이론들을 종합하여 고찰해보면 A type보다는 B type이 보다 빠른 속도로 진화해 갈 것으로 추측되며 결국에는 2형간에 있어서 전 유전자 좌의 완전 분기에 의해 異種으로 進化하리라 판단 된다.

요 약

일본에서 상업적으로 중요한 어종 중의 하나인 도다리 2형간 유전적 분기의 정도를 측정하기 위하여 전분 gel 전기영동법에 의한 isozyme분석을 행하였다.

도다리 2형간에 있어서 14종의 효소를 지배하는 22유전자좌가 검출되었으며 2형간에 있어서 공통의 대립유전자를 가지고 있지 않은 완전분기는 3 유전자좌(*Acp*, *Idh-2* 및 *Mdh-2*)에서 관찰되었다.

2형간에 있어서 측정된 Nei의 유전적거리의 0.46592이었으며 2형간에 있어서 유전적 변이성의

차이를 나타내는 평균 이형 집합체율의 기대치는 A type에서 0.120, B type에서는 0.095로 나타났다. 이상의 결과로부터 2형간에 있어서 유전적으로 상호 분기되어 있었으며 그들의 분기 년도는 대략 2.3×10^6 년 前으로 추정된다.

References

- Ayala, F. J., M. L. Tracey, L. G. Barr, J. F. McDonald, and S. Perez-Salas. 1974. Genetic variation in natural populations of five *Drosophila* species and the hypothesis of the selective neutrality of protein polymorphisms. *Genetics*, 77, 343~384.
- Chen, C. and H. taki. 1974. Fisheries biology of the flog flounder *Pleuronichthys cornutus*, in the East China and the Yellow sea. *Bull. Jap. Sea Reg. Fish. Res. Lab.*, 46, 1~20.
- Chow, S. and Y. Fujio. 1985. Biochemical evidence of two types in the fresh water shrimp *Palae-man paucidens* inhabiting the same water system. *Nippon Suisan Gakkaishi*, 51, 1451~1460.
- Fidhiany, L., A. Kijima and Y. Fujio. 1988. Genetic divergence between two types in Palaeman paucidens. *Tohoku J. Agr. Res.*, 39, 39~45.
- Fujio, Y. 1984. Study on genetic characteristics of fish and shellfishes in isozyme analysis. *Nosuisho Tokubetsu Shiken*, 65 p.
- Ikeda, M., A. Kijima, and Y. Fujio. 1991. Genetic divergence between two subspecies in *Parutya compressa*(Decapoda; Atyidae). *Nippon Suisan Gakkaishi*, 58, 819~824.
- Kijima A and Y. Fujio. 1990. Genetic analysis of population structure in marine teleosts around Japan. In *isozyme: structure, function, and use in biology and Medicine*. eds. Z. Ogita and C. L. Markert, Alanlis Inc., New York, pp. 177~206.
- Kijima, A., N. Taniguchi and A. Ochiai. 1988. Genetic divergence and relationship among fifteen species of genera *Trachurus*, *Decapterus*, *Selar* and *Selaroides*. *Japan. J. Ichthyol.*, 33, 167~175.
- Kimura, M. and J. F. Crow. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49, 725~738.

- Minami T. 1982. The early life history of a flounder *Pleuronichthys cornutus*. Bull. Japan Soc. Sci. Fish., 48, 369~374.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. Amer. Natur., 106, 283-292.
- Nei, M. and A. K. Roychoudhury. 1974. Genetic variation within and between the three major races of man, Caucasoids, Negroids, and Mongoloids. Amer. J. Hum. Genet., 26, 421~443.
- Nei, M. 1975. Molecular population genetic and evolution North-Holland, Amsterdam and New York. 288 p.
- Nozawa, M. and F. Kato. 1981. Morphological comparison of two types of flog flounder, *Pleuronichthys cornutus*, collected of Tottori Prefecture, in the Japan sea. Bull. Jap. Sea Reg. Fish. Res. Lab., 32, 1~8.
- Park, J. Y., A. Kijima and Y. Fujio. 1990. Genetic differentiation and variability between and within brown sole and marbled sole in the genus *Limanda*. Tohoku J. Agr. Res., 41, 9~23.
- Park, J. Y. and A. Kijima 1990. Genetic variability and differentiation within and between stone flounder(*Kareius bicoloratus*) and the starry flounder(*Platichthys stellatus*). Tohoku J. Agr. Res., 41, 69~81.
- Park, J. Y. 1992. The inter-species difference of isozyme gene and mitochondrial DNA in pleuronectid species. Ph. D. Dissertation. Tohoku University, Japan, 133 p.
- Sokal, R. R. and P. H. A. Sneath. 1963. Principles of numerical taxonomy. 1st ed. W. H. Freeman and Co., San Francisco, CA, 312 p.
- Taniguchi, M., M. Fujita and M. Akazaki. 1986. Genetic divergence and systematics in sparid fish from Japan. In Indo-pacific fish biology: proceeding of the second International Conference on Indo-Pacific Fishes, eds. T. Uyeno, R. Arai, T. Taniuchi and K. Matsuura, Ichthyological society of Japan, Tokyo, pp. 849~858
- Ward, R. D. and R. A. Galleguillos. 1983. Biochemical systematics and genetic variation in flatfish of the family Pleuronectidae. In protein polymorphism: Adaptive and taxonomic significance, EDS. G. S. Oxford and D. Rollinson, eds. Academic Press, New York, pp. 165~178.

1994년 3월 11일 접수

1994년 5월 7일 수리