

한국산 가리비과(Pectinidae: Bivalvia) 패류의 계통분류학적 연구. 동위효소 변이

김재진, 박갑만¹⁾

배재대학교 자연과학대학 생물학과, 연세대학교 의과대학 기생충학교실¹⁾

Systemetic Study on the Family Pectinidae (Bivalvia) in Korea. Allozyme Variability

Jae-Jin Kim and Gap-Man Park¹⁾

Department of Biology, PaiChai University College of Natural Sciences, Taejon 302-735, Korea

¹⁾Department of Parasitology, Yonsei University College of Medicine, Seoul 120-752, Korea

ABSTRACT

Electrophoretic analysis was carried out to elucidate genetic relationships of four Korean scallops, *Patinopecten yessoensis*, *Chlamys ferrerri*, *Chlamys swifti* and *Amusium japonicum japonicum*, and of a Chinese population of *C. ferrerri ferrerri* purchased from a market.

Glucose phosphate isomerase banding pattern was highly varied among eight loci. Three populations of *C. ferrerri ferrerri* were more closely clustered in a dendrogram within the range of Nei's genetic similarity values of 0.730-0.831. *P. yessoensis* and *Chlamys swifti* were clustered with genetic similarity value of 0.647. These two clusters were lineated at the value of 0.598. *A. japonicum japonicum* was clustered with other three species at value of 0.541.

Key words: Allozyme, Scallop, Genetic similarity, *Patinopecten*, *Amusium*, *Chlamys*

서 론

우리 나라에서도 연체동물 분야에 유전공학 기법을 응용

하여 양식에 적합한 우량품종을 개량시킴으로서 수산물 생산의 지속적인 증가를 이루려는 연구가 큰 관심사로 대두되고 있으나 그 기초적인 연구는 극히 미미하여 해산 복족류에 대한 국내 분포상에 대한 조사나 단순히 패각의 형태를 중심으로 한 분류에 관한 연구만이 진행되어 왔을 뿐 해산 이매패에 관한 분류학적 연구는 미미한 실정이다.

이러한 현실에서 양식 산업을 추진하기에 앞서 자연집단 내 야생종의 유전적 특성을 파악하는 연구가 필요하다고 생각되며 이를 위하여서는 분류군 동정과 분류체계에 대한 연구가 선행되어야 할 것이다. 아울러 유사종(근연종 또는 지리적 변종)에 대한 세포유전학적, 생화학적, 그리고 분자유전학적 연구를 통하여 계통적 유연관계를 밝히는 연구가 필요한 실정이다. 분자유전학적 연구기법을 이용한 연구로는 Rigaa *et al.*(1997)은 불란서 서해안의 3개 집단의 *Pecten maximus*를 대상으로 mitochondrial DNA의 절단 위치의 다형현상을 비교한 바 있고, Park *et al.*(1997)은 한국산 큰가리비(*Patinopecten yessoensis*)와 주문진 가리비(*Chlamys swifti*) 두 종을 대상으로 28S rDNA의 부분 염기서열을 비교한 바 있다. 전기영동에 의한 동위효소 분석방법은 형태학적 차이가 없이 유전적 격리가 일어난 자매종(sibling species)을 인식하거나(Murphy, 1988), 지역집단간의 유전적 변이와 구조를 파악하는 데(Stephen, 1974) 이용되고 있으나 한국산 가리비과 패류를 대상으로 동위효소를 분석한 연구는 아직 없다.

따라서 본 연구에서는 근래 남해안과 동해안에서 양식사업이 활발히 진행되고 있는 가리비과 패류에 대하여 계통유연관계를 밝히고자 동위효소 분석을 통하여 한국산 가리비류 종과 서식 지역 집단별로 유전자별 대립인자의 빈도를 알아보고, 이형접합자의 비율이 얼마나 되며, 각 종 또는 지역 집단간의 유전적 유사도를 구하여 근연관계를 밝히고자 하였다.

Received October 22, 1998; Accepted March 14, 1999

Corresponding author: Kim, Jae-Jin

Tel: (82) 42-520-5467; e-mail: jaejkim@mail.paichai.ac.kr

1225-3480/15108

© The Malacological Society of Korea

실험 재료 및 방법

1. 가리비의 채집과 보관

가리비는 동해안, 남해안 및 제주도에서 1997년 10월부터 1998년 5월까지 잠수부의 협조와 저인망 어선을 이용하여 각각 채집하였다(Table 1). 큰가리비(*Patinopecten yessoensis*)는 주문진에서, 주문진가리비(*Chlamys swifti*)는 강릉 사천 앞바다에서, 비단가리비(*Chlamys ferrerii ferrerii*)는 흑산도 앞바다와 강릉 사천에서 각각 채

집하였고, 현재 일반 시장에서 냉동 판매되고 있는 중국산 비단가리비를 구입하여 비교 재료로 활용하였다. 해가리비(*Amusium japonicum japonicum*)는 제주도 연안에서 채집하였다.

채집된 시료는 근육 조직을 적출하여 -80°C에 냉동 보관하였다. 보관된 조직을 homogenizer로 마쇄하고 ultrasonicator로 10초 간격으로 2-3회 sonication하여 세포막을 파괴시킨 후 12,000 rpm에서 30분간 4°C에서 원심분리하였다. 상층액을 전기영동시까지 -80°C에 냉동 보관하였다.

Table 1. Scallop specimens collected from local areas in Korea and a Chinese sample were used in this study

Species	Population	Localities collected	Date collected
Pectinidae			
<i>Patinopecten yessoensis</i>	Daepo	Chumunjin, Kangweondo	Dec. 20, 1997
<i>Chlamys swifti</i>	Sachon	Sachon, Kangneung, Kangweondo	Jan. 19, 1998
<i>Chlamys ferrerii ferrerii</i>	Huksan	Huksan island, Chollanamdo	Jan. 9, 1998
	Sachon	Sachon, Kangneung, Kangweondo	Jan. 13, 1998
	China*	China	Oct. 25, 1997
Amusiidae			
<i>Amusium japonicum japonicum</i>	Cheju	Cheju island	Oct. 19, 1997 May, 22, 1998

* Purchased the specimens imported from China at the market in Kunsan city

Table 2. Seven enzymes assayed in two different buffer systems in this study

Enzymes (EC No.)	No. loci scored	Abbreviation	Buffer system*
Alanine aminopeptidase (3.4.11.2)	1	AAP	II
Leucine aminopeptidase (3.4.11.1)	1	LAP	II
Glucose-6-phosphate isomerase (5.3.1.9)	1	GPI	II
Esterase (3.1.1.1)	2	EST	II
Glutamic-oxaloacetic transaminase (2.6.1.1)	1	GOT	I
Phosphoglucomutase (2.7.5.1)	1	PGM	I
Malate dehydrogenase(NADP); Malic enzyme (1.1.1.40)	1	ME	II

* Buffer systems are listed in Table3

Table 3. Seven enzymes assayed in two different buffer systems in this study

Buffer system	Composition			
	Electrode buffer		Gel buffer	
I. 0.155 M Tris 0.043 M Citric acid	Trizma base	16.35 g	Electrode buffer	67 ml
	Citric acid	9.04 g	D.W. upto	1000 ml
	D.W.	1000 ml		
	pH	7.0	pH	7.0
II. 0.3 M Borate	Boric acid	18.55 g	Boric acid	1.86 g
	NaOH	2.00 g	NaOH	0.48 g
	D.W.	1000 ml	D.W.	1000 ml
	pH	8.0	pH	8.5

* Reference : Shaw and Prasad(1970)

본 실험에 이용된 가리비는 채집지별로 최소 10개체 이상씩을 사용하였으나 해가리비만은 97년 10월 2개체만이 채집되었고 1998년 5월 3개체가 추가로 채집되어 5개체만 실험에 사용하였다.

2. 전기영동

전기영동은 12% starch(Sigma S-4501) gel을 이용하였다. Starch gel과 gel buffer가 담긴 플라스크를 충분히 흔들면서 끓인 후 aspirator로 기포를 제거한 후 미리 준비된 gel plate에 부어 실온에서 굳힌 후 냉장고에서 하룻밤 방치하였다.

Starch gel에 약 1 cm 간격으로 홈을 파고 전기영동 시료 50 μ l씩을 여과지에 흡입시켜 각 well에 넣은 후 4°C에서 150 volt, 50 mA로 약 5시간 동안 전기영동을 시행하였다.

전기영동이 끝나면 gel을 약 3 mm 두께로 잘라 효소별로 발색을 시행하였다. 본 실험에서 검출한 효소와 효소별로 사용된 gel buffer와 electrode buffer는 Table 2, 3과 같다.

발색은 Shaw and Prasad(1970), Wurzinger(1979) 및 Vallejos(1983) 등의 방법에 따라 관찰하고자 하는 동위효소의 substrate를 완충액과 함께 넣고 36°C에서 1-2시간 incubation한 후 증류수로 세척하고 70% glycerine 등의 고정액으로 고정한 후 주행거리를 측정하고 기록을 위하여 사진을 찍었다.

3. 동위효소의 분석

채집지별, 종별로 구분하여 전기영동상 판독 및 대립유전자 빈도 계산은 Ferguson (1980)의 방법에 따랐다.

Allele 빈도를 토대로 Nei(1972, 1978)의 방법에 따라 genetic identity와 genetic diversity를 구하고, 각 종의 분화 연대를 계산하여 계통분화를 추정하였다. 이를 위해서는 Green(1979)이 작성하고 Hillis and Cannatella (1983)가 일부 수정한 개인용 컴퓨터 프로그램을 이용하였다. 계산된 Nei's coefficient matrix를 Sneath and Sokal(1973)의 방법에 따라 UPGMA(unweighted pair-group method using arithmetic averages)로 각 집단 유전적 상호 관계를 dendrogram으로 나타내었다. 이를 위하여 Rhoif(1992)의 NTSYS-pc 프로그램을 이용하였다.

결 과

본 실험에서 관찰한 7가지 효소에 대한 평균 8개 유전자 좌의 이형접합율(heterozygosity)은 0.27-0.55로 비교적 높게 나타났다(Table 4).

AAP(Alanine aminopeptidase)는 3개의 codominant allele을 가지고 있었다. 비단가리비의 경우 allele c에서 monomprphic한 양상을 보였다.

GPI(Glucose phosphate isomerase)는 본 실험에 사용된 종 모두에서 변이가 가장 심하였다. 다만 해가리비의 경우 검출되지 않았는데, 이는 실험에 사용된 개체 수가 적었기 때문일 수도 있다.

EST-1(esterase)는 대부분 1개의 monomorphic한 염색대를 가지고 있었으며 EST-2에서는 개체별로 변이가 심하였다.

ME(malic enzyme)은 3개의 codominant allele을 가지고 있었으며, 비단가리비는 3개의 집단에서 대부분 빠른 2개의 염색대를 보인 반면, 큰가리비의 경우 1개의 (-)쪽으로 치우친 염색대를 보이는 개체들이 많았다.

LAP(leucine aminopeptidase)는 주문진가리비와 큰가리비에서는 변이가 심하지 않았으나 비단가리비에서는 채집지에 따라 변이가 심하였다.

PGM(phosphoglucomutase)는 5개의 allele이 나타났으며, 모든 실험군에서 이형접합자의 비율이 높게 나타났다.

MDH(malate dehydrogenase)는 3개의 diffuse한 염색대가 관찰되었으며 주문진가리비와 큰가리비에서는 느린 염색대가, 비단가리비에서는 3개의 allele이 비슷한 빈도로 나타났다.

Table 4를 토대로 1차적으로 Nei(1972) genetic distance와 genetic identity를 구하였고(Table 5) Rogers(1972)의 distance와 silmilarity(Table 6)를 각각 구하였다.

그 결과 주문진가리비와 해가리비가 Nei's genetic distance가 0.909로 유전적으로 가장 유연관계가 적었고 해가리비와 비교하여 큰가리비, 비단가리비 순으로 유연관계가 멀었다. 비단가리비의 경우 흑산도산과 동해안 사천산의 유전적 거리가 0.08로 가깝게 나타났으며 중국산과는 0.231의 유전적 거리를 나타내었다.

본 실험에 사용된 4종을 Nei's genetic similarity를 기준으로 UPGMA 방법으로 집괴시켜 본 결과(Fig. 1) 비단가리비 사천산과 흑산도산이 0.831로 가장 가까운 근연관계를 보였으며 중국산 비단가리비와는 0.73의 유전적 유사성을 보였다. 큰가리비와 주문진가리비는 0.647의 유사성을 보였고 이 두 종은 비단가리비와 0.595의 값으로 집괴되었다. 반면 해가리비는 나머지 3종 5집단과 유사도가 0.541로 가장 먼 유전적 유사성을 나타내었다.

고 찰

한국의 서해안과 남해안은 수심이 낮은 간척지와 갯벌이 발달하고 육지로부터 유입되는 풍부한 영양염으로 기초생산력이 높아 각종 패류 유생의 산란, 치패의 발생 및

Table 4. Allele frequencies and average heterozygocitys at eight loci in scallops

Locus	allele	<i>Chlamys swifti</i>	<i>Patinopecten yessoensis</i>	<i>C. ferreri ferreri</i>			<i>Amusium japonicum japonicum</i>
		Sachon	Daepo	Sachon	Huksan	China	Cheju
AAP	a	0.69	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	b	0.32	0.75	0.05	0.27	0.25	1.00
	c	0.00	0.25	0.95	0.72	0.75	0.00
	h	0.44	0.38	0.01	0.40	0.38	0
LAP	a	0.88	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	b	0.00	0.83	0.20	0.00	0.50	0.00
	c	0.12	0.00	0.40	0.50	0.50	0.00
	d	0.00	0.17	0.40	0.50	0.00	1.00
	h	0.21	0.28	0.76	0.50	0.50	0.00
GPI	a	0.25	0.46	0.45	0.42	0.40	N.D.
	b	0.30	0.32	0.25	0.25	0.20	
	c	0.45	0.22	0.30	0.33	0.40	
	h	0.65	0.64	0.65	0.65	0.64	0
EST-1	a	0.90	0.76	0.75	0.69	0.93	0.75
	b	0.10	0.21	0.25	0.31	0.07	0.25
	h	0.18	0.33	0.38	0.43	0.13	0.38
EST-2	a	0.67	0.75	0.14	0.08	0.14	0.00
	b	0.33	0.18	0.50	0.69	0.64	1.00
	c	0.00	0.07	0.36	0.23	0.22	0.00
	h	0.44	0.40	0.60	0.46	0.52	0.00
GOT	a	0.08	0.17	0.47	0.43	0.67	0.25
	b	0.42	0.50	0.12	0.00	0.33	0.25
	c	0.50	0.33	0.41	0.43	0.00	0.00
	d	0.00	0.00	0.00	0.14	0.00	0.50
	h	0.57	0.61	0.60	0.61	0.44	0.63
PGM	a	0.54	0.00	0.00	0.14	0.67	0.25
	b	0.08	0.29	0.07	0.36	0.33	0.25
	c	0.38	0.58	0.60	0.36	0.00	0.00
	d	0.00	0.13	0.33	0.14	0.00	0.50
	h	0.56	0.56	0.53	0.70	0.44	0.63
ME	a	0.50	0.60	0.17	0.48	0.00	0.00
	b	0.50	0.16	0.41	0.26	0.50	0.50
	c	0.00	0.24	0.42	0.26	0.50	0.50
	h	0.50	0.53	0.62	0.65	0.50	0.50
Mean H		0.44	0.43	0.52	0.55	0.44	0.27

성패의 성육장으로 적합한 장소가 많아 패류 생산에 천혜의 입지 조건을 갖추고 있다. 이러한 입지 조건 외에도 종

묘생산 기술의 발전과 식용으로서의 수요 증가로 인해 종래의 굴, 바지락, 피조개, 고막류 등이 천혜양식의 주종을

Table 5. Nei's (1972) genetic distance(above diagonal) and genetic identity (below diagonal) between six populations of scallops

Species	Population	<i>Chlamys swifti</i>	<i>Patinopecten yessoensis</i>	<i>C. ferreri ferreri</i>			<i>Amusium japonicum japonicum</i>
		Sachon	Daepo	Sachon	Huksan	China	Cheju
<i>C. swifti</i>	Sachon	-	0.420	0.657	0.574	0.594	0.909
<i>P. yessoensis</i>	Daepo	0.657	-	0.421	0.426	0.485	0.708
<i>C. f. ferreri</i>	Sachon	0.518	0.657	-	0.080	0.231	0.629
	Huksan	0.563	0.653	0.923	-	0.236	0.433
	China	0.552	0.616	0.794	0.789	-	0.581
<i>A. j. japonicum</i>	Cheju	0.403	0.493	0.533	0.648	0.559	-

Table 6. Rogers (1972) genetic distance (above diagonal) and similarity (below diagonal) between six populations of scallops

Species	Population	<i>Chlamys swifti</i>	<i>Patinopecten yessoensis</i>	<i>C. ferreri ferreri</i>			<i>Amusium japonicum japonicum</i>
		Sachon	Daepo	Sachon	Huksan	China	Cheju
<i>C. swifti</i>	Sachon	-	0.353	0.448	0.420	0.436	0.550
<i>P. yessoensis</i>	Daepo	0.647	-	0.357	0.346	0.425	0.482
<i>C. f. ferreri</i>	Sachon	0.552	0.643	-	0.169	0.270	0.434
	Huksan	0.580	0.654	0.831	-	0.271	0.398
	China	0.564	0.575	0.730	0.729	-	0.433
<i>A. j. japonicum</i>	Cheju	0.450	0.518	0.566	0.602	0.567	-

이루었으나 근래에는 남해안에서는 비단가리비, 키조개 등을, 동해안에서는 큰가리비, 꼬끼리조개 등의 인공종묘 생산 및 양식기술 개발이 성공하였거나 추진 중에 있다(Ryu, 1994).

가리비과 패류를 대상으로 연구를 시도한 이유는 근래 동해안과 남해안에서 양식이 활발히 진행되고 있는 데, 현재 가리비류는 종패를 일본에서 수입하여 양식을 하고 있는 실정인 바, 양식업의 발달로 인해 자연집단 내의 가리비류의 급격한 감소가 초래 될 수 있으며, 생물집단의 유전적 변이는 종내 또는 종간의 다양성을 유지시키는 중요한 요인 중의 하나인 데 양식으로 인한 유전적 다양성이 소실될 우려가 크기 때문에 사전에 이에 대한 조사가 절대 필요하다고 생각되기 때문이다.

그럼에도 불구하고 우리나라에서는 종 분류조차 제대로 확립되어 있지 않은 실정이다. 그 실례로 Yoo(1976)는 한국패류도감에서 가리비상과(Pectinoidea) 내의 가리비과(Pectinidae)에 국자가리비(*Pecten albicans*) 등 3종을, 일월가리비과(Amusiidae)에 해가리비(*Amusium japonicum*) 등 2종을, 국화조개과(Spondylidae)에 국화조개

(*Spondylus barbatus*) 1종을, 개가리비과(Limidae)에 개가리비(*Lima sowerbyi*) 1종 등 총 7종을 소개하였으나 Je(1989)는 '한국산 연체동물의 우리말 이름'이란 논문에서 가리비상과를 5개과 총 16종으로 분류하여 우리말 이름을 소개하고 있을 뿐 그 형태적 특징은 다루지 않아 종 분류에 어려움이 많다.

당초 연구 계획은 Yoo(1976) 도감에 소개된 모든 종을 대상으로 할 예정이었으나 2년동안 채집이 이루어진 것은 양식 중인 큰가리비와 비단가리비를 비롯하여 주문진가리비와 해가리비 4종에 불과하였다.

조사한 4종 6개 집단의 이형접합자 비율은 해가리비 집단에서 0.27로 가장 낮았는데 이는 실험에 사용된 개체 수가 채집상의 어려움으로 5개체에 불과하였기 때문일 수도 있다. 비단가리비의 경우 동해산과 서남해산 및 중국산 집단의 집단 내 이형접합자 비율이 0.44-0.55 정도로 아주 높게 나타났다. 양식을 하는 큰가리비의 경우 이형접합자의 비율이 0.44로 상대적으로 낮았다.

한국산 다슬기류의 동위 효소 변이를 관찰한 논문(Kim, 1995)에서 동위 효소와 종에 따라 이형접합자의 비율은

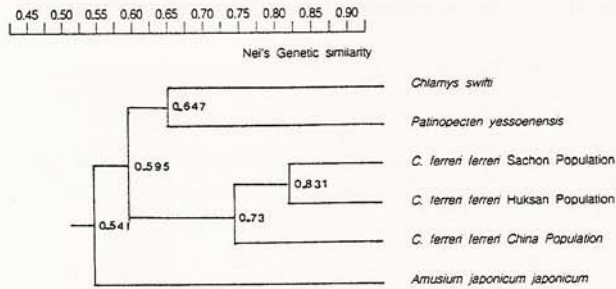


Fig. 1. A dendrogram showing genetic relationships of six populations of scallop based on Nei(1972)'s genetic similarity.

다양하여 LAP 유전자좌의 경우 *Semisulcospira libertina*에서 0.76으로 가장 높게 나타났다.

동위 효소 전기영동에 의한 유전적 유사도(genetic identity) 산정에 있어 자매종(sibling species)은 그 값이 0.626(무척추동물 0.539-0.777 범위) 정도이고 특정 종(distinct species)은 0.567(무척추동물 0.300-0.833 범위)로 보고된 바 있다(Ferguson, 1980). 본 실험에서 유전적 유사도를 비교한 결과 비단가리비 3 집단은 유사도가 비교적 높게 나타났으며, 일월가리비과의 해가리비가 나머지 3종과 유전적으로 가장 먼 근연관계를 보였다. 그러나 주문진가리비는 같은 *Chlamys* 속에 속한 비단가리비보다 큰가리비와 유사도가 더 높게 나타났다.

Lee and Kwon(1997)에 의하면 육산 달팽이류인 *Incilaria* 속의 경우 종내 유전적 유사도가 0.482-0.729로 비교적 낮게 나타났다고 하였으며, 종간에도 최저 0.387로 종내 또는 종간 변이가 심한 것으로 보고되었다.

해가리비는 채집상 애로가 많아 충분한 개체를 이용하지 못했지만 이상의 결과는 한국산 가리비 종들에 대한 유전학적 근연관계를 밝히는 단서를 제공할 것으로 기대된다.

요 약

가리비류 4종 - 큰가리비(*Patinopecten yessoensis*), 주문진가리비(*Chlamys swifti*) 비단가리비(*Chlamys ferreri ferreri*), 해가리비(*Amusium japonicum japonicum*) - 을 한국 5개 지역에서 채집하였고 중국산 비단가리비를 시장에서 구입하여 실험에 사용하였다.

총 7개 동위효소에 대한 starch gel 전기영동을 실시한 결과, 8개의 유전자좌가 관찰되었다.

이중 glucose phosphate isomerase의 경우 실험 대상 종 모두에서 변이가 가장 심하였다. Esterase-1에서는 monomorphic한 양상을 보였고 나머지 동위 효소에서는 polymorphic한 양상이 관찰되었다.

유전적 유사도는 비단가리비 3집단이 가장 가까운 관계

를 보였고, 주문진가리비와 큰가리비가 유전적으로 서로 가까운 그룹으로 분류되었다. 이 그룹과 비단가리비가 0.595의 유사도를 보였으며 해가리비가 나머지 3종과는 유사도가 0.541로 가장 멀었다.

ACKNOWLEDGMENT

The authors wish to acknowledge the financial support of the Korea Research Foundation made in the program year of 1997-1998.

REFERENCES

- Awise, J.C., 1974. Systematic value of electrophoretic data. *Syst. Zool.*, **23**: 465-481.
- Ferguson, A. (1980) Biochemical Systematics and Evolution. 193 pp, Balckie, Glasgow.
- Green, D.M. (1979) A BASIC computer program for calculating indices of genetic distance and similarity. *J. Heredity*, **70**: 429-430.
- Hillis, D.M. and Cannatella, D.C. (1983) Calculation of indices of genetic distance, genetic similarity, and average homozygosity: correction of Green's computer program. *J. Heredity*, **74**: 115.
- Je, J.G. (1989) Korean names of molluscs in Korea. *Korean J. Malacol.*, Supl. 1: 1-90. [in Korean]
- Kim, J.J. (1995) Isozyme variations of the genus *Semisulcospira* (Pleuroceridae: Gastropoda) in Korea. *Korean J. Malacol.*, **11**(2): 171-179. [in Korean]
- Kim, J.J. and Kim, S.C. (1990) Allozyme analyses of *Bithynia manchourica*, *B. misella* and *B. kiusiuensis* (Gastropoda: Prosobranchia). *Korean J. Malacol.*, **6**: 1-8.
- Lee, J.S. and Kwon, O.K. (1997) Taxonomic studies on genus *Incilaria* (Pulmonata, Philomycidae) in Korea. *Korean J. Malacol.*, **13**(1): 29-36. [in Korean]
- Murphy, R.W. (1988) The problematic phylogenetic analysis of interlocus heteropolymer isozyme characters: A case study from sea snakes and cobras. *Can. J. Zool.*, **66**: 2628-2633.
- Nei, M. (1972) Genetic distance between populations. *American Naturalist*, **106**(949): 283-292.
- Nei, M. (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals. *Genetics*, **89**: 583-590.
- Park, G.M., Jung, Y., Kim, J.J. and Chung, P.R. (1997) Comparison of nucleotide sequences of

- 28S rDNA from two viviparid species in Korea: *Cipangopaludina chinensis malleata* and *C. japonica*. *Korean J. Malacol.*, **13**(2): 91-96.
- Rigaa, A, Cellos, D. and Monnerot, M. (1997) Mitochondrial DNA from the scallop *Pecten maximus*: an unusual polymorphism detected by restriction fragment length polymorphism analysis. *Heredity*, **79**(4): 380-387.
- Rohlf, F.J. (1992) NTSYS-pc (version 1.7). Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Exeter Software, New York.
- Rogers, J.S. (1972) Measures of genetic similarity and genetic distance. *Studies in Genet.* VII. University of Texas Pub., **7213**: 145-153.
- Ryu, H.Y. (1994) Status and perspectives of shellfish production in Korea. *Korean J. Malacol.*, **10**(2): 55-56. [in Korean]
- Shaw, C.R. and Prasad, A.L.R. (1970) Starch gel electrophoresis of enzymes - A complication of recipes. *Biochemical Genetics*, **4**: 297-320.
- Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R. (1973) Numerical Taxonomy. The Principles and Practice of Numerical Classification. 573 pp., W.H. Freeman and Co., Sanfrancisco.
- Stephen, W.P. (1974) Insects. *In: Biochemical and Immunological Taxonomy of Animals.* (ed. by Wright, C.A.). pp. 303-349, Academic Press, New York.
- Vallejos, C.E., 1983 Enzyme activity staining. *In: Isozymes in Plant Genetics and Breeding, Part A.* (ed. by Tanksley, S.D. and Orton, T.J.), pp. 469-516. Elsevier, Amsterdam.
- Wurzinger, K.H. (1979) Allozymes of Ethiopian *Bulinus sericinus* and Egyptian *Bulinus truncatus*. *Malacological Review*, **12**: 51-58.
- Yoo, J.S. (1976) Korean Shells in Colour. 196 p. Il Ji Sa Publish. Co., Seoul. [in Korean]