



## RAPD 분석을 이용한 전복류의 유전적 차이 및 유연관계

박철지\*, 김현철, 노재구, 이정호, 명정인  
국립수산과학원 생명공학연구소 육종연구센터

### Genetic Divergence and Relationship among Abalone Species by RAPD Analysis

Choul-Ji Park\*, Hyun Chul Kim, Jae Koo Noh, Jeong Ho Lee and Jeong-In Myeong  
Genetics and Breeding Research Center, NFRDI, Dapo-ri, Nambu-myun, Geoje-City, Gyeongsangnam-do 656-842, Korea.

RAPD analysis was examined to estimate the availability as a genetic marker. The availability was evaluated in terms of genetic divergence and relationships among *Haliotis discus hannai*, *H. rufescens*, *H. rubra* and *H. midae* in both hemispheres of the world. In results, RAPD analysis showed a clear genetic divergence between every pair of species. However, genetic relationships among the four species estimated by RAPD analysis unreflected to geographical distribution and morphological characteristics. In conclusion, RAPD is suitable genetic markers for estimates of genetic divergence and differences among abalone species.

**Keywords:** Abalone, RAPD, Genetic Divergence, Genetic Relationship

#### 서론

전복류는 전복과(Haliotidae)에 속하여 전 세계의 열대지역을 비롯하여 온대 및 아열대의 연안에서 서식하는 종으로 예로부터 식용 및 약용으로 이용되어 주요한 수산자원으로 알려져 있다. 그러나 산업적으로 중요한 종임에도 불구하고 전복종은 아직 계통 분류학적으로 명확히 분류되어 있지 않다. 더욱이 전복종의 수도 Dauphin et al. (1989)는 30종, Lindberg (1992)는 65종, Cox (1962)는 130종 그리고 Pickery (1991)는 150종으로 보고하고 있으며 정확한 종수는 아직 확인 되어지지 않았다. 종의 식별에 혼돈을 초래하는 원인으로서는 주로 껍각에 나타나는 형태학적 특징에만 의존한 결과라 생각되어진다. 이러한 형태학적인 분류는 유전적인 요인 뿐만 아니라 환경적인 요인에 의해서도 좌우되기 때문에 형태학적인 연구 뿐만 아니라 유전학적 측면에서의 연구 필요성이 부각되어져 왔다.

전복류의 명확한 종의 식별을 위해서는 유전표식을 필요로 한다. 유전표식으로는 1970년대부터 사용해 온 allozyme을 비롯하여 mtDNA, RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), Microsatellite, SNP (Single Nucleotide Polymorphism) 및 EST (Expressed sequence tags) 등

이 개발되어져 있으며 다양한 분석을 통해 그 응용의 폭이 매우 광범위하다. 그러나 분석 대상종에 따라 각 유전표식이 나타내는 유전적 변이성의 정도 및 응용성은 차이를 나타내고 있기 때문에 분석 목적에 따라 적합한 유전표식을 사용할 필요가 있다 (Taniguchi and Takagi, 1997).

전복 종간의 유전적 차이를 나타내는 유전표식으로 allozyme이 많이 사용되어져 왔다(Hara and Fujio, 1992; Brown, 1993; Park and Kijima, 2005). 그러나 이 방법은 멀리 떨어진 종간의 비교분석이 어려우며, 미토콘드리아 DNA나 핵 DNA를 이용하여 분석한 유전적 유연관계의 결과에 있어 차이를 나타내는 경우도 있으며(Karl and Avise, 1992), DNA를 이용한 다른 유전표식보다 낮은 다양성을 나타내고 있다. 따라서 DNA를 이용한 유전표식은 전복류의 종간 및 종내의 집단간의 유전적 차이를 명확히 파악하는데 있어 필수적인 기술이다.

DNA를 이용한 유전표식 중 RAPD 분석은 무작위로 설계된 10개 정도의 염기를 primer로 이용하여 PCR을 통해 DNA의 증폭단편 길이의 다양성을 검출하는 방법이다(Williams et al., 1990, 1993). 이 방법은 DNA를 이용한 다른 유전표식과는 달리 미량의 DNA로도 충분히 분석이 가능하며 실험방법이 간편하기 때문에 최근 다양한 생물종의 유전학적 분석에 응용되어지고 있다. 또한 어류에 있어서도 종판별 및 종간의 유전적 분화에 대한 연구가 이루어지고 있다(Dinesh et al., 1993; Gonzales et al., 1996; Takagi and Taniguchi, 1995). 그러나 패류 및 전

\*Corresponding author: chouljikr@yahoo.co.kr

복류의 분류에 응용한 연구는 그다지 많지 않으며(Kim et al., 2000), 중간 및 종내의 식별에 관한 유용성 등도 명확히 파악되어 있지 않다.

본 연구에서는 *Haliotis* 종간의 계통 유전학적 유연관계를 파악함에 있어 RAPD 분석의 적합성을 파악하는 것과 동시에 유전 표식으로서의 특징 및 그 유용성을 파악하는 것을 목적으로 하였다.

## 재료 및 방법

### 실험재료

실험에 이용한 전복류는 Table 1에 나타난 5개 지역의 4종으로 북반구 2종과 남반구 2종이다. 북반구 종으로는 중간분석의 대조구 집단으로 서로 다른 2지역(일본과 중국)에서 채집한 자연산 *H. discus hannai*와 미국 캘리포니아의 자연산을 칠레로 옮겨 양식한(기원은 자연산) *H. rufescens*이다. 남반구 종으로는 호주 남부의 타스마니아 섬 연안에서 채집한 자연산 *H. rubra*와 남아메리카의 케이프타운 연안에서 채집한 자연산 *H. midae*이다. 이 실험재료는 식용으로 수입업자를 통해 수입하여 분석용 시료로 사용하였다.

### DNA 추출 및 PCR 빈용

전복류의 DNA는 각 개체의 족부근육부분 중앙에서 주사기를 이용하여 림프액을 뽑은 후 *Sepa Gene kit* (Sanko Chemicals, Tokyo, Japan)를 사용하여 추출하였다. 추출한 DNA는 TE buffer (10 mM Tris-HCl pH 8.0, 0.1 mM EDTA · 2Na)에 용해하였으며, 1일이 경과한 시료를 DNA 샘플로 사용하였다.

RAPD 분석에 사용한 primer는 Table 2에 나타난 12종류(Wako Pure Chemicals, Japan)이며, PCR 반응은 다음과 같이 실행하였다. 1) 94°C에서 1분간 pre-denaturation, 2) 93°C에서 1분, 45°C에서 2분, 72°C에서 2분으로 구성된 amplifying cycle을 35회 반복, 3) 마지막으로 72°C에서 5분 동안 extension으로 구성된 3단계의 PCR 과정을 거쳐 DNA product를 만들어 내었다. 이때 각각의 primer에 대한 상기의 PCR 과정을 통한 screening을 실시하여, 선택된 primer별로 3회 이상의 반복실험을 수행하여 재현성이 뚜렷한 것만을 유용한 primer로 결정하였다. PCR을 통하여 증폭된 DNA product는 1.2% agarose gel로 전기영동한 후 ethidium bromide (EtBr)로 염색하여 UV-illuminator에서 확인한 후, polaroid camera로 촬영하였다.

Table 2. RAPD primers used in the analysis

Primer	Sequence (5'→3')
A01	TGCACTACAACA
A02	GGCATGGGCTTT
A03	CGACGACGACGA
A04	ATCAGCGCACCA
A05	AGCAGCGCCTCA
A06	GCCAGCTGTACG
A07	TGCTCGCACCA
A08	GCCCCGTTAGCA
A09	CCGCAGTTAGAT
A10	ACTGGCCGAGGG
A11	GATGGATTTGGG
A12	TTCGGACGAATA

### Data 분석

전복류 4종간의 유전적 차이는 2개체 간에 검출된 총 증폭 단편 중 공유하지 않는 증폭단편의 비율로 나타내는 비유사도 지수(Dissimilarity index= $d$ )를 이용하였다(Gilbert et al., 1990). 비유사도지수는 다음 식에 의하여 구하였다. 비유사도 ( $d$ )= $Nab/(Na+Nb)$ ,  $Nab$ =개체 a와 개체 b의 공유하지 않는 단편 수;  $Na+Nb$ =개체 a와 개체 b의 나타난 총 단편 수의 합.

유전적 비유사도의 계산처리는 밴드의 유무에 따라 1과 0으로 수치화하여 산출하였으며, 유전적 유연관계는 이 값을 근거로 Sokal and Sneath (1963)의 수량분류학적 방법의 하나인 UPGMA (unweighted pair-group method using arithmetic averages)을 이용하여 유전적 유연도(dendrogram)를 작성하여 OTU (operational taxonomic unit)간의 유전적 유사성을 검토하였다.

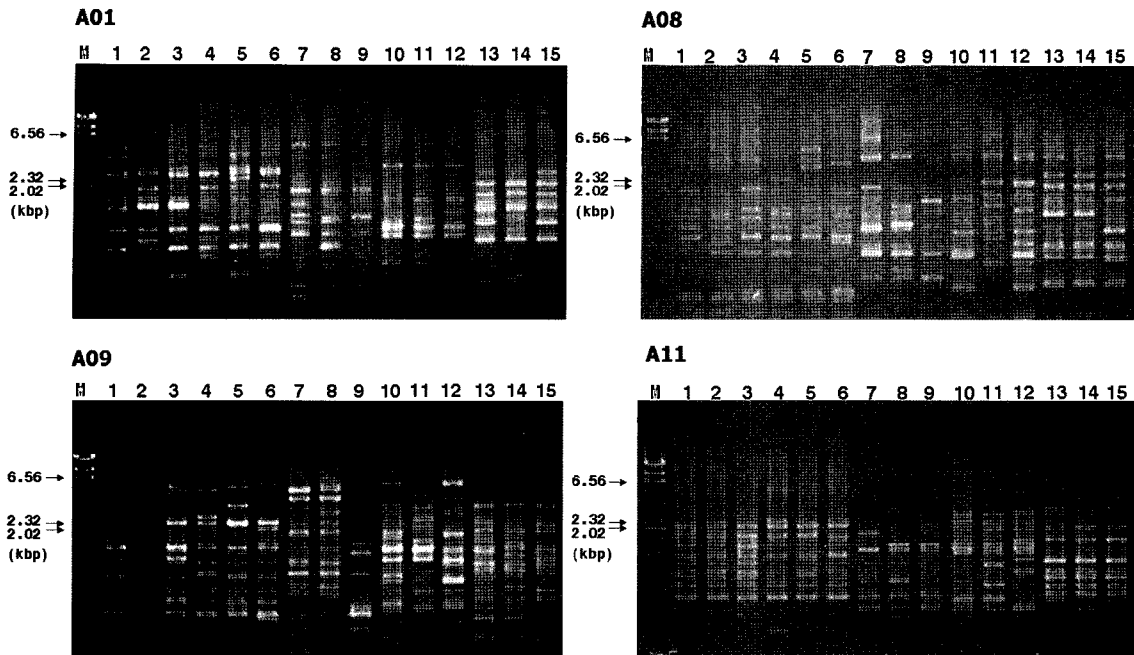
## 결 과

A01부터 A12까지 12개의 10-mer random primer를 이용하여 PCR을 수행하여 증폭단편의 유무를 조사한 결과 A01, A08, A09 및 A11 4개의 random primer로부터 DNA 증폭단편이 안정적으로 검출되어졌으며, 전체 분류군에 대하여 다형현상을 보였다(Fig. 1). 조사한 다른 8개의 primer에서는 종에 따라 DNA가 증폭되지 않거나 혹은 증폭은 되어도 DNA 단편이 안정적으로 검출되지 않아 중간 분석에는 부적합하여 분석 대상에서 제외시켰다.

전복류 4종에 대하여 각각의 primer에 의해 증폭되어진 DNA

Table 1. Collection localities and sample sizes of *Haliotis* spp.

Hemisphere	Species	Locality	No. of individuals used analyses
Northern	<i>H. discus hannai</i>	Miyagi Japan	5
	<i>H. discus hannai</i>	Qingdao China	5
	<i>H. rufescens</i>	California America	5
Southern	<i>H. rubra</i>	South Australia	5
	<i>H. midae</i>	South Africa	5



**Fig. 1.** Polymorphic band patterns of PCR products in four abalone species by four random primers, A01(A), A08(B), A09(C) and A11(D). Lane 1-3, *H. discus hannai* in Japan; Lane 3-6, *H. discus hannai* in China; Lane 7-9, *H. rufescens*; Lane 10-12 *H. rubra*; Lane 13-15, *H. midae*; M, DAN size marker.

단편은 100 bp~5,000 bp에서 주로 관찰되었으며 그 수는 primer A01에서 28개, A08에서 37개, A09에서 36개, A11에서 28개로 총 129개가 검출되었다.

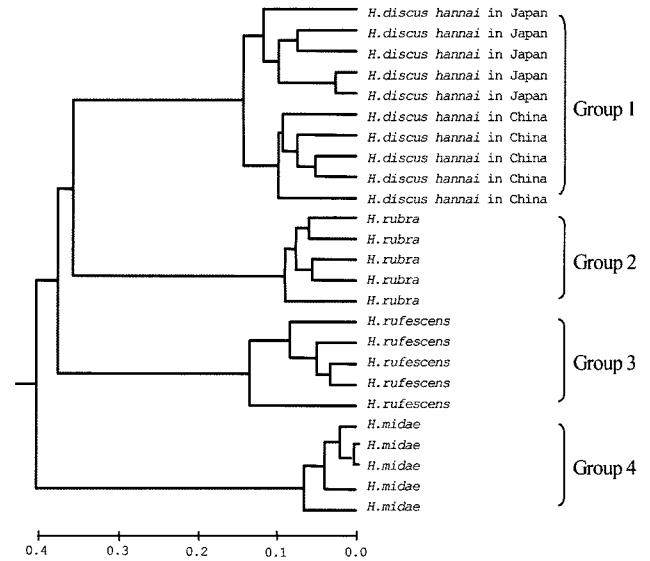
Primer A01의 경우 일본산 및 중국산의 *H. discus hannai*에서 각각 10개와 11개, *H. rufescens*에서 8개, *H. rubra*에서 8개, *H. midae*에서 6개의 DNA 증폭단편이 검출되었다. 이중 종 특이성을 가지는 증폭단편 수는 18개로 *H. discus hannai* 6개, *H. rufescens* 4개, *H. rubra* 3개, *H. midae* 5개가 각각 검출되었다.

Primer A08의 경우에는 일본산 및 중국산의 *H. discus hannai*에서 각각 15개와 17개, *H. rufescens*에서 9개, *H. rubra*에서 17개, *H. midae*에서 9개의 DNA 증폭단편이 검출되었으며 종 특이성을 가지는 증폭단편 수는 24개로 *H. discus hannai* 10개, *H. rufescens* 2개, *H. rubra* 9개, *H. midae* 3개가 각각 검출되었다.

Primer A09의 경우에는 일본산 및 중국산의 *H. discus hannai*에서 각각 14개와 15개, *H. rufescens*에서 17개, *H. rubra*에서 13개, *H. midae*에서 13개의 DNA 증폭단편이 검출되었으며 종 특이성을 가지는 증폭단편 수는 15개로 *H. discus hannai* 4개, *H. rufescens* 5개, *H. rubra* 2개, *H. midae* 4개가 각각 검출되었다.

마지막으로 Primer A11의 경우에는 일본산 및 중국산의 *H. discus hannai*에서 각각 10개와 7개, *H. rufescens*에서 9개, *H. rubra*에서 13개, *H. midae*에서 11개의 DNA 증폭단편이 검출되었으며 종 특이성을 가지는 증폭단편 수는 13개로 *H. discus hannai* 3개, *H. rufescens* 1개, *H. rubra* 5개, *H. midae* 4개가 각각 검출되었다.

전복류 종간의 유전적 차이를 알아보기 위하여 4개의 primer에 의해 증폭된 DNA단편을 모두 조합하여 전복류 4종의 모든



**Fig. 2.** Genetic relationship among four abalone species based on dissimilarity indices through four random primers combinations.

개체간의 비유사도지수 및 종간의 평균 비유사도지수를 구하여 Table 3에 나타내었다. RAPD 분석에 의한 유전적 비유사도지수행렬에 의하면, 같은 *H. discus hannai* 종내에서 일본산 및 중국산 간에 0.297로 가장 낮은 유전적 상이성을 나타내었으며, 종간에 있어서는 *H. rufescens*와 *H. midae*간이 0.885로 가장 높은 상이성을 나타내었다. 또한 모든 종간의 비유사도지수의 값은 0.7 이상의 높은 값을 나타내어 종간에 있어서는 명확한 상이성을 나타내었다.

**Table 3.** Genetic dissimilarity value between pairs of individuals (below the diagonal) and average of genetic dissimilarity value among four abalone species (above the diagonal) estimated using amplified fragments pattern detected with four random primers. Hdj, *H. discus hannai* in Japan; Hdc, *H. discus hannai* in China; Hra, *H. rufescens*; Hrb, *H. rubra*; Hms, *H. midae*

	Hdj1	Hdj2	Hdj3	Hdj4	Hdj5	Hdc1	Hdc2	Hdc3	Hdc4	Hdc5	Hra1	Hra2	Hra3	Hra4	Hra5	Hrb1	Hrb2	Hrb3	Hrb4	Hrb5	Hms1	Hms2	Hms3	Hms4	Hms5
Hdj1																									
Hdj2	0.235																								
Hdj3	0.306	0.156																							
Hdj4	0.208	0.193	0.209																						
Hdj5	0.232	0.183	0.238	0.055																					
Hdc1	0.375	0.295	0.273	0.319	0.285																				
Hdc2	0.345	0.308	0.279	0.263	0.264	0.222																			
Hdc3	0.350	0.275	0.396	0.324	0.290	0.228	0.272																		
Hdc4	0.346	0.261	0.343	0.240	0.201	0.168	0.154	0.133																	
Hdc5	0.272	0.327	0.336	0.229	0.224	0.185	0.175	0.179	0.108																
Hra1	0.811	0.848	0.821	0.851	0.845	0.760	0.796	0.793	0.827	0.752															
Hra2	0.790	0.761	0.743	0.759	0.773	0.759	0.773	0.769	0.797	0.724	0.165														
Hra3	0.835	0.803	0.783	0.772	0.796	0.837	0.876	0.829	0.866	0.821	0.386	0.294													
Hra4	0.783	0.778	0.758	0.752	0.767	0.743	0.783	0.758	0.790	0.712	0.187	0.113	0.186												
Hra5	0.778	0.771	0.749	0.745	0.758	0.737	0.780	0.754	0.786	0.708	0.173	0.094	0.256	0.068											
Hrb1	0.743	0.698	0.694	0.766	0.752	0.736	0.769	0.747	0.774	0.741	0.813	0.758	0.811	0.784	0.780										
Hrb2	0.718	0.706	0.700	0.751	0.739	0.716	0.776	0.700	0.725	0.693	0.819	0.765	0.824	0.818	0.785	0.193									
Hrb3	0.785	0.732	0.728	0.784	0.770	0.754	0.789	0.764	0.796	0.760	0.787	0.769	0.842	0.791	0.789	0.199	0.250								
Hrb4	0.758	0.736	0.728	0.784	0.771	0.775	0.808	0.787	0.818	0.784	0.832	0.775	0.808	0.802	0.797	0.125	0.157	0.161							
Hrb5	0.742	0.697	0.693	0.744	0.731	0.736	0.770	0.726	0.752	0.715	0.811	0.756	0.788	0.781	0.777	0.164	0.115	0.141	0.119						
Hms1	0.851	0.800	0.847	0.853	0.847	0.818	0.784	0.852	0.791	0.819	0.844	0.851	0.847	0.880	0.877	0.825	0.807	0.794	0.840	0.825					
Hms2	0.885	0.918	0.921	0.915	0.912	0.869	0.871	0.921	0.886	0.882	0.871	0.857	0.870	0.885	0.885	0.850	0.833	0.819	0.842	0.853	0.154				
Hms3	0.845	0.795	0.842	0.850	0.843	0.840	0.806	0.850	0.785	0.813	0.908	0.880	0.900	0.909	0.908	0.765	0.746	0.733	0.775	0.763	0.111	0.173			
Hms4	0.850	0.801	0.848	0.852	0.845	0.824	0.787	0.856	0.793	0.820	0.875	0.878	0.901	0.909	0.908	0.826	0.805	0.791	0.838	0.826	0.036	0.118	0.074		
Hms5	0.851	0.803	0.850	0.853	0.847	0.826	0.789	0.857	0.794	0.822	0.877	0.882	0.903	0.911	0.910	0.802	0.784	0.770	0.815	0.803	0.048	0.105	0.061	0.013	

다음으로 전복류의 종간의 유전적 유연관계를 알아보기 위하여 전복류 4종의 모든 개체간의 비유사도지수를 이용하여 비가중산술방식(UPGMA)에 의한 유전적 유연도를 작성하였다 (Fig. 2). 그 결과 전복류 4종은 각각 하나의 유집군을 형성하여 종간의 구분을 명확히 나타내었으며, 그 유연관계를 보면 북반구의 같은 종인 일본산 및 중국산의 *H. discus hannai*가 하나의 유집군(Group 1)을 형성하였으며, 두번째로는 남반구의 *H. rubra*가 하나의 유집군(Group 2)을 형성하여 Group 1과 유집되었다. 세번째는 북반구의 *H. rufescens*가 하나의 유집군(Group 3)을 형성하여 Group 1과 Group 2에 유집되어지고 마지막으로 남반구의 *H. midae*가 하나의 유집군(Group 4)을 형성하여 Group 1, 2, 3과 유집되어지는 결과를 나타내었다.

### 고찰

RAPD 분석은 무작위로 설계된 비교적 짧은 염기를 primer를 이용하여 증폭되어지는 DNA 증폭단편을 검출하는 방법이 기 때문에 계통 전체의 다양한 영역에 존재하는 유전표식이라 생각되어진다(Williams et al., 1990, 1993). 따라서 RAPD 분석은 유전적 변이성이 높으며 종, 아종 및 계통 등을 식별하는 연구에 많이 응용되어지고 있다.

본 연구에서는 전복류의 종간의 유전적 차이를 파악하기 위하여 RAPD 분석을 유전표식으로 사용하였다. 그 결과 각각의 primer에 의한 비유사도지수는 큰 차이를 나타내었으며, 이를 바탕으로 작성한 유전적 유연관계에 있어서도 primer별로 큰 차이를 나타내었다. 따라서 RAPD 분석에 의한 전복류의 유전적 차이를 확인하고자 할 경우에는 복수의 primer를 이용하여

분석할 필요성이 있다고 생각되어진다.

Shoji et al. (1995)은 도미과 어류 3과 6속 7종에 관하여 10 종류의 random primer를 이용하여 유전적 차이를 분석한 결과 분류학적으로 동일한 속에 속하는 종간의 비유사도지수는 0.552로 보고하고 있다. 이에 반하여 본 연구의 동속이종간의 비유사도지수는 평균 0.803로 도미과 어류에 비하여 매우 높은 값을 나타내었다. 이러한 결과는 종간의 구분을 명확히 할 수 있음을 시사하고 있다.

한편, 전복류의 유전적 유연관계를 보면, 전복류의 종 분화는 형태학적 및 생물지리학적 관점으로부터 열대지역에 있어 한정된 범위에서의 적응방산과 온대지역의 광범위한 적응방산에 의하여 나타났다고 생각되어진다(Lindberg, 1992). 즉, 본 연구에서 조사한 전복류는 대형에 속하는 종으로 광범위한 적응방산을 한 종으로 생각되어진다. 이러한 생각을 적용하면 본 연구에서 조사한 온대지역에 서식하는 대형 전복류는 지리적으로 가까운 종이 근연관계로 나타나야하며 북반구종과 남반구종이 명확히 구별되어야 한다고 생각되어진다. 따라서 형태학적 및 지리학적 분포로부터 4종간의 유전관계는 북반구 2종이 하나의 group을 형성하며 남반구 2종이 또 다른 하나의 group을 형성하여 이 두개의 group이 유집되는지는 유연관계가 기대되어진다.

Park and Kijima (2005, 2006)는 전복류 4종에 대하여 isozyme, AFLP, mtDNA COI region의 RFLP를 유전표식으로 이용하여 종간의 유전적 유연관계를 확인한 결과 모든 유전표식에 있어 북반구 종과 남반구 종이 명확히 구분되어졌으며, 형태학적 및 지리학적 분포와도 일치한다고 보고하였다. 이에 반하여 RAPD 분석의 경우에는 전복류 4종은 독립하여 하나의 group을 형성하고 있어 종의 차이는 명확히 구분할 수 있으나

종간의 유연관계에 있어서는 북반구의 *H. discus hannai*와 남반구의 *H. rubra*가 가장 가깝게 나타냄에 따라 형태학적 및 지리학적 분포와는 일치하지 않는 결과를 나타내었다. 그 이유로는 4개의 primer를 조합하였을 경우 개체식별이 가능할 정도로 유전적 변이성이 너무 높아 본 실험에 사용한 전복류와 같이 커다란 분류군에 있어서는 유전적 유연관계를 파악함에 있어 어려움이 있다고 생각되어진다.

이러한 결과는 RAPD가 전복류의 종식별에 있어서 유용한 유전표식임을 시사하고 있지만 종간의 유전적 유연관계분석에 있어서는 형태학적 및 지리학적 분포와는 일치하고 있지 않음을 시사하고 있다. 따라서 보다 작은 분류군에 속하는 종을 대상으로 유전적 유연관계분석에 대한 RAPD의 유용성을 재확인할 필요성이 있다고 생각되어진다.

## 요 약

*Haliotis*속 전복류 내에서 종간의 유전적 차이 및 유연관계를 나타내는 유전표식으로 RAPD를 사용하여 그 유용성 정도를 파악하기 위하여 북반구 2종(*H. discus hannai*와 *H. rufescens*)과 남반구 2종(*H. rubra*와 *H. midae*)을 대상으로 RAPD 분석을 행하였다. 그 결과 RAPD는 *Haliotis* 종간의 구분은 명확히 구분할 수 있는 유용한 유전표식으로 평가되었으나, 유전적 유연관계에 있어서는 형태학적 및 지리학적 분포에 따른 유연관계와는 상이하게 나타났다.

## 참고문헌

- Brown, L.D., 1993. Biochemical genetics and species relationships within the Genus *Haliotis* (Gastropoda: Haliotidae). *J. Moll. Stud.*, 59, 429-443.
- Cox, K.W., 1962. California abalones, family Haliotidae. *Fisheries Bulletin*. 118: Californian Department of Fish and Game, 133 pp.
- Dauphin, Y., J.P. Cuif, H. Mutvei and A. Denis, 1989. Mineralogy, chemistry and ultrastructure of the external shell-layer in ten species of *Haliotis* with reference to *H. tuberculata* (Mollusca: Acheogastropoda). *Bull. Geol. Instn. Univ. Upsala (NS)*, 15, 7-38.
- Dinesh, K.R., T.M. Lim, K.L. Chua, W.K. Chan and V.P.E. Phang, 1993. RAPD analysis : An efficient method of DNA fingerprinting in fishes. *Zool. Sci.*, 10, 849-274.
- Gilbert, D.A., N. Lehman, S.J. O'Brien and R.K. Wayne, 1990. Genetic fingerprinting reflects population differentiation in the California Channel Island fox. *Nature*, 344, 764-767.
- Gonzales, B.J., N. Taniguchi and S. Seki, 1996. Genetic markers for twelve species, five genera of Dragonets (Gobiesociformes: Callionymidae) revealed through random amplified polymorphic DNA (RAPD) assay. *Fish Genet. Sci.*, 23, 75-83.
- Hara, M. and Y. Fujio, 1992. Genetic relationship among abalone species. *Fish Genet. Sci.*, 17, 55-61.
- Karl, S.A. and J.C. Avise, 1992. Balancing selection at allozyme loci in oysters: implications from nuclear RFLPs. *Science (NY)*, 256, 100-102.
- Kim, S.K., J.Y. Hwan, H.S. Hyun, O.U. Sung, K.M. Hee, and O.M. You, 2000. Phylogenetic relationship among *Haliotis* spp. distributed in Korea by the RAPD analysis. *Korean J. Genet.*, 22, 43-49.
- Lindberg, D.R., 1992. Evolution distribution and systematics of Haliotidae. (in) S. A. Shepherd, M. Tenger and S. Guzman (eds), *Abalone of the World: Biology, Fisheries and Culture*. Blackwells, London, pp. 3-18.
- Park, C.J. and A. Kijima, 2005. Genetic divergence and relationship among four abalone species by isozyme and AFLP analyses. *J. Aquacult.*, 18, 252-259.
- Park, C.J. and A. Kijima, 2006. RFLP analysis of the mtDNA COI region in four abalone species. *J. Fish. Sci. Technol.*, 9, 101-106.
- Pickery, R., 1991. Chronological list of the references to the original descriptions of recent subgenera and species belonging to the family Haliotidae. *Gloria Maris*, 29, 105-118.
- Shoji, E., M. Takagi and N. Taniguchi, 1995. Genetic Relationship of Sparid Fishes by RAPD - PCR Method. *Fish Genet. Sci.*, 22, 77-82.
- Sokal, R.R. and P.H.A. Sneath, 1963. *Principles of Numerical Taxonomy*. 1st ed. W. H. Freeman and Co., San Francisco, CA, 312 pp.
- Takagi, M. and N. Taniguchi, 1995. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) for identification of three species of *Anguilla*, *A. japonica*, *A. australis* and *A. bicolor*. *Fish. Sci.*, 61, 884-885.
- Taniguchi, N. and K. Takagi, 1997. DNA polymorphisms and diversity analysis of fish population. (in) *DNA of Fish*. pp. 117-137. (in Japanese)
- Williams, J.G.K., A.R. Kugelik, K.J. Livak, J.A. Rafolski and S.V. Tingey, 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.*, 18, 6351-6535.
- Williams, J.G.K., M.K. Hanafey, J.A. Rafolski and S.V. Tingey, 1993. Genetics analysis using random amplified polymorphic DNA markers. *Methods Enzymol.*, 218, 704-740.

원고접수 : 2008년 10월 2일

심사완료 : 2008년 11월 3일

수정본 수리 : 2008년 11월 7일