

# 한국 근해 태평양난바다곤쟁이(*Euphausia pacifica*)의 유전적 개체군 구조

이보람 · 박원규<sup>1\*</sup> · 지환성 · 유효재

국립수산과학원 수산자원연구센터, <sup>1</sup>부경대학교 자원생물학과

## Genetic Population Structure of *Euphausia pacifica* in Korean Waters

Bo Ram Lee, Wongyu Park<sup>1\*</sup>, Hwan Sung Ji and Hyo Jae Yu

Fisheries Resources Research Center, National Institute of Fisheries Science, Tongyeong 56034, Republic of Korea

<sup>1</sup>Department of Marine Biology, Pukyong National University, Busan 48513, Republic of Korea

We investigated *Euphausia pacifica* population in Korean waters in 2016 By samplings for genetic structure at five stations. Three sampling stations were located in the middle of the water masses which were clustered by temperature and salinity whereas the other stations were at the boundaries of the water masses. We amplified a 566 bp region and compared it with sequences of *E. pacifica* distributed in other waters. Sequences were classified two clades, and a clade was formed in the station E. Genetic distance of station E was close to *E. pacifica* present in Bering Sea, while it was distant to *E. pacifica* present in Yellow Sea near China. In genetic analysis, seven haplotypes were formed. Hap-1 and Hap-2 were shared in all five stations, while Hap-3 was shared in station W and WS. Four independent haplotypes were present in station E. Haplotype and nucleotide diversity were the highest in station E and the lowest in station S. The  $F_{ST}$  distances between station E and other stations were the highest, but distances among other stations were low. As a result, we concluded that *E. pacifica*, which is distributed in Korean waters, has a genetic population differentiation in the East Sea (station E).

Keywords: *Euphausia pacifica*, mtDNA, Genetic population, Korean waters

### 서론

난바다곤쟁이류는 북태평양, 북대서양, 지중해 그리고 극지역에 이르기까지 다양한 해역에 86종이 보고되었으며, 한국 근해에서는 12종이 분포한다고 알려져 있다(Bucklin et al., 2007; Suh, 2012). 난바다곤쟁이류는 생활사 전체를 부유생활 하며, 이들의 분포 및 현존량은 해류나 수괴 등 다양한 해양환경에 의해 영향을 받는다(Vallet et al., 2011). 난바다곤쟁이류의 성체는 유영력을 가지고 있어 수평 및 수직적 분포를 결정할 수 있고, 유전자 흐름을 통해 유전학적 개체군 구조에 영향을 미칠 수 있다(Papetti et al., 2005). 성체는 유영력을 가지고 해류에 의해 분산이 발생하지만 유생은 유영 능력이 없어 여러 단계의 발달을 거친 후 분산이 발생하기 때문에 유생의 분산의 범위는 크지 않은 것으로 알려져 있다(Kirkwood 1996; Brierley and Brandon, 1999; Papetti et al., 2005). 태평양난바다곤쟁이, *Euphausia pacifica*는 한국, 중국 그리고 일본을 포함한 북태평양

에 우점적으로 출현하며(Mauchline and Fisher, 1969; Brinton, 1976), 한국의 서해, 동해, 남해 및 동중국해를 포함한 모든 해역에서 우점한다(Lee et al., 2021). 이들의 성체는 한국 근해에 넓게 분포하나, 유생시기에 제한적으로 분산이 이루어지기 때문에 유전적으로 차이를 보이는 개체군 구조가 형성될 가능성이 있다. 난바다곤쟁이류는 해류 및 수괴의 영향을 많이 받기 때문에 이들이 서식하는 해역의 수괴나 해류를 파악하면 이들의 유전적 개체군 사이의 차이를 파악하는데 도움이 된다(Patarnello et al., 2010). mtDNA는 모계유전으로 돌연변이 속도가 빠르기 때문에 다양한 해양생물의 유전적 개체군 분석에 널리 사용되고 있다(Papetti et al., 2005). mtDNA 분석을 이용한 국외 난바다곤쟁이류의 유전학적 연구에는 남극크릴 중 한 종인 *E. crystallorophias*의 집단 유전적 차이에 대한 연구(Jarman et al., 2002), 북서대서양과 노르웨이에 서식하는 *Meganyctiphanes norvegica*의 개체군의 유전적 차이 연구(Papetti et al., 2005)가 있다. 국내의 경우 대하의 계군분석(Hwang et al., 1997; Sung

\*Corresponding author: Tel: +82. 51.629.5928 Fax: +82. 51. 629.5931

E-mail address: wpark@pknu.ac.kr



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

<https://doi.org/10.5657/KFAS.2023.0701>

Korean J Fish Aquat Sci 56(5), 701-707, October 2023

Received 27 July 2023; Revised 12 September 2023; Accepted 11 October 2023

저자 직위: 이보람(연구원), 박원규(교수), 지환성(연구사), 유효재(연구사)

et al., 2007)과 같이 일부 갑각류의 연구만이 실시되었으며 난 바다곤쟁이류의 유전적 개체군의 연구는 전무한 실정이다. 따라서 이 연구는 한국근해에 서식하는 태평양난바다곤쟁이(*E. pacifica*)의 mtDNA의 cytochrome oxidase subunit I (COI) 영역을 분석하여 해역별 유전학적 개체군의 차이를 파악하고자 한다.

## 재료 및 방법

### 시료 채집

태평양난바다곤쟁이(*E. pacifica*)는 2016년 2월, 3월, 6월, 9월 10월 그리고 11월에 국립수산물품질관리원 탐구 21호(999 ton)를 이용하여 우리나라 동, 서, 남해 그리고 제주주변해역에서 채집되었으며 채집된 시료는 조사선에서 즉시 99% 에탄올에 고정하였다. 시료는 봉고네트(망구 80 cm, 망목 330  $\mu$ m)를 이용하여 2 knots의속도로 경사 채집하였으며 수온과 염분은 CTD (conductivity, temperature, and depth sensor; Sea Bird Electronics 9 plus; Sea-Bird Electronics, Bellevue, WA, USA)를 이용하여 관측하였다. 유전자 분석을 위한 정점은 Lee et al. (2021)을 참고하여 수온과 염분을 기준으로 station W, station S, station E 와 station WS (station W과 station S의 경계 해역), station SE (station S와 station E의 경계 해역)로 각 수괴의 해양환경에 따라 나누어 대표 정점을 선정하였다(Fig. 1). 태평양난바다곤쟁이(*E. pacifica*) (Fig. 2)는 Baker et al. (1990) 문헌을 따라 동정하였으며, 집단구조를 파악하기 위해 5개의 정점에서 30개체씩 총 150개체를 분석하였다.

### 유전자 분석

난바다곤쟁이류는 두흉부에 위를 가지고 있기 때문에 유전자 분석 시 먹이생물의 DNA를 배제하기 위해 근육조직으로 이루어진 복부(Harkins, 2006)만 분석에 사용하였으며, Exgene™ Clinic SV DNA extraction kit (Geneall, Seoul, Korea)의 매뉴얼을 이용하여 total DNA를 추출하였다.

태평양난바다곤쟁이(*E. pacifica*)의 primer를 제작하여(Table 1), mtDNA의 COI 영역을 증폭시키기 위해 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)을 실시하였다. AccuPower® PCR Premix에 genomic DNA 4  $\mu$ L를 첨가한 후 총 양이 20  $\mu$ L가 될 때까지 3차 증류수를 넣고 thermal cycler (C1000TM; Bio-Rad, Kidlington, Oxford, UK)를 이용하여 다음과 PCR을 수행하였다[Initial denaturation 94°C 2분; PCR reaction 37cycle (denaturation 94°C 30초, annealing 57°C 30초, extension 72°C 1분); final extension 72°C 5분]. PCR 완료 후 PCR product를 1.5 % Agarose gel에 주입한 후 Submarine electrophoresis system (Mupid-2plus)의 100 voltage에서 25 분 동안 전기영동 후 밴드 유무를 확인하였다. 이후 gel은 Gel documentation system (Nippon genetics) 상에서 최종 산물을

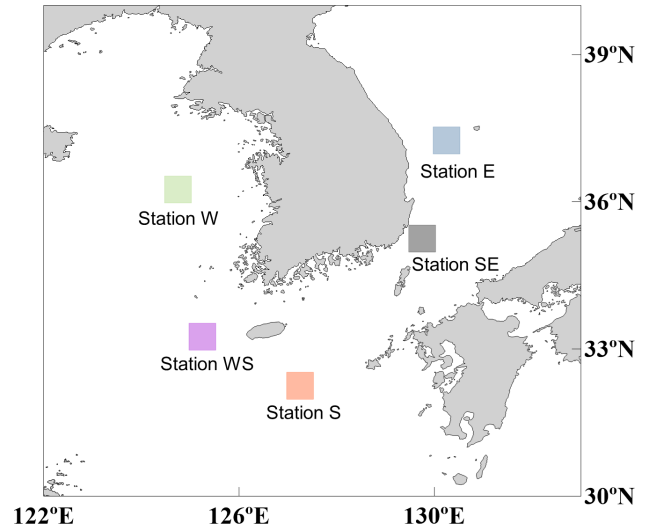


Fig. 1. *Euphausia pacifica* sampling locations for genetic analysis in Korea waters.



Fig. 2. Stereomicroscope photograph of *Euphausia pacifica*.

확인 하였다.

### 자료 분석

염기서열의 정렬은 BioEdit version 7 (Hall, 1999)의 Clustal W (Thompson et al., 1994)를 사용하여 multiple alignment를 실시하였으며 phylogenetic tree는 Neighbor-Joining (NJ) 방법을 이용하였다. Genbank에 등록된 자료를 통해 근연종간의 유전적 거리를 분석하였으며 염기서열간의 유전거리는 Mega X의 Kimura-2-parameter (Kimura, 1980)을 이용하였다. NJ tree의 신뢰도를 높이기 위해 bootstrap 1,000회를 실시하였다. 유전

Table 1. Primer sequence used for amplification

Primer	Sequence
EpCOIR	5'-GATGTCCAAAAAACCAGAATAG-3'
EpCOIF	5'-CTCAACTAATCACAAAGACATCGGC-3'

COI, Cytochrome oxidase subunit I.

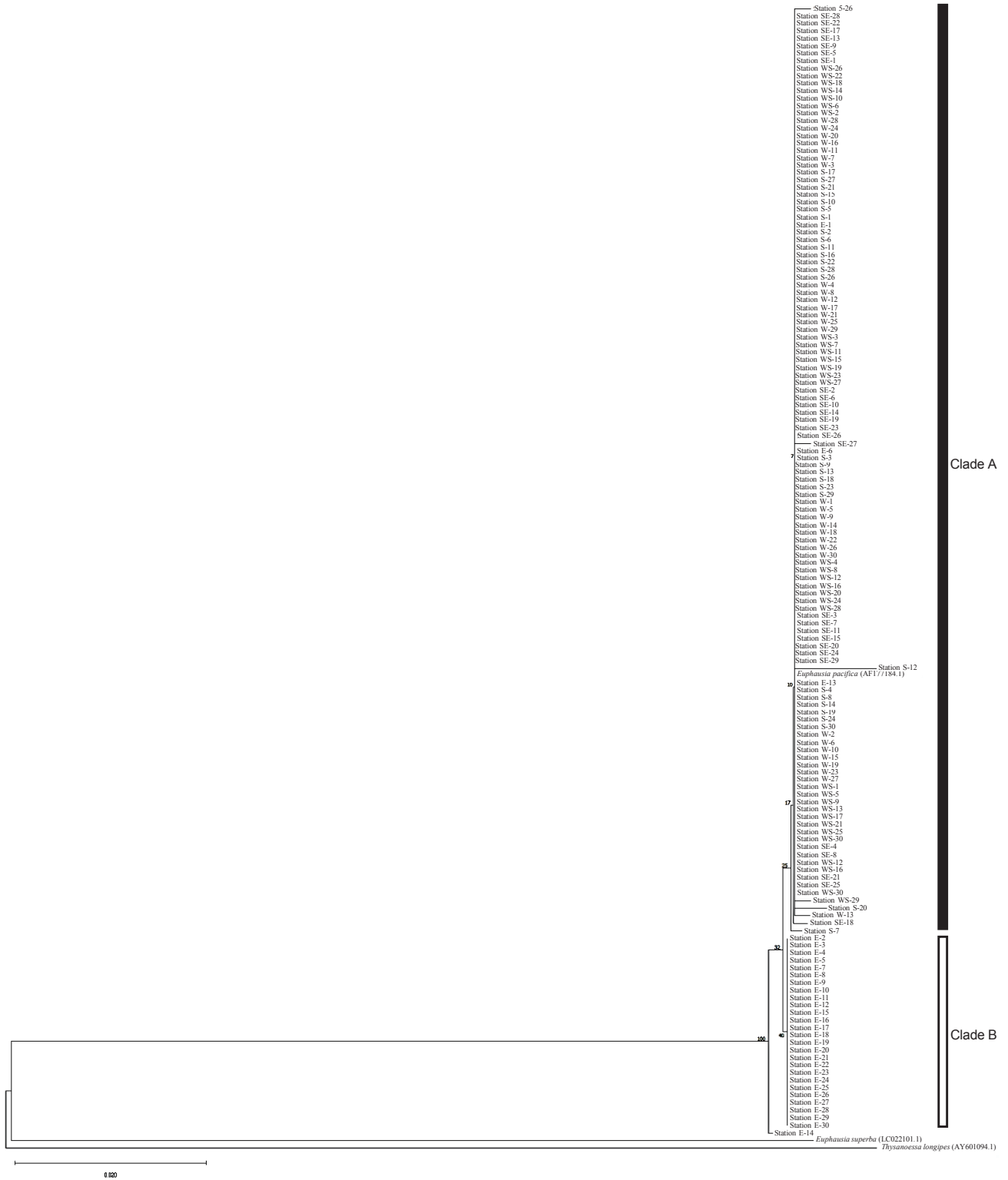


Fig. 3. Phylogenetic relationship of *Euphausia pacifica* based on mitochondrial genes. The trees were constructed by Neighbor-joining. Bootstrap values for 1000 replications are shown.

자형 다양도(haplotype diversity,  $h$ )와 염기 다양도(nucleotide diversity,  $\pi$ ) 분석을 실시하여 개체군의 유전적 다양성을 파악하였다. 유전적 차이는 pairwise  $F_{ST}$  (Arlequinversion3.5.1.2) 수치를 이용하였으며, minimum spanning network를 이용하여 haplotype network를 시각화 하였다(Popart version 1.7). 개체군의 유전적 다양성 패턴의 선택적 중립성과 개체군 평형성을 확인하기 위해 Tajima's D 값과 Fu's  $f_s$  값을 사용하였으며 (Arlequin version 3.5.1.2), demographic history는 mismatch distribution 분석을 실시하였다.

**결 과**

**집단간 유전적 거리**

mtDNA의 COI은 5개의 해역에서 각각 10개체의 염기서열을 566 bp로 증폭하여 태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*)의 유전적 거리를 분석하였다. Neighbor-Joining (NJ) Tree 결과 다른 속에 속한 종과 유전적 차이를 보이며 Genbank에 등록된 태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*)와 일치하였으며 유전자는 2개의 clade로 구분 지어졌다(Fig. 3). Clade A는 station W, station S, station WS 그리고 station SE였고 clade B는 station E가 포함되었다. Clade A와 B의 유전적 거리는 0.17-0.68%로 나타났으며, 각각의 clade 별 유전적 거리는 clade A, B 둘다 0.0-0.51%로 나타났다.

**유전적 다양성**

태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*) mtDNA의 COI은 각각의 정점 별로 30개의 개체에서 602 base pair를 얻었다. 염기서열을 분석한 결과 station W에서 3개, station S에서 3개, station E에서 6개, station WS에서 2개 그리고 station SE에서 2개의 유전자형(haplotype)이 형성되어 150개 개체에서 총 7개의 유전자형이 형성되었다(Table 2). 5개의 정점의 개체들은 Hap-1, Hap-2의 유전자형을 공유하였으며, 150개 개체에서 86개가

Table 2. Distribution of mtDNA COI haplotypes of *Euphausia pacifica*

Haplotype	Sampling stations					n	%
	Station W	Station S	Station E	Station WS	Station SE		
Hap-1	25	15	2	26	19	86	57.3
Hap-2	4	15	1	3	11	34	22.6
Hap-3	1	-	-	1	-	2	1.3
Hap-4	-	-	6	-	-	6	4.0
Hap-5	-	-	15	-	-	15	10.0
Hap-6	-	-	1	-	-	1	0.66
Hap-7	-	-	5	-	-	5	3.33

COI, Cytochrome oxidase subunit I.

Hap-1의 유전자형을 가지며, Hap-2는 34개체에서 유전자형을 가졌다. Hap-3은 station W와 station WS에서 유전자를 공유하고 있었으며 Hap-4, Hap-5, Hap-6, Hap-7은 station E에서만 나타나는 유전자형이었다. 모든 정점의  $h$ 는 station E에서 0.6989로 가장 높았고, station S에서 0.2460으로 가장 낮았다. 염기 다양도(Nucleotide diversity,  $\pi$ )는 station S에서 0.0004으로 가장 낮았고 station E에서 0.0016로 가장 높았다(Table 3). 정점 간 유전적 차이는 station E와 다른 정점에서 유의한 차이가 있었으며( $P<0.001$ ), 나머지 정점간에서는 유의한 차이를 확인할 수 없었다(Table 4).

**유전구조**

mtDNA COI을 이용하여 분석한 유전자형은 총 7개의 유전자형을 갖는 것으로 나타났으며, 많은 개체가 가지고 있는 2개의 유전자형을 기준으로 5개의 유전자형이 퍼지는 형태였다(Fig. 4). Station W와 station WS의 유전자형의 개체수가 유사하였다. Station S와 station SE에서는 2개의 유전자형이 존재하였으며, station S는 Hap-1과 Hap-2 유전자형의 비율은 비슷하였으나 station SE는 Hap-1의 유전자형의 개체수가 많았다. Station E는 총 6개의 유전자형을 가지는 것으로 나타났으며, 공통으로 가지는 유전자 형인 Hap-1과 Hap-2의 개체수는 적었고 4개의 단독 유전자형을 가지고 있었다(Fig. 5).

**집단통계학적 분석**

COI을 이용한  $\tau$ 값은 station W와 station WS에서 3.00으로 가장 높았고, 그 다음으로는 station E가 1.10였다.  $\theta_0$ 값은 모든

Table 3. Diversity of nucleotide and haplotypes based on the mtDNA COI of *Euphausia pacifica*

Station	n	N	$h$	$\pi$
Station W	30	3	0.2966±0.0989	0.000508±0.000602
Station S	30	3	0.2460±0.0978	0.000420±0.000539
Station E	30	6	0.6989±0.0687	0.001642±0.001271
Station WS	30	2	0.5172±0.0240	0.000859±0.000827
Station SE	30	2	0.4805±0.0519	0.000798±0.000790

COI, Cytochrome oxidase subunit I; N, Sample size; N, Number of haplotype;  $h$ , Haplotype diversity;  $\pi$ , Nucleotide diversity.

Table 4. Pairwise  $F_{ST}$  values for the mtDNA COI among five stations of *Euphausia pacifica*

Station	Station W	Station S	Station E	Station WS	Station SE
Station W		-	+	-	-
Station S	0.22845		+	-	-
Station E	0.64788	0.53906		+	+
Station WS	-0.03024	0.27802	0.66510		-
Station SE	0.09747	0.0230	0.56682	0.14063	

COI, Cytochrome oxidase subunit I; +,  $P<0.001$ .

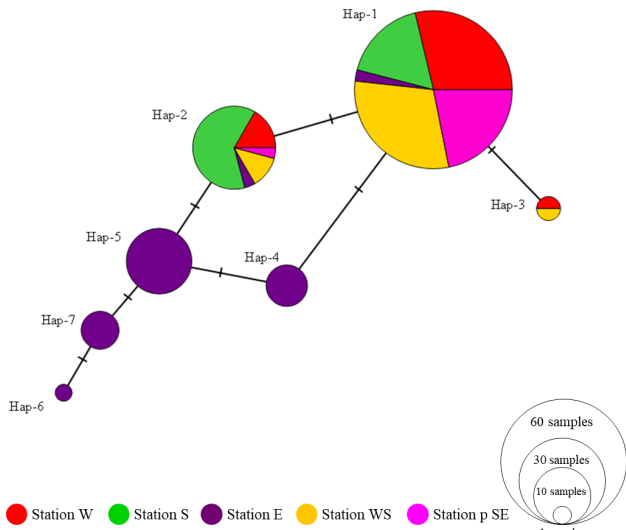


Fig. 4. A single minimum spanning tree of the mtDNA COI haplotype of *Euphausia pacifica*. Circle size reflects haplotype abundance. COI, Cytochrome oxidase subunit I.

정점에서 모두 0이었지만,  $\theta_1$ 은 station S, station E, station SE에서 99999.0으로 높게 나타났다. Tajima's D는 station S와 station SE를 제외하고 다른 정점에서 음의 값을 나타내었으나 유의하지 않았다. Fu's의  $F_s$  값 역시 station S와 station SE를 제외하고 다른 정점에서 음의 값이었으나 유의하지 않았다(Table 5).

**고 찰**

개체군에 대한 이해는 생태학적 특성 연구를 통한 생활사, 형태학적, 표지방류 그리고 유전적 연구방법이 있다(Kim et al., 2013). 유전적 연구를 통한 유전학적 개체군은 제한된 공간 내에서 분포하는 개체들이 생식을 통해 유전자를 교환함으로써 일정한 유전자 조성을 가지는 개체들의 집단이다(Hart and Clark, 1997). 다양한 해양 생물의 유전적 개체군을 연구하는데 mtDNA는 많은 연구에서 사용되고 있으며, mtDNA는 모계유

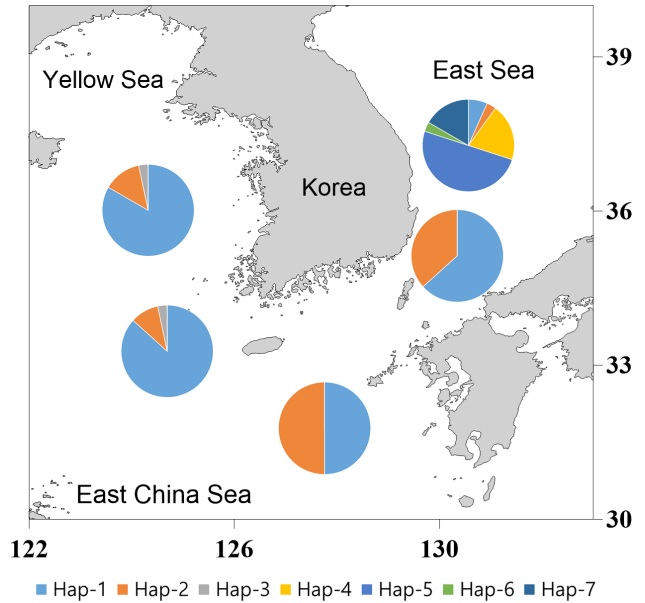


Fig. 5. Haplotype distribution *Euphausia pacifica*.

전으로 돌연변이 속도가 빠르기 때문에 유전적 다양성을 비교하기에 적합하다(Papetti et al., 2005). 특히 COI은 염기서열상의 결실과 삽입이 거의 없기 때문에 유전적 특성을 연구하는데 많이 이용되고 있으며(Nopriawansyah et al., 2019), mtDNA를 이용한 난바다곤쟁이류의 유전적 개체군 연구를 통해 발견되지 않았던 유전적 분화를 입증하였다(Bucklin et al., 1997).

유전적 개체군은 해류와 지류에 영향을 받고 성체의 이동에 의해 유전자가 흐름에 영향을 미친다(Aksnes and Blindheim, 1996; Bucklin et al., 2000). 한국 근해에서 서식하는 태평양 난바다곤쟁이(*E. pacifica*)는 20°C이하의 저수온을 선호하며, 해류에 따라 분포에 차이가 있다고 알려져 있다(Lee et al., 2021). 서해는 저수온으로 알려진 Western Korea Coastal Water (2-18°C)가 연안을 따라 흐르고, 서해의 남쪽에는 저층에서는 5-13°C의 Yellow Sea bottom cold water가 존재한다(Chen, 2009). 동해는 1-7°C의 North Korean cold water가 북쪽에서 남쪽으로 흐르고 있다(Oh and Suh, 2006). 따라서 저수온을 선

Table 5. Molecular diversity by sampling stations of *Euphausia pacifica*

Station	n	N	Tajima's D		Fu's		Mismatch distribution		
			D	P	$F_s$	P	$\tau$	$\theta_0$	$\theta_1$
Station W	30	3	-0.81	0.21	-0.86	0.16	3.00	0.00	0.44
Station S	30	3	1.63	0.97	1.71	0.75	0.80	0.00	99,999.0
Station E	30	6	-0.05	0.54	-1.68	0.12	1.10	0.00	99,999.0
Station WS	30	2	-1.02	0.17	-1.21	0.14	3.00	0.00	0.35
Station SE	30	2	1.41	0.93	1.56	0.69	0.72	0.00	99,999.0

N, Sample size; N, Number of haplotype. Tajima's D and Fu's  $F_s$ , corresponding P value, and mismatch distribution parameter estimates for each lineage were indicated



호하는 태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*)는 해류의 영향을 받아 고수온의 쿠로시오 난류를 경계로 동해(clade B)와 서해, 남해, 남해-서해 경계해역 그리고 남해-동해 경계해역(clade A)로 나뉘어 분포하는 것으로 판단된다.

h와 염기 다양도 분석을 통해 개체군의 진화를 추정할 수 있다. 염기 다양도가 높고 유전자형이 낮은 경우 병목현상 이후 급격한 팽창이 발생하였으며, h와 염기 다양도가 낮은 경우 병목현상이 발생한 것으로 추정할 수 있다(Grant and Bowen, 1998). 북서대서양의 *M. norvegica*는 h와 염기 다양도가 각각 0.445와 0.005로 낮아(Papetti et al., 2005) 병목현상이 발생한 것으로 추정할 수 있다. 또한 이 연구에서도 station E를 제외하고 h가 0.517 이하였으며 염기 다양도도 0.00859로 h와 염기 다양도가 낮아 최근에 개체군내에서 병목 현상이 발생된 것으로 판단된다.

Pairwise  $F_{ST}$  값은 개체군의 분화 정도를 나타내며 집단 분화의 정도에 따라 3가지로 나눌 수 있다.  $F_{ST}$  value가 <0.05이면 little differentiation,  $F_{ST}$  value가 0.05–0.25이면 moderate differentiation,  $F_{ST}$  value가 >0.25이면 very great differentiation로 구분된다(Wright, 1965). 이 연구에서 station E는 다른 4개의 정점들과 유의한 차이가 있으며, very great differentiation로 판단된다. 해양 갑각류의 mtDNA COI의 돌연변이 비율은 100만년 당 1.4%이다(Guerao et al., 1994). 이를 기준으로 갑각류에 속하는 태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*)의 팽창 연대를 추정 한 결과 65,000년 전에 팽창이 발생한 것으로 추정된다. 베링해 및 태평양에서 유입된 *E. pacifiaca*가 마지막 빙하기를 거치면서 해수면 하강으로 인해 동해와 남해가 분리되어(Myoung et al., 2016) station E (동해) 분포하는 태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*)는 서해와 남해 그리고 동중국해에 분포하는 태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*)와 유전적 개체군 분화가 발생되었을 것으로 판단된다. 남바다곤쟁이류는 상업어종의 주요 먹이원으로서 다양한 연구가 수행되고 있으며, 남극 및 일본에서 조업이 이루어지고 있다. 특히 남극 크릴(*E. superba*)은 조업의 증가와 환경변화로 인해 국제 위원회에 의해 관리되고 있다(Nicol and Foster, 2016; Kim, 2009). 따라서 본 연구는 상업어종의 주요 먹이원인 태평양남바다곤쟁이(*E. pacifica*)의 수괴에 따른 유전학적 개체군 구조를 파악하여 남바다곤쟁이 보전에 기초자료를 제공할 수 있으며 나아가 상업 어종의 자원관리에 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

## 사 사

이 논문은 2023년 국립수산과학 수산과학연구사업(R2023001)의 지원을 받아 수행된 연구입니다.

## References

Aksnes DL and Blindheim J. 1996. Circulation patterns in the

North Atlantic and possible impact on the population of *Calanus finmarchicus*. *Ophelia* 44, 7-28. <https://doi.org/10.1080/00785326.1995.10429836>.

- Baker AC, Boden BP and Brinton E. 1990. A Practical Guide to the Euphausiids of the World. Natural History Museum Publication, London, U.K., 96.
- Brierley AS and Brandon MA. 1999. Potential for long-distance dispersal of *Euphausia crystallorophias* in fast current jets. *Mar Bio* 135, 77-82. <https://doi.org/10.1007/s002270050603>.
- Brinton E. 1976. Population biology of *Euphausia pacifica* off southern California. *Fish Bull* 74, 733-762.
- Bucklin A, Smolenack SB, Bentley AM and Wiebe PH. 1997. Gene flow patterns of the euphausiid, *Meganyctiphanes norvegica*, in the NW Atlantic based on mtDNA sequences for cytochrome b and cytochrome oxidase I. *J Plankton Res* 19, 1763-1781. <https://doi.org/10.1093/plankt/19.11.1763>.
- Bucklin A, Wiebe PH, Astthorsson OS, Gislason A, Allen LD and Smolenack SB. 2000. Population genetic variation of *Calanus finmarchicus* in Icelandic waters: Preliminary evidence of genetic differences between Atlantic and polar populations. *ICES J Mar Sci* 57, 1592-1604. <https://doi.org/10.1006/jmsc.2000.0957>.
- Bucklin A, Wiebe PH, Smolenack SB, Copley NJ, Beaudet JG, Farber-Lorda J and Pierson JJ. 2007. DNA barcodes for species identification of euphausiids (Euphausiacea, Crustacea). *J Plankton Res* 29, 483-493. <https://doi.org/10.1093/plankt/fbm031>.
- Chen CTA. 2009. Chemical and physical fronts in the Bohai, Yellow and East China Sea. *J Mar Syst* 78, 374-410. <https://doi.org/10.1016/j.jmarsys.2008.11.016>.
- Grant WS and Bowen BW. 1998. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: Insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *J Hered* 89, 415-426. <https://doi.org/10.1093/jhered/89.5.415>.
- Guerao G, Perez-Baquera J and Ribera C. 1994. Growth and reproductive biology of *Palaemon Xiphias* Risso, 1816 (Decapoda: Caridea: Palaemonidae). *J Crust Biol* 14, 280-288. <https://doi.org/10.1163/193724094X00272>.
- Hall TA. 1999. BioEdit, a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symp Ser* 41, 95-98.
- Harkins GW. 2006. Studies on the population genetics of euphausiids, a comparison of patterns in pelagic taxa displaying different distributions and life-histories. Ph. D. Dissertation, University of the Western Cape, Cape Town, Republic of South Africa.
- Hart DL and Clark AG. 1997. Principles of Population Genetics. Sinauer Associates Press, Sunderland, MA, U.S.A., 1-71.
- Hwang GL, Lee YC and Chang CS. 1997. Mitochondrial DNA analysis of the fleshy prawn (*Penaeus chinensis*) for stock discrimination in the Yellow Sea. *Korean J Fish Aquat Sci*

- 30, 88-94.
- Jarman SN, Elliott NG, Nicol S and McMinn A. 2002. Genetic differentiation in the Antarctic coastal krill *Euphausia crystallorophias*. *Heredity* 88, 280-287. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800041>.
- Kim HS. 2009. Ecological and physiological studies of Euphausiids in the Oyashio region, Western Subarctic Pacific. Ph.D. Dissertation, Hokkaido University, Hokkaido, Japan.
- Kim JY, Moon GY, Moon CH, Kang CG, Choi KG and Lee CI. 2013. Morphological and genetic stock identification of *Todarodes pacifica* in Korean waters. *J Korean Soc Oceanogr* 18, 131-141. <https://doi.org/10.7850/jkso.2013.18.3.131>.
- Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 16, 111-120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>.
- Kirkwood JM. 1996. The development rate of *Euphausia crystallorophias* larvae in Ellis Fjord, Vestfold Hills, Antarctica. *Polar Biol* 16, 527-530. <https://doi.org/10.1007/BF02329073>.
- Lee BR, Park W, Lee HW, Choi JH, Oh TY and Kim DN. 2021. Spatio-Temporal distribution of Euphausiids in Korean waters in 2016. *Korean J Fish Aquat Sci* 54, 456-466. <https://doi.org/10.5657/KFAS.2021.0456>.
- Mauchline J and Fisher L. 1969. The biology of euphausiids. In: *Advances in Marine Biology* 7. Russell FS and Yonge M, eds. Academic Press, London, U. K., 1-454.
- Myoung SH, Ban TW and Kim J K. 2016. Population structure of *Liparis tanakae* (PISCES, Liparidae) from Korea based on morphological and molecular traits. *J Fish Aquat Sci* 49, 198-207. <https://doi.org/10.5657/KFAS.2016.0198>.
- Nico S and Foster J. 2016. The fishery for Antarctic krill: Its current status and management regime. In: *Biology and Ecology of Antarctic Krill*. Siegel V ed. Springer, Basel, Switzerland, 387-421.
- Nopriawansyah N, Rauf A, Kusumah YM, Nurmansyah A and Koesmaryono Y. 2019. Genetic variation among the geographic population of cassava mealybug *Phenacoccus manihoti* (Hemiptera: Pseudococcidae) in Indonesia inferred from mitochondrial COI gene sequence. *Biodiversitas* 20, 2685-2692. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200933>.
- Oh HJ and Suh YS. 2006. Temporal and spatial characteristics of chlorophyll  $\alpha$  distributions related to the oceanographic conditions in the Korean waters. *J Kor Assoc Geographic Infor Stud* 9, 36-45.
- Papetti C, Zane L, Bortolotto E, Bucklin A and Patarnello T. 2005. Genetic differentiation and local temporal stability of population structure in the euphausiid *Meganctiphanes norvegica*. *Mar Ecol Prog Ser* 289, 225-235. <https://doi.org/10.3354/meps289225>.
- Patarnello T, Papetti C and Zane L. 2010. Genetics of northern krill (*Meganctiphanes norvegica* Sars). *Adv Mar Biol* 57, 41-57. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-381308-4.00002-9>.
- Sung YG, Nam YK, Han HS and Bang IC. 2007. Genetic diversity and variation of Chinese shrimp *Fenneropenaeus chinensis* populations as inferred by AFLP fingerprinting. *J Aquaculture* 20, 255-259.
- Suh HL. 2012. *Stylocheiron abbreviatum* (Euphausiacea, Crustacea): A new record from the Korean waters. *Korean J Fish Aquat Sci* 15, 255-257. <https://doi.org/10.5657/FAS.2012.0255>.
- Thompson JD, Higgins DG and Gibson TJ. 1994. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res* 22, 4673-4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>.
- Vallet C, Labat HP, Smith M and Koubbi P. 2011. Interannual variations in euphausiid life stage distribution in the Dumont d'Urville Sea from 2004 to 2008. *Polar Sci* 5, 166-178. <https://doi.org/10.1016/j.polar.2011.03.006>.
- Wright S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19, 395-420.